РОССИЙСКАЯ ФЕДЕРАЦИЯ

ФЕДЕРАЛЬНАЯ СЛУЖБА
ПО ИНТЕЛЛЕКТУАЛЬНОЙ СОБСТВЕННОСТИ

(19) **RU** (11) **2 725 726**(13) **C2**

(51) МПК
C12N 7/00 (2006.01)

(12) ОПИСАНИЕ ИЗОБРЕТЕНИЯ К ПАТЕНТУ

(52) СПК
C12N 7/00 (2020.02)

(21)(22) Заявка: **2017106290, 19.09.2011**

(24) Дата начала отсчета срока действия патента:
19.09.2011

Дата регистрации:
03.07.2020

Приоритет(ы):
(30) Конвенционный приоритет:
17.09.2010 US 61/384,015
Номер и дата приоритета первоначальной заявки, из которой данная заявка выделена:
2013117275 17.09.2010

(43) Дата публикации заявки: **21.01.2019** Бюл. № 3

(45) Опубликовано: **03.07.2020** Бюл. № 19

Адрес для переписки:
119019, Москва, Гоголевский б-р, 11, этаж 3, "Гоулингз Интернэшнл Инк.", Угрюмов Владислав Михайлович

(72) Автор(ы):
ДА КОСТА ГАРСИА Мигель Анжело (PT),
СОЗА ДЭ САН ЖОЗЕ Карлос Жорже (PT),
РОДРИГЕС ЛЕАНДРО Клара Изабель (PT),
РОДРИГЕС ПАРДАЛ ДИАС АНТУНЕШ МАРСАЛ ДА СИЛВА Филипа Мария (PT),
МАРТИНС БАРБОСА Ана Ракель (PT)

(73) Патентообладатель(и):
ТЕКНИФАР-ИНДУСТРИА ТЕКНИКА ФАРМАСЬЮТИКА, С.А. (PT),
ТЕХНОФАГ, ИНВЕСТИГАСАН Э ДЕЗЕНВОЛВИМЕНТО ЭН БИОТЕХНОЛОГИА, СА (PT)

(56) Список документов, цитированных в отчете о поиске: **WO 2010/041970 A2, 15.04.2010. US 20100172918 A1, 08.07.2010. WO2002/076483 A2, 03.10.2002. WO2003080823A2, 02.10. 2003. ПРОЗОРКИНА Н.В., и др., Основы микробиологии, вирусологии и иммунологии, Ростов-на-Дону, Феникс, 2007, стр. 70 .**

(54) БАКТЕРИОФАГИ, ФАГОВЫЕ ПЕПТИДЫ И СПОСОБЫ ИХ ПРИМЕНЕНИЯ

(57) Реферат:

Изобретение относится к области биотехнологии. Изобретение относится к области фаговой терапии для лечения и профилактики бактериальных инфекций. В частности, данное изобретение относится к новым бактериофагам F387/08, F391/08, F394/08, F488/08, F510/08, F44/10 и F125/10, выделенным из них полипептидам, композициям, содержащим один или более новых бактериофагов и/или выделенных полипептидов, а также к способам лечения и профилактики бактериальных инфекций, использующим их или в отдельности, или в комбинации с другими антибактериальными терапевтическими агентами, например антибиотиками и/или другими фагами. 6 н. и 28 з.п. ф-лы, 21 ил., 7 табл.

RU 2725726 C2

RU 2725726 C2

RUSSIAN FEDERATION

FEDERAL SERVICE
FOR INTELLECTUAL PROPERTY

(19) **RU** (11) **2 725 726**(13) **C2**

(51) Int. Cl.
C12N 7/00 (2006.01)

(12) ABSTRACT OF INVENTION

(52) CPC
C12N 7/00 (2020.02)

(21)(22) Application: **2017106290, 19.09.2011**

(24) Effective date for property rights:
19.09.2011

Registration date:
03.07.2020

Priority:
(30) Convention priority:
17.09.2010 US 61/384,015
Number and date of priority of the initial application, from which the given application is allocated:
2013117275 17.09.2010

(43) Application published: **21.01.2019** Bull. № **3**

(45) Date of publication: **03.07.2020** Bull. № **19**

Mail address:
119019, Moskva, Gogolevskij b-r, 11, etazh 3, "Goulingz Interneshnl Ink.", Ugryumov Vladislav Mikhajlovich

(72) Inventor(s):
DA COSTA GARCIA Miguel Angelo (PT), SOUSA DE SAO JOSE Carlos Jorge (PT), RODRIGUES LEANDRO Clara Isabel (PT), RODRIGUES PARDAL DIAS ANTUNES MARCAL DA SILVA Filipa Maria (PT), MARTINS BARBOSA Ana Raquel (PT)

(73) Proprietor(s):
TEKNIFAR-INDUSTRIA TEKNIKA FARMASYUTIKA, S.A. (PT), TEKHNOFAG, INVESTIGASAN E DEZENVOLVIMENTO EN BIOTEKHNOLOGIA, SA (PT)

RU 2725726 C2

(54) BACTERIOPHAGES, PHAGE PEPTIDES AND METHODS OF USING THEM

(57) Abstract:

FIELD: biotechnology.

SUBSTANCE: invention refers to phage therapy for treating and preventing bacterial infections. In particular, the present invention refers to new bacteriophages F387/08, F391/08, F394/08, F488/08, F510/08, F44/10 and F125/10, recovered polypeptides, compositions containing one or more new bacteriophages and/or recovered polypeptides, as well as to methods of treating and preventing bacterial infections using them or separately, or in combination with other antibacterial therapeutic agents, e.g. antibiotics and/or other phages.

EFFECT: disclosed are bacteriophages, phage peptides and methods of using them.

34 cl, 21 dwg, 7 tbl

RU 2725726 C2

Перечень ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ

Данная заявка содержит Перечень последовательностей, который был представлен в формате ASCII с помощью EFS-Web и полностью включен в данную заявку посредством отсылки. Указанная копия ASCII, созданная 14 сентября 2011 г., называется 16395US1.txt, и этот файл имеет объем 3295858 байт.

РОДСТВЕННАЯ ЗАЯВКА

Данная заявка притязает на приоритет предварительной заявки №61/384,015, поданной 17 сентября 2010 г., содержание которой полностью включено в данную заявку посредством отсылки.

ОБЛАСТЬ ТЕХНИКИ, К КОТОРОЙ ОТНОСИТСЯ ИЗОБРЕТЕНИЕ

Настоящее изобретение относится к области фаговой терапии для лечения и контроля бактериальных инфекций. В частности, настоящее изобретение предусматривает новые бактериофаги F387/08, F391/08, F394/08, F488/08, F510/08, F44/10, F125/10, выделенные фаговые полипептиды, композиции, содержащие один или более новых бактериофагов и/или выделенных полипептидов; и способы лечения и профилактики бактериальных инфекций, вызванных, например, Staphylococcus aureus, Klebsiella pneumoniae, Acinetobacter baumannii, Escherichia coli и/или Pseudomonas aeruginosa, с помощью этих бактериофагов, которые применяются сами по себе или в комбинации с другими терапевтическими средствами, например, антибиотиками или другими фагами.

УРОВЕНЬ ТЕХНИКИ

Бактериофаги (фаги) представляют собой вирусы, которые специфически инфицируют бактерии и вызывают их лизис. Фаговая терапия, способ применения вирусов фага для лечения бактериальных инфекций, были разработаны в 20-е годы 19 века Феликсом д'Эрелем. Первоначально фаговая терапия интенсивно изучалась, были предприняты многочисленные исследования с целью оценки потенциала фаговой терапии при лечении бактериальной инфекции у людей и животных. Достигнутые вскоре успехи ускорили создание многочисленных коммерческих фаговых препаратов. Например, в 1940 г. компания Eli Lilly Company получила 7 фаговых препаратов для лечения людей, включая фаговые препараты для лечения различных болезней, вызванных Staphylococcus sp., E. coli и другими патогенными бактериями. Эти препараты были использованы, например, для лечения инфекций, которые вызывают абсцессы, гнойные раны, вагинит, острые хронические инфекции верхних дыхательных путей и мастоидит.

Однако с развитием антибиотиков в 40-х годах 19 века интерес к фаговым терапевтическим средствам в западном мире снизился. Одним из наиболее важных факторов этого падения интереса было отсутствие стандартизованных протоколов испытаний и способов получения фагов. Неудача с созданием мировых стандартов для проведения испытаний фаговых препаратов мешала документации результатов исследований, что приводило к ощутимому отсутствию эффективности, а также к возникновению проблем с доверием к этим препаратам с учетом стоимости фаговой терапии. Кроме того, проблемы, связанные с производством образцов/видов фагов, затрудняли начальные исследования и разработки. Для повышения жизнеспособности фаговых терапевтических препаратов вначале применяли различные стабилизаторы и консерванты. Однако из-за того, что биология и фагов, и различных стабилизаторов была плохо изучена, многие ингредиенты, добавляемые с целью увеличения жизнеспособности фаговых препаратов, оказались или токсичными для людей, или отрицательно влияли на срок хранения этих препаратов. Другой проблемой при производстве фагов была степень чистоты коммерческих фаговых препаратов. В то время препараты фаговой терапии обычно состояли из неочищенных лизатов бактерий

хозяина, которые были обработаны нужным фагом. Таким образом, многие препараты содержали ингредиенты, которые в настоящее время считаются нежелательными бактериальными компонентами, например, эндотоксины. Поэтому неблагоприятные эффекты часто были связаны с препаратами, особенно при их внутривенном введении пациентам. Тем не менее, в Восточной Европе и в бывшем Советском Союзе, где доступ к антибиотикам был ограничен, разработка и применение методов фаговой терапии продолжались вместе с развитием антибиотиков или вместо антибиотиков.

Однако с появлением штаммов многих бактерий, резистентных к антибиотикам, в западном мире снова увеличился интерес к терапии, основанной на применении фагов. Хотя могут быть созданы новые классы антибиотиков, перспектива того, что бактерии могут стать резистентными к новым лекарствам, привела к ускорению поиска не химиотерапевтических средств для контролирования, профилактики и лечения бактериальных инфекций.

Существуют три основных подхода к применению фаговой терапии в клинических условиях: 1) введение вирулентного фага; 2) применение эндолизинов или очищенных лизинов, кодируемых бактериофагом; 3) применение структурных белков фага в качестве метаболических ингибиторов ключевых бактериальных ферментов, таких как ферменты, которые синтезируют пептидогликан.

Следовательно, существует необходимость создания новых бактериофагов и фаговых продуктов в качестве потенциальных терапевтических и профилактических агентов для применения in vivo против патогенных бактерий. В частности, существует необходимость создания бактериофагов, способных вызывать лизис нозокомиальных бактерий, включая Styphylococcus aureus, Klebsiella pneumoniae, Acinetobacter baumannii, Escherichia coli и/или Pseudomonas aeruginosa. Поскольку большинство фагов и фаговых пептидов, изученных к настоящему времени, проявляют активность, направленную специфически против видов (или подвидов) бактерий, из которых они выделены, новый метод терапии, основанный на применении фагов, может найти особое применение в больничных условиях при селективном нацеливании на нозокомиальные патогены без воздействия на окружающую флору.

РАСКРЫТИЕ ИЗОБРЕТЕНИЯ

Данное изобретение предусматривает выделенные бактериофаги и выделенные антибактериальные полипептиды бактериофагового происхождения для применения при лечении, профилактике или регулировании состояний, связанных с инфекцией, вызванной грамположительными или грамотрицательными бактериями. В частности, выделенные бактериофаги или полипептиды по изобретению могут быть использованы в фармацевтических композициях для лечения, профилактики или регулировании инфекции, вызванной нозокомиальными патогенами, например, грамотрицательными бактериями, включая, но без ограничения, Klebsiella pneumoniae, Acinetobacter baumannii, Escherichia coli и Pseudomonas aeruginosa; и грамположительными бактериями, включая, но без ограничения, Staphylococcus aureus. Согласно некоторым вариантам фармацевтические композиции по изобретению пригодны для лечения состояний, связанных с инфекцией, вызванной резистентными к антибиотикам штаммами бактерий, например, резистентными к метициллину штаммами Staphylococcus aureus (MRSA). Согласно конкретным вариантам выделенные бактериофаги или полипептиды по изобретению применяются для топического лечения инфекции, вызванной нозокомиальными патогенами, у субъектов, которые нуждаются в этом. Согласно другим вариантам выделенные бактериофаги или полипептиды по изобретению применяются для диагностики инфицирующего агента в образце (например, в ткани,

крови, моче, образце мокроты), взятом у пациента. Согласно другим вариантам выделенные бактериофаги или полипептиды по изобретению применяются в качестве профилактических дезинфицирующих средств или противоинфекционных агентов для обработки твердых поверхностей, включая кожу и другие эпидермальные поверхности.

Согласно некоторым вариантам данное изобретение предусматривает выделенный бактериофаг, F391/08, включающий геном, содержащий последовательность нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 1 (ФИГУРЫ 15A-15III), и проявляющий антибактериальную активность в отношении одного или более штаммов Klebsiella pneumoniae. Согласно другим вариантам изобретение предусматривает выделенный бактериофаг, F394/08, включающий геном, содержащий последовательность нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 2 (ФИГУРЫ 16A-16Q) и проявляющий антибактериальную активность в отношении одного или более штаммов Acinetobacter baumannii. Согласно другим вариантам данное изобретение предусматривает выделенный бактериофаг, F488/08, включающий геном, содержащий последовательность нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 3 (ФИГУРЫ 17A-17КККК) и проявляющий антибактериальную активность в отношении одного или более штаммов Escherichia coli. Согласно другим вариантам данное изобретение предусматривает выделенный бактериофаг, F510/08, включающий геном, содержащий последовательность нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 4 (ФИГУРЫ 18A-18X) и проявляющий антибактериальную активность в отношении одного или более штаммов Pseudomonas aeruginosa. Согласно другим вариантам данное изобретение предусматривает выделенный бактериофаг, F44/10, включающий геном, содержащий последовательность нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 560 (ФИГУРЫ 19A-19UUU) и проявляющий антибактериальную активность в отношении одного или более штаммов Staphylococcus aureus. Согласно другим вариантам данное изобретение предусматривает выделенный бактериофаг, F387/08, включающий геном, содержащий последовательность нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 781 (ФИГУРЫ 20A-20КККК) и проявляющий антибактериальную активность в отношении одного или более штаммов Klebsiella pneumoniae. Согласно другим вариантам данное изобретение предусматривает выделенный бактериофаг, F125/10, включающий геном, содержащий последовательность нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 1074 (ФИГУРЫ 21A-21ZZZ) и проявляющий антибактериальную активность в отношении одного или более штаммов Staphylococcus aureus.

Данное изобретение охватывает также выделенные бактерии, инфицированные одним или более бактериофагами по изобретению. Согласно некоторым вариантам данное изобретение предусматривает выделенные бактерии K. Pneumonia, инфицированные бактериофагом, включающим геном, содержащий последовательность нуклеиновой кислоты или состоящий из последовательности нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 1. Согласно другим вариантам данное изобретение предусматривает выделенные бактерии A. baumannii, инфицированные бактериофагом, включающим геном, содержащий последовательность нуклеиновой кислоты или состоящий из последовательности нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 2. Согласно другим вариантам данное изобретение предусматривает выделенные бактерии E. coli, инфицированные бактериофагом, включающим геном, содержащий последовательность нуклеиновой кислоты или состоящий из последовательности нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 3. Согласно другим вариантам данное изобретение предусматривает выделенные бактерии P. aeruginosa, инфицированные бактериофагом, включающим геном, содержащий последовательность нуклеиновой кислоты или состоящий из последовательности

нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 4. Согласно другим вариантам данное изобретение предусматривает выделенные бактерии S. aureus, инфицированные бактериофагом, включающим геном, содержащий последовательность нуклеиновой кислоты или состоящий из последовательности нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 560. Согласно другим вариантам данное изобретение предусматривает выделенные бактерии K. pneumonia, инфицированные бактериофагом, включающим геном, содержащий последовательность нуклеиновой кислоты или состоящий из последовательности нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 781. Согласно другим вариантам данное изобретение предусматривает выделенные бактерии S. aureus, инфицированные бактериофагом, включающим геном, содержащий последовательность нуклеиновой кислоты или состоящий из последовательности нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 1074.

Данное изобретение охватывает полипептиды, выделенные из бактериофагов F387/08, F391/08, F394/08, F488/08, F510/08, F44/10 и/или F125/10, при этом такие полипептиды проявляют антибактериальную активность в отношении одного или более видов или штаммов грамположительных и грамотрицательных бактерий, например, K. pneumoniae, A. baumannii, E. coli, P. aeruginosa и/или S. aureus. Согласно конкретным вариантам полипептиды по изобретению, выделенные или полученные из фагов F387/08 и F3910/08 проявляют антибактериальную или антимикробную активность, например, лизирующую киллерную активность против, по меньшей мере, K. pneumoniae; полипептиды, выделенные или полученные из F394/08, активны против, по меньшей мере, A. baumannii; полипептиды, выделенные или полученные из F488/08, активны против, по меньшей мере, E. coli; полипептиды, выделенные или полученные из F510/08, активны в отношении, по меньшей мере, P. aeruginosa; полипептиды, выделенные или полученные из F44/10 и F125/10, активны в отношении, по меньшей мере, S. aureus.

Согласно некоторым вариантам полипептид по изобретению содержит выделенный лизин или состоит из выделенного лизина или его фрагмента (например, домена CHAP), который проявляет антибактериальную активность в отношении одного или более видов или штаммов грамположительных бактерий, таких как S. aureus; и/или грамотрицательных бактерий, таких как K. pneumoniae, A. baumannii, E. coli и P. aeruginosa. Согласно конкретным вариантам полипептид по изобретению представляет собой выделенный лизиновый белок, например, эндолизин или лизин хвостового отростка, содержащий аминокислотные последовательности SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 80, SEQ ID NO: 192, SEQ ID NO: 282, SEQ ID NO: 547, SEQ ID NO: 556, SEQ ID NO: 557, SEQ ID NO: 598, SEQ ID NO: 1216 или SEQ ID NO: 1261, или состоящий из них. Предсказанными функциями указанных лизиновых белков являются, например, Ig-подобный белок вириона (SEQ ID NO: 20), гидролаза клеточной стенки (SEQ ID NO: 80), N-ацетилмурамил-L-аланинамидаза (SEQ ID NO: 192), растворимый лизоцим (SEQ ID NO: 282), T4-подобный лизоцим (SEQ ID NO: 547), эндолизин (SEQ ID NO: 556), лямбда- Rz1-подобный белок (SEQ ID NO: 557), эндолизин (SEQ ID NO: 598), эндолизин (SEQ ID NO: 1216) и лизин хвостового отростка (SEQ ID NO: 1261).

Согласно другим вариантам полипептид по изобретению содержит фрагмент, вариант или производное с последовательностями SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 80, SEQ ID NO: 192, SEQ ID NO: 282, SEQ ID NO: 547, SEQ ID NO: 556, SEQ ID NO: 557, SEQ ID NO: 598, SEQ ID NO: 1216 или SEQ ID NO: 1261, причем указанные фрагмент, вариант или производное проявляют антибактериальную или антимикробную активность, например, лизирующую киллерную активность, в отношении одного или более штаммов K. pneumonia, A. baumannii, E. coli, P. aeruginosa и/или S. aureus. Согласно конкретным примерам в соответствии с этим аспектом вариант, фрагмент или производное

аминокислотной последовательности SEQ ID NO: 20 и/или SEQ ID NO: 80 проявляют антибактериальную или антимикробную активность, (например, лизирующую киллерную активность), в отношении одного или более штаммов K. Pneumonia, например, против бактериофага, имеющего геном, содержащий или состоящий из последовательности нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 1. Согласно другим примерам в соответствии с этим аспектом вариант, фрагмент или производное аминокислотной последовательности SEQ ID NO: 192 проявляют антибактериальную или антимикробную активность (например, лизирующую киллерную активность), в отношении одного или более штаммов A. baumannii, например, в отношении бактериофага, имеющего геном, содержащий или состоящий из последовательности нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 2. Согласно другим примерам в соответствии с этим аспектом вариант, фрагмент или производное аминокислотной последовательности SEQ ID NO: 282 проявляют антибактериальную или антимикробную активность (например, лизирующую киллерную активность), в отношении одного или более штаммов E. coli, например, против бактериофага, имеющего геном, содержащий или состоящий из последовательности нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 3. Согласно другим примерам в соответствии с этим аспектом изобретения вариант, фрагмент или производное аминокислотной последовательности SEQ ID NO: 547, SEQ ID NO: 556 и/или SEQ ID NO: 557 проявляют антибактериальную или антимикробную активность (например, лизирующую киллерную активность), в отношении одного или более штаммов P. aeruginosa, например, против бактериофага, имеющего геном, содержащий или состоящий из последовательности нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 4. Согласно дальнейшим примерам в соответствии с этим аспектом вариант, фрагмент или производное аминокислотной последовательности SEQ ID NO: 598, SEQ ID NO: 1216 и/или SEQ ID NO: 1261 проявляют антибактериальную или антимикробную активность (например, лизирующую киллерную активность), в отношении одного или более штаммов S. aureus, например, против бактериофага, имеющего геном, содержащий или состоящий из последовательности нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 560 или SEQ ID NO: 1074.

Согласно конкретным вариантам данного изобретения выделенный полипептид по изобретению содержит или состоит из домена CHAP последовательностей SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 80, SEQ ID NO: 192, SEQ ID NO: 282, SEQ ID NO: 547, SEQ ID NO: 556, SEQ ID NO: 557 или SEQ ID NO: 598. Согласно другим вариантам полипептид по изобретению содержит фрагмент, вариант или производное домена CHAP последовательностей SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 80, SEQ ID NO: 192, SEQ ID NO: 282, SEQ ID NO: 547, SEQ ID NO: 556, SEQ ID NO: 557 или SEQ ID NO: 598, при этом указанные фрагмент, вариант или производное проявляют антибактериальную или антимикробную активность, например, лизирующую киллерную активность, в отношении одного или более штаммов K. pneumonia, A. baumannii, E. coli, P. aeruginosa и/или S. aureus.

Согласно другим вариантам полипептид по изобретению содержит или состоит из выделенного белка хвостового отростка (например, хвостового компонента, белка хвостовой нити, белка рулетки хвостового отростка, белка хвостовой части в месте адсорбции, основного белка хвостовой части, основного белка чехла хвостового отростка, субъединицы конусовидной базальной пластинки) или его фрагмента, биологическая функция которых связана с бактериофагом, из которого они получены, например это может быть антимикробная или антибактериальная активность (например, литическая киллерная активность, направленная в отношении по меньшей мере одного или более видов или штаммов бактерий K. pneumoniae, A. baumannii, E. coli, P. aeruginosa и/или S. aureus.

Согласно конкретным вариантам полипептид по изобретению является выделенным белком хвостового отростка, содержащим или состоящим из аминокислотной последовательности SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NO: 32-35, SEQ ID NO: 180, SEQ ID NO: 183, SEQ ID NO: 185, SEQ ID NO: 190, SEQ ID NO: 231, SEQ ID NO: 232, SEQ ID NO: 235, SEQ ID NO: 239-245, SEQ ID NO: 248, SEQ ID NO: 249, SEQ ID NO: 252, SEQ ID NO: 254, SEQ ID NO: 433-437, SEQ ID NO: 489-496, SEQ ID NO: 544, SEQ ID NO: 545, SEQ ID NO: 549, SEQ ID NO: 551, SEQ ID NO: 629, SEQ ID NO: 686, SEQ ID NO: 789, SEQ ID NO: 796-800, SEQ ID NO: 806, SEQ ID NO: 854, SEQ ID NO: 999-1004, SEQ ID NO: 1053-1060, SEQ ID NO: 1077, SEQ ID NO: 1217, SEQ ID NO: 1250 или SEQ ID NO: 1266. Согласно другим вариантам полипептид по изобретению содержит фрагмент, вариант или производное SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NO: 32-35, SEQ ID NO: 180, SEQ ID NO: 183, SEQ ID NO: 185, SEQ ID NO: 190, SEQ ID NO: 231, SEQ ID NO: 232, SEQ ID NO: 235, SEQ ID NO: 239-245, SEQ ID NO: 248, SEQ ID NO: 249, SEQ ID NO: 252, SEQ ID NO: 254, SEQ ID NO: 433-437, SEQ ID NO: 489-496, SEQ ID NO: 544, SEQ ID NO: 545, SEQ ID NO: 549, SEQ ID NO: 551, SEQ ID NO: 629, SEQ ID NO: 686, SEQ ID NO: 789, SEQ ID NO: 796-800, SEQ ID NO: 806, SEQ ID NO: 854, SEQ ID NO: 999-1004, SEQ ID NO: 1053-1060, SEQ ID NO: 1077, SEQ ID NO: 1217, SEQ ID NO: 1250 или SEQ ID NO: 1266, при этом указанные фрагмент, вариант или производное обладают биологической функцией, связанной с бактериофагом, из которого они получены, например, антимикробной или антибактериальной активностью (например, лизирующей киллерной активностью), и эта функция направлена в отношении одного или более штаммов K. pneumoniae, A. baumannii, E. coli, P. aeruginosa и/или S. aureus.

Предсказанные функции указанных белков хвостового отростка включают, например, рецептор-связывающий хвостовой белок (SEQ ID NO: 15), основной хвостовой белок (SEQ ID NO: 26 и SEQ ID NO: 1077), минорный хвостовой белок (SEQ ID NO: 30), порообразующий белок наконечника хвостового отростка (SEQ ID NO: 30), хвостовой белок (SEQ ID NO: 32-33), минорный хвостовой белок (SEQ ID NO: 34), белок хвостового отростка фага (SEQ ID NO: 35), белок чехла хвостового отростка (SEQ ID NO: 180), белок рулетки хвостового отростка (SEQ ID NO: 183), хвостовой белок (SEQ ID NO: 185), белок хвостовых нитей (SEQ ID NO: 190), белок трубки хвостового отростка (SEQ ID NO: 231), мономер чехла хвостового отростка (SEQ ID NO: 232), стабилизирующий и завершающий белок хвостового отростка (SEQ ID NO: 235), короткие хвостовые волокна (SEQ ID NO: 239), завершающий белок конусовидной базальной пластинки наконечника хвостового отростка (SEQ ID NO: 240-241), завершающий белок кармана конусовидной базальной пластинки хвостового отростка (SEQ ID NO: 242), субъединица конусовидной базальной пластинки (SEQ ID NO: 243), инициатор конусовидной базальной пластинки (SEQ ID NO: 244), конусовидная базальная пластинка (SEQ ID NO: 245), субъединица хаба базальной пластинки и хвостового лизоцима, приспособление, прокалывающее клетки (SEQ ID NO: 248), завершение конусовидной базальной пластинки (SEQ ID NO: 249), белок, завершающий хвостовой отросток и стабилизирующий чехол хвостового отростка (SEQ ID NO: 252), шаперон сборки длинных и коротких хвостовых нитей (SEQ ID NO: 254), белок хвостовых нитей (SEQ ID NO: 433), белок хвостовых нитей (SEQ ID NO: 434), длинные хвостовые нити шарнирного соединителя (SEQ ID NO: 435), шарнир хвостовых нитей (SEQ ID NO: 436), проксимальная субъединица хвостовых волокон (SEQ ID NO: 437), инициатор базальной пластинки-трубки хвостового отростка (SEQ ID NO: 489), базальная пластинка (SEQ ID NO: 490), субъединица хаба базальной пластинки, детерминатор длины хвостового

отростка (SEQ ID NO: 491), субъединица дистального хаба базальной пластинки (SEQ ID NO: 492), субъединица хаба базальной пластинки (SEQ ID NO: 493), катализатор сборки хабов базальной пластинки (SEQ ID NO: 494), субъединица хаба базальной пластинки (SEQ ID NO: 495), субъединица конусовидной базальной пластинки (SEQ ID NO: 496), белок трубки хвостового отростка (SEQ ID NO: 544-545), белок хвостовых нитей (SEQ ID NO: 549 и SEQ ID NO: 551), основной белок чехла хвостового отростка (SEQ ID NO: 629 и SEQ ID NO: 1250), основной хвостовой белок (SEQ ID NO: 686), белок трубки хвостового отростка (SEQ ID NO: 789),

фибритин (SEQ ID NO: 796), короткие хвостовые волокна (SEQ ID NO: 797), наконечник завершения базальной пластинки хвостового отростка (SEQ ID NO: 798), субъединица конусовидной базальной пластинки и наконечник хвостового отростка (SEQ ID NO: 799), соединитель хвостовых нитей базальной пластинки (SEQ ID NO: 800), субъединица хаба базальной пластинки и лизоцима (SEQ ID NO: 806), лизоцим (SEQ ID NO: 854), холин (SEQ ID NO: 999 и SEQ ID NO: 1217), дистальный катализатор сборки длинных хвостовых нитей (SEQ ID NO: 1000), L-образный белок хвостовых нитей (SEQ ID NO: 1001), дистальный соединитель шарнирного соединения длинных хвостовых волокон (SEQ ID NO: 1002), проксимальный соединитель шарнирного соединения длинных хвостовых волокон (SEQ ID NO: 1003), проксимальная субъединица длинных хвостовых нитей (SEQ ID NO: 1004), инициатор трубки базальной пластинки хвостового отростка (SEQ ID NO: 1053), завершение трубки базальной пластинки (SEQ ID NO: 1054), субъединица хаба базальной пластинки, детерминатор длины хвостового отростка (SEQ ID NO: 1055), субъединица дистального хаба базальной пластинки (SEQ ID NO: 1056), субъединица хаба базальной пластинки (SEQ ID NO: 1057 и 1059), катализатор сборки хабов базальной пластинки (SEQ ID NO: 1058), субъединица конусовидной базальной пластинки (SEQ ID NO: 1060) и белок базальной пластинки (SEQ ID NO: 1266).

Согласно некоторым вариантам данное изобретение охватывает вариант, фрагмент или производное аминокислотной последовательности SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 30 или SEQ ID NO: 32-35, которые имеют биологическую функцию, связанную с бактериофагом, включающим геном, содержащий или состоящий из последовательности нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 1, например, антимикробную или антибактериальную активность, (например, лизирующую киллерную активность), причем эта функция направлена в отношении одного или более штаммов K. pneumoniae. Согласно другим вариантам данное изобретение охватывает вариант, фрагмент или производное аминокислотной последовательности SEQ ID NO: 180, SEQ ID NO: 183, SEQ ID NO: 185 или SEQ ID NO: 190, которые имеют биологическую функцию, связанную с бактериофагом, содержащим геном, включающий или состоящий из последовательности нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 2, например, антимикробную или антибактериальную активность, (например, лизирующую киллерную активность), причем эта функция направлена в отношении одного или более штаммов A. baumannii.

Согласно некоторым вариантам данное изобретение охватывает вариант, фрагмент или производное аминокислотной последовательности SEQ ID NO: 231, SEQ ID NO: 232, SEQ ID NO: 235, SEQ ID NO: 239-245, SEQ ID NO: 248, SEQ ID NO: 249, SEQ ID NO: 252, SEQ ID NO: 254, SEQ ID NO: 433-437, SEQ ID NO: 489-495 или SEQ ID NO: 496, которые имеют биологическую функцию, связанную с бактериофагом, включающим геном, содержащий или состоящий из последовательности нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 3, например, антимикробную или антибактериальную активность, (например, лизирующую киллерную активность), причем эта функция направлена в отношении

одного или более штаммов E. coli. Согласно некоторым вариантам данное изобретение охватывает вариант, фрагмент или производное аминокислотной последовательности SEQ ID NO: 544, SEQ ID NO: 545, SEQ ID NO: 549 или SEQ ID NO: 551, которые имеют биологическую функцию, связанную с бактериофагом, включающим геном, содержащий или состоящий из последовательности нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 4, например, антимикробную или антибактериальную активность, (например, лизирующую киллерную активность), причем эта функция направлена против одного или более штаммов P. aeruginosa. Согласно другим вариантам данное изобретение охватывает вариант, фрагмент или производное аминокислотной последовательности SEQ ID NO: 629 или SEQ ID NO: 686, которые имеют биологическую функцию, связанную с бактериофагом, включающим геном, содержащий или состоящий из последовательности нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 560, например, антимикробную или антибактериальную активность, (например, лизирующую киллерную активность), причем эта функция направлена против одного или более штаммов S. aureus. Согласно другим вариантам данное изобретение охватывает вариант, фрагмент или производное аминокислотной последовательности SEQ ID NO: 789, SEQ ID NO: 796-800, SEQ ID NO: 806, SEQ ID NO: 854, SEQ ID NO: 999-1004 или SEQ ID NO: 1053-1060, которые имеют биологическую функцию, связанную с бактериофагом, включающим геном, содержащий или состоящий из последовательности нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 781, например, антимикробную или антибактериальную активность, (например, лизирующую киллерную активность), причем эта функция направлена против одного или более штаммов K. pneumoniae. Согласно другим вариантам данное изобретение охватывает вариант, фрагмент или производное аминокислотной последовательности SEQ ID NO: 1077, SEQ ID NO: 1217, SEQ ID NO: 1250 или SEQ ID NO: 1266, которые имеют биологическую функцию, связанную с бактериофагом, включающим геном, содержащий или состоящий из последовательности нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 1074, например, антимикробную или антибактериальную активность (например, лизирующую киллерную активность), причем эта функция направлена против одного или более штаммов S. aureus.

Согласно некоторым вариантам данное изобретение предусматривает выделенные полипептиды, которые проявляют антимикробную или антибактериальную активность, (например, лизирующую киллерную активность) против одного или более штаммов бактерий, например, грамположительных бактерий (таких как S. aureus), грамотрицательных бактерий (например, K. pneumoniae, A. baumannii, E. coli и P. aeruginosa) или бактерий, не классифицированных ни как грамположительные, ни как грамотрицательные, при этом указанные выделенные полипептиды имеют аминокислотную последовательность, которая по меньшей мере на 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% или более идентична второй аминокислотной последовательности с той же длиной (например, состоящей из того же количества остатков), при этом этой второй аминокислотной последовательностью является SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NO: 32-35, SEQ ID NO: 80, SEQ ID NO: 180, SEQ ID NO: 183, SEQ ID NO: 185, SEQ ID NO: 190, SEQ ID NO: 192, SEQ ID NO: 231, SEQ ID NO: 232, SEQ ID NO: 235, SEQ ID NO: 239-245, SEQ ID NO: 248, SEQ ID NO: 249, SEQ ID NO: 252, SEQ ID NO: 254, SEQ ID NO: 282, SEQ ID NO: 433-437, SEQ ID NO: 489-496, SEQ ID NO: 544, SEQ ID NO: 545, SEQ ID NO: 547, SEQ ID NO: 549, SEQ ID NO: 551, SEQ ID NO: 556, SEQ ID NO: 557, SEQ ID NO: 598, SEQ ID NO: 629, SEQ ID NO: 686, SEQ ID NO: 789, SEQ ID NO: 796-800, SEQ ID NO: 806, SEQ ID NO: 854, SEQ ID NO: 999-1004,

SEQ ID NO: 1053-1060, SEQ ID NO: 1077, SEQ ID NO: 1216, SEQ ID NO: 1217, SEQ ID NO: 1250, SEQ ID NO: 1261, SEQ ID NO: 1266 и/или ее фрагмент.

Данное изобретение предусматривает также выделенные полипептиды, содержащие или состоящие из любой аминокислотной последовательности из SEQ ID NO: 5-176, SEQ ID NO: 177-223, SEQ ID NO: 224-506, SEQ ID NO: 507-559, SEQ ID NO: 561-780, SEQ ID NO: 782-1073 и SEQ ID NO: 1075-1300. Согласно другим вариантам предусмотрены выделенные полипептиды по изобретению, рекомбинантно слитые или химически соединенные (например, соединенные ковалентно или не ковалентно) с терапевтическими агентами (например, гетерологичными полипептидами или малыми молекулами).

Данное изобретение охватывает также полинуклеотиды, которые кодируют полипептиды по изобретению. Согласно конкретному варианту данное изобретение предусматривает выделенную нуклеиновую кислоту, содержащую последовательность нуклеиновой кислоты, кодирующей полипептид, из SEQ ID NO: 5-176, SEQ ID NO: 177-223, SEQ ID NO: 224-506, SEQ ID NO: 507-559, SEQ ID NO: 561-780, SEQ ID NO: 782-1073 и SEQ ID NO: 1075-1300. Согласно другим вариантам данное изобретение предусматривает выделенную нуклеиновую кислоту, содержащую любую последовательность нуклеиновой кислоты, кодирующей полипептид, из SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NO: 32-35, SEQ ID NO: 80, SEQ ID NO: 180, SEQ ID NO: 183, SEQ ID NO: 185, SEQ ID NO: 190, SEQ ID NO: 192, SEQ ID NO: 231, SEQ ID NO: 232, SEQ ID NO: 235, SEQ ID NO: 239-245, SEQ ID NO: 248, SEQ ID NO: 249, SEQ ID NO: 252, SEQ ID NO: 254, SEQ ID NO: 282, SEQ ID NO: 433-437, SEQ ID NO: 489-496, SEQ ID NO: 544, SEQ ID NO: 545, SEQ ID NO: 547, SEQ ID NO: 549, SEQ ID NO: 551, SEQ ID NO: 556, SEQ ID NO: 557, SEQ ID NO: 598, SEQ ID NO: 629, SEQ ID NO: 686, SEQ ID NO: 789, SEQ ID NO: 796-800, SEQ ID NO: 806, SEQ ID NO: 854, SEQ ID NO: 999-1004, SEQ ID NO: 1053-1060, SEQ ID NO: 1077, SEQ ID NO: 1216, SEQ ID NO: 1217, SEQ ID NO: 1250, SEQ ID NO: 1261 или SEQ ID NO: 1266, или ее активные фрагмент, вариант или производное, при этом эти фрагмент, вариант или производное проявляют биологическую функцию, связанную с бактериофагом, из которого они выделены, например, антимикробную или антибактериальную активность (например, лизирующую киллерную активность). Настоящее изобретение относится также к вектору, который содержит одну или более таких нуклеиновых кислот. Согласно одному из вариантов указанный вектор представляет собой экспрессионный вектор. Далее, настоящее изобретение предусматривает также хозяйские клетки, содержащие вектор, включающий один или более полинуклеотидов, которые кодируют полипептиды по изобретению.

Данное изобретение охватывает также способы получения полипептидов по изобретению или их активных фрагментов, в особенности, для применения в составе фармацевтических композиций, а именно, антимикробных композиций. Например, полипептиды по изобретению могут быть выделены непосредственно из клеточных культур (например, бактериальных клеточных культур), инфицированных бактериофагами F387/08, F391/08, F394/08, F488/08, F510/08, F44/10 и/или F125/10. Или же полипептиды по изобретению могут быть получены рекомбинантными способами с помощью экспрессионных векторов, содержащих последовательность нуклеиновой кислоты, кодирующей полипептиды по изобретению, например, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NO: 32-35, SEQ ID NO: 80, SEQ ID NO: 180, SEQ ID NO: 183, SEQ ID NO: 185, SEQ ID NO: 190, SEQ ID NO: 192, SEQ ID NO: 231, SEQ ID NO: 232, SEQ ID N0:235, SEQ ID NO: 239-245, SEQ ID NO: 248, SEQ ID NO: 249, SEQ ID NO: 252, SEQ ID NO: 254, SEQ ID NO: 282, SEQ ID NO: 433-437,

SEQ ID NO: 489-496, SEQ ID NO: 544, SEQ ID NO: 545, SEQ ID NO: 547, SEQ ID NO: 549, SEQ ID NO: 551, SEQ ID NO: 556, SEQ ID NO: 557,, SEQ ID NO: 598, SEQ ID NO: 629, SEQ ID NO: 686, SEQ ID NO: 789, SEQ ID NO: 796-800, SEQ ID NO: 806, SEQ ID NO: 854, SEQ ID NO: 999-1004, SEQ ID NO: 1053-1060, SEQ ID NO: 1077, SEQ ID NO: 1216, SEQ ID NO: 1217, SEQ ID NO: 1250, SEQ ID NO: 1261 или SEQ ID NO: 1266, или ее активные фрагменты, производные или варианты. Полипептиды по изобретению могут быть получены любым способом, известным из уровня техники, в частности, путем химического синтеза или методом рекомбинантной экспрессии.

Согласно конкретным вариантам данное изобретение относится к способу рекомбинантного получения фагового белка, например, лизинового белка, белка хвостового чехла или их активного фрагмента, варианта или производного, причем этот способ включает: (i) культивирование в условиях, подходящих для экспрессии указанного белка в окружающей среде, клетки-хозяина, содержащей вектор, включающий последовательность нуклеиновой кислоты, кодирующей аминокислотную последовательность SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NO: 32-35, SEQ ID NO: 80, SEQ ID NO: 180, SEQ ID NO: 183, SEQ ID NO: 185, SEQ ID NO: 190, SEQ ID NO: 192, SEQ ID NO: 231, SEQ ID NO: 232, SEQ ID NO: 235, SEQ ID NO: 239-245, SEQ ID NO: 248, SEQ ID NO: 249, SEQ ID NO: 252, SEQ ID NO: 254, SEQ ID NO: 282, SEQ ID NO: 433-437, SEQ ID NO: 489-496, SEQ ID NO: 544, SEQ ID NO: 545, SEQ ID NO: 547, SEQ ID NO: 549, SEQ ID NO: 551, SEQ ID NO: 556, SEQ ID NO: 557, SEQ ID NO: 598, SEQ ID NO: 629, SEQ ID NO: 686, SEQ ID NO: 789, SEQ ID NO: 796-800, SEQ ID NO: 806, SEQ ID NO: 854, SEQ ID NO: 999-1004, or SEQ ID NO: 1053-1060, SEQ ID NO: 1077, SEQ ID NO: 1216, SEQ ID NO: 1217, SEQ ID NO: 1250, SEQ ID NO: 1261 или SEQ ID NO: 1266 или ее фрагмент, и (ii) выделение указанного белка из указанной среды. Согласно некоторым вариантам данного изобретения последовательность нуклеиновой кислоты, кодирующая полипептид по изобретению, функционально связана с гетерологичным промотором.

Настоящее изобретение охватывает также способы диагностики возбудителя инфекции в случае клинического проявления бактериальной инфекции. Выделенный бактериофаг или выделенные полипептиды по изобретению могут быть использованы для облегчения определения видов бактерий в образце, отобранном у пациента, путем определения чувствительности бактерий в образце к бактериофагу и/или полипептидам по изобретению. Эти способы включают также оценку антибактериальной активности бактериофага и/или полипептидов по изобретению. Антибактериальная активность бактериофага и/или полипептидов по изобретению или чувствительность неизвестного образца к такой активности можно оценить любым методом, известным из уровня техники и/или описанным в данной заявке. Согласно некоторым вариантам антибактериальная активность и/или чувствительность оцениваются путем культивирования известных бактерий и/или образцов ткани, крови, жидкости или мазка, взятых у пациента, в соответствии со стандартными методиками (например, в культуральной жидкости или на агаровых пластинах), контактирования культуры с бактериофагом и/или полипептидами по изобретению и мониторинга роста клеток после указанного контактирования. Например, в культуральной жидкости бактерии (например, K. pneumoniae, A. baumannii, E. coli, P. aeruginosa и/или S. aureus) могут быть выращены до достижения оптической плотности ("OD"), представляющей среднюю точку экспоненциального роста культуры; эта культура подвергается воздействию одной или более концентраций одного или более бактериофагов и/или полипептидов по изобретению, и затем осуществляют мониторинг OD относительно контрольной

культуры. Уменьшение OD относительно плотности контрольной культуры свидетельствует о проявлении антибактериальной активности бактериофагом и/или полипептидом по изобретению (например, о проявлении лизирующей киллерной активности) в отношении испытуемого образца или видов бактерий и/или штамма в указанной культуре. Подобным образом дают колониям бактерий образоваться на агаровых пластинах, эти пластины подвергают действию бактериофага и/или полипептида по изобретению и оценивают последующий рост колоний по сравнению с контрольными пластинами. Уменьшение размеров бактериальной колонии или уменьшение общего числа колоний показывает, что бактериофаг и/или полипептид обладают антибактериальной активностью против испытуемого образца и/или культивированных видов бактерий или штамма.

Данное изобретение предусматривает также фармацевтические композиции, содержащие и/или состоящие из бактериофага, имеющего геном, содержащий или состоящий из последовательности нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 560, SEQ ID NO: 781 или SEQ ID NO: 1074. Согласно некоторым вариантам фармацевтическая композиция по изобретению содержит бактериофаг, имеющий геном, содержащий или состоящий из последовательности нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 560, SEQ ID NO: 781 или SEQ ID NO: 1074, в добавление к одному или более другим бактериофагам. Один или более других бактериофагов могут быть одним или несколькими бактериофагами по изобретению (например, имеющими геном, содержащий или состоящий из последовательности нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 560, SEQ ID NO: 781 или SEQ ID NO: 1074), одним или несколькими его штаммами или могут быть одним или несколькими бактериофагами, известными из уровня техники и отличающимися от бактериофага, имеющего геном, соответствующий последовательности SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 560, SEQ ID NO: 781, or SEQ ID NO: 1074. Кроме того, один или более бактериофагов в фармацевтической композиции по изобретению может быть нацелен на один и тот же или на разные виды или штаммы бактерий. Согласно некоторым вариантам фармацевтические композиции по изобретению, содержащие один или более бактериофагов по изобретению, содержат также один или более полипептидов по изобретению и/или другие фаговые продукты, которые описаны в данной заявке или известны из уровня техники.

Согласно некоторым вариантам данное изобретение предусматривает фармацевтические композиции, содержащие полипептиды или их активные фрагменты, в частности, те, которые обладают антимикробной и/или антибактериальной активностью, которые выделены из бактериофага, имеющего геном, содержащий или состоящий из последовательности нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 560, SEQ ID NO: 781 или SEQ ID NO: 1074. Согласно конкретным вариантам фармацевтические композиции по изобретению содержат один или более полипептидов, имеющих аминокислотную последовательность из SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NO: 32-35, SEQ ID NO: 80, SEQ ID NO: 180, SEQ ID NO: 183, SEQ ID NO: 185, SEQ ID NO: 190, SEQ ID NO: 192, SEQ ID NO: 231, SEQ ID NO: 232, SEQ ID NO: 235, SEQ ID NO: 239-245, SEQ ID NO: 248, SEQ ID NO: 249, SEQ ID NO: 252, SEQ ID NO: 254, SEQ ID NO: 282, SEQ ID NO: 433-437, SEQ ID NO: 489-496, SEQ ID NO: 544, SEQ ID NO: 545, SEQ ID NO: 547, SEQ ID NO: 549, SEQ ID NO: 551, SEQ ID NO: 556, SEQ ID NO: 557, SEQ ID NO: 598, SEQ ID NO: 629, SEQ ID NO: 686, SEQ ID NO: 789, SEQ ID NO: 796-800, SEQ ID NO: 806,

SEQ ID NO: 854, SEQ ID NO: 999-1004, SEQ ID NO: 1053-1060, SEQ ID NO: 1077, SEQ ID NO: 1216, SEQ ID NO: 1217, SEQ ID NO: 1250, SEQ ID NO: 1261 или SEQ ID NO: 1266. Согласно другим вариантам фармацевтические композиции по изобретению содержат полипептид, который является вариантом или производным или фрагментом последовательности SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NO: 32-35, SEQ ID NO: 80, SEQ ID NO: 180, SEQ ID NO: 183, SEQ ID NO: 185, SEQ ID NO: 190, SEQ ID NO: 192, SEQ ID NO: 231, SEQ ID NO: 232, SEQ ID NO: 235, SEQ ID NO: 239-245, SEQ ID NO: 248, SEQ ID NO: 249, SEQ ID NO: 252, SEQ ID NO: 254, SEQ ID NO: 282, SEQ ID NO: 433-437, SEQ ID NO: 489-496, SEQ ID NO: 544, SEQ ID NO: 545, SEQ ID NO: 547, SEQ ID NO: 549, SEQ ID NO: 551, SEQ ID NO: 556, SEQ ID NO: 557, SEQ ID NO: 598, SEQ ID NO: 629, SEQ ID NO: 686, SEQ ID NO: 789, SEQ ID NO: 796-800, SEQ ID NO: 806, SEQ ID NO: 854, SEQ ID NO: 999-1004, SEQ ID NO: 1053-1060, SEQ ID NO: 1077, SEQ ID NO: 1216, SEQ ID NO: 1217, SEQ ID NO: 1250, SEQ ID NO: 1261 или SEQ ID NO: 1266, где указанные вариант, производное или фрагмент сохраняют биологическую функцию полипептида, из которого они получены, например, антимикробную или антибактериальную активность (например, лизирующую киллерную активность) предпочтительно в отношении одного или более штаммов K. pneumoniae, A. baumannii, E. coli, P. aeruginosa, and/or S. aureus.

Фармацевтические композиции по изобретению могут дополнительно содержать фармацевтически приемлемые носитель, эксципиент или стабилизатор. Согласно некоторым вариантам фармацевтические композиции по изобретению являются антибиотическими композициями (они проявляют антибактериальную активность) или терапевтическими композициями для лечения, профилактики и/или ослабления симптомов болезни или расстройства, связанных с инфекцией, вызванной бактериями, у субъекта, нуждающегося в этом. Согласно конкретным вариантам фармацевтические композиции по изобретению являются антибактериальными композициями или терапевтическими композициями для лечения, профилактики и/или ослабления симптомов болезни или расстройства, связанных с инфекцией, вызванной K. pneumoniae, A. baumannii, E. coli, P. aeruginosa и/или S. aureus. Согласно некоторым вариантам субъектом, получающим фармацевтическую композицию по изобретению, является млекопитающее (например, быки, овцы, козы, непарнокопытные животные, приматы (например, люди), грызуны, зайцеобразные и птицы (например, цыплята, утки, гуси)).

Данное изобретение предусматривает способы лечения или профилактики бактериальной инфекции, включающие введение субъекту, нуждающемуся в этом, фармацевтической композиции, содержащей один или более бактериофагов или фаговых продуктов (например, выделенного полипептида бактериофага или его фрагмента, варианта или производного), возможно, в дополнение к одному или более бактериофагам или другим фаговым продуктам, которые описаны в данной заявке. В контексте данного изобретения термин "лечение" относится как к терапевтическому лечению, так и к профилактическим или предупредительным мерам, при этом цель лечения состоит в устранении, ослаблении, уменьшении тяжести, замедлении развития или отсрочки или профилактики симптомов или причин (например, бактериальной инфекции), связанных с патологическим состоянием или расстройством. Фармацевтические композиции по изобретению могут быть использованы при лечении или сдерживании развития инфекций, относящихся к любой бактериальной инфекции, включая, но без ограничения, инфекции, вызванные K. pneumoniae, A. baumannii, E. coli, P. aeruginosa и/или S. aureus, а также, согласно некоторым вариантам, S. epidermidis, S. auricularis, S. capitis, S. haemolyticus, S. hominis, S. saprophyticus, S. simulans, S. xylosis, M.

luteus, B. subtilis, B. pumilus, E. faecalis, E. hirae, E. faecium, E. avium и их комбинациями. Согласно некоторым вариантам фармацевтические композиции могут быть использованы для лечения состояний или расстройств, связанных с бактериальными инфекциями, включая, но без ограничения, послеоперационный эндофтальмит, эндокардит, инфекции центральной нервной системы, пневмонию, остеомиелит, раневые инфекции (например, диабетические язвы стопы), мастит, септицемию, пищевое отравление, менингит, кожные инфекции, абсцессы, синдром токсического шока, бактериемию и/или другие состояния, связанные с нозокомиальными бактериальными инфекциями.

Согласно некоторым вариантам данное изобретение предусматривает применение бактериофага или выделенного фагового продукта (например, выделенного фагового полипептида или его активного варианта или его производного) при проведении монотерапии. Согласно другим вариантам настоящее изобретение предусматривает применение бактериофага или выделенного фагового продукта (например, выделенного фагового полипептида или его активного фрагмента, варианта или производного) в комбинации со стандартными или экспериментальными методами лечения. Примеры терапевтических агентов, которые особенно полезны в комбинации с бактериофагом и/или полипептидом по изобретению, представляют собой противовоспалительные агенты, стандартные химиотерапевтические антибиотические агенты (например, пенициллин, синтетические пенициллины, бацитрацин, метициллин, нафциллин, оксацилин, клоксациллин, ванкомицин, тейкопланин, клиндамицин, ко-тримоксазол, цефалоспорин, полимиксин, цефахлор, цефадроксил, цефамандола нафат, цефазолин, цефиксим, цефметазол, цефониоид, цефоперазон, цефоранид, цефотиам, цефотаксим, цефотетан, цефокситин, цефподоксима проксетил, цефтазидим, цефтизоксим, цефтриаксон, цефтриаксона моксалактам, цефуроксим, цефалексин, цефалоспорин С, натриевая соль цефалоспорина С, цефалотин, натриевая соль цефалотина, цефапирин, цефрадин, цефуроксимеаксетил, цефалотина дигидрат, моксалактам, лоракарбефа мафат и хелатирующие агенты), местные анестезирующие агенты и/или кортикостероиды. Согласно еще одному варианту композиции по данному изобретению могут быть соединены с одним или более бактериофагами или фаговыми продуктами, известными из уровня техники. Комбинационные терапевтические средства, охваченные данным изобретением, могут быть в виде одной фармацевтической композиции или же могут вводиться в виде отдельных композиций, но как часть общей схемы лечения.

Фармацевтические композиции по изобретению могут вводиться любым методом, известным из уровня техники, который подходит для введения антибактериального вещества, например, оральным или парентеральным (например, путем ингаляции, внутримышечным, внутривенным или эпидермальным путем). Согласно предпочтительным вариантам фармацевтические композиции по изобретению могут вводиться топическим путем, например, в виде топического состава. Композиции по изобретению могут быть использованы топически для лечения и/или профилактики обычных нозокомиальных инфекций, таких как инфекции в местах хирургических надрезов или инфекций, связанных с применением катетеров или дренажа. Согласно другим вариантам изобретения композиции применяют для лечения бактериальных кожных инфекций или инфекций верхних слоев кожи (например, инфекций, вызванных диабетическими язвами стопы или карбункулов).

Фармацевтические композиции по изобретению могут быть также использованы для традиционно не терапевтических целей, например, в качестве антибактериальных агентов в косметике или в составе спреев или растворов для нанесения на твердые

поверхности для предотвращения колонизации бактерий (то есть, как дезинфектанты).

Данное изобретение направлено также на способы скрининга пептидов на антибактериальную активность. Согласно одному из вариантов такой способ включает скрининг заменимых аминокислотных последовательностей длиной из по меньшей мере 6, 10, 15, 20 или 25 остатков, которые кодируютя открытыми рамками считывания последовательности нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 560, SEQ ID NO: 781 или SEQ ID NO: 1074, для выявления антибактериальной активности, при этом антибактериальная активность оценивается по способности пептидов ингибировать рост бактерий, например, на агаре или в жидкой культуре.

ОПРЕДЕЛЕНИЯ

Применяемый в данной заявке термин "фрагмент" относится к пептиду или полипептиду, содержащему аминокислотную последовательность, состоящую из, по меньшей мере, 5 остатков заменимых аминокислот, по меньшей мере 10 остатков заменимых аминокислот, по меньшей мере 15 остатков заменимых аминокислот, по меньшей мере 20 остатков заменимых аминокислот, по меньшей мере 25 остатков заменимых аминокислот, по меньшей мере 40 остатков заменимых аминокислот, по меньшей мере 50 остатков заменимых аминокислот, по меньшей мере 60 остатков заменимых аминокислот, по меньшей мере 70 остатков заменимых аминокислот, по меньшей мере 80 остатков заменимых аминокислот, по меньшей мере 90 остатков заменимых аминокислот, по меньшей мере 100 остатков заменимых аминокислот, по меньшей мере 125 остатков заменимых аминокислот, по меньшей мере 150 остатков заменимых аминокислот, по меньшей мере 175 остатков заменимых аминокислот, по меньшей мере 200 остатков заменимых аминокислот, по меньшей мере 250 остатков заменимых аминокислот белка. Согласно конкретному варианту фрагмент является функциональным, что означает, что он сохраняет по меньшей мере одну функцию белка, из которого он выделен (например, антимикробную или антибактериальную активность (например, лизирующую киллерную активность)).

Применяемые в данной заявке термины "активные бактериофаги" и "бактериофаговые продукты" относятся к полипептидам, или их фрагментам, вариантам или производным, выделенным из бактериофага по изобретению, причем эти полипептид или его фрагмент, вариант или производное проявляют биологическую функцию или активность, связанную с бактериофагом, из которого они выделены или произведены (например, антимикробную активность или антибактериальную активность, (в том числе лизирующую киллерную активность).

Применяемый в данной заявке термин "выделенный" в отношении пептида, полипептида или белка слияния относится к пептиду, полипептиду или к белку слияния, которые по существу не содержат клеточного материала или загрязняющих белков из клетки или тканевого источника, из которых они получены, или по существу не содержат химических предшественников или других химических веществ, если они получены путем химического синтеза. Выражение "по существу не содержат клеточного материала" относится к препаратам пептида, полипептида или белка слияния, в которых пептид, полипептид или белок слияния отделены от компонентов клеток, из которых они выделены или получены рекомбинантным методом. Таким образом, пептид, полипептид или белок слияния, которые по существу не содержат клеточного материала, представляют собой препараты пептида, полипептида или белка слияния, содержащие менее примерно 30%, 20%, 10% или 5% (на сухой вес) гетерологичного белка (который в данной заявке называется также "загрязняющим белком"). Когда пептид, полипептид

или белок слияния получается рекомбинантным путем, он не содержит также культуральной среды, а именно, культуральная среда составляет менее примерно 30%, 20%, 10% или 5% от объема белкового препарата. Когда пептид, полипептид или белок слияния получаются методом химического синтеза, они по существу не содержат химических предшественников или других химических веществ, то есть они отделены от химических предшественников или других химических веществ, которые участвовали в процессе синтеза пептида, полипептида или белка слияния. Соответственно, препараты пептида, полипептида, белка слияния или антитела содержат менее примерно 30%, 20%, 10% или 5% (на сухой вес) химических предшественников или соединений, не являющихся нужными пептидом, полипептидом или белком слияния.

Применяемый в данной заявке термин "выделенные" в отношении молекул нуклеиновой кислоты относится к первой молекуле нуклеиновой кислоты, которая отделена от других молекул нуклеиновой кислоты, которые содержатся в природном источнике первой молекулы нуклеиновой кислоты. Более того, "выделенная" молекула нуклеиновой кислоты, такая как молекула кДНК, при получении этой кислоты рекомбинантным методом по существу не содержит другого клеточного материала или культуральной среды или по существу не содержит химических предшественников или других химических веществ при получении этой кислоты методом химического синтеза, или может не содержать других кДНК или других молекул геномных ДНК, например, когда эта кислота была выделена из других клонов в библиотеке нуклеиновых кислот.

Термин "очищенный (-ая)" означает, что концентрация пептида, полипептида, белка слияния или молекулы нуклеиновой кислоты была заметно увеличена путем осуществления любого способа очистки, включая, но без ограничения, методы колоночной хроматографии, ЖХВР (HPLC), осаждения, электрофореза и т.д., когда частично, по существу почти полностью или полностью удаляются примеси, такие как предшественники или другие химические вещества, участвующие в получении пептида, полипептида, белка слияния или молекулы нуклеиновой кислоты. Специалисту в данной области известно, как определить степень очистки, необходимую для данного применения. Например, термин "выделенный белок", в отношении белка, предназначенного для применения в терапевтических композициях для введения людям, означает, что белок обычно должен иметь высокую степень чистоты в соответствии с регулятивными нормами и эффективными способами получения.

Применяемый в данной заявке термин "производное" в отношении полипептидов относится к полипептиду, который содержит аминокислотную последовательность, которая была изменена путем введения замен, делеций или добавлений аминокислотных остатков. Термин "производное", применяемый в данной заявке, относится также к полипептиду, который был модифицирован, например, путем ковалентного присоединения молекулы любого типа к полипептиду. Например, но без ограничения, полипептид может быть модифицирован, например, путем гликозилирования, ацетилирования, пэгилирования, фосфорилирования, амидирования, дериватизации при помощи известных защитных/блокирующих групп, протеолитического расщепления, связывания с клеточным лигандом или другим белком и т.д. Производное полипептида может быть получено путем химических модификаций способами, известными специалистам в данной области, включая, но без ограничения, специфичное химическое расщепление, ацетилирование, формилирование, метаболический синтез туникамицина и т.д. Кроме того, производное полипептида может содержать остаток одной или более неклассических аминокислот.Производное полипептида обладает такой же или

идентичной функцией, что и полипептид, на основе которого он был получен. Термин "полученный на основе", использованный в отношении полипептида, произведенного из организма, может также относиться к выделению полипептида непосредственно из указанного организма (например, бактериальных клеток или фага).

Применяемый в данной заявке термин "клетка-хозяин" относится к конкретной клетке субъекта, трансфецированной молекулой нуклеиновой кислоты, и к потомству или потенциальному потомству такой клетки, которые содержат молекулу нуклеиновой кислоты или ее хромосомную интегрированную версию. Потомство такой клетки может быть не идентичным родительской клетке, трансфецированной молекулой нуклеиновой кислоты, из-за мутаций или влияния окружающей среды, которые могут возникнуть у последующих поколений, или интегрирования молекулы нуклеиновой кислоты в геном клетки-хозяина. При осуществлении экспрессии белков и полипептидов бактериофага клетка-хозяин предпочтительно не является клеткой того же самого вида или штамма бактерий, из которого бактериофаг выделен или культивирован.

Применяемый в данной заявке термин "в комбинации" относится к применению более чем одного профилактического и/или терапевтического агента. Применение термина "в комбинации" не ограничивает порядок, в котором профилактический и/или терапевтический агенты вводятся субъекту, страдающему от болезни или расстройства. Первый профилактический и/или терапевтический агент может быть введен субъекту, нуждающемуся в этом, например, субъекту, страдающему от болезни или расстройства, до (например, за 5 мин, 15 мин, 30 мин, 45 мин, 1 ч, 2 ч, 4 ч, 6 ч, 12 ч, 24 ч, 48 ч, 72 ч, 96 ч, 1 нед, 2 нед, 3 нед, 4 нед, 5 нед, 6 нед, 8 нед или 12 нед), вместе с или после (например, через 5 мин, 15 мин, 30 мин, 45 мин, 1 ч, 2 ч, 4 ч, 6 ч, 12 ч, 24 ч, 48 ч, 72 ч, 96 ч, 1 нед, 2 нед, 3 нед, 4 нед, 5 нед, 6 нед, 8 нед или 12 нед) введения второго профилактического и/или терапевтического агента (отличающегося от первого профилактического и/или терапевтического агента).

Применяемые в данной заявке термины "нуклеиновые кислоты" и "нуклеотидные последовательности" относятся к молекулам однонитевых и двунитевых ДНК и/или РНК или их комбинациям. Применяемый в данной заявке термин "кодируемая нуклеиновой кислотой" относится к аминокислотной последовательности, которая получается в результате трансляции прямой, обратной, комплементарной или обратимо-комплементарной последовательности нуклеиновой кислоты с использованием стандартного генетического кода (то есть, стандартных кодонов (триплетов)), что хорошо известно из уровня техники.

Применяемые в данной заявке термины "профилактический агент" и "профилактические агенты" относятся к бактериофагу и/или полипептидам по изобретению, которые могут быть использованы для профилактики, лечения, сдерживания развития или облегчения одного или более симптомов болезни или расстройства, в частности, болезни или расстройства, связанных с бактериальной инфекцией.

Применяемые в данной заявке термины "терапевтический агент" и "терапевтические агенты" относятся к бактериофагу и/или полипептидам по изобретению, которые могут быть использованы для профилактики, лечения, сдерживания развития или облегчения одного или более симптомов болезни или расстройства, в частности, болезни или расстройства, связанных с бактериальной инфекцией.

Используемый в данной заявке термин "терапевтически эффективное количество" относится к такому количеству терапевтического агента, которое является достаточным для облегчения одного или более симптомов болезни или расстройства, в частности,

болезни или расстройства, связанных с бактериальной инфекцией.

Применяемые в данной заявке термины "лечить", "лечение" и "лечащий" относятся к облегчению одного или более симптомов болезни или расстройства, в частности, болезни или расстройства, связанных с бактериальной инфекцией, которое возникает после введения одного или более бактериофагов и/ил полипептидов по изобретению. Как отмечено выше, термин "лечение" и родственные ему термины относятся как к терапевтическому лечению, так и к профилактическим или предупредительным мерам, при этом цель такого лечения состоит в устранении, уменьшении, ослаблении тяжести, замедлении развития или задержке или профилактике симптомов или вызывающей их причины (например, бактериальной инфекции), связанных с патологическим состоянием или расстройством.

Применяемые в данной заявке термины "антибактериальная активность" и "антимикробная активность" в отношении бактериофага, выделенного бактериофагового белка (или его варианта, производного или фрагмента) или бактериофагового продукта используются как взаимозаменяемые для обозначения способности вызывать киллинг и/или ингибировать рост или репродукцию микроорганизма, в частности, бактерий или штаммов бактерий, которые инфицируются бактериофагом. Согласно некоторым вариантам антибактериальная или антимикробная активность оценивается при культивировании бактерий, например, грамположительных бактерий (в том числе, S. aureus), грамотрицательных бактерий (например, K. pneumoniae, A. baumannii, E. coli и/или P. aeruginosa) или бактерий, которые не классифицируются ни как отрицательные, ни как положительные, стандартными методами (например, в жидкой культуре или на агаровых пластинах), контактировании полученной культуры с бактериофагом или полипептидом согласно изобретению и мониторинге клеточного роста после указанного контактирования.

Например, в жидкой культуре бактерии могут вырасти до достижения оптической плотности ("OD"), отражающей среднюю точку на кривой экспоненциального роста культуры; эта культура подвергается действию одного или более бактериофагов или полипептидов по изобретению в одной или более концентрациях и затем осуществляют мониторинг OD относительно контрольной культуры. Уменьшение OD относительно плотности контрольной культуры свидетельствует о проявлении антибактериальной активности бактериофагом и/или полипептидами по изобретению (например, о проявлении лизирующей киллерной активности) против испытуемого образца или вида бактерий и/или штамма в указанной культуре. Подобным образом дают колониям бактерий образоваться на агаровых пластинах, эти пластины подвергают действию бактериофага и/или полипептидов по изобретению и оценивают последующий рост колоний по сравнению с контрольными пластинами. Уменьшение размеров бактериальной колонии или уменьшение общего числа колоний показывает, что бактериофаг и/или полипептид обладают антибактериальной активностью.

Применяемый в данной заявке термин "домен CHAP" относится к консервативному домену амидазы, обнаруженному в нескольких кодированных фагом пептидогликан-гидролазах и обозначает "цистеин, гистидин-зависимые амидогидролазы/пептидазы." См., например, источник Rigden D, et. al., Trends Biochem Sci. 2003 May 28(5): 230-4. Этот домен обнаружен в суперсемействе амидаз, включая GSP-амидазу и пептидогликан-гидролазы. Это семейство обладает по меньшей мере двумя разными типами активности, расщепляющей пептидогликаны: активностью L-мурамил-L-аланинамидазы и активностью D-аланилглицил-эндопептидазы. Домены CHAP обычно содержат консервативные остатки цистеина и гистидина и гидролизуют γ-глутамилсодержащие

субстраты. Полагают, что эти цистеиновые остатки являются существенными для проявления активности нескольких указанных амидаз, и их тиольные группы действуют как нуклеофилы в каталитических механизмах всех ферментов, содержащих этот домен. Домены CHAP часто находятся в ассоциации с другими доменами, которые расщепляют пептидогликан, например, действуя вместе с ними при расщеплении специфических субстратов. См., также источник Bateman A, et al., Trends Biochem Sci. 2003 May 28(5): 234-7.

КРАТКОЕ ОПИСАНИЕ ФИГУР

На ФИГУРАХ 1A-1B показана схематически структура генома F391/08, содержащего последовательность нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 1. Открытые рамки считывания ("ORF"), примерно находящиеся в геноме 113 Т.П.О., показаны стрелками и пронумерованы цифрами черного цвета. Направление стрелки показывает направление транскрипции. Цветовые обозначения: черный цвет- ORF, для которых продукты функционального назначения могут быть получены на основе известных функций гомологичных белков; серый цвет- ORF, кодирующие продукты, которые похожи на белки с неизвестной функцией; незакрашенные ORF, кодирующие белки, которые не гомологичны белкам, содержащимся в доступных базах данных. ORF с предсказанной функциональностью также перечислены на этой ФИГУРЕ. Информация, приведенная на ФИГУРЕ, показана также в табличной форме на ФИГУРЕ 2.

ФИГУРЫ 2A-2II: Характеристики генома F391/08 бактериофага, включая генные продукты и указание предполагаемых функций. На указанных ФИГУРАХ приведен перечень ORF генома и для каждой ORF указано: (i) ее положение в геноме, (ii) кодирующая аминокислотная последовательность, (iii) перечень гомологичных белков и консервативных доменов в кодированном полипептиде и (iv) указание предполагаемой функции. ORF 1-172, перечисленные на ФИГУРЕ 2, кодируют аминокислотные последовательности SEQ ID NO: 5-176, соответственно.

На ФИГУРЕ 3 показана схематически организация генома F394/08, содержащего аминокислотную последовательность SEQ ID NO: 2. Открытые рамки считывания ("ORF"), находящиеся примерно в геноме 31Т.П.О. показаны стрелками и пронумерованы цифрами черного цвета. Направление стрелки показывает направление транскрипции. Цветовые обозначения: черный цвет- ORF, для которых продукты функционального назначения могут быть получены на основе известных функций гомологичных белков; серый цвет- ORF, кодирующие продукты, которые похожи на белки с неизвестной функцией; незакрашенные ORF, кодирующие белки, которые не гомологичны белкам, содержащимся в доступных базах данных. ORF с предсказанной функционльностью также перечислены на этой ФИГУРЕ. Информация, приведенная на этой Фигуре, показана также в табличной форме на ФИГУРЕ 4.

ФИГУРЫ 4A-4K: Характеристики генома F394/08 бактериофага, включая генные продукты и указание предполагаемых функций. На указанных ФИГУРАХ приведен перечень ORF генома и для каждой ORF указано: (i) ее положение в геноме, (ii) кодирующая аминокислотная последовательность, (iii) перечень гомологичных белков и консервативных доменов в кодированном полипептиде и (iv) указание предполагаемой функции. ORF 1-47, перечисленные на ФИГУРЕ 4, кодируют аминокислотные последовательности SEQ ID NO: 177-223, соответственно.

ФИГУРЫ 5A-5B: показана схематически структура генома F488/08, содержащего последовательность нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 3. Открытые рамки считывания ("ORF"), находящиеся примерно в геноме 167 Т.П.О. показаны стрелками и пронумерованы цифрами черного цвета. Направление стрелки показывает направление

транскрипции. Цветовые обозначения: черный цвет- ORF, для которых продукты функционального назначения могут быть получены на основе известных функций гомологичных белков; серый цвет- ORF, кодирующие продукты, которые похожи на белки с неизвестной функцией; незакрашенные ORF, кодирующие белки, которые не гомологичны белкам, содержащимся в доступных базах данных. ORF с предсказанной функционльностью также перечислены на этой ФИГУРЕ. Информация, приведенная на этой ФИГУРЕ, показана также в табличной форме на ФИГУРЕ 6.

ФИГУРЫ 6A-6DDD: Характеристики генома F488/08 бактериофага, включая генные продукты и указание предполагаемых функций. На этих ФИГУРАХ приведен перечень ORF генома и для каждой ORF указано: (i) ее положение в геноме, (ii) кодирующая аминокислотная последовательность, (iii) перечень гомологичных белков и консервативных доменов в кодированном полипептиде и (iv) указание предполагаемой функции.

ORF 1-283, перечисленные на Фигуре 6, кодируют аминокислотные последовательности SEQ ID NO: 224-506, соответственно.

ФИГУРА 7: показана схематически структура генома F510/08, содержащего последовательность нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 4. Открытые рамки считывания ("ORF"), находящиеся примерно в геноме 43 Т.П.О. показаны стрелками и пронумерованы цифрами черного цвета. Направление стрелки показывает направление транскрипции. Цветовые обозначения: черный цвет- ORF, для которых продукты функционального назначения могут быть получены на основе известных функций гомологичных белков; серый цвет- ORF, кодирующие продукты, которые похожи на белки с неизвестной функцией; незакрашенные ORF, кодирующие белки, которые не гомологичны белкам, содержащимся в доступных базах данных. ORF с предсказанной функциональностью также перечислены на этой ФИГУРЕ. Информация, приведенная на этой ФИГУРЕ, показана также в табличной форме на ФИГУРЕ 8.

ФИГУРЫ 8A-8S: характеристики генома F510/08 бактериофага, включая генные продукты и указание предполагаемых функций. На ФИГУРАХ приведен перечень ORF генома и для каждой ORF указано: (i) ее положение в геноме, (ii) кодирующая аминокислотная последовательность, (iii) перечень гомологичных белков и консервативных доменов в кодированном полипептиде и (iv) указание предполагаемой функции.

ORF 1-53, перечисленные на ФИГУРЕ 8, кодируют аминокислотные последовательности SEQ ID NO: 507-559, соответственно.

ФИГУРА 9: показана схематически структура генома F44/10, содержащего последовательность нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 560. Открытые рамки считывания ("ORF"), находящиеся примерно в геноме 137Т.П.О. показаны стрелками и пронумерованы цифрами черного цвета. Направление стрелки показывает направление транскрипции. Цветовые обозначения: черный цвет- ORF, для которых продукты функционального назначения могут быть получены на основе известных функций гомологичных белков; серый цвет- ORF, кодирующие продукты, которые похожи на белки с неизвестной функцией; незакрашенные ORF, кодирующие белки, которые не гомологичны белкам, содержащимся в доступных базах данных. ORF с предсказанной функциональностью также перечислены на этой ФИГУРЕ. Информация, приведенная на этой ФИГУРЕ, показана также в табличной форме на ФИГУРЕ 10.

ФИГУРЫ 10A-10QQ: характеристики генома F44/10 бактериофага, включая генные продукты и указание предполагаемых функций. На ФИГУРАХ приведен перечень ORF генома и для каждой ORF указано: (i) ее положение в геноме, (ii) кодирующая

аминокислотная последовательность, (iii) перечень гомологичных белков и консервативных доменов в кодированном полипептиде и (iv) указание предполагаемой функции.

ORF 1-216, включая ORF 1a, 1b, 82a, 82b, 82c, 114a и 114b, перечисленные на ФИГУРЕ 10, кодируют аминокислотные последовательности SEQ ID NO: 561-780, соответственно.

ФИГУРА 11: показана схематически структура генома F387/08, содержащего последовательность нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 781. Открытые рамки считывания ("ORF"), находящиеся примерно в геноме 167Т.П.О. показаны стрелками и пронумерованы цифрами черного цвета. Направление стрелки показывает направление транскрипции. Цветовые обозначения: черный цвет- ORF, для которых продукты функционального назначения могут быть получены на основе известных функций гомологичных белков; серый цвет- ORF, кодирующие продукты, которые похожи на белки с неизвестной функцией; незакрашенные ORF, кодирующие белки, которые не гомологичны белкам, содержащимся в доступных базах данных. ORF с предсказанной функциональностью также перечислены на этой ФИГУРЕ. Информация, приведенная на этой ФИГУРЕ, показана также в табличной форме на ФИГУРЕ 12.

ФИГУРЫ 12A-12AZ: характеристики генома F387/08 бактериофага, включая генные продукты и указание предполагаемых функций. На этих ФИГУРАХ приведен перечень ORF генома и для каждой ORF указано: (i) ее положение в геноме, (ii) кодирующая аминокислотная последовательность, (iii) перечень гомологичных белков и консервативных доменов в кодированном полипептиде и (iv) указание предполагаемой функции.

ORF 1-292, перечисленные на ФИГУРЕ 12, кодируют аминокислотные последовательности SEQ ID NO: 782-1073, соответственно.

ФИГУРЫ 13A-13 B: показана схематически структура генома F125/10, содержащего последовательность нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 1074. Открытые рамки считывания ("ORF"), находящиеся примерно в геноме 145Т.П.О. показаны стрелками и пронумерованы цифрами черного цвета. Направление стрелки показывает направление транскрипции. Цветовые обозначения: черный цвет- ORF, для которых продукты функционального назначения могут быть получены на основе известных функций гомологичных белков; серый цвет- ORF, кодирующие продукты, которые похожи на белки с неизвестной функцией; незакрашенные ORF, кодирующие белки, которые не гомологичны белкам, содержащимся в доступных базах данных. ORF с предсказанной функциональностью также перечислены на этой ФИГУРЕ. Информация, приведенная на этой ФИГУРЕ, показана также в табличной форме на ФИГУРАХ 14A-14ZZZ.

ФИГУРЫ 14A-14ZZZ: характеристики генома F125/10 бактериофага, включая генные продукты и указание предполагаемых функций. На этих ФИГУРАХ приведен перечень ORF генома и для каждой ORF указано: (i) ее положение в геноме, (ii) кодирующая аминокислотная последовательность, (iii) перечень гомологичных белков и консервативных доменов в кодированном полипептиде и (iv) указание предполагаемой функции. ORF 1b-221, 1a, перечисленные на этой Фигуре, кодируют аминокислотные последовательности SEQ ID NO: 1075-1300, соответственно, включая 36a и 36b, 68a и 68b, и 153a и 153b.

ФИГУРЫ 15A-15III: нуклеотидная последовательность генома бактериофага F391/08 (SEQ ID NO: 1).

ФИГУРЫ 16A-16Q: нуклеотидная последовательность генома бактериофага F394/08 (SEQ ID NO: 2).

Фигуры 17A-17KKK: нуклеотидная последовательность генома бактериофага F488/

08 (SEQ ID NO: 3).

ФИГУРЫ 18A-18X: нуклеотидная последовательность генома бактериофага F510/08 (SEQ ID NO: 4).

ФИГУРЫ 19A-19UUU: нуклеотидная последовательность генома бактериофага F44/10 (SEQ ID NO: 560).

ФИГУРЫ 20A-20KKKK: нуклеотидная последовательность генома бактериофага F387/08 (SEQ ID NO: 781).

ФИГУРЫ 21A-21ZZZ: нуклеотидная последовательность генома бактериофага F125/10 (SEQ ID NO: 1074).

ОСУЩЕСТВЛЕНИЕ ИЗОБРЕТЕНИЯ

Данное описание предусматривает выделенные бактериофаги и их выделенные полипептиды, обладающие антибактериальной активностью против одного или более видов или штаммов нозокомиальных патогенов Klebsiella pneumoniae, Acinetobacter baumannii, Escherichia coli, Pseudomonas aeruginosa и S. aureus. Согласно одному из вариантов предусмотрены выделенные бактериофаги или полипептиды, которые проявляют антибактериальную или антимикробную активность против резистентных к метициллину штаммов S. aureus (MRSA). Кроме того, бактериофаги и полипептиды согласно данному изобретению могут проявлять антибактериальную или антимикробную активность в отношении одного или более видов или штаммов патогенных бактерий, включая, но без ограничения, S. epidermidis, S. auricularis, S. capitis, S. haemolyticus, S. hominis, S. saprophyticus, S. simulans, S. xylosis, Micrococcus luteus, Bacilus subtilis, B. pumilus, E. hirae и E. avium.

Согласно некоторым вариантам данное изобретение предусматривает бактериофаг, содержащий геном, включающий или состоящий из последовательности нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 1. Конкретным примером согласно данному варианту изобретения является выделенный бактериофаг F391/08, который может быть нацелен на ряд штаммов бактерий вида Klebsiella, включая K pneumoniae и K. oxytoca. Схематическая организация генома F391/08, включающего последовательность нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 1, показана на ФИГУРЕ 1. Открытые рамки считывания (ORF) в геноме F391/08 представлены на ФИГУРЕ 2. Показаны также положения ORF в геноме, аминокислотные последовательности, кодированные ORF, гомологичные или похожие белки и консервативные домены в кодированном полипептиде и предполагаемые функции. ORF 1-172, перечисленные на ФИГУРЕ 2, кодируют аминокислотные последовательности SEQ ID NO: 5-176, соответственно.

Согласно некоторым вариантам данное изобретение предусматривает бактериофаг, содержащий геном, включающий или состоящий из последовательности нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 781. Конкретным примером согласно данному варианту изобретения является выделенный бактериофаг F387/08, который может быть нацелен на ряд штаммов бактерий вида Klebsiella, включая K. pneumoniae и K. oxytoca. Схематическая организация генома F387/08, включающего последовательность нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 781, показана на ФИГУРЕ 11. Открытые рамки считывания (ORF) в геноме F387/08 представлены на ФИГУРЕ 12. Показаны также положения ORF в геноме F387/08, аминокислотные последовательности, кодированные ORF, гомологичные или похожие белки и консервативные домены в кодированном полипептиде и предполагаемые функции. ORF 1-292, перечисленные на Фигуре 12, кодируют аминокислотные последовательности SEQ ID NO: 782-1073, соответственно.

Бактерия Klebsiella pneumonia представляет собой неподвижную грамотрицательную бактерию палочковидной формы, обнаруженную в нормальной флоре полости рта,

кожи и кишечника. Как инкапсулированный факультативный анаэроб, бактерия также имеется в природе в почве и около 30% штаммов могут удерживать азот в анаэробных условиях. Клинически, эта бактерия является наиболее важным членом рода Klebsiella семейства Enterobacteriaceae и также тесно связана с видом K. oxytoca. Инфекции, вызванные Klebsiella, возникают у людей с ослабленной иммунной системой из-за неправильного питания, например, у алкоголиков и диабетиков. Бактерия Klebsiella является также условно патогенным микроорганизмом у пациентов с хронической легочной болезнью, энтеральной патогенностью, атрофией слизистой оболочки носа и риносклеромой. С течением времени появляются новые резистентные к антибиотикам штаммы K. pneumonia и все чаще появляются инфекции, вызванные нозокомиальными бактериями, например, вследствие контакта с загрязненным инструментарием.

Согласно некоторым вариантам данное изобретение предусматривает бактериофаг, содержащий геном, включающий или состоящий из последовательности нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 2. Конкретным примером согласно данному варианту изобретения является выделенный бактериофаг F394/08, который может быть нацелен на ряд штаммов бактерий вида Acinetobacter, включая A. baumanni, A. calcoaceticus и A. Iwoffi. Схематическая организация генома F391/08, включающего последовательность нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 2, показана на ФИГУРЕ 3. Открытые рамки считывания (ORF) в геноме F394/08 представлены на ФИГУРЕ 4. Показаны также положения ORF в геноме, аминокислотные последовательности, кодированные ORF, гомологичные или похожие белки и консервативные домены в кодированном полипептиде и предполагаемые функции. ORF 1-47, перечисленные на ФИГУРЕ 4, кодируют аминокислотные последовательности SEQ ID NO: 177-223, соответственно.

Acinetobacter baumannii представляет собой вид бактерий, которые вызывают ряд серьезных клинических инфекций, особенно у индивидуумов с нарушенным иммунитетом. A. baumannii является плеоморфной аэробной грамотрицательной палочковидной бактерией, которая обычно выделяется из больничной среды и из организма госпитализированных пациентов. Бактерия часто попадает в открытые раны, катетеры или дыхательные трубки. A. baumannii обычно образует колонии в водной среде и часто культивируется в мокроте госпитализированных пациентов или в секреции органов дыхания, в ранах и в моче. В больнице A. baumannii обычно образует колонии в растворах для промывки и в растворах для внутривенного введения. Известно также, что эта бактерия устойчива к действию многих антибиотиков, и количество нозокомиальных инфекций, вызванных A. Baumanni, в последние годы растет.

Согласно некоторым вариантам данное изобретение предусматривает бактериофаг, содержащий геном, включающий или состоящий из последовательности нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 3. Конкретным примером согласно данному варианту изобретения является выделенный бактериофаг F488/08, который может быть нацелен на ряд штаммов бактерий вида Escherichia, включая E. coli. Схематическая организация генома F488/08, включающего последовательность нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 3, показана на ФИГУРЕ 5. Открытые рамки считывания (ORF) в геноме F488/08 представлены на ФИГУРЕ 6. Показаны также положения ORF в геноме, аминокислотные последовательности, кодированные ORF, гомологичные или похожие белки и консервативные домены в кодированном полипептиде и предполагаемые функции. ORF 1-283, перечисленные на ФИГУРЕ 6, кодируют аминокислотные последовательности SEQ ID NO: 224-506, соответственно.

Бактерия Escherichia coli представляет собой грамотрицательную палочковидную бактерию, которая обычно обнаруживается в нижней части кишечника млекопитающих,

являясь основной факультативной анаэробной бактерией желудочно-кишечного тракта. Большая часть штаммов E. coli является безвредной и может входить в состав нормальной флоры кишечника, где они могут быть благоприятными для клеток-хозяев, например, за счет продуцирования витамина К2 и/или предотвращения появления патогенных бактерий в кишечнике. Однако некоторые вирулентные штаммы E. coli могут вызывать пищевое отравление, обычно проявляющееся как периодический понос. Другие вирулентные штаммы, такие как O157:H7, могут вызывать серьезные заболевания и даже смерть у пожилых людей, очень молодых людей или людей с плохим иммунитетом. Штаммы, такие как O157:H7, а также O121 и O104:H21, продуцируют потенциально летальные токсины. Вирулентные штаммы E. coli могут также вызывать гастроэнтерит, инфекции мочевого тракта и неонатальный менингит, а также, в более редких случаях, гемолитико-уремический синдром (HUS), перитонит, мастит, септицемию и пневмонию, вызванную грамотрицательными бактериями. Кроме того, если бактерии E. coli покидают кишечный тракт через перфорацию в тканях (например, из лопнувшего аппендицита и лопнувшей язвы или вследствие хирургической ошибки) и попадают в брюшинную полость, они обычно вызывают перитонит, который без неотложного лечения может стать фатальным. При воспалительных заболеваниях кишечника, при болезни Крона и язвенном колите, в слизистой оболочке кишечника также наблюдаются E. Coli.

Антибиотики, которые могут быть использованы при лечении инфекции, вызванной E. coli, включают амоксициллин, а также другие полусинтетические пенициллины, многие цефалоспорины, карбапенемы, азтреонам, триметоприм-сульфаметоксазол, ципрофлоксацин, нитрофурантоин и аминогликозиды. Тем не менее, являясь грамотрицательными организмами, E. coli резистентны ко многим антибиотикам, которые являются эффективными против грамположительных организмов, такая резистентность к антибиотикам представляет собой растущую проблему. Например, резистентность к бета-лактамным антибиотикам в последнее время стала особенной проблемой, так как штаммы бактерий, которые продуцируют бета-лактамазы расширенного спектра, стали более распространенными. Эти ферменты бета-лактамазы могут превращать многие, если не все, пенициллины и/или цефалоспорины в терапевтически неэффективные антибиотики. Штаммы E. coli, продуцирующие бета лактамазы расширенного спектра, которые резистентны ко многим антибиотикам, приводят к возникновению инфекций, которые особенно трудно поддаются лечению.

Согласно некоторым вариантам данное изобретение предусматривает бактериофаг, содержащий геном, включающий или состоящий из последовательности нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 4. Конкретным примером согласно данному варианту изобретения является выделенный бактериофаг F510/08, который может быть нацелен на ряд штаммов бактерий вида Pseudomonas species, including P. aeruginosa. Схематическая организация генома F510/08, включающего последовательность нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 4, показана на ФИГУРЕ 7. Открытые рамки считывания (ORF) в геноме F510/08 представлены на ФИГУРЕ 8. Показаны также положения ORF в геноме, аминокислотные последовательности, кодированные ORF, гомологичные или похожие белки и консервативные домены в кодированном полипептиде и предполагаемые функции. ORF 1-53, перечисленные на ФИГУРЕ 8, кодируют аминокислотные последовательности SEQ ID NO: 507-559, соответственно.

Pseudomonas aeruginosa представляет собой распространенную грамотрицательную палочковидную бактерию, обнаруженную в почве, воде, бактериальной флоре кожи и в созданной человеком окружающей среде. Она прекрасно разрастается не только в

обычной среде, но также при наличии небольшого количества кислорода как факультативный анаэроб и может инфицировать поврежденные ткани или индивидуумов с ослабленным иммунитетом. Когда такие колонии образуются в органах, имеющих первостепенное значение, таких как легкие, мочевой тракт и почки, результаты могут быть фатальными. Поскольку эта бактерия размножается на поверхностях, ее находят также на медицинском оборудовании и внутри него, таком как катетеры, что вызывает перекрестные инфекции в больницах и клиниках. P. aeruginosa является одним из многих релевантных условно-патогенных, нозокомиальных патогенов, было установлено, что один из десяти приобретенных в больнице видов инфекций вызван именно Pseudomonas. P. aeruginosa является наиболее распространенной причиной инфекций от ожоговых травм и инвазивным микробом, наиболее часто встречающимся в медицинских инструментах, таких как катетеры.

Согласно некоторым вариантам данное изобретение предусматривает бактериофаг, содержащий геном, включающий или состоящий из последовательности нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 560. Конкретным примером согласно данному варианту изобретения является выделенный бактериофаг F44/10, который может быть нацелен на ряд штаммов бактерий вида Staphylococcus species, including S. aureus. Схематическая организация генома F44/10, включающего последовательность нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 560, показана на ФИГУРЕ 9. Открытые рамки считывания (ORF) в геноме F44/10 представлены на ФИГУРЕ 10. Показаны также положения ORF в геноме, аминокислотные последовательности, кодированные ORF, гомологичные или похожие белки и консервативные домены в кодированном полипептиде и предполагаемые функции. ORF 1-216, включая 1a, 1b, 82a, 82b, 82c, 114a и 114b, перечисленные на ФИГУРЕ 10, кодируют аминокислотные последовательности SEQ ID NO: 561-780, как показано на этой ФИГУРЕ.

Согласно некоторым вариантам данное изобретение предусматривает бактериофаг, содержащий геном, включающий или состоящий из последовательности нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 1074. Конкретным примером согласно данному варианту изобретения является выделенный бактериофаг F125/10, который может быть нацелен на ряд штаммов бактерий вида Staphylococcus species, including S. aureus. Схематическая организация генома F125/10, включающего последовательность нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 1074, показана на ФИГУРЕ 13. Открытые рамки считывания (ORF) в геноме F125/10 представлены на ФИГУРЕ 14. Показаны также положения ORF в геноме, аминокислотные последовательности, кодированные ORF, гомологичные или похожие белки и консервативные домены в кодированном полипептиде и предполагаемые функции. ORF 1-221, включая 1a, 1b, 36a, 36b, 68a, 68b, 153a и 153b, перечисленные на ФИГУРЕ 14, кодируют аминокислотные последовательности SEQ ID NO: 1075-1300, как показано на ФИГУРЕ.

Staphylococcus aureus представляет собой грамположительную факультативную бактерию сферической формы, которая растет в виде гроздеподобных кластеров с характерным золотистым цветом, и является наиболее распространенной причиной стафилококковых инфекций. Часто она входит в состав бактериальной флоры человеческой кожи и отвечает за ряд инфекций, включая сыпь, карбункулы, токсический некроз эпидермиса, пневмонию, гастроэнтерит, менингит, остеомиелит, эндокардит, синдром токсического шока, бактериемию и сепсис. Она остается одной из пяти наиболее распространенных причин нозокомиальных инфекций, часто вызывая раневые инфекции после хирургического вмешательства. Было подсчитано, что около 50000 пациентов в американских больницах подхватывают стафилококковую инфекцию. Особенную

проблему представляют штаммы Staphylococcus aureus, резистентные к метициллину (MRSA). MRSA оставались нечастой причиной возникновения инфекций в больнице до 90-х годов 20-го века, когда произошло резкое увеличение количества случаев заболеваний, преобладающих в больничной обстановке, где теперь они считаются эндемическими, особенно в Соединенном Королевстве. См., Johnson A.P., et al., J. Antimicrobial Chemotherapy, 48(1): 143-144 (2001). S. aureus оказалась очень выносливой бактерией и в одном исследовании было показано, что она может выжить на поверхности полиэфира в течение почти трех месяцев, такой полиэфир является основным материалом, применяемым для изготовления разделительных штор в больнице. См., Neely, A.N., et al., J. Clin. Microbiol., 38(2): 724-726 (2000).

16 сентября 2011 г. в коллекции NCIMB Limited (Национальной коллекции промышленных, пищевых и морских бактерий), расположенной в Ferguson Building, Craibstone Estate, Bucksburn, Aberdeen, AB21 9YA, Scotland, Соединенное Королевство, по условиям Будапештского договора о международном признании депонирования микроорганизмов для целей патентной процедуры (("Будапештский договор") были депонированы следующие указанные ниже организмы, и NCIMB присвоила им следующие номера доступа для поддерживаемых культур: штамм-хозяин Pseudomonas aeruginosa 433/07 B2, NCIMB 41861; штамм-хозяин Staphylococcus aureus 743/06 B1, NCIMB 41862; штамм-хозяин Acinetobacter baumannii 1305/05 B3, NCIMB 41863; фаг F770/05 Pseudomonas aeruginosa, NCIMB 41864; фаг F1245/05 Acinetobacter baumannii, NCIMB 41865; фаг F125/10 Staphylococcus aureus, NCIMB 41866; фаг F44/10 Staphylococcus aureus, NCIMB 41867; и фаг F510/08 Pseudomonas aeruginosa, NCIMB 41868, все из которых включены в данную заявку посредством отсылок.

Согласно некоторым вариантам бактериофаг по изобретению содержит или состоит из генома, содержащего последовательность, идентичную по меньшей мере на 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98% или по меньшей мере на 99% последовательности нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 560, SEQ ID NO: 781 или SEQ ID NO: 1074, при этом указанный бактериофаг проявляет по меньшей мере один вид биологической активности, например, антимикробную или антибактериальную активность (например, лизирующую киллерную активность) одного или более бактериофагов F391/08, F394/08, F488/08, F510/08, F387/08, FF44/10 и F125/10. Альтернативно или в дополнение, бактериофаг по изобретению может содержать геном, содержащий функциональный фрагмент последовательности нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 560, SEQ ID NO: 781 или SEQ ID NO: 1074, включая последовательности любой из открытых рамок считывания, показанных на ФИГУРАХ 2, 4, 6, 8, 10, 12 и/или 14.

Данное изобретение предусматривает также выделенные бактерии, инфицированные одним или более бактериофагами по изобретению. Согласно некоторым вариантам данное изобретение предусматривает выделенные бактерии K. pneumonia, инфицированные бактериофагом, содержащим геном, включающий или состоящий из последовательности нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 1 и/или SEQ ID NO: 781. Согласно некоторым вариантам данное изобретение предусматривает выделенные бактерии A. baumannii, инфицированные бактериофагом, содержащим геном, включающий или состоящий из последовательности нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 2. Согласно некоторым вариантам данное изобретение предусматривает выделенные бактерии E. coli, инфицированные бактериофагом, содержащим геном, включающий или состоящий из последовательности нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 3. Согласно некоторым вариантам данное изобретение предусматривает выделенную бактерию P. aeruginosa,

инфицированную бактериофагом, содержащим геном, включающий или состоящий из последовательности нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 4. Согласно некоторым вариантам данное изобретение предусматривает выделенную бактерию S. Aureus, инфицированную бактериофагом, содержащим геном, включающий или состоящий из последовательности нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 560 и/или SEQ ID NO: 1074.

Настоящее изобретение предусматривает способы получения и выделения бактериофага, имеющего геном, включающий или состоящий из последовательности нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 560, SEQ ID NO: 781 или SEQ ID NO: 1074.

Согласно некоторым вариантам данное изобретение предусматривает способы получения и выделения бактериофага, имеющего геном, включающий или состоящий из последовательности нуклеиновой кислоты из SEQ ID NO: 1 и/или SEQ ID NO: 781, включающие (i) получение культуры K. pneumoniae, (ii) ее инфицирование бактериофагом, имеющим геном, включающий или состоящий из последовательности нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 2; (iii) культивирование клеток до появления сильного лизиса культуры; и (iv) выделение бактериофага из этой культуры. Согласно другим вариантам данное изобретение предусматривает способ получения и выделения бактериофага, имеющего геном, который содержит или состоит из последовательности нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 3, включающий (i) получение культуры E. coli, (ii) ее инфицирование бактериофагом, имеющим геном, включающий или состоящий из последовательности нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 3; (iii) культивирование клеток до появления сильного лизиса культуры; и (iv) выделение бактериофага из этой культуры. Согласно другим вариантам данное изобретение предусматривает способ получения и выделения бактериофага, имеющего геном, который содержит или состоит из последовательности нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 4, включающий (i) получение культуры P. aeruginosa, (ii) ее инфицирование бактериофагом, имеющим геном, включающий или состоящий из последовательности нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 4; (iii) культивирование клеток до появления сильного лизиса культуры; и (iv) выделение бактериофага из этой культуры.

Согласно другим вариантам данное изобретение предусматривает способ получения и выделения бактериофага, имеющего геном, который содержит или состоит из последовательности нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 560 и/или SEQ ID NO: 1074, включающий (i) получение культуры S. aureus, (ii) ее инфицирование бактериофагом, имеющим геном, включающий или состоящий из последовательности нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 560 и/или SEQ ID NO: 1074; (iii) культивирование клеток до появления сильного лизиса культуры; и (iv) выделение бактериофага из этой культуры.

Бактериофаг может быть выделен из бактериального образца с помощью любого метода, описанного в данной заявке или известного из уровня техники (см., например, Carlson, "Working with bacteriophage: common techniques and methodological approaches," In, Kutter and Sulakvelidze (Eds) Bacteriophage: Biology and Applications, 5th ed. CRC Press (2005); этот источник полностью включен в данную заявку посредством отсылки).

Данное изобретение предусматривает также полипептиды, выделенные из бактериофага по изобретению. Выделенные полипептиды могут быть бактериофаговыми белками полной длины или могут быть фрагментами, вариантами или производными бактериофаговых белков при условии, что указанные фрагмент, вариант или производное проявляют по меньшей мере один вид биологической активности, характерной для бактериофага или полипептида, из которого они произведены.

Согласно некоторым вариантам полипептиды по изобретению выделены из

бактериофага F387/08 или F391/08 (который обычно инфицирует K. pneumoniae), бактериофага F394/08 (который обычно инфицирует A. baumannii), бактериофага F488/08 (который обычно инфицирует E. coli), бактериофага F510/08 (который обычно инфицирует P. aeruginosa) или бактериофагов F44/10 или F125/40 (которые обычно инфицируют S. aureus).

Согласно конкретным вариантам полипептид по изобретению представляет собой лизин, выделенный из бактериофага, имеющего геном, содержащий или состоящий из SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 560, SEQ ID NO: 781 или SEQ ID NO: 1074 (например, бактериофагов F391/08, F394/08, F488/08, F510/08, F44/10, F387/08 или or F125/10, соответственно). Согласно конкретным вариантам полипептид по изобретению представляет собой лизиновый белок, например, эндолизин или хвостовой лизин, содержащий аминокислотную последовательность, включающую или состоящую из SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 80, SEQ ID NO: 192, SEQ ID NO: 282, SEQ ID NO: 547, SEQ ID NO: 556, SEQ ID NO: 557, SEQ ID NO: 598, SEQ ID NO: 1216 или SEQ ID NO: 1261. Предсказанные функции указанных лизинов включают, например, Ig-подобный вирионный белок (SEQ ID NO: 20), гидролазу клеточной стенки (SEQ ID NO: 80), эндолизин; N-ацетилмурамил-L-аланинамидазу (SEQ ID NO: 192), растворимый лизоцим (SEQ ID NO: 282), T4-подобный лизоцим (SEQ ID NO: 547), эндолизин (SEQ ID NO: 556), лямбда-Rz1-подобный белок (SEQ ID NO: 557), эндолизин (SEQ ID NO: 598), эндолизин (SEQ ID NO: 1216) и хвостовой лизин (SEQ ID NO: 1261).

Согласно другим вариантам выделенный полипептид по изобретению представляет собой фрагмент, вариант или производное эндолизина или лизина, выделенного из бактериофага по изобретению, при этом эти фрагмент, вариант или производное проявляют по меньшей мере один вид биологической активности, предпочтительно, антибактериальной активности (например, лизирующей киллерной активности), характерной для эндолизина, лизина или бактериофага, из которого они выделены или произведены. Соответственно, согласно некоторым вариантам изобретение предусматривает выделенные полипептиды, которые представляют собой фрагменты, варианты или производные эндолизинов или лизинов, которые выделены из бактериофага по изобретению, при этом эти фрагменты, варианты или производные проявляют антимикробную или антибактериальную активность (например, лизирующую киллерную активность), в отношении одного или более видов бактерий K. pneumoniae, A. baumannii, E. coli, P. aeruginosa или S. aureus. Согласно другим вариантам выделенные полипептиды представляют собой фрагменты, варианты или производные эндолизинов или лизинов, которые выделены из бактериофага по изобретению, которые проявляют антимикробную или антибактериальную активность (например, лизирующую киллерную активность), в отношении одного или более видов бактерий, отличающихся от K. pneumoniae, A. baumannii, E. coli, P. aeruginosa или S. aureus. Согласно некоторым вариантам полипептид по изобретению включает или состоит из аминокислотной последовательности SEQ ID NO: 20 и/или SEQ ID NO: 80 или ее фрагмента, варианта или производного, при этом этот полипептид проявляет антимикробную или антибактериальную активность в отношении одного или более штаммов K. pneumoniae, например, против бактериофага, который имеет геном, содержащий или состоящий из последовательности нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 1. Согласно другим вариантам полипептид по изобретению включает или состоит из аминокислотной последовательности SEQ ID NO: 192 или ее фрагмента, варианта или производного, при этом этот полипептид проявляет антимикробную или антибактериальную активность в отношении одного или более штаммов A. baumannii, например, против

бактериофага, который имеет геном, содержщий или состоящий из последовательности нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 2. Согласно другим вариантам полипептид по изобретению включает или состоит из аминокислотной последовательности SEQ ID NO: 282 или ее фрагмента, варианта или производного, при этом этот полипептид проявляет антимикробную или антибактериальную активность в отношении одного или более штаммов E. coli,, например, в отношении бактериофага, который имеет геном, содержащий или состоящий из последовательности нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 3. Согласно другим вариантам полипептид по изобретению включает или состоит из аминокислотной последовательности SEQ ID NO: 547, SEQ ID NO: 556, SEQ ID NO: 557 или ее фрагмента, варианта или производного, при этом этот полипептид проявляет антимикробную или антибактериальную активность в отношении одного или более штаммов P. aeruginosa, например, против бактериофага, который имеет геном, содержщий или состоящий из последовательности нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 4. Согласно другим вариантам полипептид по изобретению включает или состоит из аминокислотной последовательности SEQ ID NO: 598 или ее фрагмента, варианта или производного, при этом этот полипептид проявляет антимикробную или антибактериальную активность в отношении одного или более штаммов S. aureus, например, в отношении бактериофага, который имеет геном, содержащий или состоящий из последовательности нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 560. Согласно другим вариантам полипептид по изобретению включает или состоит из аминокислотной последовательности SEQ ID NO: 1216 и/или SEQ ID NO: 1261 или ее фрагмента, варианта или производного, при этом этот полипептид проявляет антимикробную или антибактериальную активность в отношении одного или более штаммов S. aureus, например, в отношении бактериофага, который имеет геном, содержащий или состоящий из последовательности нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 1074.

Согласно некоторым вариантам полипептид по изобретению содержит или состоит из домена CHAP, выделенного из эндолизина или лизина бактериофагов F387/08, F391/08, F394/08, F488/08, F510/08, F44/10 или F125/10. Выделенные домены CHAP, как это было показано, сохраняют антибактериальную активность (например, лизирующую киллерную активность) эндолизина или лизина, из которых они произведены; домены CHAP могут быть идентифицированы и выделены стандартными методами, известными из уровня техники (см., например, источники Rigden et al., 2003, Trends Biochem. Sci. 28: 230-234; Bateman et al., 2003, Trends Biochem. Sci. 28:234-237, каждый из которых полностью включен в данную заявку посредством отсылок). Согласно конкретным вариантам полипептид по изобретению содержит или состоит из домена CHAP, выделенного из полипептида, имеющего аминокислотную последовательность SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 80, SEQ ID NO: 192, SEQ ID NO: 282, SEQ ID NO: 547, SEQ ID NO: 556, SEQ ID NO: 557, SEQ ID NO: 598, SEQ ID NO: 1216 или SEQ ID NO: 1261. Согласно другим вариантам данное изобретение предусматривает фрагмент, вариант или производное домена CHAP, выделенного из эндолизина или лизина бактериофага F387/08, F391/08, F394/08, F488/08, F510/08, F44/10, F125/10, при этом эти фрагмент, вариант или производное проявляют по меньше мере один вид биологической активности, например, лизирующую киллерную активность, домена CHAP, из которого они произведены.

Согласно некоторым вариантам полипептид по изобретению содержит или состоит из хвостового белка (например, хвостового компонента, хвостового волоконного белка, хвостового белка, связанного с адсорбцией, белка рулетки хвостового отростка, субъединицы белка клиновидной базальной пластинки) или его фрагмента, варианта

или производного, выделенных из бактериофага, который имеет геном, содержащий или состоящий из последовательности нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 560, SEQ ID NO: 781 или SEQ ID NO: 1074 (например, бактериофага F391/08, F394/08, F488/08, F510/08, F44/10, F387/08 или F125/10, соответственно), при этом хвостовой белок или его фрагмент, вариант или производное обладает биологической функцией, связанной с бактериофагом, из которого он выделен, например, антимикробной активностью или антибактериальной активностью (например, лизирующей киллерной активностью). Согласно конкретным вариантам антимикробная или

антибактериальная активность хвостового белка направлена в отношении по меньшей мере одного или более видов или штаммов бактерий K. pneumoniae, A. baumannii, E. coli, P. Aeruginos или S. aureus. Согласно конкретным вариантам полипептид по изобретению представляет собой хвостовой белок, содержащий аминокислотную последовательность, содержащую или состоящую из SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NO: 32-35, SEQ ID NO: 180, SEQ ID NO: 183, SEQ ID NO: 185, SEQ ID NO: 190, SEQ ID NO: 231, SEQ ID NO: 232, SEQ ID NO: 235, SEQ ID NO: 239-245, SEQ ID NO: 248, SEQ ID NO: 249, SEQ ID NO: 252, SEQ ID NO: 254, SEQ ID NO: 433-437, SEQ ID NO: 489-496, SEQ ID NO: 544, SEQ ID NO: 545, SEQ ID NO: 549, SEQ ID NO: 551, SEQ ID NO: 629; SEQ ID NO: 686, SEQ ID NO: 789, SEQ ID NO: 796-800, SEQ ID NO: 806, SEQ ID NO: 854, SEQ ID NO: 999-1004, SEQ ID NO: 1053-1060, SEQ ID NO: 1077, SEQ ID NO: 1217, SEQ ID NO: 1250 или SEQ ID NO: 1266. Согласно другим вариантам выделенный полипептид по изобретению является фрагментом, вариантом или производным амнокислотной последовательности SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NO: 32-35, SEQ ID NO: 180, SEQ ID NO: 183, SEQ ID NO: 185, SEQ ID NO: 190, SEQ ID NO: 231, SEQ ID NO: 232, SEQ ID NO: 235, SEQ ID NO: 239-245, SEQ ID NO: 248, SEQ ID NO: 249, SEQ ID NO: 252, SEQ ID NO: 254, SEQ ID NO: 433-437, SEQ ID NO: 489-496, SEQ ID NO: 544, SEQ ID NO: 545, SEQ ID NO: 549, SEQ ID NO: 551, SEQ ID NO: 629; SEQ ID NO: 686, SEQ ID NO: 789, SEQ ID NO: 796-800, SEQ ID NO: 806, SEQ ID NO: 854, SEQ ID NO: 999-1004, SEQ ID NO: 1053-1060, SEQ ID NO: 1077, SEQ ID NO: 1217, SEQ ID NO: 1250 или SEQ ID NO: 1266, при этом указанные фрагмент, вариант или производное проявляют по меньшей мере один вид биологической активности или функции бактериофага, из которого они выделены или произведены, например, антимикробную активность или антибактериальную активность (например, лизирующую киллерную активность). Согласно предпочтительным вариантам по меньшей мере один вид биологической активности или функция фрагмента, варианта или производного направлена против одного или более штаммов K. pneumoniae, A. baumannii, E. coli, P. aeruginosa и S. aureus.

Предсказанные функции указанных хвостовых белков включают, например, рецептор-связывающий хвостовой белок (SEQ ID NO: 15), основной хвостовой белок (SEQ ID NO: 26), минорный хвостовой белок (SEQ ID NO: 26), минорный хвостовой белок (SEQ ID NO: 27), порообразующий белок наконечника молекулы (SEQ ID NO: 30), хвостовой белок (SEQ ID NO: 32-33), минорный хвостовой белок (SEQ ID NO: 34), белок хвостового отростка фага (SEQ ID NO: 35), белок чехла хвостового отростка (SEQ ID NO: 180), белок рулетки хвостового отростка (SEQ ID NO: 183), хвостовой белок (SEQ ID NO: 185), фибриллярный хвостовой белок (SEQ ID NO: 190), белок белковой трубки хвостового отростка (SEQ ID NO: 231), мономер чехла хвостового отростка (SEQ ID NO: 232), стабилизирующий и завершающий белок чехла хвостового отростка (SEQ ID NO: 235), короткие нити хвостового отростка (SEQ ID NO: 239), завершающий и

стабилизирующий белок клиновидной базальной пластинки (SEQ ID NO: 240-241), фибриллярный хвостовой завершающий белок кармана базальной пластинки (SEQ ID NO: 242), субъединицу белка клиновидной базальной пластинки (SEQ ID NO: 243), инициатор клиновидной базальной пластинки (SEQ ID NO: 244), клиновидную базальную пластинку (SEQ ID NO: 245), лизоцим субъединицы хаба базальной пластинки хвостового отростка, стержень, прокалывающий клетку (SEQ ID NO: 248), завершение клиновидной базальной пластинки (SEQ ID NO: 249), завершающий стабилизирующий белок чехла хвостового отростка (SEQ ID NO: 252), шапероны сборки длинных и коротких хвостовых нитей (SEQ ID NO: 254), фибриллярный хвостовой белок (SEQ ID NO: 433), фибриллярный хвостовой белок (SEQ ID NO: 434), длинные хвостовые нити шарнирного соединения (SEQ ID NO: 435), шарнир хвостовой нити (SEQ ID NO: 436), проксимальная субъединица нити хвостового отростка (SEQ ID NO: 437), белок инициатора трубки базальной пластинки (SEQ ID NO: 489), базальную пластинку (SEQ ID NO: 490), субъединицу хаба базальной пластинки, детерминатор длины хвоста (SEQ ID NO: 491), субъединицу дистального хаба базальной пластинки (SEQ ID NO: 492), субъединицу хаба базальной пластинки (SEQ ID NO: 493), катализатор сборки хабов базальной пластинки (SEQ ID NO: 494), субъединицу хаба базальной пластинки (SEQ ID NO: 495), субъединицу конусовидной базальной пластинки (SEQ ID NO: 496), белок трубки хвостового отростка (SEQ ID NO: 544-545), хвостовой фибриллярный белок (SEQ ID NO: 549 и SEQ ID NO: 551), основной белок чехла хвостового отростка (SEQ ID NO: 629); основной хвостовой белок (SEQ ID NO: 686); белок трубки хвостового отростка (SEQ ID NO: 789); фибритин (SEQ ID NO: 796); короткие хвостовые нити (SEQ ID NO: 797); завершающий и стабилизирующий белок конца молекулы клиновидной базальной пластинки (SEQ ID NO: 798); субъединицу конусовидной базальной пластинки и наконечник хвостового отростка (SEQ ID NO: 799); фибриллярный линкер конусовидной базальной пластинки хвостового отростка (SEQ ID NO: 800); субъединицу хаба базальной пластинки и лизоцим (SEQ ID NO: 806); лизоцим (SEQ ID NO: 854); холин (SEQ ID NO: 999); катализатор сборки дистальных длинных хвостовых нитей (SEQ ID NO: 1000); L-образный белок нитей хвостового отростка (SEQ ID NO: 1001); шарнирный линкер дистального линкера длинных хвостовых нитей (SEQ ID NO: 1002); шарнирный линкер проксимального линкера длинных хвостовых нитей (SEQ ID NO: 1003); проксимальную субъединицу длинных хвостовых нитей (SEQ ID NO: 1004); инициатор трубки базальной пластинки хвостового отростка (SEQ ID NO: 1053); завершение трубки базальной пластинки (SEQ ID NO: 1054); субъединицу хаба базальной пластинки, детерминатор длины хвостового отростка (SEQ ID NO: 1055); субъединицу дистального хаба базальной пластинки (SEQ ID NO: 1056); субъединицу хаба базальной пластинки (SEQ ID NO: 1057 и 1059); катализатор сборки хабов базальной пластинки (SEQ ID NO: 1058); субъединицу конусовидной базальной пластинки (SEQ ID NO: 1058); субъединицу конусовидной базальной пластинки (SEQ ID NO: 1060); основной хвостовой белок (SEQ ID NO: 1077); холин (SEQ ID NO: 1217); основной белок чехла хвостового отростка (SEQ ID NO: 1250); и белок базальной пластинки (SEQ ID NO: 1266).

Согласно некоторым вариантам данное изобретение охватывает вариант, фрагмент или производное аминокислотной последовательности SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 30 или SEQ ID NO: 32-35, которые обладают биологической функцией, связанной с бактериофагом, включающим геном, содержащий или состоящий из последовательности нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 1, например, антимикробной или антибактериальной активностью (например, лизирующей киллерной активностью), причем эта функция направлена против одного или более штаммов K. pneumoniae.

Согласно некоторым вариантам данное изобретение охватывает вариант, фрагмент или производное аминокислотной последовательности SEQ ID NO: 789, SEQ ID NO: 796-800, SEQ ID NO: 806, SEQ ID NO: 854, SEQ ID NO: 999-1004 или SEQ ID NO: 1053-1060, которые обладают биологической функцией, связанной с бактериофагом, включающим геном, содержащий или состоящий из последовательности нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 781, например, антимикробной или антибактериальной активностью (например, лизирующей киллерной активностью), причем эта функция направлена в отношении одного или более штаммов K. pneumoniae. Согласно другим вариантам данное изобретение охватывает вариант, фрагмент или производное аминокислотной последовательности SEQ ID NO: 180, SEQ ID NO: 183, SEQ ID NO: 185 или SEQ ID NO: 190, которые обладают биологической функцией, связанной с бактериофагом, включающим геном, содержащий ли состоящий из последовательности нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 2, например, антимикробной или антибактериальной активностью (например, лизирующей киллерной активностью), причем эта функция направлена против одного или более штаммов A. baumannii.

Согласно некоторым вариантам данное изобретение охватывает вариант, фрагмент или производное аминокислотной последовательности SEQ ID NO: 231, SEQ ID NO: 232, SEQ ID NO: 235, SEQ ID NO: 239-245, SEQ ID NO: 248, SEQ ID NO: 249, SEQ ID NO: 252, SEQ ID NO: 254, SEQ ID NO: 433-437, SEQ ID NO: 489-495 или SEQ ID NO: 496, которые обладают биологической функцией, связанной с бактериофагом, включающим геном, содержащий или состоящий из последовательности нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 3, например, антимикробной или антибактериальной активностью (например, лизирующей киллерной активностью), причем эта функция направлена в отношении одного или более штаммов E. coli. Согласно некоторым вариантам данное изобретение охватывает вариант, фрагмент или производное аминокислотной последовательности SEQ ID NO: 544, SEQ ID NO: 545, SEQ ID NO: 549 или SEQ ID NO: 551, которые обладают биологической функцией, связанной с бактериофагом, включающим геном, содержащий или состоящий из последовательности нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 4, например, антимикробной или антибактериальной активностью (например, лизирующей киллерной активностью), причем эта функция направлена в отношении одного или более штаммов P. aeruginosa. Согласно некоторым вариантам данное изобретение охватывает вариант, фрагмент или производное аминокислотной последовательности SEQ ID NO: 629 или SEQ ID NO: 686, которые обладают биологической функцией, связанной с бактериофагом, включающим геном, содержащий или состоящий из последовательности нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 560, например, антимикробной или антибактериальной активностью (например, лизирующей киллерной активностью), причем эта функция направлена в отношении одного или более штаммов S. aureus. Согласно некоторым вариантам данное изобретение охватывает вариант, фрагмент или производное аминокислотной последовательности SEQ ID NO: 1077, SEQ ID NO: 1216, SEQ ID NO: 1217, SEQ ID NO: 1250, SEQ ID NO: 1261 или SEQ ID NO: 1266, которые обладают биологической функцией, связанной с бактериофагом, включающим геном, содержащий или состоящий из последовательности нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 1074, например, антимикробной или антибактериальной активностью (например, лизирующей киллерной активностью), причем эта функция направлена в отношении одного или более штаммов S. aureus.

Согласно некоторым вариантам выделенный полипептид по изобретению представляет собой вариант бактериофагового полипептида, при этом указанный вариант включает или состоит из аминокислотной последовательности, которая

идентична по меньшей мере на 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% или более второй аминокислотной последовательности с той же длиной (то есть состоящей из такого же количества остатков), при этом вторая аминокислотная последовательность является SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NO: 32-35, SEQ ID NO: 80, SEQ ID NO: 180, SEQ ID NO: 183, SEQ ID NO: 185, SEQ ID NO: 190, SEQ ID NO: 192, SEQ ID NO: 231, SEQ ID NO: 232, SEQ ID NO: 235, SEQ ID NO: 239-245, SEQ ID NO: 248, SEQ ID NO: 249, SEQ ID NO: 252, SEQ ID NO: 254, SEQ ID NO: 282, SEQ ID NO: 433-437, SEQ ID NO: 489-496, SEQ ID NO: 544, SEQ ID NO: 545, SEQ ID NO: 547, SEQ ID NO: 549, SEQ ID NO: 551, SEQ ID NO: 556, SEQ ID NO: 557, SEQ ID NO: 598, SEQ ID NO: 629, SEQ ID NO: 686, SEQ ID NO: 789, SEQ ID NO: 796-800, SEQ ID NO: 806, SEQ ID NO: 854, SEQ ID NO: 999-1004, SEQ ID NO: 1053-1060, SEQ ID NO: 1077, SEQ ID NO: 1216, SEQ ID NO: 1217, SEQ ID NO: 1250, SEQ ID NO: 1261, SEQ ID NO: 1266 и/или ее фрагментом, и этот вариант обладает по меньшей мере одной биологической функцией или активностью бактериофага, из которого он произведен (например, антимикробной активностью или антибактериальной активностью (такой как литическая киллерная активность)) в отношении одного или более штаммов бактерий, например, грамположительных бактерий (например, S. aureus), грамотрицательных бактерий (например, K. pneumoniae, A baumannii, E. coli, P. aeruginosa) или бактерий, не проклассифицированных как грамотрицательные или грамположительные.

Согласно некоторым вариантам данное изобретение предусматривает выделенный полипептид, включающий любую аминокислотную последовательность из SEQ ID NO: 5-176, SEQ ID NO: 177-223, SEQ ID NO: 224-506, SEQ ID NO: 507-559, SEQ ID NO: 561-780, SEQ ID NO: 782-1073 и SEQ ID NO: 1075-1300 и ее биологически активные фрагменты. Согласно предпочтительным вариантам вариантный полипептид по изобретению обладает по меньшей мере одним видом биологической активности, связанной с полипептидом или бактериофагом, из которых он выделен или произведен, например, лизирующей активностью, направленной в отношении по меньшей мере одного или более штаммов K. pneumoniae, A. baumannii, E. coli, P. aeruginosa и/или S. aureus.

Согласно другим вариантам данное изобретение предусматривает выделенную последовательность нуклеиновой кислоты, кодирующую аминокислотную последовательность одной из SEQ ID NO: 5-176, SEQ ID NO: 177-223, SEQ ID NO: 224-506, SEQ ID NO: 507-559, SEQ ID NO: 561-780, SEQ ID NO: 782-1073 и SEQ ID NO: 1075-1300, и ее активные фрагменты. Согласно другим вариантам данное изобретение предусматривает выделенную последовательность нуклеиновой кислоты, кодирующую любую из открытых рамок считывания, показанных на ФИГУРАХ 2, 4, 6, 8, 10, 12 и/или 14.

Согласно некоторым вариантам полипептиды по данному изобретению являются слитыми рекомбинантным способом или химически конъюгированными (включая ковалентное или не ковалентное конъюгирование) с терапевтическими агентами, например, гетерологичными полипептидами или малыми молекулами с получением белков слияния или химерных полипептидов. Слияние необязательно должно быть прямым, а может происходить через линкерные последовательности или путем химического конъюгирования. Неограничивающие примеры терапевтических агентов, с которыми могут быть конъюгированы полипептиды по изобретению, включают пептидные и не пептидные цитотоксины (включающие антимикробные агенты и/или антибиотики), молекулы меток/маркеров (например, радионуклиды и флуорофоры) и другие антибиотические или антибактериальные агенты, известные из уровня техники.

АНТИБИОТИЧЕСКИЕ КОМПОЗИЦИИ

Выделенные бактериофаги или полипептиды по данному изобретению могут быть введены сами по себе в фармацевтическую композицию для лечения или профилактики бактериальных инфекций, например, инфекций, вызванных бактериями, включая, но без ограничения, K. pneumoniae, A. baumannii, E. coli, P. aeruginosa и S. aureus. Полипептиды могут быть соединены с фармацевтически приемлемым носителем, эксципиентом и стабилизатором. Примеры фармацевтически приемлемых носителей, эксципиентов и стабилизаторов включают, но без ограничения, буферные вещества, такие как фосфат, цитрат и другие органические кислоты, антиоксиданты, включая, но без ограничения, аскорбиновую кислоту; низкомолекулярные полипептиды; белки, такие как сывороточный альбумин и желатин; гидрофильные полимеры, такие как поливинилпирролидон; аминокислоты, такие как глицин, глутамин, аспарагин, аргинин или лизин; моносахариды, дисахариды и другие углеводы, включая глюкозу, маннозу или декстрины; хелатирующие агенты, такие как ЭДТА; сахарные спирты, такие как маннит или сорбит; солеобразующие противоионы, такие как ион натрия; и/или неионные поверхностно-активные вещества, такие как TWEEN™, полиэтиленгликоль (PEG) и PLURONICS™. В добавление к перечисленным выше компонентам фармацевтические композиции по данному изобретению (например, антибактериальные композиции) могут также включать смазывающий агент, смачиватель, подсластитель, ароматизирующее вещество, эмульгатор, суспендирующий агент и консервант.

Бактериофаги и/или полипептиды согласно данному изобретению также могут быть соединены с одним или более терапевтическими и/или профилактическими агентами, пригодными для лечения бактериальной инфекции, как описано в данной заявке и/или известно из уровня техники (например, с одним или более лизинами). Следовательно, фармацевтические композиции согласно изобретению могут содержать два или более бактериофагов по изобретению (с антибактериальной активностью против тех же самых или разных видов или штаммов бактерий), комбинацию бактериофага и полипептида по изобретению или комбинацию бактериофага и/или полипептида по изобретению и бактериофага и/или полипептида, известных из уровня техники. Согласно конкретным вариантам терапевтические компоненты такой комбинации могут быть нацелены на два или более видов или штаммов бактерий или проявлять разную ферментативную активность. Например, лизины в общем проявляют одну из активностей амидазы, эндопептидазы, мурамидазы или глюкозамидазы. Соответственно, комбинация лизинов, обладающих разными видами активности, может обеспечить синергическое повышение терапевтической активности фармацевтической композиции по изобретению.

Согласно некоторым вариантам ряд различных бактериофагов соединяют с целью получения "фагового коктейля." Согласно некоторым вариантам фаговый коктейль содержит по меньшей мере 2 фага, по меньшей мере 3 фага, по меньшей мере 4 фага, по меньшей мере 5 фагов, по меньшей мере 6 фагов, по меньшей мере 7 фагов, по меньшей мере 8 фагов, по меньшей мере 9 фагов, по меньшей мере 10 фагов или более. Согласно некоторым вариантам фаговый коктейль содержит 2-20 фагов, 2-15 фагов, 2-10 фагов, 3-8 фагов или 4-6 фагов.

Согласно некоторым вариантам по меньшей мере один фаг в составе коктейля представляет собой фаг с антибактериальной активностью в отношении по меньшей мере одного вида грамотрицательных бактерий, включая, но без ограничения, Klebsiella pneumoniae, Acinetobacter baumannii, Escherichia coli и Pseudomonas aeruginosa; и/или в отношении по меньшей мере одного вида грамположительных бактерий, включая, но без ограничения, Staphylococcus aureus. Согласно некоторым вариантам по меньшей

мере один фаг в составе коктейля является фагом F391/08, имеющим геном, содержащий последовательность нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 1 и проявляющий антибактериальную активность в отношении одного или более штаммов Klebsiella pneumoniae. Согласно некоторым вариантам по меньшей мере один фаг в составе коктейля является фагом F394/08, имеющим геном, содержащий последовательность нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 2 и проявляющий антибактериальную активность в отношении одного или более штаммов Acinetobacter baumannii. Согласно некоторым вариантам по меньшей мере один фаг в составе коктейля является фагом F488/08, имеющим геном, содержащий последовательность нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 3 и проявляющий антибактериальную активность в отношении одного или более штаммов Escherichia coli. Согласно некоторым вариантам по меньшей мере один фаг в составе коктейля является фагом F510/08, имеющим геном, содержащий последовательность нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 4 и проявляющий антибактериальную активность в отношении одного или более штаммов Pseudomonas aeruginosa. Согласно некоторым вариантам по меньшей мере один фаг в составе коктейля является фагом F44/10, имеющим геном, содержащий последовательность нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 560 и проявляющий антибактериальную активность в отношении одного или более штаммов Staphylococcus aureus. Согласно некоторым вариантам по меньшей мере один фаг в составе коктейля является фагом F387/08, имеющим геном, содержащий последовательность нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 781 и проявляющий антибактериальную активность в отношении одного или более штаммов Klebsiella pneumoniae. Согласно некоторым вариантам по меньшей мере один фаг в составе коктейля является фагом F125/10, имеющим геном, содержащий последовательность нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 1074 и проявляющий антибактериальную активность в отношении одного или более штаммов Staphylococcus aureus. Согласно некоторым вариантам по меньшей мере один фаг в составе коктейля является фагом F170/08, имеющим геном, описанный в международной заявке WO 2010/090542, и проявляющим антибактериальную активность в отношении одного или более штаммов Enterococcus faecalis или faecium. Согласно некоторым вариантам по меньшей мере один фаг в составе коктейля является фагом F168/08, имеющим геном, описанный в международной заявке WO 2010/090542, и проявляющим антибактериальную активность в отношении одного или более штаммов Enterococcus faecalis или faecium.

Согласно некоторым вариантам по меньшей мере один фаг в составе коктейля является фагом F770/05, имеющим геном, описанный в международной заявке WO 2010/090542, и проявляющим антибактериальную активность в отношении одного или более штаммов Pseudomonas aeruginos. Согласно некоторым вариантам по меньшей мере один фаг в составе коктейля является фагом F1245/05, имеющим геном, описанный в международной заявке WO 2010/090542, и проявляющим антибактериальную активность в отношении одного или более штаммов Acinetobacter baumannii.

Согласно некоторым предпочтительным вариантам коктейль содержит фаг, обладающий активностью в отношении Acinetobacter. Например, коктейль может содержать фаг F394/08 и/или F1245/05, обладающий активностью в отношении одного или более штаммов Acinetobacter baumannii. Согласно некоторым вариантам фаговый коктейль содержит по меньшей мере один фаг, проявляющий активность в отношении одного или более штаммов Acinetobacter baumannii и по меньшей мере один фаг, проявляющий активность в отношении другого вида бактерий. Например, согласно некоторым вариантам фаговый коктейль содержит фаги F394/08 и/или F1245/05 в сочетании с, по меньшей мере, одним другим фагом, выбранным из F391/08, F488/08,

F510/08, F44/10, F387/08, F170/08, F168/08, F770/05 и F125/10. Согласно некоторым вариантам фаговый коктейль содержит по меньшей мере один фаг, проявляющий антибактериальную активность в отношении одного или более штаммов Klebsiella pneumonia и по меньшей мере один фаг, проявляющий антибактериальную активность в отношении другого вида бактерий. Например, согласно некоторым вариантам фаговый коктейль содержит фаг F391/08 и/или F3 87/08 в комбинации с по меньшей мере одним другим фагом, выбранным из F394/08, F488/08, F510/08, F44/10, F1245/05, F170/08, F168/08, F770/05, и F125/10. Согласно некоторым вариантам фаговый коктейль содержит по меньшей мере один фаг, проявляющий антибактериальную активность в отношении одного или более штаммов Escherichia coli и по меньшей мере один фаг, проявляющий антибактериальную активность в отношении другой бактерии. Например, согласно некоторым вариантам фаговый коктейль содержит F488/08 в комбинации с по меньшей мере одним другим фагом, выбранным из F391/08, F510/08, F44/10, F394/08, F387/08, F170/08, F168/08, F1245/05, F770/05 и F125/10. Согласно некоторым вариантам фаговый коктейль содержит по меньшей мере один фаг, проявляющий антибактериальную активность в отношении одного или более штаммов Pseudomonas aeruginosa и по меньшей мере один фаг, проявляющий антибактериальную активность в отношении другого вида бактерий. Например, согласно некоторым вариантам фаговый коктейль содержит фаг F510/08 и/или F770/05 в комбинации с по меньшей мере одним другим фагом, выбранным из F391/08, F394/08, F488/08, F44/10, F387/08, F170/08, F168/08, F1245/05, и F125/10. Согласно некоторым вариантам фаговый коктейль содержит по меньшей мере один фаг, проявляющий антибактериальную активность против одного или более штаммов Staphylococcus aureus и по меньшей мере один фаг, проявляющий антибактериальную активность против другого вида бактерий. Например, согласно некоторым вариантам фаговый коктейль содержит F44/10 и/или F125/10 в комбинации с по меньшей мере одним другим фагом, выбранным из F391/08, F394/08, F488/08, F510/08, F387/08, F170/08, F168/08, F770/05 и F1245/05. Согласно некоторым вариантам фаговый коктейль содержит по меньшей мере один фаг, проявляющий антибактериальную активность против одного или более штаммов Enterococcus faecalis или faecium в комбинации с по меньшей мере одним другим фагом, выбранным из F391/08, F394/08, F488/08, F510/08, F44/10, F387/08, F770/05, F1245/05 и F125/10.

Согласно некоторым вариантам фаговый коктейль содержит по меньшей мере четыре (4) фага, выбранные из группы, состоящей из F391/08, F394/08, F488/08, F510/08, F44/10, F387/08, F170/08, F168/08, F770/05, F1245/05 и F125/10. Согласно некоторым вариантам фаговый коктейль содержит фаги F391/08, F394/08, F488/08 и F510/08. Согласно некоторым вариантам фаговый коктейль содержит фаги F44/10, F387/08, F170/08 и F168/08. Согласно некоторым вариантам фаговый коктейль содержит фаги F391/08, F394/08, F770/05 и F1245/05. Согласно некоторым вариантам фаговый коктейль содержит фаги F391/08, F394/08, F510/08 и/или F44/10. Согласно некоторым вариантам фаговый коктейль содержит фаги F391/08, F394/08, F44/10, и/или F387/08. Согласно некоторым вариантам фаговый коктейль содержит фаги F391/08, F394/08, F387/08 и/или F170/08. Согласно некоторым вариантам фаговый коктейль содержит фаги F391/08, F394/08, F170/08 и F168/08. Согласно некоторым вариантам фаговый коктейль содержит фаги F391/08, F394/08, F168/08 и/или F770/05. Согласно некоторым вариантам фаговый коктейль содержит фаги F391/08, F394/08, F770/05 и F1245/05.

Согласно некоторым вариантам фаговый коктейль содержит фаги F125/10, F391/08, F394/08 и F488/08. Согласно некоторым вариантам фаговый коктейль содержит фаги F125/10, F394/08, F488/08 и F510/08. Согласно некоторым вариантам фаговый коктейль

содержит фаги F125/10, F488/08, F510/08 и F44/10. Согласно некоторым вариантам фаговый коктейль содержит фаги F125/10, F44/10, F387/08 и F170/08. Согласно некоторым вариантам фаговый коктейль содержит фаги F125/10, F170/08, F168/08 и F770/05. Согласно некоторым вариантам фаговый коктейль содержит фаги F125/10, F770/05, F1245/05 и F391/08. Согласно некоторым вариантам фаговый коктейль содержит в добавление к перечисленным выше компонентам фаги F125/10, F510/08, F44/10, F387/08. Согласно некоторым вариантам фаговый коктейль содержит фаги F125/10, F387/08, F170/08, F168/08. Согласно некоторым вариантам фаговый коктейль содержит фаги F125/10, F168/08, F770/05 и F1245/05. Согласно некоторым вариантам фаговый коктейль содержит фаги F125/10, F1245/05, F391/08 и F394/08.

Согласно некоторым вариантам фаговый коктейль содержит фаги F394/08, F488/088, F510/08 и/или F44/10. Согласно некоторым вариантам фаговый коктейль содержит фаги F394/08, F488/088, F44/10 и/или F387/08. Согласно некоторым вариантам фаговый коктейль содержит фаги F394/08, F488/088, F387/08 и/или F170/08. Согласно некоторым вариантам фаговый коктейль содержит фаги F394/08, F488/088, F170/08 и/или F168/08. Согласно некоторым вариантам фаговый коктейль содержит фаги F394/08, F488/088, F168/08 и/или F770/05. Согласно некоторым вариантам фаговый коктейль содержит фаги F394/08, F488/088, FF770/05 и/или F1245/05. Согласно некоторым вариантам фаговый коктейль содержит фаги F394/08, F488/088, F1245/05 и/или F391/08. Согласно некоторым вариантам фаговый коктейль содержит фаги F488/08, F510/08, F44/10 и/или F387/08. Согласно некоторым вариантам фаговый коктейль содержит фаги F488/08, F510/08, F387/08 и/или F170/08. Согласно некоторым вариантам фаговый коктейль содержит фаги F488/08, F510/08, F170/08 и/или F168/08. Согласно некоторым вариантам фаговый коктейль содержит фаги F488/08, F510/08, F168/08 /или F770/05. Согласно некоторым вариантам фаговый коктейль содержит фаги F488/08, F510/08, F770/05 и/или F1245/05. Согласно некоторым вариантам фаговый коктейль содержит фаги F488/08, F510/08, F1245/05 и/или F391/08. Согласно некоторым вариантам фаговый коктейль содержит фаги F488/08, F510/08, F391/08 и/или F394/08.

Согласно некоторым вариантам фаговый коктейль содержит фаги F387/08, F170/08, F168/08 и/или F770/05. Согласно некоторым вариантам фаговый коктейль содержит F387/08, F170/08, F770/05 и/или F1245/05. Согласно некоторым вариантам фаговый коктейль содержит F387/08, F170/08, F1245/05 и/или F391/08. Согласно некоторым вариантам фаговый коктейль содержит F387/08, F170/08, F391/08 и/или F394/08. Согласно некоторым вариантам фаговый коктейль содержит F387/08, F170/08, F394/08 и/или F488/08. Согласно некоторым вариантам фаговый коктейль содержит F387/08, F170/08, F488/08 и/или F510/08. Согласно некоторым вариантам фаговый коктейль содержит F387//08, F170/08, F510/08 и/или F44/10. Согласно некоторым вариантам фаговый коктейль содержит F387/08, F170/08, F44/10 и/или F387/08.

Согласно некоторым вариантам фаговый коктейль содержит F387/08, F170/08, F387/08 и/или F170/08. Согласно некоторым вариантам фаговый коктейль содержит F387/08, F170/08, F170/08 и/или F168/08. Согласно некоторым вариантам фаговый коктейль содержит F387/08, F170/08, F168/08 и/или F770/05. Согласно некоторым вариантам фаговый коктейль содержит F387/08, F170/08, F770/05 и/или F1245/05. Согласно некоторым вариантам фаговый коктейль содержит F387/08, F170/08, F1245/05 и/или F391/08. Согласно некоторым вариантам фаговый коктейль содержит F387/08, F170/08, F391/08 и/или F394/08. Согласно некоторым вариантам фаговый коктейль содержит F387/08, F170/08, F394/08 и/или F488/08. Согласно некоторым вариантам фаговый коктейль содержит F387/08, F170/08, F488/08 и/или F510/08. Согласно некоторым

вариантам фаговый коктейль содержит F387/08, F170/08, F510/08 и/или F44/10.

Согласно некоторым вариантам фаговый коктейль содержит фаги F510/08, F44/10, F387/08, и/или F170/08. Согласно некоторым вариантам фаговый коктейль содержит F510/08, F44/10, F170/08 и/или F168/08. Согласно некоторым вариантам фаговый коктейль содержит фаги F510/08, F44/10, F168/08 и/или F770/05. Согласно некоторым вариантам фаговый коктейль содержит фаги F510/08, F44/10, F770/05 и/или FI245/05. Согласно некоторым вариантам фаговый коктейль содержит фаги F510/08, F44/10, F1245/05 и/или F391/08. Согласно некоторым вариантам фаговый коктейль содержит фаги F510/08, F44/10, F391/08 и/или F394/08. Согласно некоторым вариантам фаговый коктейль содержит фаги F510/08, F44/10, F394/08 и/или F488/08.

Согласно некоторым вариантам фаговый коктейль содержит фаги F44/10, F387/08, F170/08 и/или F168/08. Согласно некоторым вариантам фаговый коктейль содержит F44/10, F387/08, F168/08 и/или F770/05. Согласно некоторым вариантам фаговый коктейль содержит F44/10, F387/08, F770/05 и/или F1245/05. Согласно некоторым вариантам фаговый коктейль содержит F44/10, F387/08, F1245/05 и/или F391/08. Согласно некоторым вариантам фаговый коктейль содержит F44/10, F387/08, F391/08 и/или F394/08. Согласно некоторым вариантам фаговый коктейль содержит F44/10, F387/08, F394/08 and/or F488/08. Согласно некоторым вариантам фаговый коктейль содержит F44/10, F387/08, F488/08 и/или F510/08.

Согласно некоторым вариантам фаговый коктейль может содержать или не содержать фаг, выбранный для увеличения in vivo периода полужизни, например, фаги, описанные в патенте США №5,688,501, содержание которого включено в данную заявку посредством отсылки.

Согласно некоторым вариантам фаговый коктейль содержит один или более полипептидов, выделенных из одного или более фагов, и/или их фрагмент, вариант или производное, в частности, полипептид, его фрагмент, вариант или производное, которые имеют антибактериальную или антимикробную активность. Согласно некоторым вариантам полипептид, его фрагмент, вариант или производное включает или состоит из лизина (или его фрагмента, например, домена CHAP) и/или хвостового белка. Согласно конкретным вариантам такой полипептид соответствует выделенному полипептиду, его фрагменту, варианту или производному, которые описаны в данной заявке и/или в заявке WO 2010/090542, содержание которой включено в данную заявку посредством отсылки. Согласно некоторым вариантам коктейль вводится в отсутствие выделенного полипептида, такого как лиаза.

Дополнительные примеры других терапевтических агентов, которые могут быть использованы в комбинации с полипептидом по изобретению, включают, но без ограничения, стандартные антибиотики, противовоспалительные агенты, противовирусные агенты, местные анестетики и кортикостероиды. В некоторых случаях коктейль вводят в отсутствие антибиотика.

Стандартные антибиотики, которые могут быть использованы в фармацевтических композициях по изобретению, содержащих бактериофаг и/или полипептид по изобретению, включают, но без ограничения, амикацин, гентамицин, канамицин, неомицин, нетилмицин, паромомицин, родострептомицин, стрептомицин, тобрамицин, апрамицин, рифамицин, нафтомицин, мупироцин, гелданамицин, ансамитоцин, карбацефемы, имипенем, меропенем, эртапенем, фаропенем, дорипенем, панипенем/бетамипрон, биапенем, PZ-601, цефалоспорины, цефацетрил, цефадроксил, цефалексин, цефалоглицин, цефалоний, цефалоридин, цефалотин, цефапирин, цефатризин, цефазафлур, цефаседон, цефазолин, цефрадин, цефроксадин, цефтезол, цефаклор, цефоницид,

цефпрозил, цефуроксим, цефузонам, цефметазол, цефотетан, цефокситин, цефкапен, цефдалоксим, цефдинир, цефдиторен, цефетамет, цефиксим, цефменоксим, цефтерам, цефтибутен, цефтиофур, цефтиолен, цефтизоксим, цефтриаксон, цефоперазон, цефтазидима латамоксеф, цефклидин, цефепим, цефлупренам, цефоселис, цефозопран, цефпиром, цефквином, фломоксеф, цефтобипрол, азитромицин, кларитромицин, диритромицин, эритромицин, рокситромицин, азтреонам, пенициллин и производные пенициллина, актиномицин, бацитрацин, колистин, полимиксин B, циноксацин, флумеквин, налидиксовую кислоту, оксолиновую кислоту, пиромидиновую кислоту, пипемидиновую кислоту, росоксацин, ципрофлоксацин, эноксацин, флероксацин, ломефлоксацин, надифлоксацин, норфлоксацин, офлоксацин, пефлоксацин, руфлоксацин, балофлоксацин, гатифлоксацин, грепафлоксацин, левофлоксацин, моксифлоксацин, пазуфлоксацин, спарфлоксацин, темафлоксацин, тосуфлоксацин, клинафлоксацин, гареноксацин, гемифлоксацин, стифлоксацин, тровалфлоксацин, прулифлоксацин, ацетазоламид, бензоламид, буметанид, целекоксиб, хлорталидон, клопамид, дихлорфенамид, дорзоламид, этоксизоламид, фуросемид, гидрохлортиазид, индапамид, мафендид, мефрусид, метолазон, пробенецид, сульфацетамид, сульфадиметоксин, сульфадоксин, сульфаниламиды, сульфаметоксазол, сульфасалазин, сультиам, суматриптан, ксипамид, тетрациклин, хлортетрациклин, окситетрациклин, доксициклин, лимециклин, меклоциклин, метациклин, миноциклин, ролитетрациклин, метициллин, нафциллин, оксацилин, клоксациллин, ванкомицин, тейкопланин, клиндамицин, котримоксазол и их любые комбинации в количествах, которые эффективны для аддитивного или синергического улучшения терапевтического эффекта бактериофага и/или полипептида по изобретению для данной инфекции.

Местные анестетики, которые могут быть использованы в фармацевтических композициях по данному изобретению, включают тетракаин, тетракаина гидрохлорид, лидокаин, лидокаина гидрохлорид, диметизоквина гидрохлорид, дибукаин, дибукаина гидрохлорид, бутамбенпикрат и прамоксина гидрохлорид.

Кортикостероиды, которые могут быть использованы в комбинации с полипептидами, бактериофагами и/или фармацевтическими композициями по изобретению включают бетаметазон, дипропионат, флуоцинолона актинид, бетаметазона валерат, триамцинолона актинид, клобетазола пропионат, дезоксиметазон, дифлоразона диацетат, амцинонид, флурандренолид, гидрокортизона валерат, гидрокортизона бутират и десонид. Примерная концентрация кортикостероида составляет примерно от 0,01% до примерно 1% в расчете на вес всей композиции.

Согласно некоторым вариантам состав, содержащий бактериофаг и/или полипептид по изобретению, включает также буфер SM (0,05 M Трис- HCl (pH 7,4-7,5); 0,1 M NaCl; 10 мМ $MgSO_4$). Согласно другим вариантам состав содержит также буфер SM и 10 мМ $MgCl_2$.

Согласно другим вариантам состав содержит также буфер SM и примерно 20% или примерно 30% этанола. Фармацевтические композиции, содержащие бактериофаг и/или полипептид согласно данному изобретению, могут быть изготовлены в виде одноразовых или многоразовых лекарственных форм. Подходящие составы могут быть в виде мазей, растворов, суспензий или эмульсий, экстрактов, порошков, гранул, спреев, пастилок, таблеток или капсул и дополнительно могут включать диспергирующий агент или стабилизирующий агент.

Фармацевтические композиции по изобретению могут быть введены путем ингаляции, в виде суппозитория или маточного кольца, топически (например, в виде лосьона, раствора, крема, мази или присыпки), эпи- или транс-дермально (например, путем

наложения пластыря на кожу), орально (например, в виде таблетки, которая может содержать эксципиенты, такие как крахмал или лактоза), в виде капсулы, суппозитория, эликсиров, растворов или суспензий (каждый из них может содержать ароматизирующие вещества, красители и/или эксципиенты), или они могут быть введены в виде инъекций парентерально (например, внутривенно, внутримышечно или подкожно). При парентеральном введении композиция может быть использована в виде стерильного водного раствора, который может содержать другие вещества, например, достаточное количество соли или моносахарида для придания раствору изотоничности крови. При буккальном или подъязычном введении композиции могут быть в виде таблеток или пастилок, которые получают известными методами. Согласно предпочтительному варианту бактериофаг и/или полипептид по изобретению вводится топически или в виде единственного агента или в комбинации с другими видами антибиотиков, как описано в данной заявке или известно из уровня техники.

Бактериофаг и/или полипептид по данному изобретению могут быть также введен дермально или трансдермально. При топическом нанесении на кожу бактериофаги и/или полипептиды по данному изобретению могут быть соединены с одним носителем или с комбинацией носителей, которые включают, но без ограничения, водную жидкость, жидкость на спиртовой основе, водорастворимый гель, лосьон, мазь, неводную жидкую основу, минеральную основу масел, смесь минерального масла и петролатума, ланолин, липосомы, белковые носители, такие как сывороточный альбумин или желатин, порошкообразную целлюлозу фирмы Carmel и их комбинации. Топический способ доставки может включать применение вязкого состава, спрея, повязки, пластыря с пролонгированным высвобождением, влажных салфеток с абсорбированной жидкостью или их комбинаций. Бактериофаг и/или полипептид по данному изобретению может быть нанесен на пластырь, салфетку, повязку и т.д. или непосредственно, или с носителем (носителями). Пластыри, салфетки, повязки и т.д. могут быть влажными или сухими, при этом фаг и/или полипептид (например, полипептид, содержащий лизин) на поверхности пластыря находится в лиофилизированной форме. Носители топических композиций могут представлять собой полутвердые и гелеподобные средства, которые включают полимерный загуститель, воду, консерванты, активные поверхностно-активные вещества или эмульгаторы, антиоксиданты, солнцезащитные вещества и растворитель или смеси растворителей. В патенте США №5,863,560 описан ряд различных комбинаций носителей, которые могут способствовать действию медикамента на кожу, содержание этого источника включено в данную заявку посредством отсылки. Носитель может включать или не включать состав с регулируемым высвобождением, например, описанный в заявке США на патент №2008/0260697, содержание которой включено в данную заявку посредством отсылки. Носитель может включать или не включать фаг, адсорбированный на матрице, например, как описано в любом из следующих источников: в заявках США на патент №№2008/0038322, 2008/0138311, 2009/0130196, в патентах ЕР 1812025, ЕР 1817043 и ЕР 1833497, содержание которых включено в данную заявку посредством отсылок. Согласно некоторым вариантам носитель может быть или не быть вязким составом, например, гелем, таким как описанный в заявке США №2009/0191254, содержание которой включено в данную заявку посредством отсылки.

При интраназальном введении или при введении путем ингаляции бактериофаг и/или полипептид по изобретению обычно доставляется с помощью порошкового ингалятора или путем распыления в виде аэрозоля из резервуара со сжатым воздухом, с помощью насоса, распылителя или небулайзера при помощи пропеллента, например,

дихлордифторметана, трихлорфторметана, дихлортетрафторэтана, гидрофторалкана, в том числе 1,1,1,2-тетрафторэтана (HFA 134A.TM.) или 1,1,1,2,3,3,3-гептафторпропана (HFA 227EA.TM.), двуокиси углерода или другого подходящего газа. В случае аэрозоля под давлением единица дозирования может быть определена с помощью клапана для доставки отмеренного количества. Контейнер под давлением, насос, распылитель или небулайзер может содержать раствор или суспензию активного соединения, например, в смеси этанола и пропеллента в качестве растворителя, которые дополнительно могут содержать смазывающий агент, например, триолеат сорбитана. Капсулы и картриджи (изготовленные, например, из желатина), используемые в ингаляторе или в порошковдувателе, могут содержать порошковую смесь бактериофага и/или полипептида по изобретению и подходящей порошкообразной основы, такой как лактоза или крахмал. Для введения в виде суппозитория или вагинального суппозитория терапевтическая композиция может быть топической в виде геля, гидрогеля, лосьона, раствора, крема, мази или присыпки. Композиции по изобретению могут также вводиться офтальмологическим путем. В случае офтальмологического применения композиции по изобретению могут быть получены в виде микронизированных суспензий в изотоническом стерильном физиологическом растворе с регулируемым pH или же в растворах в изотоническом стерильном физиологическом растворе с регулируемым pH, возможно в комбинации с консервантом, таким как бензалконийхлорид. Или же они могут быть в виде мази, например, на основе петролатума.

Дозы и желательные концентрации фармацевтических композиций по данному изобретению могут сильно меняться в зависимости от конкретного применения. Определение соответствующих доз или способа их введения находится в компетенции обычного специалиста в данной области. Эксперименты на животных могут обеспечить надежное руководство по определению эффективных доз при лечении людей. Межвидовой перенос эффективных доз может осуществляться средним специалистом в данной области с применением принципов, описанных Mordenti, J. and Chappell, W. "The use of interspecies scaling in toxicokinetics" in Toxicokinetics and New Drug Development, Yacobi et al., Eds., Pergamon Press, New York 1989, p.p.42-96.

ТЕРАПЕВТИЧЕСКОЕ ПРИМЕНЕНИЕ

Бактериофаги и полипептиды по данному изобретению обладают активностью в отношении многих штаммов K. pneumoniae, A. baumannii, E. coli, P. aeruginosa и/или S. aureus, как показано в Таблицах 1-7 и следующих ниже примерах. Следовательно, композиции по изобретению могут найти применение при осуществлении способов профилактики и/или лечения инфекций, связанных с инфекцией, вызванной K. pneumoniae, A. baumannii, E. coli, P. aeruginosa и/или S. aureus, как у людей, так и у животных. Согласно другим вариантам композиции по изобретению могут быть использованы для лечения инфекции, связанной с родственными видами или штаммами этих бактерий, включая, но без ограничения, S. epidermidis, S. auricularis, S. capitis, S. haemolyticus, S. hominis, S. saprophyticus, S. simulans, S. xylosis, Micrococcus luteus, Bacilus subtilis, B. pumilus, E. hirae.

Согласно конкретным вариантам субъектом, получающим фармацевтическую композицию по данному изобретению, является млекопитающее (например, жвачные животные, овцы и козы, непарнокопытные животные, приматы (например, люди), грызуны, зайцеобразные или птицы (например, куры, утки, гуси)). В контексте данного изобретения термин "лечение" относится к терапевтическому лечению, цель которого состоит в устранении, облегчении, уменьшении тяжести, ослаблении, замедлении развития или предотвращении симптомов или причин (например, бактериальной инфекции), связанной с патологическим состоянием или расстройством. Термин

"лечение" относится и к терапевтическому лечению, и к профилактическим или предупредительным мерам, при этом цель заключается в устранении, облегчении, уменьшении тяжести, ослаблении, замедлении развития или предотвращении симптомов или причин (например, бактериальной инфекции), связанной с патологическим состоянием или расстройством. Предполагается также, что бактериофаг или полипептид по изобретению действует как профилактическое или предупредительное средство, предотвращая вспышку инфекции, вызванной одним или несколькими видами бактерий.

Бактерии K. pneumoniae, A. baumannii, E. coli, P. aeruginosa и S. aureus отвечают за многие серьезные оппортунистические (вызываемые условно-патогенными организмами) инфекции, особенно у субъектов с ослабленной иммунной системой. Фармацевтические композиции по данному изобретению предназначены для лечения любой инфекции, связанной с K. pneumoniae, A. baumannii, E. coli, P. aeruginosa и/или S. aureus или с другими видами или штаммами бактерий, включая, но без ограничения, кожные инфекции (включая, но без ограничения, кожные язвы, карбункулы, пролежни и диабетические язвы стопы), инфекции в ранах и вокруг них, послеоперационные инфекции, инфекции, обусловленные применением катетеров и дренажных трубок, и инфекции в крови.

Диабетическая язва стопы является одним из основных осложнений при сахарном диабете, возникающим у примерно 15% всех диабетических больных и являющимся причиной ампутаций голени примерно в 85% случаев. (См., Brem, et al., J. Clinical Invest., 2007, 117(5): 1219-1222). Сахарный диабет препятствует нормальному заживлению ран. Незаживающие хронические диабетические язвы часто подвергают лечению методами внеклеточной заместительной терапии, современной терапии с увлажнением раны, биоинженерного замещения ткани или кожи, методом с применением факторов роста, удаления омертвевших частей раны, артериальной реваскуляризации и/или методом заживления ран при отрицательном давлении. (См., (Blume et.al, Diabetes Care, 2008, 31: 631-636). Язвы могут инфицироваться оппортунистическими бактериями, которые затем обостряют состояние больного. Соответственно, язвы на стопах при диабете часто также требуют применения антибиотиков, например, против инфекции, вызванной Staphylococcus, а также другими анаэробными бактериями, такими как Klebsiella pneumonia, Escherchia coli и/или Pseudomonas aeruginosa.

Одна или более композиций по данному изобретению находят применение при лечении диабетических язв стопы. Например, выделенный бактериофаг или полипептид по изобретению могут быть применены при лечении инфекций, связанных с диабетическими язвами стопы у субъекта, нуждающегося в этом. Согласно конкретным вариантам композиция, используемая для лечения диабетических язв стопы, является топической, полученной для топического введения, например, композицией для непосредственного нанесения на язву, рану, повреждения и/или нагноение, связанные с диабетической язвой стопы.

Согласно некоторым вариантам композиция для лечения диабетической язвы стопы включает выделенный фаг F44/10, имеющий геном, содержащий последовательность нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 560 и проявляющий антибактериальную активность в отношении одного или более штаммов Staphylococcus aureus. Согласно некоторым вариантам применяется композиция, содержащая полипептид, выделенный из бактериофага F44/10, или его фрагмент, вариант или производное, при этом указанные полипептид, его фрагмент, вариант или производное проявляют антибактериальную активность в отношении одного или более штаммов S. aureus. Согласно некоторым таким вариантам полипептид, его фрагмент, вариант или производное содержат лизин, домен CHAP или хвостовой белок, проявляющие антибактериальную активность в

отношении одного или более штаммов S. aureus. Согласно некоторым вариантам композиция, используемая для лечения диабетической язвы стопы, содержит выделенный фаг F125/10, имеющий геном, содержащий последовательность нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 1074 и проявляющий антибактериальную активность в отношении одного или более штаммов Staphylococcus aureus. Согласно некоторым вариантам применяют композицию, содержащую полипептид, выделенный из бактериофага F125/10, или его фрагмент, вариант или производное, при этом указанные полипептид, его фрагмент, вариант или производное проявляют антибактериальную активность в отношении одного или более штаммов S. Aureus. Согласно некоторым таким вариантам полипептид, его фрагмент, вариант или производное содержат лизин, домен CHAP или хвостовой белок, проявляющие антибактериальную активность в отношении одного или более штаммов S. aureus.

Согласно некоторым вариантам применяют композицию, содержащую фаговый коктейль, например, когда этот фаговый коктейль содержит по меньшей мере один фаг, проявляющий антибактериальную активность в отношении одного или более штаммов Staphylococcus aureus и по меньшей мере один фаг, проявляющий антибактериальную активность в отношении других бактерий. Согласно конкретным вариантам фаговый коктейль содержит фаги F44/10 и/или F125/10 в комбинации с по меньшей мере одним другим фагом, выбранным из F391/08, F394/08, F488/08, F510/08, F387/08, F170/08, F168/08, F770/05 и F1245/05. Согласно особенно предпочтительным вариантам фаговый коктейль содержит фаги F44/10 и/или F125/10 в комбинации с одним, двумя, тремя или более фагами, выбранными из F391/08, F387/08, F488/08, F510/08 и/или F770/05.

Согласно некоторым вариантам для лечения диабетической язвы стопы применяют композицию, содержащую выделенные фаги F391/08 и/или F387/08, имеющие геном, содержащий последовательность нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 1 или SEQ ID NO: 781, соответственно, и проявляющий антибактериальную активность в отношении одного или более штаммов Klebsiella pneumoniae. Согласно некоторым вариантам применяют композицию, содержащую полипептид, выделенный из бактериофагов F391/08 и/или F387/08, или его фрагмент, вариант или производное, при этом указанные полипептид, его фрагмент, вариант или производное проявляют антибактериальную активность против одного или более штаммов K. pneumoniae. Согласно некоторым таким вариантам полипептид, его фрагмент, вариант или производное содержат лизин, домен CHAP или хвостовой белок, проявляющие антибактериальную активность против одного или более видов и штаммов K. pneumoniae. Согласно некоторым вариантам применяют композицию, содержащую фаговый коктейль, при этом, например,фаговый коктейль содержит по меньшей мере один фаг, проявляющий антибактериальную активность против одного или более штаммов Klebsiella pneumonia, и по меньшей мере один фаг, проявляющий антибактериальную активность против других бактерий. Согласно конкретным вариантам фаговый коктейль содержит фаги F391/08 и/или F387/08 в комбинации с по меньшей мере одним другим фагом, выбранным из F394/08, F488/08, F510/08, F44/10, F170/08, F168/08, F770/05, F1245/05 и F125/10. Согласно особенно предпочтительным вариантам фаговый коктейль содержит фаги F391/08 и/или F387/08 в комбинации с по меньшей мере одним другим фагом, выбранным из F44/10, F488/08, F510/08 и/или F770/05.

Согласно некоторым вариантам композиция, применяемая для лечения диабетических язв стопы, содержит выделенный фаг F488/08, имеющий геном, содержащий последовательность нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 3, проявляющий

антибактериальную активность против одного или более штаммов Escherichia coli. Согласно нескольким вариантам применяют композицию, содержащую полипептид, выделенный из бактериофага F488/08, или его фрагмент, вариант или производное, проявляющий антибактериальную активность против одного или более штаммов Escherichia coli. Согласно некоторым таким вариантам полипептид, его фрагмент, вариант или производное содержат лизин, домен CHAP или хвостовой белок, проявляющие антибактериальную активность против одного или более видов и штаммов Escherichia coli. Согласно некоторым вариантам применяют композицию, содержащую фаговый коктейль, при этом фаговый коктейль содержит по меньшей мере один фаг, проявляющий антибактериальную активность против одного или более штаммов Escherichia coli и по меньшей мере один фаг, проявляющий антибактериальную активность против других бактерий. Согласно конкретным вариантам фаговый коктейль содержит фаг F488/08 в комбинации с по меньшей мере одним другим фагом, выбранным из F394/08, F510/08, F44/10, F170/08, F168/08, F770/05, F1245/05, F391/08 F387/08 и F125/10. Согласно особенно предпочтительным вариантам фаговый коктейль содержит фаг F488/08 в комбинации с одним, двумя, тремя или более фагами, выбранными из F391/08, F387/08, F44/10, F125/10, F510/08 и/или F770/05.

Согласно некоторым вариантам для лечения диабетической язвы стопы применяют композицию, содержащую выделенные фаги F510/08 и/или F770/05, имеющие геном, содержащий последовательность нуклеиновой кислоты SEQ ID NO:4, такую как описанную в международной заявке № WO 2010/090542, проявляющий антибактериальную активность против одного или более штаммов Pseudomonas aeruginosa. Согласно нескольким вариантам применяют композицию, содержащую полипептид, выделенный из бактериофагов F510/08 и/или F770/05, или его фрагмент, вариант или производное, проявляющие антибактериальную активность против одного или более штаммов P. aeruginosa. Согласно некоторым таким вариантам полипептид, его фрагмент, вариант или производное содержат лизин, домен CHAP или хвостовой белок, проявляющие антибактериальную активность против одного или более видов и штаммов Pseudomonas aeruginosa. Согласно некоторым таким вариантам применяют композицию, содержащую фаговый коктейль, при этом фаговый коктейль содержит по меньшей мере один фаг, проявляющий антибактериальную активность против одного или более штаммов Pseudomonas aeruginosa и по меньшей мере один фаг, проявляющий антибактериальную активность против других бактерий. Согласно конкретным вариантам фаговый коктейль содержит фаги F510/08 и/или F770/05 в комбинации с по меньшей мере одним другим фагом, выбранным из F394/08, F488/08, F44/10, F170/08, F168/08, F1245/05, F391/08, F387/08 и F125/10. Согласно особенно предпочтительным вариантам фаговый коктейль содержит фаги F510/08 и/или F770/05 в комбинации с одним, двумя, тремя или более фагами, выбранными из F44/10, F488/08, F391/08 и/или F387/08.

Штаммы K. pneumoniae, A. baumannii, E. coli, P. aeruginosa и S. aureus ассоциируются также с инфекциями, которые затрагивают системы органов, которые имеют высокое содержание жидкости, подразумевается, что бактериофаги и/или полипептиды по изобретению терапевтически пригодны для профилактики и лечения этих инфекций. Например, фармацевтические композиции по изобретению можно применять для профилактики и лечения инфекций дыхательного тракта, спинномозговой жидкости, перитонеальной жидкости и мочевого тракта. Композиции по изобретению можно также применять для профилактики и лечения нозокомиальной пневмонии, инфекций, связанных с непрерывным амбулаторным перитонеальным диализом (CAPD),

бактериемии, связанной с применением катетеров, и нозокомиального менингита.

Согласно предпочтительному варианту бактериофаги и/или полипептиды по изобретению применяют профилактически в больницах, особенно для предотвращения инфекций, связанных с ранами, язвами и отверстиями в коже, например, из-за катетеризации и применения любых других медицинских процедур и устройств.

Согласно некоторым вариантам бактериофаг и/или полипептид по изобретению применяют в качестве единственного агента для лечения или профилактики инфекций, связанных с K. pneumoniae, A. baumannii, E. coli, P. aeruginosa и/или S. aureus и/или с другими видами бактерий. Согласно другим вариантам изобретения бактериофаг и/или полипептид по изобретению применяют в комбинации с другими агентами, включая, но без ограничения, другие бактериофаги (например, нацеленные на другие виды или штаммы бактерий) или с антибиотиками, которые нацелены на те же самые или другие виды бактерий, включая бактерии, выбранные из любых грамположительных бактерий, любых грамотрицательных бактерий или любых других бактерий, которые не классифицированы как грам положительные или грамотрицательные. Композиции по данному изобретению могут также применяться в комбинации с любым другим средством для лечения бактериальной инфекции, известным специалисту в данной области.

Данное изобретение предусматривает также способы профилактики и способы лечения инфекции, вызванной бактериями, включая, но без ограничения, бактерии K. pneumoniae, A.

baumannii, E.coli, P. aeruginosa и/или S. aureus, которые включают введение млекопитающему, нуждающемуся в этом, композиции, содержащей лизин, включающий или состоящий из аминокислотной последовательности SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 80, SEQ ID NO: 192, SEQ ID NO: 282, SEQ ID NO: 547, SEQ ID NO: 556, SEQ ID NO: 557, SEQ ID NO: 598, SEQ ID NO: 1216, SEQ ID NO: 1261, или его фрагмент, вариант или производное, при этом указанные фрагмент, вариант или производное проявляют антибактериальную или антимикробную активность в отношении видов бактерий, из которых выделен родительский бактериофаг.Согласно конкретному примеру в соответствии с этим вариантом данное изобретение предусматривает способы профилактики или лечения инфекции, вызванной бактериеями, включая, но без ограничения, K. pneumoniae, A. baumannii, E. coli, P. aeruginosa и/или S. aureus, которые включают введение млекопитающему, нуждающемуся в этом, композиции, содержащей выделенный домен CHAP лизина или его фрагмент, вариант или производное, которые проявляют по меньшей мере один вид биологической активности домена CHAP, из которого они выделены (например, лизирующую киллерную активность).

Согласно некоторым вариантам данное изобретение предусматривает способы профилактики и/или лечения инфекции, вызванной бактериями, включая, но без ограничения, K. pneumoniae, A. baumannii, E. coli, P. aeruginosa и/или S. aureus, которые включают введение млекопитающему, нуждающемуся в этом, композиции, содержащей хвостовой белок, содержащий или состоящий из аминокислотной последовательности SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NO: 32-35, SEQ ID NO: 180, SEQ ID NO: 183, SEQ ID NO: 185, SEQ ID NO: 190, SEQ ID NO: 231, SEQ ID NO: 232, SEQ ID NO: 235, SEQ ID NO: 239-245, SEQ ID NO: 248, SEQ ID NO: 249, SEQ ID NO: 252, SEQ ID NO: 254, SEQ ID NO: 433-437, SEQ ID NO: 489-496, SEQ ID NO: 544, SEQ ID NO: 545, SEQ ID NO: 549, SEQ ID NO: 551, SEQ ID NO: 629 или SEQ ID NO: 686, SEQ ID NO: 789, SEQ ID NO: 796-800, SEQ ID NO: 806, SEQ ID NO: 854, SEQ ID NO: 999-1004, SEQ ID NO: 1053-1060, SEQ ID NO: 1077, SEQ ID NO: 1217, SEQ ID NO: 1250, SEQ ID NO:

1266, или его фрагмент, вариант или производное, при этом указанные фрагмент, вариант или производное проявляют по меньшей мере один вид биологической активности, связанной с бактериофагом, из которого они выделены.

Согласно другим вариантам данное изобретение предусматривает способы профилактики и/или лечения инфекции, вызванной бактериями, включая, но без ограничения, K. pneumoniae, A. baumannii, E. coli, P. Aeruginosa и/или S. aureus, которые включают введение млекопитающему, нуждающемуся в этом, композиции, содержащей бактериофаг, имеющий геном, содержащий или состоящий из последовательности нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 560, SEQ ID NO: 781 и/или SEQ ID NO: 1074. Комбинации лизинов (или их фрагментов, вариантов или производных, описанных выше) возможно, с одним или более бактериофагами согласно данному изобретению или с другими терапевтическими агентами, такими как антибиотики, также предусмотрены данным изобретением, как и способы лечения и/или способы профилактики бактериальной инфекции с применением одной или более комбинаций, описанных в данной заявке.

Применяемый в данной заявке термин "в комбинации" относится к применению более чем одного профилактического и/или терапевтического агента. Применение термина "в комбинации" не ограничивает порядок, в котором профилактический и/или терапевтический агенты вводятся субъекту, страдающему от болезни или расстройства. Первый профилактический и/или терапевтический агент может быть введен субъекту, страдающему от болезни или расстройства, перед введением второго профилактического и/или терапевтического агента (например, за 5 мин, 15 мин, 30 мин. 45 мин, 1 ч, 2 ч, 4 ч, 6 ч, 12 ч, 24 ч, 48 ч, 72 ч, 96 ч, 1 нед, 2 нед, 3 нед, 4 нед, 5 нед, 6 нед, 8 нед или 12 нед), одновременно с ним или после введения второго профилактического и/или терапевтического агента (например, через 5 мин, 15 мин, 30 мин. 45 мин, 1 ч, 2 ч, 4 ч, 6 ч, 12 ч, 24 ч, 48 ч, 72 ч, 96 ч, 1 нед, 2 нед, 3 нед, 4 нед, 5 нед, 6 нед, 8 нед или 12 нед), который отличается от первого профилактического и/или терапевтического агента.

ПРИМЕНЕНИЕ В КАЧЕСТВЕ ДЕЗИНФИЦИРУЮЩЕГО И ПРОТИВОИНФЕКЦИОННОГО СРЕДСТВА

Бактериальные патогены чаще всего инфицируют какой-либо участок в мембране слизистой оболочки (например, в верхних и нижних дыхательных путях, в кишечнике, в мочеполовом тракте, в глазах и т.п.). Мембраны слизистой оболочки сами по себе часто являются резервуаром, иногда только резервуаром, для многих патогенных бактерий, обнаруженных в окружающей среде (например, пневмококков, стафилококков и стрептококков). Имеются очень немногие противоинфекционные средства, которые предназначены для контролирования состояния носительства патогенных бактерий. Однако исследования показали, что путем уменьшения размера этого резервуара в окружающей среде, такой как больницы и интернаты для престарелых, возможность возникновения инфекций будет значительно снижена. Профилактика нозокомиальных инфекций включает регулярную и повторяющуюся процедуру очистки зараженных поверхностей.

Бактериофаги и/или полипептиды по данному изобретению могут быть использованы в противоинфекционных композициях для контролирования роста бактерий (например, грамположительных бактерий (в том числе, S. aureus), грамотрицательных бактерий (например, K. pneumoniae, A. baumannii, E. coli и P. aeruginosa) или бактерий, не проклассифицированных как грамположительные или грамотрицательные) для того, чтобы предотвратить или снизить количество нозокомиальных инфекций. Кроме того, в дополнение к применению в композициях для нанесения на слизистые мембраны,

бактериофаг и/или полипептид по данному изобретению может быть также введен в составы, такие как гели, кремы, мази или спреи, для регулирования или предотвращения колонизации бактерий на поверхности тела (например, на коже или слизистой оболочке) (например, для стерилизации поверхности рук при хирургическом вмешательстве и кожи работников здравоохранения и/или пациентов) и на других твердых поверхностях (например, инструментах, рабочих поверхностях кухни и, в особенности, больничном оборудовании).

ПРИМЕНЕНИЕ В НАНОТЕХНОЛОГИИ

Бактериофаги и/или полипептиды по данному изобретению могут быть также использованы в нанотехнологии, например, при создании наноустройств. Комбинация нанотехнологии и молекулярной биологии привела к появлению нового поколения наноустройств, таких как нанопроводники. Биологические системы функционируют на основе структуры макромолекул, в основном белков и нуклеиновых кислот, которые структурно организованы на наноуровне. Соответственно, биологические макромолекулы могут найти применение на наноуровне для различных целей. В частности, белки, имеющие в высшей степени организованные структуры, могут быть использованы при создании наноустройств.

Согласно некоторым вариантам полипептид по изобретению, содержащий или состоящий из хвостового белка (например, компонента хвостового отростка, хвостового фибриллярного белка, хвостового белка, связанного с адсорбцией, белка рулетки хвостового отростка, субъединицы конусовидной базальной пластинки) или его фрагмента, варианта или производного, выделенных из бактериофага, имеющего геном, содержащий или состоящий из SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 560, SEQ ID NO: 781 или SEQ ID NO: 1074 (например, бактериофага F391/08, F394/08, F488/08, F510/08, F44/10, F387/08 или F125/10, соответственно), может быть применен в нанотехнологии. Например, белки хвостового отростка из хвостовых нитей фага могут быть в высшей степени организованными и могут найти применение в нанопроводниках. Такие проводники могут быть использованы, например, для осаждения золота и/или других ионов.

Согласно конкретным вариантам полипептид по данному изобретению, используемый в нанотехнологии, представляет собой выделенный белок хвостового отростка, содержащий или состоящий из аминокислотной последовательности SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NO: 32-35, SEQ ID NO: 180, SEQ ID NO: 183, SEQ ID NO: 185, SEQ ID NO: 190, SEQ ID NO: 231, SEQ ID NO: 232, SEQ ID NO:235, SEQ ID NO: 239-245, SEQ ID NO: 248, SEQ ID NO: 249, SEQ ID NO: 252, SEQ ID NO: 254, SEQ ID NO: 433-437, SEQ ID NOs: 489-496, SEQ ID NO: 544, SEQ ID NO: 545, SEQ ID NO: 549, SEQ ID NO: 551, SEQ ID NO: 629, SEQ ID NO: 686, SEQ ID NO: 789, SEQ ID NO: 796-800, SEQ ID NO: 806, SEQ ID NO: 854, SEQ ID NO: 999-1004, SEQ ID NO: 1053-1060, SEQ ID NO: 1077, SEQ ID NO: 1217, SEQ ID NO: 1250 или SEQ ID NO: 1266. Согласно другим вариантам полипептид по данному изобретению представляет собой фрагмент, вариант или производное SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NO: 32-35, SEQ ID NO: 180, SEQ ID NO: 183, SEQ ID NO: 185, SEQ ID NO: 190, SEQ ID NO: 231, SEQ ID NO: 232, SEQ ID NO:235, SEQ ID NO: 239-245, SEQ ID NO: 248, SEQ ID NO: 249, SEQ ID NO: 252, SEQ ID NO: 254, SEQ ID NO: 433-437, SEQ ID NO: 489-496, SEQ ID NO: 544, SEQ ID NO: 545, SEQ ID NO: 549, SEQ ID NO: 551, SEQ ID NO: 629, SEQ ID NO: 686, SEQ ID NO: 789, SEQ ID NO: 796-800, SEQ ID NO: 806, SEQ ID NO: 854, SEQ ID NO: 999-1004, SEQ ID NO: 1053-1060, SEQ ID NO: 1077, SEQ ID NO: 1217, SEQ ID NO: 1250 или SEQ ID NO: 1266, при этом указанные фрагмент, вариант или производное

имеют высокоорганизованную структуру. Такие полипептиды находят применение, например, в нанопроводниках, как указано выше.

ДИАГНОСТИЧЕСКИЕ СПОСОБЫ

Данное изобретение предусматривает также диагностические способы определения возбудителя бактериальной инфекции. Согласно некоторым вариантам диагностика возбудителя бактериальной инфекции проводится путем: (i) культивирования образцов ткани, крови или жидкости пациента по стандартной методике; (ii) контактирования полученной культуры с одним или более бактериофагами и/или полипептидами по изобретению; и (iii) наблюдения (мониторинга) за ростом клеток и/или появлением лизиса после указанного контактирования. Поскольку активность бактериофага и/или выделенных из него продуктов (например, полипептидов или биологически активных фрагментов, вариантов или производных) специфична к видам или штаммам бактерий, наличие или отсутствие чувствительности к одному или более бактериофагам и/или полипептидам по изобретению может служить показателем наличия вида или штамма инфекционных бактерий. Например, уменьшенный рост испытуемых культур после контактирования с бактериофагом, имеющим геном, содержащий или состоящий из последовательности нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 1 или 781, или с выделенным из него полипептидом может быть показателем наличия испытуемого образца, содержащего K. pneumoniae. Подобным образом, бактериофаг, имеющий геном, содержащий или состоящий из последовательности нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 2, или выделенный или полученный из него полипептид могут быть использованы для идентификации инфекции, вызванной A. baumannii; бактериофаг, имеющий геном, содержащий или состоящий из последовательности нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 3, или выделенный или полученный из него полипептид могут быть использованы для идентификации инфекции, вызванной E. coli; в то время как бактериофаг, имеющий геном, содержащий или состоящий из последовательности нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 4, или выделенный или полученный из него полипептид могут быть использованы для идентификации инфекции, вызванной P. aeruginosa; а бактериофаг, имеющий геном, содержащий или состоящий из последовательности нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 560 или 1074, или выделенный или полученный из него полипептид могут быть использованы для идентификации инфекции, вызванной S. aureus.

Кроме того, согласно некоторым вариантам бактериофаги и/или полипептиды по изобретению могут быть использованы в биосенсорах в целях диагностики. Применяемый в данной заявке термин "биосенсор" относится к аналитическому прибору для детектирования аналита, в котором биологический компонент соединяется с физико-химическим компонентом детектора. В частности, белки, участвующие в распознавании бактериальных рецепторов, могут быть использованы при создании диагностических биосенсоров.

Согласно некоторым вариантам полипептид по изобретению, содержащий или состоящий из белка хвостового отростка (например, компонента хвостового отростка, хвостового фибриллярного белка, хвостового белка, связанного с адсорбцией, белка рулетки хвостового отростка, субъединицы конусовидной базальной пластинки) или его фрагмента, варианта или производного, выделенных из бактериофага, имеющего геном, содержащий или состоящий из последовательности SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 560, SEQ ID NO: 781, SEQ ID NO: 1074 (например, из бактериофага F391/08, F394/08, F488/08, F510/08, F44/10, F387/08 или F125/10, соответственно), могут быть использованы в биосенсорах. Например, белок хвостового отростка фага может специфически распознавать один или более видов и/

или штаммов бактерий и поэтому может найти применение в биосенсорной диагностике. Детектирование некоторых видов и/или штаммов бактерий с помощью одного или более бактериофагов и/или полипептидов по изобретению может служить показателем наличия вида или штамма инфекционных бактерий.

Согласно некоторым вариантам полипептид по изобретению, используемый в биосенсорах, представляет собой выделенный блок хвостового отростка, содержащий или сосотоящий из аминокислотной последовательности SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NO: 32-35, SEQ ID NO: 180, SEQ ID NO: 183, SEQ ID NO: 185, SEQ ID NO: 190, SEQ ID NO: 231, SEQ ID NO: 232, SEQ ID NO: 235, SEQ ID NO: 239-245, SEQ ID NO: 248, SEQ ID NO: 249, SEQ ID NO: 252, SEQ ID NO: 254, SEQ ID NO: 433-437, SEQ ID NO: 489-496, SEQ ID NO: 544, SEQ ID NO: 545, SEQ ID NO: 549, SEQ ID NO: 551, SEQ ID NO: 629, SEQ ID NO: 686, SEQ ID NO: 789, SEQ ID NO: 796-800, SEQ ID NO: 806, SEQ ID NO: 854, SEQ ID NO: 999-1004, SEQ ID NO: 1053-1060, SEQ ID NO: 1077, SEQ ID NO: 1217, SEQ ID NO: 1250 или SEQ ID NO: 1266. Согласно другим вариантам полипетид по изобретению содержит фрагмент, вариант или производное SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NO: 32-35, SEQ ID NO: 180, SEQ ID NO: 183, SEQ ID NO: 185, SEQ ID NO: 190, SEQ ID NO: 231, SEQ ID NO: 232, SEQ ID NO:235, SEQ ID NO: 239-245, SEQ ID NO: 248, SEQ ID NO: 249, SEQ ID NO: 252, SEQ ID NO: 254, SEQ ID NO: 433-437, SEQ ID NO: 489-496, SEQ ID NO: 544, SEQ ID NO: 545, SEQ ID NO: 549, SEQ ID NO: 551, SEQ ID NO: 629, SEQ ID NO: 686, SEQ ID NO: 789, SEQ ID NO: 796-800, SEQ ID NO: 806, SEQ ID NO: 854, SEQ ID NO: 999-1004, SEQ ID NO: 1053-1060, SEQ ID NO: 1077, SEQ ID NO: 1217, SEQ ID NO: 1250, or SEQ ID NO: 1266, при этом указанные фрагмент, вариант или производное способны специфически распознавать вид бактерий, например, специфический вид и/или один или более специфических штаммов бактерий. Такие полипептиды найдут применение, например, в биосенсорах для детектирования специфических бактерий и/или диагностики некоторых инфекций, как описано выше.

Обычно хвостовой белок фага, применяемый в биосенсорах, будет детектировать свою хозяйскую бактерию или один или более специфических видов и/или специфических штаммов бактерии-хозяина. Соответственно, согласно некоторым вариантам данное изобретение предусматривает хвостовой белок, соответствующий аминокислотной последовательности SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 30 или SEQ ID NO: 32-35, или его фрагмент, вариант или производное, которые распознают и могут обнаружить один или более штаммов K. pneumoniae. Такое обнаружение может быть показателем инфекции, вызванной K. pneumoniae. Согласно некоторым вариантам данное изобретение предусматривает хвостовой белок, соответствующий аминокислотной последовательности SEQ ID NO: 180, SEQ ID NO: 183, SEQ ID NO: 185 или SEQ ID NO: 190, или его фрагмент, вариант или производное, которые распознают и могут обнаружить один или более штаммов A. baumannii. Такое обнаружение может быть показателем инфекции, вызванной A. baumannii. Согласно некоторым вариантам данное изобретение предусматривает хвостовой белок, соответствующий аминокислотной последовательности SEQ ID NO: 231, SEQ ID NO: 232, SEQ ID NO: 235, SEQ ID NO: 239-245, SEQ ID NO: 248, SEQ ID NO: 249, SEQ ID NO: 252, SEQ ID NO: 254, SEQ ID NO: 433-437, SEQ ID NO: 489-495 или SEQ ID NO: 496, его фрагмент, вариант или производное, которые распознают и могут обнаружить один или более штаммов E. coli. Такое обнаружение может быть показателем инфекции, вызванной E. coli.

Согласно некоторым вариантам данное изобретение предусматривает хвостовой белок, соответствующий аминокислотной последовательности SEQ ID NO: 544, SEQ

ID NO: 545, SEQ ID NO: 549 или SEQ ID NO: 551, его фрагмент, вариант или производное, которые распознают и могут обнаружить один или более штаммов P. aeruginosa. Такое обнаружение может быть показателем инфекции, вызванной P. aeruginosa. Согласно некоторым вариантам данное изобретение предусматривает хвостовой белок, соответствующий аминокислотной последовательности SEQ ID NO: 629, SEQ ID NO: 686, SEQ ID NO: 1077, SEQ ID NO: 1217, SEQ ID NO: 1250 или SEQ ID NO: 1266, его фрагмент, вариант или производное, которые распознают и могут обнаружить один или более штаммов S. aureus.Такое обнаружение может быть показателем инфекции, вызванной S. aureus. Согласно некоторым вариантам данное изобретение предусматривает хвостовой белок, соответствующий аминокислотной последовательности SEQ ID NO: 789, SEQ ID NO: 796-800, SEQ ID NO: 806, SEQ ID NO: 854, SEQ ID NO: 999-1004 или SEQ ID NO: 1053-1060, его фрагмент, вариант или производное, которые распознают и могут обнаружить один или более штаммов K. pneumoniae. Такое обнаружение может быть показателем инфекции, вызванной K. pneumoniae.

Согласно некоторым вариантам данное изобретение охватывает применение более чем одного хвостового белка, например, комбинации двух или более хвостовых белков, описанных выше, для биосенсоров с целью детектирования более чем одного вида и/или штамма бактерий. В состав биосенсора могут входить дополнительные белки и/или другие агенты для детектирования тех же самых или других видов бактерий.

ВАРИАНТЫ ПО АМИНОКСЛОТНЫМ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЯМ

По данному изобретению могут быть созданы варианты аминокислотных последовательностей полипептидов. Согласно нескольким вариантам они могут быть замещенными, инсерционными и/или делеционными вариантами. В делеционных вариантах отсутствует один или более остатков нативного (неизмененного) белка, которые обычно не существенны для функции аминокислот (например, антимикробной или антибактериальной активности). Инсерционные мутанты включают добавление остатков в неконцевую область полипептида. Замещающие варианты обычно включают замену одного остатка аминокислоты на другой в одном или более участках полипептида и могут быть сконструированы для модулирования одного или более свойств полипептида, таких как стабильность к протеолитическому расщеплению, предпочтительно без потери (или значительной потери) других функций или свойств. Замены этого вида предпочтительно являются консервативными, то есть остаток одной аминокислоты заменяется остатком похожей формы и с похожим зарядом. Консервативные замены хорошо известны из уровня техники и включают, например, следующие замены: аланина на серии, аргинина на лизин, аспарагина на глутамин или гистидин, аспартата на глутамат, цистеина на серии, глутамина на аспарагин, глутамата на аспартат, глицина на пролин, гистидина на аспарагин или глутамин, изолейцина на лейцин или валин, лейцина на валин или изолейцин, лизина на аргинин, метионина на лейцин или изолейцин, фенилаланина на тирозин, лейцин или метионин, серина на треонин, треонина на серии, триптофана на тирозин, тирозина на триптофан или фенилаланин и валина на изолейцин или лейцин.

Как только ареалы генов будут проидентифицированы как гены, придающие конкретную антибактериальную активность, например, как лизин, описанный в данной заявке, можно применять точечный мутагенез для определения со всей точностью, какие аминокислотные остатки являются важными для наличия антибактериальной активности. Таким образом, специалист в данной области может проводить, например, единичные замены оснований в пределах нити ДНК для получения измененного ко

дона и/или миссенс-мутации, которые сохраняют желаемое свойство.

Предпочтительно, когда мутация аминокислот белка приводит к созданию эквивалентной или даже улучшенной молекулы второго поколения. Например, некоторые аминокислоты могут быть заменены на другие аминокислоты в белковой структуре без различимой или существенной потери функции белка (например, антибактериальной или антимикробной активности). При осуществлении таких изменений следует учитывать гидропатический индекс аминокислот. Значение гидропатического индекса аминокислот в придании интерактивной биологической функции белка в данной области общеизвестно. Принято считать, что относительно гидропатический характер аминокислоты содействует образованию вторичной структуры получаемого белка, что в свою очередь определяет взаимодействие белка с другими молекулами, например, взаимодействие с пептидогликаном во внешней оболочке грамположительной бактерии. Каждая аминокислота имеет свой гидропатический индекс на основе ее гидрофобности и характеристик заряда, например: изолейцин (+4.5); валин (+4.2); лейцин (+3.8); фенилаланин (+2.8); цистеин/цистин (+2.5); метионин (+1.9); аланин (+1.8); глицин(-0.4); треонин (-0.7); серин (-0.8); триптофан (-0.9); тирозин (-1.3); пролин (-1.6); гистидин (-3.2); глутамат (-3.5); глутамин (-3.5); аспартат (-3.5); аспарагин (-3.5); лизин (-3.9); и аргинин (-4.5). Из уровня техники известно также, что подобные замены аминокислот могут эффективно производиться на основе гидрофильности. Как и в случае гидрофобности, каждая аминокислота получила свой индекс гидрофильности: аргинин (+3.0); лизин (+3.0); аспартат (+3.0±1); глутамат (-0.5±1); аланин (-0.5); гистидин (-0.5); цистеин (-1.0); метионин (-1.3); валин (-1.5); лейцин (-1.8); изолейцин (-1.8); тирозин (-2.3); фенилаланин (-2.5) и триптофан (-3.4). Эквивалентные молекулы могут быть получены путем замены одной аминокислоты на другую, при этом их гидропатические индексы и/или их индексы гидрофильности отличаются друг от друга на ±2, предпочтительно на ±1, или наиболее предпочтительно, на ±5.

Согласно некоторым вариантам данное изобретение охватывает выделенные полипептиды, которые содержат 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 или 10 или более модификаций аминокислот (например, инсерций, замен, делеций и т.д.) относительно аминокислотных последовательностей, описанных в данной заявке. Согласно предпочтительным вариантам мутация (мутации) осуществляется (-ются) таким образом, что биологическая активность конкретного полипептида сохраняется или практически сохраняется. Например, данное изобретение предусматривает полипептиды, выделенные из бактериофагов F387/08, F391/08, F394/08, F488/08, F510/068, F44/10 и/или F125/10, которые мутированы так, что они содержат 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 или 10 или более модификаций относительно аминокислотных последовательностей, описанных в данной заявке, и которые проявляют антибактериальную активность в отношении одного или более видов или штаммов грамположительных или грамотрицательных бактерий, например, против K. pneumoniae, A. baumannii, E. coli, P. aeruginosa и/или S. aureus. Согласно конкретным вариантам полипептиды, полученные из фагов F387/08 или F391/08, проявляют антибактериальную или антимикробную активность, например, лизирующую киллерную активность, против по меньшей мере K. Pneumonia; полученные из фага F394/08 - против по меньшей мере A. baumannii; полученные из фага F488/08 - против по меньшей мере E. coli; полученные из фага F510/08 - против по меньшей мере P. aeruginosa, и полученные из фагов F44/10 или F125/10 - против по меньшей мере S. aureus.

ПОЛИНУКЛЕОТИДЫ, КОДИРУЮЩИЕ ПОЛИПЕПТИДЫ ПО ИЗОБРЕТЕНИЮ

Данное изобретение предусматривает также полинуклеотиды, содержащие

нуклеотидную последовательность, кодирующую полипептид по изобретению. Настоящее изобретение охватывает также полинуклеотиды, которые гибридизуются в строгих условиях, в промежуточных условиях и в условиях пониженной жесткости, например, как указано выше, с полинуклеотидами, которые кодируют полипептид по изобретению и которые кодируют модифицированные полипептиды, которые обладают антибиотической и/или другой биологической активностью.

Полинуклеотиды могут быть получены, а нуклеотидная последовательность полинуклеотидов определена, любым способом, известным из уровня техники. Например, полинуклеотид, кодирующий полипептид по изобретению, может быть получен из нуклеиновой кислоты из подходящего источника (например, бактериофагов F387/08, F391/08, F394/08, F488/08, F510/08, F44/10 и/или F125/10). Нуклеотидные последовательности могут быть выделены из фаговых геномов обычными методами, известными из уровня техники (см., например, источники Carlson, "Working with bacteriophage: common techniques and methodological approaches," In, Kutter and Sulakvelidze (Eds) Bacteriophage: Biology and Applications, 5th ed. CRC Press (2005); которые включены полностью в данную заявку посредством отсылки). Если источник, содержащий нуклеиновую кислоту, кодирующую определенный полипептид, не доступен, но аминокислотная последовательность полипептида по изобретению известна, нуклеиновая кислота, кодирующая полипептид, может быть получена химическим способом и клонирована в реплицирующихся клонирующих векторах способом, хорошо известным из уровня техники.

Как только нуклеотидная последовательность полипептида по изобретению определена, нуклеотидной последовательностью полипептида можно управлять, используя методы манипулирования нуклеотидными последовательностями, известные из уровня техники, например, технологию рекомбинантных ДНК, сайт-направленный мутагенез, ПЦР и т.д. (см., например, методы, описанные в источниках Sambrook et al., 1990, Molecular Cloning, A Laboratory Manual, 2d Ed., Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor, NY и Ausubel et al, eds., 1998, Current Protocols in Molecular Biology, John Wiley & Sons, NY, которые оба полностью включены в данную заявку посредством отсылки), для получения полипептидов, содержащих различные аминокислотные последовательности, например, для введения аминокислотных замен, делеций и/или инсерций.

Согласно некоторым вариантам предусмотрена нуклеотидная последовательность, кодирующая одну или более ORF, показанных на ФИГУРАХ 2, 4, 6, 8, 10, 12 и 14. Согласно некоторым вариантам предусмотрена нуклеотидная последовательность, кодирующая вариант, фрагмент или производное одной или более ORF, показанных на ФИГУРАХ 2, 4, 6, 8, 10, 12 и 14, при этом эти вариант, фрагмент или производное проявляют антибактериальную или антимикробную активность (например, лизирующую киллерную активность) в отношении одного или более штаммов K. pneumoniae, например, против бактериофага, имеющего геном, содержащий или состоящий из последовательности нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 1 или SEQ ID NO: 781; и/или в отношении одного или более штаммов A. baumannii, например, в отношении бактериофага, имеющего геном, содержащий или состоящий из последовательности нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 2; и/или в отношении одного или более штаммов E. coli, например, против бактериофага, имеющего геном, содержащий или состоящий из последовательности нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 3; и/или в отношении одного или более штаммов P. aeruginosa, например, в отношении бактериофага, имеющего геном, содержащий или состоящий из последовательности нуклеиновой кислоты SEQ

ID NO: 4; и/или в отношении одного или более штаммов S. aureus, например, против бактериофага, имеющего геном, содержащий или состоящий из последовательности нуклеиновой кислоты SEQ ID NO: 560 или SEQ ID NO: 1074.

РЕКОМБИНАНТНАЯ ЭКСПРЕССИЯ МОЛЕКУЛ ПО ИЗОБРЕТЕНИЮ

После получения последовательности нуклеиновой кислоты, кодирующей молекулу по данному изобретению (например, полипептид), методом рекомбинантных ДНК, хорошо известным из уровня техники, может быть получен вектор для получения молекул. Методы, хорошо известные специалистам в данной области, могут быть применены для конструирования экспрессионных векторов, содержащих кодирующие последовательности для молекул по изобретению и соответствующих сигналов транскрипции и трансляции. Эти методы включают, например, in vitro технологию рекомбинантных ДНК, методы синтеза и in vivo генетическую рекомбинацию. (См., например, методы, описанные Sambrook et al., 1990, Molecular Cloning, A Laboratory Manual, 2d Ed., Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor, NY и Ausubel et al. eds., 1998, Current Protocols in Molecular Biology, John Wiley & Sons, NY).

Данное изобретение предусматривает векторы экспрессии, кодирующие полипептиды по изобретению. Вектор экспрессии, содержащий нуклеотидную последовательность молекулы, идентифицированную способами по изобретению, может быть перенесен в клетку-хозяина обычными методами (например, электропорацией, липосомальной трансфекцией и методом осаждения из растворов фосфата кальция) и затем трансфецированные клетки культивируют обычными методами для получения молекул по изобретению. Согласно предпочтительным вариантам клетка-хозяин отличается от клеток родительских бактерий, из которых бактериофаг, содержащий указанную последовательность, произведен. Согласно конкретным вариантам экспрессия молекул по изобретению регулируется конститутивным, индуцируемым или ткане-специфическим промотором. Согласно конкретным вариантам экспрессионный вектор представляет собой pQE-30 (Qiagen) или pET-29(a) (Novagen).

Клетки хозяина, применяемые для экспрессии молекул, идентифицируемых способами по изобретению, могут быть бактериальными клетками (предпочтительно, не чувствительными к белку бактериофага или его варианту, производному или фрагменту по изобретению). Для экспрессии молекул, идентифицированных по изобретению, могут быть использованы различные системы экспрессии хозяин-вектор. Такие системы экспрессии хозяин-вектор представляют собой носители, с помощью которых могут быть получены и затем очищены молекулы согласно данному изобретению, но также представляют собой клетки, которые, после трансформирования или трансфекции при помощи соответствующей нуклеотидной кодирующей последовательности, экспрессируют in situ молекулы по изобретению. Они включают, но без ограничения, микроорганизмы, такие как бактерии, которые не чувствительны к белку бактериофага или его варианта, производного или фрагмента (например, B. subtilis), и трансформированы с помощью векторов экспрессии рекомбинантной ДНК бактериофага, плазмидной ДНК, космидной ДНК, содержащих кодирующие последовательности для молекул, идентифицированных способами по изобретению; дрожжи (например, Saccharomyces Pichia), трансформированные с помощью рекомбинантных векторов экспрессии дрожжей, содержащих кодирующие последовательности для молекул, идентифицированных способами по изобретению; системы клеток насекомых, инфицированных рекомбинантными вирусными векторами экспрессии (например, baculovirus), содержащими кодирующие последовательности для молекул, идентифицированных способами по изобретению; системы растительных

клеток, инфицированных рекомбинантными вирусными векторами экспрессии (например, вирусом мозаики цветной капусты (CaMV) и вирусом мозаики табака (TMV) или трансформированных с помощью рекомбинантных плазмидных векторов экспрессии (например, Ti плазмиды), содержащих кодирующие последовательности для молекул, идентифицированных способами по изобретению; или систем клеток млекопитающего (например, клеток COS, CHO, BHK, 293, 293T, 3T3, лимфатических клеток (см. патент США №5,807,715), клеток C.6 (человеческие ретинальные клетки, полученные Crucell), содержащих рекомбинантные конструкты экспрессии, содержащие промоторы, полученные из генома человека (например, металлотионеиновый промотор) или из человеческих вирусов (например, поздний промотор аденовируса; промотор вируса 7.5K вирусной вакцины), содержащих последовательности, кодирующие молекулы, идентифицированные способами по изобретению.

В бактериальных системах, не чувствительных к белку фага или его варианту, производному или фрагменту по изобретению, в зависимости от желаемого применения, предназначенного для экспрессируемой молекулы, может быть выбран ряд экспрессионных векторов. Например, когда должно быть получено большое количество такого белка с целью получения фармацевтических композиций полипептида по изобретению, желательными являются экспрессионные векторы, которые направляют высокий уровень экспрессии слитых белков, которые легко очищаются. Такие векторы включают, но без ограничения, экспрессионный вектор pUR278 E. coli (Ruther et al, 1983, EMBOJ. 2:1791), в котором белковая последовательность может быть лигирована индивидуально в векторе в рамку с кодирующей областью lac Z таким образом, что образуется слитый белок; векторы pIN (Inouye & Inouye, 1985, Nucleic Acids Res. 13:3101-3109; Van Heeke & Schuster, 1989, J. Biol. Chem. 24:5503-5509); и т.п. Для экспрессии чужеродных полипептидов, таких как белки слияния с глютатион-S-трансферазой (GST), могут быть также использованы векторы pGEX. В общем, такие белки слияния являются растворимыми и могут быть легко очищены из лизированных клеток путем адсорбции и связывания с гранулами матриксной глютатион-агарозы с последующим элюированием в присутствии свободного глютатиона. Векторы pGEX сконструированы так, что включают сайты расщепления протеазы тромбином или фактором Xa, и клонированный целевой генный продукт может быть высвобожден из GST. В системе клеток насекомых в качестве вектора экспрессии чужеродных генов используется вирус ядерного полиэдроза Autographa californica (AcNPV). Этот вирус предпочтительно выращивать в клетках Spodoptera frugiperda. Последовательность, кодирующая полипептид, может быть индивидуально клонирована в областях вируса, относящихся к незаменимым (например, в гене полиэдрина) и помещена под контроль промотора AcNPV (например, промотора полиэдрина). Как только молекула по изобретению (например, полипептиды) подверглась рекомбинантной экспрессии, она может быть очищена любым методом очистки полипептидов, известным из уровня техники, например, методом хроматографии (в том числе, методами ионообменной, аффинной хроматографии и хроматографии на колонке), центрифугирования, методом дифференциальной растворимости или любым другим обычным методом очистки полипептидов или антител. После ознакомления с приведенным выше описанием специалист в данной области может произвести некоторые модификации и усовершенствования. Очевидно, что все такие модификации и усовершенствования не включены в данное описание в целях сжатости и четкости изложения, но они входят в объем данного изобретения, определенный формулой изобретения.

ПРИМЕРЫ

Следует иметь в виду, что следующие примеры и приведенные варианты изобретения описаны только с целью иллюстрации изобретения и что специалистам в данной области известно, как осуществить различные модификации или изменения в свете этого описания, эти модификации или изменения входят в объем данного изобретения, который определяется приведенной ниже формулой изобретения. Все публикации, патенты и заявки на патенты, ссылки на которые приведены в тексте описания, включены в данную заявку посредством отсылок полностью для всех целей.

Если иное не указано, бактериофаги по изобретению были выделены, обработаны и проанализированы в соответствии со следующими методами.

ОЧИСТКА ФАГОВ

Исходные препараты бактериофагов, выделенные из клинических образцов, готовили в соответствии с протоколами, описанными в публикации Carlson, "Working with bacteriophage: common techniques and methodological approaches," In, Kutter and Sulakvelidze (Eds) Bacteriophage: Biology and Applications, 5th ed. CRC Press (2005) ("Carlson," эта публикация включена в данную заявку полностью посредством отсылки). Исходные бактериофаги концентрировали путем осаждения с помощью ПЭГ согласно протоколу, описанному в публикации Carlson and Yamamoto et al., 2004, PNAS 101:6415-6420. Вкратце, исходный препарат инкубировали в 1 М NaCl в течение 1 ч при перемешивании при температуре 4°С. Затем постепенно добавляли ПЭГ 8000 (AppliChem, Cheshire, MA) до получения конечной концентрации равной 10% (вес/об). Затем смесь инкубировали в течение ночи при температуре 4°С. После этого осадок снова суспендировали в буфере SM (0,05 М Tris-HCE при pH 7,4, 0,1 М NaCl, 10 мМ $MgSO_4$) с желатином (1% вес/об) и центрифугировали при 1000 об/мин в течение 10 мин при температуре 4°С. Надосадочную жидкость, содержащую суспендированный фаг, сохраняли для последующей очистки. Надосадочную жидкость очищали, используя градиент CsCl, в соответствии с методикой Carlson.

CsCl удаляли из очищенного и концентрированного фага путем диализа. Диализная мембрана Cellu.Sep HI High Grade Regenerated Cellulose Tubular Membrane (Cellu.Sep, River Street, USA) была подготовлена в соответствии с инструкциями производителя. Диализ включал первую инкубацию в течение 30 мин в 100 мМ Tris-HCl и 3 М NaCl (pH 7,4) при температуре 4°С. Затем следовала вторая стадия инкубации в течение 30 мин в 100 мМ Tris-HCl и 0,3 М NaCl (pH 7,4) при температуре 4°С. После диализа суспендированный фаг удаляли из диализного мешка и хранили при температуре 4°С.

ЭКСТРАКЦИЯ ДНК ФАГА

К 5 мл очищенного и концентрированного фага добавляли 20 мМ ЭДТА при pH 8,0, ДДСNA, 0,5% (ч/об), и протеиназу Proteinase K до получения конечной концентрации, равной 40 мкг/мл. Смесь инкубировали при температуре 56°С в течение 1 ч. Осуществляли последовательные экстракции смесью фенол:хлороформ:спирт в соотношении 25:24:1 до появления четкой границы раздела водной и органической фаз. Водную фазу обрабатывали равным объемом хлороформа и центрифугировали (13000 g) в течение 10 мин при температуре 4°С. Водную фазу снова удаляли и осаждали ДНК путем добавления двух объемов абсолютного этилового спирта и инкубирования в течение 30 мин при температуре 20°С. Затем образцы центрифугировали (11000 g) в течение 30 мин при температуре 4°С. Осадок промывали 70%-ным этиловым спиртом при комнатной температуре и вновь суспендировали в 50 мкл ультрачистой воды (Gibco, California). Концентрация ДНК была определена путем измерения абсорбции при длине волны 260 нм в спектрофотометре ND-1000. Целостность выделенной ДНК фага определяли методом электрофореза в 1%-ном геле агарозы.

АНАЛИЗ ГЕНОМОВ ФАГА

Секвенирование генома бактериофага позволило идентифицировать потенциальные открытые рамки считывания (ORF) в геноме. Предполагаемые ORF были использованы для поиска гомологичных последовательностей ДНК в базе данных коллекции нуклеотидов NCBI с помощью программы BLASTN (см, например, Zhang et al., 2000, J. Comput. Biol. 7:203-214).

ПРИМЕР 1: БАКТЕРИОФАГ F391/08

Сравнение предполагаемых ORF генома бактериофага F391/08 с последовательностями в базе данных NCBI по нуклеотидам показало, что только небольшие части генома (≤ 11% перекрытия генома) были гомологичны известным последовательностям. Схематическая организация генома фага F391/08 показана на ФИГУРЕ 1. ORF фага F391/08, их кодированные аминокислотные последовательности и известные гомологичные белки показаны на ФИГУРЕ 2. Предсказание orf проводили путем интегрирования результатов, полученных с использованием программ GeneMark.hmm и MetaGeneAnnotator programs (Besemer, J. and Borodovsky, M. 1999. Nucleic Acids Res., 27: 3911-3920; Noguchi, H. et al., 2008. DNA Res., 15: 387-396). Поиски гомологичных белков выполняли с помощью программы BLASTP (Alschul, S.F. et al., 1997. Nucleic Acids Res., 25: 3389-33402), используя базу данных NCBI по статистически неопределимым белковым последовательностям. Консервативные домены белков были предсказаны с помощью специализированной программы NCBI BLAST (Marchler-Bauer, A. et al., 2007. Nucleic Acids Res. 35: 237-240). orf, продукты которых были гомологичны тем же самым белкам (белку) указаны тем же номером с добавлением буквы нижнего регистра, что показано на ФИГУРЕ 2. Идентификацию предполагаемых генов транспортной РНК (тРНК) проводили, применяя программу tRNAscan-SE progam (Lowe, T.M. et al., 1997. Nucleic Acids Res., 25: 955-964).

В Таблице 1 ниже приведены результаты спот-тестов, которые оценивали круг хозяев и активность бактериофага F391/08 в отношении 100 штаммов Klebsiella sp.(86 штаммов K. pneumoniae; 12 штаммов K. oxytoca и 2 штамма Klebsiella sp.), выделенных из клинических образцов. Каждая проба содержала 5 мкл суспензии бактериофага с указанными титрами, приготовленной из очищенного CsCl лизата. Чувствительность каждого штамма к фагу оценивали на основе относительной шкалы ранжирования от мутного ореола лизиса (+) до прозрачного ореола (++++). Стерильные пятна, возникшие из бляшек выделенного фага, указаны в бляшкообразующих единицах (б.о.е.), а устойчивость к фаговой инфекции - как (-). Показано также количество штаммов, обладающих фенотипом особенной чувствительности.

Таблица 1

Фаг	Титр (б.о.е.)	Чувствительность к фагу (%) к штаммов *Klebsiella* sp. (n=100)						Всего инфиц. штаммов
		++++	+++	++	+	бо/ед	-	
F391/08	$2.72x10^{10}$	3	26	8	11	0	52	48
	$2.72x10^{8}$	1	5	6	1	0	87	13
	$2.72x10^{6}$	0	1	3	1	1	94	6
	$2.72x10^{4}$	0	0	0	0	3	97	3

ПРИМЕР 2: БАКТЕРИОФАГ F394/08

Сравнение предполагаемых ORF генома бактериофага F394/08 с

последовательностями в базе данных NCBI по нуклеотидам не показало значительной гомологии с известными последовательностями, в отличие от наблюдаемого для небольших частей генома (≤ 1% перекрытия генома). Схематическая организация генома F394/08 показана на ФИГУРЕ 3. ORF в F394/08, их кодированные аминокислотные последовательности и известные гомологичные белки показаны на ФИГУРЕ 4. Предсказание ORF осуществляли путем интегрирования результатов, полученных с помощью программ GeneMark.hmm и MetaGeneAnnotator programs (Besemer, J. and Borodovsky, M. 1999. Nucleic Acids Res., 27: 3911-3920; Noguchi, H. et al., 2008. DNA Res., 15: 387-396). Поиски гомологии белков проводили при помощи программы BLASTP (Alschul, S.F. et al., 1997. Nucleic Acids Res., 25: 3389-33402), используя базу данных NCBI статистически неопределимых белковых последовательностей. Домены консервативных белков предсказывали, используя специальную программу NCBI BLAST (Marchler-Bauer, A. et al., 2007. Nucleic Acids Res. 35: 237-240). Orfs, которые были гомологичны тем же самым белкам (тому же белку) обозначены на ФИГУРЕ 4 тем же самым номером с добавлением буквы нижнего регистра,. Идентификация предполагаемых генов транспортной РНК (тРНК) проводилась с помощью программы tRNAscan-SE (Lowe, T.M. et al., 1997. Nucleic Acids Res., 25: 955-964).В Таблице 2 ниже приведены результаты спот-тестов, которые оценивали круг хозяев и активность бактериофага F394/08 в отношении 100 штаммов Acinetobacter sp. (93 штаммов A. baumannii; 6 штаммов A.calcoaceticus; и 1 штамм A. lwoffi), выделенных из клинических образцов. Каждая проба содержала 5 мкл суспензии бактериофага с указанными титрами, полученной из лизата, очищенного CsCl. Чувствительность каждого штамма к фагу оценивали на основе шкалы относительного ранжирования от мутного (+) до прозрачного (++++) ореола лизиса.

Пятна, возникшие от бляшек выделенного фага, показаны в бляшкообразующих единицах (б.о.е.), а стойкость к инфекции, вызванной фагом, показана как (-). Показано также количество штаммов, обладающих фенотипом особенной чувствительности.

Таблица 2

ФАГ	Титр (б.о.е./мл)	Чувствительность к фагу (%) к штаммов *Acinetobacter* sp.						Всего инфиц. шт. (%)
		++++	+++	++	+	б.о.е.	-	
F394/08	$2.2x10^9$	67	3	1	0	0	29	**71**
	$2.2x10^8$	66	1	2	1	0	30	**70**
	$2.2x10^6$	9	38	8	0	0	45	**55**
	$2.2x10^4$	0	7	1	0	32	60	**40**

ПРИМЕР 3: Бактериофаг F488/08

Сравнение предполагаемых ORF генома бактериофага F488/08 с последовательностями в базе данных NCBI по нуклеотидам показало, что около 94% ДНК фага F488/08 подобны ДНК фага Enterobaceria RB14, со степенью идентичности индивидуальных ORF в интервале от 70 до 100%. Схематическая организация генома фага F488/08 показана на ФИГУРЕ 5. ORF фага F488/08, их кодированные аминокислотные последовательности и известные гомологичные белки показаны на ФИГУРЕ 6. Предсказание ORF осуществляли путем интегрирования результатов, полученных с помощью программ GeneMark.hmm и MetaGeneAnnotator programs (Besemer, J. and Borodovsky, M. 1999. Nucleic Acids Res., 27: 3911-3920; Noguchi, H. et al., 2008. DNA Res., 15: 387-396). Поиски гомологии белков проводили при помощи программы BLASTP

(Alschul, S.F. et al., 1997. Nucleic Acids Res., 25: 3389-33402), используя базу данных NCBI по статистически неопределимым белковым последовательностям. Домены консервативных белков предсказывали, используя специальную программу NCBI BLAST (Marchler-Bauer, A. et al., 2007. Nucleic Acids Res. 35:237-240). ORF которые были гомологичны тем же самым белкам (тому же белку) обозначены на ФИГУРЕ 6 тем же самым номером с добавлением стройчной буквы. Идентификация предполагаемых генов транспортной РНК (тРНК) проводилась с помощью программы tRNAscan-SE (Lowe, T.M. et al., 1997. Nucleic Acids Res., 25: 955-964). В Таблице 3 ниже приведены результаты спот-тестов, которые оценивали круг хозяев и активность бактериофага F488/08 в отношении 100 штаммов Escherichia coli (ECO), выделенных из клинических образцов. Каждая проба содержала 5 мкл суспензии бактериофага с указанными титрами, полученной из лизата, очищенного CsCl. Чувствительность каждого штамма к фагу оценивали на основе шкалы относительного ранжирования от мутного (+) до прозрачного (++++) ореола лизиса.

Пятна, возникшие от бляшек выделенного фага, показаны в бляшкообразующих единицах (б.е), а стойкость к инфекции, вызванной фагом показана как (-). Показано также количество штаммов, обладающих фенотипом особенной чувствительности.

Таблица 3

Фаг	Титр (б.о.е./мл)	Чувствительность к фагу (%) к штаммов ECO (n=100)						Всего инф. штаммов (%)
		++++	+++	++	+	б.о.е.	-	
F488/08	$1x10^{10}$	0	60	1	2	0	37	**63**
	$1x10^{8}$	0	42	15	0	0	43	**57**
	$1x10^{6}$	0	8	10	7	0	75	**25**
	$1x10^{4}$	0	0	0	0	10	90	**10**

ПРИМЕР 4: Бактериофаг F510/08

Сравнение предполагаемых ORF генома бактериофага F510/08 с последовательностями в базе данных NCBI по нуклеотидам показало, что около 95% ДНК фага F510/08 подобны в высшей степени ДНК фага Pseudomonas LUZ19, со степенью идентичности индивидуальных ORF в интервале от 89 до 97%. Схематическая организация генома фага F510/08 показана на ФИГУРЕ 7. ORF фага F510/08, их кодированные аминокислотные последовательности и известные гомологичные белки показаны на ФИГУРЕ 8. Предсказание ORF осуществляли путем интегрирования результатов, полученных с помощью программ GeneMark.hmm и MetaGeneAnnotator programs (Besemer, J. and Borodovsky, M. 1999. Nucleic Acids Res., 27: 3911-3920; Noguchi, H. et al., 2008. DNA Res., 15: 387-396). Поиски гомологии белков проводили при помощи программы BLASTP (Alschul, S.F. et al., 1997. Nucleic Acids Res., 25: 3389-33402), используя базу данных NCBI статистически неопределимых белковых последовательностей. Домены консервативных белков предсказывали, используя специальную программу NCBI BLAST (Marchler-Bauer, A. et al., 2007. Nucleic Acids Res. 35: 237-240). ORF, которые были гомологичны тем же самым белкам (тому же белку) обозначены на ФИГУРЕ 8 тем же самым номером с добавлением строчной буквы. Идентификация предполагаемых генов транспортной РНК (тРНК) проводилась с помощью программы tRNAscan-SE (Lowe, T.M. et al., 1997. Nucleic Acids Res., 25: 955-964). В Таблице 4 ниже приведены результаты спот-тестов, которые оценивали круг хозяев и активность бактериофага F510/08 против 100 штаммов Pseudomonas aeruginosa (PSA), выделенных из клинических образцов. Каждая проба содержала 5 мкл суспензии бактериофага с указанными

титрами, полученной из лизата, очищенного CsCl. Чувствительность каждого штамма к фагу оценивали на основе шкалы относительного ранжирования от мутного (+) до прозрачного (++++) ореола лизиса.

Пятна, возникшие от бляшек выделенного фага, приведены в бляшкообразующих единицах (б/е), а стойкость к инфекции, вызванной фагом показана как (-).Показано также количество штаммов, обладающих фенотипом особенной чувствительности.

Таблица 4

Фаг	Титр (б.о.е./мл)	Чувствительность к фагу (%)штаммов PSA (n=100)						Всего инфиц. штамм. (%)
		++++	+++	++	+	б.о.е.	-	
F510/08	$5.7x10^{10}$	35	18	4	10	3	30	**70**
	$5.7x10^{8}$	18	25	6	9	4	38	**62**
	$5.7x10^{6}$	13	14	4	2	4	63	**37**
	$5.7x10^{4}$	10	12	0	1	10	67	**33**

ПРИМЕР 5: Бактериофаг F44/10

Сравнение предполагаемых ORF генома бактериофага F44/10 с последовательностями в базе данных NCBI по нуклеотидам показало, что около 81% ДНК фага F44/10 подобны ДНК фага Staphylococcus K, со степенью идентичности индивидуальных ORF в интервале от 80 до 99%.

Схематическая организация генома фага F44/10 показана на ФИГУРЕ 9. ORF фага F44/10, их кодированные аминокислотные последовательности и известные гомологичные белки показаны на ФИГУРЕ 10. Предсказание orf осуществляли путем интегрирования результатов, полученных с помощью программ GeneMark.hmm и MetaGeneAnnotator programs (Besemer, J. and Borodovsky, M. 1999. Nucleic Acids Res., 27: 3911-3920; Noguchi, H. et al., 2008. DNA Res., 15: 387-396). Поиски гомологии белков проводили при помощи программы BLASTP (Alschul, S.F. et al., 1997. Nucleic Acids Res., 25: 3389-33402), используя базу данных статистически неопределимых белковых последовательностей NCBI. Домены консервативных белков предсказывали, используя специальную программу NCBI BLAST (Marchler-Bauer, A. et al., 2007. Nucleic Acids Res. 35: 237-240). Orfs, которые были гомологичны тем же самым белкам (тому же белку) обозначены на ФИГУРЕ 10. тем же самым номером с добавлением буквы нижнего регистра. Как ранее сообщалось для фага Staphylococcus K, предполагаемый ген полимеразы (orf114a, orf114b) может содержать интрон-подобную последовательность. См. (O'Flaherty et al., 2004). Идентификация предполагаемых генов транспортной РНК (тРНК) проводилась с помощью программы tRNAscan-SE (Lowe, T.M. et al., 1997. Nucleic Acids Res., 25: 955-964). В Таблице 5 ниже приведены результаты спот-тестов, которые оценивали круг хозяев и активность бактериофага F44/10 против 100 штаммов Staphylococcus aureus (STA), выделенных из клинических образцов. Каждая проба содержала 5 мкл суспензии бактериофага с указанными титрами, полученной из лизата, очищенного CsCl. Чувствительность каждого штамма к фагу оценивали на основе шкалы относительного ранжирования от мутного (+) до прозрачного (++++) ореола лизиса.

Пятна, возникшие от бляшек выделенного фага, показаны в бляшкообразующих единицах (б.е), а стойкость к инфекции, вызванной фагом показана как (-). Показано также количество штаммов, обладающих фенотипом особенной чувствительности.

Таблица 5

Фаг	Титр (б.о.е./мл	Чувствительность к фагу (%)штаммов STA (n=100)						Всего инфиц. штамм. (%)
		++++	+++	++	+	б.о.е.	-	
F44/10	$2.25x10^{11}$	53	35	10	1	1	0	100
	$2.25x10^{10}$	35	52	10	2	1	0	100
	$2.25x10^{8}$	19	51	5	5	1	19	81
	$2.25x10^{6}$	5	22	0	0	34	39	61
	$2.25x10^{4}$	0	0	0	0	42	58	42

ПРИМЕР 6: Бактериофаг F387/08

Сравнение предполагаемых ORF генома бактериофага F387/08 с последовательностями в базе данных NCBI по нуклеотидам NCBI не показало значительной гомологии с известными последовательностями, в отличие от наблюдаемого для небольших частей генома (≤ 12% перекрытия генома). Схематическая организация генома F387/08 показана на ФИГУРЕ 11. ORF фага F387/08, их кодированные аминокислотные последовательности и известные гомологичные белки показаны на ФИГУРЕ 12. Предсказание orf осуществляли путем интегрирования результатов, полученных с помощью программ GeneMark.hmm и MetaGeneAnnotator programs (Besemer, J. and Borodovsky, M. 1999. Nucleic Acids Res., 27: 3911-3920; Noguchi, H. et al., 2008. DNA Res., 15: 387-396). Поиски гомологии белков проводили при помощи программы BLASTP (Alschul, S.F. et al., 1997. Nucleic Acids Res., 25: 3389-33402), используя базу данных NCBI. статистически неопределимых белковых последовательностей Домены консервативных белков предсказывали, используя специальную программу BLAST NCBI (Marchler-Bauer, A. et al., 2007. Nucleic Acids Res. 35: 237-240).

В Таблице 6 ниже приведены результаты спот-тестов, которые оценивали круг хозяев и активность бактериофага F387/08 против 100 штаммов Klebsiella sp.(86 штаммов K pneumoniae; 12 штаммов K. oxytoca; и 2 штамма Klebsiella sp.), выделенных из клинических образцов. Каждая проба содержала 5 мкл суспензии бактериофага с указанными титрами, полученной из лизата, очищенного CsCl. Чувствительность каждого штамма к фагу оценивали на основе шкалы относительного ранжирования от мутного (+) до прозрачного (++++) ореола лизиса.

Пятна, возникшие от бляшек выделенного фага, показаны в бляшкообразующих единицах (б.о.е.), а кстойчивость к инфекции, вызванной фагом, показана как (-). Показано также количество штаммов, обладающих фенотипом особенной чувствительности.

Таблица 6

Фаг	Титр (б.о.е./мл)	Чувствительность к фагу (%)штаммов KLE (n=100)						Всего инфиц. штамм. (%)
		++++	+++	++	+	б.е	-	
F387/08	$1.0x10^{10}$	1	38	20	9	0	32	68
	$1.0x10^{8}$	0	10	14	9	0	67	33
	$1.0x10^{6}$	0	2	2	0	1	95	5
	$1.0x10^{4}$	0	0	0	1	2	97	3

ПРИМЕР 7: Бактериофаг F125/10

Сравнение предполагаемых ORF генома бактериофага F125/10 с последовательностями в базе данных по нуклеотидам NCBI показало, что около 87% ДНК фага F125/10 подобны в высшей степени ДНК фага Staphylococcus A5W, со степенью идентичности индивидуальных ORF в интервале от 77 до 99%. Схематическая организация генома фага F125/10 показана на ФИГУРЕ 13. ORF фага F125/10, их кодированные аминокислотные последовательности и известные гомологичные белки показаны на ФИГУРЕ 14. Предсказание orf осуществляли путем интегрирования результатов, полученных с помощью программ GeneMark.hmm и MetaGeneAnnotator programs (Besemer, J. and Borodovsky, M. 1999. Nucleic Acids Res., 27:3911-3920; Noguchi, H. et al., 2008. DNA Res., 15: 387-396). Поиски гомологии белков проводили при помощи программы BLASTP (Alschul, S.F. et al., 1997. Nucleic Acids Res., 25: 3389-33402), используя базу данных NCBI статистически неопределимых белковых последовательностей NCBI. Домены консервативных белков предсказывали, используя специальную программу NCBI BLAST (Marchler-Bauer, A. et al., 2007. Nucleic Acids Res. 35: 237-240). Orf которые были гомологичны тем же самым белкам (тому же белку) обозначены на ФИГУРЕ 14 тем же самым номером с добавлением буквы нижнего регистра. Как ранее сообщалось для фага Staphylococcus K (O'Flaherty et al., 2004, J. of Bacteriology 186(9):2862-2871), и фага Twort (Landthaler et al., 2002, Nucleic Acids Research 30(9):1935-1943), были обнаружены гены, прерывающие интроны, участвующие в метаболизме ДНК; и предполагаемая большая субъединица гена терминазы (orf153a, orf153b) может содержать интрон-подобную последовательность (orf154*). В Таблице 7 ниже приведены результаты спот-тестов, которые оценивали круг хозяев и активность бактериофага F125/10 против 98 штаммов Staphylococcus aureus (STA), выделенных из клинических образцов. Каждая проба содержала 5 мкл суспензии бактериофага с указанными титрами, полученной из лизата, очищенного CsCl.

Чувствительность каждого штамма к фагу оценивали на основе шкалы относительного ранжирования от мутного (+) до прозрачного (++++) ореола лизиса.

Пятна, возникшие от бляшек выделенного фага, показаны в бляшкообразующих единицах (б.о.е.), а устойчивость к инфекции, вызванной фагом, показана как (-). Показано также количество штаммов, обладающих фенотипом особенной чувствительности.

Фаг	Титр (б.о.е./мл)	Чувствительность к фагу (%)штаммовSTA (n=98)						Всего инфиц. штамм. (%)
		++++	+++	++	+	б.о.е.	-	
F125/10	$8.30x10^9$	49	27	12	10	0	0	**100**
	$8.30x10^8$	21	38	21	16	0	2	**98**
	$8.30x10^6$	4	29	27	15	0	23	**77**
	$8.30x10^4$	0	9	20	10	22	37	**62**

ПЕРЕЧЕНЬ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ

<110> ДА КОСТА ГАРСИА, Мигель Анжело
СОЗА ДЭ САН ЖОЗЕ, Карлос Жорже
РОДРИГЕС ЛЕАНДРО, Клара Изабель
РОДРИГЕС ПАРДАЛ ДИАС АНТУНЕШ МАРСАЛ ДА СИЛВА, Филипа Мария
МАРТИНС БАРБОСА, Ана Ракель
<120> БАКТЕРИОФАГИ, ФАГОВЫЕ ПЕПТИДЫ И СПОСОБЫ ИХ ПРИМЕНЕНИЯ
<130> 16395-105003PC

<140>
<141>
<150> 61/384,015
<151> 2010-09-17
<160> 1300
<170> PatentIn version 3.5
<210> 1
<211> 113073
<212> DNA
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 1

attatgcaaa ctaaacgaaa tcatacactc cactaattaa aggttgacaa catgaaacgc 60
tttgtaatat catctaaacc ggcggcaaaa ttgaacaaaa tggcaagctc ggaactggtc 120
aaaatgcagc gcgatatggc gcggcgttac cgctcttatc agcgcggagg tcagcaaggc 180
ttaccgatga tttgggataa catgatgcgt tatctaaaat ctttacaaaa taacgtttga 240
caatctgccg ataacgcttt attatagaat ctcaataagc aacaccgctc tttaaaaatt 300
tggaaaagtc gattctctca gtaagggtaa ttgagttttc tgttaacact ctagcagtaa 360
aagagtgtta accggataac ccaataaact aaactggagt aagaaacatg caaaacgtta 420
aaaccccaat gatcggtgat tccgttttta ttcctttcgt tactggcgac gtaagtaagc 480
cgggcgaaaa tgaaaaaatc ggatatatca aaggggcggc gatgatcccg tttgataaaa 540
ttaatgcggt atacgccgaa acggaaaaag caaaaaacag cgacgcgaag atttacagcg 600
tccgggtaga ttccggcgac gtggtgaaag tcattcgcaa agatgataaa tggttggctg 660
tcgcttaaca gccaataagt ttaaccccgg caaataatgg gatgcttccc ctatgttaga 720
cttccgatgt atattccatg cagcgcaagc aatgttatgg tgcgcaaatt aaacttatgt 780
gctggaactt atatcatgct ttgaacggca attgtgagtt aacacgaatc tatagcgtga 840
aatagacgta atagcgtaat tattaaaggc agcgtatata tacaatgccg ctttaaatag 900
ctttaaattg aaaactaaaa taaagagttt tcgttatata ttctagctag aatatatagc 960
ggctaacttt ctagccttaa cccttaaata aaactggaga tatatcatga ctgctactaa 1020
aaccgaaaaa ttcgcatgga acgaaacaaa cgccgctacc gccgttgaaa tgtacgaaaa 1080
gatcattgct tccgatggtc tggaggtggc taactcgcaa ggtcttattg atattgcaaa 1140
ggctgtaggt gctgaatcgc atgttaaagt gcgctctaaa ctggttagcg caaaggtgta 1200
tcagaagtcc gataagccgc gcaaagtcgg cggcggctcc tccctgcgta aagctcacta 1260
tgtgcgcgtt ctcactcagc acgccattgc tgacggcctg attgatgatg ccgatggtct 1320
ggcaagtctg gaacaaatga agctcgacca actggacgtt atcgcccgta tggttggcgt 1380
tcaggatgaa gtaaaagaat cagcagaata attataatgc gcctccctag cggggcgcat 1440
aattaaatat tttgtccccc ataactggag aaataaaaat ggctttaatt aaaggctccg 1500
ttattaaatt aacgggaacc gttgtggatg aattaatcca aacggggtat caggataata 1560
aggttatgac gcccccaagc gttaaagtac ctgaatatat tgttttgtgg gttaaccctg 1620
atgcggatac tttcgggatg gctattaacc gcgaagtctt taagccggaa atgctggaat 1680
tatcttcccg cgaaatttac cttctcaatt acgctttcag cgtagaagaa aaggaggttg 1740
taaaatgatc tttttcccta ctgaatcctt aattcttatc gctggctttt tcgccgccgc 1800
ttgtctctat ggttactata atttcatgga aataggcagc gaacaaacgg atttattacg 1860
ccgtgacttc tggttcaaga aagcgagtat ttgccgccgc tggtcaataa tctttattat 1920
tctagcggta actttcggaa tatcagcaag cattatcccg gcaatagttt agagtcgcaa 1980
attataacgc caccagcaac aaggcgttat atttggcaat tctgcctata tcccattaac 2040
tggagaattt agataatgat cattgcaatt gagaaacaaa aagctatttt aaccgctgct 2100

aacaacctca atttttgggg taaacgcctg cgcgctaaaa agctggagat ctgcgacgaa 2160
ttgagcaaag agcattacgg gacggcgaaa cactctagcg aaatttgcga ttggctggat 2220
agtaacaagc ctgttaaacc cgctgctgaa aaacgcgccc aacgtgttgc ggtggaagat 2280
tcccgccccg ttgccgctgg tcagcttaat tccagcgtcg aaagctggaa ggtaattccg 2340
ggccgccgtt ttctgctaac gtcgattcaa aataatacct tccctcatgc taatttctgg 2400
aaaactttac aggaggccgc gaaatatctc ggcgctactc tgttagtaag caaatacgcc 2460
tacaacaaaa aaggcttcca aaacgggcaa ggcaacgatg aactgaaata tgatgatgct 2520
ttctcagatt tcatttgtga tgaaaacgtg tttttgggca accgcgaaac cggattcgca 2580
ttcatggcgg aaattaatat tctgccaact gctgattttc cgctgtccgg ctttggcgag 2640
actgcgaccg cctacggcct gaaagggctg gctattggtc acgctaaaat caccgccgaa 2700
agtgtcccgg caatgaaggg cgacactgtg cgccgtatgt attcaactgg cacagcgacg 2760
ctgaaaaatt atattcagca aaaagcgggc caaaaggccg aagcgctgca taactatggc 2820
gctttgctgg tagagatcga cgacaacggc aacttctttg ctcgccaaat cgaaacgatg 2880
gacgaaagcg ggatgtttta cgatcttaat cataaattta ctgttaacgg tggcgaggag 2940
gtaacgggcc acgttgccgc gctgcaatat ggtgacattc acgccgaaaa gctggatcac 3000
gctgtcgcct ttgcttcatg ggggccgtgt gatgattctc tagtgaacgt cctgcgccct 3060
cgttaccaga ttgtgcatga tgtgcatgac tttacatcac gaaaccatca taaccgcgct 3120
agtggcgttt tccttgcgaa acaatatgcc gccggacgtg acaaggtaat tgacgatctt 3180
atcgataccg ggcgcgtact agaagcaatg gaacgtgaat tcagtcaaac ggtcattgtt 3240
gaatcgaacc acgatcttgc gctttctcgc tggctggatg atagtaaagc taacattcaa 3300
caagacccgg cgaacgccca tctttattat cgcctgaatg ctgcgattta tgaagcaatc 3360
gaaaacaagg acgatacttt taacgtacta gattacgccc tgcgcaatgt tgctggctgc 3420
gattttgctg cgatcttctt aaccacggat gaatctatga aaattgcggg catcgaatgc 3480
ggttcccacg gtcacaacgg cattaacggc gctcgcggca acccgaaggg attccgcaag 3540
ctcggcaaga tgaacactgg ccatacgcat acgcccagca tttacggcgg cgtttatacc 3600
gctggcgtcg ctggttccct cgatatgggt tacaacatcg gcgcgtctag ctggtcacaa 3660
acgcatttga tcacctatga aaacgggcaa cgtaccttga ttgactttaa agacggcgtt 3720
ttctttgcat aacaaaaaag ccggggtaat tgccccggca ataaataacc cataaataaa 3780
taaataagct ggagaaacaa atgaaactta ctttcatcta taacaatcgt aaatctttca 3840
ccgcgtccaa cgtcgtagaa aatagccttg ttatttcccg cgatagtgaa gggcgcccgc 3900
atgttagcta tcagaaagtt aacacggtgg acggcgacac tgttttaaaa gctctagccg 3960
ctatcctccc gcgccccgct gaatttaaag aatccggcat tgtgtcgcaa ttagtcgccg 4020
ccgattctat tctttatgag gctgatatct gcgagatcgt agagattgac gccgccgccg 4080
ctggccttat gtttatcgtc gtaagcgaaa atgattatga tgatacctat ctgctcggcg 4140
acgtgatgga ttattcttct agcgaatata cgccgccgct ggcaattgtc ccggtaatgg 4200
ctacccggat taaaccggct gaattagccg atgccttaac tttattcttc tgataattaa 4260
caaagcgagt tataatatag ctcgcttgat taattaccaa caaccccgaa accggagaaa 4320
tgaaaaatgg cttttaataa actggcaatt aaggcaatta agttatggga tttagacgga 4380
actgttatta attcctttgc ccgcgtgttc ccgtgtatgg atgataaagg gaacttagat 4440
ttaaacatgt accgggaaaa ggcttgcgta catgatgcaa ttatgaccga cactctttta 4500
ccgctggttg aatatatgcg ggcatcgctt aacgatccca ctgtattaaa cattattgtc 4560
accgctcgtt atatgggtaa gagtgactac tatttcctac gcaaacaacg tatccgggcg 4620
gggcgcggtg gtaatatcca gatactgtcc cgcgatgtat tgcaccgata tattggcgat 4680
gctgattata aagaggtgta ctattcgaaa gatggtatct ataaaacgca ttatttcgaa 4740
atgcttaaag ctgaatatcc gaacgctact atcactatga ttgacgataa tagaggcgtg 4800
ttggctgctg ctgctgctgc tggccttcaa acgatggacg ctaccgcaat taacgatatt 4860
ctatctattg gtgtgcgcct tgcgggtgag tcattcatag atgaagcgct ggatgatgat 4920
aatgattatc aatatctttg cgagcgttta gctcattgct gggaaggtat gaccgaagaa 4980

gaaagaagcg actacggaat taagccgcaa caatttattc aatcgttagc catcgcatca 5040
taagaaagct aatagtaccc tagcgaaata gttagggtac taatagttag ctaggggggt 5100
aatcggacta ccataccacc ccccgaccct ctaagcccac ctccatgtgt aactttatga 5160
aatttggaga aaaggctaaa gggagtactt aggcaaactt agaacgagca gcccgaatca 5220
aagctactac tgctactgcc gctgtcgcaa taagaacttc ccgagtcata cccgctatac 5280
gttgcaactg ccgcagttgt agctatgatt gctgcagtcg acccatcatc gctccgagaa 5340
cttcccgagt tcgatgaagg acttcccgaa actttccgag aattatccga gcctgcccgt 5400
ttttgcttgc gtttcgcgac ctgtggtgtc actggaggga tgtagtacgg gttgctcggg 5460
tcattccgaa gatcgttcat gactcgttgg tgttttgaga tcgctacttg acgttctgcc 5520
cgagtttgaa ggatctcttg atgcagactt ttgttacgaa gatctgccgc tactaccgcg 5580
ttccgcaggt catgtgcccg cacaccaaac caaactgctg ccaggaaaaa gaatgttgtg 5640
aaaattaata caatagtcat gttttacacc atacccttag taatgtagat tttgtttgct 5700
gattctagtt ctgccttgca ttcagacagg tttaactgtg ccttatgcag caaacgggtt 5760
tgattgtcat aagacttctg cagcaccccg ttagtgcgtt ctagctgttt gattgcctta 5820
ccctgcttta cggtaatgac gaatagtacg attgagagta aaacaagtgc tcctataact 5880
acttccatag tggtcctcct agatggtttt aaaaaatctg gtttacttgg cggttgattt 5940
aatttataat aatattatat tataaaagtc acttgttagc aagtgagatt ttgaggtttt 6000
tatgggcttt tatgcaggaa ggataggcga caaaaaagtg ttgtctctta cctctggcaa 6060
caataaagac gttaataacc acactaatcc aggttgggat actatattcc atagcgatat 6120
gcctcacgtt gtagttttag aaactcacga aagagacctc tgggatggtg gtgattggta 6180
tcgttgtact agaatgccag acagaattat tcaggtactg tccgcagact acgacagggt 6240
tgtcttaact gaagttgagt ttgaggatgg caccagacgt ttcatttatg gtacatccct 6300
gggtgtgggc gctaaagcgt ataacgctta ctttagtaat actgtcggtt cccaggcttc 6360
tgcaggtact atggctagta tgaagactaa cgtttgtgct tctgcagact tacacatgga 6420
tattagtttc tatttcgaag agacgccagg tactattaac gagaagctac gagacggtac 6480
tgggtgtatg tacacctggg gcgttaactc agaatgggga gacagagggc ctgggccgcc 6540
ggttggagct cctatacgtc ctaactttga gactattatt aaagctggat gggtgctcta 6600
taggggggct tttagtggca atatagccgg ttctgtgtct ccgcccaata gacccccttac 6660
tattggtgtt gatgctatgc gccacccgtg gatgcgtact actggtgtta acagtatatg 6720
tttgcgtggt gagactctca accgtaatat gtacggacat atggggccta gatatgggca 6780
gagctccaat cccgttggtg gtccttatgc tcataacatc cagactgagt cttatcagga 6840
ggttcagtac aaagcaggtt ttttccgtgg tccgcccaat aactttatgg ggtgggaaaa 6900
cacagataac aacaatgctg gtagtggttg gggtaacaat gccatttacc gtgacaataa 6960
cttccgtgtt cctaaacgtg ttcgctggta tattactaat atgaaataca atgggcaggg 7020
gttctacgca gagaacgtat ttggctcccg caaccaggag attaaaatca gccctagaga 7080
gttcattgta aacggtataa acctaatgaa cactgggtgg aagttcataa accagaacga 7140
tataaactac agcccaggta ataggcctga tatccgagtt attgcaacca acgtcgccag 7200
atttagtggc aaccctactg ttggtaataa tggatatgtt cactttaatc agcctctaac 7260
tcgaccagat aatggtgctg agtttggaca aggtaacgtg agtgagatgc atgtaaccac 7320
tgtaggggtt tacaatttta gatctgatgc acagtggtac gtaaaatcta acccgccgga 7380
aatcggaaac cagtggggtc cagtatggtc tgaatcaact cgacctctcc gcctagtggg 7440
cggtaccggc tctgctgata ttggagggaa cctacgtact agcggtaatg ctagtcacca 7500
cctggctacc ttgtggttag gggttaataa ctcccgaaat ggggcttgcg tcgtcactct 7560
agactggaaa aatgatgagt ggattgctgc tgcagggatt ggatgttata accctctaga 7620
agatcttacc cagtggagcg aggtggatag taggctgaga attttcggaa atcacttcca 7680
gaaacgtgtg catcaaatca tgtgtttgcc cgttaacatg tgtgtgccgt tccactttat 7740
acgcgggacc gtaacccagt gtggggttat tcctgggaac aacgccatgc aaatgaaggc 7800
tatgtgggca cctactacta ccaactctgc cactcagggc gattatgcca ttatctattg 7860

gctgatagct agggctgacg gtagtgttga agtttgggtt aacgttgaga tgagcaatat 7920
catgaatatg cgagtaattc ttcctgaggt taggattgct gtgcaaaggc ttgcctaaag 7980
gaggcaatat gagcaatgat ttaattgtac cagatacaat gtctccggaa ggcatgctag 8040
ttatagaggc ctacctggag tctggcagcg acgttgcgaa agcagcgtta gctgttggca 8100
tggaggaacc taaattccgg gagattatgc gtaaacctga ggtcaaagcg taccttacgg 8160
atatcttcat ggaatctggc ttccgtaacc gtgataaatt cttcggcatt ctagacactg 8220
ttctaactat gaaaatggag gaactggatg aaactggaat gggttcagag atggatatta 8280
tggatatcct caaactcatg cacaaaatga agatggatga gatgaagatg cagatcgagt 8340
atgagaaggt gaagcaagct aaagctccaa tacaccaaaa taatactcag atcaacctgg 8400
caggggtca cgactctaat tacacggacc ttctgtcacg cattgtggga gcaggtaagt 8460
aatggaaatc tcacgtagtt atattaatac gactgacgtg gtggattttg gtgttgataa 8520
acgattcttt aaattcccgg tgtccggctt gctggccacc gaggggatcg ttccaaatgg 8580
cccgcagtgc gcaatcataa acgcactgga agacccacgt caccgtttcg ttacagcatg 8640
cgtatcacgt cgtgttggca agtcgttcat tgcgtatact ctaggcttcc ttaaactcct 8700
agagccgaac gttaaggtgc tcgtagtagc tccgaactac tccctggcaa acatcgggtg 8760
ggcgcagatc aaaggtctga ttaagaaata cgggcttcaa actgagcgtg agaacgccaa 8820
agataaagag attgaacttg ctaacggttc gctctttaag ctggcttctg ctgcgcaggc 8880
tgactccgca gttggtcgtt catacgactt tattatcttt gacgaagcag cgatctccga 8940
cgttggtggg gacgcttttg atattcagct ccgtcctaca ctagacaaac ctaactctaa 9000
agctctgttt atctctactc ctcgtggcgg taactggttc aagcgcttct atgaacaggg 9060
attcagagag gatcttccgc aatgggtatc aatccacggt acataccgag ataaccctcg 9120
cgtatctctt gcagatatcg aggaagcacg taagactgta tctaagaact acttcaaaca 9180
ggagtatgag gcggacttct ccgtattcga aggtcagatt tacgacacct tcagcgtttc 9240
cgagcacgta caggatcttg caggtatggg gcacttcttt gctgcggacc atgagttcga 9300
aaccattcta ggtatcgacg ttggttacag agacccgaca gcagtactta ccattaagta 9360
ccactatgac caagatgtgt actacatcct tgaggagtac cagcaggcag agaagactac 9420
agcacagcat gccatgtaca tacaacactg catagaccgg tataacgtag accgtatctt 9480
cgttgactcc gcggctgcac agttccgaca ggacttagca tacgagcatg aaatatcctc 9540
tgctcctgcc aaaaaatctg ttctagatgg cctggcatgc ctagctgctc tattccagca 9600
gggtaagatc attgtcgacg cctcgtgcac tgcgttaatt cacgcactcc agaactacaa 9660
gtgggacttc caagaagggg aggaaaagct ctccagagag aaacctcgtc acgatgccaa 9720
ctctcactta tgtgacgcac tgcgttacgg catctactcg atttcccgtg gcaaataaga 9780
gctgagttgg aacggatagt agtgagtaca aattccgttc caactttata aaattcactt 9840
tacaatttcg tgtgtggcag ttataatata ttcatacctt gagagatctc atagacatca 9900
gggtgaatga gaggaatatt taattgctat acccgaagta gtattttccc aactaagagg 9960
aggaacactt tggcttccaa tgtaaaatat aagagagatg caatctccat aatgcgtgac 10020
ggaatcaaag cccagtacaa aagaggcaac tgttgcgcca tttgtgactc acaggaaaac 10080
ctggagctac accactactc gactgtggcc ttactagtta aaaactttgc taaagaattc 10140
caactggatt tcactgactc agaagtcgtc ctaagtaatc gggataagtt ctataaacat 10200
tattggcatg agctagtaga ggacacggtc accttatgtg tctttcatca tcagacctta 10260
cacaaggtct atacgaaaga acctccgttg ttttcagcta acaaacagaa gatttgggtt 10320
gagaaacaac gtgaaagatg tatgaatcca gaggcacctc gtacaagcaa cactggcgaa 10380
agatcaggct ttgcgaagtg gcttccgact gacgtcaaga ctgagaaatc aggattcgca 10440
aggttcctat aatggctatt cgtgactggt tagttactaa actaaaccgc ggacaacgca 10500
taatcaggga cttggaggat gttagtcacc gtactaacgt caagccattc acgactggca 10560
aagcctattc gtctattgag atccttaata gatccgcgaa catggtaatt gacagcgccg 10620
ctgagtgctc ctacaccgta ggtgaacagt ataaaacaat aacaacctat ggcacgatca 10680
ggagtaaaac tcttgagacg ctgcttaatg ttcgccctaa cccgtacatg gattccagta 10740

ctttagacg cctaatagtg tctgaccttc tattcgaagg gtgcgcgtat atccattggg 10800
acggttcgtc tctgtaccat ctgcctgctg ccctaatgga agtaaaagca gatgacaaaa 10860
aattcgttaa caaattcgtc tttaataata tgatcgacta tcgcgttgat gaaattatct 10920
tcatcaaaga taatggccag aatggtggta ttaactccca gattacgggt caatctcgtg 10980
tggctaccgt aattaactcg cttactaagc gtgagaaaat gcttgagttc aaggagaaat 11040
tcctggacaa tggtacggtt atcggtctta ttctagaaac agatgaaatc ctaaataaaa 11100
agctccgtga acgtaaacaa gaagagcttc agctggacta taaccctagt accggccaat 11160
caactgtgct cattctagac ggcgggatga aggctaagcc atactcccaa atctcctcct 11220
ttaaagatct cgatttcgag aacgatatcg ctcgttttaa taaagacgta tgtatcgctc 11280
tcggagtccc acaactattg atcgatgggg gtaacaacgc caatattcga ccgaacattg 11340
agctgttcta ctacatgact attgtgccta tgctcaataa agtatgtagc tctcttacgt 11400
tcttcttcgg ttttaaagta acgcccaata ctaaagacgt agtagcacta actcctgaca 11460
aggagaaaga ggctaaattc gtaactgcac tggtcaacaa cggtatcctt accggtaacg 11520
aaggtcgtat agagcttggt tacgaggagc tggctgacga gcagatgaag aaaattcgca 11580
tccctgccaa cgtagctgga tcagctaccg gagtaagtgg acaagaaggt ggcgctccca 11640
ataaagacga ggaaaaacaa tgattgacta taaagcatta aaagcactat tccctaatgg 11700
tctccccgag gcacataacg tgtttgcaac cgttaaggca catctcactt accagattct 11760
gcgtaaggag tatgggtacg ctgctactaa cagtaaaacc tgggatcagt ttaaggaagc 11820
ctacgcggaa gcaactaagc cagtaccggt agcttctgtt agtatcacgg gcgctcctgc 11880
atccttagac tatactaaga ctgtacagct tgccgcaact gtcctaccaa caaacgcaga 11940
taataaaact gtaacgtgga agactagtga tgctacccta gctactgtga gctcaacagg 12000
attagtaaca gccctgtcta aggcaggcac tgttaaaatt actgccactg caggtggtaa 12060
atctagtgaa gtgtctattc aggtcaaggc tcctgttgta gcagttaccg gtgtcactat 12120
gtcacctaag actattacaa tcgaagcagg taagaccggc aaacttactg gtaccgtagc 12180
cccggctaac gcaaccaata agtctgtaac ttacacttct gctgatacca ccaaagctac 12240
cgtagctgcg gacggtacgg taactgttcc tgctaacctg gctgcggata gtaccgtagt 12300
tattactgtt aaaacagctg acggcaataa gaccgacact gcaatagtaa cagttaaggt 12360
tcctacagcg ggtgtgtaat atctgttaac tggggagctt cggctcccca tttttctatg 12420
ctagtgcata actattttca gtgtaaccaa tttcgactac ctactaattc cacacaccgt 12480
gtgggatttt caaatatctt ttgacattcg cgatttggta tgtaataata gtatctgaaa 12540
actgaggaac aacacgaaag tgtttggagc aaacgatgca gaatattaat cttaatgctg 12600
agattaaatc tgttaaagct gtcggtgagg gtgataatcc tcctttaaaa atcaaagggt 12660
atgctaacac gattaccaaa gaccgcgccg gcgacgttat tctctccgaa gcgtggacta 12720
ccagtaacgc cctcaagaat tttatgaaga acccgatcat gcttttcggc cataaccata 12780
gccgcccaat tggtaagatc ctagacctgg taccaaccga gtccggactt atggttgagg 12840
gtgaggtaag tgctgctgat ctacagattt actcattaat acgtgatgag gttcttaaaa 12900
cgttctcggt aggcttctat attaaagacg ccgaatggga cgatatgact gaaacgttca 12960
ttattaaaga tctggagtta ctcgagatct ctgtagtctc ggttccctgc aaccaagact 13020
caacttttag cctttcgaag tctgtaaacc ataatgatta catggagctt cgtaagtctt 13080
ttgtaaaatc ttcgcaggtc cagcctgttg aacaacctga actttctaat ttagagaaat 13140
tcctagtagc cgctggttac gctaaaggat aatggagaaa taataatgtc ttacgatatc 13200
gcacaactgt ctaaagatct gggcctgggt gacattgctg agcagcttaa aggtctaacc 13260
gcctctcaga aagctgaaga agctcgcaaa tttgctgctg agcaggaagc taaagaactc 13320
aagcgtatgg aagacctggt tgctaaagca actggtgaag accgtaaaaa cctggcagaa 13380
gctctggagc ttgtaaaaaa cctggatgag aaatccaaac agtccgctga agcgttcgtt 13440
aaagcaatga actcccagca ggaagaaatc actggtctga aagaagaaat caaatctctg 13500
ctggccgctc gtgaaaatgg tcgctctttc gtagctgatg gcgttgctaa ggcaatgttt 13560
ggtaagcagg aagatttcga agacgaagtt gagaaactgg ttcttctgtc ctacgtaatg 13620

cagaaagatg tattcggtac taagcgtggc gaagcccacc tgaaagctgt taacggctct 13680
tcttctatcg aagtttctac cgaagcatac gaaaccatct tctccctgcg tatcctgcgt 13740
gacattcagg ctaaactgat tatcggtacc atgttcgaag aactgccgat gtctagcaaa 13800
ttgctgacca tgatggttga gccggaagct ggtgaagcta gctgggttga cgcctctact 13860
tacggtactc ctgctactgt tggtgcggaa gacaaaacca agctgtctga aatcaccttc 13920
aagacctaca aactggctgc taaagcgtat atgaccgacg aaacagaaga agatgctatc 13980
ttcactctgc tgccgatcat gcgtcgtcgt ctgattgaag ctcacgctat cgcaatcgaa 14040
aaggcgttcc tgaccggtac tggtgctgcg ggtactccga aaggcctgat ccagttcgct 14100
aaagacgatg gtaaagtggt tgctaccact gctaaagctg acggttctgt taaagttacc 14160
gctaaagaaa ttcacaagct gcgtcgttcg ctgggccgcc acggtctaga cctgaacaaa 14220
ctggctctgg ttgtttcgat ggatgcttac tacgatctga tcgaagacga agaattccag 14280
gacgttgcac aggttaccgc taccaccgct atcaaactgc agggtcaggt tggtcgtatc 14340
tacggtctgc cggtactggt ttctgagttc ttcccagcta aggctgcaag cgctgagttc 14400
tgtgtagttg tttaccgtga caacttcatc gttcctcgtc agcgtgcaat cactgttgag 14460
aaagagcgtc aggctgaacg tcagcgcgat gcgtactacg ttactcagcg tctgaacctg 14520
atgcgtttct tcgagaacgg cgtagttgct ggtgcttacg ctgcttaatt tggctatact 14580
gccgactaaa ggagagcttc ggctctcctt ttttattggg taaaatatgc aattcatgac 14640
agattctgat tggagaacat atggaggcct taaacgtcct gacttagagt caaatatccc 14700
aatgttaatc aaagcagcca atgctctgat tactcagctt ctaggtattg acgacactgc 14760
taacgttgta gacgttctgc ctactaaacc agcacgcaaa aagtacttcc tgtcttctcc 14820
cgtgcctagc acgatcacta aaattacgat taacgatcag gagatcgata agtcgcaata 14880
taagaactac ccggatggta cgctcttgct gaaattctcc cctccagagg ggtatatgga 14940
agtagagttt actcagaccg gcttcacctc gatccctgac gacctggtac tagcagcctg 15000
cttcctagtt gatcactggg tcaagaagga ctaccgcgag tctcgtacat tcggcggaga 15060
aaccgttact ttcaatacca ctaaatctgg cgtaccggaa cacattcgta ctataatcga 15120
agtataccgg aggctgtagt ggcgttgggc gatctagctc gacagatagt taaagaacag 15180
ctggacatta tgagtggtgg tagccactct accaagaaca ccgtgatata tagtgcggaa 15240
actatggata accacaaaga tggcaccata ggcaaggtat ccttccgatt taccaagccg 15300
gtatcggagg atttactgaa tgttcggacg tcctctattt taaaagctgt ctcgtcgtca 15360
cttaatctgg aaggtgacgt tggtgttatc gataaccttc taaatagtat cactggtaaa 15420
aaatccaaaa taggaagaaa acggtctacc ggtagggtag aggttaactt tggagatcct 15480
tcagatgctg acaacggtta cgctggtgct atttctggcg cttctgggcg tttcgtctca 15540
aacacaaacc ttagagcgtt acttgaactc gtagcgaaag aatacttagt caaggatatg 15600
aaaaaagctg gggcacccct taaatttaga acggggcgtt tcgctaattc cttgaagatt 15660
aaagacgtgc tgttaagaga agacgcaggg gcaaagactc ctgacctcaa catcacgtat 15720
aactacatgc ttaagcctta ctctgtgttc aaccctgccg tctctaccta ccgcggactt 15780
tccttacggc ctttccctgg tgctaggaac ccgcagaagc tgatcggcga ggcaatcgct 15840
aaggctgcaa gagaccttat ccattctaga taccggataa gagtaaatca gggtacataa 15900
tgaattacag aacaagtatt gctgatgccc tagtggaacg actgaagaag gacatggatg 15960
ggagtaatcc cacagagttc ttcactaata tgtatgggaa cgtatcccgc cagacttatt 16020
cgtttgagca gatcaatgag ttcccttaca tagcagtcca tgtgggtacc gaaactggaa 16080
actacctgcc gtctgcacag cagtgggttt accttgaaat tcctattctt atctatgata 16140
aagaaaagga tgatattaac atgcaacttg agaaactcat agcggatgta aaaacctcta 16200
ttgacactgg aggaaattta caatatacta taatgaaacc tgatggttca actatcgatt 16260
ctgaagccac tgacatgcag atcacgtcgg tgtccacaga cgagggtata ctgtccccgt 16320
ttggttttgc tcaagttaac gtaacagtcc ggtatatgcc tctgagaaga gcgctggata 16380
gataagttac agctcaggag aaatttaaat gtctgtacaa ctattacgta atacacgaat 16440
cttcgtgtca accgttacta cggggttcac taaggccaac actcaggaga tcctagttca 16500

ggatgatgtc tcctggagcc aggacagtaa ctccactgat attaccctaa atgaggctgg 16560
ccctaagccg acccgcggtt cgcagcgctt taacgattca ttgaacgctg ctgagtggag 16620
cttctccact tatatcctac cgtatgacga tgcaggtaaa cagatcctgc cggactacct 16680
actgtggcac ggactggcaa ctggagctgc cgtgaatcta gcaggtacta ctggcgtatt 16740
ccagaatgct actaacctgg ttgtcaactt taaagacaac gggtaccacg aactggccat 16800
gttgaacatc tacatcctaa ccgatagctc ttggtctgtg atccgtaact gccaggttgg 16860
gcaggctgag gttaacgtag atattgatga tatcgggcgt gtaacctggt caggtaatgg 16920
tactcgcttg gagaccctag cttctcagcc gttcgaccct aaaaccatag ggatagacga 16980
cgctctttat gctaagattc agagttctta tatcaagaac aaactgacca ttcttaagct 17040
gaagaacaac gctaccggcg gaaaaaccta taacatcccg atcacgggag gttctttcac 17100
tatgaacaac aacgtgacgt acctgactcc taacatcatg tctcgtgttg acgttccgat 17160
cggttcattc actggttcct tcgagctgac tggttccttg acagcgtata tgaatgatgc 17220
tgccaacggc tctatccagc tgtacaaaga tctggtttcc gacctgaaag ctgtgaacga 17280
cttcgaagtt gcaatcatcc tgggtggaga gtatgatact gctcgtccgg cagctgttct 17340
ggtggctaag cacgctaacc tgaacatccc gtcaatcgaa actgatgacg tgctgggtgt 17400
gtctattgag ttcaaggcta ttccgactca gatggacgca ggggatgaag gttatctggg 17460
cttctcttcc aagtacacca agacttcgat cgcgaagctg atcagctctg gtgacggtaa 17520
ccctgtcaca ccataaggat aactaatgct atactcccta atgcgggagt ctagagtagt 17580
catcgagtac gatggcaggg cgtacggatt tgacgccctg tctgattaca ctgctggaac 17640
gtcctacgaa gagtttaaag caaatcgtag gacgattcac agacgcagta actacgccta 17700
ttcgaagata actgctcagt ctccttcttc aatttctcta actcttaact tctctagcaa 17760
tgctctcgaa ggtctatttt tcgagttgat ggggtttata gagatagacg gaatgtatca 17820
gatgcccttg ttcagtaata atattgagcc taaaatgttc tccgtatata ttattaacaa 17880
gaacacgagc ttacgtttcg ataactgttt tgctaccacc tgcgactttt ctctagataa 17940
gagtgtcccg gtgctaaacg ttggtatcga gtcgggatac tttgaggaag taggccaccc 18000
actcaacagc tatacgcttg atcaaggtga ggtgctacca ttttcattac ctcaggtatc 18060
ttcgaatggg agagtgctcc caggacttat gtcagccggt atgtcattcc agcagcaatg 18120
cgaatggcga ggtgacagaa gtttattcga tatcaataag atttataata atagaagggc 18180
aatcgttaac gaattgaact catccgcttt gatatcgatg tactatgcaa agagtcttca 18240
gatagactct acgcataaca ttaaacctga tattggccta ccggtacaaa tcagaaataa 18300
atatattgtg gtggatttcc cttccactcg aatcacaaaa cgcctagact taaccgacgt 18360
gtacaagatc gattatgacg taatacctac tgagcaatca gatcctgtcc gaatcaagct 18420
aattggagaa taacaaatga gtattaacct aaaagatatt gcactggata ccaaacagat 18480
caccattgca taccctggcc taccacactt caaactgaaa gttaactacg tctcccgtaa 18540
gctctccaag aaaattctgg aagctgcaca agagaaccag tttgttaatg gtatcgctgt 18600
taaagtgcaa aacgatgaca aattcgcaga agagttcgtc aaagtggcta ttgcaggttg 18660
ggaaggtctg accgtcgcag atgttgagaa actaatgctg atcgaagttc cagaagatcg 18720
tctggaagac aaagtcgaat ttagtatcga caacgcgatg atgttggtgc gtaactccag 18780
tgccttcgag acttggatga acagcactgt cttccaccta gacacttttc gtggctcaaa 18840
atcggaacct actgcttaag gaaatagatg cctttgcaga acgatgtgtc aaaggagggg 18900
actccaaaat tacacgggag cagtatctga cgatgtgcga atccctcggg gaggaaccta 18960
accccgaggt acttaaacgt ttcgtagaga tccatgactt ccctgaaatc gcacagaccg 19020
ctctaacaat atataacaac ttatcggata actatatccc cggagattat ccaacctatt 19080
taggcaagga taagagtgct ttactagttt tcttcgatat ctacggagtc gaagacgctg 19140
atgagaagag ccttatactc caaatcatca atatattcga ctcacatgcc gtggcagcct 19200
ctcgtaaacg cgttgaagca gctattaaga agtctaaaat gaagtcttct agtaggtagt 19260
gagttacagt ttcctccaac gggcgttcca cgtgaggctt ggcctagggt taatgcccta 19320
ggccttttta ttggaaaaaa tcatgacaga tagactaata cgagaattac ttgtagatat 19380

caagcagcgt ggtggatcca aagccgctaa acaaatcagg gatgttgaag ctgctttaga 19440
cggggctgct cagagctcag agggtctaaa tacaagcttg ggcaaacttc ctgggtcttt 19500
cacggcgctg gaacgatctg tatcacgtac tgctaagtcg ctggagaaat tatcctcgac 19560
caccagcatt acagcattag cagcgtctat cggcatgcta agcggcaagt ttacctcgtt 19620
cgaggttgac ttggctaaat ccgtactaaa aatcaacgca aacctaaacg gggtgacttc 19680
cgccgctaac aaaatggcct ctggttttga cactgcagcc acttcttcgg ttgcggactt 19740
aaaccgcgtc aataaggctc ttcaggagtt agatgcgcac gcctcttcag tagctaaagt 19800
gttgcagacc ttgaaggcgg gggccgggtt agaatctatt agctctagtg ctgctaaggc 19860
tagtacggat cttagccacc tagtatctgg ggtggaaaag ataggtaacc aattagctag 19920
aatggcggag caagccgtgc tggcaggcag gtctcttcag gggctgaaag ccgactcctt 19980
aggggctgcc ggagagcatc tgagtaaggc tgcgtccggg atttccgtag ctgtatcttc 20040
tatgggcgaa gaggtgaaca agctaaacaa actacttctt gagttggcag taaaggctga 20100
tttagcgagt aaatctatag caaatattgc accagggacc aaactgaata gtctgggaac 20160
tgaaatccag aagattaata ctagtttagc cactgcagcc aatacctcgg tagctgagat 20220
atctaagatt aaagcagccc ttacgtcttt agtatcctct accgctacag ctgccgcttc 20280
aatgaaaacc gtaggaaccg gtagtggtct gagcaagcta atctcagaga tatcagcagc 20340
cacctcagct tccacttcgg atatctctaa agtaacagcc gctttaaaac agcttaacgt 20400
agatgctacg gcagcaggaa aagcactgca aagtattaaa gcaggcgcaa atctttcttc 20460
tgtacctaca gttgttggaa agataggtac ttcaatgacg cagttgcgtg ctcagttaga 20520
aggatctgta accggtatcg agaaaagcct aaatgatcta tctagagctt ttgccactat 20580
gggaggtacg ggaaacctga atccactggg taactccatc agaggtatga tcccgtcact 20640
cacccagctg gctaaggccg ctgtgcaagt taactccgct ctgtcaaaaa tacaggcagg 20700
caggggcgta cttcaattac ctacccaatt caaagcagta acggcctcat taaatgccct 20760
ggagactaaa ctggcctcta cgtctcaaat actagagcgc ggattctcca agggatttca 20820
ggatatggcg tctaaatcaa cctcgtcatc tacgagaatg attaacaact tccagaaagt 20880
ggtaccggag ctcaacgcta ttgaagctgc tgctatacgt tctgctgctg caatagacaa 20940
gctaatagcc aaacgtatac gcctcggaca agctgggggа gggggtaacc ctgcagcgtt 21000
caatatgggt gccttagtag cggaaatgaa caggattgta acctccattg aagctatggg 21060
caacaaaatg aataccacca tggctgatat ggcacggagt acggacaagg tatctgacaa 21120
attaacagat ctaaactcgg gagttcggga tgttaatact ggtttaggtg ggttgaattc 21180
aacgttaacg ggtacgggta gcgctgctaa tagggcgtcc agagcgttgg gaaatacttc 21240
aggatctgct cgcggagcta ctaggaactt cgcagcacta gctatggtga ctggccctat 21300
gcctcttatc tacggtgcta tagcctctaa cgtatacgtg cttaaagcag cgttcgatca 21360
gctaaaactt ggagaccagc tgaaccgctt agaacagttt ggatctatcg taggagcgaa 21420
gacaggtaca cctattcagt cccttgctgt ggcactgcag gaagctaccg gccacgcggt 21480
atcctttgaa gaggcaatgc gtcaggcatc tactgcggcc gcgtatggtt tcgacgctaa 21540
acagattagc gagtttgctc tagttgcacg tagggcagcg gctactcttg gcgttgatat 21600
gaccgatgca ctcaaccgtg taatcaaggg tgtgtccaag caggaaattg agcttctaga 21660
cgaattaggt gtaaccatcc gtttaaatga tgcgtatgcc gaatacgtta aaatacttaa 21720
tgcggctaac actggtataa cgtataacat tcagggtcta acttccttcc agaagcagca 21780
ggcatatgct aatgcggtag tagcagagtc taccaaacgc ttcggctacc ttgatgaggt 21840
actacgagca accccatggg agcaatttgc ggctaatgcg gattctgcat tacgcaaggt 21900
tcaacaagca gctgctaaat atctaggtcc agttattgca tctataaacg cagcattcta 21960
tacgtctaag gcttcggtat ctgcagaggc agctactgcc cagcaagagt cgattaagca 22020
aatggacggt aaagactcta acgcagtggt catgaacctt gaggcttctc agaaaggctt 22080
ggatgatgca gtcaaagcaa aagaggaagt aaaaaataaa ctcgcagctc ttaataagga 22140
gataatggat agagaggcga agatggatat gtccactgca ctggccacag ccgccaacta 22200
tagtgggttc ggtaatctgc ttaccctggg agcctctaaa gctaacaaag aatttacaca 22260

acagactgca gatatgcgta gacaggcgta tatgttacag caggagttag cagattctgc 22320
gggagctatc caaaaatgga aagacgccag ggactccgct ctatctaagg ctcagaaaga 22380
gaacccagaa ctggcgggga aacttaatat agggcagaac gttgaagcaa gtaatggact 22440
atacaccttt gacaacgcag cattagacgg ggcagttgct ctacggaagg agttcaataa 22500
tataaagaaa acttccggag atctgagcaa cgatatccag aactttgcac aggactctaa 22560
cactgcgtct cgagctactg cagcactggg tgatgcactt aaggcggttg agtcattggc 22620
gggtggatct acggaaaaag ccaatcaaat gaccaaggac cttaatttgg gctattccac 22680
cgtaaccgag atgaacactg cgtataaagc catgtctaac tatcagaaga tagtgaatga 22740
tgaggctaag tctaagctag atgttgagaa acgtatagcg gaggtctacg ctgccactcg 22800
taataaggat aaggcggaag aagctggtag agccctagaa atgcagcaac ttagcgcgaa 22860
gaaagaggca ttgaaagctg tgctggcgac gaacaaggac aacaaggcta ttcaaaaaga 22920
gttgaccctg ttagagacgg aagagctcaa agtgaagaac cagggcatgg aagcgactaa 22980
gaaggagaaa ttctataagg ataagatagt aggcatagat cgagaaatag cactcctaaa 23040
taatcgcact atgacagatt ctcagtataa cgtggcgaac cttaaattaa atctacaagt 23100
agagaaagat aggttagcct tactgaagac tcaggcagat aaggagaagg aagccgaaca 23160
gtctagacgt aacattgcct ctattgaaag ggaaatctgg aaagagcagc ttgaccgtaa 23220
tgccaaaact gctgagatgc gtaaagaaga attcgagcgc aatcaaagca tgaagcctct 23280
aatgggagag tcacagaaaa tgcaggagca gctagcgttc taccaagaaa tgaaggaatt 23340
cacgaaaggt aacgctgatg aacaggcgcg ttggagcaag gaaattgcta acactactgc 23400
gcaaatggcg gctctcaaag ctcagcgtac tgcacagatg atggatcgcg taggacagtc 23460
cttgggcgca gactatacgc ctactactgg cctggagggg gaggataaga aattcgccga 23520
catggaaaac cagatggcgt catacgatac cgctatcggt aagctctctc agctaaattc 23580
ggaggctact gctactgctc aaagtatggg gaacttagct aacgctatga tccagttctc 23640
tcaaggatct ctggatacta cgtccatgat tgcagcgggc atgcagacag ttagccagat 23700
gatcagctac ggtactaacc agcagatttc agcaattgat gcagctatag cggcagagca 23760
gaagcgtgac ggtaaatctg agcagtctaa gaacaagatc aaaaagatgg aagcggagaa 23820
gattaaactt cagcaggaat ctgctaagaa gcaaatcatt atccagacag cagtagcggt 23880
aatgcaggca gcaacagctg ttccgtatcc gttctctatt cctctgatga tcgcggctgg 23940
gcttgcaggt gctctgtctc tagcacaggc gtctagtgct accggaatga ccgatatagc 24000
aggatctggt ggtgaaaccg cctcttacct aaccttaggt gagcgccaga aaaacgtaga 24060
cgttagcatg ggcgcaaacg caggtgaact atcttacgtt cgcggcgata aaggcatagg 24120
tagtgctaac ggatttatcc ctcgtgcaga aggtggtaat acctacccag gtgtctccta 24180
taagatgggt gaacacggaa cggaagttgc aactcctatg gtgcctacca aggtaactcc 24240
agcggataaa gtggcttctg aaacttcttc tggcggtgct agaagaccgg ttaatctgaa 24300
catccaggca atggacgcta agagctttat ggagtacgca ttggaaaacc ctgcggcatt 24360
ccaggcagct gtagagttag ccttgaatga acaagggctg agcttaaaga acctgaatta 24420
actaaactaa agggaggacg taattgtcct cccttctttt tggaatttat aaaattatct 24480
tgaaaatttt tcttgatatg actataatat taacattgag aggagaaaac aaaacatgag 24540
attaccagat ccctttacac atcctcagta taacggcctt gggtttgata aagctacgct 24600
gatcgataat gatccagtga tcagagacga gctaccaaac ggcaaggtta acgaagttaa 24660
aacagccact cagtactggg gtcttaacat tagttatcct gtgatgtttc ccgacgagta 24720
tgctgtactt tcgtcagcaa ttctagagta taagcgtacc agaggctatc tcgacgttat 24780
actcccacat tacgagtctt accgagtaag aggggatgcg aacaactgtc gcattgccgc 24840
tggacaaaaa ggctccacac tggttatcac caatacgaat tccttatctg gagaacctaa 24900
gccaggtgat ttattccagt taaccacaca tccaaaggtg tataagatta catcttttaa 24960
aaacgtagca ggagtatgga cacttaatct ataccctgat ctgttgctca ctaccaacgg 25020
ctccgagaga ccacgtttca atgggattct tttccaaact aaattaatga acggagattc 25080
attcagcgaa gagatcacag ttgatggtgt atacgacggg gttaacctag ttctgagaga 25140

aagtctatga gacagatcct tccttctgcg aaagcctacc ttgccaacaa tgacaagata 25200
cgattagcgt atcttgtctc tatcgaactc ccggggtcca cgggtaataa cgctgtttat 25260
gcttatatga cggactatat gagagatatc aactatggtg gtatactctt ccaatcaggg 25320
aaaattaaaa caattagcag ccacaaacaa aaccgtacgt taaccgtcgg cagtttgagc 25380
tttagtgtta ctggtacgga tgccaacgaa gtcattaagc tcgtgcaaag tggtgtatca 25440
tttttagatc gctctatttc tatatatcag gcgatcatcg acgacaatgg ggaaatcctt 25500
ccagtggacc cagatactaa tggcccctta ctcttcttta ggggtaagat tgtaggtggt 25560
ggtatcaaag aaagtaatac agtatccgga gttggtactt ctgttataac ctggaactgt 25620
tctaatgaat tctatgattt tgagcgggtt gctggacgct tcacagatga cgcttcccac 25680
cgaggacttg agattgtaaa tggagaatta ctgccttctc acggtgccaa acgaccggaa 25740
taccaagaag actatggatt cttccacgcc aacaagagcg ttaacttcct agctaaatat 25800
caagtaaaag aagaacgata caagctagaa tctaagaaga aattattcgg tctctccaag 25860
agctacagcc ttaaaaagta ttatgagact gttactaaag aagtagacct ggacttcaac 25920
cttgcagcca aatttattcc tgtagtatac ggtactcaaa aagttcctgg tatcccggtt 25980
ttcgcggata cagagagaaa caatccaaac gttgtgtacg tggtttacgc gttctgtgag 26040
ggtgagattg aaggattcct agacttccag tttggggacg cccccatgat ctgtactgat 26100
caaactgaca gtacatctcg tacatgcttt ggacaaaaaa gggtgtcggg agatactatg 26160
gcaagaattt ccacagggct cccatcaaca tctctctcca cgcatggtca agaatacaag 26220
tataatgacg gtaacggaga tatacgaatc tggacattcc atggcaagcc agaccaaacg 26280
gtagctacgg tactaagaga cattgctgct gctaacaatt tcttccttca aggagagaac 26340
ggtaatggtc cggagtactg ggattctagg tacaagttat tagacaccgc atacgctgtc 26400
atacgtttca ctatcacgga gaacagaact gatattcctg aagtatccgc agaattaagc 26460
ggacgcaaag tgaaagtata ccaggcagat ggttctgtta aaatggataa aacgagtcag 26520
aatggtgtgt ggcaaacatt tgactaccta acctccacca cctttggtgc aagtatcccg 26580
atagacagaa tggtgattgg tgactggaga aaagaggccg atctattaaa cattatagac 26640
acctcttatc aaactagttg gcaacctttc tggagatacg ttggatggga gagctggaca 26700
gccgaaaaca gacaaataat gcaaatgaac acaatcctgg ataactccaa ctctgtgttc 26760
aaaaacgtgc aggagctatt agaatccttc caggggggcgt tgaataacct atcaggtatc 26820
ttccgcatca ccgtagagaa agattcaaaa actccgctag aacttaattt cctagatact 26880
tatggggacc tggatctatc agatactaca ggccgtaata agtacaactc agttcaggca 26940
tctctgattg atcctaccct gaactggaaa accaactcta taacgttcta taattctaag 27000
tttaagaatg aagatcgtgg agttgacaag aaacttcaac tttcttttgc taacataacc 27060
aactactaca ctgctagaag cttggcagat agagagctta agaagtctcg ttactctcgc 27120
tctctgagtt tctctttacc ttacaaattc cttggtatag aacctaacga tcctgtagta 27180
ttcacctacg atcgttatgg ctggaataag aagttcttcc tagtagatga ggtggagaac 27240
acaagggatg gtaagataaa cgtaactctt caggagtatg gtgaggatgt atttattaac 27300
tcaacgcagg tggataacag tagcgaggcc gttcctgaaa tatccaataa cgtcctgcca 27360
ccaagagact ttaagtacac ccctacacca ggtggaatgg taggtgatgt tggcaaaaac 27420
ggagagcttt catggcttcc tagcttgaca cctaacgtag tctattactc gatacgtaaa 27480
tccgaccgcg tggatcctta tattgtgcag cagactgctt tcacacctaa cgttagaatg 27540
ttccaagata tcgtgggtga gcctgctggc ctgactattt tcgagatccg cgccgttgat 27600
attaatggtc gtcgtagctc tccagtaaca atttctgtag atttgaactc agctaaaaac 27660
cttagtatgg tggaaaactt ccgagtgctt aaccttgccc ctgaccctgc tgaatgggta 27720
ggacctgact tagagttagg gtgggacaag ctgcaagaag aggggctgat ttcagggatt 27780
ttctacacgc ttgaaataag ggacaacact aataaactgc ttagatccgc aaagatcacc 27840
agtttatata actacagcta cctgttgggc tataataagc tcgactacaa ggccaacaac 27900
tcgaatactt tggggattta cagagcactt cagccaagaa ttcaggcgga gggaccaaag 27960
ggcgagaagt cggttgcatg ggcatatatc taaatgattt caaacatagc accagctaaa 28020

atggtactgc agaatatcgt gaccggctat acgattgcga gtattcagca ctcaatcttt 28080
tccgattacg acgtaattgg tagaactttc tggctaacta cgggtggggt aactacccgt 28140
agggacttta ccggcgttga tacattcatt gccacaatta acaatctaat cgctggcgct 28200
acctactctg cccagggtgc tttctatgac tcgatggttg atgcagagct gatggctgct 28260
aaagtaggta tgaacctctc tagcaccatt aacttcaaga tgaaaactgc tccgaagatt 28320
accaaagtgt cctcttttgc agaatctgtt gacgtgggtg tgggtgctcc tatggttgtc 28380
gtagagcttt ctggggaggc cgaatacgtt accatcgaaa tgaaacctga gggctctagc 28440
acctggacta aatactaccg tggtccaatc actgagcaga tcatctttgg gggtgttcca 28500
gttggcagat acaatatccg ggtatctggt gttgtcacta tgccagatgg tgttactgtg 28560
gatgtttctg ggtatgatac ctggccgtca ctgtttaacc tgacctacaa cttcactcca 28620
ccgtctgccc caactaacct gcgtttcaaa actgcccaca tccaagatgg tatggagcgt 28680
tttgacgttc gcctggaatg ggattggact cgtggtacgg gtgctaacgt tcgtgaattt 28740
atcatccagt atattagtaa cgatgagttt gcaaaaactg gatggactaa ggccaacaag 28800
ctaaacgtgg gtgcagctaa agctggtact atcactagct tcccttacaa aatccgccac 28860
cgcttccgtg tactatcggt tgcttggggc ccagatactc agtctataac taactctaac 28920
gaggttactt atattataga cgagagcacc actttcgaca atgcattcat taacgagacc 28980
ggtgtagaaa tgacctacgc aggtatcaag ggtaaactct ggaactctaa caccaaacag 29040
tgggagcaga ctttcttagt cgatgctgct acaggtgcag tagttcttgg tacactcgat 29100
gaaaatggta aagcgccgat ttcattcgac cctgttaata agattgtaaa cgtcgatggt 29160
aaagttatca ctaaagacat taatgctgct aacgtaattc ttactaacct gaccggtaaa 29220
gataacccgg caatcttcac tcagggtaag aagtacggta ataacgcagg tggtgtctgg 29280
atgggtgttg acaacgttga cggtaaggcc aaatttgacc tcggtaataa cactcagtat 29340
gtgcgctggg acggtgatac tcttcgcatt tctggtaacg ttgtaatcgg tactcctgga 29400
ggcgatgtag accttgaaac cggtatgcag ggtaagcaga ctgtatttgc ttataaactt 29460
ggtacatctc tgccaagtcg cccgcttgac caagtttatc caccagctgg atggtccgca 29520
ttcccgccta accgcactgc tcagaatcag aacgtgtacg ttgtgcaggg tactctggat 29580
cctaagaaga gtcctcctgc tctagtagac ggtaccaact actcagctgc atcccagtgg 29640
tctggtgtcc caggtactgg tggtactgat ggttctaacg gtgattacac tgttcagatt 29700
taccagatca gtgctagtaa gcccacgaaa ccaggcaata tcaatgaccc tagcggttgg 29760
agtcgtaccc caccgactgg aacccctctt tggatgtgtt ctggtagatt caatggcgat 29820
actaacgctc taactgttga gggttggtca gacccgatcc gagtagacgg cgagaaaggg 29880
gctactggtg ctactggtgc tactggtcct caaggtcctc aaggtccggc aggtggttca 29940
gtagaagtac agtggtctaa agatggtact actaactggc atgcaaactt tactactggt 30000
gatatctaca tgcgtcagcg tgttggtaca ggtgggtgga gttcagctat ccgtgcagtt 30060
ggggaagatg gtactaatgg tactcctggg tctaagggta actacattgg gatgcgcttc 30120
cgagtggcgg ctgagaaacc tgccactccg actggccaga ccccttcagg ttggtcagat 30180
gcacctcctc agggaaaccc tctatggatg gttaaagctg agttcaacgg tcaaaccaac 30240
gccctagtag gtacgtggtc agaaccagtt cgtattgatg gcgaaggtat tggagtaaac 30300
ctgtatccgg ttaagaaaac actggatcag tggaccggaa tgagcaacgg tactatggtt 30360
aagaacccag ataccctcag ctttaccata accaacacag agagcactac ctcctctacc 30420
ggaccgggtg cacatcctgt tccgttccag ggttcacaag gtcctatagt tgagattcca 30480
gtaaagccga atacagcgta catcttcact tatgaggtta gtactgatag caccagcttt 30540
gttctgagag acctgttact agagttctct agcattaccg gaagttttac caacttccaa 30600
gagttactga ctggagccaa aggtaagcag gaagctaaga ttgtcactcg tgctgatact 30660
aagttcctga gcttccgtcc aggtgtccgc actgccggag ctacggttac ttattctaat 30720
ctaaaacttg aagaaggcat taaagctacc gcttacagcg tagaggcttc cgacagtatc 30780
ggtgagaaag gagaccaagg tactcagggt ccacaagggc ctcagggtaa tcagggtcca 30840
cagggtaatc aaggcccgca aggtgctaag ggtgataatg caaaaggatt cagcctctct 30900

tctctcggtc agacgtttac gtacgacgca gaaggtaaac tgaagtccga tgcaaccatc 30960
ctgttccagg ctttccgtca gaatactact gcaaacgtta cttggtcagc caaggacgag 31020
aaaggtggga acatcactct gacaagtact agcaatactg gtgctacact gaccgccgct 31080
aacttcaaaa catcgaagtc tgtagtagtt acagccgtct gtgatggtat caccgatcag 31140
atcactattg tgcgtctaga cgatggttcc aacgctctcg tagggcttct gaccaacgaa 31200
ggttccacag ttctagcgaa ctatgctggt tacgtgcaaa actatagtac tggttctggt 31260
gacttcaaag tattctatgg ggcgaaggat atcacctcag aatgcacctt cagtactatg 31320
gagaagaata accttgatgc tgatattact tcagcgggca aatatacttt aaaaggtatg 31380
ccggctggta ctgatgttat caacggctgg gtcgacttac gtgctgtaca ccctacttac 31440
ggtgccgtgg tccgcagagt ggcaactact aaatctatcc ttgcaaaagg ttatgatcgc 31500
gttattacca cttcattcga gaacggaaat aagggtacct ggtcgactgg tagtgtccaa 31560
ggggtttctg gtgccacaat tgtagccgca ggtttcagca aggccctagt gatctctgct 31620
agagactgta tagaagatgc taacgcattc cctgtagtag ctggtcagaa atatagactg 31680
ggcatgtgga taatggctag tgagtctaaa gtcaatatca acatgggaat gcgaattgta 31740
agggcggccg acggagttgt tgattggcaa ggaaccctta tgattgcaca aggtactgta 31800
gtacctggtg gctggtccta catcgaaaaa gagtttactg ttggcagttc taataccggt 31860
atagcaatgc cgtggatcca gatggctggg tcttctggta gtgacttagg taaagcttac 31920
gttaccgata ttcacatttt cgccctagaa atggatgggg agaaaggtga tactggtgca 31980
actggtgcta caggttctca aggtccacaa ggtccacagg gtaataaagg ggacaaaggt 32040
gatactggtg caactggtgc tcaaggccct gctggtagct ctgtaaacgt ccagtggtct 32100
aaggatgggt ctactaactg gcatgctggt ttccaacctg gcgatatttt catgcgtcag 32160
caggttaatg gagtttgggg cagtgctatt cgtgcagttg gcgaagacgg taaaaatggt 32220
gctgatggta ctgacggtga ctacatttca atgaagttta tcgttcagga taccaaacct 32280
ggcacaccta ctggtaacaa cccaggtagc tggagtgatg ctcctccagt tggtagccct 32340
ttatggatga ctaagggcac tatgaatgct agcggtcaac tacagggtac gtggtctaat 32400
ccggtccgcc tagacgggac tatcaaccct aacctgttcg cagtacgtaa gtggatggca 32460
gggatgactg gtacggaagc cggcacatct aagaacgata tcgagaagct agcgcatacc 32520
ttgactcgta cttccggaac tgataatacg gctccagggt gctatgcgac cccgtatcta 32580
ggtagtgggg cgttttccca tccagtgact ccaggtaaac gctacactct aacctataat 32640
atcgacgcgg ctagcgaggt ccagacccga gatactatat tctggcaggc taatccagac 32700
tcaggacaat ccacctacat agaggaactg aataccggga cgtctataaa ggttaagcgt 32760
acctttgtag ttcctacagg tatgaactac ctaaccctac gcccttctgc tctgacactt 32820
aacgtagcga ctacgtggag caagattaag ctggaagaag gcggagagaa aactgagtat 32880
caagtagaat actcagacag tatcggtata gtaggtaaat cagttttagt acagtggtct 32940
aaggatagct cttctagtaa ctggcatgat accttccaaa caggtgactt gttcatgcgt 33000
cagaacgttg acggtgtttg gggtcctgcg attcgtgcta taggtgagaa aggtgagatt 33060
ggtcctgacg gtaagaaagg taactacacc aatatcatct tccgtatttc ggatactaaa 33120
ccagctaaac ctactggtaa caaacctacg gattggtttg atgctccacc tgatggttcc 33180
cctctttgga tggcaacagc aacgtttaat ggggatacta acgctatcat tggtgcttgg 33240
tctgaccctg tgcgaatcga tgcttccggc gtaggcgaaa acttcttagc gttcaaagag 33300
tggatgatgt ctattcagag ggctgagggg acgggctctt cagttagcaa gaatccggac 33360
cagatgagat tccgggtaac agctgggcca tccagaaatg acgcgtacac taccccttac 33420
caaggaaccg gcacacattt tatagaagtg tcgcctaata ctgtgtatac tttatcattt 33480
gaaatggaaa ctgctgtgtc cactagaatg atgctgttgc agtttgataa tggtaatggg 33540
ggcacgcacg cacgtaacaa tcaggttata tcaaccagta ctggtataaa cagtctgact 33600
attactacgg gtgctaacac tacccacctg tctatgcgta tgtcaatctc taacatggga 33660
gagactaacg tactgatgaa acctaagctg gaactcgggg cgtttcctac ggcatacgtg 33720
gcgcatccta gtgatctact tggtaaagat ggtgctactg gagctactgg tcctcaaggt 33780

ccgcagggta acactggtgc tactggtgct acaggcccac aaggtagtaa aggtgacaca 33840
ggggctactg gtcctcaagg tcctcaaggt ccgaaaggta acgcaggtga aaacgctaaa 33900
ggattcgccc taacgtcaga ttatcagtca ttcgtgtatg atactgtagg ggacattaaa 33960
tccgctacta ctattctgtt caagggacta aaacagaata ctactgcagg gatcacgtgg 34020
agtgctgtaa ataatacggg agctgcagta acactgatga attctggaga taaccgtcag 34080
ctaaccgctg cgaacttcgg cgcctctaag tgggttacga taacagcaac ctgtgatggt 34140
ttatcagatc aaattactgt ggttcgtttg caggacggtg agaacgtgtt gaccgctgtt 34200
atgacaaatg aggcagctac ggtacttgct aactactccg gatattgcca gagttacgaa 34260
aacgccaaag gtcagatgag agtttggtac ggaagcaccg atgttactgg tcagtgcact 34320
ttctctgagg gcggaagaag taacgtaact cctagcatca actcagcaaa tgggaactac 34380
tccgttactg gtatgttgga tgggaccgat attaccgaag gttgggtgga cgttaaggct 34440
actcatccaa aatatggagc aattaccaag cgttttgcgg taactaaggt attcctagcc 34500
aagagctatg agatggttat caccaatacc ttcgagaatg gtaacaaagg ttcatgggca 34560
ggagctctgc agagtgtttc cggcccaaca aaccagagca tctctaaggc gctgcgtatc 34620
acagctagag ataacctaga gggtaggaac accatcccag tagcaggggg gcaaaaagtc 34680
cgtatcagat tctggtacaa cccactagga ttagaggaag ccatttttag agtaggcttt 34740
attgttcacc gcaaagatgg gggcaaaggt tacccctcca gaactgtggt tacgggcccc 34800
gctcctaata gctcctgggc gtacttcgat caagagttga ctctaagtgc taacgatgag 34860
ggtattgcct ggccgtggtt ccagttagat aacaaaactt ctggttcttc attagggtat 34920
atgcttgttg ctgacataca cttcgaagat ctatccatgg atggtgcaga cggagctact 34980
ggtcctcaag gtccgcaggg taacactggt gctacaggtc ctcaaggtaa caaggggat 35040
actggtccac agggtccaca aggtcctgca ggagcttcag ttggtgttca gtggtctaaa 35100
accggcaacg cgagcgattg gcacacaaac tatgctactg gcgacattta tatgcgtcag 35160
caagttaacg gtgtgtggtc ttcggcaatc cgcgcagttg gcgaggatgg gcgggttggt 35220
gctgatggta aatatacctc cctgagattc caagtagctg caactaaacc tgctagacct 35280
acagggaact ctccggctaa ctggtctgat tcacctccag aaggttcccc actctggatg 35340
gttaaaggtg agtttgactc cagcaaccaa cttcagggaa cctggtcaga tccagttcgt 35400
ctggacggtg agacggtcaa cctcaacctg tttgctaaca aagcatggat tgcgtctata 35460
acgggtgcca gtggtagtgg atctgttgta gccaaaaacc ctgacgaact acgcttacgc 35520
attaccgcag gttctggtgc aactgacgcg tataccatgc ctagtggtgg tgatggtacg 35580
ttcttcacta aagttaccgc aggtaagcgc tacactatgt cgttcgacac ggatagtgct 35640
ctggaaatga gaatgcatgt gttctttatc caggcaggag caaatactac tacctcatca 35700
ttctcttgga tagcgtcaac aactgctggc agaactagct ggtcgttcac tgttcctgca 35760
ggatgtgata gggtatctgt ccgtgtgtca ctgaacaaca acccaggtgg aaccaacgtt 35820
gtttccaata tcaagctgga agagggagat ttcgccacag cgttcattag gaacgagctg 35880
gatactattg gtgctgatgg ttcacaaggc ccacaaggtc cacagggtag taaaggtgat 35940
aaaggggaca caggagctac tggtccacaa ggtccgcagg gtccaaatgg tactagcgcc 36000
aaagcctttg ccttaacatc cgatagcctg tcctttagct tcgatactag tggtaacctg 36060
aaatctaatg gtactatcaa gatcgatagc tggagacaga ataccactgc tgcaataacc 36120
tggactgcca agaaccaagc agggagtaat ataactttag gtggcactgc tactaacaag 36180
actataacct ctgctcagtt cggaagctca gagtacgtaa cagtaaccgc gacgtgtgat 36240
ggaataaccg attccattac aatagttagg ctgcaagacg gggtgaactc tctagtcggg 36300
tacttaacta acgaagcggc taacctgtcg tgtaactcct acggttttgt gcagaattgg 36360
gatggcacta cgggtaactt taaggtgttc tacggaacgg tagatgttac cagtcagtgt 36420
accttcggag tggaggataa gagcaatctt aacggcaaca tagggtcaag cggttattat 36480
gcccctagcg ctatgccaaa cgggctggaa attacctctg ggtgggtaga ttataaggct 36540
acgcatccta agtacggaac acttattaag aggtttacac tcaaaaagag cctgcccggg 36600
attggttacg acagagtgtt cacggggtcc tttgactctg gtaacaatgg atcgtgggga 36660

cgtacggtag ttgacatcgc tacgggcagt cccggaggac acaccaaggc tatacagtgc 36720
acctctaggg acaccatgga aagtagtaac tggttcccta ctcgtaaggg gatgcgctac 36780
cgtgtaactg catgggtgaa caactctgag ggtgagtatc agctaaggtt aggcctccat 36840
acccagaact cttctggcag cgttaacact ggttacccaa ctatgctagc cgcatcagct 36900
aaggattccg agggatggaa actagtaact ggtattgtca cggtaggaga tgggtctact 36960
gcggagactg gtagggcaag accatttatc cagatgaatg gtagtgctag ccccttcggc 37020
aacgcttacg tagctgctat agcgatcgaa gacctatcta tggatggtgc agatggggca 37080
acagggccgc agggtccaca aggtaatact ggtgccactg gtccgcaagg tgataaaggg 37140
gatactggtc ctcagggtcc acagggtcct gcaggtaact ctgtaaacgt tcaatggtct 37200
aaggacgggt ctactaactg gcacagtacg ttcacttcag gtgatctgta catgcgtcag 37260
caggtgaatg gatcctgggg tcctgcgatc agagcagtag gtgagaacgg ggctaatggt 37320
acgccaggtt ctaagggtaa ctatgtgagt atgaagttcg ccgtaatggc tagcactcct 37380
agtaggcctt ctggtagtaa tccggctggc tggtcagata gccctcctcc aggtaacccg 37440
ttatggatga ttaaagcgga gtttaatggg gagactaatg ctattatagg taattggtca 37500
gatcctattc gcctagatgg ggatagtatt aacgagaacc tgttctactt taaagcctgg 37560
ttagactcga ttaccggagt tgcaggcaac ggttcatcta taggtaagaa ctacgagtta 37620
ctaagggcta ggataatcgc aggtacagga gttaccgatg cgtataccct cccatcagat 37680
ggatccgcct ccatgttcac ctaccttcct ccaagcacca catatacgat gtctttcgag 37740
actgataacg ctgtagaagt tcgttgtcac gtattttggt acgctaaggg aagcaatacc 37800
actggaggag tgctgaagac tattgcatct actactgcag gtttgagcag ctttaccttc 37860
accacgccgg ctaattcgga taggatatcc gttaggttct cagttaacga atctggggga 37920
aataacgttg taggaaggtg taagattgaa aagggagcct tcgtaacgtc atatgttcgt 37980
aaccagtatg acgctgtagg ggatcgtggt ccagggttct atactcaggc gatcacaaac 38040
ttaaccggat ggaacgatac tcaggcagca tctttcttcc agtcaacatt tggtggacct 38100
ccggttaagt atgacgtact aactcagtat aagtcgggct ctccgcagaa ctcctggact 38160
cgtcaatgga atggctcggc atggacagct cctgcattaa ctgttcatgg tgatatgatc 38220
gtctccggtt ctatcactgc tgataagatt attgcaaaca acgcgttcct ggcgcagatt 38280
ggtgttgaca tcctttacaa tagggccgcc gcactaagct ctaacccaga gggcacttac 38340
acaatgaaaa tagacctggc taacgggtac attcatataa ggtaacaaat gagcacggaa 38400
aacagagtag ttgatattat ccttgatcaa aacgtgtcat acggattgat gctacagttc 38460
atggatatcg atgactctgc gtacccagca acggaaaccc ctgtcaatct gacaggggta 38520
acccttaagt cttcaattaa agactctctg gaatccactg gggtaaaatt agcagatttc 38580
gtcgtaacag tagtaaacgc tacacaaggt caggcgtcgc taggattaac tgcggctacc 38640
gtggcaacaa tcgttagtaa agcaagtaaa gaacgagata aatataatcc tagacttcgg 38700
ttcgcaggtt actatgatgt aatcatgacc aaaggaacag gagctaccgc tacctcttat 38760
agagtcatgg aggggagcgt gtacgtcagt gatggagtaa ccgcgtaatg gctattacaa 38820
caagaattat tgcacaacag gttaccgctc ttgacggagc taactcaagg gtaagtaagt 38880
acccaaaatt taccgtacag ctaggatact cagttagttc tctggctgct acagaattac 38940
tagatgctgc cactagatcg gcagcatccg ccgccgccgc taaaacttcg gaaaccaatg 39000
ctaaggcttc tgaaaccgct agtaaaaatt cccagacagc agctaagact tcagaaacta 39060
acgcggcagc atccgcccaa gtagctcaga atttggcagg taaagcgtcc ctagtaacac 39120
cactaggagt gatgaccggc tcggcagaag ctaagattgc atctataaca atagccgcaa 39180
atcagtcttc tagcgttcac gtattatttg cgctctacgc tacaggtaat ggagccaaca 39240
gggatgatat atacaatatg gagatagtat ccctggcatt acctggtcct gtaacctctg 39300
taaccgcgga caacatcggc agcttcctta gtcatcgagt aataggtccg gccaacacta 39360
atggatttat ggtaggactt aaatctacta ttgagggtag caacgtgacc tatgatgtat 39420
acctcaaatc tcgtagtagt ttcagagacc ctaagatggc attcttatcc ggctccatat 39480
ctgttactcc acctaccgga cctttggtgg acggaacatc ccctgcgtgg aaaactacag 39540

gttttgatac tgatgttatc tatgtaaata gggcgcaagt aattgatgat ggcattagtt 39600
tagcccgcat caaacaacta gctataacta acggtaaaac cgatagctct atacttcttt 39660
tatcctattt aaatgaaaca ggtatactat ctaccaataa gaagtctatt tccctccggc 39720
caggaggtac gagtgactct agtattgcag ctacggagtt tctacctaac gggaatataa 39780
ttctgcctaa tggggatact gggaaccaaa ctattagttg gttaggtggt ccccgcatac 39840
gagtcaactc caacgggtct tttgttcttt ctactaataa tcccagtaat caaactagtg 39900
ggtttataac tttcaggcca caaggtgatc aagtaacttc cactgagctt cagattaggg 39960
atgatggtaa cattaagcag acagctccac agtcatcggc aggcaatgca cttatacgcc 40020
aggatgcggc tattcaacat atcatggata aggctccggc tgccggtatt actgctaacc 40080
ccctaagcga cttgaacgta atacctacgc ctgaaggtac agatccttgg ggagcagacg 40140
gtgtacgtgt attccaatca ggggtatcaa caaaaaatac tccggacgga actactggtc 40200
ggcttggaac tatcctcaac gttaggcaca cccagtaccg tataatgcag ttcttcatgc 40260
agagtaatgc tactgcacct attctgcata ttagatcatt aagggctgat cagggtaata 40320
ccccaccggc atggtttaaa gtttatacag aatactctaa acctaacatt cagtctgaca 40380
tagcaggtat tactatagac ggcaatggtt tcgttaagaa agcctccccg atcgccaagc 40440
tcatagccga aattcctagc aaagaggatt cattcttctg gacaggcgtg gaaactgtgg 40500
gaggttacgt agggtgtaac gcagaggctc aaggtgtatt tgctgtaaaa actggactag 40560
gcaagtatac tattaaaggg agtttaggct ggaacacgga aggatggaaa tttgagctac 40620
caagagatga taacggcaat atgttgtgct tcgtggaatc ggattggaat gaggaagaga 40680
aagagctaaa catacaggtg ttcacccgta agtttgatat taacacaggt aatatcatcg 40740
ctggtgaacc tatggagata ccacaaggtc gttggattga tctacgtctg gaaatgccaa 40800
aagtggaaat accagaagtg gaatttccag aagatccaga agtataataa aataaaaccc 40860
cagtcggagc aatccgctgg ggtttttcta tttacatctt accagaactt ccgaagccac 40920
cttcgccacg atcagtgtcg gtcagactat cgacaatttc aatgtcattg gggttataat 40980
gaggtacgat caccaactga cacagacgct caaagttatc aatcggttgt gtctcgttgc 41040
tcatattcaa caggttcatc ttgatggttc ctcgataatc tgagtcaatc acccctgttg 41100
tattggcaat cattagccga cgtttcccta gagaacttct cggaaccacg attcctaccc 41160
agccttcggg aatctcaacc gcaactccgg tatcaatcat caatgactcc ccaggaggta 41220
tggcacgcaa taggtcggaa gcacgatctc cgaagtaggc ccgtagatcc ataccggctg 41280
cttccgagct tccaacgtga ggtttacaat cggggtgaga taatttaata cgcattatac 41340
ttctcctgtg gcaatagccg taatgtcttt aacaaattga tcgtagatat cttgtcctgc 41400
tgcggcaact gcttccccac agaaacttgg gagatctact agagttaggt tacgttccat 41460
aagttcgcct gatttattca gagcctggac gaatttttga gttcctggga gcggtagtgc 41520
atcaataatg tctagcacgc taccatgttc ccggattagg ttgtagccac gtttttcgcc 41580
gataccttca acaccacgaa tgttatcccc catatcgccc ataatggctt ttaatgagat 41640
aaactgatct acagtatcta cgttatggtt gtcgaacata tctttctcgt gatattcttt 41700
acgagtagta aacgagaagc gggagatatt cggagcaagc agggtatccc agtcaccgtc 41760
tgtggagatg agccagatat gatcgtagtg atgacctatc agctgaataa tgaaagccgc 41820
catgtcatct gcttctactc cgcggattcg gaaagtaggg aattggcttg caataagatc 41880
aaacgcatcg tctaagtatt caaagaattg acgatccgcc tctacttccg cttcggagcg 41940
atcggcgtac ttagcgtctc ggttgccctt atactccggg aaaatattgg tacggaagat 42000
actcttccct ttatccccta gaacgatagt gtgcttcgca tcgtaggagt ttgccaaaga 42060
gttgatggtg tttgcaaagg atgctgcaat aggcttacca ctatctttct tgaagcggaa 42120
gcctaagttc gtaccgtcaa caatcataag attacggcgt gaggcgaggc gttgttctgc 42180
ctctcgtttc attgttcccc aggatttact catttaacta aatctccaat ttcacatgcg 42240
tttaaccacg gctcaaaaag accgataaca atttccattc cacgtttatt aactatgaaa 42300
tgtgctctac tcatgaggtt atcaatcata gggtcgctac tatccagagc gataagccat 42360
tgaccacgat ctttcttaaa gatcagggcg ggtttcatgt tcatttgctc accttcacgt 42420

gcggcttggg cccaccattt ttctagctgg gattctccaa cgtttaggat attgctatta 42480
aatttttcgt ctgcgtagtg tttgatctca aaacagtatt ggctcatttt acctacgcta 42540
ggtggcagat acacatcccc ctttagggag tgggattggc caaaagctcc tgaaccagga 42600
acacgttccc agtccaagga ggtatattta cgcagcatat cacggatttg gtattccgcg 42660
cgttttcctt tctcgcgact atctacggcc attaggcctc caaaattgat aagccagctt 42720
cgtcttgttt aacctcaatc ttatgtgcat acggatgtgt gtgcccgtga gatacgatga 42780
ttgagttcag ctgatcttct tcctgtagaa gttctacgag ggtattaatt ccatccgggt 42840
caatataact tacaacttca tcaaggaaga gcaggttgat attaacttta ctaatcgttg 42900
aaagcaacat tcgaattgct aatagcgtgg aaatattgat acggctctgc tgaccagtgg 42960
agcagttgac catagaagtc ctgttaccat cattgtagat gacaacctgt agcttcgtct 43020
cgtctaactc gaaccctaga gcaaatttac cgctggtcat gatagagaga taatgattga 43080
tcatctcttc aaataccttg acactatgct ccagcttata ccctaccaga tcttttagcc 43140
cggtaattaa gatatctaga tccgctactt cttctgcaac taaggacagt tcagcctgga 43200
tcttatcaaa ctcctgctcg gccttttgaa tctgttcacg cttagcttca tatttcgcat 43260
tttcacgtac aactgattcg ttatgggttc ttgcaagttc taccgaggat ctgccttgac 43320
gaatgctaga ctcaatagct ttgatacgct cagctaaccc gctagcgtct acgatttcat 43380
cctgcgttcc attgacctca tcaaattcct tgaggttttt gcgagcctgt tccagagcgt 43440
taaacttaga gatataatcc ttaaacgccc tatcttcctt cctaagttct tcaacttctg 43500
cttccagctt ttgacgttct ttatagagcg gatcatactc ctccttagtt cgtctcatag 43560
cttcttgggc ggcggaggta tctaagtgag ttccgcacgc agaacactga gttttacctg 43620
cggcattttt gaaatcgtag taacgtttct tcaaatcatc cgctctagtt gccacgaccg 43680
ttaggttacg cgtaacactc aggagttcct cagatttcga ggtgggcgca ggtaaatttt 43740
cgaatggtgc aaaagttttt tcggcagctt gtacggccat gtccaaagag ctacgttttg 43800
caatactggc tttttgcttc tgagccagtg ctaccttgac ttttgcttcg gttaattctt 43860
cgactagtgg ctcttcatcg aaaacaggga ttgggatctc tgattgaggt gcgccaagcg 43920
aggcttttga ggaaagtata gattgggcag ttcgcaggct accttccaat ccggacagtt 43980
ttgccgagac ggctttacgt cccgctttaa cacgttcaga aacttcctta tattgttcct 44040
gatcaaacag gttaacgagg aaagtcttgc gctgagcatc cgtagtcttg aggaagtcga 44100
gactggatcc aactgactga tatacgagct tagtaaatgt cgtaaaatca caggcgagta 44160
cctcttctat cagcttatac gtttgggttg cggtgtgtcc gctgatatct tcaccgtttt 44220
tagtgagagt tactttggcg gttgacttca caactttctt gacgttgtac acgtcaccgt 44280
cttttgtgaa ctgaccttct agcgtatagg ccttggagcc agtatgccag ttaaacaggt 44340
cgtccttctt gataccacgt gagttcttat tataaagaag ctcctctaga gctgtaccaa 44400
ttgttgattt acccagcccg ttacgcccga ttaactgagt tacgcggtga ttatcaaatt 44460
ctatcaccac gttctcagca tatgacataa aatggctgat tgtcaattta ttaattacta 44520
tcgacatact cagcggctct ctttaatatg cgtgttctag acgcttcgtc tagtttctgc 44580
acgtttgtga aataagtatc cagctcctgt agcagtgaca tatcgtctag atctaactta 44640
gcatctttgg tgacacggtt attgatcttc ttatctaaca gttcgctgtt ctttaacgtt 44700
ttgagttgtg atacgtcgcc ggtgacttcg tatataactc tgtcatacgc atcggcttcc 44760
attggctcgc cgacttcaat agtttttcgt atgagctgtg gaagatctcc cagttcaatc 44820
cacgaaaggt agtgctcatg gtctcttggc aagaccgtat cgatgataaa agctccgtta 44880
gttccttttg tcctttctct gtgaaacgaa gttgtaagcg gagatccggg atagagcagg 44940
tcaacatccc cgatcttttg gctgttcttg tagctgtgga gatcgcctgc aaatactttg 45000
gagtacccat gttcgacgaa tctttcgagg tagatttctg gtacgacatg aggcgggatt 45060
gcacctctga catgcgtgaa gcaaatgtct gaaactctgg gcttccaact agctttgtga 45120
aggctgctgt aagggatgat atcgaactct ggagatcggt agtctttgac gactttccaa 45180
agtccatctg ttgcgtcgct aattgctgct gcatagtgat ccaggcaaga aatcgtttta 45240
gatttcattt cgtggttccc ggtgtaaata ataccaggat gttggagggt agctaggaat 45300

gcaaacagta gttcaacttc ttctgaagac gggtctgaaa catccatgat gtcaccacca 45360
ataatgtgaa ggtcacatcc agtagctcca aacacttcgt ccagcttttc accgagaaga 45420
ataaaccgat ttttctgcca ttcctgagga acgttcttcg ctcctagctt gatgtgatga 45480
tctgctgaga aaagtatttt catagtcaaa ataaaaggga gccgaagctc cccttgtttg 45540
gattaatcga ggtcagaagc tgcttcgtga tcgatgttac cggagttcgc ggaaccttca 45600
ttacctttag attcgtcgcc ctcctcatct ttcttacctt ccagccatgc ctggattgct 45660
ttcttctgct catcatagga cggaaccggg taggtaacat ccagtttagg cacttttttcg 45720
aagccttcga attcgtctgc ttcgttgtac agagcctcac caatcagagc aacgtcggct 45780
tcatgcaggg cggcctcttt agaacccggc tgatttttag ccatctggaa ctgcattgca 45840
gcgatctgct gtacatcgta cttggtatcg aagccagtac cagatttgga gatagtgata 45900
tcgatctcac ccggatcttc cagattcagc tgggccatga tggagtggat accggtcagg 45960
atggttgcct taacttccat cagcttcagt ttgttatcag tacgatcgat aacaacggcc 46020
aggtagtttt tcttaggacg cagcggctga gccttaccat ctttcttctc cggatctttg 46080
aagcccatgt cgtgaaccgg atcggatgct ccacggatga aacgctcttt ttcacggtcg 46140
aaacgcaggc actcgaacgg agccggttta ccttccttat tctgaatcca gtacacataa 46200
cgcgggagaa cgccggaaac gatacgtaca acgttcttac cgttgttgaa cttcatgtag 46260
tccagtttgt cgccgttaga accgccagta gtagaacccc aagatttagt agccatattt 46320
aattttcctc gataaatgtc aattttgact tgttgattgc gattagtggg tggtgctcga 46380
taactgctct aggaacccac ggtggaatat attgcatatc cagtgatgta tccttcgaga 46440
agctatattc ggcatagttt ctaaaactca aaagtcctag atactcagcc aactgtcggt 46500
ctgacagctt tcgtttatta taaacgattg tatcttcgtt caagataaat gatctacccg 46560
ttaacataac atgagcttcg ggatcttcaa ccattcgtct gataatctgt acaatcagcg 46620
atgagttacc tcgtgctaat atgtaaattt tttcgtaatc ataaaacaac atgattatta 46680
tacaccattt tgagagaatt tagcaactaa gtttttattt ttctgcttcg gactttccga 46740
agattcagtt gctgttccca ttaatttata cagatattat atcgtatttt tgaggactca 46800
gcaactgaaa tttttaacta tttgcttaac tcttctttgt aaatctgtct ctcagttcaa 46860
tataaatatt atatcaaact ttggggttct tagcaaacag aattttatct aagtttgcca 46920
tattcttctc gttaaagtca agaacttccc acccattgag acgatatacc gcttctctac 46980
ccgccgcctg cttaaatcct acacctccta gcttcagatc cacgaggatt gggtctaact 47040
tatcatctgc catacgttgg acacgacctg ccaactgttc gattagagat tcgttattta 47100
ttaaagagcc taacactaaa cacgataaag catttaatga tacaccctcc gagaagatgc 47160
tttgggaagc cgctaacaca cacggaccgt cattggtcac gtcaatctgt acttgctccc 47220
tatcatcgag cgaagttaca ccggtgatcg tgtaggtctt cacacccctg agttccaaag 47280
cattcgtaac tctctcaatt agatctatac gatcggacac aaacaggact ttatggcctg 47340
ccatcgaata tagctcgcac aagtcaacaa cctgttgaaa gtattctggc tgcgaatata 47400
catcgttagc tcttatcgcc cacggcacat tcatatttcc agaaacctgc gtttttagcg 47460
caaacctatg gatagtaggt ggcatagtgt tatttaccgg aggactatat actttcgttc 47520
caaaatagtc cttaaacata acctgcaaac catccttacg ttttaatgta ccggatagcc 47580
cgattttata tcgtgccgaa gactgctcta gaaacttggt aaacgtggtg gcaacgcagt 47640
gatgcacttc gtcaacaata acggtgccga attcttttgc caaagcggct ccgtgtttgt 47700
taactgtctg tatattacta ataacgatag gagaatcgat attaaatttg ccagacccaa 47760
taactcctgg ctcaatccca aagaacttgc gtacctcctt ctcccacata gctcgaatgg 47820
tagtgttggt acatataact aacgttttct gcccaagttt atgggcgata gcaagagcaa 47880
ggattgtttt accgaaccca ggcttaccat taataataca cgtatcatta cagtcttcat 47940
atatagggag ctgatcccct ggtcgcaggg tgaacgatgg ctttggaata tccataggaa 48000
ccagagtacg tttatctacg atctctgtca ctttttgccc gaaagattct agaagatcta 48060
atctggttac gggaaaccac ttgatctctt tacctaccga tcctgagttc tggaacatta 48120
gaggatactt tgccccaggt ttaaagatct ggtatgaagt gtgttttaat aagtattccc 48180

acagttcgtt gctgggttta caatagattt tattagatat aactatcttc atatcttaac 48240
tctaagtcta ggagtttctg gctcctcttc gtgcgtgtca aaaataactg gtgaaccgcg 48300
aaccaacgcg tacgaaatat agttggcagg ttcactaagt aagaaaggat atggaacgtt 48360
cttgacataa cactggtact ttccgttgaa gattctagtt gatcctctaa cgcgttccgt 48420
gataatgttg taataagtcg taggtttcca tgttactatc ttacctgtgg agtcgatgaa 48480
atgctttagt ccagagttta ttatctgaga taagtacttg aactgtttct ttaaaggata 48540
gagcttataa ggtaaatttt cccgctcacc ataaagaaaa agccttcgct gagagaatgt 48600
cccaggaagg cttggattgt ccagcacata ccttgtaaat ctcgtctgga taacaatgta 48660
ctccccctct tggaagagta catcataagc ccttaaagca tatactggta agctaaagtt 48720
aagcaccaag aaccctgcga acgttgacaa tatctttgct gatttccggc aaaaacttaa 48780
tattggcgta cttatcgtga tcagggtggt tttcatcgtt agccgcaata gcagcgtagt 48840
cgaagtcctc cataccgata atactacgta ctttctcctc aaactccttg tcctcaatgc 48900
aagcaacaga aggacgctgt ttcttgatct taccacagga gtaatcacga gaaccgccag 48960
cctcggagtc agagtcgata ccaataggac agcccggaat actaatacca cggtctacct 49020
gaatgttacg gattagcatc tcgttatact gatcaactaa atcctcacga acaatggcaa 49080
ccacggagtc gtgaaccagc atgataatct tcatttcgtc ctgcagaccc agagagcgaa 49140
tctcattatc ggtatcgata gcgcctagca ggagactatc agaagatgca gactgaatga 49200
tggcgttgaa accagaacgc agttcttcac cctgtacacc acggtcttcg gagttaatgt 49260
tgtgcagacg acgcttacga ccaaagtggc tgtaaatgaa gccgttagtt tggatctggg 49320
catgagattt atcgatccat ttcttaagct gagggaatcg gccaaagtag gtttcgatgt 49380
actctttcgc atcaccagta gtacattcag tgtacggttt accggtcttc atgtgctctt 49440
ctaggagagc ttcgtttact gacgctgcta ctttagccgg gccagaaccg taaagaatac 49500
cgaatgaaat agcttttgca gcctgtcgta gtgcaggata cagtttttta acctcagtcg 49560
gtttacacgg cagagcaaat accatgtgtg caattgaacc gtggaagtct gagtagtttt 49620
ccgggtcgtt ctgcatgttg ataaacactt gctgcatgtt aatgtcacca gacagtacag 49680
cggcgtagta aatctcagca gttgttaagt cccatgcgat aatacgataa cctacagggg 49740
caacaataca acctttaata acagactcat cacgaggtaa ctgctgaagg ttcagcttac 49800
cagacgaact cagacgaccg gatgtagtca tatggatatg gaatccagta cgaatgcaac 49860
cgtcagcatc aatactgatc agcatcttct cgatatacgt cgagagcagc ttggagatct 49920
tacgaatctc tagcagagtc ttagctatcg gatgctggtc cgaaagctct ttcagggcat 49980
ctgcgccggt ggaatctgca cccgtatctg tcatgatacc cgtcggggtt aagccaacat 50040
aatcgaacag gagcttacga agctgtacaa cagaggctgc gttaaatact gagccctgat 50100
cttcctctag cttacgaact tctggatact catacagctt agcttttgca agctgtagcg 50160
cagtcattaa ctgaacctga gcctctttca gacgatcttt ggagatcggt acaccacggt 50220
cttccatacg ctgtaggaat acacatcccg gcatcagtac atcgtaatac agagacttca 50280
gtcgagggtt agcttcgact tttggcagga agaaattgga tagacgcagt gttgcatcgg 50340
tatccttcgc tgcgtaaggc cacatgatat caaacggaat gagatcatac gagaaatcct 50400
ctttcttgat cttatgcgtc ttgcaatacg tctccttgaa ctggtcgagt tcaaaatcgt 50460
agtcccccat atcggtatac ttcatcgcca aagatttcaa accgtgtgta ccacgtcgtt 50520
catctagggc gtagtgcatc agcatggtat cgtggaggcg tttctcttct gctgccttat 50580
caaaggatag acctaagtga tagcagtaga agtgcatatc aaacttcaag ttatggaaca 50640
caacgccatg ctccgggcta tcgaacagtt tctgtaagta atagacggta ttttctgtga 50700
tgacgtctgc atcaatatat acgccctgat actcttggtg ggagattgag atccccagca 50760
tgtaaccatc tcggcagtat agcgcactgg tttcggagtc atatgcgatc atgccaggac 50820
acatggtata caccatcttc acatacgctt cggcttcgtc cgggcactga atcgggcggt 50880
aatcccctgc tttagagcgt ttttcacgac cattgagaat ggcatgaatg ctctctactg 50940
tggcttcaaa tacaggcttc atttccggtt taaagtggag ctgggccgga ctgatacttg 51000
caatccagtt agcataccca tcatgctcaa cacgtttacc tgagtaatcg gaaatgccct 51060

ttttagctgc aaacttcaag aacgggtctg cacctaccag aataacgtaa tcaaaatctt 51120
ccggattgaa cgggttctcc ggtgttccga tagtgatatg tttcttgagc agtcgcccgg 51180
ttactttctc actagccatg aagaaggtct caacctcatg gtcaaagagt tcgaagtgtt 51240
tctgatagcg gacgttattc ggtgatttgt ctacaactgc gattttcatt gatttctcct 51300
attaggtaag caagtaaaac gtcagtgttt cttctcaaac ttacccaatt attatatcaa 51360
atcttgacat gttcagcaat caagatttct acgtttctga tgagttggtc gacttcttca 51420
gcatctaggt ctccagggtc tttgccctct ggaagcaaga agttacctat aattggtata 51480
attctagtct tatcacggat taatttggcc aacttcttag ccgcctcatt accggactta 51540
tcattgtcca atatgatgac tacgtgagta gtaccggcga tttggaacgg catgaattta 51600
tctgcaatgt tatctagtga gaactggtga gtaccaaaac aacatgaaac gttatggcaa 51660
cctttatctt ctagattcaa catgtcgaat ataccttcga ctaggattag ggctggggtg 51720
ttatagcgaa cagggaagat tgggggggag accttcttag gtctaatcat atatttcgga 51780
ggggcagagc tatccatatt acggcctaag aagaataagt ttctccctac ggcatccgta 51840
ataggaaaca ctacacgacc ttcccagtcc tctgtttgtt ggaatgcaaa gtatttcttg 51900
aaagtctctg ctttgatacc acgaaagtct tgatcgaata tcatggctga ttctggaatt 51960
tctagactgc gaccctcagt tcggaggtca ctaatcattc tgcgaactct caggagtcta 52020
ggcgacgtcc tgtactgttc ttcattgaag taatgaaaga tgcttggtat accacgacca 52080
aatccgcagc ttaggcagtg gaaaaccccg gaatcggggt caacacgcaa actaggatga 52140
gcatcctcat gatcaggatt gagacagcgg atgaggatgt ccccacccgt atctctgtat 52200
tcaatccctt tgagatctaa aagctcggtt attctactca taagtctctt gaggattctc 52260
cggtgggatt agtatcctca tccgaagcct ttttcctttt tggtttgtct ttcggtttat 52320
cgctttcaag tgggataaca aactctgctt ccatctgacg aatgtcctct agcttaaggt 52380
cagaagtctg atccatacgc agtgagttcc agttgatctt cggcatgaat gtcataccct 52440
cggagttacg agtttttacg aagtcgaact tgattgcacc gtcatgcccc tcgttctgtt 52500
tagcagcatt taggtttgca gccatatcac aggaatcgag aatacctctt gccatacggg 52560
cgttaccctg ttggtcaatc tggtaagggg ctacaccagc aacgttatgc ttttggcacg 52620
tagacttgaa tgtagaggag acaaccatct gctgcttcca atcgtacata tctagtgtct 52680
tcgtatccgg caaacgtacc tggttgatgt agtctagcag ggcgattgtt accttatctc 52740
catacttgga ggttagctta gttagttcaa catcgatggt tgctgtacta agttccggat 52800
catacacaat gatcatcgga gtgtgcaggg gtctttcctg cattagcata gtctccatgt 52860
catggaaatc actcatctcg ttgagcgtat aacgtgatac aaaatcgtta tatacttcca 52920
gaccgccttc aaacattttt gcacgagtct tcgcaagttt gttgagttca ataccttgta 52980
aggagtcatt gcgcatagcc ttagcggaaa caccggccat aatggctagg ttacgtctaa 53040
agacctcatt ctctggcatt tcgatggaga aatatggggc gatatccccg ttgtaatatt 53100
gggctacttg aatgttagaa cagatgattg atttacctgt accacgccat ccaccgagta 53160
gcagtgtttc ttttctggca attccgccaa gttgagcatc aaattcgttt gagatgccga 53220
gagagataag atttaacatg gagtcttctt ttctcttgaa aacacgcata gtatcggcgt 53280
tgaagacctt accagtcgtt gttactcgtt cctctagctt catgtgcaga gccgctactc 53340
gatcaagtaa ttctccctga tccagtatgg taatatcctg caacacatca gtttctagca 53400
gattcaggaa tagatcctgt gtgtattccg actctaggac atgaatcgca tgcgatatgt 53460
caacgtctgg aatctgagtg tttgctaaaa cagttagtgc ttgagacaac cttgcgtttc 53520
tgttagactc tagcattaga gcatctaacg aaggcattcc gttatgcttt ttgtaataat 53580
tctggacagc ttggtagatc gcggtaaatg cgtcattgaa gtgatctttg cgcagtctag 53640
agaatgtctc tagggccacc tgcttttgat cggaggctag gagcattttc aaaactactg 53700
cttggacgtt atacataaga tactctctac gccgcgttag cgtctactta aacgaaaaag 53760
gggagaggaa caaaattcct ctcccctcag gtcaaatcaa ttacttggcg gatttagcgt 53820
caagtttagc gcgcttagca acaccatcgt gatccttagc agagatacca cggcggctca 53880
gcatagactt aacaccacgc tcggatttac cagttgcttc tgcgatctca gcaacggtca 53940

tatcggcgat attcagacct tccagaacgt cttcgcgtgc cttagcatta gagacttcct 54000
ggaccggcat agcttcgata cggccttcac gcagcaggct cagagcttta ccacggatct 54060
gcttaacggt acgttcgaac tgagcagcga ttgcttcaac ggacgcgcca ctggcaacgg 54120
cattaatgaa agcagcttcc tgatccgggc taaagctacg tacagcagcg gccttttcag 54180
tcggcttaac agccgcagtc agttccaggc tcaggatttt accctgtact tgtttagcgg 54240
tataagcacc accaactaca gcagcagcga tttcagcgta ggtatactga cccggatgat 54300
cgttcaggaa tgcaaccagt tcatcttcct gacccggagt ccacggagat ttggttacgt 54360
cggatgcttt ctgtacttcg aagccttctt tacgcagttt agaaccaacc gaacgggcgg 54420
taacttcttt accagtttca gcagccagtt cagcagcgat gttagcaacg gcttcctgag 54480
agataacggt cgcgttcaga gcgttagctt tagcggtcag ggatgcagtg atttcttcgt 54540
tccaggttaa tttagccatt tttatttatt ctccagtaga attttaatcg tcaagacttc 54600
gatgcccagc gattgtgctt ttttgtatga agaagaaccg atcttggttt catcttcgca 54660
gattaagtag tttacagcct tagtcacgga ggttttcacc gtatacccaa gactttccag 54720
atatttggta gcgtccgcac gatttttgaa gtcgttgagc ttaccagtaa tgcaaagaac 54780
aactccgttg gattcagtcg ccggggtaac ttgagcttcc cgcgccccac tgaatttcca 54840
tggtagatta attacgttct gtcctgccgg tgtattcttc cacgaagcta agttttctcc 54900
agctttacct tccgctttca cagattggaa atcgttgtaa agctgggata atttcttagc 54960
agcaacttca ccgataagag ggatactaag agatccaaga accgaaccaa agtcaacatc 55020
ttgtctcagc ttagtttcca actctagctc aagtttcgtg gcgactttat cacctacagc 55080
tctgaccaaa tcttctttag tcaggaaaaa gagttctgaa actttcgtga tttccagttt 55140
agcaatcgtc tgtgggccaa agcccttaa cttcatcttt gagcagaagt tctcgattaa 55200
tttactgctt tgagctggac acatagactt gttacggcag aacaactgat cgttaactaa 55260
gtccagtttc gaaccacaag agtggcaatt cagtggaatt tcaattttca ttgattttct 55320
tcctcatcaa tttatataaa tattatagca agaaaatcag gactaagcaa tcgaaatttt 55380
tcagaattta gctcagtctc tcaccaaata tttctttccc tcaactgaat gataatagta 55440
tacaccctgg cgatgaaaat gtcaataact actttaaaaa atcatcacgg tgtatctatt 55500
gaatcaagtg ttactcgtaa acacgttcta cgatgcgagg gatgacccca ccactacgaa 55560
ttacgcgaat ctggcaaccg atttctaggt caagggcagt gatataacca acgttattca 55620
gggtagcttt tgaaatgaca gcgtcgtcga tgactaccgg ggtgaagtat ccgacaggag 55680
taactttacc ggaagcccca acttgccatt ctacccgttc gagcgtagta acctcgcctt 55740
catcatcttc tttgatggcg tacgcaccac gcgggaactt gttagtccaa cctgctgcgt 55800
taaattggtt gttgccatcc atacgaacca ccacgccgtc cgttgggaac caatctactc 55860
gactggagat atccagacag gtaacaaaac catcaccctg gaggatatgc atatctccac 55920
agaaagtagc ggtcaggcca actttgccgg tttcacactg aatactatat gccgtgaaca 55980
tcaggccacc ttccgcaata cgggagagaa actctccaga atctttcagg ttaatagcac 56040
cagaggcgaa gttacgcata ttttcaactt ctttggtgat gtgtacttca ccagtaatct 56100
gcaccggagt cttttgggag atccgtttag ggatgttcag taacttcaca ttatgagtta 56160
catcattacc taagacgccg ttaccacggg ttaacgcaga aacgaacttt ccgtcaatat 56220
acagaagtga aatagcacag ccatcgagct tcggcgtttc aatgccctgg aagggtactt 56280
cttcgccgcg gcctgggtac actttctgta gggagaacat acggaatagg tgaggtacat 56340
caccttttagg gccaatttct tcctctagcg gaaaacgacg gattaaggca tcatactctt 56400
catcagagat aatcgacatg cctttgtagt acgcgtcttg gcacagctta ataaattctt 56460
taacgtgttg cattatttgg cctcgtagta atcgaacagc atctgagtct tcccttccca 56520
gtaaaagttt tcgcataccg cctggaaggt ggacattacc ctacgcttag attttggact 56580
gtacaattcg catactagta cgttcttctc ataccacatg cctagcatct ggaagcctga 56640
cattgtccgt actacaggtt tgcccttctc tttctctaac caggttagga ctagctcctg 56700
accctgaagt ggcgggctgg agtatgcgtt aagcgttatc ttttgcattc tttaatgcct 56760
cgttaacaat tctagacatg tgtgctctca gctgttgagt gtgagcatac gtcttagcag 56820

cttcggtcag cttattaact aattgagcga tttcatgatc tttcataaag atctccttta 56880
aactatgaga atattatatc aaggtttaaa acactaagca attgagattt taaagaaaaa 56940
gccagcaact tagtcgtcac tggcttgggt cttttgagat tcacggtaaa cttcatgaag 57000
aacctctgaa ttgcttagta ttttagtaaa tgcacggaat agcgtgctgg tcatttctaa 57060
cgtgtacggg aacgagaagc ctgatttagt agggaaccag ttatcttcaa tatctagtaa 57120
ccataatcgg aaaccaaagt ataaattgcc tctaaactcc gagacagtca tacgaatctg 57180
tcgcccttca tcttcaaaga taacgtggga ctgatcatca atatgtcctt cgtaatcctg 57240
acaaatgttt tgattcattt ttattgttct cagataaaca aaaagccccc gaaggggctg 57300
attgcgtctt aacgacctac tggagtagct cgatcaagtt cttggttgag gctggtgatg 57360
cgcttaatat tcgcaatcgg aatatagcgg aatttatcgc tagagcggct aaagaccagg 57420
atatgatctt tgtcagcggg ttccaggcct tcacggacga ttcgctcggc cagatattta 57480
tcttgcttag gatcgaactc agtcgtaccg tagaggtaag ttacccccct ggtacgcagt 57540
ttggtgtatt gcatgcaaaa ctcaccgtgt ttctcacaga tagctacgac ttgtgcttta 57600
ttcattgcaa taccctctta tttagtgatt ttacggatag cttcagccag gtgagaggca 57660
gctttaccgg tcagtttgtc aacgatcgat tcgtccagga agccatcttc cagtccagcg 57720
tcgttaaatg cagcgcgcag ttcagcctga gcatcagact tagaagtacg gccaccagct 57780
ttaggggcat caccaccagt tttagcggta gacttaccag cttctttctt gacgtatacg 57840
ccagctttgg acagcttcat acgaaggccg ttcggggaaa caccgtgctc tttggcgatc 57900
tcagctacga tctccatgga aacgccagga cgctcatctt ccgggaagag ttcgattttg 57960
gcgacgtagg cagaagtcag ttcagcttcg agttcaggag accattgagt tggagtagac 58020
atatttatta cttccttatt tattgttaaa aagagttttt aagttttgtt tcagactatg 58080
agaatattat aacaagttac tgagctgcaa agcaaacaga attttctagg atttggttaa 58140
cagctaccaa accattaggg gacaaacgat acatcttcag caaaccacga tcgtatttgg 58200
taagccagcc attatcttct gcttcgtcca tgggaagtgc atagtgcaga tcccggatag 58260
ctgtagcacc ctcggaatag atctgaaata agttcaggag ttgatattta ctcaccttta 58320
cctctctttt ctagtttcag ggctgctttt acagcgttat taaccagttc agctacgtct 58380
tctttacccc acttgaaccc cagggacttg atatcaacac caagtgctac cagatgttcg 58440
acagacgcca gatcccaata catgtagtta acatactgct ggcgggcttc ggacagcagg 58500
taaacacgat acgcgcctac cggattatcc agagcttttt taacttcgcc aatacactga 58560
tagccaggaa cccaaacgtg ttcgcctact tcgaatacct ctttcattga ttcttctgga 58620
atcgcaggtg gaaagagcgg gtcaacctcg ccattaacac gaagcagagc accgtgagca 58680
gacagaacca ttctgatcat gtttgcggaa cggtagaaac gctcggcaat tgcctcaaaa 58740
ctatcacctg acaggtacga atcgataacg ttggccagtt cagccccttc gattttagta 58800
ccacgtttct ttttacgcat ttcagcggaa acacgctggt tatctttcca ttcctcgata 58860
aggcgttcca tcgtggagtt agacgctacg ccgaggattt cgcaagcgcc tttcttggtt 58920
ttgccttcct ctagccactg aatcgcttcc ttaaactttt cgtccgggat gctattagca 58980
tgaagttttt tgcggattgc catgttcttt atcctctctc gaatttatga aactattata 59040
atacagattt agcttctaag caatcgcgat tttcatagaa cgtagggtcg aaagtaacgt 59100
gcatgaattc agatagactc ttgtacccca tgttaagttc catgttgatg cgtatagaaa 59160
ggcgtgtctt tcgctgagcc tctagccaat catagatatt tggcatctgt gctaagcgaa 59220
taggtattac tctacacaat tctatctctt tagctttccg tgctttcgta tcgcgtttgg 59280
gaaacttcct tgtttcccag cgggcatcac gcttgctcat tacgtactcc aagttcgttt 59340
tgcgcttcat cggccagcgc cttctcctcg tccgtcataa actcatacgg tacagagata 59400
ccctcgatag aacagtacgt gcgataccag tctacgatct gctccgtctc catttcctta 59460
ttaataccca tttgggttaa gtacatacgg gcatatttag ggttggcaga ctgtcccgtc 59520
ctaataaaga agtccttctt gtgtttcttc agggcttcaa taaaggggct aatcgtcacg 59580
ttagaacact tcttaatatc cttccagaat atatcttgaa gtttatggaa gaactccgcc 59640
cgcttgtgtg gtttcttact aatccacatc tccgcatgtt cctgtgtgat actcttgata 59700

gagtccaggt ggaagtactt gaccaacatt agcttggctt cgtatgcgtc cgcatgacgt 59760
ggtgcacacc aatccggggt actactcaaa atagcagaga ctcgttcagc agtatactct 59820
gcggccgagc tatcaatctt accccagctt tcactgaaga tatcgatagt tgctccctga 59880
tccagcagat aataccgcag agtactgata aagttacggg actctagttc acgacgttta 59940
acatacagct gctgagctaa ttctagccaa ccctcatcga tgttatactg ctccgaaccc 60000
gcagagaatc cgctggtgga cttatcgatg aaatagaaga tattcttagc tccccggtcg 60060
cgcctgattg cctggaagcg catgtttggc gcctggttag cggtacgagt aataacgaat 60120
acgttgtcga agtaattaaa gtcaacacca ctcgttactg acggactgca cagtagacaa 60180
tcaatctgct gttcaattaa ctcattcgtt gtataatcca agatacgacg aatatctata 60240
tcagatgtag agtttgagtg aatctcttta acaatcgcac ctgtattgtt tcttagcgtc 60300
aggcctttct cgtttaactc atccggccca cagtcggaca ccagaataga tttctctccc 60360
atctctaggg acgtttggag ggcaacccaa atactggatt catcagggaa ctcatacgcc 60420
tgagcatccg agagcatctt acgatggtgt ttataataag agaccggctt gtcaaaatct 60480
atgagagatc catatgcctc aatggtttct gcgctgatat ccccgtcaga caggataacg 60540
acttttgcag atagcagaat ttcacgaaga actgagatac actcacgacg ttgtttaaca 60600
actggagcaa ataacaggtc attcataact gcgtcgcact catcgataaa gataacatcg 60660
atctgcccaa caaagttttt aaacttgtgg attgagtgaa tagtagtaga catacgatca 60720
atggcaccgc gcttgaagtt taacatatct acggacttat catactgtcc ggcttcaaac 60780
ttcttagcgt tagatgaaac cagggcacgg gtgttagtaa ctgcaaggaa attacctttc 60840
agctgatcac gttctagcca cttcgtcact gcggtggttt tacccgtacc tagagaagcc 60900
ttgataaacg ttaaatgccc ttccggtggt ggacggttga tcttcaaata attcatcccg 60960
tctgggctat cagaggtcaa cttgtgtaca ggaacgcctt taacattcga ctcaggaata 61020
tctcgcatcg agttgttcac aaacgctttt aatgcctgct tacgaccgtt attgaagtaa 61080
tcctgaagac tgcgggaatt atccttcgtg ttgatataat cggacaaagc tgaggtaatt 61140
tctttctcaa gccaggcgaa atcaacaccg tcctccagag ctctgtggta cagtttagga 61200
ataatacgca gataaacacc atcctctgct tcttccagct ctgcaatggt ttgttccact 61260
ttctcagagg ctacgcgctt gcctttaatc tgattaagta gggatagaaa ctcttcttta 61320
aattccccac gagtggcttc ataatctggc atagtattgg gcagttcaat cctagcaccg 61380
ttaactttaa ccagacgtgg cttaccctcc gctttaaacg gatcggtaaa ctgatcccgg 61440
aaaatcgggt cagcgaaata gtgtagctgt acagatgaat aataagctaa gtcggcaata 61500
tcaaaaccat acttctgccg agagctatca ttgagggacg taaatagaaa ctttaactga 61560
ccctgagtaa cgggaatatt actctctaat agcatgtgca tacgaatccc cggcttaatt 61620
ccagccgaag acgacgcatg ggcaataaac cctgcgttaa gcgggaacat gtcctcgctg 61680
atgctattta ataacttaat gacatgacgt cccataccca caatgtcaaa cctgtcgcat 61740
cctccggtat cagagattcc atcgacgtcc atagcaataa tattgctctt atggtcgatt 61800
ttgaagttag tacgtttacg acgcacggcc ttctctgcaa ctaagcatgt acctcgtact 61860
gctacgagat gtggatcttg agtgagctga accatcagct catacgcttc attaagattt 61920
ttggggtcaa ctgtatccac tacgttaaat ttgtagggca ttgaggctgg cttaccttct 61980
ggatgctcgt tagaaaactc cttcgcaaaa aggtaatcag ttgtcttcac ttccttccag 62040
tttccggaag cgggatcgcg ggaaaaaccc gcgtgtcctt ctagaataga aaacattacg 62100
ttttctccta tgttgaagaa taaagcgatc tcgaactatc aaggatagaa cagcttaaaa 62160
gtccactgac tcaacaaatt tccttataga tggaggggtg gtcacttcct cattgctaga 62220
actggccgct tcgcacaact cccacacagc atgtaatcgc cgctaagctc catgtggttg 62280
acccctattc gtcgctattg cgcagaggta cgttgctact tacagcttca cttcttggtc 62340
atttcagacc gcggtgctat ttgctccaca tgactaacga acaaatatct gagagcctcg 62400
cgatgccaac ctctcttacc cgcattctag atcaattatc tataattccg ttcggaatca 62460
atttcccaat aagccaaacc caaccaagca tgtagcagcc ggactgttct gtatgctcgg 62520
aagtgaatga gaggaattat gtcagttttg taactcacat catttctctc aacctatgaa 62580

tatattatat aaaaatcgtg gcgagattgc aagtaaaata tttaaatacg tggtaggtaa 62640
ctgggtttaa gcatagaaaa gaccagagga taatcccctg gtctaagcgt tcaactaggc 62700
attccaaccc ataatattaa ttgagttaga agaggcattt tgtttgccct cacgaagaac 62760
ctctggagca tacgtccaag gctcatcagc taccaagaac cccggagaaa tacctgcccc 62820
cggttcccgg aatgctgcaa aattagaggg gtggaacaca acgttgttca ccagaaccat 62880
tagccccaga tccgagaggt catcccaatc aaagaggatc tcataatcct gggccaaact 62940
acctttggac aaaccaacac acacgtcatg ctggatgatg aagcaaagct cctcgtccct 63000
caacgcggct cgcagcagat tctctgctac atcaatcaat tccttgggga tatccgccca 63060
ggagatacgt tccattttag gaatactcat ttagttaacc cttcaacttg gaaaccgaag 63120
cgacgcagca cctggatcca accgttaata ttttccggag cataataatc ttcattacgt 63180
ccgacccaaa tacctgctga aacacctgta accccaaccg ggatatagga ctcacgcagc 63240
agacacacgt agcctagtgc aaacaccagc cccatctcag tcagatcgcc ccagtctagg 63300
acttcatctt gatcttcgtc cataggaacc catagcccca ggtgcatgtt gtcataatcg 63360
aagtagacct ccatattatc gcaccacaca cgaagatggt ccagcagaga ctcttttacg 63420
tccagaggaa tttcagccca gggaactagc ccaacccctt gattaacaac cttttcattg 63480
accagcatat tcttccccca tttggatgaa ttcgtgccac tgctcagagt ccgctcgtaa 63540
aacctgatag tcgtccgata ggtgactcat atcttgtaca tcactgcgat aacaccaact 63600
accgttgggc cataacagga tatcatcggg atggtacata aattttctcc tccagccaag 63660
cctcaacttg acctatgaaa tgtttgttgc taaatacatt ggcagcagta tcataccaaa 63720
cggggatccc gcgttcttcg tacaaactct gctccaggta gttaataccg ttgttcacta 63780
cccacacctt agtacctcga ctatgggctg ggaatagttc ccaattaaag tcgattactt 63840
ggttactagc accaacaacg attaccagat cctgggttgt cagggtatca aacaggttga 63900
tctgccccat ataccacgga gcggtttccc cgaagaacgt aattgcaggc ttaacccact 63960
catacttacg gtaatcaacc gcagtgtacc cgatatcttc cacgatcaca tccttacctc 64020
ggcgatacat tatctccgta aggtagccat gagcatggat cacatcatca tggggaatgc 64080
cagcacgctc tagtagatca tccacgttag tagtaaagtt aacgacttga ccagggaagc 64140
gctcatacca ctcagcaatt ctcaagtgag caatgttagg ctccaccgta cccagctcct 64200
gtcgccgcat gttgtagaac tcatgggtta gctcgtacag gttgcgacta ggctcatcat 64260
cagatccctc agaaagggct tctaacgggg gcatagggtc gttcagatag tgaaacccct 64320
tatcgaacgc ctgaatattg catacttcgg ttagtttgta tttatcccac aggggagtga 64380
tggcaccctt acggaacgtt ggcactcaat ccagcaccac ttacgataat caatctacgc 64440
attacaggaa ctccatatag tttctcattt cttctttccg caactgctca gccttttcgg 64500
acaagcactc agaggttctg ggatcgactt tatctttcca caagtggtta cggcatcgca 64560
gaagttttac cacgtcttct cgggaaatag atccgtatgc tccagagtcc atcataaagt 64620
agatacgctt ttcatcagtt ttatggattt tcataaatcc tccgtttctc aattacaact 64680
atcttatcaa aaacggaggt atttagcaag tgatttattt caaattcatg tgtttgaccc 64740
tttgcattac ttcctgttgc ttaccagggt taaagggtct actaccagga ctacctaagt 64800
acccacaaac gcgacgggta accgagatat tccccgaccc acattgagga catacaaagc 64860
cgtgctctcc ggatacagac tctcctagat atccgcactc ttcacattca tcaactggaa 64920
tgttaacccc tatgtagtga gatttactta atccataatc aacaacccac tctagtgcag 64980
ggataaactt acgcatctcc ggaagttcca caaaggatat attaccccca ttggcgatgg 65040
tggtaaaatt agcctcatag tcaaacttca cgttaggggc aacttttgta cggacatcca 65100
ggtggtggct attagtcagg tatcccttat ccgttagcca gtcgtactca gggtactgtt 65160
cggcaatttt agtattgaac ctattgcaca gagactcact aggggtagca taaaggctga 65220
atccaagatt agtttcctca gctttttttgt tacaacggtc tttcatgtgg ttgagaacct 65280
gtacagcaaa ttcaatcgca ggtggggaca tggggtcggt atcctcaaac attacttcaa 65340
ccagctcgtt aataccgata tatcccaaag acactgatgc cctgccttca aagatgggcc 65400
atacaagatc attggctttc aaccgtaccc caaaagctcc gtgcatatag agaattggtg 65460

cctgtttagc acgcacacgc ttcaaccgct caatagccca atcgtgggca gccatcgctt 65520
tatcaatgta ttcgtccaac aacttccaga acctatcgaa gtatccctca gactctacag 65580
caactagcgg caggttaatg gatacaaccc ctaggttatt gcgccccgca gtctccccgg 65640
actcaatagc tgaaaggaaa gaccgacaac ccatagggaa cttaaaatca cctgtaacag 65700
ccgttactct ttcataactc acgtaatccg ggtacatcct cttagaagtg caggtgagcg 65760
ccagctgttt gatatcgtag ttgggatcgc tgggagattt attaagcccc tctttaactg 65820
cgaaaataag tttaggaaat acagcagtat gccctgaagc acccaggcct cttatacgaa 65880
cttccagcat agctttctgc aacatgcgtg cctcccagga ttctcctaga ccaaacccaa 65940
atgtcacaaa tggctgctga ccattagagt tgaacaacgt attaacttcg tactctagcc 66000
cctggcacgc atcatatact tctttttctg tcatttcagt agcatacact gctgccttct 66060
tactatcgtg aagccaacgc tggccaatag ctaagtgctt atcataggac ttacggacat 66120
acggggcaaa gacctcgtca atacgatcga tagacgtacc cccatactga cacgagctta 66180
cctgggcaat aacttgggca gttactgcag ctgcagtaga gatagatttt ggagtttcaa 66240
tctctgctcc accaatttta gttccattct taaacatccc cgctaaatct accaggcagc 66300
agttagtata cccctgcgct cggtagtcca tatcgtgaat gtgtatctct cctctattat 66360
gagccgccaa taggtatgct ggaagctcct gtgctaccac atacttagag acttccccag 66420
ctatcatgtc cctctgtgta gggaattgct cgcttgcctt attggcatta ttaaacataa 66480
ggtcttcttc accctcgtta tcaaggatac tatagatatt atcaatcagg tctaattcgt 66540
tcatatattc ctccagttag gcatatatta taccaaatag acacaactat gtcaacctta 66600
ttttattata atcaacagta acttgatctg gatcatcaaa acaataaaaa ctggaaaatt 66660
ttatttgctt attcacccta ttttatatta ttcgtgtgcg cccgcgcatc gcgcgaataa 66720
aggaaaggat ccgtcctcca tatcatccta gaaaatttca gttgcaatcc acgccaaaac 66780
ttggtatact ggtattctaa attgataaac atggtcgaaa tttgaccctc tgtagacctc 66840
taaggagatc gcaatgagaa aagcagcacg tcgtaaggag tcgcgccgta acggtagcgc 66900
aaaacgtgaa cgtcacgaaa acgtcatccc cgttgatttt gaagcacggg aacgttttca 66960
accaaccgca aaagaactca agccgaagaa cgctgagcaa aagcactata ttagcaccat 67020
ccgtaacttt acggtgacag ttggtattgg agaagcaggt acgggtaaaa cgtttatccc 67080
atctgttctc gctgctcaag agttagcaac gcctggttct gtgtacgaga agttcatcct 67140
agtccgtccg aacgaacctc ttggtaaatc cctagggatg ttgccaggag atctgaacga 67200
gaagatggca ccgtggttag aaccaatcgc tgacggcttc aagtgggcct taggggaacg 67260
ttcttatcag gggctggttg aacgcaaggc aatccaatac cttgctatcg aacatgcacg 67320
cggtcgtacc ttcaacaatt cttatgtaat tgttgacgaa gctcaaaata tctccgtaga 67380
agcaatgaag tgtattctaa cccgcgtagg tcaggattgc aaattagtaa tctgtggcga 67440
cgtagcgcag aaagacatta aatccgactc tggtctgcaa ctgatcatgg atatctacga 67500
tcagtacgaa catgtgcctt tctccttagt agagttgcat gataacgtgc gttccgctga 67560
atccaaagca ttccaggcaa tctttaacga tatgggaatc taatatggtt actgaactga 67620
tcattggtta tggtgagggt attacctctg aagaaaactg gggctttgta ggcttcggtg 67680
aaggtatcac ttctcacgac gaacgtcctg acctctaact ctaggagcgc gtatgaacaa 67740
cgtatttaca ctgaacaact tccgcactcg taaaacgaaa gtgcatccag tatccctggc 67800
aacagtcaat aaatacaatg ctaactatcc tgaggatgag cggcgacacc atgccgcttt 67860
caagatagca aacgaatttc ctaaccaacc cctcggtact aaagagttag ttagtcgaat 67920
gaaaaaatta cacttttatt aaagtagacc gacacacagg cagcctcgaa aggggttgcc 67980
tgtttttgtc tgtaaaatct catttgcaaa atggccgaaa acaaagtaga atatctttta 68040
aatcctgaca acttccaaaa ggagttacca atgacccaac gtattgaata cgttatcaag 68100
cgtgacggta caaaagaacc gttcatggcc cagaagctga atgactgggc aaaatacatc 68160
ggaatccgaa gcgatgttcc gtggtctccg gtagcggtag ccgcagttaa gaacctgccg 68220
aaaggtgatg tacactcaga cgatctgcaa acaatgctga ttaagtctgc cgaatcaatg 68280
atcgagcgtg atcatcgtta cgaccgattc gccctagagc tgcgtttagc ccagctccgt 68340

aagaacctgt ttgattctta caccccgccg tctctgcgtt tcttccacga ccacatggta 68400
gagctgggag cgtgggaaga tatgagcggc tggatctctg acgaccagtt cgaagctcta 68460
aacgaagtta tcgaccacag ccgtgacgaa ctattcacta atgctggtct gaagcagttc 68520
atggataaat actctagacg taatatctat acggaagaga tctatgaaac tccgcagttt 68580
gcctacatgg gtatggcaat ggcaatgctt tctcaacctc actggagtat gctcgatgca 68640
atcgaccttt ataacgcgct gtcgctacag aaaatcaacg tcccaactcc gccgctcgtg 68700
ggccttcgga gtgctgacag gggcttcgct tcttgctgtc ttgttgatgg tactgacacc 68760
ctggactcca ttgacgcagc agagcacgtc gtcttcaaaa tggtcgctgc ccgagcaggg 68820
atcggctatc atcttgagag tagatcaatt gctgatccgg tgcgaaaagg cgcgttccca 68880
cactctggaa aactgccata ttatcgacac atcgaccgct ccgtaaaagc taacactcag 68940
cagtcccgtg gcggttctgc aaccgtttac actgcgttct tcgatccgga aatcattcag 69000
gtaatggaag ctaagagcaa ccgttcccct gatgaaaaga aaatcgataa gatggactac 69060
aacctgaagt ttaacagtat tctcctgaaa cgcttcctgc gtaaagagaa catcacactg 69120
atgagcttcc tgtacgctcc agaagtatac gcagcattcg actctggtga tgtagcagaa 69180
tttgaacgcc tgtacatcgc agccgaaaaa cgtctagcgg gcgttaccaa acgtggtttc 69240
aagggtgaag ttctccctgt agccccagtg attcctgccg cagaactgat tgagttctgg 69300
aaaactgtac gtatggaaac tggccgcctg tacactatgg acgctggtga agtgaaccgc 69360
aacagccgtt acaaagatcc ggtgcgtatg tccaaccttt gtgttgagat tgtacagcca 69420
acgttcccga tccctcacgt agtagatctg taccgtacag acgaagaact ggataaaatg 69480
gatgtttcag agtatgggga agtatctctg tgcaacttag gcgggttcgc cctaggtcgt 69540
atcaaaactc tggaagagtg ggagaagatc tcttacatcc tgttgaagtt cgttgatacc 69600
atcatcgaga ttcagcacta tccgttccca gctatgaagt acacggcatt acgccgccgt 69660
aacgtaggta ttgggctgat gaacgccgca ggagcgatgg ccgctgaagg cctggcattc 69720
gaaggcgaag aagcccgtaa ctggattcac cgtgaagcag agaaggcatc attcttcctt 69780
cataaagcgt ctgtacgtct ggcaaaagag atcggcccat gtgaatggtt ccatcgtact 69840
cacacttctg atggtacact gttaatcgat acttacaaga agactgtgga tgacctggtt 69900
tccgtaggtc tggaaatgga ctgggagagc ctccgtgaag agatcaaaac tcacggtatg 69960
cgcaactctg ttctgacggc aagtatgccg ggagagtcca gctctgttct gattggtgtt 70020
accaacgcag tagagcctcc tcgcagtgcg gtaactatca agacttcggg cgttaacaaa 70080
gtaattactg tagctccggg tctagacgat tgggacacca tgcagtccta taagtatgcg 70140
ttcgatattg accgtactga gcacattaag tggttagcag ttctgcagaa gttcacggat 70200
caggctatta gtgccaacct gtactacgac tttaacaaat atcctggagg tattattccg 70260
ggtactgaga ttatcaaaga tctccttaac tccactaaat atgggattaa gaacctctac 70320
tacgcaaact ttgacgtaga taccggaggc tctgcagcag agcagggttg ttccagtggc 70380
ggttgtactc tgtaattaag ctcgatccaa ccgaaagcaa aattttattt gcaagtaggt 70440
tggatttttt gttataatat tcgtatatta aatgagagag gaaattaaac aatggcaaca 70500
gtatttaacc gcgaatggga tcacactgag tctaaactat tcctgggcca agacctggga 70560
atcgccgact atgtaaacgt tcgctatcct cgtttagagg aacttgcatt actgcaacgc 70620
tcgcagttct gggttgagac tgagatctcc ctggaagccg ataagaaaca atggcctaat 70680
ctgccacaac atattaaaaa caaaaccctg ctgaacttag cctggcaaac ccaagccgac 70740
tccattatca cccgtgctcc ggaagatgcc attctgaaac tggtatctcg ccctgaactg 70800
gaaggtatgc ttattcagtg gagctacttt gagaatattc atagccgtgc gtattccaac 70860
attattcgta acgttctccc taatccgggt gagttcattg caaccgtaca ggctaacgac 70920
gaagcattcg cacgtctagc actgccggtt tctgttattg atgagttggc cgaaattgcc 70980
gacatttggc tggacgctag agccaatctg gaaatcgctg agaaggaagg tactctggaa 71040
tacaccgaag aggcagactt cttagcactt actgaacaag tacagcagaa gattctggag 71100
ttctactacg ctgtatacgc tctagaagcc attatgttct acgcgtcgtt tgcgtgcacc 71160
tttgctctgg cagaaaacga tatcctaacc ggtattgcaa agaacttaca gctgatcgct 71220

aaagatgagg cactccatac cgttatggct atggaagttc tccgtattct tcaaaatggg 71280
gaaattcccc cacatgtagt ggcagcagct caggctaacg ccccgaagat cctgcgcagt 71340
attctggaga cagaaattaa ctgggcgcat tatattttcc cggaaggcga agatattcca 71400
ggcctgaacg ccgatttgct ggtagagtac ctgtactaca acgcacgcct ggcatttatg 71460
gcgatcaaca ttccgtggcc ggaagatctc ccggtaatta tggaagaccc gattggctgg 71520
atgaaaggtt ggctgaacac caagaaccag caagtagctc cgcaagaagc acagattacc 71580
aactatcgtg ttggtgcaac ctctcaggct aacccggacg atctgtctga tgaatttgga 71640
gagttcctgt aatgattaca gctttatacg caatgcgagt tgacgccgcc ttcgggattt 71700
ttaatccggc tacaatggat gcctacgggg aacttccctg gggctccatt cccgaggagc 71760
tagaacagtt ctacagaatc ctggatacct atcaggttgt tatagtgggc cataatacct 71820
acgaaacagc ccctccacga ctgaaaaagg cactggagaa gaaatccatg gtgtacgtag 71880
taggttctaa ggctccagtt ctgataaaaa accctccccg taatgtgcgg tttattaccc 71940
acttgggttc caaaattcgg gacttctgta atgaagttga ggtagtctgc ataggaggga 72000
aagctctgct agaaacccta gcaactatgg gctgtctgga tgcgatttat cgctccacca 72060
tttatcctaa ggccggtaca gtaccaagcc tagaccacat catgtatctg gaacacccga 72120
tacttacgtc cactcctccg gatgctgtag taactcatat agcttctggg gaaaatgagc 72180
gctatcgttt tgttatggaa ggagtctatc tgtgattcac tatattaatg aaggcaaacg 72240
cattcttgaa gaaggtgtat ggctggagaa ccctcgaacg ggggttcgtt gtttaaccgt 72300
aatagggtca aactttgaat atgatgtact cggaaagaaa ttcccactta tcacaactcg 72360
taaagcgtat gctcttcagg ccatcatgga gcttatcgga tatctgcgag gatatgattc 72420
cgcagagcaa ttccgtgcta tcggctgcaa tacgtggaac gctaacgcca acgaaaacga 72480
ggcgtggttg gtcaacccta acagaaaggg aaccgacgat atgggtagag tctatggagt 72540
acagggcaga acgtggcttc gaccggatgg ttcccacttt gaccaactct ataagatcta 72600
tgagaattta cgacgaggca ttgatgaccg cggagagatt ctcaccttct ggaaccctgg 72660
cgaatttgat caaggatgct tacgaccgtg catgcatacc caccagttct cgctgctcaa 72720
tggaaatctg tatctcgact ccttccagag atccaatgac ttcctattgg gacaagcctt 72780
taacatggtc caatgctaca cgtttcttgc gcttatggcc cagatcacag ggaaccgggc 72840
aatcagagca aaccaacgta tagtaaatat gcacatctac gagaatcagt acaaggttct 72900
catggaacat gggcaatttg accgcaaacc tttcccggct cctcgtctag agatcaaccc 72960
ggagataaaa accctagagg acgtactcac ctgggtttct aaggacgact ttaaaatcgt 73020
ggggtataag tctcatgacc ctattgcata tccgttcact gcgtgaggac ttatgggatt 73080
atttaacaga cgccccaaaa taaccttctc cgaaagggag gagtctcagc tgaagtttct 73140
ggttcaatcc tcgggattac acatagatgt tatcctaggg atggtaaagt acaagggcat 73200
ggacgcacta atgcgtcagt ttgcccctaa accacctaaa gaaaaccctc cagccaagcg 73260
ggactataac agtaatttac tggttcctcc agctaaatta ctataactaa ggtggccttc 73320
gggccactta tattaaaaat tcatttgcaa accacgtgaa tttctaatat aatagattca 73380
taaatttgag agaggaaata aatatgtctt ttactgatgc aaaagcaatg gcagctaaag 73440
ccaaaaggtc taacgatatg gcagttatag cagctcgcag atctattata tcaaatattg 73500
atggatcagc ttcttcaggt aaaacagaag tagattctta cgcattgaat ggcctgccta 73560
tcgccgcacg gtctcagatt atggaagacc taaaggacgc gggctatgaa gtaaaagtaa 73620
atcatccgtt tgaccaacgc gatactgaat caattaccat ttcctggggg cacgcataat 73680
gtttcatgtt tatactgatg gtggttgccg cggtaatacc cgtggggtag acaacgttgg 73740
tgcttgggct atggtagttt acaactccag cgaagagcaa atcggcacca agtctgctcc 73800
caaacgcaac acaactaaca acgagatgga gcttcaagca gtcctagagg ctctgctatg 73860
gtctaacaaa aaccctggcc gaccaatgac aatctatctg gactcaacct acgttaagaa 73920
tggttgtgag tcctgggttt ggggctggga acgtaaaggc tggaagaagg cagatggtga 73980
tacacctctg aacttagacc agtggaagtg gattatcgac gaactcaaga agtatcgtct 74040
aaaccacaat gagatcccaa ctttcgttaa ggttaagggc cactctggtg tagaaggtaa 74100

tgaggccgca gataacctgc taaatgttcg aatgaccgaa ctggaaatgg aggatatgtg 74160
atgttggaga atttacgccg cctagttagt gaaatgaaat atgaagtgct cctgatggag 74220
cctggtgtgg atcgagtagt aatgaaattg cgaatcgcac gtatggaagc ccaaatcttt 74280
gaagcggagt ggaaagctct gaggggtgga gatgaattat aatggcacca gatttgaggg 74340
atttgttccc aaacgtacca cagtaccagc tcgatctcta cgccgcgttt ctggaagcgt 74400
caaaatcggg gaaccctcta cgcgtctacc gccaagaccg caggcacggg aaatcctgga 74460
tcctgagatg gctgaaagag aacgagccgc tcttaaagaa attgagcgaa agaaactctg 74520
tacagcaccg gcatacaaca aaggtgggta ccagtacatc agctcagaag agcaggcaaa 74580
acatatcggg cggtaacaga tacgagttca tcatcttcga tgatcttgta gatgaaaatg 74640
aaaaaacgca gttgctaaac gctaaaaatt aacgtataat agattcataa attaacgaaa 74700
ccaatcaaaa caaaggaaat aaatcatggc taagcagacc tctaaaaaag cagtagaaac 74760
caaagttgca acttttccca aaactgaagc gaatcgcaaa gcacgtctgg agcgtcatct 74820
gcgtaaacat ccggctgata ctcaagcagc atcagctgta ggcaaaccgg ccccgcgtcg 74880
taagaaaccg gtaactaagg gttctacctc cggctacgtc tccaagatcg tcggttggag 74940
tacgccggat aaggcagaca ccaaagaagt cctgcgcaag acccagggcc gtttcggtag 75000
cgtcaagccg aatatcttcg gttgcgaata cagccgtgag aatgttcgcg ctctgtgcta 75060
cggcgtaggt attaaattta cgggcaaggc aaataagccc cgtaatcaaa aacgcaaacc 75120
agctaagaag gcataatgcg aaattttgta gctaaaaacg atttcaatcg tgcagcgaca 75180
cataagtcgg ccctagatta ttctagggtc aactcccggg aactgatgga ttcgtgctac 75240
gaagaactcg aagattgggc ggctgactgg ccgtcgatgg aagaaaactg ggatgtgtcc 75300
gaagatatga ctaagccacc accggaggtg gcttctaaat gtgataacac atctagaagc 75360
aactttaata acaaaggaaa caatatgcaa aacttacaag accgctggat ctctgtttgt 75420
gatatcgaat ccctgggaac tccgggagat tgcaagagca cctttatcgc tatgccgttt 75480
ttcgctttcg tactgatgaa agatctatcg ttagatccgt atatcgttct aggcactcct 75540
aacgttgccc agcagttggc cctcggtgct aaagtctccg ccggaactat tgcattctgg 75600
atgaatgagg ctcgtgctgg tagtgctccg tcgctgtcca ttattgaagc tctgaacgct 75660
aaagacggtg agtctactgt tctggtctgc aatccgactc atgaatcacc ggtatccaag 75720
catacgttca tggatctgat ctgcccgttc gtagaggcaa aacaggtaat cgaaggcatt 75780
atcgatgagc aaggtatcga cactcgttcc ctgcgccact acggtaatgg cccgcagttc 75840
gatatgtcta tttacgaaac agtggcggct caggctaatg tcttctctcc gtctgatcct 75900
gcaatcgttc cgtggaaatt ctgggatatc tccagcgccc gtaacccgcg tgactatttc 75960
gaggctctcg gaggagactg gaaagcattg gtacgttgtg ctgaaatcta cgcacacgac 76020
gtaatcgagc gttacaacct gattcctgag ggggtctatc cgtcgaaaca tgatccggtg 76080
tttgacgccc tggtagaagc gtactgtatt aaaactatcg aatcgaaatt gaaaatttga 76140
tttgactaaa tggctgattt cttgatatac tattattctt gaatcaaaga gtaaaggaga 76200
aataatgaaa gcagccattc taatgatctc catcctcact agcttccatg cgcaggcaaa 76260
gattgatgcg catgagatag agtgcatagc taaaaatgcg tactttgaag ctagagggga 76320
aggagttaaa ggaatgaccg cagttgcaca agtaacgaaa aatcgtgtta actatggaaa 76380
attcccgtcc acatattgta aagtagtcta tcaaccaggg cagttcagct gggttggtaa 76440
gaagaaacat aaactcgatc gtaaagacga agagtggaaa caagctaaag agatagctag 76500
actagtttac tatatggatc ttccagtaga tccgacgaag ggagctttgt actttcacag 76560
taaagatact aaaccttact ggacaaaaga caaggacttc aaaagaacaa gtaaaattgg 76620
caaccatgtg ttctataaat taaaatctca gttgcctaat gcttaaaaag ttgatataat 76680
agtttcataa attagagaga acagcgggcc gattacgctg aacttgtttt aatgtaagac 76740
tcgtcgagca ttaagattcg ttgaatagaa tcggtgagtt aagagtgatc acctgacaaa 76800
gttcgtgcat ccagtccgga taccggccag ggagcgtatt ggacgggcgt aggttagaga 76860
tctcttgtaa aactcgggag ctgtcccgga gtctcgtaaa ctcttctcct gatttataga 76920
aaatggtgga atctcacttt aacctgttcg accagaatga agcatggtgc gtggcctgcc 76980

ggagaggtgg ggagctgagc ctgagaaact cgtatagctc ccacactgac ctgcctaggc 77040
cgcaaattgg agacatgtgt atagcgtctg gtgctagtta ttgccaccat agtggggtgt 77100
cgaaatcact tatgtagcaa cactgccgtc ctaagttaat tggtagactt ctgcacgcgg 77160
gggagctatc cccagatgcg gaaagtgcag gttcgaatcc tgcggtcgga aagagttaga 77220
taactgatgg ttctattggc gaaccactcg ctgctggagt acctcctccc ctcccaggga 77280
aagacttggg agactcgcgg gaacgaaaca gctaaaccac gaaggactag gatgctgatt 77340
tggctaccct tacctgatat atgcccaaat caaaagaaga actttaggcg gtagcctaga 77400
tagtgaagtt tttcctccac gaggagtcgt ttttcaagct atcaaaactt cacatcgaaa 77460
attcggaggt gtgattttaa cagaccgcgt ggaggatggc tctccagaag tgccaaagtt 77520
agtccttaaa tacggcatga tgatcgtatg aactttggcg aggtgggatc tcgcctgatt 77580
ctaagtggga aagagtattc ggatagccgt tcgtacaaac ggtggctccg agacctaagt 77640
gggacacggt tgagtataca gctccgcgga agctcgtata ccctgtgtaa gcatgtgaca 77700
atggagtcat gaccggagtc accccgagcg aaagcataac cactatttat agcaccctta 77760
cacaggctag aagtgcccct gtttggagtg tgccctcgcc tagaccgcat tagccgacgg 77820
atatccgttg gccgggatct ggcaaggtat attagtcacc ttgactataa ctggaagata 77880
cgtctgacag aagggccgca tagcttaaac aggggaaggc ccctacctac tggcggtatc 77940
tttaagagct ttcacgagag ttcttaaaga tactaattga cgaggtctat atgaacgatt 78000
taagtatgtt aactaagata cgctctgata ttgagtctat ggtctctcgt cgtagtgagc 78060
tgactaaggc taaacagatc atcagcggtg gtacacagaa acgcttcaca ttgcaagccg 78120
gggatattaa gtttgaccta tgtggcagcc agactcgaga ttacactttc gaaatgaaac 78180
cgtgttacga tatggtgaag ctggggctta tcaaagctct agacaaacaa atagatcagt 78240
gtacggacgc aatcaaaacc ctaaacgtcc agttcgccgc tgaatgcgat cgtctcaaaa 78300
actctatcaa ggtataataa tggtggcatc tgtgcatact cctccgtatg aacgtccagc 78360
acctaatctg acacctgaac agaaacagct aatcgccagg cgcactctag agtttaaaga 78420
gtcgctgcat aagagcgttg gccggtattc tgaacaggtt catgatctgg ttgtcaaaac 78480
acttaaactt tattaatgct tccttagctc agaggataga gcaacggtct tctaaaccgt 78540
gggtcacagg ttcgaatcct gtagggagta ccactttaat cgctgcccac acgtaatatt 78600
cagtgggcag cggcagaaag cccgcagggc gcagattaag attgattcta caaaattttt 78660
cttgcaattt tgtcagaaat tttgtataat agttctttaa atcaaagaga aagtagagga 78720
taaaatggct tacaaaattg aatatttaaa gaaaggggtt ctcactgagc tggttatcga 78780
tgcgaacatg gctcgcaacg agggcactaa atccgtattc tataaagacg gtagcgtagc 78840
tcgtatgatc aataccgaag acattcagga tctgtacgtg atctccgacg aagaagcagg 78900
tttcgtaaaa gatcctgagc cggctgaaga tactccaact gaagacactc cggtagcgga 78960
taccactact gaagaacctc cggtggaagg cactccggaa gatgaagcag cagtataaat 79020
aactaagggc tagaaatagc ccttctcctt gggccggtag cttaaagtta aagcagtggc 79080
ctcataagcc aacgagtggg agttagagtc tcccctggcc caccaatttc ataacaggag 79140
actaaaatgt ctactaaaaa cgcaatcgta tccttcgtgg atgacagtgg tatcgtccta 79200
gagtccacag taacagatat cagtcctaaa cgtctgctcc atcgtgatgg ggatatcctg 79260
gaaatcctta ataaacggtc tgagactatg ctggtcattc ctgtaaatcg tcttctctcg 79320
attaaaatcg tgtgggagga ctaatggacg ctcaattaca aacccagtac tatatgcttt 79380
taggcatgtt agaggatgct ggcccgacag tcagagggca ctatgagcgt cacaaagcag 79440
cttttgaagc cctactaaaa gaagttaatg agaacgaagg tggtaaaggc tctgactcct 79500
atgccgcatt cattatcgcg ctacaagttt tcctaatcaa tcaactcaag taataggcta 79560
aatatgctga atattaaacg taaaggtttt ttctacaagt ggcttaattt ctcttccgcg 79620
tctttcacct accggctgaa cgacaacaga gtcaccttgt gtagcctatt ttggcactca 79680
gtgtggtatt tcctgctaca gattggcgta actgctattg ctgtactctt ctccttgggg 79740
atgggaagta tcttatctac gttcttgggt ctcacctttg agctgggaat tactccctgg 79800
tacatgcttg tagggttaag tctagcagga ctatctacga taatagcgat tctgctggcg 79860

atagctggga tcggctgggc ctgcgctaag ataggggatc ggatccagga atggaacgcg 79920
agtaaatcct ttgaaagggc acagaaagag tataatgctc gcgatgaaga gctccgcttc 79980
ggtaatatct accagaagat gcgaatctat aagaaggaca aactttgtcc gctcattcgt 80040
gtagaccacg gcgagtagtt tgcatagtga cctgcgttgc cgggtcacta ccaaaatact 80100
tgaaaaattc aattgctaaa tgctctagaa tttgagataa tatttatatt gaaagggaat 80160
agccaagtgg ttacggcatc ggcctttgac tccgagatcg gtaggttcaa ctcctccttc 80220
ccttgccaaa tttaaaatgc tcctgtcgtc taagctggtt aggacaccac tctttcacag 80280
tgggaacacg ggttcgaacc ccgttgggag taccaaattt actgaaaaat tcagttgcta 80340
aatgcttaac aaattgatat aatatttata tagtttgtta aggaattaat ctgatactga 80400
gccggaacca aaaaacacgc ttgcagcttg ctcggtcatt gtactgaggg ttcgcaagaa 80460
tagcggagtg gctctccgaa acgcctggta agcgtagagt gtatcgtatt tgtgaagagc 80520
gggtatcctc gcatggctaa ttgcttaggg tattacgcgc accggattaa ttgccttaac 80580
aaattattgg gggatgggtc tgctgggagt ggacaccgca cttgcaatgc gggaatcaga 80640
acggttcaaa tccgttatcc tccaccaaac aaatggggat gtggcgaaat tggcagccgc 80700
gctagattta ggttctagtg gtgaaatatc cgtgtgggtt cgacccccctc catccctacc 80760
aaataacggg agttcgtgat gaacatagaa atcatgcagt tggatcgtaa gaaaaatgag 80820
ttccgtaagg tccatacctt tccgagtaaa gaagctctag agtttcatat taagtgtatg 80880
ggactggtgc taccggaaag cgagatcttc gacttagcat gtgctaacgg agttctgtac 80940
gtctgggaaa tcacgtatca tgctgatcct gatgaactcc gtaaagaagt agagcaaata 81000
ctaactggag agtagtgctc atgggagcaa gctgacttga aatcagtcgc catcggaaac 81060
ggtgagggtt cgattccttt attctccgcc aaacaacagg aaagctggtg aaatggtagc 81120
cacgcatcac tgctaatgat gagtccgcaa gggcatgaag gttcaagtcc ttcgctttcc 81180
gccaaacaat ggcccgacga gtaacggttg ccccttttcta gagaattttc tgggcgaaaa 81240
tccagaagta atcaactagt tgtaagtggg aagagtttct tagggccgcc aaatttgagt 81300
atcattggta ttgtaggagt cgtacgctgg gactacgtag tacactgagt gtcctatgcc 81360
cagtacgcgg tctaaccaaa tacggtgtgc gatgtgcatt ttatttgtgg aggtctgatc 81420
agccctcgat ggtactcaaa tttgggatat tatcataact ggataatgac ctcgattgtg 81480
gatcgagtct atcttggttc gaatccaaga tatccctcca gattactgca ccattagttt 81540
aatggataga atatagagct acgaactcta tggttgaggt tcgattcctc gatggtgtac 81600
cataaaatct ctgctgagag tgacgaggtt agccctctgg gtcacatccc tcttctagcc 81660
gcctcccata aatgcaagca tttatgttct ggccctagac acaacgttgt actcagcaga 81720
gtgcgcataa ttggggtata gctcagtagg tagagcggag gtctctgaag ccttaggtca 81780
caagttcgat tcttgttgcc cctgccaatt gcaccgtaga ggagaggccg tcctcgccag 81840
tctcataagc tggagatcgc aagttcgaat cttgccggag catccaattc taggagaaga 81900
tgatgagaat ctctttcaca gaacgagtac taggtactgg agtaatgcta atcacttcct 81960
gggatggaga tagctggtgt aacgtgacag gcttacgtaa gtcagaacaa acacccgaga 82020
atatcgctaa aatcaagaaa cgaatggcag aagctgctag tcgtcctgga gcacctcgta 82080
atggtaaacg ttgaggtaac tatgactcgc tatcaaggta tgctaattaa tacccacaca 82140
aaagagattg tattcttggc accggctttt cacgacacct acaatgaagc cgaggaagac 82200
gctaggatcg ctaaaataca cccggacgag gaaatctgcg tccgtcagca agaacaataa 82260
tgcttcaata gctcagttgg tagagcaaac gaccgataat cgttaggtca ctggttcgag 82320
tccagttcgg agtaccaatt tttgccccct ataggatatt tcatcggaat atcctccagc 82380
gatggtacgt agtatagtac ttacctgtta agcctagaca aagttacttt gtgggcaaaa 82440
taggtataga taggagaaga atagtagcgt aagattcttg aggcaaattc tttaggtcag 82500
ttggcagaga tggtttatgc actcgcttca tacgtgagac tacagtggtt cgagtccact 82560
attgaccacc aaatacttgc ttagctcaat cgggagagca tcgtctttac acggcgaggg 82620
tagctggttc gaaaccagca gcaagtacca atttacagtg agacttcggt cagggccgtc 82680
aaacgtccga gaagctgtaa tttctgatgg ggatgatccc agattcgtaa gaatacccca 82740

tccttacctt cacaggtttt agcgcaatgc tgagtaaaag tctagggaat cgactccatg 82800
ccatccagga gtataaatgg cgaatctagg gacttagacg gtcattgccc tagcgcgttg 82860
atgccgtgcc ggaatcggta tacggggctt cctaaagggc gtaagcagaa catccactct 82920
gcataagata cccgaaaacg aggctgagat aaatggtcta tcttgtgaag gttcgatccc 82980
ttccggggtt agcgtgtagt ggggctaatc aatccccacg ttaaacgttc aagttaagat 83040
ttgttagttg cagaagcggg gaggctatca accttcagtc cctgaaagct ctcagcgctt 83100
ggaactcttt cgtccgtaag gaatagatcc cctttcgctt tgactcgcaa acttcaaacc 83160
aagtgtaact aacagctgca agcctggatt accgctctcc ggagcggata attcaaaaat 83220
ttatttgcta aacgctctta tttactgtat aatagttaca taaattaatg agaggagtta 83280
gcaaatggaa aagattactg caactggtat tgaatctgca ctggtggttg attgggccgg 83340
atgggacgga gatcacgaat ggatggtctt ttatagctgt acgcttcagc cagaactatg 83400
gactaggctt accgatgagc atgctatgcc ctacggtatc atagatgtag aaattgagat 83460
taacaaactg gttggcacca ttatggtgca tcgagccgaa ggcgatcaca aggaaatctt 83520
ccgtaaaagc attaaactgg tagtttctac cggtgacttt atttaacaat taactgagga 83580
aatactatgt acacacgtcc tactaatgga aattctgctg tagtccgcct gatgattgtt 83640
caggacaacc tgtccaacaa catcgagtct ctagaccgtc gtattgagga gtatcgcact 83700
gagatgctgt ctctgatgcg cgaacgtgag gccaagatcg aagagcagct agaggtttgc 83760
gaagctatcg accgcctggt tgacggaacc gcagtattta tggcggaagc tcccgcagag 83820
cctaccttca ccccggtagc accagctgac atgcagtatg ctattctgcc tttccatctg 83880
gaagaagaag atggcgaagg cccgtcgctg gaagacgttg ttcgcttcct gcttgcctcc 83940
ggtttcccga acggaggtcg ttaatggatt ttatcgttgt ttgcggagcg aatactgact 84000
gcttcgagct gttaaacgac gccctagaca aggttgatga acacatgcag gaaggcagaa 84060
ctcctacatt cattgacctg tctcaaggta aaacttactt ctacccgtct cttgacgtag 84120
agcctacagt tctacctatc ttcatgcact ccctctcgtg ggacgaagaa gacgattaat 84180
gaaaaaattc atttgcctag tactctgaaa tttagtataa tatttatatt gaaacgaaag 84240
aggaaaagca aatggaagat gaagttaaat tgtacatttg ttcagattgc ggtgagttaa 84300
gtgaatgtca ttgggagtgt ccgacttgtg agtcagacga cttaatggaa tacgaaccgg 84360
aataacaaat taagcggcta tggtgttcag cggtcaacat accggcctgt cacgtcggag 84420
ccacgggttc gaatcccgtt agccgcgcca aattctctct gggctaagag atatgaccgt 84480
ctagaggtat cctcggacac aagggtcagc cctagacaca ataagttagc aaatatctcg 84540
tttcgacgag gtatttgaag aggttcttac gagagcttct tcaaatacgg gggaatattc 84600
tgtaagtggt agcagagcgg tctgtaaaat cgttgccatt gcggctcggg tggttcgact 84660
ccatcttccc ccaccaattt tgacaatcaa agagatccgg gttcgaatcc cgcgtacgca 84720
acaggcggca taaaggcctt gtagcttaaa tggacaaaag cgctttggtt gttaaatcta 84780
tttgggagag aagcagtaag tggtataggc ggtcgcctgt taagcgaatg acagtgagtt 84840
cgaatctcac ctctcccgcc aattttactg aaaaggttat ttaattaacc taggcacgcg 84900
taggaatact gccaccgcaa ttgaaagatg tggcccggtt tggagaggta tgccgctaca 84960
cgctacggtg ctaactccgt ctaggtgaaa atcctagtca gtaatacagt attagggtaa 85020
gaacagcgac ttaggttgca gtgaagcgtt agcaatcggt ggaactccgg tgcgccctaa 85080
ttaaacaatg catcattggc cgagtgacta ggcagaggct tgcaaaccct cgaagcatgg 85140
ttaaaatcca tgatggtgct ccaattacca gaggtactca tgattaagta taaggcgttt 85200
gtaacaagag agtcccaaac aggagattca agtattaaat tcgaaggtac aacgttacat 85260
gatacatttg aagccgcttt aacagaggcg gaaacccata tagtatcgaa aagctgctat 85320
gctcatgtat gggaagtaaa cactatttta gatcgctagc tcaatggtta gagcactcgc 85380
cttttaagcg ataggttccg ggttcgagtc ccgggcggtc taccacatta tgggacttca 85440
gctaatcggc taagcatcat agatagcggg gaatcccggt ctgtgagggg agtaacacgt 85500
agtctcccaa gttccaccaa acatcagagc agcgtgatgt actgcaaaga cccaaagacc 85560
ggggtggact tcttgattca aaggagcagg cacgaattac gcaactgtag ctcagcgagg 85620

tgagagcact ggtttgaaag tccaggggtc gttcgttcaa atcgaaccgg ttgcaccaaa 85680
ttaatagtat caatagctta tggagctgaa tagtcctaaa gctcacggta aagcagctgg 85740
ccgttagtga gcagacttgg aaacgtctgg tgatctctag gttagccggt gcgttggttc 85800
gaatccaact gatacttcca aatcccaagt agcccgttac aggctctctg attaaactca 85860
gacaagcagg taatgggtga caggataaaa taagccactg atttccggcc gtttgacgtg 85920
gtaaagtcct ccagtcaaga agaatttctg cgtgcagaaa tcactgaaag caatggggca 85980
gacaacttga gatagattgc ctataacgtc tcaagtagtg gcattgactt agggtggcat 86040
tttcccgaaa gttcgaaaaa ttcatttgct aaacgctctt atttataata taatatttat 86100
ataaattaat gagagggctt acctaatgaa tcaaaaaatt cttatgcgat ataatccacg 86160
agctttatgg ttccgctggg aagtgattgt atcgtaccag atacgagtgc gtaacggtga 86220
tcctgagaac aacattatcg tgctggagac attctctaat agagatgcgg cagttaagtt 86280
cctgaacacc atcgacaata ctttaatcaa ggtatattaa taatggatat ctttactact 86340
cctgctatca acttggtcgg tgtcggccta ttccaggcaa cggtctatcg tattgatgat 86400
agcactgacg ttgtaacgtt cattgtaccg gagttcttcc ttgagaagtt ctttgaagag 86460
tttgagcaat tccgtgaaga gcatgatgct tactccaata tggaagatct agcagcgatg 86520
ttcccaactg tatacggcta catctttgaa ggcaatgatc tgcttttgga taagtcagag 86580
ctggtggaac tcaactgggg cattagcttt gaagtgggct ctccgttccc gcggtatttc 86640
caaggtctgg agattcgata atgggcggct actctaattt catcgagaat tacattaatt 86700
ccgtagattc ctggaatcag gaaactctag tggtagtgct taaagagaga ttcaatatct 86760
ctactctgga agccctagag gctatagaag cctacttgga taacgattaa cacccacttg 86820
gtccaatctg gtagaggcat gaggcttaag acttcagggt tcccggttcg agtccgggag 86880
tgggtaccaa attatggggc acgactgatg gggaagtcgg cctggctagg gttgagatac 86940
ggttcgattc cgtaggcaaa tggtctcgta attccgcaca ggtgatggaa ggttcgagtc 87000
cttctcccat aactatacaa attcccctta gctcagtctg gcagagcggg cgctttggga 87060
gcgtcaggtc aagtgttcaa atcacttagg ggagaccaat cttgcctcaa tagctcagcc 87120
gggagagcaa ccgccttgta agcggtaggt cgtgggttcg attcctactt ggggcaccat 87180
tttcgctggt tatggttaca gtgtgattaa gtttacattg tcattaaatt ccggttcaat 87240
tccggaagcc agcaacccta aaaggtaagc atatgaggat tctttccata gaagatgtta 87300
tgtgtgacag atgctacggc tccatattct ctggtggctg tagttgtaag taatctatct 87360
aatgaccttc tgtagatgta aaataaatat gaagggtcga tgctcgcggc taccgacaga 87420
tcgtaatgat caagtagtag tctgaggtga agagactagc ccattaattc cgcgactaac 87480
tgtacgggtt acagcgtccg ccttccaagc ggtactgagt ggggttcgat tccccctagt 87540
cgctccaaat tcggtaaaat gaccgtcccc tgacgttacg gggaattaaa caaggaactg 87600
ggagccggta aggccatttt atcgatacta cttgagaggt acaacaatga aagcctttga 87660
tgcagaacta gtgttctcac tcttagctga gatggaagcc tgcgtagatc gtgtacgtgc 87720
gctgcgtctt agtatgttta gctcttaaat tatttgctgt tctagagcca atgtagtccg 87780
gggtgccgac gtctgcctgg aactcgactc taggatagtc aggacgtcac ttaacagcca 87840
gagatggcaa actataggag aagcaaatgt taacagttaa ggtaatgtca cctaacggtg 87900
gcgaagaaat tcacgatggt tcaagcgttg ggtttaatcc taagcagaag agcatctcta 87960
ttgctggtct tgatcagcat atcttcctga aagaagatga ggtagcctac gttatgaatc 88020
agaatggtaa gacagtatcc gtctaccacg gtagctaatt ttattccccg agtgttactg 88080
gacagcacgc cggtctccaa aaccgtgcag taggagttcg agtctcctgg ggtttgccag 88140
tttaaaggag tgatcatgat cacttatagc accaatttta tggggccagt ctccaacaat 88200
tggtacatcc gtatgggtat tccgtatacg gaagtaaccg agccgaatcg ttttgcagat 88260
ggcgggcaac taactcgaaa agtatttgcc aaacgatatg ccggtggtcg cattgacgtt 88320
cgtggtactg atgactattt cggccaggaa atcggtgttc cgattatgga ggccgagtct 88380
tggaatgaac tacagcagtt tctctggaca ttctcgtccg ataaggttct gacattggag 88440
caaattgtac aggctctaga ggacgagaca ggttttcgca ttgtttggtt taaggagcca 88500

gcatgtacat agatcgtaac caactgttca agttcctaga gcttgacctt cgttggcctc 88560
tatcagtcaa tccgggacga gctactggca agacgttcga ggctattaat acagcctatg 88620
agtttgcagt atttaaaggt attcaagcag tatacgtagc atccggtgtc cgtgaaatgg 88680
cacgcctaga gaagaagtat aacgagcttc aacctcatgt taaaattaca acgtatagca 88740
tgttagaacc ctaccgtata ggtcgtcgat tcagctgcat catgtttgac gaacctagct 88800
tggctattaa gtacggcgta aacgcttacg tggttcgtat agccagagaa aaccagtgtc 88860
ctgtaattat ttttggagag taaagtggaa caagaatttc aagtcttcgt agacgcctct 88920
aagagagttt tattcataca agccaccgat gaaggtcatg gcctgcaact ttccttcgac 88980
tctctggagc aaataaacca gattgttctg agggcacaaa aatcattaga aaagaacact 89040
gaggcacctc ctgacctcta aacaaaagcc ccttgtctct ttgagcgagg ggctttttct 89100
ttataaattc acttgcaaaa atgccaattt tgccgtataa tagatttata aattgatgag 89160
agagatttcc aagatgaaag taacaatgga aaacacagaa gagtttattg ctatctgtac 89220
tgcgtatgca gatacgcttc cacctgaggg tatggacgac catacaatgc agttagtggc 89280
ggatatctac agattagcag agttagctaa agaacaacac aacaggctgg tgtacgtcaa 89340
agaacgcctc gaaatgatgg ataaggagta atcaatgaac gaactcaatg aactgaatga 89400
attgcattac gctgaacgtg ctattgacga gctggatttc gctggtggtt attatacccg 89460
acacgtcaac gcaatgaccg ccgaagggct taatagtaag tctgcgattg ctgcggagtt 89520
agcagttcgg gactttgtta ttgatagtct ccagaagact attagcaact tgagcgaaaa 89580
caacaaagct gctctggaag ccctggataa gctgtccaac catcttctcg cattggggat 89640
caaataatga ataagcaatc tctacgtggt atccgagtat ttcgctctag ccttgttgat 89700
tccttctata tctggggcaa ggcaactcga cgcactgttg agcaagcact agacggtacg 89760
ttctatgatt ggcgagaaaa agagcgaaac cccgtattca gccgcccagg gctgtatcac 89820
gatcgtgtat ctaagacagc gtggtacgaa attgaagtaa ctcctggcgt tatcagagcg 89880
ttctatacgg attgggagca cgaaaagtgg gtttgggaca atcagattgc tcccggtgat 89940
cgtattatga actatgccga atataaagaa atgaagcgca tgttcgagct atacgatgtt 90000
cctaggctgt ctcgcccggc tatcttcatt gctagccaag agtactggca tactgttcgt 90060
atgaagcgtg attttaacaa gcatcacctg cgctatgaga aagaacacgg cacactgcgg 90120
gaacgtgtgg ccaagagaaa agccgaactg cgtgaaaaac gcctggagaa gaaatatggt 90180
gaaagctagt ctcttacgct tcactcctgg agttggcctc cagtataaaa ttgttggggg 90240
ccacaagttc caatacttca ccccgggtaa gctctacttc gtcgagctac acgatagtag 90300
agcaggctac aaattacgaa gcgacgcaaa tgagggcatt tgggtgagct tcacacaagt 90360
taaacgctgg tttacagttg aaggatataa tgattatgag taaagttgta tatttcgtaa 90420
aatgctgccg tgacacctta gagttggtcg accacaaaat gcagacctgt aaatgtggtg 90480
cttcctccat agatggtgta gccggagcct acgtccgttt tctaggcgac aaaagtaact 90540
tcatgcgtct gaatgagttc cagctcgaag ttgaaaagaa tcgaccggct ctagaggcag 90600
aggctgagcg tctcaaagat ttcgatggga acatcgtagc atataacatg gtaagcggta 90660
aagacttctg gtctgaactg gctgaaaaac ttaacatgcc gcggcaggcg gctaaggctt 90720
tatatcatgg cttcaactac tcgccacgtt ggaattaagt tttccaacag taacagaact 90780
tacgtttacc gagtacctag ttattggaaa tactccccgg agataggtga tgtagtagtc 90840
ataccgggga atgttatgtt taataatcct cgtcgcgcca aagtagtaga agtgcatggt 90900
atgtatggta agccagagta taaagaaaga aagaacatct cttatgtaga gctgcatgat 90960
tacttaccga aggaggaacg taatggacga taaaattgct cgggaagcaa tagaacttgt 91020
tcgtaaacga ctggaagaac gtaatgtcga ggtgccgaaa ataatgctta ttggctacgg 91080
cggcatcggc ggatttccca gcttcactga cctagaaaga atggaacgag agtcccaagc 91140
cagctttcta gagttagaat cctacgctcg ggaaatggaa cacgaacatc cgattggtaa 91200
taactttatg ccacgtagct cccgccagga ggttactcac ggcaagacta attcctggcc 91260
cactccgaaa cgcagaggta gaaaatgatt actacaggat ttggatattc tcacgaagaa 91320
ttgtgcaaaa tggttgaaag cgctccgttt attaagaagt tagtcgaaga gcaacgaccg 91380

gtgtgtttac atgctgcctg taccaagtgt cacggtactg gtgttgataa aaacggcaag 91440
atgtgcgtac atgcactgtc ctgcccgtgt cctaaatgta gctggagctg ttaatatgga 91500
tctaggatat tgtgtagtac atgaattcat ggagcagggg ttgccggatc gtatttgcgt 91560
tgtaacctct cgtaatctgg aagcagccca atcactagtg gagcgactct ctggctacta 91620
tcgtgaccat gaacgttacc agcagaaagt atttgacctg acaaaactgt accatcaaaa 91680
agctctggat atgccaactc cacagctgga cgatctcaag cagtttagtc ctgaggcctg 91740
gtatagcgtc aaagacgcca gtccggtaga ctataccgta caggtattct cgcattatgg 91800
tactcgtcac tggataaacc gtaaatggga ttccatggtt gactacctta attcggaact 91860
cgaaaagggg gctgccgaat acaaaagaaa gcgtgccgaa gccaaagtat tgaaaaattc 91920
agttgcattg taggcgattt ttcgatataa tagttacata aattgatagg gagagcttca 91980
tgagcaaact aagtattgaa agcattatcc gcccgttaat gcacgggtat gtacaaggtt 92040
cctgtgtaag cgaaactgaa gctctcaatg ttatcgaaga agagctggtg gctaacgggt 92100
ataatcttca cgaaggtgtt atcgaggatc tcttctggca gaccgcggaa gatatggaga 92160
tctttcggtg cgtgaattgc gggtggtggt gtcctgcttt tgaaagggcg gagaaccaaa 92220
tagaggaaat ctgccgggac tgcgagccag acctcgaagg tgaagtggat gaacaagata 92280
acgaaggtga agactatgag taagcgttca attgcagcaa tcatcgcatt cagtatgatg 92340
tactctggag tatctctggc cgcagagcgt aacaaagtag agatctctga taacgggcgg 92400
gttcgtgtaa caacgaatgg gattactaaa ggagctggta agtttcgtaa atctgaaacc 92460
cgttttgggg aaactaagat ctacacgaac aaaacctatg gcaagcccgc tgtgacactg 92520
gaccgctatg gtcgtcaggt agaagacgag gatgatagcg atgagtaatc ttcaccccaa 92580
acttcaagag accctagact ggattaatga agagtgtgct tttgaggaag ctccttactg 92640
tgtctgggca agagctggtg cagccccctc ggagtggtgt actgtgtttg ataatcgcta 92700
ccggataaca gttgaactaa gcctaaaaga ggacaaagta tacgctaaag cctctatgac 92760
cgcgctagga ttatccgggt tcgtggagat gcaagagctc tgtatgccta acactcacct 92820
tcgggttcag atcgagcagt tggcaacaat tcgtttgatg ttgccggaag ataacatcaa 92880
tgaccatttc cataaggtta ttgaaaatga atacaaacta cggcggcaac gtcgcaaagc 92940
acgacgggaa gtagagaaga ctcggatgat gtgtaacatg aatccacacg tataacggta 93000
gggccgttat aggagtcacc ttcctgttcc tatccggagt cgtgcccgcg atgaacgaag 93060
tggtgagttg gtcgccgacc actaactaat tcaaagacaa actgaggaag caaaatgttt 93120
actttattta tactggcagt atcggcgtgg atggcagttg gtatcaatca tggtctggac 93180
tctgctaagc tgctgtcagc taaagccttc gagttcctgg ctaagtttgc cacccgtaaa 93240
gatatcgagg ccatcatcgc aaaaggcggt gccaaagatg catcgagtgt cctgaagtcc 93300
ttcgataaga tcctagagct tcgtaacggt aagcatgccg cagagctacg ctgtatgagt 93360
cgcaagacca taggcagact gtgtaaggcc atcttcatcg tacaggggggc gttgaaaggc 93420
ccattcgcta agtataaacc ggatagtatc aagcgagcca agatctttaa cgattactgt 93480
gtggaacacc acccgttaaa tcgctaacta cccaagccca gcatcgaaag gtgttgggct 93540
tttctttttt aaaaattact tgcgctctcg cttaaaatgt tgtataatag ttttataaat 93600
gagaggagaa ctaacatgcg tattatctct aaattaaagg acgtatatga tctacaaggt 93660
actatgtatg atgcagaaag agcatggtat cgcgaagaag tgaaagaggt tgtaaacgta 93720
tccgctgatt tcgaacaaat tattttctac gctgaaatct tgcgtaaccg cacttcctct 93780
ggatatgggg gtgttaatat gggaactctg gaagttcgtc cagtattgat ttgtggtaca 93840
ctacgctggc tgtacggtta tcacactggc ctaggagcag atgctgtgca tatccagact 93900
ttcgatccag ttaaggtaaa agaggtactg gaagaacaag gatactacct gcggatgggt 93960
tgggacatga atacgattga gaagatcgac gctcatgttc gtaacgcaac cgccacggct 94020
tctgcgttcc tggagacttt caacaagccc attgcgatgg catgggatgc cgcaaagtct 94080
aagacagacc caacggttaa tattaccgtt aaaactgatt tcaacttcca tgcggaagat 94140
ttcccgtggc aggaaattga tccaaacctg tatcgctggc accagacctt agaatcatat 94200
atcttcggtg tgctgggtca aggggaacca aagaccgagt ctacgtctga tcgtgatcgg 94260

ttaattgcta agggcttcga tgctaaagtt tctttcagga atatggagcg gtaagactgg 94320
agcaattctg tttctggcaa ttgcagcagg caccttcggg ggtgcctact acattaccaa 94380
taagctaaca gatatgtcca gttctttaca gtccctatca aaccgtaatg aacaactaga 94440
aaagacagtt ggtaatctcc aaacagagat tcgaaatcga gatcgcaata ccactaccta 94500
cataaccaac ctagctaaga accaggaaga tctggatggg cgtattaata aactggatgc 94560
agctagagcc aaagagggcg tggttgccgc taaacctaaa cttgctacca aagtggcaaa 94620
agacaaagtt aatgagttcc aggagagact ttcatgcgta actggaaata tggactcctg 94680
ctctcggctg caattatcgc atccgggtgt gcagaacggc cagacccaag tagcacagta 94740
acgggggttg agccacagca cctaccgtgg ccagcaagcc tacagacttg cccgtttaat 94800
tttgagttca taaacgaaga agggaaagtg tatgttcgca taccttacca agattggatc 94860
acgatgggca agtgtaatga gcaggtctac acctacattg ccaatctgac tgcattaacg 94920
tgtacctatc gcgtgtcact taatgaatat cgttgcaaac cgttcaataa ggaaacaaaa 94980
tgaaatacgt tttaggatta attggtgatg ccggcgcagg caaagacacc tttgctgaca 95040
tggctaaggt ttgggcctgg gaagtcctcg gtccggagta ttctatcagt aaatttagtt 95100
ttgcagctcc agtttacgaa ctcgcggctg taatccttgg agtcacgcca gaaaagctgg 95160
cagagcgcag gacaaaagag attaagcagt ggttttgggt gactcaggaa gcccttgagc 95220
gtactgctaa cgtctggaag cgttttggga tcgacaagta cgccgatttc tcttacgttt 95280
ggcctcagtt tgaagcgtca gcactatatc cgttgattgc taagactgcc ccagactttt 95340
atcaaggtcg tgagaccccg ttgtacccat tatacacgtc ccctcgtaaa atgctagaat 95400
ttgttggcac ggagttagga cgcgctctgg tggatgagaa cttgtggttg aatattgtgg 95460
tagatcgtat cactgctacc aaagctgaca ttagtattat ttctgatgtt cgttttgata 95520
atgaagccgc gctagttcgg aacttccccg gtgcgcagaa ctctagtatt cttaaagttc 95580
acgcccctaa caacatccac gctatccaat ctactcatgc ctccgctaga ggtgttgcac 95640
ctgagtttat tgatgatgtg gtaacaaata actttgacgg actggaaaat ttccgtaaaa 95700
atgtaaacgc attttgcgac gagaggattc tctttatata aggtaacaat atgggacaaa 95760
ttaataacgt agagcagaaa ggtggcaata agactcctaa ttacttcgcc tccctagtgg 95820
cgactaaggc agagtataat atttaccact atcatctcga tgggccgata gtcgatgtag 95880
actactaccg cgacctatca gtcactctgg caactatgca agagggagac actcttaatc 95940
tttatattaa tagtcccggc gggtacgttg atacagcagt tcagttgtgc aaccttatca 96000
tgaactgcca gggaaccgta attgggcacc tggttgggcc atcagcatca gctgcctgct 96060
caatcttcct agcatgtcat ggttggctgg tgcaccctta cgttatgttg atgggtcata 96120
cctatcgtgg tgcgcactat ggtaagggca aaaatgagat ccagcactat gctgatcagt 96180
ttaactcgtt cttcgaggat atgatgctag acctgtacta cccgttcttc tctctagaag 96240
agatcactga gatgatagaa ggtggtaagg atatttggct gacctccaaa gaaatcaacg 96300
aacgtgtaga tcgtatggct gcgcaccgag aacaagaagc tcgtaaggct gcgggtcaat 96360
aaaactaagt aggccagggc tttttagctc tggccttttt ctttatctaa attctacttg 96420
acatttgtct caaagtatga tccgagcaat aactataaat ttttattgca acttcctcca 96480
ataaagggta taattataaa tggttagagg aggttcttaa tggataaatt tatacagttg 96540
atatcgctgt tactacaaga agcgaaggat ccagcttctc ttcttaaacg tttgctaacc 96600
ttactggttg gtctagttat ctacctcttt atagctaata cgagtgaagt catgtcgtac 96660
ttaaagactt tctctacttc ggcggtccta caagatgtta aagtacaacg cacactagag 96720
tttccaaatg tggcacgaga gaaggcaatg atcctattct cacagactcg agctgatgcc 96780
gtcttcgtgg ttaaatacaa gcctgaggct ataaatgatt accaaactat catagcttgg 96840
gaaagcaacg ttcagttgga taaatccgat gtatccgaca aagcagttga caagacgtct 96900
atgctctacc gagcgcattt agacggtctg aactttgcaa ttgatgcaag ggaaaaacga 96960
ggtttatcga agtggtctgg aacgggtttg ccaccgttca agagtgcaaa tttcgagtat 97020
gtgtacacgt gcccatattt taaccttaat aacatctact ctggatatgt tgccgtcgcg 97080
tgggagaagt atcccctaca agacgaagac atgggtatgt ttaatgacta tatggcaaaa 97140

atctgcgcat cgccgcagag atcattaggg agatcaatat gagtttcaga tttggaaacc 97200
gtagtctcca gcagctcgat actgtagatc ctaaactcaa ggctctagct attcgtgctc 97260
tggaactctc accgcacgat tttaccatca ttcagggcaa acgtaccgta caacagagtg 97320
cccagaacat tgctaatggt acttcatttt tgaaagaccc tagcaagtct aaacacgtta 97380
cgggcaaagc cattgacttc gccccatata tcaatggtaa gattgactgg aatgacttag 97440
aagcattctg ggctatcgtc ggtgcattta aaaaggccgc aaatgagatg aacattgccg 97500
ttcgtttcgg agcggattgg aataactctg gcgactaccg tgatgaaatc caacgtggta 97560
cttatgacgg cggacacgta gagttactgt aacattaagg ggagctttta ggctcccctt 97620
ctttgtatgg agcaagcaaa taggaggtgg ttatgtttgc aagtttagta actataatgc 97680
tactcaagat atttcaattc ggtatagtat tcttttccgc aacatggatt ttaatacgcg 97740
gtgccattta ttttcgcaga acacgcttag ctagggttgc tagatggctt ctacacttcg 97800
tatttggtat tttcggtgtg ttccgctgcc catgtgagaa aaagagggga acagggttct 97860
gctggctctg gttaggtcta gagaattgct tctcattgtc cttagcgcta ctatttggta 97920
tgatagtcct agctataacg ctagcattta taccactaat gtacgcaggt ggggtgacgt 97980
ctatcctaac ccttacttct cctgtgttga tgtactcagt ataccccatt acactatttt 98040
tcgtaagacg aggcaagcac tgcaattaat gaaaaattca attgactttc cgctcgattt 98100
agcgtataat atatttataa attcgagaga ggagatacaa aatgtcagac agattctaca 98160
ctcaaatgtg cgagcatttt aaagtatctc cctacgagtt aaatatagct ttgtgggatc 98220
gtgaatcacc ggagtttaag aaaattgcta agaaatcgga gggtgttatg tccaacggta 98280
agaaaatgac ccgaattgac cttaacaatg cgctaaccaa actgctcggc gttaacattg 98340
agggccagaa gctctctatg ccaactttga ctactatttt ggagaaagtc aaggctggag 98400
atgttaaaaa agtagcagtg cctgagggtc gtctgaaaaa gccgtatcag gaggctataa 98460
ttgaggcttt cggagaaaag ctagacctgg ataccgcaac cgtaaaaaca atgaaagcac 98520
tactggagag tattaataat gtctaagaaa attgtattcc ttaaaggttc tagctgcgtt 98580
ccttgcaagc aatttgaacc agtttttgat aaactcaccg ctgagttcaa cctgcccgtt 98640
gaaaaacgca cggacgacgt agattcccta cgtaagttcg gccttcgcac tgtacccgca 98700
gtagtcctgg tggatgtgga gaacggacgt gaagaagcac atcacattct tagtggtgcc 98760
acgcttcgct ctgcagtagt tagtaaagct atccaagact ttatcgacta cgtagaagaa 98820
taatacctaa ccccggctca atacgagacc ggggtttttt attatttgct aaacgcttaa 98880
aattttgata taatatttat attgaattga gagaggatta cacaatgact aagcaagcat 98940
atcttatcct gaataatggt tttgcagttg gtactacctt cgttgatctg gggtatacaa 99000
aagaagagtg gcaagctctc gatgctgccc agaagaatca gcttgttaat gaagccgcct 99060
gggagtatgc agaggcttac gtggaggcgg tagatgacga gttagttatt gtcgtttccc 99120
ttggtgccgt aggttgtgat gctcatgtac atacagactt ccagagcgaa gaagagtggg 99180
atgagttaga tctaacccac caaaatgctc tgattaacga agcgttctgg gaagttgtag 99240
actgctacgt tgcgttctgt aaggacgatg atgaagctaa cacctgcact aactatggct 99300
atgaacacga cgatgtggag tgtgcataat gcaaaaattc tctagagact ggtcttctga 99360
tatggcccgt aaaaatcgag ctgctgccta ctataataag aaaatacagc tcgataagtt 99420
aataaagggt atcacctaca atgtagagag gggcttttct ggtataaaag tagatgctag 99480
gagcctggac tactcgtgca tactgtgggc taagcagaat gggtacgcgt ttaaacgaat 99540
aggcaatgag atactgattg cctgggaacc cgaaggtcta gtgcaatacg taatatacga 99600
cccttatcga ggggaatatg taagagatca caggcagcag cccacagact tctcgctgcc 99660
aaaacgttac tatttagaga cgaggtatta atgaacgtac atgaaacagt taccgtgccc 99720
gacaatgcta atatcttctt cattggggat attcatggcg agtacgacat gatgatgggt 99780
gccctgaaac ttgcagggta cgaggaaggt cgtgactacg tgttctgtgt aggggatctt 99840
atcgaccgtg gcccgaaaaa cttacaggtt ctagcgaagt tcctgtacaa cccgaaattc 99900
cgctctgttc gcgggaatca tgacgaattc atgatccaag acgactacgc taactggatg 99960
tataatggcg gtagctggac tatcacggaa ggtttcgata cggataccat gaaaggtatc 100020

gcggaagaca tggacagcaa gatgccatac attatgaccg ttgaacaccg tggcaagcgt 100080
tacggggtag ttcatgctgg tatccctctg cgctaccagg ctcaaggtat gggtgtaact 100140
gtaccggtgt gggacgacat tgtgcacgaa cacgaatcta caccagattt acgtcgtttg 100200
ggtgtactgc tgtgggatcg tgatgtaatc caagaagttg ggtttaatct gtatcgtagt 100260
ggggagaagc atccgtactt cgatcgctac gccagcttct ccgaggagtg cgcagtcgat 100320
gtgcctgaaa tcgtgggagt agactacacg tttcatggcc atactggtgt cccgttcccc 100380
attcgctgga agaaccgtgt ctatttggac acaggtggca cctttaacgg tcgtatgacc 100440
gtggcgtcgc cggttctagg tcaattatac acattcacca cagatcgtga tgatccttgt 100500
ggttccgctg acattattta ataggtgaaa catgaaactt ttcaaagatc tggaagaagg 100560
tgaagtattc gtagttgctg gtggcttcga gttgcagaaa tgtgtagcaa tgctggacaa 100620
cggaaactcc gtgtttacag acgacgcgaa tatctcggtt actattgccc cggacactga 100680
aacctggaaa cccaaagaat tctgggagat ccataaagat cgtccattgg acgacctact 100740
ggacgacatt ctattcacag cctgaggtaa atcatgaaac tcgaatctcg ttatattgta 100800
tttaagcagt cagatgccgc taagtatcta accagcactg ctattcggga gataaacgac 100860
agcttatccc tgatctataa aggccgagag gctgacggca aggtaggatt cccgaactat 100920
atcgttctag aagaggattg gccggagtat cctatcgcta aagaagctct agaaggacgt 100980
atcgtgctgg aagagtttaa taaaagggcg gagaagaaac gtggggctaa ggctgcagaa 101040
gatcactata agcagcacca gtctacggaa ctactccggg gtatttctcc attctgtgca 101100
gggtggaacg actacatgag aagactggta atcgaggagt aaccatgtat actggaatgg 101160
gaaatgatat ggccaagatg tttattggcc tcttaatcct ggctgcgtta gtcggtgcag 101220
caattgtagg cggaatctgg gcgctcgtag catttgtatt ttaaattcag ttgcttccga 101280
gccaattttt ctgtataata gctgtataaa ttgatgagga agcaaatatg aaaaacgcaa 101340
tgatcgaact gaatgcaaat atggaatccc ttcgccacgc agttaacacc gcccgtgctt 101400
cttttaacct gctgatgcgc gatgagagca taccgctgtc cgctcgtgtc aaggcatttg 101460
aggagttcgc cgatgagctt cttcatatgg gagactatct cagcgactcc ccgtttaatg 101520
aagatcgccg ggattatcaa cacgcctact gcaatcgtgg ggaaatagtt tacctgaccg 101580
atgttctgga gagtgtgctg gagtatgcga actctttcat gcgaactcct gacgaatggg 101640
aagacgcttc gaacgactat gttctagacg agattcaaaa gaactggcca gaaattaaga 101700
aactggtaga agaacacatt cattctgaag tttacgctta ccggatcgat tggtaaaaag 101760
tttaaaaatt cacttgctaa gtagttagaa tttcggtata atatacgcat aaattaacga 101820
aacggacgga aatcattatg gctaagaaca ctatctctta caccactggt aaaactgctg 101880
acgaacaagc taacaccctg accaaagacg aaatggttgc ggtactggta atcctgctgg 101940
atatgagtgg gttcgaaggt cagcttgcta aactgtctct cccggcactt cgtgctctgt 102000
acgaaggcac taacaaaaat gctgcggcct acaacctcgc taaaaatgaa gcgcgctggg 102060
ccaaggaaca ccagcaggtt gctgaacgtc gtgctgagag tttcgaacgt gacctgaaac 102120
gtgaaaaggc gaagaaaaag taatggtact agaaattctc tccgggctgt taatagcagc 102180
cctagtaact ggaacgggtc tggcggtttg ggtatcgata ctgcgggaaa ataaccggag 102240
aatgagatta accaacaacg ggctacacga gaagttgatg gatcaagtac aagatgctga 102300
tgaattctct gctgcggctg agcgactttt agttcgcctg gcgaagattg aagagattat 102360
cggccaagat tccacaatgt cgaagacaac caaaatgcgg ttgatcacgg agattaagaa 102420
atgatctcac caattgtagc ggcactttac ttagtagttg ttggctacct gtccgggaag 102480
taccacggct tcggtttaaa aggtactatt aaggcagcaa tgctggttcc tctgtatcct 102540
ctggcaattc tgttaaccgg gtactacgcc tgtgttttaa gaatctttgg ccggggcaaa 102600
gttaactacg ataactgcac agcgttgctg gacgatattg aaaacaccat taagaaggaa 102660
gaaaaatgaa ccttaactcc aaagaacgcc aagtgttagt agatgctctg cgtcaggtag 102720
tagaccacga tttgctttgt gatgaagata tcgttgagtc aattgcccta atcgccaaga 102780
ttgagcttgc tgagaaggac tcatggcgtc ctttgagtga gcttcctcct ctaggcttgg 102840
caatcgtagt acaacgtgct gatggcgctc cgtttaacac tgtgatggtt cgcagagatc 102900

tggcaaagtc ctactccccg gatatcatca cgttgcacac taagatcacc aacgaacctt 102960
tcgagtttaa tactcgtcac tattactgga gactgaccaa tgcttaatca gcttcgaatc 103020
tataatttcc tggattgcaa cttccaggtc tggcgagaac tccccagccg tttcctaggc 103080
tgggcattat tcctctccat ggtggtttca gtcttccata acgtcccagc gacgttctat 103140
atggaagcaa ttcaaccagt cactgtattc atttacgaga tgtacctcgt agcaattaac 103200
gggtggaaag atggccgcat caactgaagt tttaaatcaa tattttaatc gtgagcacca 103260
agagttcagc gatctgttca tccagatgtt cgtcaacgct aataacgctc tggactatcg 103320
tttcttcaac gagttccatg agaccacgtt cagccatcag gatattaact ccgctctgaa 103380
agaactcatt ggctctaaag tgataccatt ccgacagact gcaaatgcag agacactaga 103440
gcttagtgtc gtttggggct tgttcaagaa agcatatgag tttggcaagt atcagaacgc 103500
acgtcactgg atttacgagg tgtatctaaa cactgaagtc attctacctc gccaaatgat 103560
gttgggctgg attgcaaaac aacgtcctga acgcaatgca aaatcattcg caccaattaa 103620
cgacgggaac ttataccatg caagtgaaaa atttgatgct ccaaaatccg tggcttgatc 103680
gcctggcgca agtagagaag atgcttctgg ttgaaggtct gaccgaagaa gacatttgtc 103740
tgaactcctt ctacaactgc aaaactcatg taatgcaggc gctagacgaa gaacgtgttg 103800
aactgagtaa gtttatggtg aacatcgcca cagctcaagt tcactggcaa acccagggct 103860
tatccgccga cgatatcctg aaacataccc tgaacgctat tgcagagtat gggaaagctc 103920
gtggtgaagc tctcttggct tcaaagaaag agtttgataa atcggagtca atgctgaaaa 103980
tggcaatcga tatccatatg gaaggcatcg acggtactat tcactaagag ggtgacaaat 104040
ggctaagaaa cgcgttgtgg taaacttcct agaggaagat tctggggact gcgagtacgg 104100
ttgctggaat actggctacg gtgttgaggt tatggtggat ggcaaatgcg tccaccgtca 104160
ggaagcctgg gcaagctgca ctaacaacag cagcgtagac tttgacgtat tggcccatgt 104220
tcttcagggc atcaagacga aagaaggcta cccggtcaaa gcagatcaca tcgactttgg 104280
agatccttcc gattatccag aggagtttct ggatctgttc acctaacaaa gaggccaggg 104340
ctaattgctc tggcctttcg tggtttaagg atattaaatg aaatctatag acaactattt 104400
gcgcggggaa aaccctgtag atcaagcagc agttactgtt gaaaaggtca ggaaagagtg 104460
ttttatactt actcaacgtg gaggtggtaa tcggcctaat cgagtgtatc ttaattggac 104520
tcagtccaaa gacctgtatg agaggttgaa aagggaattt gagtagtgga agaattaaga 104580
cagaagataa atcaagagct agtatgggaa gctaaatcct tccccattaa tcaattcctt 104640
aaacgtgacg gttcgatcaa ccataataag ataaagcaac ttaggccaga tttcaggcaa 104700
gatgctaaga acctcatctt tattaaccgt gctctagacg ctcatggagt attcttcgga 104760
tatgagaagc tagtgttcca cagcctaaat cagctggtgg aaatatggtg tcccgaccat 104820
caagattact ttatgcaaac tgctagaagc caccttgagg gtaacggttg ccaaaaatgc 104880
aggcaccgca tggttaccag agttacggat tatggaagtt acaccgtgcc agcatactat 104940
cacaaatttt caattgacgg agactccatt atttggtata ataactccag taaattgata 105000
aaaccttgg aggttaaaga tgaaatacga ttccctgaat aatccgagca ccaactatct 105060
gactgaccag tcagtttctg agatcaagtt ccatccgaac tactccccgg actctagcaa 105120
gccgagtgta gcagctatct ccttccgctt ccgcaatctg cgctttacgt tcgttggaga 105180
ggaagacaag atgatctcta taattgacaa ggttaaagca gtaagcgagc tgtccggtag 105240
cgataccgtt aagttcgaag cattaacctc gttgctgctg actagtgggg ctaccgttgg 105300
taagttcgaa cttattcagc cgcatgtttc tgcactgacc aataccagaa acttctggga 105360
tcaagccaat gtcgagagtc tcataaaatg ggatagtgct actgagttct acaacaagta 105420
agagggctag gatatgttat tctgtacagt tgattttgaa gaagctaacg aaacgtatat 105480
tgtctacggt atgtctgaaa gcaaagtacg tatcctctgg aatcagttcc aattagaagt 105540
accggacgac atatccaaga ctccgaaaga cttctttcat ttaatagata ttaaggcagt 105600
aaaagctcgt aagaagctaa ctccttatgt gttcccaggt gcagtattcg tccatgagtt 105660
aacagcgtat actaacgtgg ttctcaaaaa gtctcgacag cacccaggct atctcacgat 105720
gttgacgtac aaagttggag ctattcacga cggtgagctg gtggttcggg tagatgcacg 105780

cttgcagcaa gaagtcgaag aaatgattag gcagtgccaa aataaagcag aattaaaaca 105840
aagagcacgc ctattcgaca tggcagcacc tagcgaggca gttgccgcat atcacggctt 105900
ttataaagaa atagctgaat ccgatgaaga tttctttatg taagaggata acacaatgaa 105960
cgagaaatat gaagtatgga ctccggttgg ggagaattgt agctatcttc ttcgtaccct 106020
gtgtactcgg gaagatggca catctttctc agaatacttg agtgaatgcc acgctaaggc 106080
ccagcaggac aacccgctat ttaagatcag aggagaggat atcctcaaag ttaacggcgt 106140
gccgtacacg ccagtggaca gtttcgccgc tcttcaggtg tttaaggaac acagagagcg 106200
ggagcaccgg aggatgattg aacgcttgac aggtagagag ccgttttcac atcctaggtg 106260
gaatgaggag acataatgag cagagttgaa aagctacaac atatctataa cctggttaag 106320
aaagctgacc aaaagaaact ctcagagctg agtgaagaag agtatcaagc agtcctcttc 106380
tgttgttcgg caatgccagc gaagctcgat ggagtactgg caaagtcaga catccacaac 106440
ggtaaggaaa caactttcca gccgccgtat aaatggctag cgtccaacat ccagcaaatg 106500
gtgggtaaag ttacgggatt ctcaaataga aagacgccta acatctttat tgacattact 106560
cctagaaccc ctgagtttac gaaggactgg agagacgcat tggattcatt tccgtcatgg 106620
aaagtctttt ataaacctga cgatgaaacg tatgcacatc ttccctttt gaagcaccca 106680
ggctacacag ttgaagaccc aagttctggg gttaatttca aagacttcaa gtgtactgac 106740
gagaacattg cttacggact catgagaaca tccgtgagga ttgcaatgga tcatgaacta 106800
gacaaacaag atctagcagt cattgcactt tgtaaggatc gttatattaa agttaagagg 106860
atcgcagaga aactttccgt actttcttgc tttgaaacaa tccgagattg tgaaccagag 106920
ggtgaatatc ctaaaggttc cctctactgg aaagatgtta aacatctagg actatcagaa 106980
gaagccgtat tcctaggctt agtagttacg ggaagattcc tgaggctaca ggagaaataa 107040
tttgtacttc gtctatattt tcgctaatga agatcagcgg cttatcccta ggcggaccaa 107100
ggtgggttac tcgcgtgacc cattttatcg tctaaattcg cttcaacttc acagactacc 107160
tcatcgtgga ttacaggata tcgttattca ttctgtctat ataatagatg acgccagcga 107220
gttctcagca aagttgctag agaaggccgc gcataaaaag tttaagccta tgcgagttaa 107280
tttcggtgac aagtttgatg ggcatacaga atggtttgat gttgaacctc acgttattga 107340
gaagttcttc ctgtcagttg gggcaaaaca agtacctatt gacaaactca tagcccaaga 107400
acaaaagatt cgtaaatcca cgaaaaagta gttgaaaaaa aataaaacgc atgttataat 107460
aatctcatag attacataca atttgaaaaa tttatgaagc taggcggatt atgaaccaga 107520
atcctggact cggggcgacc aagcctacga tgtcacagag actttctggt ctcacataat 107580
ccgcatgcct agcgcttcgt aatctcacat gaacgatgga gaacctataa ctataataaa 107640
actaaggaga aaatagggaa acgtgggaat gaactcacga ttactcacgt ttaaaagtag 107700
gtaatcctta cacaccatcg tttcgcggct ctagggttga actctagtca tctttctata 107760
cagggcggtt ctttctacac acctaagggg agggcggtta ttttccaacc ctaaaaatcc 107820
ataaccattt tctggaattg cacaaatttt cacaccgtct cacatatccc acgaagccct 107880
cacacatctc acgcaatccc tctagtacgc ccaagttcta agcgtcactc cacaaagtcc 107940
tcacgaagtc cccacacaaa cccacgtcat tcacccaagt tctaagcgtc aaacattatc 108000
ggatttgcac attgctccta gatattaaag aagccaagca tttctagatt tctagcaatt 108060
gtcggatttg cacatgacaa aacgattgtc ggaaatgcac attaactctg aatccaaaaa 108120
cacggtcgaa tttgcacata taaaaactac tatcggattt gcacatactc aaacgcttgt 108180
cggaaatgca cattattact gaagtacggt agctgtggat caaaatcttc gattctgcga 108240
atataaaata tctcctgaaa tttcaagcct ttttacacgg tgtgtcaccg tgagttcgct 108300
tgtttttag agccacagga attttttctg tgtcaacccc tttacccca tttaactcat 108360
aatattttcc cttatctgcc ccctgccccc atcatccccg aattgcccca attaaccccc 108420
tttatccctc ccccaaaaat acccatcgga tttgcacata ctcacccaaa ctcgcgccca 108480
ccgctgcgct gcagcaaact gcgcgccttc cccctaaaaa ttattatcgg ttttgcacat 108540
attagtatcg gatttgcaca tgcccctagg gcggtaaaaa taaattttca tcggatttgc 108600
acatacccta gcagcctcac gtaatatttt gcttgacaca ttgtcggatt cgcacataag 108660

cgcaggaagg gccgggggtc ggaaatgcaa atacgaatga gagtgattcg catttgagaa 108720
gttgaatgcg aatgataatt attctcgttt gataagctga atacgaatga gaatgattcg 108780
cattccggaa aggaagtgag aaacactatc atttaagtta tcaccagagt tatacaaaat 108840
tgtaaattag cttgacgctt gagaaggtcg cagacgagtt atccacagac ttattaacag 108900
gttatcctac tggttattta tacagtagtt cccggcaaca ctttctgcta atgtcgattt 108960
taagcgccct aggaagcgtt ctaagcgatt taaatttcgt gggggtattt tagtaagggg 109020
tcacgcggtg gaggagggcg gcgacactct tacatatcgc cgtggaaaca ctcaggccaa 109080
aagtgattta caactgaaac tattagcagg gtaatgattg cgctaataac tatcatgccc 109140
aaaaacatta ggccgctcat tattggcagc tctgcaaaaa gactagggtc ataataataa 109200
ccatgatgac acgaaaaccc cactcaccgc cgccaccgtc accgcctttc ttctgaccgt 109260
cacgaataac gttcaattgg taagtattgt ggctacggct tttgggacta ccaccgcgta 109320
aagttcgcat taaaaagcct ccttattaaa caaggtatca tagagggcat agccgcaaaa 109380
agcgataaaa cccaaaacca tcatagaacc aactaaaccg agcgccaaca ttgaaaaagc 109440
cattttcga tctcctatat gggtgagtca taataataac ataactctag cgggaagcaa 109500
ctactatttt tagtagtaga caagcaaatc cgatttccct atagtttgat ctcccggcaa 109560
gcatagaaaa attttgcttg ctaaaaagcg gagaatcttg ctataataga ttctcagcca 109620
aacaaaggag taacagaaga tgttacagaa atttaccccc gttgcaaatt tgcctatggt 109680
tcgcggtggc gctcgcaacc tgttagatgg tagtaaatgc gcctctatcg gtcatatttt 109740
aggcgtttac cgctcgaata tggaaagtag aaccagccgc gcttttgaac atagccgcga 109800
ctacgttcta gccaaccccg gcgctgcgat tgttattttt cacgacgatc aatatttagt 109860
tgacagccag cctattgatc tgatagtatc taccactacg gacgcttatt tgtataaggc 109920
atccgaaggt aagcaagcgt caagacgttt ttgctaccat gaaagcgaac tgctcgcttt 109980
caccgatgcc cgcgcatgga ttaaaaacct gtgcgatcat ctggaactac caccagcacg 110040
aatttctagc gaaatgatga tttttgtgct tgacaaagac ggaagcatcc tgctaccatg 110100
tgacccttac gatattgata tcgaagaagg ggcaaggact ggaaattatc gttatgatgg 110160
cgagctagaa gaagtcgccc cggctgttac tgaaaatgta gttaacccta ataattttga 110220
gactggagca ttacaaatga atactatcaa atctaccgct accgctatcg ttgccgctaa 110280
caaaaacgct gctgtaaacg ctgctaaact ggaagccggt tctatcgtcc tgaaaaaagt 110340
ttccggcatc gccgccagca aagcgccgtt tatggttcgc ggttatgttg acacggcggt 110400
aggtcgtgtg gtaattgcta acctgctgaa tttcgcggtt agccagtatg cgccgaacaa 110460
ccgcaaagcg gtgattgcgg ctgacgctgc aatgcaagcc gccatgttgg aactggtaca 110520
aagtttcaat gtaggcgaaa tgattgacga agtattgaaa ggcgtcaatc tttctagcct 110580
gattgaaagc gacgtagcag aataattata tctagcgcct ctataatggg gcgctataat 110640
aattaccctg ctaactaact ggagacaaaa aatggaacgg ctaaccgcta ctttcgaagg 110700
cgaaaagatg acgatcgcta atgtatggca gcgcctgcgc cagaatggcg atcgtggcaa 110760
ttttgctatt ttcatcgagc caaaaaactt ggataatctg gctcgccaga ttgaccgccg 110820
ggactgctac ccggatacag atgatatgct gggaatcccc ttgcggatta tcggggtata 110880
tggttacggc tttgatatct gtattggtga tagtagcttt gaaatcgact gcgaatccgg 110940
cgctaccgaa atcgaagtat tcctaattaa tttaggctcg ctaacgtttt tggatacgcc 111000
accagcggaa ccggaaccgg aaaagctgga ggtgaaaacg tccgttattg ttagttcgct 111060
aactatggat gagctggcgg atatcgtgtc aacgtatgac gaaattcacg ccgacgcgat 111120
taaagagcta aacaaccggc ttgatacttt ccgcgataag ctgtaaaatc cctcccggcg 111180
gctaaatctc tagccgcccc cattattgga gaaaaccatg tttcatgtga aatcttgcgt 111240
accgggcatt aattatacgg tagaagcgga agaaggttta tatttagagg gcgggcgaat 111300
tgagtctcag gaagtcgccg ccgtcctcaa atgtgacact aacgtttgcg gtacgtcctg 111360
gactgacctt catttttag gtcgtggaat tgacgtcgat tccctttcct gggaaaaggc 111420
ttgcgaacat gctgaaagta tgctaaacga ggatgattgg gatgatgacg acagcgacga 111480
aaaatacgcg aatgctgggg tagaagggtc gttttatatg tactggcccg gtcattcctg 111540

caacctcgtt aatggtggtt cgcccctcca ttccgttcta gagcgggcaa tctatttggg 111600
ctatatccag atagttgacg gaaaggcagt cattaatctg cgcgaattga aaacgtttat 111660
ctatatcccg gatgctgaaa ctatccttca tattgaggaa ggtttaaaat ccggttggaa 111720
ggttagcggg gtcgtatacc tatgatttac atctatgtca acaaatattt tctggcgcac 111780
tataaaacga tggaatctgt gatccagtac gttagccgcc agaatgcaag gcatattgat 111840
gaagtggcta ccctcaaaat cggattgcgg ggcgatgcta tcaatattag ctggcctttg 111900
ctaattctga tttgccgtga tcttgtagcg ggtaaacctg tttccgtttc cgcgctgggg 111960
gaatcttacc cgctttccga tgatctggat ctctatgatc tgctaaccaa atataaaact 112020
gaacgcctgt tttatcgtgg cgggtcggta tgctctagcg gcgaaacaat agaaacggta 112080
ttccgctaat agttagctaa ctaatgataa gcctgcttat aatgagcggg ctttttattt 112140
ttctgcgccc ctctagcaat ggcctttaat atggcctcta aatttaaagc gcttagaatg 112200
cgttatagag cgttctagag gcatattaga gtattaccgc tgccggaata tactgtataa 112260
atatacagta ggataacctg tggataagtc tggggatatc tcgttatacc gcttctcagc 112320
ttgtcaagtc aaaacgtgct gtggataact tgcccggaaa acaggagtgc agcataaaat 112380
aaacgcaagc attattttgc gttttcataa aaataatcgt ttgtctagtg gataactaat 112440
taaatttcat ttttgctttt tgtataagtt attaacaggg tctaaaacgc cctagaatcg 112500
attctaagcg gttttagata aaagccgatg aatcataccg ggtatgaggc gatctcctca 112560
cctcgtgtga aatagatttt gtcaacccct tttgaagaaa aatagtaaaa atattcgttg 112620
actttcttta aatattgtgt cacgtgcgcg cgcttcctat ctatcgtggg cctgttttct 112680
ctttacgctt ctttacaatt ctccgcttgc ggctaaacgc cattgtgtta ttatttatct 112740
cgtagggcgg caagacgaaa cggaaacacg aaagcgtttc actagtagtt aggtatctgg 112800
aggcggcaac attgccccga ctaccgcgaa aggaaaggcc gaaacgatat agtctgcccc 112860
cgccctacac tgctctttaa aaatttggga ttctataaaa agcgttatcg gctttcttta 112920
cttaataagg gaaccgaaaa catgttaaaa gaaaacgtaa tgagtagcga gattgtaaac 112980
gagtttacag tagcagacgc cgaacatttt atagagactt atttaaatgt gtacgacgta 113040
gatttagcct tcattcataa agacggccaa atc 113073

<210> 2
<211> 31078
<212> DNA
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F394/08
<400> 2

aaacccggag caaggccaag cagcagccgc agaaagtacg ccagcagatc cggcggctaa 60
tgtttcacgt gaaacgaagc ccgaagattt aataaaaaac gacgtggccc cggctgaatt 120
aaccccggct ttttatgtgg tggctgaagg tcgcgcgatt acgtcaaaac gtggcatttt 180
ggccgctggt gaagcagtag aggcccgcga ctttgtaggc ggtgaagaaa cgctaaacag 240
ccttttagag cgtggtttag ttgaatgaat atccgagatt tagcggccca agatttcctt 300
aatatcgtga atgataaaaa tagcggtttt ggcgttcccg tggtgttaat tgccccggat 360
ggtaacgcgc agccgttaag cggattaacc acggatatat cgagctatat tgatccggaa 420
acgggcgttt tagttgcggg ccgtgttgca tcggtcacat tcgcaaacaa ggcaatccgt 480
gccgctggat tcgcagaaat gcccgtagcg gtggccgatt caaataaacg cccgtgggtg 540
gtgtgctttc gtgatcctga aggcatcccg tatttgttca aagtggttaa ggctatgccg 600
gatcgcgcga ttagtggcat agttttagaa ttggaagttt ataagcgttc tatttacttc 660
aatggggctt ataaatttga tgggacgacg ttatacgatg gagttttaga cttgttatga 720
atatagaagg ctttaaaaaa ctgcaaagcc cgattaacaa gctagatagt tttgaaatag 780
tccgcgacca gatcgcggct attttatttc ttgagcttga aaatcaaaaa gccattgctg 840
ggcgcgcgca gattgacccc gctagatttg atatgaaagt ttataaagag cgttctaatc 900

cgtgggatct attcgacgat ggcgaaaata agcccattat taacgtgtgg tttagtaata 960
gcgatttcga ttacaccaat agcagcacag tcgataagca gaaaaccacg gctattttta 1020
atattgattg catagcgacg gctataagcc aagaaacagc gaccgggcaa acgctgggcg 1080
atgaaatggc atctttagag gtgcagcgcg tggctaaagt gatccgaaat attttaatgt 1140
cagatacaaa tacatatttg caattgcgcg ggcttgtttg gtcgcgccgt gtgctgtcat 1200
taaacatatt tcagcccagc gcagaaaatg gaatgatgca aaatctatgc gcggcccggc 1260
ttgtacttca ggcgacgttt agcgagtttt cgccgcagta tgaaccccaa gagctagaga 1320
ttttgtccgt aactgtccat aattgcgatg gacaaatttt atttaacaag gagattgcta 1380
agaatggcaa ttagtaccgc tgttgatata agcgcggtgg cccgcgtttt aggtatcaaa 1440
acaaatttta aaaatttgcg ggatggtcgt gtggtgattt tgccgcagcg gatcgcctta 1500
attggtcaag gttccacggg gatggtgttt gcaacgtcaa aacgacaagt aacaagcgcc 1560
aatgaggtgg gttcgctata tggttatggt tcaccgcttc acttagcagc taaacaacta 1620
tttccgaata atggcgacgg agtggggacg atcccggtaa cggtttaccc gttaagtgat 1680
gcggacggat cgcaagcggc gaccggatca attgagcttc tagggacgca attagaatcc 1740
ggggcttata gagttgttgt gaacggtatc cgttcggaac aattttcaat tttgattaat 1800
gaggccgggc aaactgttct aaatcgagtt gcggcggcta ttaactccgt tttagatatg 1860
ccagtacgtg cgacggcaga ttcggaactt caaaaagtaa cgcttgtttc aaaatggaag 1920
ggtttaagcg ctaatgctat ttctgtccaa gttgatgggg atttagggca aggtatcgaa 1980
tttgcagtaa cgcagccagc gggcgggctt attaatccga gtgtttccgg tgcgctttcg 2040
cagtttggca acgtatggga aacaatggtt ttaaactgtc ttaatattca ggataccgaa 2100
gcattaagcg cttattctga ttttggggaa gggcgctggg gtgcgttggt gcgtaaaccg 2160
cttattgtat ttacggggaa tactgaagcc gacgtaaata gcgccgtttc agtcccggac 2220
gcgcgaaaac gtgatcggac aaatgttcaa cttgtggccc cggattctat cgatttgccg 2280
ttcgttgttg cgtcccgtca attggcccgt attgtaaaaa ttgcaaacga aaacccggct 2340
tgtgattacg gcagccaagt agccgacggc attaaccccg gcgaagatgg gaaacaatgg 2400
ctttataacg tgcgtgatat ggccgttaaa aaaggcagtt caactattga aattcgggac 2460
aatcaagtat ttatcgggga cgttgtaacc ttctatcatc ctgaaggtga agaaaatccg 2520
ccgtatcgtt acgtttgcga tattgtgaag ctgcaaaaca ttatttttaa cttaaatcta 2580
atttttgccg tgccggaatg ggacggagcg ccgttaattc caaacgatca gccgaccaca 2640
aacccacgcg ccaaaaagcc ttctatggcc gttgccgcta ttgccagcct tgtggatagc 2700
ttgggcctaa atgccattat tagcgatgcg gcatttacca agaaaaacac gtttgcacaa 2760
attaatgaac aaaatccgaa gcgtttagac gtttcgacga ctgtaaaact tagcggaaat 2820
acaaacattt taagtgtgga tcttaatttt ggtttctatt tcggtaattc ggtaattgtg 2880
gggtaaataa cttatgtcag ttggtggcag cattgagagc ttaactttag acggccgaac 2940
cttcagcgta gcagcggacg cggattcaac gcgcaattta ggcggcacgg ataacgaagt 3000
agaaatgaac ggggatggta cttatcgaat tgtaaaaacg cgcgtaccgt caaaactaga 3060
cggtatcacg gttgcaattg atgacgtgcg cggggatgca gaatacttgc aagagctaaa 3120
agatcgaaaa gagggctttc cctattcgat tacatacgcc agcggtgtga tttatcaagg 3180
tacggggaca atcgtaggag aaacgggaat ttctagccaa aacgcgaccg cttcgattac 3240
tatttcggga tcggctttaa ctaagcagta atttacagcg cggccataag attggccgcc 3300
ctttcttaat catttagggg gtttcacgtg gaacatatcg aaaatactga aaatcaaact 3360
ttgtggggct tgcctgttaa ggttgcgcgt gaagttgcgg aggctgaatt tatccgcttt 3420
tgtgatgcta tggacgtgga ttacaacacg gatcgaatga cggacgaaga tgcaaaagac 3480
tttaacgaaa gtaaagggct tttgcttgat gcgctgcaaa ttggcgtttt ggaaattgat 3540
agcgacggca tggccgttgt ttacccgaaa aaaggcgata ttaagcaaat taaatttaat 3600
gagctttgcg gggcggatta cgtggcaatg gacaataaaa aggatacgca aagtttcgct 3660
aaaatgttcg caatgatggg atctattacc aagttaccgc ccgcgacttt ctcaaaactt 3720
aaaaagtttg atgcaaaagt ttgtttgtcg attgctaaac ttttttggt ctagtcgata 3780

ccgttttaat cataaagggg ggcgaggttc gcctatcccc ttcgagagat tcggatggta 3840
tcgagcgcgg gaataatacg agatttcaag tttattcaac gatgcttatg cagatcctaa 3900
gagattataa cttgccgaat tttagaacct taacaagttc agaaattcgg ttttttatga 3960
cggattgcgg gccgagttga aagaaacaac aaaaccgagg aattaatgag ccgttacagc 4020
gtagaaacaa tatttagggc cgtggatcgc atgacggccc ccatatcccg gatgcaatcg 4080
ggaattagtc gatttactcg ccgggctgaa agcggactta ggcgcgtttc agatatgacg 4140
tggaatatat ccaaagtatc aggcgcagca gccgcggcca ttggtggcgc atttatggcg 4200
gccgctggtg gtattgccct ctttgtcgca gaaacaaacc gggccaattc agaaataaat 4260
gaaatgtcca aagctatggg ggtttccgcg ttatccgcaa gggccgcaga ttccttgctt 4320
acaccgcttg ggatgaattg ggaaaattac acggatctta ttgaagaatt gggaaataag 4380
atgggtgaat taaaaaacac gggggaaatg aaaacatttc aagaggctat tggacttact 4440
aatattaaaa tgaaggaatt aaaagcctta aagccggagc agcaatttac aagaattatg 4500
gattctttgg caaaaatgga ggatcagcaa aaagcccaat ttattgcaga tgaaattttc 4560
gggggtgagg gtaataaatt cgtttcagcg ttaaaggcgc gcggcttgac tatgacgagc 4620
ttgattgaaa attataaaaa gtacaatttt tataatgagc aaggcgaaaa agcaacggcc 4680
gcttttaatg cagctttaac cccgctaacc acgacggcaa attcggcaaa atcgcagatc 4740
gcggccttaa ctggtggcgc gatggttcca tatattcaaa aggcgacgga atgggctgcg 4800
gcaaataagg aattaattaa tagcaaaatc gaagtattcg ccaaaggctt ggcggattcg 4860
cttgtttggg tggtggttaa tttttccgag attgtgacgt gggttaaacg tgtcgctatt 4920
ggtatcggca tattcttagc gcttacagcc gttttaaaaa ctttcgtttt gattatgacg 4980
gccgttaatt tagtaatgat gatgaacccg atagggctaa tcattatcgc cgtggtcgcg 5040
cttattgctg tcattgcgta tctgattaat aagttttttg ggttgcaagg tgtcattgcc 5100
gcggctaatg gtgtgcttat ggggattggg gccgctattt tggtggcgat ggggccaata 5160
ggctggctaa ttggggccgc tgtcttgatt tggaaaaatt ggggcgtttt aagtggtttc 5220
tttagtggtt tatgggcggg tatcgtttca gtttttcagg gcgcgcaaaa tattattatg 5280
gggatcatta acgggattat gggcgcaatt gataacgtga ttaataaagc ggtttcgatg 5340
ggttcggctg ttaagggctt ttttagcttt ggcggcggtg gtggtgatca aaagcaagca 5400
gcagcagcgg gcggacgtgt ggcaagccca caagagcgaa ccgcaaaaag cgtaacggaa 5460
aataatagcc attcaacggt aacgatccaa gacaaaaccg gacgcgcgaa aatgtcaggt 5520
aaaccgggga atggggttcg attggttaaa acggggacta tgtaaacaat gagttgggaa 5580
gatcgtttaa aggaggcggc ttacaccgcc cccggaggta cacgggccac gttcttagtt 5640
gaggacgttt cccgtagttt tgataaaaaa acaaatggtt tcacgttccc ggatgcgtcc 5700
gggacttatg ttcaagattc aggcgtaagc gggtttaaat atccgctgac tatctatttt 5760
agtgggccgg attgcgatgt ggaggccgaa gcgtttgaag cgcttttgag agaaacggga 5820
atagggcgtt tagagcatcc gctttatggc gttattaacg tggttccgtt cggtacgatt 5880
acccgtaccg atgcaattaa aaccgaggca aaccaaacaa aaatagagct ggaattttgg 5940
gaaacaaacc ttttaattta cccattaccg caagccgacc aattaagcgc cgtatttgag 6000
gctatttccg acgttaaggc ggctttaagc ggtgatgtgc tagatagtat cgacgtaacc 6060
gacgcgagcg ccctagcgcg atttaaaaac aaaataacgg gggctttaag caaggtaaaa 6120
accgctttag ggaaaattaa gaatttagcg gacttgccgg ggcaattaat ggacaaggta 6180
aacggcttaa tttcgcccgg ccttgagttt atttccgatg ttaaagccca gcttggcgat 6240
gtggttaatt catttttga gcttgccacg ttgcccgaac aaattgtcga ttcattcaaa 6300
gagaaaatag cggtctataa ggatctcttt agcgaattaa cttcattcga gggcatattc 6360
cccagcaatg aagaatacga ggcagcttgt accggggtaa cggtgacttt atccggctta 6420
gtagtggatt tggttgaatc tgaatttaat acacaaagcg aagcattgga ggcggccgag 6480
gatctattag ccatttttga tgatgtaacg ggatggattg aagaaaaggc gcaaggcttg 6540
ggccgtaccg attcaaacgc ggtttatcag cgcttacata gcgccgtgat gaccgcggcc 6600
agctatttgg ttcagcaatc ttttacctta aaaaaagagc gtaaattggt tttaaaccgt 6660

agccgtacaa ttattgattt atgcgcggag ttatacgggg aagtcgatag cgctttagat 6720
ttctttatta cgtcgaatga tttaagcggg gctgaaatat tggaaattcc gaaagggcgc 6780
gaggtttttt attatgtctg acgtttctat gatgatccac gggacgcgct ttcatttttg 6840
gagtggtgta aggatctctt taaatattga cgcggtggca acgattagtt ttaacgcccc 6900
gtttgaccat gaggcccccg gatttaagcg caatttcgcg ccgtttggat tttccccggt 6960
tgctatcgac gtggacgatc agcgcttatt taccggaacc atgttggacg tttccccggt 7020
gattagtgaa gatggtaaaa aagagatttc cgtaaatgct tatgcaaaat gcggagtgct 7080
tcaggattgc accgccccgc ctgaatccat gccattagag ttcaataaat taaacctgtt 7140
ggatattgct agaaaaatgg cctcttattt tggggtgggt gtggtattta atgcagatcc 7200
gggaccggct tttgatcgcg tggcgtgtga cccggataag aaagttttag aatttttagc 7260
ggatctcgca aaacaacgcg gctttgtgat cggtagcgat gaaaacggca atttactttt 7320
ttctaaaagt tcaatcggcg gcattgttgc taagttggag caaggcgtat ccccgctttt 7380
aagtgtatcc cctactttta acccgcagga atattattcg catattacgg ggctatcccc 7440
tgtcgaagtg gcaaagcccg cggccaaaag cacggccaaa gtaaaaaagg acgctgcaac 7500
gcctgaaaaa gcagggcagg ggagcgaaaa ggcgaccgat aaggcgggcc aagccgaaat 7560
taaaaaggaa ccaaaaaaag aggaaaaaac caaaaaggaa aagcaaaaac caaagcccac 7620
gacttataaa aagtttacag ctatcgacga ggcccccgta tatcggccat tggtttttaa 7680
aattgatgat gcagaaggcg cgaccgatgt agaaacggcc acaaaagcaa aaatggcccg 7740
aatgcttggc aatatgtgta cttatgcaat tacggtttcg acgtggttcg atgcgtccgg 7800
ggatttatgg cggcccaata ctaaaattaa actcaaggcc ccggattcaa tgatttatga 7860
ttttttcgag tttgatatta aaagcgtgga attgtcggcc gatgaaaaca gccaacaagc 7920
aaatttaact ttatgtttac cgggttcgtt tacgggcgaa cccccggaga ttttcccgtg 7980
ggaattgtag cgactgtatt aagtaatgat ggtaaggatt taaaagtaga tcggggcaac 8040
ggggacaacg taacggccca gcagttcggc ccgtccggtg atgatgctcc cccgcttaaa 8100
aatgattatt cggttttagg atcggccaaa ggttcaggca atgccagcgc cgtggcctat 8160
cgtgaccaaa aggccgaaaa ctacatagcc aaagcagggg aaaaacggat ttattcgcgg 8220
gatgaatcgg gggcggtaaa agctgaagtt tatttaaaag cggacggaac cgcggagatt 8280
aaaaacgcca gcgggctttt tgttatggag ccgggcggtg atgtggtaat aaatggggtt 8340
agaattacta aagccggagt tattcaaacg ccgggcgggg cttcaatgag ttctgatttc 8400
acaaacgcgg gcggaataac tttgggcgac catgcggccg atacaagttt acataagcca 8460
taaggggaa tagtttttaa tgtctttttt tgatgtgcat ttatttgatt cagtcgatgg 8520
cggcaatgta acggatgatt tagaaacgcg ggacggccta gaaacggctg tttatctaag 8580
tctttttggc ggtaatgcct tagatgatgg aaggccccaa aacctttcga cgtggtgggg 8640
gaatattggg gagaatgaag cggcaaagca atataaaagc gaagccgctt ttttgcttcg 8700
cacggttccg ccgaatacag ccaatttaaa gcgaatcgaa gcggctgcat cgcgggatct 8760
tgcttggttg attcctgaat atgtgaataa gattcaagtt aaggcgttta tgcctaaatt 8820
gaatgcggtt aatttaacgg tttctttgga tggtttagat ccgttgcaat tccgtacaaa 8880
ttggggcgaa aaggttaaag agcctgttta tagactattg ccgcctaaag tttcccgaaa 8940
taatggggtt aatttagaag gcacagcaga aacaaaaact aaactaattc ttatccgtgc 9000
cgatggatca agattaagta cgctggttga tggttcaggg aattggaaat ttgattttta 9060
ccctttatat ggtggtgaac gtgcccggat gtatgttgag ggtgtagggg gtaaaatatc 9120
cgctattgtt acagttatcg gggttttacc gcttcgctat gatgggatgg caatttatga 9180
cggtacgcac aaatataacg gagttagatt aaattaatga gtacgccaac gactaaagaa 9240
atatcgaacc gtattttatc caagttagaa acgacattcg ggcaaagttt gcctaagtct 9300
tttacacgtg ttttatccac ggttttgggg ggtgtgtttg taattttata taaatacggt 9360
ggttttattg ctttgcaaat gtttgtttca acggccagcg ctaaagatac ggactttaac 9420
ggcaaaacaa ttaacccatt acgcgaatgg ggccgcctca ttggggcggg tgatcctaat 9480
ccagccgtta atgccattat tttaacgcgg attgtagtag aaaagccggg cgagatattg 9540

cccgcaggga cgcagctagt aaacagcggc aacggtgtta catacattac ccaagaagat 9600
attgagctag tcgaaggggc gcaagatatt gaagttttag cggcttcgga tacttcggga 9660
aattcaggcg caggcaaagc gggcaattta aatgcggggg atgttttgac ttttgcgaac 9720
ccgcttggat cggttggccg ttattcgact gtggtaacta caattcggga aggcctggac 9780
gctgaagcta tcgaaacata tcgcgcccgt gttgtttcac gtttccaatt gcgcgctcaa 9840
ggcggggcaa tggtggatta taagatttgg ggcgaatctg tttccggggt tagtcgaatt 9900
tatccttata cgtccgattt gccgggccaa gtggatattt atgtagatgt tttggagggc 9960
gtagcaagtc aagcgatttt aaatcaggtt aaaaacgccg tcgaatttga tgcaaataac 10020
gggcttgcac aaaaccgccc tttaaatgcg ctggtaaatt atttaccgat ggagtttgta 10080
gaatttaacg taacgattag cggtttaagt gttgagggcg cgctatctgt tagggctgaa 10140
attagagcag ctttagaaca ttattttaat atccgtgcgc cgtatattgt gggcctttct 10200
actgattcgc gcgcggaccg aatcacattg gcggccgcgt ccggtgttgt ggacgatgtt 10260
gttaataaag ctgggggcat ttttaacgat atgcagttat ttaaggggca aacgccaatt 10320
tctttttata tgttggggat tggtgaaaag gcgactttgg taaacgtcga gtatctataa 10380
tatgaatatg tttaagcact tgttacccag cggccgcgct tggaacctaa ccgcggaaaa 10440
gccactaaag gctttttttcc gttgcttgga tgttttgaga acggacgcag taaattattt 10500
taatttgctt tttttagata taaacccaaa aacaacgcgc ttacttgatc aatgggagca 10560
gcaattcggc attaaccgag gatttttaac cgaggcccag cgccgggaac gtgtcgcggc 10620
cgcttggcgt gatgtgggcg gacaatcccc ggcctacatt caagaagttt taagaaataa 10680
tggctttgat gtttatattc acgaatggtt cgatccggca gatcgcgggg aagtaggtga 10740
aaaacagcct ataacgccac gtaacccgct gtcgattatg tcggcccaat atgccgaggt 10800
tttgcccgtt gtggattgtg gcgaaccgct ggcgctatgt ggtgaagaat ttgcacatgc 10860
cggaaattat ttgggccttg ttgggtatcc gcttgttaat aagttcgttt atgacgcgga 10920
taaatacggc tacactgtcc ccgttgatcc ggcttattgg tatcactttt tttatgtttg 10980
tggccctaat tttggcgatg tggcccaagt tgaagcaacg cgacgcgctg aatttgaagc 11040
gctaattttg agaattaaac ccgcgcactt atgggcgggc gttattgtga gatacgttta 11100
atatgtcttt agtgtttaat gagaaatttc ccggaaaaac ggcaggggct acacaaaatt 11160
acccgtatgg cgaagcgcgt aacgtatcag gccccggaaa tggtgacggt acgccgtggg 11220
atgcggccct agtgaatgat atttttggat tacttcaagg gcttttagtt cgtgccaata 11280
ttcagccgaa cggccagtcg gacacggctt taaactcgca atatttacaa gccttgcttg 11340
ccctgtttat gccgaaacaa acgccaattt ccggaaagtt agagcaaaac ggatatttaa 11400
ctatcccttt ccctgttgta ataaacggcc aaacggtaga gcgtgaattt acaattcaat 11460
ggggttctaa ggattggtct agttatccgg gtgaaattca agattctatt gtttttgaaa 11520
agccttttaa aacagcctgt tttggtgttt ttccaatccg aaaaatgtcg cagcattccg 11580
cttatggtga tggtggtgtt aagcctattt ctgtttctaa aaccgggttt acagtttctt 11640
tgcaagccta cgggggttct gtgggccact tgttgggtta ttattggttc gctgttggtg 11700
tttaagttag ttctgatttt atggggtaaa tgatgaatct atttatacaa ggcatttatt 11760
tactatggaa ccaatttcaa cgggtggcac agccgctttt ttaaaggttt atggggtgtg 11820
gttggcggtt gttaccgctt tggtgtttgt tgctactgtc gttttaatga tgcgtttacc 11880
acgtagccca caagagttcc ttgtgggcat tattacgact gtcgtttcaa gtctaatggg 11940
cggatctttt ttaattcttt attttgattt acagatttgg gccaattcag cttatggcct 12000
tatggtaatt ggtgggcttt actttgtggc gggtattccc ggctgggctt tggttcgctg 12060
ggtgtttaat tttattgatg cgcgggaagg ttccacacta ttggacattt tccgcgaatt 12120
taatgaagaa tttagaggcg ggaaaaaatg agtaaaatta ttgcgatttg cgcggggcat 12180
agtgataaag atccgggcgc ggtaaatggt aaacgtaccg aggcggccat tgttttagat 12240
atgcgtaaga tggttgccag ttatttggaa aaagcgggcg tgaaatattt aacagacggc 12300
aaaggcgggg ttaatcagcc attggccgaa gctatcaaag tggcaaaaca agccagtatt 12360
gctgttgaat ttcactgtaa tgccgctaca tcgaaaaaag cgaccggggt ggaggtttta 12420

tccgctgaaa aaaataaggc cctagcgaag caaatagcgg ccaaaattaa cggggtttta 12480
aatattccgt tacgtgggga aagtggttgg aagtctgaag gatcagggca gcatagccgc 12540
ttaggtttta ttagttccgg gggcggttta attgttgaat tgttctttat ttccaatgat 12600
gacgatttag cgaaatggga cgcgaaaaaa tggcttgttg ccaaagaagt ggcggccgta 12660
ttgattgaac aagtaaaaaa ggcggaggcg gcataaatgg cagcattaac gatatttaac 12720
gcgatttcag aagttacaag ttttgcaggg gtggcccgtg agattttcga cacagcagcc 12780
aatgcaatgg acgcggccca aaatgagaaa aaaggcggag gaaataaaaa agtttgggta 12840
atggcttaca tggaatcatt tattaatgat ttgggcgaaa attgggaacg atgggccaaa 12900
gctatttttt cttttattga ttttgccaag tcgatttta atagtaagcg ctaataaaaa 12960
agccccgtat taattcgggg ctttttatg gttccacgtg gaacggttta gcttttcttt 13020
ttgcttgccg ggtttcttaa taaacgatct tttttgatct cgcttacaat cccgtcgatt 13080
aaaaattcca tgcttgttcc tttggttggt gggttggttc agatgattta attcgagttc 13140
ttagggccgc ttttacaatc ttatccgcca tgcgccctat ttgcgccttg tggcagttat 13200
tacacgcgca tccggcctta tatccccgaa cggttccgca gcctttaacg ggcttatatg 13260
cgtcccctgt cgtttcttca ataaaatcta tggttgattt gtccgccgtg tttcgcatcc 13320
tttacccctа agccgcagcg ggagcaacgg ccatttttaa ataaggtgaa tgtttggcaa 13380
ataaaacaaa agttagtcat ttttgccgtt tgccttagcg attcgcatta cattaagggc 13440
cttttgcttt agatccgcgt atagctcatt agtaaggtaa ctttgtgcta catcgtgaaa 13500
agtagataaa aaatgcgtgt cttgttttac cttgctttgt ttaagttccg cttggtttac 13560
ctgaattaag ccaatagctt tgtttgcctt tttgattaag ttattcacgt cgcttaattg 13620
cgcgtttatt ttggcctctt tttcgccttt tatgtgtgct ggggccttat ccatcaaaag 13680
ggcttcacgt tggccgttta ggtgggtttt taggcccgtt aattcctcta ttgagaattg 13740
ccccgccact tgcaaagtgg ttaatgctga aaattcaatg attgcggttt taagttctgt 13800
tttagtcatg ggtagcactt catttaaaaa gtattaagcc cagcagcagc cgggcaatgg 13860
tgggttagat ttcggttaag ccgtgttttt tcattttctt aataacggtt aatcggttaa 13920
tgcctaatat tcgggatact tcggcaatat tatattttga atatttaagc gctttttcca 13980
aaacgcactt ttcaatagga tctaatgcag ccgctagagc ttggccggaa ttttcataaa 14040
aaaaattcgc gtccaaagca tccgggttaa ataaattagt ggtttcgctc attcggatat 14100
tccttaaatt gcgcgttata ttcagcgaca aattccgctt gtttgtcgat ttcatcggct 14160
tgtttgataa tgaacatata agacaaagcc gcaagcataa aacagaaaaa caacgtgctt 14220
aaaatctctt ttatttttgc gccgtggttc gctgtttctt gtgaaaaatt gcttaattgt 14280
tgacgctgaa taactggctg tttcataata atcggactcc atgaaattag aaaaaagccc 14340
cgtagccgtc caaagttccg gggctttttg ctgtctatgt gttgcataat atacaatata 14400
aataaaaagt aaatagagaa attatagata ataaataaaa taaataaaat agataaaaag 14460
tattagtttt aattgtggca tgaatatttg ataagtgtta aaatttgttc taagcaatca 14520
tgctgaaaat aaaaaacccg ccggacgggg cgggttttag tttgtcttga gggtataaga 14580
cgtgaaaaag tttaacacga aatttaagca aaatcttgat gatgcaaata acaacgcatt 14640
tattccgaac agctttcaaa ttacaaatgc tttcgttgat aacatcatgg ataaaatttc 14700
ggatgcagca gtaaagatct atttaattac agtgcgtaaa acaacgggct ggggtaagca 14760
gatagattcg atttctttaa gccaatatga agcgtatagc ggcaagtcgc gccctactgt 14820
tgttaagtgt ttaaaagagt tggttaaggt gggtttattg gtagagcata ccgggacacg 14880
gtacggtaat tcgtattcgg tggcgcttgt aaatagcatc ggtttcgagc ttttatctgc 14940
tagtaaaaaa attttactag taaaaagttt taactacact agtaaaaaat ctttactgcc 15000
actagttaaa atttttaaca cacaaaaaca actatcaaaa aacactaatc aaaaacaaat 15060
aaataagcgc gattggtttt ctttaaaaac tttaaaagat gaattgttta aaaccgggtt 15120
gcaaattgag gctgaagatc taacagcggc taaatggttc gatagagaga aaacagcctt 15180
tgaaaactat gcacctaatc aaaacctttc agatccgcaa aaaatgtatt acttcgttga 15240
ttggctttta aaagcaaagc gcaagtacga cgcagcagag cgccagcaag cagctaaggc 15300

aaaagcggaa ggcaaaaacc aaaatcaaaa ccctgaagat acaaaaacag aaaacgaccc 15360
ttttaaactt tctactaaac aaatttcatt ctttgctagt cagttagccc atttaccatc 15420
atttgcaaaa tattgcactg gtaacaaagg ctttaaagaa tttgaaatgt ggattgcttc 15480
aatgttgaac aatcctgaaa atgttaaaaa gtggaataaa tatttaaatg aattgggtta 15540
tttgatcggg taatcagggg gattaaaaac aatgaagatt tcaaactttc attttcaaat 15600
gcaaatttta cttttgattt ctaaaaacac ggttttagat tttgagggat taaaagagaa 15660
gttagcgccg tcgattacag acaacgcatt aacggaatgt ttagaagaat tattgatgtg 15720
gggatgggta caagtacaaa agggccttta catggtttca ggcgttgctt atcagatcat 15780
gggggatatt tgccaatgct gatagacaaa tatttctatt aatcggcttc gatacggatg 15840
caatggaaaa atacaagtat tcagaatcaa acgccgtatt aagcccgcat ttaaattgcg 15900
gcctaacttc agttagtcgc gttggatctt caggccaagc aaagcataaa ccgcataagc 15960
gaagtgaaat agcagatcag gcagaaaaag agatttgcaa gaattgggcg ttaagacaac 16020
aagcattttt aaataacagc gtaagcaacg cggtactagg gggctaatat gaacaagttt 16080
attcacattg agggcaaacc aacggcccag caagtacgcg aagcgctggc aatgtatgca 16140
aaagacatta aacgcccgga attttcttta attgttcagc gtgagcttat cgaatcattc 16200
cgcaacgata cggcccacgc ccttaaatcc gcagttgcct tttattttaa aaatcgtgtg 16260
atccaacgcc ccggccttgt gttggcaagt ggtaaagatc aagcgcttat tgttgagagt 16320
tgcgaaaata aggcattaaa gcgccacttg gtcgcggtgt cggggtattc atcgcaattt 16380
ctgcaaatgg tgatagatca taaaacgcca ctttcagccg ttgccgcgcg ggatctaaag 16440
caggcattac caaaagcgga aaaactctat aaggccgaat gcaaggaaaa agatgcaaaa 16500
ttaaaaaaga atatttgcgg ttttgtcgct tgctatagaa atggctgtca ttgcacaaaa 16560
tgcaccacgg catataagaa atatcgctaa aagcaagcct atcttttaaa gagaaaaagc 16620
gcagttcgcg ccgtggccgc ttagtgtttc acgtggaacc aaacaacgcc ccggattaaa 16680
cgtccgggga tctaaaaaag agtaaggaaa aggaataaaa atgggtgttt cgattattaa 16740
tttagtttta ttggttggtg tttgcttatt gctaacaaat atcgccttaa attgtttgtt 16800
tcataccgaa aataaaacat atctagtcta tgcgtgtggt tttagtgcgg cttcggtggc 16860
gggtgccatt gctggcgtta ttggttgttt ggcttatggg gtaacagtgt aatgaaaaat 16920
aaatcaattc ttatgggcct attcgttgcg gccgctggtg tggtgtttta tatgggggcg 16980
gatagtgctt gcaatcaaaa ggctgttata gatccgggcg cgcttatgtc gcttggtggt 17040
atcactgttg aaaataaaaa agcctcattg gttcgcgtat gtgatacgcc agtaaaagaa 17100
aaccttgtga gctttgtttt gattaaagac ggcttgcgcg tgggtggtgt ggtcgataaa 17160
agccatgttg cgctcatagg tgaataaatg agtttaggaa aacgccccgc aggtgcgacg 17220
catatagaga gcgacggcac atattggaaa aatgaggacg cggattggta tttttggcgt 17280
gacttgtggg gctggtgtca atatgtcggg ccaaagaata gaaatttttt aaataagttt 17340
tcggtgttgg ggtgatggat ttatatattg gtcagattgt cgggcatagt tcgcccactt 17400
gggttgttca gggaaaattg aagataacca aaattaacga gggtaagcga agcggtttaa 17460
agattattac ggctacagat gaatcgggta aggaatttac cgcagtttat ggcgtgtttt 17520
ttagtgttga tagatattaa ttaaaatttt ggggtaatac gtgagaaacg aaaactttga 17580
agattattta aaacaaacgg atgattacgc cgtattactg aataattacg gatctagtct 17640
atttatccat gaaaatggcg tttatcgcgc tttgcctgtc cgggtggctt atgccgcttg 17700
ggtatcgggc ggggatcgct ggggagaggt gcagcacttg aaaggcaaaa ttaagaaaat 17760
ggccgaacgt gcagcagaaa cagcggattt ttaccatacc aaaatagaaa aattggaaag 17820
tagcacggtt aaaaaggcgg gtttattgga tatggccgaa caatgggacg gtttagagtt 17880
gcgcggacgt gatttggaat taaaccgggt gcaagaatca atttataagc gttgtgctta 17940
tttgttgcgg gtggctgtta atgggtaatc ggtggacgtt aagcggaaag gtaaaagggt 18000
taaaagattt gcccgaaagt ataaccgcgg cacaattcag ggaaatgata gaacgggggc 18060
aagtcaaaaa cacgccacaa gccccaaaaa agcgccgtag cggaaaagta agtagtccgg 18120
gggaggctac attagcccaa gccttaaaag cgcttaaaat cgaatttgtg caagagtatc 18180

gcttttgtga atatcgcaaa tggcgcgcag atttccatat accggggaca aacctttaa 18240
ttgaggtaga agggggcgta agatccggcg gccgccacgt gcgaccacaa ggctatataa 18300
acgacacgga aaaatataat gaggcggcta agttgggctt tgttgtattg cgctttgata 18360
cggaaacggt ttcacgtgga accgcaataa acgaaataga aagttattta gaaaggcgcg 18420
gatatttcca aaataagggg cttacttgtg aagaaagtta aaaagtttaa atacgattgg 18480
cgcgccgtgc cggatcatat taattggctt gcaacgtatg aaggcgggga aatggcctgg 18540
gggtatgtga ataaaccata tagaaaagaa aacgcgggga tatggtacga aacgggcgga 18600
gagtggcggc atcgtgtacc tgttgcccca tatcgcggcc attggacgca atcattagaa 18660
aaacgaccta gcaaggccca gctagtcgag tgggttttaa atggggctgt agtggtttaa 18720
tattcacgaa ccctcataga gtgttttata acattctgtt ttacaagcct cattgcctat 18780
agtgaggctt ttttttgctt tgcggtttga ttggattttt aattgttctg tgaattttgg 18840
gctaatatta gaaaaccgca taggcggcaa cgattgataa attagagagt aaataatggc 18900
tgaaaatagt tttattcaac caattgcaag aaaggacgcg attgccctta ttggccgtga 18960
tgagcttgtg gaaggtgggc cggaaggggc agcgaataaa caagcaattg cacttgcaaa 19020
taatattaag tatttaatgg gcttaattcc tgaaaattgg ggggtggaaa aaaccgaata 19080
tggtttagat gaagttgtaa ggctttcaaa tggtgacgtt gttaaatctg ttattgatga 19140
aaatatcaat aatccgaacg agaatttgtc gggttggtct tttgttacaa gtaattcagt 19200
aaatactatt tctgatttat taagtattaa aaatccgaaa aatggaatga aagtttatgt 19260
tcttggatac cataaaccgg ataattttgc tcttttaagc ccgtatgaag ggggcgggct 19320
tttcatatat agcgggaata aggcagcgga aaatgatggc ggcgtggttt taaatggctg 19380
gattcgtcaa tatgttggcg atgtggatat ttcttggttc ggagcaaaac aaggtcaaga 19440
cgcttcgccg tttattgaag cagctttaaa agtgaaaatg tcaattgtga ttcgtggaga 19500
atacaagtta gaaacaattt gcggcatacc aagacaaaat aactatgcgg caaaagttat 19560
tagaattaag ggggaaaatc aggcttcgct tactgtaaat tgcccggatg gtgctgtttt 19620
tacttcgtta gatgcaaaag caaaccctac aagtttatcc aatattttta ccgcaaaaat 19680
tgacgtattc gggattaact ttgtaggtac aacggttgca aattctgttc tgtttaatgg 19740
tgatcgttta tacaatatta atattcatca caataatttc aaaacaaata ttacaattgt 19800
taaagcgtat ttaaagcgcg aggcatcaag acaatatacg caaagcgttt ctattaatca 19860
taatcactta gcggaaattc accgggttat tgagtcggac aagtcttata acttcgattt 19920
tgcatacaat atgtgtgaag cgtgtaaagg tggcatgtat atcggtgttg atgcgcctta 19980
tgatccttca ggtatttcta taacaattca tcgaaattta tgggaagcca gcggggtttt 20040
attaaaaaca aatggcggga ttattgctgg tagtgtttca aaaaactatt ttgaagctaa 20100
cgtatatcaa gatgcagcaa ttgataaatg cttaatatat atcaaccgaa gcggaacggg 20160
ggcgggttat tccggtggtt taacttttga aaataattta ttttcaggga cttcgtcgat 20220
tccggattat gttgatgtgc gcgttttggg tcaaagtaca gaaacatcgg gaaattcaaa 20280
atctgctact acgcgaccgc ctgtatttat tggtaactgg tcaaatagtt acatgctaac 20340
aaatatggcc caagctattt tgatcggtaa taagtgttct aaccgcgaaa aaatgctgaa 20400
tgcttacagc ccgcaagaag cgcgcgttac ttactattcc ggctatttta ctaagcaatt 20460
ggctaatatt ttaaccgata aaaagttaaa tttattaaag gtgaatactt cagcagttca 20520
tgctattggt tcctctcaag ctaactttaa aactacatta gacgttattg tattctttaa 20580
aacatccggc gcagttggaa cagcaatggc gacttttaaa ttagatttat ttgtttacga 20640
atcagtcgga cttggcgctg gcaatgttcc aaaagcaaac ttaaaagccg tgatgtataa 20700
ttttatgcaa tccaccgcag acgacaaaat tacaccaacg gttaatatgt tttcggctat 20760
ttctgatccg ttaattaatg ttgttgataa ctcagacgga acgtatagca ttgagctttc 20820
gagttttact aataaatcat cgccaaactg ggggtttgtt tctgaattgc atattgaata 20880
cacggcccaa gcgacgctta tagcttcgca tacatccagt tattcagcgg ctaacttatt 20940
aaccatttca taaacttaat taatagctaa ctaaggggga gcgccaattt tgtttttaag 21000
attggcgctt tttttattgg ggttttatgt ttgatataga tacaaagcaa ttgcacggcc 21060

tggagaggcg tttagagcga ttaaaccgcc gtggcttgcc ttatgccact aggcaaacaa 21120
tgaacgatct agcgtttgaa tctcgcgccg tggcccgtgc cgagttacca acgcgcatgg 21180
ttttaagaaa taaacacgcg attaatagca ttcaagtaac taaagcaaca tcgctaaaca 21240
tttcccagca agccgcgcat gttggatcta cagccgacta tatggcaacg caagaaacgg 21300
gaggcattaa aaccaaacaa ggcggggccg ccgtgtctat tccgaccacg acggcagcag 21360
ggcagggcag aaacgcaaag ccccgaaccc gtttaccacg tgcagcgctc aaaatgggcg 21420
ctattcacct aaagcgtata gcggcaagcc gtaacgctaa gaatcgtaaa caacgcaatg 21480
ccattgctat ggctacatcg gataaatatg tatttctcga tttgggccgc cgtaaaggta 21540
tttttagaaa ggacaagggg ggaggggtaa caatgttgca tgatcttaca cgcgcatcgg 21600
tgcagatccc taagaatgaa tggctgaagc ccgcgaccga ggcagccgaa cggaagttac 21660
cgggattcta tggccgtgct ttagagttcc aattaaggcg cttttaatta accaaaaact 21720
taacttcggg cggttcgggc gggtagccgc ccgcggttaa gttaaagaat ttttcgcaca 21780
aaaagccacg gttcgcgccg tggtttttat ttgtctttat cattcacgtg atgaatggat 21840
ttatttttaa aatcaatagt ctgaaataaa aaaaggtact gtgccgaccc cccacccccc 21900
tgccgttttg attgcgacgc gcgggccgcg cacaaattca gaatttttaa cttgtcttaa 21960
cttcgggcgg gttaaatgtt aaatttcgca tcatggttaa aaagttaatt tctcgcagcg 22020
attttgctgc taaggcgggg gttagcgggg cggcaatcag taaggcatgt aaagggccgt 22080
tattagatgc tgttgagggt aaattcatcg acttaaacca taagtcggct atcgcttact 22140
tagaatcaaa gaaaaacggc aagacaacgc cagcacttga ggggattgat tcgctatatg 22200
aggaagcatt agaagtttgc agagaagcgg gccgatgctc gcaaacattg ttgcgtgaca 22260
aattaatgat aggcagcgac cgggctagaa agttggtcgc tttaattcaa aacgcaaata 22320
tccaagattt tgaaaaacca gcagccgaaa aggtaaaaag agaggagaaa gcgcgcccgc 22380
atacccgcgg gacggctgca aaaaaacagc aagcaattca agaggacgac gaagaattat 22440
ttgagctgtt agatcggaac gtagcgcaat atgcagatat gacgctaagg gacattgtta 22500
ggaaattcgg gacggcaacg cgatttgcgg aatatcttag agcaatgaaa gaaatatcaa 22560
tgattgaaga tcgggaaatt aaaatagccc aaacaaaggg cgagctagtc catagggatc 22620
tagttagtca attgatcatt gagccgatag attcggccca tgtaaaactt atgcgggacg 22680
gatctaaaac aatagccgtg cgaatggcag caatgcacgg cagcggggcg gacattaacg 22740
aaatgcagtt agtcacatca gaattaattg caagtttcat taaacccgta aaagccaaag 22800
taaataaaat cgcaacggaa ttaaaacgag gggctgaagc gtgaatatga attttatagg 22860
tatggattgg ctttgcgata aagtcgagaa tctaaccgag tatattaagc acgtaacgcc 22920
cagccaattt aatgaagaaa atagatattt gcccgaatct gtgaccagta ttccgggctt 22980
tatccgttac gacgtaaacc cgtttatgcg tgaaattgtc gattgctttg atattaattc 23040
acctgtccgg gaagtgaatt taaaaaaggg cgtacaaatt acatattcca cggttttaga 23100
atccggggct ttgtactata tgggccacgt taaaaccttg cccattatgt atatgacggc 23160
cgacaaggaa ttagcaaagg cccgtattga aaacaacttt atcccaatgc tggcacagtc 23220
ggacatggcc cacattgtcc gatcaagcga cgaaggtaac agcagaaaaa cgggtaaaac 23280
cgataatcat atccaatttg agggcggcgg ctatttggtt ccattcgggg ccattaatgc 23340
aaataaaatg cgttcgtttt ctattgctgt catgctcaag gatgagattg acgcgtggcc 23400
ggatcgcgtc ggaaaagatg gcgacccgga taagttgagt gatgaccgtt gtagcgccta 23460
ttgggaacgt cgaaagattt tccgaggttc cacgccctta atcaaaggat cttcaaaaat 23520
tgaaaaagca tacttgcgcg gggatcaaag aaaatatcac gtactttgta aaaaatgcag 23580
tttcccgcag gaattgcgat ggagtacgcc ggacggtgta ggcggtttta aatgggacac 23640
ggacgaggac ggaattttaa aacttgattc ggtgcgctac tgttgccagc aatgcgggga 23700
gccacatttc gagcatgaca aagagcgcct atttagtgag aaattcgggg caaaatggat 23760
accaacggcc cgccctgttg agccggggat tcgttcctat catttacccg cgttatattc 23820
gccgtttggg atgcaaccgt ggtacaagtg cgtgattgct tatttagacg cattcgaccc 23880
ggtagagcgc aaagtaaaag acatagagct ttaccaagta ttttataaca acgtattggc 23940

ggaaccgttc gagattcaag gtgctaaggt tcgctttgaa acggtttcgc atcatcgccg 24000
cacagtgtac cgattgggcc atattccgaa ccgttacgcg gttcaatatg ctggatcgcc 24060
tatcctattt ctaacctgtc aagtggacgt acataaatca ttcttagccg tttccgtgat 24120
gggttgggcc aaagatgcta aatgttttgt tattgattat ttgcggatcg agggcgagga 24180
cttttccgat agcgcggaac cgggttgggg taaattgcgc gagctaatcg aagaaaagca 24240
atatattgcc gatgacggta aaaaataccg cgttgctttg accttcatag attcgggtta 24300
tgctaacgat accgtcgtta aattttgttc tgaatattcg agttcagtct atccaatttt 24360
gggccgtgac cgaccaagta aaaaccaagc aattaaagaa tttgccgact ttaaaacgca 24420
agaagggaca acgggcttta gaattattgt cgatcattat aaggatcgtt tggccccggt 24480
gttgcgtcgt gaatgggacg agatgggcgg aggtttacag cctgtttatc attttaatgc 24540
gcctgtcgat ttgtctgata agtcattaaa agaattgacc gtagaaacgc gcaaggagaa 24600
aaccgacgca agcggcaata cttcatattt ttggcatcgc cccggcaatg cacgaaatga 24660
gctttgggat ttgctttgct atggacatgc agccgtcgag attttcgcgt ggtcgctatg 24720
cgttaaaaat atggaacaaa aggaagtgga ttgggcttgg ttttgggaat ttttggaaac 24780
agaagccccg tattttgagc aaggcgaacc cgtcgccagt gagtaacaaa aagcccgcta 24840
aattagcggg ctttgtttca cgtggaacct tataaaacgg ctataaaatc gaaatgcttt 24900
aggtttaagt gatccggggt aaaccaagtt ttaacccaca taatgcgatt gaaggttagc 24960
aagcggcctt tttgttcagc ctccttaaaa taggcgattc gatccccttt tactgcgacg 25020
atggtcgcgc cttcgggttt atttcccttc agcttttcta aattattttc atattgcatt 25080
ttgttagatc cttaaaaaat gtttaaacct tgattattaa aattaggcgt ttggcattgc 25140
ggcatatttt tagcgatgct gttgtaagtg ttttgcgtca tgtaaatttt accgtcaaaa 25200
gcaatcgtgt tttgatcggt gatttgcacc gggtagccgt gttgctggat cgttgcgcca 25260
gcttgtacga tttcgatttt atggccgcgc caattgttaa aagattggtt attcatgagt 25320
ttggttcctt aaattaattt gttgctggta ggttatattt accgtttgtt tgtgggccta 25380
atttaataag attgtgattc tcattaagcc cataaggtaa atgggttcgc gggtttaatt 25440
cggttttatc agtaataaaa atacattcat gcggattcac gttgtaaaga taggcgacca 25500
tgcgcggggc tacataatgg gattgcttat catgttttga gcgaacccag ccgccgaaaa 25560
ctaaatattt tttatctatc atttttggga aacagcctca ttttttaagt gttggttaag 25620
cagatcccgg acaagatcgc ccacgtttgg cactgtttca atgtattcga ttaaatgctt 25680
atcgcgttcc ttgagtagag aaaaattttt aattacgcgc tttttctcat aatcgctttt 25740
ttgcttttgc cttgcttcgc tttggcccat tatttacacc gttttacagc ttggttatat 25800
tgatttcttg caatgttgga gagcgttgta gttttggaat tattccgacc cgcttggcgt 25860
gatgaaccaa gcgggctttt ttttacattt cttcagccat aaacacggtt aagaagccac 25920
ccatatcatt ggcaaaaagg ccgatagatt caataatgcg ctttgcttcg tttagatttt 25980
taccttcaac cataagccaa acatcgcgtt tcactttata ttcagggcct agaatttttt 26040
taagtggctt ggtcaattcg cgtggtgttt ttacttgagt gtttccgatc attaacattt 26100
tgcaaaactc ttatttatct atttgatgtg tcaattatgt cgtattacga caagcaaggc 26160
aatagggaat gtataaaaaa tatatatttt ttaaaatggt tccacgtgga accgtggcgg 26220
gcgtttatgt tgcgctttcg ctttattgat atactaaaaa caacatagcg ggagtattta 26280
aaaaattgga tcaagcattt ttaaaagaaa ggatcgaagc gacaaagcgg caaattgtgg 26340
cctatgagga tgcagtaaac cagctttcaa gcggtgcggt tcaatcgtac tcattaaaca 26400
cggggcagac gacgcaaaac gtgacgcgct ttgatgttgc gcgcctaaat ggggatattg 26460
acgggcttta taatcgcttg gcgacgcttg aggcgcgttt aaatggttcg ggttctactt 26520
tggttcgtcc gggatggtaa tagatgaatt atgattttag ccgtgggctg gtaaaggttc 26580
cgacggtggg tttaaaaacc gagtttaaat attcaggggc tacaattgca ccgccgccaa 26640
tgcagggcgc aaaatccgac gctatcgaaa taaacgcgct gggcggtggg ttcaatcatt 26700
ccgcttttac cggggaaaaa tttataggcg gtttcgggcc tacaagttta tttactatgg 26760
attattggac gttacgcaaa agatccgagc agctatttag cgaaaactta tacgcggccg 26820

gattaatcga gcgtttagta acaaatgaaa taaacacagg attaaccccg gaggcttgtc 26880
ccgatgaacg gattttggga ttaaagccgg gtgatttaga agattggacg gaattagtag 26940
aaaaccgatt ttctatttgg gccaatagtt cggaatattg cgacttttac ggacaaaaca 27000
gcttagggga aattcagcgg atcgcaagac gcgaagccct tatttgtggt gatgtgctgg 27060
tggtgttacg ccaaaaccaa agtaccaaaa tgccgcaagt tcagcttgta agcggatctt 27120
taatccgaac cccgccggat atcccgcgca aaggccacaa aattaaacac ggtgtcgaat 27180
tagatacgca aggccgccag tgtgcttatt gggttttaca agacgatgga acctataagc 27240
gtttgcccgc gtttggtgaa aaatcaaagc gccgcattgc gtggatggtg tacggagcgc 27300
aaagacgttt aggcgaattg cgcggccagc cgcttttaag tatcgttttg cagagcttaa 27360
aagaaattga ccgataccgc gacgcggccc agcgtaaagc cgttgtaaat tctattttgg 27420
caatgtttat tgaaaaaacg caggataaaa tgtccacgtt gccaattacc gggggcgcaa 27480
tccgacgtga taaggttacg gataattcaa acaccgcggc cccgcgtagc tttgaaatag 27540
cttcgcaagt tccgggcgtg gtattgcaag aattacaagc gggagaaaag cccgtaggtt 27600
tccatagtca aggcacagat attaactttc ccgcgtttga ggaggccgtg attagtgcgg 27660
ttgcttggtg caagcagatc ccgccggaga ttctaaaact gtcgtttagt tctaattatt 27720
cggcaagtca ggcagccatt aacgaattta aaatttattt aaatatggtc tggaatgaat 27780
ggggcgctaa cttttgccag ccgatctata ccgagttttt aattagtgag gcgcttttag 27840
ggaaaattga cgcgccgggc tttttggacg catggcgcga cccggtaaaa atggatattt 27900
ttggggcttg gttgtggtgc gactggttcg gcagtattaa accgagtaca gacatgcgta 27960
aaatggggca aggcttggcg cttgccgtgg aacaaggttg gacgaccaac gcccaagcat 28020
cgcggcaaat gttcgggact aagttcacta aaaacattgc aagacaacgc cgcgaacgtg 28080
aattacaagc cagcctttta aggccaatgc ttgagctgca aaaagaatac ggcataagcg 28140
cggagcattt agtaaatgta gcccatgcga ttggcgggac aatttcggca caaactgaag 28200
aaacagagga aatttaatgg attggttttt aacgcctgaa gccctaaaag aaattcagga 28260
attacacgcc cgcggcttgg ttttgaccgc ggagcaaatg acggaattta acgcgcttta 28320
ttcggatgat ttccccggat cgcgtatttt tcaaaaagtg gggacggttg cacaagtaaa 28380
cattgccgga gttctaacaa aggaacctaa ttggatgtat cgctattacg gtggcggtaa 28440
tacagcatat agcgaaatta tttccgcgat taatgaggcg gagcgcgacc cagccattaa 28500
agaaattatt ttggcgattg atagccccgg cggacaaaca aacgggcttt gttcagcgat 28560
ggacgcaatt aaaaacacga aaaaaaccgt tttggccgtg gtggaaggtc aggcagcaag 28620
cgccgcttat ggccttgcat cgcaagcaaa taagattatt gccgcggatc gcggttgcat 28680
ggtcggaagt gtaggcgcgg ccgcttcgat tgttgttagc gaaaatgttg tcgatattgc 28740
cagtaccaac gcgccaaaga aacgcccgga cgtgaccaca gacgcgggta aagcggtaat 28800
acgtgaaaca ttagatcaaa ttgaaagtat ttttattgct gatattgccg ccgggcgcaa 28860
ggtaacggcc gataaagtta aacttgagtt tggtcagggt ggtatgtatg ttgcggccca 28920
tgcccttgag cgtggtatga ttgacgaaat taaaacggct gattctagcg ctacaacaaa 28980
cgcgaaaagt tcagcaactt acacagcaag cgaggaaaat tcaacaatgg atgcagcaac 29040
tttaaaggcg caattcccag cagtttacac agcaatttat aacgaaggca aaaccgcaga 29100
aaatgagcgc gtatccgcgc atttaacgct gggcgaggct tcaggcgata tgcaaacggc 29160
tatttctgca attaacgacg gttcagaatt aaccgcaagc attcaagcca agtatatggc 29220
ggcaaatatg aagcgcggcc aagttgctgg gcgtgaaaca gacgacacgg ccgcggctaa 29280
tgctttggat ggtgttaaac cgggcgcgac tgctacagat gcgaatgcag ttacaaacat 29340
ggttgctaaa aatttgggcg ttgcataagc ccaaaccgta aagacatttt agaaataaag 29400
gggtaacagt tgcatgatgc aggtaacgca gcacacaaac agttcaatta attggggtga 29460
agtagcttgt caggatgaca cgctaacttt aggcgcaaac gcaacgctaa aagaaggcac 29520
aattttagcc cgtgcagcaa cgggaaaact tatcccgttt gttaagggtg gcgcagatgg 29580
ggcgggggtt cctgttgcta ttgctatgca cgaaattaaa accgtggccg ctggtgatgt 29640
ttcagtacgt gcgggcattt ccggccaagt gcgtaaaaat aacttagtga tccatgccga 29700

tggaaacgcg accaatatcg acggagcagt aacagacgct ttgcgtagtt atggcattgt 29760
cgctttcaca gtaaacagca caaacaaacc ggataaccaa taaggaattt ttgatttatg 29820
actactagca caattgccgg ggtatataca caagttgcac caaagccgct atttttatcg 29880
ggctttttca aagcaccgcc acagaatcat tttaatactg aatctgtcga gctggacatt 29940
gagcgcgatt cgcagcaagt ggccgcggtt gttcaatcgc ttggcagcga ctacaacaaa 30000
aacgaaacgg gtgaatttac caataagaaa tttacgccgc cagtttataa agaaggcttt 30060
tcgcttaatg cgttcgattt gcttaaacgt gaagcgggcc aaagcggttt taatacgcct 30120
agcgaacaga tccgcggcaa tttgattacc cgctttatta aaggcgcgcg aaaagttgaa 30180
gcaaagattt tacgcggtat tgagttgcaa gcatcgcaaa ttttgcaaac gggtaatttg 30240
ttgctgaagg atcaagaagg caaagacgct tttaaaattg attacaagcc aaaagcaacg 30300
cattttgtga atgttgcgaa tgtttggacg ggtgcgaatg ccgacccgat gaaagatctt 30360
gaatcattgt ccgaagtaat ccaaaccgac ggccttgtaa ttcccgatat tatcattatg 30420
ggcgcttcag cactggcagc ggctaagggt aacgagaagt ttattaaaaa ctttgattct 30480
cgcaatattt cgggcaatgt tttagctgat atgcaaatta cggcccgcgg tggtatctat 30540
caagggacgt tgcgcgtagg taatgccgtt tgtgagcttt acacttatgg cgtgggttat 30600
caggcttcat cttcagcagt tgcaacgccg tttttaaata ccaataaagt gcttatgctt 30660
agttctgaat cgcaattaga cgcgcttttt ggtgcggttc caaacattgc ggacattttg 30720
ggcgtgagct tgcgcgaaca gcttttaccg gaattgccga cgcgctttga ttcaaacagt 30780
accgatttat ttacaaatgt gtatttgtcg gcaagtggtg agcagcttat gggcggggtt 30840
gctagtcgcc ctattcttgt cccgacggct attgattcat tcggctgttt aactgttgca 30900
taaaaattaa aatgaacccc cttcaatggg ggtttttttct tttaaatttg gagatattcg 30960
acgtgactaa aaccgattta attaacgcaa ttaaagccat tgattcaaac gcgaaaacgt 31020
ccggccttga taaagacgaa ttacaagccc ttttaacaga attacaagcc aaagcgac 31078

<210> 3
<211> 167285
<212> DNA
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 3

tctgaacgac ctgccatttt atccatgtct ccaccgtcaa ttattcttgc ttctttttca 60
tcttttgcta cagtgtaagg atttgctgat aaagcatatc taactaataa accgatagat 120
ggctgcaaac tttctgggtc aactacaact ttaaatgcac ctacatgttc agggtcatct 180
aagtcaagac cttctgtata cggagcatag aaaattgatc caacaatttc tttttcaccg 240
atattttcta ctacaccaac gattacataa tctaatgggc tgttagtatc gcaataaagc 300
ggtaaaccat tagctaagaa cccataggca ttttgtgaaa gatatttatc atcttctggt 360
ttatgtttta accaacctga tgcagcaaga atcgcagcag cacgagctga agcaacacag 420
aacgttgctg tataagttga ttctttttgg atatgcgaaa ccatttcaca taccattcgg 480
tataatgaac gaccagcttc aggtgcagat gcataactca aatcgatgaa tccagtatca 540
gtaattcctg taactttata gcgttttgac actgtaatca aagactgcag aatatcttta 600
ttgatttcat ctgccatttc agttgcaagc aaatcttcca agaaattagg agcatcgaat 660
ccatttgctt ctaaatcttg tgctaattca actgtgatac cagttttaag tttacgagat 720
ttaactgcgg tttgccattt attaatctgg aatctagcat ccgcaatttc actatcagag 780
ctttcaaatt tgcttgttga cgctgcgtca gaaaatagac gaacctttaa aagaacaatt 840
gcaatctgaa gagctaattc taaatcgctt tcttcaatat cagcaaatgg tgtatcttct 900
aatactttat aaacgatatt attatatttg aataaatcgc ccttattgag agttaattta 960
gactcttctg ttaattctgt gatttgttct cggtctacat atccagcttc gccggcgtaa 1020
gtagcaccag ttttaaatgt aaattcgtta tccgggttaa ggtatttgat accataaaaa 1080

gcagcaacag gttgattagt tctttgcgtt gctacaatgt cagaatatat taatttagtg 1140
gtagcgcgag tcaaagcaac gagatttggg cgaccgattg agttgctatt cgttgtggtt 1200
gattcgcgca gaagttcgtt gattttagcc attgcgcttt cctttcagtt tatatgattt 1260
atttatacca taaaaacaac taaagggacc cgaaggtccc ttaaatcgtc aaagattaga 1320
tacctttaac atatacacgg cggaagtaag cgtttttacc aaggctattc agaatagaag 1380
gcataccgct ctggatgcga gaagccggag cctgagcagc ggattctgca aatgggttga 1440
taccgatacc gtaacgagtt ttgaatccca ttaccggttg gaagttcttc ggatcagaac 1500
cacgcagcgg agtcagagct acatatggag catagtaaat accagcatcc atttcgttcg 1560
gacctttata acctacggtg aaataatcct gtttagcata ctggtcgata tatacacggt 1620
atttaccacc cagaacacca gcaaatactg acttggtagt atcagtgtta aagccagtag 1680
ccagaccttg tgcagcataa gaaatgccgg tatcaactga agccagaacg ttaactacgt 1740
tacgggaagc gataatgaag ttaccttcgc cgcgaccagt ctgacgagca atttcaactg 1800
cttctttgtc aatctggaac aacagagctt taaaggattc acctgcccag cgagcaccac 1860
gaatatcgat tgggtcctgg aagtcaaata caccagcttt agaacccgga gtcagggtca 1920
taccagattt accaacctga gcggagtagt taatccaatc aacaacttcg cggttgattt 1980
ccagcataat ttcggtagcc agaataccag acagttcagc atcagcatcc ataccgtgaa 2040
cagcgcgaag gtcttgtgct aattcaatag agtaagcagc tttcagctga cgagatttag 2100
cttcgataac ttgtttatcg atacggaagc ccatttcatt ccatgggtta tcggtagaac 2160
cgttgaaacc ttcctgaagt tcagcgatag aagtagccat accttcagcg atttctacca 2220
gtacaccagc ttccatttgt ttcttaattt cagcatctaa tttgtctgcg tcagatgcgc 2280
ctgaatcaat ttgtttagct gctgtagctt gcagatatac tgtaccagtt tcctggaaga 2340
agtgagtgta aatagttccg acttcaagag tatcacttgc tttcaaagca gcgaatttct 2400
tagcagcacc ctgaccagag aacattgcat ctggaccata cattgggtgg aatgcttctt 2460
tagcgccgga agcgattgga tctttaccat atactgcgcg cagcgcgaat acctggccag 2520
tcgggctgtt cattggctga acaccacaaa tatcgaaagc aatcaggtta ggaatagcac 2580
gacgtaccat acccataaca gctgggccaa tctgagttac tgcgccagaa gtctgacctg 2640
cggcgatgtt ggtagcattg taaccgtggt caccaccgat ttcagcttct gttaagaaag 2700
aaccgaatgc ctgagcaatt ttttcgtctt tatattccgg agctgtctgg aaatcttttt 2760
cctggttttc aaagatttta gcgataatcg cttgtttgct attagcaatt tccggtaaac 2820
cttcaccttc cagtaatggc ttccatttgt tcaaaagttc agctttagtt ttgatagtca 2880
tttgtgttaa cctttaaaat tagaaacgag atgcgacttt cgcatataca cttacaatat 2940
cttctgcacc ttgtgcagat ttatcttcta cagcttcagt gacgaaattc agtccggctg 3000
cttcagtatc aggagtattt atactctcag taatagtgct ttcatcttta ttagatttct 3060
tcaccatttc tacgattgca ctcaatttac ttgagaatgc atctgaataa tccatacctt 3120
cgaccagagc agagactttt tctttttgag actcagtcag atctttagta ctttcgctca 3180
atgccacttc acgctgcaca taattgatat atgcgtcacg cttattgagt tcttcgaaca 3240
gacgagctga ttcttcttta tgttcttgca gttcttcttc catttcagct acaacatcaa 3300
ctgattcttc tggaacaaca acgttgtgtt caacgaagag ctctttcaat ccaccaagca 3360
tggattcaaa cagttcggct ttgatacctt tatctactgc taatttattt tcagtgagcc 3420
attcttttgc aagatggtca aggaatttag aagcttgctc agcgattttc ttctcagctt 3480
tttcttctgc ttcttcttta ttttttttcta cttcttcttc tgctttttca gcaattttag 3540
cgatatgaga ttcagctaat ttaacggcgt gctgcttgac ggtagcttcg aatacagtgc 3600
cgaaagtttc ttttgcttcc ggagaaatat taactgattc gaaaatacta tcaagagcaa 3660
cggaagcatc aattttctgc gcttcggcaa tcagttgttc tttaagcatt ttgtagtcct 3720
gttgtttaga taataatatt tataacgctt ttttcatggc ctctgcgaga gccatatagg 3780
cgtcatcggc acttgtatcg gcttccgccg tctgtgattc ggtaatttcc ttaggagtta 3840
cccatgcatc tggagcactt ggaccccata ctgcatcaac acctacagtt aatttgaatc 3900
cttcgtttac gatacgataa cctttatttg tgtcagtcaa tgaacctaat ccacgagaag 3960

aaactcctgg aatccatccg gcacgaatat tagctgctaa tttatctcca ggaccgtggt 4020
caccttcaat aacacgagct cgtccgtata cgtcatttcc tttccaccac atatcttcta 4080
taatgatagc ggcttgcatc gggtcaacat tagcgcgtgg aggatgattt aattctccga 4140
gagcttgttt agttaaaact tgctcattaa tatagtcttt taccgctttt tctaatatac 4200
gttttggata aagacgttta tttctattga cgacttccgc ttgcatgaat attccttcga 4260
tgtataaacc cggttttaaa cctaagtctt ttccatcatg agattcaagc attggtacgc 4320
catcaataat ttcgccaggt tgaccccaag tttcaattag taattggggt tcattcatta 4380
gcttaatcct aatgctttac ggcgtttaag agcttttta cgcttacgct gagcacgaga 4440
ttgacctgct ggattggcaa tcttcgtttt ggtagcttta cgagcaattt gtctacgttt 4500
tgctttagac aacccggtag tttgaaatgc attacgttcg cgggttttgc gatctttagt 4560
gcgagtaatt tcaccacggg cagaaacatg tttaacgata aattcattta acggcatatt 4620
ttcattaata gaagctaatg caaccgctaa atcagtttca tcatcaagca tattctcgac 4680
aattgtattt atatcgtctt tatttaaagc agaagacaat tcgtcaaagc gaccctgtgc 4740
ttcaggaata agtgcttcga cattctcgag aactaattca tgagtttcag ggatcagaag 4800
cattattcat catcctcgtc ttcgtcagag tctttgtctt ttttgtcgtc tttatcatca 4860
ctatcttcgt cttcgtcatc atcctcgtca tcaggttctt caccttcgat taagaaatta 4920
cgagcgatag cgatttttc ttctttaatt aaatcagtcg ttcttgcagc catggcttca 4980
gcaaataatt tacgagcggc tacgaggtcg tttgatttaa tagcttcaat taaaccttcc 5040
attaaaaatc ctcttgttct tggtcggggt cttggaaacg agcctcttta gactcttctt 5100
caatttgctt ggcttcttgt tctatttctt catcagtcat ctgcaaaata tctttcatag 5160
cagttctgtg agaaatatat ttaccaataa atggttctgc catggttagc atattaattc 5220
ttcgttccaa aatttctgct tctttgagct cagcaaagta gctatcccga tgaaattcta 5280
tcttaatatt atttatttca tcattccact catcttctgt gattatacct ttaagcaaaa 5340
gatttgtttt aagtggatct aggaaaactt cttcaaactt gtgctgtaac tcacgaataa 5400
atttagcaaa cgttaattca tcacgtgtaa tgctagttcc agaatcaaac atcacaccgc 5460
cttgttggtc ttgtggaatg cgtgaaagag gaacacgtaa tgccatgtaa agagcttgtc 5520
taaaccaacg aatatcttcc atattgccag tattatcagc accaggaaga gtatcaactt 5580
ctgtcacagc tttaccatca cggcgctgca accaatagtc ttcggtcata gacatattat 5640
gttgttgatt ttttatttta cctgttgatg catcatatac tacacggttt ttcatcgtgt 5700
tcataacatg ttgcatgtgc tcagcagctt tacgagcagg catattacct gtgtctacat 5760
accaaacacg acggtcagga gcacgagtaa tgcgataaat gactacagca tcttctaata 5820
attttaattg gttagcaggt ttaacagcac gatgtaaata cccgatgata tttttgccac 5880
agcaatcgac taatccagaa tgggcataaa caacagcagc ttttggaatt tttatttttg 5940
tgccagcttc atacattcta ccatcacatg catatgactc atgggcagta tcatatataa 6000
aatattcttt gtaaccttta actatttttg tgccagcttc agtttctgtt ataatttcgc 6060
gaacatactg aacttggcga gggtctaatc tacgtaattc ttttatgcct tcttttggac 6120
gttttggatc aatgatttta tgaaagaaaa ttcttgaatc aacataccaa cgtctaaaat 6180
gatcagaacc ttttcgttga aacgatagat gatttaatac atcactaaat tcatctaaca 6240
tcatattttt aatttttgga ctaaatttag atttatccaa atttaacgct acgacttcag 6300
tatcatcttc gtagacgata gcatctgaaa cgatttctga aactgcatta tctacttcat 6360
agttattcat gagattacga tatgtatcaa taagctcacg agtagttttc attcctggtt 6420
catatgaacc aaaaattgtt tggaatgcag cattataagg agaagcagct tcattcgagc 6480
ttacttcaaa ttctcttgct ccatcatcaa gctttggggc tgtaatggaa acaagatctt 6540
ctttttcttg gtctttaaaa tttcgttcgt ccattttagc ccatggagca aacaaactta 6600
atacattaaa tttcattgta ttctccaaat gggaattata gttatattta taatggactt 6660
ctctgcttta agcaggatgg ggatttctcc ccattcattt tattcccaat aatcgagagc 6720
aagagttact tcaaaggttt ggatttcatt gtttgaatcc caatctaatt gaagttcacc 6780
cacgttagta ggccacagac ctttaatttc aatttctttt gttactgttt tagcatcacg 6840

agcatattga cgaacaatag cgctcttttt atactctgca ggttttccac cagtaatttc 6900
gtttccttga ccagcagcaa tgctttgcca atcaacaaac ttctggcgag catcatgagc 6960
ttcatcgttc attactgtaa cagtccagtc atcgaatgta cgatcgcctg ctacgttaat 7020
tttacggttc ataaatccga ctggaatttt ttctacaata ccagctggta aagcagtggc 7080
tttacattgg aatgtaaaat tttgtccaag ataagaaatt tctacttgga ataagttagg 7140
tcgagcaaaa tcaccagatt caaacgctcg tgttacatca tctacaaaca tattagcctc 7200
tgtagtattt atatccctat gtttaaccta gggcatatag aattaaagaa ttaaggatat 7260
agtgtattta tatggcctgc cgaaacaggc ctttagaatg caccgtatta accagcaaga 7320
ccagttaact catcgaaatc tgcaccagta gcagttgcta cgaagttcaa ggtaatgtag 7380
ttaatgcttc tagccggttg aatgtagaat gttgcaacaa actcatttct atcaattact 7440
gacggagtgt tatttgttgt atcgcaaact acacgatatt cataaattcc accgagagct 7500
ttaattccct gtaagtattg ggcagtttct gtgcggaatg atgaacgagt aaacgcgttg 7560
tttaattcga acaaacgata ttttgaacta cgtccgatat tcgttttcaa catattaaac 7620
agacgacgaa cgttaatacg atcaaatgga gaaggaacag aagtagctgt tttatcacca 7680
tacaatacgt aaccatcgcc acctgtacca gttactggat taatagcttc ttggtataaa 7740
cggtcgcgct gagcttggcg agtttcaata gcaagtttaa taacgttaag aatctggcca 7800
cgattataac cagctggaga catccaagtc tgagatacgt tatcagttct tgcgcataaa 7860
ccagcaatat cagctgctaa tggaacccaa cgattcacat cattatattt gtcatactga 7920
tatttgtagt taccatcaat tgctgcgtag gttgaactga tattaaagtt attatcagtg 7980
tatgaacctg ctgcagttct ccagttaact aaattatcta ctgcacgagt tacaggaatt 8040
ccaactacag tttcacgcgg aggtgagcac aatactaagc aatcttgacg agcatcacca 8100
attgaaacaa catgtttttg gacagtagat gctgtttcaa gagattcacc ggcacaagaa 8160
cccgcaataa acaactgaac gtcaacagat tcgcggtcag caaagaagtc ccaagcttcc 8220
atcaaatctc ctgctgttac ttcagcattt gatgataatc caccagacag agttaaaatt 8280
ccagagaagc cttctggcca gttttgcgca gttgcgaaaa tatattctga accacctttt 8340
gcgaaaaagt catcaatata gatgttacta tcgtaaatat ctttttcacc acgcttagtt 8400
gaaagaacaa cgctttgaac aatagcatca tttcgacgaa ctataatagc gtactgtgag 8460
tcagtctgcg gcccatatcc aaatactgcc ttggcagtag atgcacgagt accaccacct 8520
ggataaattg gcagtaatgc agaagcgcct ttcgcatagt cagctttaga tacgatttca 8580
atttcaattt tatcgcctaa ttcgcctgga tagagagcta ctactcctgg aattccatat 8640
ttttcaagat ttgcctgaaa atcaactgct gtcatagcag tttcagcgct ctcgatttca 8700
gctaataaaa taccggaatc agtaataatt tttccaagag ttattactgc agctaaaccg 8760
gaagaagatg aagaaatttc tgcagtccag ttagaaccta atgttgggta ttcgccaact 8820
tctttagctt tagcaataat ttttgcagta ggaatattaa ttttcttaat ttttccatca 8880
gcatctactt cggtaatttt accttctgtt tcaacatctt ctgaaacata tttgaccgtg 8940
attttatctc caaccgcgta gttactacct ggggtagaaa ttgtgtattc aatattacca 9000
gcaatcggag atgagttttt agcggtatct ctatcgacag cgcgcacaac tcgcaaatca 9060
tttccatatt gtaagaaatt cattgcagac ataaaatagt cagcagtttc agctgtaggt 9120
tgaccaaaag tattaactaa atctacttcg tttgtaacct gtttaatctg aaaagcagga 9180
ccccactgga atttaccggc caaagctgct gtaccagtag agttattaac cacggtgctt 9240
tgaaccgtag tttctttgag ctcaatgccc ggagataata aagtcatttt taatcctctt 9300
taatatgctt taatatattt ataccattga cataccatga gatactggaa catactcagc 9360
agaatgaacc gaatcaacaa atataactgg agcgtattca tcccccatat cttgaagctc 9420
ttttgaaaac acttcagatg ctaatcgcat gtcatctttg tcggcataat caataaattt 9480
tgattgtgtt gataaccatc caaaaattac taaagacatt actaaatcgt catgataacc 9540
ttcttcagcc gcccaagaca cgccttttc actaaacgtt ctaaattctt gaatagttgc 9600
acggtgatga ataataagct tatcttttc aataaggtct tttaatgtag agcatcctac 9660
tgctttcgtt cgtttagttt gcttcattcc taaatcagta tatgaatcgc aaataacgcc 9720

ttcgtattct aaatccatgt aaagtgattt cgcaactgac acaccagtac tatttaattc 9780
aatataaact gggcattcat tatattctac taaataacgc ataacgatgt caggcagaat 9840
taaatgagaa atggtatttg aatgtaaaac accaacctgt tcccacacat catcggtaac 9900
atcaataata tgtaaagcgt ggtaatcttg cccacgacct tctgaacagt ctaaagttgc 9960
aatgtatttt ctatctggtt caggtccttt aaatcgatga aaaccatgat catctggagt 10020
tacttcaatg aaatccataa cagccaattt cattcctgaa attaatgtac cagaagtccc 10080
ttcaaacgct gcggtatgtt cttgacggaa ttgtgctaaa gtagaaccat taatggtttg 10140
tatgctccat tgccatccat cgtcaaaaat atcttcatca ttataaagac gttctttaac 10200
tgaattccaa atagcagtgt atggttcaaa tcctgattta ccttcaacag cagcagtcca 10260
aatatcataa aaatgattta atccattagg agtcgtagta ataataattt ttgaacgacg 10320
accagatgaa attactggtt gaatagcaag ccaggaatca tggaagtttg gaataaatgc 10380
acattcgtca atataaatca ttgcgaatga gttaccacga actgcgtcag gagaggaagc 10440
ataagcgcca attgaagaac cattatctag ttcaatagac cctttattcc attcaactat 10500
accaggctgt aaaaagtcag gaagcagttc aattgcttgc ttagtacggt ctaaaacttc 10560
cgcagacatt gagcctttgt gcgcaagaat acctacagct ttatccttgt taaaacatac 10620
aaagtgtgca agaaaaatag ctactacagt tgttttacca agctgacgtg atagattaca 10680
aacagtcata cgtttagatg acattatttt gagcatatca cgctgatagt cacgtaattg 10740
aacctttatg acaccatagt cgatatgagt aatggcgcag tatgtttctg caaaatatac 10800
aatatcatct cggcattttt tccattcctc aaccatttca cgagtccatt gtgttttaat 10860
attagctcgt tttaagttag gaagacccat ataccgagat cttttattat tcttatcttt 10920
ataagtttga aataattcag gcttatcaga attatttggg atttttacta ttttgtgtaa 10980
acgaagataa tcactgaatt tttcaggata ccattttcca tcccactgtg attttatcca 11040
atgaattcca tcttcatctt ttctttctgc taagcttggg tgttttatta aaatttttcc 11100
agcttcattt aatggatgga aatcatttaa tgcattaatc ggttgttcca tttatcacct 11160
tctcacgagc ttcttgagcc tcgtaagcat caccaatttc gtccattaat tctgttggtg 11220
aacccatgaa tactgtcgcg ttctgaatat tcatttgacc tgtaggaaca gcgcctttag 11280
tgccaacctg ctcagatgta atatctttca tatctttatg aagcttcagt atttctctgt 11340
tcgtcgtagt catttgcccc ataagagttg caaatacttc catgtgacga ggagaatcag 11400
cattctttgc cgtctcaaga aaaatcttgg ctgcgtccat tagcatttgt tgttgaaaat 11460
gcatatttcg acgaactact ccataatcat cttctaagtc aggagtacgg ttttgaggat 11520
tgcttttaac ttctactaat tgtagaggtt catatacttt aatttcctcc ccgtcgattc 11580
cggggaggtc agaaatatct aaaagtttgt ttatatcaag accttccata ataacctcta 11640
tgttcttggg ccaggaggtt ctggcggtgt tggtctattt acattgctag tgaaagtttg 11700
ttttactgtt ccatcccagt cctctgggtt aatatctcga ggaacaactt cgctatcaac 11760
agattcaaaa acaccttcgc catcaggcaa atctcttgta ttggcgtgaa aatctgtata 11820
agtagtacga attaatcctt ctgcatcatc tactggagga tacatccatc cgtttacttc 11880
aaatgttagt gaccattcga ttctacgacg agataaatta tctccatcta tagcttcatc 11940
tatagcagca gacatcagta caattttaat atccctttta aatggaatat catttccaaa 12000
ctgttcgtac atagttgtat taaaatgagg ttgaaaatat ggaagaatct gttcaactat 12060
ttgaaacata tcgtcttcgt aacgagtaaa gatactcaat tcataaatca ttttaatagg 12120
agatggatta tactgcgata ctacagaagt tgtacctttt tgcagtaaat tctgatttaa 12180
aatgtttgtt ttaaatggag cgttatagct aaaatcaact aaatgcaaat ttatacgagg 12240
tagaatagtt tcaaccttgg ccacatcttc ttgtgaattt atcgatgtcc atttattcaa 12300
tttcatcata aagtgttcct ttgatgcata cgtaatagga acacgtataa acttatcacc 12360
agattctaac tgacgtttga tttggatatt tgaaaacaaa tcgcccatca aggtagcata 12420
tcgtctaaaa gacgaattat aaaaataacc aaacatgatt tctcctaatc tgggctttaa 12480
ttagtttata atatttatta atccatgaaa tcattatcaa atgggctaga ttcaaaagat 12540
ttgcctctgt tattgacaac aacataaggt tcaacatatt ctttagcttc agaattaatt 12600

tgatctactt cagcatattg atcaatatta atatcatgaa taccgttaag attgcgaaca 12660
ggatttagtt ctaattcact aaattctgga atgttaattc cttcattttt ctgtagaact 12720
ggattaattt cttctccaga ataaatgaat ttacctgctg taattttacg aatagcgttt 12780
tgacctaatt gataaaatgg atcatatggt tcaacccagt taatttcaaa taagctgtta 12840
tccataggaa aatatatcaa atcgccttct ttcggttctt ttccattaac ttggtgttta 12900
aacaagtttg gattaatgga caaagtaact tcatcctgta cttgcatacc aaagttacta 12960
aagaacgatt tagctccttc atatccttca aatgaattta aatatgcagc gaatttccaa 13020
gctttagtaa atttatttttaagtcttcg ccaaatatca aatcagggga aacatactct 13080
cttggaacat aatagcattc tacacctcgc atttgaatgc tttcagctac taatacatca 13140
gctaatattt gactgttttt ataatgattg aaatttacat aaggatttag tatttcagtt 13200
tcattggtct gagaataacc agtgcggttt tccaatttag caaaaagatt tttatcataa 13260
gtagccatat taacctacca aaattccaaa tggaggatcg agcaagtata attcttcacg 13320
taatgcttct ttttctaatc gagcttcttc tattaagcgt tgtccatcaa tcgtaacacc 13380
gccaggaagc atcatacctt ggtggcgtgc taaaatttga ccattcaatt ctttagctaa 13440
agcagtagca tagtctttca cccaacgatt attataagca ccctgtttaa catttgggtc 13500
ttgaccaaca acacgaccaa ctaaattgtg gtctgggtta ttatatcgtt cagataatga 13560
ccagctatct tgtggaccga ctgttccata tcctactgta tttccaacca ttttattagt 13620
atcaatgtat gatttagtcc agctttctac gataattaaa tcatattttt ggaagtttcc 13680
catgactttg agctgttcat ttgctgaatt aaaccaaaag tctggaatag gagagagcat 13740
atcttgcatc attcccatgt aactggtaag ctgggtaaaa tatcctaaat cagctccaaa 13800
ggcatttggt ccataaaatc tattacaaga agtccccata ccgccattaa taccagccat 13860
tcctaaaaga aaatcagtaa accatggata tgtagcgttt ccgtccattg acgttattga 13920
tccaatattt gttcgcaaaa tgcgagttac tgcgaataca tttgaacctc ttaaatcgaa 13980
gactccagtt ttatattttt cttcgtcatc tcctacataa aatacatgaa aacctttgtt 14040
aagtccatca aaatggtatt caccgtataa ttctagggca cgctggatac aatcataaat 14100
ttgatcgggt gttaactcaa cattaataat tggagcccct aaacgtctta gaatgacatc 14160
tttgagttcc tttggattct gagaattata tcctgacatt taaaatcctt tggggccttg 14220
cggccccatg ttatgctggt gataaaaagg tagaaagtag tacccattcg ccgtctttac 14280
gaacgtaagc ttggccatct tttggagctt caggaatata acccgcttct tgtagagctt 14340
gaacgctgct ctgtaaagag gatatattgt ctttagctgt atttacttca tgcgtgactg 14400
ccgcaatgtt agtttcattc gtttttatag aattagttaa tcctcgttct tcaacagttg 14460
atccgtcagg attatttcca tttataagtg aagtaagttc aataacttga cctttaattc 14520
ctgttctatt atttcctatt tcaacttgta tattttgaac attattgttt aaaactgaaa 14580
cttctccttc aagcactgaa actttattta atagagatcc agaaggagac ggttgtcctc 14640
cgctggagtc agttccaaca atttgattta accacgaaac attcgctctt aaaccagacg 14700
aagtgttttc accaacaatt ccgtttaaag actcaataga agttgtgtga tttttaattt 14760
ttcctttaat actagaagga atatcatctg aacctataga agtttcaata gccgttaagc 14820
gctgtttaac accttcactc tgatttaatt cattattaat agattcaatg ctacttttgt 14880
tattattaat ttctgttatt atagaaacat tttctgggta tccaatagaa gatttaattt 14940
ctgctatatc agaatttatt aaagtttgtt tatcatctat agtgtttaat ctattataaa 15000
tatttggtcc aaaatctact ggtttattac caagttcatc gcgtaattta ccaacttcaa 15060
ccgtcaatga tcctacgtca gattcagtaa atttattttc taattcactt aaacgaatgc 15120
cttgtgaaga taataatgta ctatttgtta ttattctatg tttcattcct gtgctagcat 15180
taccaacaac aggaagaccg ttaatgtctt ggccagaata ttgccctagt tcttgtttaa 15240
tccacaataa atcatttcta attgttctat aaacagagtt ttcttcatca ttaaatggac 15300
ctatatcagc aataattttg tcaactgtat tattagttcc agttaatata tcagtgtgtt 15360
cattagtaag tgtctttaaa tttgatatgt cattttttatt aacactgatc tgcgatagtg 15420
cttctatatc tcctgataca tctaaaactc cttgaattgt tttaatatct ttctgcgatg 15480

tttcaatggc agttttaaga attcctatat tttcgtcaag aacctcaaca tttttaaaca 15540
cggaaacaat tggtctattc attgatccat cgtttccata cttagtgcta gctcctagta 15600
tttcttcacc atttttaatc catgaaatac gttcctgacc ttcatcagga acgctatcaa 15660
caaaaggtaa atcttttaat tcaatcattt gtaatcctta gtaatgaact ttaataatat 15720
agtttaatga tatattccat ggtctagttt cataaccaat taatccttca cgattaagtg 15780
taccaagggc atctctcggt ccgcctaatt caaatccatc attagtgaag tatgaagcat 15840
tatcccagtc ggcatatttt ctagttccaa gatatccttg ataaacagac gcgccaaatg 15900
ggccttcact tctgttatat tccccccaac caccggcgtg tttatggtat gacatttgtt 15960
gtgcttgaac accaccaaca tgcattccgt cacatcctac gccaagtcta tcctttccat 16020
aaccatcttg tcctcgttga tttaaaatat gaccgcctgt gccagctcct ctgacgaaaa 16080
gaccccgcat atcaggaacg ccaggattat tccaatcgcc accaaatctt gttccaacta 16140
cgtttctata atcaggaaat tggtcacctg acacggttcc accatgacac ataatccaac 16200
ctggaggtgc tgaatcaccc gcaaacatca taatagttcc aaccggaact cgttcggacg 16260
catatctttc agtggcaaca ggttgatcgc catttttcca cattccaccg cgtgaccaaa 16320
ttccatttgc tgtaagatgg tctaaattta aagaaccatt aatagtttgt ccaccacgcg 16380
tattaattac atctgcgttc cacgctaatg ctccagaact atcaccttca ggggcaatac 16440
cggcttgcgt cgttaattta actactccac gcatagaacc agtagctcct cgaccattta 16500
gtgtttcacc tgttactgca acatctccta aattactgtt aatttccgat tgtgttccta 16560
aacgtataac acccttatat tcttgtgttg caacagaatt cataaaggta tacggagaaa 16620
ttgcatatcc ttcgcggaga gttccttgac gagtttgcgc aacagttgat aattgaacca 16680
cacctctcac agattctgat gcagtatctt cggaaggagc tatttgtgaa attaatttta 16740
ttgcgagttt ttgggttttt agcggagtca tcgccgtagt atcatcaaca ccagccaaag 16800
ccgcaggcgt agatgatatt ttaataaccc cgtttgatga ctcagatgaa tatctatttc 16860
ggaacacatc atcagtatgg tatttcagtt tttgcggcgt tattgatgaa ttattatctg 16920
agccttctaa tgtttcttca tttgttgaat agcgcgttaa accatattta gtttcagtag 16980
catttggata caataatctt gttgctaatg tagctggtgt aacgatttta gaattatttg 17040
ttccatctaa aacctcttgc tctgatgcaa tcattgctat tcctttaact tccatagttg 17100
catcaggaat accatttacg ccgatattac ttatttttga taatgcagac tgtactgtcg 17160
taacagtgcc aggaaaattc gatcctactg gatcgaattt aacatatttt gattcatttg 17220
atacgtgctg atatgtattg ttactcatgc tattctctca aaataataaa atactgtagg 17280
ttgtgtgtga ctatctagcg taacagtttg cgcacctaat aattgccaag ttccataccc 17340
gggtttagaa ggagaaatta tttcttgttt gaaagtaatt cctttatcag agtattgttc 17400
taagatatgt tcttggttat ctaaatactt aacttgtatt ttattcccta tggtaggatg 17460
gtcttcaaat gaatcaattg caataaattt tacaaccatt tcctgtagag ctgttctaac 17520
agcactagta aattcaattg aagtcattcc attagtagct ttaactggaa taccaaacat 17580
gttaacaata actgggtcac ctggtttggc tgaagtatca gtaacagttc cttcaaatga 17640
ccaatagtcg gtttgttgca cgccagtagg agatacgccg cttatattaa ttaatacagc 17700
tccaacctgt tgctctgcca tatttctaac atcattgata gcagattcta catttgagtc 17760
ataaaaacct tttgctattt gtgaaattgt tacagcgcct accggctgat tattcataac 17820
cgaaatatca tttttcttag ttctaaaacc aagaaaatct gctaagcggg aaataactcc 17880
cgctttatta ttaagtaaac tcattatgca atccttatcc aacggtatac agtaatagac 17940
ggttgaatat tactaatatt agtaggagga gtatgtgaag agtttgttgt tgcgtagtct 18000
tcacgatatt ttgtatatat aggaccagtt tcgtctgggt catattgaca tcctccaata 18060
ataactgatc cattttcgtc ttcaattaaa actctttcat cagttttagt cgcaggaaga 18120
tttgcgtttt caagcgttac tgatgttgta ccaactgttc caccggcagt atgtgaagga 18180
tttccgctag aatctaaatc attattgttt aaagcaaagt ttggatccgt aacatcatca 18240
ttccatccta ctaaaacttg tcctttacca aataatttcc atgaaccaaa tcccatataa 18300
gtcaccggat tatttgggtt tatagcattt tcataaattg aaccaacagg ataaatgctg 18360

tcgaaaatag atgatattga attatacgtt ctagtataag aatcaacttt ttcaacattt 18420
ggccaaccga ttttatcaaa atctgttaag gctacatccc cagtaacttc agtagatgat 18480
cctttactaa cataacggtc atcagttaat tcaataatgt catctttttc taaaagagtt 18540
cctaaatcat tattaaacca tgttataacg attatatcac ctgattcaaa ttttctatca 18600
aataaaagac tgacaggttt tccatcttca tattctatag aataatctgt gtttgattct 18660
ttccattcgc caccaagaga tatacatcct tcttgcgtat ctgaattagc gccttcgcac 18720
aaaaacagag gatacccagc tgttccagcc tgttgctgta aaattccatt aaaacgaacc 18780
tcaagagaat taggattaat gggttcgcca ggaattaatc caaaagctga aaatggaatt 18840
gatttcatcg ccgataaatc agtaacataa atgcttcctt ctaaagaagt ctttgatgtt 18900
agttttgaat ctagcacttt tatttggcgt cttgtatatg aacttctcca ttgtgataca 18960
ccatccataa acgtttcaat ttgaacagtg tcgccaatat tacaaggctg tcttaaccta 19020
atattaaatc catcaagagg aattaattct ccttcatttt cccccggaga gccaaagtca 19080
ctgttttcac taaatacatc gccgtaatat aattcgttac cgcggtgttt tactctgatg 19140
ttattgacat tataactagt tccatggaaa acatctaaaa agtcagtttg tccttgaact 19200
tctactaaaa attctttgcg agctacatta ctaatatctg aactaataat tttatcaatt 19260
tgtttgtttt tgacatattc ccaacgtcct ggagcacaat aaactaactc taaatcgcta 19320
aattgaacat taatttcaac tgatgacgat gatcctttaa tagtatcacc agaagcggct 19380
actagagtaa ctggattaac attccatgtt gcaaatacat ccctagcttt aattacttta 19440
ttataatcat taacggttcc tttaggaagt tgtagagtta ctcttccaga tgaagtgtta 19500
atagcatatg attttcccca ttctgctgtt aatgtttgtc ctgatgaagc attataagtt 19560
ttccaggcac cggctgaata tggaacatct ccatcaccaa gctcgtaata aagctcatca 19620
aagttttcat ttatttttat accaccttta cgcaggtagt caccggtacc atcatctaca 19680
acattaccga tattaatatt ttgtttcatt attgagccac cccgattttc tgcgtagcga 19740
taactttaac tgctgctctc ataccgacag ttgaagaact tatagtcgct gttacataat 19800
ttgttttaat actaaatgca atattagcga tttcgtcttc ttcagtttca ttcccaactc 19860
gcatgacagc atattcagaa gaaatgactt ctgaattaac agcatctaca agaatattta 19920
tttctgccgt tttaattttt cttccatcta ccgattggca cgtaactaac aatttagcca 19980
tattgtattc agtgcgatga aatagtggaa tatcaactga tccggatgta gaaatattcc 20040
atgtaccttc agctggtgat tccttttgtc caaacatact ttcaatagaa taattccaaa 20100
ccgatgtaga attatcagat gaaatacagc gtaaagttac tttactatat gggctagtta 20160
ctactaaatt acctgaaaca cctttaattg aatcaatagc ttgaattgtt aaaggattag 20220
taactgatat tgatccatta gagttaatga attcaacaca atcgccgagt tcgcctcttt 20280
caataataac tttaacacct acagtagagg tatcaatatc atgtctagtg ccaactttca 20340
ctggagttgc gtactctgta atagagtgtt tttgataata cccagtagca tggataattt 20400
gaccatctgc tccagtgcca tttgctactg ccattttacg ctgatcgcca aacgcattat 20460
aaattgcgtt aaaatcacta ttaattttat taccaccgtc gaataagata tcaccagtag 20520
aagcgttacc aatttcgccg gtatcaatca atttctttgg ttcttgaatg aacatagcgg 20580
tttccttatg agtttatagt atttataaag aaaaagggag cccatgggct cccttaattt 20640
aaaatgtaaa cagaatattg atttcttctg tttgatccat tgccataata ataggtggcc 20700
tattttccat ataaatcatt tcgcccgaat gcctcattaa atcttctggg tcataataat 20760
cctttcagc tttaacgttt gggtcatttg gatgagcttt agcttcaaga ggattcgtga 20820
ttattgatat ttgtctaaat cctttatttc ctggcaatgc agcatcagga aaataaactg 20880
aatctaaata tgctttaaaa cggatagtat ttgccttaac ccggtaaatt aatccaaaat 20940
catcttgttg ccaagtgaga ttatcttcat atccccatct agtcgggtct tcttttaatt 21000
cctcaggcca aggaaccaca atatattcat tcgtgcatct atttatagat acatcgggtg 21060
gaatctcaaa aagatattcc catacatacc cgtccccagg ttcaattgtt ccttcagcat 21120
ctcctcgacc ttcaggagga gtcattgacc taacagaagg tgtccatttt ccgcctaatt 21180
taaggcattc atccttatca gttaaagatg caattgaaca cattccagta tcaggaacat 21240

ctaaacaacg atatactaac cagcctgcgc ctgattcagt agcgttgtaa ggagctgagt 21300
tacacactac aatatcgtta attctaaatg tgtatggatc cggatatcta gtatctcccc 21360
aatctcgacg aggaataact gcgtcaagca ttgatggaag aacctttact gttcccatca 21420
tatgcgtcca catgtcagtt acgcctaata cagaatcggt tggataaggt ggggcaaagc 21480
ccacctcatt ttcatttgat gaccacggtt ctgatcttcc aaatgtgata aagatagtgt 21540
ttttatccgg accacttcca attgaattat aaaaattcaa catttttct gttctaaatt 21600
ttgaagtaac tatcgcacga tagataacac ttgaatcatt catctatttt aacctgtgtt 21660
ggattttcag ggtctcttgg atttcctata ttatctttta gacgtttatt aactaaatct 21720
ctaaattgcg caaatgttgt tccagatgca tcaaataaag gactcattaa tttacgtcgt 21780
tcagacggca attgaccttg aaatattgaa ttattatttt cagcattata gtcatcagga 21840
agaggatatt ctacaccagc cattgggcca ggctcataaa ttgcttcgcc tgttactgaa 21900
tcatgctcaa tttcaccggt tggagttaat ttagctactc tatcagcata ttcagtaggc 21960
aatccagaat cccatttata gtttttatat ttattaatta ttgtctctgt gtgtttaaga 22020
gttaaaccaa cattaataaa catcgttaaa agggtaattg ctataaatcc aaatcctact 22080
ggatgaacaa aacgaataac gtcagatttc cagcgggaag aaggtaaatt ggatttaatt 22140
ttcattacat agtatgatct acttctatta atatagtcta tattgttttg aagcaaatcc 22200
tttcctttaa ctccacgaat aatttcgcct tcaaaactag ggagtctttc tgctttaact 22260
tcttgaccag caattaatct tcccaaaaga ttatgaatag ttacggtcca ttgcaattta 22320
ccattagaat aacttctttc tatataagta acattacatc ttcctgttgc cgtataaatc 22380
gtttgtccta ctaaatcttc agtcaaagaa tcagattgaa cgattatgtc atattcagta 22440
ccggccccag attcaatttc aatttcaact tcttcattat aaagaacttt aaaaagaaac 22500
ttgtatgatg cttcaattcc tttagtagaa taaaaatcat agctacgtga ttcaaagaat 22560
ctcgcaacag catcacgttt atcagcattt aaataaatgt ttcttttata tatctctgac 22620
cacaaatatt cccacgcatg ctcttctcgt ggatattggt tacgaattaa atttcgtaaa 22680
ttgttatact gagttccata tccatcagaa agatactgaa tatatgcttc gcaaaatgcc 22740
tcaaaattcg aatcctgcaa caaataagaa tcaggcatca ttgtgccaat taatggtctt 22800
aaatcaggat cagctaatcc atgctcttct tctggtgacc aaggagtctc atgctcttgg 22860
ttttgtaaaa atgcttttaa aaatactcca gtcggcttcc aaataatttc tactgtatct 22920
ctcacacgat agttaaaatc atagtaagaa attatttcac cagaagattt ataaaaaagc 22980
atcccagacg catatttttt aaatcccgtg aatttaacat ttggcattac tatcgtacaa 23040
tcaccatcat cccagtattc atgaactaat ctatctggtg atgtttccgg aatattttct 23100
ataactttag tgtattttaa atcagcataa actactacag ctctattaga gttgtttatc 23160
caacagcgtg tgttagattt tttagaccaa ttaaagaacg gttctgcgta gtatttcatt 23220
ggttgaggag taaaagtctc ccaatcagat ttttcatccg ctataaatgc catcatatga 23280
taatgcttat cagctaacca ttcacgggga aattcatatt taacagcacc gattaactga 23340
tatttcacca tagtttcagg gtcattaaca acattatcac ttaaaaattt aaaattactc 23400
gaagacagag aaactaattt accgtcagtt gacatgtttg cgtatccagg ttgaatacgt 23460
cttctttctt cttcggtatt accgaaaact cttttccatg ttttttcgtc atgatttaaa 23520
acatatattc ctttatcagc agaatcaatt atttttgaag ttctcggatt ggcatttaat 23580
gtttcaactt caccaataat aagagcaaaa actttatcac cgatagaatc cattttatag 23640
catactgctt taggatttcc agttatagtc attgtatcag gttcaaaaag tctttccgag 23700
tatgttggtg ataacgggtc agaatctata ggtgcattac tcgtttttat atatctaact 23760
ttatctctgg caacaacata gatataatca tccgtacaag taatggcttc agctatacga 23820
tatacattcg ctggtaaagt cgcataagta ccaaagattt ctacatcaaa tcctaaatgt 23880
aactggtcgc caagtttagc aaatgttata tcctgcgaac tgaatctgac atcatctgct 23940
gaccatctaa cgtcagtcga tttacggcca tagaaaatct tgtcgtatcc tagaacgtat 24000
gttgtgttcg cagattggta atatactgtc ttagataaag gatatcctac acggtcattg 24060
aagagcttca cagctttcca ggtttgtcct ttatcattag atactttaac cacgggttga 24120

taacgctcaa aaagatatag aatcccttct gattccatca aataaactcg gttaatatcc 24180
ttacatactt gctgaatgga accttgtatt tcatgatact cattttcacc aataataaaa 24240
ttactgattg atgaaacatc aacatatgat gggctgaatt ggaacgattc attcatcaat 24300
gcagccatta tagtgtcatt attaaaattg acataattag aattgttaag agtaaatttt 24360
tcctgaatga atttattggc taattgcatt tcaatcatgt tttgaaatgt gtaagcattc 24420
gtagcaaaag tttcaaactc ttccgtataa acccaatcag attgctcaaa atcttgtgca 24480
gctgtagcta ctctaatgat gtatgatgtt agtggatcag catcatcaaa aaagaaacta 24540
ttgtttgctg tatatcctaa attaatccaa cgatattgat cactcgggag attttccccc 24600
gagtctgttt ttgtctcagc gatttctaca aaatagtaga aattagcacc aacgtcatcc 24660
cagcgtactt gcacctgatt tgcggataac ttggaaattc tgagactagt gactgaaggt 24720
gcttttactg tcattgtgat ataggctcca aatcgatagt taagtattgc ggacgtaaat 24780
cattttcaaa tacaatcagt gaaccatcac gggtaaagat aacatcatcg gttgggtcag 24840
aatataattc aatagtctga acctcaaatt tttcagatgt taaattaatt ttagcgatat 24900
tccaataaat catgtcagcc ggataattta tttcaccgat aacatagtat ttgtcgcgtc 24960
catcagaatt tgctaattta ttaaaatcat tgcctgtata tggctgaatg ttttcatttt 25020
ctgtaacatc gccagaagca aatggaccaa taataacttt accaattcct ttagaatctc 25080
ggtctgttga tactatacga acatcatata atacatcttc ttctaaacca gtatcaggat 25140
ttacaacctt tcgtccagaa ttaaatgaaa acgtattaga ttccatagaa cgatctttta 25200
tttgattatt gtatttaata cctgcttcag gtgttttata gaagttttgt acttcacgaa 25260
ccatttgaat agtcgctgat gaaccaatga cagaatgatc tgcatcatct acataagtta 25320
acatcttaga tttagcgaaa gacgagttaa aaatttctac atcttcggta taatagcgat 25380
caattttatc aattatttga ccttcaagcc actgctcgga ttcttgtagt ttatttaaag 25440
catatgtgac ttttaaatta gtcttaataa aaagataatt aggagaaata attgatggcg 25500
taataggagc taaattatag tctttgagat aatttttaat atcttcacgc tgtacagtag 25560
ttaaatacag acctgattta ggtttagcag caataaatgc atacccaggt ttagtagaat 25620
cagtgaaagt ctgaactgcc tgaataatag aaccaaatct ctctgaaacg aatgtatcgt 25680
agtcagtcgc agttacgcat cgttgctggg tttcgcgttt aatagtaccc aattcgcgaa 25740
tacgctcaat atcttctgga tcaccgcctc catctgcccc aacaaaatct gggtcaccgt 25800
ttggattttc attaatattg atgatagtta tatttgttaa tgtatctgcg tatgaaaatc 25860
cgactgctcc gttcgcgtca gcaccattag tactaatgta ctcaataaca atcgtagagt 25920
tctgagtagg tttgagacct ccgatataat tagcggtcaa agctccttca gaagcattaa 25980
cagaaatttc accttcacca aaatagaatt cagtgtttcc atcaatagtt tcacgcatgt 26040
agtaaattgt tgatgtagaa ccagcatgaa ccattgactt tcttgtccag ttaatccatt 26100
ccgctccatc aacgtataat ttaacctggt ttctatcaat atttttatca taaatgataa 26160
taggtgtcaa tttatcataa atgatttcag ttcttactat acgtccttgg gccaatttta 26220
atcgtggaaa atattggtta tttttatcac gaatagcaat aacatcttcg gtagatacaa 26280
agttatatgg attaacagaa gtatcttttg catatgctaa aaagcgagtt ccgcgaggaa 26340
ttgtaatgta attcctattc aatgcgtcgg tgcatgttaa cataatttcg gtctgcgcag 26400
cggattttga agtaggtaaa tatccgttat cttgtgcagc ttgaacaact gaacttcgta 26460
agttagcagt acgcataaag ctttcataca cagcagcatt accaaactgc tgaatgtaca 26520
atgtattata agccaaaagg tcacacagaa cgtttaatct tgagccttca aaatcataat 26580
ccaaaaattc attttggcca ttaagccatt caatgaggtt ttgttttatt tcagcaaacg 26640
taccccgac gaatatctcg ggaatagcat ttgctgttct tgttaattga taatttacag 26700
gggtatttgc cattttaaat cctatttaat gaatacttta gatgatgcct gagccacagt 26760
atcaccgcat gatattggat cagccatttg aacagctttc tttccagtga catatacctt 26820
agaagttctg ggttgtgtca ctccgccatg tgtttcatat ggctttttaa tttctgtatg 26880
ttctgtaatt ggatcacctg ctacgagaac agcaattcct ccagtgaata ctttactttg 26940
tgtggcattc acaactgttg gaggccatgc ttcatggcca gcagtaacac acttatcata 27000

acttaatcct gacatctatg acctctcata cacatagctt cttaatttat tagcccaacg 27060
actccaattt ccaactatag tttttgtgta atttttaact agagtttttc ttactggagc 27120
aggaggatcc gtcggttcag tagtatcaga ggatgaccta gaattactgc cagaacctcc 27180
agattcactt tgttcttggt agtcatatat taatgttact tcgtaagtga atgtcttctg 27240
gaggttttga ggagctttcc ataaatacaa ctgagtatca gaatcagtag gaagttcttc 27300
ccatgaagca gcagttttaa attcatcgcc taaacgatat ttcaacgcgt catttccaaa 27360
tccaaacaca gattcatatg ttccgtataa gcgattttct tctactaaaa ccccaggagt 27420
ttcttcgtaa ctagttatat ttatagatac taacgtttca cctgtttcta attgagcggt 27480
aaaggtgacg tcgatagaag aaccttccat ggattctcct aaatcagcgc tcattggaag 27540
tatattagcc aatgtcaatc ctcgatccat caattgtgta ttgaccagat gaaatagaac 27600
tcatagatgc catttttttct gtccaatcac caccaacgtc ccaatcaact gtcccagcaa 27660
ctttccaaga aagatttcca tttactgtgt tagtttgatt tccttcaact aaagtggtag 27720
catctccttt aactgtaatg tcagcattac cttcaactac aatagtaaca ttacctttaa 27780
ctaggatagt tccattgcct tcaactgtct tagtttcatc gccacgtaca aatattgtat 27840
tgcttccatc tatttggtga agacgattat ccatgttgta ataaatttct gatccaccga 27900
cgttagtctt tttatcaccg gctaccaaaa aattaccatc agcgttggtt atatcataca 27960
aattatcgac agtttttctt gttcttcttc ctgacggtga tacttcttca taagttccag 28020
tcggatgaac taatctgtat cgttcttgcc caggagtatc atcaaattcc tgaatatgtc 28080
cgctttcagt ttccattgta tgcacataag gatattcacc tttatatgaa gaaactggtt 28140
ctttgaataa aattctcgag tcatttggaa taggagggtc agccgggtca gaagatttag 28200
ctacagtagc agccattgct gatagagacc tagctggggt tttcacttca acaccatatg 28260
attccaaatt ccccgtaaga ataatcatgg taacacggga tgcacggcct tttgtttgtt 28320
gataccacaa tgaatcacga ccggctttat atgctttttc ccaatctccg gctaacatag 28380
cagttaacat tgtgttaaat ttagctacac cgccaacacc catttgaaat gccatatttt 28440
ctaacgccat ttgacgagaa cggttgacag cttgccagac tggtcctact ttagaatgtg 28500
atttaatgtc ccgttgcata tcagccaaat cacgttcaaa taaagtcgtc gcctcttcca 28560
tcgtaataga acctgggttt ccagtaattt cacgaccaac ttgttttgat aaaactttat 28620
taatttgagc catatcacga actggctgct tcatgataag atgaccaata ccaattgtcg 28680
gatatccttc agtatcccaa taaactttta gtcttaatcc ttcatcacgg cgaagcatgt 28740
cagccattga catatttgga ttatcatcgg ttggaatctc tgatagtggt ctatcatcgg 28800
gatttattgc agtgtctaag ttactatctt ggataatgtt agaagacgaa tcatatccta 28860
cttctccgcc ttggtttaat acattagtat catttcctaa acgtctagga tattgcccag 28920
ttgggtcaga aaatccttca agtctattcg gtttttcgcg aactattcca ccatacgtgc 28980
caaggacaat tccgttagtt ttccatttgt ctaaaaaatg accataaact ctagttcctt 29040
ctaccggtcc agtaacagaa cctccaattc cagacattgc tgcagaagtt ataggttgaa 29100
taactgacat ccatggtaat ttttcagttg gaatacccat tacatcgcct tgtgctcttt 29160
gaggtggatg cagaccaacc acacgaacac gaacacgacc taattttaat gggtccattc 29220
tatcttcaac aacaccaaca aaccaattaa ggttattact tatcatttcc ataagatttc 29280
tccattatac gtataaggtc gttcataaat gaattaatgt ctgattttgc tattattttt 29340
atttgacgaa gtttttcatt ttcaagaaca gcatcttcat acgtattaac agcagcaagt 29400
gctccttcat attgaggata ttttctagct ttatcacctt tatcatacca aacatatgga 29460
ttatcatcgt atgatattaa attataaaat ttttcaccgt tctcattcac atgatatact 29520
atttggtctc cacctacatt tttgtatttt tgtatagatg cttgataagc tgcttcttgt 29580
gaagtaatcc atccataata cgggtcataa ttatcattac acatcaataa aacccaatac 29640
aactgtggat ttccatatat agtatttgct aattcttccg ggcgtggtga acctttgata 29700
taataagtac gtaagcggta tcccgcaaga gcgcgtttaa aatagtcttt atagtttcta 29760
aaaatatctg tcataggaat agtcggcgcg tttttattca ccgttttggc cgcatattca 29820
atcggatcaa aaaatgtaaa gagcatgggc cctcctgttt ataaatatat tatctattta 29880

taaggagaat ccaatggcat attctggaaa atgggttcct aaaaatatat caaagtatag 29940
aggtgaccct aaaaaaatta cgtatagatc aaattgggaa aaattctttt ttgaatggtt 30000
agataaaaat ccagaaatta ttgcatgggg tagtgaaaca gcagtaattc cttatttttg 30060
taatgcagaa gggaaaaaac gtagatactt catggatatt tggatgaaag attcttctgg 30120
acaagaattt tttattgaaa taaaacctaa aaaagaaaca caaccaccag ttaaaccagc 30180
acatctaaca actgcagcga agaaaagatt tatgaatgaa atttatacat attccgttaa 30240
tactgacaaa tggaaagcag ctcaagcttt agctgaaaag cgtggaataa aatttagaat 30300
tttaacagaa gatggattac gagctcttgg ctttaagggg gcataatggc tatttttcaa 30360
ataattaatg aaagcactcc ccaagttcca aaggttaagc aatcattaaa cgaaaagaaa 30420
tggattcaga taggtcttga atataaaaag gccaaagcaa aaggaatgac cggaaagcaa 30480
tttgctgaag aaagaggaat caaatactct acgtttactt cagcaatgtc aaaatatgct 30540
tcaggaatta aaacggctga aaagattcaa aagcttgaat caaaaccaat gaataaactc 30600
aataagcaag aaagacaact gcttatgata aattcattca gacaaacatt gcgcgataaa 30660
attcgtaatg aaggcgcagc aattaataat aaaaccagaa agtggtttgc tgaaactatt 30720
aagcaagtaa aaggacataa agttgttcgc ccgcagccgg gacgaatata tgcttttgct 30780
tatgatgcta aacacaagga aactcttcct tactgggata aatttccttt gataatttac 30840
cttggtttag gtaagcataa tttaatgtac ggattgaact tgcactatat tccacctaaa 30900
gctcgtcaac agtttctaga agagctttta aagcaatatg caaatacacc tactattact 30960
aataaaacga aattaaaaat tgattggagt caagtgaaag gatttagggg tgcagaccaa 31020
atgattaagg catatatacc tggtaatatt atgggtagcc ttgttgaaat cgccccgaaa 31080
gactgggcga acgttgtgtt aatgccactt cagcagttcg tttcaaaagg aaaacgtttc 31140
tctgcaaaca aagtctggtc aaatatctaa ttctattatc ttccattctt ttctgttgtt 31200
tgttctaaat ggaattgaat ggaagggact tagacccatt ataccaccaa cagttataaa 31260
gcattatgag gaatatatgt cgcaagcact gcaacaaatt tttaaccaag caaatacaac 31320
taactttgta gtatcaatac cacatagtaa tactacatct gcttttactt taaatgctca 31380
gtcagttcct attccaggaa ttagaatacc tgttactgat accgtgactg ggccgtttgg 31440
actgggccga gcacaacgtc caggtgctac atttgagtac gatccactca tcgtgagatt 31500
tatagttgat gaagaactta agtcatggat aggaatgtat gaatggatgc taggaactag 31560
caactatctt acaggtgaaa atactgccca aaaaacaggt cctgaataca ttacgcttta 31620
cattttagat aatagcaaaa ctgaaatcgt gatgtcaata aatttttata agccttgggt 31680
ttctgacctg tctgaagtag aatttagcta cacagaagat tcagacccgg ctttagtatg 31740
tacagcaacg attccttata cgtattttca agtagaaaaa gatggaaaaa ttatagcgga 31800
agtttaatgc ttcagtttca tgtgttataa tcttaactaa atttgaggag aaacatatga 31860
aactaatctt tttaagcggt gtaaagcgta gtggaaaaga tactactgct gattttatca 31920
tgagcaatta ttctgcagtt aaataccaac ttgctggtcc tattaaggat gcattggctt 31980
atgcatgggg agtatttgca gcaaataccg actatccttg cttaactcgt aaagagtttg 32040
aaggaattga ctatgatcgt gagactaatt taaatctaac taaattagaa gtaatcacga 32100
ttatggaaca agcattttgc tatcttaatg gtaaaagccc aattaaaggt gtgtttgttt 32160
ttgatgacga aggacaagaa tcagttaatt ccgtagcatt taacaagatt attgacgtta 32220
taaataatat tgaagatcaa tggtcagtcc gtcgtctgat gcaagcccta ggtacggatt 32280
tgattgttaa taacttcgac cgcatgtact gggtaaaatt atttgcttta gattatcttg 32340
ataaatttaa ctcaggttat gattattata tcgttcctga tacccgtcaa gatcatgaaa 32400
tggatgcggc tagggcgatg ggtgctacag taattcatgt agttcgtcct ggtcaaaaat 32460
ccaatgatac acatattaca gaagctggat tgccaattcg tgatggcgat ttagtaatta 32520
caaacgatgg ttctcttgaa gaacttttt ctaaaattaa aaatacacta aaggtactat 32580
aatgtctgaa caaactattg aacaaaaact gtctgctgaa atcgtaactc tgaaatctcg 32640
tattcttgat acgcaggacc aagcggctcg tctgatggaa gaatccaaaa ttctgcaagg 32700
aactttggct gaaattgctc atgcagtagg tatcactggc gatactatta aagttgaaga 32760

aatcgttgaa gctgtcaaga atcttactgc tgaatctgca gatgaagaat gatggaattt 32820
aaagactttt caacgggtct ttatgtagca gctaagtttt cagaattaac acttgacgcg 32880
ctggaagaac tccagcgctc tttacgtgtt cctaatccag ttcctagaga aaaaattcat 32940
tcgactatat gttattcaag agtaaatgtt ccatatgttc catcgagtgg aagttttgaa 33000
gtagcttctt ctggacattt agaagtgtgg aaaacacaag atggatcgac tcttgtactt 33060
gtgctagatt ctgaatatct gcgctgtcga cacatgtatg cgcgggcact aggtgctaca 33120
cacgattttg atgattacac accgcatata acattgtctt ataatgttgg gcccttatca 33180
tttagcggtg atgtacaaat tccggttgta cttgaccgtg aatacaaaga gcctcttaaa 33240
ctcgattggg cagatgattt aaaataattt cacaaagttg tttacatact gatgaggtag 33300
tgatactatt acctcatcaa aattaattag gaaaataaaa atgaaaactt tcaaagagtt 33360
tgctacaaaa actactatca ctgaatcttc ccacggtatg gaagtaaagc ttggaatggc 33420
tttagctgaa gctgagcgtc ttttctctcg tattaaagaa cttgctgctg cggtcgatcc 33480
ttcatctttt aaaggagacc aaactaaagt taaagcactt ttagcattat gctccgatgc 33540
aggagaaatt gctaaaaatg gttctaagat gaagaaacga ttagaagatt taaaataatt 33600
tcacaaagtt gtttacatag ggttttagtt gtgatactat taccctatca aaacaaaacc 33660
aaatggaaat caaaatgaaa acttaccaag aatttattgc tgaaactgct gatgtaaaag 33720
ttgagtttat ttacactggc aagaaagata aaatgggtga aatgcctcat ggagttcttc 33780
gtgatgcatt agataatttc ggtcaactcg ccgcagaaga ttacggtgat aaaattgttg 33840
ttactggtcc tgctgcagtt attgaaaaat gggcagcaga aaataaatca atttttcgta 33900
aaaaataagt ttacttttag atagggtagt gatactatta ccctatctac tactgaggag 33960
aataaaatga aacgttgtga attaattcga aatgttgcta ttgcaatttc tgcttccgct 34020
ttcagttttt caatgtttgt tggatttata tgcggattat tgactacggc agaaaatgtt 34080
ttttcacttg tagtagcatt tttaattggt ttaattgcta ttgttatgga taaaatttct 34140
aaaggtgaat aatgaacgtt gaatattatg tatatgcgga ttacgaaaat aatccgtcta 34200
aagatgaaga taatcgttta ggtgtagatg ctttcgattc ccctgcggcg gcatggcaat 34260
gggttgaaag aaccgatatt ccttaccgtt atattgaagt ggttgaccac gcaggaaaca 34320
agtatcctaa ggaagcatat gttgcttccg ggaaggtaaa tttccttttg tttgcaggtg 34380
ataattatta tccccgtggt gggtataccg atttaattgc taaagcattc tctgaagatg 34440
aactccgtga cattatcaaa gaaaatgaaa acaaaccgat ggattctaat cgctttgatt 34500
ggtggcaaat cgtaaatgct aatactcaca ctattgttga tgaaggctga taatgattct 34560
ttatgcgaaa gtatcatcca ttgaaaatgg atataaatat gatcaagacg cggctaaagc 34620
tttgattgat gattatggca ttttaacatg ttttgaagtt gaaaaggttt acattgaccg 34680
ttcatcttct caagttaaat tagtgaagga agaacgtaaa tttaatacag taaattttga 34740
tttctttatt gaaacagaaa aaggtcctct tgaatatgat attttcaaga atcctttggg 34800
tcttgaatgc atcgtaaata tgtattatta taaatggtaa atatgcttta agaattattt 34860
gttattatta actcatatcg cactgattaa taccctctat catcaagggt tcttgcttaa 34920
gagcctttgt taataattgg gaattagcca agttggtaag gcactggatt ttgattccag 34980
gatgcaaagg ttcgagtcct ttattcccag cgcgagaatg gccaaattgg taaaggcaca 35040
gcacttaaaa tgctgcggaa tgatttcctt gtgggttcga gtcccacttc tcgcaccaaa 35100
tttgcggata tcgtataatg gtattacctc agacttccaa tctgatgatg tgagttcgat 35160
tctcattatc cgctccaatt taatttactc cgtgtagctc agtttggtag agcgtctgct 35220
ttgggagcag aatgtcgtag gttcaaatcc tgccacggag actggaggcg tggcagagtg 35280
gtttaatgca ccggtcttga aaaccggcag tcgctccggc gactcatagg ttcaaatcct 35340
atcgcctccg ccagttttgc tgatttagct cagtaggtag agcaactcac ttgtaatgag 35400
aaggtcggcg gttcgattcc gtcaatcagc accaaggccc tgtagctgga aggttcaagc 35460
aagcgactca taatcgccag atggtggttc aattccaccc agggccacca aattaatttg 35520
gggagttatc ccgtagaggt agcggtgtgg actgtaaatc cattgtcatt gcgactcggg 35580
tggttcgact ccaccactcc ccaccaattt ggatgtgtag ctcaatggca gagcgatcgc 35640

ctgttaagcg attggttata ggttcgaatc ctatcacgtc cgccaaattt gtgacaactg 35700
tcacattaat atctacttga cgcgattata ggggttgaac tgatcactct tctcttaatt 35760
tcgtgtgaag acatcttgat tgttggagta ggtattaatg tggccgtagt tcagttggta 35820
gaactcgaga ttgtgattct cgtagtcatg ggttcgactc ccatcggtca ccccaattac 35880
ggggcatagc tcagaaggaa gagcaaggac cttctaagtc ctaggtcgta ggttcgatcc 35940
ctactgcctc gaccaattat aagtgaggaa aatatgaaag gtaatgttta tttagtagtt 36000
catgatttaa cattctattt taatcataat gatactgtta tttctgaacg tgtaattaat 36060
ttgctttatc agcatgcaga ttatgtttat gtcgaaaacg aatatggtca ttggcaattt 36120
ctcaaaaatc gttcatttgg tttagatggt tacgaatatt ttgatcgtaa agacctttta 36180
gatacaattc cgttatctac acaatatcaa aatcataagt ctttacataa atgccggcta 36240
attcgaaatg ctgaatccgc gtatgaagca attgatttgt ggcgtaaacg ccgtgaatat 36300
attgattctt taaaagaata ttaagaaacc gggtcgctac cggtaagtcg tcggactgat 36360
gttccctgga gtatagtttc ctcccacagt tttactgtgt tctggctctt tactatcaca 36420
gcagaaacgg cgcaccgaat tatcgattcg aggaaatatc tttgccgtaa gccgagtagc 36480
gtttttgacg gaacgttcgg atatggtcga gatatggcct tttaaaaata ttgagtagcg 36540
tcaactactt aataaccggg ttcgaatccc ggcgtttcgt acaaacactt gccttagcag 36600
gtggaacccc gacaaggttg ccgcaaggct tagccccgac cgaaaggttg gggctttttg 36660
gtataaatat tagtatatta aatctacaaa ttaaaacagg aaataagatg aaatcatata 36720
ctcaatttttt aaatgaagcg gtgttaaatg aagcatctag caccgaaatt caagctgttg 36780
caaaagctgc cattgccgcg ggtaaatatt cctataaaga tgcttctgat gaatcgcgat 36840
tccagtttgc acgcgacatg aaagcggaag gatttacggg aaatgcagtt agtatggcct 36900
ggaaaagttt agttgctact ggcgctgctt ttgcaaaggc ttcgggtaaa cctgctccta 36960
aagcagatcc taaagcggca caagaaaaaa atatcgttaa aggaattatc gctaaatatg 37020
aagctatcct taaagagctt ttagtaatca aaaccgaagg ccaaaagtta gcccgtgctt 37080
atagtttcaa agataatcca catgttcact ctcttgagta tgttgaagac atccaaaaaa 37140
ttattaaaga ccgcatttgg tctgctaaac aaatcaaatg acattcttag ccccgaccga 37200
aaggttgggg ctttttagtt tgaatcactc ggataacgct gttacggata gtaacaaagt 37260
aataaataat taataaccaa ccgataaatt atttcaagga ttttaaatga aaacctatgc 37320
cgaattttta accgaagcag caaaattacc atctgaagca gatcttacta aagtattctt 37380
ccaattggac ccaaaagacc gcggcgattt tcttaagtgg aaagctaaag ctattgaaat 37440
gtacaacatc gataatagtt cttttacaat gagtcaagaa aataaattca ataaagcatt 37500
tttcaaaatt tctaagaaat tggcatctgg cgctcaggtt cctaaatctg tgttagctac 37560
tcctgaacgc gcacctgtta aaatttctaa gaatatgttc gacactaaaa aatacgttaa 37620
tgctttgaat aaagctcttg atgcattgga tgatgcaaag aaggcagccc gcgatcttca 37680
agacgtgtac accgattttg accgcaaaac taaaggttct atttcaaata gcgaacgcaa 37740
tagtgtaagt gtttattctg atagccttga tgttcttggc gatgcgtata ctgaaattaa 37800
aaatcgtatt aacactgcat ctaagctaaa agctgctgca gaagctataa taagtaaact 37860
aggtaaataa ttttaaatcc ctatctaaat gatagggctt tttggtatct aggcctttct 37920
ggacctctct aggcatcatt tagtttatac cctttataat atattatcct atcctttaat 37980
tgcccatccc tgccctagaa ttccctaaaa atttttttcac aaaactgttt acatctctgt 38040
tcttccatgg tactatacaa ctatcaacta ctgatacaga aaacaacttg gagaatgaaa 38100
tggataatta cggcgaactg ttcaacttct ttatgaaatg cgtttcagaa gatttcggtc 38160
gtacagtgaa tgatattaaa gttatcggtc ctgatcatcc gatgtttgaa acttacgcag 38220
taatgggtaa tgaagacggt cagtggtata ctgtaaaagt tgtgattaat atgttcacag 38280
cagaaggtta tgttaaactg tcttctaaag tttaccatga taacgacgaa atcgcggaag 38340
aatatttcaa taatatgaaa taagtttacg caggctcatg attgagatat tatgagccta 38400
taatttgacg atagagtatt atactcctac ggattttaaa tctcaattaa cctaaggaaa 38460
tactatgaac acactgaaga aaattgttga gtttattcgc actaaacttg gttctgctat 38520

ggctaaaaat ctatctgtcg aagaacagta tactgctgca gcagcaaaac tacttgataa 38580
aattaaagat ctaaaaactg cttctgttaa atctattaac gaagaaaaac gtattcgtga 38640
acttgttatc gaaaagaatc gacaggccga atcaaaagag cgtgaaattc gtaaacttct 38700
ttccgaaggc caagatgtaa caatgcatgc taaactcggt ttactatatc gtcgaacagc 38760
tgagcagttg actactaagg ctgacggtta tgctgaaatg cgaattgaaa tcgccaagaa 38820
agtagttgag ttagatgatg ctcgtcaaga acttgcggtt aaattggaat atatccgtga 38880
aactcgtgca gcaaatgccc ttggaattag tactgctgat gatgtagttg aaattgcagc 38940
actgactaag gttgatattg aagataccct tgctcgagtt gaaaccttta acggtaatat 39000
ttctggggtt gaaactacct ctgccgatgt tcaggaatac attaattctc tgaaataatg 39060
ataaggggct tcggcccctt atacttggag taaataggaa tgaaaatgaa aatgcaaagt 39120
gatttcaatt caatgtttga agagttccaa agacaggttg atgttccaga ccaattacta 39180
aatgctctta aacgcatggc agaaggacgt aattactatt gggggtcttc atatgaaact 39240
gatgaaagcc tttccggaag attttctaga ggtaaaaagt ctttaatacg tcctggaata 39300
ctcattaaca gtattgaatc aattcattca ttgacgtgtg attttgatgt tgaatttact 39360
gatttcattt ctcctgaatg gacggtttgt tatttaaacg acgattttga ttatctcggt 39420
gtttatagtt taagtgacgc atggtttaaa cgtaatttac aaaagtcaaa tttattttat 39480
attgatacta ctgtaaaatt tcagggcaag aaatatttct ttactcttat agttgattct 39540
gaaacgaagc atgaaaataa acgtattctt agtaaaaaga atatcttaac tattgttgat 39600
gatctttttg ataaatttgt agaaaatccc aattttgaaa gtgatttatt actagaaaaa 39660
tttgttaagg aatgtagaga atatgtcaaa accatcacta taccttccaa gtaaacctgt 39720
gaagtatgaa ccaaagcgtc agataatttc tactgatgtg ttaataggtc ctgttatact 39780
catatcattt gtaattctat tgattattgg aggtgtttta gatgttatga ctgatattga 39840
ttctggcgaa atacttgtgt taatgctaat tcttccatta atagttccac ttttattagt 39900
acccgtaaat tgggtaggat actggtatca aggaagacat tatcgtaaac gtgtacgtga 39960
ttggaaagct cagtgtaaaa agattaaaaa ggaacaccag cttaagctag atatgtatga 40020
atttgatgaa attatgaaat ttgttaagga atcacgatgc aaaagccaaa actaaataaa 40080
gtcaaatatt cgtttcctga ggcactatta attcttgctg tatcagtatt tacagctctt 40140
gcgggtagtc ttattggatt gttaattgac tgttttattt taaatatcga cggcacagta 40200
attataacag aggtttggag tgaacttcgt tttactatag cgatttcatt attttcattc 40260
tttggtacca tgttatattt tcattatgat aattttaaaa taaattggca aagaaaaaag 40320
gattacaaaa tacaattaaa ggaatataat agctatatgt cttatattga aaaagaatca 40380
atggaagagt ttgtgagtga ttgtaggaaa attaaatgat tttaaaaact cgctggtatg 40440
atttagatga tggggacgat ggcatttcag ttgatagagt tgactggagc ggctgttctg 40500
aagatacaaa gaaacgatta attagggagt ttagaatggg atatcaagca gttaagccat 40560
ctactgtaac agatgataaa ttcgtgtgta ttcataatgg tcgtgctaag ttaacgaatg 40620
ctgaatggtt cacagataag attatgattc tgtggtatat cattagtctt cctgtgtcat 40680
cattcgtatt ttacttttt ataaaaaatc caatggacag aataggagat tggattcttt 40740
taaccatact tgttaatatt tttacagcat caatattatc tgggatatgg tacacgttca 40800
ttgaaatgcc atggcggcta cgcagacaac aaaagatttt tgatgaaaag aaatatactc 40860
aaaatttaaa taactttatc actgaatgca ggaaattaaa atgaaaacat tatcagctgg 40920
tattatcttc atgacagaag ataaagattt atttatgggt cgggttactg gttctcgtaa 40980
gcctggaatg atggcacatc gctgggatat tccaaaggga cgtgtagaaa gttctgattt 41040
gaatgcactg gaagctgcaa aaagagaatg cttagaagag accggtttta gcaattataa 41100
tccagacctt ctagaagacc taggtgtatt taaatattct agtaataaag acttacagtt 41160
attttattat acgattccag tagagcatga gatgtttaga aattgccatt gcgagtctta 41220
ttttgaaaat aaagatggcg ttatgattcc agagatggat gcttttgctc ttattcctcg 41280
tactcagtgg caatatgtga tgggtccttc actttaccga ataatgaaca gcctctttta 41340
atttataaat accttctata aatacttagg aggtattatg aatatatttg aaatgttacg 41400

tatagatgaa ggtcttagac tcaaaatcta taaagacaca gaaggctatt acactattgg 41460
catcggtcat ttgcttacta aaagtccatc actaagtgtt gctaaatctg aattagataa 41520
agctattggg cgtaattgta atggtgtaat tacaaaagat gaggccgaaa aactctttaa 41580
tcaggatgtt gatgctgctg ttcgcggaat tctgagaaat gctaaattaa aaccagttta 41640
tgattctctt gatgctgttc gccgctgtgc attgattaac atggtcttcc aaatggggga 41700
aaccggcgta gcaggattta ctaattcttt acgcatgctc cagcaaaaac gctgggatga 41760
agcagcagtt aacttagcta aaagtagatg gtataatcaa acacctaatc gcgcaaaacg 41820
agtcattgca acgtttagaa ctggcacttg ggacgcgtat aaaaatctat aaagttgttt 41880
actttctcct agaattgtga tagtatattc acagttactt ggagggataa aatgactcgt 41940
attaatttga ctttagtatc tgaacttgct gatcaacatt taatcgcaga ataccgtgaa 42000
ttgccgcgtg tttttggtat agttcgtaag catgtggcaa acggtaagcg cgttaaagat 42060
tttaaaatat cttctaaatt tattttaggt tctggtcatg ttactttctt ttacgataag 42120
ttagaatttt tgcgaaagcg tcaatcggac attataacgg aatgcttaaa acgcgggttc 42180
agtataaaag atactgaagt tcctgacatc agcgatattc cagtagaatg gaaaaatgat 42240
tataatccat gcaaatcagc tattaagttg agtcaacaac gactcgatga aaaaatttta 42300
atgaagccac actggtataa gtattacggc aaaaatattt acatttaaat aacatgggaa 42360
taacctggac ctcatgattc tgtgagggat tcccgccaac ctgtaataag gtcgagccca 42420
agtgcggtaa tgggtaaata cagaaatgga caattcatgc gccatggaat ggcccaaacc 42480
tagagagaac aaaatgagaa catttttaac tggtccttat ctatccctga tgaatgcttt 42540
tacacaccat tctgatgcta gagtagaaga aatttgtaaa aacgaatata tcccgccatt 42600
tgaagactta cttaaacagt attgtacact tcgactagat ggtgggcgtc aatctggtaa 42660
atcaactgca gtaactaatt ttgccgctaa ttggttgtat gacggtggaa cagttattgt 42720
tctttctaat acttcagctt acgctaaaat ttccgcagat aatattaaaa aggaattttc 42780
gcgttattct aatgatgata tacgttttcg tttatttact gattctgtgc gcagttttat 42840
tggtaataaa ggaagcaagt tcagaggttt atcgctttcg cgaattttgt atataattga 42900
tgagcctgtc aaatctcctg atatggataa gatttatagt gtccatattg acactgtaca 42960
ctgctgctgt aatattaaat gttgcattgg tggtattact cgtccacagt ttttcgtaat 43020
cggaatgcaa tgatgacaga cactcagctt ttcgaatatc tttatttttc gccaaaaact 43080
attaaaaata aattggtgaa tcattttgaa attttggcaa aaaataacat tttgagcgaa 43140
ttttatccca agcaatacaa attacaaaaa ggcgtattca aaggatgcag agttttgtgc 43200
acggctccta atgcacggct aatgaataaa attccatatt ttaccatgga atttattgat 43260
gggcctttta aaggactaat cacacagagt ttaatggcat atgattctga gccattttta 43320
attaaagaac aatcttggat aaatttattt tttaattgag gttatatgaa agcatatcaa 43380
attcttgaag gcacacataa aggtactatt tattttgaag atggtattca agcacgaatt 43440
attgtctcta aaacctttaa agaggactct tttgtagacc cagaaatttt ctatggtttg 43500
catgcccgtg aaattgaaat tgagcaacag cctacagtta aaattgaagg tggtcaacac 43560
ctgaacgtta acgttctgcg tcgtgaaact ctggaagatg cagttaagca tccggaaaaa 43620
tatccgcagc tgaccatccg tgtatccggt tatgcagttc gctttaactc tctgactccg 43680
gaacagcagc gcgacgttat cgctcgtacc ttcaccgaga gtttgtaatg gcaaagataa 43740
ttattgaagg ttctgaagat gtgctaaatg ctttcgccga gtggtttagt aattcaggcg 43800
aacagcaatt taacgaagca tggaacatgg gtgatattaa tggaatttat cctacgacag 43860
aaatttctgt tcaaggatat ggcattcatg aacctattcg tttagttgaa tatgatttgg 43920
gaacaggtga ggaagtaaaa tatgattgaa gacattaaag gttataaacc acatactgac 43980
gataaaatca gtaaagtgaa tgctatcaaa gatgctgaag ttcgtttagg gcttatcttt 44040
gatgctttat atgatgaatt ctgggaagca tttgatagct gtgaagatga tgaactcgcg 44100
aagaattacg ccgaaagcct cgatcagtta actattgcta aaatgaaact caaagaagcc 44160
agtatgtggg cttgtcgcgc agtgttccaa ccagaggaaa aatactaatg gctcaattaa 44220
gcgcagggtt tggttatgag tattatactg cccctcgtcg tgtatctgtt gctcctaaga 44280

aaattcaaag tcttgatgac ttccaggaag tagttcgtaa cgctttccag gactatgcac 44340
gttatcttaa agaagattca caggactgtc tcgaagaaga tgaaattgct tactatgagc 44400
agcgtcttga acagctcaaa aatctacatg aggttcgtgc agaagtttca aagtctatga 44460
ataaattgat tagatttaaa gaataactgt ttacttttcc tcttgactgt ggtataattt 44520
ttctatcagt taagaggaga ataacatgac tatcaataca gaagttttta tccgtcgaaa 44580
taagcttcgt cgtcactttg agtcggagtt tcgtcaaatt aacaatgaga ttcgtgaggc 44640
atcaaaagca gcaggagtct catcgtttca tctaaaatat tctcaacatc ttcttgatcg 44700
tgcaattcaa cgggagattg atgagacata tgtttttgaa ttattccata aaataaaaga 44760
ccatgtttta gaagttaatg aattcctgag tatgcctccg cgtcctgaca ttgacgagga 44820
ttttattgat ggggttgaat atcgtcctgg acgtttagaa atcacagatg gaaatctttg 44880
gcttggattt acagtttgta aacctaacgc gaagttcaaa gacccgtcac ttcaatgtag 44940
gatggcaatt atcaacagtc gtcgtttacc aggaaaggct tctaaagcag taattaaaac 45000
tcaatgaggt aagcatgaga aaagcactac tcgctggtct attggccatt tcaatgatgg 45060
cacatagctc cgagcatact ttcagtaatg tccaactcga taacatgcgt tacgcgtatc 45120
aattcgggga acaattttct aaggatggaa aatataaaac acacaaaaac atccataaga 45180
gcggattggg tcatataatg gctgctattt tgtggcaaga aagctctgcc ggagttaatt 45240
taaaatctaa accaaagcat catgcctatg gaatgttcca aaattatttg cctactatgc 45300
gagcgagagt caaggaactt ggttataata tgaccgatgc tgaaataaaa agaatgttga 45360
ataaacggtc caattcagct tcctgggcgt acattgaact ttcttattgg ttaaatatac 45420
ataagggtga tataagaaaa gcaatatcat cttataattc gggatggaat gttaaagcag 45480
gttctaaata tgcttctgaa gtcctagaaa aggctaatta ccttaaaaat aataaacttt 45540
tggaaatagt aaatgactaa aattttggtt ttatgtatag gattaatttc attttctgtg 45600
ttagcagata catcatatac tgaaattaga gagtatgtaa accgtactgc agcggattat 45660
tgcgggaaaa ataaagcatg ccaagctgaa tttgcgcaga aattaatata tgcatataaa 45720
gacggagaaa gagataaatc aagcagatac aaaaatgata cattgttaaa acgatatgct 45780
aaaaagtgga ataccttaga atgttcagtt gcggaggaga aagataaagc cgcttgtcat 45840
tcaatggttg accgtttagt agattcttat aatcgaggat tgagtactag atgattgtaa 45900
aatatatcaa gggcgatatt gtcgccctat ttcttcaagg taatattatt gcgcacgggt 45960
gcaattgctt ccacacaatg ggctctggcg tagcgggtca attagcaaga gcctatccca 46020
aaattttaga aatagataaa accactaccg agtacggttc tcgtgataaa ttaggcgata 46080
tgtctattgt ttttaaacat agtcctacgg gatttggtat atgctataac ctgtatacac 46140
aatacgaacc gggtcctaat cttgattatg gtgctttagt aaactgcatg atagaattaa 46200
atctacaggc agaaaccctt ttgtttaaac cagtaattta cattccacgc ataggttgcg 46260
gtattgctgg cggcgattgg gataaggttt ctaaattaat cgacatgttt actcctgata 46320
ttgatttaat agtggtggat tatgaaagta cattacccgc atccgtttga tcctaaaaac 46380
aaagtggaaa ttattcgtca atgggaacgc atttgccgta ctaaatgccc aattaatagt 46440
ccacatgatg tagataaaga ctatattgga acattcgttg aatatacctt tattgatagg 46500
aaaggtcgta aacaacatgt agaagaatat tgtttaaagg ttacatggtt atgagccaaa 46560
ctagtattct taaaaatgcc cactgcgaaa agtgtgaatg gccagttgtt tttgctttat 46620
gtaatgatga aatggcttgt gatttcgatt attggtgcta ttgttctaat aaaggatgca 46680
tcaatcataa aggtgaagga ttttattcag gattttatcc ttatcctgat ttcgttaaag 46740
aaggtaaacc gaaatgaata gttttgagtt acagtatgaa gtgttacgtg agcttgataa 46800
tttaattgaa ctcgctgtca ataaaggttt tgccattgga atcggtcaaa aagatactgg 46860
tcatttaact atggaaatat ttaagcaaaa gcgaattatt ttaaaactcc tggaaattaa 46920
tatatgagtc tgagtaaaga acaaaaagat aaattgtttg agcttatcca tgaacttcta 46980
gatgagcata cagaagcaaa caccttttat gatgaatacg gcccgctatc tcccgaacag 47040
caagaagaat ttgctgatcg gtttgataag aaagaaaacg aattaatagc ttatgtgaat 47100
atgctttaag aaggtgatat ggcgagttta atttttactt acgcagcaat gaatgctgga 47160

aaatctgctt ctcttttgac tgctgcacat aattataaag aacgcggaat gggtgtatta 47220
gttcttaagc ctgctattga tactcgcgat tctgtctgtg aagtcgtttc tcgcattgga 47280
attaagcagg aagcgaatat tattacggat gatatggata tttttgagtt ctataaatgg 47340
gctgaagcac aaaaagatat tcattgtgta tttgtagatg aagctcagtt tttaaaaact 47400
gaacaggtgc atcaattaag tcgaattgtt gatacatata atgttcctgt tatggcttat 47460
gggctaagga ctgatttcgc tggaaaatta tttgaaggtt ctaaagaact tttggcgatt 47520
gcagataaac ttattgaact aaaggcagtt tgtcattgtg gtaaaaaagc tattatgaca 47580
gctcgattaa tggaagatgg aacaccagtt aaagaaggta atcaaatctg tattggtgat 47640
gaaatttatg tttctttgtg tagaaaacat tggaacgaat taactaaaaa gctcggttag 47700
tgcaaaagtt ataaataggt ttatctaact aaaggggtat atatgctaca attaactgaa 47760
aagcaacttc gcaatcttac tgttcttcaa ttagatgaaa ttcgtaggga agttggaaat 47820
atcatttcag ctttgcgtcg agaagtatca ctcaaccaat ctccggcaga ctatactaga 47880
ttgcgaaatt ttgaaaaata ccttgataaa gttaaggccg tgcatcggca taaagtaaat 47940
acaggacaaa aatgatagga ggcctttatg gccttaaaag caacggcact atttgccatg 48000
ctaggattag cgtttgcttt atctccacca attgaagcga atgtcgatcc tcattttgat 48060
aaatttatgg aatctggtat tagacacgtt tatatgcttt ttgaaaataa aagcgtagaa 48120
tcatctgaac agttctatag ttttatgcga acgacttata aaaatgaccc gtgctcttcc 48180
gattttgaat gtatagagcg aggcgcggag atggcacaat catacgctag aattatgaac 48240
attaaattgg agactgaatg aaattcagcg acttttcaca aagtggaaaa ccttcaaagg 48300
cagatgaata cttaggttta ttaatggctg cacaagctta ttttcattct gcgcattttg 48360
aaactaaaag ttatgctaga cacaaagcat acgattttat tttctctgag ttgccagatt 48420
tgattgataa atttggtgag caatatttgg ggtattctgg tagaaaatac acgccttcta 48480
ttccagatgc cagtaaactt cctaccgaca caattaaaat gattgatcgc atactagacc 48540
aatctaacag catttataaa gaaatgcctc cagccattca aagcacgata gatgatatta 48600
ctgggatgtt ttaccagagt aaatatcttc tttccctcga ataacattag tctccttcgg 48660
gagacttttt tcatttacc ggtttacttt ccatttgagc tgtgatacta tacaactatc 48720
ggataaagag gagaacatca tgaaaattga agcacttaat caagaaggaa atatctacgt 48780
catcattaat ggtgattttt tcgtcgacat ggatgaagtt actagtgaag aacttgtaga 48840
acttcttaag aaacgttatg atatgtgtga tgaagctgca actcatatgg cgtgtgcaat 48900
attctctctt tcatatgtgg tggaataatg actagaattg aacaagcaga taaaattaaa 48960
gaattggtag ctttaattcg caaagcagat gaggaactta gtgactttgc ttggttttcg 49020
gcaggcattg caaataaagg tattgaaaaa tttgaagcta aagttgataa tgctttagaa 49080
gcgttagata tgtttcttga tgaaattatc gatcataata cgagagtgta agtatgctaa 49140
cacgcgaaca gtttgaaaaa atcattaaat tagcacgtga tattgaaata gattcatatc 49200
aattagcagt tgagcattgt gaaggatatt catacgatgg tatagaagca gctaaaaagg 49260
atttggataa atctaaagct aagttagttc aatatcttga aatgattagg tggaataatg 49320
aaaactgaaa agcagatgtt tttaatgaag ctaattgaag aatatgctaa tgcagtttct 49380
gactatgaat gttcttctcg tgaaagaggt acagctttcg ctaaagaaga attgaaaatc 49440
atggttgatg ctcatacaaa gcttcagaat tttattgaaa acgtcattta atggtttaca 49500
agttggcaag gttatggtat agtaatcttg tcaactgcca aggagaagag aatgaaagtt 49560
ttgtttgttg tgtatgtgat gattcaatat aattacccaa tgtttactta taatctggtg 49620
aacaacatta ttgatattat tcaaaggagt atgtaatgac aagtgagcag gcttttaaat 49680
taaaagaatt aattgaaaca tatagcaaag ctgttcatac agcaacagtt attgatgaat 49740
cagctttctc cggacatgct aacaagatta aatacaaaac tcttatggaa gaagctaaag 49800
taaatcttga ttcttatatt gaaactttaa ttggtgaata acatgggctt tcctaaatta 49860
gaagtaggtg atttagtttt aacaaaatta tggaatggtg ttcaatcagt agaaatctgc 49920
caatatcgtg gagcaacagg taatttgatg tacacgattt ataatccaga aattttgtta 49980
gagtgtcatt tggaacgctt tataaaagac accgatagta tgccttatag tgtatcaatt 50040

gtacgtaaat ctgatacaaa ggaatattct aaaattttag aacaaattcg tgccaataaa 50100
aaggattaat atgaaacgat tagtattaga agttagtccg ctttttggtg aattggctat 50160
agaaaaagta aataacatgt atcgtttgac gcaagaagac gatatgctat attttacgcc 50220
tagtgaaatc attcatttaa cccaaattga atatccttat actgataaaa tagtaagcat 50280
caatgatgag cacaaaattc atttttattc ttcatgccca ggatttaata ttaaaagtga 50340
gtcaatgtgt ttatcagtta tccattggga tagttttata gataagatta aatattttta 50400
ttattctaat gaaagaaaac atagtttaaa atggctcaaa aattgcaatg ctattattac 50460
taacgcttgc aatcagaatg atgaaactct tttaaatgta tcaaaatgtt atgaagaggg 50520
agatgtctta actattcgcc aaattgacga ttttcgatca catattgtca catttaccaa 50580
agacgaagct attgcgttaa agacttatct tgattctgtc attccaacta tgatttcaaa 50640
gtgaggaaat atgtttattt caagtggaag cggtttaatt cgtgttgaat ttaaaaatga 50700
catctttctt agtcaaggag atgatattat taaaatgagt tatgacgaaa tcaagaaaat 50760
ttgtcatgct cttgaaagtc atggaaagga aaatgctact atcgatatag gtgatttatg 50820
ggtgacactt tatgaagtat ccgaaggatt taacattgaa gatgaaaaca acattttagc 50880
tattgataaa agaagtgatt tgtttgatgt attaaaagtt tatgaacagt caaatggtgg 50940
aagaaaagct gtattagttt atcaaaaacc acattcatgt ggaactgctt caatcatttc 51000
aaatattgaa gatgaaactg atacttatat gtgtgtttta aaagctggtg gtgaccgtca 51060
tccggatttt atttctattc gtcaaaataa tggagaaatt tcattatcaa aatcagaagc 51120
tgaagctatg attaagtatt taacaactgt tacaccttca atgaaaggat aattatgatt 51180
attaatgaaa actcttggca ttataaatta ttcaaaatgt ttaacgacga atggaaacga 51240
cctaagacac tttgtgcata tttttggtct attgttatcc ctacattttt cgtttctttt 51300
ttcggatgta ctatactcgc aggtctaact attatctgtg cagaaatcat acagaaatgg 51360
cttatttttg gtagtttatg gactcttatt ccatcagcat ttatacttgc cattttgctt 51420
gttttactta ttatcggttc atttgttatt cctgcacaac tacatgaaaa atataaagat 51480
tataaatgga aaaaggatta tgctttacat gtagaaaata ttgatagggc gtataaaggt 51540
ttacctccta ttcaacccaa gaaatctatt atcgtcgaat ttttaaaagc gcgtaaagct 51600
aaagtatgtc ctgttattga atataaggct gaatgatgaa aacagtaatg aaaagctatt 51660
ttggtagtca tctttatgga acttctactc cagaatctga tgtagatttt aaagaaatct 51720
ttgttcctcc tgctcgcgat attcttatcg gaaatgttaa agagcatatg agtaaaaaca 51780
ctaacaacac atcatctaaa aacactaaag atgatattga ccatgaacta tacagtctta 51840
aatatttctt taaattagca gcagatggtg aaactgtagc gttagatatg cttcacactc 51900
cacctgagtt agtggttaaa tctgatttgc ctgatgtgtg gaagtttatt caagacaacc 51960
gttctcgttt ttatacgact aacatgaaat cctatttagg atatgtccgt aagcaagctt 52020
ctaaatacgg cgttaagggt tctcgtttgg ctgcattacg tgatgtattg aaagtagtta 52080
atcaaatccc tgagcagtgg gttgattacc aagaagatgg ttctattaag cagcgtcgta 52140
ctaaagttga agatattaag catcgtcttc cagaaaacga attctgtgaa tgggtgttcc 52200
ataatcatga gaaaacaggc ccacagacgt tctacacagt gttgggtcgt aaatatcaga 52260
caacgctttc tcttattgag cttaagcagt cactgaacaa attagatgct gaatatggtg 52320
aacgcgctcg taaggccgaa gccaatgaag gtattgactg gaaagctctg agtcatgctt 52380
gccgtggtgg actccaacta ttggaaattt acaaaactgg tgacttggtt tatccactcc 52440
aagatgctcc atttattctc gacgtgaagt tgggtaaaca tccatttaaa acggttcaag 52500
agtttttgga agatgtggtc gatcaagtag aagcagcatc tactgaagct tctaagaacg 52560
gtatgcagca aaaagtagac atgagtttct gggatgactt ccttgagaag gtctatcttg 52620
aaaaccatcg aagttattat aaatgatagg gagccttcgg gctccctttt ttattttaaa 52680
aatttttca caaaactgtt tacaagcata aagctttatg gtactataca actatcaaaa 52740
caaacactta aacggaaaac aaaatgaaaa ttacaccaat tgaagtaaaa aagttgattg 52800
atacagaaga aatttcagag tgttttgaaa gtttcttaga agacgcaact gaagataacg 52860
cggtttatct cgcccagaaa attatcgaaa cttatttgga gaagaatcaa tgacagttta 52920

cgtagatgtt ttaatgaatc atggatggaa acttcgcggt catccaacta aaaattgtca 52980
tatgttcact gatggagata ttgaagagct tcatgaaatg gcagaagcaa taggaatgaa 53040
acgttcttgg tttcaagata aacgcattaa acattatgac ttacacgctc gccgacgcca 53100
aaaagctgta gaacttggag ctgtagaagt atctcgccgt gaagcagtaa aaatttggcg 53160
aacgttaaaa taaattgttt acagaagggt agtagtgtga tactattacc ctatcaaaac 53220
aaatgtgaga ttggagaata aaatgaaaac tgtaactatc aataagggta tctacttcgg 53280
taaagaaatc tctggaactt ttgagctctt aggtgaatgg ttcccagata atgctccggt 53340
agatgcacaa ggagatggta aagtttttgt tgaaattgac ggtaagcgtc gcggtgtttg 53400
ggtttacaaa tcagacattt catatgatgg tgtaaaagtt gaagaagtta aagaatcata 53460
tgaagatatg aaaacccgca ttaataaaag atttaatgtt atgggaatga tgacgaatgg 53520
tattattaac ggaaacattc gttcattaat tatctctggt gcggcgggta ttggtaaaac 53580
gtattcttta gataaagctt tgaataaagc aaatgataat ggatacattg aatataaaag 53640
cattaacggt aaaatctccg gtatcggtct ttatgaacaa ctttggaata atcgtgaaga 53700
gaattctgtc cttttgattg atgatgtgga tgttttctct gatatggaca ttcttaatct 53760
tctgaaagct gctctggaca ctggagagac ccgtaaagtc tgctggagca ccgcatcttc 53820
ttacttagaa gaaaaaggca ttgagcgtga gtttgaattt aaaggaacga ttgtttttat 53880
cacaaacgtt gacattgacc gcgaattaga ccgtggtact aaacttgctc cacatttaca 53940
agcattagtg tcccgctcgg tttatttgga tttgggtgtt cacactaatg aagaaattat 54000
ggtcagggtt gaagatgtta ttctttcaac tgacatgatg caaaagcgcg gtctttctga 54060
tgaagaaact tataaagcat tatcatggat gaaagttaat gttaatcgtt tacgcaatgt 54120
ttcactgcgt actgctcttt atcttgctga ctttattatg accgacaaaa acggttggga 54180
agaaattgct gaggttactc ttctgaaata attcataaga ggacttctat gacaaaaagg 54240
cagttcagaa atagattata tggactgcca ttaaaaagat gactagaatt aaactggtga 54300
atggaggtaa tgatgttata ctcaaaggct cgtgaaattt acgaaactaa aattaaagaa 54360
gcagtattta agttcgcaac gacaatgcga tggacaaatg actgggagta ttcaaaaaat 54420
cataagaagc ccatggtgac aagaaaggct catatgttag tgttaataga ccgtgagcag 54480
attaaagccc gagaagccct ccagaatcat aaaaaggctg cctttgaatg gtttatggat 54540
aacactgctc ctgagactaa gaaagcggta agcgcatggt tcagtggaaa aaattgtgaa 54600
agaagtttct tttagtggtt tacaagactg ttcctctgtg gtactataca actatcaact 54660
acggaggaac acaaaatgaa cgctaaagat attttcaacc tggtaaatta caacgatggt 54720
aaatttaaat ctgaagcaca aagtaagttc tttaatgaca tctcaatcgg aggtgaaatc 54780
acggttgacg gaggacaaat ttacaaatct cgttggaatt ggatcgttat tatcgatgag 54840
attggtattg tagaaattta caagaatacg aataaaaatc gtacattaca ctggtctcgt 54900
gatactaacg aacagtacaa aaaggataaa gcatctaaat tatctcgtgt aactcaagaa 54960
gatattgagt tcatcaagaa agatattttg atgtatgata acttaattgc tgaagagcaa 55020
gctgttattg ataaatttga tgagattaaa gcttctcgtg aaattcctga ttttatgaaa 55080
gaatcagtaa atgaacgata cactctcatt tcagagcgta ttgaaactta caaaaagcaa 55140
agagctgaac gccagaatac tcttcggaag tttgaagaac ggttaaagac ggtactcgca 55200
taaccgcttt ataccaagga tggtataatg gttctaagcc cttttaattg agattattat 55260
gaaacagttg ataattaaaa gattgaattt attgatatgt tgtttatgta tagcaattgc 55320
atatggttat tacgcaatta atgattatat gcattataaa gattatgatg ttactgtagt 55380
taataccatt acaggaacac aaggaaaagg gtctagttta tcgtttattg ccgtatatga 55440
actcaaagat ggttatagat ttagtgaata tatttcccca gagatgtatt catcaataga 55500
aaaaggtgat aatattactg taagtttacg tcctttcgac gtaaaacaga cattgtttga 55560
taatattgtt tggttctttg gaatggtatt agttcaatct gtgtgtggtg cttatatagt 55620
ctgttccatc ttattctgta tatttagtaa aattgaaatt gagtgaggaa aatatgtcag 55680
tagtaattaa taatgtcaat gcagtaatta aatctttagt taataaaaaa ttaaatgaat 55740
ggactgtact tcgtcgtgga gagccagata aatttttca tagatttaac ccaactttgg 55800

atttgaatgt tattgacaga gatgttcatg ctgaaatttt agataaattt aaagttgata 55860
ttgggtttgg gttagataaa catttgcaac gaacaaacgg atctggaatg ggtttatcta 55920
atcgcatcat gaaagccctt aataaaattg gagcgttgtc tcgtattaat gcgagtgaaa 55980
tccttcgcaa ttataataaa ggatatgacc tttatggtcg actaatgccg aaattatcat 56040
ttgaccaaat gattgcggat ttgtgggaaa atcaacgacg attattagca ttaggcgctc 56100
gattagctaa aggtctagat aaacaaatga tttttaagac caataataca gaagacctta 56160
aatgctttaa atttagtact cgtggagatg attattacat cagagctcgc tctacagatt 56220
atgttaatat ggggcatcat ctctgtttag cttttgaagt tttaaaagaa gccggaacat 56280
tagaatatgt gtctggtgct aaatgtccga ttggttcaaa ttgcatttta atttatcgcc 56340
cagatgaatc cagttcaact aaattaccta caaaacctgt accagttcgc agtaatgaaa 56400
aacattctga acaaattgct tattttaata agcagattga agagctaaat atttctattc 56460
agcaatatga tgatgaaatt ttcagactat ctggattgag tagtaaagct aaatctgagc 56520
gtgaaaaatt aattaaaatc gttgatttac ttaaatctta aggaacacca tgaaaactcg 56580
ttctcaaatt gaagatatgg ttcgtaatgc cagctatact cgtgatgtta tgacattttt 56640
gtgtgaaaat aatttagacc ctgataaagt taatcgtgtt attcatcact ttaagtatac 56700
gaatagcagt gaatgggtgc gtaattttag taaagcaggg tatattacac aaatgactgc 56760
tcgtgaacag ctcaccgatt tctgtaaaac tattgattat aaaaatcctt tgattgttca 56820
aggcgttggt caaagtaagg tcgatttatc atctggattt ttcaatccaa atcattatcg 56880
tattgaatgg agatttattg ctctattccg taaacaatta aagcaaattt tgtctactgc 56940
tagtcgatta aaaggctctg atattaactt aaagaacctg aaatttgatg gttatactct 57000
tcagatggaa gtaagaccgt taaaagaaaa taatagaact gcacgaatta gctttaagcc 57060
taatactaaa aattctcttt caatttgtga atgtcttaaa tcacagctga cagaagcatt 57120
taagtatatg gatgttgttg ctgctgttca atctaagatt ttacctcgtt ttgagcgaaa 57180
ttgggaacat acaacaacat atgaacttga tatgatcgtt tcatttaaat atgaattttt 57240
gagaaaggat gaaattgttc aagagaaaaa gcaggaagtg caagatacct taaatttaaa 57300
tttatccaat tacttatcaa acgatcctaa attttggatg tatagctcaa gcaatataga 57360
tgcatgtaaa cttaataaag tgagttttct tcctactgaa aattcaaatt ttaaacctgt 57420
agaaaaatgg cacgctgacg cgattgagaa gtctcttaag gcagtagatg atgaactcgt 57480
taaagcgacc aatgaagtgc tagaagctga aaaggcgtta gaacaagctc agtcaagggt 57540
tcaaaatctg acaaagcaac gttctaaact gaacaatgca ctaaatgcac tgaactagtt 57600
tactttgcca caaggatgtg gtataatgtt tttactttct actgaggaga ttattatgac 57660
tcgtaacgaa tatatcaaat cattcaatag cgttattgat gataaagcta taccgatgtt 57720
tggccaaaat agcgttcttt ctattatcaa tcaatggctc aatagtgttg atgcaagtat 57780
tgtttcttct actaaattta ttcatgaaat tcgtaaaatt tctagccgtg tagataaaga 57840
tgttatcaag aaaaccttta aagagtctcg tcttctttca tatttggtta atcgggatat 57900
tcttggtaat tttgggaaag aaattaaacg aactaaagat gtagtaggat acaattggtt 57960
cggtgatgtt aattcttatc atcttaatat taaagaagac cctgagaata tttttactcg 58020
tcgttggatc agtaatttca gacttttaa gaaacaaatt ctaaaatcag cttctaaatt 58080
atgttatggc gattatcgtc aaattcatcc tttggcttct gatatgatta tcataaaaga 58140
atatgaactt gataaaaata aagtatctat ttttgtgaat tatggatttt ttacaccaga 58200
aactaaccaa aagaatatta ataaattttt ctcaattgct agcactataa ctcgtcaatt 58260
agagaccgca ttactttgta tggaaacagt agaaaatatt catacatatc cttttaagaa 58320
tatatgcggt tgggaaggat ataaactcgt aattagcctt cgtgaagtga aatgtgctta 58380
ttcacctact gataaagaaa tttaccaaca aaaatgtgat gaaattgtga atactcctaa 58440
agaagaaact acccttgagg aactaatgga atgtcttgat gattcacctg aaccgataga 58500
aattcgtcca gaagttattg cactagaaaa agcttataaa gaagttctag aaatttctaa 58560
taaagcgcag aaagaatatg agcaggctaa aaggatttgg gaagaatctg ttaatcgtct 58620
tgatcgtctg gaacaagctt tacagttaat taagtaattt aaagccaagg atggctcgga 58680

gtataaatca ttaaccaagt gagaagaaca tgaaaactcg taaacattat attgattatt 58740
ttgacagtct tattactaaa catcgtaatt atcagatagg acacagagca gtaatcaata 58800
atattcttcg tgatttttta gactatattg gatgggaaaa ccatatttgt aaagatacac 58860
aaaatgcgta ttcacattct cttggttctt tgctcgagtg gttcaaacgt tcccgattac 58920
tatcttctgt gatagctgtt aataatgtta aaaaatttat gtatccaagc tacattgaga 58980
ctaatgtatc aaatgctagt gttgttacat ttaatattat taacgacgtg aaaagaactt 59040
atttagaaga atggttttct aaagatagta aagaaaaatt tgctagtgaa ttttcacacg 59100
aattcaataa taacgtgaat atgcttttta agcattctcg tagactgttt tgtcatggtg 59160
ataaccgtac tattaatgtg aatgtaaaag actgggttac ggctaaattc actccatcgt 59220
cccagaatgg gcaatttgaa ttgtcaatta tcatttgtgc tccgcacgag atatataaaa 59280
accttccgta tatgaaacca cgcgaagcta ataaacacaa tgaaactatt agttctttgg 59340
cttataattt acgcgtgtta ttatctgata tggatgtagt caaatccttt gatgataata 59400
cgaattatgg tctttcgctg tttgaaacta aatttgttat taaattaaag gaccctagtg 59460
aatttaaacc tacaccaaaa tccaatcatg gaaatgatac tatgaaagaa gaacgcgaat 59520
atctcagtgc ccgtttgatt gaagttgaaa aacagattga agagcatact aaagttctta 59580
aggctttaac cgccaaagca aatggtttac gtaatgctat tgaggtattg aaatgaaaaa 59640
gcgtttatta gaagacattg cagcttcaag taattccagt ttaattaaaa ttattatggc 59700
tggtgaggaa gatgatatgg aaatgcgtgg aaagattcac ggctgcgacg atttagattt 59760
taaacctcca gcatgggatg ctattatggc tatggttgaa cgacgtgaaa gagcttctaa 59820
aaacgttcct aattgccctg aatgcggtac tgaacaagtt caattgatta actggcgtaa 59880
accagagctt gaatataaat gccgtcaatg taaacataaa ttcagtaagc atgctccgga 59940
aatggttaaa ttgcctgact ctactgagtt ctttaaagaa cttgtgagtg ttcaaccaat 60000
gcctaataat attttggatt aaaaatgacc aagcgtaaag aatatatgga ggctgctgaa 60060
aaggcagtcc gtgaattagc aatagcttat tataatgaac atggtaaatt tcctgataga 60120
tacagcgtgc ttaaatctgc tttaactcgt tcatataaaa atatgctatc agaagtaagt 60180
gatattatat acaaacataa agaacaaacg ggccaaagtc ttgattacga cgagactttt 60240
aaacaagtac taggaattaa ggaataatat gtttaaagta tatggttatg atagcaacat 60300
tcataaatgt gtgtattgcg ataatgcaaa acgtcttttg accgtgaaga aacagccgtt 60360
tgaatttatc aacattatgc cggaaaaagg tgtttttgat gatgagaaaa ttgctgagct 60420
tctgactaaa ctaggtcgtg atactcaaat cggcttgaca atgccccagg tatttgctcc 60480
tgatggaagt catattggtg gatttgacca actgcgagaa tattttaaat gatgctcgaa 60540
ggaactgact atattcatga ttaccgcgga agcgcggtat atgtaggtga tgaagttgca 60600
gtttattatg ggtatggaac tttgatgaca gccaaggtta ttcaaattaa aaataatcgt 60660
gctaaactcg aagtttatta ttctaatggt gaaaagtcta tttctaagtg gaaatacggc 60720
gattgtatgg ttaaattggg gtaaatatga tttacgatat taatgtatca agaactccgt 60780
caatggttac tattccagcc gaagaactag atcgtcttca gaaaattgaa gagcttcttt 60840
gggaaattga atctgatttg ccatcaggat tagaatcctg gattgattat gaagaactta 60900
ataagcttcg gggttaaacc ttggtgggcg gctagatggg aaactgtaga gccagagccg 60960
gaagaaccgg tttacattga tgaagaaaca gtatataatg aaccaacgat aaatgactta 61020
attgatatgg agatgggaca tgattacagt agataagtgg tttagaatta atcgtgttga 61080
tacagggcta tgtaattact ggccggaact tagtgcaggt actgtcttta aagttcgtga 61140
acttgcaaaa gaatgcgaag atgatataga acctgatact ggaattattg aaattgaact 61200
ttccgacgga aagattatta acatctatga taagccaatt acatactggt gtttgtggaa 61260
tactgaatcc gttgaaaatg gcgaaattga agaagttgta gagagaacta gccaagatgt 61320
tcagaagcct aaagccgctt ttcaaggtga acgtatttca tacgcattag ctaaattagc 61380
tgcgcaagaa aataacgatg gctatgaagg taacctgatg caagctgccg cagagtacat 61440
tgaatggctt gaaactcaaa tttctttttc tgaccaaaag attcggcaat ataagcgatt 61500
gcatcaaatg ttttacaata cttgaaaaaa ctcaaaattc tttttctgac aggacatttt 61560

aatgaaaacc gaattggttt atactgaaaa gttaaatggc ggtaaggttt ggaaactttt 61620
tattaaagga cattctacgg accctcatat gaccacttgc gtaggaacct attctcgtcc 61680
tactaaaaag atgattcgac agtataaacg attgcatcga atgttttaca atacttaaaa 61740
ataataaata cccttatcta tttaaggtaa gggtatttat tatgttattg actggcaaat 61800
tatacaaaga agaaaaacaa aaatttttatg atgcacaaaa tggtaaatgc ttaatttgcc 61860
aacgagaact aaatcctgac gttcaagcta atcatcttga tcatgaccat gaattaaatg 61920
gaccaaaagc aggaaaggta cgtggattgc tttgtaatct ctgcaatgct gcagaaggtc 61980
aaatgaagca caaatttaat cgttctggct taaagggaca aggtgttgat tatcttgaat 62040
ggttagaaaa tttacttact tatttaaaat ccgattacac ccaaaataat attcatccta 62100
actttgttgg agataaatca aaggaatttt ctcgtttagg aaaagaggaa atgatggccg 62160
agatgcttca aagaggattt gaatataatg aatctgacac caaaacacaa ttaatagctt 62220
catttaagaa gcagcttaga aagagtttaa aatgacaatt gaaaaagaaa ttgaaggatt 62280
gattcataaa actaataaag acctttttaaa cgagaatgct aataaagatt ctcgtgtttt 62340
tccaactcaa cgggacctta tggctggtat tgtgtctaaa cacattgcca aaaatatggt 62400
cccgtctttt attatgaaag cgcatgaaag cggaattatt catttccatg atattgatta 62460
ttcccctgct cttccattta ctaattgttg tttagtagat ttaaaaggaa tgcttgaaaa 62520
cggatttaag cttggtaatg cacagattga aactcctaaa tcaattggcg ttgctactgc 62580
aattatggcg caaattactg cacaggttgc ttctcaccaa tacggcggaa cgacttttgc 62640
taatgtagat aaagtacttt ctccttatgt taaacgcacc tatgcaaaac atattgagga 62700
tgcagaaaaa tggcaaatcg ctgatgcgtt aaattatgct caatctaaaa cagaaaaaga 62760
tgtatacgat gcattccaag cttatgaata tgaagtaaat actctcttta gttcaaacgg 62820
acagactcct tttgtaacaa ttacatttgg tacgggaact gactggactg aacgaatgat 62880
tcagaaagca attctgaaaa atcgtattaa aggtctcggt cgtgatggga taactcctat 62940
tttccctaag cttgttatgt tcgttgaaga aggcgttaat ctttataaag acgatccgaa 63000
ctatgatatt aagcagcttg ctttagagtg tgcaagcaaa aggatgtatc ctgatattat 63060
ttcagctaag aacaataaag ctatcaccgg ctcatctatt cctgtttctc caatgggttg 63120
ccgcagtttc ttgagcgcgt ggaaagattc aaccggtaat gaaattcttg atggacgtaa 63180
taatcttggt gttgtaacac tgaatcttcc tcgtattgcg ttggattctt atattggaac 63240
acagttcaat gaacagaaat ttactgaatt gttcaatgag cgaatggatt tatgttttga 63300
agctttgatg tgtagaatta gttccttaaa aggagttaaa gcgactgttg ctcctattct 63360
ttaccaagaa ggtgcattcg gggttcgtct taaacctgat gacgacataa ttgagttatt 63420
taaaaacggt agaagttcag tgtctttagg atacattggt attcatgaat tgaatattct 63480
tgtcggtcgt gatattggac aagaaatttt aactaaaatg aatgctcgtc ttaaacagtg 63540
ggctgaaaga actgggtttg cttttagttt gtattcgact cctgctgaaa acctttgtta 63600
tcgcttctgt aaacttgata cagaaaaata tggaagtgta aaagatgtta ccgataaagg 63660
atggtacact aacagtttcc atgtttcagt agaagaaaat attactccgt ttgaaaagat 63720
ttctcgcgaa gccccatatc atttcattgc gacaggtggt cacatttctt atgttgaact 63780
tcctgatatg aaaaataacc taaaaggtct tgaggctgtc tgggattatg ctgcacaaca 63840
tttagattat tttggtgtta atatgccagt agataagtgt tttacatgcg gaagtaccca 63900
tgaaatgact cctactgaaa acggatttgt ttgttctatt tgtggagaaa ctgatcctaa 63960
aaagatgaac acaataagaa gaacatgtgg ttatttggga aatccgaacg aacgcggatt 64020
taatctcggc aaaaataaag aaatcatgca tagggttaag caccaatgaa ttatgataga 64080
ttttatcctt gcgattttgt taatggtcct ggctgcagga ccgttctttt cgttacaggt 64140
tgtttgcata aatgtgaagg gtgttataat aaatcaacat ggaatgctag aaatggtatt 64200
ccattcactg gtgaaacact agaacaatta attgaatgtt tgaataatga ttatatagaa 64260
ggattaacta taaccggagg tgaccctctt tatcctgata acagagacgt gattcattgc 64320
atcgttcaaa cagtaaaaaa tctttatccc aataaaagca tttggttgtg gacaggatat 64380
aagtttgaag atattaaaca actagaaatg cttaaatatg ttgatgttat tattgatggg 64440

aagtatgaga aaaatcttcc gactaaaaag ctgtggcgag gatcagataa tcagcgactt 64500
tggtcaaata ccgatggggt gtggaaacat gattaaattg aattatatta tggatactat 64560
aaatgatatg atttttcatt ttggtccaga attttattcc caatatagtt tagtgcttat 64620
caatgcttgg ttaattaatt aagggtaaaa tatgtataaa tttcgtaaag gtttagctga 64680
ttttcttaca actgtaacat tctttctgtt tatggcagtt ggagctattt tccttattcc 64740
ttttattgct atatttttcg tgattagttt aatttctcca gaaaagggct tatcttctag 64800
tgagtttaat gagcgtctgg ataaaattac taacaagctg aatgctgttc ttgataaaaa 64860
ggcttaatta tgattagttt tgagcggtat gtagtagaga gttggaatgg ttttgatatg 64920
ttcggtaatg actattattt ctatgaatgt agtctgaacc caagcttctg ggctggacgt 64980
gaacaagacc tcgaagaaat caacgctcgt gccgatttgt taggtgaact gcctactact 65040
tatttcacct ttgatgaatc cggcttcgtt atccaggttt attttcctga agaaaactct 65100
ggtgaggatt ctgttaatcc tccttattgg gcttaccaag gaattatttc tcgtggaaca 65160
aaactcgaac ttaaagaata agattgaagt ctatggaatt ccagatgaag taggtcgttg 65220
tcctggatgt caatcagtta caaaacttct aaaggagctc aatgctcctt ttactttcta 65280
taaagttctt acaaataatg gtaagattga gtatgatcgt ccactgattg tatctcttgc 65340
taaacgcgct ggattcacat ctcttaacat tcgttatcca gtcattttca ttaatgattc 65400
tagacaaaag aacattaaac acttcaaaga aactctcatt tcacttggat atgatagaga 65460
tatcatagaa gactaagacg ggccctctgg gcctttcttt ctcacattct gtatattacc 65520
attctaagct atcgttccct tcttatcatt ccctaaaata atttcacaaa gttgtttaca 65580
acaagttcaa actgtggtat tattaacata tgaattgcct ttgaggattt gatatggttg 65640
tggttgataa agagattaaa aagggacaat attattttat taatggtaat gttgttcgtg 65700
ttacttatgt aaacggtttt gaagtttatt atcttatact caagttacat aaacagatga 65760
tttgtgatcg tgctgtattt agttcagttg ctaaggaaat taaactccat gggtaaaacg 65820
tatcgtcgta aagatttaaa agtacgtgat tatgactatt tcggaaagcg taaagctcct 65880
gatggtgtaa gtcataaaga tatggttgaa aacatttttc gctctgataa atggcgtaga 65940
atgaaaggca ttgattcaga agttaaagat gagctaaatc gtcaattacg tagtgaagta 66000
agaaagttga aaaaatcagt ttacattgac gatgattttg attacaatac ttctcaacga 66060
gttgctaagc gcaaatcaaa cgagtgttat cgttatagct gaggaaaata tgaatatcaa 66120
acgcatgctt tttaagcaag ggctatatac tttaaatgct actccaaaag gcgatacaac 66180
taagtggtca gtaaatgact ggattaaatt tattgatgaa aacggtaatt gggaaattta 66240
aatgaatcct gaatctaaat tatcgcagcg aattgctgaa gaacgcgcca aatttttcca 66300
gaacatgaaa cacaatggta ttgaggatga agtttttcta aattggttct ggaataataa 66360
gtatgcagca tgcgaaggag ccttgtcatt gtcagtcgca atgatgtacg aaggctggaa 66420
gggtgccaaa aagtttagct aagggcttcg gccctttttg gataataaaa ttttaatgca 66480
attgaggata atgtatgact attcaaatta aaaacgccat caattcttac gcatatgata 66540
aagtagtttc tctgctagaa aaaggcgata ttgtaactcc tcaaattttg gataaatggg 66600
aaaaagagct tcatcagacg atgaaacaga atgatcagaa gattggacgc aatactgtcc 66660
gtgaattgtt ggttcaatat atcttgtcag aatttgatgt taaagctttt ggtgtagaat 66720
ctaaagctta tcaaaagcat gaaatttccg ataaaactat tcgtcgtatg aaaaatcaac 66780
gcaagaaaaa atttgcagac ctgaaaatta ctaaggtata attatgaacg aagctcttat 66840
taacgatttg cgtcttgccg gatatgaagt aaatacaaat ggcattggtt taactcaaat 66900
tgaaggaaac ggattcatcc ttgagtatga atttagccaa tggtggttat atgccaatta 66960
cggcgaattg attgaatatg ttgaccaatt tgattcacta gatgcagctc ttgaagcggc 67020
taagttgatg aatgtatgaa attaattaat atttctattg ctattgaaaa ttttggtatt 67080
ttctatgttg accaatacat gaaaatttca tttttcccaa ataaaactgg tgttggatat 67140
tgggaaagcc atgtttctga attaaatgaa agtgaatatg ttagtacaca taaaaagttt 67200
ttagactttt tatatcgcgc tgatattaat gatcattaca tagatattca tgaatttaaa 67260
aagatgatgg agaaagtgtt ccaagcatac tgcttactta gataactgat atcctctatg 67320

ctttaagata gatcttcaaa tattatgata taatagatct atgaattgag ctaagaggtg 67380
aaaatgtcag aaactaagcc taagtataat tacgtaaaca ataaagagct tttacaagct 67440
attattgatt ggaaaacaga attagcaaat aataaagacc caaataaagt agttcgtcag 67500
aatgatacta tcggattagc cattatgctt attgcagaag gcttatctaa acgtttcaac 67560
ttttcaggat acacccagtc ttggaaacaa gaaatgattg cagatggtat agaagcttct 67620
attaaggggc ttcacaattt tgatgaaacg aaatataaaa acccacatgc gtatataact 67680
caagcttgtt ttaatgcatt tgtccaacgt attaaaaaag aacgtaagga agttgcaaag 67740
aaatatagtt acttcgttca caatgtctat gacagtcgtg acgacgatat ggttgcgtta 67800
gtagatgaaa cttttattca agacatctac gataaaatga cgcattacga agaatcaacc 67860
tatagaacac cgggggctga aaagaaaagt gttgtagacg attctcctag tttggatttt 67920
ttatatgagg ctaacgatta acctctccgg attcttggaa gaaatacctg aagttgaagc 67980
tattccctat ttacttaaaa tgtatctcag ggaagtttta gctcttgaca ttgatattga 68040
tccagaaaat ccgtatgata ccgcttttaa atctaatggt gtagaattaa actatcggta 68100
tcatttaaca gatgatgatt tttatttttat attagagaaa taatatgact gataaacccg 68160
aaattaatga tgaagtggaa aagcttattt cttctattga agaaaagaac cgtcttgaag 68220
cagaaagaaa agcaaataag ttattgtcta aaaacaaacg cgaactgaat cgtctttata 68280
agcacgctca gatcgcagct gaaaacaata attttgctca atacgaatat gctatcaaga 68340
aaagtcggga tattctgaaa cagccatata acgatgaact catcagtatt ctttggaaga 68400
ctactagatc gcagattgag gatatgattg atgcttacac acgtaaaatt caagcgtctt 68460
aaaattaatg caggatttac tgaatctttg aatggtcatc tttgtgtgaa aatttctgaa 68520
aaagaatacc atgatagttc aattaaagaa gttaatcctc ctattgtaag agcagacccc 68580
aatatgaaag tgtgggttga ttcttatcaa gtcaaaaaat ggtggcagtt atgaaagatg 68640
aacacccaga cttctgaaat agattataat aaaattcgtt cctctaaaga ggaaatgatg 68700
agacgcttta aagagtctca tgataaagct aaagcagaag gaactataaa atataagcgc 68760
ataaaattta aaagttctaa cgagcctctg tatggcgtat tatgtggata ggagcttcgg 68820
ctcctatatt gctttataaa tttttggtaa aataaaccaa aacaaagagg atattaaatg 68880
aaagtatgta tttttatggc tcgaggtctt gaaggttgcg gtgtaactaa attttctctt 68940
gagcagcgtg attggtttat taaaaatggt catgaagtaa ctttggttta tgctaaagat 69000
aaatcattta ctcgtaattg tgcgcatgat tataaatcat tttcaattcc ggttttatta 69060
gcaaaagaat acgataaaac acttaagctg gtaaatgatt gtgatattct aattatcaat 69120
tcagttcctg ctacttcggt tgaagaagac actattaata actataaaaa aattattgat 69180
aacattaaac cttctgttcg tgttgtagtt tatcaacatg accattcttc tctttctttg 69240
cgccgaaatt tgggattaga agaaactatt cgtcgagctg atgttatttt tagccattct 69300
gataatggtg attttaataa agttctgatg aaagaatggt atcctgaaac agtttctctg 69360
tttgatgata ttgaagaagc accgacagta tataactttc agcctcctat ggatattgcg 69420
aaggttcggt caacctactg gaaagatgtt tctgaaatta acatgaatat caaccgttgg 69480
attggtcgta cgactacatg gaaaggtttt tatcagatgt ttgattttca tgaaaaacat 69540
cttaaacctg caggactaag tactattatg gaaggtctgg aacgttctcc agcgttcatt 69600
cctattaaag aaaaaggaat tccatacgag tattatcgtc ttcatcaagt agaccaaatt 69660
aaaattgctc ctaatttgcc aacgcaaatt cttgaccgtt atgtaaatag cgaaatgctt 69720
gaacgcatga gtaaatccgg atttggttat cagctgagta agttggacaa aaaatatcta 69780
caacgttctt tagaatatac tcatctcgag cttggtgcat gtggaacaat tccggtattt 69840
tggaaatcta ctggcgaaaa tttaaaattc cgtgttgata atactccttt gacctcgcat 69900
gatagcggta tcatttggtt tgatgaaaat gacatggaat caacatttga acgtattaaa 69960
gaactgtcat ctgaccgaac tctttatgac cgtgaacgcg aaaaagctta tgaatttttg 70020
tatcagcatc aagattcaag cttctgcttt aaagaacagt ttgacattat tacaaaataa 70080
agggcttcgg ccctttagct ttatacggag tttgatataa tgatatttct tggatatgtg 70140
atacttttc ttgcatttta tctattcact agagcatgtt ggattgggtt ctttagcacg 70200

ccagatgggt ttatttcaat aattttattt tgcatttcaa tgacggttct tgatatatga 70260
aaattttaaa tttaggtgat tggcatttag gcgttaaagc cgatgatgag tgggttcaat 70320
ccattcagtt ggatggaatt aaacaagcaa tagaatattc taagaaaaat ggaattacta 70380
cctggattca atacggtgat atttttgatg tgcgaaaagc aatcacacac aaaactatgg 70440
agttcgcccg tgaaatagtt caaatgcttg atgatgctgg tattacccta catactattg 70500
taggaaacca tgatatgcac tttaaaaata ctttaactcc aaatgcctct actgagcttt 70560
tggctaaata tcctaatgtt aaagtatatg ataagcctac tacagtagat tttgacggat 70620
gtttaattga tttaattcct tggatgtgtg aagaaaatac tggtgaaatt cttgagcata 70680
tcaaaacttc atctgcttct ttttgtgttg gtcactggga actgaatgga ttttattttt 70740
ataaaggaat gaaatctcac ggtcttgaac ctgatttcct taagacttat aaagaggtgt 70800
ggtctggtca cttccatact atctctgagg ctgctaacgt cagatatatt gggacaccat 70860
ggacactaac tgcaggtgac gagaatgacc ctcgtgggtt ctggatgttt gatacagaaa 70920
cagaacgaat ggaatttatt ccaaacaata ctacctggca tcgtagaatt cattatccat 70980
ttaaaggaaa aattgactat aaagatttta caaatctatc agtacgtgtt atagtaactg 71040
aagtagacaa aaatctgacg aagttcgaat ctgaactaga aaaagttgtg cattcattac 71100
gagttgtgtc aaagattgat aactctgtcg agtcagatga cagtgaagaa gttgaagttc 71160
aatctcttca gacgttgatg gaagaataca ttaatgcaat tccagacatc actgattctg 71220
accgtgaagc acttattcaa tatgcaaatc agttatatgt agaggcaaca caatgacttt 71280
tgatgaattt aaaaatgtta tgatgagtca gcattttgaa tgcgaagtaa aagatgatat 71340
tggtcataaa gaaattattg aatattggtt tgaaccgcta gaggttgaag ataattgtat 71400
taaaaaagtt acggtctgta cagattgggc tgtatctttt aacttcaaca ttttagataa 71460
tgacacacct aaatcattgc gagatatggc cgtatcttgt attaaggatg catactgtga 71520
agttttcgac atttgacatt aatgatgaat tcatagcaaa cattgattat accgaagaag 71580
attctagata tgttggaata atttatatta catcaaaaac agcacaaggt gttgtttgca 71640
tggctgaatt tgatgaatac tttttagatt atgatgatat gatagaatgg tctaaaagat 71700
acattaaaag gaatcttttg tgaagaattt taaactaaac cgagttaggt accaaaatat 71760
aatgtcagta ggtggaaatc ctattgacat tcaattagat aaggttcaaa aaactcttat 71820
tactggacga aatggtggtg gtaagtctac tatgttagaa gccatcacat ttgggctttt 71880
tggcaagcca tttcgtgatg taaagaaagg tcaattaata aacagcacaa ataagaaaga 71940
acttttagtt gaactgtgga tggaatatga tgagaaaaag tactatatca aaagaggaca 72000
aaaaccgaac gttttcgaaa tcaccgttaa cggtacacgt cttaatgaat ctgccagcag 72060
taaagatttc caagcagaat ttgaacagct tatcggaatg tcatatgcca gtttcaagca 72120
gattgttgtc cttggtacag cagggtatac ccctttcatg ggtttgtcga cccctgcgcg 72180
aagaaagctt gtggaagact tgcttgaggt aggaacatta gctgaaatgg ataagcttaa 72240
taaagcacta atacgcgaat taaattcaca aaaccaagtg cttgatgtta aaaaagatag 72300
tattatccaa caaattaaaa tatataatga taacgttgaa cgccagaaaa aattaacggg 72360
tgacaacctt actcgtctgc aaaatatgta tgatgatttg gcaaaagaag ctagaacgct 72420
aaaatcggaa atagaagaag ctaatgaaag attagttaat attgttttag acgaagaccc 72480
gactgatgca tttaataaaa tcggtcaaga agcagtttta attaaatcaa aaattgactc 72540
gtataataaa gtcattaata tgtatcacga aggtggatta tgcccaacct gtttgtcaca 72600
attaagttcc ggtgataaag ttgtttctaa aattaaagat aaagtttctg aatgcacaca 72660
ttcatttgaa cagctttcaa cgcatcgtga taatttaaaa gttcttgttg atgaataccg 72720
agataatatt aaaacccaac agtcgttggc aaatgatatc cgcaataaaa agcaatctct 72780
aatcacgacg gtagataaag ctaaaaaagt taaagcggct atagaaaaag catcttctga 72840
gtttattgac catgctgatg aaatagcact gcttcaagaa gaacttgata aaattgttaa 72900
gacaaaaact aatttagtaa tggaaaaata ccaccgagga attttgactg atatgctcaa 72960
agattctggt attaaaggtg ctattattaa aaagtacatt ccattattta ataagcagat 73020
taaccattat cttaaaataa tggaagcgga ttatgtgttt acattagatg aagaatttaa 73080

tgagacaatt aaatcccgtg gtcgtgaaga ttttagttat gcttcattca gtcaaggtga 73140
aaaagcacga attgatattg ctcttttatt tacttggcgt gatattgctg aaaaagtttc 73200
aggtgttaaa ataaacacac taattcttga tgaagttttt gattcagcga ccgacgttga 73260
aggtgtaaaa gctatttcaa ctattttaga tagtttaaaa aatactaacg tttttgttat 73320
ttcgcataga gaccatgacc cgcaagcata cggtcagcat cttcaaatga agaaagttgg 73380
tcgatttact gtaatggttt aatttataag agattatgct ttaatttatt agagtataat 73440
ctctatggag gaaaaacatg gaatattcaa ccggacagca tctattaact attcctgaaa 73500
taaaacgata tattctgaga aataatttttt ctaatgaaga gcatatagtt actgaatcta 73560
tgcttaggaa tgcatttaaa gcagaatata caaaaataat gtccaataga aatgaagctt 73620
ggactgttac tgattattat gactaaaggt gtattatgac taaaattact gtgaattata 73680
ctgttgatgt aaaagatatt cagccaaaac acgtgcgttc tgaatcaaat ccacaaaacc 73740
aaaataaaat tcgtcgagca tgggttttgt ctctttctga taacgcaatg gaagttattc 73800
agaacaaaat taaatctgca cctgctcgtc atgcgtatta tgaagctatc gatcgtgaag 73860
taagtaataa atggattgaa ctaatgcgca aacatactac agaatcccta aacgctggtg 73920
ctaaatttat tatgacttca tgtggtgaac gccttgaaga tgaatattgt ggcaatgcag 73980
atgaacgtct gattgttgcc gctcaaattg ttgccgaaac aatcgcagct gattttaatc 74040
gttaattgct ttattaaatt agttataaaa ttaaatctca tttgaattga aggaaattac 74100
atgaaactgt ctaaagatac tactgctctg cttaaaaatt tcgctactat taactctggt 74160
attatgctta aatccggtca atttattatg actcgcgcag ttaatggtac aacttatgcg 74220
gaagcaaata tttctgacgt tattgatttt gatgtagcaa tttacgattt gaacggtttt 74280
ctcggtattc tgtctctagt taatgatgat gcagaaattt cccagtcaga agatggaaat 74340
attaaaattg ctgatgcccg ctcaacaatt ttttggccag cagccgatcc gagtacagta 74400
gttgctccta ataaaccaat tccattcccg gtagcatctg ttgttactga aattaaagct 74460
gaagaccttc aacaactgtt gcgtgtatct cgtggtctgc aaattgatac aattgctatc 74520
acggtaaaag aaggtaaaat cgtaattaac ggttttaata aagtagaaga ttctgctttg 74580
actcgtgtta aatattcttt gactcttggt gattatgatg gtgaaaacac atttaatttc 74640
attatcaata tggcaaatat gaaaatgcaa ccaggaaatt ataaacttct gctttgggca 74700
aaaggtaaac aaggcgctgc taaatttgaa ggtgaacatg cgaattatgt agtagctctt 74760
gaagctgatt ctacccatga tttttaatag agggcttcgg ccctttataa tttacactaa 74820
aacttgaatg aggaaattat gattaccgta aatgaaaaag aacacattct tgaacagaaa 74880
tatcgtccat ctactatcga tgaatgtatt cttcccgcct ttgataaaga aacctttaaa 74940
tctattacaa gtaaaggtaa gattccacat attattcttc attctccttc tccaggaaca 75000
ggtaaaacaa ctgtagcaaa agcattgtgt catgatgtaa atgctgatat gatgtttgtg 75060
aatggatcag actgtaaaat tgatttcgtt cgtggtcctt tgactaattt tgctagtgca 75120
gcttcatttg atggtcgtca aaaagtaatc gttattgatg aatttgaccg ttcaggttta 75180
gcagaatctc agcgacatct tcgttccttt atggaagctt atagttcaaa ctgtagtatt 75240
attattactg ctaacaatat tgatggtatt attaaaccac ttcagtcacg ctgccgagtt 75300
attacgttcg gtcaaccgac cgatgaagat aaaattgaaa tgatgaagca gatgattcgt 75360
cgattgactg aaatctgtaa gcatgaagga attgctatag ctgatatgaa agttgtagca 75420
gctttggtta aaaagaattt tcctgatttt cgtaaaacta ttggcgagct cgatagttat 75480
tcatctaaag gtgttttgga tgctggtatt ttatcactgg ttactaacga tcgtggtgct 75540
attgatgatg ttcttgagtc tctcaaaaat aaagatgtta aacaactcag agctttagca 75600
ccaaaatatg cagccgatta ttcgtggttc gtgggtaaac ttgccgaaga aatctattca 75660
cgtgtaactc cacagagtat tattcgtatg tacgaaattg tcggcgaaaa taatcagtat 75720
catggtattg cagctaatac tgaattgcat ctagcttatc ttttcattca gttagcatgt 75780
gaaatgcagt ggaagtgata tgagcttatt tgaagatgat attcaattaa acgagcatca 75840
agttgcttgg tattcaaaag attggacagc cgtccaatcc gctgctgatt cttttaaaga 75900
aaaagctgaa aatgagtttt ttgaaataat tggagctatt aataataaaa ctaaatgctc 75960

tattgctcaa aaagattatt caaaattcat ggttgaaaat gcattatcac aatttccaga 76020
gtgcatgcca gctgtatatg caatgaattt aatcggttct ggattaagtg atgaagctca 76080
ttttaattat ctaatggctg ctgttcctcg tggtaaaaga tatggtaaat gggcaaaact 76140
ggttgaagat tccaccgaag tattgattat taagttactt gctaagcggt atcaagttaa 76200
tacaaatgat gcaattaact ataaatcaat tcttactaaa aatggaaaac ttcctttagt 76260
attaaaagaa ctaaaaggtt tagtcacgga tgatttttg aaagaagtga ctaagaacgt 76320
aaaagaacag aaacaactca aaaaactagc attggaatgg taaaatgatt gaaattactc 76380
ttaaaaaacc tgaagatttt ctgaaagtaa aagaaacttt gactcgtatg ggaattgcta 76440
ataataaaga taaagttctg tatcagtcct gtcatattct tcagaaaaaa ggactatact 76500
atatcgttca ttttaaagaa atgcttcgta tggatggccg tcaagttgaa atgacagaag 76560
aagatgaagt tcgtcgtgat tcgattgcat ggctgttaga agattggggg ctgattgaaa 76620
tcgttcctgg tcaaagaact tttatgaaag atttaactaa taacttccga gttatttctt 76680
ttaaacaaaa acatgaatgg aaactcgttc ctaaatatac gattggtaat taatatgact 76740
gctataactc cacaagaata catggcgtct cttaaagaaa aatataatct ttctgcaaca 76800
gaaacacttt ttgatttacc agaaaacctc caattaaaat ttcaggtaga atttcaaaaa 76860
ttagttcacc cagaacaaaa acattttact gcagtcgtta agtcaattaa tgcagatgga 76920
atgataattt tcacccggca aatagtacta atttaagcaa ggggcttcgg ccccttattt 76980
ggagtataat atatcaagag cctaataact cgggctataa actaaggaat atctatgaaa 77040
gaattttata tctctattga aacagtcgga aataacattg ttgaacgtta tattgatgaa 77100
aacggaaagg aacgtactcg tgaagtagaa tatcttccaa ctatgtttag gcattgtaag 77160
gaagagtcaa agtacaaaga catctatggt aaaaactgcg ctcctcaaaa atttccatca 77220
atgaaagatg ctcgagattg gatgaaacga atggaagaca tcggtctcga agctctcggt 77280
atgaacgatt ttaaactcgc ttatatcagt gatacatatg gttcagaaat tgtttatgac 77340
cgaaaatttg ttcgtgtagc taactgtgac attgaggtta ctggtgataa atttcctgac 77400
ccaatgaaag ctgaatatga aattgatgct atcactcatt acgattcaat tgatgatcgt 77460
ttttatgttt tcgacctttt gaattcaatg tacggttcag tatcaaaatg ggatgcaaag 77520
ttagctgcta agcttgactg tgaaggtggt gatgaagttc ctcaagaaat tcttgaccga 77580
gtaatttata tgccattcga taatgagcgc gatatgctca tggaatatat caatctttgg 77640
gaacagaaac gacctgctat ttttactggt tggaatattg agggatttga cgttccgtat 77700
atcatgaatc gcgttaaaat ggttctcggt gaacgcagta tgaaacgttt ctctccaatc 77760
ggtcgagtaa aatctaaact tatccaaaat atgtacggta gcaaagaaat ttattctatt 77820
gatggcgtat ctattcttga ttatttagat ttgtataaga aattcgcatt tactaatttg 77880
ccgtcattct ctttggaatc agttgctcaa catgaaacca aaaaaggtaa attaccatac 77940
gacggtccta ttaataaact tcgtgagact aatcatcaac gatacattag ttataacatc 78000
attgacgtag aatcagttca agcaattgat aaaattcgtg ggtttatcga tctagtttta 78060
agtatgtctt attacgccaa aatgcctttt tctggtgtaa tgagtcctat taaaacttgg 78120
gatgctatta tttttaactc attgaaaggt gaacacaagg ttattcctca acaaggttcg 78180
cacgttaaac aaagttttcc gggtgcattt gtatttgaac ctaaaccaat tgctcgtcga 78240
tatattatga gttttgactt gacgtctctg tatccgagca ttattcgtca ggttaacatt 78300
agtcctgaga ctattcgtgg gcaatttaaa gttcatccaa ttcatgaata tatcgcagga 78360
acagctccta agccaagtga agaatattct tgttctccga atggatggat gtatgataag 78420
catcaagaag gtatcattcc aaaggaaatc gctaaagtat ttttccagcg taaagactgg 78480
aaaaagaaaa tgttcgctga agaaatgaat gccgaagcta ttaaaaagat tattatgaaa 78540
ggcgcagggt cttgttcaac taaaccagaa gttgaacgat atgttaagtt cagtgatgat 78600
ttcttaaatg aactatcgaa ttatactgaa tctgttctca atagtctgat tgaagaatgt 78660
gaaaaagctg ctacacttgc taatacaaat cagctgaacc gtaaaattct cattaacagt 78720
ctttatggcg ctcttggtaa tattcatttc cgttactatg atttgcgaaa tgctactgct 78780
atcacaattt tcggccaagt tggtattcag tggattgctc gtaaaattaa tgaatatctg 78840

aataaagtat gcggaactaa tggtgaagat ttcatcgcag caggtgatac tgattcggta 78900
tatgtttgtg tagataaagt tattgaaaaa gttggtcttg accgattcaa agagcagaac 78960
gatttagttg aattcatgaa tcagttcggt aagaaaaaga tggaacctat gattgatgtt 79020
gcatatcgtg agttatgtga ttatatgaat aaccgcgagc atctgatgca tatggaccgt 79080
gaagctattt cttgccctcc acttggttca aagggtgttg gtggattttg gaaagcgaaa 79140
aagcgttatg ctctgaacgt ttatgatatg gaagataaac gatttgctga accgcatcta 79200
aaaatcatgg gtatggaaac tcagcagagt tcaacaccaa aagcagtgca agaagctctc 79260
gaagaaagta ttcgtcgtat tcttcaagaa ggtgaagagt ctgtccaaga atactacaag 79320
aacttcgaga aagaatatcg tcaacttgac tataaagtta ttgctgaagt aaaaaccgcg 79380
aacgatatag cgaaatatga tgataaaggt tggccagggt ttaaatgccc gttccatatt 79440
cgcggtgtgc taacttatcg tcgagctgtt agtggtctgg gtgtagctcc aattttggat 79500
ggaaataagg taatggttct tccattacgt gaaggaaatc catttggtga caagtgtatt 79560
gcttggccgt cgggcacaga acttccaaaa gaaattcgtt ctgacgtact gtcttggatt 79620
gactactcaa ctttgttcca aaaatcgttt gttaaaccgc ttgcgggtat gtgtgaatcg 79680
gctggtatgg actatgaaga aaaagcttcg ttagacttcc tgtttggctg atagaataaa 79740
tctagggacc tccgggtccc tttttcatac aagtaatata aatctatact tatgaaaaac 79800
agatgattct ggacctttag aattccctaa aaaatttttc acaaaactgt ttacaagact 79860
gttcctctgt ggtactatac aactatcaac taatacggat ttggagaatg aaatgaaaat 79920
cgctattttg gttattgcat taggtcttac tggttgtgta gctcaaggac cggtagtaaa 79980
tcagtctgat gtaggaaaaa ttgtaaactg ttcaagcaaa ttttataatc ctaatgtcaa 80040
gtgttataaa gaagctccaa agcaaacagt agaacaaatg caggcgaatt ttgacgaagc 80100
tattcgtcca gatgaatctg ctcaagcata tcgtaattct gatgtaatta cacgcgaaga 80160
aaaaattgaa aactactgcg cagagctttg ggcaaattgg gctaataatt accaatggcg 80220
tactggtaaa aatgctccga tggagtatgt agtgaattct tataattcat gcgtaaaaaa 80280
tttgactaag tgaggaaaag atggaaactt tagtagcagg ttcaattttt atggttttag 80340
tttcaggcgt gttggctatt attatataca tgcttccatg gttcatcgcc ttgatgcgtg 80400
ggtcaaaatc gacagtagga atctttttca cgtctttact gtttaactgg tcaattattg 80460
gttggtttat tacatttatt tggtcaattg cgggtgaaac taaaaagtct gcacaaccaa 80520
accaggtaat tatcatcaga gagaaggaat gaaaagcaaa attataacag tgttgctttt 80580
aatcttgatg attataataa gtatatacta tagtgtaacg gttcctctta tgattccaac 80640
tattatttta ggttggggtt tattactgtt acaagttaaa tatgaatgta tcaattgagg 80700
tttaaatgat tagtgactct atgacagttg aagaaatccg tcttcatttg gggcttgcat 80760
taaaagaaaa agatttcgta gttgataaaa ctggtgttaa aactattgaa attattggcg 80820
catcatttgt agcagatgaa ccgtttattt ttggcgctct taatgatgaa tacattcagc 80880
gtgaacttga atggtataaa tctaagagct tgtttgttaa agatattcca ggtgaaacac 80940
caaagatttg gcagcaggta gcatcttcta aaggcgaaat taactcgaat tatggttggg 81000
ctatttggtc agaagataac tatgcccagt atgatatgtg tttagctgaa cttggtcaaa 81060
atcctgattc tcggcgtggt atcatgattt atactcgtcc atccatgcaa tttgactaca 81120
ataaagatgg tatgtcagat ttcatgtgta ctaatacagt acagtacctg attcgtgata 81180
agaaagtcaa tgcggttgtt agcatgagaa gcaatgattg ctgggcaggc tatcgtaatg 81240
attatgcttg gcaaaaatac gtactagata aattagtatc tgatttgaat gcaggcgacc 81300
catcgcggca atataaagca ggttctatta tatggaacgt tggaagtctt catgtgtacg 81360
aaaatcagtt ttatttagtt gaccattggt ggaacaccgg tgagactcat attgctaaaa 81420
aggattatac tggaaaatgg aagtaaatgt gccgcatgtt tataagtata aacatcctaa 81480
aactaaaaag tggtatatag gaagtcatga tggtcacaac ccgaattatg atggttcggg 81540
tgtagtttgg caacatgtta aaaagaaata tggaataaaa tcctttaata aagaaatatt 81600
atatgaagga ccaatgttta gacaggttga agaaattatt ttaacttgtt tagatgctgc 81660
taattgtccg gattcatata atttaaagaa tgaagcatgg ggaggaagtt ttccaggcaa 81720

attaaatgga atgtacggta aaaaactatc tccagaagaa agatataagt gcggaaatgc 81780
ctttcgtgga atcaagcgtc ctgatcattc taaaagaatg aaaggcgaag gtaatccaat 81840
gtatggtaaa aatgagcagg catatggaat tataaatcga gccaaggaaa attctggtaa 81900
aacttatgaa gaaatttttg gcgtagaaaa agctaaaata attaaagaaa cgatgtctaa 81960
aaatcgtaaa ggaaaacctc ataatttgat agaaaaaata tgtccgcatt gcggactaaa 82020
aggacgtggg ccaaatatga caagatacca ttttgataaa tgtaaggcac ttaaatgatt 82080
caattcgtaa ttccgagcta tcaacgtgta ggggcagttt ctgcccttga tatgtttccg 82140
actgattatg aacctcatat cgtagtacgt gaacatgaag aaaaagctta ttatgatgcc 82200
tatgggtcta aagctaaaat tgtaactatt cctgatgatg ttaatggaat tgccggtact 82260
cgtaaagcaa ttactgatat gtatgcaggt caacgaatct ggatgattga cgatgatact 82320
actattcgta tgagttcaat gcgaaaaaga gatgatcgtc gttgtgtgga taaagtcaat 82380
caattgactc gtgaacagtt ctatgaattg attcaatacg tcgaagatgc catggattgt 82440
gggtattatc acggtcatgc tcgcctacca atttttaaaa ttacttcatc ttggggtaat 82500
tatcgtgaaa attcatatgg attcacgaat acatggtatg accttggaaa acttacgaca 82560
gaacaaattg ggtatggaaa aattgatttg tgcgaagata tgtatgcatt tctcaattta 82620
attaatcaag gttatccgca tttggccttg ttcaaatatc tggttgtatc tggaaaagca 82680
caagctcctg gagggtgcag ttcaattcgt agtaattcta aacataatag agcgcttgag 82740
caaatcaata gagagtttcc agagcaagct cgttggaaaa cttctaatat tgaaaaacga 82800
aaatcgttgg gtgaagaaga cgagccatta aaggttcttc gcatgtgcgt ttcgcgtaaa 82860
gaaaaatcag aagcatttca taagtttaat gctattcatc caatagcagt tgattaatgc 82920
ctaaatttat tgtgttataa ttactctatc tttaaccagt gaggaaaata taatgatgcc 82980
tatggaaaaa aatgaatgtc tattgcagat ttaaaatccc gtttgattaa agcttccact 83040
tctaaaatga ctgctgaact gactacatct aaattcttta atgaaaagga tgtaattcgt 83100
acaaaaattc caatgcttaa tattgctatt tctggtgcga ttgatggcgg tatgcagtct 83160
ggtttaacta ttttcgcagg gccttctaaa cactttaaat caaatatgtc tttgactatg 83220
gttgcggcat atttgaacaa atatcctgac gcggtttgtc tattctatga tagtgaattt 83280
ggtattactc cagcttattt gcgatccatg ggagttgacc cggaacgagt aattcatacg 83340
ccaatccagt cagttgaaca gctgaaaatt gatatggtga atcagcttga agctattgag 83400
cgtggtgaaa aagttattgt attcatcgac tcaatcggta atatggcttc taagaaagaa 83460
acggaagatg ccttgaatga aaaatctgtg gcagatatga ctcgtgctaa atcactgaag 83520
tcattattcc gtattgttac tccttacttt agcattaaaa atattccatg tgttgcggtt 83580
aaccatacaa ttgaaacaat tgaaatgttt agtaaaaccg tgatgacagg tggtacaggc 83640
gtaatgtatt cggctgatac tgtattcatt atcggtaagc gtcagattaa agatggttct 83700
gatcttcagg ggtatcaatt tgttctaaat gtagaaaaat ctcgtaccgt taaagaaaaa 83760
agtaaattct ttattgatgt taaatttgac ggtggtattg atccttattc tggattgtta 83820
gatatggctc tagaattagg atttgtagta aaacctaaaa atggttggta tgctcgtgaa 83880
tttcttgatg aagaaaccgg cgagatgatt cgcgaagaaa aatcttggcg tgcaaaagat 83940
accaactgca ctacattctg gggtccttta tttaagcatc aaccattccg agatgctatt 84000
aaacgtgctt atcagttagg tgctattgat agtaatgaaa ttgttgaagc tgaagttgat 84060
gaattgatta actcaaaggt tgaaaaattt aaatctccag aaagtaaaag taaatcagca 84120
gctgatttag aaactgacct cgagcagtta agtgatatgg aagaatttaa tgagtaaaga 84180
tgatttagat ttagaaatta tcgatgaatc cccctcttcg gaggggggaag aagaaagaaa 84240
agaacgtctt tttaatgagt ctcttaagat aattaaatcc gctatggaaa atgttatcca 84300
ggagattgtc attaaactag aagatggttc tacacacatt gtgtatgtga caaaattaga 84360
ttgggttgat ggaaaagtcg taatggactt tgctgttctt gaccaagaaa gaaaagctga 84420
gttagctcct catgtagaaa aatgtattac aatgcaacta caagatgcat ttaataaaag 84480
gtcaaagaaa aaatttaaat tcttttaagg agtaagtgtg gtagaaatta ttctttccca 84540
tctcatattt gatcaagctt atttttcaaa agtttggcca tatatggatt cagaatattt 84600

tgaaagtggt ccagctaaaa atacattcaa attaattaaa tctcatgtta atgagtacca 84660
tagcgttcca tctattaatg cgttaaatgt tgcattagaa aatagttcat ttactgaaac 84720
agaatattct ggtgtaaaaa cacttatttc aaaactagcc gattctccgg aagaccacag 84780
ctggttagta aaagaaacag aaaaatatgt tcagcaaagg gcgatgttta atgctacgtc 84840
taaaataatt gaaattcaaa ctaatgctga gcttcctccg gaaaaacgaa ataagaaaat 84900
gccagatgta ggtgctattc ctgacatcat gcgccaagca ttatcaattt catttgatag 84960
ttacgttggt catgattgga tggatgacta cgaagcacgt tggctatctt atatgaataa 85020
agctcgtaag gttccattta aactcaaaat tctaaataaa attactaaag gcggagctga 85080
gactggaaca ctgaacgttt taatggctgg tgttaacgtt ggtaagtcat taggattgtg 85140
ttcattggca gcagattatt tacagctcgg tcataatgtt ctttacattt ccatggaaat 85200
ggcagaagaa gtctgtgcta aacgtattga cgctaatatg cttgatgttt ctcttgatga 85260
cattgatgat gggcatattt cttacgctga gtataaagga aaaatggaaa aatggcgtga 85320
gaaatctact ctcggtcgtt taatcgttaa gcaatatcct actggtggag cagacgctaa 85380
tacatttcga tctcttttaa acgaattgaa gctcaagaag aattttgttc caacaatcat 85440
tattgttgac tatctgggta tttgtaaatc ttgccgcatc agagtttatt cggaaaatag 85500
ttacacaact gttaaagcta tcgcagaaga attgcgtgct ctggctgttg aaactgaaac 85560
tgttctttgg actgcagcac aggttggtaa gcaagcttgg gattcttctg atgttaacat 85620
gagcgatatt gcggaatctg ccggtcttcc agcaacagcc gattttatgc ttgcggtcat 85680
tgaaaccgag gagttagcag ctgctgaaca acaactcatt aagcaaatca aatcacgata 85740
tggtgataag aataaatgga ataagttttt gatgggtgtt caaaaaggaa atcagaaatg 85800
ggtagaaatt gaacaagatt ctactccaac tgaagtgaac gaagtagcag gttcacaaca 85860
gatacaagct gaacagaacc gctatcaaag aaacgaatcc actcgagctc agttagatgc 85920
tttggcgaat gaattaaaat tttagtttac aagctgacaa gactatggta tagtagtctt 85980
gttggttaaa tgaggagatt gttatggaat tggtaaaggt agtttttatg gggtggttta 86040
agaatgaaag catgtttact aaagaaatca caatgatgaa agatgacgtt caatgggcta 86100
ctactcaata tgctgaagtt aataaagcgc tagttaaagc tttcattgat gacaagaaag 86160
tatgtgaagt ggattgccga ggataatatg cacattgttt tatttaaacc tactccgtat 86220
aatgtcagga aaaatactca attcaaagca cttatcgcag atacgtggga attggtgtta 86280
gatattccag cagaagaaag tcctccattt ggtcgagtgg aatttattaa gtttgctgtg 86340
cgccctacga agcgacagat tcgccaatgc aaaagatact ttcgtaaaat cgtcaagtta 86400
gagaaacagt tattgatgct agtaaaatag tagtttacaa gctgatagag ttgtgttata 86460
gtaattctat cagctaatcg cggagaaaag aaaatgatgc tagttaatag agaatatcag 86520
tttaaatcag aagaagattt ggaaaaattc gcgagtggtt gtgaactgaa tagacgcaca 86580
gctaaagtca taggattaaa acccttaca gttctagatt gtgaagtttc taaattccgc 86640
agagggtgtt ctattagcgg tcatgctctg gttgatggaa acacattttt ctttgttttt 86700
agcgtcagag aacttttatt gattaacgaa cttgaggaaa taaaatagtt tacttttgtt 86760
ttaaacatgt tattatagac ctatcaaaac aaacgagtaa atggagaaca aaatgtctaa 86820
agtatcaggt tatcaattat taacacaaga acaacgttca gagatggatt ctttacaaga 86880
acggtgtcag catagaaata acgcacttga ttcattttta ttagttgaat atgaaaactt 86940
gtgctctaga cttgaaaaag aatatgttca tcaacatgaa ggaggagaag aatgaaactg 87000
aaatcaccaa ttattgcaat ttgtctgttt gcttctacta gtgtttactt ttgttgaaaa 87060
ttgagatact ataaacataa actactgagg agattatcat gaaaaaattt atctttgctg 87120
caatttttgc tttatcttct tgcgctgctc agcctgctat ggcgggttat gacaaagatt 87180
tgtgtgagtg gtctatgact gcagatcaga ctgaagttga aactcaaatt gaagcggata 87240
ttatgaatat cgttgagcgt gatcgtcctg aaatgaaagc tgaagtgcaa aaacagctca 87300
agtctggtgg tgtaatgcag tataattacg ttctgtattg tgataaaaac ttcaataata 87360
aaaatatcat cgctgaagtg gtaggtgagt aattagaggt taatatgtat agttctgaat 87420
tttcatattt aaaaatggaa aaaaatttca tacgatttta tagatgaaaa ggtttattac 87480

agtttccatg aaccacgttt taatagtgag gttgggttta ttgcagtaaa agacaatttc 87540
attttaaaaa tatattcggc attaaaggat tttcactacg aaaatattaa cctaaaattt 87600
gataaagaaa acgttcgtaa ttgcgcagta acaattacag gaaataaagg tacatgcgtt 87660
atgctatctg atgaaattaa tgatttgcta aatgatgccg aaaaggttgc tattccatcg 87720
attgatgacc aaatttttaa tgcttttatg aatagaggtt aatatgaaaa cgtttaaaga 87780
atttatcaaa gaagatatgg tcgctggaga ttcaggtggt aatcctgaaa atatctctac 87840
tggaacaacg tcaggcgctg tagtaaataa aggtcctgaa cagattccta aaaagaaaaa 87900
agaggaatct aaagaaaaag aagagtaaaa atgtcatcga taccttggat tgataatgag 87960
tttgcatatc gtgcattagc tcatttacct aaattcacac aagtaaataa tagttcaact 88020
tttaaattgc ggtttagatg ccctgtttgt ggagattcaa aaaccgacca aaataaagcc 88080
cgtggatggt attatggtga taataatgaa ggaaatattc attgttataa ctgtaactat 88140
catgcaccaa tcggaatata tttaaaggag tttgaacctg atttatatcg tgagtatatc 88200
tttgaaataa gaaaagaaaa aggtaaaagt cgtccagtag aaaaacctaa agaacttcct 88260
aaacaacctg agaagaaaat aattaaatct cttccgtcat gcattagatt agataaattg 88320
gcggaagacc atccaattat aaaatacgta aaagctcgct gtattccaaa ggataaatgg 88380
aaatatcttt ggtttacaac tgaatggcct aaattagtta atagcatagc accaggaaca 88440
tataaaaagg aaatacctga gcctcgtctt gttattccaa tttataatgc taatggaaaa 88500
gctgagtctt ttcaagggcg tgcattaaag aaagatgctc cccaaaaata tatcaccatc 88560
aaagcttatc ctgaggcaac aaaaatctat ggtgttgaac gggttaaaga tggtgatgta 88620
tatgttctag aaggacctat agattcgctt tttattgaaa atggtatagc tattacgggt 88680
ggtcaattag acctagaaat tgttccattt aaagatagac gtgtatgggt tttagataat 88740
gaacctcgtc accctgacac tattaaacga atgactaaat tagttgatgc aggagaaagg 88800
gttatgtttt gggataaatc tccctggaaa tcaaaagatg tcaatgatat gattagaaag 88860
gaaggtgcaa cccctgaaca aattatggaa tatatgaaaa ataatattgc ccaagggttg 88920
atggctaaaa tgcggctatc taaatatgct aagatttaaa ttaacccaac caaagcaaat 88980
gctaaatcta cgaatgtatc aagagtaatt actggaatac taacgccatg agcaatagca 89040
actggcgata aaacaaaatt ccaaagtaaa attcctatca tagcagaaat agtaaaagct 89100
atacgttttt tattaccttt gatggcatta acaagtgcca ttaatttttg taccatatgt 89160
cctccttatt gctttatata tttattgtat aattaatcta ctaatccatg aattgaaagg 89220
aaaaataatg gcatacttta atgaatgcgc tcatttgatc gaaggtgttg ataaagcaaa 89280
tcgtgcatat gctgagaata ttatgcacaa tattgacccg ctgcaggtta tgcttgatat 89340
gcagcggcat ttacaaattc gtttggctaa cgataaacca gaaacaaatc gtcatcccga 89400
ttcacttgaa actgcgggag aagttcttgc ttggctgcga aaccaagacg attatatcgc 89460
agacgaaact cgcgagctat atacttctct tggtggtatg agtaatggtg aaaaagaagc 89520
ttctgctgta tggaaacctt ggaagaaacg ttattctgaa atgcaatcca agaaaattca 89580
agatttatct cctgaagatc agcttgaaat taaatttgaa ctgattgatc aatttcactt 89640
tttcatgaat aaatttattg ctcttggaat gtcagctgaa gaaatcttta aactttatta 89700
tctgaaaaat gctgaaaatt tcgctcgtca agatcgaggt tattaatggc tcgtttaaat 89760
aaacgccagc ttaagaaagc ccacaagaaa cgtattgacc agctatttaa aaattatgac 89820
aaagagctcg tgtgtgagct cttatctaat cagcttcgtg cggttgattg ggttgtagaa 89880
gaaggtcctg atgaaatttt tgtcagcgaa gaagccttaa aattaattat agagcattca 89940
aaatgaaaat atccaaagaa gaatttatta gacgacaaaa agctttaatt aatttacacg 90000
agtggtatgc ttaccagctt aaagtagata gctctaatat aaatgctgta atggctttat 90060
ataaacaaat tcaagatgaa cacgaattcc tggcacaagt tttcattgaa gactgatata 90120
aatacacctg taattaaaca ataaaggagt ttattatggg tggtttcgtt aacatcaaga 90180
cctttactca tccagcgggt gaaggcaaag aagttaaagg tatggaagtt tctgttccgt 90240
ttgaaattta ttctaacgag catcgtatcg cagattctca ttatcagatc tttccgtcag 90300
aaaaggcagc atattctact gtagtttctg atgcagctga ttggaaaact aagaatgctg 90360

caatgtttac gcctacacaa ataggtggtt aataattcaa ggactcctcc gggagtcctt 90420
ttttcatttt actggtttac tttccaaaat gagtatggta taataaaatt atcttataga 90480
ggagagcact atgttaaatc gttggattaa accaaatgaa gatttagata ttatcatttc 90540
acggcatgta atgaagaaat atgaactgca gccatggtct acagaagttg ttgtgcattc 90600
atttatgatg tacgcagatg gttctgtcga atttaatgca gaaattcgat atgattatgg 90660
cgagaagcaa gtcgaattca agagaggctt tttgtaatgt ttatctttaa ttggtttaaa 90720
agcttcttta cagatttttt ctctacaact cctggagaag gtgtagttcc tatttcaaat 90780
gactaccttc ctttaactgt agttgaatat gtttatatgg gagatggaac agtagaagca 90840
gttactatga cttatgaaga agcccaagaa tattataaaa atccttggcg ctggtcaaca 90900
cctattacat catctaatac acagaataca cagtctagtt ctgattcata tgacactaat 90960
gttcctgttc atgtatggac gggcgattcg tgtggaagtt cttgtgattc tagttgttca 91020
tctacatctt gtgattgagg aaaattatgg aagcgatttt gtttgaaatg tatattagca 91080
gtaatagtat gtcgtttgct aaagacgttc caattaccgt agcagtaatg attgataagg 91140
gttattgtga cccaatgtat ctcgtagaaa atttcgtttc aatgccagtt ccagaagatg 91200
ctgaaataaa acttaaaaag attggtatta ttgaaactgt accaaatatt ccgtttagag 91260
caattgaagc atttactaaa tccgaataca ttaatgttag cgcagaacaa tataatgata 91320
aacctatatc tttctattcg tatgattcag tatatagttg gaaaatagat aaaggaaata 91380
aatttataat tgtgagtgaa gatgctttat catactttat ttcttctata tggaatagtt 91440
tacatccaaa tttgctaaaa attcatgaat tcgatgatgc tcctactgtt gttttaggta 91500
aaacaaatga aagttctgaa gaaaatgttt gaatggttca gtagaccaaa ctcaatgtac 91560
attgatgatg gttgggttga acaagcaaat aaagaaatgc agaacgaatc agaagaatgg 91620
atgaaatcaa tgattagcgt tgagaaagaa aagaaattag aacgctcagc gcttaaattg 91680
atgagagaca tttatgggga taaatcgtga acagagatat gacgctagaa gaggctaaag 91740
ctaaagcaaa tgaagcttta gatttgcttc ttaaaattgg cagtaaaatg atggaagaaa 91800
atgagaaata tatccaggaa aacaaaattc ctgatggtcc attagtaggc aaaaggaaat 91860
cgcatgattg aagtagcaaa acattattca atagaattta tgtctaaaga aggtaaatca 91920
gtaaatacac ttgataaaaa gtgctcatta attattcctt tagcagaaaa tccggatatt 91980
ttaattaaag atataaaaga aagaaaatat ccagaaaatg ttattctaat tataaagcat 92040
actgaagata ttttgcagaa tactgattca ccgttttctt cttctgaagc tttaactatt 92100
aaaggctata aaagagctca tgaatatggt ctttttgacc tgtttgaaga cgataaagtt 92160
aaattagcac ttaatttagc aggtcaatct tctaaaagta aaacattcat tattgaagat 92220
attaaagata taaatgcatt tgttaagatg gtctgggctc attttgacgt tggactacgc 92280
tggagaatgt ccgaagaaga aagaaaaatt attgaagcta atcgttattt tggtttttat 92340
cgctaggaat taatatggat ttatttgaga tgttagaaga taatcattct acgaatatcc 92400
agaatgattc tagtgattat aagaaagagt accgtatagt attacagaat tatggaattg 92460
aagccccaga tgctcttcta gaagaactag cttcatacca tcttgaccct ccgccctggg 92520
ctccctgggc aaaataattc aaaaagttgt ttactttcct tcctaacaat gatatgatag 92580
cttctgaagt atatggaggc tatcatgatt attaatcttg cagatgttga acagttatct 92640
ataaaagctg aaagcgttga ttttcaatat gatatgtata aaaaagtctg tgaaaaattt 92700
actgactttg aacaatcagt tctttggcaa tgtatggaag ccaaaaagaa taaagctctt 92760
catcggcagt tgaataaaat cattaaaaag catttaacta aatcacctta tcagctatat 92820
cgtggtatat caaaatcgac aaaagaactc attaaagatt tacaagttgg agaagtgttt 92880
tcaacgaaca gagtagattc atttactact agtttgcaca cagcgtgcgg tttttcttat 92940
gttgagtatt tcactgaaat aatatttcgc ttaaaaactg ataaagcttt taattattct 93000
gaccatatca gcgatattat actttcttct cctaatactg agtttaagta tacatatgaa 93060
gatactgatg gattagattc agaacgtact gataacttaa tgatgattgt gcgtgaacaa 93120
gaatggatga ttccaattgg aaagtataaa ataacttcta tttcaaaaga aaaattacac 93180
gattcatttg gaacatttaa agtgtatgat attgaggtag ttgaatgaaa tattcagcaa 93240

tgcaattaaa agattttaaa atcaaatcaa tggatgcatc ggtgcgtgct tctattcgtg 93300
aagaattact ttctgaagga tttaatttat ctgaaattga acttttaatt cattgtatta 93360
ctaataagcc agacgatcat tcttggttaa atgaaataat caaatctcgt ttggttccaa 93420
acgataaacc tctttggaga ggtgttccag ttgagactaa gcaggtgtta aatcaaggaa 93480
ttgatattat tacatttgat aaagtagtat cagcttcata tgataaaaat gtagagctac 93540
attttgcttc tggattagaa tacaacacgc aagttatttt tgaattcaaa gctcctatgg 93600
tatttaattt ccaggagtat gctataaaag ctctacgttg taaagaatat agtccgagtt 93660
ttaagtttcc agatagccat cgttatcgta atatggaatt agtttcagat gaacaagaag 93720
taatgatacc agctggaagt gtatttagaa ttgcggatag atacgagtat aaaaagcatt 93780
caacatacac tatctatact cttgactttg aaggatttaa tctataatgg aaggacttag 93840
attcattata ccatgaaagt tttaaagcat ttttcataaa gttgtttaca agctgaagta 93900
aaaatgttat agtataagta gttaaccgtc cgtgagaaaa atatgaaact gtctaaaaat 93960
caaattcgta aaattacacg tcgtttagag catactcagg catctgctaa aagacgttct 94020
aaagatttta acttagactt caattacatt aagaacattt tagatcagaa agtttgcgct 94080
tactcgggag aacctttga taatcgtatt gaaggagaga aattatcatt agaacgtttt 94140
gataataacg ttggatacat taaagggaat gttattgcag taaagaaaaa gtataataca 94200
tttcgttctg attatacttt agaagagttg attgaaaagc gtgatttatt tgctttgcga 94260
attggtcgtt catctgcgaa aaaagttcat aaactaaatt tagatgaaaa gaaatgggct 94320
aaaatcaaaa agacttataa tcaaattaaa gctatacaga aaaaacgtga aaaccgaatt 94380
gagcacattt ctcagctttc taaatcaaaa caaacttctg acgttaagct aacgattata 94440
gcacttaaag ctcgtattga tggttctcgt atagcagaag gcgctgaagt tgttaaattg 94500
aacgttcttc ttaaaggctc ggattggaaa actgtgaaaa agctgtcaga agcagaaatg 94560
caatatgata tgtgtgataa aattattcaa ggtgtagagc ggtatcaaaa cttgtctttt 94620
attgataaac ttaaactgaa aagaggatac ccgctaaatt gttcaatttt taaacttatc 94680
cgaggataat atgttttatg tatatgcgat agtgtataga gataaagatg gatttgcggt 94740
gcctgttcct cttgatgaac atcgccctgc tgtatttttt gaaagggaga ttgctgataa 94800
agtatttaca actcttaaag agcagtatca actagcttta ggtatgggaa ttccgagatt 94860
agttgagact ccacgcaagt tttggtttaa taaaatagaa gttaaacatg ttaagcctga 94920
tgtagacacg caaagattat atcggcgaat tttagatact gggcgtattg ttagtatacc 94980
aattgcaggg aatttacgat gacatttgat gatttgacag aaggccagaa aaatgccttt 95040
aacatcgtta tgagggctat caaagaaaag aaacatcatg taactattaa tggacctgcc 95100
ggtactggta aaactactct tactaagttc atcattgaag ctttaatatc tacgggcgaa 95160
actggcatta ttttagcagc tcctacacat gcagctaaaa agattctttc aaaactgtca 95220
gggaaagaag cgagtactat tcatagtatt cttaaaatta accccgtaac atacgaagaa 95280
aacgttcttt ttgaacaaaa agaagtaccg gatttagcca aatgtagagt attaatctgc 95340
gacgaagtgt caatgtatga tagaaagcta tttaaaattc tgctttcaac tatcccgcca 95400
tggtgtacta taattggaat aggcgataat aagcaaatta gacctgttga cccaggggaa 95460
aacactgctt atatcagtcc attctttaca cataaagatt tttatcagtg tgaactcact 95520
gaagttaaac gcagtaatgc tcctattatt gatgtagcta ctgatgttcg caacggtaag 95580
tggatttatg ataaagttgt tgacggacat ggagtacgtg gatttactgg tgataccgct 95640
ttacgcgatt ttatggtaaa ttatttttca atcgttaaat cactagatga tttgtttgaa 95700
aatcgcgtaa tggcatttac gaataaatct gttgataagt taaatagcat tattcgtaaa 95760
aagatttttg aaactgataa agattttatt gtcggtgaaa ttattgtaat gcaggaaccg 95820
ttaattaaaa catataaaat tgatggaaag cctgtgtcag aaattatttt taataacgga 95880
caattagttc gtattataga agcagaatat acatcaacat ttgttaaagc tcgtggcgtt 95940
cctggagaat atctaattcg tcattgggat ttaacagtag aaacttacgg cgatgatgaa 96000
tattatcgtg aaaagattaa aataatttca tctgatgaag agctgtataa gtttaactta 96060
tttttaggta aaacagcaga aacttataaa aactggaata agggtggaaa agctccatgg 96120

agtgattttt gggatgctaa atcacagttt agtaaagtga aagcacttcc tgcatcaaca 96180
ttccataaag cgcagggtat gtctgtagac cgtgctttca tctatacacc ttgtattcat 96240
tatgcagatg ctgaattggc tcaacaactt ctttatgttg gtgttacccg tggtcgttat 96300
gacgtatttt atgtgtgagg atatatgatt aacatcaatt caaaatattt aaatcgtcta 96360
atagatggta taaggaagca tactaataag caagataatc tcgatgttat ggtaacagga 96420
gctgagctcc ttcataagct ttatcttata agtgatacta tattagcaat taaacgaatt 96480
gaaaaacaat catatcacag taatacagat acggtaatta cactagatga aagtgtctgt 96540
aaattactaa ttaaatttga ggaagctatt cgtggaaata actaaagacc agttttatct 96600
gcttcaagat aaagtgagcg aaatttatga aatagcttat agtaaaaatc gtgaaactgt 96660
aaaaattgaa tctagtaagt tgatgcttca attagaagaa attgaacgag atttaattgc 96720
gttagaattc ttttgtggtg aagtgaaaac tgtcacaatc agtgattatg ttttaggtga 96780
aattagctat ctttataagg cgattattaa tgattgaatt aagttggtgt cagtttaaat 96840
ctcttatgac aaatgttaaa gctgtcattg agaaaaattc tggtcctgaa aatattacta 96900
ttcgcgaaaa agctttaaag ataatataca gtcttgaaga gatgcaaaaa gatattgaat 96960
ctatggcaaa atttattgat gaacctatta ataaagttta tattcaagac tatactgtag 97020
gccaaattcg cgatttagcg aggaaaattt aatgtttgat tttattatag attttgaaac 97080
aatgggaagt ggtgaaaaag cagctgttat tgatttagct gtaattgctt ttgaccctaa 97140
cccagaagta gttgaaacat ttgatgaatt agtttcacgc ggcattaaaa tcaaatttga 97200
tttaaaaagc caaaaaggac atcgtctttt tactaaaagc actatcgaat ggtggaaaaa 97260
tcagtctcct gaagctcgaa aaaatattgc accgtccgat gaagatgtaa gcactatcga 97320
cggtattgcg aaatttaatg attacatcaa tgcacataat atcgatcctt ggaaatctca 97380
aggctggtgc cgtggaatgt cgtttgattt tccaatttta gtcgatctca ttcgtgatat 97440
tcaacgtctt aatggtgttt ctgagaatga acttgacaca tttaagttag aaccatgtaa 97500
attctggaat cagcgtgata ttcgtaccag aattgaagca cttctgcttg ttcgtgatat 97560
gaccacgtgt cctcttccaa aaggaacttt agatggattc gttgcgcatg attctattca 97620
tgactgcgcg aaagacatcc tgatgatgaa gtacgctttg cgatatgcta tgggtcttga 97680
agatgctcca tcagaggaag attgcgatcc tctatctctt ccaacaaaac gataaaaagt 97740
tgtttacttc ctcggttagt tgtggtatta taacaccata gctactgagg ataataaaat 97800
gaaaatttat cgtgttgaat catcgtttag tattcttgat tatgaagatg ctataacaat 97860
acgtcgaaat ctttgtgttc aaataacgcc gtacaggagt ataatagatt catggagcga 97920
agagtggcta ttacacgtag gttatgacag acctaatttt atgcatcata gcgataataa 97980
taaaagaatt cctttaccac acgaagataa actattagtt aaaaacgcta atatagtaat 98040
taatactaag ttcaagaaag attatgttgg agtagaatat catattccag gatggtttat 98100
agctctttat cattttgctt tcgctagcga atatgatatg atgagatggt tcacacgaga 98160
agagcgtgaa gaattagctt cgaaaggatt ttatcttgct gtatacgaag taccagatga 98220
ccaagttatc gttggcgggc atcaagtaat gttccgtaaa tcccatgctg aacttgtaga 98280
ttttattgaa atgagataat tatgaaattt aattataatc ctgaatacac accgaatccg 98340
gcagctaaac tgattgattt tgacgttgta agtacttatg tatgccctgt taaaccactg 98400
gaaattaagg aacctactat gactaccgct attgaaatcg gcaaaaccta caaactggtt 98460
gaacctaaaa ttaaaactaa tgccttgatt tctggtcata aaactctgac tgatgttttt 98520
ggcgaaggcg aatttattgt tgaagaattt gccaaaagtg agtggtttga caaatcttac 98580
gtcatccacg gtcgccggtt agataataac aaaataaaga aaaacctggt ttatgaagat 98640
gagttcatcc tgttccaaga agttgaagaa caagacccta cagacctgtt gtgtgctgct 98700
gtgtctatcc gtcgtccttt tgataatcct atctgtggtt gggtaacaga ccagtggatt 98760
gaagatggtg ttgagcttct gaacgttgtc catgcaggag attttagtgt agtacctcgt 98820
agtgcggtgg tagctatttt gaattaatag tttacaaact cttgggacca gagtataatg 98880
gtcctgtgga gtataaaatc tttttaacaa gtgagagata actatgatta ttaatattgg 98940
tgaaattgct cgtgtatctg ataaatcccg ttctaaagca gcaggaaaat tggtcgaagt 99000

tgtaagcatt cagcttaaac acggtgttaa agatgaagat tctgaagtaa aagtacgtat 99060
cattgctaaa gatggaatgt ctaagcccca gtttggttat gttcgatgga aatttcttga 99120
gcctgcgttt ttgaaagctg ttcctgctaa aggaattgaa acgattgata cttcgcatgt 99180
aggtgtagac tttaagtgga aactcggtca agctatcaag ttcattgctc cttgtgaatt 99240
taaatttatc aaagatgatg gaaaggctgt ttatactcgc gctatgtgtg gatacattac 99300
cgatcaatgg gtagaagatg gcgttaagtt gtacaacgtg gtatttttag gaacatataa 99360
agtcattcct gaaagttgga ttaaacacta cagcaatgct ctctatgcat aaagtttaaa 99420
atttttttcat aaaactatat acatcagtag ttgattatgg tactatatca atatcaacta 99480
ctgatacaga aaacaacttg gagaataaaa tggataattc gttaaaggtg cgctgatact 99540
cttctgaaac gcatcgctcc aatgttcaat taatgaggaa attatgatga aacgtaaaat 99600
tgttcagaat tgcactaatg atgaatttga agatgtatta ttcgatccag atttggtagt 99660
agttcaaaag gaacacacta tcaagtttac tcacttgact tcggtttatg tgtatgaaaa 99720
ggttggggat aaacaaccaa tttacggtgt atttcgtgaa atcactgaag atggtacaac 99780
ttactggaag gaaatttatt aatggctatt aaatttgaag ttaataaatg gtatcaattt 99840
aaaaataaac aagctcaaga aaatttttatt aaagaccata ctgataacgg aatctatgca 99900
cgccgtttag gtatgcatcc ttttaaaatt ttagatgtgg atgctcttgg gcgtcctatt 99960
aaaattatgt catttgctgg aaatttagta ctatcttctg gtaaagatat tttggatgaa 100020
gattttattt ggctttcatc gaatgaagct gaattcttta atgaagttga aaatccatac 100080
caggcagctg aagagcagga agaatctgca ccgataactg atcaatctaa attccctgta 100140
atgaaagtta ctattgaaaa tgatgaacag gcatggtcct tgtatcagat gttgaaagct 100200
cactttaagg aataattatg ccgctttatg attataaatg tcaatcaaaa gactgcgcaa 100260
aagaatacga aaaaatcaag aaaatttctg aaagagatac tgatgtatgt cctgattgtc 100320
atcggattgc tattcggtta gtctctgccc ctaagcatgt gaatggcgga ttttacgact 100380
tacttaaagg gtaattatgt ttaaaatcgg taagaaatat cgcattcgcg aaggtgaaga 100440
aaagaaatat ctattttctg ctatttatag gaatggttct attaatgctg taatatctac 100500
aagcgaattt atcgttgaag atatgaaagg taataatgtt acaatgatta gtacagcatc 100560
tggaaatgac ggaaaaattc ttcacagttt tcagagtaat gttctaattt atgatgaaga 100620
atttgacttc ttcgaagaag ttcccgaagg ttttgctttt gaatgcacta tcactatgaa 100680
atctggtgac cctctttctt ttacagttaa agatgaagga agtcgcttga gaattattag 100740
tcttcttcaa gccattaaat ttaagtgaaa attatgaaat atattaatcg ttctatcgcg 100800
gcattagtat tagcagtgtc tttagtagga tgtactgatg ctgataatgc aaccaaagtt 100860
ttgtcttcaa gcggttttac taatattgaa atcactggat ataactggtt cggttgttct 100920
gaaaatgatt tccaacatac tggatttcgt gctattggac ctactgggca gaaagtagaa 100980
ggaacagtat gttctgggct gttctttaag gattcaacta ttcgttttaa ataaaaggcc 101040
ttcgggcctt tagctttatg attaccggag tataatattc ccgaaaccaa acgaggataa 101100
gtgatgatta agaatgaaat taaaattctg agcgatattg aacatatcaa aaagcgtagc 101160
ggcatgtata ttggctcttc tgctaatgaa atgcatgagc gctttctgtt tggtaaatgg 101220
gaaagtgttc agtatgtacc tggtcttgtt aagcttattg atgaaattat cgataactca 101280
gtagatgaag gtattcgtac taagtttaaa ttcgcaaata aaattaatgt tactattaaa 101340
aacaatcaag taacagttga agataacggt cgcggtattc cacaagcgat ggttaaaaca 101400
cctactggtg aagaaattcc tggtccagtt gctgcgtgga ctattccaaa agcaggtggt 101460
aactttggtg atgataaaga acgcgtcacc ggtggtatga atggtgttgg ttctagttta 101520
actaacattt tttctgtgat gtttgtcggt gaaactggcg atggtcaaaa taatattgta 101580
gttcgttgtt caaatggcat ggaaaataaa tcatgggaaa ctattcctgg aaaatggaaa 101640
ggaactcgtg ttactttcat tccagatttt atgtcatttg aaactaatga attatctcaa 101700
gtttatcttg acattacatt agatcgtctc cagacacttg ctgttgttta tcctgatatt 101760
caatttacct ttaatggtaa aaaggttcag ggcaatttta agaaatatgc acgccaatat 101820
gatgagcatg ctatcgttca agaacaagaa aactgttcta ttgcagttgg tcgttcaccg 101880

gatggttttc gtcaattaac atacgttaat aacattcata ctaagaatgg tggccatcac 101940
attgactgtg ttatggatga tatttgtgaa gaccttattc cacaaatcaa acgtaagttc 102000
aaaattgatg tgactaaagc acgcgttaaa gaatgtttga caatcgttat gtttgttcgt 102060
gatatgaaaa acatgcgatt tgattctcaa actaaagagc gtttgacttc tccatttggt 102120
gaaatccgta gtcatattca gcttgatgct aaaaagattt cacgtgctat tttgaataat 102180
gaagcaattc tgatgccaat tattgaagct gctttggctc gtaaattggc ggcagaaaaa 102240
gcagcagaaa ctaaagcagc taaaaaggca tctaaagcta aggttcataa acatatcaaa 102300
gcgaatcttt gtggtaaaga tgctgatact acattgttct tgactgaggg tgattctgct 102360
atcggatatc ttattgatgt tcgtaataaa gaacttcatg gtggttatcc attacgtggt 102420
aaagttctca acagttgggg tatgtcatat gctgacatgc ttaaaaacaa agaactgttt 102480
gatatttgcg caatcactgg attagttctc ggtgaaaaag ctgaaaactt gaattatcat 102540
aatattgcta ttatgactga tgctgaccat gatggtctag gaagcattta tccttctctg 102600
cttggatttt ttagtaattg gccagaactg tttgagcaag gaagaattcg cttcgtcaaa 102660
actcctgtaa tcatcgctca ggtcggtaaa aaacaagaat ggttttatac agtcgctgaa 102720
tatgagagtg ccaaagatgc tctacctaaa catagcatcc gttatattaa aggacttggc 102780
tctttggaaa aatctgaata tcgtgagatg attcaaaacc cagtatatga tgttgttaaa 102840
cttcctgaga actggaaaga gctttttgaa atgctcatgg gagataatgc tgaccttcgt 102900
aaagaatgga tgagccagta gtttacttta ccacaaggat gtggtataat taattgggca 102960
aatgaggata ttgaaatgaa atcatataaa gtaaatttag aacttttga taaagcagtt 103020
catcgagaat atagaatcat tcaacgcttt ttcgatatgg gagaagctga agagtttaaa 103080
aaccgcttta aggatattag agataaaatt caatccgaca ccgcaactaa agatgaacta 103140
ctagaagttg ctgaagttat taaacgcaat atgaattaat gaggaaatta tgattatcac 103200
cactgaaaaa gaaacaattc ttggtaatgg ttctaaatca aaagcattta gcatcacagc 103260
atctcctaaa gtatttaaaa ttctatcatc tgatttgtac acaaacaaga ttcgcgcagt 103320
agtccgtgaa ttgattacca acatgattga tgcccatgct ctcaatggaa atcctgaaaa 103380
atttatcatt caagttcctg gacgtttaga cccacgattt gtttgtcgag attttggtcc 103440
gggtatgagt gattttgata ttcagggtga tgataattct cctgggttgt ataattcata 103500
cttcagttca tctaaagctg aatctaatga ctttattggc ggatttggtt taggttctaa 103560
atctccgttt agttatactg atacgtttag tattacttcg tatcataaag gtgaaattcg 103620
tggttatgta gcttacatgg atggtgatgg cccacagatt aaacctacat tcgtaaaaga 103680
aatgggtcca gatgataaaa ctggtattga aatcgtagtt ccagttgaag aaaaagactt 103740
tagaaacttt gcttatgaag tttcttatat catgcgacca ttcaaagatt tggctatcat 103800
taatggtctt gaccgcgaaa ttgattattt tccggatttt gatgattatt acggcataaa 103860
tccagaaaga tactggcctg atcgtggtgg attatatgct atctatggcg gtattgttta 103920
tcctatcgat ggtgttatta aagaccgtaa ctggctaagc attcgtaatg aagtgaatta 103980
cattaagttt ccaatgggtt cgcttgatat tgctccatca cgcgaagctc tttcactaga 104040
tgatcgtact cgtaaaaata ttattgaacg agttaaagaa ctcagtgaga aagcatttaa 104100
tgaagatgta aaacgattta aagaatctac atctcctcgt cacacatatc gtgaattgat 104160
gaagatggga tattctgctc gagattatat gattagtaat tcagtcaaat tcacgactaa 104220
aaatctgtca tataaaaaga tgcagagcat gtttgaacct gacaataagt tatgtaatgc 104280
aggagttgtg tatgaagtaa atcttgatcc tcgactgaag cgcattaagc aaagtcatga 104340
aacttcagcc gttgcatcaa gttatcgtct gtttggtatt aatacaacaa aaattaatat 104400
cgttattgat aatattaaaa atcgtgttaa tattgttcgt ggattagcac gagcgttaga 104460
tgatagtgaa tttaataaca ctttgaatat tcatcataat gagcgtcttc tgtttattaa 104520
tccagaagta gaatcgcaga ttgatttgct tcctgatatt atggcgatgt ttgaaagtga 104580
tgaagttaac attcattatt tgtcagaaat tgaagcttta gttaaaagct atattccaaa 104640
ggtagttaaa agtaaagctc ctcgtcctaa agctgctaca gcatttaagt ttgaaattaa 104700
agacgggcgc tgggaaaaag aggaattatt tacgctcaca tcagaagcag atgaaattac 104760

tgggtatgta gcgtatatgc atcgttctga tattttctct atggatggta ctacatctct 104820
ttgtcatcca tctatgaata ttttgattcg tatggctaat cttattggca ttaatgagtt 104880
ttatgttatt cgtccgcttt tgcagaaaaa ggtaaaagaa ctcggtcagt gccaatgtat 104940
ttttgaaact ctgcgtgatt tatatgtaga tgcttttgat gatgtagatt atgataagta 105000
tgtaggttat tcaagttcag ctaaacgata tattgataaa attattaagt atcctgaact 105060
agattttatg atgaagtact tcagtgtaga tgaagtttct gaagaatata cacgactcgc 105120
taatatggtt agttcattac agggtgtata tttcaacggt ggaaaagata ccatcggtca 105180
tgacatctgg acagtaacta atctttttga tgaattatca cgtaatgctt caaaaaacag 105240
tgataaaatg gttgctgagt ttaccaagaa attccgtatt gtttccgact tcatcggata 105300
tcgcaactct ttaagtgatg atgaagtttc ccaaatcgct aaaactatga aggcccttgc 105360
ggcctaataa ggaaaattat gtacaatatt aaatgcctga ccaaaaacga acaagctgaa 105420
attgttaaac tgtattcaag tggtaattac acccagcagg aattggctga ttggcaaggt 105480
gtatcggttg acacaatccg tcgtgttttg aaaaatgctg aagaagcaga acgctctaaa 105540
gttactatta gcggtgacat tacagttaaa gttaatagcg atgcagttat tgctccagtt 105600
gctaaatctg acattatttg gaatgcatct aaaaaattca tttcaattac tgttgacggt 105660
gtaacttata acgcaactcc taatactcat tcaaacttcc aggaaattct taatctgctt 105720
gtagcggata agttggaaga agcggcacaa aaaattaatg ttcgtcgcgc tgttgaaaaa 105780
tatatttccg gcgatgttcg aattgaaggt ggaagcttat tctatcaaaa tattgaattg 105840
cggtctggtt tggttgatcg tattcttgat tcgatggaaa aaggcgaaaa ctttgaattt 105900
tattttccgt tcttggaaaa tctgctggaa aacccaagcc agaaagcggt atctcgactc 105960
tttgatttct tggtagcaaa cgatattgaa attacagaag atggttactt ctatgcttgg 106020
aaagtagttc gtagcaatta ctttgattgt cactcaaaca cttttgataa cagtcctggt 106080
aaagtagtta aaatgccgcg tactcgtgtg aatgacgatg atacgcaaac ttgttcccgc 106140
ggtttgcatg tatgttctaa atcttatatt cgtcactttg gcagttcaac cagccgagtc 106200
gtaaaagtta aagtacatcc gcgtgatgta gtatcaattc cgattgatta caacgatgct 106260
aaaatgcgta cctgccaata cgaagtagtt gaagacgtta ctgaacaatt taaataaggg 106320
cttcggccct taactaagga aaattatgtt aggttatcaa gcacgagtaa aagaagaata 106380
cgatcaatta atgctcaaaa ttaatgcact tagcaatttt ttagaaagca caaagtttct 106440
aacggttagt gcagttgagc aagaattgct actttcgcag tttatctcaa tgaaatctta 106500
cgcagattgt ttagaaaaaa gaattgcaca attcaaataa aataagggct tcggcccttt 106560
tgttttaagg gaaattatga ttccgacata aaggaaagtt taaatgcaga aaacgaatcc 106620
gggtttgcag agactatttc agattccgtc atttacccta tcgaacagtg acttgactag 106680
tgaaatgaag gtcaaaattg ctgatactgc aagatactct ttaaaacaaa acccgaacca 106740
ggataaagca gaagttatcg aaagatgtcg tatcgctgtg tacgcagagt tttttgtggc 106800
agattggcta agagggtatg ttaacaaagg ccaagaggat gttaatgacc cgtatacata 106860
cgcatgggat gtactggcgc atccaaaata ctgcgggctt cgtgtagaag ttaagacaca 106920
tcaaactgac tcacgttgga tttcggtaac aacaggatgc agcggagagt atccatatgg 106980
ttctggaata aatctagggc ccattctaaa tcatcaagtc gctgactgta taattatatt 107040
caacactaaa gaaattcatc caggtgtcat ccagtacact ccgaagttca tcggtgacag 107100
agaagacctt cgtaaggttg taagaaaaag caactacaat ggatggtatc tttccattta 107160
aaaattttca caaaacggtt tacataccac aaggactgtg gtactataca actatcagct 107220
acggaggagt aaaaatgaaa tttaaatttt attacgctaa acataaaatt accggtgaat 107280
ttattgcatt tacgacttca actacagatg aaggagatat ttttactgca gtatttttat 107340
caaaatggga atcagatcaa ccttacttat catcacgtga agatctccaa cgattagtta 107400
atggagaata taatgattca tggtcatatt tagtccatga ttgtgttaaa aaggcaataa 107460
aacaaaaaca cttggaaatc gttgagattg aactatgagt tcattatggt ggtgtttcgt 107520
ttggttaatt agtattccat taatttgttt aacatttact tttgtgatga ggttattatg 107580
aaaattttga attctgtgct tattgcttgt gcgtggtggg ttgcgcaagt ttcagcagta 107640

gtagttggta ttcacattta ttacgaatat ttttaaaaaa gttgtttaca agactgttct 107700
tccgtggtat tattacccta tcaactacgg aggaacagaa aatgaaaaag attgttaaag 107760
ctatatggaa tgtagttata atactaatag ttttgagtat attcccaatc gttttaatga 107820
ttgatgtatt aaacgcttac tttggattta tgtgaggaaa atatgaagcg taaacgcagt 107880
gcttttacat ttattgaatg gtttttcgat aatatttttc cggctttatt cattttcatg 107940
ctgatttttg ctttaggttc agttgtagtt ggaatctatt tgatgacagt agtcggaatt 108000
gatattcatc aaaatggttt aaaatccgta gttgaaacaa tttggaacgg tgtaaaatga 108060
tgaatttgct gagcggttgg ttttatattc ttatgtttta cattggcgca aattttccat 108120
attggatggg atggtcaaca actgcgtttg gattttatac tccttgaggt gaattatgaa 108180
aatctttaaa gatgtaaaag ttggtgaaat tttctgttta gataacggtg atcagttaat 108240
tcgtatttca cctcttaaga gcactagcga gaaaccgaca gttaacgcta ctttagcaaa 108300
caatagtaat gaacgtttct gtattgaaaa tgatactgaa acttataccg tagaagagtt 108360
ttgggaattg agcgtcgact gcgacgatta atttaatggc cgtgtgtatt catgcggcct 108420
tggagtagaa aataatttag aggaaattaa tatgaaatac atgactgtta ctgatctgaa 108480
taatgcaggc gctaccgtta ttggtacaat caagaacggt gaatggtttt tgggagttcc 108540
acataaagat attttatcta aacctggatt ttacttttta gtaagtaaat tagatggtcg 108600
tccatttagt aatccatgtg tgtctgcacg attttatgta ggtaatcagc gttctaagca 108660
aggatttagt gcggttctaa gtcatattcg tcaacgtcgg tctcagcttg cgcgtactat 108720
tgcaaataac aatgttccat acacagtatt ttatctgcct gcttctaaga tgaaacctct 108780
gactacggga tttggaaaag gtcagttagc tttggcgttt attcgtaatc atcattctga 108840
gtatcaaaca cttgaagaaa tgaaccgtat gttggctgat aactttaaat tcgttttgca 108900
ggcatattaa tgagtaattt ccacaacgaa catgtgatgc agttctatcg taataatttt 108960
aaaactaaag gcgtcttcgg acgccagtga ggaaaatatg aatattgcaa aattattagg 109020
agttatttca tttatttgtt ggatagtagc atgtgtttta actatctgta ttgatgtcag 109080
cagtgtgttt tcgcaagctt tagctcaggg tatgtgtgca tatttaacat ttgtgttgtt 109140
atctactaat gattaagaaa atcttgggct attcattagc ccttgctatt ttattgatag 109200
cattatatta cggaataatg ttcggattaa ttcaagtcgt gcttttcatt tctgatgtta 109260
ttatggcact acattcacta gtatggtaaa tttatgcaac tgaataatcg tgatttaaaa 109320
agtatcattg ataatgaagc attggcttat gctatgtaca cggttgaaaa tcgtgccatt 109380
ccaaatatga ttgacggatt taagccagtt caacgatttg ttattgctcg agctcttgat 109440
ttggcacgag gaaataaaga taagtttcac aaactcgctt ctatcgcagg cggtgtagcg 109500
gaccttggat atcatcatgg tgaaaactct gcgcaagacg caggtgcttt gatggctaac 109560
acttggaata ataactttcc tctgttagac ggtcaaggaa actttggttc tcgtactgtc 109620
caaaaggcag cagcaagtcg ttatattttt gctcgtgtaa gtaaaaattt ctataacgta 109680
tataaagata ctgaatatgc tccagtacat caagataaag aacacattcc gcctgctttc 109740
tatttgccta ttattcctac tgttcttctt aatggcgttt ccggtattgc aactggttat 109800
gcaacttaca ttcttcctca tagtgtttct tctgtcaaga aagctgtact gcaagctctt 109860
caaggaaaga aagtaactaa accgaaggta gaattcccag aatttcgtgg tgaagtcgtt 109920
gaaattgatg ggcaatatga aattcgtgga acatataagt ttacttcacg aactcaaatg 109980
catatcactg agattccata taagtatgat cgtgaaactt atgtgagtaa aatcttagac 110040
ccgcttgaag ataaaggctt cattacatgg gatgatgctt gtggtgagca tggctttggc 110100
ttcaaagtta aattccgaaa agaatactct ttgagcgata atgaagaaga acgccatgca 110160
aaaattatga aagacttcgg gttgattgag cgtcgttccc agaatattac cgtcattaat 110220
gagaaaggaa agctgcaagt ttacgataat gtagttgatt taatcaaaga cttcgttgaa 110280
gttcgtaaaa cttatgtcca aaaacgaatt gataacaaaa tcaaagaaac tgaatcagca 110340
tttcgtttag cttttgccaa ggcacatttc attaagaaag taatttcagg tgaaattgtt 110400
gtacaaggta aaactcgcaa agaactgacc gaagaacttt ctaaaattga tatgtattct 110460
tcttatgttg ataaactagt tggaatgaac atttttcata tgacttccga cgaagcaaag 110520

aaacttgctg aagaagctaa agccaaaaaa gaagaaaacg aatattggaa aactactgat 110580
gtagttacag aatacaccaa agatttagag gaaatcaaat gagtccattc attggtatca 110640
caagcgctgc attagtatct ggtggcattt tactggcggg tttaggtgtt gttcctgccg 110700
tagcaggagg tcttcttgcg ttcggaattc aacgtgttat catgacagtt atcacagtca 110760
tgcagtaatt ttagggagag cctcggctct ccctttttat ttcaaaaatt ttttcacaaa 110820
acggtttaca accaaagcat actgtggtac tatacaacta tcaaataaat gaactgaaac 110880
aaacaacccg gagatacaaa aaatgaaatt taaaatcgaa aacgaaatcg ttaaagctaa 110940
aaatgctctg actgctaaca aactggttgt agatggtatt gaatatgata tctgtggagt 111000
tcgtgaagaa aaacctggtg ttctgacttt cttcacaatg atttttaaat ttaaaggtga 111060
cacagaattc aaacagtttg attttgccca tgaagacgaa atcgaagttc gtaatctgaa 111120
cattaagtaa gtactttatt agagctcttg aaaaagagtg caaaaaagtg tttacttctg 111180
ctttaaacat gatactatag acctatcaaa taaatgaact gaaacggaga ttaaaatgtc 111240
taaagtaact tacatcatca aagcttctaa cgatgttctg aatgaaaaaa ctgctgcgat 111300
tttaattacc attgctaaga aagatttcat tacagccgca gaagttcgtg aggtgcatcc 111360
agatttaggt aacgcagtag ttaatagtaa tattggggta ttgattaaaa aaggcctggt 111420
ggagaaatct ggtgatggat taatcattac tggtgaagct caagatatta tttcaaacgc 111480
agcaacttta tacgcgcagg aaaatgctcc ggaactactg aaaaaacgtg ctactcgtaa 111540
agctcgtgag attacttctg atatggaaga agataaagac ctcatgttaa aacttttaga 111600
tgaaaatgga tttgttctta aaaaggttga aacttatcgt agtaattatc ttgccatttt 111660
agaaaaacgc actcacggaa ttcgtaattt tgaaattaac aataatggaa atatgcgaat 111720
ttttggatac aaaatgatgg aacatcatat tcagaaattt actgatatcg gaatgtcatg 111780
taaaatcgct aaaaacggta atgtgtatct tgacattaaa cgctcggcag aaaacattga 111840
agctgtaatc actgtagcat ctgaactgtg aggaataaat aatgaacaag ttagaaattg 111900
tcaatgaact tcgtcgttgt gtagaaccta ctcaagaggg ttgggacatc tggtaccatg 111960
gagcttatct tggaactatc gtaaagatta agactggtaa atacatgatt attcgtgaaa 112020
gtaaagatgc tccagtaggt attcgcaata attttatggc agcgataagt tcatttacag 112080
atgcagctta cgaaatttac cttgccgatt ataaagaatt ccaggaatct caaccggtta 112140
ttcgttcaat tggtgttaac aaagctcagc agaaaacttt gtggcagcgt attaaaggat 112200
ggtttaaatg aacccattta ttaatcgttt aaaaatgctg aatgttcctt tatctcgtga 112260
aactccagaa agtcttgttg aaaaatttaa agcgcatggt tataaatgca cagaagaaga 112320
tattctgaaa gaagttcctg aaatctgttg gcagactgcg tactgggatg aaaaccaaaa 112380
gtatcaacga cgaattgtct gcgcagctaa tcgttttaaa ttaaaagatg gacgaactct 112440
tattattcca ggtgctcgtc attattctaa agatatggca gaagttttag atgtagttaa 112500
acctcaatta gttactcaac aagtttgtga tgatgaccaa ggatttattg accaatatag 112560
taattattgg acacgtgaag aagcaatgat tattgcaact tacgccggac aagtacgtat 112620
tgaacgtggt ggtagtgaaa aagaacttta ctctgaggac ctttactaat gaatattaaa 112680
aagtttcaaa ttgatggaat tacgaatcaa attaaggcat tggaatatgc caataaaatg 112740
atgtcaacta attggggaat ttatgcgaat gagccagcat ttaaattttg tgatatggaa 112800
tttaccaaaa agcttgtagg aaaagatcat gtatgcccat ttagttctcc ggtaaatgga 112860
atgctaaaac ctgctttacg cgatctttat attgcgatga acgaagaaat gataaaagag 112920
ctaaaacgtc aactgaaggt gattcaattt ggccagggaa attaattcaa aatcagatta 112980
ttttaactct ctcaatgata aagataaaaa tctaatacgg cattttattg ttgagatggg 113040
atataccgat acacacgatt taagagaaca tatatttgaa tgtggtgtag ctaaaaagtt 113100
ttcattcacg tgcaaatgtt taagagaggt aattcaacac tatgaacaat ttagtcgcaa 113160
aacataattt taataaagct tctgtccata aagataagaa gaaagcgttt aaagaatcta 113220
atcgcaaaca gaaacataag gggaaggtct atgattattg attctcaatc tgtagttcaa 113280
tatacaatca aaattgatat tctagaaaag ctatataagt ttctaccaaa tttataccac 113340
tcaattgtta atgaattagt tgaagaactg catcttggga ataatgattt cttgattgga 113400

acttataaag acctctcaaa agcaggatat ttttacataa ttccagctcc aggaaaaagt 113460
attgatgatg tattaaaaac tataatgatt tatgtccatg attatgaaat tgaagattat 113520
ttcgaatgag tcataatctt gaaaaagtaa tcgagcataa tgtagctcag gaacgtaagt 113580
cgttcaagga attcgtagaa aaaatttttg aagaaaatac cacagaccag tttacaaatc 113640
aagcgtctga tgatattata acaaagtcaa ctaattgagt ggtatagtta atgaataaaa 113700
atattgatac agttcgtgaa attattactg ttgcgtctat tttgattaaa ttttccagag 113760
aagatattgt tgagaatcgc gctaatttta ttgcatttct gaatgagatt ggagtaacgc 113820
atgaaggtag aaagttaaat cagaattcat tccgtaaaat tgtttctgaa ttaactcaag 113880
aagataagaa aaccctcatc gacgaattca acgagggttt tgagggtgta tatcgatatc 113940
tagagatgta tacgaacaaa taattattta gcccttccta atattctggc cgcctgagca 114000
catattgatt caaggcggtc attacttata tgatcatttc tataccagta catggttatt 114060
gttccagcat agatattatc caaattaaaa tatggacaac tgtacatgta gtttatttcg 114120
ggagtaggct ttttagttgg taaaaaagca aattttgagt cggaataata atgacgtcca 114180
tttaaatgaa ctgtatattc atccatagtt ttatcaacag gatatcctcc aagtgatttt 114240
tcacttattg ttgaaggtaa ttttccttca tatgctataa tatcaacaaa atagtttaag 114300
tttttagggc ggaaagaata caccgcacta aagtctgcct cagatgatat atgaactatc 114360
tggagttgtt ccagggcgac agattcaaag cgtgcatttc tttccttttc aataatttca 114420
ctgtatgttt catactttga ttgcttatag tactcaaaga aactatctcc cctataccaa 114480
acaatcgcca tcataaataa aagaattacg acagctaccc gggaagcaag aactttcccg 114540
gtagcgttat ctttgaacaa gcgatctaga acaccaaaca gaatatcaga gggcgaaaat 114600
gatattctag gtgctgccat agaccctcct tttaagggta tttattcaca ttatactctt 114660
ggaccatata ttgctccaac attttgccat gttggagcgg accctatgac agcataacca 114720
gcagcgccgc cattatattc agatccttga ccgcgaatat tgcatctacc tcccgcggaa 114780
cctacttcac caccgtttcc accattatag ataccattca cggatcctga gccaggtgca 114840
gaaatagtac cgccagtcgc gcctgattgc atatcaatag atcctcctgg cgcaccaaaa 114900
ggacgaccgc caccaccacc aaaggtcaat ctcatttgtg aaaaaggaga ataatatccg 114960
ccgccgccac cgccgccacc gcctgcaata gctccgccat tattaattct tagtctccca 115020
ccaatatcgt tttgaataca atgacctcca gctgagccag gactattgct accgccatta 115080
cctccacgac catacatcgt tacgccatgt atatttaact gaacatattc atttggtgta 115140
tctccgtaca tgaagaataa aggaacatct ttagaataag aaacgatatc accaacaata 115200
ttgaatacaa taggtgcacc gccagcttca aagcatctat cacggaacca ctgaccatta 115260
aaattgtggt ttgctcctac agtatgaata atttctcgtg agcgacctgc aaattgactc 115320
atccagcaag gaacacccaa tcttaattga ccagctgctt gactcatcca gcgctgtcct 115380
gtttcatttg cggctgaact tccaatccaa ccaggaacac caactactgc cataatttat 115440
actccaaagg gggcatttcc cccttgttgt tagaatttaa aatatttact aattttgcga 115500
gcaattttag taaagagagg cgttttcaat tctttaattt cttcactcat ttcctgaata 115560
gccttaatta aaagagcatt cacagcagag ttagaaattg tcagaacatc agatccatca 115620
acttcaactt tagatacagc ttccggtaat tccttttcaa ggtcctgagc aataatacca 115680
acttcacgtt taataacact acggtcttta atagacttaa ctttatcgta aatataaact 115740
ttcagtcggc aaacttttc gactgctcca tattctaatt cttctttatt aatcttgaga 115800
cgggagtcag aacgaatata cacatcgcta aagctaccat ttcctggtgt ataaaagaat 115860
ccatcatgat ggaattcaaa cacagcttgt gggtgtccag catcaggaga agcctccgtg 115920
gatccgacac gaatgattgc ttgcccccac tgtgatggaa tacgacgcat accaaagtca 115980
acagcggtgc tatatccttg attggttata acgcttcttg ctttaagaat aggataataa 116040
ctatcttgac caacataacc atgatcaacg aataatggag cttctactcg ccattggttg 116100
ccccaatcac ccggttgtct agcaatccat ccagaaccgt taatgtgtac acggtcacgg 116160
ttaacgttaa ccattgcggt attttgcggg tttaacgcaa tctcaccatt gtttgtgata 116220
tgtactgccg cctgagaagc atagctataa aatgctagcg aattatcagc accacccttg 116280

ccaatatacc agttaccagt cccgtctatg tcaccgcgaa tatgcaaaga attactagca 116340
gttgttgata atacaataga atcattaggt gcattgattg ttaaccgacc tgtcatcgta 116400
tcaccgcctt tacctaggcg agtattcaag gcagcatcta aattggttgc atcgttgtat 116460
ttcttccaga ttgaaccagc aatgttacca tcagtgttca agaatgctgc gccagcataa 116520
actcggcttt gtgacatgaa tcggccagac ggcaagaaac gccatgtagc taattcagtg 116580
gctgtagttc cagtagcgga taaatcaccc tgagcaacga tacgatattc tgaactagca 116640
atatccatac cagaagccat agtaatattt gttacagtgt ttttctgttt aacaattggc 116700
gcaaactggt ttttatttga atcgtcaata gcctgatata atggcgcaat ggtagtattc 116760
tgatttgcgt aagtattaga accagaaccg ctagcagggg cttgaatata tgctcctgga 116820
gcaagtgaaa ttttctgatt agcaccaaga ttaacagcag cagtgatatt cagcaatccc 116880
ctaaagtttt gttgagcagt ccaagtatgt gatccgtctt caagaacaac acgacgacaa 116940
gtattagtcc tacttcctgg attaccagcg atacgaacaa cgaaataacg atagttcgcc 117000
tgagatacag taccgcgcca cacttgaaca gttcgacccg ttccggtatg ttcgctagga 117060
ccgacagaaa acataaccag gtttccatca atcgtgcccc aatccatatt tgctggcata 117120
ttctttattt tgttcaaagg aacactaaac atactaccag ggacaaaatc aaaggtttgc 117180
caatctaact ccgctaattg agctttaata ccacccatac ccaaagtaat tggcagagaa 117240
taagatgtat atacttcgtt ccatgcaccc cacgcaccac cagtatatgc acgctcaaaa 117300
atacgatcgc gagtagttgc acccgttcct gcggtagtga aacgttggaa aatagcaccg 117360
ccagaagcac gctgtttaac ttccagcaaa ccaacaataa cagtcggcaa accttcacct 117420
gtaggacagt taataacggc atcagtgcct aaaatattat ataacccggg agttttaaaa 117480
tcattcagat ctccatcata gaaagtcgct ggtgtgccat gaccaacctg cttccattcc 117540
tcccacttag gtgcactagc atcccatgca gcagcgagac aacgagtata aaccataccc 117600
atgcgggtag tataacgctg agttctcgtg tataaaccac cttcaaatat ttctaaaaat 117660
ccttgtgcgg ctgatccttc ttctggataa tggcgatcaa atgatgcgat tgcgcttgaa 117720
ctgtttcgcc ataagccaca atgttctaat tctcccaagc tatcaaggtc aatcgtttgt 117780
gaaagtggac gagttgacgc ttgaacatta cgccacacac cccatggacc atcgacgcca 117840
ttccatttag cagataagga acgaatatag acgttaccag atcttacagt ataacgctga 117900
gtgccagcaa attggccggc cacaaacact tctagtacac ctacggcatt ttcttctggg 117960
aatttatttg ctggttgcgc atttgttgaa gtagatttcg accaaacacc aagatattct 118020
tcaatgggcc catacgtatc taaattagca tcagtaggta attcgccatt atttttata 118080
aatgttgtgc tattgacatt tatgtcagat ggagttaagg taatgtcctt tgacccatca 118140
aaagatatac cattaatttt cctaggtgtt tgcaatttag tagctgtgct agaatttcca 118200
attaaagttc cagttatatt ttctgtaacc tctaaagacc catttatagt tcctccatat 118260
tttaaaccta attctataac actacctgag tcatcttttg tgaaaattgt tttatctttt 118320
aagtttatag ccaattcacc ttcggctaat actgaagcag caggacgttg acctgcagtt 118380
ttgcttcttt taaattgtat ttgttttaaa gtagccataa gtcctcttaa taatagccga 118440
aatcttgaac agaatcctta attacgattt ggtcaaatcg tggaacgtgt gaaggttgag 118500
atgcaggatt ctgtgaaaaa aggtttggcg cagttaaatt tcctgtcata gtgtctccag 118560
agcgtaatac cctagagttt gcatttgctg taacagtatt tattgctcca tcaacataat 118620
ctttgcgagt aacatcagat gctgcggaag gagtagatgt aacagttacc gatggagccg 118680
ttacagccct ggtaaatgtt gtcaaacctt ctggcgtaat agtaatttgt ccagtagtga 118740
tttcactacc tgcaggtcta aaactaatac caccggaaga gccgccaact acaagagtat 118800
taccagtgcc gccaccagaa cgaattcgga taggggtttc attattactt aattgaagat 118860
aactatttac cccgtaatta atagtaattg gaccggcgta agtaccacca ttagctttag 118920
aaacgaaatc gttatcagct gcctgcggtt tattatattc tgaatatatt ttaaatgatt 118980
tgtagagtac atcgtcaccg gctgaattca atggaaaatt tccttgatgc caaatgacag 119040
atccacccac agttgaacct acttttaaat cagccattat atgccccttt attttaatat 119100
tatttataaa gaaaaaggga acccgaaggc tccctcagtt taaacttctc taaattcctg 119160

tccaaacact ttgccagttt tagaagaggc ttgtgtagga agtaccatta tatctggagg 119220
tgaagccgat tcacagacat aattaacgcg aataccgttg acgccaaatt cggcaggttt 119280
tgaaatgccg ccatttcttg atacttcaga aaaacttaaa tttctcatgc cgccttgacc 119340
tgcttgagca gttctttgtg catatatcgt aaatcctacg gcgttttctg gaacaactac 119400
atagtcttct tttaattccc aagacccagc ttgcccagta aactcagctt gggtcgagga 119460
aatatatcca tttgatgcat cataaaaacg aatggatatg tttgtagttc caagatcaag 119520
taaatcagca tcagcatata actgtgcttt aagataaaga acatcaccag gaattaaatt 119580
atagtcagaa agtttactta tagcagctga agttggcaat cgcgcaattt cgttattagt 119640
tccaccaact gctgacatga attgctctac actttcataa gttctttttg gaaatcctgt 119700
cgctccgacg tcttctaaac tatcaaatac aacatctaaa atagtttgat aatcatctgt 119760
gctttttcta ttacttagtt taacatgctc taatgcaata gctcttttag aagaagtata 119820
aaaagcagca tatgatacgt caaatcttga caatactgaa tctgatggaa aaactgaagt 119880
tcctgctccc cttaaccaag ataccacttc aggaggaaaa ttaacctttc cgctagttaa 119940
tatagcaaca agtctattgt ttgacaaaga attcatgaaa ctgacaaaag cggcagatgt 120000
tgtattgttt gaagcagaaa aagcatatga cttgctatca actaatgctc ccgtagaagg 120060
gtcaaaaact cttaaatgaa gacctgcact aaatgtttga tttccaacgg gattatcctg 120120
aaatttaaca tatggccccg cagtagaaag cgggcaagaa cccgctatgc ttattttgta 120180
tcttactgaa ttactttccg ataaaaatgg cgtttggacg tatccttgtc caaactctgc 120240
cataaatttt tccataatac ctcttattca acccattcaa atttaacagt tttattcact 120300
gggtcaggaa taatgcgaac attaccaatt cgtaagaaat cacgaatagt aagattacct 120360
attattccat tatcagatgg gattgctcct atatccgaag gttgaggagg gttacctcca 120420
tcaaatacct gaacaaaact tgaccaagaa tttttagttt tctgccatgt acgcgtccag 120480
cgagtggtac gtgcttctgg ggtcgttgga taagtaatcc aatcttggta aagcgaatca 120540
agtgtgttac caaactgagt caatgtacca ggagatttaa cttcttcgcc acgttctaag 120600
tatggaagcc cagtcacttc attagttttt tcaaccattt taaaataacc cgggaactgg 120660
ttataagtgg ctgaatcgtt aatatcaatt gaccagaatc ctacagtatc agatgttgga 120720
gcgcgggtgt ataaatcaga tgttttagtg ccctgagaac gaattctcga gttaacagtc 120780
aaaccgcctg aatttatagt agcacctttg gcaatgatta agctttcacc aatcgttact 120840
tggccagatg cattattaat agctaaagga cgtaatccat taaatccacc agtctgatca 120900
cccgatgcag taagcataaa attcgttact gatccatcat tgcgaacaat gaaaccataa 120960
tttccgttaa tagcacggaa agcatttgcg cttcgagaaa taatttcacc agttgcagtg 121020
actgaattac caaatgttgc tacaccattt gcattcaatg ttcctgaagc attaacattt 121080
atcggtgtta ctgtaccgtt gatattaaat gttatatttc cagctttatt acgctgagaa 121140
taaaaatgac tagacgtttc atcactaact tcaaatacgg tagaacgtgt tgtgtctgat 121200
tccccgctaa attgatttcc ccacactctg actgtcatcg tttgagccgg gtttgttcca 121260
gtttgaggtc ctttctcaaa aatcagacga gttgccgttc cagtattaga aatagttaat 121320
gtactatttg ctgaaactga tccaccgaat gtagcagtac tagatgatac aagaggggca 121380
cccagattcg tttgttgggt taaggttagt gaaccattaa ctgtttgtgc aatgtcccta 121440
cgaatgaact ggagcgaatc tagaccatct aataaattac tatctacagc ttttgctttt 121500
aatggcaaat aatttgctaa tacgcgattt aattcatatg gtgatactgc ataaccattt 121560
ttctcatatg attctaatgg ctgtgttgaa cctaccgtat cattaccaac aaacgttaat 121620
gaaccagaag aagttttaac aaaccctctt atcagagtag ttgctgccca agttggttca 121680
ctctgcacaa tccattttaa atttttgga gatacagcag tatttgctga cgttccagtc 121740
acagtttcag actgagttgc aactttaata acaccttctt gcgattcggt agatttagta 121800
cctaaaagct ttttaggagt tattaaaaca ttatctaatg ttcctgcagc agcttcaact 121860
tgtgtagcta cacgaagtgt accacgctgt gtctcatttg cttcaagaat attaagggta 121920
taatggtccc agagagttcc tgattcaact aatccagata gagcaacaac agaagtacga 121980
tcagtactat taaatctggt tttaattttt aatggtgtag agatacgagt atcgtcgacg 122040

cctgcgtcga attcaacttg cgtagcaatt tcagctatac cacttaaact ttcagttgct 122100
ctacggtcat ttaaagtttt aggagtgact gcgcgagtat aatcagttcc tgtattaact 122160
tcgctttgcg tagcaatttc aattaaacca attcttccat cagttgatgt ctttttatgt 122220
aacgtttctg gtgttacaac cgcatttgcc catccttctt ggctttgtcc agcaattact 122280
tcactttcaa ctgctaaaat tactgcgcct tgttgcgttg gagtagcttt atactgatcc 122340
aaagctttag gtgaaacaac taaattatta gtgtttttat ataaacatt cgtaccattt 122400
aattcacgac tagaagctgg agtagctcct gcggtagata caaaagttac aataccagat 122460
aatgattcag aaccttgacg agcttgaagc tttttaggag tgatgattgt agtatcatca 122520
gtacctgtat tagtttcctg ctgcgtagca atttcagcga cacctctacg agtttctgta 122580
gcagttcttt cattcagctt tttaggagtg atgataaggt catctgcaaa agagaatgtg 122640
gtgttctgat ttacttgagc agtagttgct attcttgcaa tacctctgcg agtttcagta 122700
gcagtacgat tagctaacgt ttctggagta attgccaatt ctttttgcgg agaattttct 122760
aaatcagcat ttgcttgagc ttgtgtagct aaagcaatta cgcctaatct tgctctagta 122820
gaagcattta aagagtctac tctttctaca gttggaacgt tttgctgtac aacccagtat 122880
tttccatcag aatcttctat ataagcaagt tgtaaaactg gaacataatt agtttcaccg 122940
ttaaaaacta attcttgaac tgttacccat tcagcttcag gcggatattc tgaacgtttt 123000
gggaattgca gcaattgaac tgaagaagca attttatctt caccagcagc tttgatttta 123060
actgtttgtc cttttctcat gtaattcatg gaaattttaa cagtatcacc aacagaaata 123120
tcagtcggaa gctgaagttc aattgtttgg gttgttccat tattcgcgcc aaataccatg 123180
acttcttcat ttggacgaat atttgaatta gttgttataa tgcgtaaacg tgctttacta 123240
tccccgtcaa acaatctcca caatttctca ttatcgtcaa acatcaagaa accgtcaatc 123300
gatgtacggc cttcaatgga atgagttcca acttcttgta ctgaagtcgt ttcatcgtat 123360
gtagtaacaa ttgtatgata aagtggattc agtttatcta aatcaacgaa attaataata 123420
tcgccatgat tagcaaatct cggaagttta acattaattg gtgcagcaga agtaaatcta 123480
cgtacgataa aatcattaga ttgtgcttga tacgcagtcg atggagtaac aatcgcagct 123540
tctctgctat aatcagcaac atacatttgc cacaaacgat tattaaaaat gaatatcatc 123600
tgtgactttg gatgagtcat taaaactgaa cgtacttgtt cacctctaaa attgacaata 123660
ctctgatttg aagaatttat tttaacctga tttatgccag gttttccacc gatatcttga 123720
attattacgg tttctccatc aagcggagaa ggtggtaaag taaactcaat gtcattgcca 123780
actgatgtat ctactgaaat tgcttctccg gattttaatt gatatggtcc agatgataca 123840
gttgtatata cagcatcagt acgtaatgct ttccaacgaa ttctattaaa atttccagca 123900
ggttttggaa tattatccgt tgctgcccaa aaacgattat tataaatgat tacaaaatct 123960
tttaaatatc cacgagttgg atcatattgc tgaactgtgt tttcttgaat taagtaatca 124020
acgttaacac cgtcagttcc tacggtacga tcagctaaag ctacgttgat tattttatcg 124080
ccacctgcgt ccagaccatc ttctgctctg aactttcttt taatctcggc cattctcccg 124140
ggctcctatt gtgttttcaa taataagtat ttatacctgt ttactttaag atttagatag 124200
tatataatag aaatctcact aattgaacga ggttcatatg gatttagaaa tgatgctgga 124260
tgaagattac aaagaaggaa tttgctttat tgactttagt caaattgctc tttcaactgc 124320
tctggtaaac ttcccagata aagaaaaaat taatttatcg atggttcgtc atttgatatt 124380
gaactcaatt aagtttaatg tcaaaaaagc aaaaacgctt ggatacacta aaattgtgct 124440
gtgtattgat aacgcgaaat ctggatactg gcgtcgtgat tttgcttact attacaagaa 124500
aaaccgtgga aaagcacgag aagaatctac ttgggactgg gaaggttatt ttgaatccag 124560
tcataaagtt atagatgaat tgaaagctta tatgccatac attgttatgg atattgataa 124620
gtatgaagca gatgaccaca ttgctgttct tgttaaaaag ttctctttag aaggacataa 124680
gattttaatc atttcatcgg acggtgactt tacacagctt cacaaatatc caaatgttaa 124740
gcaatggtca ccgatgcata agaaatgggt taaaattaaa agcggttctg ctgaaattga 124800
ctgtatgact aaaatcctta aaggcgacaa aaaggataac gttgcttcag ttaaagtacg 124860
atctgacttt tggtttacca gagttgaagg tgaacgaacc ccttcaatga aaacttcaat 124920

cgttgaagct attgctaatg accgtgagca agctaaggtg cttctcacag aatctgaata 124980
taatcgttat aaagaaaatt tagttctaat tgattttgat tatattcctg ataatattgc 125040
ttcaaacatt gtgaattact ataattcata taaattacca ccgcgtggca aaatttattc 125100
atattttgta aaagcgggtc tttctaaatt aactaatagc attaatgaat tttgaggtga 125160
ataatggcta aaaaagaaat ggttgaattt gatgaagcta tccatggcga agacttggct 125220
aaatttatta aagaagcatc tgatcataaa ctgaaaattt ccggttataa tgaactgatt 125280
aaagatattc gaattcgtgc taaagatgaa cttggcgttg atggtaagat gtttaatcgt 125340
ctattagctt tgtatcataa agataaccgt gatgtgtttg aagctgaaac tgaagaggta 125400
gttgaacttt atgacacagt tttctctaaa tgatattcgc ccggtcgatg agaccggtct 125460
ttcagaaaaa gaactttcaa ttaagaaaga aaaggatgaa attgcaaagc ttcttgaccg 125520
ccaagaaaat ggatttatta ttgaaaaaat ggtagaagaa tttggaatga gttatcttga 125580
agctacgaca gcattcttgg aagaaaactc tattcctgaa actcaatttg ctaaatttat 125640
tccttcgggt ataattgaaa aaattcagtc agaagccatt gacgaaaatc ttttacgtcc 125700
ttctgttgtt cgttgtgaaa aaactaatac attagatttt ctgctatgat taaactccgc 125760
atgcctgctg gtggtgaaag atacattgat ggtaaatcag tttataaatt atacttaatg 125820
ataaaacagc atatgaatgg aaagtatgat gtaattaagt ataattggtg catgcgggtg 125880
tctgatgccg cttatcaaaa gcgaagggat aagtattttt tccagaagtt atcagaaaaa 125940
tataaattaa aggaacttgc tttaattttt ataagtaatt tggttgctaa ccaagatgct 126000
tggattggtg acatctctga cgctgatgca cttgtgtttt atcgtgaata tatcggacgc 126060
ttaaagcaaa ttaaatttaa gtttgaagaa gatattcgca atatttacta ttttagtaaa 126120
aaagttgaag tttctgcttt taaagaaatc tttgagtata atccaaaagt tcaatcaagt 126180
tatattttta aactacttca atcgaatata atttcgtttg aaacgtttat cttgcttgat 126240
tcgtttttaa atataattga taaacatgat gaacagactg ataatttagt ctggaataat 126300
tattctataa agttaaaggc ttatagaaaa attttaaata ttgattcaca gaaagctaaa 126360
aatgttttca ttgaaactgt gaaatcttgc aagtattaat tgcttattat aaataagatt 126420
ataattatct cactgaccag ctatgaggtc atacatcgtc atagcaccaa ctgttaatta 126480
aattaaaaag gaaataaaaa tgtttaaacg taaatctact gctgaactcg ctgcgcaaat 126540
ggctaaactg gctggaaata aaggtggttt ttcttctgaa gataaaggcg agtggaaact 126600
gaaactcgac aatgcgggta acggccaagc agtaattcgt tttcttccgt ctaaaaatga 126660
tgaacaagca ccattcgcac ttcttgtaaa tcacggtttc aagaaaaatg gtaaatggta 126720
tatcgaaaca tgctcatcta cctacggtga ttacgattct tgtccagtat gtcagtacat 126780
cagtaaaaat gatttgtaca acactgacaa taaagagtac agtcttgtta aacgtaaaac 126840
ttcttactgg gctaacattc ttgttgtaaa agacccagct gctccagaaa acgaaggtaa 126900
agtatttaaa tatcgtttcg gtaagaaaat ctgggataaa atcaatgcaa tgattgcagt 126960
tgatgttgaa atgggtgaaa ctccggttga tgtaacttgt ccgtgggaag gtgctaactt 127020
tgtactgaaa gttaaacaag tttctggttt tagtaactac gacgaatcta aattcctgaa 127080
tcaatctgcg attccaaaca ttgacgatga atctttccag aaagaactgt tcgaacaaat 127140
ggttgacctt tctgaaatga cttctaaaga taaattcaaa tcatttgaag aactgagcac 127200
taagttcagt caagttatgg gaactgctgc aatgggtggt gccgctgcaa ctgccgctaa 127260
gaaagctgat aaagttgctg atgatttgga tgcattcaat gttgatgact tcaaaacaaa 127320
aactgaagat gattttatga gctcaagctc tggcagttca tctagtgctg atgacacgga 127380
tctagatgac cttttgaatg acctttaaca gattatatta ctaattaatt ggggacccta 127440
gaggtcccct ttttatttca aaaatttttt cacaaaactg tttacatcct tgtccttcca 127500
tggtactata caactatcgg caatactgct gataattaaa gaggaaaata atatggctaa 127560
agttgatatt gacatcgttg attttgaata tattgaagaa attattcgta atcgttatcc 127620
tgaacttagt atcacaagta ttcacgatga tcccaattat tgcaattttt ctattgtcat 127680
tgaaggtcct cttgaagacc tcacccgctt tatggctaat gaatattgtg atggtatgga 127740
ttctgaagac gcagaatttt acatgggatt gattgaacaa taattatcaa ggggctatta 127800

caagccccgt taaaatgagg aaaacgtaat gtatattggc aaaaagtatg agcttgttcc 127860
aagacttatt gatacattta ttaattatcg cccacgttct aattcatcga tagttaaaat 127920
tattcaagaa aatggtggat ggtttgaagt taaagaagct ttctttgttg atggatttag 127980
agtaataaaa cacattgaat gcgcaaatgg aaagcatttt tactttaacg tttgtgaaga 128040
cgaatttcat tgttttcgtg agtataaaga accgacttct gaagaagatg gagccgaaga 128100
catagtttct ggcgtaacaa aaattcactg cattgttgac gaaaataatg tagatgaaat 128160
cattgaactt ttgcgaaaaa ctttcaaaaa gtagtttaca acagggtagt agtgtgatac 128220
tattacccta tcaaaactaa tggagaaaag aaaatgttcg caccttatat tatggcagca 128280
gttatgttgg tctgtttata tcttttgatt aaagcttgct aaggagaata aaatgagatt 128340
acaacgccag agcatcaaag attcagaagt tagaggtaaa tggtatttta atatcatcgg 128400
taaagattct gaacttgttg aaaaagctga acatctttta cgtgacatgg gatgggaaga 128460
tgaatgtgat ggatgtcctc tttatgaaga cggagaaagc gcaggattct ggatttatca 128520
ttctgatgtt gatcagttta aagctgattg gaaaattgtg aaaaagtctg tttgaggaaa 128580
ataatatgtc tggcattcat gtaactggaa ttgctcaagt aaacatccgc tgccaattta 128640
aaactgtacc tggggtgact catattactt tatcacacga cccatattct cgtggaagac 128700
agttaactgg cgtaattaag tttttcggcg gaattggcgg aagcgaattt actataggag 128760
atgacgaaat tgttggctgt aaattaaaag ttcagaaggg cgtgttagaa ctttttagtg 128820
atgaagtttt tgatgaaatc tcacgagcag ttaacaaagg aatgttaacg ttaattaaaa 128880
tgattaaagc tagcggatat gttactgatc ctttttaata ggaggcaata tgatttttgt 128940
atttgaattt atgaatgatg aattcgatta tgcaattttt aacgcattgc ataatcctga 129000
tttaagtgaa tttaatgaaa tgttttctga cgctttgagt atgtcagaag aatactgtgg 129060
agaatgtcaa cgtgtttgtg tgacagtctt tgaaaacaaa gaaaagacct atgaagaatt 129120
attctttgat gctaataaag ccactgaatg gtttgttgaa agaggttttg cgtaatgatt 129180
aaattggtat tcgcttattc tccaactaaa acggtcgaag gctttaatga attagcattc 129240
ggtttaggtg atggtttacc atggggacga attaaaaagg acctccagaa ttttaaagct 129300
cgtacagaag gtacaatttt gattatgggt gctaaaacgt tccagtcatt atctacatta 129360
cttcccggtc gtagccatat tgtggtgtgt gaccttgcgc gtgattatcc tgtaactaaa 129420
gacggcgatt tagcacattt ctatattact tgggaacagt acataactta catttctggc 129480
ggcgaaattc aagtttcaag tcctaatgca ccattcgaga ctatgcttgg tcagaattcc 129540
aaagtaagtg taattggcgg gcctgctctg ttatatgctg cgttacctta tgcggatgaa 129600
gtagttgttt ctcgcatcgt taaaaggcat cgtgttaatt caacggttca attagacgca 129660
agttttcttg atgatataag caagcgtgaa atggttgaaa cgcattggta taaaatagat 129720
gaagtaacaa cccttacgga atcagtatat aaatgagcaa taaattaaaa gttaaggatg 129780
ttcctaatgc tatggccctt tttatttgta ggcagatgca tcaagggcct atgacaccaa 129840
aacaatatct taaaggtgag cgttctttag gatttactcg caaagcaaaa caaatggtta 129900
aattaggata taagcctaac tttgccaaat atccttctac atattcttgg atgaactaat 129960
gaaacaatac caatttttaa ttaaagatat cctggaaaat ggctacgaaa ccgatgaccg 130020
aacaggcaca ggaacaattg ctttgttcgg tactaaatta cgctgggatt taactaaagg 130080
ttttcctgca gtaacaacta agaagctcgc ctggaatgca tgtatttctg agttattgtg 130140
gttcttatca ggaagtacta acgtaaatga tttgcgatta attcaacata attcattaat 130200
tcaaggcaaa acagtttggg atgaaaatta cgaaaatcaa gcaaaagatt taggatacca 130260
tagcggtgaa cttggtccaa tttatggaaa acagtggcgt gattttggtg gtgtagacca 130320
aattatagaa gttattgatc gtattaaaaa attgccaaat gataggcgtc aaattgtttc 130380
agcatggaat ccagctgaac tcaagcagat ggcattaccg ccttgtcata tgttctatca 130440
gtttaatgtg cgtaatggct atttggattt gcagtggtat caacgatcag tagatgtttt 130500
cttgggttaa ttgaggcctg agtataaggt gacttatact tgtaatctat ctaaacgggg 130560
aacctctcta gtagacaatc ccgtgctaaa ttgtaggact gccctttaat aaatacttct 130620
atatttaaag aggtatttat gaaaagcgga atttatcaga ttaaaaatac tttaaacaat 130680

aaagtatatg taggaagtgc taaagatttt gaaaagagat ggaagaggca ttttaaagat 130740
ttagaaaaag gatgccattc ttctataaag cttcagaggt cttttaacaa acatggtaat 130800
gtgtttgaat gttctatttt ggaagaaatt ccatatgaga aagatttgat tattgaacga 130860
gaaaattttt ggattaaaga gcttaattct aaaattaatg gatacaatat tgctgatgca 130920
acgtttggtg atacatgttc tacgcatcca ttaaaagaag aaattattaa gaaacgttct 130980
gaaactgtta aagctaagat gcttaaactt ggacctgatg gtcggaaagc tctttacagt 131040
aaacccggaa gtaaaaacgg gcgttggaat ccagaaaccc ataagttttg taagtgcggt 131100
gttcgcatac aaacttctgc ttatacttgt agtaaatgca gaaatcgttc aggtgaaaat 131160
aattcattct ttaatcataa gcattcagac ataactaaat ctaaaatatc agaaaagatg 131220
aaaggtaaaa agcctagtaa tattaaaaag atttcatgtg atggggttat ttttgattgt 131280
gcagcagatg cagctagaca ttttaaaatt tcgtctggat tagttactta tcgtgtaaaa 131340
tctgataaat ggaattggtt ctacataaat gcctaacgac tatccctttg gggagtaggg 131400
tcaagtgact cgaaacgata gacaacttgc tttaacaagt tggagatata gtctgctctg 131460
catggtgaca tgtagctgga tataattccg gggtaagatt aacgacctta tctgaacata 131520
atgctaccgt ttaatattgc atcatatgct acgttagttc atattgtagc taagatgtgt 131580
aatcttatcc caggagattt gatattttct ggtggtaata ctcatatcta tatgaatcac 131640
gtagaacaat gtaaagaaat tttgcgtcgt gaacctaaag agctttgtga actggtaata 131700
ggcggattgc cttataaatt ccgctatctt tctactaaag aacaattgga atacattctt 131760
aaactcaggc ctaaagattt cgttctcaaa gattatcagt cccacggcgt cttgaaagga 131820
aaaatggcgg tgtaatttca atttaattgc gaggatatat gattttacga tttaaagata 131880
cttctggtgc agttcttttt acacttccta atccaagtga gctagaagtt ccaggaccaa 131940
atcagcctat tatcatttat ggcaaaaaat attatactca taaaatgact cgtgagtatt 132000
ttgataataa aatttctaca gttaaaactt cttctgattg ttactatgat attactgttt 132060
taacggaaaa acaatatgac gaattatcac cgcgcgggcc gtctatgcca ggtagtgaat 132120
aaatataaat ccgactttga tgtcaatatt caccgcggta cattttgggg aaattacgtc 132180
ggtaaagatg ctggcagccg ggaggctgcc attgaattat tcaaaaaaga ttttatacgt 132240
cgaattaaat ccggagaaat aactaaagca catttagagc ctttacgtgg aatgaggcta 132300
ggatgcacat gtaaaccaaa gccgtgtcat ggtgatataa tagctcatat agttaaccga 132360
ttgtttaaag acgattttca agttgaggac ttatgcaatt aattaatgtt atcaaaagta 132420
gtggtgtttc tcagagcttt gacccacaaa aaattattaa agttttatct tgggcagctg 132480
aaggaacatc agtagatcct tatgaattat atgaaaatat taaatcatat ctccgtgatg 132540
gaatgacaac tgatgatatt cagactattg tcattaaggc cgctgcgaat tctatttcgg 132600
ttgaagaacc tgattatcaa tatgtagctg cacgttgttt aatgtttgct cttcgtaagc 132660
atgtttacgg gcagtatgaa ccgcgttcat ttattgacca tatttcttac tgtgtaaatg 132720
aaggtaaata tgaccctgaa ttgttgtcaa aatattcagc agaagaaatt acatttttag 132780
aatcaaaaat taagcacgag cgggatatgg aatttactta ttccggggcg atgcaattaa 132840
aagaaaaata tctcgttaaa gataaaacca ctggtcaaat ttatgaaact ccgcagtttg 132900
catttatgac tattggaatg gcattgcatc aagatgaacc tgttgataga ttaaaacatg 132960
ttattcgttt ttatgaagca gtatctactc gacagatttc attaccaact cctattatgg 133020
ctggttgtcg tactccgact cgacagttta gttcatgtgt tgttattgag gcaggtgatt 133080
cgctgaagtc tatcaataag gcttccgctt cgattgttga atatatctct aaacgcgctg 133140
gaattggtat taacgttggt atgattcgtg ccgaaggttc taagattggc atgggtgaag 133200
tacgccatac tggtgttatt ccttttgga aacattttca gactgcagtt aaatcatgtt 133260
cacagggtgg aattcgtggc ggcgctgcta ctgcttatta tcctatttgg catttggaag 133320
ttgaaaatct tctcgttttg aaaaataaca aaggcgtaga agaaaaccgc attcgtcata 133380
tggattatgg tgttcaactg aatgatttga tgatggaacg attcggaaag aacgattaca 133440
ttactttgtt cagtccgcat gaaatgggtg gagagcttta ttattcttat tttaaagacc 133500
aagaccgttt ccgtgaatta tacgaagcag cagaaaaaga ccctaatatt cgtaaaaagc 133560

gtattaaagc ccgtgaacta tttgaattgc tcatgactga acgttcagga acagcaagaa 133620
tttatgtaca gttcattgat aatacgaata actatactcc gtttattcgt gaaaaggcac 133680
ctattcgtca gagtaacttg tgctgtgaaa ttgctattcc aacaaatgat gtgaatagtc 133740
ctgatgctga aattggattg tgtactctct ctgcattcgt actagataat tttgactggc 133800
aagaccaaga taaaattaat gaattggcag aagttcaagt tcgtgctctt gataatcttt 133860
tggattacca aggatatcca gttcctgaag cagaaaaagc taaaaagcgt cgtaacctcg 133920
gtgtaggtgt taccaactat gcagcttggc tggcaagtaa ctttgcttct tatgaagatg 133980
ctaacgattt aacacatgaa ctatttgaga gattacagta tggactcatt aaagcatcca 134040
ttaagctcgc caaagaaaaa ggaccttgcg aatattattc agacactcgt tggtctcgag 134100
gcgaattacc tatcgactgg tacaataaaa agattgacca aatcgcagct ccaaaatacg 134160
tttgtgactg gtcgtcgctg cgggaagacc ttaagctctt tggcatccgt aatagcacac 134220
tatcagcact tatgccatgt gagtcatctt cccaagtttc taacagtaca aacggtatcg 134280
agcctccacg tggaccagtc tctgttaaag aatcaaaaga gggttccttt aatcaagtcg 134340
tgcccaatat tgaacataac atagacctat atgattatac atggaaatta gctaagaaag 134400
gtaataaacc ttatcttacg caagtagcta ttatgctgaa atgggtatgt caatcagctt 134460
cagcgaatac atactatgac ccgcagattt ttccaaaagg aaaggttcca atgtcaataa 134520
tgattgatga ccttttgtat ttttggtatt ttggcggaaa aaatttctat tatcataata 134580
cccgtgatgg ttctggtact gatgattatg aaatagaaac tccaaaagct gaagattgtt 134640
catcctgtaa attatgatat aatttgactc acggacgagt caccaactat taactaagcg 134700
gaaaatttat gagcacagtt tttaatacaa atccagttga tgttttaaaa gaacctatgt 134760
tttttggttc aggtcttggt attgcgcgtt atgatattca acgccataaa gtttttgaag 134820
atttgaccga aaagcaatta tcatttttct ggcgtcctga agaagtaaac ttaatgatgg 134880
atgctgcaca gtttaataag cttcctcaat atcagcagaa tatttttact aataatctga 134940
agtatcaatc acttctagat agcattcagg gtcgtgcacc gtctgctgta cttatgtcat 135000
tgatttcaga cccaagcctt gatacatggg ttgctacatg gacttttagt gaaactattc 135060
acagtcgttc atatactcat atcatgcgaa atctttatac tgatccatcg aaggtatttg 135120
atgaaattgt attagatgaa gctattatga aacgtgctga atctattgga cgttattatg 135180
atgatgttct gattaaaact cgttattggg aaaacgctaa agctgatatc gaataccaaa 135240
aagaaattaa tgcagacgaa gacgttattg aagatgctat tgagcatgag acatattgga 135300
agcgtgagct aatgaaatct ctttacctct gtttgcatgt aatcaacgca ttggaagcta 135360
ttcgttttta tgtatctttt gcatgtacct ttaacttcca taagaacatg gaaatcatgg 135420
aaggtaatgc caagattatg aagttcattg cacgtgatga gcagcttcac cttaaaggca 135480
cccaatatat tattcgtcaa cttcaacttg gcactgatgg cgatgaatgg gttaaaattg 135540
ctcaagagtg tgaacaagaa gcagttgata ttttcatgga agttaaccgc caagaaaaag 135600
attgggcagt tcatttattt aaagatggtg atgttcctgg attaaataca aatagcatgt 135660
ggagctttat tgattactta actgtatctc gtatgaagca gtgtggtctt ccatgcccaa 135720
ttaccgatgc tccggttaaa catccatatc cttggattcg tgaatatctt aattctgata 135780
atgttcaatc tgcgccacaa gaagtagaat tgtcatctta ccttgttgca cagattgata 135840
atgatgttga tgataaagtt atgatgagtt ttaaaaaata cttttaagga gtgggccgca 135900
aggcccattt tattatgaaa gaaattgcaa cagaatattc atttattaaa tatactgagc 135960
tagaattaga ctacaacgga agtataaaac aattatctat tccaaacaag tataacgtaa 136020
tttatgctat tgctataaat gatgaacttg tttatattgg aaaaactaaa aatttacgca 136080
aaagaataaa ctattataga actgctatta accgtaaaga caaaacgtct gattctacta 136140
aatctgcatt aattcatgct gcgctaaagg aaggaagcaa agttgaattt tacgcccgcc 136200
aatgttttaa tctttctatg acaaatgagt taggtacaat gacaatcgcg acgattgacc 136260
tagaggaacc actattcatt aagctgttta acccgccttg gaatattcaa cataagaaaa 136320
aatgatgctt ccacatggag tgtggtacta tattcaaaac acaaaagagg atacacaatg 136380
caagaacttt ttaacaattt aatggaacta tgcaaggatt cacagcgtaa gtttttttac 136440

tcggatgatg taagtgcgtc tggaagaact tacagaattt tctcatataa ttatgcatct 136500
tattctgatt ggttacttcc agacgcattg gaatgtcgtg gaatcatgtt tgaaatggat 136560
ggagaaaaac cagtaagaat tgcttctcgt cctatggaaa agtttttaa cttgaatgaa 136620
aatccattca cgatgaatat cgatttaaat gatgttgatt acattctaac aaaagaagat 136680
gggtctttgg tatcaactta tttagacggt gatgaaattc tgttcaaatc aaagggttca 136740
atcaaatccg aacaggcttt aatggctaat ggtattttga tgaatattaa tcaccatcgg 136800
ttgcgtgata gacttaaaga attagctgaa gatggattta ctgctaactt cgaattcgtt 136860
gctccgacga atagaatcgt tcttgcttac caagaaatga aaattatttt actgaatgtt 136920
cgtgaaaacg aaacgggtga atacatttca tatgatgata tttataaaga tgctgctctt 136980
cgtccatatc tagttgaacg atacgaaatc gatagcccta aatgggtaga agaagctaaa 137040
aatgcggaaa acatcgaagg ctatgttgct gtgatgaaag atggttctca ttttaaaatt 137100
aagtctgact ggtatgtgtc tcttcatagc acaaaaagtt cattagataa tccagaaaaa 137160
ttgtttaaga ctattattga tggtgcatca gatgatctta aagcaatgta tgctgacgat 137220
gaatattcat acagaaaaat tgaagcattt gaaacgactt atctgaagta cttagaccga 137280
gctctgtttt tagttcttga ctgtcataat aagcattgtg gtaaggatag aaagacttat 137340
gcgatggaag cgcaaggtgt tgctaaaggt gctggaatgg atcacttgtt cggtatcatc 137400
atgagcttat accaggggta tgatagtcaa gagaaggtta tgtgtgaaat cgaacagaat 137460
tttttgaaaa attataaaaa atttatccca gaaggatact aagctgttta caagtccctc 137520
gtgttgtgtt acagtagtct tactgacata acatgaggac tttatgatgg atttgcagct 137580
cattactact gaaatggtcg ttgaagcata cggtgatact acagatggga tttctgtatt 137640
taaaggaaac cgtcgagttg gatatatcac cgatcttaag aaagatttag ctaagcaagt 137700
caagcggaaa acgaccatta aagaatatcg aaatcgtcgt cttgagcaag cccgtgatat 137760
gcttcctgat gcggttgaag agatgaaagt ctttttagaa aatcagcttg cgaaatatga 137820
ttgtgatgta tttattaatc agactcaacc taatgttcat atcaatagtt gtaaatgcta 137880
tatcatcgtt aatcctttga ctggaaagca tcgtcttgga attagtaatc caaatcgtag 137940
tgcatcggat atggcagaag atgttgaggc atgctttaaa atttctaaat ctccagctga 138000
acatcatatt ttaattaacg gtctttctca agacgatatt atagaggtta ttaaaacttt 138060
atgcatgtaa gtaattttac agctggattg ctattacttg taatagcatt tggcggaaca 138120
tctattattt taaaaaataa ggtagaaaga ttagaaacat cagttactga aattacaaaa 138180
acagccaatg aaaacgcctt agcattaaat aatttgcgaa ttcagtataa ttatattgat 138240
gcgatgaata ataaaaatcg tgaggcaatt gctgctattg agcgtgaaaa tgaaaaactg 138300
cgcaaagacg caaagaaggc ggatgtggtg gctcataagc caggattggt tgaaaaacaa 138360
atcaacaact ccttcaacaa gttcgcagaa gacatccagg acctttctaa atgattaaac 138420
tatcagcagt aatattatct attggtcttc tagttggttg ttcgacaaag cctctagaag 138480
taaagaaaga aacagttcat cctaattggc ctgtgcaaat aaagtcatat gacgaagcta 138540
aactatcttg gcaagttaaa gttattgatg gtaaagcttg ggtaggtatg ccatttgaag 138600
attctcagga atttcgtatt tggcttaatg atgtaaaacg atatgtacat gaccagaaaa 138660
ctatgatatg ttattatcgt caagagctaa aagaggataa atgtaaatga tttcatggta 138720
tcaatttgaa catctaaaag gattaattta tgaatccgag atggctgcaa tgatttatgg 138780
acgacagatt caacgattag aatctttacc tccaactaat gatgttttat tagctcaatc 138840
acgtgctaat ctcaaaaatg aatatcaaaa taagtggggt aaagcatcta aagacttgca 138900
tgattatatt caatcattag ttgagaaaaa taaatgaaaa ctctgctaga acgttatatt 138960
gaatgctcgg accgttacat tgatgtatgc catgacaatg catcaagcat tagcgaagac 139020
attgaacatg ctaaagcttt agatgatgct ggtaaagccc tacgaaaaga agcaaaagct 139080
cgtgggtttg atatgtatca gcttaaaaat cacatgataa aatttatttc atctaatgtt 139140
cagagcaaat cggtgaatca atcaacagct gaattatata aagggcggcg tgagcataat 139200
attcgtattc ttgaagtttt cttaggaatt aaatgatgaa aaagattatt ttgactattg 139260
gctgtcctgg ttctggtaag agtacttggg ctcgtgaatt tattgctaaa aatccagggt 139320

tttataatat caatcgtgat gactatcgcc aatctattat ggcacatgaa gaacgcgatg 139380
agtacaagta taccaaaaat aaagaaggta tcgtaactta catgcagcat gatgttgcta 139440
acatgattct ctgccaagac gcaacgaagg gtgtaattgt ttcagatact aatctgaatc 139500
ctgaacgacg taaggtttgg gaagagtttg ccaaagagct tgggcatcaa attgaatata 139560
aagtgtttga tgttccttgg actgaattgg ttaaacgtaa ctcaaaacgc ggaactaaag 139620
cagtaccaat tgatgtttta cgctcaatgt ataaaagcat gcgagagtat ctcggtcttc 139680
cggtatataa agggactcct ggtaaaccaa aagcagttat ttttgatgtt gatggcacgt 139740
tagcaaaaat gaatggtcgt ggtccttatg accttgaaaa atgcgatatc gatattatta 139800
atccaatggt cgttgaacta tccaagatgt atgctcttat gggttatcaa atcgtagtcg 139860
tttcaggccg tgaaagtgga accgaagaag atccaacgaa atattatcgt atgacccgta 139920
aatgggttga ggacattgct ggtgttccat tagtcatgca gtgtcaacgc gaacaaggcg 139980
atacccgtaa agatgatgta gttaaagaag aaattttctg gaaacacatc gcaccacatt 140040
ttgatgtgaa attagctatt gatgaccgaa ctcaagtagt tgaaatgtgg cgccgcatcg 140100
gtgttgaatg ctggcaagtc gcttcgggag atttttaatg gcttggcacc atgaaacttg 140160
ggctttgtta ttgtaaatag cggtttagtt ggtactagta atgggcaatt ttgtgtattt 140220
actagtgaaa atagagcatg ggaggaatgc cttaaattaa gagaaaagaa tcctgatgtt 140280
gaactagtag taaagaaaac taaactgcct ttaccatgga aaacgtatga ataacctaga 140340
aaagatttat cgtctttgtg ataaaattga aaaagaaaag aaatatctat tttgtctatg 140400
gcctattgtt gacggaagag taggcctaga tgttcttgat tatgaaacag aagacaaagt 140460
agatggcgca acttttgata acgctttgga tgttattgat tggctcgaag aaaattatgt 140520
gaggtaaata tgtttccgac ttactctaaa atcgtagaag tagtgtttag ccaaattatc 140580
gctaataaca tgtttgaaaa gcttgataat gcagctgaac ttcgaatcca cgctcaagtg 140640
actcatgtat tgaacgcttt gcttccagac caggtggatt ctattgccat tacgttgtat 140700
ccaggttccg cgcatatcat tgttgtattt ggtcttgatg ctgagctagt tatcaaaggc 140760
gacattcgct ttgaatcaca gacatcagaa ttcaaagcaa tttaatagtt tactttacgg 140820
tagagttgtg atattatagc tctaccaaaa caaatgagga aattgaaatg agcgaatggt 140880
ttgaagaaga taaggtttat cgctttaaag ctggatataa agatattttt aatgaaactt 140940
gcggggctaa taaacgaatt gcccagttta ttggggaaaa ttcatttaaa gtaaaaatag 141000
atcctgcgaa aaatgttatt agcattaaac gtgaaattga tgattgttgg tataaagctg 141060
ttgatgtaat gggtgaatcc tataaagtta gcccgttatt ttcaattgct tatatgttag 141120
aatattcttt tttcgaagaa gttcaaaaag atgattctgt aagtaaattt gaaattaaaa 141180
ctgataaaga aattaagtgg aaagtagtag gtattactgg ttgtatgttc tatatctatg 141240
ctcaaactga tacgaaggaa gaagctaaaa agaaagctct agaatatctt gaagagcatg 141300
aagaaggtcc ggtaatgatt acccaagatg ctgaattagt ttctgtcaaa ttagttaaaa 141360
atgttgaaag taaggagcta ggatcaacat gctaagcgaa aaaccaatta ctgttaaaga 141420
attccaagaa aaagttaaac tatttgctca agaattggta aataaggttt ctgaacgatt 141480
tcctgaaacg tcggttcgtg ttattaccga aactcctcgt tcagtattag taattgtgaa 141540
tccaggtgat ggcgatcaaa tatcgcatct taaactggat tttgatggat tagttgaagc 141600
acaaagggtg tatggcgtac tatgatgaat ttaactgata taattgataa ttgtcttgaa 141660
aatgatactg gcgatcatag agcgcttgat tctgaaacag cacagttcat tagaataact 141720
ttaatgaatg atactctggt gaatagtatt catccttctg tgtatgatgc tattattgtg 141780
acgaagtatc cggttgagct tcacaaaaag atgactggcg cagtttttat tgataagaaa 141840
aaccgcttta aagatgggca gaatataact agttctgtta ttaaaagtat aactaaactt 141900
cgtcacgaaa tttatcgtgt tgaaactgct aaatctgctt atctggtgat tatgaaatga 141960
aagcgagtac agtacttcaa attgcatatt tagtatcaca ggaatcaaaa tgttgctcct 142020
ggaaggtagg agcagtaatt gaaaagaatg gacgtattat ttctactggg tataatggtt 142080
cacccgcagg cggtgtgaac tgttgtgatt atgctgctga gcaaggttgg ttgctgaata 142140
agcctaaaca cactatcatt caaggccata agcctgaatg cgtatcattt ggttcaactg 142200

atcgctttgt cttggcgaaa gaacatcgta gtgctcactc ggaatggtca tctaaaaatg 142260
aaattcatgc tgaactaaat gcaattttgt ttgctgcacg aaatggttct tctattgaag 142320
gcgctactat gtatgtaaca ctttctcctt gtccggattg cgcaaaagcg atagctcaat 142380
ctggtattaa aaagctggtt tattgtgaaa catacgataa aaataaacct ggctgggatg 142440
atattctgcg aaatgcaggt attgaagtgt ttaatgttcc taagaaaaac ttgaataagt 142500
taaactggga aaatatcaac gaattctgtg gtgaataatg aaatttcgtt tggtaaagct 142560
cacagcaatt agttcttatt ctaacgagaa catctcattt gctgtagagt ataagaaata 142620
ttttttctct aaatggaaac agtattataa aactgattgg actagtattg ataggccata 142680
tagttggaaa tctgatttag aaaaatgcca aaaattactt tccactctta aagaacgtgg 142740
aacaactcat attaaaactg taataggtaa atgaatgaaa ctgacgactg aacagaaagt 142800
agcaattcgt gaaattttga aaactaaatt gtccatgggt atttcaaacg tagtttttga 142860
aaagtctgat ggtactattc gtattatgaa atgtactcgt gatgcagact ttatgccaac 142920
catgcaaact ggtaaattga ctgaatctac tcggaaagaa tctactgata tgattccagt 142980
atttgatgtt gaacttggtg cgtggcgagg tttttctatt gacaaattga tttccgttaa 143040
tggtatgaaa gttgagcatt tgctccaatt tattggtaaa taaatgcttt aagaattatt 143100
tgttattatt aattcatctg ttaacaaaaa ggaaaaacga tgtctgaagt acaacagtta 143160
ccaattcgtg ctgtcggtga atatgttatt ttagtttctg aacctgcaca agccggtgat 143220
gaagaagtta cagaatcagg acttattatt ggtaaacgta tccaaggcga agttcctgaa 143280
ctgtgtgtag ttcactctgt cggtcctgat gttcctgaag gtttctgcga agttggtgat 143340
ttgacttctc ttccagttgg tcaaattcga aatgttccgc atccttttgt agctctgggt 143400
cttaagcagc caaaagaaat taaacaaaaa tttgttacct gtcactataa agctattccg 143460
tgtctttata agtgatataa ataataatat gaattgggtg tcggaataat aagttaaccg 143520
aacaattcta tgtggtagtc tacaactgag agatctgtcg aaagaagatg aaattcagaa 143580
gaacgtgact accgagtttt aatctctaac gagaattttt aaatgattaa acaattacaa 143640
cacgctcttg aactgcaacg aaacgcatgg aataatggtc acgaaaacta tggcgcatct 143700
attgatgttg aagccgaagc tcttgaaatc ctgcgttatt tcaaacatct gaatcctgct 143760
caaactgcat tagctgctga gcttcaggaa aaagatgaac ttaaatatgc taagcctctg 143820
gcttctgctg cacgaaaagc agttcgtcat tttgtggtaa cactgaagta atttattgga 143880
gattcactgc cttagtgtga gctaaatcga ggagccgtcg aactgtctga ttaatgattt 143940
gcgaatcatt atagttttaa gaccccggca gttttacggt gtacctcttg aatgttattt 144000
tatagcggca agtgcatgct accccgaggt gatggccaat cgggagtacg cctcaaggcc 144060
tatatatcca tcagtatata tcttatcctc gagtaatcgg acccggaacc tttaagctaa 144120
cggtgtgcaa cagataagag ctataaggta tgttgacgag gtttatggtt atcctgtcgg 144180
taaatattca aaacctaagt acccctttga gggattgcgc aggcaatgcc aataagtcct 144240
gcattttcat ttaaaagaga atttataatg gcaaaacaag ttaaagcaaa gaaagcagtt 144300
gaaaagaaag ttggtgattc taaacgcgct ggctacaagc gtgggtcgaa ctctcgtatc 144360
aatcaaactg ttgagaagat catgcgccga gcacgtgcgg ttcttcgaga tgatgcttct 144420
cgttttggta agcagaaagc ataagttgag gactccttcg ggagtccttt tttattttcc 144480
aaagattgca caaagttgtt tacagtacgg ttcctttgtg atagtattat cttacacaaa 144540
caaaggagaa taaaatgaac tacatcaact ttgaacgtaa atatgtttct aatggtattg 144600
caggttctat tgatactatt tgtctctgga aacatcaaaa cggatcagta tgcgaaatcg 144660
atcagtatat gactcctaat tacgtttata tgcgatttga aaatggcatc acggtttcaa 144720
tcactaagga aggttccaac tttaaaatcg ctctagatga tgatttccgt gaacgcgatt 144780
tagggactca tccttgttgg aatggcgttc atcgcaagct tctgattaaa acttggattc 144840
gtcatattct gagtaacaaa gctaaacctg agcatcttga agcaatcttt gatgtagttc 144900
ttaacgaatt tgatatttaa gcttcggccc cttactgagg aaaatattat gtttatgact 144960
acttattttg atacccgcaa aaatttctgt gaagttgttt tctcaaaggc gcctaaagac 145020
cttcctgcac atttgcaacc taccagtgaa tcgattaaaa actacgttaa tgtagtctgc 145080

cctttagagt tccgtactgt aaatgggcgc gatactttag ctatcactaa actcaatcgc 145140
gaaattgaca ttgatccctc aattgcacgt gaaattaata gttctgatat taatggcggt 145200
aatgttaaat cgcacggttt tcagatgagg ttttaatgaa attcttttta ggtcaaactg 145260
ttgaattaaa gggagttggt atacctggat taatttctaa ggttctacct ccgtttaaat 145320
ggagtggtat tcaaataaaa gaggcttata ttgtttcttg ggtagatgga aatgaagacc 145380
ttcgtatggg cgatgaatta tctcctatct acggattaaa ggaattagta tgaatataat 145440
taataagatt tttggaattc agtacattaa ggtcacatat aaagtaacag ataaaaatcc 145500
gtatactgat gaacacgaag aaccgcaagt taagtctatt atattagaaa aaggcagtga 145560
ctggccagtt gaatttcgtc taccaaacta tggtcattgg gctgatgttg aaattataag 145620
cattgaaaat gtctgagtta gagattagaa gcaattttaa atggccatca tgtgcattaa 145680
gtaatttcgc ccaatggcct ttcgttatgg atggtattca atttggaggt cttgaaggat 145740
tcctccaagg atgcaaggtg aaaaatgttg aacaacaacg tcgtatattt gggttatccg 145800
ggcttgccgc ccaacaagct ggaaggtctt atgctagagc tcaggaccgt gggaccctct 145860
tctggcttgg agttccgttt tcaagatact ccccagcatg gaaagaatta tacacaaatg 145920
catattttga agcagcgatc caaaacaagg gctttcgtga tgcattacac gcctcgaaag 145980
gaaaagtttt gaagcacagc atggctagtg gtctaacaaa agatgataca atattaaccg 146040
aagctgaatt tattgatgtg ttaaacctat taagagactc tctatgaagc ctactatttt 146100
aactgatatt gatggagtat gtttaagctg gcaatcaggc cttccttatt ttgctcagaa 146160
atataatctt ccgttagaac atattttaaa aatgatccaa gatgagaaat ttatttctcc 146220
aggtaaactc tttaattgtg acgaagaact tggcgtcaag ttaattgaaa aatacaatcg 146280
ttcagatttt attcgttact tgtctccata taaagatgct ctgtgtgtaa ttaacaaatt 146340
aaaagaagat tataattttg tagctgttac agcattgggt gattctattg acgctctgct 146400
gaatcgtcaa tttaatttga acgctctttt tcctggtgcc ttctcagaag tactgatgtg 146460
tggtcatgat tcttcaaaag aagagttgtt taaaaaggca aaagagaaat ataacgtgat 146520
ttgttatatt gacgatctcg ctcaccattg cgatcatgcg agtgaaatat taaatgttcc 146580
tgtttattgg atggctcgag gggaacgtga cagtattcca aaaactgcac agcgagttta 146640
tacatggaat gatgtagaaa ataagctttt ttcaccaaag gaaaataaag aaagttttga 146700
tagtgaaaaa gctataaaag atgtaattga gaagatgatc aaaaacgatt cttttccttg 146760
gaacactacc tggagaactc ctggatttaa tccttataat catctatatc atccatatca 146820
gacacatccg tttcagacat ggaactatat taaacctggt ggcatagagt atttgtataa 146880
tagacctact agtggtgata atattttcca aggagcattc taatgtttgt tgttcatact 146940
atttatgaaa atgaaggtaa tactacacgt gattacggtc acgtaaatca atttttaga 147000
tgcaatccag aattccgagc tcaaaaagac gaacgaattt ttaaaaaatg tgtagagcaa 147060
ggtttcattt acgtcaagca ctggatgcaa ggaaataaag ttagaaccac gtaccacagg 147120
tctttgactg agcttaatga tgaattgatt tataatagag ctgtaaacca aactctaaag 147180
gatgaacaat gattcttaaa attctgaacg aaatagcatc tattggttca actaagcaga 147240
agcaagcaat tcttgaaaag aataaagata atgaattgct taaacgagta tatcgtctga 147300
cttattctcg tgggttacag tattatatca agaaatggcc taaaccgggt attgctaccc 147360
agagttttgg aatgttgact cttaccgata tgcttgactt cattgaattc acgttagcta 147420
ctcggaaatt gactggaaat gcggcaattg aggaattaac tggatatatt actgacggta 147480
aaaaagatga tgttgaagtt ttgcgtcggg tgatgatgcg agaccttgaa tgcggtgctt 147540
cagtatctat tgcaaacaaa gtttggccag gtttaattcc tgaacaacct caaatgcttg 147600
caagttctta tgatgaaaaa ggcattaata agaatatcaa atttccagcc tttgcccagt 147660
taaaagctga tggagctcgg tgttttgctg aagtcagagg tgatgaatta gatgatgttc 147720
gtcttttatc acgagctggt aatgaatatc taggattaga tcttcttaag gaagagttaa 147780
tcaaaatgac tacagaagct cgccagattc atccagaagg tgtgttaatt gatggcgaat 147840
tggtatacca tgagcaagtt gaaaaggaac cagaaggcct agattttctt tttgatgctt 147900
atcctgaaat tagtaaagct aaagaattcg ccgaagtagc tgaatcacgt actgcatcta 147960

atggcatcgc caataaatct ttaaagggaa ccatttctga aaaagaagct caatgcatga 148020
agtttcaggt ctgggattat gtcccgttgg tagaaatata cggtcttcct gcatttcgtt 148080
tgaaatatga tgtacgtttt tctaaactag aacaaatgac atcaggttat gataaagtaa 148140
ttttaattga aaaccaggta gtaaataacc tagatgaagc taaggtaatt tataaaaagt 148200
atattgacca aggtcttgaa ggtattattc tcaaaaatac cgatggattg tgggaaaatg 148260
ctcgttcaaa aaatctctat aaatttaaag aagtaattga tgttgattta aaaattgtag 148320
gaatttatcc tcaccgtaaa gaccctacta aagcgggtgg atttattctt gaatcagagt 148380
gtggaaaaat taaggtaaat gctggttcag gcttaaaaga taaagccagt gtaaaatcgc 148440
atgaacttga ccgtactcgc attatggaaa accaaaatta ttatattgga aaaattctag 148500
agtgcgaatg caacggttgg ttaaaatctg atggccgcac tgattacgtt aaattatttc 148560
ttccgattgc gattcgttta cgtgaagata aaactaaagc taatacattc gaggatgtat 148620
ttggtgattt tcatgaggta actggtttat gaaagcttac ttagaaacaa ttgtcgtggc 148680
tcaaaaagaa ggtggagatg tttctacttc tgtatcacaa gtcattctcg aatttgtaga 148740
tgcatacgct tataataaat ttacagaaac atttgatgcc tatgaaaaag gaccaaagtt 148800
tgaaatatat cgtactctct taccactaga ttactaaagg ccttcgggcc tttaatttta 148860
taaatagaat aaacactaga gaggctatga tggaacttat tacagaatta tttgacgaag 148920
atactactct tccgattaca aacttaaatc caaagaagaa aataccgcaa atttttcag 148980
ttcatgttga tgatgcaatt gaacagccag gctttcgttt atgtacatat acatctggag 149040
gtgatactaa tcgcgattta aaaatgggcg ataaaatgat gcatattgtt ccttttacat 149100
taactgctaa aggttcaatt gctaaattaa aaggtcttgg tccaagccca attaattata 149160
tcaattcagt ttttactgtt gcaatgcaaa caatgcgcca gtataaaatt gatgcttgta 149220
tgcttcgtat tcttaagtct aaaaccgctg gtcaagctcg acaaattcaa gttattgctg 149280
atagacttat ccgtagccgt tcaggtggca gatacgtcct tcttaaggaa ctctgggatt 149340
atgataaaaa gtatgcatat attcttatac atcgcaaaaa tgtatcacta gaagacattc 149400
caggagttcc ggaaattagt accgagctct ttactaaagt tgaatcgaaa gtcggcgatg 149460
tttacatcaa taaagatact ggagctcaag taactaaaaa tgaggcaatt gcagcatcta 149520
ttgcacaaga aaatgataaa cgttctgacc aagctgtaat cgttaaagtt aaaatttccc 149580
gtagagcaat tgcgcaaagt caatcattgg aatcttctag atttgaaagt gaattattcc 149640
agaagtatga atctacagca gctaatttta ataaaccagc tactgcacct ttaattcccg 149700
aagcagaaga aatgaaaatt ggaattaatt cattagcttc taaaacaaag gcagcaaaaa 149760
ttattgctga aggaacggca gatgaacttc actatgatta taaattcttt ccaatgagtc 149820
aagtcggtga agtttcagaa aaaattaaag aagtaatttt taatgcaatt aaaaatgaac 149880
caactacttc aataaaatgt ttagagaaat acgcagcagc tgctaatcaa ctctttgaag 149940
aatataaaga taattggctt gataaacata ataaaactcg taaagggcag ccagatgaag 150000
tctgggaaga aatgactaaa aattcctgga acgcagcaaa aactaaattc ctcaaaagaa 150060
tgatttatag tttttctgga attggtgcag gtccaatgat tgatattact attgcccgtg 150120
atggttctaa atatactcca tcacaaaagc gcggcattag agagtattgt ggttcagggt 150180
atactgacat caataatctt cttttgggtc gttatgatcc agaacgttat gaagtaatga 150240
gtgaaaaaga aattgaagct gctataacta atttagattc tgcttttgaa aatggtgatc 150300
gtataccaga aggcattaca gtttatcgtg ctcaaagtat gactgctcct atatacgaag 150360
cactagttaa aaataaagta ttctatttca gaaattttgt atctacttct ttaactccta 150420
tcatttttgg acgttttgga attacacatg ctggtattgg tcttttagaa ccagaagctc 150480
gcaatgaatt aacagttgat aaaaatgaag aaggaataac tattaatcca aacgaaataa 150540
gagcgtataa agaaaatcct gaatacgtta aagttcaaat aggatgggca attgatggag 150600
ctcataaagt taatgttgta tatccaggaa gtctcggaat agcaacagaa gctgaagtta 150660
ttctaccgcg tggattgatg gtcaaagtta ataaaataac tgatgcttct aataatgacg 150720
gaacaacatc taataataca aaactcattc aagctgaagt tatgaccacg gaagagctca 150780
ccgaatcggt aatctatgat ggagaccatt taatggaaac tggtgaattg gttgcaatga 150840

caggtgatat tgaaatagaa gacagagttg actttgcatc atttgtttca tcaaacgtta 150900
aacagaaagt agaatcatct cttggaatta ttgcgtcttg catagatatt acaaacatgc 150960
cttacaagtt cgttcaagga taaatcatgg aacttattac agaattattt gacggcgctt 151020
cggcgccggt tgttaactta aatcctaagc ataaaatacc tcaaattttt gctattcaag 151080
ccggtgaaga aagcgtgctt cctggattta gattttgtac atacacctct ggcggtgata 151140
caaataaaaa cgttaagccg ggcgataaaa tgatgcatat cgtaatgata ggtgtcaacg 151200
agaaattatc gttagtcaag cttagaaact tgggtggaaa tccaattggc gtcattaatg 151260
ctgtttttga tactgctctt caaacaatga aacagtataa aatcgacgca tgcctattcc 151320
gcgtactaaa aagtaaaaca aatggcgcag ctcgtcaaat gcaagttatt gctgaccgtt 151380
tagtacgtac taaaggagca ggtcgatatg ttcttttaaa ggaaatctgg ggctatgata 151440
agaaatatgc atatattatg gtttaccgta aaaatgccaa tttagaagac attccaggtg 151500
tacctcctat ttcaactgag ttattcacaa aagttgaatc aaaggttggt gatgtttatg 151560
tagacgttaa aacaggtaat gctgttccta aagctgtcgc tgttgctgct tctattgctt 151620
tagaaaatga taagcgcacg gatcaagctg ttattcagaa aactaaaatt agtcgtcgat 151680
tagcagcaca agctcaatat tctactgttg atgcttcact tcagggtgat agcttcgctg 151740
ctaagaaata tcaagagttt gaatctaaag ttccggtata taaagcagaa ggtccgatga 151800
actctggcgt tattcagatt ggttcaaact ttagcaaagg agctatcggt ggtatgagaa 151860
gtgcttctcg ttttaaatct aacgattatg aactagaaag tttccgaaat catattgcat 151920
tagcccatgc acgtttacgt gatccatcta tcaagttgca gagcgatata acatatcaag 151980
gttctcaaga atatttaaag aataaagaat tctttgatta taaaactgat aaaattttaa 152040
gcgatcttgc tgacattaat atttctaata gctttgatgt tattaagaaa attatcaatg 152100
atttagttaa aggttctaaa gctacaccag atgaaaagac agctattatt caatttgtca 152160
tgaatggcat ttataaattg attaatgaat ctgccgctca ggcatatgaa tacgcaagca 152220
ctgaagtaac tccaaaagga ttaactcagg ctgagtctga tgtaattgaa gattattgtg 152280
cagattcata tgttgaaatg aactcgttcc ttttaggtaa acctgattct acccgtgaag 152340
aatatatgga acgagctatt aaacacatcg agacgttgga ttctgcattt gctaaaggtt 152400
cagttcttcc tccaggaact actctttatc gtgggcaaga agttaccttt aaaactttgc 152460
gtcataacat tgaaaataaa atgttctatt tcaagaactt cgtatccaca tcgcttaaac 152520
caaatatctt cggtgagcat ggtaaaaact atatggctct agatgattct ggcgcagtat 152580
tttctggtga aggagaaggt tccattgatg cagaagattt gatgcatatg ggtagtcatt 152640
ctacatatgt taatgaagat gctgaaacta gcgtgggtat ggtaattaaa ggagctgagc 152700
gaatcaaagt tatcgttcca ggtcatttat caggatttcc atcagaagct gaagttattc 152760
taccacgtgg aattttactg aagattaata aagtaagtac ttactttatg aaagaaactg 152820
cttataacaa gtatctaatc gaaggtacaa tcgttcctcc ttctgaacaa ttagaggaat 152880
cagtatatga tggcgatcat ttgatggaaa ctggtgaagt tcgtccaatg actggattta 152940
atcaattcct tgtagaagaa tcaaaagaag aggaaaacga agtttctcaa atcttagctt 153000
ctttggttaa catcaacgga atgtctaaaa agttcaaaat gtagtttaca agtccctcat 153060
gttgtgttat agtagtctta ctgacataac atgaggaaca caaaatgaaa tcttctttgc 153120
gctttttggg tcaagaactt gtagttgaag gcgttattcc tgctgataat gcttttaatg 153180
aagcagttta caatgaattt atcaaaattt ttggaacaga taaaaagttc ggaatttttc 153240
cttctgaaaa tttttcaaag ccagaacaga ctgaaagtat tttccaaggt gtagtaacag 153300
gtaaatttga gtcagaagct ccggtaaaaa ttgaggttta tattgaagac agtttagttg 153360
cttcagttgc tgcttttatt tcattccgta aataaaaata tggggaccga aaggtcccca 153420
ttgttatatt gctcctaata ttttactttg cgaattgaca attcctgtca tagtattaat 153480
gtttgaaatg cttcctgcag ttccccctaa tctactgagt cgtgaaagcg aattagatag 153540
tccagtaaca cctccactat ttccgagaac gctttgaata ccatttatag cagcagattc 153600
aagccattca agcgcagctt gcctatcaac tgctccagcc tgcatcactc tatacgcaaa 153660
agtaacgtca aatgtagtta tttggttatc tccatcatat gataactcag gagcgctcac 153720

tgatattgga atgcatccag tgaacatcac cgcagtatga ggcaatccat tacgagaatg 153780
aagattaacc tgaatatctg cctcgacatc ctgtggcaaa gcacgcagtc cagttactgg 153840
gtcttgaacg gagttaaccc agtcttgcat tgcacgatag ttacaagctt ctgaatccat 153900
tctaaatgaa ataaccaaag ggtctaattc tctcccagtt atacgaatat taggagaatt 153960
atagttccag tcagtttcat aggataatct attctctggc atttttacag agtatatcat 154020
caatccagat gagttatatg ccatgttaaa gaagtcaatt aaatatgtac caactgtaaa 154080
tgagcctaat aaactttgaa ctgtacgttg actcatggca ccaataagat atttactaac 154140
ccctgatttt cttatcagtt tttgtgtgcc agcagtaatt agcgtggtaa ttccctgatt 154200
aatatcacct tgagtcaatc ctaaccaatc tgaatttagg cccaagttat tataagaaaa 154260
gttgctaatt gaacttatca acgaagagct tttagttgat ggagttgttg caaaaacgca 154320
gctaaacata ttattacgtt ggaaatctgc gtttattgct tgattattaa attcctctaa 154380
agaatacatt aaaaagtccc cgcatataaa gaagcacggt ttaacgtgat aatttctctc 154440
atagtaatct cgagagtaaa tgtactaggg aggtttggag caatagctaa tccgttaaag 154500
ttaccattag gtgttttgtc aaatctgata ctctggattt gacatggacc gaatatttcc 154560
gtttttccat caaacttaga tgttgcacca aagtttttca ccatccaaat tgtcgggttt 154620
gaaactacaa gaacgttagt taaactcgat gtcattttct caaataacgt cttatttta 154680
actgcatctt ctggagttaa cggctcaata aaagtagaac ggtaccactc atctaaatat 154740
ccttttattt cagcagcata ttgagattta ccagtttcac cgtaagaaaa atagttaaaa 154800
tactgataga tattaataat agccattaaa tcttctgttg agcgcggagt caaatcccaa 154860
gtgaacactt tagttctatt ttcagcaccg ccgtacatgc ttctggctgt cgtataaatc 154920
tgttcattat tatcagccat tataccttgt gttatacttt ccagcgctcc aaatactgcg 154980
gttgaagcca tattgcttag cacaccagta gcagtacctc cacctttgt aataagacta 155040
tcttgaacat cattaaatct atgtgatgac gtatcgacgt cagatttaga tctaggtaaa 155100
agaatatttg caacaggaac tttacttatt gttcctgaat tattatctga tattagtcca 155160
tttgatagtt ttgatactgt attactgata gtgtttctgg ctgtacgtaa aatactcgaa 155220
gatgaagaag agtagttaga tctcatcgtt ctaagacttc cagaatccct agatgacata 155280
ttgtatgcag taaataataa tccattctta tatagatctg ttacctggaa gtcccctgta 155340
gtgtcattac cactagcacg cccagttgga aactgggcag tgtatgtttt agttgctact 155400
tctgatttag tactctgtcc ggctgaaatt ttctcaccgg acttttaat taaatcagca 155460
gttatttctt taacaattgc catattattc cttaattaac tccagtcgca tcaaatacac 155520
caggagcagt cgtgctcgtt acgggtgtca tattatgaac gacagtattt ttcttaataa 155580
cattattagt attattgatt gaaggagatg cttgttgaat aggagcttgc tgtgctttgt 155640
tcttttctat tacctggact tgttttgctt ctggcgattt agcagaagtt tgaggtttgg 155700
cattaggctg atttttcttg agctcttgat aagtagcatc aattttagaa aatctagcag 155760
caagttcttt tttaactgcc ggtgaattat ttaaatccgg gtcatccatt cgtttttaa 155820
ggtcttcata ggcagcttca actgatttaa ccgttgagtc tttactcata tcagctgaat 155880
tagcgtattc atcaaaacga ttcatagcag cacgagcttc attagctttc attaaagcaa 155940
ttttagcttc ctccggagaa agttgcttta atttttcttc ttcctctgct ctctcttcat 156000
cagtcgttag tgcttcttta ttatcaacac cacgaatcca gttagatgca cgagttttcc 156060
agttcgcaat tttgtctagc ccttttgcta ttggaccaag atcgtcattc attcttttat 156120
attgataatt tgcaactttt tcttggtctt ctttgctaag agaagcattt gtagtatttt 156180
ggaaattttc tagtgctctt ccttctactt catcagcagt atccttcata ccaggaataa 156240
ctcgaagaat tgccgcagat aatttagcca ttccaagttg aataagctct cctaaattaa 156300
aaagaacctt tccaagtcct tcgacaatag ctactgtcaa tccgccccag tctccagctt 156360
cccacagctt cttaatttta tcaatagaac caaagatgct ctgtaataaa ggaccccacg 156420
ttccggtttc gctagagaat ttggtaaagt ttgtactaaa caaatcccat gcctgcgaaa 156480
atttatctga ccaatatttg aagtgaacca tcaacagatc tattccaaca acaacagcca 156540
atatcattgc agtcatttta gcagcttcaa tagcagcact aacggtatac ttaaataaca 156600

tgcttgatat tttatcacta attgaaatag atttcttaaa tccaaaatca acagtctttg 156660
ttaatttatc taaagcttga gataatttta agttaaatgc ttctttttc tgtttttctt 156720
ctggcgattc ttgtttaggt tcaactggct gaggggtagg gaaaaaatca gcatcaggat 156780
cattattaac tgcttcagga gctggtaata aaggacccac ggattcagct gtatcgtcct 156840
caacaacttt aacaggaata gcgctttcaa ccgtagctaa actagttcct gtttgttgaa 156900
ttccggctgt ctggattttt tgctcgagta aactcgttaa tttatctaat ttacttccga 156960
gcgattcacc gatttcttta ttaatattat tgccaatttc gacagtttca gcaattaact 157020
cagaaccagc agtagtatca ctcactgcgc tttctacatt gtcaattgct ccaattattt 157080
cattcgattt ttcttcaaca gtttgagcaa ttaattcaga agcagcttga gcatcatcca 157140
atttcgtaga tatatcgtta agtccagata aagtgttaga agcggattta gccgcttcct 157200
gtgttggttt attatctgaa ataacttttc tacgcatcgt ttgcatttct tgtggctttt 157260
tcattcaaat aatccaataa tattgccaat tccggttatt ggaccattag ggccaggaat 157320
tgctaaagtt gtaaaaatat catttgccca ttttaaaacg aatgctggca tctcaagaaa 157380
attaatttct ttaacttcat cattgacctt aagcaagcat ttggataaca tatcgctcac 157440
cgttaaaaat tgttcaaatt ttccaggagg tctaaaataa aatgtatttc cttggtattg 157500
aaattctaat ctttggcaca cataaacatc attaatgtca taagtataac catctatttc 157560
tttacgagat ttaatctttc cattaaattc caataaatga atggaaacga aatcaacttc 157620
tgccggtgat aaatttggac aaatagaatc aataagaagc tttaaatttt catcaggacc 157680
tttaacatct tttaaaatgt tataatgttt aagacccatc ttaggaatag aaacttcttt 157740
attacttatc ggaagaacta ctttcttcag tggtagtatc agttttaaat tcatttttaa 157800
ccttaactgg gtcgattgtt tccagtttcg ttgcattagt gaacatatat agatgagtta 157860
cggaattatt atttgataat tcgtgaataa cttcatcaac gtaaaattct gttttaaatt 157920
ggtttttact atcattaaaa ataatttaa cgccaggagt caagttaaaa ttaccgacag 157980
tagaacattt agcatagccg tcatattgcg ccatagtctg aagacgaata gcttcttcat 158040
atccatttct ataagtcatt tcagaataag cacctgacct tgacactaca atagagtttt 158100
caccctttcc tgtagtaatc attggtaatg aagaatctaa aaatgaatga gcatagatag 158160
tagcattttt cattggatca cgtttatgcg ggtttgattt agtcaaccaa acaaaatcat 158220
atgctaatgg atatttcaat tcttggacga attgacctat taaagttggc tcacctacaa 158280
tcattggata tggttcttga tttatcatca tatcatagtc catcatgtta actcccatga 158340
tgtcttgcca tacaaatacg aacttatcgc ttcctaccgc tagagcaact tctcttacat 158400
atgacaaata gttttcaaat gtgctagtcc atggaatatc aggaacataa gcattaatag 158460
catttatcgc tggagttaat aatgtacgat cttgataaat tacgccaagc atttccttta 158520
tagattcacc ggcatcaggg aaaaatggtc taccaaattt aagattttct atagaatgaa 158580
tagttcccaa ttcaatagca atgatgttat caccttttga atctacagat acagaaaaat 158640
gcttacatcc ataaattctt gttttaacat tattaatatc gtttgcatta gctacagaaa 158700
tctgaattat ttcatttcca tccatttttg tatggatatt tttagaatca taaaattgta 158760
gcattccttc atttcgacca taaagagaat cccgcatagt taatgtggta atagtagcag 158820
ctaattcaac aaatctatta ttactccaag cgtcataact ctcaaataat ttaacgctga 158880
gatttggata tccaggacgt tgtaacatac tcattgatgt ttatccttct caatcagttt 158940
taatacgaat ccgcgctcgg caggaatcat tttcattatt gaatttaagc tataattact 159000
ttttacaagc gtgtgattaa tttgataaaa agtaaatatc tcatctggat taactaatag 159060
cttaaacaca tctactatat cagtgtattt tttaatgtac ttatcacaac acgacatgtg 159120
caatgttaaa ttaataggat tcattgcatc gagaattttt tctaatgttt ctatctcgat 159180
ggcgtcaact agttctattt gactggactc gctaatttcc ttccaatcat accatatttc 159240
atctacttga acagaatgaa tattttcagt aatcatcttt gctttatttt cataaaactc 159300
agaaggaaac tttaatttaa ttttaacatt agctacatca aaaacaggtt cctttaattc 159360
tttttgatat atttcaaatg gaactgtctt ttctttttta cattttggac atacaaatgt 159420
gactggtact ttagttttac ctattgaacc tacaaatacc tgcaaaaata taaatggttg 159480

ccaagtcttc ggatagtctc caaaataatc atcaattaaa tcagtaatta tttctttttg 159540
ttcttgtggt gaccgatgtt ctatatcgtt tcgaactaac aaaaaatctc gataatcttc 159600
taccgtaaat ggtttaaaac gatgaacacc atctggtaat ttacaacgaa taatgtttgc 159660
catagatgct ccttttattc tatttataaa tatgataaat aaaggagcta aatatgtatg 159720
aatacaaatt tgatgtgaga gttggttcta aaataatcaa ctgtcgcgca tttactctta 159780
aagaatatct agaacttatt actgccaaaa ataatggttc tgtagaagta attgttaaaa 159840
agctaatcaa agactgtaca aatgcaaaag atttaaaccg ccaagaatca gaactattac 159900
tgattcattt atgggcgcat tctcttggtg aagttaatca cgaaaactct tggaagtgca 159960
cctgtggaac tgaaatacca acccatataa atctattaca tacacaaata gatgcaccag 160020
aagacctctg gtatacactg ggtgacatta aaattaaatt ccgataccct aaaatttttg 160080
atgataaaaa tatagcccac atgatagtat catgcataga aacgattcat gctaacgggg 160140
aaagcattcc agttgaagac ttaaatgaaa aggaactaga agatttatat tctatcatca 160200
cagagtcaga tattgtagct ataaaagata tgcttttaaa acctaccgtt tatttggctg 160260
ttccaattaa gtgtccagag tgtggaaaaa cccatgctca tgtaataaga ggcctcaaag 160320
agttctttga gttactataa tggcaaatat taataagctt tattctgaca ttgacccaga 160380
aatgaaaatg gattggaaca aagatgtttc cagatcgctt ggattaaggt caattaaaaa 160440
cagtcttttg ggaattatta caacaagaaa aggttcaaga ccgtttgacc ctgaatttgg 160500
atgtgattta tcagaccagc tttttgaaaa tatgactcct cttactgctg atactgttga 160560
gcgtaatatc gaaagcgcag taagaaacta tgagccacgt attgataaat tagcagttaa 160620
tgtaataccg gtttatgatg attatacttt gatagtagaa atacgctttt cagtcatcga 160680
taaccctgat gatattgagc agataaaact acaactggct tccagtaata gagtataatg 160740
cttcacgtat aaacgtggta taatgaatct aagtccatcc aataacaatt gaatagagaa 160800
caatatgaga ttagaagatc ttcaagaaga attgaagaaa gatgtgttta tagattcgac 160860
taaattacag tatgaagcag ctaataatgt gatgttatat agtaaatggc ttaataagca 160920
ttcaagtatt aaaaaggaaa tgcttagaat tgaagcacag aaaaaagttg ctcttaaagc 160980
taaattagac tactactcgg gacgaggaga tggtgatgaa tttagtatgg atcgttacga 161040
gaaatcagaa atgaagacag ttctatcagc tgataaggat gttttaaagg ttgatacctc 161100
gttacagtat tgggggattt tattagattt ctgtagcgga gctcttgatg ctattaaatc 161160
acgtggattt gctattaagc atattcaaga catgcgagca tttgaggctg gaaaataatg 161220
agatataaca ttgatgatgc ttttaattat gaagaagaat ttgaaacgga aattcaattc 161280
ttaatgaaaa agcataatct taagcgtcag gatattcgta tcctggccga ccacccgtgc 161340
ggtgaagatg ttctttatat taaaggaaaa tttgccggat atcttgatga atatttttat 161400
tctaaagata tgggcattga tatgcatatg agagttgtat aaatagatat ataattcaga 161460
ggagacaatc atgtcagata agatttgtgt tgtctgtaaa actccaatcg attctgcatt 161520
ggttgttgaa acagacaaag gtcctgtaca tcctgggcct tgctataatt acattaaaga 161580
actaccagtt tcagaaagtt cggaagaaca attaaatgaa acgcaacttt tgctatagtg 161640
tgacctttag tctatagttt tggcccttcc tttttggttg ggcctttttt aatttaaaag 161700
ctttcttcta cttcatcgtc tgaatcttct aattcagctc tttttcctgc caaagcatct 161760
ctgactgaga tgtcatcagt atcttttaat tcagtttctt taactctttt cttataataa 161820
gcttcaagtt cttctaaacc ttctaatgtt tgacaagagg caattttacc cataaattca 161880
tcaatagaag cttcataaag aaattgttta aattctagta acatcttttt ctccaaaggg 161940
ccgaagccct tataaattaa ctgttttcat tacgtaatta aatttttcat ctgcgtagcg 162000
ctgaatacga tcaatgccgt gttttaaaag atagttcaag tgaacatatt tctttttagt 162060
attagcagat tttggcttga caccacagtc atctatgagg tcccagactg ttgcgattgt 162120
tttagaacca tgcttacgta atacacgacc gattgtttgt aatacaatga tttttgattt 162180
aacaccgtgc gctaaaacaa cgtgatgcag atttttaact gaaataccag tagaaaatac 162240
accataacta gctactataa ttattccttt accattttca gctaaggttt tcattatatt 162300
gcgggtttcg gtatcaactt cccctgatac gtaataaact ttatcgtatt cattttttaat 162360

taaatcgaaa atagctttac catgtgatac atgtttaaac atgacaaaag cgttttcatc 162420
tttttgtgca agcttaatag ccaatttagc gatccattta tttcttttac taagccccgt 162480
aataatttttt atttcttctt gataagtttt tccctttaat ttagtagtga actcatcggg 162540
atagcgaaga aaaatactat taatttttag ctcagttact tgtccatctt ccattaactt 162600
agaagtcgtt actggcttaa atatttcacc aaacattcca acatactgca tgatattggc 162660
tttgccatca cgtaatgaac cagatagacc aaatttgaac atgcagttat ttaaacctga 162720
tatgatagat gaaatacttt ttcctgtagc aagatggcat tcatcattca tcatcattcc 162780
aaactgtgag aaccattctt tcggttgttt tactacagtt tgccatgtac caacaacgac 162840
tggtgcatca tttttatatt tatcatcttt tgatgctccg ccaccaattt tctttatcat 162900
tgcatgactg aataaacgat agtcaacgaa gtcatcagcc atctgagttg ttagagcagt 162960
tgttggaaca atgataagaa ttttaccttc ataattttcc aaataatatc gcgcaagcaa 163020
agcttgaatt aacgatttac cagcggatgt tggaagatta agaattctac gacgattaac 163080
taatccttcg aacactgcat ctttttgata ccaatgcggt tcaattcttt tatttcctga 163140
atagatttct aatttagaaa gccattcatc aaaatctttt cttgataatt cttctttttc 163200
gttaatctgt gggtcaatcc aggctttata gccaaagtta tcgcagaact ttttaatttg 163260
cccgactaaa ccgaatggaa gaaggcgatt ataatctaaa agacgaattc gtccatccca 163320
gtggccatat ttgtacttcg gattaaaacg atacccatca gcttcaaagc taaagaaatc 163380
acggagttca tgaaatgtac tttcttcgca atcaattctc acgtgactaa aatcataaaa 163440
atgtacttta atgtcagtca tgtctaaata ccatgtaata aatatatcta tatttatact 163500
gaggaaatat tatgatagat aaagattata ttgcagagct gaaggctctt gatgataata 163560
aagaagctaa agctaaatta gctgaatatg ctgaacagtt tggtataaag gtcaaaaaga 163620
ataaatcttt tgataatatc gttaatgata ttgaagaagc tctccagaag ctcgctagtg 163680
aacctatgcc ggagactgat gggttatcta ttaaagactt aattgatgct gctgatgctg 163740
cagaggggtt aaaatatgac gatgaagaag tcaatccaga agcagcactt ttgattgatt 163800
ctccggttaa atctgacatt aaaattgaag tagtagaaac agataaaatt cctgaaaata 163860
ccgatgtttt gattgaagat actccatttg ttgaagaaaa atttgaacag gctgtagctg 163920
agattattga atctgaaaag ccgtctgtat ttactcttcc ggaaaacttt agcccgaatc 163980
ttcagttgat tggaaaaaat ccaggattct gtactgttcc ttggtggatt tatcaatgga 164040
ttgctgaaac tcctgattgg aaatctcacc caactagttt tgaacatgcg tcagcacacc 164100
aaactttatt tagcttaatt tattatatta accgtgacgg atcagttcta attcgtgaaa 164160
cacgcaactc ttctttcgta acattaaaat aaggataact tatgactttt acagttgata 164220
taactcctaa aacaccgaca ggggttattg atgaaactaa gcagtttact gctacaccca 164280
gtggtgaaac tggaggcgga actattacat atgcttggac tgtagacgac gctccacagg 164340
aagaaacgtc agcaactttt agttatgtac taaaaggacc tgccggtcaa aagactatta 164400
aagtagttgc aaccaatcaa gttgcagaat ctgaacctga aacagctgaa attagtacaa 164460
ctatcacagt tcaaaataag acacaaacaa ctactttggc agtaactcct ggtagccctg 164520
atgctggagt gattggaact ccaattgaat ttaccgctgc cttagcttca cagccatcag 164580
gtgcaaacgc tacgtatcaa tggtacgttg acggttctcc tgtgggcgaa gcaactagca 164640
ctacattcaa ttacactcct gacgcaagcg gagttaaaac aattaagtgc gtagctcaag 164700
taaccgcgac agattatgat acaaaggaag ttacttccaa tgaagtgtca ctgactgtta 164760
ataaaaagac gcagacaact actttggcag taactcctga tagtcctcca gcgggagtaa 164820
tcggaacccc agttcaattt actgctgcct tagcttctca acctgatgga gcgtctgcta 164880
cgtatcagtg gtatgtagat gattcacaag ttggtggaga aactaactct acatttagct 164940
atactccaac tacaagtgga gtaaaaagaa ttaaatgcgt agcccaagta actgctgaaa 165000
attacaatga aaaggaagtt acttctaatg aagtatcatt gacagttaat aagaagacaa 165060
tgaatccaca ggttacattg actcctcctt ctattaatgt tcagcaagat gcttcggcta 165120
catttacggc taatgttacg ggtgctccag aagaagcaca aattacttac tcatggaaga 165180
aagattcttc tcctgtagaa gggtcaacta acgtatatac tgtcgatacc tcatctgttg 165240

gaagtcaaac tattgaagtt actgctgtcg ttactgcaac tgattacgat agcaaaacta 165300
ttacagcaga aggtcaagtt caggtaactg ataaagttgc tccagaacca gaaggtgaac 165360
taccttatgt tcatcctctt ccacatcgta cttcagctta tatctggtgc ggttggtggg 165420
ttatggatga aatccaaaaa atgaccgaag aaggtaaaga ttggaaaact gacgacccag 165480
atagtaaata ttacctacat cgttacactc ttcagaagat gatgaaagac tatccagaag 165540
ttgatgttca agaatcgcgt aatggataca tcattcataa aactgcttta gaaactggta 165600
tcatctatac ctatccataa tcataagggg cttcggcccc tttcttcatt ttgaaagcac 165660
acaaaacaca atcagaaaat gatgtatata atggcaccaa ctcgataaca tgagattgat 165720
tatgagaact gaggttgtgg tgtttactct tcatgagtct ggaaagtcat tcattgaaat 165780
tgctcgtgaa ttaaacttac aggcaaaaga agtggctgta ttatgggctc gagctatgac 165840
tgctaaaaat aaatttgaaa ctcgagaaaa agtcgtctat agaaaaagac atatcaataa 165900
aaaggtgaaa aatggaacag tatgatcttt atgaaaatga atcttttgct aatcaattgc 165960
gcgaaaaagc acttaaaagt aaacagttta agctagagtg ttttattaaa gatttttcgg 166020
aacttgctaa taaagcagct gaacaaggta aaacacattt tagttattat tgtattgctc 166080
gtgataaatt gattactgaa gaaattggtg attggctgag aaaagaagga ttcagcttta 166140
aagtcaatag tgatcagcgt gatggtgatt ggttagaaat tacattttga ggattaatta 166200
tgtttaaaaa gtatagcagt cttgaaaatc attacaactc taaatttatt gaaaaacttt 166260
atagcttggg attgactggt ggggagtggg tagctcgtga aaagattcac ggcacaaatt 166320
tctcattgat tattgagcgt gataaagtaa cttgcgctaa acgtactgga ccgattcttc 166380
ctgctgaaga tttctttggg tatgaaatta ttctaaagaa ttacgaagat tctattaaag 166440
cagtacaaga tattatggaa acctcagcgg ttgtatctta tcaagtcttt ggcgaattcg 166500
ctggacctgg cattcagaag aatgtcgatt atggcgataa agatttttat gtatttgaca 166560
ttattgtcac tacagaaagt ggtgatgtga cttatgtcga tgattatatg atggaatcat 166620
tttgtaatac atttaaattt aaaatggctc acttttagg tcgcggtaaa tttgaagagc 166680
ttattaaatt gccaaatgat ttagattctg tcgtccaaga ttataatttt acagtagacc 166740
atgctggatt agttgacgct aacaaatgtg tttggaaagc tgaagccaaa ggcgaagtat 166800
ttaccgctga aggatatgta ttgaaacctt gttatccttc ttggcttcat aatggaaatc 166860
gtgtagccat caaatgcaag aattccaaat ttagtgaaaa gaaaaagtct gataagccta 166920
ttaaagctaa agttgaacta tcagaagctg ataacaaatt ggtgggaatt ttagcttgct 166980
acgttacact gaaccgagta aataacgtta tttctaaaat tggtgaaatt ggtccgaagg 167040
attttggaaa ggtgatggga ctaactgttc aagatatttt ggaagaaact tctcgtgaag 167100
gtattactct aactcaagca gataatcctt ctttggttaa aaaggaatta gttaaaatgg 167160
tacaagatgt acttcgtccg gcttggattg aattggtaag ttaaataaaa agggaccgaa 167220
aggtcccttt gttttattca tcaacgataa tttttggtag cttaacacct aataaaacag 167280
acaaa 167285

<210> 4
<211> 43313
<212> DNA
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F510/08
<400> 4

cctactcaac gaggccgtgg ctagcaaggt gctaaactcc cgcctgggct ggtccgcagt 60
cggcgagtat gtcgaactgt tcaaccgcac gcaatcccgc gtggccgggt tgattcccga 120
gtagctcaag ccgagtacct gcatagtcgg gtgctccact ggaactactg gaatttttat 180
tgagattggc tggaggttgg ctgtctgtgg ctgggggggg tagttactcc gggtctaatt 240
ttggtatcgt cgtgtgagaa ccctcccgac tctgatcagc ccacccttcc cccgtaggcc 300
ctccgcctgg tgggccatcc ctcgcattgc ctgggtgttg cttcctagcc tcctgggagc 360

ttccagctcc gctgggtggc gtgggcttcc ctgccctgtc gccgaccatt ctacgcatcc 420
tgtcgggagt gtcaaccctt gggctggccg tagtgcctgg agcgctccag cgcttccctg 480
tgcttggtca gcgctaccgc gtactcctgg gatgcctggc gcttccgcca cggtgctgcg 540
tagtgccggt ggtcctgcgc tgcccacgtc gctatctgcc tctgccatgc tgcgtcctgc 600
tggtgccagg ctcgctcgcc tctgtcctgt ctgctcagca tcctgtgcct cctgtggcct 660
ctgctggtcc tgtcgggtgg tggtgcggga gtggctggcc ttgcctcttg tggtattgcc 720
tcctggctgt acctggcgtt gcctgggtgg tcccggctct gcctggggcc tacctggcca 780
ctccctctag gccacgtact ctacccgcct gcctctgcct tgtctagtcc ctcctggctg 840
gtgcctgggt gctggtctgt ctcaccctgg ctcactctgt ctctacctgt gccctgcctg 900
gctctgtcct ggctaccgct ggtcctgctg tcttgcctcg ccgctccctc gcatgctcgg 960
tcgcacctgc ggcgctgatg gactcctgtt tgtccattgt gtgtgacata accgcagccc 1020
tagtgccacg cgggttccag ggcggtgggt cgggtgcctg ggtggcggct gtcgctccct 1080
ggtaacgcaa atcctggcta gctagactaa gcctcgcacg tgggtctcta tacgtgtggg 1140
aaggctccag ggagcgccct gggagggttg acacgtgggc agtaggtctg tagagttcgc 1200
cctgtcttca cgcaacaacg cctctacagg cagcctggag acggggttga cacactgcca 1260
gggcatcggt agagtacgca gccagaacga cgggagattg caaccttcca agcgcggcac 1320
aagccatagg cgcaagggac acggcaaact cttagggcag gaaccgcagt gtgtaaggcc 1380
ggcaggcatc actgagggga ttgacacggt gcaggacacg cggtacagtt cgcaccacct 1440
gatggccact cagcaaaagg gcctatgcca gagaactgga cgaactaatc cccgacagag 1500
gattgacaag acaagcgcaa gtctctaaca tgcgcagcaa gacgaaagga tggttcagcc 1560
atctggcggt agaggttcga agcttcacca gcggtacatg gactggtgcg gtaggttgac 1620
cgaagctgca actggttagg cagggtccca gggaatacct gtcgggtgct gaagactcac 1680
ccaaaagagt ctgagcggga agcctccccg tccacggtta agcaaaggca cgttagtgcc 1740
ggtgggaacg aacagagtgt cagtgggatc gagaactaga aacctcggtt aatcgcgact 1800
gacagtatgc tgggtagtat cggcgggccg attgaacaag gccaggcaga tagcgcaaag 1860
ggtacggggg atgagtgctg acgatcccga agagtatgcg caggacaagc cagaaccgct 1920
gatactacag ggactatgcc aatgccaagg tttgtccctt gaggcccttc caccgagggg 1980
attcaagaga cagacctagt gaggattgcc gatggcacac ttcaaggcta aggctcccaa 2040
gtcgcccttt gctgctcagg tagcgtactg gcgggactgg gaagccaaac gtactaagct 2100
catcgcacag gataacgtcg aagggcgtaa agagcttcgc aagatgcgtg acgtgcgcta 2160
cgccaccgac ccggagccag cgccaggacg ctaccataac cctgaacaga aggctttcgt 2220
gaagggtagc gaaggcaagg cgcggaacat cctgaaggga tggaacgcta agaagtcgca 2280
agggaagggt ttgtaatgcc acgtgtgaat gaactgacgc cgcgtcaacg caaggccgcc 2340
aaggctcgcc gcgacaaggc tcgccggatt gatctagcgc acaggatgcc gaaaggtgcc 2400
gactgcccga tcttccgcaa ggctgagcag gcgcaagcta agcagccacg agtcgatacc 2460
ctgaccactc cccgcagtgc tggctacctg gccgccgctg cttacctgaa caaatccatc 2520
tgaggtacat accatgacca acgcaatctc caaaaccgta atcgcattcc gtggcaccga 2580
agagatcaac cgcgctatcg acgccatccg tgtccgtggc aaggaactcg acgaagccat 2640
ccaactgacc ggcctgtcga tcatccacca catcgaccag tgcggcgacg tgaccgtagt 2700
caaggcgctg tatgaagcca tgccgaaggg cagccgccgc aatgcgctgg tcgagtggct 2760
ggtgctgcac ggcaaggtac aggttaacac tgacaagaaa tcgaacaagg acctgccctt 2820
cctgtacaac aagttcggca agaccgatct cgtcggcgcc accaacagcc cgtggtacag 2880
cttcaagcct gagaaagcgc tggaccagga gttcaacctg gctgctgccc tggccacgat 2940
caaaaagcag gtgctccagg ctcagaccaa gggcaaggtg atcgtcggta tggaactgct 3000
gggtgacttg gaagcgctgg ccgccaaggc tgcacccatc gccgagcaga gcaagcgcgc 3060
tgccgcccat tgactcaagt cgaacgcctg ctaagcgggc gttccgctgg aatcaatgac 3120
aactggagaa acacgatgag cttcaaacaa cgcctgcaac gtcaaatcgc cctggcacag 3180
tacagccgcc cggctcagtt cccgtatggc gagcaagccg tccaggcgaa gggggagtga 3240

ccatggactt ctggatcgcc cttcccttcc tcgaactcgg cctcaacctc ggcgaggatg 3300
aactgcgcat gttgtggttc agcggcctga cgatattctt catccacctc ctgaagcggt 3360
gactcaagtc atggccctgg cgggcgaccc tcgcctactc cggggccatc gctggactca 3420
tcacaagcga gaactaaacc atgcaagctt tgaataccct gttgattgca atccccaagg 3480
acccgaccgc aggcatgcac gccgccgaca aggtgctgtg cgcccacgga ttccgcatgg 3540
gtgacctgaa taccgcgcac gtcctgaccc caggcgggtt cgtggtagtg ggcgccggcg 3600
tgactgtgaa ccgctatgac gaagcgtatc gtatgagccg gaacctcgac tccgaaggct 3660
tcgacgtgct gctggtccag ggcagcccgc tgtccgggcg tgtcacctgc caggcgtacg 3720
gatggatcaa cgccgagtac cacaagggct gtgcgaatgg ccgtcccatc ttcgacatcg 3780
caggaacctc gtaccatgtc atcgcgtgac ccgtaccgca tcggccaccg cgttgggctg 3840
gtgaactaca gcgaccgcta cctgggtgcc gacgcggcag gcaccaaggg catcatcgag 3900
gccataaccc gaccgtcgcg ctgtatgacg gtctaccacg ttcgctgcga gcggaccctg 3960
cgcctgatcg aggcagaggc ccgcaacgtg cgattcatcc gacagcgggc ggagcggtga 4020
gctggcgcat cgtggtagtg acgccaggca acgggtgcgc cttcgtgtgg acccgtcgca 4080
agcgcgtccg gcctctgaga ttctactccc gcaaggccgc taaacgctgg ctccgtaggc 4140
accgccgccc ggcgatcctc ggtagccagt acctgatcgt gaactggagc aaacgtatat 4200
gaccctcgtg gccaccgtag tagacagcgc gcacaacctg gaagtcgacg acctcaccgc 4260
cggcaacctg tatgccgcca gctcgcccag cgggaacatg ttcatcgtgg tagtgggtaa 4320
tcacaatggg cgcaggcttc ccgtagtcct gtcatccacc gatacccgca ccatcgggga 4380
cgtgataagc aacactgggt tccggtacag tgagatcgcc gggttctccg taaacctggc 4440
acagggagat tatgactgat ggtcacccgt actgtatacg tcacgcctga agacccgacg 4500
ccgccgatct tgtccgtggg ccgactggct ccgggagaac tctacaaggt ggtggcaccc 4560
agctcggcgg aaggtatcat tgtgctggcg accaagcaga cgccggcgct agcccaagca 4620
gccgtcgtac tgcacagcat gaaccctgcg cagtatcccg caggttcggc tatcctcaac 4680
acggcctgga agtgccgccg cctgggagtg ggcgagtacg tcaagctcgt ccaaggggag 4740
gaggactgat ggccgtggca atactcatcc tggccgtgtg gttgatcggc ggcgccctgc 4800
tattcctgcc gttcgacctt gtggtctcac cgcgcttgcc gctatcagac gaggccctca 4860
accgaaccgc actgtacacc gtgctttggc cggtaaccct acctaccctg atcgccataa 4920
ccgtggttgt catgctgcat tccgcgtaca ggggcgccat cgaactctac caggagatga 4980
aatcatgatc cgtacccata cccacaacgt cgagcgcaca ccgcaccgac tgtaccggca 5040
cactgagctg gcgtctggcg agctgtaccg tgtagtgcag cccgactcca agcgcggcac 5100
gttggtggtc ggcgtagcgg cctgggacag ccagggccgg cccgcagtgc tgcccgtggt 5160
catccatgac gatggtgacg ccaaggtgac ctgcgcacgt cctaccgtac tgcgcaacga 5220
cgggtggcgc atggtcctcg ccgacaaggg gacccaggtg acactcaccg ccgagtgacc 5280
aaggcgaagg ctggtgcgcc agccttccac cgtggccatt ccctgccgcg aaccaactca 5340
actgaggagc tacaacatga ccaacgtcaa caccaccacc gaaaccacca ccgctgctgt 5400
cctgggtgcc aagctgatca agaagccggc caccgtcgag gacttccgca acaacgtggt 5460
cttccaccat agcgccctga ccaaactgac cgaggtctac aacgaagcgg tcgccgccct 5520
gcaaaccgcc gagcgcctgt ccagcctcgt cgccggtgac gtgatcacct tcgaccacgg 5580
caagggcgag aaagccgaag tgctgagcgg cgaagtcatc agcgtggtcg ccggcgtcta 5640
tcaggtgctg gtccgcttca gcgacagcgc accggccaag ctgctggacg tgaaggccag 5700
cgccatccgc gccgtccagt cgtcggcagc ccaggctgca accctcgacg aagccatcgc 5760
ccagggcgag taaggcccgc acgtaatagg cccggccctc cgggcctatt gcgagctagc 5820
cataccatag gaggaatcac catgagcaag cgcaaccccg aacacatcaa cggcaccgtt 5880
cgtagcgtca gcgtccagaa gttggcggcc acccaggaac tggaggatcg tctggaggct 5940
gccctggccg tgtgccagca gcgggcagag gacatcgacc tgctgagccg ccgtctccag 6000
gccgccgagc gcgcccgtcg ctgggagatc gacgagattc gcaaccacca ggcgaccatc 6060
cgcctgttgc aaaacgatct gaacgctgcg catgatgccc acgaggcaca agagcgccgc 6120

gctcgcaagg caaccatcat ggcctgggta tgcctgctga ccgcaggttt ggccgtcacc 6180
ctgaagctgg caggagtctg accatgcagt gcaaagacct ttacacgaac ctcgcgtcgg 6240
gcatgttcaa cgtgccgtgc tcccaggtga ccccggagat gcgacgggta gccaagagcc 6300
gggcattcgc ccacgcctat acgcccaaga aacaggcttc gggcgggact tacaccgccc 6360
gtgtgagcgg cgtcacctgt gacggtggta aggtggaggt gcgcctggat aacgtggagc 6420
gcgtcagcac cttcgactat gccgagctgg agacgcgggt agcggccagt ctgtgccagg 6480
ccgacgcgaa gcgcgccgct gaatacgaaa agctactgct gaaagcgttc ccgtcggtat 6540
ccccgaagga tggcccgctg tccgccaagg acttcgaatt gcgcctgcat gatctgtgct 6600
caaccaagct ggtagtgctt cgtgccttgc gtgatgccgg gatagagatg gacggtccgc 6660
tgcgcagccg ggtacggaag ctggcggatc ggaataacgt gatgggtgct gagttgttca 6720
gcctcaagca ggagttggca caactggtcg cggtcggcca aaaggctgga ctgaattggg 6780
acggggcgga gactcagcgc ctgctgacgg tggccccgac caaggctctc tgtcgactca 6840
tcagcgcgct gaccggcgtg cggtataccc accacaccgt cgtagccaag gccgaggctg 6900
aggcgcgcga gcgggcaaag gccgaggcca aggattcatt gcaggcggca accttcgcag 6960
ccgccatcgc tggtggcgtc gtcggcagcg ccctgatgtt cctgctcggc tagggcgacc 7020
agggcctact ccggggtcaa atccgagggc gttcctagag cgccctctcg tgtgagtctg 7080
gaggatcacg aacatgcaat accacttcac gcattacaac ggataccgct tcggcgtcga 7140
gctggaggac gaggctgtct tcccgtgcat cgacggtaag cgggcgacct gggacaaggt 7200
ggcggcatgt gccggtagcc ttgtgcatta catggcgcag gacctgatcg actttggcca 7260
gcgcaagtta agggagtttg aagatgagca agacgagcct gtatccgctg aacctgcatc 7320
ccggcctgat tcaaatcagg acgattcacg tattcagcat ccaagccccg agcaacgccg 7380
agaactggtg gcagtggttc ctctggcagc ggaagtacca cccgctccgg gaaagcctga 7440
gtccagccgg ggagctgagt gcgagtatcg ccgagtgtgt gctccacctc cgccggaatg 7500
gctggcaaga tagcgacatc tggcgcaaga agggaggcgt gctggccctc ggtgccttcg 7560
acctgtccgg cctgatggta ggttcctgcc tcgtagtagg tggtgagctg aaggccctgt 7620
gcgttgatga ccggcacagc aggcagggta tcggcgctga gctggtgcgg gccgctgagc 7680
tggctggtgc cgagtatctg acctgcttcg agttcctgga gccgttctac gccgacttgg 7740
gctggagcac cacccaccgc gaggcgaact ggacagcagg agagccggac gtgctgcaca 7800
tgagggcacc cggtcatgac gtatgaggtg atgacatggc ttatcgagaa caaaccgctg 7860
gtcatcggag tcgccttcag tctggtggcc ctgggcgtgc tgctcacaca gaacaacggc 7920
ggcccgccta cggcgcccgc atgacctggc acctccagga catgttcgag gcccgaggcg 7980
ggctgcggcc tttgtgggag gaatggtacc aatggcactg cgccgtgact cctggctaaa 8040
gcaagcgcaa tccctggcgg tcggtcaggc gggtcgattc cgccacgtcc tgggatgcca 8100
gagcatgagc cggggcggga ccaacatgac ctgcaagaac cttcctgacc gctgggtggc 8160
ttactgctac tcctgtcagg agggtggcgt ggtcgagaaa acgcatgtgc ggagggtaca 8220
atgcgcggat caagaacgct tcatgccctg gcccgaggat gcctcggact ggacgcaagc 8280
cgactgctat caatcgcttt atggtttgct gctgtccaag ggcatagact acaacgtgat 8340
gacgccaggg ctgccgctgc tgtacagcga aaggcagcat cggcttatct tccctaccga 8400
cgcgggctgg attgggcgcg ctactgccga ccaaaatccc aagtgggtgg gttacgggta 8460
tcctgccccg gattaccatg gatggcccca ggaattatca atgggcaggc catgggtgct 8520
gacggaagac tacttgtcgg cgctgaaggt gcggtgggcc tgtcccgaag tctttgctgt 8580
cggtctgaac ggtacaaggc tgcgcgacag gctggcggcg atcatgttgc agcagacctg 8640
caagcgcgcc ttcatcttct tggatggcga ccgggcaggt gtccgtggta gtgcaggcgt 8700
gatgcgccgg ctccggtccc tgcttatcga aggccaagtc ataccaacgc cggacgggtt 8760
cgaccccaag gacctgaccc gcgagcagat aaggagccta gtaattggac gtattgacgc 8820
ttcacgcact gagtgaccgg gaccgcttcc gcacattgcg gagtgtggtg cccgaaggaa 8880
tgatggggcc ggagacgtgc ttcgtcatcg actggatcga gcagtattgg aaggtctacc 8940
cggcgcatca gaaggtagac ccgcaggcac tgcgcgaact gatcaagctg cgaggtggct 9000

accagccgga gcaactggcg gtggtcctga acctcgtcaa ccaactggac aagccggtgg 9060
acccggactc gctacagggc gtcgtgtccc agctcaacga actggatttc tcagggcggg 9120
tggatgccct cctggcgcag tacaaccagg gcgaggacat cgacctggcg tatgagctgc 9180
gccggctgag cgacgaggcc ctgcgccgcg gaggggtcag cacgccgacc gactacgtga 9240
cggacgacgt gtttgatatc ctcgcggagg agcagggtga ccacggcatc aagctgccgg 9300
ggctggtgct accggcgtac atgaagggcc tccacgccgg ggcctcggtg ctggtggcag 9360
cgccgccgga tgcgggcaag acctcgttca tggcctggat cgctgtccat atcgcgccgc 9420
agctcaagcg gtacttcgac cccggacgac ccatcctgtg gctgaacaac gagggcaagg 9480
gccggcggat caagccgcgc ctgtactcgg cagccttggg catgaccgtg ggcgagattc 9540
ttgccctgga cccggaggaa gttcgcagga tgtacgccga gaaaatcggc ggcgactctg 9600
agctgatccg catcaaggac ttccacggcg ggtccctggc ccaggccgag caggtcattg 9660
acgcgatgaa gccgtcggtg gtgttttggg acatgatggc tcacgtcaag ggtggacagc 9720
gcaaggacca gaaccgcacc gacgagatgg agtacaaggt ggccgaggtc cgcgagatgg 9780
cggtgcgcca cgacttcatc agcttcatga cgtggcagat tagcaacgac ggccacgacc 9840
agttgttccc accgcagtcc tgcctcaagg attcgaagac agcagtgcag ggtgcggtag 9900
atgtgcaaat ccacctgggc cgtctcaacg gtgcggatca acaggtcatg cgtggcctgt 9960
ccctgccgaa gaacaagttc cagatggacg ggaagccttc gaacgtggag gctatgatta 10020
acttcgacgc cgcacggtgt cgattcttcg agagtgtaga ccatgcaagc taagcatagc 10080
cgggtgctcg aaggcaccaa agaaattccg ctgggtagca tcgagccgtt actgggcagc 10140
gtcgcgggcc tgctgttgtg cctgtactcc gacgcaactc acgaggaggg cgtcgccttg 10200
gccggtgggt tccctcgcga cttgatgcac ggcgccactc ccaaggacgt ggatgtggcc 10260
ctgtatagca tgacctgggg gcgggcagag cacctgatcc agaaggcact cccggtcctg 10320
aaccccatct tcgtccggga tggtgggtgg cgctcggact acgctgatgg tggtgacggt 10380
ggtatcttca agggcgtgat gtccctcgtg ggctgccgtg ggttgaatgg catggacttg 10440
gactttaact actacgacgc cgacagcctc ggtcgagtga tggagtcgtt cgacttcacc 10500
atcaaccagg taggcatcgc gtacaactgg cccgaccccg agggtgggcc gcgcctgggt 10560
gcgtacctgc acaaggacgt tacctggggc gtgaacaagg aagtcggtgc cggctcacgt 10620
ctgccggaac gatgcgagaa aatgcgagcc aaggccgcgt actacggatg ggagaacgtg 10680
tgatgagcaa gcgcgacgtg gtactggata tcgagaaagg catctggcgt ggtgttgacc 10740
agaacgacaa ggccgtcgag gccatcatca agaagaacgg gtacgtgatc gtcgagccta 10800
agatcgacgg gtgccgtgcc atcgtcggtg cgcatggcgt ggtgtcccgc agtgggcgcc 10860
gcttcccggc cctggatggc ttggaagacc gcatcatcga gcgactggcc cgaccggggc 10920
tggactccgg cctggtgctg gactgcgaga tgtacctggc cggcatgccc ttcagcgagg 10980
cgactggccg catgtcgagt aagaccccgc tgaccgagga agagctggag tgcctgcact 11040
tcgcggtatt cgacgccacc catatcgacg tgctccgaaa ggcgcgcacc tcacacctgg 11100
tatacgaaga gcgccgagcc atggccagca gcctcctggc agcctgtcgg ctcagcgaca 11160
ctccgacgtt cttccaggtg gggttcaccg tctgccggag aatgtctgac gtttaccgcc 11220
agtacaagtt caaccgggag gtgggctacg agggatcaat ggagaaagac cccagcctgg 11280
tctaccgcaa cggcaaggtc gccggctgct acaagcgcaa gccgggcatc accgtagatg 11340
gccgcatcgt cgggtacgtg atgggcaaga ctggcaagaa cgtgggccgc gtcgtgggct 11400
accgcgtgga gctggaagat ggttccggca ccgtggccgc caccggcctg agcgaggagc 11460
acatccagct cctgacctac gcccacctca acgcccacat cgacgaggcc atgccgaact 11520
acggtcgtat cgtcgaggtc tccgcgatgg agcgctcagc caacaccctc cgccatccca 11580
gcttcagtcg cttccgcgac ctggccagta atccaggagt caaggtatga agattcgaaa 11640
gtcccgtaac cgcaactacc cggaagatat ggtgtaccac gccaccaacc gggattcact 11700
gctgtatccg aagtacgtca tgggttccgt gttcatcagc caggacggaa cattccgcat 11760
ctgcgtcatg gcagggacct gggaccacgt tgggtccgaa gttctgcatc atgcacggga 11820
catccaatcc cttggcgccg gtcgccgtaa gttgcaccgg gtcatgcgac ggctgcgccg 11880

caatctgcaa caggtaggag tcaaggtatg agaatgccaa ccgaagaaga acgcacgatc 11940
cgctgcctgc tggcagatat ccacgaaccc ttgaacctgc tgttccccgg tatccgtgta 12000
aaggccgaga caatgccctt gggctgggga gatagtatct gtgccctggt actccgggtg 12060
agctacgaac atctcacgct ggggcgcctg gagtacatgc acgaggtccc catcctgcac 12120
ctgtcgcagt ggggccggga cggcctgcta cagcacctga tgaacgagat tccccgtcgg 12180
gtgctggatg gcatgctacg tcaggcacag aaatacagcc agagtaactg gtacagcaaa 12240
tgacgactat ccgaatcctc gacctcgaaa ccgagagcta cgagcacaaa gggcgcaagg 12300
cgtcgccctt tgacccccgc aactatatcg tcatggccgg ctggcgtgac gatgttgacg 12360
gcaaggtcgg ccagaaggtg gagcatcgct tccgcagccg ggccgaagcc gaagacccga 12420
acaaccgctg gttcaacctc gacggcgtgg acgtgatcgt agcgcacaac gccatgttcg 12480
aatcgaactg gttcttcacc cgctaccggg acgagtacct ggccttcctg cgacgtggtg 12540
gccgggtctg gtgtacccag caggccgagt atctgctgag tcatcagacg tggctgtacc 12600
cggcgctcga cgagctggcc ccgaagtacg gcggcaccca caaggtggac ggcatcaaga 12660
tgctgtggga ccagggtgtg ctcacctcgg agatggacca ggacctgctg agcgaatacc 12720
tgtctggccc gtgcggcgac atcgagaata ccgccctcgt attctacggt cagttgatga 12780
agctccaggc ccgtggcatg tgggctggtt acctggagcg ctgcgaggcc ctgatcggtt 12840
tctcggcgat ggagtgcgcc ggcctgaagg tggacctcga agtcgccaag gtgaaccacg 12900
ccaagcaact ggaagaggtg gccgggatcg aggccgagct gaagaagctg atgcccgact 12960
tcccggaata cttcgagttc aagtatacca gcctctacca tatgagcgca tggctatacg 13020
gtggcgaggt gcggtacaag ggccgggtgc cctacgaaga tggccggatg gagaaagccg 13080
acttcgtgcg cttcggcaca gccaagcggg ggactcctat cgagagtacc tcggtacggg 13140
tcccgatcca cgaagtgacc gaccagggtg aatggcactg gcccaccatc accgagctgg 13200
cgaccaagca cggtccggtc atcacgttct ccgccggcaa gaacaagggc agcgtcaaag 13260
tgttccgtga ggatacggac atcccggcga ccaagtggga cgatgaccag cgattccggt 13320
tccccggcct gatcaacctg accaacctgc cggaagtagt gcgtgagaaa ttcctgggca 13380
agcgcccgga gttccagtgc gccctcaccc tggcggatgg atcgcccgtg ttcagcacca 13440
gcggcgacgc cctcaaggct ctggagaaac agggcttcga ggcggccaag ctgttgatgc 13500
gcctggccga gctgcacaag gacaactcct cgttctacat cacccacacc tacaacaagg 13560
atgggacgat taaggacacg aaggggatgc ttcagtacgt ggacgatgat ggtatcatcc 13620
accactcgct gaatacgacg gcgacggcga caacgcgtct gtcgtccagc cgcccgaacc 13680
tccagcagct cccgtcgaag gacgaggacg acccggaagc cggcagccgc gtgaaggaga 13740
tgttcgtgtc tcgcttcggc gcagacggga tgatcggcga gaccgactat accgccctgg 13800
aggtggtgat gttggcggcc ctgtcgaagg accggaacct cctggcgaaa ctgatggccg 13860
gcactgacat gcacttgtac cgcctggcag ggaagcacaa caactggaac gggttcgact 13920
acgaccagct cgtggccatc aagaaggacc ccaaccaccc gtggcacggt cgcatgatgc 13980
aggctcgaaa gaacatcaag cccaaggcat tctcggcgca gtacggcgcg agtgcggctg 14040
gtatcgcatt caacaccggc tgtaccgtgg aagaggccca ggaattcctg gacaacgagg 14100
cggccctgtt cccagagtcc atcgcattcc ggcagatcgt ccgagacagt gcagaggcca 14160
ccagcctcgt catgtacaag gccgaggacc agatgccggc aggcgccttc agcgagatgg 14220
ggccggatgg caactggcgc cagtaccgcc ggggattctg gcaagcgccg ggtggcacct 14280
gctacagctt ccgccaacag gagcgctggg acaaggaaca gcgcaagacg gtcatggact 14340
tcaaggacac gcagatcgcc aactactgga accagggcga ggctgggttc atgatgaccg 14400
tgagcgtagg gcgcatcttc cgttggatgc tgcatcgccc aggattcatg gtcaccgagt 14460
tcctgatcaa caacgtacac gatgccgtgt acaccgactg ccacaaggac accgccgccg 14520
aggtcaacaa gggcgtgcgc gacatcatgg ccgacgctgc ccgctacatg agcgagcgcc 14580
tgggctacga catcgccgac gttccgttcc cagcagtggc tgagatgggg ccgaacatgt 14640
tcaatatgga ggtgatccag tgaaagaact gcacccgctg cacacgcctg agttcgtcaa 14700
gacattcctg gaccagaccg ggtgcctgcc gggagtacgc cgtacgggtc gcaccaccgg 14760

cattgctcta caggccattg gcatggcgct gtcccatccg agggaaaccc tgacgttcgt 14820
ggaccacccg gacggcagcg cggcagcact ggtggccagc attgaaacca tactggcgac 14880
cctgggctac aagaacgtcc tcgttcgacc cacaacccgt gcggatgggc gcagcgtgag 14940
catcgtcttc aagacgctgc cgaacgcctg acgacccttc cctactccgg ccttaaatct 15000
tcatccgaca cgagagagac cacgcatgac tcaacaactc aacgctctgc aagccgccct 15060
cgccctggcc aacaaggctg ccgagaccgc aaccatcgac atgtccgaaa cctccaccgg 15120
cggtggcggc ggtcgcatct tcccggcggg caccgccatg ggccgcttct gcatctacat 15180
cgagctgggt gaccacgcca aggaattcca gggcaagctc aagaacccgg cgcctcaaat 15240
ccgcctgggc ttcgcactgt ggggcgacgt gaacccgcag gccggtaacc cgcagagccg 15300
cccggacgac ctgttccaca cttacgaggc cgacggctcg atcaagcccg gcctgttccg 15360
taccttcgag atgaccctcg gcaacaacga aaagtccaag accaagctgg ccttcgacaa 15420
gatgaactgg agcgggcagc atacccactt cgctcagatg ctcggccagg cgttcatcat 15480
cccgatcaag cgcaccaaga tcaccaaggg caacaacgcc ggcaaggaac gcaacgacat 15540
cgattggggc ggcatcatga agccctacaa cccggtcgat ggcagcccgt acaacgtgcc 15600
ggaactgccg atggacctgt tgcagtattt cttcttcgac gcgccgacca aggagacctg 15660
ggacgccctg tatatcgagg gcacctcgga caacggcaag tccaagaact tcctgcaaga 15720
gaccattcgc tcggccacca acttccccgg ctcggccctg cacatcatgt tgggcggcgg 15780
cgacgatctg atcatcaagc caacgagcca ggccgcaggc agcaacctgc cggcagtgcc 15840
caacgtggcc gccgatgcag gcgtagcagc agcccctgcc gtcccggcag tcccgcaggc 15900
agtggctcag acggccccca gcgtgcccca ggtggcgaat gtggctgccc ctgtggtagg 15960
tactgccgag gcgcagaacg tgctgcctga cgtgccccag gtggctcaga cggcggctcc 16020
ggcagcggtc gaagtcccgg cggtcccggt agtgccggca gtaccgcagg tctaatgcgc 16080
ctgccatcgg aagagttcct ggcaggacta tccgcgcagt tcgaccgcag catggcaggc 16140
gggacgttgg tgtgtgacgc cgatggaccc gcctacgtgg ctgcggccac tgctaagacc 16200
ctggacactg cactccgaag attctggaag ctcattttgg agcagcagtt cctagcgcac 16260
tgcacaggga cacgggttca cctcacggca gcaggtgggg cgaaggcgta ccgcgacacg 16320
tatccgacca tgaaaccgta ccagggccag cgcaagggca aggcaaagcc cgcgctgctg 16380
gagccactgc ggcgggccgt ggcggacgtg catgagcgag gcggggcgcc ggaggggatc 16440
gatgtcatcc tgcacacgtt cttcgaggcg gacgacggca tgatgatgga cgcctacgcc 16500
atgcaggaca aggccatcat ccggtccgac gacaaagacc tgcggatgac gatctacccg 16560
tattgggaga tcgatacggc gtgtgtgagc aggatcgaag gcggcttcgg ctacctcaag 16620
gaagcgtaca cgccttccgg ccagttcaag ctcaagggcc atggacggaa gttcttcttg 16680
gcgcagtggc tcggcggcga caccgctgac aacatccgag ggatcgatcg attcaacggt 16740
aagctctgcg gtatgaagac ggccttcgac atcctccatc cgatcacgga tgaggacgag 16800
gccatcgaca tgatcctgga ggcgtacgcc aagatcaagc aaaacccgct ggcagaggcc 16860
gaggtgctgt ggatgcgccg aacgcctacc gacaacgcag cgcagtacct gttaagccgc 16920
gaccttcgtc cggccttccg ccagtggatc atcgagctgg acgcctacca cgaggcgctg 16980
ctccagaagc ggagggagag cgattatgac gagtgagccg aaggtctacc agataccgcg 17040
cagtcaacag cgcaccttca ccctgaagct atgggccgag cagaacaagc tgtgcccgct 17100
ctgcggcaag cccatcgata tcagcgtgaa gggcgaagcg gtgatggacc acgaccacga 17160
aacggggctg gtgcggggcg tcctgcaccg gtcctgtaac accgcagaag gcaagataac 17220
gaatgcggca ggttcctggg gatgcaagtc gatgaagtat tcagacatca tcccctacct 17280
tcgtgccctc ctgacgtatc tggaggggcc gaagcatccg ctgatctacc ccctgcacaa 17340
gaccgacgag gagaaacacg aagcgaagct ggccaagcgc cggcaggcag ccgccaaacg 17400
caaggcggcg atggccgtcg caaagcacaa cgcgaggaac gtatgagcaa actccgcaag 17460
caattcacca atgagtacct gcgaaacgtc tatgtcgagc tgggcctcaa gaagggtgcc 17520
gagcacctga ccgagcattc gcgcttcggt gaggtgagcc gccagtgctt ccgcaactgg 17580
tgcatcaagc tgggcttcca cgacagcagg acgcgcggca tgtacgccaa gaagggcgcg 17640

atgcactggc tgggccgcaa ggctgccgag gtagtgcgca agttccctgg cgccgtgggc 17700
aacgtggtag gccagggtcc gaaggtgctg agcctggaca tcgagacctc gcctatcgag 17760
ggctgggtct ggtcgctctg gaagcagaac gtgggcctca accagatcaa gcgggactgg 17820
accatcctgt cgttctgtgc gaagtggatg cacagcgacg aggtgatcta catggactgc 17880
cagggtgatc ccttggacga catgcacctg ctggtcgcgc tgcacaagct gttggacgag 17940
gccgacatca tcatcgtcca gaacggcaag cgcttcgacg tgcccaagat caacgcccgg 18000
ttcttcctga acaagatgcc gccgccgcga ccgttcaagg tgatcgacac cttgatcatc 18060
gccaagcagc aattcgcgtt caccagccgc aagctggagt acatgaccca caaggcatgc 18120
accatcaaga agcgactgca cggcaagttc cccggattcg acctgtgggc ggcctgcctc 18180
caggacaacc cggaggcgtg ggaagagatg cgcctgtaca acatcgacga cgtacggtcg 18240
atggaagagc tgtacatcct gatgcgtcca tggttcgtcg gccaccccaa cgtggccgtg 18300
tacttcaatg acgccgaacc gaccatccgc tgcccgaagt gcggcgacac ggatgttaag 18360
caagaaggct gggtgcatac gcagaccggc aagtacgagc actatcactg cggtggctgc 18420
ggtggctgga gccgagggcg gtacacccgc aacacctcgg aacagcgcaa agccctgctg 18480
agcaactaag gaggtagcat gagcctagca ttcccggact cttacgagtc gacgatcacg 18540
actgaaccgt accgcaaagg tgcgagtctg gaagaacgca aggtcggcaa gcttcccatg 18600
cacctggtag tcgaggggtt cccgctgctg aagcgggagc ttgctcgaat gatgcaatgg 18660
gctgccgagg tcaaggggta tctgccgcac gactggaaga agatgacggt gggcgagttc 18720
aagtccgccc aacacaggca cgagtccaag cggctgatcg acgggccgct ggatgacgag 18780
tccaacctga tgcacctggt gcatgaggca ttcaacgcaa tggccgccgc cgaggtggcc 18840
ctgatggacc gggagaaagg caatgagtaa aatctgttgg tgtacccgac cgcacgagac 18900
cgatgaaggt gttcgggtca tctgggcctt caacgagcgg ggcatcgggg tcaactacgt 18960
cacagcgtac atcacgccgg cgatggtcag ccatcgggac tggagcgatg tcatactccc 19020
ggacattctc cgggagatgg cggagcgcct ggagcgggaa gtgaagctgg tggaactgcg 19080
ctggttccgc gctgagattc tgagctgcgg ggaatggcgt gactaccgag cgatgacgct 19140
ggaggggggcg gttagcctgg ccgaggccga gtggggtccc gaggatatcg ggcgcgtaat 19200
cgaaagacga taggagatgg aatggacctg atacagcagc agatcgccca cgaagaggcc 19260
ctggtcgggg cggcgcagaa tgacgcccgc attgccttgg aaaaggcgat tgcccaaggg 19320
tccatcgacc gcatcccgag ggcgcgcatc atgttgatgc ggatgctccc catcgtgacc 19380
gaagcgatct tcgcccacca ggaagcgaag gcggcggggc cggcagcgaa gcttcggcac 19440
ctgctgcgga tcatcgacgc ccaggacctc gcggtcatgg cgctgcgggc tgggctgtcg 19500
atgctcatca actacccaac gatcacagcg acgaagtatt acacccacat gggtaagata 19560
ctctgtcgag agatcgaagt gcggttggcc ttcaaggtca accaacccta ttacgaccgg 19620
acgctggact acctcaagac cagcaggact cgcagcgtcc ggcacatcca gaagacgatg 19680
gacgctcttc tggacgcggt actaccggaa gaggcacgta tcgacctgcc ggatggcgac 19740
tacctgcgcc tcggcaagtt catcggtgat ccgctgatac agtgcggcct gttcgagccg 19800
aaccgcttca caggtcgtgg aggtactagc gtccacctgg agccgtcgcc ggaagccaag 19860
gagttcctgc aagacccttc ggcggcgatg acctggggag gcccaggccg tagcgtgatg 19920
ctggcaccgc cgcgaccatg gaacgactgg tgcgatggcg gttactacag cgctaaggcg 19980
cagaaacacc atgtgctagt gcgccgtacc aagcaccaga ccaagcgggc gcgccagatg 20040
cagctacgcc acctgggccg ggacaagatg cccagggtgt atgaggcggt caacgcgctg 20100
caatcagtgg cctacgagat caaccacgac gtgtacgaga tcatcgagcg cgtcttcact 20160
tccggcggcg gtgtgctggg catccctcag cgcacctacc cggacaaacc tgagttcccg 20220
ctcggcgacg agtgggccaa ggagaacgcc agtgaacaag agctggaagc cttcaaccgc 20280
tggaagcgat ccgtccaccg atggtacacc ggcgagcggg agcataccgc caagcttcgc 20340
gagtttgctg cactctaccg agttgttcga gagcatcatg gcaaggcagt gtacttcccg 20400
atgcacgttg actcccgtgg ccgcatgtac tattggggca caccgaatcc ccaggggtcc 20460
gacatcgcca aggcatgtct gcgattccac gaaaagcgtg ccctcggtaa gcgcggactg 20520

tactggctca aggtccacgt cgccaactcc ctcggatgcg acaaggtgta cttcgacgac 20580
cgagcagcct gggtcgatga gcgctgggac gacttccagc gagcgctcga cgaagggccg 20640
gagaactatc cgaatctctt ccccgaagac gagtccccac tgtgcgccat cgcaggtctg 20700
ctggagttgc gggcggccta cgcttccggc aatcccgagg gctacgccag tggtttcatc 20760
gtccacatgg acgccacctg ctccggcctc caacactact cggctattct ccgcgacgag 20820
atcggcgggg cctacgtcaa cctgctgcca cctggacttg caaaagctga tatctactcc 20880
cgagtgctcg gactcgttaa tgagtctctg gagagagacc gagcggaagg cgcggatggc 20940
gaggcgcggg gttatgccat tctatgggat aaagctggtc tgacgcggag cctgaccaag 21000
aagccctgca tgacgctggt gtacggcacc acgttcaagg gcgtcgtgga ccactgcctg 21060
gactacctcg acgagtccgg tgtggagatt cccgagggtg tgccgtcata ccgcctagga 21120
agctacatgg cgacgctcat actggacgca atccgcgaga cagtaccatc ggcagtcttc 21180
gccatggagt ggctccagcg gcttgctagg gcccttcctg acgcatccaa ggatttgcac 21240
tggaccacgc cgctcggcat gcaggtcttc cagtcctacc cgaagaccga ggaggtgcga 21300
gtacggctgc gcgccgaggc tgtcgagtac gtcaccctgt acgaggccaa ggacgagctg 21360
gacccggtac gcaacgccaa cggcatcgct ccgaacttcg tccacgggct ggacagcagc 21420
cacctgggcc tgacggcctt ggcatgcgcg gcagagggaa tcccgatcca ggccatccac 21480
gacagcatgg gcacttatgc ggcagacgtg gaccggatgc acgttcacat cagggagcag 21540
ttcatcgcca tgtacagtgg cccctgtgtg ctcgtagagc tggcaaagca gcttggtata 21600
gaggctaccc cgccccggag aggatcgttg aatctggagg ctgtacggga ctcctgggcg 21660
ttcttctgct gaggcggatt atgtcaccca cataggagca agtgcatccg tccaaggccc 21720
tcgtagaggg agcgggggag aggagaggtc agggaagacc tggtagagga gaggtgaaga 21780
tgagaatgga tgactacgaa ggattctaga tagaatagac taaccagcat aggagatatg 21840
atagatggct actatgaaga cccaccgccc tacggttatg tcacccacag tggaaggatc 21900
gagaacaggc aagggtacgg cccgtcctgt cacgttcacc tctcagcaga tcgagtggtt 21960
agaacagacc ttccccgaac atcagatcgg tcctggaacc acgatggaag acatccagtt 22020
ccaggccggt aggcgagacg tggtgcgagc agtacgcctg cgccgacgcg atgccatcgc 22080
agtggagctg aagtgatgaa caagtccatc tggcgagtcc acgcaaaggc cggcactccc 22140
tcggaactcc agggcctgtg ctggctggcg atacaggagt tggaggagtt caccctcttc 22200
cgctcgaaag acgacgccct gaatgcgatg ctggacagta tcgagggcaa tgatcgaacc 22260
gagctgttgg tattccgcga tggccagttg gctggcggtg cctgcattgt gttcgaggac 22320
gatccccacg tcggcccgtg cgtcacagca cagtggcagt acgtcctacc gcgctaccgc 22380
aatacaggcg tggtccggga gttcatccgc gaactccacc gtcaggccgg ctggggtcaa 22440
atccccctcg tgtgctggag ccatcgtgaa agcgatagcc ggtacacgat ccactaccgg 22500
agagccaagc cttatgggca agaaagtaaa gaaggtgctg ggcaagacca tcatcggcaa 22560
actcgctgat ggcctgctgg gcaccgacct gagcggcgca caatccgatg cccgcaagat 22620
ggaagagcag aaccgcctaa tgcagcagca ggcggaccag ctcgcacgaa accagcaggt 22680
tgacctcacc gccgagaacg tggcgcaggt tgacctagga gcgatggccg atgccactgg 22740
caccggcacg cgacggcgcc ggaatcaggc gggcacaggc gtatcgcaaa ccctcggtat 22800
caactactga cgaggtacgc catgaaaacc accgcagcta tgctgtggga gaaacttcgg 22860
gatgggagcg tggagagtcg agccatcgag ttcgccaaga ccacgcttcc ctacctgatg 22920
gtcgatccca tgtccggcag ccggggagtc gtagagcatg acttccagtc cgccggtgcc 22980
ctcctggtga acaacctcgc cgccaagctg gcgagatcgc tgttccccac ggggattccg 23040
ttcttccgat ccgaactcac tgatgcgatc cgccgcgagg ccgacagccg ggacacagac 23100
attaccgaag tgaccgctgc cttggctcgg gtggatcgca aagcaacaca gcgcctgttc 23160
cagaacgcct ccctggcggt cctgacgcag gtgatcaagc tactgatcgt gactggcaat 23220
gctctgctgt accgagacag cgccgccgct acggtggtcg catggtcgct ccgctcctat 23280
gcggtgcgtc gagatgcgac tggccgctgg atggatatcg tcctaaagca gcgctacaag 23340
tccaaggacc tggatgaaga gtacaagcag gacctgatgc gcgcaggccg caacctatcc 23400

ggttcgggca gcgtggacct gtacacccac gtacagcgca agaagggcac ggcgatggaa 23460
tacgccgagc tgtaccacga gatcgacggc gtgcgtgtgg gcaaggaggg ccgctggcct 23520
atccacctgt gcccgtacat cgtgccgacc tggaacctcg cacctggcga gcactacggt 23580
cgaggccacg tcgaggacta catcggcgac ttcgccaagc tgtccctgct gagcgagaaa 23640
ctcggcctgt acgagctgga gtcgctggag gtcctgaacc tcgtggacga ggccaagggt 23700
gcggtggtcg atgactacca agacgccgag atgggtgact acgtgccagg tggcgcggag 23760
gccgtccgtg cttacgagcg tggcgactac aacaagatgg ctgctataca gcagagcttg 23820
caagccgtag tcgtccgcct gaaccaggcg ttcatgtatg gtgccaacca gcgcgacgcc 23880
gagcgcgtta ctgccgagga agtccgcatc actgcggagg aggcagagaa cacgctgggt 23940
ggtacatact cgctcttggc tgagaacctc cagtcgcccc tggcctacgt ctgcctatcc 24000
gaggtggatg acgcgctact ccagggcttg atcaccaagc agcacaagcc ggctatcgag 24060
acgggcctcc cagctctgtc ccgctccgcc gctgtgcaga gcatgctcaa cgcttcccaa 24120
gtcatcgctg gcttggcccc gattgctcag ctcgatcccc gcatctcgct accgaagatg 24180
atggacacga tttgggcagc cttcagtgtc gatacgtcgc agttctacaa gagcgccgac 24240
gaactggaag ccgaggcaga acagcagcgc cagcaggccg cacaggccca ggcagcgcag 24300
gagaccttgc tggaaggcgc ttccgacatg accaatgcac tcgcaggagt ctgatagatg 24360
acccaaccga acgatcagca actgccaccg ggcctcgcta acctggttgc caacgtaccg 24420
cccgccgccg cgccgacccc gagtcatgtg caggtgttgc cgaacccggt gatccagccg 24480
caggctccgg tccagcccgg ccaggtaggt gcgccgcagc aactggccat cccgacccag 24540
cagccgcaac ccgttccgac cagcgccatg acgccccact accagccggt agcggtgccc 24600
gtcgccggtc aacccgttgt tccgcaagca cccgctcagc cggccccggt agctccgccg 24660
gctgcgggtg cagttcttcc cgagaacctg gaagtcccgc cgcctccggc cttcactccc 24720
aacggggaga tcgtaggcac cctggcaggg aacctcgaag gcgacccgca gttggcgccc 24780
tctatcagct atctggaagc attctctgac aagctggata ccgtccgtgc cttcggcaag 24840
gccgccgaga accgcgatcc gcgattcatc gacgagcact atctgaagga agtcctgggt 24900
ccggcccagg cacagcacgt catcaacgtg gccaagggcg tcctgaccta tgtcgatgcg 24960
cagaccaagg ccgtcctgaa tcagacctat gccgccgtcg gcggtgaggc cgtcctgaag 25020
caggctgccg gagtcttcaa ccagcacgct gacccggcca ccaaggccgc catcggtcgg 25080
ctgatggact cgggcgatgc ccaggccatg cagtacgcag cgaagcaaat tgtggccttc 25140
gcacaaggct cgggtgccgt ggtacaggct accggccaac ccctgggtgc tgcggcacct 25200
gcactggcag ctctgagcgc tgagcagtac cgcttggaag tatctaagct gccgctgaac 25260
gcatccgaag ccgagatggc tgcgctgcgc gagcgtcgta aggcaggcat ggcgcagggt 25320
atctaacgac cctgccctac tccggcctta aacccacatc caaaagagag agaatcgcat 25380
gagctttctg aacgacctga ctcgtccgaa ctacgctggc aagaacgcgg acgttgacat 25440
ccacctggaa gagcacctcg gcatcgtcga taagcacttc gcctacacct ccaagttcgc 25500
accgctgatg aacatccgcg acctgcgtgg ctcgaacgtg gtccgcctgg atcgcctggg 25560
taacgtcgag gccaagggtc gccgcgccgg tgaagagctg gagcgcagcc gagtcgtgaa 25620
cgacaagtgg aacctgaccg tcgacaccct gctgtacctc cgccaccagt tcgaccacca 25680
ggacgagtgg acccaatcct tcgacatgcg caaggaagtc gccgagctgg acggccagga 25740
actggctcgc aagttcgacc aagcctgcct gatccaggtg atcaaggctg ccgcgatgga 25800
cgcgccggtg gacctggaag atgcgttctc gccgggcgtg ctggagaaac tggacctgac 25860
cggcctgacc gccaagcagg ctgccgacaa gatcgtccgc atgcaccgcc gcgtagtcga 25920
gaccttcatc gaccgcgacc tgggcgatgc ggtttactcc gagggcctga ccccgatgtc 25980
gccgcgtgtg ttcagcctgc tgctggagca cgacaagctg atgaacgtcg agtaccaggc 26040
aaccggcgcg accaacgact acgtgaagtc ccgcgtggcc atcctcaacg gcgtcaaggt 26100
gctggagact ccgcgcttcg ccaccaaggc aatcgcagcc cacccgctgg gccgtcactt 26160
caacgtgagc gccgaggagt ccgagcgcca gatcgccctg ttcctcccga gcaagaccct 26220
gatcaccgcc caagtggcgc cggtccaggc caagctgtgg gaagacaacg agaaattctc 26280

gtgggtcctg gataccttcc agatgtacaa catcggtgcc cgtcgtccgg acaccgctgg 26340
tgccatcgaa ctgaagggta tcggcgcctt cgacatcacc gcgtgatgcc acgaaacccc 26400
gcacttcggt gtggggtttc ttcaaagcct aacgacccgc gcagattccc tgcgtgggtt 26460
tttgcgcttt aggagaaacc ctatgctact actcgacgca gtgaatgtca tcctgcgcaa 26520
gatcggcgag ctgccgattc cgagcatgga tgagacgtat cccaccatgg ccattgccct 26580
cccggagttg gaggaccagc gcatccagtt gctgacgcaa ggctggtggt tcaacacctg 26640
gtggaagcac aagctgacac ctgacccgca gggtcgcatc aacctgccca aggatacctt 26700
ggcattctac cccgactccc cggacctcca gtgggacggc ctgggagtac gggatgccaa 26760
caccggcgac gaccgtatcg gcaagtcggt cgagggtcgg ctggtgctgt cccgcgagtg 26820
ggaccgtatc ccggagattg cgcagcgcgt cattgcgcac caagccgccc ttgcggtata 26880
cacccacgag attggcccgg acgagaccgc ccaggtcatc gcccaggaat tgcaggcgta 26940
tcagaacgaa ctgtctcgca tgcacactcg atcccgtccg ctgaacaccc aggccaagcg 27000
tagcttcagc cggtggcggc gtagcttgag gacctgagca tgagctacaa gcaatccgcg 27060
tatcccaatc tgctgatggg cgtgagccaa caggtgccct tcgagcgcct gcccggccag 27120
ctcagcgagc agatcaacat ggtatccgac cccgtgtcgg gactgcggcg gcgcagtggt 27180
atcgagctga tggctcacct gctgcatacc gaccagccct ggccgaggcc gttcctctac 27240
cacacgaacc taggtggccg cagcattgcg atgctggtgg cccaacaccg tggcgagctg 27300
tacctgttcg acgagcggga tggacgcctg ctgatgggcc agccgctggc ccacgactac 27360
ctcaaggccg acgactatcg gcagctacgg gccgctacgg tggcagatga cctgttcatc 27420
gccaacctga gcgtgaagcc cgaggccgac cgcaccgatg tcaagggtgt agaccccaac 27480
aaagcgggct ggctgtacat caaggccggg cagtattcga aggcattctc tatgaccatc 27540
aaggtcaagg acaacgccac gggcaccacc tacagccata ccgccactta cgtgacgccg 27600
gacaacgcca gcacgaaccc caacctcgct gaggcgccat tccaaacgag cgtaggctac 27660
atcgcgtggc agctctacgg caagttcttt ggtgcgccgg agtacactct gcccaactcg 27720
acgaagaagt acccgaaggt ggacccggac gccaacgcgg caaccatagc cggctacctc 27780
aaccaacggg gcgtgcagga cgggtacatc gcgttccgtg gtgatgccga tatcgtggtc 27840
gaagtgtcca cggacatggg caacaactac ggcatagcct ccggcggtat gagcctcaac 27900
gccacggcag acctgccagc cttactgccg ggcgcgggtg ctcctggcgt gggtgtgcag 27960
ttcatgggcg gcgctgtcat ggccaccggc tccaccaagg ccccggtata cttcgagtgg 28020
gattccgcta accgccgctg ggcagagcgg gccgcctacg gcaccgattg ggtcctgaag 28080
aagatgccac tggccctgcg ctgggatgag gctaccgaca cctacagctt gaacgagctg 28140
gagtatgatc gacgtggctc cggcgacgag gatacgaacc ccacgttcaa cttcgtcacc 28200
cgaggcatca ccggcatgac gaccttccag ggtcgcctcg tcctcctgtc gcaggagtac 28260
gtctgcatgt cggccagtaa caatccgcac cgctggttca agaagtcggc agccgcgctg 28320
aacgacgatg atcctatcga gatcgcagcc caggggagcc tgactgaacc gtacgagcac 28380
gcggtcacct tcaacaagga cttgatcgtc ttcgccaaga agtatcaggc cgtggtcccc 28440
ggtggcggca ttgtaactcc ccgcacggcg gttatcagca tcaccacgca gtacgacctc 28500
gataccaggg cggcacctgc cgtgactggc cgcagtgtgt acttcgctgc ggagcgtgcc 28560
ctgggtttca tgggcctgca tgagatggcc ccgtctccgt ccacggacag ccactacgtc 28620
gccgaagacg ttaccagcca catcccgagc tacatgccgg ggcctgctga gtacatccag 28680
gcggcggcct ccagcggcta cctggtgttc ggcaccagca cggcggacga gatgatctgc 28740
caccagtacc tctggcaggg caacgagaaa gtgcagaacg cgtttcatcg ctggacgttg 28800
cggcatcaga tcatcggcgc ctacttcact ggcgacaacc tgatggttct gattcagaag 28860
ggccaggaga tcgccctggg acggatgcac ctgaacagcc tgccagcccg tgagggtctg 28920
caataccta aatacgacta ctggcggcgt atcgaggcga ccgtcgatgg tgagctggaa 28980
ctgaccaagc agcattggga cctgatcaag gatgcctctg ccgtgtacca gctacagcct 29040
gtggccggcg cctacatgga gcgtacccat ctaggcgtga agcgcgagac gaatacgaag 29100
gtgttcctcg acgtgcccga ggccgtggtc ggggcggtgt atgtggtcgg ctgcgagttc 29160

tggtcgaagg tggagttcac tccgccggtt ctccgggacc acaatggcct gcccatgacc 29220
tcgacccgtg cagtgcttca tcggtacaac gtaaacttcg gctggaccgg cgagttcctg 29280
tggcgcatca gcgacacggc tcgacccaac cagccgtggt acgacacgac gccccttcgg 29340
ttgttcagcc ggcaactcaa tgccggggag cctctggtgg atagcgctgt ggtgccgctg 29400
ccggcacggg tcgatatggc cacgtccaag ttcgagctga gctgtcacag tccgtacgac 29460
atgaacgttc gggctgtcga gtacaacttc aagtccaacc aaacctacag gagggtgtga 29520
tggctttctg gctaccacta ttggccgctg gcggcatgtc cgcccttcaa cagggattgg 29580
ccaacaagga agagcgcaac aagatcaagg ccgagaacaa ggctcgactg aagacggacc 29640
tcgacaacct gggcgccgct gcccgcgaca tcgccaacct cggagtcatg gctgctagct 29700
accgcaagca agccgtggcc tcgcaggtgg aggccaagcg ccaggggatg ctagccggcg 29760
gaagcgccga ggctcaggcc ggggcgttcg gcgtcaaggg tgcatccgtc gatgcggtgg 29820
ccctggatat cgagcgggag gtcggcgagg ccctgatcca gattgacgac aacctggaca 29880
atcagatgtg gaacctcgcc gagcaggcgc actccatcca ggctcaggct aaggccggcc 29940
tgctgggtca gaagagtacc acggcggggc aacggtcccc gctggtggcc ggtctgatgt 30000
cggcgggttc cctgtacgca agtcaatact tcaagttcgg cgccacgcct aaaggaggca 30060
actgatggcg gaatcgcaac gtgcttccca agagcttggg atcaacgtcg gacagacgca 30120
actccagccg ggccagagtg ctcggcgcgg agtgcgcgac tccgaggtca actacagcgg 30180
tccgagcgta ggctcgcaga ttctcgacgg catcctgggt gccggtcagc agatcgctgg 30240
caaatggttc gagcacaacg tgcagcagga agttctgcgc ggtgagcgtg cccgtatggc 30300
cggcgaggcg gaggaggcag tagacagcaa cgtactggcc aaaccattcg tgaagggtgg 30360
ttggcgtaag caggactacc gtatcgccca ggcggacttc agcctgaaga tgcagcgatt 30420
catcgccaac aagggccggg agatgactcc cgaggagttc cgcaagtacc tgtcccagga 30480
ggctacgcac gtcctggact cgaccgaggg catgaacccc aacgatgcct tacaggcgct 30540
ggcgcagcag cagaaggccg aggaacagct cttcggcatg caggctaagg cgtacatgga 30600
ctggtccatc gaccaggccg cccgtggctt ccgtacccag ggtaacagta tcctggccaa 30660
ggctgtgcag gctcaggcca ccggcgacga actgtcccgg cagctcagcc tggaagaggc 30720
cggcctgttc tataccaaca tcatgacctc cgaggatatc ccgctggagg tgcgcgacaa 30780
ggtaggcatg cagttcctgg cggccagcct ggacatgaac cagcggggca tctatgaggg 30840
cctgcgcgat gccgggttcc tggacagtat gtcctttgac gaccggcgtg cgctcaacgg 30900
cctctatgaa aaatcgaagg cacagacccg tgccaaggaa tcgatggcta ccctgcgggc 30960
cgacgcggac ttccagcagc gggtggccaa cggcgccatc acagaccttg ccgaggttga 31020
agcgtactca cgaggcatgg tcgaggaggg ccgctggagc gacgctcagg ccatctcatt 31080
catgaccaag gccatgaccg gtctgggcaa tgcccaacgc atgcagggca tcatggcggc 31140
cctggaagcg ggggacatca acgccctaca cacgctgggg acgaacgtta ctgaggccct 31200
ggagcagtgg gacaagatgc aggccgccaa cggctcaagc ctgactgacc gtctcgtgca 31260
gggcacacag ctcggcctgc gcctggggac cttccccaag acctacggcg agtccgtggg 31320
cagcgcggtg cgcatgatcc aggccgccaa agaaggcgag gcaaacccgg agctggtcaa 31380
cacgctgaac agcatcttcg agcaggtggc ctcggcccag gagatcaacc cctccgccgg 31440
caacgtgatg ctatccggca tcccggaagc cgagcaaggt gccgtggcct gggcactcaa 31500
gcagatgaag atgggcatcg caccagctca agctctgcgc gagttcagcg ccaacgccga 31560
agtcgtgaaa cagatggacg agttcgagaa aggccagaac accaaggcat tcaaggacaa 31620
cctcggcaag caggtcaacg acaagttcgt gaacaacatc ttcggtcggg cctggaacat 31680
gctgaccggt gaaagcgacc tgagtaacaa cgaggccgtt ctcagcatgt accgtcgagc 31740
aaccatcgac gaggcgaact ggctggccag cgaccgcaag catgcgggtc tgctcaccag 31800
tgacacgggc cgcgaggccc tgctggagat cgccgccgcc aacgtgcgta accgcaccat 31860
ccaggtaggc gaaggtcgga atctgaagga aggggaccta ttcagccgcc gcgatagcgc 31920
gccgctgatc ctgccgcgtg gcaccaccgc cgagcagcta ttcgggacca acgacaccga 31980
gaccatcgga accgtcctgg ccgagcagca caagccgcat gtcgaaggac tcctcggcta 32040

caagtcggta gtcgccttcg agtacgaccg caccaggggc agcctcctcg ccgtcgagta 32100
cgacgagaac ggtgtggccc tggaccgcac gcgggttgat ccccaggcag tcggtaacga 32160
ggtgctcaag cgcaacgcgg ataagctgaa tgcgatgcgg ggcgccgagt acggtgccaa 32220
cgtcaaggtc agcggcacgg acattcgcat gaacgggggt aacagtgccg gcatgctgaa 32280
gcaggacgtg ttcaactggc ggaaggaact ggctcagttc gaggcttacc gaggggaggc 32340
gtataaggat gccgatggtt atagtgtggg cctggggcat tacctgggca gtggcaatgc 32400
tggggcaggc actacagtca cgcctgagca agccgcgcag tggttcgccg aggacaccga 32460
ccgcgcactc gaccagggtg tgaggttggc cgacgagctg ggcgttacga acaatgcctc 32520
tatcctggga ttggccggta tggccttcca gatgggcgaa ggacgtgccc ggcagttccg 32580
taacaccttc caggcgatca aggatcgcaa caaggaagcc ttcgaggctg gtgtacgaaa 32640
cagcaagtgg tacacgcaga cgcccaaccg ggccgaggca ttcatcaagc gcatggcgcc 32700
ccacttcgat acaccgagtc aaatcggtgt cgattggtac agcgccgcaa cagcggagta 32760
agacatggca aagcaattca agggccgcat gacgcccaag tatccccttg accaagtaca 32820
gctcgacgag gcccaagtac agggccaact cgacgcggtg cctaccgtgg ggttcgacgc 32880
cctgacgggt ggtgagatcg gagaacggaa cgtggcagcg ggccaacgag ccaatgcgcg 32940
ggaactggaa cgcatcgtag cggaccagga actgccggcc cttgaccgtg cttccgcact 33000
ctggaaccag tccaccctcg tcggacgctg ggtcgatgcg ctccagctcg acgcagacct 33060
tgcggcgaac agtaccggcg aggtggaccc taacttcgac gctgggacct atggggtcca 33120
ggcgctccag gcggcaggta tccagccgac tgataactac cttcagatca tggcccgtgc 33180
cggcaatgcc gaggacgcgg cctacctcct atcgaggatt caacggtatg agcaggacga 33240
acaaatcgtg cgggacaacc catactggaa cttcgcggtt ggtatgctgg acccggcagc 33300
cctggcagtt gatgcggtta ctttcggcgc tggccgtgct ctgcggctcg gtcgtgctgg 33360
catggctgct gctggcggcg ctgggcaagt cgggtatgtt gctgggctgg atgccgcagg 33420
ggccgatgtg gatgctggaa cctacatcgt ggcgggtgct cttggcgctg gcgtgggtgc 33480
tctgctgggg tctggtgcgg gacgcattgc cgcagaggcc ccaacgcaac cgcatgtgcc 33540
cgaagtatcg gcgcctactg tcgggctgcc agaagtagcc atgaccgccg aggaggccgc 33600
agcacgcggc ttcaaggcag gtgacgtggt agacctgctg gacgagggca ctgtgctatc 33660
ccgtgtcagt gcccgcgtgg agcaggctga gataccggct attccgcgac gtgacactgc 33720
cttcggcgac gagctgcata gcctgtcggg ccggaagctg tctgaggtcc tggaccacat 33780
caagacccac gcagaggtgc ccaagccgct ccagggcatc gccgccaagg tggctgacac 33840
tatcaggacc ctggagggcc tggggcagcg taccgcgttc cgtgtggtgc agggcggtga 33900
cactgccagc tctgccttcc tcaaaccggg tacggcgggg attcactcca cccagggcct 33960
cgacaccctg gtccaggtac gcggcagcac cgcacctggt cgagttggca ccaacccggt 34020
gaccgtgctc cacgaggcgg ttcacgctgc caccgtgggc gtgatgaacg ccgccctgcg 34080
caaccccggt gcgatgagtc cgaaggtggc tcaggccatg cagaccctgg agaatgtccg 34140
gggtaacgtg ctcaacgccc tgaagcagga ccgcgccgcc ggtcggcaac tgtccgagtt 34200
cgaagagaca ctgctggccg gtaactccaa caccctggcc aacgtcaagg aactggtagc 34260
ctggggcctg acggataccc gcttccagcg gaccctgaat cgcctccgct acagcgacgg 34320
cgggccgggc ctgtggtccc gcttcgtgga gggcatccgc accctgctgg gtctgcggtc 34380
cgatgctgac acggccctga gccgcgtcct ggccgcctct gagacgatta tggaggccat 34440
gcccggttac actaaggcac aggccaagtg ggccaacaag ggcgctccgg taaccgagga 34500
ggccagcctg gagaccatcg tccggtccac cagggagcgc gcccgcgagg gtgccggctt 34560
cgtgaacagg ttcttcagcg aggcagacct cctggcacag cccggagagg gcgcacggcg 34620
actcctgagc cgtcttattg acgacccggt acgtcgggat gggttcagca cgaacgacaa 34680
cgcagcgagc tatctccgcc gctatcggaa cgagttcgag ggctacgtga agtcctacga 34740
cgagatgatg gccaaggcaa tggctgagca gggtgtgggc ctgacggcac gtgcgctgaa 34800
ctcccgccgc gccatggcag tccgggacca gctcaacgag caggtcaccc gcgagctgct 34860
gcgccgggac cgggagtgga ccgcctacgg cagcgtccgc gtggacccta acctacctcc 34920

gaccatcaag gccctggccg accgctcaga cgagattcat ggtctgatgg gccagcgtgc 34980
cagggaagct ggggtgcgcg ggttcgagaa cttcgcaccg cgaccgggat acttccaccg 35040
ctcgtggaac tggtcgaaga tggcgcagat ggacgaggcc gcccctggcc tggcccgccg 35100
tgccatcagt gaggccgtgt tccgtggcat ccctgggctg gagcgcgccg acgccgatac 35160
catcgcacag gccattgtgc agcgggcgcg ggatcgggcc accggaatcc gctccgagtt 35220
catgggcgcg atgggcgtgg cggacacggc attcatccgg caggcgctgg aggaggccaa 35280
cgtgtcccag gccaagttcg acagcatcat ggccaagatc gagcagaagc agtccgacca 35340
gggcaccgtc aagtacggca agggccggct gtcgctggac atgaccgccg agatcaacca 35400
caacggcacc gtgtatcgtg tgcaagacct gatcgaccgg gacctcgacc ggctgatgga 35460
gaactacgcc ggcagtatgt cgggccgctc agcattggcc cgcgcaggca tgccggggga 35520
ctcggagatc gaagccttca tccgggagta ccagcgagag gcagcccacc tgggcaccga 35580
taaggtgcag gagctgacgg ggcaactgcg gggagtcttc ggggacttca ccggcaacgt 35640
gccgagggag catcagctcg gcccggttgc tcagcgggcc agcggcctaa ccagcgccac 35700
catgctggga ttctccggcg tgtaccagct cgccgaactg gccacgatgg cgcaccgtca 35760
aggcgtcttc aacgtcatga aggccatgct gaactcccgc ctgggagact tcgtgggcgc 35820
catgcgtcgc gacccggacc tcgctgacga gatgcagacc gtcctcggcc tgaacctcgc 35880
caacgatatc cggatgaagc cctggaagcg gcagttcgac accttcctgg tcagccaaga 35940
caccttcatg gatcgcttcc tccacgcagg taagcaggct gtcccagtgc tcaacggcat 36000
gaagttcatc cacaactggc aatcccgtat gaacgccaac ctcaccttga acaaggtggc 36060
gcgggcggcg caggggggatg aagcagccct tcgcgtgctc cagcagtacg ggaaggacgt 36120
ggactggacg ccagtcctgg cgcgggttcg cggttatgtc acatacagag gaaggaacgc 36180
ccgatccatg aattggggcg cctggagcca agcagacgtg aacactgtca tgaacaccgc 36240
actgcggatc atggacgact cactcctgta cggtagggtc ggtcagaact cgggcttcgc 36300
tcggtctccg gtcggtcaaa tcctgggcca gttccgcagc tttgtggcct tcgcacacaa 36360
caagctcctc cggggaacct atgagaactc cggcgtgctt ggcgtggcct cgctcctcgc 36420
attccagtat ccgctcaccg cgctgatgat gggtgccaag gcagcgatca acggcaagtt 36480
cgacacctct gatgaaggca tccgcaagat ggccatcgac ggcatcggtt acactgccgg 36540
cctcggcttc accgccgaca tgtggggtgt gatcaccggg cactcccgga tgtccgcacc 36600
ggtctttggc ctggcggagc actccaacga ggtgttccgc ggcgtcaagg acctagtaac 36660
cggcgacgac cccgcagccg ccaccggcga tatcgtcaac ggcgccgcag gggcactgcc 36720
tttcgtcaac gtattcccgg cgaccaagtt gctgctggaa tccatcaaag gggaataacg 36780
tggctcggtt caagaatccc gagaccatcc acgtcgcaga tggggtcgag gctgtcttca 36840
gtctcgactt cccgttcctg cggcgtgagg acgtattcgt ccaggtcgat aagatactcg 36900
tcaccgacta tacgtgggta gacgacacca acattcaatt ggccgtggtg ccgaagaagg 36960
atcaagaggt ccgcatcttc cgcgacacac ccgcccaggt cccggacact cagttcagcc 37020
agggcatccc gttcctgcct cgatacatcg acgcgaacaa caagcagctc ctgtacgctg 37080
tgcaggaagg catcaacacc gcgaacctcg ctctcgacgg cgtactcgac gcgatccgca 37140
tcgccgagga agctcgtcgc ctggcacagg aagcactcga cgccgccaat gaggcgctgc 37200
gccgtgccct aggcttcgcc gagattcgca ccgtgaccga ggactcggac atcgatccga 37260
gctggcgtgg ttactggaac cgctgcatca cctccgagca gtccctgact ctgaccatgc 37320
agatggagga cccggacgag ccttggatcg agttcagcga ggtccacttc gaacaggcgg 37380
gcattcgcga cctcaacatc gtggccggcc ctggcgtgac catcaaccgc ttgcagaaca 37440
ccaccatgca gctctatggc gagaacggtg tgtgtaccct gaagcgcctc ggccctaacc 37500
actggatcat cttcggggcg atggaggacg actaatgcgt ggcattatcg caggtgtggt 37560
ggcgtcgcag attcgccggc ccaagccggt gctgaccacc atcacctacc cgcagtcttc 37620
ctcggatcgt gggggtatga cgtttcatgc catcgccggg atcatccaag ataccgtgaa 37680
gttcgcggat agtaaggacc tgggtagtta tgagatgctt gtgcgggacg ctaccctgaa 37740
gagcatggtc attacactca ctgaggttaa ggacagtagc gtctggagta tgggtgtgct 37800

gagtgcggca atcaaatccg tagttcagtt cttgacacca gtcgaggaga aatcctcgtt 37860
ggatatgagc atcatccacg gcgagcacaa gcaatcggtc attccatact cccgctgggc 37920
tgaggctggg tccctgtcca tgggtatcac agagggtaaa gtttatgtac catagcagca 37980
ccattcgagg tgagttcgat ctggagattg tacgtcctga cggtacagtc cgccagcacc 38040
tgcacttcaa gaacctgatc accgacttgg cccttgaggc catgagttcc aagggcgtcc 38100
cgagtggcgg ctggacgaac atgttcgccg gcactggcaa ccgtaccccg gtccccgctg 38160
acgtgtccct cgtggcgcct gtggctaatg ccagtgcctc gctgaactac ggcaaccgcg 38220
cagtgtggga ttccaccact ggcgagaaag tgcatactgg cacggggacc ttccgcgcag 38280
gttccttcca aggccagtcc ctggccgagg taggaatcgg tcgggtagtc tctgagctgt 38340
actcccgatc cctgatcaag gacgccaacg gcgatcctac cacgatcacg gtgctggtgg 38400
atgaggaact gcgtgtgacc tacactctgc ggattgctcc gccggcgtcc agtgaagtca 38460
agatcacgat gaagggtatc gagtacaccc tgagcatgcg ggaccgccgt accttccggg 38520
acttatcgcc cgagcctgcg gctgagtttg gcactcgcgg cagtctgtcg tggagcgcta 38580
tcagtgcgcc ggacagtaac ggccagacca agaccgccaa cttgagcggc gacgccggga 38640
ccgggattat ccaggttcct gcacagtctg cacagatcat gcgtatccag cccgccgatg 38700
ccaactggac ggaaggtatt cagtacctcc gctgggagac tccggcagga cgtgagctgg 38760
agatcaagct ggacccgcct ctggtcaaga acagcttgga gcgcgtggac atcaccgtaa 38820
cccacatctt caatcgggta tgattcagtt caagttcggt gactaccgga cccgtgtgcc 38880
cttccagggt gcgcgggacc ggcgggatat caacgaccgc agcgactacg tggacggtgg 38940
cgtcgccatc caagacccta gtcaaggtct gttgtatcag gagtggcacg ccgagctact 39000
cgaagacggc atctacctga cacctgagaa agagcgagtg actacccgca tcggaccagg 39060
tatcaatgaa ggcgtggcta gtatggcggt cacgttcgac cagaacatga actatgtcct 39120
ggtgtatacc aagcaaggcg aaggcttcat cgacttcttc gattccgcta ccgaagagcg 39180
caatgtgatg aaccttgggc cggtggacta tatcaagaca gacctagacg atcggcggcc 39240
agagggcagc gcctgggcgc aggttctggt ctgctacaca cggcagggaa acttctacgt 39300
ccgagccagc tcaactcgct ttactgaaga ggagcttatc gtcggtacgg gcaaagtgac 39360
ccggcctatc gtcaaatgcg gaatggcagc gaactggaga ttccaggtcc tgttccgagg 39420
gagaatgtaa tgagcaagaa gcagaccgcg agtgctgagc ggctgggcct gctacatgag 39480
ctggtctgca ccgccatcga gcgtaacttc aagtggtaca tggacaacga catcccgatc 39540
cccgcatcgg atatcgctgc cgccaccaag ttcctcaagg acaacgagat cacctgcgat 39600
ccgtccgaca ccatcaacat cgaccgcctc cgcgaggaga tgcggcaggc gcaggcggag 39660
aatcgccgta tcgcgctgga gggcttcatc gccggtgaga cggacgatga gatggaacgc 39720
ctgtacaccc actaaggagg cagcatgacg ccgcaagaac gattccagat agcccacgag 39780
gtgcgggaca tgtacccgcg cttccgggac ttctgcctgg acgccatgct gttcctcggc 39840
ttcaagatga cgtggatgca gctcgacatc gccgacttca tgcaggactc gcccaacaag 39900
gcgatggtcg ctgcacagcg cggcgaagct aagtccacca tcgcctgtat ctatgtggtg 39960
tggtgcataa cgcagaaccc ggctacccgc gccatgctgg tatccggttc cggtgacaag 40020
gccgaggaga acggccagtt gatcacgaag ctgatcatgc attgggacct gctggcgtac 40080
ctgcgccccg aggcccgcat gggtgaccgt acctcggcca ccagcttcga cgtgaactgg 40140
gcgttgaagg gtgtcgagaa atcggcctct atcaactgca tcgggatcac cgctgccctc 40200
cagggctacc gggctgacat cctgatccct gacgacatcg agaccacgaa gaacggcctc 40260
accgccaccg agcgggccaa gctgacgcgg cagtcgcagg agttcacctc tatctgtacc 40320
cacggtaaga ttctctacct gggcacgccg cagtcccgtg agtcgatcta caacggtctg 40380
ccggcgcggg gcttcctgat gcgcatctgg ccgggccgct tcccgaccct ggatgagcag 40440
gaacgctacg gtgactggct cgcaccttcc atcctagcgc gcattgcccg cctggaggag 40500
aaaggccaca acccgcgtac tggcaagggc ctggatggca ctcgtggctg ggcggctgat 40560
ccgcagcgct acaacgaaga ggacctgctc gacaaggagc ttgaccaagg ccccgagggc 40620
ttccagcttc agtacatgct ggacaccagc ctcgccgacg agcagcgtat gcagctcaag 40680

ctgcgcgacc tgctgttcat cgacgccacg catgagagcg tgccggagca agtggcctgg 40740
gctgccgacg agcgcttcaa gctcaagttc gacgcccacc gattcccggt catcaagcct 40800
gagctgtacc tgccggcgct gatggctggc ggctgggcac cactccagca aatgacgatg 40860
ttcgtggacc ctgccggcga cggtggcgac gagctgtcgt atgccgtggg cgggactctt 40920
ggcccgtaca tccacgtcgt gagcatcggc ggctggaagg gtggctttgc tgaggagaac 40980
ctggagaaat gtattgccct agctgcgcgt tatggcgtca aggtgatcta tgtcgagaaa 41040
aacctcggcg ctggtgcagt tggccagctc ttccgcaacc acatgcgatc catcgacccg 41100
gacaccaaca agccccgcta tgaggggatc ggcgtagaag accgccagaa gtccggacag 41160
aaagagcgtc gtatcatcga caccctgcgg cccatcatgc agcggcaccg tctgatcttc 41220
cacgtatcgg cgatggattc cgaccacgtg gcctgccagc agtacccagc ggacaagcgc 41280
aatgagcgct ccgtgttcca ccagattcac aacatcacca ccgaccgagg ctcactgccg 41340
aaggacgacc ggatcgatgc ccttgagggc cttgtccgcg agctagcacc cacgctcgta 41400
aaggacgacg aagccgcaac ccgcgctcgt gaagaggctg ccaagaagga atggctgaac 41460
aacccgatgg gttacactaa gtctgtcctt cggtctctcg gcatgggccg ggagcgtcgc 41520
aagggccgcc caaaaggacg aagactatga tgctcgatac cgccaccgag gcgggcaaag 41580
gcaccctcgc cgtcactggc gtggggatcg ccgtttactc gccctatgag atcgccagcc 41640
tctgtgctgc ggtactcacc gcgctctatg tgggcgccca gctcatcacc ctgctcccga 41700
agatgctcga tagcatcgcg gagcttcgcc ggaggttcaa gaagtgaaca agcccctgcg 41760
cggcgcagcc cttgcggctg ccctcgccgg ccttgtcgcc ctggaaggta gtgagaccac 41820
tgcctaccgg gacatcgccg gcgtgcccac catctgttct ggcaccactg ccggggtcaa 41880
gatgggtgac aaagccacac cggagcagtg ctaccagatg acgctcaagg actaccagcg 41940
cttcgagcgc atcgtcctgg acgccatcaa ggtgccgctg aacgtcaacg agcagaccgc 42000
cctgacgttc ttctgctaca acgtgggtcc agtctgtaca accagcacag cgttcaagcg 42060
cttcaaccaa ggccgcgcca ctgagggctg ccaagccctg gccatgtgga acaaggtcac 42120
gatcaacggc cagaaggtcg tatccaaggg cctcgtgaat cgccgcaacg cggagatcaa 42180
gcaatgcctc gaaccatcgt cgcaatactc gtccttgctg tggtagccct gggagcctca 42240
tacggcttcg tccagagcta ccgggccttg ggtatcgccc aggaggagat caagcggcag 42300
acggcccgtg cggaggccct ggaggtgcgt tatgccacct tgcagcgcca cgtcaaggag 42360
gtcgctgcca ggaccaacac ccagcgccag gaggtggacc gtgccctgga ccagaaccgc 42420
ccgtgggctg accggcctgt tcctgctgct gtcgttgaca gcctgtgcaa ccgccccggc 42480
gcccgctgtg ctgtgcgaac acccactgat tgaccctacc acccaggctg gcctgatccg 42540
cgctgtagcg gcctatcagg acgccctgga cctatgcaac gccttgaatc aaggagactg 42600
acatggcgaa cacccgtgag caatacctcg ctggccgtaa caccggcctg accttctacc 42660
aggtctgcca gcccggcacc gacaaccgca tcgccctgca cgacatggac gaggccgatg 42720
tcaaggccaa ggccaccgcc gtaatcgcag cagccaccgc cctgggcggc gaaggtggcg 42780
ctactccacc ggacccgctc accgcctaca aggtgaagaa cggtgacacc ctgcccgtgg 42840
acggcggtgg ttccgtgaag gtgaccgtag ccaacggtgc tatcaccaag gtcgtgtaca 42900
ccgcaccggc gggctgagct acagcccgtc ccacctgact ccatccctaa cacaaggaac 42960
tgaaccatgg caaccttcgc cgctgcaact cagaaagacc tccgcgcctt cgccggcgct 43020
atcgagaacc tgatccgccc tctggaagaa gcggccttgg gttccggctt caccgaggtg 43080
atcaccatca ccaagggcac cgatggcaac gagactcgca cctccgagcg taaggtacgt 43140
cccgagctgg tcgctaacct cgacgccctg atggccgctg tcgagaccgc caaagccgcc 43200
gtctacaagt aaggggacac catgagcaaa gccaaactac gagtcatcgc cgacaccccg 43260
gagctggagt cagtgctaaa agcattgctg accgccacct acgctatcga gga 43313

<210> 5
<211> 62
<212> PRT
<213> Unknown

<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 5
Met Lys Arg Phe Val Ile Ser Ser Lys Pro Ala Ala Lys Leu Asn Lys
1 5 10 15
Met Ala Ser Ser Glu Leu Val Lys Met Gln Arg Asp Met Ala Arg Arg
20 25 30
Tyr Arg Ser Tyr Gln Arg Gly Gly Gln Gln Gly Leu Pro Met Ile Trp
35 40 45
Asp Asn Met Met Arg Tyr Leu Lys Ser Leu Gln Asn Asn Val
50 55 60
<210> 6
<211> 86
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 6
Met Gln Asn Val Lys Thr Pro Met Ile Gly Asp Ser Val Phe Ile Pro
1 5 10 15
Phe Val Thr Gly Asp Val Ser Lys Pro Gly Glu Asn Glu Lys Ile Gly
20 25 30
Tyr Ile Lys Gly Ala Ala Met Ile Pro Phe Asp Lys Ile Asn Ala Val
35 40 45
Tyr Ala Glu Thr Glu Lys Ala Lys Asn Ser Asp Ala Lys Ile Tyr Ser
50 55 60
Val Arg Val Asp Ser Gly Asp Val Val Lys Val Ile Arg Lys Asp Asp
65 70 75 80
Lys Trp Leu Ala Val Ala
85
<210> 7
<211> 134
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 7
Met Thr Ala Thr Lys Thr Glu Lys Phe Ala Trp Asn Glu Thr Asn Ala
1 5 10 15
Ala Thr Ala Val Glu Met Tyr Glu Lys Ile Ile Ala Ser Asp Gly Leu
20 25 30
Glu Val Ala Asn Ser Gln Gly Leu Ile Asp Ile Ala Lys Ala Val Gly
35 40 45
Ala Glu Ser His Val Lys Val Arg Ser Lys Leu Val Ser Ala Lys Val
50 55 60
Tyr Gln Lys Ser Asp Lys Pro Arg Lys Val Gly Gly Gly Ser Ser Leu
65 70 75 80
Arg Lys Ala His Tyr Val Arg Val Leu Thr Gln His Ala Ile Ala Asp

85 90 95
Gly Leu Ile Asp Asp Ala Asp Gly Leu Ala Ser Leu Glu Gln Met Lys
100 105 110
Leu Asp Gln Leu Asp Val Ile Ala Arg Met Val Gly Val Gln Asp Glu
115 120 125
Val Lys Glu Ser Ala Glu
130
<210> 8
<211> 89
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 8
Met Ala Leu Ile Lys Gly Ser Val Ile Lys Leu Thr Gly Thr Val Val
1 5 10 15
Asp Glu Leu Ile Gln Thr Gly Tyr Gln Asp Asn Lys Val Met Thr Pro
20 25 30
Pro Ser Val Lys Val Pro Glu Tyr Ile Val Leu Trp Val Asn Pro Asp
35 40 45
Ala Asp Thr Phe Gly Met Ala Ile Asn Arg Glu Val Phe Lys Pro Glu
50 55 60
Met Leu Glu Leu Ser Ser Arg Glu Ile Tyr Leu Leu Asn Tyr Ala Phe
65 70 75 80
Ser Val Glu Glu Lys Glu Val Val Lys
85
<210> 9
<211> 75
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 9
Met Ile Phe Phe Pro Thr Glu Ser Leu Ile Leu Ile Ala Gly Phe Phe
1 5 10 15
Ala Ala Ala Cys Leu Tyr Gly Tyr Tyr Asn Phe Met Glu Ile Gly Ser
20 25 30
Glu Gln Thr Asp Leu Leu Arg Arg Asp Phe Trp Phe Lys Lys Ala Ser
35 40 45
Ile Cys Arg Arg Trp Ser Ile Ile Phe Ile Ile Leu Ala Val Thr Phe
50 55 60
Gly Ile Ser Ala Ser Ile Ile Pro Ala Ile Val
65 70 75
<210> 10
<211> 558
<212> PRT
<213> Unknown
<220>

<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08

<400> 10

```
Met Ile Ile Ala Ile Glu Lys Gln Lys Ala Ile Leu Thr Ala Ala Asn
1               5                  10                  15
Asn Leu Asn Phe Trp Gly Lys Arg Leu Arg Ala Lys Lys Leu Glu Ile
            20                  25                  30
Cys Asp Glu Leu Ser Lys Glu His Tyr Gly Thr Ala Lys His Ser Ser
        35                  40                  45
Glu Ile Cys Asp Trp Leu Asp Ser Asn Lys Pro Val Lys Pro Ala Ala
    50                  55                  60
Glu Lys Arg Ala Gln Arg Val Ala Val Glu Asp Ser Arg Pro Val Ala
65                  70                  75                  80
Ala Gly Gln Leu Asn Ser Ser Val Glu Ser Trp Lys Val Ile Pro Gly
                85                  90                  95
Arg Arg Phe Leu Leu Thr Ser Ile Gln Asn Asn Thr Phe Pro His Ala
            100                 105                 110
Asn Phe Trp Lys Thr Leu Gln Glu Ala Ala Lys Tyr Leu Gly Ala Thr
        115                 120                 125
Leu Leu Val Ser Lys Tyr Ala Tyr Asn Lys Lys Gly Phe Gln Asn Gly
    130                 135                 140
Gln Gly Asn Asp Glu Leu Lys Tyr Asp Asp Ala Phe Ser Asp Phe Ile
145                 150                 155                 160
Cys Asp Glu Asn Val Phe Leu Gly Asn Arg Glu Thr Gly Phe Ala Phe
                165                 170                 175
Met Ala Glu Ile Asn Ile Leu Pro Thr Ala Asp Phe Pro Leu Ser Gly
            180                 185                 190
Phe Gly Glu Thr Ala Thr Ala Tyr Gly Leu Lys Gly Leu Ala Ile Gly
        195                 200                 205
His Ala Lys Ile Thr Ala Glu Ser Val Pro Ala Met Lys Gly Asp Thr
    210                 215                 220
Val Arg Arg Met Tyr Ser Thr Gly Thr Ala Thr Leu Lys Asn Tyr Ile
225                 230                 235                 240
Gln Gln Lys Ala Gly Gln Lys Ala Glu Ala Leu His Asn Tyr Gly Ala
                245                 250                 255
Leu Leu Val Glu Ile Asp Asp Asn Gly Asn Phe Phe Ala Arg Gln Ile
            260                 265                 270
Glu Thr Met Asp Glu Ser Gly Met Phe Tyr Asp Leu Asn His Lys Phe
        275                 280                 285
Thr Val Asn Gly Gly Glu Glu Val Thr Gly His Val Ala Ala Leu Gln
    290                 295                 300
Tyr Gly Asp Ile His Ala Glu Lys Leu Asp His Ala Val Ala Phe Ala
305                 310                 315                 320
Ser Trp Gly Pro Cys Asp Asp Ser Leu Val Asn Val Leu Arg Pro Arg
                325                 330                 335
Tyr Gln Ile Val His Asp Val His Asp Phe Thr Ser Arg Asn His His
            340                 345                 350
Asn Arg Ala Ser Gly Val Phe Leu Ala Lys Gln Tyr Ala Ala Gly Arg
        355                 360                 365
```

Asp Lys Val Ile Asp Asp Leu Ile Asp Thr Gly Arg Val Leu Glu Ala
370 375 380
Met Glu Arg Glu Phe Ser Gln Thr Val Ile Val Glu Ser Asn His Asp
385 390 395 400
Leu Ala Leu Ser Arg Trp Leu Asp Asp Ser Lys Ala Asn Ile Gln Gln
405 410 415
Asp Pro Ala Asn Ala His Leu Tyr Tyr Arg Leu Asn Ala Ala Ile Tyr
420 425 430
Glu Ala Ile Glu Asn Lys Asp Asp Thr Phe Asn Val Leu Asp Tyr Ala
435 440 445
Leu Arg Asn Val Ala Gly Cys Asp Phe Ala Ala Ile Phe Leu Thr Thr
450 455 460
Asp Glu Ser Met Lys Ile Ala Gly Ile Glu Cys Gly Ser His Gly His
465 470 475 480
Asn Gly Ile Asn Gly Ala Arg Gly Asn Pro Lys Gly Phe Arg Lys Leu
485 490 495
Gly Lys Met Asn Thr Gly His Thr His Thr Pro Ser Ile Tyr Gly Gly
500 505 510
Val Tyr Thr Ala Gly Val Ala Gly Ser Leu Asp Met Gly Tyr Asn Ile
515 520 525
Gly Ala Ser Ser Trp Ser Gln Thr His Leu Ile Thr Tyr Glu Asn Gly
530 535 540
Gln Arg Thr Leu Ile Asp Phe Lys Asp Gly Val Phe Phe Ala
545 550 555

<210> 11
<211> 150
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 11

Met Lys Leu Thr Phe Ile Tyr Asn Asn Arg Lys Ser Phe Thr Ala Ser
1 5 10 15
Asn Val Val Glu Asn Ser Leu Val Ile Ser Arg Asp Ser Glu Gly Arg
20 25 30
Pro His Val Ser Tyr Gln Lys Val Asn Thr Val Asp Gly Asp Thr Val
35 40 45
Leu Lys Ala Leu Ala Ala Ile Leu Pro Arg Pro Ala Glu Phe Lys Glu
50 55 60
Ser Gly Ile Val Ser Gln Leu Val Ala Ala Asp Ser Ile Leu Tyr Glu
65 70 75 80
Ala Asp Ile Cys Glu Ile Val Glu Ile Asp Ala Ala Ala Ala Gly Leu
85 90 95
Met Phe Ile Val Val Ser Glu Asn Asp Tyr Asp Asp Thr Tyr Leu Leu
100 105 110
Gly Asp Val Met Asp Tyr Ser Ser Ser Glu Tyr Thr Pro Pro Leu Ala
115 120 125
Ile Val Pro Val Met Ala Thr Arg Ile Lys Pro Ala Glu Leu Ala Asp

130 135 140
Ala Leu Thr Leu Phe Phe
145 150
<210> 12
<211> 238
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 12
Met Ala Phe Asn Lys Leu Ala Ile Lys Ala Ile Lys Leu Trp Asp Leu
1 5 10 15
Asp Gly Thr Val Ile Asn Ser Phe Ala Arg Val Phe Pro Cys Met Asp
20 25 30
Asp Lys Gly Asn Leu Asp Leu Asn Met Tyr Arg Glu Lys Ala Cys Val
35 40 45
His Asp Ala Ile Met Thr Asp Thr Leu Leu Pro Leu Val Glu Tyr Met
50 55 60
Arg Ala Ser Leu Asn Asp Pro Thr Val Leu Asn Ile Ile Val Thr Ala
65 70 75 80
Arg Tyr Met Gly Lys Ser Asp Tyr Tyr Phe Leu Arg Lys Gln Arg Ile
85 90 95
Arg Ala Gly Arg Gly Gly Asn Ile Gln Ile Leu Ser Arg Asp Val Leu
100 105 110
His Arg Tyr Ile Gly Asp Ala Asp Tyr Lys Glu Val Tyr Tyr Ser Lys
115 120 125
Asp Gly Ile Tyr Lys Thr His Tyr Phe Glu Met Leu Lys Ala Glu Tyr
130 135 140
Pro Asn Ala Thr Ile Thr Met Ile Asp Asp Asn Arg Gly Val Leu Ala
145 150 155 160
Ala Ala Ala Ala Ala Gly Leu Gln Thr Met Asp Ala Thr Ala Ile Asn
165 170 175
Asp Ile Leu Ser Ile Gly Val Arg Leu Ala Gly Glu Ser Phe Ile Asp
180 185 190
Glu Ala Leu Asp Asp Asp Asn Asp Tyr Gln Tyr Leu Cys Glu Arg Leu
195 200 205
Ala His Cys Trp Glu Gly Met Thr Glu Glu Glu Arg Ser Asp Tyr Gly
210 215 220
Ile Lys Pro Gln Gln Phe Ile Gln Ser Leu Ala Ile Ala Ser
225 230 235
<210> 13
<211> 153
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 13
Met Thr Ile Val Leu Ile Phe Thr Thr Phe Phe Phe Leu Ala Ala Val

1 5 10 15
Trp Phe Gly Val Arg Ala His Asp Leu Arg Asn Ala Val Val Ala Ala
20 25 30
Asp Leu Arg Asn Lys Ser Leu His Gln Glu Ile Leu Gln Thr Arg Ala
35 40 45
Glu Arg Gln Val Ala Ile Ser Lys His Gln Arg Val Met Asn Asp Leu
50 55 60
Arg Asn Asp Pro Ser Asn Pro Tyr Tyr Ile Pro Pro Val Thr Pro Gln
65 70 75 80
Val Ala Lys Arg Lys Gln Lys Arg Ala Gly Ser Asp Asn Ser Arg Lys
85 90 95
Val Ser Gly Ser Pro Ser Ser Asn Ser Gly Ser Ser Arg Ser Asp Asp
100 105 110
Gly Ser Thr Ala Ala Ile Ile Ala Thr Thr Ala Ala Val Ala Thr Tyr
115 120 125
Ser Gly Tyr Asp Ser Gly Ser Ser Tyr Cys Asp Ser Gly Ser Ser Ser
130 135 140
Ser Ser Phe Asp Ser Gly Cys Ser Phe
145 150

<210> 14
<211> 74
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 14
Met Glu Val Val Ile Gly Ala Leu Val Leu Leu Ser Ile Val Leu Phe
1 5 10 15
Val Ile Thr Val Lys Gln Gly Lys Ala Ile Lys Gln Leu Glu Arg Thr
20 25 30
Asn Gly Val Leu Gln Lys Ser Tyr Asp Asn Gln Thr Arg Leu Leu His
35 40 45
Lys Ala Gln Leu Asn Leu Ser Glu Cys Lys Ala Glu Leu Glu Ser Ala
50 55 60
Asn Lys Ile Tyr Ile Thr Lys Gly Met Val
65 70

<210> 15
<211> 658
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 15
Met Gly Phe Tyr Ala Gly Arg Ile Gly Asp Lys Lys Val Leu Ser Leu
1 5 10 15
Thr Ser Gly Asn Asn Lys Asp Val Asn Asn His Thr Asn Pro Gly Trp
20 25 30
Asp Thr Ile Phe His Ser Asp Met Pro His Val Val Val Leu Glu Thr

```
         35                  40                  45
His Glu Arg Asp Leu Trp Asp Gly Gly Asp Trp Tyr Arg Cys Thr Arg
     50                  55                  60
Met Pro Asp Arg Ile Ile Gln Val Leu Ser Ala Asp Tyr Asp Arg Val
65                  70                  75                  80
Val Leu Thr Glu Val Glu Phe Glu Asp Gly Thr Arg Arg Phe Ile Tyr
                85                  90                  95
Gly Thr Ser Leu Gly Val Gly Ala Lys Ala Tyr Asn Ala Tyr Phe Ser
            100                 105                 110
Asn Thr Val Gly Ser Gln Ala Ser Ala Gly Thr Met Ala Ser Met Lys
        115                 120                 125
Thr Asn Val Cys Ala Ser Ala Asp Leu His Met Asp Ile Ser Phe Tyr
    130                 135                 140
Phe Glu Glu Thr Pro Gly Thr Ile Asn Glu Lys Leu Arg Asp Gly Thr
145                 150                 155                 160
Gly Cys Met Tyr Thr Trp Gly Val Asn Ser Glu Trp Gly Asp Arg Gly
                165                 170                 175
Pro Gly Pro Pro Val Gly Ala Pro Ile Arg Pro Asn Phe Glu Thr Ile
            180                 185                 190
Ile Lys Ala Gly Trp Val Leu Tyr Arg Gly Ala Phe Ser Gly Asn Ile
        195                 200                 205
Ala Gly Ser Val Ser Pro Pro Asn Arg Pro Leu Thr Ile Gly Val Asp
    210                 215                 220
Ala Met Arg His Pro Trp Met Arg Thr Thr Gly Val Asn Ser Ile Cys
225                 230                 235                 240
Leu Arg Gly Glu Thr Leu Asn Arg Asn Met Tyr Gly His Met Gly Pro
                245                 250                 255
Arg Tyr Gly Gln Ser Ser Asn Pro Val Gly Gly Pro Tyr Ala His Asn
            260                 265                 270
Ile Gln Thr Glu Ser Tyr Gln Glu Val Gln Tyr Lys Ala Gly Phe Phe
        275                 280                 285
Arg Gly Pro Pro Asn Asn Phe Met Gly Trp Glu Asn Thr Asp Asn Asn
    290                 295                 300
Asn Ala Gly Ser Gly Trp Gly Asn Asn Ala Ile Tyr Arg Asp Asn Asn
305                 310                 315                 320
Phe Arg Val Pro Lys Arg Val Arg Trp Tyr Ile Thr Asn Met Lys Tyr
                325                 330                 335
Asn Gly Gln Gly Phe Tyr Ala Glu Asn Val Phe Gly Ser Arg Asn Gln
            340                 345                 350
Glu Ile Lys Ile Ser Pro Arg Glu Phe Ile Val Asn Gly Ile Asn Leu
        355                 360                 365
Met Asn Thr Gly Trp Lys Phe Ile Asn Gln Asn Asp Ile Asn Tyr Ser
    370                 375                 380
Pro Gly Asn Arg Pro Asp Ile Arg Val Ile Ala Thr Asn Val Ala Arg
385                 390                 395                 400
Phe Ser Gly Asn Pro Thr Val Gly Asn Asn Gly Tyr Val His Phe Asn
                405                 410                 415
Gln Pro Leu Thr Arg Pro Asp Asn Gly Ala Glu Phe Gly Gln Gly Asn
```

420 425 430
Val Ser Glu Met His Val Thr Thr Val Gly Val Tyr Asn Phe Arg Ser
435 440 445
Asp Ala Gln Trp Tyr Val Lys Ser Asn Pro Pro Glu Ile Gly Asn Gln
450 455 460
Trp Gly Pro Val Trp Ser Glu Ser Thr Arg Pro Leu Arg Leu Val Gly
465 470 475 480
Gly Thr Gly Ser Ala Asp Ile Gly Gly Asn Leu Arg Thr Ser Gly Asn
485 490 495
Ala Ser His His Leu Ala Thr Leu Trp Leu Gly Val Asn Asn Ser Arg
500 505 510
Asn Gly Ala Cys Val Val Thr Leu Asp Trp Lys Asn Asp Glu Trp Ile
515 520 525
Ala Ala Ala Gly Ile Gly Cys Tyr Asn Pro Leu Glu Asp Leu Thr Gln
530 535 540
Trp Ser Glu Val Asp Ser Arg Leu Arg Ile Phe Gly Asn His Phe Gln
545 550 555 560
Lys Arg Val His Gln Ile Met Cys Leu Pro Val Asn Met Cys Val Pro
565 570 575
Phe His Phe Ile Arg Gly Thr Val Thr Gln Cys Gly Val Ile Pro Gly
580 585 590
Asn Asn Ala Met Gln Met Lys Ala Met Trp Ala Pro Thr Thr Thr Asn
595 600 605
Ser Ala Thr Gln Gly Asp Tyr Ala Ile Ile Tyr Trp Leu Ile Ala Arg
610 615 620
Ala Asp Gly Ser Val Glu Val Trp Val Asn Val Glu Met Ser Asn Ile
625 630 635 640
Met Asn Met Arg Val Ile Leu Pro Glu Val Arg Ile Ala Val Gln Arg
645 650 655
Leu Ala
<210> 16
<211> 157
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 16
Met Ser Asn Asp Leu Ile Val Pro Asp Thr Met Ser Pro Glu Gly Met
1 5 10 15
Leu Val Ile Glu Ala Tyr Leu Glu Ser Gly Ser Asp Val Ala Lys Ala
20 25 30
Ala Leu Ala Val Gly Met Glu Glu Pro Lys Phe Arg Glu Ile Met Arg
35 40 45
Lys Pro Glu Val Lys Ala Tyr Leu Thr Asp Ile Phe Met Glu Ser Gly
50 55 60
Phe Arg Asn Arg Asp Lys Phe Phe Gly Ile Leu Asp Thr Val Leu Thr
65 70 75 80
Met Lys Met Glu Glu Leu Asp Glu Thr Gly Met Gly Ser Glu Met Asp

85 90 95

Ile Met Asp Ile Leu Lys Leu Met His Lys Met Lys Met Asp Glu Met
100 105 110

Lys Met Gln Ile Glu Tyr Glu Lys Val Lys Gln Ala Lys Ala Pro Ile
115 120 125

His Gln Asn Asn Thr Gln Ile Asn Leu Ala Gly Gly His Asp Ser Asn
130 135 140

Tyr Thr Asp Leu Leu Ser Arg Ile Val Gly Ala Gly Lys
145 150 155

<210> 17
<211> 438
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 17

Met Glu Ile Ser Arg Ser Tyr Ile Asn Thr Thr Asp Val Val Asp Phe
1 5 10 15

Gly Val Asp Lys Arg Phe Phe Lys Phe Pro Val Ser Gly Leu Leu Ala
20 25 30

Thr Glu Gly Ile Val Pro Asn Gly Pro Gln Cys Ala Ile Ile Asn Ala
35 40 45

Leu Glu Asp Pro Arg His Arg Phe Val Thr Ala Cys Val Ser Arg Arg
50 55 60

Val Gly Lys Ser Phe Ile Ala Tyr Thr Leu Gly Phe Leu Lys Leu Leu
65 70 75 80

Glu Pro Asn Val Lys Val Leu Val Val Ala Pro Asn Tyr Ser Leu Ala
85 90 95

Asn Ile Gly Trp Ala Gln Ile Lys Gly Leu Ile Lys Lys Tyr Gly Leu
100 105 110

Gln Thr Glu Arg Glu Asn Ala Lys Asp Lys Glu Ile Glu Leu Ala Asn
115 120 125

Gly Ser Leu Phe Lys Leu Ala Ser Ala Ala Gln Ala Asp Ser Ala Val
130 135 140

Gly Arg Ser Tyr Asp Phe Ile Ile Phe Asp Glu Ala Ala Ile Ser Asp
145 150 155 160

Val Gly Gly Asp Ala Phe Asp Ile Gln Leu Arg Pro Thr Leu Asp Lys
165 170 175

Pro Asn Ser Lys Ala Leu Phe Ile Ser Thr Pro Arg Gly Gly Asn Trp
180 185 190

Phe Lys Arg Phe Tyr Glu Gln Gly Phe Arg Glu Asp Leu Pro Gln Trp
195 200 205

Val Ser Ile His Gly Thr Tyr Arg Asp Asn Pro Arg Val Ser Leu Ala
210 215 220

Asp Ile Glu Glu Ala Arg Lys Thr Val Ser Lys Asn Tyr Phe Lys Gln
225 230 235 240

Glu Tyr Glu Ala Asp Phe Ser Val Phe Glu Gly Gln Ile Tyr Asp Thr
245 250 255

Phe Ser Val Ser Glu His Val Gln Asp Leu Ala Gly Met Gly His Phe
260 265 270
Phe Ala Ala Asp His Glu Phe Glu Thr Ile Leu Gly Ile Asp Val Gly
275 280 285
Tyr Arg Asp Pro Thr Ala Val Leu Thr Ile Lys Tyr His Tyr Asp Gln
290 295 300
Asp Val Tyr Tyr Ile Leu Glu Glu Tyr Gln Gln Ala Glu Lys Thr Thr
305 310 315 320
Ala Gln His Ala Met Tyr Ile Gln His Cys Ile Asp Arg Tyr Asn Val
325 330 335
Asp Arg Ile Phe Val Asp Ser Ala Ala Ala Gln Phe Arg Gln Asp Leu
340 345 350
Ala Tyr Glu His Glu Ile Ser Ser Ala Pro Ala Lys Lys Ser Val Leu
355 360 365
Asp Gly Leu Ala Cys Leu Ala Ala Leu Phe Gln Gln Gly Lys Ile Ile
370 375 380
Val Asp Ala Ser Cys Thr Ala Leu Ile His Ala Leu Gln Asn Tyr Lys
385 390 395 400
Trp Asp Phe Gln Glu Gly Glu Glu Lys Leu Ser Arg Glu Lys Pro Arg
405 410 415
His Asp Ala Asn Ser His Leu Cys Asp Ala Leu Arg Tyr Gly Ile Tyr
420 425 430
Ser Ile Ser Arg Gly Lys
435

<210> 18
<211> 160
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 18
Leu Ala Ser Asn Val Lys Tyr Lys Arg Asp Ala Ile Ser Ile Met Arg
1 5 10 15
Asp Gly Ile Lys Ala Gln Tyr Lys Arg Gly Asn Cys Cys Ala Ile Cys
20 25 30
Asp Ser Gln Glu Asn Leu Glu Leu His His Tyr Ser Thr Val Ala Leu
35 40 45
Leu Val Lys Asn Phe Ala Lys Glu Phe Gln Leu Asp Phe Thr Asp Ser
50 55 60
Glu Val Val Leu Ser Asn Arg Asp Lys Phe Tyr Lys His Tyr Trp His
65 70 75 80
Glu Leu Val Glu Asp Thr Val Thr Leu Cys Val Phe His His Gln Thr
85 90 95
Leu His Lys Val Tyr Thr Lys Glu Pro Pro Leu Phe Ser Ala Asn Lys
100 105 110
Gln Lys Ile Trp Val Glu Lys Gln Arg Glu Arg Cys Met Asn Pro Glu
115 120 125
Ala Pro Arg Thr Ser Asn Thr Gly Glu Arg Ser Gly Phe Ala Lys Trp

130 135 140
Leu Pro Thr Asp Val Lys Thr Glu Lys Ser Gly Phe Ala Arg Phe Leu
145 150 155 160
<210> 19
<211> 403
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 19
Met Ala Ile Arg Asp Trp Leu Val Thr Lys Leu Asn Arg Gly Gln Arg
1 5 10 15
Ile Ile Arg Asp Leu Glu Asp Val Ser His Arg Thr Asn Val Lys Pro
20 25 30
Phe Thr Thr Gly Lys Ala Tyr Ser Ser Ile Glu Ile Leu Asn Arg Ser
35 40 45
Ala Asn Met Val Ile Asp Ser Ala Ala Glu Cys Ser Tyr Thr Val Gly
50 55 60
Glu Gln Tyr Lys Thr Ile Thr Thr Tyr Gly Thr Ile Arg Ser Lys Thr
65 70 75 80
Leu Glu Thr Leu Leu Asn Val Arg Pro Asn Pro Tyr Met Asp Ser Ser
85 90 95
Thr Phe Arg Arg Leu Ile Val Ser Asp Leu Leu Phe Glu Gly Cys Ala
100 105 110
Tyr Ile His Trp Asp Gly Ser Ser Leu Tyr His Leu Pro Ala Ala Leu
115 120 125
Met Glu Val Lys Ala Asp Asp Lys Lys Phe Val Asn Lys Phe Val Phe
130 135 140
Asn Asn Met Ile Asp Tyr Arg Val Asp Glu Ile Ile Phe Ile Lys Asp
145 150 155 160
Asn Gly Gln Asn Gly Gly Ile Asn Ser Gln Ile Thr Gly Gln Ser Arg
165 170 175
Val Ala Thr Val Ile Asn Ser Leu Thr Lys Arg Glu Lys Met Leu Glu
180 185 190
Phe Lys Glu Lys Phe Leu Asp Asn Gly Thr Val Ile Gly Leu Ile Leu
195 200 205
Glu Thr Asp Glu Ile Leu Asn Lys Lys Leu Arg Glu Arg Lys Gln Glu
210 215 220
Glu Leu Gln Leu Asp Tyr Asn Pro Ser Thr Gly Gln Ser Thr Val Leu
225 230 235 240
Ile Leu Asp Gly Gly Met Lys Ala Lys Pro Tyr Ser Gln Ile Ser Ser
245 250 255
Phe Lys Asp Leu Asp Phe Glu Asn Asp Ile Ala Arg Phe Asn Lys Asp
260 265 270
Val Cys Ile Ala Leu Gly Val Pro Gln Leu Leu Ile Asp Gly Gly Asn
275 280 285
Asn Ala Asn Ile Arg Pro Asn Ile Glu Leu Phe Tyr Tyr Met Thr Ile
290 295 300

Val Pro Met Leu Asn Lys Val Cys Ser Ser Leu Thr Phe Phe Phe Gly
305 310 315 320
Phe Lys Val Thr Pro Asn Thr Lys Asp Val Val Ala Leu Thr Pro Asp
325 330 335
Lys Glu Lys Glu Ala Lys Phe Val Thr Ala Leu Val Asn Asn Gly Ile
340 345 350
Leu Thr Gly Asn Glu Gly Arg Ile Glu Leu Gly Tyr Glu Glu Leu Ala
355 360 365
Asp Glu Gln Met Lys Lys Ile Arg Ile Pro Ala Asn Val Ala Gly Ser
370 375 380
Ala Thr Gly Val Ser Gly Gln Glu Gly Gly Ala Pro Asn Lys Asp Glu
385 390 395 400
Glu Lys Gln

<210> 20
<211> 239
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 20

Met Ile Asp Tyr Lys Ala Leu Lys Ala Leu Phe Pro Asn Gly Leu Pro
1 5 10 15
Glu Ala His Asn Val Phe Ala Thr Val Lys Ala His Leu Thr Tyr Gln
20 25 30
Ile Leu Arg Lys Glu Tyr Gly Tyr Ala Ala Thr Asn Ser Lys Thr Trp
35 40 45
Asp Gln Phe Lys Glu Ala Tyr Ala Glu Ala Thr Lys Pro Val Pro Val
50 55 60
Ala Ser Val Ser Ile Thr Gly Ala Pro Ala Ser Leu Asp Tyr Thr Lys
65 70 75 80
Thr Val Gln Leu Ala Ala Thr Val Leu Pro Thr Asn Ala Asp Asn Lys
85 90 95
Thr Val Thr Trp Lys Thr Ser Asp Ala Thr Leu Ala Thr Val Ser Ser
100 105 110
Thr Gly Leu Val Thr Ala Leu Ser Lys Ala Gly Thr Val Lys Ile Thr
115 120 125
Ala Thr Ala Gly Gly Lys Ser Ser Glu Val Ser Ile Gln Val Lys Ala
130 135 140
Pro Val Val Ala Val Thr Gly Val Thr Met Ser Pro Lys Thr Ile Thr
145 150 155 160
Ile Glu Ala Gly Lys Thr Gly Lys Leu Thr Gly Thr Val Ala Pro Ala
165 170 175
Asn Ala Thr Asn Lys Ser Val Thr Tyr Thr Ser Ala Asp Thr Thr Lys
180 185 190
Ala Thr Val Ala Ala Asp Gly Thr Val Thr Val Pro Ala Asn Leu Ala
195 200 205
Ala Asp Ser Thr Val Val Ile Thr Val Lys Thr Ala Asp Gly Asn Lys
210 215 220

Thr Asp Thr Ala Ile Val Thr Val Lys Val Pro Thr Ala Gly Val
225 230 235

<210> 21
<211> 198
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 21

Met Gln Asn Ile Asn Leu Asn Ala Glu Ile Lys Ser Val Lys Ala Val
1 5 10 15
Gly Glu Gly Asp Asn Pro Pro Leu Lys Ile Lys Gly Tyr Ala Asn Thr
20 25 30
Ile Thr Lys Asp Arg Ala Gly Asp Val Ile Leu Ser Glu Ala Trp Thr
35 40 45
Thr Ser Asn Ala Leu Lys Asn Phe Met Lys Asn Pro Ile Met Leu Phe
50 55 60
Gly His Asn His Ser Arg Pro Ile Gly Lys Ile Leu Asp Leu Val Pro
65 70 75 80
Thr Glu Ser Gly Leu Met Val Glu Gly Glu Val Ser Ala Ala Asp Leu
85 90 95
Gln Ile Tyr Ser Leu Ile Arg Asp Glu Val Leu Lys Thr Phe Ser Val
100 105 110
Gly Phe Tyr Ile Lys Asp Ala Glu Trp Asp Asp Met Thr Glu Thr Phe
115 120 125
Ile Ile Lys Asp Leu Glu Leu Leu Glu Ile Ser Val Val Ser Val Pro
130 135 140
Cys Asn Gln Asp Ser Thr Phe Ser Leu Ser Lys Ser Val Asn His Asn
145 150 155 160
Asp Tyr Met Glu Leu Arg Lys Ser Phe Val Lys Ser Ser Gln Val Gln
165 170 175
Pro Val Glu Gln Pro Glu Leu Ser Asn Leu Glu Lys Phe Leu Val Ala
180 185 190
Ala Gly Tyr Ala Lys Gly
195

<210> 22
<211> 460
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 22

Met Ser Tyr Asp Ile Ala Gln Leu Ser Lys Asp Leu Gly Leu Gly Asp
1 5 10 15
Ile Ala Glu Gln Leu Lys Gly Leu Thr Ala Ser Gln Lys Ala Glu Glu
20 25 30
Ala Arg Lys Phe Ala Ala Glu Gln Glu Ala Lys Glu Leu Lys Arg Met
35 40 45

Glu Asp Leu Val Ala Lys Ala Thr Gly Glu Asp Arg Lys Asn Leu Ala
50 55 60
Glu Ala Leu Glu Leu Val Lys Asn Leu Asp Glu Lys Ser Lys Gln Ser
65 70 75 80
Ala Glu Ala Phe Val Lys Ala Met Asn Ser Gln Gln Glu Glu Ile Thr
85 90 95
Gly Leu Lys Glu Glu Ile Lys Ser Leu Leu Ala Ala Arg Glu Asn Gly
100 105 110
Arg Ser Phe Val Ala Asp Gly Val Ala Lys Ala Met Phe Gly Lys Gln
115 120 125
Glu Asp Phe Glu Asp Glu Val Glu Lys Leu Val Leu Leu Ser Tyr Val
130 135 140
Met Gln Lys Asp Val Phe Gly Thr Lys Arg Gly Glu Ala His Leu Lys
145 150 155 160
Ala Val Asn Gly Ser Ser Ser Ile Glu Val Ser Thr Glu Ala Tyr Glu
165 170 175
Thr Ile Phe Ser Leu Arg Ile Leu Arg Asp Ile Gln Ala Lys Leu Ile
180 185 190
Ile Gly Thr Met Phe Glu Glu Leu Pro Met Ser Ser Lys Leu Leu Thr
195 200 205
Met Met Val Glu Pro Glu Ala Gly Glu Ala Ser Trp Val Asp Ala Ser
210 215 220
Thr Tyr Gly Thr Pro Ala Thr Val Gly Ala Glu Asp Lys Thr Lys Leu
225 230 235 240
Ser Glu Ile Thr Phe Lys Thr Tyr Lys Leu Ala Ala Lys Ala Tyr Met
245 250 255
Thr Asp Glu Thr Glu Glu Asp Ala Ile Phe Thr Leu Leu Pro Ile Met
260 265 270
Arg Arg Arg Leu Ile Glu Ala His Ala Ile Ala Ile Glu Lys Ala Phe
275 280 285
Leu Thr Gly Thr Gly Ala Ala Gly Thr Pro Lys Gly Leu Ile Gln Phe
290 295 300
Ala Lys Asp Asp Gly Lys Val Val Ala Thr Thr Ala Lys Ala Asp Gly
305 310 315 320
Ser Val Lys Val Thr Ala Lys Glu Ile His Lys Leu Arg Arg Ser Leu
325 330 335
Gly Arg His Gly Leu Asp Leu Asn Lys Leu Ala Leu Val Val Ser Met
340 345 350
Asp Ala Tyr Tyr Asp Leu Ile Glu Asp Glu Glu Phe Gln Asp Val Ala
355 360 365
Gln Val Thr Ala Thr Thr Ala Ile Lys Leu Gln Gly Gln Val Gly Arg
370 375 380
Ile Tyr Gly Leu Pro Val Leu Val Ser Glu Phe Phe Pro Ala Lys Ala
385 390 395 400
Ala Ser Ala Glu Phe Cys Val Val Val Tyr Arg Asp Asn Phe Ile Val
405 410 415
Pro Arg Gln Arg Ala Ile Thr Val Glu Lys Glu Arg Gln Ala Glu Arg
420 425 430

Gln Arg Asp Ala Tyr Tyr Val Thr Gln Arg Leu Asn Leu Met Arg Phe
435 440 445
Phe Glu Asn Gly Val Val Ala Gly Ala Tyr Ala Ala
450 455 460

<210> 23
<211> 170
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 23
Met Gln Phe Met Thr Asp Ser Asp Trp Arg Thr Tyr Gly Gly Leu Lys
1 5 10 15
Arg Pro Asp Leu Glu Ser Asn Ile Pro Met Leu Ile Lys Ala Ala Asn
20 25 30
Ala Leu Ile Thr Gln Leu Leu Gly Ile Asp Asp Thr Ala Asn Val Val
35 40 45
Asp Val Leu Pro Thr Lys Pro Ala Arg Lys Lys Tyr Phe Leu Ser Ser
50 55 60
Pro Val Pro Ser Thr Ile Thr Lys Ile Thr Ile Asn Asp Gln Glu Ile
65 70 75 80
Asp Lys Ser Gln Tyr Lys Asn Tyr Pro Asp Gly Thr Leu Leu Leu Lys
85 90 95
Phe Ser Pro Pro Glu Gly Tyr Met Glu Val Glu Phe Thr Gln Thr Gly
100 105 110
Phe Thr Ser Ile Pro Asp Asp Leu Val Leu Ala Ala Cys Phe Leu Val
115 120 125
Asp His Trp Val Lys Lys Asp Tyr Arg Glu Ser Arg Thr Phe Gly Gly
130 135 140
Glu Thr Val Thr Phe Asn Thr Thr Lys Ser Gly Val Pro Glu His Ile
145 150 155 160
Arg Thr Ile Ile Glu Val Tyr Arg Arg Leu
165 170

<210> 24
<211> 253
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 24
Val Ala Leu Gly Asp Leu Ala Arg Gln Ile Val Lys Glu Gln Leu Asp
1 5 10 15
Ile Met Ser Gly Gly Ser His Ser Thr Lys Asn Thr Val Ile Tyr Ser
20 25 30
Ala Glu Thr Met Asp Asn His Lys Asp Gly Thr Ile Gly Lys Val Ser
35 40 45
Phe Arg Phe Thr Lys Pro Val Ser Glu Asp Leu Leu Asn Val Arg Thr
50 55 60

Ser Ser Ile Leu Lys Ala Val Ser Ser Ser Leu Asn Leu Glu Gly Asp
65 70 75 80
Val Gly Val Ile Asp Asn Leu Leu Asn Ser Ile Thr Gly Lys Lys Ser
85 90 95
Lys Ile Gly Arg Lys Arg Ser Thr Gly Arg Val Glu Val Asn Phe Gly
100 105 110
Asp Pro Ser Asp Ala Asp Asn Gly Tyr Ala Gly Ala Ile Ser Gly Ala
115 120 125
Ser Gly Arg Phe Val Ser Asn Thr Asn Leu Arg Ala Leu Leu Glu Leu
130 135 140
Val Ala Lys Glu Tyr Leu Val Lys Asp Met Lys Lys Ala Gly Ala Pro
145 150 155 160
Leu Lys Phe Arg Thr Gly Arg Phe Ala Asn Ser Leu Lys Ile Lys Asp
165 170 175
Val Leu Leu Arg Glu Asp Ala Gly Ala Lys Thr Pro Asp Leu Asn Ile
180 185 190
Thr Tyr Asn Tyr Met Leu Lys Pro Tyr Ser Val Phe Asn Pro Ala Val
195 200 205
Ser Thr Tyr Arg Gly Leu Ser Leu Arg Pro Phe Pro Gly Ala Arg Asn
210 215 220
Pro Gln Lys Leu Ile Gly Glu Ala Ile Ala Lys Ala Ala Arg Asp Leu
225 230 235 240
Ile His Ser Arg Tyr Arg Ile Arg Val Asn Gln Gly Thr
245 250

<210> 25
<211> 161
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 25
Met Asn Tyr Arg Thr Ser Ile Ala Asp Ala Leu Val Glu Arg Leu Lys
1 5 10 15
Lys Asp Met Asp Gly Ser Asn Pro Thr Glu Phe Phe Thr Asn Met Tyr
20 25 30
Gly Asn Val Ser Arg Gln Thr Tyr Ser Phe Glu Gln Ile Asn Glu Phe
35 40 45
Pro Tyr Ile Ala Val His Val Gly Thr Glu Thr Gly Asn Tyr Leu Pro
50 55 60
Ser Ala Gln Gln Trp Val Tyr Leu Glu Ile Pro Ile Leu Ile Tyr Asp
65 70 75 80
Lys Glu Lys Asp Asp Ile Asn Met Gln Leu Glu Lys Leu Ile Ala Asp
85 90 95
Val Lys Thr Ser Ile Asp Thr Gly Gly Asn Leu Gln Tyr Thr Ile Met
100 105 110
Lys Pro Asp Gly Ser Thr Ile Asp Ser Glu Ala Thr Asp Met Gln Ile
115 120 125
Thr Ser Val Ser Thr Asp Glu Gly Ile Leu Ser Pro Phe Gly Phe Ala

130 135 140

Gln Val Asn Val Thr Val Arg Tyr Met Pro Leu Arg Arg Ala Leu Asp
145 150 155 160
Arg

<210> 26
<211> 375
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 26

Met Ser Val Gln Leu Leu Arg Asn Thr Arg Ile Phe Val Ser Thr Val
1 5 10 15
Thr Thr Gly Phe Thr Lys Ala Asn Thr Gln Glu Ile Leu Val Gln Asp
20 25 30
Asp Val Ser Trp Ser Gln Asp Ser Asn Ser Thr Asp Ile Thr Leu Asn
35 40 45
Glu Ala Gly Pro Lys Pro Thr Arg Gly Ser Gln Arg Phe Asn Asp Ser
50 55 60
Leu Asn Ala Ala Glu Trp Ser Phe Ser Thr Tyr Ile Leu Pro Tyr Asp
65 70 75 80
Asp Ala Gly Lys Gln Ile Leu Pro Asp Tyr Leu Leu Trp His Gly Leu
85 90 95
Ala Thr Gly Ala Ala Val Asn Leu Ala Gly Thr Thr Gly Val Phe Gln
100 105 110
Asn Ala Thr Asn Leu Val Val Asn Phe Lys Asp Asn Gly Tyr His Glu
115 120 125
Leu Ala Met Leu Asn Ile Tyr Ile Leu Thr Asp Ser Ser Trp Ser Val
130 135 140
Ile Arg Asn Cys Gln Val Gly Gln Ala Glu Val Asn Val Asp Ile Asp
145 150 155 160
Asp Ile Gly Arg Val Thr Trp Ser Gly Asn Gly Thr Arg Leu Glu Thr
165 170 175
Leu Ala Ser Gln Pro Phe Asp Pro Lys Thr Ile Gly Ile Asp Asp Ala
180 185 190
Leu Tyr Ala Lys Ile Gln Ser Ser Tyr Ile Lys Asn Lys Leu Thr Ile
195 200 205
Leu Lys Leu Lys Asn Asn Ala Thr Gly Gly Lys Thr Tyr Asn Ile Pro
210 215 220
Ile Thr Gly Gly Ser Phe Thr Met Asn Asn Asn Val Thr Tyr Leu Thr
225 230 235 240
Pro Asn Ile Met Ser Arg Val Asp Val Pro Ile Gly Ser Phe Thr Gly
245 250 255
Ser Phe Glu Leu Thr Gly Ser Leu Thr Ala Tyr Met Asn Asp Ala Ala
260 265 270
Asn Gly Ser Ile Gln Leu Tyr Lys Asp Leu Val Ser Asp Leu Lys Ala
275 280 285
Val Asn Asp Phe Glu Val Ala Ile Ile Leu Gly Gly Glu Tyr Asp Thr

290 295 300
Ala Arg Pro Ala Ala Val Leu Val Ala Lys His Ala Asn Leu Asn Ile
305 310 315 320
Pro Ser Ile Glu Thr Asp Asp Val Leu Gly Val Ser Ile Glu Phe Lys
325 330 335
Ala Ile Pro Thr Gln Met Asp Ala Gly Asp Glu Gly Tyr Leu Gly Phe
340 345 350
Ser Ser Lys Tyr Thr Lys Thr Ser Ile Ala Lys Leu Ile Ser Ser Gly
355 360 365
Asp Gly Asn Pro Val Thr Pro
370 375

<210> 27
<211> 295
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 27

Met Leu Tyr Ser Leu Met Arg Glu Ser Arg Val Val Ile Glu Tyr Asp
1 5 10 15
Gly Arg Ala Tyr Gly Phe Asp Ala Leu Ser Asp Tyr Thr Ala Gly Thr
20 25 30
Ser Tyr Glu Glu Phe Lys Ala Asn Arg Arg Thr Ile His Arg Arg Ser
35 40 45
Asn Tyr Ala Tyr Ser Lys Ile Thr Ala Gln Ser Pro Ser Ser Ile Ser
50 55 60
Leu Thr Leu Asn Phe Ser Ser Asn Ala Leu Glu Gly Leu Phe Phe Glu
65 70 75 80
Leu Met Gly Phe Ile Glu Ile Asp Gly Met Tyr Gln Met Pro Leu Phe
85 90 95
Ser Asn Asn Ile Glu Pro Lys Met Phe Ser Val Tyr Ile Ile Asn Lys
100 105 110
Asn Thr Ser Leu Arg Phe Asp Asn Cys Phe Ala Thr Thr Cys Asp Phe
115 120 125
Ser Leu Asp Lys Ser Val Pro Val Leu Asn Val Gly Ile Glu Ser Gly
130 135 140
Tyr Phe Glu Glu Val Gly His Pro Leu Asn Ser Tyr Thr Leu Asp Gln
145 150 155 160
Gly Glu Val Leu Pro Phe Ser Leu Pro Gln Val Ser Ser Asn Gly Arg
165 170 175
Val Leu Pro Gly Leu Met Ser Ala Gly Met Ser Phe Gln Gln Gln Cys
180 185 190
Glu Trp Arg Gly Asp Arg Ser Leu Phe Asp Ile Asn Lys Ile Tyr Asn
195 200 205
Asn Arg Arg Ala Ile Val Asn Glu Leu Asn Ser Ser Ala Leu Ile Ser
210 215 220
Met Tyr Tyr Ala Lys Ser Leu Gln Ile Asp Ser Thr His Asn Ile Lys
225 230 235 240

Pro Asp Ile Gly Leu Pro Val Gln Ile Arg Asn Lys Tyr Ile Val Val
245 250 255
Asp Phe Pro Ser Thr Arg Ile Thr Lys Arg Leu Asp Leu Thr Asp Val
260 265 270
Tyr Lys Ile Asp Tyr Asp Val Ile Pro Thr Glu Gln Ser Asp Pro Val
275 280 285
Arg Ile Lys Leu Ile Gly Glu
290 295

<210> 28
<211> 140
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 28
Met Ser Ile Asn Leu Lys Asp Ile Ala Leu Asp Thr Lys Gln Ile Thr
1 5 10 15
Ile Ala Tyr Pro Gly Leu Pro His Phe Lys Leu Lys Val Asn Tyr Val
20 25 30
Ser Arg Lys Leu Ser Lys Lys Ile Leu Glu Ala Ala Gln Glu Asn Gln
35 40 45
Phe Val Asn Gly Ile Ala Val Lys Val Gln Asn Asp Asp Lys Phe Ala
50 55 60
Glu Glu Phe Val Lys Val Ala Ile Ala Gly Trp Glu Gly Leu Thr Val
65 70 75 80
Ala Asp Val Glu Lys Leu Met Leu Ile Glu Val Pro Glu Asp Arg Leu
85 90 95
Glu Asp Lys Val Glu Phe Ser Ile Asp Asn Ala Met Met Leu Val Arg
100 105 110
Asn Ser Ser Ala Phe Glu Thr Trp Met Asn Ser Thr Val Phe His Leu
115 120 125
Asp Thr Phe Arg Gly Ser Lys Ser Glu Pro Thr Ala
130 135 140

<210> 29
<211> 108
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 29
Met Cys Glu Ser Leu Gly Glu Glu Pro Asn Pro Glu Val Leu Lys Arg
1 5 10 15
Phe Val Glu Ile His Asp Phe Pro Glu Ile Ala Gln Thr Ala Leu Thr
20 25 30
Ile Tyr Asn Asn Leu Ser Asp Asn Tyr Ile Pro Gly Asp Tyr Pro Thr
35 40 45
Tyr Leu Gly Lys Asp Lys Ser Ala Leu Leu Val Phe Phe Asp Ile Tyr
50 55 60

Gly Val Glu Asp Ala Asp Glu Lys Ser Leu Ile Leu Gln Ile Ile Asn
65 70 75 80
Ile Phe Asp Ser His Ala Val Ala Ala Ser Arg Lys Arg Val Glu Ala
85 90 95
Ala Ile Lys Lys Ser Lys Met Lys Ser Ser Ser Arg
100 105

<210> 30
<211> 1692
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 30

Met Thr Asp Arg Leu Ile Arg Glu Leu Leu Val Asp Ile Lys Gln Arg
1 5 10 15
Gly Gly Ser Lys Ala Ala Lys Gln Ile Arg Asp Val Glu Ala Ala Leu
20 25 30
Asp Gly Ala Ala Gln Ser Ser Glu Gly Leu Asn Thr Ser Leu Gly Lys
35 40 45
Leu Pro Gly Ser Phe Thr Ala Leu Glu Arg Ser Val Ser Arg Thr Ala
50 55 60
Lys Ser Leu Glu Lys Leu Ser Ser Thr Thr Ser Ile Thr Ala Leu Ala
65 70 75 80
Ala Ser Ile Gly Met Leu Ser Gly Lys Phe Thr Ser Phe Glu Val Asp
85 90 95
Leu Ala Lys Ser Val Leu Lys Ile Asn Ala Asn Leu Asn Gly Val Thr
100 105 110
Ser Ala Ala Asn Lys Met Ala Ser Gly Phe Asp Thr Ala Ala Thr Ser
115 120 125
Ser Val Ala Asp Leu Asn Arg Val Asn Lys Ala Leu Gln Glu Leu Asp
130 135 140
Ala His Ala Ser Ser Val Ala Lys Val Leu Gln Thr Leu Lys Ala Gly
145 150 155 160
Ala Gly Leu Glu Ser Ile Ser Ser Ser Ala Ala Lys Ala Ser Thr Asp
165 170 175
Leu Ser His Leu Val Ser Gly Val Glu Lys Ile Gly Asn Gln Leu Ala
180 185 190
Arg Met Ala Glu Gln Ala Val Leu Ala Gly Arg Ser Leu Gln Gly Leu
195 200 205
Lys Ala Asp Ser Leu Gly Ala Ala Gly Glu His Leu Ser Lys Ala Ala
210 215 220
Ser Gly Ile Ser Val Ala Val Ser Ser Met Gly Glu Glu Val Asn Lys
225 230 235 240
Leu Asn Lys Leu Leu Leu Glu Leu Ala Val Lys Ala Asp Leu Ala Ser
245 250 255
Lys Ser Ile Ala Asn Ile Ala Pro Gly Thr Lys Leu Asn Ser Leu Gly
260 265 270
Thr Glu Ile Gln Lys Ile Asn Thr Ser Leu Ala Thr Ala Ala Asn Thr

```
                275                 280                 285
Ser Val Ala Glu Ile Ser Lys Ile Lys Ala Ala Leu Thr Ser Leu Val
    290                 295                 300
Ser Ser Thr Ala Thr Ala Ala Ala Ser Met Lys Thr Val Gly Thr Gly
305                 310                 315                 320
Ser Gly Leu Ser Lys Leu Ile Ser Glu Ile Ser Ala Ala Thr Ser Ala
                325                 330                 335
Ser Thr Ser Asp Ile Ser Lys Val Thr Ala Ala Leu Lys Gln Leu Asn
            340                 345                 350
Val Asp Ala Thr Ala Ala Gly Lys Ala Leu Gln Ser Ile Lys Ala Gly
        355                 360                 365
Ala Asn Leu Ser Ser Val Pro Thr Val Val Gly Lys Ile Gly Thr Ser
    370                 375                 380
Met Thr Gln Leu Arg Ala Gln Leu Glu Gly Ser Val Thr Gly Ile Glu
385                 390                 395                 400
Lys Ser Leu Asn Asp Leu Ser Arg Ala Phe Ala Thr Met Gly Gly Thr
                405                 410                 415
Gly Asn Leu Asn Pro Leu Gly Asn Ser Ile Arg Gly Met Ile Pro Ser
            420                 425                 430
Leu Thr Gln Leu Ala Lys Ala Ala Val Gln Val Asn Ser Ala Leu Ser
        435                 440                 445
Lys Ile Gln Ala Gly Arg Gly Val Leu Gln Leu Pro Thr Gln Phe Lys
    450                 455                 460
Ala Val Thr Ala Ser Leu Asn Ala Leu Glu Thr Lys Leu Ala Ser Thr
465                 470                 475                 480
Ser Gln Ile Leu Glu Arg Gly Phe Ser Lys Gly Phe Gln Asp Met Ala
                485                 490                 495
Ser Lys Ser Thr Ser Ser Ser Thr Arg Met Ile Asn Asn Phe Gln Lys
            500                 505                 510
Val Val Pro Glu Leu Asn Ala Ile Glu Ala Ala Ala Ile Arg Ser Ala
        515                 520                 525
Ala Ala Ile Asp Lys Leu Ile Ala Lys Arg Ile Arg Leu Gly Gln Ala
    530                 535                 540
Gly Gly Gly Gly Asn Pro Ala Ala Phe Asn Met Gly Ala Leu Val Ala
545                 550                 555                 560
Glu Met Asn Arg Ile Val Thr Ser Ile Glu Ala Met Gly Asn Lys Met
                565                 570                 575
Asn Thr Thr Met Ala Asp Met Ala Arg Ser Thr Asp Lys Val Ser Asp
            580                 585                 590
Lys Leu Thr Asp Leu Asn Ser Gly Val Arg Asp Val Asn Thr Gly Leu
        595                 600                 605
Gly Gly Leu Asn Ser Thr Leu Thr Gly Thr Gly Ser Ala Ala Asn Arg
    610                 615                 620
Ala Ser Arg Ala Leu Gly Asn Thr Ser Gly Ser Ala Arg Gly Ala Thr
625                 630                 635                 640
Arg Asn Phe Ala Ala Leu Ala Met Val Thr Gly Pro Met Pro Leu Ile
                645                 650                 655
Tyr Gly Ala Ile Ala Ser Asn Val Tyr Val Leu Lys Ala Ala Phe Asp
```

660 665 670
Gln Leu Lys Leu Gly Asp Gln Leu Asn Arg Leu Glu Gln Phe Gly Ser
675 680 685
Ile Val Gly Ala Lys Thr Gly Thr Pro Ile Gln Ser Leu Ala Val Ala
690 695 700
Leu Gln Glu Ala Thr Gly His Ala Val Ser Phe Glu Glu Ala Met Arg
705 710 715 720
Gln Ala Ser Thr Ala Ala Ala Tyr Gly Phe Asp Ala Lys Gln Ile Ser
725 730 735
Glu Phe Ala Leu Val Ala Arg Arg Ala Ala Ala Thr Leu Gly Val Asp
740 745 750
Met Thr Asp Ala Leu Asn Arg Val Ile Lys Gly Val Ser Lys Gln Glu
755 760 765
Ile Glu Leu Leu Asp Glu Leu Gly Val Thr Ile Arg Leu Asn Asp Ala
770 775 780
Tyr Ala Glu Tyr Val Lys Ile Leu Asn Ala Ala Asn Thr Gly Ile Thr
785 790 795 800
Tyr Asn Ile Gln Gly Leu Thr Ser Phe Gln Lys Gln Gln Ala Tyr Ala
805 810 815
Asn Ala Val Val Ala Glu Ser Thr Lys Arg Phe Gly Tyr Leu Asp Glu
820 825 830
Val Leu Arg Ala Thr Pro Trp Glu Gln Phe Ala Ala Asn Ala Asp Ser
835 840 845
Ala Leu Arg Lys Val Gln Gln Ala Ala Ala Lys Tyr Leu Gly Pro Val
850 855 860
Ile Ala Ser Ile Asn Ala Ala Phe Tyr Thr Ser Lys Ala Ser Val Ser
865 870 875 880
Ala Glu Ala Ala Thr Ala Gln Gln Glu Ser Ile Lys Gln Met Asp Gly
885 890 895
Lys Asp Ser Asn Ala Val Val Met Asn Leu Glu Ala Ser Gln Lys Gly
900 905 910
Leu Asp Asp Ala Val Lys Ala Lys Glu Glu Val Lys Asn Lys Leu Ala
915 920 925
Ala Leu Asn Lys Glu Ile Met Asp Arg Glu Ala Lys Met Asp Met Ser
930 935 940
Thr Ala Leu Ala Thr Ala Ala Asn Tyr Ser Gly Phe Gly Asn Leu Leu
945 950 955 960
Thr Leu Gly Ala Ser Lys Ala Asn Lys Glu Phe Thr Gln Gln Thr Ala
965 970 975
Asp Met Arg Arg Gln Ala Tyr Met Leu Gln Gln Glu Leu Ala Asp Ser
980 985 990
Ala Gly Ala Ile Gln Lys Trp Lys Asp Ala Arg Asp Ser Ala Leu Ser
995 1000 1005
Lys Ala Gln Lys Glu Asn Pro Glu Leu Ala Gly Lys Leu Asn Ile
1010 1015 1020
Gly Gln Asn Val Glu Ala Ser Asn Gly Leu Tyr Thr Phe Asp Asn
1025 1030 1035
Ala Ala Leu Asp Gly Ala Val Ala Leu Arg Lys Glu Phe Asn Asn

```
        1040                1045                1050
Ile Lys  Lys Thr Ser Gly Asp  Leu Ser Asn Asp Ile  Gln Asn Phe
        1055                1060                1065
Ala Gln  Asp Ser Asn Thr Ala  Ser Arg Ala Thr Ala  Ala Leu Gly
        1070                1075                1080
Asp Ala  Leu Lys Ala Val Glu  Ser Leu Ala Gly Gly  Ser Thr Glu
        1085                1090                1095
Lys Ala  Asn Gln Met Thr Lys  Asp Leu Asn Leu Gly  Tyr Ser Thr
        1100                1105                1110
Val Thr  Glu Met Asn Thr Ala  Tyr Lys Ala Met Ser  Asn Tyr Gln
        1115                1120                1125
Lys Ile  Val Asn Asp Glu Ala  Lys Ser Lys Leu Asp  Val Glu Lys
        1130                1135                1140
Arg Ile  Ala Glu Val Tyr Ala  Ala Thr Arg Asn Lys  Asp Lys Ala
        1145                1150                1155
Glu Glu  Ala Gly Arg Ala Leu  Glu Met Gln Gln Leu  Ser Ala Lys
        1160                1165                1170
Lys Glu  Ala Leu Lys Ala Val  Leu Ala Thr Asn Lys  Asp Asn Lys
        1175                1180                1185
Ala Ile  Gln Lys Glu Leu Thr  Leu Leu Glu Thr Glu  Glu Leu Lys
        1190                1195                1200
Val Lys  Asn Gln Gly Met Glu  Ala Thr Lys Lys Glu  Lys Phe Tyr
        1205                1210                1215
Lys Asp  Lys Ile Val Gly Ile  Asp Arg Glu Ile Ala  Leu Leu Asn
        1220                1225                1230
Asn Arg  Thr Met Thr Asp Ser  Gln Tyr Asn Val Ala  Asn Leu Lys
        1235                1240                1245
Leu Asn  Leu Gln Val Glu Lys  Asp Arg Leu Ala Leu  Leu Lys Thr
        1250                1255                1260
Gln Ala  Asp Lys Glu Lys Glu  Ala Glu Gln Ser Arg  Arg Asn Ile
        1265                1270                1275
Ala Ser  Ile Glu Arg Glu Ile  Trp Lys Glu Gln Leu  Asp Arg Asn
        1280                1285                1290
Ala Lys  Thr Ala Glu Met Arg  Lys Glu Glu Phe Glu  Arg Asn Gln
        1295                1300                1305
Ser Met  Lys Pro Leu Met Gly  Glu Ser Gln Lys Met  Gln Glu Gln
        1310                1315                1320
Leu Ala  Phe Tyr Gln Glu Met  Lys Glu Phe Thr Lys  Gly Asn Ala
        1325                1330                1335
Asp Glu  Gln Ala Arg Trp Ser  Lys Glu Ile Ala Asn  Thr Thr Ala
        1340                1345                1350
Gln Met  Ala Ala Leu Lys Ala  Gln Arg Thr Ala Gln  Met Met Asp
        1355                1360                1365
Arg Val  Gly Gln Ser Leu Gly  Ala Asp Tyr Thr Pro  Thr Thr Gly
        1370                1375                1380
Leu Glu  Gly Glu Asp Lys Lys  Phe Ala Asp Met Glu  Asn Gln Met
        1385                1390                1395
Ala Ser  Tyr Asp Thr Ala Ile  Gly Lys Leu Ser Gln  Leu Asn Ser
```

1400 1405 1410
Glu Ala Thr Ala Thr Ala Gln Ser Met Gly Asn Leu Ala Asn Ala
1415 1420 1425
Met Ile Gln Phe Ser Gln Gly Ser Leu Asp Thr Thr Ser Met Ile
1430 1435 1440
Ala Ala Gly Met Gln Thr Val Ser Gln Met Ile Ser Tyr Gly Thr
1445 1450 1455
Asn Gln Gln Ile Ser Ala Ile Asp Ala Ala Ile Ala Ala Glu Gln
1460 1465 1470
Lys Arg Asp Gly Lys Ser Glu Gln Ser Lys Asn Lys Ile Lys Lys
1475 1480 1485
Met Glu Ala Glu Lys Ile Lys Leu Gln Gln Glu Ser Ala Lys Lys
1490 1495 1500
Gln Ile Ile Ile Gln Thr Ala Val Ala Val Met Gln Ala Ala Thr
1505 1510 1515
Ala Val Pro Tyr Pro Phe Ser Ile Pro Leu Met Ile Ala Ala Gly
1520 1525 1530
Leu Ala Gly Ala Leu Ser Leu Ala Gln Ala Ser Ser Ala Thr Gly
1535 1540 1545
Met Thr Asp Ile Ala Gly Ser Gly Gly Glu Thr Ala Ser Tyr Leu
1550 1555 1560
Thr Leu Gly Glu Arg Gln Lys Asn Val Asp Val Ser Met Gly Ala
1565 1570 1575
Asn Ala Gly Glu Leu Ser Tyr Val Arg Gly Asp Lys Gly Ile Gly
1580 1585 1590
Ser Ala Asn Gly Phe Ile Pro Arg Ala Glu Gly Gly Asn Thr Tyr
1595 1600 1605
Pro Gly Val Ser Tyr Lys Met Gly Glu His Gly Thr Glu Val Ala
1610 1615 1620
Thr Pro Met Val Pro Thr Lys Val Thr Pro Ala Asp Lys Val Ala
1625 1630 1635
Ser Glu Thr Ser Ser Gly Gly Ala Arg Arg Pro Val Asn Leu Asn
1640 1645 1650
Ile Gln Ala Met Asp Ala Lys Ser Phe Met Glu Tyr Ala Leu Glu
1655 1660 1665
Asn Pro Ala Ala Phe Gln Ala Ala Val Glu Leu Ala Leu Asn Glu
1670 1675 1680
Gln Gly Leu Ser Leu Lys Asn Leu Asn
1685 1690

<210> 31
<211> 204
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 31
Met Arg Leu Pro Asp Pro Phe Thr His Pro Gln Tyr Asn Gly Leu Gly
1 5 10 15

Phe Asp Lys Ala Thr Leu Ile Asp Asn Asp Pro Val Ile Arg Asp Glu
20 25 30
Leu Pro Asn Gly Lys Val Asn Glu Val Lys Thr Ala Thr Gln Tyr Trp
35 40 45
Gly Leu Asn Ile Ser Tyr Pro Val Met Phe Pro Asp Glu Tyr Ala Val
50 55 60
Leu Ser Ser Ala Ile Leu Glu Tyr Lys Arg Thr Arg Gly Tyr Leu Asp
65 70 75 80
Val Ile Leu Pro His Tyr Glu Ser Tyr Arg Val Arg Gly Asp Ala Asn
85 90 95
Asn Cys Arg Ile Ala Ala Gly Gln Lys Gly Ser Thr Leu Val Ile Thr
100 105 110
Asn Thr Asn Ser Leu Ser Gly Glu Pro Lys Pro Gly Asp Leu Phe Gln
115 120 125
Leu Thr Thr His Pro Lys Val Tyr Lys Ile Thr Ser Phe Lys Asn Val
130 135 140
Ala Gly Val Trp Thr Leu Asn Leu Tyr Pro Asp Leu Leu Leu Thr Thr
145 150 155 160
Asn Gly Ser Glu Arg Pro Arg Phe Asn Gly Ile Leu Phe Gln Thr Lys
165 170 175
Leu Met Asn Gly Asp Ser Phe Ser Glu Glu Ile Thr Val Asp Gly Val
180 185 190
Tyr Asp Gly Val Asn Leu Val Leu Arg Glu Ser Leu
195 200

<210> 32
<211> 948
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 32
Met Arg Gln Ile Leu Pro Ser Ala Lys Ala Tyr Leu Ala Asn Asn Asp
1 5 10 15
Lys Ile Arg Leu Ala Tyr Leu Val Ser Ile Glu Leu Pro Gly Ser Thr
20 25 30
Gly Asn Asn Ala Val Tyr Ala Tyr Met Thr Asp Tyr Met Arg Asp Ile
35 40 45
Asn Tyr Gly Gly Ile Leu Phe Gln Ser Gly Lys Ile Lys Thr Ile Ser
50 55 60
Ser His Lys Gln Asn Arg Thr Leu Thr Val Gly Ser Leu Ser Phe Ser
65 70 75 80
Val Thr Gly Thr Asp Ala Asn Glu Val Ile Lys Leu Val Gln Ser Gly
85 90 95
Val Ser Phe Leu Asp Arg Ser Ile Ser Ile Tyr Gln Ala Ile Ile Asp
100 105 110
Asp Asn Gly Glu Ile Leu Pro Val Asp Pro Asp Thr Asn Gly Pro Leu
115 120 125
Leu Phe Phe Arg Gly Lys Ile Val Gly Gly Gly Ile Lys Glu Ser Asn

```
    130                 135                 140
Thr Val Ser Gly Val Gly Thr Ser Val Ile Thr Trp Asn Cys Ser Asn
145                 150                 155                 160
Glu Phe Tyr Asp Phe Glu Arg Val Ala Gly Arg Phe Thr Asp Asp Ala
                165                 170                 175
Ser His Arg Gly Leu Glu Ile Val Asn Gly Glu Leu Leu Pro Ser His
            180                 185                 190
Gly Ala Lys Arg Pro Glu Tyr Gln Glu Asp Tyr Gly Phe Phe His Ala
        195                 200                 205
Asn Lys Ser Val Asn Phe Leu Ala Lys Tyr Gln Val Lys Glu Glu Arg
    210                 215                 220
Tyr Lys Leu Glu Ser Lys Lys Lys Leu Phe Gly Leu Ser Lys Ser Tyr
225                 230                 235                 240
Ser Leu Lys Lys Tyr Tyr Glu Thr Val Thr Lys Glu Val Asp Leu Asp
                245                 250                 255
Phe Asn Leu Ala Ala Lys Phe Ile Pro Val Val Tyr Gly Thr Gln Lys
            260                 265                 270
Val Pro Gly Ile Pro Val Phe Ala Asp Thr Glu Arg Asn Asn Pro Asn
        275                 280                 285
Val Val Tyr Val Val Tyr Ala Phe Cys Glu Gly Glu Ile Glu Gly Phe
    290                 295                 300
Leu Asp Phe Gln Phe Gly Asp Ala Pro Met Ile Cys Thr Asp Gln Thr
305                 310                 315                 320
Asp Ser Thr Ser Arg Thr Cys Phe Gly Gln Lys Arg Val Ser Gly Asp
                325                 330                 335
Thr Met Ala Arg Ile Ser Thr Gly Leu Pro Ser Thr Ser Leu Ser Thr
            340                 345                 350
His Gly Gln Glu Tyr Lys Tyr Asn Asp Gly Asn Gly Asp Ile Arg Ile
        355                 360                 365
Trp Thr Phe His Gly Lys Pro Asp Gln Thr Val Ala Thr Val Leu Arg
    370                 375                 380
Asp Ile Ala Ala Ala Asn Asn Phe Phe Leu Gln Gly Glu Asn Gly Asn
385                 390                 395                 400
Gly Pro Glu Tyr Trp Asp Ser Arg Tyr Lys Leu Leu Asp Thr Ala Tyr
                405                 410                 415
Ala Val Ile Arg Phe Thr Ile Thr Glu Asn Arg Thr Asp Ile Pro Glu
            420                 425                 430
Val Ser Ala Glu Leu Ser Gly Arg Lys Val Lys Val Tyr Gln Ala Asp
        435                 440                 445
Gly Ser Val Lys Met Asp Lys Thr Ser Gln Asn Gly Val Trp Gln Thr
    450                 455                 460
Phe Asp Tyr Leu Thr Ser Thr Thr Phe Gly Ala Ser Ile Pro Ile Asp
465                 470                 475                 480
Arg Met Val Ile Gly Asp Trp Arg Lys Glu Ala Asp Leu Leu Asn Ile
                485                 490                 495
Ile Asp Thr Ser Tyr Gln Thr Ser Trp Gln Pro Phe Trp Arg Tyr Val
            500                 505                 510
Gly Trp Glu Ser Trp Thr Ala Glu Asn Arg Gln Ile Met Gln Met Asn
```

515 520 525

Thr Ile Leu Asp Asn Ser Asn Ser Val Phe Lys Asn Val Gln Glu Leu
530 535 540

Leu Glu Ser Phe Gln Gly Ala Leu Asn Asn Leu Ser Gly Ile Phe Arg
545 550 555 560

Ile Thr Val Glu Lys Asp Ser Lys Thr Pro Leu Glu Leu Asn Phe Leu
565 570 575

Asp Thr Tyr Gly Asp Leu Asp Leu Ser Asp Thr Thr Gly Arg Asn Lys
580 585 590

Tyr Asn Ser Val Gln Ala Ser Leu Ile Asp Pro Thr Leu Asn Trp Lys
595 600 605

Thr Asn Ser Ile Thr Phe Tyr Asn Ser Lys Phe Lys Asn Glu Asp Arg
610 615 620

Gly Val Asp Lys Lys Leu Gln Leu Ser Phe Ala Asn Ile Thr Asn Tyr
625 630 635 640

Tyr Thr Ala Arg Ser Leu Ala Asp Arg Glu Leu Lys Lys Ser Arg Tyr
645 650 655

Ser Arg Ser Leu Ser Phe Ser Leu Pro Tyr Lys Phe Leu Gly Ile Glu
660 665 670

Pro Asn Asp Pro Val Val Phe Thr Tyr Asp Arg Tyr Gly Trp Asn Lys
675 680 685

Lys Phe Phe Leu Val Asp Glu Val Glu Asn Thr Arg Asp Gly Lys Ile
690 695 700

Asn Val Thr Leu Gln Glu Tyr Gly Glu Asp Val Phe Ile Asn Ser Thr
705 710 715 720

Gln Val Asp Asn Ser Ser Glu Ala Val Pro Glu Ile Ser Asn Asn Val
725 730 735

Leu Pro Pro Arg Asp Phe Lys Tyr Thr Pro Thr Pro Gly Gly Met Val
740 745 750

Gly Asp Val Gly Lys Asn Gly Glu Leu Ser Trp Leu Pro Ser Leu Thr
755 760 765

Pro Asn Val Val Tyr Tyr Ser Ile Arg Lys Ser Asp Arg Val Asp Pro
770 775 780

Tyr Ile Val Gln Gln Thr Ala Phe Thr Pro Asn Val Arg Met Phe Gln
785 790 795 800

Asp Ile Val Gly Glu Pro Ala Gly Leu Thr Ile Phe Glu Ile Arg Ala
805 810 815

Val Asp Ile Asn Gly Arg Arg Ser Ser Pro Val Thr Ile Ser Val Asp
820 825 830

Leu Asn Ser Ala Lys Asn Leu Ser Met Val Glu Asn Phe Arg Val Leu
835 840 845

Asn Leu Ala Pro Asp Pro Ala Glu Trp Val Gly Pro Asp Leu Glu Leu
850 855 860

Gly Trp Asp Lys Leu Gln Glu Glu Gly Leu Ile Ser Gly Ile Phe Tyr
865 870 875 880

Thr Leu Glu Ile Arg Asp Asn Thr Asn Lys Leu Leu Arg Ser Ala Lys
885 890 895

Ile Thr Ser Leu Tyr Asn Tyr Ser Tyr Leu Leu Gly Tyr Asn Lys Leu

900 905 910

Asp Tyr Lys Ala Asn Asn Ser Asn Thr Leu Gly Ile Tyr Arg Ala Leu
915 920 925

Gln Pro Arg Ile Gln Ala Glu Gly Pro Lys Gly Glu Lys Ser Val Ala
930 935 940

Trp Ala Tyr Ile
945

<210> 33
<211> 3463
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 33

Met Ile Ser Asn Ile Ala Pro Ala Lys Met Val Leu Gln Asn Ile Val
1 5 10 15

Thr Gly Tyr Thr Ile Ala Ser Ile Gln His Ser Ile Phe Ser Asp Tyr
20 25 30

Asp Val Ile Gly Arg Thr Phe Trp Leu Thr Thr Gly Gly Val Thr Thr
35 40 45

Arg Arg Asp Phe Thr Gly Val Asp Thr Phe Ile Ala Thr Ile Asn Asn
50 55 60

Leu Ile Ala Gly Ala Thr Tyr Ser Ala Gln Gly Ala Phe Tyr Asp Ser
65 70 75 80

Met Val Asp Ala Glu Leu Met Ala Ala Lys Val Gly Met Asn Leu Ser
85 90 95

Ser Thr Ile Asn Phe Lys Met Lys Thr Ala Pro Lys Ile Thr Lys Val
100 105 110

Ser Ser Phe Ala Glu Ser Val Asp Val Gly Val Gly Ala Pro Met Val
115 120 125

Val Val Glu Leu Ser Gly Glu Ala Glu Tyr Val Thr Ile Glu Met Lys
130 135 140

Pro Glu Gly Ser Ser Thr Trp Thr Lys Tyr Tyr Arg Gly Pro Ile Thr
145 150 155 160

Glu Gln Ile Ile Phe Gly Gly Val Pro Val Gly Arg Tyr Asn Ile Arg
165 170 175

Val Ser Gly Val Val Thr Met Pro Asp Gly Val Thr Val Asp Val Ser
180 185 190

Gly Tyr Asp Thr Trp Pro Ser Leu Phe Asn Leu Thr Tyr Asn Phe Thr
195 200 205

Pro Pro Ser Ala Pro Thr Asn Leu Arg Phe Lys Thr Ala His Ile Gln
210 215 220

Asp Gly Met Glu Arg Phe Asp Val Arg Leu Glu Trp Asp Trp Thr Arg
225 230 235 240

Gly Thr Gly Ala Asn Val Arg Glu Phe Ile Ile Gln Tyr Ile Ser Asn
245 250 255

Asp Glu Phe Ala Lys Thr Gly Trp Thr Lys Ala Asn Lys Leu Asn Val
260 265 270

```
Gly Ala Ala Lys Ala Gly Thr Ile Thr Ser Phe Pro Tyr Lys Ile Arg
        275                 280                 285
His Arg Phe Arg Val Leu Ser Val Ala Trp Gly Pro Asp Thr Gln Ser
    290                 295                 300
Ile Thr Asn Ser Asn Glu Val Thr Tyr Ile Ile Asp Glu Ser Thr Thr
305                 310                 315                 320
Phe Asp Asn Ala Phe Ile Asn Glu Thr Gly Val Glu Met Thr Tyr Ala
                325                 330                 335
Gly Ile Lys Gly Lys Leu Trp Asn Ser Asn Thr Lys Gln Trp Glu Gln
            340                 345                 350
Thr Phe Leu Val Asp Ala Ala Thr Gly Ala Val Val Leu Gly Thr Leu
        355                 360                 365
Asp Glu Asn Gly Lys Ala Pro Ile Ser Phe Asp Pro Val Asn Lys Ile
    370                 375                 380
Val Asn Val Asp Gly Lys Val Ile Thr Lys Asp Ile Asn Ala Ala Asn
385                 390                 395                 400
Val Ile Leu Thr Asn Leu Thr Gly Lys Asp Asn Pro Ala Ile Phe Thr
                405                 410                 415
Gln Gly Lys Lys Tyr Gly Asn Asn Ala Gly Gly Val Trp Met Gly Val
            420                 425                 430
Asp Asn Val Asp Gly Lys Ala Lys Phe Asp Leu Gly Asn Asn Thr Gln
        435                 440                 445
Tyr Val Arg Trp Asp Gly Asp Thr Leu Arg Ile Ser Gly Asn Val Val
    450                 455                 460
Ile Gly Thr Pro Gly Gly Asp Val Asp Leu Glu Thr Gly Met Gln Gly
465                 470                 475                 480
Lys Gln Thr Val Phe Ala Tyr Lys Leu Gly Thr Ser Leu Pro Ser Arg
                485                 490                 495
Pro Leu Asp Gln Val Tyr Pro Pro Ala Gly Trp Ser Ala Phe Pro Pro
            500                 505                 510
Asn Arg Thr Ala Gln Asn Gln Asn Val Tyr Val Val Gln Gly Thr Leu
        515                 520                 525
Asp Pro Lys Lys Ser Pro Pro Ala Leu Val Asp Gly Thr Asn Tyr Ser
    530                 535                 540
Ala Ala Ser Gln Trp Ser Gly Val Pro Gly Thr Gly Gly Thr Asp Gly
545                 550                 555                 560
Ser Asn Gly Asp Tyr Thr Val Gln Ile Tyr Gln Ile Ser Ala Ser Lys
                565                 570                 575
Pro Thr Lys Pro Gly Asn Ile Asn Asp Pro Ser Gly Trp Ser Arg Thr
            580                 585                 590
Pro Pro Thr Gly Thr Pro Leu Trp Met Cys Ser Gly Arg Phe Asn Gly
        595                 600                 605
Asp Thr Asn Ala Leu Thr Val Glu Gly Trp Ser Asp Pro Ile Arg Val
    610                 615                 620
Asp Gly Glu Lys Gly Ala Thr Gly Ala Thr Gly Ala Thr Gly Pro Gln
625                 630                 635                 640
Gly Pro Gln Gly Pro Ala Gly Gly Ser Val Glu Val Gln Trp Ser Lys
                645                 650                 655
```

Asp Gly Thr Thr Asn Trp His Ala Asn Phe Thr Thr Gly Asp Ile Tyr
660 665 670
Met Arg Gln Arg Val Gly Thr Gly Gly Trp Ser Ser Ala Ile Arg Ala
675 680 685
Val Gly Glu Asp Gly Thr Asn Gly Thr Pro Gly Ser Lys Gly Asn Tyr
690 695 700
Ile Gly Met Arg Phe Arg Val Ala Ala Glu Lys Pro Ala Thr Pro Thr
705 710 715 720
Gly Gln Thr Pro Ser Gly Trp Ser Asp Ala Pro Pro Gln Gly Asn Pro
725 730 735
Leu Trp Met Val Lys Ala Glu Phe Asn Gly Gln Thr Asn Ala Leu Val
740 745 750
Gly Thr Trp Ser Glu Pro Val Arg Ile Asp Gly Glu Gly Ile Gly Val
755 760 765
Asn Leu Tyr Pro Val Lys Lys Thr Leu Asp Gln Trp Thr Gly Met Ser
770 775 780
Asn Gly Thr Met Val Lys Asn Pro Asp Thr Leu Ser Phe Thr Ile Thr
785 790 795 800
Asn Thr Glu Ser Thr Thr Ser Ser Thr Gly Pro Gly Ala His Pro Val
805 810 815
Pro Phe Gln Gly Ser Gln Gly Pro Ile Val Glu Ile Pro Val Lys Pro
820 825 830
Asn Thr Ala Tyr Ile Phe Thr Tyr Glu Val Ser Thr Asp Ser Thr Ser
835 840 845
Phe Val Leu Arg Asp Leu Leu Leu Glu Phe Ser Ser Ile Thr Gly Ser
850 855 860
Phe Thr Asn Phe Gln Glu Leu Leu Thr Gly Ala Lys Gly Lys Gln Glu
865 870 875 880
Ala Lys Ile Val Thr Arg Ala Asp Thr Lys Phe Leu Ser Phe Arg Pro
885 890 895
Gly Val Arg Thr Ala Gly Ala Thr Val Thr Tyr Ser Asn Leu Lys Leu
900 905 910
Glu Glu Gly Ile Lys Ala Thr Ala Tyr Ser Val Glu Ala Ser Asp Ser
915 920 925
Ile Gly Glu Lys Gly Asp Gln Gly Thr Gln Gly Pro Gln Gly Pro Gln
930 935 940
Gly Asn Gln Gly Pro Gln Gly Asn Gln Gly Pro Gln Gly Ala Lys Gly
945 950 955 960
Asp Asn Ala Lys Gly Phe Ser Leu Ser Ser Leu Gly Gln Thr Phe Thr
965 970 975
Tyr Asp Ala Glu Gly Lys Leu Lys Ser Asp Ala Thr Ile Leu Phe Gln
980 985 990
Ala Phe Arg Gln Asn Thr Thr Ala Asn Val Thr Trp Ser Ala Lys Asp
995 1000 1005
Glu Lys Gly Gly Asn Ile Thr Leu Thr Ser Thr Ser Asn Thr Gly
1010 1015 1020
Ala Thr Leu Thr Ala Ala Asn Phe Lys Thr Ser Lys Ser Val Val
1025 1030 1035

```
Val Thr  Ala Val Cys Asp Gly  Ile Thr Asp Gln Ile  Thr Ile Val
    1040                1045                1050
Arg Leu  Asp Asp Gly Ser Asn  Ala Leu Val Gly Leu  Leu Thr Asn
    1055                1060                1065
Glu Gly  Ser Thr Val Leu Ala  Asn Tyr Ala Gly Tyr  Val Gln Asn
    1070                1075                1080
Tyr Ser  Thr Gly Ser Gly Asp  Phe Lys Val Phe Tyr  Gly Ala Lys
    1085                1090                1095
Asp Ile  Thr Ser Glu Cys Thr  Phe Ser Thr Met Glu  Lys Asn Asn
    1100                1105                1110
Leu Asp  Ala Asp Ile Thr Ser  Ala Gly Lys Tyr Thr  Leu Lys Gly
    1115                1120                1125
Met Pro  Ala Gly Thr Asp Val  Ile Asn Gly Trp Val  Asp Leu Arg
    1130                1135                1140
Ala Val  His Pro Thr Tyr Gly  Ala Val Val Arg Arg  Val Ala Thr
    1145                1150                1155
Thr Lys  Ser Ile Leu Ala Lys  Gly Tyr Asp Arg Val  Ile Thr Thr
    1160                1165                1170
Ser Phe  Glu Asn Gly Asn Lys  Gly Thr Trp Ser Thr  Gly Ser Val
    1175                1180                1185
Gln Gly  Val Ser Gly Ala Thr  Ile Val Ala Ala Gly  Phe Ser Lys
    1190                1195                1200
Ala Leu  Val Ile Ser Ala Arg  Asp Cys Ile Glu Asp  Ala Asn Ala
    1205                1210                1215
Phe Pro  Val Val Ala Gly Gln  Lys Tyr Arg Leu Gly  Met Trp Ile
    1220                1225                1230
Met Ala  Ser Glu Ser Lys Val  Asn Ile Asn Met Gly  Met Arg Ile
    1235                1240                1245
Val Arg  Ala Ala Asp Gly Val  Val Asp Trp Gln Gly  Thr Leu Met
    1250                1255                1260
Ile Ala  Gln Gly Thr Val Val  Pro Gly Gly Trp Ser  Tyr Ile Glu
    1265                1270                1275
Lys Glu  Phe Thr Val Gly Ser  Ser Asn Thr Gly Ile  Ala Met Pro
    1280                1285                1290
Trp Ile  Gln Met Ala Gly Ser  Ser Gly Ser Asp Leu  Gly Lys Ala
    1295                1300                1305
Tyr Val  Thr Asp Ile His Ile  Phe Ala Leu Glu Met  Asp Gly Glu
    1310                1315                1320
Lys Gly  Asp Thr Gly Ala Thr  Gly Ala Thr Gly Ser  Gln Gly Pro
    1325                1330                1335
Gln Gly  Pro Gln Gly Asn Lys  Gly Asp Lys Gly Asp  Thr Gly Ala
    1340                1345                1350
Thr Gly  Ala Gln Gly Pro Ala  Gly Ser Ser Val Asn  Val Gln Trp
    1355                1360                1365
Ser Lys  Asp Gly Ser Thr Asn  Trp His Ala Gly Phe  Gln Pro Gly
    1370                1375                1380
Asp Ile  Phe Met Arg Gln Gln  Val Asn Gly Val Trp  Gly Ser Ala
    1385                1390                1395
```

```
Ile Arg  Ala Val Gly Glu Asp  Gly Lys Asn Gly Ala  Asp Gly Thr
    1400                1405                1410
Asp Gly  Asp Tyr Ile Ser Met  Lys Phe Ile Val Gln  Asp Thr Lys
    1415                1420                1425
Pro Gly  Thr Pro Thr Gly Asn  Asn Pro Gly Ser Trp  Ser Asp Ala
    1430                1435                1440
Pro Pro  Val Gly Ser Pro Leu  Trp Met Thr Lys Gly  Thr Met Asn
    1445                1450                1455
Ala Ser  Gly Gln Leu Gln Gly  Thr Trp Ser Asn Pro  Val Arg Leu
    1460                1465                1470
Asp Gly  Thr Ile Asn Pro Asn  Leu Phe Ala Val Arg  Lys Trp Met
    1475                1480                1485
Ala Gly  Met Thr Gly Thr Glu  Ala Gly Thr Ser Lys  Asn Asp Ile
    1490                1495                1500
Glu Lys  Leu Ala His Thr Leu  Thr Arg Thr Ser Gly  Thr Asp Asn
    1505                1510                1515
Thr Ala  Pro Gly Cys Tyr Ala  Thr Pro Tyr Leu Gly  Ser Gly Ala
    1520                1525                1530
Phe Ser  His Pro Val Thr Pro  Gly Lys Arg Tyr Thr  Leu Thr Tyr
    1535                1540                1545
Asn Ile  Asp Ala Ala Ser Glu  Val Gln Thr Arg Asp  Thr Ile Phe
    1550                1555                1560
Trp Gln  Ala Asn Pro Asp Ser  Gly Gln Ser Thr Tyr  Ile Glu Glu
    1565                1570                1575
Leu Asn  Thr Gly Thr Ser Ile  Lys Val Lys Arg Thr  Phe Val Val
    1580                1585                1590
Pro Thr  Gly Met Asn Tyr Leu  Thr Leu Arg Pro Ser  Ala Leu Thr
    1595                1600                1605
Leu Asn  Val Ala Thr Thr Trp  Ser Lys Ile Lys Leu  Glu Glu Gly
    1610                1615                1620
Gly Glu  Lys Thr Glu Tyr Gln  Val Glu Tyr Ser Asp  Ser Ile Gly
    1625                1630                1635
Ile Val  Gly Lys Ser Val Leu  Val Gln Trp Ser Lys  Asp Ser Ser
    1640                1645                1650
Ser Ser  Asn Trp His Asp Thr  Phe Gln Thr Gly Asp  Leu Phe Met
    1655                1660                1665
Arg Gln  Asn Val Asp Gly Val  Trp Gly Pro Ala Ile  Arg Ala Ile
    1670                1675                1680
Gly Glu  Lys Gly Glu Ile Gly  Pro Asp Gly Lys Lys  Gly Asn Tyr
    1685                1690                1695
Thr Asn  Ile Ile Phe Arg Ile  Ser Asp Thr Lys Pro  Ala Lys Pro
    1700                1705                1710
Thr Gly  Asn Lys Pro Thr Asp  Trp Phe Asp Ala Pro  Pro Asp Gly
    1715                1720                1725
Ser Pro  Leu Trp Met Ala Thr  Ala Thr Phe Asn Gly  Asp Thr Asn
    1730                1735                1740
Ala Ile  Ile Gly Ala Trp Ser  Asp Pro Val Arg Ile  Asp Ala Ser
    1745                1750                1755
```

```
Gly Val  Gly Glu Asn Phe Leu  Ala Phe Lys Glu Trp  Met Met Ser
    1760                1765                1770
Ile Gln  Arg Ala Glu Gly Thr  Gly Ser Ser Val Ser  Lys Asn Pro
    1775                1780                1785
Asp Gln  Met Arg Phe Arg Val  Thr Ala Gly Pro Ser  Arg Asn Asp
    1790                1795                1800
Ala Tyr  Thr Thr Pro Tyr Gln  Gly Thr Gly Thr His  Phe Ile Glu
    1805                1810                1815
Val Ser  Pro Asn Thr Val Tyr  Thr Leu Ser Phe Glu  Met Glu Thr
    1820                1825                1830
Ala Val  Ser Thr Arg Met Met  Leu Leu Gln Phe Asp  Asn Gly Asn
    1835                1840                1845
Gly Gly  Thr His Ala Arg Asn  Asn Gln Val Ile Ser  Thr Ser Thr
    1850                1855                1860
Gly Ile  Asn Ser Leu Thr Ile  Thr Thr Gly Ala Asn  Thr Thr His
    1865                1870                1875
Leu Ser  Met Arg Met Ser Ile  Ser Asn Met Gly Glu  Thr Asn Val
    1880                1885                1890
Leu Met  Lys Pro Lys Leu Glu  Leu Gly Ala Phe Pro  Thr Ala Tyr
    1895                1900                1905
Val Ala  His Pro Ser Asp Leu  Leu Gly Lys Asp Gly  Ala Thr Gly
    1910                1915                1920
Ala Thr  Gly Pro Gln Gly Pro  Gln Gly Asn Thr Gly  Ala Thr Gly
    1925                1930                1935
Ala Thr  Gly Pro Gln Gly Ser  Lys Gly Asp Thr Gly  Ala Thr Gly
    1940                1945                1950
Pro Gln  Gly Pro Gln Gly Pro  Lys Gly Asn Ala Gly  Glu Asn Ala
    1955                1960                1965
Lys Gly  Phe Ala Leu Thr Ser  Asp Tyr Gln Ser Phe  Val Tyr Asp
    1970                1975                1980
Thr Val  Gly Asp Ile Lys Ser  Ala Thr Thr Ile Leu  Phe Lys Gly
    1985                1990                1995
Leu Lys  Gln Asn Thr Thr Ala  Gly Ile Thr Trp Ser  Ala Val Asn
    2000                2005                2010
Asn Thr  Gly Ala Ala Val Thr  Leu Met Asn Ser Gly  Asp Asn Arg
    2015                2020                2025
Gln Leu  Thr Ala Ala Asn Phe  Gly Ala Ser Lys Trp  Val Thr Ile
    2030                2035                2040
Thr Ala  Thr Cys Asp Gly Leu  Ser Asp Gln Ile Thr  Val Val Arg
    2045                2050                2055
Leu Gln  Asp Gly Glu Asn Val  Leu Thr Ala Val Met  Thr Asn Glu
    2060                2065                2070
Ala Ala  Thr Val Leu Ala Asn  Tyr Ser Gly Tyr Cys  Gln Ser Tyr
    2075                2080                2085
Glu Asn  Ala Lys Gly Gln Met  Arg Val Trp Tyr Gly  Ser Thr Asp
    2090                2095                2100
Val Thr  Gly Gln Cys Thr Phe  Ser Glu Gly Gly Arg  Ser Asn Val
    2105                2110                2115
```

Thr Pro Ser Ile Asn Ser Ala Asn Gly Asn Tyr Ser Val Thr Gly
2120 2125 2130
Met Leu Asp Gly Thr Asp Ile Thr Glu Gly Trp Val Asp Val Lys
2135 2140 2145
Ala Thr His Pro Lys Tyr Gly Ala Ile Thr Lys Arg Phe Ala Val
2150 2155 2160
Thr Lys Val Phe Leu Ala Lys Ser Tyr Glu Met Val Ile Thr Asn
2165 2170 2175
Thr Phe Glu Asn Gly Asn Lys Gly Ser Trp Ala Gly Ala Leu Gln
2180 2185 2190
Ser Val Ser Gly Pro Thr Asn Gln Ser Ile Ser Lys Ala Leu Arg
2195 2200 2205
Ile Thr Ala Arg Asp Asn Leu Glu Gly Arg Asn Thr Ile Pro Val
2210 2215 2220
Ala Gly Gly Gln Lys Val Arg Ile Arg Phe Trp Tyr Asn Pro Leu
2225 2230 2235
Gly Leu Glu Glu Ala Ile Phe Arg Val Gly Phe Ile Val His Arg
2240 2245 2250
Lys Asp Gly Gly Lys Gly Tyr Pro Ser Arg Thr Val Val Thr Gly
2255 2260 2265
Pro Ala Pro Asn Ser Ser Trp Ala Tyr Phe Asp Gln Glu Leu Thr
2270 2275 2280
Leu Ser Ala Asn Asp Glu Gly Ile Ala Trp Pro Trp Phe Gln Leu
2285 2290 2295
Asp Asn Lys Thr Ser Gly Ser Ser Leu Gly Tyr Met Leu Val Ala
2300 2305 2310
Asp Ile His Phe Glu Asp Leu Ser Met Asp Gly Ala Asp Gly Ala
2315 2320 2325
Thr Gly Pro Gln Gly Pro Gln Gly Asn Thr Gly Ala Thr Gly Pro
2330 2335 2340
Gln Gly Asn Lys Gly Asp Thr Gly Pro Gln Gly Pro Gln Gly Pro
2345 2350 2355
Ala Gly Ala Ser Val Gly Val Gln Trp Ser Lys Thr Gly Asn Ala
2360 2365 2370
Ser Asp Trp His Thr Asn Tyr Ala Thr Gly Asp Ile Tyr Met Arg
2375 2380 2385
Gln Gln Val Asn Gly Val Trp Ser Ser Ala Ile Arg Ala Val Gly
2390 2395 2400
Glu Asp Gly Arg Val Gly Ala Asp Gly Lys Tyr Thr Ser Leu Arg
2405 2410 2415
Phe Gln Val Ala Ala Thr Lys Pro Ala Arg Pro Thr Gly Asn Ser
2420 2425 2430
Pro Ala Asn Trp Ser Asp Ser Pro Pro Glu Gly Ser Pro Leu Trp
2435 2440 2445
Met Val Lys Gly Glu Phe Asp Ser Ser Asn Gln Leu Gln Gly Thr
2450 2455 2460
Trp Ser Asp Pro Val Arg Leu Asp Gly Glu Thr Val Asn Leu Asn
2465 2470 2475

```
Leu Phe  Ala Asn Lys Ala Trp  Ile Ala Ser Ile Thr  Gly Ala Ser
    2480                2485                2490
Gly Ser  Gly Ser Val Val Ala  Lys Asn Pro Asp Glu  Leu Arg Leu
    2495                2500                2505
Arg Ile  Thr Ala Gly Ser Gly  Ala Thr Asp Ala Tyr  Thr Met Pro
    2510                2515                2520
Ser Gly  Gly Asp Gly Thr Phe  Phe Thr Lys Val Thr  Ala Gly Lys
    2525                2530                2535
Arg Tyr  Thr Met Ser Phe Asp  Thr Asp Ser Ala Leu  Glu Met Arg
    2540                2545                2550
Met His  Val Phe Phe Ile Gln  Ala Gly Ala Asn Thr  Thr Thr Ser
    2555                2560                2565
Ser Phe  Ser Trp Ile Ala Ser  Thr Thr Ala Gly Arg  Thr Ser Trp
    2570                2575                2580
Ser Phe  Thr Val Pro Ala Gly  Cys Asp Arg Val Ser  Val Arg Val
    2585                2590                2595
Ser Leu  Asn Asn Asn Pro Gly  Gly Thr Asn Val Val  Ser Asn Ile
    2600                2605                2610
Lys Leu  Glu Glu Gly Asp Phe  Ala Thr Ala Phe Ile  Arg Asn Glu
    2615                2620                2625
Leu Asp  Thr Ile Gly Ala Asp  Gly Ser Gln Gly Pro  Gln Gly Pro
    2630                2635                2640
Gln Gly  Ser Lys Gly Asp Lys  Gly Asp Thr Gly Ala  Thr Gly Pro
    2645                2650                2655
Gln Gly  Pro Gln Gly Pro Asn  Gly Thr Ser Ala Lys  Ala Phe Ala
    2660                2665                2670
Leu Thr  Ser Asp Ser Leu Ser  Phe Ser Phe Asp Thr  Ser Gly Asn
    2675                2680                2685
Leu Lys  Ser Asn Gly Thr Ile  Lys Ile Asp Ser Trp  Arg Gln Asn
    2690                2695                2700
Thr Thr  Ala Ala Ile Thr Trp  Thr Ala Lys Asn Gln  Ala Gly Ser
    2705                2710                2715
Asn Ile  Thr Leu Gly Gly Thr  Ala Thr Asn Lys Thr  Ile Thr Ser
    2720                2725                2730
Ala Gln  Phe Gly Ser Ser Glu  Tyr Val Thr Val Thr  Ala Thr Cys
    2735                2740                2745
Asp Gly  Ile Thr Asp Ser Ile  Thr Ile Val Arg Leu  Gln Asp Gly
    2750                2755                2760
Val Asn  Ser Leu Val Gly Tyr  Leu Thr Asn Glu Ala  Ala Asn Leu
    2765                2770                2775
Ser Cys  Asn Ser Tyr Gly Phe  Val Gln Asn Trp Asp  Gly Thr Thr
    2780                2785                2790
Gly Asn  Phe Lys Val Phe Tyr  Gly Thr Val Asp Val  Thr Ser Gln
    2795                2800                2805
Cys Thr  Phe Gly Val Glu Asp  Lys Ser Asn Leu Asn  Gly Asn Ile
    2810                2815                2820
Gly Ser  Ser Gly Tyr Tyr Ala  Pro Ser Ala Met Pro  Asn Gly Leu
    2825                2830                2835
```

```
Glu Ile Thr Ser Gly Trp Val Asp Tyr Lys Ala Thr His Pro Lys
    2840                2845                2850
Tyr Gly Thr Leu Ile Lys Arg Phe Thr Leu Lys Lys Ser Leu Pro
    2855                2860                2865
Gly Ile Gly Tyr Asp Arg Val Phe Thr Gly Ser Phe Asp Ser Gly
    2870                2875                2880
Asn Asn Gly Ser Trp Gly Arg Thr Val Val Asp Ile Ala Thr Gly
    2885                2890                2895
Ser Pro Gly Gly His Thr Lys Ala Ile Gln Cys Thr Ser Arg Asp
    2900                2905                2910
Thr Met Glu Ser Ser Asn Trp Phe Pro Thr Arg Lys Gly Met Arg
    2915                2920                2925
Tyr Arg Val Thr Ala Trp Val Asn Asn Ser Glu Gly Glu Tyr Gln
    2930                2935                2940
Leu Arg Leu Gly Leu His Thr Gln Asn Ser Ser Gly Ser Val Asn
    2945                2950                2955
Thr Gly Tyr Pro Thr Met Leu Ala Ala Ser Ala Lys Asp Ser Glu
    2960                2965                2970
Gly Trp Lys Leu Val Thr Gly Ile Val Thr Val Gly Asp Gly Ser
    2975                2980                2985
Thr Ala Glu Thr Gly Arg Ala Arg Pro Phe Ile Gln Met Asn Gly
    2990                2995                3000
Ser Ala Ser Pro Phe Gly Asn Ala Tyr Val Ala Ala Ile Ala Ile
    3005                3010                3015
Glu Asp Leu Ser Met Asp Gly Ala Asp Gly Ala Thr Gly Pro Gln
    3020                3025                3030
Gly Pro Gln Gly Asn Thr Gly Ala Thr Gly Pro Gln Gly Asp Lys
    3035                3040                3045
Gly Asp Thr Gly Pro Gln Gly Pro Gln Gly Pro Ala Gly Asn Ser
    3050                3055                3060
Val Asn Val Gln Trp Ser Lys Asp Gly Ser Thr Asn Trp His Ser
    3065                3070                3075
Thr Phe Thr Ser Gly Asp Leu Tyr Met Arg Gln Gln Val Asn Gly
    3080                3085                3090
Ser Trp Gly Pro Ala Ile Arg Ala Val Gly Glu Asn Gly Ala Asn
    3095                3100                3105
Gly Thr Pro Gly Ser Lys Gly Asn Tyr Val Ser Met Lys Phe Ala
    3110                3115                3120
Val Met Ala Ser Thr Pro Ser Arg Pro Ser Gly Ser Asn Pro Ala
    3125                3130                3135
Gly Trp Ser Asp Ser Pro Pro Pro Gly Asn Pro Leu Trp Met Ile
    3140                3145                3150
Lys Ala Glu Phe Asn Gly Glu Thr Asn Ala Ile Ile Gly Asn Trp
    3155                3160                3165
Ser Asp Pro Ile Arg Leu Asp Gly Asp Ser Ile Asn Glu Asn Leu
    3170                3175                3180
Phe Tyr Phe Lys Ala Trp Leu Asp Ser Ile Thr Gly Val Ala Gly
    3185                3190                3195
```

Asn Gly Ser Ser Ile Gly Lys Asn Tyr Glu Leu Leu Arg Ala Arg
3200 3205 3210
Ile Ile Ala Gly Thr Gly Val Thr Asp Ala Tyr Thr Leu Pro Ser
3215 3220 3225
Asp Gly Ser Ala Ser Met Phe Thr Tyr Leu Pro Pro Ser Thr Thr
3230 3235 3240
Tyr Thr Met Ser Phe Glu Thr Asp Asn Ala Val Glu Val Arg Cys
3245 3250 3255
His Val Phe Trp Tyr Ala Lys Gly Ser Asn Thr Thr Gly Gly Val
3260 3265 3270
Leu Lys Thr Ile Ala Ser Thr Thr Ala Gly Leu Ser Ser Phe Thr
3275 3280 3285
Phe Thr Thr Pro Ala Asn Ser Asp Arg Ile Ser Val Arg Phe Ser
3290 3295 3300
Val Asn Glu Ser Gly Gly Asn Asn Val Val Gly Arg Cys Lys Ile
3305 3310 3315
Glu Lys Gly Ala Phe Val Thr Ser Tyr Val Arg Asn Gln Tyr Asp
3320 3325 3330
Ala Val Gly Asp Arg Gly Pro Gly Phe Tyr Thr Gln Ala Ile Thr
3335 3340 3345
Asn Leu Thr Gly Trp Asn Asp Thr Gln Ala Ala Ser Phe Phe Gln
3350 3355 3360
Ser Thr Phe Gly Gly Pro Pro Val Lys Tyr Asp Val Leu Thr Gln
3365 3370 3375
Tyr Lys Ser Gly Ser Pro Gln Asn Ser Trp Thr Arg Gln Trp Asn
3380 3385 3390
Gly Ser Ala Trp Thr Ala Pro Ala Leu Thr Val His Gly Asp Met
3395 3400 3405
Ile Val Ser Gly Ser Ile Thr Ala Asp Lys Ile Ile Ala Asn Asn
3410 3415 3420
Ala Phe Leu Ala Gln Ile Gly Val Asp Ile Leu Tyr Asn Arg Ala
3425 3430 3435
Ala Ala Leu Ser Ser Asn Pro Glu Gly Thr Tyr Thr Met Lys Ile
3440 3445 3450
Asp Leu Ala Asn Gly Tyr Ile His Ile Arg
3455 3460

<210> 34
<211> 139
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 34

Met Ser Thr Glu Asn Arg Val Val Asp Ile Ile Leu Asp Gln Asn Val
1 5 10 15
Ser Tyr Gly Leu Met Leu Gln Phe Met Asp Ile Asp Asp Ser Ala Tyr
20 25 30
Pro Ala Thr Glu Thr Pro Val Asn Leu Thr Gly Val Thr Leu Lys Ser

35 40 45
Ser Ile Lys Asp Ser Leu Glu Ser Thr Gly Val Lys Leu Ala Asp Phe
50 55 60
Val Val Thr Val Val Asn Ala Thr Gln Gly Gln Ala Ser Leu Gly Leu
65 70 75 80
Thr Ala Ala Thr Val Ala Thr Ile Val Ser Lys Ala Ser Lys Glu Arg
85 90 95
Asp Lys Tyr Asn Pro Arg Leu Arg Phe Ala Gly Tyr Tyr Asp Val Ile
100 105 110
Met Thr Lys Gly Thr Gly Ala Thr Ala Thr Ser Tyr Arg Val Met Glu
115 120 125
Gly Ser Val Tyr Val Ser Asp Gly Val Thr Ala
130 135

<210> 35
<211> 679
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 35
Met Ala Ile Thr Thr Arg Ile Ile Ala Gln Gln Val Thr Ala Leu Asp
1 5 10 15
Gly Ala Asn Ser Arg Val Ser Lys Tyr Pro Lys Phe Thr Val Gln Leu
20 25 30
Gly Tyr Ser Val Ser Ser Leu Ala Ala Thr Glu Leu Leu Asp Ala Ala
35 40 45
Thr Arg Ser Ala Ala Ser Ala Ala Ala Ala Lys Thr Ser Glu Thr Asn
50 55 60
Ala Lys Ala Ser Glu Thr Ala Ser Lys Asn Ser Gln Thr Ala Ala Lys
65 70 75 80
Thr Ser Glu Thr Asn Ala Ala Ala Ser Ala Gln Val Ala Gln Asn Leu
85 90 95
Ala Gly Lys Ala Ser Leu Val Thr Pro Leu Gly Val Met Thr Gly Ser
100 105 110
Ala Glu Ala Lys Ile Ala Ser Ile Thr Ile Ala Ala Asn Gln Ser Ser
115 120 125
Ser Val His Val Leu Phe Ala Leu Tyr Ala Thr Gly Asn Gly Ala Asn
130 135 140
Arg Asp Asp Ile Tyr Asn Met Glu Ile Val Ser Leu Ala Leu Pro Gly
145 150 155 160
Pro Val Thr Ser Val Thr Ala Asp Asn Ile Gly Ser Phe Leu Ser His
165 170 175
Arg Val Ile Gly Pro Ala Asn Thr Asn Gly Phe Met Val Gly Leu Lys
180 185 190
Ser Thr Ile Glu Gly Ser Asn Val Thr Tyr Asp Val Tyr Leu Lys Ser
195 200 205
Arg Ser Ser Phe Arg Asp Pro Lys Met Ala Phe Leu Ser Gly Ser Ile
210 215 220

```
Ser Val Thr Pro Pro Thr Gly Pro Leu Val Asp Gly Thr Ser Pro Ala
225                 230                 235                 240
Trp Lys Thr Thr Gly Phe Asp Thr Asp Val Ile Tyr Val Asn Arg Ala
                245                 250                 255
Gln Val Ile Asp Asp Gly Ile Ser Leu Ala Arg Ile Lys Gln Leu Ala
            260                 265                 270
Ile Thr Asn Gly Lys Thr Asp Ser Ser Ile Leu Leu Leu Ser Tyr Leu
        275                 280                 285
Asn Glu Thr Gly Ile Leu Ser Thr Asn Lys Lys Ser Ile Ser Leu Arg
    290                 295                 300
Pro Gly Gly Thr Ser Asp Ser Ser Ile Ala Ala Thr Glu Phe Leu Pro
305                 310                 315                 320
Asn Gly Asn Ile Ile Leu Pro Asn Gly Asp Thr Gly Asn Gln Thr Ile
                325                 330                 335
Ser Trp Leu Gly Gly Pro Arg Ile Arg Val Asn Ser Asn Gly Ser Phe
            340                 345                 350
Val Leu Ser Thr Asn Asn Pro Ser Asn Gln Thr Ser Gly Phe Ile Thr
        355                 360                 365
Phe Arg Pro Gln Gly Asp Gln Val Thr Ser Thr Glu Leu Gln Ile Arg
    370                 375                 380
Asp Asp Gly Asn Ile Lys Gln Thr Ala Pro Gln Ser Ser Ala Gly Asn
385                 390                 395                 400
Ala Leu Ile Arg Gln Asp Ala Ala Ile Gln His Ile Met Asp Lys Ala
                405                 410                 415
Pro Ala Ala Gly Ile Thr Ala Asn Pro Leu Ser Asp Leu Asn Val Ile
            420                 425                 430
Pro Thr Pro Glu Gly Thr Asp Pro Trp Gly Ala Asp Gly Val Arg Val
        435                 440                 445
Phe Gln Ser Gly Val Ser Thr Lys Asn Thr Pro Asp Gly Thr Thr Gly
    450                 455                 460
Arg Leu Gly Thr Ile Leu Asn Val Arg His Thr Gln Tyr Arg Ile Met
465                 470                 475                 480
Gln Phe Phe Met Gln Ser Asn Ala Thr Ala Pro Ile Leu His Ile Arg
                485                 490                 495
Ser Leu Arg Ala Asp Gln Gly Asn Thr Pro Pro Ala Trp Phe Lys Val
            500                 505                 510
Tyr Thr Glu Tyr Ser Lys Pro Asn Ile Gln Ser Asp Ile Ala Gly Ile
        515                 520                 525
Thr Ile Asp Gly Asn Gly Phe Val Lys Lys Ala Ser Pro Ile Ala Lys
    530                 535                 540
Leu Ile Ala Glu Ile Pro Ser Lys Glu Asp Ser Phe Phe Trp Thr Gly
545                 550                 555                 560
Val Glu Thr Val Gly Gly Tyr Val Gly Cys Asn Ala Glu Ala Gln Gly
                565                 570                 575
Val Phe Ala Val Lys Thr Gly Leu Gly Lys Tyr Thr Ile Lys Gly Ser
            580                 585                 590
Leu Gly Trp Asn Thr Glu Gly Trp Lys Phe Glu Leu Pro Arg Asp Asp
        595                 600                 605
```

Asn Gly Asn Met Leu Cys Phe Val Glu Ser Asp Trp Asn Glu Glu Glu
610 615 620
Lys Glu Leu Asn Ile Gln Val Phe Thr Arg Lys Phe Asp Ile Asn Thr
625 630 635 640
Gly Asn Ile Ile Ala Gly Glu Pro Met Glu Ile Pro Gln Gly Arg Trp
645 650 655
Ile Asp Leu Arg Leu Glu Met Pro Lys Val Glu Ile Pro Glu Val Glu
660 665 670
Phe Pro Glu Asp Pro Glu Val
675

<210> 36
<211> 147
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 36

Met Arg Ile Lys Leu Ser His Pro Asp Cys Lys Pro His Val Gly Ser
1 5 10 15
Ser Glu Ala Ala Gly Met Asp Leu Arg Ala Tyr Phe Gly Asp Arg Ala
20 25 30
Ser Asp Leu Leu Arg Ala Ile Pro Pro Gly Glu Ser Leu Met Ile Asp
35 40 45
Thr Gly Val Ala Val Glu Ile Pro Glu Gly Trp Val Gly Ile Val Val
50 55 60
Pro Arg Ser Ser Leu Gly Lys Arg Arg Leu Met Ile Ala Asn Thr Thr
65 70 75 80
Gly Val Ile Asp Ser Asp Tyr Arg Gly Thr Ile Lys Met Asn Leu Leu
85 90 95
Asn Met Ser Asn Glu Thr Gln Pro Ile Asp Asn Phe Glu Arg Leu Cys
100 105 110
Gln Leu Val Ile Val Pro His Tyr Asn Pro Asn Asp Ile Glu Ile Val
115 120 125
Asp Ser Leu Thr Asp Thr Asp Arg Gly Glu Gly Gly Phe Gly Ser Ser
130 135 140
Gly Lys Met
145

<210> 37
<211> 292
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 37

Met Ser Lys Ser Trp Gly Thr Met Lys Arg Glu Ala Glu Gln Arg Leu
1 5 10 15
Ala Ser Arg Arg Asn Leu Met Ile Val Asp Gly Thr Asn Leu Gly Phe
20 25 30

Arg Phe Lys Lys Asp Ser Gly Lys Pro Ile Ala Ala Ser Phe Ala Asn
35 40 45
Thr Ile Asn Ser Leu Ala Asn Ser Tyr Asp Ala Lys His Thr Ile Val
50 55 60
Leu Gly Asp Lys Gly Lys Ser Ile Phe Arg Thr Asn Ile Phe Pro Glu
65 70 75 80
Tyr Lys Gly Asn Arg Asp Ala Lys Tyr Ala Asp Arg Ser Glu Ala Glu
85 90 95
Val Glu Ala Asp Arg Gln Phe Phe Glu Tyr Leu Asp Asp Ala Phe Asp
100 105 110
Leu Ile Ala Ser Gln Phe Pro Thr Phe Arg Ile Arg Gly Val Glu Ala
115 120 125
Asp Asp Met Ala Ala Phe Ile Ile Gln Leu Ile Gly His His Tyr Asp
130 135 140
His Ile Trp Leu Ile Ser Thr Asp Gly Asp Trp Asp Thr Leu Leu Ala
145 150 155 160
Pro Asn Ile Ser Arg Phe Ser Phe Thr Thr Arg Lys Glu Tyr His Glu
165 170 175
Lys Asp Met Phe Asp Asn His Asn Val Asp Thr Val Asp Gln Phe Ile
180 185 190
Ser Leu Lys Ala Ile Met Gly Asp Met Gly Asp Asn Ile Arg Gly Val
195 200 205
Glu Gly Ile Gly Glu Lys Arg Gly Tyr Asn Leu Ile Arg Glu His Gly
210 215 220
Ser Val Leu Asp Ile Ile Asp Ala Leu Pro Leu Pro Gly Thr Gln Lys
225 230 235 240
Phe Val Gln Ala Leu Asn Lys Ser Gly Glu Leu Met Glu Arg Asn Leu
245 250 255
Thr Leu Val Asp Leu Pro Ser Phe Cys Gly Glu Ala Val Ala Ala Ala
260 265 270
Gly Gln Asp Ile Tyr Asp Gln Phe Val Lys Asp Ile Thr Ala Ile Ala
275 280 285
Thr Gly Glu Val
290

<210> 38
<211> 160
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 38

Met Ala Val Asp Ser Arg Glu Lys Gly Lys Arg Ala Glu Tyr Gln Ile
1 5 10 15
Arg Asp Met Leu Arg Lys Tyr Thr Ser Leu Asp Trp Glu Arg Val Pro
20 25 30
Gly Ser Gly Ala Phe Gly Gln Ser His Ser Leu Lys Gly Asp Val Tyr
35 40 45
Leu Pro Pro Ser Val Gly Lys Met Ser Gln Tyr Cys Phe Glu Ile Lys

50 55 60

His Tyr Ala Asp Glu Lys Phe Asn Ser Asn Ile Leu Asn Val Gly Glu
65 70 75 80

Ser Gln Leu Glu Lys Trp Trp Ala Gln Ala Ala Arg Glu Gly Glu Gln
85 90 95

Met Asn Met Lys Pro Ala Leu Ile Phe Lys Lys Asp Arg Gly Gln Trp
100 105 110

Leu Ile Ala Leu Asp Ser Ser Asp Pro Met Ile Asp Asn Leu Met Ser
115 120 125

Arg Ala His Phe Ile Val Asn Lys Arg Gly Met Glu Ile Val Ile Gly
130 135 140

Leu Phe Glu Pro Trp Leu Asn Ala Cys Glu Ile Gly Asp Leu Val Lys
145 150 155 160

<210> 39

<211> 611

<212> PRT

<213> Unknown

<220>

<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08

<400> 39

Met Ser Ile Val Ile Asn Lys Leu Thr Ile Ser His Phe Met Ser Tyr
1 5 10 15

Ala Glu Asn Val Val Ile Glu Phe Asp Asn His Arg Val Thr Gln Leu
20 25 30

Ile Gly Arg Asn Gly Leu Gly Lys Ser Thr Ile Gly Thr Ala Leu Glu
35 40 45

Glu Leu Leu Tyr Asn Lys Asn Ser Arg Gly Ile Lys Lys Asp Asp Leu
50 55 60

Phe Asn Trp His Thr Gly Ser Lys Ala Tyr Thr Leu Glu Gly Gln Phe
65 70 75 80

Thr Lys Asp Gly Asp Val Tyr Asn Val Lys Lys Val Val Lys Ser Thr
85 90 95

Ala Lys Val Thr Leu Thr Lys Asn Gly Glu Asp Ile Ser Gly His Thr
100 105 110

Ala Thr Gln Thr Tyr Lys Leu Ile Glu Glu Val Leu Ala Cys Asp Phe
115 120 125

Thr Thr Phe Thr Lys Leu Val Tyr Gln Ser Val Gly Ser Ser Leu Asp
130 135 140

Phe Leu Lys Thr Thr Asp Ala Gln Arg Lys Thr Phe Leu Val Asn Leu
145 150 155 160

Phe Asp Gln Glu Gln Tyr Lys Glu Val Ser Glu Arg Val Lys Ala Gly
165 170 175

Arg Lys Ala Val Ser Ala Lys Leu Ser Gly Leu Glu Gly Ser Leu Arg
180 185 190

Thr Ala Gln Ser Ile Leu Ser Ser Lys Ala Ser Leu Gly Ala Pro Gln
195 200 205

Ser Glu Ile Pro Ile Pro Val Phe Asp Glu Glu Pro Leu Val Glu Glu
210 215 220

Leu Thr Glu Ala Lys Val Lys Val Ala Leu Ala Gln Lys Gln Lys Ala
225 230 235 240
Ser Ile Ala Lys Arg Ser Ser Leu Asp Met Ala Val Gln Ala Ala Glu
245 250 255
Lys Thr Phe Ala Pro Phe Glu Asn Leu Pro Ala Pro Thr Ser Lys Ser
260 265 270
Glu Glu Leu Leu Ser Val Thr Arg Asn Leu Thr Val Val Ala Thr Arg
275 280 285
Ala Asp Asp Leu Lys Lys Arg Tyr Tyr Asp Phe Lys Asn Ala Ala Gly
290 295 300
Lys Thr Gln Cys Ser Ala Cys Gly Thr His Leu Asp Thr Ser Ala Ala
305 310 315 320
Gln Glu Ala Met Arg Arg Thr Lys Glu Glu Tyr Asp Pro Leu Tyr Lys
325 330 335
Glu Arg Gln Lys Leu Glu Ala Glu Val Glu Glu Leu Arg Lys Glu Asp
340 345 350
Arg Ala Phe Lys Asp Tyr Ile Ser Lys Phe Asn Ala Leu Glu Gln Ala
355 360 365
Arg Lys Asn Leu Lys Glu Phe Asp Glu Val Asn Gly Thr Gln Asp Glu
370 375 380
Ile Val Asp Ala Ser Gly Leu Ala Glu Arg Ile Lys Ala Ile Glu Ser
385 390 395 400
Ser Ile Arg Gln Gly Arg Ser Ser Val Glu Leu Ala Arg Thr His Asn
405 410 415
Glu Ser Val Val Arg Glu Asn Ala Lys Tyr Glu Ala Lys Arg Glu Gln
420 425 430
Ile Gln Lys Ala Glu Gln Glu Phe Asp Lys Ile Gln Ala Glu Leu Ser
435 440 445
Leu Val Ala Glu Glu Val Ala Asp Leu Asp Ile Leu Ile Thr Gly Leu
450 455 460
Lys Asp Leu Val Gly Tyr Lys Leu Glu His Ser Val Lys Val Phe Glu
465 470 475 480
Glu Met Ile Asn His Tyr Leu Ser Ile Met Thr Ser Gly Lys Phe Ala
485 490 495
Leu Gly Phe Glu Leu Asp Glu Thr Lys Leu Gln Val Val Ile Tyr Asn
500 505 510
Asp Gly Asn Arg Thr Ser Met Val Asn Cys Ser Thr Gly Gln Gln Ser
515 520 525
Arg Ile Asn Ile Ser Thr Leu Leu Ala Ile Arg Met Leu Leu Ser Thr
530 535 540
Ile Ser Lys Val Asn Ile Asn Leu Leu Phe Leu Asp Glu Val Val Ser
545 550 555 560
Tyr Ile Asp Pro Asp Gly Ile Asn Thr Leu Val Glu Leu Leu Gln Glu
565 570 575
Glu Asp Gln Leu Asn Ser Ile Ile Val Ser His Gly His Thr His Pro
580 585 590
Tyr Ala His Lys Ile Glu Val Lys Gln Asp Glu Ala Gly Leu Ser Ile
595 600 605

Leu Glu Ala
610

<210> 40
<211> 330
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 40

Met Lys Ile Leu Phe Ser Ala Asp His His Ile Lys Leu Gly Ala Lys
1 5 10 15
Asn Val Pro Gln Glu Trp Gln Lys Asn Arg Phe Ile Leu Leu Gly Glu
20 25 30
Lys Leu Asp Glu Val Phe Gly Ala Thr Gly Cys Asp Leu His Ile Ile
35 40 45
Gly Gly Asp Ile Met Asp Val Ser Asp Pro Ser Ser Glu Glu Val Glu
50 55 60
Leu Leu Phe Ala Phe Leu Ala Thr Leu Gln His Pro Gly Ile Ile Tyr
65 70 75 80
Thr Gly Asn His Glu Met Lys Ser Lys Thr Ile Ser Cys Leu Asp His
85 90 95
Tyr Ala Ala Ala Ile Ser Asp Ala Thr Asp Gly Leu Trp Lys Val Val
100 105 110
Lys Asp Tyr Arg Ser Pro Glu Phe Asp Ile Ile Pro Tyr Ser Ser Leu
115 120 125
His Lys Ala Ser Trp Lys Pro Arg Val Ser Asp Ile Cys Phe Thr His
130 135 140
Val Arg Gly Ala Ile Pro Pro His Val Val Pro Glu Ile Tyr Leu Glu
145 150 155 160
Arg Phe Val Glu His Gly Tyr Ser Lys Val Phe Ala Gly Asp Leu His
165 170 175
Ser Tyr Lys Asn Ser Gln Lys Ile Gly Asp Val Asp Leu Leu Tyr Pro
180 185 190
Gly Ser Pro Leu Thr Thr Ser Phe His Arg Glu Arg Thr Lys Gly Thr
195 200 205
Asn Gly Ala Phe Ile Ile Asp Thr Val Leu Pro Arg Asp His Glu His
210 215 220
Tyr Leu Ser Trp Ile Glu Leu Gly Asp Leu Pro Gln Leu Ile Arg Lys
225 230 235 240
Thr Ile Glu Val Gly Glu Pro Met Glu Ala Asp Ala Tyr Asp Arg Val
245 250 255
Ile Tyr Glu Val Thr Gly Asp Val Ser Gln Leu Lys Thr Leu Lys Asn
260 265 270
Ser Glu Leu Leu Asp Lys Lys Ile Asn Asn Arg Val Thr Lys Asp Ala
275 280 285
Lys Leu Asp Leu Asp Asp Met Ser Leu Leu Gln Glu Leu Asp Thr Tyr
290 295 300
Phe Thr Asn Val Gln Lys Leu Asp Glu Ala Ser Arg Thr Arg Ile Leu

305 310 315 320
Lys Arg Ala Ala Glu Tyr Val Asp Ser Asn
325 330

<210> 41
<211> 257
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 41

Met Ala Thr Lys Ser Trp Gly Ser Thr Thr Gly Gly Ser Asn Gly Asp
1 5 10 15
Lys Leu Asp Tyr Met Lys Phe Asn Asn Gly Lys Asn Val Val Arg Ile
20 25 30
Val Ser Gly Val Leu Pro Arg Tyr Val Tyr Trp Ile Gln Asn Lys Glu
35 40 45
Gly Lys Pro Ala Pro Phe Glu Cys Leu Arg Phe Asp Arg Glu Lys Glu
50 55 60
Arg Phe Ile Arg Gly Ala Ser Asp Pro Val His Asp Met Gly Phe Lys
65 70 75 80
Asp Pro Glu Lys Lys Asp Gly Lys Ala Gln Pro Leu Arg Pro Lys Lys
85 90 95
Asn Tyr Leu Ala Val Val Ile Asp Arg Thr Asp Asn Lys Leu Lys Leu
100 105 110
Met Glu Val Lys Ala Thr Ile Leu Thr Gly Ile His Ser Ile Met Ala
115 120 125
Gln Leu Asn Leu Glu Asp Pro Gly Glu Ile Asp Ile Thr Ile Ser Lys
130 135 140
Ser Gly Thr Gly Phe Asp Thr Lys Tyr Asp Val Gln Gln Ile Ala Ala
145 150 155 160
Met Gln Phe Gln Met Ala Lys Asn Gln Pro Gly Ser Lys Glu Ala Ala
165 170 175
Leu His Glu Ala Asp Val Ala Leu Ile Gly Glu Ala Leu Tyr Asn Glu
180 185 190
Ala Asp Glu Phe Glu Gly Phe Glu Lys Val Pro Lys Leu Asp Val Thr
195 200 205
Tyr Pro Val Pro Ser Tyr Asp Glu Gln Lys Lys Ala Ile Gln Ala Trp
210 215 220
Leu Glu Gly Lys Lys Asp Glu Glu Gly Asp Glu Ser Lys Gly Asn Glu
225 230 235 240
Gly Ser Ala Asn Ser Gly Asn Ile Asp His Glu Ala Ala Ser Asp Leu
245 250 255
Asp

<210> 42
<211> 117
<212> PRT
<213> Unknown
<220>

<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 42

```
Met Leu Phe Tyr Asp Tyr Glu Lys Ile Tyr Ile Leu Ala Arg Gly Asn
1               5                  10                  15
Ser Ser Leu Ile Val Gln Ile Ile Arg Arg Met Val Glu Asp Pro Glu
            20                  25                  30
Ala His Val Met Leu Thr Gly Arg Ser Phe Ile Leu Asn Glu Asp Thr
        35                  40                  45
Ile Val Tyr Asn Lys Arg Lys Leu Ser Asp Arg Gln Leu Ala Glu Tyr
    50                  55                  60
Leu Gly Leu Leu Ser Phe Arg Asn Tyr Ala Glu Tyr Ser Phe Ser Lys
65                  70                  75                  80
Asp Thr Ser Leu Asp Met Gln Tyr Ile Pro Pro Trp Val Pro Arg Ala
                85                  90                  95
Val Ile Glu His His Pro Leu Ile Ala Ile Asn Lys Ser Lys Leu Thr
            100                 105                 110
Phe Ile Glu Glu Asn
        115
```

<210> 43
<211> 452
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 43

```
Met Lys Ile Val Ile Ser Asn Lys Ile Tyr Cys Lys Pro Ser Asn Glu
1               5                  10                  15
Leu Trp Glu Tyr Leu Leu Lys His Thr Ser Tyr Gln Ile Phe Lys Pro
            20                  25                  30
Gly Ala Lys Tyr Pro Leu Met Phe Gln Asn Ser Gly Ser Val Gly Lys
        35                  40                  45
Glu Ile Lys Trp Phe Pro Val Thr Arg Leu Asp Leu Leu Glu Ser Phe
    50                  55                  60
Gly Gln Lys Val Thr Glu Ile Val Asp Lys Arg Thr Leu Val Pro Met
65                  70                  75                  80
Asp Ile Pro Lys Pro Ser Phe Thr Leu Arg Pro Gly Asp Gln Leu Pro
                85                  90                  95
Ile Tyr Glu Asp Cys Asn Asp Thr Cys Ile Ile Asn Gly Lys Pro Gly
            100                 105                 110
Phe Gly Lys Thr Ile Leu Ala Leu Ala Ile Ala His Lys Leu Gly Gln
        115                 120                 125
Lys Thr Leu Val Ile Cys Thr Asn Thr Thr Ile Arg Ala Met Trp Glu
    130                 135                 140
Lys Glu Val Arg Lys Phe Phe Gly Ile Glu Pro Gly Val Ile Gly Ser
145                 150                 155                 160
Gly Lys Phe Asn Ile Asp Ser Pro Ile Val Ile Ser Asn Ile Gln Thr
                165                 170                 175
Val Asn Lys His Gly Ala Ala Leu Ala Lys Glu Phe Gly Thr Val Ile
```

180 185 190

Val Asp Glu Val His His Cys Val Ala Thr Thr Phe Thr Lys Phe Leu
195 200 205

Glu Gln Ser Ser Ala Arg Tyr Lys Ile Gly Leu Ser Gly Thr Leu Lys
210 215 220

Arg Lys Asp Gly Leu Gln Val Met Phe Lys Asp Tyr Phe Gly Thr Lys
225 230 235 240

Val Tyr Ser Pro Pro Val Asn Asn Thr Met Pro Pro Thr Ile His Arg
245 250 255

Phe Ala Leu Lys Thr Gln Val Ser Gly Asn Met Asn Val Pro Trp Ala
260 265 270

Ile Arg Ala Asn Asp Val Tyr Ser Gln Pro Glu Tyr Phe Gln Gln Val
275 280 285

Val Asp Leu Cys Glu Leu Tyr Ser Met Ala Gly His Lys Val Leu Phe
290 295 300

Val Ser Asp Arg Ile Asp Leu Ile Glu Arg Val Thr Asn Ala Leu Glu
305 310 315 320

Leu Arg Gly Val Lys Thr Tyr Thr Ile Thr Gly Val Thr Ser Leu Asp
325 330 335

Asp Arg Glu Gln Val Gln Ile Asp Val Thr Asn Asp Gly Pro Cys Val
340 345 350

Leu Ala Ala Ser Gln Ser Ile Phe Ser Glu Gly Val Ser Leu Asn Ala
355 360 365

Leu Ser Cys Leu Val Leu Gly Ser Leu Ile Asn Asn Glu Ser Leu Ile
370 375 380

Glu Gln Leu Ala Gly Arg Val Gln Arg Met Ala Asp Asp Lys Leu Asp
385 390 395 400

Pro Ile Leu Val Asp Leu Lys Leu Gly Gly Val Gly Phe Lys Gln Ala
405 410 415

Ala Gly Arg Glu Ala Val Tyr Arg Leu Asn Gly Trp Glu Val Leu Asp
420 425 430

Phe Asn Glu Lys Asn Met Ala Asn Leu Asp Lys Ile Leu Phe Ala Lys
435 440 445

Asn Pro Lys Val
450

<210> 44
<211> 165
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 44

Val Leu Asn Phe Ser Leu Pro Val Tyr Ala Leu Arg Ala Tyr Asp Val
1 5 10 15

Leu Phe Gln Glu Gly Glu Tyr Ile Val Ile Gln Thr Arg Phe Thr Arg
20 25 30

Tyr Val Leu Asp Asn Pro Ser Leu Pro Gly Thr Phe Ser Gln Arg Arg
35 40 45

Leu Phe Leu Tyr Gly Glu Arg Glu Asn Leu Pro Tyr Lys Leu Tyr Pro
50 55 60
Leu Lys Lys Gln Phe Lys Tyr Leu Ser Gln Ile Ile Asn Ser Gly Leu
65 70 75 80
Lys His Phe Ile Asp Ser Thr Gly Lys Ile Val Thr Trp Lys Pro Thr
85 90 95
Thr Tyr Tyr Asn Ile Ile Thr Glu Arg Val Arg Gly Ser Thr Arg Ile
100 105 110
Phe Asn Gly Lys Tyr Gln Cys Tyr Val Lys Asn Val Pro Tyr Pro Phe
115 120 125
Leu Leu Ser Glu Pro Ala Asn Tyr Ile Ser Tyr Ala Leu Val Arg Gly
130 135 140
Ser Pro Val Ile Phe Asp Thr His Glu Glu Glu Pro Glu Thr Pro Arg
145 150 155 160
Leu Arg Val Lys Ile
165

<210> 45
<211> 856
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 45

Met Lys Ile Ala Val Val Asp Lys Ser Pro Asn Asn Val Arg Tyr Gln
1 5 10 15
Lys His Phe Glu Leu Phe Asp His Glu Val Glu Thr Phe Phe Met Ala
20 25 30
Ser Glu Lys Val Thr Gly Arg Leu Leu Lys Lys His Ile Thr Ile Gly
35 40 45
Thr Pro Glu Asn Pro Phe Asn Pro Glu Asp Phe Asp Tyr Val Ile Leu
50 55 60
Val Gly Ala Asp Pro Phe Leu Lys Phe Ala Ala Lys Lys Gly Ile Ser
65 70 75 80
Asp Tyr Ser Gly Lys Arg Val Glu His Asp Gly Tyr Ala Asn Trp Ile
85 90 95
Ala Ser Ile Ser Pro Ala Gln Leu His Phe Lys Pro Glu Met Lys Pro
100 105 110
Val Phe Glu Ala Thr Val Glu Ser Ile His Ala Ile Leu Asn Gly Arg
115 120 125
Glu Lys Arg Ser Lys Ala Gly Asp Tyr Arg Pro Ile Gln Cys Pro Asp
130 135 140
Glu Ala Glu Ala Tyr Val Lys Met Val Tyr Thr Met Cys Pro Gly Met
145 150 155 160
Ile Ala Tyr Asp Ser Glu Thr Ser Ala Leu Tyr Cys Arg Asp Gly Tyr
165 170 175
Met Leu Gly Ile Ser Ile Ser His Gln Glu Tyr Gln Gly Val Tyr Ile
180 185 190
Asp Ala Asp Val Ile Thr Glu Asn Thr Val Tyr Tyr Leu Gln Lys Leu

195 200 205

Phe Asp Ser Pro Glu His Gly Val Val Phe His Asn Leu Lys Phe Asp

210 215 220

Met His Phe Tyr Cys Tyr His Leu Gly Leu Ser Phe Asp Lys Ala Ala

225 230 235 240

Glu Glu Lys Arg Leu His Asp Thr Met Leu Met His Tyr Ala Leu Asp

245 250 255

Glu Arg Arg Gly Thr His Gly Leu Lys Ser Leu Ala Met Lys Tyr Thr

260 265 270

Asp Met Gly Asp Tyr Asp Phe Glu Leu Asp Gln Phe Lys Glu Thr Tyr

275 280 285

Cys Lys Thr His Lys Ile Lys Lys Glu Asp Phe Ser Tyr Asp Leu Ile

290 295 300

Pro Phe Asp Ile Met Trp Pro Tyr Ala Ala Lys Asp Thr Asp Ala Thr

305 310 315 320

Leu Arg Leu Ser Asn Phe Phe Leu Pro Lys Val Glu Ala Asn Pro Arg

325 330 335

Leu Lys Ser Leu Tyr Tyr Asp Val Leu Met Pro Gly Cys Val Phe Leu

340 345 350

Gln Arg Met Glu Asp Arg Gly Val Pro Ile Ser Lys Asp Arg Leu Lys

355 360 365

Glu Ala Gln Val Gln Leu Met Thr Ala Leu Gln Leu Ala Lys Ala Lys

370 375 380

Leu Tyr Glu Tyr Pro Glu Val Arg Lys Leu Glu Glu Asp Gln Gly Ser

385 390 395 400

Val Phe Asn Ala Ala Ser Val Val Gln Leu Arg Lys Leu Leu Phe Asp

405 410 415

Tyr Val Gly Leu Thr Pro Thr Gly Ile Met Thr Asp Thr Gly Ala Asp

420 425 430

Ser Thr Gly Ala Asp Ala Leu Lys Glu Leu Ser Asp Gln His Pro Ile

435 440 445

Ala Lys Thr Leu Leu Glu Ile Arg Lys Ile Ser Lys Leu Leu Ser Thr

450 455 460

Tyr Ile Glu Lys Met Leu Ile Ser Ile Asp Ala Asp Gly Cys Ile Arg

465 470 475 480

Thr Gly Phe His Ile His Met Thr Thr Ser Gly Arg Leu Ser Ser Ser

485 490 495

Gly Lys Leu Asn Leu Gln Gln Leu Pro Arg Asp Glu Ser Val Ile Lys

500 505 510

Gly Cys Ile Val Ala Pro Val Gly Tyr Arg Ile Ile Ala Trp Asp Leu

515 520 525

Thr Thr Ala Glu Ile Tyr Tyr Ala Ala Val Leu Ser Gly Asp Ile Asn

530 535 540

Met Gln Gln Val Phe Ile Asn Met Gln Asn Asp Pro Glu Asn Tyr Ser

545 550 555 560

Asp Phe His Gly Ser Ile Ala His Met Val Phe Ala Leu Pro Cys Lys

565 570 575

Pro Thr Glu Val Lys Lys Leu Tyr Pro Ala Leu Arg Gln Ala Ala Lys

580 585 590
Ala Ile Ser Phe Gly Ile Leu Tyr Gly Ser Gly Pro Ala Lys Val Ala
595 600 605
Ala Ser Val Asn Glu Ala Leu Leu Glu Glu His Met Lys Thr Gly Lys
610 615 620
Pro Tyr Thr Glu Cys Thr Thr Gly Asp Ala Lys Glu Tyr Ile Glu Thr
625 630 635 640
Tyr Phe Gly Arg Phe Pro Gln Leu Lys Lys Trp Ile Asp Lys Ser His
645 650 655
Ala Gln Ile Gln Thr Asn Gly Phe Ile Tyr Ser His Phe Gly Arg Lys
660 665 670
Arg Arg Leu His Asn Ile Asn Ser Glu Asp Arg Gly Val Gln Gly Glu
675 680 685
Glu Leu Arg Ser Gly Phe Asn Ala Ile Ile Gln Ser Ala Ser Ser Asp
690 695 700
Ser Leu Leu Leu Gly Ala Ile Asp Thr Asp Asn Glu Ile Arg Ser Leu
705 710 715 720
Gly Leu Gln Asp Glu Met Lys Ile Ile Met Leu Val His Asp Ser Val
725 730 735
Val Ala Ile Val Arg Glu Asp Leu Val Asp Gln Tyr Asn Glu Met Leu
740 745 750
Ile Arg Asn Ile Gln Val Asp Arg Gly Ile Ser Ile Pro Gly Cys Pro
755 760 765
Ile Gly Ile Asp Ser Asp Ser Glu Ala Gly Gly Ser Arg Asp Tyr Ser
770 775 780
Cys Gly Lys Ile Lys Lys Gln Arg Pro Ser Val Ala Cys Ile Glu Asp
785 790 795 800
Lys Glu Phe Glu Glu Lys Val Arg Ser Ile Ile Gly Met Glu Asp Phe
805 810 815
Asp Tyr Ala Ala Ile Ala Ala Asn Asp Glu Asn His Pro Asp His Asp
820 825 830
Lys Tyr Ala Asn Ile Lys Phe Leu Pro Glu Ile Ser Lys Asp Ile Val
835 840 845
Asn Val Arg Arg Val Leu Gly Ala
850 855

<210> 46
<211> 294
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 46

Met Ser Arg Ile Thr Glu Leu Leu Asp Leu Lys Gly Ile Glu Tyr Arg
1 5 10 15
Asp Thr Gly Gly Asp Ile Leu Ile Arg Cys Leu Asn Pro Asp His Glu
20 25 30
Asp Ala His Pro Ser Leu Arg Val Asp Pro Asp Ser Gly Val Phe His
35 40 45

Cys Leu Ser Cys Gly Phe Gly Arg Gly Ile Pro Ser Ile Phe His Tyr
50 55 60
Phe Asn Glu Glu Gln Tyr Arg Thr Ser Pro Arg Leu Leu Arg Val Arg
65 70 75 80
Arg Met Ile Ser Asp Leu Arg Thr Glu Gly Arg Ser Leu Glu Ile Pro
85 90 95
Glu Ser Ala Met Ile Phe Asp Gln Asp Phe Arg Gly Ile Lys Ala Glu
100 105 110
Thr Phe Lys Lys Tyr Phe Ala Phe Gln Gln Thr Glu Asp Trp Glu Gly
115 120 125
Arg Val Val Phe Pro Ile Thr Asp Ala Val Gly Arg Asn Leu Phe Phe
130 135 140
Leu Gly Arg Asn Met Asp Ser Ser Ala Pro Pro Lys Tyr Met Ile Arg
145 150 155 160
Pro Lys Lys Val Ser Pro Pro Ile Phe Pro Val Arg Tyr Asn Thr Pro
165 170 175
Ala Leu Ile Leu Val Glu Gly Ile Phe Asp Met Leu Asn Leu Glu Asp
180 185 190
Lys Gly Cys His Asn Val Ser Cys Cys Phe Gly Thr His Gln Phe Ser
195 200 205
Leu Asp Asn Ile Ala Asp Lys Phe Met Pro Phe Gln Ile Ala Gly Thr
210 215 220
Thr His Val Val Ile Ile Leu Asp Asn Asp Lys Ser Gly Asn Glu Ala
225 230 235 240
Ala Lys Lys Leu Ala Lys Leu Ile Arg Asp Lys Thr Arg Ile Ile Pro
245 250 255
Ile Ile Gly Asn Phe Leu Leu Pro Glu Gly Lys Asp Pro Gly Asp Leu
260 265 270
Asp Ala Glu Glu Val Asp Gln Leu Ile Arg Asn Val Glu Ile Leu Ile
275 280 285
Ala Glu His Val Lys Ile
290

<210> 47
<211> 492
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 47

Met Tyr Asn Val Gln Ala Val Val Leu Lys Met Leu Leu Ala Ser Asp
1 5 10 15
Gln Lys Gln Val Ala Leu Glu Thr Phe Ser Arg Leu Arg Lys Asp His
20 25 30
Phe Asn Asp Ala Phe Thr Ala Ile Tyr Gln Ala Val Gln Asn Tyr Tyr
35 40 45
Lys Lys His Asn Gly Met Pro Ser Leu Asp Ala Leu Met Leu Glu Ser
50 55 60
Asn Arg Asn Ala Arg Leu Ser Gln Ala Leu Thr Val Leu Ala Asn Thr

65 70 75 80
Gln Ile Pro Asp Val Asp Ile Ser His Ala Ile His Val Leu Glu Ser
85 90 95
Glu Tyr Thr Gln Asp Leu Phe Leu Asn Leu Leu Glu Thr Asp Val Leu
100 105 110
Gln Asp Ile Thr Ile Leu Asp Gln Gly Glu Leu Leu Asp Arg Val Ala
115 120 125
Ala Leu His Met Lys Leu Glu Glu Arg Val Thr Thr Thr Gly Lys Val
130 135 140
Phe Asn Ala Asp Thr Met Arg Val Phe Lys Arg Lys Glu Asp Ser Met
145 150 155 160
Leu Asn Leu Ile Ser Leu Gly Ile Ser Asn Glu Phe Asp Ala Gln Leu
165 170 175
Gly Gly Ile Ala Arg Lys Glu Thr Leu Leu Leu Gly Gly Trp Arg Gly
180 185 190
Thr Gly Lys Ser Ile Ile Cys Ser Asn Ile Gln Val Ala Gln Tyr Tyr
195 200 205
Asn Gly Asp Ile Ala Pro Tyr Phe Ser Ile Glu Met Pro Glu Asn Glu
210 215 220
Val Phe Arg Arg Asn Leu Ala Ile Met Ala Gly Val Ser Ala Lys Ala
225 230 235 240
Met Arg Asn Asp Ser Leu Gln Gly Ile Glu Leu Asn Lys Leu Ala Lys
245 250 255
Thr Arg Ala Lys Met Phe Glu Gly Gly Leu Glu Val Tyr Asn Asp Phe
260 265 270
Val Ser Arg Tyr Thr Leu Asn Glu Met Ser Asp Phe His Asp Met Glu
275 280 285
Thr Met Leu Met Gln Glu Arg Pro Leu His Thr Pro Met Ile Ile Val
290 295 300
Tyr Asp Pro Glu Leu Ser Thr Ala Thr Ile Asp Val Glu Leu Thr Lys
305 310 315 320
Leu Thr Ser Lys Tyr Gly Asp Lys Val Thr Ile Ala Leu Leu Asp Tyr
325 330 335
Ile Asn Gln Val Arg Leu Pro Asp Thr Lys Thr Leu Asp Met Tyr Asp
340 345 350
Trp Lys Gln Gln Met Val Val Ser Ser Thr Phe Lys Ser Thr Cys Gln
355 360 365
Lys His Asn Val Ala Gly Val Ala Pro Tyr Gln Ile Asp Gln Gln Gly
370 375 380
Asn Ala Arg Met Ala Arg Gly Ile Leu Asp Ser Cys Asp Met Ala Ala
385 390 395 400
Asn Leu Asn Ala Ala Lys Gln Asn Glu Gly His Asp Gly Ala Ile Lys
405 410 415
Phe Asp Phe Val Lys Thr Arg Asn Ser Glu Gly Met Thr Phe Met Pro
420 425 430
Lys Ile Asn Trp Asn Ser Leu Arg Met Asp Gln Thr Ser Asp Leu Lys
435 440 445
Leu Glu Asp Ile Arg Gln Met Glu Ala Glu Phe Val Ile Pro Leu Glu

450 455 460

Ser Asp Lys Pro Lys Asp Lys Pro Lys Arg Lys Lys Ala Ser Asp Glu
465 470 475 480

Asp Thr Asn Pro Thr Gly Glu Ser Ser Arg Asp Leu
485 490

<210> 48
<211> 252
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 48

Met Ala Lys Leu Thr Trp Asn Glu Glu Ile Thr Ala Ser Leu Thr Ala
1 5 10 15

Lys Ala Asn Ala Leu Asn Ala Thr Val Ile Ser Gln Glu Ala Val Ala
20 25 30

Asn Ile Ala Ala Glu Leu Ala Ala Glu Thr Gly Lys Glu Val Thr Ala
35 40 45

Arg Ser Val Gly Ser Lys Leu Arg Lys Glu Gly Phe Glu Val Gln Lys
50 55 60

Ala Ser Asp Val Thr Lys Ser Pro Trp Thr Pro Gly Gln Glu Asp Glu
65 70 75 80

Leu Val Ala Phe Leu Asn Asp His Pro Gly Gln Tyr Thr Tyr Ala Glu
85 90 95

Ile Ala Ala Ala Val Val Gly Gly Ala Tyr Thr Ala Lys Gln Val Gln
100 105 110

Gly Lys Ile Leu Ser Leu Glu Leu Thr Ala Ala Val Lys Pro Thr Glu
115 120 125

Lys Ala Ala Ala Val Arg Ser Phe Ser Pro Asp Gln Glu Ala Ala Phe
130 135 140

Ile Asn Ala Val Ala Ser Gly Ala Ser Val Glu Ala Ile Ala Ala Gln
145 150 155 160

Phe Glu Arg Thr Val Lys Gln Ile Arg Gly Lys Ala Leu Ser Leu Leu
165 170 175

Arg Glu Gly Arg Ile Glu Ala Met Pro Val Gln Glu Val Ser Asn Ala
180 185 190

Lys Ala Arg Glu Asp Val Leu Glu Gly Leu Asn Ile Ala Asp Met Thr
195 200 205

Val Ala Glu Ile Ala Glu Ala Thr Gly Lys Ser Glu Arg Gly Val Lys
210 215 220

Ser Met Leu Ser Arg Arg Gly Ile Ser Ala Lys Asp His Asp Gly Val
225 230 235 240

Ala Lys Arg Ala Lys Leu Asp Ala Lys Ser Ala Lys
245 250

<210> 49
<211> 249
<212> PRT
<213> Unknown

<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 49

```
Met Lys Ile Glu Ile Pro Leu Asn Cys His Ser Cys Gly Ser Lys Leu
1               5                  10                  15
Asp Leu Val Asn Asp Gln Leu Phe Cys Arg Asn Lys Ser Met Cys Pro
            20                  25                  30
Ala Gln Ser Ser Lys Leu Ile Glu Asn Phe Cys Ser Lys Met Lys Leu
        35                  40                  45
Lys Gly Phe Gly Pro Gln Thr Ile Ala Lys Leu Glu Ile Thr Lys Val
    50                  55                  60
Ser Glu Leu Phe Phe Leu Thr Lys Glu Asp Leu Val Arg Ala Val Gly
65                  70                  75                  80
Asp Lys Val Ala Thr Lys Leu Glu Leu Glu Leu Glu Thr Lys Leu Arg
                85                  90                  95
Gln Asp Val Asp Phe Gly Ser Val Leu Gly Ser Leu Ser Ile Pro Leu
            100                 105                 110
Ile Gly Glu Val Ala Ala Lys Lys Leu Ser Gln Leu Tyr Asn Asp Phe
        115                 120                 125
Gln Ser Val Lys Ala Glu Gly Lys Ala Gly Glu Asn Leu Ala Ser Trp
    130                 135                 140
Lys Asn Thr Pro Ala Gly Gln Asn Val Ile Asn Leu Pro Trp Lys Phe
145                 150                 155                 160
Ser Gly Ala Arg Glu Ala Gln Val Thr Pro Ala Thr Glu Ser Asn Gly
                165                 170                 175
Val Val Leu Cys Ile Thr Gly Lys Leu Asn Asp Phe Lys Asn Arg Ala
            180                 185                 190
Asp Ala Thr Lys Tyr Leu Glu Ser Leu Gly Tyr Thr Val Lys Thr Ser
        195                 200                 205
Val Thr Lys Ala Val Asn Tyr Leu Ile Cys Glu Asp Glu Thr Lys Ile
    210                 215                 220
Gly Ser Ser Ser Tyr Lys Lys Ala Gln Ser Leu Gly Ile Glu Val Leu
225                 230                 235                 240
Thr Ile Lys Ile Leu Leu Glu Asn Lys
                245
```

<210> 50
<211> 320
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 50

```
Met Gln His Val Lys Glu Phe Ile Lys Leu Cys Gln Asp Ala Tyr Tyr
1               5                  10                  15
Lys Gly Met Ser Ile Ile Ser Asp Glu Glu Tyr Asp Ala Leu Ile Arg
            20                  25                  30
Arg Phe Pro Leu Glu Glu Glu Ile Gly Pro Lys Gly Asp Val Pro His
        35                  40                  45
```

Leu Phe Arg Met Phe Ser Leu Gln Lys Val Tyr Pro Gly Arg Gly Glu
50 55 60
Glu Val Pro Phe Gln Gly Ile Glu Thr Pro Lys Leu Asp Gly Cys Ala
65 70 75 80
Ile Ser Leu Leu Tyr Ile Asp Gly Lys Phe Val Ser Ala Leu Thr Arg
85 90 95
Gly Asn Gly Val Leu Gly Asn Asp Val Thr His Asn Val Lys Leu Leu
100 105 110
Asn Ile Pro Lys Arg Ile Ser Gln Lys Thr Pro Val Gln Ile Thr Gly
115 120 125
Glu Val His Ile Thr Lys Glu Val Glu Asn Met Arg Asn Phe Ala Ser
130 135 140
Gly Ala Ile Asn Leu Lys Asp Ser Gly Glu Phe Leu Ser Arg Ile Ala
145 150 155 160
Glu Gly Gly Leu Met Phe Thr Ala Tyr Ser Ile Gln Cys Glu Thr Gly
165 170 175
Lys Val Gly Leu Thr Ala Thr Phe Cys Gly Asp Met His Ile Leu Gln
180 185 190
Gly Asp Gly Phe Val Thr Cys Leu Asp Ile Ser Ser Arg Val Asp Trp
195 200 205
Phe Pro Thr Asp Gly Val Val Val Arg Met Asp Gly Asn Asn Gln Phe
210 215 220
Asn Ala Ala Gly Trp Thr Asn Lys Phe Pro Arg Gly Ala Tyr Ala Ile
225 230 235 240
Lys Glu Asp Asp Glu Gly Glu Val Thr Thr Leu Glu Arg Val Glu Trp
245 250 255
Gln Val Gly Ala Ser Gly Lys Val Thr Pro Val Gly Tyr Phe Thr Pro
260 265 270
Val Val Ile Asp Asp Ala Val Ile Ser Lys Ala Thr Leu Asn Asn Val
275 280 285
Gly Tyr Ile Thr Ala Leu Asp Leu Glu Ile Gly Cys Gln Ile Arg Val
290 295 300
Ile Arg Ser Gly Gly Val Ile Pro Arg Ile Val Glu Arg Val Tyr Glu
305 310 315 320

<210> 51
<211> 91
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 51

Met Gln Lys Ile Thr Leu Asn Ala Tyr Ser Ser Pro Pro Leu Gln Gly
1 5 10 15
Gln Glu Leu Val Leu Thr Trp Leu Glu Lys Glu Lys Gly Lys Pro Val
20 25 30
Val Arg Thr Met Ser Gly Phe Gln Met Leu Gly Met Trp Tyr Glu Lys
35 40 45
Asn Val Leu Val Cys Glu Leu Tyr Ser Pro Lys Ser Lys Arg Arg Val

50 55 60
Met Ser Thr Phe Gln Ala Val Cys Glu Asn Phe Tyr Trp Glu Gly Lys
65 70 75 80
Thr Gln Met Leu Phe Asp Tyr Tyr Glu Ala Lys
85 90

<210> 52
<211> 45
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 52
Met Lys Asp His Glu Ile Ala Gln Leu Val Asn Lys Leu Thr Glu Ala
1 5 10 15
Ala Lys Thr Tyr Ala His Thr Gln Gln Leu Arg Ala His Met Ser Arg
20 25 30
Ile Val Asn Glu Ala Leu Lys Asn Ala Lys Asp Asn Ala
35 40 45

<210> 53
<211> 102
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 53
Met Asn Gln Asn Ile Cys Gln Asp Tyr Glu Gly His Ile Asp Asp Gln
1 5 10 15
Ser His Val Ile Phe Glu Asp Glu Gly Arg Gln Ile Arg Met Thr Val
20 25 30
Ser Glu Phe Arg Gly Asn Leu Tyr Phe Gly Phe Arg Leu Trp Leu Leu
35 40 45
Asp Ile Glu Asp Asn Trp Phe Pro Thr Lys Ser Gly Phe Ser Phe Pro
50 55 60
Tyr Thr Leu Glu Met Thr Ser Thr Leu Phe Arg Ala Phe Thr Lys Ile
65 70 75 80
Leu Ser Asn Ser Glu Val Leu His Glu Val Tyr Arg Glu Ser Gln Lys
85 90 95
Thr Gln Ala Ser Asp Asp
100

<210> 54
<211> 98
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 54
Met Asn Lys Ala Gln Val Val Ala Ile Cys Glu Lys His Gly Glu Phe
1 5 10 15

Cys Met Gln Tyr Thr Lys Leu Arg Thr Lys Gly Val Thr Tyr Leu Tyr
20 25 30
Gly Thr Thr Glu Phe Asp Pro Lys Gln Asp Lys Tyr Leu Ala Glu Arg
35 40 45
Ile Val Arg Glu Gly Leu Glu Pro Ala Asp Lys Asp His Ile Leu Val
50 55 60
Phe Ser Arg Ser Ser Asp Lys Phe Arg Tyr Ile Pro Ile Ala Asn Ile
65 70 75 80
Lys Arg Ile Thr Ser Leu Asn Gln Glu Leu Asp Arg Ala Thr Pro Val
85 90 95
Gly Arg

<210> 55
<211> 134
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 55

Met Ser Thr Pro Thr Gln Trp Ser Pro Glu Leu Glu Ala Glu Leu Thr
1 5 10 15
Ser Ala Tyr Val Ala Lys Ile Glu Leu Phe Pro Glu Asp Glu Arg Pro
20 25 30
Gly Val Ser Met Glu Ile Val Ala Glu Ile Ala Lys Glu His Gly Val
35 40 45
Ser Pro Asn Gly Leu Arg Met Lys Leu Ser Lys Ala Gly Val Tyr Val
50 55 60
Lys Lys Glu Ala Gly Lys Ser Thr Ala Lys Thr Gly Gly Asp Ala Pro
65 70 75 80
Lys Ala Gly Gly Arg Thr Ser Lys Ser Asp Ala Gln Ala Glu Leu Arg
85 90 95
Ala Ala Phe Asn Asp Ala Gly Leu Glu Asp Gly Phe Leu Asp Glu Ser
100 105 110
Ile Val Asp Lys Leu Thr Gly Lys Ala Ala Ser His Leu Ala Glu Ala
115 120 125
Ile Arg Lys Ile Thr Lys
130

<210> 56
<211> 72
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 56

Val Ser Lys Tyr Gln Leu Leu Asn Leu Phe Gln Ile Tyr Ser Glu Gly
1 5 10 15
Ala Thr Ala Ile Arg Asp Leu His Tyr Ala Leu Pro Met Asp Glu Ala
20 25 30
Glu Asp Asn Gly Trp Leu Thr Lys Tyr Asp Arg Gly Leu Leu Lys Met

35 40 45
Tyr Arg Leu Ser Pro Asn Gly Leu Val Ala Val Asn Gln Ile Leu Glu
50 55 60
Asn Ser Val Cys Phe Ala Ala Gln
65 70
<210> 57
<211> 231
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 57
Met Ala Ile Arg Lys Lys Leu His Ala Asn Ser Ile Pro Asp Glu Lys
1 5 10 15
Phe Lys Glu Ala Ile Gln Trp Leu Glu Glu Gly Lys Thr Lys Lys Gly
20 25 30
Ala Cys Glu Ile Leu Gly Val Ala Ser Asn Ser Thr Met Glu Arg Leu
35 40 45
Ile Glu Glu Trp Lys Asp Asn Gln Arg Val Ser Ala Glu Met Arg Lys
50 55 60
Lys Lys Arg Gly Thr Lys Ile Glu Gly Ala Glu Leu Ala Asn Val Ile
65 70 75 80
Asp Ser Tyr Leu Ser Gly Asp Ser Phe Glu Ala Ile Ala Glu Arg Phe
85 90 95
Tyr Arg Ser Ala Asn Met Ile Arg Met Val Leu Ser Ala His Gly Ala
100 105 110
Leu Leu Arg Val Asn Gly Glu Val Asp Pro Leu Phe Pro Pro Ala Ile
115 120 125
Pro Glu Glu Ser Met Lys Glu Val Phe Glu Val Gly Glu His Val Trp
130 135 140
Val Pro Gly Tyr Gln Cys Ile Gly Glu Val Lys Lys Ala Leu Asp Asn
145 150 155 160
Pro Val Gly Ala Tyr Arg Val Tyr Leu Leu Ser Glu Ala Arg Gln Gln
165 170 175
Tyr Val Asn Tyr Met Tyr Trp Asp Leu Ala Ser Val Glu His Leu Val
180 185 190
Ala Leu Gly Val Asp Ile Lys Ser Leu Gly Phe Lys Trp Gly Lys Glu
195 200 205
Asp Val Ala Glu Leu Val Asn Asn Ala Val Lys Ala Ala Leu Lys Leu
210 215 220
Glu Lys Arg Gly Lys Gly Glu
225 230
<210> 58
<211> 94
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08

<400> 58
Met Ser Lys Arg Asp Ala Arg Trp Glu Thr Arg Lys Phe Pro Lys Arg
1 5 10 15
Asp Thr Lys Ala Arg Lys Ala Lys Glu Ile Glu Leu Cys Arg Val Ile
20 25 30
Pro Ile Arg Leu Ala Gln Met Pro Asn Ile Tyr Asp Trp Leu Glu Ala
35 40 45
Gln Arg Lys Thr Arg Leu Ser Ile Arg Ile Asn Met Glu Leu Asn Met
50 55 60
Gly Tyr Lys Ser Leu Ser Glu Phe Met His Val Thr Phe Asp Pro Thr
65 70 75 80
Phe Tyr Glu Asn Arg Asp Cys Leu Glu Ala Lys Ser Val Leu
85 90
<210> 59
<211> 929
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 59
Met Phe Ser Ile Leu Glu Gly His Ala Gly Phe Ser Arg Asp Pro Ala
1 5 10 15
Ser Gly Asn Trp Lys Glu Val Lys Thr Thr Asp Tyr Leu Phe Ala Lys
20 25 30
Glu Phe Ser Asn Glu His Pro Glu Gly Lys Pro Ala Ser Met Pro Tyr
35 40 45
Lys Phe Asn Val Val Asp Thr Val Asp Pro Lys Asn Leu Asn Glu Ala
50 55 60
Tyr Glu Leu Met Val Gln Leu Thr Gln Asp Pro His Leu Val Ala Val
65 70 75 80
Arg Gly Thr Cys Leu Val Ala Glu Lys Ala Val Arg Arg Lys Arg Thr
85 90 95
Asn Phe Lys Ile Asp His Lys Ser Asn Ile Ile Ala Met Asp Val Asp
100 105 110
Gly Ile Ser Asp Thr Gly Gly Cys Asp Arg Phe Asp Ile Val Gly Met
115 120 125
Gly Arg His Val Ile Lys Leu Leu Asn Ser Ile Ser Glu Asp Met Phe
130 135 140
Pro Leu Asn Ala Gly Phe Ile Ala His Ala Ser Ser Ser Ala Gly Ile
145 150 155 160
Lys Pro Gly Ile Arg Met His Met Leu Leu Glu Ser Asn Ile Pro Val
165 170 175
Thr Gln Gly Gln Leu Lys Phe Leu Phe Thr Ser Leu Asn Asp Ser Ser
180 185 190
Arg Gln Lys Tyr Gly Phe Asp Ile Ala Asp Leu Ala Tyr Tyr Ser Ser
195 200 205
Val Gln Leu His Tyr Phe Ala Asp Pro Ile Phe Arg Asp Gln Phe Thr
210 215 220

Asp Pro Phe Lys Ala Glu Gly Lys Pro Arg Leu Val Lys Val Asn Gly
225 230 235 240
Ala Arg Ile Glu Leu Pro Asn Thr Met Pro Asp Tyr Glu Ala Thr Arg
245 250 255
Gly Glu Phe Lys Glu Glu Phe Leu Ser Leu Leu Asn Gln Ile Lys Gly
260 265 270
Lys Arg Val Ala Ser Glu Lys Val Glu Gln Thr Ile Ala Glu Leu Glu
275 280 285
Glu Ala Glu Asp Gly Val Tyr Leu Arg Ile Ile Pro Lys Leu Tyr His
290 295 300
Arg Ala Leu Glu Asp Gly Val Asp Phe Ala Trp Leu Glu Lys Glu Ile
305 310 315 320
Thr Ser Ala Leu Ser Asp Tyr Ile Asn Thr Lys Asp Asn Ser Arg Ser
325 330 335
Leu Gln Asp Tyr Phe Asn Asn Gly Arg Lys Gln Ala Leu Lys Ala Phe
340 345 350
Val Asn Asn Ser Met Arg Asp Ile Pro Glu Ser Asn Val Lys Gly Val
355 360 365
Pro Val His Lys Leu Thr Ser Asp Ser Pro Asp Gly Met Asn Tyr Leu
370 375 380
Lys Ile Asn Arg Pro Pro Pro Glu Gly His Leu Thr Phe Ile Lys Ala
385 390 395 400
Ser Leu Gly Thr Gly Lys Thr Thr Ala Val Thr Lys Trp Leu Glu Arg
405 410 415
Asp Gln Leu Lys Gly Asn Phe Leu Ala Val Thr Asn Thr Arg Ala Leu
420 425 430
Val Ser Ser Asn Ala Lys Lys Phe Glu Ala Gly Gln Tyr Asp Lys Ser
435 440 445
Val Asp Met Leu Asn Phe Lys Arg Gly Ala Ile Asp Arg Met Ser Thr
450 455 460
Thr Ile His Ser Ile His Lys Phe Lys Asn Phe Val Gly Gln Ile Asp
465 470 475 480
Val Ile Phe Ile Asp Glu Cys Asp Ala Val Met Asn Asp Leu Leu Phe
485 490 495
Ala Pro Val Val Lys Gln Arg Arg Glu Cys Ile Ser Val Leu Arg Glu
500 505 510
Ile Leu Leu Ser Ala Lys Val Val Ile Leu Ser Asp Gly Asp Ile Ser
515 520 525
Ala Glu Thr Ile Glu Ala Tyr Gly Ser Leu Ile Asp Phe Asp Lys Pro
530 535 540
Val Ser Tyr Tyr Lys His His Arg Lys Met Leu Ser Asp Ala Gln Ala
545 550 555 560
Tyr Glu Phe Pro Asp Glu Ser Ser Ile Trp Val Ala Leu Gln Thr Ser
565 570 575
Leu Glu Met Gly Glu Lys Ser Ile Leu Val Ser Asp Cys Gly Pro Asp
580 585 590
Glu Leu Asn Glu Lys Gly Leu Thr Leu Arg Asn Asn Thr Gly Ala Ile
595 600 605

Val Lys Glu Ile His Ser Asn Ser Thr Ser Asp Ile Asp Ile Arg Arg
610 615 620
Ile Leu Asp Tyr Thr Thr Asn Glu Leu Ile Glu Gln Gln Ile Asp Cys
625 630 635 640
Leu Leu Cys Ser Pro Ser Val Thr Ser Gly Val Asp Phe Asn Tyr Phe
645 650 655
Asp Asn Val Phe Val Ile Thr Arg Thr Ala Asn Gln Ala Pro Asn Met
660 665 670
Arg Phe Gln Ala Ile Arg Arg Asp Arg Gly Ala Lys Asn Ile Phe Tyr
675 680 685
Phe Ile Asp Lys Ser Thr Ser Gly Phe Ser Ala Gly Ser Glu Gln Tyr
690 695 700
Asn Ile Asp Glu Gly Trp Leu Glu Leu Ala Gln Gln Leu Tyr Val Lys
705 710 715 720
Arg Arg Glu Leu Glu Ser Arg Asn Phe Ile Ser Thr Leu Arg Tyr Tyr
725 730 735
Leu Leu Asp Gln Gly Ala Thr Ile Asp Ile Phe Ser Glu Ser Trp Gly
740 745 750
Lys Ile Asp Ser Ser Ala Ala Glu Tyr Thr Ala Glu Arg Val Ser Ala
755 760 765
Ile Leu Ser Ser Thr Pro Asp Trp Cys Ala Pro Arg His Ala Asp Ala
770 775 780
Tyr Glu Ala Lys Leu Met Leu Val Lys Tyr Phe His Leu Asp Ser Ile
785 790 795 800
Lys Ser Ile Thr Gln Glu His Ala Glu Met Trp Ile Ser Lys Lys Pro
805 810 815
His Lys Arg Ala Glu Phe Phe His Lys Leu Gln Asp Ile Phe Trp Lys
820 825 830
Asp Ile Lys Lys Cys Ser Asn Val Thr Ile Ser Pro Phe Ile Glu Ala
835 840 845
Leu Lys Lys His Lys Lys Asp Phe Phe Ile Arg Thr Gly Gln Ser Ala
850 855 860
Asn Pro Lys Tyr Ala Arg Met Tyr Leu Thr Gln Met Gly Ile Asn Lys
865 870 875 880
Glu Met Glu Thr Glu Gln Ile Val Asp Trp Tyr Arg Thr Tyr Cys Ser
885 890 895
Ile Glu Gly Ile Ser Val Pro Tyr Glu Phe Met Thr Asp Glu Glu Lys
900 905 910
Ala Leu Ala Asp Glu Ala Gln Asn Glu Leu Gly Val Arg Asn Glu Gln
915 920 925
Ala

<210> 60
<211> 131
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 60

Met Ser Ile Pro Lys Met Glu Arg Ile Ser Trp Ala Asp Ile Pro Lys
1 5 10 15
Glu Leu Ile Asp Val Ala Glu Asn Leu Leu Arg Ala Ala Leu Arg Asp
20 25 30
Glu Glu Leu Cys Phe Ile Ile Gln His Asp Val Cys Val Gly Leu Ser
35 40 45
Lys Gly Ser Leu Ala Gln Asp Tyr Glu Ile Leu Phe Asp Trp Asp Asp
50 55 60
Leu Ser Asp Leu Gly Leu Met Val Leu Val Asn Asn Val Val Phe His
65 70 75 80
Pro Ser Asn Phe Ala Ala Phe Arg Glu Pro Gly Ala Gly Ile Ser Pro
85 90 95
Gly Phe Leu Val Ala Asp Glu Pro Trp Thr Tyr Ala Pro Glu Val Leu
100 105 110
Arg Glu Gly Lys Gln Asn Ala Ser Ser Asn Ser Ile Asn Ile Met Gly
115 120 125
Trp Asn Ala
130

<210> 61
<211> 133
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 61

Met Leu Val Asn Glu Lys Val Val Asn Gln Gly Val Gly Leu Val Pro
1 5 10 15
Trp Ala Glu Ile Pro Leu Asp Val Lys Glu Ser Leu Leu Asp His Leu
20 25 30
Arg Val Trp Cys Asp Asn Met Glu Val Tyr Phe Asp Tyr Asp Asn Met
35 40 45
His Leu Gly Leu Trp Val Pro Met Asp Glu Asp Gln Asp Glu Val Leu
50 55 60
Asp Trp Gly Asp Leu Thr Glu Met Gly Leu Val Phe Ala Leu Gly Tyr
65 70 75 80
Val Cys Leu Leu Arg Glu Ser Tyr Ile Pro Val Gly Val Thr Gly Val
85 90 95
Ser Ala Gly Ile Trp Val Gly Arg Asn Glu Asp Tyr Tyr Ala Pro Glu
100 105 110
Asn Ile Asn Gly Trp Ile Gln Val Leu Arg Arg Phe Gly Phe Gln Val
115 120 125
Glu Gly Leu Thr Lys
130

<210> 62
<211> 54
<212> PRT
<213> Unknown
<220>

<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 62
Met Tyr His Pro Asp Asp Ile Leu Leu Trp Pro Asn Gly Ser Trp Cys
1 5 10 15
Tyr Arg Ser Asp Val Gln Asp Met Ser His Leu Ser Asp Asp Tyr Gln
20 25 30
Val Leu Arg Ala Asp Ser Glu Gln Trp His Glu Phe Ile Gln Met Gly
35 40 45
Glu Glu Tyr Ala Gly Gln
50
<210> 63
<211> 260
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 63
Val Pro Thr Phe Arg Lys Gly Ala Ile Thr Pro Leu Trp Asp Lys Tyr
1 5 10 15
Lys Leu Thr Glu Val Cys Asn Ile Gln Ala Phe Asp Lys Gly Phe His
20 25 30
Tyr Leu Asn Asp Pro Met Pro Pro Leu Glu Ala Leu Ser Glu Gly Ser
35 40 45
Asp Asp Glu Pro Ser Arg Asn Leu Tyr Glu Leu Thr His Glu Phe Tyr
50 55 60
Asn Met Arg Arg Gln Glu Leu Gly Thr Val Glu Pro Asn Ile Ala His
65 70 75 80
Leu Arg Ile Ala Glu Trp Tyr Glu Arg Phe Pro Gly Gln Val Val Asn
85 90 95
Phe Thr Thr Asn Val Asp Asp Leu Leu Glu Arg Ala Gly Ile Pro His
100 105 110
Asp Asp Val Ile His Ala His Gly Tyr Leu Thr Glu Ile Met Tyr Arg
115 120 125
Arg Gly Lys Asp Val Ile Val Glu Asp Ile Gly Tyr Thr Ala Val Asp
130 135 140
Tyr Arg Lys Tyr Glu Trp Val Lys Pro Ala Ile Thr Phe Phe Gly Glu
145 150 155 160
Thr Ala Pro Trp Tyr Met Gly Gln Ile Asn Leu Phe Asp Thr Leu Thr
165 170 175
Thr Gln Asp Leu Val Ile Val Val Gly Ala Ser Asn Gln Val Ile Asp
180 185 190
Phe Asn Trp Glu Leu Phe Pro Ala His Ser Arg Gly Thr Lys Val Trp
195 200 205
Val Val Asn Asn Gly Ile Asn Tyr Leu Glu Gln Ser Leu Tyr Glu Glu
210 215 220
Arg Gly Ile Pro Val Trp Tyr Asp Thr Ala Ala Asn Val Phe Ser Asn
225 230 235 240
Lys His Phe Ile Gly Gln Val Glu Ala Trp Leu Glu Glu Lys Ile Tyr

245 250 255

Val Pro Ser Arg
260

<210> 64
<211> 70
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 64

Met Lys Ile His Lys Thr Asp Glu Lys Arg Ile Tyr Phe Met Met Asp
1 5 10 15
Ser Gly Ala Tyr Gly Ser Ile Ser Arg Glu Asp Val Val Lys Leu Leu
20 25 30
Arg Cys Arg Asn His Leu Trp Lys Asp Lys Val Asp Pro Arg Thr Ser
35 40 45
Glu Cys Leu Ser Glu Lys Ala Glu Gln Leu Arg Lys Glu Glu Met Arg
50 55 60
Asn Tyr Met Glu Phe Leu
65 70

<210> 65
<211> 609
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 65

Met Asn Glu Leu Asp Leu Ile Asp Asn Ile Tyr Ser Ile Leu Asp Asn
1 5 10 15
Glu Gly Glu Glu Asp Leu Met Phe Asn Asn Ala Asn Lys Ala Ser Glu
20 25 30
Gln Phe Pro Thr Gln Arg Asp Met Ile Ala Gly Glu Val Ser Lys Tyr
35 40 45
Val Val Ala Gln Glu Leu Pro Ala Tyr Leu Leu Ala Ala His Asn Arg
50 55 60
Gly Glu Ile His Ile His Asp Met Asp Tyr Arg Ala Gln Gly Tyr Thr
65 70 75 80
Asn Cys Cys Leu Val Asp Leu Ala Gly Met Phe Lys Asn Gly Thr Lys
85 90 95
Ile Gly Gly Ala Glu Ile Glu Thr Pro Lys Ser Ile Ser Thr Ala Ala
100 105 110
Ala Val Thr Ala Gln Val Ile Ala Gln Val Ser Ser Cys Gln Tyr Gly
115 120 125
Gly Thr Ser Ile Asp Arg Ile Asp Glu Val Phe Ala Pro Tyr Val Arg
130 135 140
Lys Ser Tyr Asp Lys His Leu Ala Ile Gly Gln Arg Trp Leu His Asp
145 150 155 160
Ser Lys Lys Ala Ala Val Tyr Ala Thr Glu Met Thr Glu Lys Glu Val

```
                165                 170                 175
Tyr Asp Ala Cys Gln Gly Leu Glu Tyr Glu Val Asn Thr Leu Phe Asn
            180                 185                 190
Ser Asn Gly Gln Gln Pro Phe Val Thr Phe Gly Phe Gly Leu Gly Glu
        195                 200                 205
Ser Trp Glu Ala Arg Met Leu Gln Lys Ala Met Leu Glu Val Arg Ile
    210                 215                 220
Arg Gly Leu Gly Ala Ser Gly His Thr Ala Val Phe Pro Lys Leu Ile
225                 230                 235                 240
Phe Ala Val Lys Glu Gly Leu Asn Lys Ser Pro Ser Asp Pro Asn Tyr
                245                 250                 255
Asp Ile Lys Gln Leu Ala Leu Thr Cys Thr Ser Lys Arg Met Tyr Pro
            260                 265                 270
Asp Tyr Val Ser Tyr Glu Arg Val Thr Ala Val Thr Gly Asp Phe Lys
        275                 280                 285
Phe Pro Met Gly Cys Arg Ser Phe Leu Ser Ala Ile Glu Ser Gly Glu
    290                 295                 300
Thr Ala Gly Arg Asn Asn Leu Gly Val Val Ser Ile Asn Leu Pro Leu
305                 310                 315                 320
Val Ala Val Glu Ser Glu Gly Tyr Phe Asp Arg Phe Trp Lys Leu Leu
                325                 330                 335
Asp Glu Tyr Ile Asp Lys Ala Met Ala Ala His Asp Trp Ala Ile Glu
            340                 345                 350
Arg Leu Lys Arg Val Arg Ala Lys Gln Ala Pro Ile Leu Tyr Met His
        355                 360                 365
Gly Ala Phe Gly Val Arg Leu Lys Ala Asn Asp Leu Val Trp Pro Ile
    370                 375                 380
Phe Glu Gly Arg Ala Ser Val Ser Leu Gly Tyr Ile Gly Ile Asn Glu
385                 390                 395                 400
Leu Val Glu Val Met Phe Glu Asp Thr Asp Pro Met Ser Pro Pro Ala
                405                 410                 415
Ile Glu Phe Ala Val Gln Val Leu Asn His Met Lys Asp Arg Cys Asn
            420                 425                 430
Lys Lys Ala Glu Glu Thr Asn Leu Gly Phe Ser Leu Tyr Ala Thr Pro
        435                 440                 445
Ser Glu Ser Leu Cys Asn Arg Phe Asn Thr Lys Ile Ala Glu Gln Tyr
    450                 455                 460
Pro Glu Tyr Asp Trp Leu Thr Asp Lys Gly Tyr Leu Thr Asn Ser His
465                 470                 475                 480
His Leu Asp Val Arg Thr Lys Val Ala Pro Asn Val Lys Phe Asp Tyr
                485                 490                 495
Glu Ala Asn Phe Thr Thr Ile Ala Asn Gly Gly Asn Ile Ser Phe Val
            500                 505                 510
Glu Leu Pro Glu Met Arg Lys Phe Ile Pro Ala Leu Glu Trp Val Val
        515                 520                 525
Asp Tyr Gly Leu Ser Lys Ser His Tyr Ile Gly Val Asn Ile Pro Val
    530                 535                 540
Asp Glu Cys Glu Glu Cys Gly Tyr Leu Gly Glu Ser Val Ser Gly Glu
```

545 550 555 560
His Gly Phe Val Cys Pro Gln Cys Gly Ser Gly Asn Ile Ser Val Thr
565 570 575
Arg Arg Val Cys Gly Tyr Leu Gly Ser Pro Gly Ser Arg Pro Phe Asn
580 585 590
Pro Gly Lys Gln Gln Glu Val Met Gln Arg Val Lys His Met Asn Leu
595 600 605
Lys

<210> 66
<211> 249
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 66

Met Arg Lys Ala Ala Arg Arg Lys Glu Ser Arg Arg Asn Gly Ser Ala
1 5 10 15
Lys Arg Glu Arg His Glu Asn Val Ile Pro Val Asp Phe Glu Ala Arg
20 25 30
Glu Arg Phe Gln Pro Thr Ala Lys Glu Leu Lys Pro Lys Asn Ala Glu
35 40 45
Gln Lys His Tyr Ile Ser Thr Ile Arg Asn Phe Thr Val Thr Val Gly
50 55 60
Ile Gly Glu Ala Gly Thr Gly Lys Thr Phe Ile Pro Ser Val Leu Ala
65 70 75 80
Ala Gln Glu Leu Ala Thr Pro Gly Ser Val Tyr Glu Lys Phe Ile Leu
85 90 95
Val Arg Pro Asn Glu Pro Leu Gly Lys Ser Leu Gly Met Leu Pro Gly
100 105 110
Asp Leu Asn Glu Lys Met Ala Pro Trp Leu Glu Pro Ile Ala Asp Gly
115 120 125
Phe Lys Trp Ala Leu Gly Glu Arg Ser Tyr Gln Gly Leu Val Glu Arg
130 135 140
Lys Ala Ile Gln Tyr Leu Ala Ile Glu His Ala Arg Gly Arg Thr Phe
145 150 155 160
Asn Asn Ser Tyr Val Ile Val Asp Glu Ala Gln Asn Ile Ser Val Glu
165 170 175
Ala Met Lys Cys Ile Leu Thr Arg Val Gly Gln Asp Cys Lys Leu Val
180 185 190
Ile Cys Gly Asp Val Ala Gln Lys Asp Ile Lys Ser Asp Ser Gly Leu
195 200 205
Gln Leu Ile Met Asp Ile Tyr Asp Gln Tyr Glu His Val Pro Phe Ser
210 215 220
Leu Val Glu Leu His Asp Asn Val Arg Ser Ala Glu Ser Lys Ala Phe
225 230 235 240
Gln Ala Ile Phe Asn Asp Met Gly Ile
245

<210> 67

<211> 59
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 67

Met Ile Thr Cys Val Pro Leu Asn Pro Lys His Ser Arg Gln Ser Leu
1 5 10 15
Thr Ile Trp Glu Ser Asn Met Val Thr Glu Leu Ile Ile Gly Tyr Gly
20 25 30
Glu Gly Ile Thr Ser Glu Glu Asn Trp Gly Phe Val Gly Phe Gly Glu
35 40 45
Gly Ile Thr Ser His Asp Glu Arg Pro Asp Leu
50 55

<210> 68
<211> 69
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 68

Met Asn Asn Val Phe Thr Leu Asn Asn Phe Arg Thr Arg Lys Thr Lys
1 5 10 15
Val His Pro Val Ser Leu Ala Thr Val Asn Lys Tyr Asn Ala Asn Tyr
20 25 30
Pro Glu Asp Glu Arg Arg His His Ala Ala Phe Lys Ile Ala Asn Glu
35 40 45
Phe Pro Asn Gln Pro Leu Gly Thr Lys Glu Leu Val Ser Arg Met Lys
50 55 60
Lys Leu His Phe Tyr
65

<210> 69
<211> 774
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 69

Met Thr Gln Arg Ile Glu Tyr Val Ile Lys Arg Asp Gly Thr Lys Glu
1 5 10 15
Pro Phe Met Ala Gln Lys Leu Asn Asp Trp Ala Lys Tyr Ile Gly Ile
20 25 30
Arg Ser Asp Val Pro Trp Ser Pro Val Ala Val Ala Ala Val Lys Asn
35 40 45
Leu Pro Lys Gly Asp Val His Ser Asp Asp Leu Gln Thr Met Leu Ile
50 55 60
Lys Ser Ala Glu Ser Met Ile Glu Arg Asp His Arg Tyr Asp Arg Phe
65 70 75 80

```
Ala Leu Glu Leu Arg Leu Ala Gln Leu Arg Lys Asn Leu Phe Asp Ser
                85                  90                  95
Tyr Thr Pro Pro Ser Leu Arg Phe Phe His Asp His Met Val Glu Leu
            100                 105                 110
Gly Ala Trp Glu Asp Met Ser Gly Trp Ile Ser Asp Asp Gln Phe Glu
        115                 120                 125
Ala Leu Asn Glu Val Ile Asp His Ser Arg Asp Glu Leu Phe Thr Asn
    130                 135                 140
Ala Gly Leu Lys Gln Phe Met Asp Lys Tyr Ser Arg Arg Asn Ile Tyr
145                 150                 155                 160
Thr Glu Glu Ile Tyr Glu Thr Pro Gln Phe Ala Tyr Met Gly Met Ala
                165                 170                 175
Met Ala Met Leu Ser Gln Pro His Trp Ser Met Leu Asp Ala Ile Asp
            180                 185                 190
Leu Tyr Asn Ala Leu Ser Leu Gln Lys Ile Asn Val Pro Thr Pro Pro
        195                 200                 205
Leu Val Gly Leu Arg Ser Ala Asp Arg Gly Phe Ala Ser Cys Cys Leu
    210                 215                 220
Val Asp Gly Thr Asp Thr Leu Asp Ser Ile Asp Ala Ala Glu His Val
225                 230                 235                 240
Val Phe Lys Met Val Ala Ala Arg Ala Gly Ile Gly Tyr His Leu Glu
                245                 250                 255
Ser Arg Ser Ile Ala Asp Pro Val Arg Lys Gly Ala Phe Pro His Ser
            260                 265                 270
Gly Lys Leu Pro Tyr Tyr Arg His Ile Asp Arg Ser Val Lys Ala Asn
        275                 280                 285
Thr Gln Gln Ser Arg Gly Gly Ser Ala Thr Val Tyr Thr Ala Phe Phe
    290                 295                 300
Asp Pro Glu Ile Ile Gln Val Met Glu Ala Lys Ser Asn Arg Ser Pro
305                 310                 315                 320
Asp Glu Lys Lys Ile Asp Lys Met Asp Tyr Asn Leu Lys Phe Asn Ser
                325                 330                 335
Ile Leu Leu Lys Arg Phe Leu Arg Lys Glu Asn Ile Thr Leu Met Ser
            340                 345                 350
Phe Leu Tyr Ala Pro Glu Val Tyr Ala Ala Phe Asp Ser Gly Asp Val
        355                 360                 365
Ala Glu Phe Glu Arg Leu Tyr Ile Ala Ala Glu Lys Arg Leu Ala Gly
    370                 375                 380
Val Thr Lys Arg Gly Phe Lys Gly Glu Val Leu Pro Val Ala Pro Val
385                 390                 395                 400
Ile Pro Ala Ala Glu Leu Ile Glu Phe Trp Lys Thr Val Arg Met Glu
                405                 410                 415
Thr Gly Arg Leu Tyr Thr Met Asp Ala Gly Glu Val Asn Arg Asn Ser
            420                 425                 430
Arg Tyr Lys Asp Pro Val Arg Met Ser Asn Leu Cys Val Glu Ile Val
        435                 440                 445
Gln Pro Thr Phe Pro Ile Pro His Val Val Asp Leu Tyr Arg Thr Asp
    450                 455                 460
```

Glu Glu Leu Asp Lys Met Asp Val Ser Glu Tyr Gly Glu Val Ser Leu
465 470 475 480
Cys Asn Leu Gly Gly Phe Ala Leu Gly Arg Ile Lys Thr Leu Glu Glu
485 490 495
Trp Glu Lys Ile Ser Tyr Ile Leu Leu Lys Phe Val Asp Thr Ile Ile
500 505 510
Glu Ile Gln His Tyr Pro Phe Pro Ala Met Lys Tyr Thr Ala Leu Arg
515 520 525
Arg Arg Asn Val Gly Ile Gly Leu Met Asn Ala Ala Gly Ala Met Ala
530 535 540
Ala Glu Gly Leu Ala Phe Glu Gly Glu Glu Ala Arg Asn Trp Ile His
545 550 555 560
Arg Glu Ala Glu Lys Ala Ser Phe Phe Leu His Lys Ala Ser Val Arg
565 570 575
Leu Ala Lys Glu Ile Gly Pro Cys Glu Trp Phe His Arg Thr His Thr
580 585 590
Ser Asp Gly Thr Leu Leu Ile Asp Thr Tyr Lys Lys Thr Val Asp Asp
595 600 605
Leu Val Ser Val Gly Leu Glu Met Asp Trp Glu Ser Leu Arg Glu Glu
610 615 620
Ile Lys Thr His Gly Met Arg Asn Ser Val Leu Thr Ala Ser Met Pro
625 630 635 640
Gly Glu Ser Ser Ser Val Leu Ile Gly Val Thr Asn Ala Val Glu Pro
645 650 655
Pro Arg Ser Ala Val Thr Ile Lys Thr Ser Gly Val Asn Lys Val Ile
660 665 670
Thr Val Ala Pro Gly Leu Asp Asp Trp Asp Thr Met Gln Ser Tyr Lys
675 680 685
Tyr Ala Phe Asp Ile Asp Arg Thr Glu His Ile Lys Trp Leu Ala Val
690 695 700
Leu Gln Lys Phe Thr Asp Gln Ala Ile Ser Ala Asn Leu Tyr Tyr Asp
705 710 715 720
Phe Asn Lys Tyr Pro Gly Gly Ile Ile Pro Gly Thr Glu Ile Ile Lys
725 730 735
Asp Leu Leu Asn Ser Thr Lys Tyr Gly Ile Lys Asn Leu Tyr Tyr Ala
740 745 750
Asn Phe Asp Val Asp Thr Gly Gly Ser Ala Ala Glu Gln Gly Cys Ser
755 760 765
Ser Gly Gly Cys Thr Leu
770

<210> 70
<211> 386
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 70
Met Ala Thr Val Phe Asn Arg Glu Trp Asp His Thr Glu Ser Lys Leu

```
1               5                   10                  15
Phe Leu Gly Gln Asp Leu Gly Ile Ala Asp Tyr Val Asn Val Arg Tyr
            20                  25                  30
Pro Arg Leu Glu Glu Leu Ala Leu Leu Gln Arg Ser Gln Phe Trp Val
        35                  40                  45
Glu Thr Glu Ile Ser Leu Glu Ala Asp Lys Lys Gln Trp Pro Asn Leu
    50                  55                  60
Pro Gln His Ile Lys Asn Lys Thr Leu Leu Asn Leu Ala Trp Gln Thr
65                  70                  75                  80
Gln Ala Asp Ser Ile Ile Thr Arg Ala Pro Glu Asp Ala Ile Leu Lys
                85                  90                  95
Leu Val Ser Arg Pro Glu Leu Glu Gly Met Leu Ile Gln Trp Ser Tyr
            100                 105                 110
Phe Glu Asn Ile His Ser Arg Ala Tyr Ser Asn Ile Ile Arg Asn Val
        115                 120                 125
Leu Pro Asn Pro Gly Glu Phe Ile Ala Thr Val Gln Ala Asn Asp Glu
    130                 135                 140
Ala Phe Ala Arg Leu Ala Leu Pro Val Ser Val Ile Asp Glu Leu Ala
145                 150                 155                 160
Glu Ile Ala Asp Ile Trp Leu Asp Ala Arg Ala Asn Leu Glu Ile Ala
                165                 170                 175
Glu Lys Glu Gly Thr Leu Glu Tyr Thr Glu Glu Ala Asp Phe Leu Ala
            180                 185                 190
Leu Thr Glu Gln Val Gln Gln Lys Ile Leu Glu Phe Tyr Tyr Ala Val
        195                 200                 205
Tyr Ala Leu Glu Ala Ile Met Phe Tyr Ala Ser Phe Ala Cys Thr Phe
    210                 215                 220
Ala Leu Ala Glu Asn Asp Ile Leu Thr Gly Ile Ala Lys Asn Leu Gln
225                 230                 235                 240
Leu Ile Ala Lys Asp Glu Ala Leu His Thr Val Met Ala Met Glu Val
                245                 250                 255
Leu Arg Ile Leu Gln Asn Gly Glu Ile Pro Pro His Val Val Ala Ala
            260                 265                 270
Ala Gln Ala Asn Ala Pro Lys Ile Leu Arg Ser Ile Leu Glu Thr Glu
        275                 280                 285
Ile Asn Trp Ala His Tyr Ile Phe Pro Glu Gly Glu Asp Ile Pro Gly
    290                 295                 300
Leu Asn Ala Asp Leu Leu Val Glu Tyr Leu Tyr Tyr Asn Ala Arg Leu
305                 310                 315                 320
Ala Phe Met Ala Ile Asn Ile Pro Trp Pro Glu Asp Leu Pro Val Ile
                325                 330                 335
Met Glu Asp Pro Ile Gly Trp Met Lys Gly Trp Leu Asn Thr Lys Asn
            340                 345                 350
Gln Gln Val Ala Pro Gln Glu Ala Gln Ile Thr Asn Tyr Arg Val Gly
        355                 360                 365
Ala Thr Ser Gln Ala Asn Pro Asp Asp Leu Ser Asp Glu Phe Gly Glu
    370                 375                 380
Phe Leu
```

385

<210> 71

<211> 187

<212> PRT

<213> Unknown

<220>

<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08

<400> 71

Met Ile Thr Ala Leu Tyr Ala Met Arg Val Asp Ala Ala Phe Gly Ile
1 5 10 15
Phe Asn Pro Ala Thr Met Asp Ala Tyr Gly Glu Leu Pro Trp Gly Ser
20 25 30
Ile Pro Glu Glu Leu Glu Gln Phe Tyr Arg Ile Leu Asp Thr Tyr Gln
35 40 45
Val Val Ile Val Gly His Asn Thr Tyr Glu Thr Ala Pro Pro Arg Leu
50 55 60
Lys Lys Ala Leu Glu Lys Lys Ser Met Val Tyr Val Val Gly Ser Lys
65 70 75 80
Ala Pro Val Leu Ile Lys Asn Pro Pro Arg Asn Val Arg Phe Ile Thr
85 90 95
His Leu Gly Ser Lys Ile Arg Asp Phe Cys Asn Glu Val Glu Val Val
100 105 110
Cys Ile Gly Gly Lys Ala Leu Leu Glu Thr Leu Ala Thr Met Gly Cys
115 120 125
Leu Asp Ala Ile Tyr Arg Ser Thr Ile Tyr Pro Lys Ala Gly Thr Val
130 135 140
Pro Ser Leu Asp His Ile Met Tyr Leu Glu His Pro Ile Leu Thr Ser
145 150 155 160
Thr Pro Pro Asp Ala Val Val Thr His Ile Ala Ser Gly Glu Asn Glu
165 170 175
Arg Tyr Arg Phe Val Met Glu Gly Val Tyr Leu
180 185

<210> 72

<211> 284

<212> PRT

<213> Unknown

<220>

<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08

<400> 72

Val Ile His Tyr Ile Asn Glu Gly Lys Arg Ile Leu Glu Glu Gly Val
1 5 10 15
Trp Leu Glu Asn Pro Arg Thr Gly Val Arg Cys Leu Thr Val Ile Gly
20 25 30
Ser Asn Phe Glu Tyr Asp Val Leu Gly Lys Lys Phe Pro Leu Ile Thr
35 40 45
Thr Arg Lys Ala Tyr Ala Leu Gln Ala Ile Met Glu Leu Ile Gly Tyr
50 55 60
Leu Arg Gly Tyr Asp Ser Ala Glu Gln Phe Arg Ala Ile Gly Cys Asn

65 70 75 80
Thr Trp Asn Ala Asn Ala Asn Glu Asn Glu Ala Trp Leu Val Asn Pro
85 90 95
Asn Arg Lys Gly Thr Asp Asp Met Gly Arg Val Tyr Gly Val Gln Gly
100 105 110
Arg Thr Trp Leu Arg Pro Asp Gly Ser His Phe Asp Gln Leu Tyr Lys
115 120 125
Ile Tyr Glu Asn Leu Arg Arg Gly Ile Asp Asp Arg Gly Glu Ile Leu
130 135 140
Thr Phe Trp Asn Pro Gly Glu Phe Asp Gln Gly Cys Leu Arg Pro Cys
145 150 155 160
Met His Thr His Gln Phe Ser Leu Leu Asn Gly Asn Leu Tyr Leu Asp
165 170 175
Ser Phe Gln Arg Ser Asn Asp Phe Leu Leu Gly Gln Ala Phe Asn Met
180 185 190
Val Gln Cys Tyr Thr Phe Leu Ala Leu Met Ala Gln Ile Thr Gly Asn
195 200 205
Arg Ala Ile Arg Ala Asn Gln Arg Ile Val Asn Met His Ile Tyr Glu
210 215 220
Asn Gln Tyr Lys Val Leu Met Glu His Gly Gln Phe Asp Arg Lys Pro
225 230 235 240
Phe Pro Ala Pro Arg Leu Glu Ile Asn Pro Glu Ile Lys Thr Leu Glu
245 250 255
Asp Val Leu Thr Trp Val Ser Lys Asp Asp Phe Lys Ile Val Gly Tyr
260 265 270
Lys Ser His Asp Pro Ile Ala Tyr Pro Phe Thr Ala
275 280

<210> 73
<211> 77
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 73

Met Gly Leu Phe Asn Arg Arg Pro Lys Ile Thr Phe Ser Glu Arg Glu
1 5 10 15
Glu Ser Gln Leu Lys Phe Leu Val Gln Ser Ser Gly Leu His Ile Asp
20 25 30
Val Ile Leu Gly Met Val Lys Tyr Lys Gly Met Asp Ala Leu Met Arg
35 40 45
Gln Phe Ala Pro Lys Pro Pro Lys Glu Asn Pro Pro Ala Lys Arg Asp
50 55 60
Tyr Asn Ser Asn Leu Leu Val Pro Pro Ala Lys Leu Leu
65 70 75

<210> 74
<211> 91
<212> PRT
<213> Unknown

<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 74

Met	Ser	Phe	Thr	Asp	Ala	Lys	Ala	Met	Ala	Ala	Lys	Ala	Lys	Arg	Ser
1				5				10						15	
Asn	Asp	Met	Ala	Val	Ile	Ala	Ala	Arg	Arg	Ser	Ile	Ile	Ser	Asn	Ile
			20					25					30		
Asp	Gly	Ser	Ala	Ser	Ser	Gly	Lys	Thr	Glu	Val	Asp	Ser	Tyr	Ala	Leu
		35					40					45			
Asn	Gly	Leu	Pro	Ile	Ala	Ala	Arg	Ser	Gln	Ile	Met	Glu	Asp	Leu	Lys
	50					55					60				
Asp	Ala	Gly	Tyr	Glu	Val	Lys	Val	Asn	His	Pro	Phe	Asp	Gln	Arg	Asp
65					70					75					80
Thr	Glu	Ser	Ile	Thr	Ile	Ser	Trp	Gly	His	Ala					
				85					90						

<210> 75
<211> 160
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 75

Met	Phe	His	Val	Tyr	Thr	Asp	Gly	Gly	Cys	Arg	Gly	Asn	Thr	Arg	Gly
1				5				10						15	
Val	Asp	Asn	Val	Gly	Ala	Trp	Ala	Met	Val	Val	Tyr	Asn	Ser	Ser	Glu
			20					25					30		
Glu	Gln	Ile	Gly	Thr	Lys	Ser	Ala	Pro	Lys	Arg	Asn	Thr	Thr	Asn	Asn
		35					40					45			
Glu	Met	Glu	Leu	Gln	Ala	Val	Leu	Glu	Ala	Leu	Leu	Trp	Ser	Asn	Lys
	50					55					60				
Asn	Pro	Gly	Arg	Pro	Met	Thr	Ile	Tyr	Leu	Asp	Ser	Thr	Tyr	Val	Lys
65					70					75					80
Asn	Gly	Cys	Glu	Ser	Trp	Val	Trp	Gly	Trp	Glu	Arg	Lys	Gly	Trp	Lys
				85					90					95	
Lys	Ala	Asp	Gly	Asp	Thr	Pro	Leu	Asn	Leu	Asp	Gln	Trp	Lys	Trp	Ile
			100					105					110		
Ile	Asp	Glu	Leu	Lys	Lys	Tyr	Arg	Leu	Asn	His	Asn	Glu	Ile	Pro	Thr
		115					120					125			
Phe	Val	Lys	Val	Lys	Gly	His	Ser	Gly	Val	Glu	Gly	Asn	Glu	Ala	Ala
	130					135					140				
Asp	Asn	Leu	Leu	Asn	Val	Arg	Met	Thr	Glu	Leu	Glu	Met	Glu	Asp	Met
145					150					155					160

<210> 76
<211> 53
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08

<400> 76
Met Leu Glu Asn Leu Arg Arg Leu Val Ser Glu Met Lys Tyr Glu Val
1 5 10 15
Leu Leu Met Glu Pro Gly Val Asp Arg Val Val Met Lys Leu Arg Ile
20 25 30
Ala Arg Met Glu Ala Gln Ile Phe Glu Ala Glu Trp Lys Ala Leu Arg
35 40 45
Gly Gly Asp Glu Leu
50
<210> 77
<211> 116
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 77
Met Ala Pro Asp Leu Arg Asp Leu Phe Pro Asn Val Pro Gln Tyr Gln
1 5 10 15
Leu Asp Leu Tyr Ala Ala Phe Leu Glu Ala Ser Lys Ser Gly Asn Pro
20 25 30
Leu Arg Val Tyr Arg Gln Asp Arg Arg His Gly Lys Ser Trp Ile Leu
35 40 45
Arg Trp Leu Lys Glu Asn Glu Pro Leu Leu Lys Lys Leu Ser Glu Arg
50 55 60
Asn Ser Val Gln His Arg His Thr Thr Lys Val Gly Thr Ser Thr Ser
65 70 75 80
Ala Gln Lys Ser Arg Gln Asn Ile Ser Gly Gly Asn Arg Tyr Glu Phe
85 90 95
Ile Ile Phe Asp Asp Leu Val Asp Glu Asn Glu Lys Thr Gln Leu Leu
100 105 110
Asn Ala Lys Asn
115
<210> 78
<211> 136
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 78
Met Ala Lys Gln Thr Ser Lys Lys Ala Val Glu Thr Lys Val Ala Thr
1 5 10 15
Phe Pro Lys Thr Glu Ala Asn Arg Lys Ala Arg Leu Glu Arg His Leu
20 25 30
Arg Lys His Pro Ala Asp Thr Gln Ala Ala Ser Ala Val Gly Lys Pro
35 40 45
Ala Pro Arg Arg Lys Lys Pro Val Thr Lys Gly Ser Thr Ser Gly Tyr
50 55 60
Val Ser Lys Ile Val Gly Trp Ser Thr Pro Asp Lys Ala Asp Thr Lys

65 70 75 80
Glu Val Leu Arg Lys Thr Gln Gly Arg Phe Gly Ser Val Lys Pro Asn
85 90 95
Ile Phe Gly Cys Glu Tyr Ser Arg Glu Asn Val Arg Ala Leu Cys Tyr
100 105 110
Gly Val Gly Ile Lys Phe Thr Gly Lys Ala Asn Lys Pro Arg Asn Gln
115 120 125
Lys Arg Lys Pro Ala Lys Lys Ala
130 135

<210> 79
<211> 334
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 79
Met Arg Asn Phe Val Ala Lys Asn Asp Phe Asn Arg Ala Ala Thr His
1 5 10 15
Lys Ser Ala Leu Asp Tyr Ser Arg Val Asn Ser Arg Glu Leu Met Asp
20 25 30
Ser Cys Tyr Glu Glu Leu Glu Asp Trp Ala Ala Asp Trp Pro Ser Met
35 40 45
Glu Glu Asn Trp Asp Val Ser Glu Asp Met Thr Lys Pro Pro Pro Glu
50 55 60
Val Ala Ser Lys Cys Asp Asn Thr Ser Arg Ser Asn Phe Asn Asn Lys
65 70 75 80
Gly Asn Asn Met Gln Asn Leu Gln Asp Arg Trp Ile Ser Val Cys Asp
85 90 95
Ile Glu Ser Leu Gly Thr Pro Gly Asp Cys Lys Ser Thr Phe Ile Ala
100 105 110
Met Pro Phe Phe Ala Phe Val Leu Met Lys Asp Leu Ser Leu Asp Pro
115 120 125
Tyr Ile Val Leu Gly Thr Pro Asn Val Ala Gln Gln Leu Ala Leu Gly
130 135 140
Ala Lys Val Ser Ala Gly Thr Ile Ala Phe Trp Met Asn Glu Ala Arg
145 150 155 160
Ala Gly Ser Ala Pro Ser Leu Ser Ile Ile Glu Ala Leu Asn Ala Lys
165 170 175
Asp Gly Glu Ser Thr Val Leu Val Cys Asn Pro Thr His Glu Ser Pro
180 185 190
Val Ser Lys His Thr Phe Met Asp Leu Ile Cys Pro Phe Val Glu Ala
195 200 205
Lys Gln Val Ile Glu Gly Ile Ile Asp Glu Gln Gly Ile Asp Thr Arg
210 215 220
Ser Leu Arg His Tyr Gly Asn Gly Pro Gln Phe Asp Met Ser Ile Tyr
225 230 235 240
Glu Thr Val Ala Ala Gln Ala Asn Val Phe Ser Pro Ser Asp Pro Ala
245 250 255

Ile Val Pro Trp Lys Phe Trp Asp Ile Ser Ser Ala Arg Asn Pro Arg
260 265 270
Asp Tyr Phe Glu Ala Leu Gly Gly Asp Trp Lys Ala Leu Val Arg Cys
275 280 285
Ala Glu Ile Tyr Ala His Asp Val Ile Glu Arg Tyr Asn Leu Ile Pro
290 295 300
Glu Gly Val Tyr Pro Ser Lys His Asp Pro Val Phe Asp Ala Leu Val
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Cys Ile Lys Thr Ile Glu Ser Lys Leu Lys Ile
325 330

<210> 80
<211> 153
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 80

Met Lys Ala Ala Ile Leu Met Ile Ser Ile Leu Thr Ser Phe His Ala
1 5 10 15
Gln Ala Lys Ile Asp Ala His Glu Ile Glu Cys Ile Ala Lys Asn Ala
20 25 30
Tyr Phe Glu Ala Arg Gly Glu Gly Val Lys Gly Met Thr Ala Val Ala
35 40 45
Gln Val Thr Lys Asn Arg Val Asn Tyr Gly Lys Phe Pro Ser Thr Tyr
50 55 60
Cys Lys Val Val Tyr Gln Pro Gly Gln Phe Ser Trp Val Gly Lys Lys
65 70 75 80
Lys His Lys Leu Asp Arg Lys Asp Glu Glu Trp Lys Gln Ala Lys Glu
85 90 95
Ile Ala Arg Leu Val Tyr Tyr Met Asp Leu Pro Val Asp Pro Thr Lys
100 105 110
Gly Ala Leu Tyr Phe His Ser Lys Asp Thr Lys Pro Tyr Trp Thr Lys
115 120 125
Asp Lys Asp Phe Lys Arg Thr Ser Lys Ile Gly Asn His Val Phe Tyr
130 135 140
Lys Leu Lys Ser Gln Leu Pro Asn Ala
145 150

<210> 81
<211> 108
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 81

Met Asn Asp Leu Ser Met Leu Thr Lys Ile Arg Ser Asp Ile Glu Ser
1 5 10 15
Met Val Ser Arg Arg Ser Glu Leu Thr Lys Ala Lys Gln Ile Ile Ser
20 25 30

Gly Gly Thr Gln Lys Arg Phe Thr Leu Gln Ala Gly Asp Ile Lys Phe
35 40 45
Asp Leu Cys Gly Ser Gln Thr Arg Asp Tyr Thr Phe Glu Met Lys Pro
50 55 60
Cys Tyr Asp Met Val Lys Leu Gly Leu Ile Lys Ala Leu Asp Lys Gln
65 70 75 80
Ile Asp Gln Cys Thr Asp Ala Ile Lys Thr Leu Asn Val Gln Phe Ala
85 90 95
Ala Glu Cys Asp Arg Leu Lys Asn Ser Ile Lys Val
100 105

<210> 82
<211> 58
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 82
Met Val Ala Ser Val His Thr Pro Pro Tyr Glu Arg Pro Ala Pro Asn
1 5 10 15
Leu Thr Pro Glu Gln Lys Gln Leu Ile Ala Arg Arg Thr Leu Glu Phe
20 25 30
Lys Glu Ser Leu His Lys Ser Val Gly Arg Tyr Ser Glu Gln Val His
35 40 45
Asp Leu Val Val Lys Thr Leu Lys Leu Tyr
50 55

<210> 83
<211> 73
<212> RNA
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 83
gcuuccuuag cucagaggau agagcaacgg ucuucuaaac cgugggucac agguucgaau 60
ccuguaggga gua 73

<210> 84
<211> 97
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 84
Met Ala Tyr Lys Ile Glu Tyr Leu Lys Lys Gly Val Leu Thr Glu Leu
1 5 10 15
Val Ile Asp Ala Asn Met Ala Arg Asn Glu Gly Thr Lys Ser Val Phe
20 25 30
Tyr Lys Asp Gly Ser Val Ala Arg Met Ile Asn Thr Glu Asp Ile Gln
35 40 45
Asp Leu Tyr Val Ile Ser Asp Glu Glu Ala Gly Phe Val Lys Asp Pro

50 55 60

Glu Pro Ala Glu Asp Thr Pro Thr Glu Asp Thr Pro Val Ala Asp Thr
65 70 75 80
Thr Thr Glu Glu Pro Pro Val Glu Gly Thr Pro Glu Asp Glu Ala Ala
85 90 95
Val

<210> 85
<211> 72
<212> RNA
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 85
gggccgguag cuuaaaguua aagcaguggc cucauaagcc aacgaguggg aguuagaguc 60
uccccuggcc ca 72

<210> 86
<211> 65
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 86
Met Ser Thr Lys Asn Ala Ile Val Ser Phe Val Asp Asp Ser Gly Ile
1 5 10 15
Val Leu Glu Ser Thr Val Thr Asp Ile Ser Pro Lys Arg Leu Leu His
20 25 30
Arg Asp Gly Asp Ile Leu Glu Ile Leu Asn Lys Arg Ser Glu Thr Met
35 40 45
Leu Val Ile Pro Val Asn Arg Leu Leu Ser Ile Lys Ile Val Trp Glu
50 55 60
Asp
65

<210> 87
<211> 69
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 87
Met Asp Ala Gln Leu Gln Thr Gln Tyr Tyr Met Leu Leu Gly Met Leu
1 5 10 15
Glu Asp Ala Gly Pro Thr Val Arg Gly His Tyr Glu Arg His Lys Ala
20 25 30
Ala Phe Glu Ala Leu Leu Lys Glu Val Asn Glu Asn Glu Gly Gly Lys
35 40 45
Gly Ser Asp Ser Tyr Ala Ala Phe Ile Ile Ala Leu Gln Val Phe Leu
50 55 60
Ile Asn Gln Leu Lys

65

<210> 88

<211> 164

<212> PRT

<213> Unknown

<220>

<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08

<400> 88

Met Leu Asn Ile Lys Arg Lys Gly Phe Phe Tyr Lys Trp Leu Asn Phe
1 5 10 15
Ser Ser Ala Ser Phe Thr Tyr Arg Leu Asn Asp Asn Arg Val Thr Leu
20 25 30
Cys Ser Leu Phe Trp His Ser Val Trp Tyr Phe Leu Leu Gln Ile Gly
35 40 45
Val Thr Ala Ile Ala Val Leu Phe Ser Leu Gly Met Gly Ser Ile Leu
50 55 60
Ser Thr Phe Leu Gly Leu Thr Phe Glu Leu Gly Ile Thr Pro Trp Tyr
65 70 75 80
Met Leu Val Gly Leu Ser Leu Ala Gly Leu Ser Thr Ile Ile Ala Ile
85 90 95
Leu Leu Ala Ile Ala Gly Ile Gly Trp Ala Cys Ala Lys Ile Gly Asp
100 105 110
Arg Ile Gln Glu Trp Asn Ala Ser Lys Ser Phe Glu Arg Ala Gln Lys
115 120 125
Glu Tyr Asn Ala Arg Asp Glu Glu Leu Arg Phe Gly Asn Ile Tyr Gln
130 135 140
Lys Met Arg Ile Tyr Lys Lys Asp Lys Leu Cys Pro Leu Ile Arg Val
145 150 155 160
Asp His Gly Glu

<210> 89

<211> 73

<212> RNA

<213> Unknown

<220>

<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08

<400> 89

aagggaauag ccaagugguu acggcaucgg ccuuugacuc cgagaucggu agguucaacu 60
ccuccuuccc uug 73

<210> 90

<211> 77

<212> RNA

<213> Unknown

<220>

<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08

<400> 90

gcuccugucg ucuaagcugg uuaggacacc acucuuucac agugggaaca cggguucgaa 60
ccccguuggg aguacca 77

<210> 91

<211> 79
<212> RNA
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 91
gggggauggg ucugcuggga guggacaccg cacuugcaau gcgggaauca gaacgguuca 60
aauccguuau ccuccacca 79
<210> 92
<211> 87
<212> RNA
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 92
ggggaugugg cgaaauuggc agccgcgcua gauuuagguu cuagugguga aauauccgug 60
uggguucgac ccccuccauc ccuacca 87
<210> 93
<211> 78
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 93

Met	Asn	Ile	Glu	Ile	Met	Gln	Leu	Asp	Arg	Lys	Lys	Asn	Glu	Phe	Arg
1				5				10					15		
Lys	Val	His	Thr	Phe	Pro	Ser	Lys	Glu	Ala	Leu	Glu	Phe	His	Ile	Lys
			20					25				30			
Cys	Met	Gly	Leu	Val	Leu	Pro	Glu	Ser	Glu	Ile	Phe	Asp	Leu	Ala	Cys
		35					40					45			
Ala	Asn	Gly	Val	Leu	Tyr	Val	Trp	Glu	Ile	Thr	Tyr	His	Ala	Asp	Pro
	50					55					60				
Asp	Glu	Leu	Arg	Lys	Glu	Val	Glu	Gln	Ile	Leu	Thr	Gly	Glu		
65					70					75					

<210> 94
<211> 85
<212> RNA
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 94
ggagaguagu gcucauggga gcaagcugac uugaaaucag ucgccaucgg aaacggugag 60
gguucgauuc cuuuauucuc cgcca 85
<210> 95
<211> 86
<212> RNA
<213> Unknown
<220>

<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 95
ggaaagcugg ugaaauggua gccacgcauc acugcuaaug augaguccgc aagggcauga 60
agguucaagu ccuucgcuuu ccgcca 86
<210> 96
<211> 77
<212> RNA
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 96
gggauauuau cauaacugga uaaugaccuc gauuguggau cgagucuauc uugguucgaa 60
uccaagauau cccucca 77
<210> 97
<211> 75
<212> RNA
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 97
gcaccauuag uuuaauggau agaauauaga gcuacgaacu cuaugguuga gguucgauuc 60
cucgauggug uacca 75
<210> 98
<211> 75
<212> RNA
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 98
ugggguauag cucaguaggu agagcggagg ucucugaagc cuaggucaca aguucgauuc 60
uuguugcccc ugcca 75
<210> 99
<211> 77
<212> RNA
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 99
ugcaccguag aggagaggcc guccucgcca gucucauaag cuggagaucg caaguucgaa 60
ucuugccgga gcaucca 77
<210> 100
<211> 64
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 100
Met Met Arg Ile Ser Phe Thr Glu Arg Val Leu Gly Thr Gly Val Met

1 5 10 15
Leu Ile Thr Ser Trp Asp Gly Asp Ser Trp Cys Asn Val Thr Gly Leu
20 25 30
Arg Lys Ser Glu Gln Thr Pro Glu Asn Ile Ala Lys Ile Lys Lys Arg
35 40 45
Met Ala Glu Ala Ala Ser Arg Pro Gly Ala Pro Arg Asn Gly Lys Arg
50 55 60

<210> 101
<211> 59
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 101

Met Val Asn Val Glu Val Thr Met Thr Arg Tyr Gln Gly Met Leu Ile
1 5 10 15
Asn Thr His Thr Lys Glu Ile Val Phe Leu Ala Pro Ala Phe His Asp
20 25 30
Thr Tyr Asn Glu Ala Glu Glu Asp Ala Arg Ile Ala Lys Ile His Pro
35 40 45
Asp Glu Glu Ile Cys Val Arg Gln Gln Glu Gln
50 55

<210> 102
<211> 76
<212> RNA
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 102

gcuucaauag cucaguuggu agagcaaacg accgauaauc guuaggucac ugguucgagu 60
ccaguucgga guacca 76

<210> 103
<211> 77
<212> RNA
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 103

ggucaguugg cagagauggu uuaugcacuc gcuucauacg ugagacuaca gugguucgag 60
uccacuauug accacca 77

<210> 104
<211> 76
<212> RNA
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 104

acuugcuuag cucaaucggg agagcaucgu cuuuacacgg cgaggguagc ugguucgaaa 60

ccagcagcaa guacca 76

<210> 105
<211> 93
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 105

Met Glu Lys Ile Thr Ala Thr Gly Ile Glu Ser Ala Leu Val Val Asp
1 5 10 15
Trp Ala Gly Trp Asp Gly Asp His Glu Trp Met Val Phe Tyr Ser Cys
20 25 30
Thr Leu Gln Pro Glu Leu Trp Thr Arg Leu Thr Asp Glu His Ala Met
35 40 45
Pro Tyr Gly Ile Ile Asp Val Glu Ile Glu Ile Asn Lys Leu Val Gly
50 55 60
Thr Ile Met Val His Arg Ala Glu Gly Asp His Lys Glu Ile Phe Arg
65 70 75 80
Lys Ser Ile Lys Leu Val Val Ser Thr Gly Asp Phe Ile
85 90

<210> 106
<211> 125
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 106

Met Tyr Thr Arg Pro Thr Asn Gly Asn Ser Ala Val Val Arg Leu Met
1 5 10 15
Ile Val Gln Asp Asn Leu Ser Asn Asn Ile Glu Ser Leu Asp Arg Arg
20 25 30
Ile Glu Glu Tyr Arg Thr Glu Met Leu Ser Leu Met Arg Glu Arg Glu
35 40 45
Ala Lys Ile Glu Glu Gln Leu Glu Val Cys Glu Ala Ile Asp Arg Leu
50 55 60
Val Asp Gly Thr Ala Val Phe Met Ala Glu Ala Pro Ala Glu Pro Thr
65 70 75 80
Phe Thr Pro Val Ala Pro Ala Asp Met Gln Tyr Ala Ile Leu Pro Phe
85 90 95
His Leu Glu Glu Glu Asp Gly Glu Gly Pro Ser Leu Glu Asp Val Val
100 105 110
Arg Phe Leu Leu Ala Ser Gly Phe Pro Asn Gly Gly Arg
115 120 125

<210> 107
<211> 71
<212> PRT
<213> Unknown
<220>

<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 107
Met Asp Phe Ile Val Val Cys Gly Ala Asn Thr Asp Cys Phe Glu Leu
1 5 10 15
Leu Asn Asp Ala Leu Asp Lys Val Asp Glu His Met Gln Glu Gly Arg
20 25 30
Thr Pro Thr Phe Ile Asp Leu Ser Gln Gly Lys Thr Tyr Phe Tyr Pro
35 40 45
Ser Leu Asp Val Glu Pro Thr Val Leu Pro Ile Phe Met His Ser Leu
50 55 60
Ser Trp Asp Glu Glu Asp Asp
65 70
<210> 108
<211> 77
<212> RNA
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 108
gcggcuaugg uguucagcgg ucaacauacc ggccugucac gucggagcca cggguucgaa 60
ucccguuagc cgcgcca 77
<210> 109
<211> 78
<212> RNA
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 109
gggagagaag caguaagugg uauaggcggu cgccuguuaa gcgaaugaca gugaguucga 60
aucucaccuc ucccgcca 78
<210> 110
<211> 74
<212> RNA
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 110
gcaucauugg ccgagugacu aggcagaggc uugcaaaccc ucgaagcaug guuaaaaucc 60
augauggugc ucca 74
<210> 111
<211> 59
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 111
Met Ile Lys Tyr Lys Ala Phe Val Thr Arg Glu Ser Gln Thr Gly Asp
1 5 10 15

Ser Ser Ile Lys Phe Glu Gly Thr Thr Leu His Asp Thr Phe Glu Ala
20 25 30
Ala Leu Thr Glu Ala Glu Thr His Ile Val Ser Lys Ser Cys Tyr Ala
35 40 45
His Val Trp Glu Val Asn Thr Ile Leu Asp Arg
50 55

<210> 112
<211> 76
<212> RNA
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 112
agaucgcuag cucaaugguu agagcacucg ccuuuuaagc gauagguucc ggguucgagu 60
cccgggcggu cuacca 76

<210> 113
<211> 78
<212> RNA
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 113
gcaacuguag cucagcgagg ugagagcacu gguuugaaag uccagggguc guucguucaa 60
aucgaaccgg uugcacca 78

<210> 114
<211> 64
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 114
Met Asn Gln Lys Ile Leu Met Arg Tyr Asn Pro Arg Ala Leu Trp Phe
1 5 10 15
Arg Trp Glu Val Ile Val Ser Tyr Gln Ile Arg Val Arg Asn Gly Asp
20 25 30
Pro Glu Asn Asn Ile Ile Val Leu Glu Thr Phe Ser Asn Arg Asp Ala
35 40 45
Ala Val Lys Phe Leu Asn Thr Ile Asp Asn Thr Leu Ile Lys Val Tyr
50 55 60

<210> 115
<211> 112
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 115
Met Asp Ile Phe Thr Thr Pro Ala Ile Asn Leu Val Gly Val Gly Leu
1 5 10 15

Phe Gln Ala Thr Val Tyr Arg Ile Asp Asp Ser Thr Asp Val Val Thr
20 25 30
Phe Ile Val Pro Glu Phe Phe Leu Glu Lys Phe Phe Glu Glu Phe Glu
35 40 45
Gln Phe Arg Glu Glu His Asp Ala Tyr Ser Asn Met Glu Asp Leu Ala
50 55 60
Ala Met Phe Pro Thr Val Tyr Gly Tyr Ile Phe Glu Gly Asn Asp Leu
65 70 75 80
Leu Leu Asp Lys Ser Glu Leu Val Glu Leu Asn Trp Gly Ile Ser Phe
85 90 95
Glu Val Gly Ser Pro Phe Pro Arg Tyr Phe Gln Gly Leu Glu Ile Arg
100 105 110

<210> 116
<211> 49
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 116
Met Gly Gly Tyr Ser Asn Phe Ile Glu Asn Tyr Ile Asn Ser Val Asp
1 5 10 15
Ser Trp Asn Gln Glu Thr Leu Val Val Val Leu Lys Glu Arg Phe Asn
20 25 30
Ile Ser Thr Leu Glu Ala Leu Glu Ala Ile Glu Ala Tyr Leu Asp Asn
35 40 45
Asp

<210> 117
<211> 78
<212> RNA
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 117
acccacuugg uccaaucugg uagaggcaug aggcuuaaga cuucaggguu cccgguucga 60
guccgggagu ggguacca 78

<210> 118
<211> 77
<212> RNA
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 118
uuccccuuag cucagucugg cagagcgggc gcuuugggag cgucagguca aguguucaaa 60
ucacuuaggg gagacca 77

<210> 119
<211> 76
<212> RNA
<213> Unknown

<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 119
gccucaauag cucagccggg agagcaaccg ccuuguaagc gguaggucgu ggguucgauu 60
ccuacuuggg gcacca 76
<210> 120
<211> 76
<212> RNA
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 120
gcgacuaacu guacggguua cagcguccgc cuuccaagcg guacugagug ggguucgauu 60
cccccuaguc gcucca 76
<210> 121
<211> 33
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 121
Met Lys Ala Phe Asp Ala Glu Leu Val Phe Ser Leu Leu Ala Glu Met
1 5 10 15
Glu Ala Cys Val Asp Arg Val Arg Ala Leu Arg Leu Ser Met Phe Ser
20 25 30
Ser
<210> 122
<211> 63
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 122
Met Leu Thr Val Lys Val Met Ser Pro Asn Gly Gly Glu Glu Ile His
1 5 10 15
Asp Gly Ser Ser Val Gly Phe Asn Pro Lys Gln Lys Ser Ile Ser Ile
20 25 30
Ala Gly Leu Asp Gln His Ile Phe Leu Lys Glu Asp Glu Val Ala Tyr
35 40 45
Val Met Asn Gln Asn Gly Lys Thr Val Ser Val Tyr His Gly Ser
50 55 60
<210> 123
<211> 77
<212> RNA
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 123

auuccccgag uguuacugga cagcacgccg gucuccaaaa ccgugcagua ggaguucgag 60
ucuccugggg uuugcca 77

<210> 124
<211> 118
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 124

Met Ile Thr Tyr Ser Thr Asn Phe Met Gly Pro Val Ser Asn Asn Trp
1 5 10 15
Tyr Ile Arg Met Gly Ile Pro Tyr Thr Glu Val Thr Glu Pro Asn Arg
20 25 30
Phe Ala Asp Gly Gly Gln Leu Thr Arg Lys Val Phe Ala Lys Arg Tyr
35 40 45
Ala Gly Gly Arg Ile Asp Val Arg Gly Thr Asp Asp Tyr Phe Gly Gln
50 55 60
Glu Ile Gly Val Pro Ile Met Glu Ala Glu Ser Trp Asn Glu Leu Gln
65 70 75 80
Gln Phe Leu Trp Thr Phe Ser Ser Asp Lys Val Leu Thr Leu Glu Gln
85 90 95
Ile Val Gln Ala Leu Glu Asp Glu Thr Gly Phe Arg Ile Val Trp Phe
100 105 110
Lys Glu Pro Ala Cys Thr
115

<210> 125
<211> 126
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 125

Met Tyr Ile Asp Arg Asn Gln Leu Phe Lys Phe Leu Glu Leu Asp Leu
1 5 10 15
Arg Trp Pro Leu Ser Val Asn Pro Gly Arg Ala Thr Gly Lys Thr Phe
20 25 30
Glu Ala Ile Asn Thr Ala Tyr Glu Phe Ala Val Phe Lys Gly Ile Gln
35 40 45
Ala Val Tyr Val Ala Ser Gly Val Arg Glu Met Ala Arg Leu Glu Lys
50 55 60
Lys Tyr Asn Glu Leu Gln Pro His Val Lys Ile Thr Thr Tyr Ser Met
65 70 75 80
Leu Glu Pro Tyr Arg Ile Gly Arg Arg Phe Ser Cys Ile Met Phe Asp
85 90 95
Glu Pro Ser Leu Ala Ile Lys Tyr Gly Val Asn Ala Tyr Val Val Arg
100 105 110
Ile Ala Arg Glu Asn Gln Cys Pro Val Ile Ile Phe Gly Glu
115 120 125

<210> 126
<211> 58
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 126
Val Glu Gln Glu Phe Gln Val Phe Val Asp Ala Ser Lys Arg Val Leu
1 5 10 15
Phe Ile Gln Ala Thr Asp Glu Gly His Gly Leu Gln Leu Ser Phe Asp
20 25 30
Ser Leu Glu Gln Ile Asn Gln Ile Val Leu Arg Ala Gln Lys Ser Leu
35 40 45
Glu Lys Asn Thr Glu Ala Pro Pro Asp Leu
50 55
<210> 127
<211> 71
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 127
Met Arg Glu Ile Ser Lys Met Lys Val Thr Met Glu Asn Thr Glu Glu
1 5 10 15
Phe Ile Ala Ile Cys Thr Ala Tyr Ala Asp Thr Leu Pro Pro Glu Gly
20 25 30
Met Asp Asp His Thr Met Gln Leu Val Ala Asp Ile Tyr Arg Leu Ala
35 40 45
Glu Leu Ala Lys Glu Gln His Asn Arg Leu Val Tyr Val Lys Glu Arg
50 55 60
Leu Glu Met Met Asp Lys Glu
65 70
<210> 128
<211> 90
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 128
Met Asn Glu Leu Asn Glu Leu Asn Glu Leu His Tyr Ala Glu Arg Ala
1 5 10 15
Ile Asp Glu Leu Asp Phe Ala Gly Gly Tyr Tyr Thr Arg His Val Asn
20 25 30
Ala Met Thr Ala Glu Gly Leu Asn Ser Lys Ser Ala Ile Ala Ala Glu
35 40 45
Leu Ala Val Arg Asp Phe Val Ile Asp Ser Leu Gln Lys Thr Ile Ser
50 55 60
Asn Leu Ser Glu Asn Asn Lys Ala Ala Leu Glu Ala Leu Asp Lys Leu

65 70 75 80
Ser Asn His Leu Leu Ala Leu Gly Ile Lys
85 90
<210> 129
<211> 180
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 129
Met Asn Lys Gln Ser Leu Arg Gly Ile Arg Val Phe Arg Ser Ser Leu
1 5 10 15
Val Asp Ser Phe Tyr Ile Trp Gly Lys Ala Thr Arg Arg Thr Val Glu
20 25 30
Gln Ala Leu Asp Gly Thr Phe Tyr Asp Trp Arg Glu Lys Glu Arg Asn
35 40 45
Pro Val Phe Ser Arg Pro Gly Leu Tyr His Asp Arg Val Ser Lys Thr
50 55 60
Ala Trp Tyr Glu Ile Glu Val Thr Pro Gly Val Ile Arg Ala Phe Tyr
65 70 75 80
Thr Asp Trp Glu His Glu Lys Trp Val Trp Asp Asn Gln Ile Ala Pro
85 90 95
Gly Asp Arg Ile Met Asn Tyr Ala Glu Tyr Lys Glu Met Lys Arg Met
100 105 110
Phe Glu Leu Tyr Asp Val Pro Arg Leu Ser Arg Pro Ala Ile Phe Ile
115 120 125
Ala Ser Gln Glu Tyr Trp His Thr Val Arg Met Lys Arg Asp Phe Asn
130 135 140
Lys His His Leu Arg Tyr Glu Lys Glu His Gly Thr Leu Arg Glu Arg
145 150 155 160
Val Ala Lys Arg Lys Ala Glu Leu Arg Glu Lys Arg Leu Glu Lys Lys
165 170 175
Tyr Gly Glu Ser
180
<210> 130
<211> 75
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 130
Met Val Lys Ala Ser Leu Leu Arg Phe Thr Pro Gly Val Gly Leu Gln
1 5 10 15
Tyr Lys Ile Val Gly Gly His Lys Phe Gln Tyr Phe Thr Pro Gly Lys
20 25 30
Leu Tyr Phe Val Glu Leu His Asp Ser Arg Ala Gly Tyr Lys Leu Arg
35 40 45
Ser Asp Ala Asn Glu Gly Ile Trp Val Ser Phe Thr Gln Val Lys Arg

50 55 60
Trp Phe Thr Val Glu Gly Tyr Asn Asp Tyr Glu
65 70 75
<210> 131
<211> 122
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 131
Met Ile Met Ser Lys Val Val Tyr Phe Val Lys Cys Cys Arg Asp Thr
1 5 10 15
Leu Glu Leu Val Asp His Lys Met Gln Thr Cys Lys Cys Gly Ala Ser
20 25 30
Ser Ile Asp Gly Val Ala Gly Ala Tyr Val Arg Phe Leu Gly Asp Lys
35 40 45
Ser Asn Phe Met Arg Leu Asn Glu Phe Gln Leu Glu Val Glu Lys Asn
50 55 60
Arg Pro Ala Leu Glu Ala Glu Ala Glu Arg Leu Lys Asp Phe Asp Gly
65 70 75 80
Asn Ile Val Ala Tyr Asn Met Val Ser Gly Lys Asp Phe Trp Ser Glu
85 90 95
Leu Ala Glu Lys Leu Asn Met Pro Arg Gln Ala Ala Lys Ala Leu Tyr
100 105 110
His Gly Phe Asn Tyr Ser Pro Arg Trp Asn
115 120
<210> 132
<211> 88
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 132
Met Ala Ser Thr Thr Arg His Val Gly Ile Lys Phe Ser Asn Ser Asn
1 5 10 15
Arg Thr Tyr Val Tyr Arg Val Pro Ser Tyr Trp Lys Tyr Ser Pro Glu
20 25 30
Ile Gly Asp Val Val Val Ile Pro Gly Asn Val Met Phe Asn Asn Pro
35 40 45
Arg Arg Ala Lys Val Val Glu Val His Gly Met Tyr Gly Lys Pro Glu
50 55 60
Tyr Lys Glu Arg Lys Asn Ile Ser Tyr Val Glu Leu His Asp Tyr Leu
65 70 75 80
Pro Lys Glu Glu Arg Asn Gly Arg
85
<210> 133
<211> 101
<212> PRT

<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 133

Met Asp Asp Lys Ile Ala Arg Glu Ala Ile Glu Leu Val Arg Lys Arg
1 5 10 15
Leu Glu Glu Arg Asn Val Glu Val Pro Lys Ile Met Leu Ile Gly Tyr
20 25 30
Gly Gly Ile Gly Gly Phe Pro Ser Phe Thr Asp Leu Glu Arg Met Glu
35 40 45
Arg Glu Ser Gln Ala Ser Phe Leu Glu Leu Glu Ser Tyr Ala Arg Glu
50 55 60
Met Glu His Glu His Pro Ile Gly Asn Asn Phe Met Pro Arg Ser Ser
65 70 75 80
Arg Gln Glu Val Thr His Gly Lys Thr Asn Ser Trp Pro Thr Pro Lys
85 90 95
Arg Arg Gly Arg Lys
100

<210> 134
<211> 69
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 134

Met Ile Thr Thr Gly Phe Gly Tyr Ser His Glu Glu Leu Cys Lys Met
1 5 10 15
Val Glu Ser Ala Pro Phe Ile Lys Lys Leu Val Glu Glu Gln Arg Pro
20 25 30
Val Cys Leu His Ala Ala Cys Thr Lys Cys His Gly Thr Gly Val Asp
35 40 45
Lys Asn Gly Lys Met Cys Val His Ala Leu Ser Cys Pro Cys Pro Lys
50 55 60
Cys Ser Trp Ser Cys
65

<210> 135
<211> 145
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 135

Met Asp Leu Gly Tyr Cys Val Val His Glu Phe Met Glu Gln Gly Leu
1 5 10 15
Pro Asp Arg Ile Cys Val Val Thr Ser Arg Asn Leu Glu Ala Ala Gln
20 25 30
Ser Leu Val Glu Arg Leu Ser Gly Tyr Tyr Arg Asp His Glu Arg Tyr
35 40 45

Gln Gln Lys Val Phe Asp Leu Thr Lys Leu Tyr His Gln Lys Ala Leu
50 55 60
Asp Met Pro Thr Pro Gln Leu Asp Asp Leu Lys Gln Phe Ser Pro Glu
65 70 75 80
Ala Trp Tyr Ser Val Lys Asp Ala Ser Pro Val Asp Tyr Thr Val Gln
85 90 95
Val Phe Ser His Tyr Gly Thr Arg His Trp Ile Asn Arg Lys Trp Asp
100 105 110
Ser Met Val Asp Tyr Leu Asn Ser Glu Leu Glu Lys Gly Ala Ala Glu
115 120 125
Tyr Lys Arg Lys Arg Ala Glu Ala Lys Val Leu Lys Asn Ser Val Ala
130 135 140
Leu
145

<210> 136
<211> 107
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 136

Met Ser Lys Leu Ser Ile Glu Ser Ile Ile Arg Pro Leu Met His Gly
1 5 10 15
Tyr Val Gln Gly Ser Cys Val Ser Glu Thr Glu Ala Leu Asn Val Ile
20 25 30
Glu Glu Glu Leu Val Ala Asn Gly Tyr Asn Leu His Glu Gly Val Ile
35 40 45
Glu Asp Leu Phe Trp Gln Thr Ala Glu Asp Met Glu Ile Phe Arg Cys
50 55 60
Val Asn Cys Gly Trp Trp Cys Pro Ala Phe Glu Arg Ala Glu Asn Gln
65 70 75 80
Ile Glu Glu Ile Cys Arg Asp Cys Glu Pro Asp Leu Glu Gly Glu Val
85 90 95
Asp Glu Gln Asp Asn Glu Gly Glu Asp Tyr Glu
100 105

<210> 137
<211> 99
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 137

Met Asn Lys Ile Thr Lys Val Lys Thr Met Ser Lys Arg Ser Ile Ala
1 5 10 15
Ala Ile Ile Ala Phe Ser Met Met Tyr Ser Gly Val Ser Leu Ala Ala
20 25 30
Glu Arg Asn Lys Val Glu Ile Ser Asp Asn Gly Arg Val Arg Val Thr
35 40 45

Thr Asn Gly Ile Thr Lys Gly Ala Gly Lys Phe Arg Lys Ser Glu Thr
50 55 60
Arg Phe Gly Glu Thr Lys Ile Tyr Thr Asn Lys Thr Tyr Gly Lys Pro
65 70 75 80
Ala Val Thr Leu Asp Arg Tyr Gly Arg Gln Val Glu Asp Glu Asp Asp
85 90 95
Ser Asp Glu
<210> 138
<211> 144
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 138
Met Ser Asn Leu His Pro Lys Leu Gln Glu Thr Leu Asp Trp Ile Asn
1 5 10 15
Glu Glu Cys Ala Phe Glu Glu Ala Pro Tyr Cys Val Trp Ala Arg Ala
20 25 30
Gly Ala Ala Pro Ser Glu Trp Cys Thr Val Phe Asp Asn Arg Tyr Arg
35 40 45
Ile Thr Val Glu Leu Ser Leu Lys Glu Asp Lys Val Tyr Ala Lys Ala
50 55 60
Ser Met Thr Ala Leu Gly Leu Ser Gly Phe Val Glu Met Gln Glu Leu
65 70 75 80
Cys Met Pro Asn Thr His Leu Arg Val Gln Ile Glu Gln Leu Ala Thr
85 90 95
Ile Arg Leu Met Leu Pro Glu Asp Asn Ile Asn Asp His Phe His Lys
100 105 110
Val Ile Glu Asn Glu Tyr Lys Leu Arg Arg Gln Arg Arg Lys Ala Arg
115 120 125
Arg Glu Val Glu Lys Thr Arg Met Met Cys Asn Met Asn Pro His Val
130 135 140
<210> 139
<211> 130
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 139
Met Phe Thr Leu Phe Ile Leu Ala Val Ser Ala Trp Met Ala Val Gly
1 5 10 15
Ile Asn His Gly Leu Asp Ser Ala Lys Leu Leu Ser Ala Lys Ala Phe
20 25 30
Glu Phe Leu Ala Lys Phe Ala Thr Arg Lys Asp Ile Glu Ala Ile Ile
35 40 45
Ala Lys Gly Gly Ala Lys Asp Ala Ser Ser Val Leu Lys Ser Phe Asp
50 55 60
Lys Ile Leu Glu Leu Arg Asn Gly Lys His Ala Ala Glu Leu Arg Cys

65 70 75 80
Met Ser Arg Lys Thr Ile Gly Arg Leu Cys Lys Ala Ile Phe Ile Val
85 90 95
Gln Gly Ala Leu Lys Gly Pro Phe Ala Lys Tyr Lys Pro Asp Ser Ile
100 105 110
Lys Arg Ala Lys Ile Phe Asn Asp Tyr Cys Val Glu His His Pro Leu
115 120 125
Asn Arg
130

<210> 140
<211> 232
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 140

Met Arg Ile Ile Ser Lys Leu Lys Asp Val Tyr Asp Leu Gln Gly Thr
1 5 10 15
Met Tyr Asp Ala Glu Arg Ala Trp Tyr Arg Glu Glu Val Lys Glu Val
20 25 30
Val Asn Val Ser Ala Asp Phe Glu Gln Ile Ile Phe Tyr Ala Glu Ile
35 40 45
Leu Arg Asn Arg Thr Ser Ser Gly Tyr Gly Gly Val Asn Met Gly Thr
50 55 60
Leu Glu Val Arg Pro Val Leu Ile Cys Gly Thr Leu Arg Trp Leu Tyr
65 70 75 80
Gly Tyr His Thr Gly Leu Gly Ala Asp Ala Val His Ile Gln Thr Phe
85 90 95
Asp Pro Val Lys Val Lys Glu Val Leu Glu Glu Gln Gly Tyr Tyr Leu
100 105 110
Arg Met Gly Trp Asp Met Asn Thr Ile Glu Lys Ile Asp Ala His Val
115 120 125
Arg Asn Ala Thr Ala Thr Ala Ser Ala Phe Leu Glu Thr Phe Asn Lys
130 135 140
Pro Ile Ala Met Ala Trp Asp Ala Ala Lys Ser Lys Thr Asp Pro Thr
145 150 155 160
Val Asn Ile Thr Val Lys Thr Asp Phe Asn Phe His Ala Glu Asp Phe
165 170 175
Pro Trp Gln Glu Ile Asp Pro Asn Leu Tyr Arg Trp His Gln Thr Leu
180 185 190
Glu Ser Tyr Ile Phe Gly Val Leu Gly Gln Gly Glu Pro Lys Thr Glu
195 200 205
Ser Thr Ser Asp Arg Asp Arg Leu Ile Ala Lys Gly Phe Asp Ala Lys
210 215 220
Val Ser Phe Arg Asn Met Glu Arg
225 230

<210> 141
<211> 153

<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 141

```
Met Leu Lys Phe Leu Ser Gly Ile Trp Ser Gly Lys Thr Gly Ala Ile
1               5                  10                  15
Leu Phe Leu Ala Ile Ala Ala Gly Thr Phe Gly Gly Ala Tyr Tyr Ile
            20                  25                  30
Thr Asn Lys Leu Thr Asp Met Ser Ser Ser Leu Gln Ser Leu Ser Asn
        35                  40                  45
Arg Asn Glu Gln Leu Glu Lys Thr Val Gly Asn Leu Gln Thr Glu Ile
    50                  55                  60
Arg Asn Arg Asp Arg Asn Thr Thr Thr Tyr Ile Thr Asn Leu Ala Lys
65                  70                  75                  80
Asn Gln Glu Asp Leu Asp Gly Arg Ile Asn Lys Leu Asp Ala Ala Arg
                85                  90                  95
Ala Lys Glu Gly Val Val Ala Ala Lys Pro Lys Leu Ala Thr Lys Val
            100                 105                 110
Ala Lys Asp Lys Val Asn Glu Phe Gln Glu Arg Leu Ser Cys Val Thr
        115                 120                 125
Gly Asn Met Asp Ser Cys Ser Arg Leu Gln Leu Ser His Pro Gly Val
    130                 135                 140
Gln Asn Gly Gln Thr Gln Val Ala Gln
145                 150
```

<210> 142
<211> 109
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 142

```
Met Arg Asn Trp Lys Tyr Gly Leu Leu Leu Ser Ala Ala Ile Ile Ala
1               5                  10                  15
Ser Gly Cys Ala Glu Arg Pro Asp Pro Ser Ser Thr Val Thr Gly Val
            20                  25                  30
Glu Pro Gln His Leu Pro Trp Pro Ala Ser Leu Gln Thr Cys Pro Phe
        35                  40                  45
Asn Phe Glu Phe Ile Asn Glu Glu Gly Lys Val Tyr Val Arg Ile Pro
    50                  55                  60
Tyr Gln Asp Trp Ile Thr Met Gly Lys Cys Asn Glu Gln Val Tyr Thr
65                  70                  75                  80
Tyr Ile Ala Asn Leu Thr Ala Leu Thr Cys Thr Tyr Arg Val Ser Leu
                85                  90                  95
Asn Glu Tyr Arg Cys Lys Pro Phe Asn Lys Glu Thr Lys
            100                 105
```

<210> 143
<211> 253

<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 143

```
Met Lys Tyr Val Leu Gly Leu Ile Gly Asp Ala Gly Ala Gly Lys Asp
1               5                  10                  15
Thr Phe Ala Asp Met Ala Lys Val Trp Ala Trp Glu Val Leu Gly Pro
            20                  25                  30
Glu Tyr Ser Ile Ser Lys Phe Ser Phe Ala Ala Pro Val Tyr Glu Leu
        35                  40                  45
Ala Ala Val Ile Leu Gly Val Thr Pro Glu Lys Leu Ala Glu Arg Arg
    50                  55                  60
Thr Lys Glu Ile Lys Gln Trp Phe Trp Val Thr Gln Glu Ala Leu Glu
65                  70                  75                  80
Arg Thr Ala Asn Val Trp Lys Arg Phe Gly Ile Asp Lys Tyr Ala Asp
                85                  90                  95
Phe Ser Tyr Val Trp Pro Gln Phe Glu Ala Ser Ala Leu Tyr Pro Leu
            100                 105                 110
Ile Ala Lys Thr Ala Pro Asp Phe Tyr Gln Gly Arg Glu Thr Pro Leu
        115                 120                 125
Tyr Pro Leu Tyr Thr Ser Pro Arg Lys Met Leu Glu Phe Val Gly Thr
    130                 135                 140
Glu Leu Gly Arg Ala Leu Val Asp Glu Asn Leu Trp Leu Asn Ile Val
145                 150                 155                 160
Val Asp Arg Ile Thr Ala Thr Lys Ala Asp Ile Ser Ile Ile Ser Asp
                165                 170                 175
Val Arg Phe Asp Asn Glu Ala Ala Leu Val Arg Asn Phe Pro Gly Ala
            180                 185                 190
Gln Asn Ser Ser Ile Leu Lys Val His Ala Pro Asn Asn Ile His Ala
        195                 200                 205
Ile Gln Ser Thr His Ala Ser Ala Arg Gly Val Ala Pro Glu Phe Ile
    210                 215                 220
Asp Asp Val Val Thr Asn Asn Phe Asp Gly Leu Glu Asn Phe Arg Lys
225                 230                 235                 240
Asn Val Asn Ala Phe Cys Asp Glu Arg Ile Leu Phe Ile
                245                 250
```

<210> 144
<211> 203
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 144

```
Met Gly Gln Ile Asn Asn Val Glu Gln Lys Gly Gly Asn Lys Thr Pro
1               5                  10                  15
Asn Tyr Phe Ala Ser Leu Val Ala Thr Lys Ala Glu Tyr Asn Ile Tyr
            20                  25                  30
```

His Tyr His Leu Asp Gly Pro Ile Val Asp Val Asp Tyr Tyr Arg Asp
35 40 45
Leu Ser Val Thr Leu Ala Thr Met Gln Glu Gly Asp Thr Leu Asn Leu
50 55 60
Tyr Ile Asn Ser Pro Gly Gly Tyr Val Asp Thr Ala Val Gln Leu Cys
65 70 75 80
Asn Leu Ile Met Asn Cys Gln Gly Thr Val Ile Gly His Leu Val Gly
85 90 95
Pro Ser Ala Ser Ala Ala Cys Ser Ile Phe Leu Ala Cys His Gly Trp
100 105 110
Leu Val His Pro Tyr Val Met Leu Met Gly His Thr Tyr Arg Gly Ala
115 120 125
His Tyr Gly Lys Gly Lys Asn Glu Ile Gln His Tyr Ala Asp Gln Phe
130 135 140
Asn Ser Phe Phe Glu Asp Met Met Leu Asp Leu Tyr Tyr Pro Phe Phe
145 150 155 160
Ser Leu Glu Glu Ile Thr Glu Met Ile Glu Gly Gly Lys Asp Ile Trp
165 170 175
Leu Thr Ser Lys Glu Ile Asn Glu Arg Val Asp Arg Met Ala Ala His
180 185 190
Arg Glu Gln Glu Ala Arg Lys Ala Ala Gly Gln
195 200

<210> 145
<211> 220
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 145

Met Asp Lys Phe Ile Gln Leu Ile Ser Leu Leu Leu Gln Glu Ala Lys
1 5 10 15
Asp Pro Ala Ser Leu Leu Lys Arg Leu Leu Thr Leu Leu Val Gly Leu
20 25 30
Val Ile Tyr Leu Phe Ile Ala Asn Thr Ser Glu Val Met Ser Tyr Leu
35 40 45
Lys Thr Phe Ser Thr Ser Ala Val Leu Gln Asp Val Lys Val Gln Arg
50 55 60
Thr Leu Glu Phe Pro Asn Val Ala Arg Glu Lys Ala Met Ile Leu Phe
65 70 75 80
Ser Gln Thr Arg Ala Asp Ala Val Phe Val Val Lys Tyr Lys Pro Glu
85 90 95
Ala Ile Asn Asp Tyr Gln Thr Ile Ile Ala Trp Glu Ser Asn Val Gln
100 105 110
Leu Asp Lys Ser Asp Val Ser Asp Lys Ala Val Asp Lys Thr Ser Met
115 120 125
Leu Tyr Arg Ala His Leu Asp Gly Leu Asn Phe Ala Ile Asp Ala Arg
130 135 140
Glu Lys Arg Gly Leu Ser Lys Trp Ser Gly Thr Gly Leu Pro Pro Phe

145 150 155 160
Lys Ser Ala Asn Phe Glu Tyr Val Tyr Thr Cys Pro Tyr Phe Asn Leu
165 170 175
Asn Asn Ile Tyr Ser Gly Tyr Val Ala Val Ala Trp Glu Lys Tyr Pro
180 185 190
Leu Gln Asp Glu Asp Met Gly Met Phe Asn Asp Tyr Met Ala Lys Ile
195 200 205
Cys Ala Ser Pro Gln Arg Ser Leu Gly Arg Ser Ile
210 215 220

<210> 146
<211> 137
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 146

Met Ser Phe Arg Phe Gly Asn Arg Ser Leu Gln Gln Leu Asp Thr Val
1 5 10 15
Asp Pro Lys Leu Lys Ala Leu Ala Ile Arg Ala Leu Glu Leu Ser Pro
20 25 30
His Asp Phe Thr Ile Ile Gln Gly Lys Arg Thr Val Gln Gln Ser Ala
35 40 45
Gln Asn Ile Ala Asn Gly Thr Ser Phe Leu Lys Asp Pro Ser Lys Ser
50 55 60
Lys His Val Thr Gly Lys Ala Ile Asp Phe Ala Pro Tyr Ile Asn Gly
65 70 75 80
Lys Ile Asp Trp Asn Asp Leu Glu Ala Phe Trp Ala Ile Val Gly Ala
85 90 95
Phe Lys Lys Ala Ala Asn Glu Met Asn Ile Ala Val Arg Phe Gly Ala
100 105 110
Asp Trp Asn Asn Ser Gly Asp Tyr Arg Asp Glu Ile Gln Arg Gly Thr
115 120 125
Tyr Asp Gly Gly His Val Glu Leu Leu
130 135

<210> 147
<211> 134
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 147

Met Ser Asp Arg Phe Tyr Thr Gln Met Cys Glu His Phe Lys Val Ser
1 5 10 15
Pro Tyr Glu Leu Asn Ile Ala Leu Trp Asp Arg Glu Ser Pro Glu Phe
20 25 30
Lys Lys Ile Ala Lys Lys Ser Glu Gly Val Met Ser Asn Gly Lys Lys
35 40 45
Met Thr Arg Ile Asp Leu Asn Asn Ala Leu Thr Lys Leu Leu Gly Val

50 55 60

Asn Ile Glu Gly Gln Lys Leu Ser Met Pro Thr Leu Thr Thr Ile Leu
65 70 75 80

Glu Lys Val Lys Ala Gly Asp Val Lys Lys Val Ala Val Pro Glu Gly
85 90 95

Arg Leu Lys Lys Pro Tyr Gln Glu Ala Ile Ile Glu Ala Phe Gly Glu
100 105 110

Lys Leu Asp Leu Asp Thr Ala Thr Val Lys Thr Met Lys Ala Leu Leu
115 120 125

Glu Ser Ile Asn Asn Val
130

<210> 148
<211> 94
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 148

Met Ser Lys Lys Ile Val Phe Leu Lys Gly Ser Ser Cys Val Pro Cys
1 5 10 15

Lys Gln Phe Glu Pro Val Phe Asp Lys Leu Thr Ala Glu Phe Asn Leu
20 25 30

Pro Val Glu Lys Arg Thr Asp Asp Val Asp Ser Leu Arg Lys Phe Gly
35 40 45

Leu Arg Thr Val Pro Ala Val Val Leu Val Asp Val Glu Asn Gly Arg
50 55 60

Glu Glu Ala His His Ile Leu Ser Gly Ala Thr Leu Arg Ser Ala Val
65 70 75 80

Val Ser Lys Ala Ile Gln Asp Phe Ile Asp Tyr Val Glu Glu
85 90

<210> 149
<211> 134
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 149

Met Thr Lys Gln Ala Tyr Leu Ile Leu Asn Asn Gly Phe Ala Val Gly
1 5 10 15

Thr Thr Phe Val Asp Leu Gly Tyr Thr Lys Glu Glu Trp Gln Ala Leu
20 25 30

Asp Ala Ala Gln Lys Asn Gln Leu Val Asn Glu Ala Ala Trp Glu Tyr
35 40 45

Ala Glu Ala Tyr Val Glu Ala Val Asp Asp Glu Leu Val Ile Val Val
50 55 60

Ser Leu Gly Ala Val Gly Cys Asp Ala His Val His Thr Asp Phe Gln
65 70 75 80

Ser Glu Glu Glu Trp Asp Glu Leu Asp Leu Thr His Gln Asn Ala Leu

85 90 95
Ile Asn Glu Ala Phe Trp Glu Val Val Asp Cys Tyr Val Ala Phe Cys
100 105 110
Lys Asp Asp Asp Glu Ala Asn Thr Cys Thr Asn Tyr Gly Tyr Glu His
115 120 125
Asp Asp Val Glu Cys Ala
130
<210> 150
<211> 120
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 150
Met Gln Lys Phe Ser Arg Asp Trp Ser Ser Asp Met Ala Arg Lys Asn
1 5 10 15
Arg Ala Ala Ala Tyr Tyr Asn Lys Lys Ile Gln Leu Asp Lys Leu Ile
20 25 30
Lys Gly Ile Thr Tyr Asn Val Glu Arg Gly Phe Ser Gly Ile Lys Val
35 40 45
Asp Ala Arg Ser Leu Asp Tyr Ser Cys Ile Leu Trp Ala Lys Gln Asn
50 55 60
Gly Tyr Ala Phe Lys Arg Ile Gly Asn Glu Ile Leu Ile Ala Trp Glu
65 70 75 80
Pro Glu Gly Leu Val Gln Tyr Val Ile Tyr Asp Pro Tyr Arg Gly Glu
85 90 95
Tyr Val Arg Asp His Arg Gln Gln Pro Thr Asp Phe Ser Leu Pro Lys
100 105 110
Arg Tyr Tyr Leu Glu Thr Arg Tyr
115 120
<210> 151
<211> 276
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 151
Met Asn Val His Glu Thr Val Thr Val Pro Asp Asn Ala Asn Ile Phe
1 5 10 15
Phe Ile Gly Asp Ile His Gly Glu Tyr Asp Met Met Met Gly Ala Leu
20 25 30
Lys Leu Ala Gly Tyr Glu Glu Gly Arg Asp Tyr Val Phe Cys Val Gly
35 40 45
Asp Leu Ile Asp Arg Gly Pro Lys Asn Leu Gln Val Leu Ala Lys Phe
50 55 60
Leu Tyr Asn Pro Lys Phe Arg Ser Val Arg Gly Asn His Asp Glu Phe
65 70 75 80
Met Ile Gln Asp Asp Tyr Ala Asn Trp Met Tyr Asn Gly Gly Ser Trp

85 90 95
Thr Ile Thr Glu Gly Phe Asp Thr Asp Thr Met Lys Gly Ile Ala Glu
100 105 110
Asp Met Asp Ser Lys Met Pro Tyr Ile Met Thr Val Glu His Arg Gly
115 120 125
Lys Arg Tyr Gly Val Val His Ala Gly Ile Pro Leu Arg Tyr Gln Ala
130 135 140
Gln Gly Met Gly Val Thr Val Pro Val Trp Asp Asp Ile Val His Glu
145 150 155 160
His Glu Ser Thr Pro Asp Leu Arg Arg Leu Gly Val Leu Leu Trp Asp
165 170 175
Arg Asp Val Ile Gln Glu Val Gly Phe Asn Leu Tyr Arg Ser Gly Glu
180 185 190
Lys His Pro Tyr Phe Asp Arg Tyr Ala Ser Phe Ser Glu Glu Cys Ala
195 200 205
Val Asp Val Pro Glu Ile Val Gly Val Asp Tyr Thr Phe His Gly His
210 215 220
Thr Gly Val Pro Phe Pro Ile Arg Trp Lys Asn Arg Val Tyr Leu Asp
225 230 235 240
Thr Gly Gly Thr Phe Asn Gly Arg Met Thr Val Ala Ser Pro Val Leu
245 250 255
Gly Gln Leu Tyr Thr Phe Thr Thr Asp Arg Asp Asp Pro Cys Gly Ser
260 265 270
Ala Asp Ile Ile
275

<210> 152
<211> 77
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 152
Met Lys Leu Phe Lys Asp Leu Glu Glu Gly Glu Val Phe Val Val Ala
1 5 10 15
Gly Gly Phe Glu Leu Gln Lys Cys Val Ala Met Leu Asp Asn Gly Asn
20 25 30
Ser Val Phe Thr Asp Asp Ala Asn Ile Ser Val Thr Ile Ala Pro Asp
35 40 45
Thr Glu Thr Trp Lys Pro Lys Glu Phe Trp Glu Ile His Lys Asp Arg
50 55 60
Pro Leu Asp Asp Leu Leu Asp Asp Ile Leu Phe Thr Ala
65 70 75

<210> 153
<211> 122
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08

<400> 153
Met Lys Leu Glu Ser Arg Tyr Ile Val Phe Lys Gln Ser Asp Ala Ala
1 5 10 15
Lys Tyr Leu Thr Ser Thr Ala Ile Arg Glu Ile Asn Asp Ser Leu Ser
20 25 30
Leu Ile Tyr Lys Gly Arg Glu Ala Asp Gly Lys Val Gly Phe Pro Asn
35 40 45
Tyr Ile Val Leu Glu Glu Asp Trp Pro Glu Tyr Pro Ile Ala Lys Glu
50 55 60
Ala Leu Glu Gly Arg Ile Val Leu Glu Glu Phe Asn Lys Arg Ala Glu
65 70 75 80
Lys Lys Arg Gly Ala Lys Ala Ala Glu Asp His Tyr Lys Gln His Gln
85 90 95
Ser Thr Glu Leu Leu Arg Gly Ile Ser Pro Phe Cys Ala Gly Trp Asn
100 105 110
Asp Tyr Met Arg Arg Leu Val Ile Glu Glu
115 120
<210> 154
<211> 39
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 154
Met Tyr Thr Gly Met Gly Asn Asp Met Ala Lys Met Phe Ile Gly Leu
1 5 10 15
Leu Ile Leu Ala Ala Leu Val Gly Ala Ala Ile Val Gly Gly Ile Trp
20 25 30
Ala Leu Val Ala Phe Val Phe
35
<210> 155
<211> 142
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 155
Met Lys Asn Ala Met Ile Glu Leu Asn Ala Asn Met Glu Ser Leu Arg
1 5 10 15
His Ala Val Asn Thr Ala Arg Ala Ser Phe Asn Leu Leu Met Arg Asp
20 25 30
Glu Ser Ile Pro Leu Ser Ala Arg Val Lys Ala Phe Glu Glu Phe Ala
35 40 45
Asp Glu Leu Leu His Met Gly Asp Tyr Leu Ser Asp Ser Pro Phe Asn
50 55 60
Glu Asp Arg Arg Asp Tyr Gln His Ala Tyr Cys Asn Arg Gly Glu Ile
65 70 75 80
Val Tyr Leu Thr Asp Val Leu Glu Ser Val Leu Glu Tyr Ala Asn Ser

85 90 95
Phe Met Arg Thr Pro Asp Glu Trp Glu Asp Ala Ser Asn Asp Tyr Val
100 105 110
Leu Asp Glu Ile Gln Lys Asn Trp Pro Glu Ile Lys Lys Leu Val Glu
115 120 125
Glu His Ile His Ser Glu Val Tyr Ala Tyr Arg Ile Asp Trp
130 135 140
<210> 156
<211> 101
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 156
Met Ala Lys Asn Thr Ile Ser Tyr Thr Thr Gly Lys Thr Ala Asp Glu
1 5 10 15
Gln Ala Asn Thr Leu Thr Lys Asp Glu Met Val Ala Val Leu Val Ile
20 25 30
Leu Leu Asp Met Ser Gly Phe Glu Gly Gln Leu Ala Lys Leu Ser Leu
35 40 45
Pro Ala Leu Arg Ala Leu Tyr Glu Gly Thr Asn Lys Asn Ala Ala Ala
50 55 60
Tyr Asn Leu Ala Lys Asn Glu Ala Arg Trp Ala Lys Glu His Gln Gln
65 70 75 80
Val Ala Glu Arg Arg Ala Glu Ser Phe Glu Arg Asp Leu Lys Arg Glu
85 90 95
Lys Ala Lys Lys Lys
100
<210> 157
<211> 93
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 157
Met Val Leu Glu Ile Leu Ser Gly Leu Leu Ile Ala Ala Leu Val Thr
1 5 10 15
Gly Thr Gly Leu Ala Val Trp Val Ser Ile Leu Arg Glu Asn Asn Arg
20 25 30
Arg Met Arg Leu Thr Asn Asn Gly Leu His Glu Lys Leu Met Asp Gln
35 40 45
Val Gln Asp Ala Asp Glu Phe Ser Ala Ala Ala Glu Arg Leu Leu Val
50 55 60
Arg Leu Ala Lys Ile Glu Glu Ile Ile Gly Gln Asp Ser Thr Met Ser
65 70 75 80
Lys Thr Thr Lys Met Arg Leu Ile Thr Glu Ile Lys Lys
85 90
<210> 158

<211> 82
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 158
Met Ile Ser Pro Ile Val Ala Ala Leu Tyr Leu Val Val Val Gly Tyr
1 5 10 15
Leu Ser Gly Lys Tyr His Gly Phe Gly Leu Lys Gly Thr Ile Lys Ala
20 25 30
Ala Met Leu Val Pro Leu Tyr Pro Leu Ala Ile Leu Leu Thr Gly Tyr
35 40 45
Tyr Ala Cys Val Leu Arg Ile Phe Gly Arg Gly Lys Val Asn Tyr Asp
50 55 60
Asn Cys Thr Ala Leu Leu Asp Asp Ile Glu Asn Thr Ile Lys Lys Glu
65 70 75 80
Glu Lys
<210> 159
<211> 113
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 159
Met Asn Leu Asn Ser Lys Glu Arg Gln Val Leu Val Asp Ala Leu Arg
1 5 10 15
Gln Val Val Asp His Asp Leu Leu Cys Asp Glu Asp Ile Val Glu Ser
20 25 30
Ile Ala Leu Ile Ala Lys Ile Glu Leu Ala Glu Lys Asp Ser Trp Arg
35 40 45
Pro Leu Ser Glu Leu Pro Pro Leu Gly Leu Ala Ile Val Val Gln Arg
50 55 60
Ala Asp Gly Ala Pro Phe Asn Thr Val Met Val Arg Arg Asp Leu Ala
65 70 75 80
Lys Ser Tyr Ser Pro Asp Ile Ile Thr Leu His Thr Lys Ile Thr Asn
85 90 95
Glu Pro Phe Glu Phe Asn Thr Arg His Tyr Tyr Trp Arg Leu Thr Asn
100 105 110
Ala
<210> 160
<211> 75
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 160
Met Leu Asn Gln Leu Arg Ile Tyr Asn Phe Leu Asp Cys Asn Phe Gln
1 5 10 15

Val Trp Arg Glu Leu Pro Ser Arg Phe Leu Gly Trp Ala Leu Phe Leu
20 25 30
Ser Met Val Val Ser Val Phe His Asn Val Pro Ala Thr Phe Tyr Met
35 40 45
Glu Ala Ile Gln Pro Val Thr Val Phe Ile Tyr Glu Met Tyr Leu Val
50 55 60
Ala Ile Asn Gly Trp Lys Asp Gly Arg Ile Asn
65 70 75

<210> 161
<211> 155
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 161

Met Ala Ala Ser Thr Glu Val Leu Asn Gln Tyr Phe Asn Arg Glu His
1 5 10 15
Gln Glu Phe Ser Asp Leu Phe Ile Gln Met Phe Val Asn Ala Asn Asn
20 25 30
Ala Leu Asp Tyr Arg Phe Phe Asn Glu Phe His Glu Thr Thr Phe Ser
35 40 45
His Gln Asp Ile Asn Ser Ala Leu Lys Glu Leu Ile Gly Ser Lys Val
50 55 60
Ile Pro Phe Arg Gln Thr Ala Asn Ala Glu Thr Leu Glu Leu Ser Val
65 70 75 80
Val Trp Gly Leu Phe Lys Lys Ala Tyr Glu Phe Gly Lys Tyr Gln Asn
85 90 95
Ala Arg His Trp Ile Tyr Glu Val Tyr Leu Asn Thr Glu Val Ile Leu
100 105 110
Pro Arg Gln Met Met Leu Gly Trp Ile Ala Lys Gln Arg Pro Glu Arg
115 120 125
Asn Ala Lys Ser Phe Ala Pro Ile Asn Asp Gly Asn Leu Tyr His Ala
130 135 140
Ser Glu Lys Phe Asp Ala Pro Lys Ser Val Ala
145 150 155

<210> 162
<211> 108
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 162

Met Leu Leu Val Glu Gly Leu Thr Glu Glu Asp Ile Cys Leu Asn Ser
1 5 10 15
Phe Tyr Asn Cys Lys Thr His Val Met Gln Ala Leu Asp Glu Glu Arg
20 25 30
Val Glu Leu Ser Lys Phe Met Val Asn Ile Ala Thr Ala Gln Val His
35 40 45

Trp Gln Thr Gln Gly Leu Ser Ala Asp Asp Ile Leu Lys His Thr Leu
50 55 60
Asn Ala Ile Ala Glu Tyr Gly Lys Ala Arg Gly Glu Ala Leu Leu Ala
65 70 75 80
Ser Lys Lys Glu Phe Asp Lys Ser Glu Ser Met Leu Lys Met Ala Ile
85 90 95
Asp Ile His Met Glu Gly Ile Asp Gly Thr Ile His
100 105

<210> 163
<211> 95
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 163
Met Ala Lys Lys Arg Val Val Val Asn Phe Leu Glu Glu Asp Ser Gly
1 5 10 15
Asp Cys Glu Tyr Gly Cys Trp Asn Thr Gly Tyr Gly Val Glu Val Met
20 25 30
Val Asp Gly Lys Cys Val His Arg Gln Glu Ala Trp Ala Ser Cys Thr
35 40 45
Asn Asn Ser Ser Val Asp Phe Asp Val Leu Ala His Val Leu Gln Gly
50 55 60
Ile Lys Thr Lys Glu Gly Tyr Pro Val Lys Ala Asp His Ile Asp Phe
65 70 75 80
Gly Asp Pro Ser Asp Tyr Pro Glu Glu Phe Leu Asp Leu Phe Thr
85 90 95

<210> 164
<211> 62
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 164
Met Lys Ser Ile Asp Asn Tyr Leu Arg Gly Glu Asn Pro Val Asp Gln
1 5 10 15
Ala Ala Val Thr Val Glu Lys Val Arg Lys Glu Cys Phe Ile Leu Thr
20 25 30
Gln Arg Gly Gly Gly Asn Arg Pro Asn Arg Val Tyr Leu Asn Trp Thr
35 40 45
Gln Ser Lys Asp Leu Tyr Glu Arg Leu Lys Arg Glu Phe Glu
50 55 60

<210> 165
<211> 158
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08

<400> 165
Val Glu Glu Leu Arg Gln Lys Ile Asn Gln Glu Leu Val Trp Glu Ala
1 5 10 15
Lys Ser Phe Pro Ile Asn Gln Phe Leu Lys Arg Asp Gly Ser Ile Asn
20 25 30
His Asn Lys Ile Lys Gln Leu Arg Pro Asp Phe Arg Gln Asp Ala Lys
35 40 45
Asn Leu Ile Phe Ile Asn Arg Ala Leu Asp Ala His Gly Val Phe Phe
50 55 60
Gly Tyr Glu Lys Leu Val Phe His Ser Leu Asn Gln Leu Val Glu Ile
65 70 75 80
Trp Cys Pro Asp His Gln Asp Tyr Phe Met Gln Thr Ala Arg Ser His
85 90 95
Leu Glu Gly Asn Gly Cys Gln Lys Cys Arg His Arg Met Val Thr Arg
100 105 110
Val Thr Asp Tyr Gly Ser Tyr Thr Val Pro Ala Tyr Tyr His Lys Phe
115 120 125
Ser Ile Asp Gly Asp Ser Ile Ile Trp Tyr Asn Asn Ser Ser Lys Leu
130 135 140
Ile Lys Pro Leu Glu Val Lys Asp Glu Ile Arg Phe Pro Glu
145 150 155
<210> 166
<211> 133
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 166
Met Lys Tyr Asp Ser Leu Asn Asn Pro Ser Thr Asn Tyr Leu Thr Asp
1 5 10 15
Gln Ser Val Ser Glu Ile Lys Phe His Pro Asn Tyr Ser Pro Asp Ser
20 25 30
Ser Lys Pro Ser Val Ala Ala Ile Ser Phe Arg Phe Arg Asn Leu Arg
35 40 45
Phe Thr Phe Val Gly Glu Glu Asp Lys Met Ile Ser Ile Ile Asp Lys
50 55 60
Val Lys Ala Val Ser Glu Leu Ser Gly Ser Asp Thr Val Lys Phe Glu
65 70 75 80
Ala Leu Thr Ser Leu Leu Leu Thr Ser Gly Ala Thr Val Gly Lys Phe
85 90 95
Glu Leu Ile Gln Pro His Val Ser Ala Leu Thr Asn Thr Arg Asn Phe
100 105 110
Trp Asp Gln Ala Asn Val Glu Ser Leu Ile Lys Trp Asp Ser Ala Thr
115 120 125
Glu Phe Tyr Asn Lys
130
<210> 167
<211> 169

<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 167

```
Met Leu Phe Cys Thr Val Asp Phe Glu Glu Ala Asn Glu Thr Tyr Ile
1               5                  10                  15
Val Tyr Gly Met Ser Glu Ser Lys Val Arg Ile Leu Trp Asn Gln Phe
            20                  25                  30
Gln Leu Glu Val Pro Asp Asp Ile Ser Lys Thr Pro Lys Asp Phe Phe
        35                  40                  45
His Leu Ile Asp Ile Lys Ala Val Lys Ala Arg Lys Lys Leu Thr Pro
    50                  55                  60
Tyr Val Phe Pro Gly Ala Val Phe Val His Glu Leu Thr Ala Tyr Thr
65                  70                  75                  80
Asn Val Val Leu Lys Lys Ser Arg Gln His Pro Gly Tyr Leu Thr Met
                85                  90                  95
Leu Thr Tyr Lys Val Gly Ala Ile His Asp Gly Glu Leu Val Val Arg
            100                 105                 110
Val Asp Ala Arg Leu Gln Gln Glu Val Glu Glu Met Ile Arg Gln Cys
        115                 120                 125
Gln Asn Lys Ala Glu Leu Lys Gln Arg Ala Arg Leu Phe Asp Met Ala
    130                 135                 140
Ala Pro Ser Glu Ala Val Ala Ala Tyr His Gly Phe Tyr Lys Glu Ile
145                 150                 155                 160
Ala Glu Ser Asp Glu Asp Phe Phe Met
                165
```

<210> 168
<211> 106
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 168

```
Met Asn Glu Lys Tyr Glu Val Trp Thr Pro Val Gly Glu Asn Cys Ser
1               5                  10                  15
Tyr Leu Leu Arg Thr Leu Cys Thr Arg Glu Asp Gly Thr Ser Phe Ser
            20                  25                  30
Glu Tyr Leu Ser Glu Cys His Ala Lys Ala Gln Gln Asp Asn Pro Leu
        35                  40                  45
Phe Lys Ile Arg Gly Glu Asp Ile Leu Lys Val Asn Gly Val Pro Tyr
    50                  55                  60
Thr Pro Val Asp Ser Phe Ala Ala Leu Gln Val Phe Lys Glu His Arg
65                  70                  75                  80
Glu Arg Glu His Arg Arg Met Ile Glu Arg Leu Thr Gly Arg Glu Pro
                85                  90                  95
Phe Ser His Pro Arg Trp Asn Glu Glu Thr
            100                 105
```

<210> 169
<211> 254
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 169

Met Ser Arg Val Glu Lys Leu Gln His Ile Tyr Asn Leu Val Lys Lys
1 5 10 15
Ala Asp Gln Lys Lys Leu Ser Glu Leu Ser Glu Glu Glu Tyr Gln Ala
20 25 30
Val Leu Phe Cys Cys Ser Ala Met Pro Ala Lys Leu Asp Gly Val Leu
35 40 45
Ala Lys Ser Asp Ile His Asn Gly Lys Glu Thr Thr Phe Gln Pro Pro
50 55 60
Tyr Lys Trp Leu Ala Ser Asn Ile Gln Gln Met Val Gly Lys Val Thr
65 70 75 80
Gly Phe Ser Asn Arg Lys Thr Pro Asn Ile Phe Ile Asp Ile Thr Pro
85 90 95
Arg Thr Pro Glu Phe Thr Lys Asp Trp Arg Asp Ala Leu Asp Ser Phe
100 105 110
Pro Ser Trp Lys Val Phe Tyr Lys Pro Asp Asp Glu Thr Tyr Ala His
115 120 125
Leu Pro Phe Leu Lys His Pro Gly Tyr Thr Val Glu Asp Pro Ser Ser
130 135 140
Gly Val Asn Phe Lys Asp Phe Lys Cys Thr Asp Glu Asn Ile Ala Tyr
145 150 155 160
Gly Leu Met Arg Thr Ser Val Arg Ile Ala Met Asp His Glu Leu Asp
165 170 175
Lys Gln Asp Leu Ala Val Ile Ala Leu Cys Lys Asp Arg Tyr Ile Lys
180 185 190
Val Lys Arg Ile Ala Glu Lys Leu Ser Val Leu Ser Cys Phe Glu Thr
195 200 205
Ile Arg Asp Cys Glu Pro Glu Gly Glu Tyr Pro Lys Gly Ser Leu Tyr
210 215 220
Trp Lys Asp Val Lys His Leu Gly Leu Ser Glu Glu Ala Val Phe Leu
225 230 235 240
Gly Leu Val Val Thr Gly Arg Phe Leu Arg Leu Gln Glu Lys
245 250

<210> 170
<211> 109
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 170

Val Gly Tyr Ser Arg Asp Pro Phe Tyr Arg Leu Asn Ser Leu Gln Leu
1 5 10 15

His Arg Leu Pro His Arg Gly Leu Gln Asp Ile Val Ile His Ser Val
20 25 30
Tyr Ile Ile Asp Asp Ala Ser Glu Phe Ser Ala Lys Leu Leu Glu Lys
35 40 45
Ala Ala His Lys Lys Phe Lys Pro Met Arg Val Asn Phe Gly Asp Lys
50 55 60
Phe Asp Gly His Thr Glu Trp Phe Asp Val Glu Pro His Val Ile Glu
65 70 75 80
Lys Phe Phe Leu Ser Val Gly Ala Lys Gln Val Pro Ile Asp Lys Leu
85 90 95
Ile Ala Gln Glu Gln Lys Ile Arg Lys Ser Thr Lys Lys
100 105

<210> 171
<211> 56
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 171

Met Arg Thr Leu Arg Gly Gly Ser Pro Lys Ser Arg Ser His Asn Thr
1 5 10 15
Tyr Gln Leu Asn Val Ile Arg Asp Gly Gln Lys Lys Gly Gly Asp Gly
20 25 30
Gly Gly Gly Glu Trp Gly Phe Arg Val Ile Met Val Ile Ile Met Thr
35 40 45
Leu Val Phe Leu Gln Ser Cys Gln
50 55

<210> 172
<211> 321
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 172

Met Leu Gln Lys Phe Thr Pro Val Ala Asn Leu Pro Met Val Arg Gly
1 5 10 15
Gly Ala Arg Asn Leu Leu Asp Gly Ser Lys Cys Ala Ser Ile Gly His
20 25 30
Ile Leu Gly Val Tyr Arg Ser Asn Met Glu Ser Arg Thr Ser Arg Ala
35 40 45
Phe Glu His Ser Arg Asp Tyr Val Leu Ala Asn Pro Gly Ala Ala Ile
50 55 60
Val Ile Phe His Asp Asp Gln Tyr Leu Val Asp Ser Gln Pro Ile Asp
65 70 75 80
Leu Ile Val Ser Thr Thr Thr Asp Ala Tyr Leu Tyr Lys Ala Ser Glu
85 90 95
Gly Lys Gln Ala Ser Arg Arg Phe Cys Tyr His Glu Ser Glu Leu Leu
100 105 110

Ala Phe Thr Asp Ala Arg Ala Trp Ile Lys Asn Leu Cys Asp His Leu
115 120 125
Glu Leu Pro Pro Ala Arg Ile Ser Ser Glu Met Met Ile Phe Val Leu
130 135 140
Asp Lys Asp Gly Ser Ile Leu Leu Pro Cys Asp Pro Tyr Asp Ile Asp
145 150 155 160
Ile Glu Glu Gly Ala Arg Thr Gly Asn Tyr Arg Tyr Asp Gly Glu Leu
165 170 175
Glu Glu Val Ala Pro Ala Val Thr Glu Asn Val Val Asn Pro Asn Asn
180 185 190
Phe Glu Thr Gly Ala Leu Gln Met Asn Thr Ile Lys Ser Thr Ala Thr
195 200 205
Ala Ile Val Ala Ala Asn Lys Asn Ala Ala Val Asn Ala Ala Lys Leu
210 215 220
Glu Ala Gly Ser Ile Val Leu Lys Lys Val Ser Gly Ile Ala Ala Ser
225 230 235 240
Lys Ala Pro Phe Met Val Arg Gly Tyr Val Asp Thr Ala Val Gly Arg
245 250 255
Val Val Ile Ala Asn Leu Leu Asn Phe Ala Val Ser Gln Tyr Ala Pro
260 265 270
Asn Asn Arg Lys Ala Val Ile Ala Ala Asp Ala Ala Met Gln Ala Ala
275 280 285
Met Leu Glu Leu Val Gln Ser Phe Asn Val Gly Glu Met Ile Asp Glu
290 295 300
Val Leu Lys Gly Val Asn Leu Ser Ser Leu Ile Glu Ser Asp Val Ala
305 310 315 320
Glu

<210> 173
<211> 164
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 173

Met Glu Arg Leu Thr Ala Thr Phe Glu Gly Glu Lys Met Thr Ile Ala
1 5 10 15
Asn Val Trp Gln Arg Leu Arg Gln Asn Gly Asp Arg Gly Asn Phe Ala
20 25 30
Ile Phe Ile Glu Pro Lys Asn Leu Asp Asn Leu Ala Arg Gln Ile Asp
35 40 45
Arg Arg Asp Cys Tyr Pro Asp Thr Asp Asp Met Leu Gly Ile Pro Leu
50 55 60
Arg Ile Ile Gly Val Tyr Gly Tyr Gly Phe Asp Ile Cys Ile Gly Asp
65 70 75 80
Ser Ser Phe Glu Ile Asp Cys Glu Ser Gly Ala Thr Glu Ile Glu Val
85 90 95
Phe Leu Ile Asn Leu Gly Ser Leu Thr Phe Leu Asp Thr Pro Pro Ala
100 105 110

Glu Pro Glu Pro Glu Lys Leu Glu Val Lys Thr Ser Val Ile Val Ser
115 120 125
Ser Leu Thr Met Asp Glu Leu Ala Asp Ile Val Ser Thr Tyr Asp Glu
130 135 140
Ile His Ala Asp Ala Ile Lys Glu Leu Asn Asn Arg Leu Asp Thr Phe
145 150 155 160
Arg Asp Lys Leu

<210> 174
<211> 175
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 174

Met Phe His Val Lys Ser Cys Val Pro Gly Ile Asn Tyr Thr Val Glu
1 5 10 15
Ala Glu Glu Gly Leu Tyr Leu Glu Gly Gly Arg Ile Glu Ser Gln Glu
20 25 30
Val Ala Ala Val Leu Lys Cys Asp Thr Asn Val Cys Gly Thr Ser Trp
35 40 45
Thr Asp Leu His Phe Leu Gly Arg Gly Ile Asp Val Asp Ser Leu Ser
50 55 60
Trp Glu Lys Ala Cys Glu His Ala Glu Ser Met Leu Asn Glu Asp Asp
65 70 75 80
Trp Asp Asp Asp Asp Ser Asp Glu Lys Tyr Ala Asn Ala Gly Val Glu
85 90 95
Gly Ser Phe Tyr Met Tyr Trp Pro Gly His Ser Cys Asn Leu Val Asn
100 105 110
Gly Gly Ser Pro Leu His Ser Val Leu Glu Arg Ala Ile Tyr Leu Gly
115 120 125
Tyr Ile Gln Ile Val Asp Gly Lys Ala Val Ile Asn Leu Arg Glu Leu
130 135 140
Lys Thr Phe Ile Tyr Ile Pro Asp Ala Glu Thr Ile Leu His Ile Glu
145 150 155 160
Glu Gly Leu Lys Ser Gly Trp Lys Val Ser Gly Val Val Tyr Leu
165 170 175

<210> 175
<211> 115
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 175

Met Ile Tyr Ile Tyr Val Asn Lys Tyr Phe Leu Ala His Tyr Lys Thr
1 5 10 15
Met Glu Ser Val Ile Gln Tyr Val Ser Arg Gln Asn Ala Arg His Ile
20 25 30
Asp Glu Val Ala Thr Leu Lys Ile Gly Leu Arg Gly Asp Ala Ile Asn

35 40 45

Ile Ser Trp Pro Leu Leu Ile Leu Ile Cys Arg Asp Leu Val Ala Gly
50 55 60

Lys Pro Val Ser Val Ser Ala Leu Gly Glu Ser Tyr Pro Leu Ser Asp
65 70 75 80

Asp Leu Asp Leu Tyr Asp Leu Leu Thr Lys Tyr Lys Thr Glu Arg Leu
85 90 95

Phe Tyr Arg Gly Gly Ser Val Cys Ser Ser Gly Glu Thr Ile Glu Thr
100 105 110

Val Phe Arg
115

<210> 176
<211> 44
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F391/08
<400> 176

Met Leu Lys Glu Asn Val Met Ser Ser Glu Ile Val Asn Glu Phe Thr
1 5 10 15

Val Ala Asp Ala Glu His Phe Ile Glu Thr Tyr Leu Asn Val Tyr Asp
20 25 30

Val Asp Leu Ala Phe Ile His Lys Asp Gly Gln Ile
35 40

<210> 177
<211> 88
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F394/08
<400> 177

Asn Pro Glu Gln Gly Gln Ala Ala Ala Ala Glu Ser Thr Pro Ala Asp
1 5 10 15

Pro Ala Ala Asn Val Ser Arg Glu Thr Lys Pro Glu Asp Leu Ile Lys
20 25 30

Asn Asp Val Ala Pro Ala Glu Leu Thr Pro Ala Phe Tyr Val Val Ala
35 40 45

Glu Gly Arg Ala Ile Thr Ser Lys Arg Gly Ile Leu Ala Ala Gly Glu
50 55 60

Ala Val Glu Ala Arg Asp Phe Val Gly Gly Glu Glu Thr Leu Asn Ser
65 70 75 80

Leu Leu Glu Arg Gly Leu Val Glu
85

<210> 178
<211> 151
<212> PRT
<213> Unknown
<220>

<223> Description of Unknown: Bacteriophage F394/08
<400> 178

```
Met Asn Ile Arg Asp Leu Ala Ala Gln Asp Phe Leu Asn Ile Val Asn
1               5                  10                  15
Asp Lys Asn Ser Gly Phe Gly Val Pro Val Val Leu Ile Ala Pro Asp
            20                  25                  30
Gly Asn Ala Gln Pro Leu Ser Gly Leu Thr Thr Asp Ile Ser Ser Tyr
        35                  40                  45
Ile Asp Pro Glu Thr Gly Val Leu Val Ala Gly Arg Val Ala Ser Val
    50                  55                  60
Thr Phe Ala Asn Lys Ala Ile Arg Ala Ala Gly Phe Ala Glu Met Pro
65                  70                  75                  80
Val Ala Val Ala Asp Ser Asn Lys Arg Pro Trp Val Val Cys Phe Arg
                85                  90                  95
Asp Pro Glu Gly Ile Pro Tyr Leu Phe Lys Val Val Lys Ala Met Pro
            100                 105                 110
Asp Arg Ala Ile Ser Gly Ile Val Leu Glu Leu Glu Val Tyr Lys Arg
        115                 120                 125
Ser Ile Tyr Phe Asn Gly Ala Tyr Lys Phe Asp Gly Thr Thr Leu Tyr
    130                 135                 140
Asp Gly Val Leu Asp Leu Leu
145                 150
```

<210> 179
<211> 225
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F394/08
<400> 179

```
Met Asn Ile Glu Gly Phe Lys Lys Leu Gln Ser Pro Ile Asn Lys Leu
1               5                  10                  15
Asp Ser Phe Glu Ile Val Arg Asp Gln Ile Ala Ala Ile Leu Phe Leu
            20                  25                  30
Glu Leu Glu Asn Gln Lys Ala Ile Ala Gly Arg Ala Gln Ile Asp Pro
        35                  40                  45
Ala Arg Phe Asp Met Lys Val Tyr Lys Glu Arg Ser Asn Pro Trp Asp
    50                  55                  60
Leu Phe Asp Asp Gly Glu Asn Lys Pro Ile Ile Asn Val Trp Phe Ser
65                  70                  75                  80
Asn Ser Asp Phe Asp Tyr Thr Asn Ser Ser Thr Val Asp Lys Gln Lys
                85                  90                  95
Thr Thr Ala Ile Phe Asn Ile Asp Cys Ile Ala Thr Ala Ile Ser Gln
            100                 105                 110
Glu Thr Ala Thr Gly Gln Thr Leu Gly Asp Glu Met Ala Ser Leu Glu
        115                 120                 125
Val Gln Arg Val Ala Lys Val Ile Arg Asn Ile Leu Met Ser Asp Thr
    130                 135                 140
Asn Thr Tyr Leu Gln Leu Arg Gly Leu Val Trp Ser Arg Arg Val Leu
```

145 150 155 160
Ser Leu Asn Ile Phe Gln Pro Ser Ala Glu Asn Gly Met Met Gln Asn
165 170 175
Leu Cys Ala Ala Arg Leu Val Leu Gln Ala Thr Phe Ser Glu Phe Ser
180 185 190
Pro Gln Tyr Glu Pro Gln Glu Leu Glu Ile Leu Ser Val Thr Val His
195 200 205
Asn Cys Asp Gly Gln Ile Leu Phe Asn Lys Glu Ile Ala Lys Asn Gly
210 215 220
Asn
225

<210> 180
<211> 500
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F394/08
<400> 180

Met Ala Ile Ser Thr Ala Val Asp Ile Ser Ala Val Ala Arg Val Leu
1 5 10 15
Gly Ile Lys Thr Asn Phe Lys Asn Leu Arg Asp Gly Arg Val Val Ile
20 25 30
Leu Pro Gln Arg Ile Ala Leu Ile Gly Gln Gly Ser Thr Gly Met Val
35 40 45
Phe Ala Thr Ser Lys Arg Gln Val Thr Ser Ala Asn Glu Val Gly Ser
50 55 60
Leu Tyr Gly Tyr Gly Ser Pro Leu His Leu Ala Ala Lys Gln Leu Phe
65 70 75 80
Pro Asn Asn Gly Asp Gly Val Gly Thr Ile Pro Val Thr Val Tyr Pro
85 90 95
Leu Ser Asp Ala Asp Gly Ser Gln Ala Ala Thr Gly Ser Ile Glu Leu
100 105 110
Leu Gly Thr Gln Leu Glu Ser Gly Ala Tyr Arg Val Val Val Asn Gly
115 120 125
Ile Arg Ser Glu Gln Phe Ser Ile Leu Ile Asn Glu Ala Gly Gln Thr
130 135 140
Val Leu Asn Arg Val Ala Ala Ala Ile Asn Ser Val Leu Asp Met Pro
145 150 155 160
Val Arg Ala Thr Ala Asp Ser Glu Leu Gln Lys Val Thr Leu Val Ser
165 170 175
Lys Trp Lys Gly Leu Ser Ala Asn Ala Ile Ser Val Gln Val Asp Gly
180 185 190
Asp Leu Gly Gln Gly Ile Glu Phe Ala Val Thr Gln Pro Ala Gly Gly
195 200 205
Leu Ile Asn Pro Ser Val Ser Gly Ala Leu Ser Gln Phe Gly Asn Val
210 215 220
Trp Glu Thr Met Val Leu Asn Cys Leu Asn Ile Gln Asp Thr Glu Ala
225 230 235 240

Leu Ser Ala Tyr Ser Asp Phe Gly Glu Gly Arg Trp Gly Ala Leu Val
245 250 255
Arg Lys Pro Leu Ile Val Phe Thr Gly Asn Thr Glu Ala Asp Val Asn
260 265 270
Ser Ala Val Ser Val Pro Asp Ala Arg Lys Arg Asp Arg Thr Asn Val
275 280 285
Gln Leu Val Ala Pro Asp Ser Ile Asp Leu Pro Phe Val Val Ala Ser
290 295 300
Arg Gln Leu Ala Arg Ile Val Lys Ile Ala Asn Glu Asn Pro Ala Cys
305 310 315 320
Asp Tyr Gly Ser Gln Val Ala Asp Gly Ile Asn Pro Gly Glu Asp Gly
325 330 335
Lys Gln Trp Leu Tyr Asn Val Arg Asp Met Ala Val Lys Lys Gly Ser
340 345 350
Ser Thr Ile Glu Ile Arg Asp Asn Gln Val Phe Ile Gly Asp Val Val
355 360 365
Thr Phe Tyr His Pro Glu Gly Glu Glu Asn Pro Pro Tyr Arg Tyr Val
370 375 380
Cys Asp Ile Val Lys Leu Gln Asn Ile Ile Phe Asn Leu Asn Leu Ile
385 390 395 400
Phe Ala Val Pro Glu Trp Asp Gly Ala Pro Leu Ile Pro Asn Asp Gln
405 410 415
Pro Thr Thr Asn Pro Arg Ala Lys Lys Pro Ser Met Ala Val Ala Ala
420 425 430
Ile Ala Ser Leu Val Asp Ser Leu Gly Leu Asn Ala Ile Ile Ser Asp
435 440 445
Ala Ala Phe Thr Lys Lys Asn Thr Phe Ala Gln Ile Asn Glu Gln Asn
450 455 460
Pro Lys Arg Leu Asp Val Ser Thr Thr Val Lys Leu Ser Gly Asn Thr
465 470 475 480
Asn Ile Leu Ser Val Asp Leu Asn Phe Gly Phe Tyr Phe Gly Asn Ser
485 490 495
Val Ile Val Gly
500

<210> 181
<211> 125
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F394/08
<400> 181

Met Ser Val Gly Gly Ser Ile Glu Ser Leu Thr Leu Asp Gly Arg Thr
1 5 10 15
Phe Ser Val Ala Ala Asp Ala Asp Ser Thr Arg Asn Leu Gly Gly Thr
20 25 30
Asp Asn Glu Val Glu Met Asn Gly Asp Gly Thr Tyr Arg Ile Val Lys
35 40 45
Thr Arg Val Pro Ser Lys Leu Asp Gly Ile Thr Val Ala Ile Asp Asp

50 55 60
Val Arg Gly Asp Ala Glu Tyr Leu Gln Glu Leu Lys Asp Arg Lys Glu
65 70 75 80
Gly Phe Pro Tyr Ser Ile Thr Tyr Ala Ser Gly Val Ile Tyr Gln Gly
85 90 95
Thr Gly Thr Ile Val Gly Glu Thr Gly Ile Ser Ser Gln Asn Ala Thr
100 105 110
Ala Ser Ile Thr Ile Ser Gly Ser Ala Leu Thr Lys Gln
115 120 125

<210> 182
<211> 148
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F394/08
<400> 182
Val Glu His Ile Glu Asn Thr Glu Asn Gln Thr Leu Trp Gly Leu Pro
1 5 10 15
Val Lys Val Ala Arg Glu Val Ala Glu Ala Glu Phe Ile Arg Phe Cys
20 25 30
Asp Ala Met Asp Val Asp Tyr Asn Thr Asp Arg Met Thr Asp Glu Asp
35 40 45
Ala Lys Asp Phe Asn Glu Ser Lys Gly Leu Leu Leu Asp Ala Leu Gln
50 55 60
Ile Gly Val Leu Glu Ile Asp Ser Asp Gly Met Ala Val Val Tyr Pro
65 70 75 80
Lys Lys Gly Asp Ile Lys Gln Ile Lys Phe Asn Glu Leu Cys Gly Ala
85 90 95
Asp Tyr Val Ala Met Asp Asn Lys Lys Asp Thr Gln Ser Phe Ala Lys
100 105 110
Met Phe Ala Met Met Gly Ser Ile Thr Lys Leu Pro Pro Ala Thr Phe
115 120 125
Ser Lys Leu Lys Lys Phe Asp Ala Lys Val Cys Leu Ser Ile Ala Lys
130 135 140
Leu Phe Leu Val
145

<210> 183
<211> 497
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F394/08
<400> 183
Met Gln Ser Gly Ile Ser Arg Phe Thr Arg Arg Ala Glu Ser Gly Leu
1 5 10 15
Arg Arg Val Ser Asp Met Thr Trp Asn Ile Ser Lys Val Ser Gly Ala
20 25 30
Ala Ala Ala Ala Ile Gly Gly Ala Phe Met Ala Ala Ala Gly Gly Ile

```
         35                  40                  45
Ala Leu Phe Val Ala Glu Thr Asn Arg Ala Asn Ser Glu Ile Asn Glu
    50                  55                  60
Met Ser Lys Ala Met Gly Val Ser Ala Leu Ser Ala Arg Ala Ala Asp
65                  70                  75                  80
Ser Leu Leu Thr Pro Leu Gly Met Asn Trp Glu Asn Tyr Thr Asp Leu
                85                  90                  95
Ile Glu Glu Leu Gly Asn Lys Met Gly Glu Leu Lys Asn Thr Gly Glu
            100                 105                 110
Met Lys Thr Phe Gln Glu Ala Ile Gly Leu Thr Asn Ile Lys Met Lys
        115                 120                 125
Glu Leu Lys Ala Leu Lys Pro Glu Gln Gln Phe Thr Arg Ile Met Asp
    130                 135                 140
Ser Leu Ala Lys Met Glu Asp Gln Gln Lys Ala Gln Phe Ile Ala Asp
145                 150                 155                 160
Glu Ile Phe Gly Gly Glu Gly Asn Lys Phe Val Ser Ala Leu Lys Ala
                165                 170                 175
Arg Gly Leu Thr Met Thr Ser Leu Ile Glu Asn Tyr Lys Lys Tyr Asn
            180                 185                 190
Phe Tyr Asn Glu Gln Gly Glu Lys Ala Thr Ala Ala Phe Asn Ala Ala
        195                 200                 205
Leu Thr Pro Leu Thr Thr Thr Ala Asn Ser Ala Lys Ser Gln Ile Ala
    210                 215                 220
Ala Leu Thr Gly Gly Ala Met Val Pro Tyr Ile Gln Lys Ala Thr Glu
225                 230                 235                 240
Trp Ala Ala Ala Asn Lys Glu Leu Ile Asn Ser Lys Ile Glu Val Phe
                245                 250                 255
Ala Lys Gly Leu Ala Asp Ser Leu Val Trp Val Val Val Asn Phe Ser
            260                 265                 270
Glu Ile Val Thr Trp Val Lys Arg Val Ala Ile Gly Ile Gly Ile Phe
        275                 280                 285
Leu Ala Leu Thr Ala Val Leu Lys Thr Phe Val Leu Ile Met Thr Ala
    290                 295                 300
Val Asn Leu Val Met Met Met Asn Pro Ile Gly Leu Ile Ile Ile Ala
305                 310                 315                 320
Val Val Ala Leu Ile Ala Val Ile Ala Tyr Leu Ile Asn Lys Phe Phe
                325                 330                 335
Gly Leu Gln Gly Val Ile Ala Ala Ala Asn Gly Val Leu Met Gly Ile
            340                 345                 350
Gly Ala Ala Ile Leu Val Ala Met Gly Pro Ile Gly Trp Leu Ile Gly
        355                 360                 365
Ala Ala Val Leu Ile Trp Lys Asn Trp Gly Val Leu Ser Gly Phe Phe
    370                 375                 380
Ser Gly Leu Trp Ala Gly Ile Val Ser Val Phe Gln Gly Ala Gln Asn
385                 390                 395                 400
Ile Ile Met Gly Ile Ile Asn Gly Ile Met Gly Ala Ile Asp Asn Val
                405                 410                 415
Ile Asn Lys Ala Val Ser Met Gly Ser Ala Val Lys Gly Phe Phe Ser
```

420 425 430

Phe Gly Gly Gly Gly Gly Asp Gln Lys Gln Ala Ala Ala Ala Gly Gly
435 440 445

Arg Val Ala Ser Pro Gln Glu Arg Thr Ala Lys Ser Val Thr Glu Asn
450 455 460

Asn Ser His Ser Thr Val Thr Ile Gln Asp Lys Thr Gly Arg Ala Lys
465 470 475 480

Met Ser Gly Lys Pro Gly Asn Gly Val Arg Leu Val Lys Thr Gly Thr
485 490 495

Met

<210> 184
<211> 410
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F394/08
<400> 184

Met Ser Trp Glu Asp Arg Leu Lys Glu Ala Ala Tyr Thr Ala Pro Gly
1 5 10 15

Gly Thr Arg Ala Thr Phe Leu Val Glu Asp Val Ser Arg Ser Phe Asp
20 25 30

Lys Lys Thr Asn Gly Phe Thr Phe Pro Asp Ala Ser Gly Thr Tyr Val
35 40 45

Gln Asp Ser Gly Val Ser Gly Phe Lys Tyr Pro Leu Thr Ile Tyr Phe
50 55 60

Ser Gly Pro Asp Cys Asp Val Glu Ala Glu Ala Phe Glu Ala Leu Leu
65 70 75 80

Arg Glu Thr Gly Ile Gly Arg Leu Glu His Pro Leu Tyr Gly Val Ile
85 90 95

Asn Val Val Pro Phe Gly Thr Ile Thr Arg Thr Asp Ala Ile Lys Thr
100 105 110

Glu Ala Asn Gln Thr Lys Ile Glu Leu Glu Phe Trp Glu Thr Asn Leu
115 120 125

Leu Ile Tyr Pro Leu Pro Gln Ala Asp Gln Leu Ser Ala Val Phe Glu
130 135 140

Ala Ile Ser Asp Val Lys Ala Ala Leu Ser Gly Asp Val Leu Asp Ser
145 150 155 160

Ile Asp Val Thr Asp Ala Ser Ala Leu Ala Arg Phe Lys Asn Lys Ile
165 170 175

Thr Gly Ala Leu Ser Lys Val Lys Thr Ala Leu Gly Lys Ile Lys Asn
180 185 190

Leu Ala Asp Leu Pro Gly Gln Leu Met Asp Lys Val Asn Gly Leu Ile
195 200 205

Ser Pro Gly Leu Glu Phe Ile Ser Asp Val Lys Ala Gln Leu Gly Asp
210 215 220

Val Val Asn Ser Phe Phe Glu Leu Ala Thr Leu Pro Glu Gln Ile Val
225 230 235 240

Asp Ser Phe Lys Glu Lys Ile Ala Val Tyr Lys Asp Leu Phe Ser Glu

245 250 255
Leu Thr Ser Phe Glu Gly Ile Phe Pro Ser Asn Glu Glu Tyr Glu Ala
260 265 270
Ala Cys Thr Gly Val Thr Val Thr Leu Ser Gly Leu Val Val Asp Leu
275 280 285
Val Glu Ser Glu Phe Asn Thr Gln Ser Glu Ala Leu Glu Ala Ala Glu
290 295 300
Asp Leu Leu Ala Ile Phe Asp Asp Val Thr Gly Trp Ile Glu Glu Lys
305 310 315 320
Ala Gln Gly Leu Gly Arg Thr Asp Ser Asn Ala Val Tyr Gln Arg Leu
325 330 335
His Ser Ala Val Met Thr Ala Ala Ser Tyr Leu Val Gln Gln Ser Phe
340 345 350
Thr Leu Lys Lys Glu Arg Lys Leu Val Leu Asn Arg Ser Arg Thr Ile
355 360 365
Ile Asp Leu Cys Ala Glu Leu Tyr Gly Glu Val Asp Ser Ala Leu Asp
370 375 380
Phe Phe Ile Thr Ser Asn Asp Leu Ser Gly Ala Glu Ile Leu Glu Ile
385 390 395 400
Pro Lys Gly Arg Glu Val Phe Tyr Tyr Val
405 410

<210> 185
<211> 398
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F394/08
<400> 185
Met Ser Asp Val Ser Met Met Ile His Gly Thr Arg Phe His Phe Trp
1 5 10 15
Ser Gly Val Arg Ile Ser Leu Asn Ile Asp Ala Val Ala Thr Ile Ser
20 25 30
Phe Asn Ala Pro Phe Asp His Glu Ala Pro Gly Phe Lys Arg Asn Phe
35 40 45
Ala Pro Phe Gly Phe Ser Pro Val Ala Ile Asp Val Asp Asp Gln Arg
50 55 60
Leu Phe Thr Gly Thr Met Leu Asp Val Ser Pro Val Ile Ser Glu Asp
65 70 75 80
Gly Lys Lys Glu Ile Ser Val Asn Ala Tyr Ala Lys Cys Gly Val Leu
85 90 95
Gln Asp Cys Thr Ala Pro Pro Glu Ser Met Pro Leu Glu Phe Asn Lys
100 105 110
Leu Asn Leu Leu Asp Ile Ala Arg Lys Met Ala Ser Tyr Phe Gly Val
115 120 125
Gly Val Val Phe Asn Ala Asp Pro Gly Pro Ala Phe Asp Arg Val Ala
130 135 140
Cys Asp Pro Asp Lys Lys Val Leu Glu Phe Leu Ala Asp Leu Ala Lys
145 150 155 160

Gln Arg Gly Phe Val Ile Gly Ser Asp Glu Asn Gly Asn Leu Leu Phe
165 170 175
Ser Lys Ser Ser Ile Gly Gly Ile Val Ala Lys Leu Glu Gln Gly Val
180 185 190
Ser Pro Leu Leu Ser Val Ser Pro Thr Phe Asn Pro Gln Glu Tyr Tyr
195 200 205
Ser His Ile Thr Gly Leu Ser Pro Val Glu Val Ala Lys Pro Ala Ala
210 215 220
Lys Ser Thr Ala Lys Val Lys Lys Asp Ala Ala Thr Pro Glu Lys Ala
225 230 235 240
Gly Gln Gly Ser Glu Lys Ala Thr Asp Lys Ala Gly Gln Ala Glu Ile
245 250 255
Lys Lys Glu Pro Lys Lys Glu Glu Lys Thr Lys Lys Glu Lys Gln Lys
260 265 270
Pro Lys Pro Thr Thr Tyr Lys Lys Phe Thr Ala Ile Asp Glu Ala Pro
275 280 285
Val Tyr Arg Pro Leu Val Phe Lys Ile Asp Asp Ala Glu Gly Ala Thr
290 295 300
Asp Val Glu Thr Ala Thr Lys Ala Lys Met Ala Arg Met Leu Gly Asn
305 310 315 320
Met Cys Thr Tyr Ala Ile Thr Val Ser Thr Trp Phe Asp Ala Ser Gly
325 330 335
Asp Leu Trp Arg Pro Asn Thr Lys Ile Lys Leu Lys Ala Pro Asp Ser
340 345 350
Met Ile Tyr Asp Phe Phe Glu Phe Asp Ile Lys Ser Val Glu Leu Ser
355 360 365
Ala Asp Glu Asn Ser Gln Gln Ala Asn Leu Thr Leu Cys Leu Pro Gly
370 375 380
Ser Phe Thr Gly Glu Pro Pro Glu Ile Phe Pro Trp Glu Leu
385 390 395

<210> 186
<211> 161
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F394/08
<400> 186

Val Gly Ile Val Ala Thr Val Leu Ser Asn Asp Gly Lys Asp Leu Lys
1 5 10 15
Val Asp Arg Gly Asn Gly Asp Asn Val Thr Ala Gln Gln Phe Gly Pro
20 25 30
Ser Gly Asp Asp Ala Pro Pro Leu Lys Asn Asp Tyr Ser Val Leu Gly
35 40 45
Ser Ala Lys Gly Ser Gly Asn Ala Ser Ala Val Ala Tyr Arg Asp Gln
50 55 60
Lys Ala Glu Asn Tyr Ile Ala Lys Ala Gly Glu Lys Arg Ile Tyr Ser
65 70 75 80
Arg Asp Glu Ser Gly Ala Val Lys Ala Glu Val Tyr Leu Lys Ala Asp

85 90 95
Gly Thr Ala Glu Ile Lys Asn Ala Ser Gly Leu Phe Val Met Glu Pro
100 105 110
Gly Gly Asp Val Val Ile Asn Gly Val Arg Ile Thr Lys Ala Gly Val
115 120 125
Ile Gln Thr Pro Gly Gly Ala Ser Met Ser Ser Asp Phe Thr Asn Ala
130 135 140
Gly Gly Ile Thr Leu Gly Asp His Ala Ala Asp Thr Ser Leu His Lys
145 150 155 160
Pro
<210> 187
<211> 245
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F394/08
<400> 187
Met Ser Phe Phe Asp Val His Leu Phe Asp Ser Val Asp Gly Gly Asn
1 5 10 15
Val Thr Asp Asp Leu Glu Thr Arg Asp Gly Leu Glu Thr Ala Val Tyr
20 25 30
Leu Ser Leu Phe Gly Gly Asn Ala Leu Asp Asp Gly Arg Pro Gln Asn
35 40 45
Leu Ser Thr Trp Trp Gly Asn Ile Gly Glu Asn Glu Ala Ala Lys Gln
50 55 60
Tyr Lys Ser Glu Ala Ala Phe Leu Leu Arg Thr Val Pro Pro Asn Thr
65 70 75 80
Ala Asn Leu Lys Arg Ile Glu Ala Ala Ala Ser Arg Asp Leu Ala Trp
85 90 95
Leu Ile Pro Glu Tyr Val Asn Lys Ile Gln Val Lys Ala Phe Met Pro
100 105 110
Lys Leu Asn Ala Val Asn Leu Thr Val Ser Leu Asp Gly Leu Asp Pro
115 120 125
Leu Gln Phe Arg Thr Asn Trp Gly Glu Lys Val Lys Glu Pro Val Tyr
130 135 140
Arg Leu Leu Pro Pro Lys Val Ser Arg Asn Asn Gly Val Asn Leu Glu
145 150 155 160
Gly Thr Ala Glu Thr Lys Thr Lys Leu Ile Leu Ile Arg Ala Asp Gly
165 170 175
Ser Arg Leu Ser Thr Leu Val Asp Gly Ser Gly Asn Trp Lys Phe Asp
180 185 190
Phe Tyr Pro Leu Tyr Gly Gly Glu Arg Ala Arg Met Tyr Val Glu Gly
195 200 205
Val Gly Gly Lys Ile Ser Ala Ile Val Thr Val Ile Gly Val Leu Pro
210 215 220
Leu Arg Tyr Asp Gly Met Ala Ile Tyr Asp Gly Thr His Lys Tyr Asn
225 230 235 240
Gly Val Arg Leu Asn

245

<210> 188
<211> 387
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F394/08
<400> 188

Met Ser Thr Pro Thr Thr Lys Glu Ile Ser Asn Arg Ile Leu Ser Lys
1 5 10 15
Leu Glu Thr Thr Phe Gly Gln Ser Leu Pro Lys Ser Phe Thr Arg Val
20 25 30
Leu Ser Thr Val Leu Gly Gly Val Phe Val Ile Leu Tyr Lys Tyr Gly
35 40 45
Gly Phe Ile Ala Leu Gln Met Phe Val Ser Thr Ala Ser Ala Lys Asp
50 55 60
Thr Asp Phe Asn Gly Lys Thr Ile Asn Pro Leu Arg Glu Trp Gly Arg
65 70 75 80
Leu Ile Gly Ala Gly Asp Pro Asn Pro Ala Val Asn Ala Ile Ile Leu
85 90 95
Thr Arg Ile Val Val Glu Lys Pro Gly Glu Ile Leu Pro Ala Gly Thr
100 105 110
Gln Leu Val Asn Ser Gly Asn Gly Val Thr Tyr Ile Thr Gln Glu Asp
115 120 125
Ile Glu Leu Val Glu Gly Ala Gln Asp Ile Glu Val Leu Ala Ala Ser
130 135 140
Asp Thr Ser Gly Asn Ser Gly Ala Gly Lys Ala Gly Asn Leu Asn Ala
145 150 155 160
Gly Asp Val Leu Thr Phe Ala Asn Pro Leu Gly Ser Val Gly Arg Tyr
165 170 175
Ser Thr Val Val Thr Thr Ile Arg Glu Gly Leu Asp Ala Glu Ala Ile
180 185 190
Glu Thr Tyr Arg Ala Arg Val Val Ser Arg Phe Gln Leu Arg Ala Gln
195 200 205
Gly Gly Ala Met Val Asp Tyr Lys Ile Trp Gly Glu Ser Val Ser Gly
210 215 220
Val Ser Arg Ile Tyr Pro Tyr Thr Ser Asp Leu Pro Gly Gln Val Asp
225 230 235 240
Ile Tyr Val Asp Val Leu Glu Gly Val Ala Ser Gln Ala Ile Leu Asn
245 250 255
Gln Val Lys Asn Ala Val Glu Phe Asp Ala Asn Asn Gly Leu Ala Gln
260 265 270
Asn Arg Pro Leu Asn Ala Leu Val Asn Tyr Leu Pro Met Glu Phe Val
275 280 285
Glu Phe Asn Val Thr Ile Ser Gly Leu Ser Val Glu Gly Ala Leu Ser
290 295 300
Val Arg Ala Glu Ile Arg Ala Ala Leu Glu His Tyr Phe Asn Ile Arg
305 310 315 320

Ala Pro Tyr Ile Val Gly Leu Ser Thr Asp Ser Arg Ala Asp Arg Ile
325 330 335
Thr Leu Ala Ala Ala Ser Gly Val Val Asp Asp Val Val Asn Lys Ala
340 345 350
Gly Gly Ile Phe Asn Asp Met Gln Leu Phe Lys Gly Gln Thr Pro Ile
355 360 365
Ser Phe Tyr Met Leu Gly Ile Gly Glu Lys Ala Thr Leu Val Asn Val
370 375 380
Glu Tyr Leu
385

<210> 189
<211> 239
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F394/08
<400> 189

Met Asn Met Phe Lys His Leu Leu Pro Ser Gly Arg Ala Trp Asn Leu
1 5 10 15
Thr Ala Glu Lys Pro Leu Lys Ala Phe Phe Arg Cys Leu Asp Val Leu
20 25 30
Arg Thr Asp Ala Val Asn Tyr Phe Asn Leu Leu Phe Leu Asp Ile Asn
35 40 45
Pro Lys Thr Thr Arg Leu Leu Asp Gln Trp Glu Gln Gln Phe Gly Ile
50 55 60
Asn Arg Gly Phe Leu Thr Glu Ala Gln Arg Arg Glu Arg Val Ala Ala
65 70 75 80
Ala Trp Arg Asp Val Gly Gly Gln Ser Pro Ala Tyr Ile Gln Glu Val
85 90 95
Leu Arg Asn Asn Gly Phe Asp Val Tyr Ile His Glu Trp Phe Asp Pro
100 105 110
Ala Asp Arg Gly Glu Val Gly Glu Lys Gln Pro Ile Thr Pro Arg Asn
115 120 125
Pro Leu Ser Ile Met Ser Ala Gln Tyr Ala Glu Val Leu Pro Val Val
130 135 140
Asp Cys Gly Glu Pro Leu Ala Leu Cys Gly Glu Glu Phe Ala His Ala
145 150 155 160
Gly Asn Tyr Leu Gly Leu Val Gly Tyr Pro Leu Val Asn Lys Phe Val
165 170 175
Tyr Asp Ala Asp Lys Tyr Gly Tyr Thr Val Pro Val Asp Pro Ala Tyr
180 185 190
Trp Tyr His Phe Phe Tyr Val Cys Gly Pro Asn Phe Gly Asp Val Ala
195 200 205
Gln Val Glu Ala Thr Arg Arg Ala Glu Phe Glu Ala Leu Ile Leu Arg
210 215 220
Ile Lys Pro Ala His Leu Trp Ala Gly Val Ile Val Arg Tyr Val
225 230 235

<210> 190

<211> 200
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F394/08
<400> 190

Met Ser Leu Val Phe Asn Glu Lys Phe Pro Gly Lys Thr Ala Gly Ala
1 5 10 15
Thr Gln Asn Tyr Pro Tyr Gly Glu Ala Arg Asn Val Ser Gly Pro Gly
20 25 30
Asn Gly Asp Gly Thr Pro Trp Asp Ala Ala Leu Val Asn Asp Ile Phe
35 40 45
Gly Leu Leu Gln Gly Leu Leu Val Arg Ala Asn Ile Gln Pro Asn Gly
50 55 60
Gln Ser Asp Thr Ala Leu Asn Ser Gln Tyr Leu Gln Ala Leu Leu Ala
65 70 75 80
Leu Phe Met Pro Lys Gln Thr Pro Ile Ser Gly Lys Leu Glu Gln Asn
85 90 95
Gly Tyr Leu Thr Ile Pro Phe Pro Val Val Ile Asn Gly Gln Thr Val
100 105 110
Glu Arg Glu Phe Thr Ile Gln Trp Gly Ser Lys Asp Trp Ser Ser Tyr
115 120 125
Pro Gly Glu Ile Gln Asp Ser Ile Val Phe Glu Lys Pro Phe Lys Thr
130 135 140
Ala Cys Phe Gly Val Phe Pro Ile Arg Lys Met Ser Gln His Ser Ala
145 150 155 160
Tyr Gly Asp Gly Gly Val Lys Pro Ile Ser Val Ser Lys Thr Gly Phe
165 170 175
Thr Val Ser Leu Gln Ala Tyr Gly Gly Ser Val Gly His Leu Leu Gly
180 185 190
Tyr Tyr Trp Phe Ala Val Gly Val
195 200

<210> 191
<211> 128
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F394/08
<400> 191

Met Glu Pro Ile Ser Thr Gly Gly Thr Ala Ala Phe Leu Lys Val Tyr
1 5 10 15
Gly Val Trp Leu Ala Val Val Thr Ala Leu Val Phe Val Ala Thr Val
20 25 30
Val Leu Met Met Arg Leu Pro Arg Ser Pro Gln Glu Phe Leu Val Gly
35 40 45
Ile Ile Thr Thr Val Val Ser Ser Leu Met Gly Gly Ser Phe Leu Ile
50 55 60
Leu Tyr Phe Asp Leu Gln Ile Trp Ala Asn Ser Ala Tyr Gly Leu Met

65 70 75 80
Val Ile Gly Gly Leu Tyr Phe Val Ala Gly Ile Pro Gly Trp Ala Leu
85 90 95
Val Arg Trp Val Phe Asn Phe Ile Asp Ala Arg Glu Gly Ser Thr Leu
100 105 110
Leu Asp Ile Phe Arg Glu Phe Asn Glu Glu Phe Arg Gly Gly Lys Lys
115 120 125

<210> 192
<211> 182
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F394/08
<400> 192

Met Ser Lys Ile Ile Ala Ile Cys Ala Gly His Ser Asp Lys Asp Pro
1 5 10 15
Gly Ala Val Asn Gly Lys Arg Thr Glu Ala Ala Ile Val Leu Asp Met
20 25 30
Arg Lys Met Val Ala Ser Tyr Leu Glu Lys Ala Gly Val Lys Tyr Leu
35 40 45
Thr Asp Gly Lys Gly Gly Val Asn Gln Pro Leu Ala Glu Ala Ile Lys
50 55 60
Val Ala Lys Gln Ala Ser Ile Ala Val Glu Phe His Cys Asn Ala Ala
65 70 75 80
Thr Ser Lys Lys Ala Thr Gly Val Glu Val Leu Ser Ala Glu Lys Asn
85 90 95
Lys Ala Leu Ala Lys Gln Ile Ala Ala Lys Ile Asn Gly Val Leu Asn
100 105 110
Ile Pro Leu Arg Gly Glu Ser Gly Trp Lys Ser Glu Gly Ser Gly Gln
115 120 125
His Ser Arg Leu Gly Phe Ile Ser Ser Gly Gly Gly Leu Ile Val Glu
130 135 140
Leu Phe Phe Ile Ser Asn Asp Asp Asp Leu Ala Lys Trp Asp Ala Lys
145 150 155 160
Lys Trp Leu Val Ala Lys Glu Val Ala Ala Val Leu Ile Glu Gln Val
165 170 175
Lys Lys Ala Glu Ala Ala
180

<210> 193
<211> 85
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F394/08
<400> 193

Met Ala Ala Leu Thr Ile Phe Asn Ala Ile Ser Glu Val Thr Ser Phe
1 5 10 15
Ala Gly Val Ala Arg Glu Ile Phe Asp Thr Ala Ala Asn Ala Met Asp

20 25 30
Ala Ala Gln Asn Glu Lys Lys Gly Gly Gly Asn Lys Lys Val Trp Val
35 40 45
Met Ala Tyr Met Glu Ser Phe Ile Asn Asp Leu Gly Glu Asn Trp Glu
50 55 60
Arg Trp Ala Lys Ala Ile Phe Ser Phe Ile Asp Phe Ala Lys Ser Ile
65 70 75 80
Phe Asn Ser Lys Arg
85

<210> 194
<211> 79
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F394/08
<400> 194
Met Arg Asn Thr Ala Asp Lys Ser Thr Ile Asp Phe Ile Glu Glu Thr
1 5 10 15
Thr Gly Asp Ala Tyr Lys Pro Val Lys Gly Cys Gly Thr Val Arg Gly
20 25 30
Tyr Lys Ala Gly Cys Ala Cys Asn Asn Cys His Lys Ala Gln Ile Gly
35 40 45
Arg Met Ala Asp Lys Ile Val Lys Ala Ala Leu Arg Thr Arg Ile Lys
50 55 60
Ser Ser Glu Pro Thr His Gln Pro Lys Glu Gln Ala Trp Asn Phe
65 70 75

<210> 195
<211> 138
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F394/08
<400> 195
Met Thr Lys Thr Glu Leu Lys Thr Ala Ile Ile Glu Phe Ser Ala Leu
1 5 10 15
Thr Thr Leu Gln Val Ala Gly Gln Phe Ser Ile Glu Glu Leu Thr Gly
20 25 30
Leu Lys Thr His Leu Asn Gly Gln Arg Glu Ala Leu Leu Met Asp Lys
35 40 45
Ala Pro Ala His Ile Lys Gly Glu Lys Glu Ala Lys Ile Asn Ala Gln
50 55 60
Leu Ser Asp Val Asn Asn Leu Ile Lys Lys Ala Asn Lys Ala Ile Gly
65 70 75 80
Leu Ile Gln Val Asn Gln Ala Glu Leu Lys Gln Ser Lys Val Lys Gln
85 90 95
Asp Thr His Phe Leu Ser Thr Phe His Asp Val Ala Gln Ser Tyr Leu
100 105 110
Thr Asn Glu Leu Tyr Ala Asp Leu Lys Gln Lys Ala Leu Asn Val Met

115 120 125
Arg Ile Ala Lys Ala Asn Gly Lys Asn Asp
130 135
<210> 196
<211> 75
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F394/08
<400> 196
Met Ser Glu Thr Thr Asn Leu Phe Asn Pro Asp Ala Leu Asp Ala Asn
1 5 10 15
Phe Phe Tyr Glu Asn Ser Gly Gln Ala Leu Ala Ala Ala Leu Asp Pro
20 25 30
Ile Glu Lys Cys Val Leu Glu Lys Ala Leu Lys Tyr Ser Lys Tyr Asn
35 40 45
Ile Ala Glu Val Ser Arg Ile Leu Gly Ile Asn Arg Leu Thr Val Ile
50 55 60
Lys Lys Met Lys Lys His Gly Leu Thr Glu Ile
65 70 75
<210> 197
<211> 76
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F394/08
<400> 197
Met Lys Gln Pro Val Ile Gln Arg Gln Gln Leu Ser Asn Phe Ser Gln
1 5 10 15
Glu Thr Ala Asn His Gly Ala Lys Ile Lys Glu Ile Leu Ser Thr Leu
20 25 30
Phe Phe Cys Phe Met Leu Ala Ala Leu Ser Tyr Met Phe Ile Ile Lys
35 40 45
Gln Ala Asp Glu Ile Asp Lys Gln Ala Glu Phe Val Ala Glu Tyr Asn
50 55 60
Ala Gln Phe Lys Glu Tyr Pro Asn Glu Arg Asn His
65 70 75
<210> 198
<211> 323
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F394/08
<400> 198
Val Lys Lys Phe Asn Thr Lys Phe Lys Gln Asn Leu Asp Asp Ala Asn
1 5 10 15
Asn Asn Ala Phe Ile Pro Asn Ser Phe Gln Ile Thr Asn Ala Phe Val
20 25 30

Asp Asn Ile Met Asp Lys Ile Ser Asp Ala Ala Val Lys Ile Tyr Leu
35 40 45
Ile Thr Val Arg Lys Thr Thr Gly Trp Gly Lys Gln Ile Asp Ser Ile
50 55 60
Ser Leu Ser Gln Tyr Glu Ala Tyr Ser Gly Lys Ser Arg Pro Thr Val
65 70 75 80
Val Lys Cys Leu Lys Glu Leu Val Lys Val Gly Leu Leu Val Glu His
85 90 95
Thr Gly Thr Arg Tyr Gly Asn Ser Tyr Ser Val Ala Leu Val Asn Ser
100 105 110
Ile Gly Phe Glu Leu Leu Ser Ala Ser Lys Lys Ile Leu Leu Val Lys
115 120 125
Ser Phe Asn Tyr Thr Ser Lys Lys Ser Leu Leu Pro Leu Val Lys Ile
130 135 140
Phe Asn Thr Gln Lys Gln Leu Ser Lys Asn Thr Asn Gln Lys Gln Ile
145 150 155 160
Asn Lys Arg Asp Trp Phe Ser Leu Lys Thr Leu Lys Asp Glu Leu Phe
165 170 175
Lys Thr Gly Leu Gln Ile Glu Ala Glu Asp Leu Thr Ala Ala Lys Trp
180 185 190
Phe Asp Arg Glu Lys Thr Ala Phe Glu Asn Tyr Ala Pro Asn Gln Asn
195 200 205
Leu Ser Asp Pro Gln Lys Met Tyr Tyr Phe Val Asp Trp Leu Leu Lys
210 215 220
Ala Lys Arg Lys Tyr Asp Ala Ala Glu Arg Gln Gln Ala Ala Lys Ala
225 230 235 240
Lys Ala Glu Gly Lys Asn Gln Asn Gln Asn Pro Glu Asp Thr Lys Thr
245 250 255
Glu Asn Asp Pro Phe Lys Leu Ser Thr Lys Gln Ile Ser Phe Phe Ala
260 265 270
Ser Gln Leu Ala His Leu Pro Ser Phe Ala Lys Tyr Cys Thr Gly Asn
275 280 285
Lys Gly Phe Lys Glu Phe Glu Met Trp Ile Ala Ser Met Leu Asn Asn
290 295 300
Pro Glu Asn Val Lys Lys Trp Asn Lys Tyr Leu Asn Glu Leu Gly Tyr
305 310 315 320
Leu Ile Gly

<210> 199
<211> 76
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F394/08
<400> 199

Met Lys Ile Ser Asn Phe His Phe Gln Met Gln Ile Leu Leu Leu Ile
1 5 10 15
Ser Lys Asn Thr Val Leu Asp Phe Glu Gly Leu Lys Glu Lys Leu Ala
20 25 30

Pro Ser Ile Thr Asp Asn Ala Leu Thr Glu Cys Leu Glu Glu Leu Leu
35 40 45
Met Trp Gly Trp Val Gln Val Gln Lys Gly Leu Tyr Met Val Ser Gly
50 55 60
Val Ala Tyr Gln Ile Met Gly Asp Ile Cys Gln Cys
65 70 75
<210> 200
<211> 74
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F394/08
<400> 200
Met Glu Lys Tyr Lys Tyr Ser Glu Ser Asn Ala Val Leu Ser Pro His
1 5 10 15
Leu Asn Cys Gly Leu Thr Ser Val Ser Arg Val Gly Ser Ser Gly Gln
20 25 30
Ala Lys His Lys Pro His Lys Arg Ser Glu Ile Ala Asp Gln Ala Glu
35 40 45
Lys Glu Ile Cys Lys Asn Trp Ala Leu Arg Gln Gln Ala Phe Leu Asn
50 55 60
Asn Ser Val Ser Asn Ala Val Leu Gly Gly
65 70
<210> 201
<211> 173
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F394/08
<400> 201
Met Asn Lys Phe Ile His Ile Glu Gly Lys Pro Thr Ala Gln Gln Val
1 5 10 15
Arg Glu Ala Leu Ala Met Tyr Ala Lys Asp Ile Lys Arg Pro Glu Phe
20 25 30
Ser Leu Ile Val Gln Arg Glu Leu Ile Glu Ser Phe Arg Asn Asp Thr
35 40 45
Ala His Ala Leu Lys Ser Ala Val Ala Phe Tyr Phe Lys Asn Arg Val
50 55 60
Ile Gln Arg Pro Gly Leu Val Leu Ala Ser Gly Lys Asp Gln Ala Leu
65 70 75 80
Ile Val Glu Ser Cys Glu Asn Lys Ala Leu Lys Arg His Leu Val Ala
85 90 95
Val Ser Gly Tyr Ser Ser Gln Phe Leu Gln Met Val Ile Asp His Lys
100 105 110
Thr Pro Leu Ser Ala Val Ala Ala Arg Asp Leu Lys Gln Ala Leu Pro
115 120 125
Lys Ala Glu Lys Leu Tyr Lys Ala Glu Cys Lys Glu Lys Asp Ala Lys
130 135 140

Leu Lys Lys Asn Ile Cys Gly Phe Val Ala Cys Tyr Arg Asn Gly Cys
145 150 155 160
His Cys Thr Lys Cys Thr Thr Ala Tyr Lys Lys Tyr Arg
165 170

<210> 202
<211> 63
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F394/08
<400> 202
Met Gly Val Ser Ile Ile Asn Leu Val Leu Leu Val Gly Val Cys Leu
1 5 10 15
Leu Leu Thr Asn Ile Ala Leu Asn Cys Leu Phe His Thr Glu Asn Lys
20 25 30
Thr Tyr Leu Val Tyr Ala Cys Gly Phe Ser Ala Ala Ser Val Ala Gly
35 40 45
Ala Ile Ala Gly Val Ile Gly Cys Leu Ala Tyr Gly Val Thr Val
50 55 60

<210> 203
<211> 91
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F394/08
<400> 203
Met Lys Asn Lys Ser Ile Leu Met Gly Leu Phe Val Ala Ala Ala Gly
1 5 10 15
Val Val Phe Tyr Met Gly Ala Asp Ser Ala Cys Asn Gln Lys Ala Val
20 25 30
Ile Asp Pro Gly Ala Leu Met Ser Leu Gly Gly Ile Thr Val Glu Asn
35 40 45
Lys Lys Ala Ser Leu Val Arg Val Cys Asp Thr Pro Val Lys Glu Asn
50 55 60
Leu Val Ser Phe Val Leu Ile Lys Asp Gly Leu Arg Val Gly Gly Val
65 70 75 80
Val Asp Lys Ser His Val Ala Leu Ile Gly Glu
85 90

<210> 204
<211> 55
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F394/08
<400> 204
Met Ser Leu Gly Lys Arg Pro Ala Gly Ala Thr His Ile Glu Ser Asp
1 5 10 15
Gly Thr Tyr Trp Lys Asn Glu Asp Ala Asp Trp Tyr Phe Trp Arg Asp

20 25 30
Leu Trp Gly Trp Cys Gln Tyr Val Gly Pro Lys Asn Arg Asn Phe Leu
35 40 45
Asn Lys Phe Ser Val Leu Gly
50 55
<210> 205
<211> 61
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F394/08
<400> 205
Met Asp Leu Tyr Ile Gly Gln Ile Val Gly His Ser Ser Pro Thr Trp
1 5 10 15
Val Val Gln Gly Lys Leu Lys Ile Thr Lys Ile Asn Glu Gly Lys Arg
20 25 30
Ser Gly Leu Lys Ile Ile Thr Ala Thr Asp Glu Ser Gly Lys Glu Phe
35 40 45
Thr Ala Val Tyr Gly Val Phe Phe Ser Val Asp Arg Tyr
50 55 60
<210> 206
<211> 135
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F394/08
<400> 206
Val Arg Asn Glu Asn Phe Glu Asp Tyr Leu Lys Gln Thr Asp Asp Tyr
1 5 10 15
Ala Val Leu Leu Asn Asn Tyr Gly Ser Ser Leu Phe Ile His Glu Asn
20 25 30
Gly Val Tyr Arg Ala Leu Pro Val Arg Val Ala Tyr Ala Ala Trp Val
35 40 45
Ser Gly Gly Asp Arg Trp Gly Glu Val Gln His Leu Lys Gly Lys Ile
50 55 60
Lys Lys Met Ala Glu Arg Ala Ala Glu Thr Ala Asp Phe Tyr His Thr
65 70 75 80
Lys Ile Glu Lys Leu Glu Ser Ser Thr Val Lys Lys Ala Gly Leu Leu
85 90 95
Asp Met Ala Glu Gln Trp Asp Gly Leu Glu Leu Arg Gly Arg Asp Leu
100 105 110
Glu Leu Asn Arg Val Gln Glu Ser Ile Tyr Lys Arg Cys Ala Tyr Leu
115 120 125
Leu Arg Val Ala Val Asn Gly
130 135
<210> 207
<211> 166
<212> PRT

<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F394/08
<400> 207

Met Gly Asn Arg Trp Thr Leu Ser Gly Lys Val Lys Gly Leu Lys Asp
1 5 10 15
Leu Pro Glu Ser Ile Thr Ala Ala Gln Phe Arg Glu Met Ile Glu Arg
20 25 30
Gly Gln Val Lys Asn Thr Pro Gln Ala Pro Lys Lys Arg Arg Ser Gly
35 40 45
Lys Val Ser Ser Pro Gly Glu Ala Thr Leu Ala Gln Ala Leu Lys Ala
50 55 60
Leu Lys Ile Glu Phe Val Gln Glu Tyr Arg Phe Cys Glu Tyr Arg Lys
65 70 75 80
Trp Arg Ala Asp Phe His Ile Pro Gly Thr Asn Leu Leu Ile Glu Val
85 90 95
Glu Gly Gly Val Arg Ser Gly Gly Arg His Val Arg Pro Gln Gly Tyr
100 105 110
Ile Asn Asp Thr Glu Lys Tyr Asn Glu Ala Ala Lys Leu Gly Phe Val
115 120 125
Val Leu Arg Phe Asp Thr Glu Thr Val Ser Arg Gly Thr Ala Ile Asn
130 135 140
Glu Ile Glu Ser Tyr Leu Glu Arg Arg Gly Tyr Phe Gln Asn Lys Gly
145 150 155 160
Leu Thr Cys Glu Glu Ser
165

<210> 208
<211> 90
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F394/08
<400> 208

Val Lys Lys Val Lys Lys Phe Lys Tyr Asp Trp Arg Ala Val Pro Asp
1 5 10 15
His Ile Asn Trp Leu Ala Thr Tyr Glu Gly Gly Glu Met Ala Trp Gly
20 25 30
Tyr Val Asn Lys Pro Tyr Arg Lys Glu Asn Ala Gly Ile Trp Tyr Glu
35 40 45
Thr Gly Gly Glu Trp Arg His Arg Val Pro Val Ala Pro Tyr Arg Gly
50 55 60
His Trp Thr Gln Ser Leu Glu Lys Arg Pro Ser Lys Ala Gln Leu Val
65 70 75 80
Glu Trp Val Leu Asn Gly Ala Val Val Val
85 90

<210> 209
<211> 685
<212> PRT

<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F394/08
<400> 209

```
Met Ala Glu Asn Ser Phe Ile Gln Pro Ile Ala Arg Lys Asp Ala Ile
1               5                  10                  15
Ala Leu Ile Gly Arg Asp Glu Leu Val Glu Gly Gly Pro Glu Gly Ala
            20                  25                  30
Ala Asn Lys Gln Ala Ile Ala Leu Ala Asn Asn Ile Lys Tyr Leu Met
        35                  40                  45
Gly Leu Ile Pro Glu Asn Trp Gly Val Glu Lys Thr Glu Tyr Gly Leu
    50                  55                  60
Asp Glu Val Val Arg Leu Ser Asn Gly Asp Val Val Lys Ser Val Ile
65                  70                  75                  80
Asp Glu Asn Ile Asn Asn Pro Asn Glu Asn Leu Ser Gly Trp Ser Phe
                85                  90                  95
Val Thr Ser Asn Ser Val Asn Thr Ile Ser Asp Leu Leu Ser Ile Lys
            100                 105                 110
Asn Pro Lys Asn Gly Met Lys Val Tyr Val Leu Gly Tyr His Lys Pro
        115                 120                 125
Asp Asn Phe Ala Leu Leu Ser Pro Tyr Glu Gly Gly Gly Leu Phe Ile
    130                 135                 140
Tyr Ser Gly Asn Lys Ala Ala Glu Asn Asp Gly Gly Val Val Leu Asn
145                 150                 155                 160
Gly Trp Ile Arg Gln Tyr Val Gly Asp Val Asp Ile Ser Trp Phe Gly
                165                 170                 175
Ala Lys Gln Gly Gln Asp Ala Ser Pro Phe Ile Glu Ala Ala Leu Lys
            180                 185                 190
Val Lys Met Ser Ile Val Ile Arg Gly Glu Tyr Lys Leu Glu Thr Ile
        195                 200                 205
Cys Gly Ile Pro Arg Gln Asn Asn Tyr Ala Ala Lys Val Ile Arg Ile
    210                 215                 220
Lys Gly Glu Asn Gln Ala Ser Leu Thr Val Asn Cys Pro Asp Gly Ala
225                 230                 235                 240
Val Phe Thr Ser Leu Asp Ala Lys Ala Asn Pro Thr Ser Leu Ser Asn
                245                 250                 255
Ile Phe Thr Ala Lys Ile Asp Val Phe Gly Ile Asn Phe Val Gly Thr
            260                 265                 270
Thr Val Ala Asn Ser Val Leu Phe Asn Gly Asp Arg Leu Tyr Asn Ile
        275                 280                 285
Asn Ile His His Asn Asn Phe Lys Thr Asn Ile Thr Ile Val Lys Ala
    290                 295                 300
Tyr Leu Lys Arg Glu Ala Ser Arg Gln Tyr Thr Gln Ser Val Ser Ile
305                 310                 315                 320
Asn His Asn His Leu Ala Glu Ile His Arg Val Ile Glu Ser Asp Lys
                325                 330                 335
Ser Tyr Asn Phe Asp Phe Ala Tyr Asn Met Cys Glu Ala Cys Lys Gly
            340                 345                 350
```

Gly Met Tyr Ile Gly Val Asp Ala Pro Tyr Asp Pro Ser Gly Ile Ser
355 360 365
Ile Thr Ile His Arg Asn Leu Trp Glu Ala Ser Gly Val Leu Leu Lys
370 375 380
Thr Asn Gly Gly Ile Ile Ala Gly Ser Val Ser Lys Asn Tyr Phe Glu
385 390 395 400
Ala Asn Val Tyr Gln Asp Ala Ala Ile Asp Lys Cys Leu Ile Tyr Ile
405 410 415
Asn Arg Ser Gly Thr Gly Ala Gly Tyr Ser Gly Gly Leu Thr Phe Glu
420 425 430
Asn Asn Leu Phe Ser Gly Thr Ser Ser Ile Pro Asp Tyr Val Asp Val
435 440 445
Arg Val Leu Gly Gln Ser Thr Glu Thr Ser Gly Asn Ser Lys Ser Ala
450 455 460
Thr Thr Arg Pro Pro Val Phe Ile Gly Asn Trp Ser Asn Ser Tyr Met
465 470 475 480
Leu Thr Asn Met Ala Gln Ala Ile Leu Ile Gly Asn Lys Cys Ser Asn
485 490 495
Arg Glu Lys Met Leu Asn Ala Tyr Ser Pro Gln Glu Ala Arg Val Thr
500 505 510
Tyr Tyr Ser Gly Tyr Phe Thr Lys Gln Leu Ala Asn Ile Leu Thr Asp
515 520 525
Lys Lys Leu Asn Leu Leu Lys Val Asn Thr Ser Ala Val His Ala Ile
530 535 540
Gly Ser Ser Gln Ala Asn Phe Lys Thr Thr Leu Asp Val Ile Val Phe
545 550 555 560
Phe Lys Thr Ser Gly Ala Val Gly Thr Ala Met Ala Thr Phe Lys Leu
565 570 575
Asp Leu Phe Val Tyr Glu Ser Val Gly Leu Gly Ala Gly Asn Val Pro
580 585 590
Lys Ala Asn Leu Lys Ala Val Met Tyr Asn Phe Met Gln Ser Thr Ala
595 600 605
Asp Asp Lys Ile Thr Pro Thr Val Asn Met Phe Ser Ala Ile Ser Asp
610 615 620
Pro Leu Ile Asn Val Val Asp Asn Ser Asp Gly Thr Tyr Ser Ile Glu
625 630 635 640
Leu Ser Ser Phe Thr Asn Lys Ser Ser Pro Asn Trp Gly Phe Val Ser
645 650 655
Glu Leu His Ile Glu Tyr Thr Ala Gln Ala Thr Leu Ile Ala Ser His
660 665 670
Thr Ser Ser Tyr Ser Ala Ala Asn Leu Leu Thr Ile Ser
675 680 685

<210> 210
<211> 226
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F394/08

<400> 210
Met Phe Asp Ile Asp Thr Lys Gln Leu His Gly Leu Glu Arg Arg Leu
1 5 10 15
Glu Arg Leu Asn Arg Arg Gly Leu Pro Tyr Ala Thr Arg Gln Thr Met
20 25 30
Asn Asp Leu Ala Phe Glu Ser Arg Ala Val Ala Arg Ala Glu Leu Pro
35 40 45
Thr Arg Met Val Leu Arg Asn Lys His Ala Ile Asn Ser Ile Gln Val
50 55 60
Thr Lys Ala Thr Ser Leu Asn Ile Ser Gln Gln Ala Ala His Val Gly
65 70 75 80
Ser Thr Ala Asp Tyr Met Ala Thr Gln Glu Thr Gly Gly Ile Lys Thr
85 90 95
Lys Gln Gly Gly Ala Ala Val Ser Ile Pro Thr Thr Thr Ala Ala Gly
100 105 110
Gln Gly Arg Asn Ala Lys Pro Arg Thr Arg Leu Pro Arg Ala Ala Leu
115 120 125
Lys Met Gly Ala Ile His Leu Lys Arg Ile Ala Ala Ser Arg Asn Ala
130 135 140
Lys Asn Arg Lys Gln Arg Asn Ala Ile Ala Met Ala Thr Ser Asp Lys
145 150 155 160
Tyr Val Phe Leu Asp Leu Gly Arg Arg Lys Gly Ile Phe Arg Lys Asp
165 170 175
Lys Gly Gly Gly Val Thr Met Leu His Asp Leu Thr Arg Ala Ser Val
180 185 190
Gln Ile Pro Lys Asn Glu Trp Leu Lys Pro Ala Thr Glu Ala Ala Glu
195 200 205
Arg Lys Leu Pro Gly Phe Tyr Gly Arg Ala Leu Glu Phe Gln Leu Arg
210 215 220
Arg Phe
225
<210> 211
<211> 283
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F394/08
<400> 211
Met Val Lys Lys Leu Ile Ser Arg Ser Asp Phe Ala Ala Lys Ala Gly
1 5 10 15
Val Ser Gly Ala Ala Ile Ser Lys Ala Cys Lys Gly Pro Leu Leu Asp
20 25 30
Ala Val Glu Gly Lys Phe Ile Asp Leu Asn His Lys Ser Ala Ile Ala
35 40 45
Tyr Leu Glu Ser Lys Lys Asn Gly Lys Thr Thr Pro Ala Leu Glu Gly
50 55 60
Ile Asp Ser Leu Tyr Glu Glu Ala Leu Glu Val Cys Arg Glu Ala Gly
65 70 75 80

Arg Cys Ser Gln Thr Leu Leu Arg Asp Lys Leu Met Ile Gly Ser Asp
85 90 95
Arg Ala Arg Lys Leu Val Ala Leu Ile Gln Asn Ala Asn Ile Gln Asp
100 105 110
Phe Glu Lys Pro Ala Ala Glu Lys Val Lys Arg Glu Glu Lys Ala Arg
115 120 125
Pro His Thr Arg Gly Thr Ala Ala Lys Lys Gln Gln Ala Ile Gln Glu
130 135 140
Asp Asp Glu Glu Leu Phe Glu Leu Leu Asp Arg Asn Val Ala Gln Tyr
145 150 155 160
Ala Asp Met Thr Leu Arg Asp Ile Val Arg Lys Phe Gly Thr Ala Thr
165 170 175
Arg Phe Ala Glu Tyr Leu Arg Ala Met Lys Glu Ile Ser Met Ile Glu
180 185 190
Asp Arg Glu Ile Lys Ile Ala Gln Thr Lys Gly Glu Leu Val His Arg
195 200 205
Asp Leu Val Ser Gln Leu Ile Ile Glu Pro Ile Asp Ser Ala His Val
210 215 220
Lys Leu Met Arg Asp Gly Ser Lys Thr Ile Ala Val Arg Met Ala Ala
225 230 235 240
Met His Gly Ser Gly Ala Asp Ile Asn Glu Met Gln Leu Val Thr Ser
245 250 255
Glu Leu Ile Ala Ser Phe Ile Lys Pro Val Lys Ala Lys Val Asn Lys
260 265 270
Ile Ala Thr Glu Leu Lys Arg Gly Ala Glu Ala
275 280

<210> 212
<211> 659
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F394/08
<400> 212

Met Asn Phe Ile Gly Met Asp Trp Leu Cys Asp Lys Val Glu Asn Leu
1 5 10 15
Thr Glu Tyr Ile Lys His Val Thr Pro Ser Gln Phe Asn Glu Glu Asn
20 25 30
Arg Tyr Leu Pro Glu Ser Val Thr Ser Ile Pro Gly Phe Ile Arg Tyr
35 40 45
Asp Val Asn Pro Phe Met Arg Glu Ile Val Asp Cys Phe Asp Ile Asn
50 55 60
Ser Pro Val Arg Glu Val Asn Leu Lys Lys Gly Val Gln Ile Thr Tyr
65 70 75 80
Ser Thr Val Leu Glu Ser Gly Ala Leu Tyr Tyr Met Gly His Val Lys
85 90 95
Thr Leu Pro Ile Met Tyr Met Thr Ala Asp Lys Glu Leu Ala Lys Ala
100 105 110
Arg Ile Glu Asn Asn Phe Ile Pro Met Leu Ala Gln Ser Asp Met Ala

```
        115                 120                 125
His Ile Val Arg Ser Ser Asp Glu Gly Asn Ser Arg Lys Thr Gly Lys
    130                 135                 140
Thr Asp Asn His Ile Gln Phe Glu Gly Gly Gly Tyr Leu Val Pro Phe
145                 150                 155                 160
Gly Ala Ile Asn Ala Asn Lys Met Arg Ser Phe Ser Ile Ala Val Met
                165                 170                 175
Leu Lys Asp Glu Ile Asp Ala Trp Pro Asp Arg Val Gly Lys Asp Gly
            180                 185                 190
Asp Pro Asp Lys Leu Ser Asp Asp Arg Cys Ser Ala Tyr Trp Glu Arg
        195                 200                 205
Arg Lys Ile Phe Arg Gly Ser Thr Pro Leu Ile Lys Gly Ser Ser Lys
    210                 215                 220
Ile Glu Lys Ala Tyr Leu Arg Gly Asp Gln Arg Lys Tyr His Val Leu
225                 230                 235                 240
Cys Lys Lys Cys Ser Phe Pro Gln Glu Leu Arg Trp Ser Thr Pro Asp
                245                 250                 255
Gly Val Gly Gly Phe Lys Trp Asp Thr Asp Glu Asp Gly Ile Leu Lys
            260                 265                 270
Leu Asp Ser Val Arg Tyr Cys Cys Gln Gln Cys Gly Glu Pro His Phe
        275                 280                 285
Glu His Asp Lys Glu Arg Leu Phe Ser Glu Lys Phe Gly Ala Lys Trp
    290                 295                 300
Ile Pro Thr Ala Arg Pro Val Glu Pro Gly Ile Arg Ser Tyr His Leu
305                 310                 315                 320
Pro Ala Leu Tyr Ser Pro Phe Gly Met Gln Pro Trp Tyr Lys Cys Val
                325                 330                 335
Ile Ala Tyr Leu Asp Ala Phe Asp Pro Val Glu Arg Lys Val Lys Asp
            340                 345                 350
Ile Glu Leu Tyr Gln Val Phe Tyr Asn Asn Val Leu Ala Glu Pro Phe
        355                 360                 365
Glu Ile Gln Gly Ala Lys Val Arg Phe Glu Thr Val Ser His His Arg
    370                 375                 380
Arg Thr Val Tyr Arg Leu Gly His Ile Pro Asn Arg Tyr Ala Val Gln
385                 390                 395                 400
Tyr Ala Gly Ser Pro Ile Leu Phe Leu Thr Cys Gln Val Asp Val His
                405                 410                 415
Lys Ser Phe Leu Ala Val Ser Val Met Gly Trp Ala Lys Asp Ala Lys
            420                 425                 430
Cys Phe Val Ile Asp Tyr Leu Arg Ile Glu Gly Glu Asp Phe Ser Asp
        435                 440                 445
Ser Ala Glu Pro Gly Trp Gly Lys Leu Arg Glu Leu Ile Glu Glu Lys
    450                 455                 460
Gln Tyr Ile Ala Asp Asp Gly Lys Lys Tyr Arg Val Ala Leu Thr Phe
465                 470                 475                 480
Ile Asp Ser Gly Tyr Ala Asn Asp Thr Val Val Lys Phe Cys Ser Glu
                485                 490                 495
Tyr Ser Ser Ser Val Tyr Pro Ile Leu Gly Arg Asp Arg Pro Ser Lys
```

500 505 510
Asn Gln Ala Ile Lys Glu Phe Ala Asp Phe Lys Thr Gln Glu Gly Thr
515 520 525
Thr Gly Phe Arg Ile Ile Val Asp His Tyr Lys Asp Arg Leu Ala Pro
530 535 540
Val Leu Arg Arg Glu Trp Asp Glu Met Gly Gly Gly Leu Gln Pro Val
545 550 555 560
Tyr His Phe Asn Ala Pro Val Asp Leu Ser Asp Lys Ser Leu Lys Glu
565 570 575
Leu Thr Val Glu Thr Arg Lys Glu Lys Thr Asp Ala Ser Gly Asn Thr
580 585 590
Ser Tyr Phe Trp His Arg Pro Gly Asn Ala Arg Asn Glu Leu Trp Asp
595 600 605
Leu Leu Cys Tyr Gly His Ala Ala Val Glu Ile Phe Ala Trp Ser Leu
610 615 620
Cys Val Lys Asn Met Glu Gln Lys Glu Val Asp Trp Ala Trp Phe Trp
625 630 635 640
Glu Phe Leu Glu Thr Glu Ala Pro Tyr Phe Glu Gln Gly Glu Pro Val
645 650 655
Ala Ser Glu
<210> 213
<211> 69
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F394/08
<400> 213
Met Gln Tyr Glu Asn Asn Leu Glu Lys Leu Lys Gly Asn Lys Pro Glu
1 5 10 15
Gly Ala Thr Ile Val Ala Val Lys Gly Asp Arg Ile Ala Tyr Phe Lys
20 25 30
Glu Ala Glu Gln Lys Gly Arg Leu Leu Thr Phe Asn Arg Ile Met Trp
35 40 45
Val Lys Thr Trp Phe Thr Pro Asp His Leu Asn Leu Lys His Phe Asp
50 55 60
Phe Ile Ala Val Leu
65
<210> 214
<211> 74
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F394/08
<400> 214
Met Asn Asn Gln Ser Phe Asn Asn Trp Arg Gly His Lys Ile Glu Ile
1 5 10 15
Val Gln Ala Gly Ala Thr Ile Gln Gln His Gly Tyr Pro Val Gln Ile
20 25 30

Thr Asp Gln Asn Thr Ile Ala Phe Asp Gly Lys Ile Tyr Met Thr Gln
35 40 45
Asn Thr Tyr Asn Ser Ile Ala Lys Asn Met Pro Gln Cys Gln Thr Pro
50 55 60
Asn Phe Asn Asn Gln Gly Leu Asn Ile Phe
65 70
<210> 215
<211> 82
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F394/08
<400> 215
Met Ile Asp Lys Lys Tyr Leu Val Phe Gly Gly Trp Val Arg Ser Lys
1 5 10 15
His Asp Lys Gln Ser His Tyr Val Ala Pro Arg Met Val Ala Tyr Leu
20 25 30
Tyr Asn Val Asn Pro His Glu Cys Ile Phe Ile Thr Asp Lys Thr Glu
35 40 45
Leu Asn Pro Arg Thr His Leu Pro Tyr Gly Leu Asn Glu Asn His Asn
50 55 60
Leu Ile Lys Leu Gly Pro Gln Thr Asn Gly Lys Tyr Asn Leu Pro Ala
65 70 75 80
Thr Asn
<210> 216
<211> 63
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F394/08
<400> 216
Met Gly Gln Ser Glu Ala Arg Gln Lys Gln Lys Ser Asp Tyr Glu Lys
1 5 10 15
Lys Arg Val Ile Lys Asn Phe Ser Leu Leu Lys Glu Arg Asp Lys His
20 25 30
Leu Ile Glu Tyr Ile Glu Thr Val Pro Asn Val Gly Asp Leu Val Arg
35 40 45
Asp Leu Leu Asn Gln His Leu Lys Asn Glu Ala Val Ser Lys Lys
50 55 60
<210> 217
<211> 71
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F394/08
<400> 217
Met Leu Met Ile Gly Asn Thr Gln Val Lys Thr Pro Arg Glu Leu Thr
1 5 10 15

Lys Pro Leu Lys Lys Ile Leu Gly Pro Glu Tyr Lys Val Lys Arg Asp
20 25 30
Val Trp Leu Met Val Glu Gly Lys Asn Leu Asn Glu Ala Lys Arg Ile
35 40 45
Ile Glu Ser Ile Gly Leu Phe Ala Asn Asp Met Gly Gly Phe Leu Thr
50 55 60
Val Phe Met Ala Glu Glu Met
65 70

<210> 218
<211> 84
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F394/08
<400> 218

Leu Asp Gln Ala Phe Leu Lys Glu Arg Ile Glu Ala Thr Lys Arg Gln
1 5 10 15
Ile Val Ala Tyr Glu Asp Ala Val Asn Gln Leu Ser Ser Gly Ala Val
20 25 30
Gln Ser Tyr Ser Leu Asn Thr Gly Gln Thr Thr Gln Asn Val Thr Arg
35 40 45
Phe Asp Val Ala Arg Leu Asn Gly Asp Ile Asp Gly Leu Tyr Asn Arg
50 55 60
Leu Ala Thr Leu Glu Ala Arg Leu Asn Gly Ser Gly Ser Thr Leu Val
65 70 75 80
Arg Pro Gly Trp

<210> 219
<211> 557
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F394/08
<400> 219

Met Asn Tyr Asp Phe Ser Arg Gly Leu Val Lys Val Pro Thr Val Gly
1 5 10 15
Leu Lys Thr Glu Phe Lys Tyr Ser Gly Ala Thr Ile Ala Pro Pro Pro
20 25 30
Met Gln Gly Ala Lys Ser Asp Ala Ile Glu Ile Asn Ala Leu Gly Gly
35 40 45
Gly Phe Asn His Ser Ala Phe Thr Gly Glu Lys Phe Ile Gly Gly Phe
50 55 60
Gly Pro Thr Ser Leu Phe Thr Met Asp Tyr Trp Thr Leu Arg Lys Arg
65 70 75 80
Ser Glu Gln Leu Phe Ser Glu Asn Leu Tyr Ala Ala Gly Leu Ile Glu
85 90 95
Arg Leu Val Thr Asn Glu Ile Asn Thr Gly Leu Thr Pro Glu Ala Cys
100 105 110
Pro Asp Glu Arg Ile Leu Gly Leu Lys Pro Gly Asp Leu Glu Asp Trp

115 120 125
Thr Glu Leu Val Glu Asn Arg Phe Ser Ile Trp Ala Asn Ser Ser Glu
130 135 140
Tyr Cys Asp Phe Tyr Gly Gln Asn Ser Leu Gly Glu Ile Gln Arg Ile
145 150 155 160
Ala Arg Arg Glu Ala Leu Ile Cys Gly Asp Val Leu Val Val Leu Arg
165 170 175
Gln Asn Gln Ser Thr Lys Met Pro Gln Val Gln Leu Val Ser Gly Ser
180 185 190
Leu Ile Arg Thr Pro Pro Asp Ile Pro Arg Lys Gly His Lys Ile Lys
195 200 205
His Gly Val Glu Leu Asp Thr Gln Gly Arg Gln Cys Ala Tyr Trp Val
210 215 220
Leu Gln Asp Asp Gly Thr Tyr Lys Arg Leu Pro Ala Phe Gly Glu Lys
225 230 235 240
Ser Lys Arg Arg Ile Ala Trp Met Val Tyr Gly Ala Gln Arg Arg Leu
245 250 255
Gly Glu Leu Arg Gly Gln Pro Leu Leu Ser Ile Val Leu Gln Ser Leu
260 265 270
Lys Glu Ile Asp Arg Tyr Arg Asp Ala Ala Gln Arg Lys Ala Val Val
275 280 285
Asn Ser Ile Leu Ala Met Phe Ile Glu Lys Thr Gln Asp Lys Met Ser
290 295 300
Thr Leu Pro Ile Thr Gly Gly Ala Ile Arg Arg Asp Lys Val Thr Asp
305 310 315 320
Asn Ser Asn Thr Ala Ala Pro Arg Ser Phe Glu Ile Ala Ser Gln Val
325 330 335
Pro Gly Val Val Leu Gln Glu Leu Gln Ala Gly Glu Lys Pro Val Gly
340 345 350
Phe His Ser Gln Gly Thr Asp Ile Asn Phe Pro Ala Phe Glu Glu Ala
355 360 365
Val Ile Ser Ala Val Ala Trp Cys Lys Gln Ile Pro Pro Glu Ile Leu
370 375 380
Lys Leu Ser Phe Ser Ser Asn Tyr Ser Ala Ser Gln Ala Ala Ile Asn
385 390 395 400
Glu Phe Lys Ile Tyr Leu Asn Met Val Trp Asn Glu Trp Gly Ala Asn
405 410 415
Phe Cys Gln Pro Ile Tyr Thr Glu Phe Leu Ile Ser Glu Ala Leu Leu
420 425 430
Gly Lys Ile Asp Ala Pro Gly Phe Leu Asp Ala Trp Arg Asp Pro Val
435 440 445
Lys Met Asp Ile Phe Gly Ala Trp Leu Trp Cys Asp Trp Phe Gly Ser
450 455 460
Ile Lys Pro Ser Thr Asp Met Arg Lys Met Gly Gln Gly Leu Ala Leu
465 470 475 480
Ala Val Glu Gln Gly Trp Thr Thr Asn Ala Gln Ala Ser Arg Gln Met
485 490 495
Phe Gly Thr Lys Phe Thr Lys Asn Ile Ala Arg Gln Arg Arg Glu Arg

500 505 510
Glu Leu Gln Ala Ser Leu Leu Arg Pro Met Leu Glu Leu Gln Lys Glu
515 520 525
Tyr Gly Ile Ser Ala Glu His Leu Val Asn Val Ala His Ala Ile Gly
530 535 540
Gly Thr Ile Ser Ala Gln Thr Glu Glu Thr Glu Glu Ile
545 550 555
<210> 220
<211> 383
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F394/08
<400> 220
Met Asp Trp Phe Leu Thr Pro Glu Ala Leu Lys Glu Ile Gln Glu Leu
1 5 10 15
His Ala Arg Gly Leu Val Leu Thr Ala Glu Gln Met Thr Glu Phe Asn
20 25 30
Ala Leu Tyr Ser Asp Asp Phe Pro Gly Ser Arg Ile Phe Gln Lys Val
35 40 45
Gly Thr Val Ala Gln Val Asn Ile Ala Gly Val Leu Thr Lys Glu Pro
50 55 60
Asn Trp Met Tyr Arg Tyr Tyr Gly Gly Gly Asn Thr Ala Tyr Ser Glu
65 70 75 80
Ile Ile Ser Ala Ile Asn Glu Ala Glu Arg Asp Pro Ala Ile Lys Glu
85 90 95
Ile Ile Leu Ala Ile Asp Ser Pro Gly Gly Gln Thr Asn Gly Leu Cys
100 105 110
Ser Ala Met Asp Ala Ile Lys Asn Thr Lys Lys Thr Val Leu Ala Val
115 120 125
Val Glu Gly Gln Ala Ala Ser Ala Ala Tyr Gly Leu Ala Ser Gln Ala
130 135 140
Asn Lys Ile Ile Ala Ala Asp Arg Gly Cys Met Val Gly Ser Val Gly
145 150 155 160
Ala Ala Ala Ser Ile Val Val Ser Glu Asn Val Val Asp Ile Ala Ser
165 170 175
Thr Asn Ala Pro Lys Lys Arg Pro Asp Val Thr Thr Asp Ala Gly Lys
180 185 190
Ala Val Ile Arg Glu Thr Leu Asp Gln Ile Glu Ser Ile Phe Ile Ala
195 200 205
Asp Ile Ala Ala Gly Arg Lys Val Thr Ala Asp Lys Val Lys Leu Glu
210 215 220
Phe Gly Gln Gly Gly Met Tyr Val Ala Ala His Ala Leu Glu Arg Gly
225 230 235 240
Met Ile Asp Glu Ile Lys Thr Ala Asp Ser Ser Ala Thr Thr Asn Ala
245 250 255
Lys Ser Ser Ala Thr Tyr Thr Ala Ser Glu Glu Asn Ser Thr Met Asp
260 265 270

Ala Ala Thr Leu Lys Ala Gln Phe Pro Ala Val Tyr Thr Ala Ile Tyr
275 280 285
Asn Glu Gly Lys Thr Ala Glu Asn Glu Arg Val Ser Ala His Leu Thr
290 295 300
Leu Gly Glu Ala Ser Gly Asp Met Gln Thr Ala Ile Ser Ala Ile Asn
305 310 315 320
Asp Gly Ser Glu Leu Thr Ala Ser Ile Gln Ala Lys Tyr Met Ala Ala
325 330 335
Asn Met Lys Arg Gly Gln Val Ala Gly Arg Glu Thr Asp Asp Thr Ala
340 345 350
Ala Ala Asn Ala Leu Asp Gly Val Lys Pro Gly Ala Thr Ala Thr Asp
355 360 365
Ala Asn Ala Val Thr Asn Met Val Ala Lys Asn Leu Gly Val Ala
370 375 380

<210> 221
<211> 129
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F394/08
<400> 221

Met Met Gln Val Thr Gln His Thr Asn Ser Ser Ile Asn Trp Gly Glu
1 5 10 15
Val Ala Cys Gln Asp Asp Thr Leu Thr Leu Gly Ala Asn Ala Thr Leu
20 25 30
Lys Glu Gly Thr Ile Leu Ala Arg Ala Ala Thr Gly Lys Leu Ile Pro
35 40 45
Phe Val Lys Gly Gly Ala Asp Gly Ala Gly Val Pro Val Ala Ile Ala
50 55 60
Met His Glu Ile Lys Thr Val Ala Ala Gly Asp Val Ser Val Arg Ala
65 70 75 80
Gly Ile Ser Gly Gln Val Arg Lys Asn Asn Leu Val Ile His Ala Asp
85 90 95
Gly Asn Ala Thr Asn Ile Asp Gly Ala Val Thr Asp Ala Leu Arg Ser
100 105 110
Tyr Gly Ile Val Ala Phe Thr Val Asn Ser Thr Asn Lys Pro Asp Asn
115 120 125
Gln

<210> 222
<211> 361
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F394/08
<400> 222

Met Thr Thr Ser Thr Ile Ala Gly Val Tyr Thr Gln Val Ala Pro Lys
1 5 10 15
Pro Leu Phe Leu Ser Gly Phe Phe Lys Ala Pro Pro Gln Asn His Phe

```
            20                  25                  30
Asn Thr Glu Ser Val Glu Leu Asp Ile Glu Arg Asp Ser Gln Gln Val
        35                  40                  45
Ala Ala Val Val Gln Ser Leu Gly Ser Asp Tyr Asn Lys Asn Glu Thr
    50                  55                  60
Gly Glu Phe Thr Asn Lys Lys Phe Thr Pro Pro Val Tyr Lys Glu Gly
65                  70                  75                  80
Phe Ser Leu Asn Ala Phe Asp Leu Leu Lys Arg Glu Ala Gly Gln Ser
                85                  90                  95
Gly Phe Asn Thr Pro Ser Glu Gln Ile Arg Gly Asn Leu Ile Thr Arg
            100                 105                 110
Phe Ile Lys Gly Ala Arg Lys Val Glu Ala Lys Ile Leu Arg Gly Ile
        115                 120                 125
Glu Leu Gln Ala Ser Gln Ile Leu Gln Thr Gly Asn Leu Leu Leu Lys
    130                 135                 140
Asp Gln Glu Gly Lys Asp Ala Phe Lys Ile Asp Tyr Lys Pro Lys Ala
145                 150                 155                 160
Thr His Phe Val Asn Val Ala Asn Val Trp Thr Gly Ala Asn Ala Asp
                165                 170                 175
Pro Met Lys Asp Leu Glu Ser Leu Ser Glu Val Ile Gln Thr Asp Gly
            180                 185                 190
Leu Val Ile Pro Asp Ile Ile Ile Met Gly Ala Ser Ala Leu Ala Ala
        195                 200                 205
Ala Lys Gly Asn Glu Lys Phe Ile Lys Asn Phe Asp Ser Arg Asn Ile
    210                 215                 220
Ser Gly Asn Val Leu Ala Asp Met Gln Ile Thr Ala Arg Gly Gly Ile
225                 230                 235                 240
Tyr Gln Gly Thr Leu Arg Val Gly Asn Ala Val Cys Glu Leu Tyr Thr
                245                 250                 255
Tyr Gly Val Gly Tyr Gln Ala Ser Ser Ser Ala Val Ala Thr Pro Phe
            260                 265                 270
Leu Asn Thr Asn Lys Val Leu Met Leu Ser Ser Glu Ser Gln Leu Asp
        275                 280                 285
Ala Leu Phe Gly Ala Val Pro Asn Ile Ala Asp Ile Leu Gly Val Ser
    290                 295                 300
Leu Arg Glu Gln Leu Leu Pro Glu Leu Pro Thr Arg Phe Asp Ser Asn
305                 310                 315                 320
Ser Thr Asp Leu Phe Thr Asn Val Tyr Leu Ser Ala Ser Gly Glu Gln
                325                 330                 335
Leu Met Gly Gly Val Ala Ser Arg Pro Ile Leu Val Pro Thr Ala Ile
            340                 345                 350
Asp Ser Phe Gly Cys Leu Thr Val Ala
        355                 360
<210> 223
<211> 55
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
```

<223> Description of Unknown: Bacteriophage F394/08
<400> 223
Met Asn Pro Leu Gln Trp Gly Phe Phe Leu Leu Asn Leu Glu Ile Phe
1 5 10 15
Asp Val Thr Lys Thr Asp Leu Ile Asn Ala Ile Lys Ala Ile Asp Ser
20 25 30
Asn Ala Lys Thr Ser Gly Leu Asp Lys Asp Glu Leu Gln Ala Leu Leu
35 40 45
Thr Glu Leu Gln Ala Lys Ala
50 55
<210> 224
<211> 410
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 224
Met Ala Lys Ile Asn Glu Leu Leu Arg Glu Ser Thr Thr Thr Asn Ser
1 5 10 15
Asn Ser Ile Gly Arg Pro Asn Leu Val Ala Leu Thr Arg Ala Thr Thr
20 25 30
Lys Leu Ile Tyr Ser Asp Ile Val Ala Thr Gln Arg Thr Asn Gln Pro
35 40 45
Val Ala Ala Phe Tyr Gly Ile Lys Tyr Leu Asn Pro Asp Asn Glu Phe
50 55 60
Thr Phe Lys Thr Gly Ala Thr Tyr Ala Gly Glu Ala Gly Tyr Val Asp
65 70 75 80
Arg Glu Gln Ile Thr Glu Leu Thr Glu Glu Ser Lys Leu Thr Leu Asn
85 90 95
Lys Gly Asp Leu Phe Lys Tyr Asn Asn Ile Val Tyr Lys Val Leu Glu
100 105 110
Asp Thr Pro Phe Ala Asp Ile Glu Glu Ser Asp Leu Glu Leu Ala Leu
115 120 125
Gln Ile Ala Ile Val Leu Leu Lys Val Arg Leu Phe Ser Asp Ala Ala
130 135 140
Ser Thr Ser Lys Phe Glu Ser Ser Asp Ser Glu Ile Ala Asp Ala Arg
145 150 155 160
Phe Gln Ile Asn Lys Trp Gln Thr Ala Val Lys Ser Arg Lys Leu Lys
165 170 175
Thr Gly Ile Thr Val Glu Leu Ala Gln Asp Leu Glu Ala Asn Gly Phe
180 185 190
Asp Ala Pro Asn Phe Leu Glu Asp Leu Leu Ala Thr Glu Met Ala Asp
195 200 205
Glu Ile Asn Lys Asp Ile Leu Gln Ser Leu Ile Thr Val Ser Lys Arg
210 215 220
Tyr Lys Val Thr Gly Ile Thr Asp Thr Gly Phe Ile Asp Leu Ser Tyr
225 230 235 240
Ala Ser Ala Pro Glu Ala Gly Arg Ser Leu Tyr Arg Met Val Cys Glu

245 250 255
Met Val Ser His Ile Gln Lys Glu Ser Thr Tyr Thr Ala Thr Phe Cys
260 265 270
Val Ala Ser Ala Arg Ala Ala Ala Ile Leu Ala Ala Ser Gly Trp Leu
275 280 285
Lys His Lys Pro Glu Asp Asp Lys Tyr Leu Ser Gln Asn Ala Tyr Gly
290 295 300
Phe Leu Ala Asn Gly Leu Pro Leu Tyr Cys Asp Thr Asn Ser Pro Leu
305 310 315 320
Asp Tyr Val Ile Val Gly Val Val Glu Asn Ile Gly Glu Lys Glu Ile
325 330 335
Val Gly Ser Ile Phe Tyr Ala Pro Tyr Thr Glu Gly Leu Asp Leu Asp
340 345 350
Asp Pro Glu His Val Gly Ala Phe Lys Val Val Val Asp Pro Glu Ser
355 360 365
Leu Gln Pro Ser Ile Gly Leu Leu Val Arg Tyr Ala Leu Ser Ala Asn
370 375 380
Pro Tyr Thr Val Ala Lys Asp Glu Lys Glu Ala Arg Ile Ile Asp Gly
385 390 395 400
Gly Asp Met Asp Lys Met Ala Gly Arg Ser
405 410

<210> 225
<211> 521
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 225
Met Thr Ile Lys Thr Lys Ala Glu Leu Leu Asn Lys Trp Lys Pro Leu
1 5 10 15
Leu Glu Gly Glu Gly Leu Pro Glu Ile Ala Asn Ser Lys Gln Ala Ile
20 25 30
Ile Ala Lys Ile Phe Glu Asn Gln Glu Lys Asp Phe Gln Thr Ala Pro
35 40 45
Glu Tyr Lys Asp Glu Lys Ile Ala Gln Ala Phe Gly Ser Phe Leu Thr
50 55 60
Glu Ala Glu Ile Gly Gly Asp His Gly Tyr Asn Ala Thr Asn Ile Ala
65 70 75 80
Ala Gly Gln Thr Ser Gly Ala Val Thr Gln Ile Gly Pro Ala Val Met
85 90 95
Gly Met Val Arg Arg Ala Ile Pro Asn Leu Ile Ala Phe Asp Ile Cys
100 105 110
Gly Val Gln Pro Met Asn Ser Pro Thr Gly Gln Val Phe Ala Leu Arg
115 120 125
Ala Val Tyr Gly Lys Asp Pro Ile Ala Ser Gly Ala Lys Glu Ala Phe
130 135 140
His Pro Met Tyr Gly Pro Asp Ala Met Phe Ser Gly Gln Gly Ala Ala
145 150 155 160

Lys Lys Phe Ala Ala Leu Lys Ala Ser Asp Thr Leu Glu Val Gly Thr
165 170 175
Ile Tyr Thr His Phe Phe Gln Glu Thr Gly Thr Val Tyr Leu Gln Ala
180 185 190
Thr Ala Ala Lys Gln Ile Asp Ser Gly Ala Ser Asp Ala Asp Lys Leu
195 200 205
Asp Ala Glu Ile Lys Lys Gln Met Glu Ala Gly Val Leu Val Glu Ile
210 215 220
Ala Glu Gly Met Ala Thr Ser Ile Ala Glu Leu Gln Glu Gly Phe Asn
225 230 235 240
Gly Ser Thr Asp Asn Pro Trp Asn Glu Met Gly Phe Arg Ile Asp Lys
245 250 255
Gln Val Ile Glu Ala Lys Ser Arg Gln Leu Lys Ala Ala Tyr Ser Ile
260 265 270
Glu Leu Ala Gln Asp Leu Arg Ala Val His Gly Met Asp Ala Asp Ala
275 280 285
Glu Leu Ser Gly Ile Leu Ala Thr Glu Ile Met Leu Glu Ile Asn Arg
290 295 300
Glu Val Val Asp Trp Ile Asn Tyr Ser Ala Gln Val Gly Lys Ser Gly
305 310 315 320
Met Thr Leu Thr Pro Gly Ser Lys Ala Gly Val Phe Asp Phe Gln Asp
325 330 335
Pro Ile Asp Ile Arg Gly Ala Arg Trp Ala Gly Glu Ser Phe Lys Ala
340 345 350
Leu Leu Phe Gln Ile Asp Lys Glu Ala Val Glu Ile Ala Arg Gln Thr
355 360 365
Gly Arg Gly Glu Gly Asn Phe Ile Ile Ala Ser Arg Asn Val Val Asn
370 375 380
Val Leu Ala Ser Val Asp Thr Gly Ile Ser Tyr Ala Ala Gln Gly Leu
385 390 395 400
Ala Thr Gly Phe Asn Thr Asp Thr Thr Lys Ser Val Phe Ala Gly Val
405 410 415
Leu Gly Gly Lys Tyr Arg Val Tyr Ile Asp Gln Tyr Ala Lys Gln Asp
420 425 430
Tyr Phe Thr Val Gly Tyr Lys Gly Pro Asn Glu Met Asp Ala Gly Ile
435 440 445
Tyr Tyr Ala Pro Tyr Val Ala Leu Thr Pro Leu Arg Gly Ser Asp Pro
450 455 460
Lys Asn Phe Gln Pro Val Met Gly Phe Lys Thr Arg Tyr Gly Ile Gly
465 470 475 480
Ile Asn Pro Phe Ala Glu Ser Ala Ala Gln Ala Pro Ala Ser Arg Ile
485 490 495
Gln Ser Gly Met Pro Ser Ile Leu Asn Ser Leu Gly Lys Asn Ala Tyr
500 505 510
Phe Arg Arg Val Tyr Val Lys Gly Ile
515 520

<210> 226

<211> 269

<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 226

```
Met Leu Lys Glu Gln Leu Ile Ala Glu Ala Gln Lys Ile Asp Ala Ser
1               5                  10                  15
Val Ala Leu Asp Ser Ile Phe Glu Ser Val Asn Ile Ser Pro Glu Ala
            20                  25                  30
Lys Glu Thr Phe Gly Thr Val Phe Glu Ala Thr Val Lys Gln His Ala
        35                  40                  45
Val Lys Leu Ala Glu Ser His Ile Ala Lys Ile Ala Glu Lys Ala Glu
    50                  55                  60
Glu Glu Val Glu Lys Asn Lys Glu Glu Ala Glu Glu Lys Ala Glu Lys
65                  70                  75                  80
Lys Ile Ala Glu Gln Ala Ser Lys Phe Leu Asp His Leu Ala Lys Glu
                85                  90                  95
Trp Leu Thr Glu Asn Lys Leu Ala Val Asp Lys Gly Ile Lys Ala Glu
            100                 105                 110
Leu Phe Glu Ser Met Leu Gly Gly Leu Lys Glu Leu Phe Val Glu His
        115                 120                 125
Asn Val Val Val Pro Glu Glu Ser Val Asp Val Val Ala Glu Met Glu
    130                 135                 140
Glu Glu Leu Gln Glu His Lys Glu Glu Ser Ala Arg Leu Phe Glu Glu
145                 150                 155                 160
Leu Asn Lys Arg Asp Ala Tyr Ile Asn Tyr Val Gln Arg Glu Val Ala
                165                 170                 175
Leu Ser Glu Ser Thr Lys Asp Leu Thr Glu Ser Gln Lys Glu Lys Val
            180                 185                 190
Ser Ala Leu Val Glu Gly Met Asp Tyr Ser Asp Ala Phe Ser Ser Lys
        195                 200                 205
Leu Ser Ala Ile Val Glu Met Val Lys Lys Ser Asn Lys Asp Glu Ser
    210                 215                 220
Thr Ile Thr Glu Ser Ile Asn Thr Pro Asp Thr Glu Ala Ala Gly Leu
225                 230                 235                 240
Asn Phe Val Thr Glu Ala Val Glu Asp Lys Ser Ala Gln Gly Ala Glu
                245                 250                 255
Asp Ile Val Ser Val Tyr Ala Lys Val Ala Ser Arg Phe
            260                 265
```

<210> 227
<211> 212
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 227

```
Met Asn Glu Pro Gln Leu Leu Ile Glu Thr Trp Gly Gln Pro Gly Glu
1               5                  10                  15
```

Ile Ile Asp Gly Val Pro Met Leu Glu Ser His Asp Gly Lys Asp Leu
20 25 30
Gly Leu Lys Pro Gly Leu Tyr Ile Glu Gly Ile Phe Met Gln Ala Glu
35 40 45
Val Val Asn Arg Asn Lys Arg Leu Tyr Pro Lys Arg Ile Leu Glu Lys
50 55 60
Ala Val Lys Asp Tyr Ile Asn Glu Gln Val Leu Thr Lys Gln Ala Leu
65 70 75 80
Gly Glu Leu Asn His Pro Pro Arg Ala Asn Val Asp Pro Met Gln Ala
85 90 95
Ala Ile Ile Ile Glu Asp Met Trp Trp Lys Gly Asn Asp Val Tyr Gly
100 105 110
Arg Ala Arg Val Ile Glu Gly Asp His Gly Pro Gly Asp Lys Leu Ala
115 120 125
Ala Asn Ile Arg Ala Gly Trp Ile Pro Gly Val Ser Ser Arg Gly Leu
130 135 140
Gly Ser Leu Thr Asp Thr Asn Lys Gly Tyr Arg Ile Val Asn Glu Gly
145 150 155 160
Phe Lys Leu Thr Val Gly Val Asp Ala Val Trp Gly Pro Ser Ala Pro
165 170 175
Asp Ala Trp Val Thr Pro Lys Glu Ile Thr Glu Ser Gln Thr Ala Glu
180 185 190
Ala Asp Thr Ser Ala Asp Asp Ala Tyr Met Ala Leu Ala Glu Ala Met
195 200 205
Lys Lys Ala Leu
210

<210> 228
<211> 141
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 228

Met Leu Leu Ile Pro Glu Thr His Glu Leu Val Leu Glu Asn Val Glu
1 5 10 15
Ala Leu Ile Pro Glu Ala Gln Gly Arg Phe Asp Glu Leu Ser Ser Ala
20 25 30
Leu Asn Lys Asp Asp Ile Asn Thr Ile Val Glu Asn Met Leu Asp Asp
35 40 45
Glu Thr Asp Leu Ala Val Ala Leu Ala Ser Ile Asn Glu Asn Met Pro
50 55 60
Leu Asn Glu Phe Ile Val Lys His Val Ser Ala Arg Gly Glu Ile Thr
65 70 75 80
Arg Thr Lys Asp Arg Lys Thr Arg Glu Arg Asn Ala Phe Gln Thr Thr
85 90 95
Gly Leu Ser Lys Ala Lys Arg Arg Gln Ile Ala Arg Lys Ala Thr Lys
100 105 110
Thr Lys Ile Ala Asn Pro Ala Gly Gln Ser Arg Ala Gln Arg Lys Arg

```
        115                 120                 125
Lys Lys Ala Leu Lys Arg Arg Lys Ala Leu Gly Leu Ser
    130                 135                 140
<210> 229
<211> 79
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 229
Met Glu Gly Leu Ile Glu Ala Ile Lys Ser Asn Asp Leu Val Ala Ala
1               5                  10                  15
Arg Lys Leu Phe Ala Glu Ala Met Ala Ala Arg Thr Thr Asp Leu Ile
            20                  25                  30
Lys Glu Glu Lys Ile Ala Ile Ala Arg Asn Phe Leu Ile Glu Gly Glu
        35                  40                  45
Glu Pro Asp Asp Glu Asp Asp Asp Glu Asp Glu Asp Ser Asp Asp Lys
    50                  55                  60
Asp Asp Lys Lys Asp Lys Asp Ser Asp Glu Asp Glu Asp Asp Glu
65                  70                  75
<210> 230
<211> 524
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 230
Met Lys Phe Asn Val Leu Ser Leu Phe Ala Pro Trp Ala Lys Met Asp
1               5                  10                  15
Glu Arg Asn Phe Lys Asp Gln Glu Lys Glu Asp Leu Val Ser Ile Thr
            20                  25                  30
Ala Pro Lys Leu Asp Asp Gly Ala Arg Glu Phe Glu Val Ser Ser Asn
        35                  40                  45
Glu Ala Ala Ser Pro Tyr Asn Ala Ala Phe Gln Thr Ile Phe Gly Ser
    50                  55                  60
Tyr Glu Pro Gly Met Lys Thr Thr Arg Glu Leu Ile Asp Thr Tyr Arg
65                  70                  75                  80
Asn Leu Met Asn Asn Tyr Glu Val Asp Asn Ala Val Ser Glu Ile Val
                85                  90                  95
Ser Asp Ala Ile Val Tyr Glu Asp Asp Thr Glu Val Val Ala Leu Asn
            100                 105                 110
Leu Asp Lys Ser Lys Phe Ser Pro Lys Ile Lys Asn Met Met Leu Asp
        115                 120                 125
Glu Phe Ser Asp Val Leu Asn His Leu Ser Phe Gln Arg Lys Gly Ser
    130                 135                 140
Asp His Phe Arg Arg Trp Tyr Val Asp Ser Arg Ile Phe Phe His Lys
145                 150                 155                 160
Ile Ile Asp Pro Lys Arg Pro Lys Glu Gly Ile Lys Glu Leu Arg Arg
```

165 170 175
Leu Asp Pro Arg Gln Val Gln Tyr Val Arg Glu Ile Ile Thr Glu Thr
180 185 190
Glu Ala Gly Thr Lys Ile Val Lys Gly Tyr Lys Glu Tyr Phe Ile Tyr
195 200 205
Asp Thr Ala His Glu Ser Tyr Ala Cys Asp Gly Arg Met Tyr Glu Ala
210 215 220
Gly Thr Lys Ile Lys Ile Pro Lys Ala Ala Val Val Tyr Ala His Ser
225 230 235 240
Gly Leu Val Asp Cys Cys Gly Lys Asn Ile Ile Gly Tyr Leu His Arg
245 250 255
Ala Val Lys Pro Ala Asn Gln Leu Lys Leu Leu Glu Asp Ala Val Val
260 265 270
Ile Tyr Arg Ile Thr Arg Ala Pro Asp Arg Arg Val Trp Tyr Val Asp
275 280 285
Thr Gly Asn Met Pro Ala Arg Lys Ala Ala Glu His Met Gln His Val
290 295 300
Met Asn Thr Met Lys Asn Arg Val Val Tyr Asp Ala Ser Thr Gly Lys
305 310 315 320
Ile Lys Asn Gln Gln His Asn Met Ser Met Thr Glu Asp Tyr Trp Leu
325 330 335
Gln Arg Arg Asp Gly Lys Ala Val Thr Glu Val Asp Thr Leu Pro Gly
340 345 350
Ala Asp Asn Thr Gly Asn Met Glu Asp Ile Arg Trp Phe Arg Gln Ala
355 360 365
Leu Tyr Met Ala Leu Arg Val Pro Leu Ser Arg Ile Pro Gln Asp Gln
370 375 380
Gln Gly Gly Val Met Phe Asp Ser Gly Thr Ser Ile Thr Arg Asp Glu
385 390 395 400
Leu Thr Phe Ala Lys Phe Ile Arg Glu Leu Gln His Lys Phe Glu Glu
405 410 415
Val Phe Leu Asp Pro Leu Lys Thr Asn Leu Leu Leu Lys Gly Ile Ile
420 425 430
Thr Glu Asp Glu Trp Asn Asp Glu Ile Asn Asn Ile Lys Ile Glu Phe
435 440 445
His Arg Asp Ser Tyr Phe Ala Glu Leu Lys Glu Ala Glu Ile Leu Glu
450 455 460
Arg Arg Ile Asn Met Leu Thr Met Ala Glu Pro Phe Ile Gly Lys Tyr
465 470 475 480
Ile Ser His Arg Thr Ala Met Lys Asp Ile Leu Gln Met Thr Asp Glu
485 490 495
Glu Ile Glu Gln Glu Ala Lys Gln Ile Glu Glu Glu Ser Lys Glu Ala
500 505 510
Arg Phe Gln Asp Pro Asp Gln Glu Gln Glu Asp Phe
515 520

<210> 231
<211> 163
<212> PRT

<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 231

Met Phe Val Asp Asp Val Thr Arg Ala Phe Glu Ser Gly Asp Phe Ala
1 5 10 15
Arg Pro Asn Leu Phe Gln Val Glu Ile Ser Tyr Leu Gly Gln Asn Phe
20 25 30
Thr Phe Gln Cys Lys Ala Thr Ala Leu Pro Ala Gly Ile Val Glu Lys
35 40 45
Ile Pro Val Gly Phe Met Asn Arg Lys Ile Asn Val Ala Gly Asp Arg
50 55 60
Thr Phe Asp Asp Trp Thr Val Thr Val Met Asn Asp Glu Ala His Asp
65 70 75 80
Ala Arg Gln Lys Phe Val Asp Trp Gln Ser Ile Ala Ala Gly Gln Gly
85 90 95
Asn Glu Ile Thr Gly Gly Lys Pro Ala Glu Tyr Lys Lys Ser Ala Ile
100 105 110
Val Arg Gln Tyr Ala Arg Asp Ala Lys Thr Val Thr Lys Glu Ile Glu
115 120 125
Ile Lys Gly Leu Trp Pro Thr Asn Val Gly Glu Leu Gln Leu Asp Trp
130 135 140
Asp Ser Asn Asn Glu Ile Gln Thr Phe Glu Val Thr Leu Ala Leu Asp
145 150 155 160
Tyr Trp Glu

<210> 232
<211> 659
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 232

Met Thr Leu Leu Ser Pro Gly Ile Glu Leu Lys Glu Thr Thr Val Gln
1 5 10 15
Ser Thr Val Val Asn Asn Ser Thr Gly Thr Ala Ala Leu Ala Gly Lys
20 25 30
Phe Gln Trp Gly Pro Ala Phe Gln Ile Lys Gln Val Thr Asn Glu Val
35 40 45
Asp Leu Val Asn Thr Phe Gly Gln Pro Thr Ala Glu Thr Ala Asp Tyr
50 55 60
Phe Met Ser Ala Met Asn Phe Leu Gln Tyr Gly Asn Asp Leu Arg Val
65 70 75 80
Val Arg Ala Val Asp Arg Asp Thr Ala Lys Asn Ser Ser Pro Ile Ala
85 90 95
Gly Asn Ile Glu Tyr Thr Ile Ser Thr Pro Gly Ser Asn Tyr Ala Val
100 105 110
Gly Asp Lys Ile Thr Val Lys Tyr Val Ser Glu Asp Val Glu Thr Glu
115 120 125

```
Gly Lys Ile Thr Glu Val Asp Ala Asp Gly Lys Ile Lys Lys Ile Asn
    130                 135                 140
Ile Pro Thr Ala Lys Ile Ile Ala Lys Ala Lys Glu Val Gly Glu Tyr
145                 150                 155                 160
Pro Thr Leu Gly Ser Asn Trp Thr Ala Glu Ile Ser Ser Ser Ser Ser
                165                 170                 175
Gly Leu Ala Ala Val Ile Thr Leu Gly Lys Ile Ile Thr Asp Ser Gly
            180                 185                 190
Ile Leu Leu Ala Glu Ile Glu Ser Ala Glu Thr Ala Met Thr Ala Val
        195                 200                 205
Asp Phe Gln Ala Asn Leu Glu Lys Tyr Gly Ile Pro Gly Val Val Ala
    210                 215                 220
Leu Tyr Pro Gly Glu Leu Gly Asp Lys Ile Glu Ile Glu Ile Val Ser
225                 230                 235                 240
Lys Ala Asp Tyr Ala Lys Gly Ala Ser Ala Leu Leu Pro Ile Tyr Pro
                245                 250                 255
Gly Gly Gly Thr Arg Ala Ser Thr Ala Lys Ala Val Phe Gly Tyr Gly
            260                 265                 270
Pro Gln Thr Asp Ser Gln Tyr Ala Ile Ile Val Arg Arg Asn Asp Ala
        275                 280                 285
Ile Val Gln Ser Val Val Leu Ser Thr Lys Arg Gly Glu Lys Asp Ile
    290                 295                 300
Tyr Asp Ser Asn Ile Tyr Ile Asp Asp Phe Phe Ala Lys Gly Gly Ser
305                 310                 315                 320
Glu Tyr Ile Phe Ala Thr Ala Gln Asn Trp Pro Glu Gly Phe Ser Gly
                325                 330                 335
Ile Leu Thr Leu Ser Gly Gly Leu Ser Ser Asn Ala Glu Val Thr Ala
            340                 345                 350
Gly Asp Leu Met Glu Ala Trp Asp Phe Phe Ala Asp Arg Glu Ser Val
        355                 360                 365
Asp Val Gln Leu Phe Ile Ala Gly Ser Cys Ala Gly Glu Ser Leu Glu
    370                 375                 380
Thr Ala Ser Thr Val Gln Lys His Val Val Ser Ile Gly Asp Ala Arg
385                 390                 395                 400
Gln Asp Cys Leu Val Leu Cys Ser Pro Pro Arg Glu Thr Val Val Gly
                405                 410                 415
Ile Pro Val Thr Arg Ala Val Asp Asn Leu Val Asn Trp Arg Thr Ala
            420                 425                 430
Ala Gly Ser Tyr Thr Asp Asn Asn Phe Asn Ile Ser Ser Thr Tyr Ala
        435                 440                 445
Ala Ile Asp Gly Asn Tyr Lys Tyr Gln Tyr Asp Lys Tyr Asn Asp Val
    450                 455                 460
Asn Arg Trp Val Pro Leu Ala Ala Asp Ile Ala Gly Leu Cys Ala Arg
465                 470                 475                 480
Thr Asp Asn Val Ser Gln Thr Trp Met Ser Pro Ala Gly Tyr Asn Arg
                485                 490                 495
Gly Gln Ile Leu Asn Val Ile Lys Leu Ala Ile Glu Thr Arg Gln Ala
            500                 505                 510
```

Gln Arg Asp Arg Leu Tyr Gln Glu Ala Ile Asn Pro Val Thr Gly Thr
515 520 525
Gly Gly Asp Gly Tyr Val Leu Tyr Gly Asp Lys Thr Ala Thr Ser Val
530 535 540
Pro Ser Pro Phe Asp Arg Ile Asn Val Arg Arg Leu Phe Asn Met Leu
545 550 555 560
Lys Thr Asn Ile Gly Arg Ser Ser Lys Tyr Arg Leu Phe Glu Leu Asn
565 570 575
Asn Ala Phe Thr Arg Ser Ser Phe Arg Thr Glu Thr Ala Gln Tyr Leu
580 585 590
Gln Gly Ile Lys Ala Leu Gly Gly Ile Tyr Glu Tyr Arg Val Val Cys
595 600 605
Asp Thr Thr Asn Asn Thr Pro Ser Val Ile Asp Arg Asn Glu Phe Val
610 615 620
Ala Thr Phe Tyr Ile Gln Pro Ala Arg Ser Ile Asn Tyr Ile Thr Leu
625 630 635 640
Asn Phe Val Ala Thr Ala Thr Gly Ala Asp Phe Asp Glu Leu Thr Gly
645 650 655
Leu Ala Gly
<210> 233
<211> 610
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 233
Met Glu Gln Pro Ile Asn Ala Leu Asn Asp Phe His Pro Leu Asn Glu
1 5 10 15
Ala Gly Lys Ile Leu Ile Lys His Pro Ser Leu Ala Glu Arg Lys Asp
20 25 30
Glu Asp Gly Ile His Trp Ile Lys Ser Gln Trp Asp Gly Lys Trp Tyr
35 40 45
Pro Glu Lys Phe Ser Asp Tyr Leu Arg Leu His Lys Ile Val Lys Ile
50 55 60
Pro Asn Asn Ser Asp Lys Pro Glu Leu Phe Gln Thr Tyr Lys Asp Lys
65 70 75 80
Asn Asn Lys Arg Ser Arg Tyr Met Gly Leu Pro Asn Leu Lys Arg Ala
85 90 95
Asn Ile Lys Thr Gln Trp Thr Arg Glu Met Val Glu Glu Trp Lys Lys
100 105 110
Cys Arg Asp Asp Ile Val Tyr Phe Ala Glu Thr Tyr Cys Ala Ile Thr
115 120 125
His Ile Asp Tyr Gly Val Ile Lys Val Gln Leu Arg Asp Tyr Gln Arg
130 135 140
Asp Met Leu Lys Ile Met Ser Ser Lys Arg Met Thr Val Cys Asn Leu
145 150 155 160
Ser Arg Gln Leu Gly Lys Thr Thr Val Val Ala Ile Phe Leu Ala His
165 170 175

Phe Val Cys Phe Asn Lys Asp Lys Ala Val Gly Ile Leu Ala His Lys
180 185 190
Gly Ser Met Ser Ala Glu Val Leu Asp Arg Thr Lys Gln Ala Ile Glu
195 200 205
Leu Leu Pro Asp Phe Leu Gln Pro Gly Ile Val Glu Trp Asn Lys Gly
210 215 220
Ser Ile Glu Leu Asp Asn Gly Ser Ser Ile Gly Ala Tyr Ala Ser Ser
225 230 235 240
Pro Asp Ala Val Arg Gly Asn Ser Phe Ala Met Ile Tyr Ile Asp Glu
245 250 255
Cys Ala Phe Ile Pro Asn Phe His Asp Ser Trp Leu Ala Ile Gln Pro
260 265 270
Val Ile Ser Ser Gly Arg Arg Ser Lys Ile Ile Ile Thr Thr Thr Pro
275 280 285
Asn Gly Leu Asn His Phe Tyr Asp Ile Trp Thr Ala Ala Val Glu Gly
290 295 300
Lys Ser Gly Phe Glu Pro Tyr Thr Ala Ile Trp Asn Ser Val Lys Glu
305 310 315 320
Arg Leu Tyr Asn Asp Glu Asp Ile Phe Asp Asp Gly Trp Gln Trp Ser
325 330 335
Ile Gln Thr Ile Asn Gly Ser Thr Leu Ala Gln Phe Arg Gln Glu His
340 345 350
Thr Ala Ala Phe Glu Gly Thr Ser Gly Thr Leu Ile Ser Gly Met Lys
355 360 365
Leu Ala Val Met Asp Phe Ile Glu Val Thr Pro Asp Asp His Gly Phe
370 375 380
His Arg Phe Lys Gly Pro Glu Pro Asp Arg Lys Tyr Ile Ala Thr Leu
385 390 395 400
Asp Cys Ser Glu Gly Arg Gly Gln Asp Tyr His Ala Leu His Ile Ile
405 410 415
Asp Val Thr Asp Asp Val Trp Glu Gln Val Gly Val Leu His Ser Asn
420 425 430
Thr Ile Ser His Leu Ile Leu Pro Asp Ile Val Met Arg Tyr Leu Val
435 440 445
Glu Tyr Asn Glu Cys Pro Val Tyr Ile Glu Leu Asn Ser Thr Gly Val
450 455 460
Ser Val Ala Lys Ser Leu Tyr Met Asp Leu Glu Tyr Glu Gly Val Ile
465 470 475 480
Cys Asp Ser Tyr Thr Asp Leu Gly Met Lys Gln Thr Lys Arg Thr Lys
485 490 495
Ala Val Gly Cys Ser Thr Leu Lys Asp Leu Ile Glu Lys Asp Lys Leu
500 505 510
Ile Ile His His Arg Ala Thr Ile Gln Glu Phe Arg Thr Phe Ser Glu
515 520 525
Lys Gly Val Ser Trp Ala Ala Glu Glu Gly Tyr His Asp Asp Leu Val
530 535 540
Met Ser Leu Val Ile Phe Gly Trp Leu Ser Thr Gln Ser Lys Phe Ile
545 550 555 560

Asp Tyr Ala Asp Lys Asp Asp Met Arg Leu Ala Ser Glu Val Phe Ser
565 570 575
Lys Glu Leu Gln Asp Met Gly Asp Glu Tyr Ala Pro Val Ile Phe Val
580 585 590
Asp Ser Val His Ser Ala Glu Tyr Val Pro Val Ser His Gly Met Ser
595 600 605
Met Val
610

<210> 234
<211> 164
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 234

Met Glu Gly Leu Asp Ile Asn Lys Leu Leu Asp Ile Ser Asp Leu Pro
1 5 10 15
Gly Ile Asp Gly Glu Glu Ile Lys Val Tyr Glu Pro Leu Gln Leu Val
20 25 30
Glu Val Lys Ser Asn Pro Gln Asn Arg Thr Pro Asp Leu Glu Asp Asp
35 40 45
Tyr Gly Val Val Arg Arg Asn Met His Phe Gln Gln Gln Met Leu Met
50 55 60
Asp Ala Ala Lys Ile Phe Leu Glu Thr Ala Lys Asn Ala Asp Ser Pro
65 70 75 80
Arg His Met Glu Val Phe Ala Thr Leu Met Gly Gln Met Thr Thr Thr
85 90 95
Asn Arg Glu Ile Leu Lys Leu His Lys Asp Met Lys Asp Ile Thr Ser
100 105 110
Glu Gln Val Gly Thr Lys Gly Ala Val Pro Thr Gly Gln Met Asn Ile
115 120 125
Gln Asn Ala Thr Val Phe Met Gly Ser Pro Thr Glu Leu Met Asp Glu
130 135 140
Ile Gly Asp Ala Tyr Glu Ala Gln Glu Ala Arg Glu Lys Val Ile Asn
145 150 155 160
Gly Thr Thr Asp

<210> 235
<211> 272
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 235

Met Phe Gly Tyr Phe Tyr Asn Ser Ser Phe Arg Arg Tyr Ala Thr Leu
1 5 10 15
Met Gly Asp Leu Phe Ser Asn Ile Gln Ile Lys Arg Gln Leu Glu Ser
20 25 30
Gly Asp Lys Phe Ile Arg Val Pro Ile Thr Tyr Ala Ser Lys Glu His

35 40 45

Phe Met Met Lys Leu Asn Lys Trp Thr Ser Ile Asn Ser Gln Glu Asp
50 55 60

Val Ala Lys Val Glu Thr Ile Leu Pro Arg Ile Asn Leu His Leu Val
65 70 75 80

Asp Phe Ser Tyr Asn Ala Pro Phe Lys Thr Asn Ile Leu Asn Gln Asn
85 90 95

Leu Leu Gln Lys Gly Thr Thr Ser Val Val Ser Gln Tyr Asn Pro Ser
100 105 110

Pro Ile Lys Met Ile Tyr Glu Leu Ser Ile Phe Thr Arg Tyr Glu Asp
115 120 125

Asp Met Phe Gln Ile Val Glu Gln Ile Leu Pro Tyr Phe Gln Pro His
130 135 140

Phe Asn Thr Thr Met Tyr Glu Gln Phe Gly Asn Asp Ile Pro Phe Lys
145 150 155 160

Arg Asp Ile Lys Ile Val Leu Met Ser Ala Ala Ile Asp Glu Ala Ile
165 170 175

Asp Gly Asp Asn Leu Ser Arg Arg Arg Ile Glu Trp Ser Leu Thr Phe
180 185 190

Glu Val Asn Gly Trp Met Tyr Pro Pro Val Asp Asp Ala Glu Gly Leu
195 200 205

Ile Arg Thr Thr Tyr Thr Asp Phe His Ala Asn Thr Arg Asp Leu Pro
210 215 220

Asp Gly Glu Gly Val Phe Glu Ser Val Asp Ser Glu Val Val Pro Arg
225 230 235 240

Asp Ile Asn Pro Glu Asp Trp Asp Gly Thr Val Lys Gln Thr Phe Thr
245 250 255

Ser Asn Val Asn Arg Pro Thr Pro Pro Glu Pro Pro Gly Pro Arg Thr
260 265 270

<210> 236
<211> 256
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 236

Met Ala Thr Tyr Asp Lys Asn Leu Phe Ala Lys Leu Glu Asn Arg Thr
1 5 10 15

Gly Tyr Ser Gln Thr Asn Glu Thr Glu Ile Leu Asn Pro Tyr Val Asn
20 25 30

Phe Asn His Tyr Lys Asn Ser Gln Ile Leu Ala Asp Val Leu Val Ala
35 40 45

Glu Ser Ile Gln Met Arg Gly Val Glu Cys Tyr Tyr Val Pro Arg Glu
50 55 60

Tyr Val Ser Pro Asp Leu Ile Phe Gly Glu Asp Leu Lys Asn Lys Phe
65 70 75 80

Thr Lys Ala Trp Lys Phe Ala Ala Tyr Leu Asn Ser Phe Glu Gly Tyr
85 90 95

Glu Gly Ala Lys Ser Phe Phe Ser Asn Phe Gly Met Gln Val Gln Asp
100 105 110
Glu Val Thr Leu Ser Ile Asn Pro Asn Leu Phe Lys His Gln Val Asn
115 120 125
Gly Lys Glu Pro Lys Glu Gly Asp Leu Ile Tyr Phe Pro Met Asp Asn
130 135 140
Ser Leu Phe Glu Ile Asn Trp Val Glu Pro Tyr Asp Pro Phe Tyr Gln
145 150 155 160
Leu Gly Gln Asn Ala Ile Arg Lys Ile Thr Ala Gly Lys Phe Ile Tyr
165 170 175
Ser Gly Glu Glu Ile Asn Pro Val Leu Gln Lys Asn Glu Gly Ile Asn
180 185 190
Ile Pro Glu Phe Ser Glu Leu Glu Leu Asn Pro Val Arg Asn Leu Asn
195 200 205
Gly Ile His Asp Ile Asn Ile Asp Gln Tyr Ala Glu Val Asp Gln Ile
210 215 220
Asn Ser Glu Ala Lys Glu Tyr Val Glu Pro Tyr Val Val Val Asn Asn
225 230 235 240
Arg Gly Lys Ser Phe Glu Ser Ser Pro Phe Asp Asn Asp Phe Met Asp
245 250 255

<210> 237
<211> 309
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 237

Met Ser Gly Tyr Asn Ser Gln Asn Pro Lys Glu Leu Lys Asp Val Ile
1 5 10 15
Leu Arg Arg Leu Gly Ala Pro Ile Ile Asn Val Glu Leu Thr Pro Asp
20 25 30
Gln Ile Tyr Asp Cys Ile Gln Arg Ala Leu Glu Leu Tyr Gly Glu Tyr
35 40 45
His Phe Asp Gly Leu Asn Lys Gly Phe His Val Phe Tyr Val Gly Asp
50 55 60
Asp Glu Glu Lys Tyr Lys Thr Gly Val Phe Asp Leu Arg Gly Ser Asn
65 70 75 80
Val Phe Ala Val Thr Arg Ile Leu Arg Thr Asn Ile Gly Ser Ile Thr
85 90 95
Ser Met Asp Gly Asn Ala Thr Tyr Pro Trp Phe Thr Asp Phe Leu Leu
100 105 110
Gly Met Ala Gly Ile Asn Gly Gly Met Gly Thr Ser Cys Asn Arg Phe
115 120 125
Tyr Gly Pro Asn Ala Phe Gly Ala Asp Leu Gly Tyr Phe Thr Gln Leu
130 135 140
Thr Ser Tyr Met Gly Met Met Gln Asp Met Leu Ser Pro Ile Pro Asp
145 150 155 160
Phe Trp Phe Asn Ser Ala Asn Glu Gln Leu Lys Val Met Gly Asn Phe

165 170 175
Gln Lys Tyr Asp Leu Ile Ile Val Glu Ser Trp Thr Lys Ser Tyr Ile
180 185 190
Asp Thr Asn Lys Met Val Gly Asn Thr Val Gly Tyr Gly Thr Val Gly
195 200 205
Pro Gln Asp Ser Trp Ser Leu Ser Glu Arg Tyr Asn Asn Pro Asp His
210 215 220
Asn Leu Val Gly Arg Val Val Gly Gln Asp Pro Asn Val Lys Gln Gly
225 230 235 240
Ala Tyr Asn Asn Arg Trp Val Lys Asp Tyr Ala Thr Ala Leu Ala Lys
245 250 255
Glu Leu Asn Gly Gln Ile Leu Ala Arg His Gln Gly Met Met Leu Pro
260 265 270
Gly Gly Val Thr Ile Asp Gly Gln Arg Leu Ile Glu Glu Ala Arg Leu
275 280 285
Glu Lys Glu Ala Leu Arg Glu Glu Leu Tyr Leu Leu Asp Pro Pro Phe
290 295 300
Gly Ile Leu Val Gly
305

<210> 238
<211> 485
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 238
Met Ile Glu Leu Lys Asp Leu Pro Phe Val Asp Ser Val Pro Asp Glu
1 5 10 15
Gly Gln Glu Arg Ile Ser Trp Ile Lys Asn Gly Glu Glu Ile Leu Gly
20 25 30
Ala Ser Thr Lys Tyr Gly Asn Asp Gly Ser Met Asn Arg Pro Ile Val
35 40 45
Ser Val Phe Lys Asn Val Glu Val Leu Asp Glu Asn Ile Gly Ile Leu
50 55 60
Lys Thr Ala Ile Glu Thr Ser Gln Lys Asp Ile Lys Thr Ile Gln Gly
65 70 75 80
Val Leu Asp Val Ser Gly Asp Ile Glu Ala Leu Ser Gln Ile Ser Val
85 90 95
Asn Lys Asn Asp Ile Ser Asn Leu Lys Thr Leu Thr Asn Glu His Thr
100 105 110
Asp Ile Leu Thr Gly Thr Asn Asn Thr Val Asp Lys Ile Ile Ala Asp
115 120 125
Ile Gly Pro Phe Asn Asp Glu Glu Asn Ser Val Tyr Arg Thr Ile Arg
130 135 140
Asn Asp Leu Leu Trp Ile Lys Gln Glu Leu Gly Gln Tyr Ser Gly Gln
145 150 155 160
Asp Ile Asn Gly Leu Pro Val Val Gly Asn Ala Ser Thr Gly Met Lys
165 170 175

His Arg Ile Ile Thr Asn Ser Thr Leu Leu Ser Ser Gln Gly Ile Arg
180 185 190
Leu Ser Glu Leu Glu Asn Lys Phe Thr Glu Ser Asp Val Gly Ser Leu
195 200 205
Thr Val Glu Val Gly Lys Leu Arg Asp Glu Leu Gly Asn Lys Pro Val
210 215 220
Asp Phe Gly Pro Asn Ile Tyr Asn Arg Leu Asn Thr Ile Asp Asp Lys
225 230 235 240
Gln Thr Leu Ile Asn Ser Asp Ile Ala Glu Ile Lys Ser Ser Ile Gly
245 250 255
Tyr Pro Glu Asn Val Ser Ile Ile Thr Glu Ile Asn Asn Asn Lys Ser
260 265 270
Ser Ile Glu Ser Ile Asn Asn Glu Leu Asn Gln Ser Glu Gly Val Lys
275 280 285
Gln Arg Leu Thr Ala Ile Glu Thr Ser Ile Gly Ser Asp Asp Ile Pro
290 295 300
Ser Ser Ile Lys Gly Lys Ile Lys Asn His Thr Thr Ser Ile Glu Ser
305 310 315 320
Leu Asn Gly Ile Val Gly Glu Asn Thr Ser Ser Gly Leu Arg Ala Asn
325 330 335
Val Ser Trp Leu Asn Gln Ile Val Gly Thr Asp Ser Ser Gly Gly Gln
340 345 350
Pro Ser Pro Ser Gly Ser Leu Leu Asn Lys Val Ser Val Leu Glu Gly
355 360 365
Glu Val Ser Val Leu Asn Asn Asn Val Gln Asn Ile Gln Val Glu Ile
370 375 380
Gly Asn Asn Arg Thr Gly Ile Lys Gly Gln Val Ile Glu Leu Thr Ser
385 390 395 400
Leu Ile Asn Gly Asn Asn Pro Asp Gly Ser Thr Val Glu Glu Arg Gly
405 410 415
Leu Thr Asn Ser Ile Lys Thr Asn Glu Thr Asn Ile Ala Ala Val Thr
420 425 430
His Glu Val Asn Thr Ala Lys Asp Asn Ile Ser Ser Leu Gln Ser Ser
435 440 445
Val Gln Ala Leu Gln Glu Ala Gly Tyr Ile Pro Glu Ala Pro Lys Asp
450 455 460
Gly Gln Ala Tyr Val Arg Lys Asp Gly Glu Trp Val Leu Leu Ser Thr
465 470 475 480
Phe Leu Ser Pro Ala
485

<210> 239
<211> 516
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 239
Met Ser Asn Asn Thr Tyr Gln His Val Ser Asn Glu Ser Lys Tyr Val

```
1               5                   10                  15
Lys Phe Asp Pro Val Gly Ser Asn Phe Pro Gly Thr Val Thr Thr Val
            20                  25                  30
Gln Ser Ala Leu Ser Lys Ile Ser Asn Ile Gly Val Asn Gly Ile Pro
        35                  40                  45
Asp Ala Thr Met Glu Val Lys Gly Ile Ala Met Ile Ala Ser Glu Gln
    50                  55                  60
Glu Val Leu Asp Gly Thr Asn Asn Ser Lys Ile Val Thr Pro Ala Thr
65                  70                  75                  80
Leu Ala Thr Arg Leu Leu Tyr Pro Asn Ala Thr Glu Thr Lys Tyr Gly
                85                  90                  95
Leu Thr Arg Tyr Ser Thr Asn Glu Glu Thr Leu Glu Gly Ser Asp Asn
            100                 105                 110
Asn Ser Ser Ile Thr Pro Gln Lys Leu Lys Tyr His Thr Asp Asp Val
        115                 120                 125
Phe Arg Asn Arg Tyr Ser Ser Glu Ser Ser Asn Gly Val Ile Lys Ile
    130                 135                 140
Ser Ser Thr Pro Ala Ala Leu Ala Gly Val Asp Asp Thr Thr Ala Met
145                 150                 155                 160
Thr Pro Leu Lys Thr Gln Lys Leu Ala Ile Lys Leu Ile Ser Gln Ile
                165                 170                 175
Ala Pro Ser Glu Asp Thr Ala Ser Glu Ser Val Arg Gly Val Val Gln
            180                 185                 190
Leu Ser Thr Val Ala Gln Thr Arg Gln Gly Thr Leu Arg Glu Gly Tyr
        195                 200                 205
Ala Ile Ser Pro Tyr Thr Phe Met Asn Ser Val Ala Thr Gln Glu Tyr
    210                 215                 220
Lys Gly Val Ile Arg Leu Gly Thr Gln Ser Glu Ile Asn Ser Asn Leu
225                 230                 235                 240
Gly Asp Val Ala Val Thr Gly Glu Thr Leu Asn Gly Arg Gly Ala Thr
                245                 250                 255
Gly Ser Met Arg Gly Val Val Lys Leu Thr Thr Gln Ala Gly Ile Ala
            260                 265                 270
Pro Glu Gly Asp Ser Ser Gly Ala Leu Ala Trp Asn Ala Asp Val Ile
        275                 280                 285
Asn Thr Arg Gly Gly Gln Thr Ile Asn Gly Ser Leu Asn Leu Asp His
    290                 295                 300
Leu Thr Ala Asn Gly Ile Trp Ser Arg Gly Gly Met Trp Lys Asn Gly
305                 310                 315                 320
Asp Gln Pro Val Ala Thr Glu Arg Tyr Ala Ser Glu Arg Val Pro Val
                325                 330                 335
Gly Thr Ile Met Met Phe Ala Gly Asp Ser Ala Pro Pro Gly Trp Ile
            340                 345                 350
Met Cys His Gly Gly Thr Val Ser Gly Asp Gln Phe Pro Asp Tyr Arg
        355                 360                 365
Asn Val Val Gly Thr Arg Phe Gly Gly Asp Trp Asn Asn Pro Gly Val
    370                 375                 380
Pro Asp Met Arg Gly Leu Phe Val Arg Gly Ala Gly Thr Gly Gly His
```

385 390 395 400
Ile Leu Asn Gln Arg Gly Gln Asp Gly Tyr Gly Lys Asp Arg Leu Gly
405 410 415
Val Gly Cys Asp Gly Met His Val Gly Gly Val Gln Ala Gln Gln Met
420 425 430
Ser Tyr His Lys His Ala Gly Gly Trp Gly Glu Tyr Asn Arg Ser Glu
435 440 445
Gly Pro Phe Gly Ala Ser Val Tyr Gln Gly Tyr Leu Gly Thr Arg Lys
450 455 460
Tyr Ala Asp Trp Asp Asn Ala Ser Tyr Phe Thr Asn Asp Gly Phe Glu
465 470 475 480
Leu Gly Gly Pro Arg Asp Ala Leu Gly Thr Leu Asn Arg Glu Gly Leu
485 490 495
Ile Gly Tyr Glu Thr Arg Pro Trp Asn Ile Ser Leu Asn Tyr Ile Ile
500 505 510
Lys Val His Tyr
515

<210> 240
<211> 219
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 240

Met Ser Leu Leu Asn Asn Lys Ala Gly Val Ile Ser Arg Leu Ala Asp
1 5 10 15
Phe Leu Gly Phe Arg Thr Lys Lys Asn Asp Ile Ser Val Met Asn Asn
20 25 30
Gln Pro Val Gly Ala Val Thr Ile Ser Gln Ile Ala Lys Gly Phe Tyr
35 40 45
Asp Ser Asn Val Glu Ser Ala Ile Asn Asp Val Arg Asn Met Ala Glu
50 55 60
Gln Gln Val Gly Ala Val Leu Ile Asn Ile Ser Gly Val Ser Pro Thr
65 70 75 80
Gly Val Gln Gln Thr Asp Tyr Trp Ser Phe Glu Gly Thr Val Thr Asp
85 90 95
Thr Ser Ala Lys Pro Gly Asp Pro Val Ile Val Asn Met Phe Gly Ile
100 105 110
Pro Val Lys Ala Thr Asn Gly Met Thr Ser Ile Glu Phe Thr Ser Ala
115 120 125
Val Arg Thr Ala Leu Gln Glu Met Val Val Lys Phe Ile Ala Ile Asp
130 135 140
Ser Phe Glu Asp His Pro Thr Ile Gly Asn Lys Ile Gln Val Lys Tyr
145 150 155 160
Leu Asp Asn Gln Glu His Ile Leu Glu Gln Tyr Ser Asp Lys Gly Ile
165 170 175
Thr Phe Lys Gln Glu Ile Ile Ser Pro Ser Lys Pro Gly Tyr Gly Thr
180 185 190

Trp Gln Leu Leu Gly Ala Gln Thr Val Thr Leu Asp Ser His Thr Gln
195 200 205
Pro Thr Val Phe Tyr Tyr Phe Glu Arg Ile Ala
210 215

<210> 241
<211> 601
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 241

Met Lys Gln Asn Ile Asn Ile Gly Asn Val Val Asp Asp Gly Thr Gly
1 5 10 15
Asp Tyr Leu Arg Lys Gly Gly Ile Lys Ile Asn Glu Asn Phe Asp Glu
20 25 30
Leu Tyr Tyr Glu Leu Gly Asp Gly Asp Val Pro Tyr Ser Ala Gly Ala
35 40 45
Trp Lys Thr Tyr Asn Ala Ser Ser Gly Gln Thr Leu Thr Ala Glu Trp
50 55 60
Gly Lys Ser Tyr Ala Ile Asn Thr Ser Ser Gly Arg Val Thr Leu Gln
65 70 75 80
Leu Pro Lys Gly Thr Val Asn Asp Tyr Asn Lys Val Ile Lys Ala Arg
85 90 95
Asp Val Phe Ala Thr Trp Asn Val Asn Pro Val Thr Leu Val Ala Ala
100 105 110
Ser Gly Asp Thr Ile Lys Gly Ser Ser Ser Ser Val Glu Ile Asn Val
115 120 125
Gln Phe Ser Asp Leu Glu Leu Val Tyr Cys Ala Pro Gly Arg Trp Glu
130 135 140
Tyr Val Lys Asn Lys Gln Ile Asp Lys Ile Ile Ser Ser Asp Ile Ser
145 150 155 160
Asn Val Ala Arg Lys Glu Phe Leu Val Glu Val Gln Gly Gln Thr Asp
165 170 175
Phe Leu Asp Val Phe His Gly Thr Ser Tyr Asn Val Asn Asn Ile Arg
180 185 190
Val Lys His Arg Gly Asn Glu Leu Tyr Tyr Gly Asp Val Phe Ser Glu
195 200 205
Asn Ser Asp Phe Gly Ser Pro Gly Glu Asn Glu Gly Glu Leu Ile Pro
210 215 220
Leu Asp Gly Phe Asn Ile Arg Leu Arg Gln Pro Cys Asn Ile Gly Asp
225 230 235 240
Thr Val Gln Ile Glu Thr Phe Met Asp Gly Val Ser Gln Trp Arg Ser
245 250 255
Ser Tyr Thr Arg Arg Gln Ile Lys Val Leu Asp Ser Lys Leu Thr Ser
260 265 270
Lys Thr Ser Leu Glu Gly Ser Ile Tyr Val Thr Asp Leu Ser Ala Met
275 280 285
Lys Ser Ile Pro Phe Ser Ala Phe Gly Leu Ile Pro Gly Glu Pro Ile

290 295 300
Asn Pro Asn Ser Leu Glu Val Arg Phe Asn Gly Ile Leu Gln Gln Gln
305 310 315 320
Ala Gly Thr Ala Gly Tyr Pro Leu Phe Leu Cys Glu Gly Ala Asn Ser
325 330 335
Asp Thr Gln Glu Gly Cys Ile Ser Leu Gly Gly Glu Trp Lys Glu Ser
340 345 350
Asn Thr Asp Tyr Ser Ile Glu Tyr Glu Asp Gly Lys Pro Val Ser Leu
355 360 365
Leu Phe Asp Arg Lys Phe Glu Ser Gly Asp Ile Ile Val Ile Thr Trp
370 375 380
Phe Asn Asn Asp Leu Gly Thr Leu Leu Glu Lys Asp Asp Ile Ile Glu
385 390 395 400
Leu Thr Asp Asp Arg Tyr Val Ser Lys Gly Ser Ser Thr Glu Val Thr
405 410 415
Gly Asp Val Ala Leu Thr Asp Phe Asp Lys Ile Gly Trp Pro Asn Val
420 425 430
Glu Lys Val Asp Ser Tyr Thr Arg Thr Tyr Asn Ser Ile Ser Ser Ile
435 440 445
Phe Asp Ser Ile Tyr Pro Val Gly Ser Ile Tyr Glu Asn Ala Ile Asn
450 455 460
Pro Asn Asn Pro Val Thr Tyr Met Gly Phe Gly Ser Trp Lys Leu Phe
465 470 475 480
Gly Lys Gly Gln Val Leu Val Gly Trp Asn Asp Asp Val Thr Asp Pro
485 490 495
Asn Phe Ala Leu Asn Asn Asn Asp Leu Asp Ser Ser Gly Asn Pro Ser
500 505 510
His Thr Ala Gly Gly Thr Val Gly Thr Thr Ser Val Thr Leu Glu Asn
515 520 525
Ala Asn Leu Pro Ala Thr Lys Thr Asp Glu Arg Val Leu Ile Glu Asp
530 535 540
Glu Asn Gly Ser Val Ile Ile Gly Gly Cys Gln Tyr Asp Pro Asp Glu
545 550 555 560
Thr Gly Pro Ile Tyr Thr Lys Tyr Arg Glu Asp Tyr Ala Thr Thr Asn
565 570 575
Ser Ser His Thr Pro Pro Thr Asn Ile Ser Asn Ile Gln Pro Ser Ile
580 585 590
Thr Val Tyr Arg Trp Ile Arg Ile Ala
595 600

<210> 242
<211> 288
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 242
Met Phe Ile Gln Glu Pro Lys Lys Leu Ile Asp Thr Gly Glu Ile Gly
1 5 10 15

Asn Ala Ser Thr Gly Asp Ile Leu Phe Asp Gly Gly Asn Lys Ile Asn
20 25 30
Ser Asp Phe Asn Ala Ile Tyr Asn Ala Phe Gly Asp Gln Arg Lys Met
35 40 45
Ala Val Ala Asn Gly Thr Gly Ala Asp Gly Gln Ile Ile His Ala Thr
50 55 60
Gly Tyr Tyr Gln Lys His Ser Ile Thr Glu Tyr Ala Thr Pro Val Lys
65 70 75 80
Val Gly Thr Arg His Asp Ile Asp Thr Ser Thr Val Gly Val Lys Val
85 90 95
Ile Ile Glu Arg Gly Glu Leu Gly Asp Cys Val Glu Phe Ile Asn Ser
100 105 110
Asn Gly Ser Ile Ser Val Thr Asn Pro Leu Thr Ile Gln Ala Ile Asp
115 120 125
Ser Ile Lys Gly Val Ser Gly Asn Leu Val Val Thr Ser Pro Tyr Ser
130 135 140
Lys Val Thr Leu Arg Cys Ile Ser Ser Asp Asn Ser Thr Ser Val Trp
145 150 155 160
Asn Tyr Ser Ile Glu Ser Met Phe Gly Gln Lys Glu Ser Pro Ala Glu
165 170 175
Gly Thr Trp Asn Ile Ser Thr Ser Gly Ser Val Asp Ile Pro Leu Phe
180 185 190
His Arg Thr Glu Tyr Asn Met Ala Lys Leu Leu Val Thr Cys Gln Ser
195 200 205
Val Asp Gly Arg Lys Ile Lys Thr Ala Glu Ile Asn Ile Leu Val Asp
210 215 220
Ala Val Asn Ser Glu Val Ile Ser Ser Glu Tyr Ala Val Met Arg Val
225 230 235 240
Gly Asn Glu Thr Glu Glu Asp Glu Ile Ala Asn Ile Ala Phe Ser Ile
245 250 255
Lys Thr Asn Tyr Val Thr Ala Thr Ile Ser Ser Ser Thr Val Gly Met
260 265 270
Arg Ala Ala Val Lys Val Ile Ala Thr Gln Lys Ile Gly Val Ala Gln
275 280 285

<210> 243
<211> 334
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 243

Met Asn Asp Ser Ser Val Ile Tyr Arg Ala Ile Val Thr Ser Lys Phe
1 5 10 15
Arg Thr Glu Lys Met Leu Asn Phe Tyr Asn Ser Ile Gly Ser Gly Pro
20 25 30
Asp Lys Asn Thr Ile Phe Ile Thr Phe Gly Arg Ser Glu Pro Trp Ser
35 40 45
Ser Asn Glu Asn Glu Val Gly Phe Ala Pro Pro Tyr Pro Thr Asp Ser

50 55 60

Val Leu Gly Val Thr Asp Met Trp Thr His Met Met Gly Thr Val Lys
65 70 75 80
Val Leu Pro Ser Met Leu Asp Ala Val Ile Pro Arg Arg Asp Trp Gly
85 90 95
Asp Thr Arg Tyr Pro Asp Pro Tyr Thr Phe Arg Ile Asn Asp Ile Val
100 105 110
Val Cys Asn Ser Ala Pro Tyr Asn Ala Thr Glu Ser Gly Ala Gly Trp
115 120 125
Leu Val Tyr Arg Cys Leu Asp Val Pro Asp Thr Gly Met Cys Ser Ile
130 135 140
Ala Ser Leu Thr Asp Lys Asp Glu Cys Leu Lys Leu Gly Gly Lys Trp
145 150 155 160
Thr Pro Ser Val Arg Ser Met Thr Pro Pro Glu Gly Arg Gly Asp Ala
165 170 175
Glu Gly Thr Ile Glu Pro Gly Asp Gly Tyr Val Trp Glu Tyr Leu Phe
180 185 190
Glu Ile Pro Pro Asp Val Ser Ile Asn Arg Cys Thr Asn Glu Tyr Ile
195 200 205
Val Val Pro Trp Pro Glu Glu Leu Lys Glu Asp Pro Thr Arg Trp Gly
210 215 220
Tyr Glu Asp Asn Leu Thr Trp Gln Gln Asp Asp Phe Gly Leu Ile Tyr
225 230 235 240
Arg Val Lys Ala Asn Thr Ile Arg Phe Lys Ala Tyr Leu Asp Ser Val
245 250 255
Tyr Phe Pro Asp Ala Ala Leu Pro Gly Asn Lys Gly Phe Arg Gln Ile
260 265 270
Ser Ile Ile Thr Asn Pro Leu Glu Ala Lys Ala His Pro Asn Asp Pro
275 280 285
Asn Val Lys Ala Glu Lys Asp Tyr Tyr Asp Pro Glu Asp Leu Met Arg
290 295 300
His Ser Gly Glu Met Ile Tyr Met Glu Asn Arg Pro Pro Ile Ile Met
305 310 315 320
Ala Met Asp Gln Thr Glu Glu Ile Asn Ile Leu Phe Thr Phe
325 330

<210> 244
<211> 1032
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 244
Met Thr Val Lys Ala Pro Ser Val Thr Ser Leu Arg Ile Ser Lys Leu
1 5 10 15
Ser Ala Asn Gln Val Gln Val Arg Trp Asp Asp Val Gly Ala Asn Phe
20 25 30
Tyr Tyr Phe Val Glu Ile Ala Glu Thr Lys Thr Asp Ser Gly Glu Asn
35 40 45

Leu Pro Ser Asp Gln Tyr Arg Trp Ile Asn Leu Gly Tyr Thr Ala Asn
50 55 60
Asn Ser Phe Phe Phe Asp Asp Ala Asp Pro Leu Thr Ser Tyr Ile Ile
65 70 75 80
Arg Val Ala Thr Ala Ala Gln Asp Phe Glu Gln Ser Asp Trp Val Tyr
85 90 95
Thr Glu Glu Phe Glu Thr Phe Ala Thr Asn Ala Tyr Thr Phe Gln Asn
100 105 110
Met Ile Glu Met Gln Leu Ala Asn Lys Phe Ile Gln Glu Lys Phe Thr
115 120 125
Leu Asn Asn Ser Asn Tyr Val Asn Phe Asn Asn Asp Thr Ile Met Ala
130 135 140
Ala Leu Met Asn Glu Ser Phe Gln Phe Ser Pro Ser Tyr Val Asp Val
145 150 155 160
Ser Ser Ile Ser Asn Phe Ile Ile Gly Glu Asn Glu Tyr His Glu Ile
165 170 175
Gln Gly Ser Ile Gln Gln Val Cys Lys Asp Ile Asn Arg Val Tyr Leu
180 185 190
Met Glu Ser Glu Gly Ile Leu Tyr Leu Phe Glu Arg Tyr Gln Pro Val
195 200 205
Val Lys Val Ser Asn Asp Lys Gly Gln Thr Trp Lys Ala Val Lys Leu
210 215 220
Phe Asn Asp Arg Val Gly Tyr Pro Leu Ser Lys Thr Val Tyr Tyr Gln
225 230 235 240
Ser Ala Asn Thr Thr Tyr Val Leu Gly Tyr Asp Lys Ile Phe Tyr Gly
245 250 255
Arg Lys Ser Thr Asp Val Arg Trp Ser Ala Asp Asp Val Arg Phe Ser
260 265 270
Ser Gln Asp Ile Thr Phe Ala Lys Leu Gly Asp Gln Leu His Leu Gly
275 280 285
Phe Asp Val Glu Ile Phe Gly Thr Tyr Ala Thr Leu Pro Ala Asn Val
290 295 300
Tyr Arg Ile Ala Glu Ala Ile Thr Cys Thr Asp Asp Tyr Ile Tyr Val
305 310 315 320
Val Ala Arg Asp Lys Val Arg Tyr Ile Lys Thr Ser Asn Ala Pro Ile
325 330 335
Asp Ser Asp Pro Leu Ser Pro Thr Tyr Ser Glu Arg Leu Phe Glu Pro
340 345 350
Asp Thr Met Thr Ile Thr Gly Asn Pro Lys Ala Val Cys Tyr Lys Met
355 360 365
Asp Ser Ile Gly Asp Lys Val Phe Ala Leu Ile Ile Gly Glu Val Glu
370 375 380
Thr Leu Asn Ala Asn Pro Arg Thr Ser Lys Ile Ile Asp Ser Ala Asp
385 390 395 400
Lys Gly Ile Tyr Val Leu Asn His Asp Glu Lys Thr Trp Lys Arg Val
405 410 415
Phe Gly Asn Thr Glu Glu Glu Arg Arg Arg Ile Gln Pro Gly Tyr Ala
420 425 430

```
Asn Met Ser Thr Asp Gly Lys Leu Val Ser Leu Ser Ser Ser Asn Phe
        435                 440                 445
Lys Phe Leu Ser Asp Asn Val Val Asn Asp Pro Glu Thr Met Val Lys
    450                 455                 460
Tyr Gln Leu Ile Gly Ala Val Lys Tyr Glu Phe Pro Arg Glu Trp Leu
465                 470                 475                 480
Ala Asp Lys His Tyr His Met Met Ala Phe Ile Ala Asp Glu Lys Ser
                485                 490                 495
Asp Trp Glu Thr Phe Thr Pro Gln Pro Met Lys Tyr Tyr Ala Glu Pro
            500                 505                 510
Phe Phe Asn Trp Ser Lys Lys Ser Asn Thr Arg Cys Trp Ile Asn Asn
        515                 520                 525
Ser Asn Arg Ala Val Val Val Tyr Ala Asp Leu Lys Tyr Thr Lys Val
    530                 535                 540
Ile Glu Asn Ile Pro Glu Thr Ser Pro Asp Arg Leu Val His Glu Tyr
545                 550                 555                 560
Trp Asp Asp Gly Asp Cys Thr Ile Val Met Pro Asn Val Lys Phe Thr
                565                 570                 575
Gly Phe Lys Lys Tyr Ala Ser Gly Met Leu Phe Tyr Lys Ser Ser Gly
            580                 585                 590
Glu Ile Ile Ser Tyr Tyr Asp Phe Asn Tyr Arg Val Arg Asp Thr Val
        595                 600                 605
Glu Ile Ile Trp Lys Pro Thr Gly Val Phe Leu Lys Ala Phe Leu Gln
    610                 615                 620
Asn Gln Glu His Glu Thr Pro Trp Ser Pro Glu Glu Glu His Gly Leu
625                 630                 635                 640
Ala Asp Pro Asp Leu Arg Pro Leu Ile Gly Thr Met Met Pro Asp Ser
                645                 650                 655
Tyr Leu Leu Gln Asp Ser Asn Phe Glu Ala Phe Cys Glu Ala Tyr Ile
            660                 665                 670
Gln Tyr Leu Ser Asp Gly Tyr Gly Thr Gln Tyr Asn Asn Leu Arg Asn
        675                 680                 685
Leu Ile Arg Asn Gln Tyr Pro Arg Glu Glu His Ala Trp Glu Tyr Leu
    690                 695                 700
Trp Ser Glu Ile Tyr Lys Arg Asn Ile Tyr Leu Asn Ala Asp Lys Arg
705                 710                 715                 720
Asp Ala Val Ala Arg Phe Phe Glu Ser Arg Ser Tyr Asp Phe Tyr Ser
                725                 730                 735
Thr Lys Gly Ile Glu Ala Ser Tyr Lys Phe Leu Phe Lys Val Leu Tyr
            740                 745                 750
Asn Glu Glu Val Glu Ile Glu Ile Glu Ser Gly Ala Gly Thr Glu Tyr
        755                 760                 765
Asp Ile Ile Val Gln Ser Asp Ser Leu Thr Glu Asp Leu Val Gly Gln
    770                 775                 780
Thr Ile Tyr Thr Ala Thr Gly Arg Cys Asn Val Thr Tyr Ile Glu Arg
785                 790                 795                 800
Ser Tyr Ser Asn Gly Lys Leu Gln Trp Thr Val Thr Ile His Asn Leu
                805                 810                 815
```

Leu Gly Arg Leu Ile Ala Gly Gln Glu Val Lys Ala Glu Arg Leu Pro
820 825 830
Ser Phe Glu Gly Glu Ile Ile Arg Gly Val Lys Gly Lys Asp Leu Leu
835 840 845
Gln Asn Asn Ile Asp Tyr Ile Asn Arg Ser Arg Ser Tyr Tyr Val Met
850 855 860
Lys Ile Lys Ser Asn Leu Pro Ser Ser Arg Trp Lys Ser Asp Val Ile
865 870 875 880
Arg Phe Val His Pro Val Gly Phe Gly Phe Ile Ala Ile Thr Leu Leu
885 890 895
Thr Met Phe Ile Asn Val Gly Leu Thr Leu Lys His Thr Glu Thr Ile
900 905 910
Ile Asn Lys Tyr Lys Asn Tyr Lys Trp Asp Ser Gly Leu Pro Thr Glu
915 920 925
Tyr Ala Asp Arg Val Ala Lys Leu Thr Pro Thr Gly Glu Ile Glu His
930 935 940
Asp Ser Val Thr Gly Glu Ala Ile Tyr Glu Pro Gly Pro Met Ala Gly
945 950 955 960
Val Glu Tyr Pro Leu Pro Asp Asp Tyr Asn Ala Glu Asn Asn Asn Ser
965 970 975
Ile Phe Gln Gly Gln Leu Pro Ser Glu Arg Arg Lys Leu Met Ser Pro
980 985 990
Leu Phe Asp Ala Ser Gly Thr Thr Phe Ala Gln Phe Arg Asp Leu Val
995 1000 1005
Asn Lys Arg Leu Lys Asp Asn Ile Gly Asn Pro Arg Asp Pro Glu
1010 1015 1020
Asn Pro Thr Gln Val Lys Ile Asp Glu
1025 1030

<210> 245
<211> 660
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 245
Met Ala Asn Thr Pro Val Asn Tyr Gln Leu Thr Arg Thr Ala Asn Ala
1 5 10 15
Ile Pro Glu Ile Phe Val Gly Gly Thr Phe Ala Glu Ile Lys Gln Asn
20 25 30
Leu Ile Glu Trp Leu Asn Gly Gln Asn Glu Phe Leu Asp Tyr Asp Phe
35 40 45
Glu Gly Ser Arg Leu Asn Val Leu Cys Asp Leu Leu Ala Tyr Asn Thr
50 55 60
Leu Tyr Ile Gln Gln Phe Gly Asn Ala Ala Val Tyr Glu Ser Phe Met
65 70 75 80
Arg Thr Ala Asn Leu Arg Ser Ser Val Val Gln Ala Ala Gln Asp Asn
85 90 95
Gly Tyr Leu Pro Thr Ser Lys Ser Ala Ala Gln Thr Glu Ile Met Leu

100 105 110
Thr Cys Thr Asp Ala Leu Asn Arg Asn Tyr Ile Thr Ile Pro Arg Gly
115 120 125
Thr Arg Phe Leu Ala Tyr Ala Lys Asp Thr Ser Val Asn Pro Tyr Asn
130 135 140
Phe Val Ser Thr Glu Asp Val Ile Ala Ile Arg Asp Lys Asn Asn Gln
145 150 155 160
Tyr Phe Pro Arg Leu Lys Leu Ala Gln Gly Arg Ile Val Arg Thr Glu
165 170 175
Ile Ile Tyr Asp Lys Leu Thr Pro Ile Ile Ile Tyr Asp Lys Asn Ile
180 185 190
Asp Arg Asn Gln Val Lys Leu Tyr Val Asp Gly Ala Glu Trp Ile Asn
195 200 205
Trp Thr Arg Lys Ser Met Val His Ala Gly Ser Thr Ser Thr Ile Tyr
210 215 220
Tyr Met Arg Glu Thr Ile Asp Gly Asn Thr Glu Phe Tyr Phe Gly Glu
225 230 235 240
Gly Glu Ile Ser Val Asn Ala Ser Glu Gly Ala Leu Thr Ala Asn Tyr
245 250 255
Ile Gly Gly Leu Lys Pro Thr Gln Asn Ser Thr Ile Val Ile Glu Tyr
260 265 270
Ile Ser Thr Asn Gly Ala Asp Ala Asn Gly Ala Val Gly Phe Ser Tyr
275 280 285
Ala Asp Thr Leu Thr Asn Ile Thr Ile Ile Asn Ile Asn Glu Asn Pro
290 295 300
Asn Gly Asp Pro Asp Phe Val Gly Ala Asp Gly Gly Gly Asp Pro Glu
305 310 315 320
Asp Ile Glu Arg Ile Arg Glu Leu Gly Thr Ile Lys Arg Glu Thr Gln
325 330 335
Gln Arg Cys Val Thr Ala Thr Asp Tyr Asp Thr Phe Val Ser Glu Arg
340 345 350
Phe Gly Ser Ile Ile Gln Ala Val Gln Thr Phe Thr Asp Ser Thr Lys
355 360 365
Pro Gly Tyr Ala Phe Ile Ala Ala Lys Pro Lys Ser Gly Leu Tyr Leu
370 375 380
Thr Thr Val Gln Arg Glu Asp Ile Lys Asn Tyr Leu Lys Asp Tyr Asn
385 390 395 400
Leu Ala Pro Ile Thr Pro Ser Ile Ile Ser Pro Asn Tyr Leu Phe Ile
405 410 415
Lys Thr Asn Leu Lys Val Thr Tyr Ala Leu Asn Lys Leu Gln Glu Ser
420 425 430
Glu Gln Trp Leu Glu Gly Gln Ile Ile Asp Lys Ile Asp Arg Tyr Tyr
435 440 445
Thr Glu Asp Val Glu Ile Phe Asn Ser Ser Phe Ala Lys Ser Lys Met
450 455 460
Leu Thr Tyr Val Asp Asp Ala Asp His Ser Val Ile Gly Ser Ser Ala
465 470 475 480
Thr Ile Gln Met Val Arg Glu Val Gln Asn Phe Tyr Lys Thr Pro Glu

485 490 495
Ala Gly Ile Lys Tyr Asn Asn Gln Ile Lys Asp Arg Ser Met Glu Ser
500 505 510
Asn Thr Phe Ser Phe Asn Ser Gly Arg Lys Val Val Asn Pro Asp Thr
515 520 525
Gly Leu Glu Glu Asp Val Leu Tyr Asp Val Arg Ile Val Ser Thr Asp
530 535 540
Arg Asp Ser Lys Gly Ile Gly Lys Val Ile Ile Gly Pro Phe Ala Ser
545 550 555 560
Gly Asp Val Thr Glu Asn Glu Asn Ile Gln Pro Tyr Thr Gly Asn Asp
565 570 575
Phe Asn Lys Leu Ala Asn Ser Asp Gly Arg Asp Lys Tyr Tyr Val Ile
580 585 590
Gly Glu Ile Asn Tyr Pro Ala Asp Met Ile Tyr Trp Asn Ile Ala Lys
595 600 605
Ile Asn Leu Thr Ser Glu Lys Phe Glu Val Gln Thr Ile Glu Leu Tyr
610 615 620
Ser Asp Pro Thr Asp Asp Val Ile Phe Thr Arg Asp Gly Ser Leu Ile
625 630 635 640
Val Phe Glu Asn Asp Leu Arg Pro Gln Tyr Leu Thr Ile Asp Leu Glu
645 650 655
Pro Ile Ser Gln
660

<210> 246
<211> 97
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 246
Met Ser Gly Leu Ser Tyr Asp Lys Cys Val Thr Ala Gly His Glu Ala
1 5 10 15
Trp Pro Pro Thr Val Val Asn Ala Thr Gln Ser Lys Val Phe Thr Gly
20 25 30
Gly Ile Ala Val Leu Val Ala Gly Asp Pro Ile Thr Glu His Thr Glu
35 40 45
Ile Lys Lys Pro Tyr Glu Thr His Gly Gly Val Thr Gln Pro Arg Thr
50 55 60
Ser Lys Val Tyr Val Thr Gly Lys Lys Ala Val Gln Met Ala Asp Pro
65 70 75 80
Ile Ser Cys Gly Asp Thr Val Ala Gln Ala Ser Ser Lys Val Phe Ile
85 90 95
Lys

<210> 247
<211> 164
<212> PRT
<213> Unknown
<220>

<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 247

```
Met Glu Gly Ser Ser Ile Asp Val Thr Phe Thr Ala Gln Leu Glu Thr
1               5                  10                  15
Gly Glu Thr Leu Val Ser Ile Asn Ile Thr Ser Tyr Glu Glu Thr Pro
            20                  25                  30
Gly Val Leu Val Glu Glu Asn Arg Leu Tyr Gly Thr Tyr Glu Ser Val
        35                  40                  45
Phe Gly Phe Gly Asn Asp Ala Leu Lys Tyr Arg Leu Gly Asp Glu Phe
    50                  55                  60
Lys Thr Ala Ala Ser Trp Glu Glu Leu Pro Thr Asp Ser Asp Thr Gln
65                  70                  75                  80
Leu Tyr Leu Trp Lys Ala Pro Gln Asn Leu Gln Lys Thr Phe Thr Tyr
                85                  90                  95
Glu Val Thr Leu Ile Tyr Asp Tyr Gln Glu Gln Ser Glu Ser Gly Gly
            100                 105                 110
Ser Gly Ser Asn Ser Arg Ser Ser Ser Asp Thr Thr Glu Pro Thr Asp
        115                 120                 125
Pro Pro Ala Pro Val Arg Lys Thr Leu Val Lys Asn Tyr Thr Lys Thr
    130                 135                 140
Ile Val Gly Asn Trp Ser Arg Trp Ala Asn Lys Leu Arg Ser Tyr Val
145                 150                 155                 160
Tyr Glu Arg Ser
```

<210> 248
<211> 575
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 248

```
Met Glu Met Ile Ser Asn Asn Leu Asn Trp Phe Val Gly Val Val Glu
1               5                  10                  15
Asp Arg Met Asp Pro Leu Lys Leu Gly Arg Val Arg Val Arg Val Val
            20                  25                  30
Gly Leu His Pro Pro Gln Arg Ala Gln Gly Asp Val Met Gly Ile Pro
        35                  40                  45
Thr Glu Lys Leu Pro Trp Met Ser Val Ile Gln Pro Ile Thr Ser Ala
    50                  55                  60
Ala Met Ser Gly Ile Gly Gly Ser Val Thr Gly Pro Val Glu Gly Thr
65                  70                  75                  80
Arg Val Tyr Gly His Phe Leu Asp Lys Trp Lys Thr Asn Gly Ile Val
                85                  90                  95
Leu Gly Thr Tyr Gly Gly Ile Val Arg Glu Lys Pro Asn Arg Leu Glu
            100                 105                 110
Gly Phe Ser Asp Pro Thr Gly Gln Tyr Pro Arg Arg Leu Gly Asn Asp
        115                 120                 125
Thr Asn Val Leu Asn Gln Gly Gly Glu Val Gly Tyr Asp Ser Ser Ser
    130                 135                 140
```

```
Asn Ile Ile Gln Asp Ser Asn Leu Asp Thr Ala Ile Asn Pro Asp Asp
145                 150                 155                 160
Arg Pro Leu Ser Glu Ile Pro Thr Asp Asp Asn Pro Asn Met Ser Met
                165                 170                 175
Ala Asp Met Leu Arg Arg Asp Glu Gly Leu Arg Leu Lys Val Tyr Trp
            180                 185                 190
Asp Thr Glu Gly Tyr Pro Thr Ile Gly Ile Gly His Leu Ile Met Lys
        195                 200                 205
Gln Pro Val Arg Asp Met Ala Gln Ile Asn Lys Val Leu Ser Lys Gln
    210                 215                 220
Val Gly Arg Glu Ile Thr Gly Asn Pro Gly Ser Ile Thr Met Glu Glu
225                 230                 235                 240
Ala Thr Thr Leu Phe Glu Arg Asp Leu Ala Asp Met Gln Arg Asp Ile
                245                 250                 255
Lys Ser His Ser Lys Val Gly Pro Val Trp Gln Ala Val Asn Arg Ser
            260                 265                 270
Arg Gln Met Ala Leu Glu Asn Met Ala Phe Gln Met Gly Val Gly Gly
        275                 280                 285
Val Ala Lys Phe Asn Thr Met Leu Thr Ala Met Leu Ala Gly Asp Trp
    290                 295                 300
Glu Lys Ala Tyr Lys Ala Gly Arg Asp Ser Leu Trp Tyr Gln Gln Thr
305                 310                 315                 320
Lys Gly Arg Ala Ser Arg Val Thr Met Ile Ile Leu Thr Gly Asn Leu
                325                 330                 335
Glu Ser Tyr Gly Val Glu Val Lys Thr Pro Ala Arg Ser Leu Ser Ala
            340                 345                 350
Met Ala Ala Thr Val Ala Lys Ser Ser Asp Pro Ala Asp Pro Pro Ile
        355                 360                 365
Pro Asn Asp Ser Arg Ile Leu Phe Lys Glu Pro Val Ser Ser Tyr Lys
    370                 375                 380
Gly Glu Tyr Pro Tyr Val His Thr Met Glu Thr Glu Ser Gly His Ile
385                 390                 395                 400
Gln Glu Phe Asp Asp Thr Pro Gly Gln Glu Arg Tyr Arg Leu Val His
                405                 410                 415
Pro Thr Gly Thr Tyr Glu Glu Val Ser Pro Ser Gly Arg Arg Thr Arg
            420                 425                 430
Lys Thr Val Asp Asn Leu Tyr Asp Ile Thr Asn Ala Asp Gly Asn Phe
        435                 440                 445
Leu Val Ala Gly Asp Lys Lys Thr Asn Val Gly Gly Ser Glu Ile Tyr
    450                 455                 460
Tyr Asn Met Asp Asn Arg Leu His Gln Ile Asp Gly Ser Asn Thr Ile
465                 470                 475                 480
Phe Val Arg Gly Asp Glu Thr Lys Thr Val Glu Gly Asn Gly Thr Ile
                485                 490                 495
Leu Val Lys Gly Asn Val Thr Ile Val Val Glu Gly Asn Ala Asp Ile
            500                 505                 510
Thr Val Lys Gly Asp Ala Thr Thr Leu Val Glu Gly Asn Gln Thr Asn
        515                 520                 525
```

Thr Val Asn Gly Asn Leu Ser Trp Lys Val Ala Gly Thr Val Asp Trp
530 535 540
Asp Val Gly Gly Asp Trp Thr Glu Lys Met Ala Ser Met Ser Ser Ile
545 550 555 560
Ser Ser Gly Gln Tyr Thr Ile Asp Gly Ser Arg Ile Asp Ile Gly
565 570 575

<210> 249
<211> 196
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 249

Met Leu Phe Thr Phe Phe Asp Pro Ile Glu Tyr Ala Ala Lys Thr Val
1 5 10 15
Asn Lys Asn Ala Pro Thr Ile Pro Met Thr Asp Ile Phe Arg Asn Tyr
20 25 30
Lys Asp Tyr Phe Lys Arg Ala Leu Ala Gly Tyr Arg Leu Arg Thr Tyr
35 40 45
Tyr Ile Lys Gly Ser Pro Arg Pro Glu Glu Leu Ala Asn Thr Ile Tyr
50 55 60
Gly Asn Pro Gln Leu Tyr Trp Val Leu Leu Met Cys Asn Asp Asn Tyr
65 70 75 80
Asp Pro Tyr Tyr Gly Trp Ile Thr Ser Gln Glu Ala Ala Tyr Gln Ala
85 90 95
Ser Ile Gln Lys Tyr Lys Asn Val Gly Gly Asp Gln Ile Val Tyr His
100 105 110
Val Asn Glu Asn Gly Glu Lys Phe Tyr Asn Leu Ile Ser Tyr Asp Asp
115 120 125
Asn Pro Tyr Val Trp Tyr Asp Lys Gly Asp Lys Ala Arg Lys Tyr Pro
130 135 140
Gln Tyr Glu Gly Ala Leu Ala Ala Val Asn Thr Tyr Glu Asp Ala Val
145 150 155 160
Leu Glu Asn Glu Lys Leu Arg Gln Ile Lys Ile Ile Ala Lys Ser Asp
165 170 175
Ile Asn Ser Phe Met Asn Asp Leu Ile Arg Ile Met Glu Lys Ser Tyr
180 185 190
Gly Asn Asp Lys
195

<210> 250
<211> 150
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 250

Met Ala Tyr Ser Gly Lys Trp Val Pro Lys Asn Ile Ser Lys Tyr Arg
1 5 10 15

Gly Asp Pro Lys Lys Ile Thr Tyr Arg Ser Asn Trp Glu Lys Phe Phe
20 25 30
Phe Glu Trp Leu Asp Lys Asn Pro Glu Ile Ile Ala Trp Gly Ser Glu
35 40 45
Thr Ala Val Ile Pro Tyr Phe Cys Asn Ala Glu Gly Lys Lys Arg Arg
50 55 60
Tyr Phe Met Asp Ile Trp Met Lys Asp Ser Ser Gly Gln Glu Phe Phe
65 70 75 80
Ile Glu Ile Lys Pro Lys Lys Glu Thr Gln Pro Pro Val Lys Pro Ala
85 90 95
His Leu Thr Thr Ala Ala Lys Lys Arg Phe Met Asn Glu Ile Tyr Thr
100 105 110
Tyr Ser Val Asn Thr Asp Lys Trp Lys Ala Ala Gln Ala Leu Ala Glu
115 120 125
Lys Arg Gly Ile Lys Phe Arg Ile Leu Thr Glu Asp Gly Leu Arg Ala
130 135 140
Leu Gly Phe Lys Gly Ala
145 150

<210> 251
<211> 274
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 251

Met Ala Ile Phe Gln Ile Ile Asn Glu Ser Thr Pro Gln Val Pro Lys
1 5 10 15
Val Lys Gln Ser Leu Asn Glu Lys Lys Trp Ile Gln Ile Gly Leu Glu
20 25 30
Tyr Lys Lys Ala Lys Ala Lys Gly Met Thr Gly Lys Gln Phe Ala Glu
35 40 45
Glu Arg Gly Ile Lys Tyr Ser Thr Phe Thr Ser Ala Met Ser Lys Tyr
50 55 60
Ala Ser Gly Ile Lys Thr Ala Glu Lys Ile Gln Lys Leu Glu Ser Lys
65 70 75 80
Pro Met Asn Lys Leu Asn Lys Gln Glu Arg Gln Leu Leu Met Ile Asn
85 90 95
Ser Phe Arg Gln Thr Leu Arg Asp Lys Ile Arg Asn Glu Gly Ala Ala
100 105 110
Ile Asn Asn Lys Thr Arg Lys Trp Phe Ala Glu Thr Ile Lys Gln Val
115 120 125
Lys Gly His Lys Val Val Arg Pro Gln Pro Gly Arg Ile Tyr Ala Phe
130 135 140
Ala Tyr Asp Ala Lys His Lys Glu Thr Leu Pro Tyr Trp Asp Lys Phe
145 150 155 160
Pro Leu Ile Ile Tyr Leu Gly Leu Gly Lys His Asn Leu Met Tyr Gly
165 170 175
Leu Asn Leu His Tyr Ile Pro Pro Lys Ala Arg Gln Gln Phe Leu Glu

180 185 190

Glu Leu Leu Lys Gln Tyr Ala Asn Thr Pro Thr Ile Thr Asn Lys Thr
195 200 205

Lys Leu Lys Ile Asp Trp Ser Gln Val Lys Gly Phe Arg Gly Ala Asp
210 215 220

Gln Met Ile Lys Ala Tyr Ile Pro Gly Asn Ile Met Gly Ser Leu Val
225 230 235 240

Glu Ile Ala Pro Lys Asp Trp Ala Asn Val Val Leu Met Pro Leu Gln
245 250 255

Gln Phe Val Ser Lys Gly Lys Arg Phe Ser Ala Asn Lys Val Trp Ser
260 265 270

Asn Ile

<210> 252

<211> 176

<212> PRT

<213> Unknown

<220>

<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08

<400> 252

Met Ser Gln Ala Leu Gln Gln Ile Phe Asn Gln Ala Asn Thr Thr Asn
1 5 10 15

Phe Val Val Ser Ile Pro His Ser Asn Thr Thr Ser Ala Phe Thr Leu
20 25 30

Asn Ala Gln Ser Val Pro Ile Pro Gly Ile Arg Ile Pro Val Thr Asp
35 40 45

Thr Val Thr Gly Pro Phe Gly Leu Gly Arg Ala Gln Arg Pro Gly Ala
50 55 60

Thr Phe Glu Tyr Asp Pro Leu Ile Val Arg Phe Ile Val Asp Glu Glu
65 70 75 80

Leu Lys Ser Trp Ile Gly Met Tyr Glu Trp Met Leu Gly Thr Ser Asn
85 90 95

Tyr Leu Thr Gly Glu Asn Thr Ala Gln Lys Thr Gly Pro Glu Tyr Ile
100 105 110

Thr Leu Tyr Ile Leu Asp Asn Ser Lys Thr Glu Ile Val Met Ser Ile
115 120 125

Asn Phe Tyr Lys Pro Trp Val Ser Asp Leu Ser Glu Val Glu Phe Ser
130 135 140

Tyr Thr Glu Asp Ser Asp Pro Ala Leu Val Cys Thr Ala Thr Ile Pro
145 150 155 160

Tyr Thr Tyr Phe Gln Val Glu Lys Asp Gly Lys Ile Ile Ala Glu Val
165 170 175

<210> 253

<211> 241

<212> PRT

<213> Unknown

<220>

<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08

<400> 253

Met Lys Leu Ile Phe Leu Ser Gly Val Lys Arg Ser Gly Lys Asp Thr
1 5 10 15
Thr Ala Asp Phe Ile Met Ser Asn Tyr Ser Ala Val Lys Tyr Gln Leu
20 25 30
Ala Gly Pro Ile Lys Asp Ala Leu Ala Tyr Ala Trp Gly Val Phe Ala
35 40 45
Ala Asn Thr Asp Tyr Pro Cys Leu Thr Arg Lys Glu Phe Glu Gly Ile
50 55 60
Asp Tyr Asp Arg Glu Thr Asn Leu Asn Leu Thr Lys Leu Glu Val Ile
65 70 75 80
Thr Ile Met Glu Gln Ala Phe Cys Tyr Leu Asn Gly Lys Ser Pro Ile
85 90 95
Lys Gly Val Phe Val Phe Asp Asp Glu Gly Gln Glu Ser Val Asn Ser
100 105 110
Val Ala Phe Asn Lys Ile Ile Asp Val Ile Asn Asn Ile Glu Asp Gln
115 120 125
Trp Ser Val Arg Arg Leu Met Gln Ala Leu Gly Thr Asp Leu Ile Val
130 135 140
Asn Asn Phe Asp Arg Met Tyr Trp Val Lys Leu Phe Ala Leu Asp Tyr
145 150 155 160
Leu Asp Lys Phe Asn Ser Gly Tyr Asp Tyr Tyr Ile Val Pro Asp Thr
165 170 175
Arg Gln Asp His Glu Met Asp Ala Ala Arg Ala Met Gly Ala Thr Val
180 185 190
Ile His Val Val Arg Pro Gly Gln Lys Ser Asn Asp Thr His Ile Thr
195 200 205
Glu Ala Gly Leu Pro Ile Arg Asp Gly Asp Leu Val Ile Thr Asn Asp
210 215 220
Gly Ser Leu Glu Glu Leu Phe Ser Lys Ile Lys Asn Thr Leu Lys Val
225 230 235 240
Leu

<210> 254
<211> 76
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 254

Met Ser Glu Gln Thr Ile Glu Gln Lys Leu Ser Ala Glu Ile Val Thr
1 5 10 15
Leu Lys Ser Arg Ile Leu Asp Thr Gln Asp Gln Ala Ala Arg Leu Met
20 25 30
Glu Glu Ser Lys Ile Leu Gln Gly Thr Leu Ala Glu Ile Ala His Ala
35 40 45
Val Gly Ile Thr Gly Asp Thr Ile Lys Val Glu Glu Ile Val Glu Ala
50 55 60
Val Lys Asn Leu Thr Ala Glu Ser Ala Asp Glu Glu
65 70 75

<210> 255
<211> 151
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 255

```
Met Glu Phe Lys Asp Phe Ser Thr Gly Leu Tyr Val Ala Ala Lys Phe
1               5                  10                  15
Ser Glu Leu Thr Leu Asp Ala Leu Glu Glu Leu Gln Arg Ser Leu Arg
            20                  25                  30
Val Pro Asn Pro Val Pro Arg Glu Lys Ile His Ser Thr Ile Cys Tyr
        35                  40                  45
Ser Arg Val Asn Val Pro Tyr Val Pro Ser Ser Gly Ser Phe Glu Val
    50                  55                  60
Ala Ser Ser Gly His Leu Glu Val Trp Lys Thr Gln Asp Gly Ser Thr
65                  70                  75                  80
Leu Val Leu Val Leu Asp Ser Glu Tyr Leu Arg Cys Arg His Met Tyr
                85                  90                  95
Ala Arg Ala Leu Gly Ala Thr His Asp Phe Asp Asp Tyr Thr Pro His
            100                 105                 110
Ile Thr Leu Ser Tyr Asn Val Gly Pro Leu Ser Phe Ser Gly Asp Val
        115                 120                 125
Gln Ile Pro Val Val Leu Asp Arg Glu Tyr Lys Glu Pro Leu Lys Leu
    130                 135                 140
Asp Trp Ala Asp Asp Leu Lys
145                 150
```

<210> 256
<211> 85
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 256

```
Met Lys Thr Phe Lys Glu Phe Ala Thr Lys Thr Thr Ile Thr Glu Ser
1               5                  10                  15
Ser His Gly Met Glu Val Lys Leu Gly Met Ala Leu Ala Glu Ala Glu
            20                  25                  30
Arg Leu Phe Ser Arg Ile Lys Glu Leu Ala Ala Ala Val Asp Pro Ser
        35                  40                  45
Ser Phe Lys Gly Asp Gln Thr Lys Val Lys Ala Leu Leu Ala Leu Cys
    50                  55                  60
Ser Asp Ala Gly Glu Ile Ala Lys Asn Gly Ser Lys Met Lys Lys Arg
65                  70                  75                  80
Leu Glu Asp Leu Lys
                85
```

<210> 257
<211> 81

<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 257

```
Met Glu Ile Lys Met Lys Thr Tyr Gln Glu Phe Ile Ala Glu Thr Ala
1               5                  10                  15
Asp Val Lys Val Glu Phe Ile Tyr Thr Gly Lys Lys Asp Lys Met Gly
            20                  25                  30
Glu Met Pro His Gly Val Leu Arg Asp Ala Leu Asp Asn Phe Gly Gln
        35                  40                  45
Leu Ala Ala Glu Asp Tyr Gly Asp Lys Ile Val Val Thr Gly Pro Ala
    50                  55                  60
Ala Val Ile Glu Lys Trp Ala Ala Glu Asn Lys Ser Ile Phe Arg Lys
65                  70                  75                  80
Lys
```

<210> 258
<211> 61
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 258

```
Met Lys Arg Cys Glu Leu Ile Arg Asn Val Ala Ile Ala Ile Ser Ala
1               5                  10                  15
Ser Ala Phe Ser Phe Ser Met Phe Val Gly Phe Ile Cys Gly Leu Leu
            20                  25                  30
Thr Thr Ala Glu Asn Val Phe Ser Leu Val Val Ala Phe Leu Ile Gly
        35                  40                  45
Leu Ile Ala Ile Val Met Asp Lys Ile Ser Lys Gly Glu
    50                  55                  60
```

<210> 259
<211> 132
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 259

```
Met Asn Val Glu Tyr Tyr Val Tyr Ala Asp Tyr Glu Asn Asn Pro Ser
1               5                  10                  15
Lys Asp Glu Asp Asn Arg Leu Gly Val Asp Ala Phe Asp Ser Pro Ala
            20                  25                  30
Ala Ala Trp Gln Trp Val Glu Arg Thr Asp Ile Pro Tyr Arg Tyr Ile
        35                  40                  45
Glu Val Val Asp His Ala Gly Asn Lys Tyr Pro Lys Glu Ala Tyr Val
    50                  55                  60
Ala Ser Gly Lys Val Asn Phe Leu Leu Phe Ala Gly Asp Asn Tyr Tyr
65                  70                  75                  80
```

Pro Arg Gly Gly Tyr Thr Asp Leu Ile Ala Lys Ala Phe Ser Glu Asp
85 90 95
Glu Leu Arg Asp Ile Ile Lys Glu Asn Glu Asn Lys Pro Met Asp Ser
100 105 110
Asn Arg Phe Asp Trp Trp Gln Ile Val Asn Ala Asn Thr His Thr Ile
115 120 125
Val Asp Glu Gly
130

<210> 260
<211> 95
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 260
Met Ile Leu Tyr Ala Lys Val Ser Ser Ile Glu Asn Gly Tyr Lys Tyr
1 5 10 15
Asp Gln Asp Ala Ala Lys Ala Leu Ile Asp Asp Tyr Gly Ile Leu Thr
20 25 30
Cys Phe Glu Val Glu Lys Val Tyr Ile Asp Arg Ser Ser Ser Gln Val
35 40 45
Lys Leu Val Lys Glu Glu Arg Lys Phe Asn Thr Val Asn Phe Asp Phe
50 55 60
Phe Ile Glu Thr Glu Lys Gly Pro Leu Glu Tyr Asp Ile Phe Lys Asn
65 70 75 80
Pro Leu Gly Leu Glu Cys Ile Val Asn Met Tyr Tyr Tyr Lys Trp
85 90 95

<210> 261
<211> 73
<212> RNA
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 261
ugggaauuag ccaaguuggu aaggcacugg auuuugauuc caggaugcaa agguucgagu 60
ccuuuauucc cag 73

<210> 262
<211> 84
<212> RNA
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 262
gcgagaaugg ccaaauuggu aaaggcacag cacuuaaaau gcugcggaau gauuuccuug 60
uggguucgag ucccacuucu cgca 84

<210> 263
<211> 71
<212> RNA

<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 263
gcggauaucg uauaauggua uuaccucaga cuuccaaucu gaugauguga guucgauucu 60
cauuauccgc u 71
<210> 264
<211> 74
<212> RNA
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 264
cuccguguag cucaguuugg uagagcgucu gcuuugggag cagaaugucg uagguucaaa 60
uccugccacg gaga 74
<210> 265
<211> 87
<212> RNA
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 265
ggaggcgugg cagagugguu uaaugcaccg gucuugaaaa ccggcagucg cuccggcgac 60
ucauagguuc aaauccuauc gccuccg 87
<210> 266
<211> 73
<212> RNA
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 266
gcugauuuag cucaguaggu agagcaacuc acuuguaaug agaaggucgg cgguucgauu 60
ccgucaauca gca 73
<210> 267
<211> 72
<212> RNA
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 267
ggcccuguag cuggaagguu caagcaagcg acucauaauc gccagauggu gguucaauuc 60
cacccagggc ca 72
<210> 268
<211> 84
<212> RNA
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08

<400> 268
ggggaguuau cccguagagg uagcggugug gacuguaaau ccauugucau ugcgacucgg 60
gugguucgac uccaccacuc ccca 84
<210> 269
<211> 72
<212> RNA
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 269
ggauguguag cucaauggca gagcgaucgc cuguuaagcg auugguuaua gguucgaauc 60
cuaucacguc cg 72
<210> 270
<211> 73
<212> RNA
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 270
guggccguag uucaguuggu agaacucgag auugugauuc ucguagucau ggguucgacu 60
cccaucgguc acc 73
<210> 271
<211> 73
<212> RNA
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 271
cggggcauag cucagaagga agagcaagga ccuucuaagu ccuaggucgu agguucgauc 60
ccuacugccu cga 73
<210> 272
<211> 116
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 272

Met	Lys	Gly	Asn	Val	Tyr	Leu	Val	Val	His	Asp	Leu	Thr	Phe	Tyr	Phe
1				5				10					15		
Asn	His	Asn	Asp	Thr	Val	Ile	Ser	Glu	Arg	Val	Ile	Asn	Leu	Leu	Tyr
			20					25				30			
Gln	His	Ala	Asp	Tyr	Val	Tyr	Val	Glu	Asn	Glu	Tyr	Gly	His	Trp	Gln
		35					40					45			
Phe	Leu	Lys	Asn	Arg	Ser	Phe	Gly	Leu	Asp	Gly	Tyr	Glu	Tyr	Phe	Asp
	50					55					60				
Arg	Lys	Asp	Leu	Leu	Asp	Thr	Ile	Pro	Leu	Ser	Thr	Gln	Tyr	Gln	Asn
65					70					75					80
His	Lys	Ser	Leu	His	Lys	Cys	Arg	Leu	Ile	Arg	Asn	Ala	Glu	Ser	Ala

85 90 95
Tyr Glu Ala Ile Asp Leu Trp Arg Lys Arg Arg Glu Tyr Ile Asp Ser
100 105 110
Leu Lys Glu Tyr
115
<210> 273
<211> 157
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 273
Met Lys Ser Tyr Thr Gln Phe Leu Asn Glu Ala Val Leu Asn Glu Ala
1 5 10 15
Ser Ser Thr Glu Ile Gln Ala Val Ala Lys Ala Ala Ile Ala Ala Gly
20 25 30
Lys Tyr Ser Tyr Lys Asp Ala Ser Asp Glu Ser Arg Phe Gln Phe Ala
35 40 45
Arg Asp Met Lys Ala Glu Gly Phe Thr Gly Asn Ala Val Ser Met Ala
50 55 60
Trp Lys Ser Leu Val Ala Thr Gly Ala Ala Phe Ala Lys Ala Ser Gly
65 70 75 80
Lys Pro Ala Pro Lys Ala Asp Pro Lys Ala Ala Gln Glu Lys Asn Ile
85 90 95
Val Lys Gly Ile Ile Ala Lys Tyr Glu Ala Ile Leu Lys Glu Leu Leu
100 105 110
Val Ile Lys Thr Glu Gly Gln Lys Leu Ala Arg Ala Tyr Ser Phe Lys
115 120 125
Asp Asn Pro His Val His Ser Leu Glu Tyr Val Glu Asp Ile Gln Lys
130 135 140
Ile Ile Lys Asp Arg Ile Trp Ser Ala Lys Gln Ile Lys
145 150 155
<210> 274
<211> 187
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 274
Met Lys Thr Tyr Ala Glu Phe Leu Thr Glu Ala Ala Lys Leu Pro Ser
1 5 10 15
Glu Ala Asp Leu Thr Lys Val Phe Phe Gln Leu Asp Pro Lys Asp Arg
20 25 30
Gly Asp Phe Leu Lys Trp Lys Ala Lys Ala Ile Glu Met Tyr Asn Ile
35 40 45
Asp Asn Ser Ser Phe Thr Met Ser Gln Glu Asn Lys Phe Asn Lys Ala
50 55 60
Phe Phe Lys Ile Ser Lys Lys Leu Ala Ser Gly Ala Gln Val Pro Lys

65 70 75 80
Ser Val Leu Ala Thr Pro Glu Arg Ala Pro Val Lys Ile Ser Lys Asn
85 90 95
Met Phe Asp Thr Lys Lys Tyr Val Asn Ala Leu Asn Lys Ala Leu Asp
100 105 110
Ala Leu Asp Asp Ala Lys Lys Ala Ala Arg Asp Leu Gln Asp Val Tyr
115 120 125
Thr Asp Phe Asp Arg Lys Thr Lys Gly Ser Ile Ser Asn Ser Glu Arg
130 135 140
Asn Ser Val Ser Val Tyr Ser Asp Ser Leu Asp Val Leu Gly Asp Ala
145 150 155 160
Tyr Thr Glu Ile Lys Asn Arg Ile Asn Thr Ala Ser Lys Leu Lys Ala
165 170 175
Ala Ala Glu Ala Ile Ile Ser Lys Leu Gly Lys
180 185

<210> 275
<211> 87
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 275
Met Asp Asn Tyr Gly Glu Leu Phe Asn Phe Phe Met Lys Cys Val Ser
1 5 10 15
Glu Asp Phe Gly Arg Thr Val Asn Asp Ile Lys Val Ile Gly Pro Asp
20 25 30
His Pro Met Phe Glu Thr Tyr Ala Val Met Gly Asn Glu Asp Gly Gln
35 40 45
Trp Tyr Thr Val Lys Val Val Ile Asn Met Phe Thr Ala Glu Gly Tyr
50 55 60
Val Lys Leu Ser Ser Lys Val Tyr His Asp Asn Asp Glu Ile Ala Glu
65 70 75 80
Glu Tyr Phe Asn Asn Met Lys
85

<210> 276
<211> 197
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 276
Met Asn Thr Leu Lys Lys Ile Val Glu Phe Ile Arg Thr Lys Leu Gly
1 5 10 15
Ser Ala Met Ala Lys Asn Leu Ser Val Glu Glu Gln Tyr Thr Ala Ala
20 25 30
Ala Ala Lys Leu Leu Asp Lys Ile Lys Asp Leu Lys Thr Ala Ser Val
35 40 45
Lys Ser Ile Asn Glu Glu Lys Arg Ile Arg Glu Leu Val Ile Glu Lys

50 55 60

Asn Arg Gln Ala Glu Ser Lys Glu Arg Glu Ile Arg Lys Leu Leu Ser
65 70 75 80

Glu Gly Gln Asp Val Thr Met His Ala Lys Leu Gly Leu Leu Tyr Arg
85 90 95

Arg Thr Ala Glu Gln Leu Thr Thr Lys Ala Asp Gly Tyr Ala Glu Met
100 105 110

Arg Ile Glu Ile Ala Lys Lys Val Val Glu Leu Asp Asp Ala Arg Gln
115 120 125

Glu Leu Ala Val Lys Leu Glu Tyr Ile Arg Glu Thr Arg Ala Ala Asn
130 135 140

Ala Leu Gly Ile Ser Thr Ala Asp Asp Val Val Glu Ile Ala Ala Leu
145 150 155 160

Thr Lys Val Asp Ile Glu Asp Thr Leu Ala Arg Val Glu Thr Phe Asn
165 170 175

Gly Asn Ile Ser Gly Val Glu Thr Thr Ser Ala Asp Val Gln Glu Tyr
180 185 190

Ile Asn Ser Leu Lys
195

<210> 277
<211> 202
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 277

Met Lys Met Gln Ser Asp Phe Asn Ser Met Phe Glu Glu Phe Gln Arg
1 5 10 15

Gln Val Asp Val Pro Asp Gln Leu Leu Asn Ala Leu Lys Arg Met Ala
20 25 30

Glu Gly Arg Asn Tyr Tyr Trp Gly Ser Ser Tyr Glu Thr Asp Glu Ser
35 40 45

Leu Ser Gly Arg Phe Ser Arg Gly Lys Lys Ser Leu Ile Arg Pro Gly
50 55 60

Ile Leu Ile Asn Ser Ile Glu Ser Ile His Ser Leu Thr Cys Asp Phe
65 70 75 80

Asp Val Glu Phe Thr Asp Phe Ile Ser Pro Glu Trp Thr Val Cys Tyr
85 90 95

Leu Asn Asp Asp Phe Asp Tyr Leu Gly Val Tyr Ser Leu Ser Asp Ala
100 105 110

Trp Phe Lys Arg Asn Leu Gln Lys Ser Asn Leu Phe Tyr Ile Asp Thr
115 120 125

Thr Val Lys Phe Gln Gly Lys Lys Tyr Phe Phe Thr Leu Ile Val Asp
130 135 140

Ser Glu Thr Lys His Glu Asn Lys Arg Ile Leu Ser Lys Lys Asn Ile
145 150 155 160

Leu Thr Ile Val Asp Asp Leu Phe Asp Lys Phe Val Glu Asn Pro Asn
165 170 175

Phe Glu Ser Asp Leu Leu Leu Glu Lys Phe Val Lys Glu Cys Arg Glu
180 185 190
Tyr Val Lys Thr Ile Thr Ile Pro Ser Lys
195 200

<210> 278
<211> 130
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 278
Met Ser Lys Pro Ser Leu Tyr Leu Pro Ser Lys Pro Val Lys Tyr Glu
1 5 10 15
Pro Lys Arg Gln Ile Ile Ser Thr Asp Val Leu Ile Gly Pro Val Ile
20 25 30
Leu Ile Ser Phe Val Ile Leu Leu Ile Ile Gly Gly Val Leu Asp Val
35 40 45
Met Thr Asp Ile Asp Ser Gly Glu Ile Leu Val Leu Met Leu Ile Leu
50 55 60
Pro Leu Ile Val Pro Leu Leu Leu Val Pro Val Asn Trp Val Gly Tyr
65 70 75 80
Trp Tyr Gln Gly Arg His Tyr Arg Lys Arg Val Arg Asp Trp Lys Ala
85 90 95
Gln Cys Lys Lys Ile Lys Lys Glu His Gln Leu Lys Leu Asp Met Tyr
100 105 110
Glu Phe Asp Glu Ile Met Lys Phe Val Lys Glu Ser Arg Cys Lys Ser
115 120 125
Gln Asn
130

<210> 279
<211> 120
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 279
Met Gln Lys Pro Lys Leu Asn Lys Val Lys Tyr Ser Phe Pro Glu Ala
1 5 10 15
Leu Leu Ile Leu Ala Val Ser Val Phe Thr Ala Leu Ala Gly Ser Leu
20 25 30
Ile Gly Leu Leu Ile Asp Cys Phe Ile Leu Asn Ile Asp Gly Thr Val
35 40 45
Ile Ile Thr Glu Val Trp Ser Glu Leu Arg Phe Thr Ile Ala Ile Ser
50 55 60
Leu Phe Ser Phe Phe Gly Thr Met Leu Tyr Phe His Tyr Asp Asn Phe
65 70 75 80
Lys Ile Asn Trp Gln Arg Lys Lys Asp Tyr Lys Ile Gln Leu Lys Glu
85 90 95

Tyr Asn Ser Tyr Met Ser Tyr Ile Glu Lys Glu Ser Met Glu Glu Phe
100 105 110
Val Ser Asp Cys Arg Lys Ile Lys
115 120

<210> 280
<211> 162
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 280
Met Ile Leu Lys Thr Arg Trp Tyr Asp Leu Asp Asp Gly Asp Asp Gly
1 5 10 15
Ile Ser Val Asp Arg Val Asp Trp Ser Gly Cys Ser Glu Asp Thr Lys
20 25 30
Lys Arg Leu Ile Arg Glu Phe Arg Met Gly Tyr Gln Ala Val Lys Pro
35 40 45
Ser Thr Val Thr Asp Asp Lys Phe Val Cys Ile His Asn Gly Arg Ala
50 55 60
Lys Leu Thr Asn Ala Glu Trp Phe Thr Asp Lys Ile Met Ile Leu Trp
65 70 75 80
Tyr Ile Ile Ser Leu Pro Val Ser Ser Phe Val Phe Tyr Phe Phe Ile
85 90 95
Lys Asn Pro Met Asp Arg Ile Gly Asp Trp Ile Leu Leu Thr Ile Leu
100 105 110
Val Asn Ile Phe Thr Ala Ser Ile Leu Ser Gly Ile Trp Tyr Thr Phe
115 120 125
Ile Glu Met Pro Trp Arg Leu Arg Arg Gln Gln Lys Ile Phe Asp Glu
130 135 140
Lys Lys Tyr Thr Gln Asn Leu Asn Asn Phe Ile Thr Glu Cys Arg Lys
145 150 155 160
Leu Lys

<210> 281
<211> 146
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 281
Met Lys Thr Leu Ser Ala Gly Ile Ile Phe Met Thr Glu Asp Lys Asp
1 5 10 15
Leu Phe Met Gly Arg Val Thr Gly Ser Arg Lys Pro Gly Met Met Ala
20 25 30
His Arg Trp Asp Ile Pro Lys Gly Arg Val Glu Ser Ser Asp Leu Asn
35 40 45
Ala Leu Glu Ala Ala Lys Arg Glu Cys Leu Glu Glu Thr Gly Phe Ser
50 55 60
Asn Tyr Asn Pro Asp Leu Leu Glu Asp Leu Gly Val Phe Lys Tyr Ser

65 70 75 80
Ser Asn Lys Asp Leu Gln Leu Phe Tyr Tyr Thr Ile Pro Val Glu His
85 90 95
Glu Met Phe Arg Asn Cys His Cys Glu Ser Tyr Phe Glu Asn Lys Asp
100 105 110
Gly Val Met Ile Pro Glu Met Asp Ala Phe Ala Leu Ile Pro Arg Thr
115 120 125
Gln Trp Gln Tyr Val Met Gly Pro Ser Leu Tyr Arg Ile Met Asn Ser
130 135 140
Leu Phe
145

<210> 282
<211> 164
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 282
Met Asn Ile Phe Glu Met Leu Arg Ile Asp Glu Gly Leu Arg Leu Lys
1 5 10 15
Ile Tyr Lys Asp Thr Glu Gly Tyr Tyr Thr Ile Gly Ile Gly His Leu
20 25 30
Leu Thr Lys Ser Pro Ser Leu Ser Val Ala Lys Ser Glu Leu Asp Lys
35 40 45
Ala Ile Gly Arg Asn Cys Asn Gly Val Ile Thr Lys Asp Glu Ala Glu
50 55 60
Lys Leu Phe Asn Gln Asp Val Asp Ala Ala Val Arg Gly Ile Leu Arg
65 70 75 80
Asn Ala Lys Leu Lys Pro Val Tyr Asp Ser Leu Asp Ala Val Arg Arg
85 90 95
Cys Ala Leu Ile Asn Met Val Phe Gln Met Gly Glu Thr Gly Val Ala
100 105 110
Gly Phe Thr Asn Ser Leu Arg Met Leu Gln Gln Lys Arg Trp Asp Glu
115 120 125
Ala Ala Val Asn Leu Ala Lys Ser Arg Trp Tyr Asn Gln Thr Pro Asn
130 135 140
Arg Ala Lys Arg Val Ile Ala Thr Phe Arg Thr Gly Thr Trp Asp Ala
145 150 155 160
Tyr Lys Asn Leu

<210> 283
<211> 138
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 283
Met Thr Arg Ile Asn Leu Thr Leu Val Ser Glu Leu Ala Asp Gln His
1 5 10 15

Leu Ile Ala Glu Tyr Arg Glu Leu Pro Arg Val Phe Gly Ile Val Arg
20 25 30
Lys His Val Ala Asn Gly Lys Arg Val Lys Asp Phe Lys Ile Ser Ser
35 40 45
Lys Phe Ile Leu Gly Ser Gly His Val Thr Phe Phe Tyr Asp Lys Leu
50 55 60
Glu Phe Leu Arg Lys Arg Gln Ser Asp Ile Ile Thr Glu Cys Leu Lys
65 70 75 80
Arg Gly Phe Ser Ile Lys Asp Thr Glu Val Pro Asp Ile Ser Asp Ile
85 90 95
Pro Val Glu Trp Lys Asn Asp Tyr Asn Pro Cys Lys Ser Ala Ile Lys
100 105 110
Leu Ser Gln Gln Arg Leu Asp Glu Lys Ile Leu Met Lys Pro His Trp
115 120 125
Tyr Lys Tyr Tyr Gly Lys Asn Ile Tyr Ile
130 135

<210> 284
<211> 179
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 284

Met Arg Thr Phe Leu Thr Gly Pro Tyr Leu Ser Leu Met Asn Ala Phe
1 5 10 15
Thr His His Ser Asp Ala Arg Val Glu Glu Ile Cys Lys Asn Glu Tyr
20 25 30
Ile Pro Pro Phe Glu Asp Leu Leu Lys Gln Tyr Cys Thr Leu Arg Leu
35 40 45
Asp Gly Gly Arg Gln Ser Gly Lys Ser Thr Ala Val Thr Asn Phe Ala
50 55 60
Ala Asn Trp Leu Tyr Asp Gly Gly Thr Val Ile Val Leu Ser Asn Thr
65 70 75 80
Ser Ala Tyr Ala Lys Ile Ser Ala Asp Asn Ile Lys Lys Glu Phe Ser
85 90 95
Arg Tyr Ser Asn Asp Asp Ile Arg Phe Arg Leu Phe Thr Asp Ser Val
100 105 110
Arg Ser Phe Ile Gly Asn Lys Gly Ser Lys Phe Arg Gly Leu Ser Leu
115 120 125
Ser Arg Ile Leu Tyr Ile Ile Asp Glu Pro Val Lys Ser Pro Asp Met
130 135 140
Asp Lys Ile Tyr Ser Val His Ile Asp Thr Val His Cys Cys Cys Asn
145 150 155 160
Ile Lys Cys Cys Ile Gly Gly Ile Thr Arg Pro Gln Phe Phe Val Ile
165 170 175
Gly Met Gln

<210> 285
<211> 109

<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 285

```
Met Met Thr Asp Thr Gln Leu Phe Glu Tyr Leu Tyr Phe Ser Pro Lys
1               5                  10                  15
Thr Ile Lys Asn Lys Leu Val Asn His Phe Glu Ile Leu Ala Lys Asn
            20                  25                  30
Asn Ile Leu Ser Glu Phe Tyr Pro Lys Gln Tyr Lys Leu Gln Lys Gly
        35                  40                  45
Val Phe Lys Gly Cys Arg Val Leu Cys Thr Ala Pro Asn Ala Arg Leu
    50                  55                  60
Met Asn Lys Ile Pro Tyr Phe Thr Met Glu Phe Ile Asp Gly Pro Phe
65                  70                  75                  80
Lys Gly Leu Ile Thr Gln Ser Leu Met Ala Tyr Asp Ser Glu Pro Phe
                85                  90                  95
Leu Ile Lys Glu Gln Ser Trp Ile Asn Leu Phe Phe Asn
            100                 105
```

<210> 286
<211> 120
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 286

```
Met Lys Ala Tyr Gln Ile Leu Glu Gly Thr His Lys Gly Thr Ile Tyr
1               5                  10                  15
Phe Glu Asp Gly Ile Gln Ala Arg Ile Ile Val Ser Lys Thr Phe Lys
            20                  25                  30
Glu Asp Ser Phe Val Asp Pro Glu Ile Phe Tyr Gly Leu His Ala Arg
        35                  40                  45
Glu Ile Glu Ile Glu Gln Gln Pro Thr Val Lys Ile Glu Gly Gly Gln
    50                  55                  60
His Leu Asn Val Asn Val Leu Arg Arg Glu Thr Leu Glu Asp Ala Val
65                  70                  75                  80
Lys His Pro Glu Lys Tyr Pro Gln Leu Thr Ile Arg Val Ser Gly Tyr
                85                  90                  95
Ala Val Arg Phe Asn Ser Leu Thr Pro Glu Gln Gln Arg Asp Val Ile
            100                 105                 110
Ala Arg Thr Phe Thr Glu Ser Leu
        115                 120
```

<210> 287
<211> 73
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08

<400> 287
Met Ala Lys Ile Ile Ile Glu Gly Ser Glu Asp Val Leu Asn Ala Phe
1 5 10 15
Ala Glu Trp Phe Ser Asn Ser Gly Glu Gln Gln Phe Asn Glu Ala Trp
20 25 30
Asn Met Gly Asp Ile Asn Gly Ile Tyr Pro Thr Thr Glu Ile Ser Val
35 40 45
Gln Gly Tyr Gly Ile His Glu Pro Ile Arg Leu Val Glu Tyr Asp Leu
50 55 60
Gly Thr Gly Glu Glu Val Lys Tyr Asp
65 70
<210> 288
<211> 88
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 288
Met Ile Glu Asp Ile Lys Gly Tyr Lys Pro His Thr Asp Asp Lys Ile
1 5 10 15
Ser Lys Val Asn Ala Ile Lys Asp Ala Glu Val Arg Leu Gly Leu Ile
20 25 30
Phe Asp Ala Leu Tyr Asp Glu Phe Trp Glu Ala Phe Asp Ser Cys Glu
35 40 45
Asp Asp Glu Leu Ala Lys Asn Tyr Ala Glu Ser Leu Asp Gln Leu Thr
50 55 60
Ile Ala Lys Met Lys Leu Lys Glu Ala Ser Met Trp Ala Cys Arg Ala
65 70 75 80
Val Phe Gln Pro Glu Glu Lys Tyr
85
<210> 289
<211> 92
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 289
Met Ala Gln Leu Ser Ala Gly Phe Gly Tyr Glu Tyr Tyr Thr Ala Pro
1 5 10 15
Arg Arg Val Ser Val Ala Pro Lys Lys Ile Gln Ser Leu Asp Asp Phe
20 25 30
Gln Glu Val Val Arg Asn Ala Phe Gln Asp Tyr Ala Arg Tyr Leu Lys
35 40 45
Glu Asp Ser Gln Asp Cys Leu Glu Glu Asp Glu Ile Ala Tyr Tyr Glu
50 55 60
Gln Arg Leu Glu Gln Leu Lys Asn Leu His Glu Val Arg Ala Glu Val
65 70 75 80
Ser Lys Ser Met Asn Lys Leu Ile Arg Phe Lys Glu

85 90

<210> 290
<211> 153
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 290

Met Thr Ile Asn Thr Glu Val Phe Ile Arg Arg Asn Lys Leu Arg Arg
1 5 10 15
His Phe Glu Ser Glu Phe Arg Gln Ile Asn Asn Glu Ile Arg Glu Ala
20 25 30
Ser Lys Ala Ala Gly Val Ser Ser Phe His Leu Lys Tyr Ser Gln His
35 40 45
Leu Leu Asp Arg Ala Ile Gln Arg Glu Ile Asp Glu Thr Tyr Val Phe
50 55 60
Glu Leu Phe His Lys Ile Lys Asp His Val Leu Glu Val Asn Glu Phe
65 70 75 80
Leu Ser Met Pro Pro Arg Pro Asp Ile Asp Glu Asp Phe Ile Asp Gly
85 90 95
Val Glu Tyr Arg Pro Gly Arg Leu Glu Ile Thr Asp Gly Asn Leu Trp
100 105 110
Leu Gly Phe Thr Val Cys Lys Pro Asn Ala Lys Phe Lys Asp Pro Ser
115 120 125
Leu Gln Cys Arg Met Ala Ile Ile Asn Ser Arg Arg Leu Pro Gly Lys
130 135 140
Ala Ser Lys Ala Val Ile Lys Thr Gln
145 150

<210> 291
<211> 181
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 291

Met Arg Lys Ala Leu Leu Ala Gly Leu Leu Ala Ile Ser Met Met Ala
1 5 10 15
His Ser Ser Glu His Thr Phe Ser Asn Val Gln Leu Asp Asn Met Arg
20 25 30
Tyr Ala Tyr Gln Phe Gly Glu Gln Phe Ser Lys Asp Gly Lys Tyr Lys
35 40 45
Thr His Lys Asn Ile His Lys Ser Gly Leu Gly His Ile Met Ala Ala
50 55 60
Ile Leu Trp Gln Glu Ser Ser Ala Gly Val Asn Leu Lys Ser Lys Pro
65 70 75 80
Lys His His Ala Tyr Gly Met Phe Gln Asn Tyr Leu Pro Thr Met Arg
85 90 95
Ala Arg Val Lys Glu Leu Gly Tyr Asn Met Thr Asp Ala Glu Ile Lys

100 105 110

Arg Met Leu Asn Lys Arg Ser Asn Ser Ala Ser Trp Ala Tyr Ile Glu
115 120 125

Leu Ser Tyr Trp Leu Asn Ile His Lys Gly Asp Ile Arg Lys Ala Ile
130 135 140

Ser Ser Tyr Asn Ser Gly Trp Asn Val Lys Ala Gly Ser Lys Tyr Ala
145 150 155 160

Ser Glu Val Leu Glu Lys Ala Asn Tyr Leu Lys Asn Asn Lys Leu Leu
165 170 175

Glu Ile Val Asn Asp
180

<210> 292
<211> 113
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 292

Met Thr Lys Ile Leu Val Leu Cys Ile Gly Leu Ile Ser Phe Ser Val
1 5 10 15

Leu Ala Asp Thr Ser Tyr Thr Glu Ile Arg Glu Tyr Val Asn Arg Thr
20 25 30

Ala Ala Asp Tyr Cys Gly Lys Asn Lys Ala Cys Gln Ala Glu Phe Ala
35 40 45

Gln Lys Leu Ile Tyr Ala Tyr Lys Asp Gly Glu Arg Asp Lys Ser Ser
50 55 60

Arg Tyr Lys Asn Asp Thr Leu Leu Lys Arg Tyr Ala Lys Lys Trp Asn
65 70 75 80

Thr Leu Glu Cys Ser Val Ala Glu Glu Lys Asp Lys Ala Ala Cys His
85 90 95

Ser Met Val Asp Arg Leu Val Asp Ser Tyr Asn Arg Gly Leu Ser Thr
100 105 110

Arg

<210> 293
<211> 159
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 293

Met Ile Val Lys Tyr Ile Lys Gly Asp Ile Val Ala Leu Phe Leu Gln
1 5 10 15

Gly Asn Ile Ile Ala His Gly Cys Asn Cys Phe His Thr Met Gly Ser
20 25 30

Gly Val Ala Gly Gln Leu Ala Arg Ala Tyr Pro Lys Ile Leu Glu Ile
35 40 45

Asp Lys Thr Thr Thr Glu Tyr Gly Ser Arg Asp Lys Leu Gly Asp Met
50 55 60

Ser Ile Val Phe Lys His Ser Pro Thr Gly Phe Gly Ile Cys Tyr Asn
65 70 75 80
Leu Tyr Thr Gln Tyr Glu Pro Gly Pro Asn Leu Asp Tyr Gly Ala Leu
85 90 95
Val Asn Cys Met Ile Glu Leu Asn Leu Gln Ala Glu Thr Leu Leu Phe
100 105 110
Lys Pro Val Ile Tyr Ile Pro Arg Ile Gly Cys Gly Ile Ala Gly Gly
115 120 125
Asp Trp Asp Lys Val Ser Lys Leu Ile Asp Met Phe Thr Pro Asp Ile
130 135 140
Asp Leu Ile Val Val Asp Tyr Glu Ser Thr Leu Pro Ala Ser Val
145 150 155

<210> 294
<211> 70
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 294

Met Lys Val His Tyr Pro His Pro Phe Asp Pro Lys Asn Lys Val Glu
1 5 10 15
Ile Ile Arg Gln Trp Glu Arg Ile Cys Arg Thr Lys Cys Pro Ile Asn
20 25 30
Ser Pro His Asp Val Asp Lys Asp Tyr Ile Gly Thr Phe Val Glu Tyr
35 40 45
Thr Phe Ile Asp Arg Lys Gly Arg Lys Gln His Val Glu Glu Tyr Cys
50 55 60
Leu Lys Val Thr Trp Leu
65 70

<210> 295
<211> 68
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 295

Met Ser Gln Thr Ser Ile Leu Lys Asn Ala His Cys Glu Lys Cys Glu
1 5 10 15
Trp Pro Val Val Phe Ala Leu Cys Asn Asp Glu Met Ala Cys Asp Phe
20 25 30
Asp Tyr Trp Cys Tyr Cys Ser Asn Lys Gly Cys Ile Asn His Lys Gly
35 40 45
Glu Gly Phe Tyr Ser Gly Phe Tyr Pro Tyr Pro Asp Phe Val Lys Glu
50 55 60
Gly Lys Pro Lys
65

<210> 296
<211> 57

<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 296

```
Met Asn Ser Phe Glu Leu Gln Tyr Glu Val Leu Arg Glu Leu Asp Asn
1               5                  10                  15
Leu Ile Glu Leu Ala Val Asn Lys Gly Phe Ala Ile Gly Ile Gly Gln
            20                  25                  30
Lys Asp Thr Gly His Leu Thr Met Glu Ile Phe Lys Gln Lys Arg Ile
        35                  40                  45
Ile Leu Lys Leu Leu Glu Ile Asn Ile
    50                  55
```

<210> 297
<211> 61
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 297

```
Met Ser Leu Ser Lys Glu Gln Lys Asp Lys Leu Phe Glu Leu Ile His
1               5                  10                  15
Glu Leu Leu Asp Glu His Thr Glu Ala Asn Thr Phe Tyr Asp Glu Tyr
            20                  25                  30
Gly Pro Leu Ser Pro Glu Gln Gln Glu Glu Phe Ala Asp Arg Phe Asp
        35                  40                  45
Lys Lys Glu Asn Glu Leu Ile Ala Tyr Val Asn Met Leu
    50                  55                  60
```

<210> 298
<211> 193
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 298

```
Met Ala Ser Leu Ile Phe Thr Tyr Ala Ala Met Asn Ala Gly Lys Ser
1               5                  10                  15
Ala Ser Leu Leu Thr Ala Ala His Asn Tyr Lys Glu Arg Gly Met Gly
            20                  25                  30
Val Leu Val Leu Lys Pro Ala Ile Asp Thr Arg Asp Ser Val Cys Glu
        35                  40                  45
Val Val Ser Arg Ile Gly Ile Lys Gln Glu Ala Asn Ile Ile Thr Asp
    50                  55                  60
Asp Met Asp Ile Phe Glu Phe Tyr Lys Trp Ala Glu Ala Gln Lys Asp
65                  70                  75                  80
Ile His Cys Val Phe Val Asp Glu Ala Gln Phe Leu Lys Thr Glu Gln
                85                  90                  95
Val His Gln Leu Ser Arg Ile Val Asp Thr Tyr Asn Val Pro Val Met
```

100 105 110
Ala Tyr Gly Leu Arg Thr Asp Phe Ala Gly Lys Leu Phe Glu Gly Ser
115 120 125
Lys Glu Leu Leu Ala Ile Ala Asp Lys Leu Ile Glu Leu Lys Ala Val
130 135 140
Cys His Cys Gly Lys Lys Ala Ile Met Thr Ala Arg Leu Met Glu Asp
145 150 155 160
Gly Thr Pro Val Lys Glu Gly Asn Gln Ile Cys Ile Gly Asp Glu Ile
165 170 175
Tyr Val Ser Leu Cys Arg Lys His Trp Asn Glu Leu Thr Lys Lys Leu
180 185 190
Gly

<210> 299
<211> 70
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 299
Met Leu Gln Leu Thr Glu Lys Gln Leu Arg Asn Leu Thr Val Leu Gln
1 5 10 15
Leu Asp Glu Ile Arg Arg Glu Val Gly Asn Ile Ile Ser Ala Leu Arg
20 25 30
Arg Glu Val Ser Leu Asn Gln Ser Pro Ala Asp Tyr Thr Arg Leu Arg
35 40 45
Asn Phe Glu Lys Tyr Leu Asp Lys Val Lys Ala Val His Arg His Lys
50 55 60
Val Asn Thr Gly Gln Lys
65 70

<210> 300
<211> 97
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 300
Met Ala Leu Lys Ala Thr Ala Leu Phe Ala Met Leu Gly Leu Ala Phe
1 5 10 15
Ala Leu Ser Pro Pro Ile Glu Ala Asn Val Asp Pro His Phe Asp Lys
20 25 30
Phe Met Glu Ser Gly Ile Arg His Val Tyr Met Leu Phe Glu Asn Lys
35 40 45
Ser Val Glu Ser Ser Glu Gln Phe Tyr Ser Phe Met Arg Thr Thr Tyr
50 55 60
Lys Asn Asp Pro Cys Ser Ser Asp Phe Glu Cys Ile Glu Arg Gly Ala
65 70 75 80
Glu Met Ala Gln Ser Tyr Ala Arg Ile Met Asn Ile Lys Leu Glu Thr
85 90 95

Glu
<210> 301
<211> 128
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 301
Met Lys Phe Ser Asp Phe Ser Gln Ser Gly Lys Pro Ser Lys Ala Asp
1 5 10 15
Glu Tyr Leu Gly Leu Leu Met Ala Ala Gln Ala Tyr Phe His Ser Ala
20 25 30
His Phe Glu Thr Lys Ser Tyr Ala Arg His Lys Ala Tyr Asp Phe Ile
35 40 45
Phe Ser Glu Leu Pro Asp Leu Ile Asp Lys Phe Gly Glu Gln Tyr Leu
50 55 60
Gly Tyr Ser Gly Arg Lys Tyr Thr Pro Ser Ile Pro Asp Ala Ser Lys
65 70 75 80
Leu Pro Thr Asp Thr Ile Lys Met Ile Asp Arg Ile Leu Asp Gln Ser
85 90 95
Asn Ser Ile Tyr Lys Glu Met Pro Pro Ala Ile Gln Ser Thr Ile Asp
100 105 110
Asp Ile Thr Gly Met Phe Tyr Gln Ser Lys Tyr Leu Leu Ser Leu Glu
115 120 125
<210> 302
<211> 62
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 302
Met Lys Ile Glu Ala Leu Asn Gln Glu Gly Asn Ile Tyr Val Ile Ile
1 5 10 15
Asn Gly Asp Phe Phe Val Asp Met Asp Glu Val Thr Ser Glu Glu Leu
20 25 30
Val Glu Leu Leu Lys Lys Arg Tyr Asp Met Cys Asp Glu Ala Ala Thr
35 40 45
His Met Ala Cys Ala Ile Phe Ser Leu Ser Tyr Val Val Glu
50 55 60
<210> 303
<211> 67
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 303
Met Thr Arg Ile Glu Gln Ala Asp Lys Ile Lys Glu Leu Val Ala Leu
1 5 10 15

Ile Arg Lys Ala Asp Glu Glu Leu Ser Asp Phe Ala Trp Phe Ser Ala
20 25 30
Gly Ile Ala Asn Lys Gly Ile Glu Lys Phe Glu Ala Lys Val Asp Asn
35 40 45
Ala Leu Glu Ala Leu Asp Met Phe Leu Asp Glu Ile Ile Asp His Asn
50 55 60
Thr Arg Val
65

<210> 304
<211> 64
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 304
Met Leu Thr Arg Glu Gln Phe Glu Lys Ile Ile Lys Leu Ala Arg Asp
1 5 10 15
Ile Glu Ile Asp Ser Tyr Gln Leu Ala Val Glu His Cys Glu Gly Tyr
20 25 30
Ser Tyr Asp Gly Ile Glu Ala Ala Lys Lys Asp Leu Asp Lys Ser Lys
35 40 45
Ala Lys Leu Val Gln Tyr Leu Glu Met Ile Arg Trp Asn Asn Glu Asn
50 55 60

<210> 305
<211> 57
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 305
Met Lys Thr Glu Lys Gln Met Phe Leu Met Lys Leu Ile Glu Glu Tyr
1 5 10 15
Ala Asn Ala Val Ser Asp Tyr Glu Cys Ser Ser Arg Glu Arg Gly Thr
20 25 30
Ala Phe Ala Lys Glu Glu Leu Lys Ile Met Val Asp Ala His Thr Lys
35 40 45
Leu Gln Asn Phe Ile Glu Asn Val Ile
50 55

<210> 306
<211> 61
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 306
Met Thr Ser Glu Gln Ala Phe Lys Leu Lys Glu Leu Ile Glu Thr Tyr
1 5 10 15
Ser Lys Ala Val His Thr Ala Thr Val Ile Asp Glu Ser Ala Phe Ser

20 25 30
Gly His Ala Asn Lys Ile Lys Tyr Lys Thr Leu Met Glu Glu Ala Lys
35 40 45
Val Asn Leu Asp Ser Tyr Ile Glu Thr Leu Ile Gly Glu
50 55 60
<210> 307
<211> 88
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 307
Met Gly Phe Pro Lys Leu Glu Val Gly Asp Leu Val Leu Thr Lys Leu
1 5 10 15
Trp Asn Gly Val Gln Ser Val Glu Ile Cys Gln Tyr Arg Gly Ala Thr
20 25 30
Gly Asn Leu Met Tyr Thr Ile Tyr Asn Pro Glu Ile Leu Leu Glu Cys
35 40 45
His Leu Glu Arg Phe Ile Lys Asp Thr Asp Ser Met Pro Tyr Ser Val
50 55 60
Ser Ile Val Arg Lys Ser Asp Thr Lys Glu Tyr Ser Lys Ile Leu Glu
65 70 75 80
Gln Ile Arg Ala Asn Lys Lys Asp
85
<210> 308
<211> 177
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 308
Met Lys Arg Leu Val Leu Glu Val Ser Pro Leu Phe Gly Glu Leu Ala
1 5 10 15
Ile Glu Lys Val Asn Asn Met Tyr Arg Leu Thr Gln Glu Asp Asp Met
20 25 30
Leu Tyr Phe Thr Pro Ser Glu Ile Ile His Leu Thr Gln Ile Glu Tyr
35 40 45
Pro Tyr Thr Asp Lys Ile Val Ser Ile Asn Asp Glu His Lys Ile His
50 55 60
Phe Tyr Ser Ser Cys Pro Gly Phe Asn Ile Lys Ser Glu Ser Met Cys
65 70 75 80
Leu Ser Val Ile His Trp Asp Ser Phe Ile Asp Lys Ile Lys Tyr Phe
85 90 95
Tyr Tyr Ser Asn Glu Arg Lys His Ser Leu Lys Trp Leu Lys Asn Cys
100 105 110
Asn Ala Ile Ile Thr Asn Ala Cys Asn Gln Asn Asp Glu Thr Leu Leu
115 120 125
Asn Val Ser Lys Cys Tyr Glu Glu Gly Asp Val Leu Thr Ile Arg Gln

130 135 140
Ile Asp Asp Phe Arg Ser His Ile Val Thr Phe Thr Lys Asp Glu Ala
145 150 155 160
Ile Ala Leu Lys Thr Tyr Leu Asp Ser Val Ile Pro Thr Met Ile Ser
165 170 175
Lys
<210> 309
<211> 173
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 309
Met Phe Ile Ser Ser Gly Ser Gly Leu Ile Arg Val Glu Phe Lys Asn
1 5 10 15
Asp Ile Phe Leu Ser Gln Gly Asp Asp Ile Ile Lys Met Ser Tyr Asp
20 25 30
Glu Ile Lys Lys Ile Cys His Ala Leu Glu Ser His Gly Lys Glu Asn
35 40 45
Ala Thr Ile Asp Ile Gly Asp Leu Trp Val Thr Leu Tyr Glu Val Ser
50 55 60
Glu Gly Phe Asn Ile Glu Asp Glu Asn Asn Ile Leu Ala Ile Asp Lys
65 70 75 80
Arg Ser Asp Leu Phe Asp Val Leu Lys Val Tyr Glu Gln Ser Asn Gly
85 90 95
Gly Arg Lys Ala Val Leu Val Tyr Gln Lys Pro His Ser Cys Gly Thr
100 105 110
Ala Ser Ile Ile Ser Asn Ile Glu Asp Glu Thr Asp Thr Tyr Met Cys
115 120 125
Val Leu Lys Ala Gly Gly Asp Arg His Pro Asp Phe Ile Ser Ile Arg
130 135 140
Gln Asn Asn Gly Glu Ile Ser Leu Ser Lys Ser Glu Ala Glu Ala Met
145 150 155 160
Ile Lys Tyr Leu Thr Thr Val Thr Pro Ser Met Lys Gly
165 170
<210> 310
<211> 153
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 310
Met Ile Ile Asn Glu Asn Ser Trp His Tyr Lys Leu Phe Lys Met Phe
1 5 10 15
Asn Asp Glu Trp Lys Arg Pro Lys Thr Leu Cys Ala Tyr Phe Trp Ser
20 25 30
Ile Val Ile Pro Thr Phe Phe Val Ser Phe Phe Gly Cys Thr Ile Leu
35 40 45

Ala Gly Leu Thr Ile Ile Cys Ala Glu Ile Ile Gln Lys Trp Leu Ile
50 55 60
Phe Gly Ser Leu Trp Thr Leu Ile Pro Ser Ala Phe Ile Leu Ala Ile
65 70 75 80
Leu Leu Val Leu Leu Ile Ile Gly Ser Phe Val Ile Pro Ala Gln Leu
85 90 95
His Glu Lys Tyr Lys Asp Tyr Lys Trp Lys Lys Asp Tyr Ala Leu His
100 105 110
Val Glu Asn Ile Asp Arg Ala Tyr Lys Gly Leu Pro Pro Ile Gln Pro
115 120 125
Lys Lys Ser Ile Ile Val Glu Phe Leu Lys Ala Arg Lys Ala Lys Val
130 135 140
Cys Pro Val Ile Glu Tyr Lys Ala Glu
145 150

<210> 311
<211> 336
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 311

Met Lys Thr Val Met Lys Ser Tyr Phe Gly Ser His Leu Tyr Gly Thr
1 5 10 15
Ser Thr Pro Glu Ser Asp Val Asp Phe Lys Glu Ile Phe Val Pro Pro
20 25 30
Ala Arg Asp Ile Leu Ile Gly Asn Val Lys Glu His Met Ser Lys Asn
35 40 45
Thr Asn Asn Thr Ser Ser Lys Asn Thr Lys Asp Asp Ile Asp His Glu
50 55 60
Leu Tyr Ser Leu Lys Tyr Phe Phe Lys Leu Ala Ala Asp Gly Glu Thr
65 70 75 80
Val Ala Leu Asp Met Leu His Thr Pro Pro Glu Leu Val Val Lys Ser
85 90 95
Asp Leu Pro Asp Val Trp Lys Phe Ile Gln Asp Asn Arg Ser Arg Phe
100 105 110
Tyr Thr Thr Asn Met Lys Ser Tyr Leu Gly Tyr Val Arg Lys Gln Ala
115 120 125
Ser Lys Tyr Gly Val Lys Gly Ser Arg Leu Ala Ala Leu Arg Asp Val
130 135 140
Leu Lys Val Val Asn Gln Ile Pro Glu Gln Trp Val Asp Tyr Gln Glu
145 150 155 160
Asp Gly Ser Ile Lys Gln Arg Arg Thr Lys Val Glu Asp Ile Lys His
165 170 175
Arg Leu Pro Glu Asn Glu Phe Cys Glu Trp Val Phe His Asn His Glu
180 185 190
Lys Thr Gly Pro Gln Thr Phe Tyr Thr Val Leu Gly Arg Lys Tyr Gln
195 200 205
Thr Thr Leu Ser Leu Ile Glu Leu Lys Gln Ser Leu Asn Lys Leu Asp

210 215 220
Ala Glu Tyr Gly Glu Arg Ala Arg Lys Ala Glu Ala Asn Glu Gly Ile
225 230 235 240
Asp Trp Lys Ala Leu Ser His Ala Cys Arg Gly Gly Leu Gln Leu Leu
245 250 255
Glu Ile Tyr Lys Thr Gly Asp Leu Val Tyr Pro Leu Gln Asp Ala Pro
260 265 270
Phe Ile Leu Asp Val Lys Leu Gly Lys His Pro Phe Lys Thr Val Gln
275 280 285
Glu Phe Leu Glu Asp Val Val Asp Gln Val Glu Ala Ala Ser Thr Glu
290 295 300
Ala Ser Lys Asn Gly Met Gln Gln Lys Val Asp Met Ser Phe Trp Asp
305 310 315 320
Asp Phe Leu Glu Lys Val Tyr Leu Glu Asn His Arg Ser Tyr Tyr Lys
325 330 335

<210> 312
<211> 49
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 312
Met Lys Ile Thr Pro Ile Glu Val Lys Lys Leu Ile Asp Thr Glu Glu
1 5 10 15
Ile Ser Glu Cys Phe Glu Ser Phe Leu Glu Asp Ala Thr Glu Asp Asn
20 25 30
Ala Val Tyr Leu Ala Gln Lys Ile Ile Glu Thr Tyr Leu Glu Lys Asn
35 40 45
Gln

<210> 313
<211> 87
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 313
Met Thr Val Tyr Val Asp Val Leu Met Asn His Gly Trp Lys Leu Arg
1 5 10 15
Gly His Pro Thr Lys Asn Cys His Met Phe Thr Asp Gly Asp Ile Glu
20 25 30
Glu Leu His Glu Met Ala Glu Ala Ile Gly Met Lys Arg Ser Trp Phe
35 40 45
Gln Asp Lys Arg Ile Lys His Tyr Asp Leu His Ala Arg Arg Arg Gln
50 55 60
Lys Ala Val Glu Leu Gly Ala Val Glu Val Ser Arg Arg Glu Ala Val
65 70 75 80
Lys Ile Trp Arg Thr Leu Lys
85

<210> 314
<211> 322
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 314

```
Met Lys Thr Val Thr Ile Asn Lys Gly Ile Tyr Phe Gly Lys Glu Ile
1               5                  10                  15
Ser Gly Thr Phe Glu Leu Leu Gly Glu Trp Phe Pro Asp Asn Ala Pro
            20                  25                  30
Val Asp Ala Gln Gly Asp Gly Lys Val Phe Val Glu Ile Asp Gly Lys
        35                  40                  45
Arg Arg Gly Val Trp Val Tyr Lys Ser Asp Ile Ser Tyr Asp Gly Val
    50                  55                  60
Lys Val Glu Glu Val Lys Glu Ser Tyr Glu Asp Met Lys Thr Arg Ile
65                  70                  75                  80
Asn Lys Arg Phe Asn Val Met Gly Met Met Thr Asn Gly Ile Ile Asn
                85                  90                  95
Gly Asn Ile Arg Ser Leu Ile Ile Ser Gly Ala Ala Gly Ile Gly Lys
            100                 105                 110
Thr Tyr Ser Leu Asp Lys Ala Leu Asn Lys Ala Asn Asp Asn Gly Tyr
        115                 120                 125
Ile Glu Tyr Lys Ser Ile Asn Gly Lys Ile Ser Gly Ile Gly Leu Tyr
    130                 135                 140
Glu Gln Leu Trp Asn Asn Arg Glu Glu Asn Ser Val Leu Leu Ile Asp
145                 150                 155                 160
Asp Val Asp Val Phe Ser Asp Met Asp Ile Leu Asn Leu Leu Lys Ala
                165                 170                 175
Ala Leu Asp Thr Gly Glu Thr Arg Lys Val Cys Trp Ser Thr Ala Ser
            180                 185                 190
Ser Tyr Leu Glu Glu Lys Gly Ile Glu Arg Glu Phe Glu Phe Lys Gly
        195                 200                 205
Thr Ile Val Phe Ile Thr Asn Val Asp Ile Asp Arg Glu Leu Asp Arg
    210                 215                 220
Gly Thr Lys Leu Ala Pro His Leu Gln Ala Leu Val Ser Arg Ser Val
225                 230                 235                 240
Tyr Leu Asp Leu Gly Val His Thr Asn Glu Glu Ile Met Val Arg Val
                245                 250                 255
Glu Asp Val Ile Leu Ser Thr Asp Met Met Gln Lys Arg Gly Leu Ser
            260                 265                 270
Asp Glu Glu Thr Tyr Lys Ala Leu Ser Trp Met Lys Val Asn Val Asn
        275                 280                 285
Arg Leu Arg Asn Val Ser Leu Arg Thr Ala Leu Tyr Leu Ala Asp Phe
    290                 295                 300
Ile Met Thr Asp Lys Asn Gly Trp Glu Glu Ile Ala Glu Val Thr Leu
305                 310                 315                 320
Leu Lys
```

<210> 315
<211> 100
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 315

```
Met Leu Tyr Ser Lys Ala Arg Glu Ile Tyr Glu Thr Lys Ile Lys Glu
1               5                  10                  15
Ala Val Phe Lys Phe Ala Thr Thr Met Arg Trp Thr Asn Asp Trp Glu
            20                  25                  30
Tyr Ser Lys Asn His Lys Lys Pro Met Val Thr Arg Lys Ala His Met
        35                  40                  45
Leu Val Leu Ile Asp Arg Glu Gln Ile Lys Ala Arg Glu Ala Leu Gln
    50                  55                  60
Asn His Lys Lys Ala Ala Phe Glu Trp Phe Met Asp Asn Thr Ala Pro
65                  70                  75                  80
Glu Thr Lys Lys Ala Val Ser Ala Trp Phe Ser Gly Lys Asn Cys Glu
                85                  90                  95
Arg Ser Phe Phe
            100
```

<210> 316
<211> 175
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 316

```
Met Asn Ala Lys Asp Ile Phe Asn Leu Val Asn Tyr Asn Asp Gly Lys
1               5                  10                  15
Phe Lys Ser Glu Ala Gln Ser Lys Phe Phe Asn Asp Ile Ser Ile Gly
            20                  25                  30
Gly Glu Ile Thr Val Asp Gly Gly Gln Ile Tyr Lys Ser Arg Trp Asn
        35                  40                  45
Trp Ile Val Ile Ile Asp Glu Ile Gly Ile Val Glu Ile Tyr Lys Asn
    50                  55                  60
Thr Asn Lys Asn Arg Thr Leu His Trp Ser Arg Asp Thr Asn Glu Gln
65                  70                  75                  80
Tyr Lys Lys Asp Lys Ala Ser Lys Leu Ser Arg Val Thr Gln Glu Asp
                85                  90                  95
Ile Glu Phe Ile Lys Lys Asp Ile Leu Met Tyr Asp Asn Leu Ile Ala
            100                 105                 110
Glu Glu Gln Ala Val Ile Asp Lys Phe Asp Glu Ile Lys Ala Ser Arg
        115                 120                 125
Glu Ile Pro Asp Phe Met Lys Glu Ser Val Asn Glu Arg Tyr Thr Leu
    130                 135                 140
Ile Ser Glu Arg Ile Glu Thr Tyr Lys Lys Gln Arg Ala Glu Arg Gln
145                 150                 155                 160
```

Asn Thr Leu Arg Lys Phe Glu Glu Arg Leu Lys Thr Val Leu Ala
165 170 175

<210> 317
<211> 135
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 317

Met Lys Gln Leu Ile Ile Lys Arg Leu Asn Leu Leu Ile Cys Cys Leu
1 5 10 15
Cys Ile Ala Ile Ala Tyr Gly Tyr Tyr Ala Ile Asn Asp Tyr Met His
20 25 30
Tyr Lys Asp Tyr Asp Val Thr Val Val Asn Thr Ile Thr Gly Thr Gln
35 40 45
Gly Lys Gly Ser Ser Leu Ser Phe Ile Ala Val Tyr Glu Leu Lys Asp
50 55 60
Gly Tyr Arg Phe Ser Glu Tyr Ile Ser Pro Glu Met Tyr Ser Ser Ile
65 70 75 80
Glu Lys Gly Asp Asn Ile Thr Val Ser Leu Arg Pro Phe Asp Val Lys
85 90 95
Gln Thr Leu Phe Asp Asn Ile Val Trp Phe Phe Gly Met Val Leu Val
100 105 110
Gln Ser Val Cys Gly Ala Tyr Ile Val Cys Ser Ile Leu Phe Cys Ile
115 120 125
Phe Ser Lys Ile Glu Ile Glu
130 135

<210> 318
<211> 295
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 318

Met Ser Val Val Ile Asn Asn Val Asn Ala Val Ile Lys Ser Leu Val
1 5 10 15
Asn Lys Lys Leu Asn Glu Trp Thr Val Leu Arg Arg Gly Glu Pro Asp
20 25 30
Lys Phe Phe His Arg Phe Asn Pro Thr Leu Asp Leu Asn Val Ile Asp
35 40 45
Arg Asp Val His Ala Glu Ile Leu Asp Lys Phe Lys Val Asp Ile Gly
50 55 60
Phe Gly Leu Asp Lys His Leu Gln Arg Thr Asn Gly Ser Gly Met Gly
65 70 75 80
Leu Ser Asn Arg Ile Met Lys Ala Leu Asn Lys Ile Gly Ala Leu Ser
85 90 95
Arg Ile Asn Ala Ser Glu Ile Leu Arg Asn Tyr Asn Lys Gly Tyr Asp
100 105 110

Leu Tyr Gly Arg Leu Met Pro Lys Leu Ser Phe Asp Gln Met Ile Ala
115 120 125
Asp Leu Trp Glu Asn Gln Arg Arg Leu Leu Ala Leu Gly Ala Arg Leu
130 135 140
Ala Lys Gly Leu Asp Lys Gln Met Ile Phe Lys Thr Asn Asn Thr Glu
145 150 155 160
Asp Leu Lys Cys Phe Lys Phe Ser Thr Arg Gly Asp Asp Tyr Tyr Ile
165 170 175
Arg Ala Arg Ser Thr Asp Tyr Val Asn Met Gly His His Leu Cys Leu
180 185 190
Ala Phe Glu Val Leu Lys Glu Ala Gly Thr Leu Glu Tyr Val Ser Gly
195 200 205
Ala Lys Cys Pro Ile Gly Ser Asn Cys Ile Leu Ile Tyr Arg Pro Asp
210 215 220
Glu Ser Ser Ser Thr Lys Leu Pro Thr Lys Pro Val Pro Val Arg Ser
225 230 235 240
Asn Glu Lys His Ser Glu Gln Ile Ala Tyr Phe Asn Lys Gln Ile Glu
245 250 255
Glu Leu Asn Ile Ser Ile Gln Gln Tyr Asp Asp Glu Ile Phe Arg Leu
260 265 270
Ser Gly Leu Ser Ser Lys Ala Lys Ser Glu Arg Glu Lys Leu Ile Lys
275 280 285
Ile Val Asp Leu Leu Lys Ser
290 295

<210> 319
<211> 342
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 319
Met Lys Thr Arg Ser Gln Ile Glu Asp Met Val Arg Asn Ala Ser Tyr
1 5 10 15
Thr Arg Asp Val Met Thr Phe Leu Cys Glu Asn Asn Leu Asp Pro Asp
20 25 30
Lys Val Asn Arg Val Ile His His Phe Lys Tyr Thr Asn Ser Ser Glu
35 40 45
Trp Val Arg Asn Phe Ser Lys Ala Gly Tyr Ile Thr Gln Met Thr Ala
50 55 60
Arg Glu Gln Leu Thr Asp Phe Cys Lys Thr Ile Asp Tyr Lys Asn Pro
65 70 75 80
Leu Ile Val Gln Gly Val Gly Gln Ser Lys Val Asp Leu Ser Ser Gly
85 90 95
Phe Phe Asn Pro Asn His Tyr Arg Ile Glu Trp Arg Phe Ile Ala Leu
100 105 110
Phe Arg Lys Gln Leu Lys Gln Ile Leu Ser Thr Ala Ser Arg Leu Lys
115 120 125
Gly Ser Asp Ile Asn Leu Lys Asn Leu Lys Phe Asp Gly Tyr Thr Leu

130 135 140

Gln Met Glu Val Arg Pro Leu Lys Glu Asn Asn Arg Thr Ala Arg Ile
145 150 155 160

Ser Phe Lys Pro Asn Thr Lys Asn Ser Leu Ser Ile Cys Glu Cys Leu
165 170 175

Lys Ser Gln Leu Thr Glu Ala Phe Lys Tyr Met Asp Val Val Ala Ala
180 185 190

Val Gln Ser Lys Ile Leu Pro Arg Phe Glu Arg Asn Trp Glu His Thr
195 200 205

Thr Thr Tyr Glu Leu Asp Met Ile Val Ser Phe Lys Tyr Glu Phe Leu
210 215 220

Arg Lys Asp Glu Ile Val Gln Glu Lys Lys Gln Glu Val Gln Asp Thr
225 230 235 240

Leu Asn Leu Asn Leu Ser Asn Tyr Leu Ser Asn Asp Pro Lys Phe Trp
245 250 255

Met Tyr Ser Ser Ser Asn Ile Asp Ala Cys Lys Leu Asn Lys Val Ser
260 265 270

Phe Leu Pro Thr Glu Asn Ser Asn Phe Lys Pro Val Glu Lys Trp His
275 280 285

Ala Asp Ala Ile Glu Lys Ser Leu Lys Ala Val Asp Asp Glu Leu Val
290 295 300

Lys Ala Thr Asn Glu Val Leu Glu Ala Glu Lys Ala Leu Glu Gln Ala
305 310 315 320

Gln Ser Arg Val Gln Asn Leu Thr Lys Gln Arg Ser Lys Leu Asn Asn
325 330 335

Ala Leu Asn Ala Leu Asn
340

<210> 320
<211> 333
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 320

Met Thr Arg Asn Glu Tyr Ile Lys Ser Phe Asn Ser Val Ile Asp Asp
1 5 10 15

Lys Ala Ile Pro Met Phe Gly Gln Asn Ser Val Leu Ser Ile Ile Asn
20 25 30

Gln Trp Leu Asn Ser Val Asp Ala Ser Ile Val Ser Ser Thr Lys Phe
35 40 45

Ile His Glu Ile Arg Lys Ile Ser Ser Arg Val Asp Lys Asp Val Ile
50 55 60

Lys Lys Thr Phe Lys Glu Ser Arg Leu Leu Ser Tyr Leu Val Asn Arg
65 70 75 80

Asp Ile Leu Gly Asn Phe Gly Lys Glu Ile Lys Arg Thr Lys Asp Val
85 90 95

Val Gly Tyr Asn Trp Phe Gly Asp Val Asn Ser Tyr His Leu Asn Ile
100 105 110

Lys Glu Asp Pro Glu Asn Ile Phe Thr Arg Arg Trp Ile Ser Asn Phe
115 120 125
Arg Leu Phe Lys Lys Gln Ile Leu Lys Ser Ala Ser Lys Leu Cys Tyr
130 135 140
Gly Asp Tyr Arg Gln Ile His Pro Leu Ala Ser Asp Met Ile Ile Ile
145 150 155 160
Lys Glu Tyr Glu Leu Asp Lys Asn Lys Val Ser Ile Phe Val Asn Tyr
165 170 175
Gly Phe Phe Thr Pro Glu Thr Asn Gln Lys Asn Ile Asn Lys Phe Phe
180 185 190
Ser Ile Ala Ser Thr Ile Thr Arg Gln Leu Glu Thr Ala Leu Leu Cys
195 200 205
Met Glu Thr Val Glu Asn Ile His Thr Tyr Pro Phe Lys Asn Ile Cys
210 215 220
Gly Trp Glu Gly Tyr Lys Leu Val Ile Ser Leu Arg Glu Val Lys Cys
225 230 235 240
Ala Tyr Ser Pro Thr Asp Lys Glu Ile Tyr Gln Gln Lys Cys Asp Glu
245 250 255
Ile Val Asn Thr Pro Lys Glu Glu Thr Thr Leu Glu Glu Leu Met Glu
260 265 270
Cys Leu Asp Asp Ser Pro Glu Pro Ile Glu Ile Arg Pro Glu Val Ile
275 280 285
Ala Leu Glu Lys Ala Tyr Lys Glu Val Leu Glu Ile Ser Asn Lys Ala
290 295 300
Gln Lys Glu Tyr Glu Gln Ala Lys Arg Ile Trp Glu Glu Ser Val Asn
305 310 315 320
Arg Leu Asp Arg Leu Glu Gln Ala Leu Gln Leu Ile Lys
325 330

<210> 321
<211> 308
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 321

Met Lys Thr Arg Lys His Tyr Ile Asp Tyr Phe Asp Ser Leu Ile Thr
1 5 10 15
Lys His Arg Asn Tyr Gln Ile Gly His Arg Ala Val Ile Asn Asn Ile
20 25 30
Leu Arg Asp Phe Leu Asp Tyr Ile Gly Trp Glu Asn His Ile Cys Lys
35 40 45
Asp Thr Gln Asn Ala Tyr Ser His Ser Leu Gly Ser Leu Leu Glu Trp
50 55 60
Phe Lys Arg Ser Arg Leu Leu Ser Ser Val Ile Ala Val Asn Asn Val
65 70 75 80
Lys Lys Phe Met Tyr Pro Ser Tyr Ile Glu Thr Asn Val Ser Asn Ala
85 90 95
Ser Val Val Thr Phe Asn Ile Ile Asn Asp Val Lys Arg Thr Tyr Leu

100 105 110

Glu Glu Trp Phe Ser Lys Asp Ser Lys Glu Lys Phe Ala Ser Glu Phe
115 120 125

Ser His Glu Phe Asn Asn Asn Val Asn Met Leu Phe Lys His Ser Arg
130 135 140

Arg Leu Phe Cys His Gly Asp Asn Arg Thr Ile Asn Val Asn Val Lys
145 150 155 160

Asp Trp Val Thr Ala Lys Phe Thr Pro Ser Ser Gln Asn Gly Gln Phe
165 170 175

Glu Leu Ser Ile Ile Ile Cys Ala Pro His Glu Ile Tyr Lys Asn Leu
180 185 190

Pro Tyr Met Lys Pro Arg Glu Ala Asn Lys His Asn Glu Thr Ile Ser
195 200 205

Ser Leu Ala Tyr Asn Leu Arg Val Leu Leu Ser Asp Met Asp Val Val
210 215 220

Lys Ser Phe Asp Asp Asn Thr Asn Tyr Gly Leu Ser Leu Phe Glu Thr
225 230 235 240

Lys Phe Val Ile Lys Leu Lys Asp Pro Ser Glu Phe Lys Pro Thr Pro
245 250 255

Lys Ser Asn His Gly Asn Asp Thr Met Lys Glu Glu Arg Glu Tyr Leu
260 265 270

Ser Ala Arg Leu Ile Glu Val Glu Lys Gln Ile Glu Glu His Thr Lys
275 280 285

Val Leu Lys Ala Leu Thr Ala Lys Ala Asn Gly Leu Arg Asn Ala Ile
290 295 300

Glu Val Leu Lys
305

<210> 322
<211> 129
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 322

Met Lys Lys Arg Leu Leu Glu Asp Ile Ala Ala Ser Ser Asn Ser Ser
1 5 10 15

Leu Ile Lys Ile Ile Met Ala Gly Glu Glu Asp Asp Met Glu Met Arg
20 25 30

Gly Lys Ile His Gly Cys Asp Asp Leu Asp Phe Lys Pro Pro Ala Trp
35 40 45

Asp Ala Ile Met Ala Met Val Glu Arg Arg Glu Arg Ala Ser Lys Asn
50 55 60

Val Pro Asn Cys Pro Glu Cys Gly Thr Glu Gln Val Gln Leu Ile Asn
65 70 75 80

Trp Arg Lys Pro Glu Leu Glu Tyr Lys Cys Arg Gln Cys Lys His Lys
85 90 95

Phe Ser Lys His Ala Pro Glu Met Val Lys Leu Pro Asp Ser Thr Glu
100 105 110

Phe Phe Lys Glu Leu Val Ser Val Gln Pro Met Pro Asn Asn Ile Leu
115 120 125
Asp
<210> 323
<211> 80
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 323
Met Thr Lys Arg Lys Glu Tyr Met Glu Ala Ala Glu Lys Ala Val Arg
1 5 10 15
Glu Leu Ala Ile Ala Tyr Tyr Asn Glu His Gly Lys Phe Pro Asp Arg
20 25 30
Tyr Ser Val Leu Lys Ser Ala Leu Thr Arg Ser Tyr Lys Asn Met Leu
35 40 45
Ser Glu Val Ser Asp Ile Ile Tyr Lys His Lys Glu Gln Thr Gly Gln
50 55 60
Ser Leu Asp Tyr Asp Glu Thr Phe Lys Gln Val Leu Gly Ile Lys Glu
65 70 75 80
<210> 324
<211> 87
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 324
Met Phe Lys Val Tyr Gly Tyr Asp Ser Asn Ile His Lys Cys Val Tyr
1 5 10 15
Cys Asp Asn Ala Lys Arg Leu Leu Thr Val Lys Lys Gln Pro Phe Glu
20 25 30
Phe Ile Asn Ile Met Pro Glu Lys Gly Val Phe Asp Asp Glu Lys Ile
35 40 45
Ala Glu Leu Leu Thr Lys Leu Gly Arg Asp Thr Gln Ile Gly Leu Thr
50 55 60
Met Pro Gln Val Phe Ala Pro Asp Gly Ser His Ile Gly Gly Phe Asp
65 70 75 80
Gln Leu Arg Glu Tyr Phe Lys
85
<210> 325
<211> 71
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 325
Met Met Leu Glu Gly Thr Asp Tyr Ile His Asp Tyr Arg Gly Ser Ala
1 5 10 15

Val Tyr Val Gly Asp Glu Val Ala Val Tyr Tyr Gly Tyr Gly Thr Leu
20 25 30
Met Thr Ala Lys Val Ile Gln Ile Lys Asn Asn Arg Ala Lys Leu Glu
35 40 45
Val Tyr Tyr Ser Asn Gly Glu Lys Ser Ile Ser Lys Trp Lys Tyr Gly
50 55 60
Asp Cys Met Val Lys Leu Gly
65 70

<210> 326
<211> 56
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 326
Met Ile Tyr Asp Ile Asn Val Ser Arg Thr Pro Ser Met Val Thr Ile
1 5 10 15
Pro Ala Glu Glu Leu Asp Arg Leu Gln Lys Ile Glu Glu Leu Leu Trp
20 25 30
Glu Ile Glu Ser Asp Leu Pro Ser Gly Leu Glu Ser Trp Ile Asp Tyr
35 40 45
Glu Glu Leu Asn Lys Leu Arg Gly
50 55

<210> 327
<211> 57
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 327
Leu Ile Met Lys Asn Leu Ile Ser Phe Gly Val Lys Pro Trp Trp Ala
1 5 10 15
Ala Arg Trp Glu Thr Val Glu Pro Glu Pro Glu Glu Pro Val Tyr Ile
20 25 30
Asp Glu Glu Thr Val Tyr Asn Glu Pro Thr Ile Asn Asp Leu Ile Asp
35 40 45
Met Glu Met Gly His Asp Tyr Ser Arg
50 55

<210> 328
<211> 161
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 328
Met Ile Thr Val Asp Lys Trp Phe Arg Ile Asn Arg Val Asp Thr Gly
1 5 10 15
Leu Cys Asn Tyr Trp Pro Glu Leu Ser Ala Gly Thr Val Phe Lys Val

20 25 30
Arg Glu Leu Ala Lys Glu Cys Glu Asp Asp Ile Glu Pro Asp Thr Gly
35 40 45
Ile Ile Glu Ile Glu Leu Ser Asp Gly Lys Ile Ile Asn Ile Tyr Asp
50 55 60
Lys Pro Ile Thr Tyr Trp Cys Leu Trp Asn Thr Glu Ser Val Glu Asn
65 70 75 80
Gly Glu Ile Glu Glu Val Val Glu Arg Thr Ser Gln Asp Val Gln Lys
85 90 95
Pro Lys Ala Ala Phe Gln Gly Glu Arg Ile Ser Tyr Ala Leu Ala Lys
100 105 110
Leu Ala Ala Gln Glu Asn Asn Asp Gly Tyr Glu Gly Asn Leu Met Gln
115 120 125
Ala Ala Ala Glu Tyr Ile Glu Trp Leu Glu Thr Gln Ile Ser Phe Ser
130 135 140
Asp Gln Lys Ile Arg Gln Tyr Lys Arg Leu His Gln Met Phe Tyr Asn
145 150 155 160
Thr

<210> 329
<211> 58
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 329
Met Lys Thr Glu Leu Val Tyr Thr Glu Lys Leu Asn Gly Gly Lys Val
1 5 10 15
Trp Lys Leu Phe Ile Lys Gly His Ser Thr Asp Pro His Met Thr Thr
20 25 30
Cys Val Gly Thr Tyr Ser Arg Pro Thr Lys Lys Met Ile Arg Gln Tyr
35 40 45
Lys Arg Leu His Arg Met Phe Tyr Asn Thr
50 55

<210> 330
<211> 157
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 330
Met Leu Leu Thr Gly Lys Leu Tyr Lys Glu Glu Lys Gln Lys Phe Tyr
1 5 10 15
Asp Ala Gln Asn Gly Lys Cys Leu Ile Cys Gln Arg Glu Leu Asn Pro
20 25 30
Asp Val Gln Ala Asn His Leu Asp His Asp His Glu Leu Asn Gly Pro
35 40 45
Lys Ala Gly Lys Val Arg Gly Leu Leu Cys Asn Leu Cys Asn Ala Ala
50 55 60

Glu Gly Gln Met Lys His Lys Phe Asn Arg Ser Gly Leu Lys Gly Gln
65 70 75 80
Gly Val Asp Tyr Leu Glu Trp Leu Glu Asn Leu Leu Thr Tyr Leu Lys
85 90 95
Ser Asp Tyr Thr Gln Asn Asn Ile His Pro Asn Phe Val Gly Asp Lys
100 105 110
Ser Lys Glu Phe Ser Arg Leu Gly Lys Glu Glu Met Met Ala Glu Met
115 120 125
Leu Gln Arg Gly Phe Glu Tyr Asn Glu Ser Asp Thr Lys Thr Gln Leu
130 135 140
Ile Ala Ser Phe Lys Lys Gln Leu Arg Lys Ser Leu Lys
145 150 155

<210> 331
<211> 605
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 331

Met Thr Ile Glu Lys Glu Ile Glu Gly Leu Ile His Lys Thr Asn Lys
1 5 10 15
Asp Leu Leu Asn Glu Asn Ala Asn Lys Asp Ser Arg Val Phe Pro Thr
20 25 30
Gln Arg Asp Leu Met Ala Gly Ile Val Ser Lys His Ile Ala Lys Asn
35 40 45
Met Val Pro Ser Phe Ile Met Lys Ala His Glu Ser Gly Ile Ile His
50 55 60
Phe His Asp Ile Asp Tyr Ser Pro Ala Leu Pro Phe Thr Asn Cys Cys
65 70 75 80
Leu Val Asp Leu Lys Gly Met Leu Glu Asn Gly Phe Lys Leu Gly Asn
85 90 95
Ala Gln Ile Glu Thr Pro Lys Ser Ile Gly Val Ala Thr Ala Ile Met
100 105 110
Ala Gln Ile Thr Ala Gln Val Ala Ser His Gln Tyr Gly Gly Thr Thr
115 120 125
Phe Ala Asn Val Asp Lys Val Leu Ser Pro Tyr Val Lys Arg Thr Tyr
130 135 140
Ala Lys His Ile Glu Asp Ala Glu Lys Trp Gln Ile Ala Asp Ala Leu
145 150 155 160
Asn Tyr Ala Gln Ser Lys Thr Glu Lys Asp Val Tyr Asp Ala Phe Gln
165 170 175
Ala Tyr Glu Tyr Glu Val Asn Thr Leu Phe Ser Ser Asn Gly Gln Thr
180 185 190
Pro Phe Val Thr Ile Thr Phe Gly Thr Gly Thr Asp Trp Thr Glu Arg
195 200 205
Met Ile Gln Lys Ala Ile Leu Lys Asn Arg Ile Lys Gly Leu Gly Arg
210 215 220
Asp Gly Ile Thr Pro Ile Phe Pro Lys Leu Val Met Phe Val Glu Glu

225 230 235 240
Gly Val Asn Leu Tyr Lys Asp Asp Pro Asn Tyr Asp Ile Lys Gln Leu
245 250 255
Ala Leu Glu Cys Ala Ser Lys Arg Met Tyr Pro Asp Ile Ile Ser Ala
260 265 270
Lys Asn Asn Lys Ala Ile Thr Gly Ser Ser Ile Pro Val Ser Pro Met
275 280 285
Gly Cys Arg Ser Phe Leu Ser Ala Trp Lys Asp Ser Thr Gly Asn Glu
290 295 300
Ile Leu Asp Gly Arg Asn Asn Leu Gly Val Val Thr Leu Asn Leu Pro
305 310 315 320
Arg Ile Ala Leu Asp Ser Tyr Ile Gly Thr Gln Phe Asn Glu Gln Lys
325 330 335
Phe Thr Glu Leu Phe Asn Glu Arg Met Asp Leu Cys Phe Glu Ala Leu
340 345 350
Met Cys Arg Ile Ser Ser Leu Lys Gly Val Lys Ala Thr Val Ala Pro
355 360 365
Ile Leu Tyr Gln Glu Gly Ala Phe Gly Val Arg Leu Lys Pro Asp Asp
370 375 380
Asp Ile Ile Glu Leu Phe Lys Asn Gly Arg Ser Ser Val Ser Leu Gly
385 390 395 400
Tyr Ile Gly Ile His Glu Leu Asn Ile Leu Val Gly Arg Asp Ile Gly
405 410 415
Gln Glu Ile Leu Thr Lys Met Asn Ala Arg Leu Lys Gln Trp Ala Glu
420 425 430
Arg Thr Gly Phe Ala Phe Ser Leu Tyr Ser Thr Pro Ala Glu Asn Leu
435 440 445
Cys Tyr Arg Phe Cys Lys Leu Asp Thr Glu Lys Tyr Gly Ser Val Lys
450 455 460
Asp Val Thr Asp Lys Gly Trp Tyr Thr Asn Ser Phe His Val Ser Val
465 470 475 480
Glu Glu Asn Ile Thr Pro Phe Glu Lys Ile Ser Arg Glu Ala Pro Tyr
485 490 495
His Phe Ile Ala Thr Gly Gly His Ile Ser Tyr Val Glu Leu Pro Asp
500 505 510
Met Lys Asn Asn Leu Lys Gly Leu Glu Ala Val Trp Asp Tyr Ala Ala
515 520 525
Gln His Leu Asp Tyr Phe Gly Val Asn Met Pro Val Asp Lys Cys Phe
530 535 540
Thr Cys Gly Ser Thr His Glu Met Thr Pro Thr Glu Asn Gly Phe Val
545 550 555 560
Cys Ser Ile Cys Gly Glu Thr Asp Pro Lys Lys Met Asn Thr Ile Arg
565 570 575
Arg Thr Cys Gly Tyr Leu Gly Asn Pro Asn Glu Arg Gly Phe Asn Leu
580 585 590
Gly Lys Asn Lys Glu Ile Met His Arg Val Lys His Gln
595 600 605
<210> 332

<211> 156
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 332

```
Met Asn Tyr Asp Arg Phe Tyr Pro Cys Asp Phe Val Asn Gly Pro Gly
1               5                  10                  15
Cys Arg Thr Val Leu Phe Val Thr Gly Cys Leu His Lys Cys Glu Gly
            20                  25                  30
Cys Tyr Asn Lys Ser Thr Trp Asn Ala Arg Asn Gly Ile Pro Phe Thr
        35                  40                  45
Gly Glu Thr Leu Glu Gln Leu Ile Glu Cys Leu Asn Asn Asp Tyr Ile
    50                  55                  60
Glu Gly Leu Thr Ile Thr Gly Gly Asp Pro Leu Tyr Pro Asp Asn Arg
65                  70                  75                  80
Asp Val Ile His Cys Ile Val Gln Thr Val Lys Asn Leu Tyr Pro Asn
                85                  90                  95
Lys Ser Ile Trp Leu Trp Thr Gly Tyr Lys Phe Glu Asp Ile Lys Gln
            100                 105                 110
Leu Glu Met Leu Lys Tyr Val Asp Val Ile Ile Asp Gly Lys Tyr Glu
        115                 120                 125
Lys Asn Leu Pro Thr Lys Lys Leu Trp Arg Gly Ser Asp Asn Gln Arg
    130                 135                 140
Leu Trp Ser Asn Thr Asp Gly Val Trp Lys His Asp
145                 150                 155
```

<210> 333
<211> 37
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 333

```
Met Ile Lys Leu Asn Tyr Ile Met Asp Thr Ile Asn Asp Met Ile Phe
1               5                  10                  15
His Phe Gly Pro Glu Phe Tyr Ser Gln Tyr Ser Leu Val Leu Ile Asn
            20                  25                  30
Ala Trp Leu Ile Asn
        35
```

<210> 334
<211> 71
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 334

```
Met Tyr Lys Phe Arg Lys Gly Leu Ala Asp Phe Leu Thr Thr Val Thr
1               5                  10                  15
```

Phe Phe Leu Phe Met Ala Val Gly Ala Ile Phe Leu Ile Pro Phe Ile
20 25 30
Ala Ile Phe Phe Val Ile Ser Leu Ile Ser Pro Glu Lys Gly Leu Ser
35 40 45
Ser Ser Glu Phe Asn Glu Arg Leu Asp Lys Ile Thr Asn Lys Leu Asn
50 55 60
Ala Val Leu Asp Lys Lys Ala
65 70

<210> 335
<211> 103
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 335

Met Ile Ser Phe Glu Arg Tyr Val Val Glu Ser Trp Asn Gly Phe Asp
1 5 10 15
Met Phe Gly Asn Asp Tyr Tyr Phe Tyr Glu Cys Ser Leu Asn Pro Ser
20 25 30
Phe Trp Ala Gly Arg Glu Gln Asp Leu Glu Glu Ile Asn Ala Arg Ala
35 40 45
Asp Leu Leu Gly Glu Leu Pro Thr Thr Tyr Phe Thr Phe Asp Glu Ser
50 55 60
Gly Phe Val Ile Gln Val Tyr Phe Pro Glu Glu Asn Ser Gly Glu Asp
65 70 75 80
Ser Val Asn Pro Pro Tyr Trp Ala Tyr Gln Gly Ile Ile Ser Arg Gly
85 90 95
Thr Lys Leu Glu Leu Lys Glu
100

<210> 336
<211> 107
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 336

Val Glu Gln Asn Ser Asn Leu Lys Asn Lys Ile Glu Val Tyr Gly Ile
1 5 10 15
Pro Asp Glu Val Gly Arg Cys Pro Gly Cys Gln Ser Val Thr Lys Leu
20 25 30
Leu Lys Glu Leu Asn Ala Pro Phe Thr Phe Tyr Lys Val Leu Thr Asn
35 40 45
Asn Gly Lys Ile Glu Tyr Asp Arg Pro Leu Ile Val Ser Leu Ala Lys
50 55 60
Arg Ala Gly Phe Thr Ser Leu Asn Ile Arg Tyr Pro Val Ile Phe Ile
65 70 75 80
Asn Asp Ser Arg Gln Lys Asn Ile Lys His Phe Lys Glu Thr Leu Ile
85 90 95

Ser Leu Gly Tyr Asp Arg Asp Ile Ile Glu Asp
100 105

<210> 337
<211> 60
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 337

Met Val Val Val Asp Lys Glu Ile Lys Lys Gly Gln Tyr Tyr Phe Ile
1 5 10 15
Asn Gly Asn Val Val Arg Val Thr Tyr Val Asn Gly Phe Glu Val Tyr
20 25 30
Tyr Leu Ile Leu Lys Leu His Lys Gln Met Ile Cys Asp Arg Ala Val
35 40 45
Phe Ser Ser Val Ala Lys Glu Ile Lys Leu His Gly
50 55 60

<210> 338
<211> 97
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 338

Met Gly Lys Thr Tyr Arg Arg Lys Asp Leu Lys Val Arg Asp Tyr Asp
1 5 10 15
Tyr Phe Gly Lys Arg Lys Ala Pro Asp Gly Val Ser His Lys Asp Met
20 25 30
Val Glu Asn Ile Phe Arg Ser Asp Lys Trp Arg Arg Met Lys Gly Ile
35 40 45
Asp Ser Glu Val Lys Asp Glu Leu Asn Arg Gln Leu Arg Ser Glu Val
50 55 60
Arg Lys Leu Lys Lys Ser Val Tyr Ile Asp Asp Asp Phe Asp Tyr Asn
65 70 75 80
Thr Ser Gln Arg Val Ala Lys Arg Lys Ser Asn Glu Cys Tyr Arg Tyr
85 90 95
Ser

<210> 339
<211> 43
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 339

Met Asn Ile Lys Arg Met Leu Phe Lys Gln Gly Leu Tyr Thr Leu Asn
1 5 10 15
Ala Thr Pro Lys Gly Asp Thr Thr Lys Trp Ser Val Asn Asp Trp Ile
20 25 30

Lys Phe Ile Asp Glu Asn Gly Asn Trp Glu Ile
35 40

<210> 340
<211> 66
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 340

Met Asn Pro Glu Ser Lys Leu Ser Gln Arg Ile Ala Glu Glu Arg Ala
1 5 10 15
Lys Phe Phe Gln Asn Met Lys His Asn Gly Ile Glu Asp Glu Val Phe
20 25 30
Leu Asn Trp Phe Trp Asn Asn Lys Tyr Ala Ala Cys Glu Gly Ala Leu
35 40 45
Ser Leu Ser Val Ala Met Met Tyr Glu Gly Trp Lys Gly Ala Lys Lys
50 55 60
Phe Ser
65

<210> 341
<211> 108
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 341

Met Thr Ile Gln Ile Lys Asn Ala Ile Asn Ser Tyr Ala Tyr Asp Lys
1 5 10 15
Val Val Ser Leu Leu Glu Lys Gly Asp Ile Val Thr Pro Gln Ile Leu
20 25 30
Asp Lys Trp Glu Lys Glu Leu His Gln Thr Met Lys Gln Asn Asp Gln
35 40 45
Lys Ile Gly Arg Asn Thr Val Arg Glu Leu Leu Val Gln Tyr Ile Leu
50 55 60
Ser Glu Phe Asp Val Lys Ala Phe Gly Val Glu Ser Lys Ala Tyr Gln
65 70 75 80
Lys His Glu Ile Ser Asp Lys Thr Ile Arg Arg Met Lys Asn Gln Arg
85 90 95
Lys Lys Lys Phe Ala Asp Leu Lys Ile Thr Lys Val
100 105

<210> 342
<211> 71
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 342

Met Asn Glu Ala Leu Ile Asn Asp Leu Arg Leu Ala Gly Tyr Glu Val

1 5 10 15
Asn Thr Asn Gly Ile Gly Leu Thr Gln Ile Glu Gly Asn Gly Phe Ile
20 25 30
Leu Glu Tyr Glu Phe Ser Gln Trp Trp Leu Tyr Ala Asn Tyr Gly Glu
35 40 45
Leu Ile Glu Tyr Val Asp Gln Phe Asp Ser Leu Asp Ala Ala Leu Glu
50 55 60
Ala Ala Lys Leu Met Asn Val
65 70

<210> 343
<211> 89
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 343
Met Lys Leu Ile Asn Ile Ser Ile Ala Ile Glu Asn Phe Gly Ile Phe
1 5 10 15
Tyr Val Asp Gln Tyr Met Lys Ile Ser Phe Phe Pro Asn Lys Thr Gly
20 25 30
Val Gly Tyr Trp Glu Ser His Val Ser Glu Leu Asn Glu Ser Glu Tyr
35 40 45
Val Ser Thr His Lys Lys Phe Leu Asp Phe Leu Tyr Arg Ala Asp Ile
50 55 60
Asn Asp His Tyr Ile Asp Ile His Glu Phe Lys Lys Met Met Glu Lys
65 70 75 80
Val Phe Gln Ala Tyr Cys Leu Leu Arg
85

<210> 344
<211> 185
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 344
Met Ser Glu Thr Lys Pro Lys Tyr Asn Tyr Val Asn Asn Lys Glu Leu
1 5 10 15
Leu Gln Ala Ile Ile Asp Trp Lys Thr Glu Leu Ala Asn Asn Lys Asp
20 25 30
Pro Asn Lys Val Val Arg Gln Asn Asp Thr Ile Gly Leu Ala Ile Met
35 40 45
Leu Ile Ala Glu Gly Leu Ser Lys Arg Phe Asn Phe Ser Gly Tyr Thr
50 55 60
Gln Ser Trp Lys Gln Glu Met Ile Ala Asp Gly Ile Glu Ala Ser Ile
65 70 75 80
Lys Gly Leu His Asn Phe Asp Glu Thr Lys Tyr Lys Asn Pro His Ala
85 90 95
Tyr Ile Thr Gln Ala Cys Phe Asn Ala Phe Val Gln Arg Ile Lys Lys

100 105 110
Glu Arg Lys Glu Val Ala Lys Lys Tyr Ser Tyr Phe Val His Asn Val
115 120 125
Tyr Asp Ser Arg Asp Asp Asp Met Val Ala Leu Val Asp Glu Thr Phe
130 135 140
Ile Gln Asp Ile Tyr Asp Lys Met Thr His Tyr Glu Glu Ser Thr Tyr
145 150 155 160
Arg Thr Pro Gly Ala Glu Lys Lys Ser Val Val Asp Asp Ser Pro Ser
165 170 175
Leu Asp Phe Leu Tyr Glu Ala Asn Asp
180 185

<210> 345
<211> 72
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 345
Met Arg Leu Thr Ile Asn Leu Ser Gly Phe Leu Glu Glu Ile Pro Glu
1 5 10 15
Val Glu Ala Ile Pro Tyr Leu Leu Lys Met Tyr Leu Arg Glu Val Leu
20 25 30
Ala Leu Asp Ile Asp Ile Asp Pro Glu Asn Pro Tyr Asp Thr Ala Phe
35 40 45
Lys Ser Asn Gly Val Glu Leu Asn Tyr Arg Tyr His Leu Thr Asp Asp
50 55 60
Asp Phe Tyr Phe Ile Leu Glu Lys
65 70

<210> 346
<211> 105
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 346
Met Thr Asp Lys Pro Glu Ile Asn Asp Glu Val Glu Lys Leu Ile Ser
1 5 10 15
Ser Ile Glu Glu Lys Asn Arg Leu Glu Ala Glu Arg Lys Ala Asn Lys
20 25 30
Leu Leu Ser Lys Asn Lys Arg Glu Leu Asn Arg Leu Tyr Lys His Ala
35 40 45
Gln Ile Ala Ala Glu Asn Asn Asn Phe Ala Gln Tyr Glu Tyr Ala Ile
50 55 60
Lys Lys Ser Arg Asp Ile Leu Lys Gln Pro Tyr Asn Asp Glu Leu Ile
65 70 75 80
Ser Ile Leu Trp Lys Thr Thr Arg Ser Gln Ile Glu Asp Met Ile Asp
85 90 95
Ala Tyr Thr Arg Lys Ile Gln Ala Ser

100 105

<210> 347
<211> 67
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 347

Met Leu Thr His Val Lys Phe Lys Arg Leu Lys Ile Asn Ala Gly Phe
1 5 10 15
Thr Glu Ser Leu Asn Gly His Leu Cys Val Lys Ile Ser Glu Lys Glu
20 25 30
Tyr His Asp Ser Ser Ile Lys Glu Val Asn Pro Pro Ile Val Arg Ala
35 40 45
Asp Pro Asn Met Lys Val Trp Val Asp Ser Tyr Gln Val Lys Lys Trp
50 55 60
Trp Gln Leu
65

<210> 348
<211> 57
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 348

Met Asn Thr Gln Thr Ser Glu Ile Asp Tyr Asn Lys Ile Arg Ser Ser
1 5 10 15
Lys Glu Glu Met Met Arg Arg Phe Lys Glu Ser His Asp Lys Ala Lys
20 25 30
Ala Glu Gly Thr Ile Lys Tyr Lys Arg Ile Lys Phe Lys Ser Ser Asn
35 40 45
Glu Pro Leu Tyr Gly Val Leu Cys Gly
50 55

<210> 349
<211> 400
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 349

Met Lys Val Cys Ile Phe Met Ala Arg Gly Leu Glu Gly Cys Gly Val
1 5 10 15
Thr Lys Phe Ser Leu Glu Gln Arg Asp Trp Phe Ile Lys Asn Gly His
20 25 30
Glu Val Thr Leu Val Tyr Ala Lys Asp Lys Ser Phe Thr Arg Asn Cys
35 40 45
Ala His Asp Tyr Lys Ser Phe Ser Ile Pro Val Leu Leu Ala Lys Glu
50 55 60

Tyr Asp Lys Thr Leu Lys Leu Val Asn Asp Cys Asp Ile Leu Ile Ile
65 70 75 80
Asn Ser Val Pro Ala Thr Ser Val Glu Glu Asp Thr Ile Asn Asn Tyr
85 90 95
Lys Lys Ile Ile Asp Asn Ile Lys Pro Ser Val Arg Val Val Val Tyr
100 105 110
Gln His Asp His Ser Ser Leu Ser Leu Arg Arg Asn Leu Gly Leu Glu
115 120 125
Glu Thr Ile Arg Arg Ala Asp Val Ile Phe Ser His Ser Asp Asn Gly
130 135 140
Asp Phe Asn Lys Val Leu Met Lys Glu Trp Tyr Pro Glu Thr Val Ser
145 150 155 160
Leu Phe Asp Asp Ile Glu Glu Ala Pro Thr Val Tyr Asn Phe Gln Pro
165 170 175
Pro Met Asp Ile Ala Lys Val Arg Ser Thr Tyr Trp Lys Asp Val Ser
180 185 190
Glu Ile Asn Met Asn Ile Asn Arg Trp Ile Gly Arg Thr Thr Thr Trp
195 200 205
Lys Gly Phe Tyr Gln Met Phe Asp Phe His Glu Lys His Leu Lys Pro
210 215 220
Ala Gly Leu Ser Thr Ile Met Glu Gly Leu Glu Arg Ser Pro Ala Phe
225 230 235 240
Ile Pro Ile Lys Glu Lys Gly Ile Pro Tyr Glu Tyr Tyr Arg Leu His
245 250 255
Gln Val Asp Gln Ile Lys Ile Ala Pro Asn Leu Pro Thr Gln Ile Leu
260 265 270
Asp Arg Tyr Val Asn Ser Glu Met Leu Glu Arg Met Ser Lys Ser Gly
275 280 285
Phe Gly Tyr Gln Leu Ser Lys Leu Asp Lys Lys Tyr Leu Gln Arg Ser
290 295 300
Leu Glu Tyr Thr His Leu Glu Leu Gly Ala Cys Gly Thr Ile Pro Val
305 310 315 320
Phe Trp Lys Ser Thr Gly Glu Asn Leu Lys Phe Arg Val Asp Asn Thr
325 330 335
Pro Leu Thr Ser His Asp Ser Gly Ile Ile Trp Phe Asp Glu Asn Asp
340 345 350
Met Glu Ser Thr Phe Glu Arg Ile Lys Glu Leu Ser Ser Asp Arg Thr
355 360 365
Leu Tyr Asp Arg Glu Arg Glu Lys Ala Tyr Glu Phe Leu Tyr Gln His
370 375 380
Gln Asp Ser Ser Phe Cys Phe Lys Glu Gln Phe Asp Ile Ile Thr Lys
385 390 395 400
<210> 350
<211> 339
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08

<400> 350

Met Lys Ile Leu Asn Leu Gly Asp Trp His Leu Gly Val Lys Ala Asp
1 5 10 15

Asp Glu Trp Val Gln Ser Ile Gln Leu Asp Gly Ile Lys Gln Ala Ile
20 25 30

Glu Tyr Ser Lys Lys Asn Gly Ile Thr Thr Trp Ile Gln Tyr Gly Asp
35 40 45

Ile Phe Asp Val Arg Lys Ala Ile Thr His Lys Thr Met Glu Phe Ala
50 55 60

Arg Glu Ile Val Gln Met Leu Asp Asp Ala Gly Ile Thr Leu His Thr
65 70 75 80

Ile Val Gly Asn His Asp Met His Phe Lys Asn Thr Leu Thr Pro Asn
85 90 95

Ala Ser Thr Glu Leu Leu Ala Lys Tyr Pro Asn Val Lys Val Tyr Asp
100 105 110

Lys Pro Thr Thr Val Asp Phe Asp Gly Cys Leu Ile Asp Leu Ile Pro
115 120 125

Trp Met Cys Glu Glu Asn Thr Gly Glu Ile Leu Glu His Ile Lys Thr
130 135 140

Ser Ser Ala Ser Phe Cys Val Gly His Trp Glu Leu Asn Gly Phe Tyr
145 150 155 160

Phe Tyr Lys Gly Met Lys Ser His Gly Leu Glu Pro Asp Phe Leu Lys
165 170 175

Thr Tyr Lys Glu Val Trp Ser Gly His Phe His Thr Ile Ser Glu Ala
180 185 190

Ala Asn Val Arg Tyr Ile Gly Thr Pro Trp Thr Leu Thr Ala Gly Asp
195 200 205

Glu Asn Asp Pro Arg Gly Phe Trp Met Phe Asp Thr Glu Thr Glu Arg
210 215 220

Met Glu Phe Ile Pro Asn Asn Thr Thr Trp His Arg Arg Ile His Tyr
225 230 235 240

Pro Phe Lys Gly Lys Ile Asp Tyr Lys Asp Phe Thr Asn Leu Ser Val
245 250 255

Arg Val Ile Val Thr Glu Val Asp Lys Asn Leu Thr Lys Phe Glu Ser
260 265 270

Glu Leu Glu Lys Val Val His Ser Leu Arg Val Val Ser Lys Ile Asp
275 280 285

Asn Ser Val Glu Ser Asp Asp Ser Glu Glu Val Glu Val Gln Ser Leu
290 295 300

Gln Thr Leu Met Glu Glu Tyr Ile Asn Ala Ile Pro Asp Ile Thr Asp
305 310 315 320

Ser Asp Arg Glu Ala Leu Ile Gln Tyr Ala Asn Gln Leu Tyr Val Glu
325 330 335

Ala Thr Gln

<210> 351

<211> 87

<212> PRT

<213> Unknown

<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 351
Met Thr Phe Asp Glu Phe Lys Asn Val Met Met Ser Gln His Phe Glu
1 5 10 15
Cys Glu Val Lys Asp Asp Ile Gly His Lys Glu Ile Ile Glu Tyr Trp
20 25 30
Phe Glu Pro Leu Glu Val Glu Asp Asn Cys Ile Lys Lys Val Thr Val
35 40 45
Cys Thr Asp Trp Ala Val Ser Phe Asn Phe Asn Ile Leu Asp Asn Asp
50 55 60
Thr Pro Lys Ser Leu Arg Asp Met Ala Val Ser Cys Ile Lys Asp Ala
65 70 75 80
Tyr Cys Glu Val Phe Asp Ile
85
<210> 352
<211> 68
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 352
Val Lys Phe Ser Thr Phe Asp Ile Asn Asp Glu Phe Ile Ala Asn Ile
1 5 10 15
Asp Tyr Thr Glu Glu Asp Ser Arg Tyr Val Gly Ile Ile Tyr Ile Thr
20 25 30
Ser Lys Thr Ala Gln Gly Val Val Cys Met Ala Glu Phe Asp Glu Tyr
35 40 45
Phe Leu Asp Tyr Asp Asp Met Ile Glu Trp Ser Lys Arg Tyr Ile Lys
50 55 60
Arg Asn Leu Leu
65
<210> 353
<211> 546
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 353
Met Ser Val Gly Gly Asn Pro Ile Asp Ile Gln Leu Asp Lys Val Gln
1 5 10 15
Lys Thr Leu Ile Thr Gly Arg Asn Gly Gly Gly Lys Ser Thr Met Leu
20 25 30
Glu Ala Ile Thr Phe Gly Leu Phe Gly Lys Pro Phe Arg Asp Val Lys
35 40 45
Lys Gly Gln Leu Ile Asn Ser Thr Asn Lys Lys Glu Leu Leu Val Glu
50 55 60
Leu Trp Met Glu Tyr Asp Glu Lys Lys Tyr Tyr Ile Lys Arg Gly Gln

65 70 75 80
Lys Pro Asn Val Phe Glu Ile Thr Val Asn Gly Thr Arg Leu Asn Glu
85 90 95
Ser Ala Ser Ser Lys Asp Phe Gln Ala Glu Phe Glu Gln Leu Ile Gly
100 105 110
Met Ser Tyr Ala Ser Phe Lys Gln Ile Val Val Leu Gly Thr Ala Gly
115 120 125
Tyr Thr Pro Phe Met Gly Leu Ser Thr Pro Ala Arg Arg Lys Leu Val
130 135 140
Glu Asp Leu Leu Glu Val Gly Thr Leu Ala Glu Met Asp Lys Leu Asn
145 150 155 160
Lys Ala Leu Ile Arg Glu Leu Asn Ser Gln Asn Gln Val Leu Asp Val
165 170 175
Lys Lys Asp Ser Ile Ile Gln Gln Ile Lys Ile Tyr Asn Asp Asn Val
180 185 190
Glu Arg Gln Lys Lys Leu Thr Gly Asp Asn Leu Thr Arg Leu Gln Asn
195 200 205
Met Tyr Asp Asp Leu Ala Lys Glu Ala Arg Thr Leu Lys Ser Glu Ile
210 215 220
Glu Glu Ala Asn Glu Arg Leu Val Asn Ile Val Leu Asp Glu Asp Pro
225 230 235 240
Thr Asp Ala Phe Asn Lys Ile Gly Gln Glu Ala Val Leu Ile Lys Ser
245 250 255
Lys Ile Asp Ser Tyr Asn Lys Val Ile Asn Met Tyr His Glu Gly Gly
260 265 270
Leu Cys Pro Thr Cys Leu Ser Gln Leu Ser Ser Gly Asp Lys Val Val
275 280 285
Ser Lys Ile Lys Asp Lys Val Ser Glu Cys Thr His Ser Phe Glu Gln
290 295 300
Leu Ser Thr His Arg Asp Asn Leu Lys Val Leu Val Asp Glu Tyr Arg
305 310 315 320
Asp Asn Ile Lys Thr Gln Gln Ser Leu Ala Asn Asp Ile Arg Asn Lys
325 330 335
Lys Gln Ser Leu Ile Thr Thr Val Asp Lys Ala Lys Lys Val Lys Ala
340 345 350
Ala Ile Glu Lys Ala Ser Ser Glu Phe Ile Asp His Ala Asp Glu Ile
355 360 365
Ala Leu Leu Gln Glu Glu Leu Asp Lys Ile Val Lys Thr Lys Thr Asn
370 375 380
Leu Val Met Glu Lys Tyr His Arg Gly Ile Leu Thr Asp Met Leu Lys
385 390 395 400
Asp Ser Gly Ile Lys Gly Ala Ile Ile Lys Lys Tyr Ile Pro Leu Phe
405 410 415
Asn Lys Gln Ile Asn His Tyr Leu Lys Ile Met Glu Ala Asp Tyr Val
420 425 430
Phe Thr Leu Asp Glu Glu Phe Asn Glu Thr Ile Lys Ser Arg Gly Arg
435 440 445
Glu Asp Phe Ser Tyr Ala Ser Phe Ser Gln Gly Glu Lys Ala Arg Ile

450 455 460

Asp Ile Ala Leu Leu Phe Thr Trp Arg Asp Ile Ala Glu Lys Val Ser
465 470 475 480

Gly Val Lys Ile Asn Thr Leu Ile Leu Asp Glu Val Phe Asp Ser Ala
485 490 495

Thr Asp Val Glu Gly Val Lys Ala Ile Ser Thr Ile Leu Asp Ser Leu
500 505 510

Lys Asn Thr Asn Val Phe Val Ile Ser His Arg Asp His Asp Pro Gln
515 520 525

Ala Tyr Gly Gln His Leu Gln Met Lys Lys Val Gly Arg Phe Thr Val
530 535 540

Met Val
545

<210> 354
<211> 62
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 354

Met Glu Tyr Ser Thr Gly Gln His Leu Leu Thr Ile Pro Glu Ile Lys
1 5 10 15

Arg Tyr Ile Leu Arg Asn Asn Phe Ser Asn Glu Glu His Ile Val Thr
20 25 30

Glu Ser Met Leu Arg Asn Ala Phe Lys Ala Glu Tyr Thr Lys Ile Met
35 40 45

Ser Asn Arg Asn Glu Ala Trp Thr Val Thr Asp Tyr Tyr Asp
50 55 60

<210> 355
<211> 129
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 355

Met Thr Lys Ile Thr Val Asn Tyr Thr Val Asp Val Lys Asp Ile Gln
1 5 10 15

Pro Lys His Val Arg Ser Glu Ser Asn Pro Gln Asn Gln Asn Lys Ile
20 25 30

Arg Arg Ala Trp Val Leu Ser Leu Ser Asp Asn Ala Met Glu Val Ile
35 40 45

Gln Asn Lys Ile Lys Ser Ala Pro Ala Arg His Ala Tyr Tyr Glu Ala
50 55 60

Ile Asp Arg Glu Val Ser Asn Lys Trp Ile Glu Leu Met Arg Lys His
65 70 75 80

Thr Thr Glu Ser Leu Asn Ala Gly Ala Lys Phe Ile Met Thr Ser Cys
85 90 95

Gly Glu Arg Leu Glu Asp Glu Tyr Cys Gly Asn Ala Asp Glu Arg Leu

100 105 110
Ile Val Ala Ala Gln Ile Val Ala Glu Thr Ile Ala Ala Asp Phe Asn
115 120 125
Arg
<210> 356
<211> 228
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 356
Met Lys Leu Ser Lys Asp Thr Thr Ala Leu Leu Lys Asn Phe Ala Thr
1 5 10 15
Ile Asn Ser Gly Ile Met Leu Lys Ser Gly Gln Phe Ile Met Thr Arg
20 25 30
Ala Val Asn Gly Thr Thr Tyr Ala Glu Ala Asn Ile Ser Asp Val Ile
35 40 45
Asp Phe Asp Val Ala Ile Tyr Asp Leu Asn Gly Phe Leu Gly Ile Leu
50 55 60
Ser Leu Val Asn Asp Asp Ala Glu Ile Ser Gln Ser Glu Asp Gly Asn
65 70 75 80
Ile Lys Ile Ala Asp Ala Arg Ser Thr Ile Phe Trp Pro Ala Ala Asp
85 90 95
Pro Ser Thr Val Val Ala Pro Asn Lys Pro Ile Pro Phe Pro Val Ala
100 105 110
Ser Val Val Thr Glu Ile Lys Ala Glu Asp Leu Gln Gln Leu Leu Arg
115 120 125
Val Ser Arg Gly Leu Gln Ile Asp Thr Ile Ala Ile Thr Val Lys Glu
130 135 140
Gly Lys Ile Val Ile Asn Gly Phe Asn Lys Val Glu Asp Ser Ala Leu
145 150 155 160
Thr Arg Val Lys Tyr Ser Leu Thr Leu Gly Asp Tyr Asp Gly Glu Asn
165 170 175
Thr Phe Asn Phe Ile Ile Asn Met Ala Asn Met Lys Met Gln Pro Gly
180 185 190
Asn Tyr Lys Leu Leu Leu Trp Ala Lys Gly Lys Gln Gly Ala Ala Lys
195 200 205
Phe Glu Gly Glu His Ala Asn Tyr Val Val Ala Leu Glu Ala Asp Ser
210 215 220
Thr His Asp Phe
225
<210> 357
<211> 319
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 357

Met Ile Thr Val Asn Glu Lys Glu His Ile Leu Glu Gln Lys Tyr Arg
1 5 10 15
Pro Ser Thr Ile Asp Glu Cys Ile Leu Pro Ala Phe Asp Lys Glu Thr
20 25 30
Phe Lys Ser Ile Thr Ser Lys Gly Lys Ile Pro His Ile Ile Leu His
35 40 45
Ser Pro Ser Pro Gly Thr Gly Lys Thr Thr Val Ala Lys Ala Leu Cys
50 55 60
His Asp Val Asn Ala Asp Met Met Phe Val Asn Gly Ser Asp Cys Lys
65 70 75 80
Ile Asp Phe Val Arg Gly Pro Leu Thr Asn Phe Ala Ser Ala Ala Ser
85 90 95
Phe Asp Gly Arg Gln Lys Val Ile Val Ile Asp Glu Phe Asp Arg Ser
100 105 110
Gly Leu Ala Glu Ser Gln Arg His Leu Arg Ser Phe Met Glu Ala Tyr
115 120 125
Ser Ser Asn Cys Ser Ile Ile Ile Thr Ala Asn Asn Ile Asp Gly Ile
130 135 140
Ile Lys Pro Leu Gln Ser Arg Cys Arg Val Ile Thr Phe Gly Gln Pro
145 150 155 160
Thr Asp Glu Asp Lys Ile Glu Met Met Lys Gln Met Ile Arg Arg Leu
165 170 175
Thr Glu Ile Cys Lys His Glu Gly Ile Ala Ile Ala Asp Met Lys Val
180 185 190
Val Ala Ala Leu Val Lys Lys Asn Phe Pro Asp Phe Arg Lys Thr Ile
195 200 205
Gly Glu Leu Asp Ser Tyr Ser Ser Lys Gly Val Leu Asp Ala Gly Ile
210 215 220
Leu Ser Leu Val Thr Asn Asp Arg Gly Ala Ile Asp Asp Val Leu Glu
225 230 235 240
Ser Leu Lys Asn Lys Asp Val Lys Gln Leu Arg Ala Leu Ala Pro Lys
245 250 255
Tyr Ala Ala Asp Tyr Ser Trp Phe Val Gly Lys Leu Ala Glu Glu Ile
260 265 270
Tyr Ser Arg Val Thr Pro Gln Ser Ile Ile Arg Met Tyr Glu Ile Val
275 280 285
Gly Glu Asn Asn Gln Tyr His Gly Ile Ala Ala Asn Thr Glu Leu His
290 295 300
Leu Ala Tyr Leu Phe Ile Gln Leu Ala Cys Glu Met Gln Trp Lys
305 310 315

<210> 358
<211> 187
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 358
Met Ser Leu Phe Glu Asp Asp Ile Gln Leu Asn Glu His Gln Val Ala

1 5 10 15
Trp Tyr Ser Lys Asp Trp Thr Ala Val Gln Ser Ala Ala Asp Ser Phe
20 25 30
Lys Glu Lys Ala Glu Asn Glu Phe Phe Glu Ile Ile Gly Ala Ile Asn
35 40 45
Asn Lys Thr Lys Cys Ser Ile Ala Gln Lys Asp Tyr Ser Lys Phe Met
50 55 60
Val Glu Asn Ala Leu Ser Gln Phe Pro Glu Cys Met Pro Ala Val Tyr
65 70 75 80
Ala Met Asn Leu Ile Gly Ser Gly Leu Ser Asp Glu Ala His Phe Asn
85 90 95
Tyr Leu Met Ala Ala Val Pro Arg Gly Lys Arg Tyr Gly Lys Trp Ala
100 105 110
Lys Leu Val Glu Asp Ser Thr Glu Val Leu Ile Ile Lys Leu Leu Ala
115 120 125
Lys Arg Tyr Gln Val Asn Thr Asn Asp Ala Ile Asn Tyr Lys Ser Ile
130 135 140
Leu Thr Lys Asn Gly Lys Leu Pro Leu Val Leu Lys Glu Leu Lys Gly
145 150 155 160
Leu Val Thr Asp Asp Phe Leu Lys Glu Val Thr Lys Asn Val Lys Glu
165 170 175
Gln Lys Gln Leu Lys Lys Leu Ala Leu Glu Trp
180 185

<210> 359
<211> 122
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 359
Met Ile Glu Ile Thr Leu Lys Lys Pro Glu Asp Phe Leu Lys Val Lys
1 5 10 15
Glu Thr Leu Thr Arg Met Gly Ile Ala Asn Asn Lys Asp Lys Val Leu
20 25 30
Tyr Gln Ser Cys His Ile Leu Gln Lys Lys Gly Leu Tyr Tyr Ile Val
35 40 45
His Phe Lys Glu Met Leu Arg Met Asp Gly Arg Gln Val Glu Met Thr
50 55 60
Glu Glu Asp Glu Val Arg Arg Asp Ser Ile Ala Trp Leu Leu Glu Asp
65 70 75 80
Trp Gly Leu Ile Glu Ile Val Pro Gly Gln Arg Thr Phe Met Lys Asp
85 90 95
Leu Thr Asn Asn Phe Arg Val Ile Ser Phe Lys Gln Lys His Glu Trp
100 105 110
Lys Leu Val Pro Lys Tyr Thr Ile Gly Asn
115 120

<210> 360
<211> 73

<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 360

Met	Thr	Ala	Ile	Thr	Pro	Gln	Glu	Tyr	Met	Ala	Ser	Leu	Lys	Glu	Lys
1				5				10					15		
Tyr	Asn	Leu	Ser	Ala	Thr	Glu	Thr	Leu	Phe	Asp	Leu	Pro	Glu	Asn	Leu
			20					25				30			
Gln	Leu	Lys	Phe	Gln	Val	Glu	Phe	Gln	Lys	Leu	Val	His	Pro	Glu	Gln
		35					40					45			
Lys	His	Phe	Thr	Ala	Val	Val	Lys	Ser	Ile	Asn	Ala	Asp	Gly	Met	Ile
	50					55					60				
Ile	Phe	Thr	Arg	Gln	Ile	Val	Leu	Ile							
65					70										

<210> 361
<211> 898
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 361

Met	Lys	Glu	Phe	Tyr	Ile	Ser	Ile	Glu	Thr	Val	Gly	Asn	Asn	Ile	Val
1				5				10					15		
Glu	Arg	Tyr	Ile	Asp	Glu	Asn	Gly	Lys	Glu	Arg	Thr	Arg	Glu	Val	Glu
			20					25				30			
Tyr	Leu	Pro	Thr	Met	Phe	Arg	His	Cys	Lys	Glu	Glu	Ser	Lys	Tyr	Lys
		35					40					45			
Asp	Ile	Tyr	Gly	Lys	Asn	Cys	Ala	Pro	Gln	Lys	Phe	Pro	Ser	Met	Lys
	50					55					60				
Asp	Ala	Arg	Asp	Trp	Met	Lys	Arg	Met	Glu	Asp	Ile	Gly	Leu	Glu	Ala
65					70					75					80
Leu	Gly	Met	Asn	Asp	Phe	Lys	Leu	Ala	Tyr	Ile	Ser	Asp	Thr	Tyr	Gly
				85					90					95	
Ser	Glu	Ile	Val	Tyr	Asp	Arg	Lys	Phe	Val	Arg	Val	Ala	Asn	Cys	Asp
			100					105					110		
Ile	Glu	Val	Thr	Gly	Asp	Lys	Phe	Pro	Asp	Pro	Met	Lys	Ala	Glu	Tyr
		115					120					125			
Glu	Ile	Asp	Ala	Ile	Thr	His	Tyr	Asp	Ser	Ile	Asp	Asp	Arg	Phe	Tyr
	130					135					140				
Val	Phe	Asp	Leu	Leu	Asn	Ser	Met	Tyr	Gly	Ser	Val	Ser	Lys	Trp	Asp
145					150					155					160
Ala	Lys	Leu	Ala	Ala	Lys	Leu	Asp	Cys	Glu	Gly	Gly	Asp	Glu	Val	Pro
				165					170					175	
Gln	Glu	Ile	Leu	Asp	Arg	Val	Ile	Tyr	Met	Pro	Phe	Asp	Asn	Glu	Arg
			180					185					190		
Asp	Met	Leu	Met	Glu	Tyr	Ile	Asn	Leu	Trp	Glu	Gln	Lys	Arg	Pro	Ala
		195					200					205			

Ile Phe Thr Gly Trp Asn Ile Glu Gly Phe Asp Val Pro Tyr Ile Met
210 215 220
Asn Arg Val Lys Met Val Leu Gly Glu Arg Ser Met Lys Arg Phe Ser
225 230 235 240
Pro Ile Gly Arg Val Lys Ser Lys Leu Ile Gln Asn Met Tyr Gly Ser
245 250 255
Lys Glu Ile Tyr Ser Ile Asp Gly Val Ser Ile Leu Asp Tyr Leu Asp
260 265 270
Leu Tyr Lys Lys Phe Ala Phe Thr Asn Leu Pro Ser Phe Ser Leu Glu
275 280 285
Ser Val Ala Gln His Glu Thr Lys Lys Gly Lys Leu Pro Tyr Asp Gly
290 295 300
Pro Ile Asn Lys Leu Arg Glu Thr Asn His Gln Arg Tyr Ile Ser Tyr
305 310 315 320
Asn Ile Ile Asp Val Glu Ser Val Gln Ala Ile Asp Lys Ile Arg Gly
325 330 335
Phe Ile Asp Leu Val Leu Ser Met Ser Tyr Tyr Ala Lys Met Pro Phe
340 345 350
Ser Gly Val Met Ser Pro Ile Lys Thr Trp Asp Ala Ile Ile Phe Asn
355 360 365
Ser Leu Lys Gly Glu His Lys Val Ile Pro Gln Gln Gly Ser His Val
370 375 380
Lys Gln Ser Phe Pro Gly Ala Phe Val Phe Glu Pro Lys Pro Ile Ala
385 390 395 400
Arg Arg Tyr Ile Met Ser Phe Asp Leu Thr Ser Leu Tyr Pro Ser Ile
405 410 415
Ile Arg Gln Val Asn Ile Ser Pro Glu Thr Ile Arg Gly Gln Phe Lys
420 425 430
Val His Pro Ile His Glu Tyr Ile Ala Gly Thr Ala Pro Lys Pro Ser
435 440 445
Glu Glu Tyr Ser Cys Ser Pro Asn Gly Trp Met Tyr Asp Lys His Gln
450 455 460
Glu Gly Ile Ile Pro Lys Glu Ile Ala Lys Val Phe Phe Gln Arg Lys
465 470 475 480
Asp Trp Lys Lys Lys Met Phe Ala Glu Glu Met Asn Ala Glu Ala Ile
485 490 495
Lys Lys Ile Ile Met Lys Gly Ala Gly Ser Cys Ser Thr Lys Pro Glu
500 505 510
Val Glu Arg Tyr Val Lys Phe Ser Asp Asp Phe Leu Asn Glu Leu Ser
515 520 525
Asn Tyr Thr Glu Ser Val Leu Asn Ser Leu Ile Glu Glu Cys Glu Lys
530 535 540
Ala Ala Thr Leu Ala Asn Thr Asn Gln Leu Asn Arg Lys Ile Leu Ile
545 550 555 560
Asn Ser Leu Tyr Gly Ala Leu Gly Asn Ile His Phe Arg Tyr Tyr Asp
565 570 575
Leu Arg Asn Ala Thr Ala Ile Thr Ile Phe Gly Gln Val Gly Ile Gln
580 585 590

Trp Ile Ala Arg Lys Ile Asn Glu Tyr Leu Asn Lys Val Cys Gly Thr
595 600 605
Asn Gly Glu Asp Phe Ile Ala Ala Gly Asp Thr Asp Ser Val Tyr Val
610 615 620
Cys Val Asp Lys Val Ile Glu Lys Val Gly Leu Asp Arg Phe Lys Glu
625 630 635 640
Gln Asn Asp Leu Val Glu Phe Met Asn Gln Phe Gly Lys Lys Lys Met
645 650 655
Glu Pro Met Ile Asp Val Ala Tyr Arg Glu Leu Cys Asp Tyr Met Asn
660 665 670
Asn Arg Glu His Leu Met His Met Asp Arg Glu Ala Ile Ser Cys Pro
675 680 685
Pro Leu Gly Ser Lys Gly Val Gly Gly Phe Trp Lys Ala Lys Lys Arg
690 695 700
Tyr Ala Leu Asn Val Tyr Asp Met Glu Asp Lys Arg Phe Ala Glu Pro
705 710 715 720
His Leu Lys Ile Met Gly Met Glu Thr Gln Gln Ser Ser Thr Pro Lys
725 730 735
Ala Val Gln Glu Ala Leu Glu Glu Ser Ile Arg Arg Ile Leu Gln Glu
740 745 750
Gly Glu Glu Ser Val Gln Glu Tyr Tyr Lys Asn Phe Glu Lys Glu Tyr
755 760 765
Arg Gln Leu Asp Tyr Lys Val Ile Ala Glu Val Lys Thr Ala Asn Asp
770 775 780
Ile Ala Lys Tyr Asp Asp Lys Gly Trp Pro Gly Phe Lys Cys Pro Phe
785 790 795 800
His Ile Arg Gly Val Leu Thr Tyr Arg Arg Ala Val Ser Gly Leu Gly
805 810 815
Val Ala Pro Ile Leu Asp Gly Asn Lys Val Met Val Leu Pro Leu Arg
820 825 830
Glu Gly Asn Pro Phe Gly Asp Lys Cys Ile Ala Trp Pro Ser Gly Thr
835 840 845
Glu Leu Pro Lys Glu Ile Arg Ser Asp Val Leu Ser Trp Ile Asp Tyr
850 855 860
Ser Thr Leu Phe Gln Lys Ser Phe Val Lys Pro Leu Ala Gly Met Cys
865 870 875 880
Glu Ser Ala Gly Met Asp Tyr Glu Glu Lys Ala Ser Leu Asp Phe Leu
885 890 895
Phe Gly

<210> 362
<211> 126
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 362

Met Lys Ile Ala Ile Leu Val Ile Ala Leu Gly Leu Thr Gly Cys Val
1 5 10 15

Ala Gln Gly Pro Val Val Asn Gln Ser Asp Val Gly Lys Ile Val Asn
20 25 30
Cys Ser Ser Lys Phe Tyr Asn Pro Asn Val Lys Cys Tyr Lys Glu Ala
35 40 45
Pro Lys Gln Thr Val Glu Gln Met Gln Ala Asn Phe Asp Glu Ala Ile
50 55 60
Arg Pro Asp Glu Ser Ala Gln Ala Tyr Arg Asn Ser Asp Val Ile Thr
65 70 75 80
Arg Glu Glu Lys Ile Glu Asn Tyr Cys Ala Glu Leu Trp Ala Asn Trp
85 90 95
Ala Asn Asn Tyr Gln Trp Arg Thr Gly Lys Asn Ala Pro Met Glu Tyr
100 105 110
Val Val Asn Ser Tyr Asn Ser Cys Val Lys Asn Leu Thr Lys
115 120 125

<210> 363
<211> 83
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 363

Met Glu Thr Leu Val Ala Gly Ser Ile Phe Met Val Leu Val Ser Gly
1 5 10 15
Val Leu Ala Ile Ile Ile Tyr Met Leu Pro Trp Phe Ile Ala Leu Met
20 25 30
Arg Gly Ser Lys Ser Thr Val Gly Ile Phe Phe Thr Ser Leu Leu Phe
35 40 45
Asn Trp Ser Ile Ile Gly Trp Phe Ile Thr Phe Ile Trp Ser Ile Ala
50 55 60
Gly Glu Thr Lys Lys Ser Ala Gln Pro Asn Gln Val Ile Ile Ile Arg
65 70 75 80
Glu Lys Glu

<210> 364
<211> 246
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 364

Met Ile Ser Asp Ser Met Thr Val Glu Glu Ile Arg Leu His Leu Gly
1 5 10 15
Leu Ala Leu Lys Glu Lys Asp Phe Val Val Asp Lys Thr Gly Val Lys
20 25 30
Thr Ile Glu Ile Ile Gly Ala Ser Phe Val Ala Asp Glu Pro Phe Ile
35 40 45
Phe Gly Ala Leu Asn Asp Glu Tyr Ile Gln Arg Glu Leu Glu Trp Tyr
50 55 60
Lys Ser Lys Ser Leu Phe Val Lys Asp Ile Pro Gly Glu Thr Pro Lys

65 70 75 80
Ile Trp Gln Gln Val Ala Ser Ser Lys Gly Glu Ile Asn Ser Asn Tyr
85 90 95
Gly Trp Ala Ile Trp Ser Glu Asp Asn Tyr Ala Gln Tyr Asp Met Cys
100 105 110
Leu Ala Glu Leu Gly Gln Asn Pro Asp Ser Arg Arg Gly Ile Met Ile
115 120 125
Tyr Thr Arg Pro Ser Met Gln Phe Asp Tyr Asn Lys Asp Gly Met Ser
130 135 140
Asp Phe Met Cys Thr Asn Thr Val Gln Tyr Leu Ile Arg Asp Lys Lys
145 150 155 160
Val Asn Ala Val Val Ser Met Arg Ser Asn Asp Cys Trp Ala Gly Tyr
165 170 175
Arg Asn Asp Tyr Ala Trp Gln Lys Tyr Val Leu Asp Lys Leu Val Ser
180 185 190
Asp Leu Asn Ala Gly Asp Pro Ser Arg Gln Tyr Lys Ala Gly Ser Ile
195 200 205
Ile Trp Asn Val Gly Ser Leu His Val Tyr Glu Asn Gln Phe Tyr Leu
210 215 220
Val Asp His Trp Trp Asn Thr Gly Glu Thr His Ile Ala Lys Lys Asp
225 230 235 240
Tyr Thr Gly Lys Trp Lys
245

<210> 365
<211> 213
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 365
Met Glu Val Asn Val Pro His Val Tyr Lys Tyr Lys His Pro Lys Thr
1 5 10 15
Lys Lys Trp Tyr Ile Gly Ser His Asp Gly His Asn Pro Asn Tyr Asp
20 25 30
Gly Ser Gly Val Val Trp Gln His Val Lys Lys Lys Tyr Gly Ile Lys
35 40 45
Ser Phe Asn Lys Glu Ile Leu Tyr Glu Gly Pro Met Phe Arg Gln Val
50 55 60
Glu Glu Ile Ile Leu Thr Cys Leu Asp Ala Ala Asn Cys Pro Asp Ser
65 70 75 80
Tyr Asn Leu Lys Asn Glu Ala Trp Gly Gly Ser Phe Pro Gly Lys Leu
85 90 95
Asn Gly Met Tyr Gly Lys Lys Leu Ser Pro Glu Glu Arg Tyr Lys Cys
100 105 110
Gly Asn Ala Phe Arg Gly Ile Lys Arg Pro Asp His Ser Lys Arg Met
115 120 125
Lys Gly Glu Gly Asn Pro Met Tyr Gly Lys Asn Glu Gln Ala Tyr Gly
130 135 140

Ile Ile Asn Arg Ala Lys Glu Asn Ser Gly Lys Thr Tyr Glu Glu Ile
145 150 155 160
Phe Gly Val Glu Lys Ala Lys Ile Ile Lys Glu Thr Met Ser Lys Asn
165 170 175
Arg Lys Gly Lys Pro His Asn Leu Ile Glu Lys Ile Cys Pro His Cys
180 185 190
Gly Leu Lys Gly Arg Gly Pro Asn Met Thr Arg Tyr His Phe Asp Lys
195 200 205
Cys Lys Ala Leu Lys
210

<210> 366
<211> 280
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 366

Met Ile Gln Phe Val Ile Pro Ser Tyr Gln Arg Val Gly Ala Val Ser
1 5 10 15
Ala Leu Asp Met Phe Pro Thr Asp Tyr Glu Pro His Ile Val Val Arg
20 25 30
Glu His Glu Glu Lys Ala Tyr Tyr Asp Ala Tyr Gly Ser Lys Ala Lys
35 40 45
Ile Val Thr Ile Pro Asp Asp Val Asn Gly Ile Ala Gly Thr Arg Lys
50 55 60
Ala Ile Thr Asp Met Tyr Ala Gly Gln Arg Ile Trp Met Ile Asp Asp
65 70 75 80
Asp Thr Thr Ile Arg Met Ser Ser Met Arg Lys Arg Asp Asp Arg Arg
85 90 95
Cys Val Asp Lys Val Asn Gln Leu Thr Arg Glu Gln Phe Tyr Glu Leu
100 105 110
Ile Gln Tyr Val Glu Asp Ala Met Asp Cys Gly Tyr Tyr His Gly His
115 120 125
Ala Arg Leu Pro Ile Phe Lys Ile Thr Ser Ser Trp Gly Asn Tyr Arg
130 135 140
Glu Asn Ser Tyr Gly Phe Thr Asn Thr Trp Tyr Asp Leu Gly Lys Leu
145 150 155 160
Thr Thr Glu Gln Ile Gly Tyr Gly Lys Ile Asp Leu Cys Glu Asp Met
165 170 175
Tyr Ala Phe Leu Asn Leu Ile Asn Gln Gly Tyr Pro His Leu Ala Leu
180 185 190
Phe Lys Tyr Leu Val Val Ser Gly Lys Ala Gln Ala Pro Gly Gly Cys
195 200 205
Ser Ser Ile Arg Ser Asn Ser Lys His Asn Arg Ala Leu Glu Gln Ile
210 215 220
Asn Arg Glu Phe Pro Glu Gln Ala Arg Trp Lys Thr Ser Asn Ile Glu
225 230 235 240
Lys Arg Lys Ser Leu Gly Glu Glu Asp Glu Pro Leu Lys Val Leu Arg

245 250 255
Met Cys Val Ser Arg Lys Glu Lys Ser Glu Ala Phe His Lys Phe Asn
260 265 270
Ala Ile His Pro Ile Ala Val Asp
275 280

<210> 367
<211> 393
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 367
Met Ser Ile Ala Asp Leu Lys Ser Arg Leu Ile Lys Ala Ser Thr Ser
1 5 10 15
Lys Met Thr Ala Glu Leu Thr Thr Ser Lys Phe Phe Asn Glu Lys Asp
20 25 30
Val Ile Arg Thr Lys Ile Pro Met Leu Asn Ile Ala Ile Ser Gly Ala
35 40 45
Ile Asp Gly Gly Met Gln Ser Gly Leu Thr Ile Phe Ala Gly Pro Ser
50 55 60
Lys His Phe Lys Ser Asn Met Ser Leu Thr Met Val Ala Ala Tyr Leu
65 70 75 80
Asn Lys Tyr Pro Asp Ala Val Cys Leu Phe Tyr Asp Ser Glu Phe Gly
85 90 95
Ile Thr Pro Ala Tyr Leu Arg Ser Met Gly Val Asp Pro Glu Arg Val
100 105 110
Ile His Thr Pro Ile Gln Ser Val Glu Gln Leu Lys Ile Asp Met Val
115 120 125
Asn Gln Leu Glu Ala Ile Glu Arg Gly Glu Lys Val Ile Val Phe Ile
130 135 140
Asp Ser Ile Gly Asn Met Ala Ser Lys Lys Glu Thr Glu Asp Ala Leu
145 150 155 160
Asn Glu Lys Ser Val Ala Asp Met Thr Arg Ala Lys Ser Leu Lys Ser
165 170 175
Leu Phe Arg Ile Val Thr Pro Tyr Phe Ser Ile Lys Asn Ile Pro Cys
180 185 190
Val Ala Val Asn His Thr Ile Glu Thr Ile Glu Met Phe Ser Lys Thr
195 200 205
Val Met Thr Gly Gly Thr Gly Val Met Tyr Ser Ala Asp Thr Val Phe
210 215 220
Ile Ile Gly Lys Arg Gln Ile Lys Asp Gly Ser Asp Leu Gln Gly Tyr
225 230 235 240
Gln Phe Val Leu Asn Val Glu Lys Ser Arg Thr Val Lys Glu Lys Ser
245 250 255
Lys Phe Phe Ile Asp Val Lys Phe Asp Gly Gly Ile Asp Pro Tyr Ser
260 265 270
Gly Leu Leu Asp Met Ala Leu Glu Leu Gly Phe Val Val Lys Pro Lys
275 280 285

Asn Gly Trp Tyr Ala Arg Glu Phe Leu Asp Glu Glu Thr Gly Glu Met
290 295 300
Ile Arg Glu Glu Lys Ser Trp Arg Ala Lys Asp Thr Asn Cys Thr Thr
305 310 315 320
Phe Trp Gly Pro Leu Phe Lys His Gln Pro Phe Arg Asp Ala Ile Lys
325 330 335
Arg Ala Tyr Gln Leu Gly Ala Ile Asp Ser Asn Glu Ile Val Glu Ala
340 345 350
Glu Val Asp Glu Leu Ile Asn Ser Lys Val Glu Lys Phe Lys Ser Pro
355 360 365
Glu Ser Lys Ser Lys Ser Ala Ala Asp Leu Glu Thr Asp Leu Glu Gln
370 375 380
Leu Ser Asp Met Glu Glu Phe Asn Glu
385 390

<210> 368
<211> 112
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 368
Met Ser Lys Asp Asp Leu Asp Leu Glu Ile Ile Asp Glu Ser Pro Ser
1 5 10 15
Ser Glu Gly Glu Glu Glu Arg Lys Glu Arg Leu Phe Asn Glu Ser Leu
20 25 30
Lys Ile Ile Lys Ser Ala Met Glu Asn Val Ile Gln Glu Ile Val Ile
35 40 45
Lys Leu Glu Asp Gly Ser Thr His Ile Val Tyr Val Thr Lys Leu Asp
50 55 60
Trp Val Asp Gly Lys Val Val Met Asp Phe Ala Val Leu Asp Gln Glu
65 70 75 80
Arg Lys Ala Glu Leu Ala Pro His Val Glu Lys Cys Ile Thr Met Gln
85 90 95
Leu Gln Asp Ala Phe Asn Lys Arg Ser Lys Lys Lys Phe Lys Phe Phe
100 105 110

<210> 369
<211> 475
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 369
Val Val Glu Ile Ile Leu Ser His Leu Ile Phe Asp Gln Ala Tyr Phe
1 5 10 15
Ser Lys Val Trp Pro Tyr Met Asp Ser Glu Tyr Phe Glu Ser Gly Pro
20 25 30
Ala Lys Asn Thr Phe Lys Leu Ile Lys Ser His Val Asn Glu Tyr His
35 40 45

Ser Val Pro Ser Ile Asn Ala Leu Asn Val Ala Leu Glu Asn Ser Ser
50 55 60
Phe Thr Glu Thr Glu Tyr Ser Gly Val Lys Thr Leu Ile Ser Lys Leu
65 70 75 80
Ala Asp Ser Pro Glu Asp His Ser Trp Leu Val Lys Glu Thr Glu Lys
85 90 95
Tyr Val Gln Gln Arg Ala Met Phe Asn Ala Thr Ser Lys Ile Ile Glu
100 105 110
Ile Gln Thr Asn Ala Glu Leu Pro Pro Glu Lys Arg Asn Lys Lys Met
115 120 125
Pro Asp Val Gly Ala Ile Pro Asp Ile Met Arg Gln Ala Leu Ser Ile
130 135 140
Ser Phe Asp Ser Tyr Val Gly His Asp Trp Met Asp Asp Tyr Glu Ala
145 150 155 160
Arg Trp Leu Ser Tyr Met Asn Lys Ala Arg Lys Val Pro Phe Lys Leu
165 170 175
Lys Ile Leu Asn Lys Ile Thr Lys Gly Gly Ala Glu Thr Gly Thr Leu
180 185 190
Asn Val Leu Met Ala Gly Val Asn Val Gly Lys Ser Leu Gly Leu Cys
195 200 205
Ser Leu Ala Ala Asp Tyr Leu Gln Leu Gly His Asn Val Leu Tyr Ile
210 215 220
Ser Met Glu Met Ala Glu Glu Val Cys Ala Lys Arg Ile Asp Ala Asn
225 230 235 240
Met Leu Asp Val Ser Leu Asp Asp Ile Asp Asp Gly His Ile Ser Tyr
245 250 255
Ala Glu Tyr Lys Gly Lys Met Glu Lys Trp Arg Glu Lys Ser Thr Leu
260 265 270
Gly Arg Leu Ile Val Lys Gln Tyr Pro Thr Gly Gly Ala Asp Ala Asn
275 280 285
Thr Phe Arg Ser Leu Leu Asn Glu Leu Lys Leu Lys Lys Asn Phe Val
290 295 300
Pro Thr Ile Ile Ile Val Asp Tyr Leu Gly Ile Cys Lys Ser Cys Arg
305 310 315 320
Ile Arg Val Tyr Ser Glu Asn Ser Tyr Thr Thr Val Lys Ala Ile Ala
325 330 335
Glu Glu Leu Arg Ala Leu Ala Val Glu Thr Glu Thr Val Leu Trp Thr
340 345 350
Ala Ala Gln Val Gly Lys Gln Ala Trp Asp Ser Ser Asp Val Asn Met
355 360 365
Ser Asp Ile Ala Glu Ser Ala Gly Leu Pro Ala Thr Ala Asp Phe Met
370 375 380
Leu Ala Val Ile Glu Thr Glu Glu Leu Ala Ala Ala Glu Gln Gln Leu
385 390 395 400
Ile Lys Gln Ile Lys Ser Arg Tyr Gly Asp Lys Asn Lys Trp Asn Lys
405 410 415
Phe Leu Met Gly Val Gln Lys Gly Asn Gln Lys Trp Val Glu Ile Glu
420 425 430

Gln Asp Ser Thr Pro Thr Glu Val Asn Glu Val Ala Gly Ser Gln Gln
435 440 445
Ile Gln Ala Glu Gln Asn Arg Tyr Gln Arg Asn Glu Ser Thr Arg Ala
450 455 460
Gln Leu Asp Ala Leu Ala Asn Glu Leu Lys Phe
465 470 475

<210> 370
<211> 60
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 370

Met Glu Leu Val Lys Val Val Phe Met Gly Trp Phe Lys Asn Glu Ser
1 5 10 15
Met Phe Thr Lys Glu Ile Thr Met Met Lys Asp Asp Val Gln Trp Ala
20 25 30
Thr Thr Gln Tyr Ala Glu Val Asn Lys Ala Leu Val Lys Ala Phe Ile
35 40 45
Asp Asp Lys Lys Val Cys Glu Val Asp Cys Arg Gly
50 55 60

<210> 371
<211> 80
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 371

Met His Ile Val Leu Phe Lys Pro Thr Pro Tyr Asn Val Arg Lys Asn
1 5 10 15
Thr Gln Phe Lys Ala Leu Ile Ala Asp Thr Trp Glu Leu Val Leu Asp
20 25 30
Ile Pro Ala Glu Glu Ser Pro Pro Phe Gly Arg Val Glu Phe Ile Lys
35 40 45
Phe Ala Val Arg Pro Thr Lys Arg Gln Ile Arg Gln Cys Lys Arg Tyr
50 55 60
Phe Arg Lys Ile Val Lys Leu Glu Lys Gln Leu Leu Met Leu Val Lys
65 70 75 80

<210> 372
<211> 84
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 372

Met Met Leu Val Asn Arg Glu Tyr Gln Phe Lys Ser Glu Glu Asp Leu
1 5 10 15
Glu Lys Phe Ala Ser Gly Cys Glu Leu Asn Arg Arg Thr Ala Lys Val

20 25 30
Ile Gly Leu Lys Pro Phe Thr Val Leu Asp Cys Glu Val Ser Lys Phe
35 40 45
Arg Arg Gly Cys Ser Ile Ser Gly His Ala Leu Val Asp Gly Asn Thr
50 55 60
Phe Phe Phe Val Phe Ser Val Arg Glu Leu Leu Leu Ile Asn Glu Leu
65 70 75 80
Glu Glu Ile Lys
<210> 373
<211> 60
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 373
Met Ser Lys Val Ser Gly Tyr Gln Leu Leu Thr Gln Glu Gln Arg Ser
1 5 10 15
Glu Met Asp Ser Leu Gln Glu Arg Cys Gln His Arg Asn Asn Ala Leu
20 25 30
Asp Ser Phe Leu Leu Val Glu Tyr Glu Asn Leu Cys Ser Arg Leu Glu
35 40 45
Lys Glu Tyr Val His Gln His Glu Gly Gly Glu Glu
50 55 60
<210> 374
<211> 97
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 374
Met Lys Lys Phe Ile Phe Ala Ala Ile Phe Ala Leu Ser Ser Cys Ala
1 5 10 15
Ala Gln Pro Ala Met Ala Gly Tyr Asp Lys Asp Leu Cys Glu Trp Ser
20 25 30
Met Thr Ala Asp Gln Thr Glu Val Glu Thr Gln Ile Glu Ala Asp Ile
35 40 45
Met Asn Ile Val Glu Arg Asp Arg Pro Glu Met Lys Ala Glu Val Gln
50 55 60
Lys Gln Leu Lys Ser Gly Gly Val Met Gln Tyr Asn Tyr Val Leu Tyr
65 70 75 80
Cys Asp Lys Asn Phe Asn Asn Lys Asn Ile Ile Ala Glu Val Val Gly
85 90 95
Glu
<210> 375
<211> 33
<212> PRT
<213> Unknown
<220>

<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 375
Met Leu Ser Asp Glu Ile Asn Asp Leu Leu Asn Asp Ala Glu Lys Val
1 5 10 15
Ala Ile Pro Ser Ile Asp Asp Gln Ile Phe Asn Ala Phe Met Asn Arg
20 25 30
Gly
<210> 376
<211> 54
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 376
Met Lys Thr Phe Lys Glu Phe Ile Lys Glu Asp Met Val Ala Gly Asp
1 5 10 15
Ser Gly Gly Asn Pro Glu Asn Ile Ser Thr Gly Thr Thr Ser Gly Ala
20 25 30
Val Val Asn Lys Gly Pro Glu Gln Ile Pro Lys Lys Lys Lys Glu Glu
35 40 45
Ser Lys Glu Lys Glu Glu
50
<210> 377
<211> 342
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 377
Met Ser Ser Ile Pro Trp Ile Asp Asn Glu Phe Ala Tyr Arg Ala Leu
1 5 10 15
Ala His Leu Pro Lys Phe Thr Gln Val Asn Asn Ser Ser Thr Phe Lys
20 25 30
Leu Arg Phe Arg Cys Pro Val Cys Gly Asp Ser Lys Thr Asp Gln Asn
35 40 45
Lys Ala Arg Gly Trp Tyr Tyr Gly Asp Asn Asn Glu Gly Asn Ile His
50 55 60
Cys Tyr Asn Cys Asn Tyr His Ala Pro Ile Gly Ile Tyr Leu Lys Glu
65 70 75 80
Phe Glu Pro Asp Leu Tyr Arg Glu Tyr Ile Phe Glu Ile Arg Lys Glu
85 90 95
Lys Gly Lys Ser Arg Pro Val Glu Lys Pro Lys Glu Leu Pro Lys Gln
100 105 110
Pro Glu Lys Lys Ile Ile Lys Ser Leu Pro Ser Cys Ile Arg Leu Asp
115 120 125
Lys Leu Ala Glu Asp His Pro Ile Ile Lys Tyr Val Lys Ala Arg Cys
130 135 140
Ile Pro Lys Asp Lys Trp Lys Tyr Leu Trp Phe Thr Thr Glu Trp Pro

145 150 155 160
Lys Leu Val Asn Ser Ile Ala Pro Gly Thr Tyr Lys Lys Glu Ile Pro
165 170 175
Glu Pro Arg Leu Val Ile Pro Ile Tyr Asn Ala Asn Gly Lys Ala Glu
180 185 190
Ser Phe Gln Gly Arg Ala Leu Lys Lys Asp Ala Pro Gln Lys Tyr Ile
195 200 205
Thr Ile Lys Ala Tyr Pro Glu Ala Thr Lys Ile Tyr Gly Val Glu Arg
210 215 220
Val Lys Asp Gly Asp Val Tyr Val Leu Glu Gly Pro Ile Asp Ser Leu
225 230 235 240
Phe Ile Glu Asn Gly Ile Ala Ile Thr Gly Gly Gln Leu Asp Leu Glu
245 250 255
Ile Val Pro Phe Lys Asp Arg Arg Val Trp Val Leu Asp Asn Glu Pro
260 265 270
Arg His Pro Asp Thr Ile Lys Arg Met Thr Lys Leu Val Asp Ala Gly
275 280 285
Glu Arg Val Met Phe Trp Asp Lys Ser Pro Trp Lys Ser Lys Asp Val
290 295 300
Asn Asp Met Ile Arg Lys Glu Gly Ala Thr Pro Glu Gln Ile Met Glu
305 310 315 320
Tyr Met Lys Asn Asn Ile Ala Gln Gly Leu Met Ala Lys Met Arg Leu
325 330 335
Ser Lys Tyr Ala Lys Ile
340

<210> 378
<211> 66
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 378
Met Val Gln Lys Leu Met Ala Leu Val Asn Ala Ile Lys Gly Asn Lys
1 5 10 15
Lys Arg Ile Ala Phe Thr Ile Ser Ala Met Ile Gly Ile Leu Leu Trp
20 25 30
Asn Phe Val Leu Ser Pro Val Ala Ile Ala His Gly Val Ser Ile Pro
35 40 45
Val Ile Thr Leu Asp Thr Phe Val Asp Leu Ala Phe Ala Leu Val Gly
50 55 60
Leu Ile
65

<210> 379
<211> 172
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08

<400> 379
Met Ala Tyr Phe Asn Glu Cys Ala His Leu Ile Glu Gly Val Asp Lys
1 5 10 15
Ala Asn Arg Ala Tyr Ala Glu Asn Ile Met His Asn Ile Asp Pro Leu
20 25 30
Gln Val Met Leu Asp Met Gln Arg His Leu Gln Ile Arg Leu Ala Asn
35 40 45
Asp Lys Pro Glu Thr Asn Arg His Pro Asp Ser Leu Glu Thr Ala Gly
50 55 60
Glu Val Leu Ala Trp Leu Arg Asn Gln Asp Asp Tyr Ile Ala Asp Glu
65 70 75 80
Thr Arg Glu Leu Tyr Thr Ser Leu Gly Gly Met Ser Asn Gly Glu Lys
85 90 95
Glu Ala Ser Ala Val Trp Lys Pro Trp Lys Lys Arg Tyr Ser Glu Met
100 105 110
Gln Ser Lys Lys Ile Gln Asp Leu Ser Pro Glu Asp Gln Leu Glu Ile
115 120 125
Lys Phe Glu Leu Ile Asp Gln Phe His Phe Phe Met Asn Lys Phe Ile
130 135 140
Ala Leu Gly Met Ser Ala Glu Glu Ile Phe Lys Leu Tyr Tyr Leu Lys
145 150 155 160
Asn Ala Glu Asn Phe Ala Arg Gln Asp Arg Gly Tyr
165 170
<210> 380
<211> 66
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 380
Met Ala Arg Leu Asn Lys Arg Gln Leu Lys Lys Ala His Lys Lys Arg
1 5 10 15
Ile Asp Gln Leu Phe Lys Asn Tyr Asp Lys Glu Leu Val Cys Glu Leu
20 25 30
Leu Ser Asn Gln Leu Arg Ala Val Asp Trp Val Val Glu Glu Gly Pro
35 40 45
Asp Glu Ile Phe Val Ser Glu Glu Ala Leu Lys Leu Ile Ile Glu His
50 55 60
Ser Lys
65
<210> 381
<211> 57
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 381
Met Lys Ile Ser Lys Glu Glu Phe Ile Arg Arg Gln Lys Ala Leu Ile

1 5 10 15
Asn Leu His Glu Trp Tyr Ala Tyr Gln Leu Lys Val Asp Ser Ser Asn
20 25 30
Ile Asn Ala Val Met Ala Leu Tyr Lys Gln Ile Gln Asp Glu His Glu
35 40 45
Phe Leu Ala Gln Val Phe Ile Glu Asp
50 55

<210> 382
<211> 78
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 382

Met Gly Gly Phe Val Asn Ile Lys Thr Phe Thr His Pro Ala Gly Glu
1 5 10 15
Gly Lys Glu Val Lys Gly Met Glu Val Ser Val Pro Phe Glu Ile Tyr
20 25 30
Ser Asn Glu His Arg Ile Ala Asp Ser His Tyr Gln Ile Phe Pro Ser
35 40 45
Glu Lys Ala Ala Tyr Ser Thr Val Val Ser Asp Ala Ala Asp Trp Lys
50 55 60
Thr Lys Asn Ala Ala Met Phe Thr Pro Thr Gln Ile Gly Gly
65 70 75

<210> 383
<211> 68
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 383

Met Leu Asn Arg Trp Ile Lys Pro Asn Glu Asp Leu Asp Ile Ile Ile
1 5 10 15
Ser Arg His Val Met Lys Lys Tyr Glu Leu Gln Pro Trp Ser Thr Glu
20 25 30
Val Val Val His Ser Phe Met Met Tyr Ala Asp Gly Ser Val Glu Phe
35 40 45
Asn Ala Glu Ile Arg Tyr Asp Tyr Gly Glu Lys Gln Val Glu Phe Lys
50 55 60
Arg Gly Phe Leu
65

<210> 384
<211> 113
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 384

Met Phe Ile Phe Asn Trp Phe Lys Ser Phe Phe Thr Asp Phe Phe Ser
1 5 10 15
Thr Thr Pro Gly Glu Gly Val Val Pro Ile Ser Asn Asp Tyr Leu Pro
20 25 30
Leu Thr Val Val Glu Tyr Val Tyr Met Gly Asp Gly Thr Val Glu Ala
35 40 45
Val Thr Met Thr Tyr Glu Glu Ala Gln Glu Tyr Tyr Lys Asn Pro Trp
50 55 60
Arg Trp Ser Thr Pro Ile Thr Ser Ser Asn Thr Gln Asn Thr Gln Ser
65 70 75 80
Ser Ser Asp Ser Tyr Asp Thr Asn Val Pro Val His Val Trp Thr Gly
85 90 95
Asp Ser Cys Gly Ser Ser Cys Asp Ser Ser Cys Ser Ser Thr Ser Cys
100 105 110
Asp

<210> 385
<211> 161
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 385

Met Glu Ala Ile Leu Phe Glu Met Tyr Ile Ser Ser Asn Ser Met Ser
1 5 10 15
Phe Ala Lys Asp Val Pro Ile Thr Val Ala Val Met Ile Asp Lys Gly
20 25 30
Tyr Cys Asp Pro Met Tyr Leu Val Glu Asn Phe Val Ser Met Pro Val
35 40 45
Pro Glu Asp Ala Glu Ile Lys Leu Lys Lys Ile Gly Ile Ile Glu Thr
50 55 60
Val Pro Asn Ile Pro Phe Arg Ala Ile Glu Ala Phe Thr Lys Ser Glu
65 70 75 80
Tyr Ile Asn Val Ser Ala Glu Gln Tyr Asn Asp Lys Pro Ile Ser Phe
85 90 95
Tyr Ser Tyr Asp Ser Val Tyr Ser Trp Lys Ile Asp Lys Gly Asn Lys
100 105 110
Phe Ile Ile Val Ser Glu Asp Ala Leu Ser Tyr Phe Ile Ser Ser Ile
115 120 125
Trp Asn Ser Leu His Pro Asn Leu Leu Lys Ile His Glu Phe Asp Asp
130 135 140
Ala Pro Thr Val Val Leu Gly Lys Thr Asn Glu Ser Ser Glu Glu Asn
145 150 155 160
Val

<210> 386
<211> 67
<212> PRT
<213> Unknown
<220>

<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 386
Met Lys Val Leu Lys Lys Met Phe Glu Trp Phe Ser Arg Pro Asn Ser
1 5 10 15
Met Tyr Ile Asp Asp Gly Trp Val Glu Gln Ala Asn Lys Glu Met Gln
20 25 30
Asn Glu Ser Glu Glu Trp Met Lys Ser Met Ile Ser Val Glu Lys Glu
35 40 45
Lys Lys Leu Glu Arg Ser Ala Leu Lys Leu Met Arg Asp Ile Tyr Gly
50 55 60
Asp Lys Ser
65
<210> 387
<211> 54
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 387
Val Asn Arg Asp Met Thr Leu Glu Glu Ala Lys Ala Lys Ala Asn Glu
1 5 10 15
Ala Leu Asp Leu Leu Leu Lys Ile Gly Ser Lys Met Met Glu Glu Asn
20 25 30
Glu Lys Tyr Ile Gln Glu Asn Lys Ile Pro Asp Gly Pro Leu Val Gly
35 40 45
Lys Arg Lys Ser His Asp
50
<210> 388
<211> 160
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 388
Met Ile Glu Val Ala Lys His Tyr Ser Ile Glu Phe Met Ser Lys Glu
1 5 10 15
Gly Lys Ser Val Asn Thr Leu Asp Lys Lys Cys Ser Leu Ile Ile Pro
20 25 30
Leu Ala Glu Asn Pro Asp Ile Leu Ile Lys Asp Ile Lys Glu Arg Lys
35 40 45
Tyr Pro Glu Asn Val Ile Leu Ile Ile Lys His Thr Glu Asp Ile Leu
50 55 60
Gln Asn Thr Asp Ser Pro Phe Ser Ser Ser Glu Ala Leu Thr Ile Lys
65 70 75 80
Gly Tyr Lys Arg Ala His Glu Tyr Gly Leu Phe Asp Leu Phe Glu Asp
85 90 95
Asp Lys Val Lys Leu Ala Leu Asn Leu Ala Gly Gln Ser Ser Lys Ser
100 105 110

Lys Thr Phe Ile Ile Glu Asp Ile Lys Asp Ile Asn Ala Phe Val Lys
115 120 125
Met Val Trp Ala His Phe Asp Val Gly Leu Arg Trp Arg Met Ser Glu
130 135 140
Glu Glu Arg Lys Ile Ile Glu Ala Asn Arg Tyr Phe Gly Phe Tyr Arg
145 150 155 160
<210> 389
<211> 60
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 389
Met Asp Leu Phe Glu Met Leu Glu Asp Asn His Ser Thr Asn Ile Gln
1 5 10 15
Asn Asp Ser Ser Asp Tyr Lys Lys Glu Tyr Arg Ile Val Leu Gln Asn
20 25 30
Tyr Gly Ile Glu Ala Pro Asp Ala Leu Leu Glu Glu Leu Ala Ser Tyr
35 40 45
His Leu Asp Pro Pro Pro Trp Ala Pro Trp Ala Lys
50 55 60
<210> 390
<211> 207
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 390
Met Ile Ile Asn Leu Ala Asp Val Glu Gln Leu Ser Ile Lys Ala Glu
1 5 10 15
Ser Val Asp Phe Gln Tyr Asp Met Tyr Lys Lys Val Cys Glu Lys Phe
20 25 30
Thr Asp Phe Glu Gln Ser Val Leu Trp Gln Cys Met Glu Ala Lys Lys
35 40 45
Asn Lys Ala Leu His Arg Gln Leu Asn Lys Ile Ile Lys Lys His Leu
50 55 60
Thr Lys Ser Pro Tyr Gln Leu Tyr Arg Gly Ile Ser Lys Ser Thr Lys
65 70 75 80
Glu Leu Ile Lys Asp Leu Gln Val Gly Glu Val Phe Ser Thr Asn Arg
85 90 95
Val Asp Ser Phe Thr Thr Ser Leu His Thr Ala Cys Gly Phe Ser Tyr
100 105 110
Val Glu Tyr Phe Thr Glu Ile Ile Phe Arg Leu Lys Thr Asp Lys Ala
115 120 125
Phe Asn Tyr Ser Asp His Ile Ser Asp Ile Ile Leu Ser Ser Pro Asn
130 135 140
Thr Glu Phe Lys Tyr Thr Tyr Glu Asp Thr Asp Gly Leu Asp Ser Glu
145 150 155 160

Arg Thr Asp Asn Leu Met Met Ile Val Arg Glu Gln Glu Trp Met Ile
165 170 175
Pro Ile Gly Lys Tyr Lys Ile Thr Ser Ile Ser Lys Glu Lys Leu His
180 185 190
Asp Ser Phe Gly Thr Phe Lys Val Tyr Asp Ile Glu Val Val Glu
195 200 205

<210> 391
<211> 200
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 391

Met Lys Tyr Ser Ala Met Gln Leu Lys Asp Phe Lys Ile Lys Ser Met
1 5 10 15
Asp Ala Ser Val Arg Ala Ser Ile Arg Glu Glu Leu Leu Ser Glu Gly
20 25 30
Phe Asn Leu Ser Glu Ile Glu Leu Leu Ile His Cys Ile Thr Asn Lys
35 40 45
Pro Asp Asp His Ser Trp Leu Asn Glu Ile Ile Lys Ser Arg Leu Val
50 55 60
Pro Asn Asp Lys Pro Leu Trp Arg Gly Val Pro Val Glu Thr Lys Gln
65 70 75 80
Val Leu Asn Gln Gly Ile Asp Ile Ile Thr Phe Asp Lys Val Val Ser
85 90 95
Ala Ser Tyr Asp Lys Asn Val Glu Leu His Phe Ala Ser Gly Leu Glu
100 105 110
Tyr Asn Thr Gln Val Ile Phe Glu Phe Lys Ala Pro Met Val Phe Asn
115 120 125
Phe Gln Glu Tyr Ala Ile Lys Ala Leu Arg Cys Lys Glu Tyr Ser Pro
130 135 140
Ser Phe Lys Phe Pro Asp Ser His Arg Tyr Arg Asn Met Glu Leu Val
145 150 155 160
Ser Asp Glu Gln Glu Val Met Ile Pro Ala Gly Ser Val Phe Arg Ile
165 170 175
Ala Asp Arg Tyr Glu Tyr Lys Lys His Ser Thr Tyr Thr Ile Tyr Thr
180 185 190
Leu Asp Phe Glu Gly Phe Asn Leu
195 200

<210> 392
<211> 248
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 392

Met Lys Leu Ser Lys Asn Gln Ile Arg Lys Ile Thr Arg Arg Leu Glu
1 5 10 15

His Thr Gln Ala Ser Ala Lys Arg Arg Ser Lys Asp Phe Asn Leu Asp
20 25 30
Phe Asn Tyr Ile Lys Asn Ile Leu Asp Gln Lys Val Cys Ala Tyr Ser
35 40 45
Gly Glu Pro Phe Asp Asn Arg Ile Glu Gly Glu Lys Leu Ser Leu Glu
50 55 60
Arg Phe Asp Asn Asn Val Gly Tyr Ile Lys Gly Asn Val Ile Ala Val
65 70 75 80
Lys Lys Lys Tyr Asn Thr Phe Arg Ser Asp Tyr Thr Leu Glu Glu Leu
85 90 95
Ile Glu Lys Arg Asp Leu Phe Ala Leu Arg Ile Gly Arg Ser Ser Ala
100 105 110
Lys Lys Val His Lys Leu Asn Leu Asp Glu Lys Lys Trp Ala Lys Ile
115 120 125
Lys Lys Thr Tyr Asn Gln Ile Lys Ala Ile Gln Lys Lys Arg Glu Asn
130 135 140
Arg Ile Glu His Ile Ser Gln Leu Ser Lys Ser Lys Gln Thr Ser Asp
145 150 155 160
Val Lys Leu Thr Ile Ile Ala Leu Lys Ala Arg Ile Asp Gly Ser Arg
165 170 175
Ile Ala Glu Gly Ala Glu Val Val Lys Leu Asn Val Leu Leu Lys Gly
180 185 190
Ser Asp Trp Lys Thr Val Lys Lys Leu Ser Glu Ala Glu Met Gln Tyr
195 200 205
Asp Met Cys Asp Lys Ile Ile Gln Gly Val Glu Arg Tyr Gln Asn Leu
210 215 220
Ser Phe Ile Asp Lys Leu Lys Leu Lys Arg Gly Tyr Pro Leu Asn Cys
225 230 235 240
Ser Ile Phe Lys Leu Ile Arg Gly
245

<210> 393
<211> 103
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 393
Met Phe Tyr Val Tyr Ala Ile Val Tyr Arg Asp Lys Asp Gly Phe Ala
1 5 10 15
Val Pro Val Pro Leu Asp Glu His Arg Pro Ala Val Phe Phe Glu Arg
20 25 30
Glu Ile Ala Asp Lys Val Phe Thr Thr Leu Lys Glu Gln Tyr Gln Leu
35 40 45
Ala Leu Gly Met Gly Ile Pro Arg Leu Val Glu Thr Pro Arg Lys Phe
50 55 60
Trp Phe Asn Lys Ile Glu Val Lys His Val Lys Pro Asp Val Asp Thr
65 70 75 80
Gln Arg Leu Tyr Arg Arg Ile Leu Asp Thr Gly Arg Ile Val Ser Ile

85 90 95

Pro Ile Ala Gly Asn Leu Arg
100

<210> 394
<211> 439
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 394

Met Thr Phe Asp Asp Leu Thr Glu Gly Gln Lys Asn Ala Phe Asn Ile
1 5 10 15
Val Met Arg Ala Ile Lys Glu Lys Lys His His Val Thr Ile Asn Gly
20 25 30
Pro Ala Gly Thr Gly Lys Thr Thr Leu Thr Lys Phe Ile Ile Glu Ala
35 40 45
Leu Ile Ser Thr Gly Glu Thr Gly Ile Ile Leu Ala Ala Pro Thr His
50 55 60
Ala Ala Lys Lys Ile Leu Ser Lys Leu Ser Gly Lys Glu Ala Ser Thr
65 70 75 80
Ile His Ser Ile Leu Lys Ile Asn Pro Val Thr Tyr Glu Glu Asn Val
85 90 95
Leu Phe Glu Gln Lys Glu Val Pro Asp Leu Ala Lys Cys Arg Val Leu
100 105 110
Ile Cys Asp Glu Val Ser Met Tyr Asp Arg Lys Leu Phe Lys Ile Leu
115 120 125
Leu Ser Thr Ile Pro Pro Trp Cys Thr Ile Ile Gly Ile Gly Asp Asn
130 135 140
Lys Gln Ile Arg Pro Val Asp Pro Gly Glu Asn Thr Ala Tyr Ile Ser
145 150 155 160
Pro Phe Phe Thr His Lys Asp Phe Tyr Gln Cys Glu Leu Thr Glu Val
165 170 175
Lys Arg Ser Asn Ala Pro Ile Ile Asp Val Ala Thr Asp Val Arg Asn
180 185 190
Gly Lys Trp Ile Tyr Asp Lys Val Val Asp Gly His Gly Val Arg Gly
195 200 205
Phe Thr Gly Asp Thr Ala Leu Arg Asp Phe Met Val Asn Tyr Phe Ser
210 215 220
Ile Val Lys Ser Leu Asp Asp Leu Phe Glu Asn Arg Val Met Ala Phe
225 230 235 240
Thr Asn Lys Ser Val Asp Lys Leu Asn Ser Ile Ile Arg Lys Lys Ile
245 250 255
Phe Glu Thr Asp Lys Asp Phe Ile Val Gly Glu Ile Ile Val Met Gln
260 265 270
Glu Pro Leu Ile Lys Thr Tyr Lys Ile Asp Gly Lys Pro Val Ser Glu
275 280 285
Ile Ile Phe Asn Asn Gly Gln Leu Val Arg Ile Ile Glu Ala Glu Tyr
290 295 300

Thr Ser Thr Phe Val Lys Ala Arg Gly Val Pro Gly Glu Tyr Leu Ile
305 310 315 320
Arg His Trp Asp Leu Thr Val Glu Thr Tyr Gly Asp Asp Glu Tyr Tyr
325 330 335
Arg Glu Lys Ile Lys Ile Ile Ser Ser Asp Glu Glu Leu Tyr Lys Phe
340 345 350
Asn Leu Phe Leu Gly Lys Thr Ala Glu Thr Tyr Lys Asn Trp Asn Lys
355 360 365
Gly Gly Lys Ala Pro Trp Ser Asp Phe Trp Asp Ala Lys Ser Gln Phe
370 375 380
Ser Lys Val Lys Ala Leu Pro Ala Ser Thr Phe His Lys Ala Gln Gly
385 390 395 400
Met Ser Val Asp Arg Ala Phe Ile Tyr Thr Pro Cys Ile His Tyr Ala
405 410 415
Asp Ala Glu Leu Ala Gln Gln Leu Leu Tyr Val Gly Val Thr Arg Gly
420 425 430
Arg Tyr Asp Val Phe Tyr Val
435

<210> 395
<211> 86
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 395
Met Ile Asn Ile Asn Ser Lys Tyr Leu Asn Arg Leu Ile Asp Gly Ile
1 5 10 15
Arg Lys His Thr Asn Lys Gln Asp Asn Leu Asp Val Met Val Thr Gly
20 25 30
Ala Glu Leu Leu His Lys Leu Tyr Leu Ile Ser Asp Thr Ile Leu Ala
35 40 45
Ile Lys Arg Ile Glu Lys Gln Ser Tyr His Ser Asn Thr Asp Thr Val
50 55 60
Ile Thr Leu Asp Glu Ser Val Cys Lys Leu Leu Ile Lys Phe Glu Glu
65 70 75 80
Ala Ile Arg Gly Asn Asn
85

<210> 396
<211> 81
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 396
Val Glu Ile Thr Lys Asp Gln Phe Tyr Leu Leu Gln Asp Lys Val Ser
1 5 10 15
Glu Ile Tyr Glu Ile Ala Tyr Ser Lys Asn Arg Glu Thr Val Lys Ile
20 25 30

Glu Ser Ser Lys Leu Met Leu Gln Leu Glu Glu Ile Glu Arg Asp Leu
35 40 45
Ile Ala Leu Glu Phe Phe Cys Gly Glu Val Lys Thr Val Thr Ile Ser
50 55 60
Asp Tyr Val Leu Gly Glu Ile Ser Tyr Leu Tyr Lys Ala Ile Ile Asn
65 70 75 80
Asp

<210> 397
<211> 80
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 397

Met Ile Glu Leu Ser Trp Cys Gln Phe Lys Ser Leu Met Thr Asn Val
1 5 10 15
Lys Ala Val Ile Glu Lys Asn Ser Gly Pro Glu Asn Ile Thr Ile Arg
20 25 30
Glu Lys Ala Leu Lys Ile Ile Tyr Ser Leu Glu Glu Met Gln Lys Asp
35 40 45
Ile Glu Ser Met Ala Lys Phe Ile Asp Glu Pro Ile Asn Lys Val Tyr
50 55 60
Ile Gln Asp Tyr Thr Val Gly Gln Ile Arg Asp Leu Ala Arg Lys Ile
65 70 75 80

<210> 398
<211> 227
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 398

Met Phe Asp Phe Ile Ile Asp Phe Glu Thr Met Gly Ser Gly Glu Lys
1 5 10 15
Ala Ala Val Ile Asp Leu Ala Val Ile Ala Phe Asp Pro Asn Pro Glu
20 25 30
Val Val Glu Thr Phe Asp Glu Leu Val Ser Arg Gly Ile Lys Ile Lys
35 40 45
Phe Asp Leu Lys Ser Gln Lys Gly His Arg Leu Phe Thr Lys Ser Thr
50 55 60
Ile Glu Trp Trp Lys Asn Gln Ser Pro Glu Ala Arg Lys Asn Ile Ala
65 70 75 80
Pro Ser Asp Glu Asp Val Ser Thr Ile Asp Gly Ile Ala Lys Phe Asn
85 90 95
Asp Tyr Ile Asn Ala His Asn Ile Asp Pro Trp Lys Ser Gln Gly Trp
100 105 110
Cys Arg Gly Met Ser Phe Asp Phe Pro Ile Leu Val Asp Leu Ile Arg
115 120 125
Asp Ile Gln Arg Leu Asn Gly Val Ser Glu Asn Glu Leu Asp Thr Phe

130 135 140
Lys Leu Glu Pro Cys Lys Phe Trp Asn Gln Arg Asp Ile Arg Thr Arg
145 150 155 160
Ile Glu Ala Leu Leu Leu Val Arg Asp Met Thr Thr Cys Pro Leu Pro
165 170 175
Lys Gly Thr Leu Asp Gly Phe Val Ala His Asp Ser Ile His Asp Cys
180 185 190
Ala Lys Asp Ile Leu Met Met Lys Tyr Ala Leu Arg Tyr Ala Met Gly
195 200 205
Leu Glu Asp Ala Pro Ser Glu Glu Asp Cys Asp Pro Leu Ser Leu Pro
210 215 220
Thr Lys Arg
225

<210> 399
<211> 166
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 399
Met Lys Ile Tyr Arg Val Glu Ser Ser Phe Ser Ile Leu Asp Tyr Glu
1 5 10 15
Asp Ala Ile Thr Ile Arg Arg Asn Leu Cys Val Gln Ile Thr Pro Tyr
20 25 30
Arg Ser Ile Ile Asp Ser Trp Ser Glu Glu Trp Leu Leu His Val Gly
35 40 45
Tyr Asp Arg Pro Asn Phe Met His His Ser Asp Asn Asn Lys Arg Ile
50 55 60
Pro Leu Pro His Glu Asp Lys Leu Leu Val Lys Asn Ala Asn Ile Val
65 70 75 80
Ile Asn Thr Lys Phe Lys Lys Asp Tyr Val Gly Val Glu Tyr His Ile
85 90 95
Pro Gly Trp Phe Ile Ala Leu Tyr His Phe Ala Phe Ala Ser Glu Tyr
100 105 110
Asp Met Met Arg Trp Phe Thr Arg Glu Glu Arg Glu Glu Leu Ala Ser
115 120 125
Lys Gly Phe Tyr Leu Ala Val Tyr Glu Val Pro Asp Asp Gln Val Ile
130 135 140
Val Gly Gly His Gln Val Met Phe Arg Lys Ser His Ala Glu Leu Val
145 150 155 160
Asp Phe Ile Glu Met Arg
165

<210> 400
<211> 181
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08

<400> 400
Met Lys Phe Asn Tyr Asn Pro Glu Tyr Thr Pro Asn Pro Ala Ala Lys
1 5 10 15
Leu Ile Asp Phe Asp Val Val Ser Thr Tyr Val Cys Pro Val Lys Pro
20 25 30
Leu Glu Ile Lys Glu Pro Thr Met Thr Thr Ala Ile Glu Ile Gly Lys
35 40 45
Thr Tyr Lys Leu Val Glu Pro Lys Ile Lys Thr Asn Ala Leu Ile Ser
50 55 60
Gly His Lys Thr Leu Thr Asp Val Phe Gly Glu Gly Glu Phe Ile Val
65 70 75 80
Glu Glu Phe Ala Lys Ser Glu Trp Phe Asp Lys Ser Tyr Val Ile His
85 90 95
Gly Arg Arg Leu Asp Asn Asn Lys Ile Lys Lys Asn Leu Val Tyr Glu
100 105 110
Asp Glu Phe Ile Leu Phe Gln Glu Val Glu Glu Gln Asp Pro Thr Asp
115 120 125
Leu Leu Cys Ala Ala Val Ser Ile Arg Arg Pro Phe Asp Asn Pro Ile
130 135 140
Cys Gly Trp Val Thr Asp Gln Trp Ile Glu Asp Gly Val Glu Leu Leu
145 150 155 160
Asn Val Val His Ala Gly Asp Phe Ser Val Val Pro Arg Ser Ala Val
165 170 175
Val Ala Ile Leu Asn
180

<210> 401
<211> 162
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 401
Met Ile Ile Asn Ile Gly Glu Ile Ala Arg Val Ser Asp Lys Ser Arg
1 5 10 15
Ser Lys Ala Ala Gly Lys Leu Val Glu Val Val Ser Ile Gln Leu Lys
20 25 30
His Gly Val Lys Asp Glu Asp Ser Glu Val Lys Val Arg Ile Ile Ala
35 40 45
Lys Asp Gly Met Ser Lys Pro Gln Phe Gly Tyr Val Arg Trp Lys Phe
50 55 60
Leu Glu Pro Ala Phe Leu Lys Ala Val Pro Ala Lys Gly Ile Glu Thr
65 70 75 80
Ile Asp Thr Ser His Val Gly Val Asp Phe Lys Trp Lys Leu Gly Gln
85 90 95
Ala Ile Lys Phe Ile Ala Pro Cys Glu Phe Lys Phe Ile Lys Asp Asp
100 105 110
Gly Lys Ala Val Tyr Thr Arg Ala Met Cys Gly Tyr Ile Thr Asp Gln
115 120 125

Trp Val Glu Asp Gly Val Lys Leu Tyr Asn Val Val Phe Leu Gly Thr
130 135 140
Tyr Lys Val Ile Pro Glu Ser Trp Ile Lys His Tyr Ser Asn Ala Leu
145 150 155 160
Tyr Ala
<210> 402
<211> 71
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 402
Met Lys Arg Lys Ile Val Gln Asn Cys Thr Asn Asp Glu Phe Glu Asp
1 5 10 15
Val Leu Phe Asp Pro Asp Leu Val Val Val Gln Lys Glu His Thr Ile
20 25 30
Lys Phe Thr His Leu Thr Ser Val Tyr Val Tyr Glu Lys Val Gly Asp
35 40 45
Lys Gln Pro Ile Tyr Gly Val Phe Arg Glu Ile Thr Glu Asp Gly Thr
50 55 60
Thr Tyr Trp Lys Glu Ile Tyr
65 70
<210> 403
<211> 137
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 403
Met Ala Ile Lys Phe Glu Val Asn Lys Trp Tyr Gln Phe Lys Asn Lys
1 5 10 15
Gln Ala Gln Glu Asn Phe Ile Lys Asp His Thr Asp Asn Gly Ile Tyr
20 25 30
Ala Arg Arg Leu Gly Met His Pro Phe Lys Ile Leu Asp Val Asp Ala
35 40 45
Leu Gly Arg Pro Ile Lys Ile Met Ser Phe Ala Gly Asn Leu Val Leu
50 55 60
Ser Ser Gly Lys Asp Ile Leu Asp Glu Asp Phe Ile Trp Leu Ser Ser
65 70 75 80
Asn Glu Ala Glu Phe Phe Asn Glu Val Glu Asn Pro Tyr Gln Ala Ala
85 90 95
Glu Glu Gln Glu Glu Ser Ala Pro Ile Thr Asp Gln Ser Lys Phe Pro
100 105 110
Val Met Lys Val Thr Ile Glu Asn Asp Glu Gln Ala Trp Ser Leu Tyr
115 120 125
Gln Met Leu Lys Ala His Phe Lys Glu
130 135
<210> 404

<211> 58
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 404
Met Pro Leu Tyr Asp Tyr Lys Cys Gln Ser Lys Asp Cys Ala Lys Glu
1 5 10 15
Tyr Glu Lys Ile Lys Lys Ile Ser Glu Arg Asp Thr Asp Val Cys Pro
20 25 30
Asp Cys His Arg Ile Ala Ile Arg Leu Val Ser Ala Pro Lys His Val
35 40 45
Asn Gly Gly Phe Tyr Asp Leu Leu Lys Gly
50 55
<210> 405
<211> 123
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 405
Met Phe Lys Ile Gly Lys Lys Tyr Arg Ile Arg Glu Gly Glu Glu Lys
1 5 10 15
Lys Tyr Leu Phe Ser Ala Ile Tyr Arg Asn Gly Ser Ile Asn Ala Val
20 25 30
Ile Ser Thr Ser Glu Phe Ile Val Glu Asp Met Lys Gly Asn Asn Val
35 40 45
Thr Met Ile Ser Thr Ala Ser Gly Asn Asp Gly Lys Ile Leu His Ser
50 55 60
Phe Gln Ser Asn Val Leu Ile Tyr Asp Glu Glu Phe Asp Phe Phe Glu
65 70 75 80
Glu Val Pro Glu Gly Phe Ala Phe Glu Cys Thr Ile Thr Met Lys Ser
85 90 95
Gly Asp Pro Leu Ser Phe Thr Val Lys Asp Glu Gly Ser Arg Leu Arg
100 105 110
Ile Ile Ser Leu Leu Gln Ala Ile Lys Phe Lys
115 120
<210> 406
<211> 86
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 406
Met Lys Tyr Ile Asn Arg Ser Ile Ala Ala Leu Val Leu Ala Val Ser
1 5 10 15
Leu Val Gly Cys Thr Asp Ala Asp Asn Ala Thr Lys Val Leu Ser Ser
20 25 30

Ser Gly Phe Thr Asn Ile Glu Ile Thr Gly Tyr Asn Trp Phe Gly Cys
35 40 45
Ser Glu Asn Asp Phe Gln His Thr Gly Phe Arg Ala Ile Gly Pro Thr
50 55 60
Gly Gln Lys Val Glu Gly Thr Val Cys Ser Gly Leu Phe Phe Lys Asp
65 70 75 80
Ser Thr Ile Arg Phe Lys
85

<210> 407
<211> 605
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 407

Met Ile Lys Asn Glu Ile Lys Ile Leu Ser Asp Ile Glu His Ile Lys
1 5 10 15
Lys Arg Ser Gly Met Tyr Ile Gly Ser Ser Ala Asn Glu Met His Glu
20 25 30
Arg Phe Leu Phe Gly Lys Trp Glu Ser Val Gln Tyr Val Pro Gly Leu
35 40 45
Val Lys Leu Ile Asp Glu Ile Ile Asp Asn Ser Val Asp Glu Gly Ile
50 55 60
Arg Thr Lys Phe Lys Phe Ala Asn Lys Ile Asn Val Thr Ile Lys Asn
65 70 75 80
Asn Gln Val Thr Val Glu Asp Asn Gly Arg Gly Ile Pro Gln Ala Met
85 90 95
Val Lys Thr Pro Thr Gly Glu Glu Ile Pro Gly Pro Val Ala Ala Trp
100 105 110
Thr Ile Pro Lys Ala Gly Gly Asn Phe Gly Asp Asp Lys Glu Arg Val
115 120 125
Thr Gly Gly Met Asn Gly Val Gly Ser Ser Leu Thr Asn Ile Phe Ser
130 135 140
Val Met Phe Val Gly Glu Thr Gly Asp Gly Gln Asn Asn Ile Val Val
145 150 155 160
Arg Cys Ser Asn Gly Met Glu Asn Lys Ser Trp Glu Thr Ile Pro Gly
165 170 175
Lys Trp Lys Gly Thr Arg Val Thr Phe Ile Pro Asp Phe Met Ser Phe
180 185 190
Glu Thr Asn Glu Leu Ser Gln Val Tyr Leu Asp Ile Thr Leu Asp Arg
195 200 205
Leu Gln Thr Leu Ala Val Val Tyr Pro Asp Ile Gln Phe Thr Phe Asn
210 215 220
Gly Lys Lys Val Gln Gly Asn Phe Lys Lys Tyr Ala Arg Gln Tyr Asp
225 230 235 240
Glu His Ala Ile Val Gln Glu Gln Glu Asn Cys Ser Ile Ala Val Gly
245 250 255
Arg Ser Pro Asp Gly Phe Arg Gln Leu Thr Tyr Val Asn Asn Ile His

260 265 270

Thr Lys Asn Gly Gly His His Ile Asp Cys Val Met Asp Asp Ile Cys

275 280 285

Glu Asp Leu Ile Pro Gln Ile Lys Arg Lys Phe Lys Ile Asp Val Thr

290 295 300

Lys Ala Arg Val Lys Glu Cys Leu Thr Ile Val Met Phe Val Arg Asp

305 310 315 320

Met Lys Asn Met Arg Phe Asp Ser Gln Thr Lys Glu Arg Leu Thr Ser

325 330 335

Pro Phe Gly Glu Ile Arg Ser His Ile Gln Leu Asp Ala Lys Lys Ile

340 345 350

Ser Arg Ala Ile Leu Asn Asn Glu Ala Ile Leu Met Pro Ile Ile Glu

355 360 365

Ala Ala Leu Ala Arg Lys Leu Ala Ala Glu Lys Ala Ala Glu Thr Lys

370 375 380

Ala Ala Lys Lys Ala Ser Lys Ala Lys Val His Lys His Ile Lys Ala

385 390 395 400

Asn Leu Cys Gly Lys Asp Ala Asp Thr Thr Leu Phe Leu Thr Glu Gly

405 410 415

Asp Ser Ala Ile Gly Tyr Leu Ile Asp Val Arg Asn Lys Glu Leu His

420 425 430

Gly Gly Tyr Pro Leu Arg Gly Lys Val Leu Asn Ser Trp Gly Met Ser

435 440 445

Tyr Ala Asp Met Leu Lys Asn Lys Glu Leu Phe Asp Ile Cys Ala Ile

450 455 460

Thr Gly Leu Val Leu Gly Glu Lys Ala Glu Asn Leu Asn Tyr His Asn

465 470 475 480

Ile Ala Ile Met Thr Asp Ala Asp His Asp Gly Leu Gly Ser Ile Tyr

485 490 495

Pro Ser Leu Leu Gly Phe Phe Ser Asn Trp Pro Glu Leu Phe Glu Gln

500 505 510

Gly Arg Ile Arg Phe Val Lys Thr Pro Val Ile Ile Ala Gln Val Gly

515 520 525

Lys Lys Gln Glu Trp Phe Tyr Thr Val Ala Glu Tyr Glu Ser Ala Lys

530 535 540

Asp Ala Leu Pro Lys His Ser Ile Arg Tyr Ile Lys Gly Leu Gly Ser

545 550 555 560

Leu Glu Lys Ser Glu Tyr Arg Glu Met Ile Gln Asn Pro Val Tyr Asp

565 570 575

Val Val Lys Leu Pro Glu Asn Trp Lys Glu Leu Phe Glu Met Leu Met

580 585 590

Gly Asp Asn Ala Asp Leu Arg Lys Glu Trp Met Ser Gln

595 600 605

<210> 408

<211> 67

<212> PRT

<213> Unknown

<220>

<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 408
Met Lys Ser Tyr Lys Val Asn Leu Glu Leu Phe Asp Lys Ala Val His
1 5 10 15
Arg Glu Tyr Arg Ile Ile Gln Arg Phe Phe Asp Met Gly Glu Ala Glu
20 25 30
Glu Phe Lys Asn Arg Phe Lys Asp Ile Arg Asp Lys Ile Gln Ser Asp
35 40 45
Thr Ala Thr Lys Asp Glu Leu Leu Glu Val Ala Glu Val Ile Lys Arg
50 55 60
Asn Met Asn
65
<210> 409
<211> 725
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 409
Met Ile Ile Thr Thr Glu Lys Glu Thr Ile Leu Gly Asn Gly Ser Lys
1 5 10 15
Ser Lys Ala Phe Ser Ile Thr Ala Ser Pro Lys Val Phe Lys Ile Leu
20 25 30
Ser Ser Asp Leu Tyr Thr Asn Lys Ile Arg Ala Val Val Arg Glu Leu
35 40 45
Ile Thr Asn Met Ile Asp Ala His Ala Leu Asn Gly Asn Pro Glu Lys
50 55 60
Phe Ile Ile Gln Val Pro Gly Arg Leu Asp Pro Arg Phe Val Cys Arg
65 70 75 80
Asp Phe Gly Pro Gly Met Ser Asp Phe Asp Ile Gln Gly Asp Asp Asn
85 90 95
Ser Pro Gly Leu Tyr Asn Ser Tyr Phe Ser Ser Ser Lys Ala Glu Ser
100 105 110
Asn Asp Phe Ile Gly Gly Phe Gly Leu Gly Ser Lys Ser Pro Phe Ser
115 120 125
Tyr Thr Asp Thr Phe Ser Ile Thr Ser Tyr His Lys Gly Glu Ile Arg
130 135 140
Gly Tyr Val Ala Tyr Met Asp Gly Asp Gly Pro Gln Ile Lys Pro Thr
145 150 155 160
Phe Val Lys Glu Met Gly Pro Asp Asp Lys Thr Gly Ile Glu Ile Val
165 170 175
Val Pro Val Glu Glu Lys Asp Phe Arg Asn Phe Ala Tyr Glu Val Ser
180 185 190
Tyr Ile Met Arg Pro Phe Lys Asp Leu Ala Ile Ile Asn Gly Leu Asp
195 200 205
Arg Glu Ile Asp Tyr Phe Pro Asp Phe Asp Asp Tyr Tyr Gly Ile Asn
210 215 220
Pro Glu Arg Tyr Trp Pro Asp Arg Gly Gly Leu Tyr Ala Ile Tyr Gly

225 230 235 240
Gly Ile Val Tyr Pro Ile Asp Gly Val Ile Lys Asp Arg Asn Trp Leu
245 250 255
Ser Ile Arg Asn Glu Val Asn Tyr Ile Lys Phe Pro Met Gly Ser Leu
260 265 270
Asp Ile Ala Pro Ser Arg Glu Ala Leu Ser Leu Asp Asp Arg Thr Arg
275 280 285
Lys Asn Ile Ile Glu Arg Val Lys Glu Leu Ser Glu Lys Ala Phe Asn
290 295 300
Glu Asp Val Lys Arg Phe Lys Glu Ser Thr Ser Pro Arg His Thr Tyr
305 310 315 320
Arg Glu Leu Met Lys Met Gly Tyr Ser Ala Arg Asp Tyr Met Ile Ser
325 330 335
Asn Ser Val Lys Phe Thr Thr Lys Asn Leu Ser Tyr Lys Lys Met Gln
340 345 350
Ser Met Phe Glu Pro Asp Asn Lys Leu Cys Asn Ala Gly Val Val Tyr
355 360 365
Glu Val Asn Leu Asp Pro Arg Leu Lys Arg Ile Lys Gln Ser His Glu
370 375 380
Thr Ser Ala Val Ala Ser Ser Tyr Arg Leu Phe Gly Ile Asn Thr Thr
385 390 395 400
Lys Ile Asn Ile Val Ile Asp Asn Ile Lys Asn Arg Val Asn Ile Val
405 410 415
Arg Gly Leu Ala Arg Ala Leu Asp Asp Ser Glu Phe Asn Asn Thr Leu
420 425 430
Asn Ile His His Asn Glu Arg Leu Leu Phe Ile Asn Pro Glu Val Glu
435 440 445
Ser Gln Ile Asp Leu Leu Pro Asp Ile Met Ala Met Phe Glu Ser Asp
450 455 460
Glu Val Asn Ile His Tyr Leu Ser Glu Ile Glu Ala Leu Val Lys Ser
465 470 475 480
Tyr Ile Pro Lys Val Val Lys Ser Lys Ala Pro Arg Pro Lys Ala Ala
485 490 495
Thr Ala Phe Lys Phe Glu Ile Lys Asp Gly Arg Trp Glu Lys Glu Glu
500 505 510
Leu Phe Thr Leu Thr Ser Glu Ala Asp Glu Ile Thr Gly Tyr Val Ala
515 520 525
Tyr Met His Arg Ser Asp Ile Phe Ser Met Asp Gly Thr Thr Ser Leu
530 535 540
Cys His Pro Ser Met Asn Ile Leu Ile Arg Met Ala Asn Leu Ile Gly
545 550 555 560
Ile Asn Glu Phe Tyr Val Ile Arg Pro Leu Leu Gln Lys Lys Val Lys
565 570 575
Glu Leu Gly Gln Cys Gln Cys Ile Phe Glu Thr Leu Arg Asp Leu Tyr
580 585 590
Val Asp Ala Phe Asp Asp Val Asp Tyr Asp Lys Tyr Val Gly Tyr Ser
595 600 605
Ser Ser Ala Lys Arg Tyr Ile Asp Lys Ile Ile Lys Tyr Pro Glu Leu

610 615 620
Asp Phe Met Met Lys Tyr Phe Ser Val Asp Glu Val Ser Glu Glu Tyr
625 630 635 640
Thr Arg Leu Ala Asn Met Val Ser Ser Leu Gln Gly Val Tyr Phe Asn
645 650 655
Gly Gly Lys Asp Thr Ile Gly His Asp Ile Trp Thr Val Thr Asn Leu
660 665 670
Phe Asp Glu Leu Ser Arg Asn Ala Ser Lys Asn Ser Asp Lys Met Val
675 680 685
Ala Glu Phe Thr Lys Lys Phe Arg Ile Val Ser Asp Phe Ile Gly Tyr
690 695 700
Arg Asn Ser Leu Ser Asp Asp Glu Val Ser Gln Ile Ala Lys Thr Met
705 710 715 720
Lys Ala Leu Ala Ala
725

<210> 410
<211> 312
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 410
Met Tyr Asn Ile Lys Cys Leu Thr Lys Asn Glu Gln Ala Glu Ile Val
1 5 10 15
Lys Leu Tyr Ser Ser Gly Asn Tyr Thr Gln Gln Glu Leu Ala Asp Trp
20 25 30
Gln Gly Val Ser Val Asp Thr Ile Arg Arg Val Leu Lys Asn Ala Glu
35 40 45
Glu Ala Glu Arg Ser Lys Val Thr Ile Ser Gly Asp Ile Thr Val Lys
50 55 60
Val Asn Ser Asp Ala Val Ile Ala Pro Val Ala Lys Ser Asp Ile Ile
65 70 75 80
Trp Asn Ala Ser Lys Lys Phe Ile Ser Ile Thr Val Asp Gly Val Thr
85 90 95
Tyr Asn Ala Thr Pro Asn Thr His Ser Asn Phe Gln Glu Ile Leu Asn
100 105 110
Leu Leu Val Ala Asp Lys Leu Glu Glu Ala Ala Gln Lys Ile Asn Val
115 120 125
Arg Arg Ala Val Glu Lys Tyr Ile Ser Gly Asp Val Arg Ile Glu Gly
130 135 140
Gly Ser Leu Phe Tyr Gln Asn Ile Glu Leu Arg Ser Gly Leu Val Asp
145 150 155 160
Arg Ile Leu Asp Ser Met Glu Lys Gly Glu Asn Phe Glu Phe Tyr Phe
165 170 175
Pro Phe Leu Glu Asn Leu Leu Glu Asn Pro Ser Gln Lys Ala Val Ser
180 185 190
Arg Leu Phe Asp Phe Leu Val Ala Asn Asp Ile Glu Ile Thr Glu Asp
195 200 205

Gly Tyr Phe Tyr Ala Trp Lys Val Val Arg Ser Asn Tyr Phe Asp Cys
210 215 220
His Ser Asn Thr Phe Asp Asn Ser Pro Gly Lys Val Val Lys Met Pro
225 230 235 240
Arg Thr Arg Val Asn Asp Asp Asp Thr Gln Thr Cys Ser Arg Gly Leu
245 250 255
His Val Cys Ser Lys Ser Tyr Ile Arg His Phe Gly Ser Ser Thr Ser
260 265 270
Arg Val Val Lys Val Lys Val His Pro Arg Asp Val Val Ser Ile Pro
275 280 285
Ile Asp Tyr Asn Asp Ala Lys Met Arg Thr Cys Gln Tyr Glu Val Val
290 295 300
Glu Asp Val Thr Glu Gln Phe Lys
305 310

<210> 411
<211> 64
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 411
Met Leu Gly Tyr Gln Ala Arg Val Lys Glu Glu Tyr Asp Gln Leu Met
1 5 10 15
Leu Lys Ile Asn Ala Leu Ser Asn Phe Leu Glu Ser Thr Lys Phe Leu
20 25 30
Thr Val Ser Ala Val Glu Gln Glu Leu Leu Leu Ser Gln Phe Ile Ser
35 40 45
Met Lys Ser Tyr Ala Asp Cys Leu Glu Lys Arg Ile Ala Gln Phe Lys
50 55 60

<210> 412
<211> 185
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 412
Met Gln Lys Thr Asn Pro Gly Leu Gln Arg Leu Phe Gln Ile Pro Ser
1 5 10 15
Phe Thr Leu Ser Asn Ser Asp Leu Thr Ser Glu Met Lys Val Lys Ile
20 25 30
Ala Asp Thr Ala Arg Tyr Ser Leu Lys Gln Asn Pro Asn Gln Asp Lys
35 40 45
Ala Glu Val Ile Glu Arg Cys Arg Ile Ala Val Tyr Ala Glu Phe Phe
50 55 60
Val Ala Asp Trp Leu Arg Gly Tyr Val Asn Lys Gly Gln Glu Asp Val
65 70 75 80
Asn Asp Pro Tyr Thr Tyr Ala Trp Asp Val Leu Ala His Pro Lys Tyr
85 90 95

Cys Gly Leu Arg Val Glu Val Lys Thr His Gln Thr Asp Ser Arg Trp
100 105 110
Ile Ser Val Thr Thr Gly Cys Ser Gly Glu Tyr Pro Tyr Gly Ser Gly
115 120 125
Ile Asn Leu Gly Pro Ile Leu Asn His Gln Val Ala Asp Cys Ile Ile
130 135 140
Ile Phe Asn Thr Lys Glu Ile His Pro Gly Val Ile Gln Tyr Thr Pro
145 150 155 160
Lys Phe Ile Gly Asp Arg Glu Asp Leu Arg Lys Val Val Arg Lys Ser
165 170 175
Asn Tyr Asn Gly Trp Tyr Leu Ser Ile
180 185

<210> 413
<211> 87
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 413
Met Lys Phe Lys Phe Tyr Tyr Ala Lys His Lys Ile Thr Gly Glu Phe
1 5 10 15
Ile Ala Phe Thr Thr Ser Thr Thr Asp Glu Gly Asp Ile Phe Thr Ala
20 25 30
Val Phe Leu Ser Lys Trp Glu Ser Asp Gln Pro Tyr Leu Ser Ser Arg
35 40 45
Glu Asp Leu Gln Arg Leu Val Asn Gly Glu Tyr Asn Asp Ser Trp Ser
50 55 60
Tyr Leu Val His Asp Cys Val Lys Lys Ala Ile Lys Gln Lys His Leu
65 70 75 80
Glu Ile Val Glu Ile Glu Leu
85

<210> 414
<211> 32
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 414
Met Lys Ile Leu Asn Ser Val Leu Ile Ala Cys Ala Trp Trp Val Ala
1 5 10 15
Gln Val Ser Ala Val Val Val Gly Ile His Ile Tyr Tyr Glu Tyr Phe
20 25 30

<210> 415
<211> 37
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08

<400> 415
Met Lys Lys Ile Val Lys Ala Ile Trp Asn Val Val Ile Ile Leu Ile
1 5 10 15
Val Leu Ser Ile Phe Pro Ile Val Leu Met Ile Asp Val Leu Asn Ala
20 25 30
Tyr Phe Gly Phe Met
35
<210> 416
<211> 65
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 416
Met Lys Arg Lys Arg Ser Ala Phe Thr Phe Ile Glu Trp Phe Phe Asp
1 5 10 15
Asn Ile Phe Pro Ala Leu Phe Ile Phe Met Leu Ile Phe Ala Leu Gly
20 25 30
Ser Val Val Val Gly Ile Tyr Leu Met Thr Val Val Gly Ile Asp Ile
35 40 45
His Gln Asn Gly Leu Lys Ser Val Val Glu Thr Ile Trp Asn Gly Val
50 55 60
Lys
65
<210> 417
<211> 36
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 417
Met Met Asn Leu Leu Ser Gly Trp Phe Tyr Ile Leu Met Phe Tyr Ile
1 5 10 15
Gly Ala Asn Phe Pro Tyr Trp Met Gly Trp Ser Thr Thr Ala Phe Gly
20 25 30
Phe Tyr Thr Pro
35
<210> 418
<211> 71
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 418
Met Lys Ile Phe Lys Asp Val Lys Val Gly Glu Ile Phe Cys Leu Asp
1 5 10 15
Asn Gly Asp Gln Leu Ile Arg Ile Ser Pro Leu Lys Ser Thr Ser Glu
20 25 30

Lys Pro Thr Val Asn Ala Thr Leu Ala Asn Asn Ser Asn Glu Arg Phe
35 40 45
Cys Ile Glu Asn Asp Thr Glu Thr Tyr Thr Val Glu Glu Phe Trp Glu
50 55 60
Leu Ser Val Asp Cys Asp Asp
65 70
<210> 419
<211> 152
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 419
Met Lys Tyr Met Thr Val Thr Asp Leu Asn Asn Ala Gly Ala Thr Val
1 5 10 15
Ile Gly Thr Ile Lys Asn Gly Glu Trp Phe Leu Gly Val Pro His Lys
20 25 30
Asp Ile Leu Ser Lys Pro Gly Phe Tyr Phe Leu Val Ser Lys Leu Asp
35 40 45
Gly Arg Pro Phe Ser Asn Pro Cys Val Ser Ala Arg Phe Tyr Val Gly
50 55 60
Asn Gln Arg Ser Lys Gln Gly Phe Ser Ala Val Leu Ser His Ile Arg
65 70 75 80
Gln Arg Arg Ser Gln Leu Ala Arg Thr Ile Ala Asn Asn Asn Val Pro
85 90 95
Tyr Thr Val Phe Tyr Leu Pro Ala Ser Lys Met Lys Pro Leu Thr Thr
100 105 110
Gly Phe Gly Lys Gly Gln Leu Ala Leu Ala Phe Ile Arg Asn His His
115 120 125
Ser Glu Tyr Gln Thr Leu Glu Glu Met Asn Arg Met Leu Ala Asp Asn
130 135 140
Phe Lys Phe Val Leu Gln Ala Tyr
145 150
<210> 420
<211> 52
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 420
Met Asn Ile Ala Lys Leu Leu Gly Val Ile Ser Phe Ile Cys Trp Ile
1 5 10 15
Val Ala Cys Val Leu Thr Ile Cys Ile Asp Val Ser Ser Val Phe Ser
20 25 30
Gln Ala Leu Ala Gln Gly Met Cys Ala Tyr Leu Thr Phe Val Leu Leu
35 40 45
Ser Thr Asn Asp
50

<210> 421
<211> 442
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 421

Met Gln Leu Asn Asn Arg Asp Leu Lys Ser Ile Ile Asp Asn Glu Ala
1 5 10 15
Leu Ala Tyr Ala Met Tyr Thr Val Glu Asn Arg Ala Ile Pro Asn Met
20 25 30
Ile Asp Gly Phe Lys Pro Val Gln Arg Phe Val Ile Ala Arg Ala Leu
35 40 45
Asp Leu Ala Arg Gly Asn Lys Asp Lys Phe His Lys Leu Ala Ser Ile
50 55 60
Ala Gly Gly Val Ala Asp Leu Gly Tyr His His Gly Glu Asn Ser Ala
65 70 75 80
Gln Asp Ala Gly Ala Leu Met Ala Asn Thr Trp Asn Asn Asn Phe Pro
85 90 95
Leu Leu Asp Gly Gln Gly Asn Phe Gly Ser Arg Thr Val Gln Lys Ala
100 105 110
Ala Ala Ser Arg Tyr Ile Phe Ala Arg Val Ser Lys Asn Phe Tyr Asn
115 120 125
Val Tyr Lys Asp Thr Glu Tyr Ala Pro Val His Gln Asp Lys Glu His
130 135 140
Ile Pro Pro Ala Phe Tyr Leu Pro Ile Ile Pro Thr Val Leu Leu Asn
145 150 155 160
Gly Val Ser Gly Ile Ala Thr Gly Tyr Ala Thr Tyr Ile Leu Pro His
165 170 175
Ser Val Ser Ser Val Lys Lys Ala Val Leu Gln Ala Leu Gln Gly Lys
180 185 190
Lys Val Thr Lys Pro Lys Val Glu Phe Pro Glu Phe Arg Gly Glu Val
195 200 205
Val Glu Ile Asp Gly Gln Tyr Glu Ile Arg Gly Thr Tyr Lys Phe Thr
210 215 220
Ser Arg Thr Gln Met His Ile Thr Glu Ile Pro Tyr Lys Tyr Asp Arg
225 230 235 240
Glu Thr Tyr Val Ser Lys Ile Leu Asp Pro Leu Glu Asp Lys Gly Phe
245 250 255
Ile Thr Trp Asp Asp Ala Cys Gly Glu His Gly Phe Gly Phe Lys Val
260 265 270
Lys Phe Arg Lys Glu Tyr Ser Leu Ser Asp Asn Glu Glu Glu Arg His
275 280 285
Ala Lys Ile Met Lys Asp Phe Gly Leu Ile Glu Arg Arg Ser Gln Asn
290 295 300
Ile Thr Val Ile Asn Glu Lys Gly Lys Leu Gln Val Tyr Asp Asn Val
305 310 315 320
Val Asp Leu Ile Lys Asp Phe Val Glu Val Arg Lys Thr Tyr Val Gln

325 330 335
Lys Arg Ile Asp Asn Lys Ile Lys Glu Thr Glu Ser Ala Phe Arg Leu
340 345 350
Ala Phe Ala Lys Ala His Phe Ile Lys Lys Val Ile Ser Gly Glu Ile
355 360 365
Val Val Gln Gly Lys Thr Arg Lys Glu Leu Thr Glu Glu Leu Ser Lys
370 375 380
Ile Asp Met Tyr Ser Ser Tyr Val Asp Lys Leu Val Gly Met Asn Ile
385 390 395 400
Phe His Met Thr Ser Asp Glu Ala Lys Lys Leu Ala Glu Glu Ala Lys
405 410 415
Ala Lys Lys Glu Glu Asn Glu Tyr Trp Lys Thr Thr Asp Val Val Thr
420 425 430
Glu Tyr Thr Lys Asp Leu Glu Glu Ile Lys
435 440

<210> 422
<211> 49
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 422
Met Ser Pro Phe Ile Gly Ile Thr Ser Ala Ala Leu Val Ser Gly Gly
1 5 10 15
Ile Leu Leu Ala Gly Leu Gly Val Val Pro Ala Val Ala Gly Gly Leu
20 25 30
Leu Ala Phe Gly Ile Gln Arg Val Ile Met Thr Val Ile Thr Val Met
35 40 45
Gln

<210> 423
<211> 75
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 423
Met Lys Phe Lys Ile Glu Asn Glu Ile Val Lys Ala Lys Asn Ala Leu
1 5 10 15
Thr Ala Asn Lys Leu Val Val Asp Gly Ile Glu Tyr Asp Ile Cys Gly
20 25 30
Val Arg Glu Glu Lys Pro Gly Val Leu Thr Phe Phe Thr Met Ile Phe
35 40 45
Lys Phe Lys Gly Asp Thr Glu Phe Lys Gln Phe Asp Phe Ala His Glu
50 55 60
Asp Glu Ile Glu Val Arg Asn Leu Asn Ile Lys
65 70 75

<210> 424
<211> 211

<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 424

Met	Ser	Lys	Val	Thr	Tyr	Ile	Ile	Lys	Ala	Ser	Asn	Asp	Val	Leu	Asn
1				5				10						15	
Glu	Lys	Thr	Ala	Ala	Ile	Leu	Ile	Thr	Ile	Ala	Lys	Lys	Asp	Phe	Ile
			20				25					30			
Thr	Ala	Ala	Glu	Val	Arg	Glu	Val	His	Pro	Asp	Leu	Gly	Asn	Ala	Val
		35				40					45				
Val	Asn	Ser	Asn	Ile	Gly	Val	Leu	Ile	Lys	Lys	Gly	Leu	Val	Glu	Lys
	50				55					60					
Ser	Gly	Asp	Gly	Leu	Ile	Ile	Thr	Gly	Glu	Ala	Gln	Asp	Ile	Ile	Ser
65				70					75						80
Asn	Ala	Ala	Thr	Leu	Tyr	Ala	Gln	Glu	Asn	Ala	Pro	Glu	Leu	Leu	Lys
			85					90					95		
Lys	Arg	Ala	Thr	Arg	Lys	Ala	Arg	Glu	Ile	Thr	Ser	Asp	Met	Glu	Glu
		100					105					110			
Asp	Lys	Asp	Leu	Met	Leu	Lys	Leu	Leu	Asp	Glu	Asn	Gly	Phe	Val	Leu
	115					120					125				
Lys	Lys	Val	Glu	Thr	Tyr	Arg	Ser	Asn	Tyr	Leu	Ala	Ile	Leu	Glu	Lys
	130				135					140					
Arg	Thr	His	Gly	Ile	Arg	Asn	Phe	Glu	Ile	Asn	Asn	Asn	Gly	Asn	Met
145				150					155						160
Arg	Ile	Phe	Gly	Tyr	Lys	Met	Met	Glu	His	His	Ile	Gln	Lys	Phe	Thr
			165					170					175		
Asp	Ile	Gly	Met	Ser	Cys	Lys	Ile	Ala	Lys	Asn	Gly	Asn	Val	Tyr	Leu
		180					185					190			
Asp	Ile	Lys	Arg	Ser	Ala	Glu	Asn	Ile	Glu	Ala	Val	Ile	Thr	Val	Ala
	195					200					205				
Ser	Glu	Leu													
	210														

<210> 425
<211> 109
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 425

Met	Asn	Lys	Leu	Glu	Ile	Val	Asn	Glu	Leu	Arg	Arg	Cys	Val	Glu	Pro
1				5				10						15	
Thr	Gln	Glu	Gly	Trp	Asp	Ile	Trp	Tyr	His	Gly	Ala	Tyr	Leu	Gly	Thr
			20				25					30			
Ile	Val	Lys	Ile	Lys	Thr	Gly	Lys	Tyr	Met	Ile	Ile	Arg	Glu	Ser	Lys
		35				40					45				
Asp	Ala	Pro	Val	Gly	Ile	Arg	Asn	Asn	Phe	Met	Ala	Ala	Ile	Ser	Ser
	50				55					60					

Phe Thr Asp Ala Ala Tyr Glu Ile Tyr Leu Ala Asp Tyr Lys Glu Phe
65 70 75 80
Gln Glu Ser Gln Pro Val Ile Arg Ser Ile Gly Val Asn Lys Ala Gln
85 90 95
Gln Lys Thr Leu Trp Gln Arg Ile Lys Gly Trp Phe Lys
100 105

<210> 426
<211> 153
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 426
Met Asn Pro Phe Ile Asn Arg Leu Lys Met Leu Asn Val Pro Leu Ser
1 5 10 15
Arg Glu Thr Pro Glu Ser Leu Val Glu Lys Phe Lys Ala His Gly Tyr
20 25 30
Lys Cys Thr Glu Glu Asp Ile Leu Lys Glu Val Pro Glu Ile Cys Trp
35 40 45
Gln Thr Ala Tyr Trp Asp Glu Asn Gln Lys Tyr Gln Arg Arg Ile Val
50 55 60
Cys Ala Ala Asn Arg Phe Lys Leu Lys Asp Gly Arg Thr Leu Ile Ile
65 70 75 80
Pro Gly Ala Arg His Tyr Ser Lys Asp Met Ala Glu Val Leu Asp Val
85 90 95
Val Lys Pro Gln Leu Val Thr Gln Gln Val Cys Asp Asp Asp Gln Gly
100 105 110
Phe Ile Asp Gln Tyr Ser Asn Tyr Trp Thr Arg Glu Glu Ala Met Ile
115 120 125
Ile Ala Thr Tyr Ala Gly Gln Val Arg Ile Glu Arg Gly Gly Ser Glu
130 135 140
Lys Glu Leu Tyr Ser Glu Asp Leu Tyr
145 150

<210> 427
<211> 98
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 427
Met Asn Ile Lys Lys Phe Gln Ile Asp Gly Ile Thr Asn Gln Ile Lys
1 5 10 15
Ala Leu Glu Tyr Ala Asn Lys Met Met Ser Thr Asn Trp Gly Ile Tyr
20 25 30
Ala Asn Glu Pro Ala Phe Lys Phe Cys Asp Met Glu Phe Thr Lys Lys
35 40 45
Leu Val Gly Lys Asp His Val Cys Pro Phe Ser Ser Pro Val Asn Gly
50 55 60

Met Leu Lys Pro Ala Leu Arg Asp Leu Tyr Ile Ala Met Asn Glu Glu
65 70 75 80
Met Ile Lys Glu Leu Lys Arg Gln Leu Lys Val Ile Gln Phe Gly Gln
85 90 95
Gly Asn
<210> 428
<211> 72
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 428
Leu Ala Arg Glu Ile Asn Ser Lys Ser Asp Tyr Phe Asn Ser Leu Asn
1 5 10 15
Asp Lys Asp Lys Asn Leu Ile Arg His Phe Ile Val Glu Met Gly Tyr
20 25 30
Thr Asp Thr His Asp Leu Arg Glu His Ile Phe Glu Cys Gly Val Ala
35 40 45
Lys Lys Phe Ser Phe Thr Cys Lys Cys Leu Arg Glu Val Ile Gln His
50 55 60
Tyr Glu Gln Phe Ser Arg Lys Thr
65 70
<210> 429
<211> 92
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 429
Met Ile Ile Asp Ser Gln Ser Val Val Gln Tyr Thr Ile Lys Ile Asp
1 5 10 15
Ile Leu Glu Lys Leu Tyr Lys Phe Leu Pro Asn Leu Tyr His Ser Ile
20 25 30
Val Asn Glu Leu Val Glu Glu Leu His Leu Gly Asn Asn Asp Phe Leu
35 40 45
Ile Gly Thr Tyr Lys Asp Leu Ser Lys Ala Gly Tyr Phe Tyr Ile Ile
50 55 60
Pro Ala Pro Gly Lys Ser Ile Asp Asp Val Leu Lys Thr Ile Met Ile
65 70 75 80
Tyr Val His Asp Tyr Glu Ile Glu Asp Tyr Phe Glu
85 90
<210> 430
<211> 50
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 430

Met Ser His Asn Leu Glu Lys Val Ile Glu His Asn Val Ala Gln Glu
1 5 10 15
Arg Lys Ser Phe Lys Glu Phe Val Glu Lys Ile Phe Glu Glu Asn Thr
20 25 30
Thr Asp Gln Phe Thr Asn Gln Ala Ser Asp Asp Ile Ile Thr Lys Ser
35 40 45
Thr Asn
50

<210> 431
<211> 90
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 431

Met Asn Lys Asn Ile Asp Thr Val Arg Glu Ile Ile Thr Val Ala Ser
1 5 10 15
Ile Leu Ile Lys Phe Ser Arg Glu Asp Ile Val Glu Asn Arg Ala Asn
20 25 30
Phe Ile Ala Phe Leu Asn Glu Ile Gly Val Thr His Glu Gly Arg Lys
35 40 45
Leu Asn Gln Asn Ser Phe Arg Lys Ile Val Ser Glu Leu Thr Gln Glu
50 55 60
Asp Lys Lys Thr Leu Ile Asp Glu Phe Asn Glu Gly Phe Glu Gly Val
65 70 75 80
Tyr Arg Tyr Leu Glu Met Tyr Thr Asn Lys
85 90

<210> 432
<211> 218
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 432

Met Ala Ala Pro Arg Ile Ser Phe Ser Pro Ser Asp Ile Leu Phe Gly
1 5 10 15
Val Leu Asp Arg Leu Phe Lys Asp Asn Ala Thr Gly Lys Val Leu Ala
20 25 30
Ser Arg Val Ala Val Val Ile Leu Leu Phe Met Met Ala Ile Val Trp
35 40 45
Tyr Arg Gly Asp Ser Phe Phe Glu Tyr Tyr Lys Gln Ser Lys Tyr Glu
50 55 60
Thr Tyr Ser Glu Ile Ile Glu Lys Glu Arg Asn Ala Arg Phe Glu Ser
65 70 75 80
Val Ala Leu Glu Gln Leu Gln Ile Val His Ile Ser Ser Glu Ala Asp
85 90 95
Phe Ser Ala Val Tyr Ser Phe Arg Pro Lys Asn Leu Asn Tyr Phe Val
100 105 110

Asp Ile Ile Ala Tyr Glu Gly Lys Leu Pro Ser Thr Ile Ser Glu Lys
115 120 125
Ser Leu Gly Gly Tyr Pro Val Asp Lys Thr Met Asp Glu Tyr Thr Val
130 135 140
His Leu Asn Gly Arg His Tyr Tyr Ser Asp Ser Lys Phe Ala Phe Leu
145 150 155 160
Pro Thr Lys Lys Pro Thr Pro Glu Ile Asn Tyr Met Tyr Ser Cys Pro
165 170 175
Tyr Phe Asn Leu Asp Asn Ile Tyr Ala Gly Thr Ile Thr Met Tyr Trp
180 185 190
Tyr Arg Asn Asp His Ile Ser Asn Asp Arg Leu Glu Ser Ile Cys Ala
195 200 205
Gln Ala Ala Arg Ile Leu Gly Arg Ala Lys
210 215

<210> 433
<211> 260
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 433

Met Ala Val Val Gly Val Pro Gly Trp Ile Gly Ser Ser Ala Ala Asn
1 5 10 15
Glu Thr Gly Gln Arg Trp Met Ser Gln Ala Ala Gly Gln Leu Arg Leu
20 25 30
Gly Val Pro Cys Trp Met Ser Gln Phe Ala Gly Arg Ser Arg Glu Ile
35 40 45
Ile His Thr Val Gly Ala Asn His Asn Phe Asn Gly Gln Trp Phe Arg
50 55 60
Asp Arg Cys Phe Glu Ala Gly Gly Ala Pro Ile Val Phe Asn Ile Val
65 70 75 80
Gly Asp Ile Val Ser Tyr Ser Lys Asp Val Pro Leu Phe Phe Met Tyr
85 90 95
Gly Asp Thr Pro Asn Glu Tyr Val Gln Leu Asn Ile His Gly Val Thr
100 105 110
Met Tyr Gly Arg Gly Gly Asn Gly Gly Ser Asn Ser Pro Gly Ser Ala
115 120 125
Gly Gly His Cys Ile Gln Asn Asp Ile Gly Gly Arg Leu Arg Ile Asn
130 135 140
Asn Gly Gly Ala Ile Ala Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Tyr
145 150 155 160
Tyr Ser Pro Phe Ser Gln Met Arg Leu Thr Phe Gly Gly Gly Gly Gly
165 170 175
Arg Pro Phe Gly Ala Pro Gly Gly Ser Ile Asp Met Gln Ser Gly Ala
180 185 190
Thr Gly Gly Thr Ile Ser Ala Pro Gly Ser Gly Ser Val Asn Gly Ile
195 200 205
Tyr Asn Gly Gly Asn Gly Gly Glu Val Gly Ser Ala Gly Gly Arg Cys

210 215 220
Asn Ile Arg Gly Gln Gly Ser Glu Tyr Asn Gly Gly Ala Ala Gly Tyr
225 230 235 240
Ala Val Ile Gly Ser Ala Pro Thr Trp Gln Asn Val Gly Ala Ile Tyr
245 250 255
Gly Pro Arg Val
260

<210> 434
<211> 982
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 434

Met Ala Thr Leu Lys Gln Ile Gln Phe Lys Arg Ser Lys Thr Ala Gly
1 5 10 15
Gln Arg Pro Ala Ala Ser Val Leu Ala Glu Gly Glu Leu Ala Ile Asn
20 25 30
Leu Lys Asp Lys Thr Ile Phe Thr Lys Asp Asp Ser Gly Ser Val Ile
35 40 45
Glu Leu Gly Leu Lys Tyr Gly Gly Thr Ile Asn Gly Ser Leu Glu Val
50 55 60
Thr Glu Asn Ile Thr Gly Thr Leu Ile Gly Asn Ser Ser Thr Ala Thr
65 70 75 80
Lys Leu Gln Thr Pro Arg Lys Ile Asn Gly Ile Ser Phe Asp Gly Ser
85 90 95
Lys Asp Ile Thr Leu Thr Pro Ser Asp Ile Asn Val Asn Ser Thr Thr
100 105 110
Phe Ile Lys Asn Asn Gly Glu Leu Pro Thr Asp Ala Asn Leu Asp Thr
115 120 125
Tyr Gly Pro Ile Glu Glu Tyr Leu Gly Val Trp Ser Lys Ser Thr Ser
130 135 140
Thr Asn Ala Gln Pro Ala Asn Lys Phe Pro Glu Glu Asn Ala Val Gly
145 150 155 160
Val Leu Glu Val Phe Val Ala Gly Gln Phe Ala Gly Thr Gln Arg Tyr
165 170 175
Thr Val Arg Ser Gly Asn Val Tyr Ile Arg Ser Leu Ser Ala Lys Trp
180 185 190
Asn Gly Val Asp Gly Pro Trp Gly Val Trp Arg Asn Val Gln Ala Ser
195 200 205
Thr Arg Pro Leu Ser Gln Thr Ile Asp Leu Asp Ser Leu Gly Glu Leu
210 215 220
Glu His Cys Gly Leu Trp Arg Asn Ser Ser Ser Ala Ile Ala Ser Phe
225 230 235 240
Asp Arg His Tyr Pro Glu Glu Gly Ser Ala Ala Gln Gly Phe Leu Glu
245 250 255
Ile Phe Glu Gly Gly Leu Tyr Thr Arg Thr Gln Arg Tyr Thr Thr Arg
260 265 270

Met Gly Met Val Tyr Thr Arg Cys Leu Ala Ala Ala Trp Asp Ala Ser
275 280 285
Ala Pro Lys Trp Glu Glu Trp Lys Gln Val Gly His Gly Thr Pro Ala
290 295 300
Thr Phe Tyr Asp Gly Asp Leu Asn Asp Phe Lys Thr Pro Gly Leu Tyr
305 310 315 320
Asn Ile Leu Gly Thr Asp Ala Val Ile Asn Cys Pro Thr Gly Glu Gly
325 330 335
Leu Pro Thr Val Ile Val Gly Leu Leu Glu Val Lys Gln Arg Ala Ser
340 345 350
Gly Gly Ala Ile Phe Gln Arg Phe Thr Thr Ala Gly Thr Gly Ala Thr
355 360 365
Thr Arg Asp Arg Ile Phe Glu Arg Ala Tyr Thr Gly Gly Ala Trp Gly
370 375 380
Ala Trp Asn Glu Val Tyr Thr Ser Tyr Ser Leu Pro Ile Thr Leu Gly
385 390 395 400
Met Gly Gly Ile Lys Ala Gln Leu Ala Glu Leu Asp Trp Gln Thr Phe
405 410 415
Asp Phe Val Pro Gly Ser Met Phe Ser Val Pro Leu Asn Lys Ile Lys
420 425 430
Asn Met Pro Ala Asn Met Asp Trp Gly Thr Ile Asp Gly Asn Leu Val
435 440 445
Met Phe Ser Val Gly Pro Ser Glu His Thr Gly Thr Gly Arg Thr Val
450 455 460
Gln Val Trp Arg Gly Thr Val Ser Gln Ala Asn Tyr Arg Tyr Phe Val
465 470 475 480
Val Arg Ile Ala Gly Asn Pro Gly Ser Arg Thr Asn Thr Cys Arg Arg
485 490 495
Val Val Leu Glu Asp Gly Ser His Thr Trp Thr Ala Gln Gln Asn Phe
500 505 510
Arg Gly Leu Leu Asn Ile Thr Ala Ala Val Asn Leu Gly Ala Asn Gln
515 520 525
Lys Ile Ser Leu Ala Pro Gly Ala Tyr Ile Gln Ala Pro Ala Ser Gly
530 535 540
Ser Gly Ser Asn Thr Tyr Ala Asn Gln Asn Thr Thr Ile Ala Pro Leu
545 550 555 560
Tyr Gln Ala Ile Asp Asp Ser Asn Lys Asn Gln Phe Ala Pro Ile Val
565 570 575
Lys Gln Lys Asn Thr Val Thr Asn Ile Thr Met Ala Ser Gly Met Asp
580 585 590
Ile Ala Ser Ser Glu Tyr Arg Ile Val Ala Gln Gly Asp Leu Ser Ala
595 600 605
Thr Gly Thr Thr Ala Thr Glu Leu Ala Thr Trp Arg Phe Leu Pro Ser
610 615 620
Gly Arg Phe Met Ser Gln Ser Arg Val Tyr Ala Gly Ala Ala Phe Leu
625 630 635 640
Asn Thr Asp Gly Asn Ile Ala Gly Ser Ile Trp Lys Lys Tyr Asn Asp
645 650 655

Ala Thr Asn Leu Asp Ala Ala Leu Asn Thr Arg Leu Gly Lys Gly Gly
660 665 670
Asp Thr Met Thr Gly Arg Leu Thr Ile Asn Ala Pro Asn Asp Ser Ile
675 680 685
Val Leu Ser Thr Thr Ala Ser Asn Ser Leu His Ile Arg Gly Asp Ile
690 695 700
Asp Gly Thr Gly Asn Trp Tyr Ile Gly Lys Gly Gly Ala Asp Asn Ser
705 710 715 720
Leu Ala Phe Tyr Ser Tyr Ala Ser Gln Ala Ala Val His Ile Thr Asn
725 730 735
Asn Gly Glu Ile Ala Leu Asn Pro Gln Asn Thr Ala Met Val Asn Val
740 745 750
Asn Arg Asp Arg Val His Ile Asn Gly Ser Gly Trp Ile Ala Arg Gln
755 760 765
Pro Gly Asp Trp Gly Asn Gln Trp Arg Val Glu Ala Pro Leu Phe Val
770 775 780
Asp His Gly Tyr Val Gly Gln Asp Ser Tyr Tyr Pro Ile Leu Lys Ala
785 790 795 800
Arg Ser Val Ile Thr Asn Gln Gly Tyr Ser Thr Ala Val Asp Phe Gly
805 810 815
Met Arg Arg Ile Pro Ser Gln Trp Gly Gln Ala Ile Ile Arg Val Gly
820 825 830
Ser Thr Glu Ala Ser Pro Asp Ala Gly His Pro Gln Ala Val Phe Glu
835 840 845
Phe His His Asp Gly Phe Phe Tyr Thr Pro Gly Asn Gly Ser Phe Ser
850 855 860
Asp Val Tyr Ile Arg Ser Asp Ser Arg Leu Lys Ile Asn Lys Glu Glu
865 870 875 880
Leu Glu Tyr Gly Ala Val Glu Lys Val Cys Arg Leu Lys Val Tyr Ile
885 890 895
Tyr Asp Lys Val Lys Ser Ile Lys Asp Arg Ser Val Ile Lys Arg Glu
900 905 910
Val Gly Ile Ile Ala Gln Asp Leu Glu Lys Glu Leu Pro Glu Ala Val
915 920 925
Ser Lys Val Glu Val Asp Gly Ser Asp Val Leu Thr Ile Ser Asn Ser
930 935 940
Ala Val Asn Ala Leu Leu Ile Lys Ala Ile Gln Glu Met Ser Glu Glu
945 950 955 960
Ile Lys Glu Leu Lys Thr Pro Leu Phe Thr Lys Ile Ala Arg Lys Ile
965 970 975
Ser Lys Tyr Phe Lys Phe
980

<210> 435
<211> 216
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08

<400> 435
Met Ala Asp Leu Lys Val Gly Ser Thr Val Gly Gly Ser Val Ile Trp
1 5 10 15
His Gln Gly Asn Phe Pro Leu Asn Ser Ala Gly Asp Asp Val Leu Tyr
20 25 30
Lys Ser Phe Lys Ile Tyr Ser Glu Tyr Asn Lys Pro Gln Ala Ala Asp
35 40 45
Asn Asp Phe Val Ser Lys Ala Asn Gly Gly Thr Tyr Ala Gly Pro Ile
50 55 60
Thr Ile Asn Tyr Gly Val Asn Ser Tyr Leu Gln Leu Ser Asn Asn Glu
65 70 75 80
Thr Pro Ile Arg Ile Arg Ser Gly Gly Gly Thr Gly Asn Thr Leu Val
85 90 95
Val Gly Gly Ser Ser Gly Gly Ile Ser Phe Arg Pro Ala Gly Ser Glu
100 105 110
Ile Thr Thr Gly Gln Ile Thr Ile Thr Pro Glu Gly Leu Thr Thr Phe
115 120 125
Thr Arg Ala Val Thr Ala Pro Ser Val Thr Val Thr Ser Thr Pro Ser
130 135 140
Ala Ala Ser Asp Val Thr Arg Lys Asp Tyr Val Asp Gly Ala Ile Asn
145 150 155 160
Thr Val Thr Ala Asn Ala Asn Ser Arg Val Leu Arg Ser Gly Asp Thr
165 170 175
Met Thr Gly Asn Leu Thr Ala Pro Asn Leu Phe Ser Gln Asn Pro Ala
180 185 190
Ser Gln Pro Ser His Val Pro Arg Phe Asp Gln Ile Val Ile Lys Asp
195 200 205
Ser Val Gln Asp Phe Gly Tyr Tyr
210 215
<210> 436
<211> 371
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 436
Met Glu Lys Phe Met Ala Glu Phe Gly Gln Gly Tyr Val Gln Thr Pro
1 5 10 15
Phe Leu Ser Glu Ser Asn Ser Val Arg Tyr Lys Ile Ser Ile Ala Gly
20 25 30
Ser Cys Pro Leu Ser Thr Ala Gly Pro Tyr Val Lys Phe Gln Asp Asn
35 40 45
Pro Val Gly Asn Gln Thr Phe Ser Ala Gly Leu His Leu Arg Val Phe
50 55 60
Asp Pro Ser Thr Gly Ala Leu Val Asp Ser Lys Ser Tyr Ala Phe Ser
65 70 75 80
Ala Ser Asn Asn Thr Thr Ser Ala Ala Phe Val Ser Phe Met Asn Ser
85 90 95

Leu Ser Asn Asn Arg Leu Val Ala Ile Leu Thr Ser Gly Lys Val Asn
100 105 110
Phe Pro Pro Glu Val Val Ser Trp Leu Arg Gly Ala Gly Thr Ser Val
115 120 125
Phe Pro Ser Asp Ser Val Leu Ser Arg Phe Asp Val Ser Tyr Ala Ala
130 135 140
Phe Tyr Thr Ser Ser Lys Arg Ala Ile Ala Leu Glu His Val Lys Leu
145 150 155 160
Ser Asn Arg Lys Ser Thr Asp Asp Tyr Gln Thr Ile Leu Asp Val Val
165 170 175
Phe Asp Ser Leu Glu Asp Val Gly Ala Thr Gly Phe Pro Lys Arg Thr
180 185 190
Tyr Glu Ser Val Glu Gln Phe Met Ser Ala Val Gly Gly Thr Asn Asn
195 200 205
Glu Ile Ala Arg Leu Pro Thr Ser Ala Ala Ile Ser Lys Leu Ser Asp
210 215 220
Tyr Asn Leu Ile Pro Gly Asp Val Leu Tyr Leu Lys Ala Gln Leu Tyr
225 230 235 240
Ala Asp Ala Asp Leu Leu Asp Leu Gly Thr Thr Asn Ile Ser Ile Arg
245 250 255
Phe Tyr Asp Ala Ser Asn Gly Tyr Ile Ser Ser Thr Gln Ala Glu Phe
260 265 270
Thr Gly Gln Ala Gly Ser Trp Glu Leu Lys Glu Asp Tyr Val Val Val
275 280 285
Pro Glu Asn Ala Val Gly Phe Thr Ile Tyr Ala Gln Arg Thr Ala Gln
290 295 300
Ala Gly Gln Gly Gly Met Arg Asn Leu Ser Phe Ser Glu Val Ser Arg
305 310 315 320
Asn Gly Gly Ile Ser Lys Pro Ala Glu Phe Gly Val Asn Gly Ile Arg
325 330 335
Val Asn Tyr Val Cys Glu Ser Ala Ser Pro Pro Asp Ile Met Val Leu
340 345 350
Pro Thr Gln Ala Ser Ser Lys Thr Gly Lys Val Phe Gly Gln Glu Phe
355 360 365
Arg Glu Val
370

<210> 437
<211> 1289
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 437

Met Ala Glu Ile Lys Arg Lys Phe Arg Ala Glu Asp Gly Leu Asp Ala
1 5 10 15
Gly Gly Asp Lys Ile Ile Asn Val Ala Leu Ala Asp Arg Thr Val Gly
20 25 30
Thr Asp Gly Val Asn Val Asp Tyr Leu Ile Gln Glu Asn Thr Val Gln

```
            35                  40                  45
Gln Tyr Asp Pro Thr Arg Gly Tyr Leu Lys Asp Phe Val Ile Ile Tyr
        50                  55                  60
Asn Asn Arg Phe Trp Ala Ala Thr Asp Asn Ile Pro Lys Pro Ala Gly
65                  70                  75                  80
Asn Phe Asn Arg Ile Arg Trp Lys Ala Leu Arg Thr Asp Ala Val Tyr
                85                  90                  95
Thr Thr Val Ser Ser Gly Pro Tyr Gln Leu Lys Ser Gly Glu Ala Ile
            100                 105                 110
Ser Val Asp Thr Ser Val Gly Asn Asp Ile Glu Phe Thr Leu Pro Pro
        115                 120                 125
Ser Pro Leu Asp Gly Glu Thr Val Ile Ile Gln Asp Ile Gly Gly Lys
    130                 135                 140
Pro Gly Ile Asn Gln Val Lys Ile Asn Ser Ser Asn Gln Ser Ile Val
145                 150                 155                 160
Asn Phe Arg Gly Glu Gln Val Arg Ser Val Leu Met Thr His Pro Lys
                165                 170                 175
Ser Gln Met Ile Phe Ile Phe Asn Asn Arg Leu Trp Gln Met Tyr Val
            180                 185                 190
Ala Asp Tyr Ser Arg Glu Ala Ala Ile Val Thr Pro Ser Thr Ala Tyr
        195                 200                 205
Gln Ala Gln Ser Asn Asp Phe Ile Val Arg Arg Phe Thr Ser Ala Ala
    210                 215                 220
Pro Ile Asn Val Lys Leu Pro Arg Phe Ala Asn His Gly Asp Ile Ile
225                 230                 235                 240
Asn Phe Val Asp Leu Asp Lys Leu Asn Pro Leu Tyr His Thr Ile Val
                245                 250                 255
Thr Thr Tyr Asp Glu Thr Thr Ser Val Gln Glu Val Gly Thr His Ser
            260                 265                 270
Ile Glu Gly Arg Thr Ser Ile Asp Gly Phe Leu Met Phe Asp Asp Asn
        275                 280                 285
Glu Lys Leu Trp Arg Leu Phe Asp Gly Asp Ser Lys Ala Arg Leu Arg
    290                 295                 300
Ile Ile Thr Thr Asn Ser Asn Ile Arg Pro Asn Glu Glu Val Met Val
305                 310                 315                 320
Phe Gly Ala Asn Asn Gly Thr Thr Gln Thr Ile Glu Leu Gln Leu Pro
                325                 330                 335
Thr Asp Ile Ser Val Gly Asp Thr Val Lys Ile Ser Met Asn Tyr Met
            340                 345                 350
Arg Lys Gly Gln Thr Val Lys Ile Lys Ala Ala Gly Glu Asp Lys Ile
        355                 360                 365
Ala Ser Ser Val Gln Leu Leu Gln Phe Pro Lys Arg Ser Glu Tyr Pro
    370                 375                 380
Pro Glu Ala Glu Trp Val Thr Val Gln Glu Leu Val Phe Asn Gly Glu
385                 390                 395                 400
Thr Asn Tyr Val Pro Val Leu Gln Leu Ala Tyr Ile Glu Asp Ser Asp
                405                 410                 415
Gly Lys Tyr Trp Val Val Gln Gln Asn Val Pro Thr Val Glu Arg Val
```

420 425 430

Asp Ser Leu Asn Ala Ser Thr Arg Ala Arg Leu Gly Val Ile Ala Leu

435 440 445

Ala Thr Gln Ala Gln Ala Asn Ala Asp Leu Glu Asn Ser Pro Gln Lys

450 455 460

Glu Leu Ala Ile Thr Pro Glu Thr Leu Ala Asn Arg Thr Ala Thr Glu

465 470 475 480

Thr Arg Arg Gly Ile Ala Arg Ile Ala Thr Thr Ala Gln Val Asn Gln

485 490 495

Asn Thr Thr Phe Ser Phe Ala Asp Asp Leu Ile Ile Thr Pro Lys Lys

500 505 510

Leu Asn Glu Arg Thr Ala Thr Glu Thr Arg Arg Gly Val Ala Glu Ile

515 520 525

Ala Thr Gln Gln Glu Thr Asn Thr Gly Thr Asp Asp Thr Thr Ile Ile

530 535 540

Thr Pro Lys Lys Leu Gln Ala Arg Gln Gly Ser Glu Ser Leu Ser Gly

545 550 555 560

Ile Val Thr Phe Val Ser Thr Ala Gly Ala Thr Pro Ala Ser Ser Arg

565 570 575

Glu Leu Asn Gly Thr Asn Val Tyr Asn Lys Asn Thr Asn Asn Leu Val

580 585 590

Val Ser Pro Lys Ala Leu Asp Gln Tyr Lys Ala Thr Pro Thr Gln Gln

595 600 605

Gly Ala Val Ile Leu Ala Val Glu Ser Glu Val Ile Ala Gly Gln Ser

610 615 620

Gln Glu Gly Trp Ala Asn Ala Val Val Thr Pro Glu Thr Leu His Lys

625 630 635 640

Lys Thr Ser Thr Asp Gly Arg Ile Gly Leu Ile Glu Ile Ala Thr Gln

645 650 655

Ser Glu Val Asn Thr Gly Thr Asp Tyr Thr Arg Ala Val Thr Pro Lys

660 665 670

Thr Leu Asn Asp Arg Arg Ala Thr Glu Ser Leu Ser Gly Ile Ala Glu

675 680 685

Ile Ala Thr Gln Val Glu Phe Asp Ala Gly Val Asp Asp Thr Arg Ile

690 695 700

Ser Thr Pro Leu Lys Ile Lys Thr Arg Phe Asn Ser Thr Asp Arg Thr

705 710 715 720

Ser Val Val Ala Leu Ser Gly Leu Val Glu Ser Gly Thr Leu Trp Asp

725 730 735

His Tyr Thr Leu Asn Ile Leu Glu Ala Asn Glu Thr Gln Arg Gly Thr

740 745 750

Leu Arg Val Ala Thr Gln Val Glu Ala Ala Ala Gly Thr Leu Asp Asn

755 760 765

Val Leu Ile Thr Pro Lys Lys Leu Leu Gly Thr Lys Ser Thr Glu Ser

770 775 780

Gln Glu Gly Val Ile Lys Val Ala Thr Gln Ser Glu Thr Val Thr Gly

785 790 795 800

Thr Ser Ala Asn Thr Ala Val Ser Pro Lys Asn Leu Lys Trp Ile Val

805 810 815
Gln Ser Glu Pro Thr Trp Ala Ala Thr Thr Leu Ile Arg Gly Phe Val
820 825 830
Lys Thr Ser Ser Gly Ser Leu Thr Phe Val Gly Asn Asp Thr Val Gly
835 840 845
Ser Thr Gln Pro Leu Glu Ser Tyr Glu Lys Asn Gly Tyr Ala Val Ser
850 855 860
Pro Tyr Glu Leu Asn Arg Val Leu Ala Asn Tyr Leu Pro Leu Lys Ala
865 870 875 880
Lys Ala Val Asp Ser Asn Leu Leu Asp Gly Leu Asp Ser Leu Gln Phe
885 890 895
Ile Arg Arg Asp Ile Ala Gln Thr Val Asn Gly Ser Leu Thr Leu Thr
900 905 910
Gln Gln Thr Asn Leu Gly Ala Pro Leu Val Ser Ser Ser Thr Ala Thr
915 920 925
Phe Gly Gly Ser Val Ser Ala Asn Ser Thr Leu Thr Ile Ser Asn Thr
930 935 940
Gly Thr Ala Thr Arg Leu Ile Phe Glu Lys Gly Pro Gln Thr Gly Thr
945 950 955 960
Asn Pro Ala Gln Thr Met Thr Val Arg Val Trp Gly Asn Gln Phe Ser
965 970 975
Gly Glu Ser Asp Thr Thr Arg Ser Thr Val Phe Glu Val Ser Asp Glu
980 985 990
Thr Ser Ser His Phe Tyr Ser Gln Arg Asn Lys Ala Gly Asn Ile Thr
995 1000 1005
Phe Asn Ile Asn Gly Thr Val Thr Pro Ile Asn Val Asn Ala Ser
1010 1015 1020
Gly Thr Leu Asn Ala Asn Gly Val Ala Thr Phe Gly Asn Ser Val
1025 1030 1035
Thr Ala Thr Gly Glu Ile Ile Ser Arg Ser Ala Asn Ala Phe Arg
1040 1045 1050
Ala Ile Asn Gly Asn Tyr Gly Phe Ile Val Arg Asn Asp Gly Ser
1055 1060 1065
Val Thr Asn Phe Met Leu Thr Ala Ser Gly Asp Gln Thr Gly Gly
1070 1075 1080
Phe Asn Gly Leu Arg Pro Leu Ala Ile Asn Asn Ala Ser Gly Gln
1085 1090 1095
Val Thr Ile Gly Glu Ser Leu Ile Ile Ala Lys Gly Ala Thr Ile
1100 1105 1110
Asn Ser Gly Gly Leu Thr Val Asn Ser Arg Ile Arg Ser Gln Gly
1115 1120 1125
Thr Lys Thr Ser Asp Leu Tyr Thr Arg Ala Pro Thr Ser Asp Thr
1130 1135 1140
Val Gly Phe Trp Ser Ile Asp Ile Asn Asp Ser Ala Thr Tyr Asn
1145 1150 1155
Gln Phe Pro Gly Tyr Phe Lys Met Val Glu Lys Thr Asn Glu Val
1160 1165 1170
Thr Gly Leu Pro Tyr Leu Glu Arg Gly Glu Glu Val Lys Ser Pro

1175 1180 1185
Gly Thr Leu Thr Gln Phe Gly Asn Thr Leu Asp Ser Leu Tyr Gln
1190 1195 1200
Asp Trp Ile Thr Tyr Pro Thr Thr Pro Glu Ala Arg Thr Thr Arg
1205 1210 1215
Trp Thr Arg Thr Trp Gln Lys Thr Lys Asn Ser Trp Ser Ser Phe
1220 1225 1230
Val Gln Val Phe Asp Gly Gly Asn Pro Pro Gln Pro Ser Asp Ile
1235 1240 1245
Gly Ala Ile Pro Ser Asp Asn Gly Ile Ile Gly Asn Leu Thr Ile
1250 1255 1260
Arg Asp Phe Leu Arg Ile Gly Asn Val Arg Ile Ile Pro Asp Pro
1265 1270 1275
Val Asn Lys Thr Val Lys Phe Glu Trp Val Glu
1280 1285

<210> 438
<211> 305
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 438

Met Asp Leu Glu Met Met Leu Asp Glu Asp Tyr Lys Glu Gly Ile Cys
1 5 10 15
Phe Ile Asp Phe Ser Gln Ile Ala Leu Ser Thr Ala Leu Val Asn Phe
20 25 30
Pro Asp Lys Glu Lys Ile Asn Leu Ser Met Val Arg His Leu Ile Leu
35 40 45
Asn Ser Ile Lys Phe Asn Val Lys Lys Ala Lys Thr Leu Gly Tyr Thr
50 55 60
Lys Ile Val Leu Cys Ile Asp Asn Ala Lys Ser Gly Tyr Trp Arg Arg
65 70 75 80
Asp Phe Ala Tyr Tyr Tyr Lys Lys Asn Arg Gly Lys Ala Arg Glu Glu
85 90 95
Ser Thr Trp Asp Trp Glu Gly Tyr Phe Glu Ser Ser His Lys Val Ile
100 105 110
Asp Glu Leu Lys Ala Tyr Met Pro Tyr Ile Val Met Asp Ile Asp Lys
115 120 125
Tyr Glu Ala Asp Asp His Ile Ala Val Leu Val Lys Lys Phe Ser Leu
130 135 140
Glu Gly His Lys Ile Leu Ile Ile Ser Ser Asp Gly Asp Phe Thr Gln
145 150 155 160
Leu His Lys Tyr Pro Asn Val Lys Gln Trp Ser Pro Met His Lys Lys
165 170 175
Trp Val Lys Ile Lys Ser Gly Ser Ala Glu Ile Asp Cys Met Thr Lys
180 185 190
Ile Leu Lys Gly Asp Lys Lys Asp Asn Val Ala Ser Val Lys Val Arg
195 200 205

Ser Asp Phe Trp Phe Thr Arg Val Glu Gly Glu Arg Thr Pro Ser Met
210 215 220
Lys Thr Ser Ile Val Glu Ala Ile Ala Asn Asp Arg Glu Gln Ala Lys
225 230 235 240
Val Leu Leu Thr Glu Ser Glu Tyr Asn Arg Tyr Lys Glu Asn Leu Val
245 250 255
Leu Ile Asp Phe Asp Tyr Ile Pro Asp Asn Ile Ala Ser Asn Ile Val
260 265 270
Asn Tyr Tyr Asn Ser Tyr Lys Leu Pro Pro Arg Gly Lys Ile Tyr Ser
275 280 285
Tyr Phe Val Lys Ala Gly Leu Ser Lys Leu Thr Asn Ser Ile Asn Glu
290 295 300
Phe
305

<210> 439
<211> 89
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223>
Bacteriophage F488/08
<400> 439
Met Ala Lys Lys Glu Met Val Glu Phe Asp Glu Ala Ile His Gly Glu
1 5 10 15
Asp Leu Ala Lys Phe Ile Lys Glu Ala Ser Asp His Lys Leu Lys Ile
20 25 30
Ser Gly Tyr Asn Glu Leu Ile Lys Asp Ile Arg Ile Arg Ala Lys Asp
35 40 45
Glu Leu Gly Val Asp Gly Lys Met Phe Asn Arg Leu Leu Ala Leu Tyr
50 55 60
His Lys Asp Asn Arg Asp Val Phe Glu Ala Glu Thr Glu Glu Val Val
65 70 75 80
Glu Leu Tyr Asp Thr Val Phe Ser Lys
85

<210> 440
<211> 112
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 440
Met Thr Gln Phe Ser Leu Asn Asp Ile Arg Pro Val Asp Glu Thr Gly
1 5 10 15
Leu Ser Glu Lys Glu Leu Ser Ile Lys Lys Glu Lys Asp Glu Ile Ala
20 25 30
Lys Leu Leu Asp Arg Gln Glu Asn Gly Phe Ile Ile Glu Lys Met Val
35 40 45
Glu Glu Phe Gly Met Ser Tyr Leu Glu Ala Thr Thr Ala Phe Leu Glu

50 55 60

Glu Asn Ser Ile Pro Glu Thr Gln Phe Ala Lys Phe Ile Pro Ser Gly
65 70 75 80

Ile Ile Glu Lys Ile Gln Ser Glu Ala Ile Asp Glu Asn Leu Leu Arg
85 90 95

Pro Ser Val Val Arg Cys Glu Lys Thr Asn Thr Leu Asp Phe Leu Leu
100 105 110

<210> 441
<211> 217
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 441

Met Ile Lys Leu Arg Met Pro Ala Gly Gly Glu Arg Tyr Ile Asp Gly
1 5 10 15

Lys Ser Val Tyr Lys Leu Tyr Leu Met Ile Lys Gln His Met Asn Gly
20 25 30

Lys Tyr Asp Val Ile Lys Tyr Asn Trp Cys Met Arg Val Ser Asp Ala
35 40 45

Ala Tyr Gln Lys Arg Arg Asp Lys Tyr Phe Phe Gln Lys Leu Ser Glu
50 55 60

Lys Tyr Lys Leu Lys Glu Leu Ala Leu Ile Phe Ile Ser Asn Leu Val
65 70 75 80

Ala Asn Gln Asp Ala Trp Ile Gly Asp Ile Ser Asp Ala Asp Ala Leu
85 90 95

Val Phe Tyr Arg Glu Tyr Ile Gly Arg Leu Lys Gln Ile Lys Phe Lys
100 105 110

Phe Glu Glu Asp Ile Arg Asn Ile Tyr Tyr Phe Ser Lys Lys Val Glu
115 120 125

Val Ser Ala Phe Lys Glu Ile Phe Glu Tyr Asn Pro Lys Val Gln Ser
130 135 140

Ser Tyr Ile Phe Lys Leu Leu Gln Ser Asn Ile Ile Ser Phe Glu Thr
145 150 155 160

Phe Ile Leu Leu Asp Ser Phe Leu Asn Ile Ile Asp Lys His Asp Glu
165 170 175

Gln Thr Asp Asn Leu Val Trp Asn Asn Tyr Ser Ile Lys Leu Lys Ala
180 185 190

Tyr Arg Lys Ile Leu Asn Ile Asp Ser Gln Lys Ala Lys Asn Val Phe
195 200 205

Ile Glu Thr Val Lys Ser Cys Lys Tyr
210 215

<210> 442
<211> 302
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08

<400> 442
Met Phe Lys Arg Lys Ser Thr Ala Glu Leu Ala Ala Gln Met Ala Lys
1 5 10 15
Leu Ala Gly Asn Lys Gly Gly Phe Ser Ser Glu Asp Lys Gly Glu Trp
20 25 30
Lys Leu Lys Leu Asp Asn Ala Gly Asn Gly Gln Ala Val Ile Arg Phe
35 40 45
Leu Pro Ser Lys Asn Asp Glu Gln Ala Pro Phe Ala Leu Leu Val Asn
50 55 60
His Gly Phe Lys Lys Asn Gly Lys Trp Tyr Ile Glu Thr Cys Ser Ser
65 70 75 80
Thr Tyr Gly Asp Tyr Asp Ser Cys Pro Val Cys Gln Tyr Ile Ser Lys
85 90 95
Asn Asp Leu Tyr Asn Thr Asp Asn Lys Glu Tyr Ser Leu Val Lys Arg
100 105 110
Lys Thr Ser Tyr Trp Ala Asn Ile Leu Val Val Lys Asp Pro Ala Ala
115 120 125
Pro Glu Asn Glu Gly Lys Val Phe Lys Tyr Arg Phe Gly Lys Lys Ile
130 135 140
Trp Asp Lys Ile Asn Ala Met Ile Ala Val Asp Val Glu Met Gly Glu
145 150 155 160
Thr Pro Val Asp Val Thr Cys Pro Trp Glu Gly Ala Asn Phe Val Leu
165 170 175
Lys Val Lys Gln Val Ser Gly Phe Ser Asn Tyr Asp Glu Ser Lys Phe
180 185 190
Leu Asn Gln Ser Ala Ile Pro Asn Ile Asp Asp Glu Ser Phe Gln Lys
195 200 205
Glu Leu Phe Glu Gln Met Val Asp Leu Ser Glu Met Thr Ser Lys Asp
210 215 220
Lys Phe Lys Ser Phe Glu Glu Leu Ser Thr Lys Phe Ser Gln Val Met
225 230 235 240
Gly Thr Ala Ala Met Gly Gly Ala Ala Ala Thr Ala Ala Lys Lys Ala
245 250 255
Asp Lys Val Ala Asp Asp Leu Asp Ala Phe Asn Val Asp Asp Phe Lys
260 265 270
Thr Lys Thr Glu Asp Asp Phe Met Ser Ser Ser Ser Gly Ser Ser Ser
275 280 285
Ser Ala Asp Asp Thr Asp Leu Asp Asp Leu Leu Asn Asp Leu
290 295 300
<210> 443
<211> 76
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 443
Met Ala Lys Val Asp Ile Asp Ile Val Asp Phe Glu Tyr Ile Glu Glu
1 5 10 15

Ile Ile Arg Asn Arg Tyr Pro Glu Leu Ser Ile Thr Ser Ile His Asp
20 25 30
Asp Pro Asn Tyr Cys Asn Phe Ser Ile Val Ile Glu Gly Pro Leu Glu
35 40 45
Asp Leu Thr Arg Phe Met Ala Asn Glu Tyr Cys Asp Gly Met Asp Ser
50 55 60
Glu Asp Ala Glu Phe Tyr Met Gly Leu Ile Glu Gln
65 70 75

<210> 444
<211> 121
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 444

Met Tyr Ile Gly Lys Lys Tyr Glu Leu Val Pro Arg Leu Ile Asp Thr
1 5 10 15
Phe Ile Asn Tyr Arg Pro Arg Ser Asn Ser Ser Ile Val Lys Ile Ile
20 25 30
Gln Glu Asn Gly Gly Trp Phe Glu Val Lys Glu Ala Phe Phe Val Asp
35 40 45
Gly Phe Arg Val Ile Lys His Ile Glu Cys Ala Asn Gly Lys His Phe
50 55 60
Tyr Phe Asn Val Cys Glu Asp Glu Phe His Cys Phe Arg Glu Tyr Lys
65 70 75 80
Glu Pro Thr Ser Glu Glu Asp Gly Ala Glu Asp Ile Val Ser Gly Val
85 90 95
Thr Lys Ile His Cys Ile Val Asp Glu Asn Asn Val Asp Glu Ile Ile
100 105 110
Glu Leu Leu Arg Lys Thr Phe Lys Lys
115 120

<210> 445
<211> 80
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 445

Met Arg Leu Gln Arg Gln Ser Ile Lys Asp Ser Glu Val Arg Gly Lys
1 5 10 15
Trp Tyr Phe Asn Ile Ile Gly Lys Asp Ser Glu Leu Val Glu Lys Ala
20 25 30
Glu His Leu Leu Arg Asp Met Gly Trp Glu Asp Glu Cys Asp Gly Cys
35 40 45
Pro Leu Tyr Glu Asp Gly Glu Ser Ala Gly Phe Trp Ile Tyr His Ser
50 55 60
Asp Val Asp Gln Phe Lys Ala Asp Trp Lys Ile Val Lys Lys Ser Val
65 70 75 80

<210> 446
<211> 110
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 446

Met	Ser	Gly	Ile	His	Val	Thr	Gly	Ile	Ala	Gln	Val	Asn	Ile	Arg	Cys
1				5				10						15	
Gln	Phe	Lys	Thr	Val	Pro	Gly	Val	Thr	His	Ile	Thr	Leu	Ser	His	Asp
			20				25				30				
Pro	Tyr	Ser	Arg	Gly	Arg	Gln	Leu	Thr	Gly	Val	Ile	Lys	Phe	Phe	Gly
		35				40				45					
Gly	Ile	Gly	Gly	Ser	Glu	Phe	Thr	Ile	Gly	Asp	Asp	Glu	Ile	Val	Gly
	50				55				60						
Cys	Lys	Leu	Lys	Val	Gln	Lys	Gly	Val	Leu	Glu	Leu	Phe	Ser	Asp	Glu
65				70				75						80	
Val	Phe	Asp	Glu	Ile	Ser	Arg	Ala	Val	Asn	Lys	Gly	Met	Leu	Thr	Leu
			85				90				95				
Ile	Lys	Met	Ile	Lys	Ala	Ser	Gly	Tyr	Val	Thr	Asp	Pro	Phe		
		100				105				110					

<210> 447
<211> 81
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 447

Met	Ile	Phe	Val	Phe	Glu	Phe	Met	Asn	Asp	Glu	Phe	Asp	Tyr	Ala	Ile
1				5				10						15	
Phe	Asn	Ala	Leu	His	Asn	Pro	Asp	Leu	Ser	Glu	Phe	Asn	Glu	Met	Phe
			20				25				30				
Ser	Asp	Ala	Leu	Ser	Met	Ser	Glu	Glu	Tyr	Cys	Gly	Glu	Cys	Gln	Arg
		35				40				45					
Val	Cys	Val	Thr	Val	Phe	Glu	Asn	Lys	Glu	Lys	Thr	Tyr	Glu	Glu	Leu
	50				55				60						
Phe	Phe	Asp	Ala	Asn	Lys	Ala	Thr	Glu	Trp	Phe	Val	Glu	Arg	Gly	Phe
65				70				75						80	
Ala															

<210> 448
<211> 193
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 448

Met	Ile	Lys	Leu	Val	Phe	Ala	Tyr	Ser	Pro	Thr	Lys	Thr	Val	Glu	Gly
1				5				10						15	

Phe Asn Glu Leu Ala Phe Gly Leu Gly Asp Gly Leu Pro Trp Gly Arg
20 25 30
Ile Lys Lys Asp Leu Gln Asn Phe Lys Ala Arg Thr Glu Gly Thr Ile
35 40 45
Leu Ile Met Gly Ala Lys Thr Phe Gln Ser Leu Ser Thr Leu Leu Pro
50 55 60
Gly Arg Ser His Ile Val Val Cys Asp Leu Ala Arg Asp Tyr Pro Val
65 70 75 80
Thr Lys Asp Gly Asp Leu Ala His Phe Tyr Ile Thr Trp Glu Gln Tyr
85 90 95
Ile Thr Tyr Ile Ser Gly Gly Glu Ile Gln Val Ser Ser Pro Asn Ala
100 105 110
Pro Phe Glu Thr Met Leu Gly Gln Asn Ser Lys Val Ser Val Ile Gly
115 120 125
Gly Pro Ala Leu Leu Tyr Ala Ala Leu Pro Tyr Ala Asp Glu Val Val
130 135 140
Val Ser Arg Ile Val Lys Arg His Arg Val Asn Ser Thr Val Gln Leu
145 150 155 160
Asp Ala Ser Phe Leu Asp Asp Ile Ser Lys Arg Glu Met Val Glu Thr
165 170 175
His Trp Tyr Lys Ile Asp Glu Val Thr Thr Leu Thr Glu Ser Val Tyr
180 185 190
Lys

<210> 449
<211> 68
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 449
Met Ser Asn Lys Leu Lys Val Lys Asp Val Pro Asn Ala Met Ala Leu
1 5 10 15
Phe Ile Cys Arg Gln Met His Gln Gly Pro Met Thr Pro Lys Gln Tyr
20 25 30
Leu Lys Gly Glu Arg Ser Leu Gly Phe Thr Arg Lys Ala Lys Gln Met
35 40 45
Val Lys Leu Gly Tyr Lys Pro Asn Phe Ala Lys Tyr Pro Ser Thr Tyr
50 55 60
Ser Trp Met Asn
65

<210> 450
<211> 183
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 450
Met Lys Gln Tyr Gln Phe Leu Ile Lys Asp Ile Leu Glu Asn Gly Tyr

1 5 10 15
Glu Thr Asp Asp Arg Thr Gly Thr Gly Thr Ile Ala Leu Phe Gly Thr
20 25 30
Lys Leu Arg Trp Asp Leu Thr Lys Gly Phe Pro Ala Val Thr Thr Lys
35 40 45
Lys Leu Ala Trp Asn Ala Cys Ile Ser Glu Leu Leu Trp Phe Leu Ser
50 55 60
Gly Ser Thr Asn Val Asn Asp Leu Arg Leu Ile Gln His Asn Ser Leu
65 70 75 80
Ile Gln Gly Lys Thr Val Trp Asp Glu Asn Tyr Glu Asn Gln Ala Lys
85 90 95
Asp Leu Gly Tyr His Ser Gly Glu Leu Gly Pro Ile Tyr Gly Lys Gln
100 105 110
Trp Arg Asp Phe Gly Gly Val Asp Gln Ile Ile Glu Val Ile Asp Arg
115 120 125
Ile Lys Lys Leu Pro Asn Asp Arg Arg Gln Ile Val Ser Ala Trp Asn
130 135 140
Pro Ala Glu Leu Lys Gln Met Ala Leu Pro Pro Cys His Met Phe Tyr
145 150 155 160
Gln Phe Asn Val Arg Asn Gly Tyr Leu Asp Leu Gln Trp Tyr Gln Arg
165 170 175
Ser Val Asp Val Phe Leu Gly
180

<210> 451
<211> 245
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 451
Met Lys Ser Gly Ile Tyr Gln Ile Lys Asn Thr Leu Asn Asn Lys Val
1 5 10 15
Tyr Val Gly Ser Ala Lys Asp Phe Glu Lys Arg Trp Lys Arg His Phe
20 25 30
Lys Asp Leu Glu Lys Gly Cys His Ser Ser Ile Lys Leu Gln Arg Ser
35 40 45
Phe Asn Lys His Gly Asn Val Phe Glu Cys Ser Ile Leu Glu Glu Ile
50 55 60
Pro Tyr Glu Lys Asp Leu Ile Ile Glu Arg Glu Asn Phe Trp Ile Lys
65 70 75 80
Glu Leu Asn Ser Lys Ile Asn Gly Tyr Asn Ile Ala Asp Ala Thr Phe
85 90 95
Gly Asp Thr Cys Ser Thr His Pro Leu Lys Glu Glu Ile Ile Lys Lys
100 105 110
Arg Ser Glu Thr Val Lys Ala Lys Met Leu Lys Leu Gly Pro Asp Gly
115 120 125
Arg Lys Ala Leu Tyr Ser Lys Pro Gly Ser Lys Asn Gly Arg Trp Asn
130 135 140

Pro Glu Thr His Lys Phe Cys Lys Cys Gly Val Arg Ile Gln Thr Ser
145 150 155 160
Ala Tyr Thr Cys Ser Lys Cys Arg Asn Arg Ser Gly Glu Asn Asn Ser
165 170 175
Phe Phe Asn His Lys His Ser Asp Ile Thr Lys Ser Lys Ile Ser Glu
180 185 190
Lys Met Lys Gly Lys Lys Pro Ser Asn Ile Lys Lys Ile Ser Cys Asp
195 200 205
Gly Val Ile Phe Asp Cys Ala Ala Asp Ala Ala Arg His Phe Lys Ile
210 215 220
Ser Ser Gly Leu Val Thr Tyr Arg Val Lys Ser Asp Lys Trp Asn Trp
225 230 235 240
Phe Tyr Ile Asn Ala
245

<210> 452
<211> 104
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 452
Met Leu Pro Phe Asn Ile Ala Ser Tyr Ala Thr Leu Val His Ile Val
1 5 10 15
Ala Lys Met Cys Asn Leu Ile Pro Gly Asp Leu Ile Phe Ser Gly Gly
20 25 30
Asn Thr His Ile Tyr Met Asn His Val Glu Gln Cys Lys Glu Ile Leu
35 40 45
Arg Arg Glu Pro Lys Glu Leu Cys Glu Leu Val Ile Gly Gly Leu Pro
50 55 60
Tyr Lys Phe Arg Tyr Leu Ser Thr Lys Glu Gln Leu Glu Tyr Ile Leu
65 70 75 80
Lys Leu Arg Pro Lys Asp Phe Val Leu Lys Asp Tyr Gln Ser His Gly
85 90 95
Val Leu Lys Gly Lys Met Ala Val
100

<210> 453
<211> 87
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 453
Met Ile Leu Arg Phe Lys Asp Thr Ser Gly Ala Val Leu Phe Thr Leu
1 5 10 15
Pro Asn Pro Ser Glu Leu Glu Val Pro Gly Pro Asn Gln Pro Ile Ile
20 25 30
Ile Tyr Gly Lys Lys Tyr Tyr Thr His Lys Met Thr Arg Glu Tyr Phe
35 40 45

Asp Asn Lys Ile Ser Thr Val Lys Thr Ser Ser Asp Cys Tyr Tyr Asp
50 55 60
Ile Thr Val Leu Thr Glu Lys Gln Tyr Asp Glu Leu Ser Pro Arg Gly
65 70 75 80
Pro Ser Met Pro Gly Ser Glu
85

<210> 454
<211> 108
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 454
Met Thr Asn Tyr His Arg Ala Gly Arg Leu Cys Gln Val Val Asn Lys
1 5 10 15
Tyr Lys Ser Asp Phe Asp Val Asn Ile His Arg Gly Thr Phe Trp Gly
20 25 30
Asn Tyr Val Gly Lys Asp Ala Gly Ser Arg Glu Ala Ala Ile Glu Leu
35 40 45
Phe Lys Lys Asp Phe Ile Arg Arg Ile Lys Ser Gly Glu Ile Thr Lys
50 55 60
Ala His Leu Glu Pro Leu Arg Gly Met Arg Leu Gly Cys Thr Cys Lys
65 70 75 80
Pro Lys Pro Cys His Gly Asp Ile Ile Ala His Ile Val Asn Arg Leu
85 90 95
Phe Lys Asp Asp Phe Gln Val Glu Asp Leu Cys Asn
100 105

<210> 455
<211> 754
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 455
Met Gln Leu Ile Asn Val Ile Lys Ser Ser Gly Val Ser Gln Ser Phe
1 5 10 15
Asp Pro Gln Lys Ile Ile Lys Val Leu Ser Trp Ala Ala Glu Gly Thr
20 25 30
Ser Val Asp Pro Tyr Glu Leu Tyr Glu Asn Ile Lys Ser Tyr Leu Arg
35 40 45
Asp Gly Met Thr Thr Asp Asp Ile Gln Thr Ile Val Ile Lys Ala Ala
50 55 60
Ala Asn Ser Ile Ser Val Glu Glu Pro Asp Tyr Gln Tyr Val Ala Ala
65 70 75 80
Arg Cys Leu Met Phe Ala Leu Arg Lys His Val Tyr Gly Gln Tyr Glu
85 90 95
Pro Arg Ser Phe Ile Asp His Ile Ser Tyr Cys Val Asn Glu Gly Lys
100 105 110

```
Tyr Asp Pro Glu Leu Leu Ser Lys Tyr Ser Ala Glu Glu Ile Thr Phe
        115                 120                 125
Leu Glu Ser Lys Ile Lys His Glu Arg Asp Met Glu Phe Thr Tyr Ser
    130                 135                 140
Gly Ala Met Gln Leu Lys Glu Lys Tyr Leu Val Lys Asp Lys Thr Thr
145                 150                 155                 160
Gly Gln Ile Tyr Glu Thr Pro Gln Phe Ala Phe Met Thr Ile Gly Met
                165                 170                 175
Ala Leu His Gln Asp Glu Pro Val Asp Arg Leu Lys His Val Ile Arg
            180                 185                 190
Phe Tyr Glu Ala Val Ser Thr Arg Gln Ile Ser Leu Pro Thr Pro Ile
        195                 200                 205
Met Ala Gly Cys Arg Thr Pro Thr Arg Gln Phe Ser Ser Cys Val Val
    210                 215                 220
Ile Glu Ala Gly Asp Ser Leu Lys Ser Ile Asn Lys Ala Ser Ala Ser
225                 230                 235                 240
Ile Val Glu Tyr Ile Ser Lys Arg Ala Gly Ile Gly Ile Asn Val Gly
                245                 250                 255
Met Ile Arg Ala Glu Gly Ser Lys Ile Gly Met Gly Glu Val Arg His
            260                 265                 270
Thr Gly Val Ile Pro Phe Trp Lys His Phe Gln Thr Ala Val Lys Ser
        275                 280                 285
Cys Ser Gln Gly Gly Ile Arg Gly Gly Ala Ala Thr Ala Tyr Tyr Pro
    290                 295                 300
Ile Trp His Leu Glu Val Glu Asn Leu Leu Val Leu Lys Asn Asn Lys
305                 310                 315                 320
Gly Val Glu Glu Asn Arg Ile Arg His Met Asp Tyr Gly Val Gln Leu
                325                 330                 335
Asn Asp Leu Met Met Glu Arg Phe Gly Lys Asn Asp Tyr Ile Thr Leu
            340                 345                 350
Phe Ser Pro His Glu Met Gly Gly Glu Leu Tyr Tyr Ser Tyr Phe Lys
        355                 360                 365
Asp Gln Asp Arg Phe Arg Glu Leu Tyr Glu Ala Ala Glu Lys Asp Pro
    370                 375                 380
Asn Ile Arg Lys Lys Arg Ile Lys Ala Arg Glu Leu Phe Glu Leu Leu
385                 390                 395                 400
Met Thr Glu Arg Ser Gly Thr Ala Arg Ile Tyr Val Gln Phe Ile Asp
                405                 410                 415
Asn Thr Asn Asn Tyr Thr Pro Phe Ile Arg Glu Lys Ala Pro Ile Arg
            420                 425                 430
Gln Ser Asn Leu Cys Cys Glu Ile Ala Ile Pro Thr Asn Asp Val Asn
        435                 440                 445
Ser Pro Asp Ala Glu Ile Gly Leu Cys Thr Leu Ser Ala Phe Val Leu
    450                 455                 460
Asp Asn Phe Asp Trp Gln Asp Gln Asp Lys Ile Asn Glu Leu Ala Glu
465                 470                 475                 480
Val Gln Val Arg Ala Leu Asp Asn Leu Leu Asp Tyr Gln Gly Tyr Pro
                485                 490                 495
```

Val Pro Glu Ala Glu Lys Ala Lys Lys Arg Arg Asn Leu Gly Val Gly
500 505 510
Val Thr Asn Tyr Ala Ala Trp Leu Ala Ser Asn Phe Ala Ser Tyr Glu
515 520 525
Asp Ala Asn Asp Leu Thr His Glu Leu Phe Glu Arg Leu Gln Tyr Gly
530 535 540
Leu Ile Lys Ala Ser Ile Lys Leu Ala Lys Glu Lys Gly Pro Cys Glu
545 550 555 560
Tyr Tyr Ser Asp Thr Arg Trp Ser Arg Gly Glu Leu Pro Ile Asp Trp
565 570 575
Tyr Asn Lys Lys Ile Asp Gln Ile Ala Ala Pro Lys Tyr Val Cys Asp
580 585 590
Trp Ser Ser Leu Arg Glu Asp Leu Lys Leu Phe Gly Ile Arg Asn Ser
595 600 605
Thr Leu Ser Ala Leu Met Pro Cys Glu Ser Ser Ser Gln Val Ser Asn
610 615 620
Ser Thr Asn Gly Ile Glu Pro Pro Arg Gly Pro Val Ser Val Lys Glu
625 630 635 640
Ser Lys Glu Gly Ser Phe Asn Gln Val Val Pro Asn Ile Glu His Asn
645 650 655
Ile Asp Leu Tyr Asp Tyr Thr Trp Lys Leu Ala Lys Lys Gly Asn Lys
660 665 670
Pro Tyr Leu Thr Gln Val Ala Ile Met Leu Lys Trp Val Cys Gln Ser
675 680 685
Ala Ser Ala Asn Thr Tyr Tyr Asp Pro Gln Ile Phe Pro Lys Gly Lys
690 695 700
Val Pro Met Ser Ile Met Ile Asp Asp Leu Leu Tyr Phe Trp Tyr Phe
705 710 715 720
Gly Gly Lys Asn Phe Tyr Tyr His Asn Thr Arg Asp Gly Ser Gly Thr
725 730 735
Asp Asp Tyr Glu Ile Glu Thr Pro Lys Ala Glu Asp Cys Ser Ser Cys
740 745 750
Lys Leu

<210> 456
<211> 392
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 456

Met Ser Thr Val Phe Asn Thr Asn Pro Val Asp Val Leu Lys Glu Pro
1 5 10 15
Met Phe Phe Gly Ser Gly Leu Gly Ile Ala Arg Tyr Asp Ile Gln Arg
20 25 30
His Lys Val Phe Glu Asp Leu Thr Glu Lys Gln Leu Ser Phe Phe Trp
35 40 45
Arg Pro Glu Glu Val Asn Leu Met Met Asp Ala Ala Gln Phe Asn Lys
50 55 60

Leu Pro Gln Tyr Gln Gln Asn Ile Phe Thr Asn Asn Leu Lys Tyr Gln
65 70 75 80
Ser Leu Leu Asp Ser Ile Gln Gly Arg Ala Pro Ser Ala Val Leu Met
85 90 95
Ser Leu Ile Ser Asp Pro Ser Leu Asp Thr Trp Val Ala Thr Trp Thr
100 105 110
Phe Ser Glu Thr Ile His Ser Arg Ser Tyr Thr His Ile Met Arg Asn
115 120 125
Leu Tyr Thr Asp Pro Ser Lys Val Phe Asp Glu Ile Val Leu Asp Glu
130 135 140
Ala Ile Met Lys Arg Ala Glu Ser Ile Gly Arg Tyr Tyr Asp Asp Val
145 150 155 160
Leu Ile Lys Thr Arg Tyr Trp Glu Asn Ala Lys Ala Asp Ile Glu Tyr
165 170 175
Gln Lys Glu Ile Asn Ala Asp Glu Asp Val Ile Glu Asp Ala Ile Glu
180 185 190
His Glu Thr Tyr Trp Lys Arg Glu Leu Met Lys Ser Leu Tyr Leu Cys
195 200 205
Leu His Val Ile Asn Ala Leu Glu Ala Ile Arg Phe Tyr Val Ser Phe
210 215 220
Ala Cys Thr Phe Asn Phe His Lys Asn Met Glu Ile Met Glu Gly Asn
225 230 235 240
Ala Lys Ile Met Lys Phe Ile Ala Arg Asp Glu Gln Leu His Leu Lys
245 250 255
Gly Thr Gln Tyr Ile Ile Arg Gln Leu Gln Leu Gly Thr Asp Gly Asp
260 265 270
Glu Trp Val Lys Ile Ala Gln Glu Cys Glu Gln Glu Ala Val Asp Ile
275 280 285
Phe Met Glu Val Asn Arg Gln Glu Lys Asp Trp Ala Val His Leu Phe
290 295 300
Lys Asp Gly Asp Val Pro Gly Leu Asn Thr Asn Ser Met Trp Ser Phe
305 310 315 320
Ile Asp Tyr Leu Thr Val Ser Arg Met Lys Gln Cys Gly Leu Pro Cys
325 330 335
Pro Ile Thr Asp Ala Pro Val Lys His Pro Tyr Pro Trp Ile Arg Glu
340 345 350
Tyr Leu Asn Ser Asp Asn Val Gln Ser Ala Pro Gln Glu Val Glu Leu
355 360 365
Ser Ser Tyr Leu Val Ala Gln Ile Asp Asn Asp Val Asp Asp Lys Val
370 375 380
Met Met Ser Phe Lys Lys Tyr Phe
385 390

<210> 457
<211> 136
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08

<400> 457
Met Lys Glu Ile Ala Thr Glu Tyr Ser Phe Ile Lys Tyr Thr Glu Leu
1 5 10 15
Glu Leu Asp Tyr Asn Gly Ser Ile Lys Gln Leu Ser Ile Pro Asn Lys
20 25 30
Tyr Asn Val Ile Tyr Ala Ile Ala Ile Asn Asp Glu Leu Val Tyr Ile
35 40 45
Gly Lys Thr Lys Asn Leu Arg Lys Arg Ile Asn Tyr Tyr Arg Thr Ala
50 55 60
Ile Asn Arg Lys Asp Lys Thr Ser Asp Ser Thr Lys Ser Ala Leu Ile
65 70 75 80
His Ala Ala Leu Lys Glu Gly Ser Lys Val Glu Phe Tyr Ala Arg Gln
85 90 95
Cys Phe Asn Leu Ser Met Thr Asn Glu Leu Gly Thr Met Thr Ile Ala
100 105 110
Thr Ile Asp Leu Glu Glu Pro Leu Phe Ile Lys Leu Phe Asn Pro Pro
115 120 125
Trp Asn Ile Gln His Lys Lys Lys
130 135
<210> 458
<211> 374
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 458
Met Gln Glu Leu Phe Asn Asn Leu Met Glu Leu Cys Lys Asp Ser Gln
1 5 10 15
Arg Lys Phe Phe Tyr Ser Asp Asp Val Ser Ala Ser Gly Arg Thr Tyr
20 25 30
Arg Ile Phe Ser Tyr Asn Tyr Ala Ser Tyr Ser Asp Trp Leu Leu Pro
35 40 45
Asp Ala Leu Glu Cys Arg Gly Ile Met Phe Glu Met Asp Gly Glu Lys
50 55 60
Pro Val Arg Ile Ala Ser Arg Pro Met Glu Lys Phe Phe Asn Leu Asn
65 70 75 80
Glu Asn Pro Phe Thr Met Asn Ile Asp Leu Asn Asp Val Asp Tyr Ile
85 90 95
Leu Thr Lys Glu Asp Gly Ser Leu Val Ser Thr Tyr Leu Asp Gly Asp
100 105 110
Glu Ile Leu Phe Lys Ser Lys Gly Ser Ile Lys Ser Glu Gln Ala Leu
115 120 125
Met Ala Asn Gly Ile Leu Met Asn Ile Asn His His Arg Leu Arg Asp
130 135 140
Arg Leu Lys Glu Leu Ala Glu Asp Gly Phe Thr Ala Asn Phe Glu Phe
145 150 155 160
Val Ala Pro Thr Asn Arg Ile Val Leu Ala Tyr Gln Glu Met Lys Ile
165 170 175

Ile Leu Leu Asn Val Arg Glu Asn Glu Thr Gly Glu Tyr Ile Ser Tyr
180 185 190
Asp Asp Ile Tyr Lys Asp Ala Ala Leu Arg Pro Tyr Leu Val Glu Arg
195 200 205
Tyr Glu Ile Asp Ser Pro Lys Trp Val Glu Glu Ala Lys Asn Ala Glu
210 215 220
Asn Ile Glu Gly Tyr Val Ala Val Met Lys Asp Gly Ser His Phe Lys
225 230 235 240
Ile Lys Ser Asp Trp Tyr Val Ser Leu His Ser Thr Lys Ser Ser Leu
245 250 255
Asp Asn Pro Glu Lys Leu Phe Lys Thr Ile Ile Asp Gly Ala Ser Asp
260 265 270
Asp Leu Lys Ala Met Tyr Ala Asp Asp Glu Tyr Ser Tyr Arg Lys Ile
275 280 285
Glu Ala Phe Glu Thr Thr Tyr Leu Lys Tyr Leu Asp Arg Ala Leu Phe
290 295 300
Leu Val Leu Asp Cys His Asn Lys His Cys Gly Lys Asp Arg Lys Thr
305 310 315 320
Tyr Ala Met Glu Ala Gln Gly Val Ala Lys Gly Ala Gly Met Asp His
325 330 335
Leu Phe Gly Ile Ile Met Ser Leu Tyr Gln Gly Tyr Asp Ser Gln Glu
340 345 350
Lys Val Met Cys Glu Ile Glu Gln Asn Phe Leu Lys Asn Tyr Lys Lys
355 360 365
Phe Ile Pro Glu Gly Tyr
370

<210> 459
<211> 167
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 459

Met Asp Leu Gln Leu Ile Thr Thr Glu Met Val Val Glu Ala Tyr Gly
1 5 10 15
Asp Thr Thr Asp Gly Ile Ser Val Phe Lys Gly Asn Arg Arg Val Gly
20 25 30
Tyr Ile Thr Asp Leu Lys Lys Asp Leu Ala Lys Gln Val Lys Arg Lys
35 40 45
Thr Thr Ile Lys Glu Tyr Arg Asn Arg Arg Leu Glu Gln Ala Arg Asp
50 55 60
Met Leu Pro Asp Ala Val Glu Glu Met Lys Val Phe Leu Glu Asn Gln
65 70 75 80
Leu Ala Lys Tyr Asp Cys Asp Val Phe Ile Asn Gln Thr Gln Pro Asn
85 90 95
Val His Ile Asn Ser Cys Lys Cys Tyr Ile Ile Val Asn Pro Leu Thr
100 105 110
Gly Lys His Arg Leu Gly Ile Ser Asn Pro Asn Arg Ser Ala Ser Asp

115 120 125
Met Ala Glu Asp Val Glu Ala Cys Phe Lys Ile Ser Lys Ser Pro Ala
130 135 140
Glu His His Ile Leu Ile Asn Gly Leu Ser Gln Asp Asp Ile Ile Glu
145 150 155 160
Val Ile Lys Thr Leu Cys Met
165
<210> 460
<211> 117
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 460
Met His Val Ser Asn Phe Thr Ala Gly Leu Leu Leu Leu Val Ile Ala
1 5 10 15
Phe Gly Gly Thr Ser Ile Ile Leu Lys Asn Lys Val Glu Arg Leu Glu
20 25 30
Thr Ser Val Thr Glu Ile Thr Lys Thr Ala Asn Glu Asn Ala Leu Ala
35 40 45
Leu Asn Asn Leu Arg Ile Gln Tyr Asn Tyr Ile Asp Ala Met Asn Asn
50 55 60
Lys Asn Arg Glu Ala Ile Ala Ala Ile Glu Arg Glu Asn Glu Lys Leu
65 70 75 80
Arg Lys Asp Ala Lys Lys Ala Asp Val Val Ala His Lys Pro Gly Leu
85 90 95
Val Glu Lys Gln Ile Asn Asn Ser Phe Asn Lys Phe Ala Glu Asp Ile
100 105 110
Gln Asp Leu Ser Lys
115
<210> 461
<211> 99
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 461
Met Ile Lys Leu Ser Ala Val Ile Leu Ser Ile Gly Leu Leu Val Gly
1 5 10 15
Cys Ser Thr Lys Pro Leu Glu Val Lys Lys Glu Thr Val His Pro Asn
20 25 30
Trp Pro Val Gln Ile Lys Ser Tyr Asp Glu Ala Lys Leu Ser Trp Gln
35 40 45
Val Lys Val Ile Asp Gly Lys Ala Trp Val Gly Met Pro Phe Glu Asp
50 55 60
Ser Gln Glu Phe Arg Ile Trp Leu Asn Asp Val Lys Arg Tyr Val His
65 70 75 80
Asp Gln Lys Thr Met Ile Cys Tyr Tyr Arg Gln Glu Leu Lys Glu Asp

85 90 95

Lys Cys Lys

<210> 462

<211> 76

<212> PRT

<213> Unknown

<220>

<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08

<400> 462

Met Ile Ser Trp Tyr Gln Phe Glu His Leu Lys Gly Leu Ile Tyr Glu
1 5 10 15
Ser Glu Met Ala Ala Met Ile Tyr Gly Arg Gln Ile Gln Arg Leu Glu
20 25 30
Ser Leu Pro Pro Thr Asn Asp Val Leu Leu Ala Gln Ser Arg Ala Asn
35 40 45
Leu Lys Asn Glu Tyr Gln Asn Lys Trp Gly Lys Ala Ser Lys Asp Leu
50 55 60
His Asp Tyr Ile Gln Ser Leu Val Glu Lys Asn Lys
65 70 75

<210> 463

<211> 100

<212> PRT

<213> Unknown

<220>

<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08

<400> 463

Met Lys Thr Leu Leu Glu Arg Tyr Ile Glu Cys Ser Asp Arg Tyr Ile
1 5 10 15
Asp Val Cys His Asp Asn Ala Ser Ser Ile Ser Glu Asp Ile Glu His
20 25 30
Ala Lys Ala Leu Asp Asp Ala Gly Lys Ala Leu Arg Lys Glu Ala Lys
35 40 45
Ala Arg Gly Phe Asp Met Tyr Gln Leu Lys Asn His Met Ile Lys Phe
50 55 60
Ile Ser Ser Asn Val Gln Ser Lys Ser Val Asn Gln Ser Thr Ala Glu
65 70 75 80
Leu Tyr Lys Gly Arg Arg Glu His Asn Ile Arg Ile Leu Glu Val Phe
85 90 95
Leu Gly Ile Lys
100

<210> 464

<211> 301

<212> PRT

<213> Unknown

<220>

<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08

<400> 464

Met Met Lys Lys Ile Ile Leu Thr Ile Gly Cys Pro Gly Ser Gly Lys

1 5 10 15
Ser Thr Trp Ala Arg Glu Phe Ile Ala Lys Asn Pro Gly Phe Tyr Asn
20 25 30
Ile Asn Arg Asp Asp Tyr Arg Gln Ser Ile Met Ala His Glu Glu Arg
35 40 45
Asp Glu Tyr Lys Tyr Thr Lys Asn Lys Glu Gly Ile Val Thr Tyr Met
50 55 60
Gln His Asp Val Ala Asn Met Ile Leu Cys Gln Asp Ala Thr Lys Gly
65 70 75 80
Val Ile Val Ser Asp Thr Asn Leu Asn Pro Glu Arg Arg Lys Val Trp
85 90 95
Glu Glu Phe Ala Lys Glu Leu Gly His Gln Ile Glu Tyr Lys Val Phe
100 105 110
Asp Val Pro Trp Thr Glu Leu Val Lys Arg Asn Ser Lys Arg Gly Thr
115 120 125
Lys Ala Val Pro Ile Asp Val Leu Arg Ser Met Tyr Lys Ser Met Arg
130 135 140
Glu Tyr Leu Gly Leu Pro Val Tyr Lys Gly Thr Pro Gly Lys Pro Lys
145 150 155 160
Ala Val Ile Phe Asp Val Asp Gly Thr Leu Ala Lys Met Asn Gly Arg
165 170 175
Gly Pro Tyr Asp Leu Glu Lys Cys Asp Ile Asp Ile Ile Asn Pro Met
180 185 190
Val Val Glu Leu Ser Lys Met Tyr Ala Leu Met Gly Tyr Gln Ile Val
195 200 205
Val Val Ser Gly Arg Glu Ser Gly Thr Glu Glu Asp Pro Thr Lys Tyr
210 215 220
Tyr Arg Met Thr Arg Lys Trp Val Glu Asp Ile Ala Gly Val Pro Leu
225 230 235 240
Val Met Gln Cys Gln Arg Glu Gln Gly Asp Thr Arg Lys Asp Asp Val
245 250 255
Val Lys Glu Glu Ile Phe Trp Lys His Ile Ala Pro His Phe Asp Val
260 265 270
Lys Leu Ala Ile Asp Asp Arg Thr Gln Val Val Glu Met Trp Arg Arg
275 280 285
Ile Gly Val Glu Cys Trp Gln Val Ala Ser Gly Asp Phe
290 295 300
<210> 465
<211> 58
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 465
Leu Gly Phe Val Ile Val Asn Ser Gly Leu Val Gly Thr Ser Asn Gly
1 5 10 15
Gln Phe Cys Val Phe Thr Ser Glu Asn Arg Ala Trp Glu Glu Cys Leu
20 25 30

Lys Leu Arg Glu Lys Asn Pro Asp Val Glu Leu Val Val Lys Lys Thr
35 40 45
Lys Leu Pro Leu Pro Trp Lys Thr Tyr Glu
50 55

<210> 466
<211> 66
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 466
Met Asn Asn Leu Glu Lys Ile Tyr Arg Leu Cys Asp Lys Ile Glu Lys
1 5 10 15
Glu Lys Lys Tyr Leu Phe Cys Leu Trp Pro Ile Val Asp Gly Arg Val
20 25 30
Gly Leu Asp Val Leu Asp Tyr Glu Thr Glu Asp Lys Val Asp Gly Ala
35 40 45
Thr Phe Asp Asn Ala Leu Asp Val Ile Asp Trp Leu Glu Glu Asn Tyr
50 55 60
Val Arg
65

<210> 467
<211> 91
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 467
Met Phe Pro Thr Tyr Ser Lys Ile Val Glu Val Val Phe Ser Gln Ile
1 5 10 15
Ile Ala Asn Asn Met Phe Glu Lys Leu Asp Asn Ala Ala Glu Leu Arg
20 25 30
Ile His Ala Gln Val Thr His Val Leu Asn Ala Leu Leu Pro Asp Gln
35 40 45
Val Asp Ser Ile Ala Ile Thr Leu Tyr Pro Gly Ser Ala His Ile Ile
50 55 60
Val Val Phe Gly Leu Asp Ala Glu Leu Val Ile Lys Gly Asp Ile Arg
65 70 75 80
Phe Glu Ser Gln Thr Ser Glu Phe Lys Ala Ile
85 90

<210> 468
<211> 175
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 468
Met Ser Glu Trp Phe Glu Glu Asp Lys Val Tyr Arg Phe Lys Ala Gly

1 5 10 15
Tyr Lys Asp Ile Phe Asn Glu Thr Cys Gly Ala Asn Lys Arg Ile Ala
20 25 30
Gln Phe Ile Gly Glu Asn Ser Phe Lys Val Lys Ile Asp Pro Ala Lys
35 40 45
Asn Val Ile Ser Ile Lys Arg Glu Ile Asp Asp Cys Trp Tyr Lys Ala
50 55 60
Val Asp Val Met Gly Glu Ser Tyr Lys Val Ser Pro Leu Phe Ser Ile
65 70 75 80
Ala Tyr Met Leu Glu Tyr Ser Phe Phe Glu Glu Val Gln Lys Asp Asp
85 90 95
Ser Val Ser Lys Phe Glu Ile Lys Thr Asp Lys Glu Ile Lys Trp Lys
100 105 110
Val Val Gly Ile Thr Gly Cys Met Phe Tyr Ile Tyr Ala Gln Thr Asp
115 120 125
Thr Lys Glu Glu Ala Lys Lys Lys Ala Leu Glu Tyr Leu Glu Glu His
130 135 140
Glu Glu Gly Pro Val Met Ile Thr Gln Asp Ala Glu Leu Val Ser Val
145 150 155 160
Lys Leu Val Lys Asn Val Glu Ser Lys Glu Leu Gly Ser Thr Cys
165 170 175

<210> 469
<211> 78
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 469
Met Leu Ser Glu Lys Pro Ile Thr Val Lys Glu Phe Gln Glu Lys Val
1 5 10 15
Lys Leu Phe Ala Gln Glu Leu Val Asn Lys Val Ser Glu Arg Phe Pro
20 25 30
Glu Thr Ser Val Arg Val Ile Thr Glu Thr Pro Arg Ser Val Leu Val
35 40 45
Ile Val Asn Pro Gly Asp Gly Asp Gln Ile Ser His Leu Lys Leu Asp
50 55 60
Phe Asp Gly Leu Val Glu Ala Gln Arg Val Tyr Gly Val Leu
65 70 75

<210> 470
<211> 112
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 470
Met Met Asn Leu Thr Asp Ile Ile Asp Asn Cys Leu Glu Asn Asp Thr
1 5 10 15
Gly Asp His Arg Ala Leu Asp Ser Glu Thr Ala Gln Phe Ile Arg Ile

20 25 30

Thr Leu Met Asn Asp Thr Leu Val Asn Ser Ile His Pro Ser Val Tyr
35 40 45

Asp Ala Ile Ile Val Thr Lys Tyr Pro Val Glu Leu His Lys Lys Met
50 55 60

Thr Gly Ala Val Phe Ile Asp Lys Lys Asn Arg Phe Lys Asp Gly Gln
65 70 75 80

Asn Ile Thr Ser Ser Val Ile Lys Ser Ile Thr Lys Leu Arg His Glu
85 90 95

Ile Tyr Arg Val Glu Thr Ala Lys Ser Ala Tyr Leu Val Ile Met Lys
100 105 110

<210> 471
<211> 193
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 471

Met Lys Ala Ser Thr Val Leu Gln Ile Ala Tyr Leu Val Ser Gln Glu
1 5 10 15

Ser Lys Cys Cys Ser Trp Lys Val Gly Ala Val Ile Glu Lys Asn Gly
20 25 30

Arg Ile Ile Ser Thr Gly Tyr Asn Gly Ser Pro Ala Gly Gly Val Asn
35 40 45

Cys Cys Asp Tyr Ala Ala Glu Gln Gly Trp Leu Leu Asn Lys Pro Lys
50 55 60

His Thr Ile Ile Gln Gly His Lys Pro Glu Cys Val Ser Phe Gly Ser
65 70 75 80

Thr Asp Arg Phe Val Leu Ala Lys Glu His Arg Ser Ala His Ser Glu
85 90 95

Trp Ser Ser Lys Asn Glu Ile His Ala Glu Leu Asn Ala Ile Leu Phe
100 105 110

Ala Ala Arg Asn Gly Ser Ser Ile Glu Gly Ala Thr Met Tyr Val Thr
115 120 125

Leu Ser Pro Cys Pro Asp Cys Ala Lys Ala Ile Ala Gln Ser Gly Ile
130 135 140

Lys Lys Leu Val Tyr Cys Glu Thr Tyr Asp Lys Asn Lys Pro Gly Trp
145 150 155 160

Asp Asp Ile Leu Arg Asn Ala Gly Ile Glu Val Phe Asn Val Pro Lys
165 170 175

Lys Asn Leu Asn Lys Leu Asn Trp Glu Asn Ile Asn Glu Phe Cys Gly
180 185 190

Glu

<210> 472
<211> 78
<212> PRT
<213> Unknown
<220>

<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 472
Met Lys Phe Arg Leu Val Lys Leu Thr Ala Ile Ser Ser Tyr Ser Asn
1 5 10 15
Glu Asn Ile Ser Phe Ala Val Glu Tyr Lys Lys Tyr Phe Phe Ser Lys
20 25 30
Trp Lys Gln Tyr Tyr Lys Thr Asp Trp Thr Ser Ile Asp Arg Pro Tyr
35 40 45
Ser Trp Lys Ser Asp Leu Glu Lys Cys Gln Lys Leu Leu Ser Thr Leu
50 55 60
Lys Glu Arg Gly Thr Thr His Ile Lys Thr Val Ile Gly Lys
65 70 75
<210> 473
<211> 102
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 473
Met Lys Leu Thr Thr Glu Gln Lys Val Ala Ile Arg Glu Ile Leu Lys
1 5 10 15
Thr Lys Leu Ser Met Gly Ile Ser Asn Val Val Phe Glu Lys Ser Asp
20 25 30
Gly Thr Ile Arg Ile Met Lys Cys Thr Arg Asp Ala Asp Phe Met Pro
35 40 45
Thr Met Gln Thr Gly Lys Leu Thr Glu Ser Thr Arg Lys Glu Ser Thr
50 55 60
Asp Met Ile Pro Val Phe Asp Val Glu Leu Gly Ala Trp Arg Gly Phe
65 70 75 80
Ser Ile Asp Lys Leu Ile Ser Val Asn Gly Met Lys Val Glu His Leu
85 90 95
Leu Gln Phe Ile Gly Lys
100
<210> 474
<211> 111
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 474
Met Ser Glu Val Gln Gln Leu Pro Ile Arg Ala Val Gly Glu Tyr Val
1 5 10 15
Ile Leu Val Ser Glu Pro Ala Gln Ala Gly Asp Glu Glu Val Thr Glu
20 25 30
Ser Gly Leu Ile Ile Gly Lys Arg Ile Gln Gly Glu Val Pro Glu Leu
35 40 45
Cys Val Val His Ser Val Gly Pro Asp Val Pro Glu Gly Phe Cys Glu
50 55 60

Val Gly Asp Leu Thr Ser Leu Pro Val Gly Gln Ile Arg Asn Val Pro
65 70 75 80
His Pro Phe Val Ala Leu Gly Leu Lys Gln Pro Lys Glu Ile Lys Gln
85 90 95
Lys Phe Val Thr Cys His Tyr Lys Ala Ile Pro Cys Leu Tyr Lys
100 105 110

<210> 475
<211> 82
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 475
Met Ile Lys Gln Leu Gln His Ala Leu Glu Leu Gln Arg Asn Ala Trp
1 5 10 15
Asn Asn Gly His Glu Asn Tyr Gly Ala Ser Ile Asp Val Glu Ala Glu
20 25 30
Ala Leu Glu Ile Leu Arg Tyr Phe Lys His Leu Asn Pro Ala Gln Thr
35 40 45
Ala Leu Ala Ala Glu Leu Gln Glu Lys Asp Glu Leu Lys Tyr Ala Lys
50 55 60
Pro Leu Ala Ser Ala Ala Arg Lys Ala Val Arg His Phe Val Val Thr
65 70 75 80
Leu Lys

<210> 476
<211> 72
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 476
Met Pro Ile Ser Pro Ala Phe Ser Phe Lys Arg Glu Phe Ile Met Ala
1 5 10 15
Lys Gln Val Lys Ala Lys Lys Ala Val Glu Lys Lys Val Gly Asp Ser
20 25 30
Lys Arg Ala Gly Tyr Lys Arg Gly Ser Asn Ser Arg Ile Asn Gln Thr
35 40 45
Val Glu Lys Ile Met Arg Arg Ala Arg Ala Val Leu Arg Asp Asp Ala
50 55 60
Ser Arg Phe Gly Lys Gln Lys Ala
65 70

<210> 477
<211> 121
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 477

Met Asn Tyr Ile Asn Phe Glu Arg Lys Tyr Val Ser Asn Gly Ile Ala
1 5 10 15
Gly Ser Ile Asp Thr Ile Cys Leu Trp Lys His Gln Asn Gly Ser Val
20 25 30
Cys Glu Ile Asp Gln Tyr Met Thr Pro Asn Tyr Val Tyr Met Arg Phe
35 40 45
Glu Asn Gly Ile Thr Val Ser Ile Thr Lys Glu Gly Ser Asn Phe Lys
50 55 60
Ile Ala Leu Asp Asp Asp Phe Arg Glu Arg Asp Leu Gly Thr His Pro
65 70 75 80
Cys Trp Asn Gly Val His Arg Lys Leu Leu Ile Lys Thr Trp Ile Arg
85 90 95
His Ile Leu Ser Asn Lys Ala Lys Pro Glu His Leu Glu Ala Ile Phe
100 105 110
Asp Val Val Leu Asn Glu Phe Asp Ile
115 120

<210> 478
<211> 95
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 478

Met Phe Met Thr Thr Tyr Phe Asp Thr Arg Lys Asn Phe Cys Glu Val
1 5 10 15
Val Phe Ser Lys Ala Pro Lys Asp Leu Pro Ala His Leu Gln Pro Thr
20 25 30
Ser Glu Ser Ile Lys Asn Tyr Val Asn Val Val Cys Pro Leu Glu Phe
35 40 45
Arg Thr Val Asn Gly Arg Asp Thr Leu Ala Ile Thr Lys Leu Asn Arg
50 55 60
Glu Ile Asp Ile Asp Pro Ser Ile Ala Arg Glu Ile Asn Ser Ser Asp
65 70 75 80
Ile Asn Gly Gly Asn Val Lys Ser His Gly Phe Gln Met Arg Phe
85 90 95

<210> 479
<211> 65
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 479

Met Lys Phe Phe Leu Gly Gln Thr Val Glu Leu Lys Gly Val Gly Ile
1 5 10 15
Pro Gly Leu Ile Ser Lys Val Leu Pro Pro Phe Lys Trp Ser Gly Ile
20 25 30
Gln Ile Lys Glu Ala Tyr Ile Val Ser Trp Val Asp Gly Asn Glu Asp
35 40 45

Leu Arg Met Gly Asp Glu Leu Ser Pro Ile Tyr Gly Leu Lys Glu Leu
50 55 60
Val
65
<210> 480
<211> 68
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 480
Met Asn Ile Ile Asn Lys Ile Phe Gly Ile Gln Tyr Ile Lys Val Thr
1 5 10 15
Tyr Lys Val Thr Asp Lys Asn Pro Tyr Thr Asp Glu His Glu Glu Pro
20 25 30
Gln Val Lys Ser Ile Ile Leu Glu Lys Gly Ser Asp Trp Pro Val Glu
35 40 45
Phe Arg Leu Pro Asn Tyr Gly His Trp Ala Asp Val Glu Ile Ile Ser
50 55 60
Ile Glu Asn Val
65
<210> 481
<211> 152
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 481
Met Ser Glu Leu Glu Ile Arg Ser Asn Phe Lys Trp Pro Ser Cys Ala
1 5 10 15
Leu Ser Asn Phe Ala Gln Trp Pro Phe Val Met Asp Gly Ile Gln Phe
20 25 30
Gly Gly Leu Glu Gly Phe Leu Gln Gly Cys Lys Val Lys Asn Val Glu
35 40 45
Gln Gln Arg Arg Ile Phe Gly Leu Ser Gly Leu Ala Ala Gln Gln Ala
50 55 60
Gly Arg Ser Tyr Ala Arg Ala Gln Asp Arg Gly Thr Leu Phe Trp Leu
65 70 75 80
Gly Val Pro Phe Ser Arg Tyr Ser Pro Ala Trp Lys Glu Leu Tyr Thr
85 90 95
Asn Ala Tyr Phe Glu Ala Ala Ile Gln Asn Lys Gly Phe Arg Asp Ala
100 105 110
Leu His Ala Ser Lys Gly Lys Val Leu Lys His Ser Met Ala Ser Gly
115 120 125
Leu Thr Lys Asp Asp Thr Ile Leu Thr Glu Ala Glu Phe Ile Asp Val
130 135 140
Leu Asn Leu Leu Arg Asp Ser Leu
145 150

<210> 482
<211> 279
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 482

```
Met Lys Pro Thr Ile Leu Thr Asp Ile Asp Gly Val Cys Leu Ser Trp
1               5                  10                  15
Gln Ser Gly Leu Pro Tyr Phe Ala Gln Lys Tyr Asn Leu Pro Leu Glu
            20                  25                  30
His Ile Leu Lys Met Ile Gln Asp Glu Lys Phe Ile Ser Pro Gly Lys
        35                  40                  45
Leu Phe Asn Cys Asp Glu Glu Leu Gly Val Lys Leu Ile Glu Lys Tyr
    50                  55                  60
Asn Arg Ser Asp Phe Ile Arg Tyr Leu Ser Pro Tyr Lys Asp Ala Leu
65                  70                  75                  80
Cys Val Ile Asn Lys Leu Lys Glu Asp Tyr Asn Phe Val Ala Val Thr
                85                  90                  95
Ala Leu Gly Asp Ser Ile Asp Ala Leu Leu Asn Arg Gln Phe Asn Leu
            100                 105                 110
Asn Ala Leu Phe Pro Gly Ala Phe Ser Glu Val Leu Met Cys Gly His
        115                 120                 125
Asp Ser Ser Lys Glu Glu Leu Phe Lys Lys Ala Lys Glu Lys Tyr Asn
    130                 135                 140
Val Ile Cys Tyr Ile Asp Asp Leu Ala His His Cys Asp His Ala Ser
145                 150                 155                 160
Glu Ile Leu Asn Val Pro Val Tyr Trp Met Ala Arg Gly Glu Arg Asp
                165                 170                 175
Ser Ile Pro Lys Thr Ala Gln Arg Val Tyr Thr Trp Asn Asp Val Glu
            180                 185                 190
Asn Lys Leu Phe Ser Pro Lys Glu Asn Lys Glu Ser Phe Asp Ser Glu
        195                 200                 205
Lys Ala Ile Lys Asp Val Ile Glu Lys Met Ile Lys Asn Asp Ser Phe
    210                 215                 220
Pro Trp Asn Thr Thr Trp Arg Thr Pro Gly Phe Asn Pro Tyr Asn His
225                 230                 235                 240
Leu Tyr His Pro Tyr Gln Thr His Pro Phe Gln Thr Trp Asn Tyr Ile
                245                 250                 255
Lys Pro Gly Gly Ile Glu Tyr Leu Tyr Asn Arg Pro Thr Ser Gly Asp
            260                 265                 270
Asn Ile Phe Gln Gly Ala Phe
        275
```

<210> 483
<211> 89
<212> PRT
<213> Unknown
<220>

<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 483

```
Met Phe Val Val His Thr Ile Tyr Glu Asn Glu Gly Asn Thr Thr Arg
1               5                  10                  15
Asp Tyr Gly His Val Asn Gln Phe Phe Arg Cys Asn Pro Glu Phe Arg
            20                  25                  30
Ala Gln Lys Asp Glu Arg Ile Phe Lys Lys Cys Val Glu Gln Gly Phe
        35                  40                  45
Ile Tyr Val Lys His Trp Met Gln Gly Asn Lys Val Arg Thr Thr Tyr
    50                  55                  60
His Arg Ser Leu Thr Glu Leu Asn Asp Glu Leu Ile Tyr Asn Arg Ala
65                  70                  75                  80
Val Asn Gln Thr Leu Lys Asp Glu Gln
                85
```

<210> 484
<211> 487
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 484

```
Met Ile Leu Lys Ile Leu Asn Glu Ile Ala Ser Ile Gly Ser Thr Lys
1               5                  10                  15
Gln Lys Gln Ala Ile Leu Glu Lys Asn Lys Asp Asn Glu Leu Leu Lys
            20                  25                  30
Arg Val Tyr Arg Leu Thr Tyr Ser Arg Gly Leu Gln Tyr Tyr Ile Lys
        35                  40                  45
Lys Trp Pro Lys Pro Gly Ile Ala Thr Gln Ser Phe Gly Met Leu Thr
    50                  55                  60
Leu Thr Asp Met Leu Asp Phe Ile Glu Phe Thr Leu Ala Thr Arg Lys
65                  70                  75                  80
Leu Thr Gly Asn Ala Ala Ile Glu Glu Leu Thr Gly Tyr Ile Thr Asp
                85                  90                  95
Gly Lys Lys Asp Asp Val Glu Val Leu Arg Arg Val Met Met Arg Asp
            100                 105                 110
Leu Glu Cys Gly Ala Ser Val Ser Ile Ala Asn Lys Val Trp Pro Gly
        115                 120                 125
Leu Ile Pro Glu Gln Pro Gln Met Leu Ala Ser Ser Tyr Asp Glu Lys
    130                 135                 140
Gly Ile Asn Lys Asn Ile Lys Phe Pro Ala Phe Ala Gln Leu Lys Ala
145                 150                 155                 160
Asp Gly Ala Arg Cys Phe Ala Glu Val Arg Gly Asp Glu Leu Asp Asp
                165                 170                 175
Val Arg Leu Leu Ser Arg Ala Gly Asn Glu Tyr Leu Gly Leu Asp Leu
            180                 185                 190
Leu Lys Glu Glu Leu Ile Lys Met Thr Thr Glu Ala Arg Gln Ile His
        195                 200                 205
Pro Glu Gly Val Leu Ile Asp Gly Glu Leu Val Tyr His Glu Gln Val
```

210 215 220
Glu Lys Glu Pro Glu Gly Leu Asp Phe Leu Phe Asp Ala Tyr Pro Glu
225 230 235 240
Ile Ser Lys Ala Lys Glu Phe Ala Glu Val Ala Glu Ser Arg Thr Ala
245 250 255
Ser Asn Gly Ile Ala Asn Lys Ser Leu Lys Gly Thr Ile Ser Glu Lys
260 265 270
Glu Ala Gln Cys Met Lys Phe Gln Val Trp Asp Tyr Val Pro Leu Val
275 280 285
Glu Ile Tyr Gly Leu Pro Ala Phe Arg Leu Lys Tyr Asp Val Arg Phe
290 295 300
Ser Lys Leu Glu Gln Met Thr Ser Gly Tyr Asp Lys Val Ile Leu Ile
305 310 315 320
Glu Asn Gln Val Val Asn Asn Leu Asp Glu Ala Lys Val Ile Tyr Lys
325 330 335
Lys Tyr Ile Asp Gln Gly Leu Glu Gly Ile Ile Leu Lys Asn Thr Asp
340 345 350
Gly Leu Trp Glu Asn Ala Arg Ser Lys Asn Leu Tyr Lys Phe Lys Glu
355 360 365
Val Ile Asp Val Asp Leu Lys Ile Val Gly Ile Tyr Pro His Arg Lys
370 375 380
Asp Pro Thr Lys Ala Gly Gly Phe Ile Leu Glu Ser Glu Cys Gly Lys
385 390 395 400
Ile Lys Val Asn Ala Gly Ser Gly Leu Lys Asp Lys Ala Ser Val Lys
405 410 415
Ser His Glu Leu Asp Arg Thr Arg Ile Met Glu Asn Gln Asn Tyr Tyr
420 425 430
Ile Gly Lys Ile Leu Glu Cys Glu Cys Asn Gly Trp Leu Lys Ser Asp
435 440 445
Gly Arg Thr Asp Tyr Val Lys Leu Phe Leu Pro Ile Ala Ile Arg Leu
450 455 460
Arg Glu Asp Lys Thr Lys Ala Asn Thr Phe Glu Asp Val Phe Gly Asp
465 470 475 480
Phe His Glu Val Thr Gly Leu
485

<210> 485
<211> 62
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 485
Met Lys Ala Tyr Leu Glu Thr Ile Val Val Ala Gln Lys Glu Gly Gly
1 5 10 15
Asp Val Ser Thr Ser Val Ser Gln Val Ile Leu Glu Phe Val Asp Ala
20 25 30
Tyr Ala Tyr Asn Lys Phe Thr Glu Thr Phe Asp Ala Tyr Glu Lys Gly
35 40 45

Pro Lys Phe Glu Ile Tyr Arg Thr Leu Leu Pro Leu Asp Tyr
50 55 60

<210> 486
<211> 697
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 486

Met Glu Leu Ile Thr Glu Leu Phe Asp Glu Asp Thr Thr Leu Pro Ile
1 5 10 15
Thr Asn Leu Asn Pro Lys Lys Lys Ile Pro Gln Ile Phe Ser Val His
20 25 30
Val Asp Asp Ala Ile Glu Gln Pro Gly Phe Arg Leu Cys Thr Tyr Thr
35 40 45
Ser Gly Gly Asp Thr Asn Arg Asp Leu Lys Met Gly Asp Lys Met Met
50 55 60
His Ile Val Pro Phe Thr Leu Thr Ala Lys Gly Ser Ile Ala Lys Leu
65 70 75 80
Lys Gly Leu Gly Pro Ser Pro Ile Asn Tyr Ile Asn Ser Val Phe Thr
85 90 95
Val Ala Met Gln Thr Met Arg Gln Tyr Lys Ile Asp Ala Cys Met Leu
100 105 110
Arg Ile Leu Lys Ser Lys Thr Ala Gly Gln Ala Arg Gln Ile Gln Val
115 120 125
Ile Ala Asp Arg Leu Ile Arg Ser Arg Ser Gly Gly Arg Tyr Val Leu
130 135 140
Leu Lys Glu Leu Trp Asp Tyr Asp Lys Lys Tyr Ala Tyr Ile Leu Ile
145 150 155 160
His Arg Lys Asn Val Ser Leu Glu Asp Ile Pro Gly Val Pro Glu Ile
165 170 175
Ser Thr Glu Leu Phe Thr Lys Val Glu Ser Lys Val Gly Asp Val Tyr
180 185 190
Ile Asn Lys Asp Thr Gly Ala Gln Val Thr Lys Asn Glu Ala Ile Ala
195 200 205
Ala Ser Ile Ala Gln Glu Asn Asp Lys Arg Ser Asp Gln Ala Val Ile
210 215 220
Val Lys Val Lys Ile Ser Arg Arg Ala Ile Ala Gln Ser Gln Ser Leu
225 230 235 240
Glu Ser Ser Arg Phe Glu Ser Glu Leu Phe Gln Lys Tyr Glu Ser Thr
245 250 255
Ala Ala Asn Phe Asn Lys Pro Ala Thr Ala Pro Leu Ile Pro Glu Ala
260 265 270
Glu Glu Met Lys Ile Gly Ile Asn Ser Leu Ala Ser Lys Thr Lys Ala
275 280 285
Ala Lys Ile Ile Ala Glu Gly Thr Ala Asp Glu Leu His Tyr Asp Tyr
290 295 300
Lys Phe Phe Pro Met Ser Gln Val Gly Glu Val Ser Glu Lys Ile Lys

305 310 315 320
Glu Val Ile Phe Asn Ala Ile Lys Asn Glu Pro Thr Thr Ser Ile Lys
325 330 335
Cys Leu Glu Lys Tyr Ala Ala Ala Ala Asn Gln Leu Phe Glu Glu Tyr
340 345 350
Lys Asp Asn Trp Leu Asp Lys His Asn Lys Thr Arg Lys Gly Gln Pro
355 360 365
Asp Glu Val Trp Glu Glu Met Thr Lys Asn Ser Trp Asn Ala Ala Lys
370 375 380
Thr Lys Phe Leu Lys Arg Met Ile Tyr Ser Phe Ser Gly Ile Gly Ala
385 390 395 400
Gly Pro Met Ile Asp Ile Thr Ile Ala Arg Asp Gly Ser Lys Tyr Thr
405 410 415
Pro Ser Gln Lys Arg Gly Ile Arg Glu Tyr Cys Gly Ser Gly Tyr Thr
420 425 430
Asp Ile Asn Asn Leu Leu Leu Gly Arg Tyr Asp Pro Glu Arg Tyr Glu
435 440 445
Val Met Ser Glu Lys Glu Ile Glu Ala Ala Ile Thr Asn Leu Asp Ser
450 455 460
Ala Phe Glu Asn Gly Asp Arg Ile Pro Glu Gly Ile Thr Val Tyr Arg
465 470 475 480
Ala Gln Ser Met Thr Ala Pro Ile Tyr Glu Ala Leu Val Lys Asn Lys
485 490 495
Val Phe Tyr Phe Arg Asn Phe Val Ser Thr Ser Leu Thr Pro Ile Ile
500 505 510
Phe Gly Arg Phe Gly Ile Thr His Ala Gly Ile Gly Leu Leu Glu Pro
515 520 525
Glu Ala Arg Asn Glu Leu Thr Val Asp Lys Asn Glu Glu Gly Ile Thr
530 535 540
Ile Asn Pro Asn Glu Ile Arg Ala Tyr Lys Glu Asn Pro Glu Tyr Val
545 550 555 560
Lys Val Gln Ile Gly Trp Ala Ile Asp Gly Ala His Lys Val Asn Val
565 570 575
Val Tyr Pro Gly Ser Leu Gly Ile Ala Thr Glu Ala Glu Val Ile Leu
580 585 590
Pro Arg Gly Leu Met Val Lys Val Asn Lys Ile Thr Asp Ala Ser Asn
595 600 605
Asn Asp Gly Thr Thr Ser Asn Asn Thr Lys Leu Ile Gln Ala Glu Val
610 615 620
Met Thr Thr Glu Glu Leu Thr Glu Ser Val Ile Tyr Asp Gly Asp His
625 630 635 640
Leu Met Glu Thr Gly Glu Leu Val Ala Met Thr Gly Asp Ile Glu Ile
645 650 655
Glu Asp Arg Val Asp Phe Ala Ser Phe Val Ser Ser Asn Val Lys Gln
660 665 670
Lys Val Glu Ser Ser Leu Gly Ile Ile Ala Ser Cys Ile Asp Ile Thr
675 680 685
Asn Met Pro Tyr Lys Phe Val Gln Gly

690 695

<210> 487
<211> 685
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 487

Met Glu Leu Ile Thr Glu Leu Phe Asp Gly Ala Ser Ala Pro Val Val
1 5 10 15
Asn Leu Asn Pro Lys His Lys Ile Pro Gln Ile Phe Ala Ile Gln Ala
20 25 30
Gly Glu Glu Ser Val Leu Pro Gly Phe Arg Phe Cys Thr Tyr Thr Ser
35 40 45
Gly Gly Asp Thr Asn Lys Asn Val Lys Pro Gly Asp Lys Met Met His
50 55 60
Ile Val Met Ile Gly Val Asn Glu Lys Leu Ser Leu Val Lys Leu Arg
65 70 75 80
Asn Leu Gly Gly Asn Pro Ile Gly Val Ile Asn Ala Val Phe Asp Thr
85 90 95
Ala Leu Gln Thr Met Lys Gln Tyr Lys Ile Asp Ala Cys Leu Phe Arg
100 105 110
Val Leu Lys Ser Lys Thr Asn Gly Ala Ala Arg Gln Met Gln Val Ile
115 120 125
Ala Asp Arg Leu Val Arg Thr Lys Gly Ala Gly Arg Tyr Val Leu Leu
130 135 140
Lys Glu Ile Trp Gly Tyr Asp Lys Lys Tyr Ala Tyr Ile Met Val Tyr
145 150 155 160
Arg Lys Asn Ala Asn Leu Glu Asp Ile Pro Gly Val Pro Pro Ile Ser
165 170 175
Thr Glu Leu Phe Thr Lys Val Glu Ser Lys Val Gly Asp Val Tyr Val
180 185 190
Asp Val Lys Thr Gly Asn Ala Val Pro Lys Ala Val Ala Val Ala Ala
195 200 205
Ser Ile Ala Leu Glu Asn Asp Lys Arg Thr Asp Gln Ala Val Ile Gln
210 215 220
Lys Thr Lys Ile Ser Arg Arg Leu Ala Ala Gln Ala Gln Tyr Ser Thr
225 230 235 240
Val Asp Ala Ser Leu Gln Gly Asp Ser Phe Ala Ala Lys Lys Tyr Gln
245 250 255
Glu Phe Glu Ser Lys Val Pro Val Tyr Lys Ala Glu Gly Pro Met Asn
260 265 270
Ser Gly Val Ile Gln Ile Gly Ser Asn Phe Ser Lys Gly Ala Ile Gly
275 280 285
Gly Met Arg Ser Ala Ser Arg Phe Lys Ser Asn Asp Tyr Glu Leu Glu
290 295 300
Ser Phe Arg Asn His Ile Ala Leu Ala His Ala Arg Leu Arg Asp Pro
305 310 315 320

Ser Ile Lys Leu Gln Ser Asp Ile Thr Tyr Gln Gly Ser Gln Glu Tyr
325 330 335
Leu Lys Asn Lys Glu Phe Phe Asp Tyr Lys Thr Asp Lys Ile Leu Ser
340 345 350
Asp Leu Ala Asp Ile Asn Ile Ser Asn Ser Phe Asp Val Ile Lys Lys
355 360 365
Ile Ile Asn Asp Leu Val Lys Gly Ser Lys Ala Thr Pro Asp Glu Lys
370 375 380
Thr Ala Ile Ile Gln Phe Val Met Asn Gly Ile Tyr Lys Leu Ile Asn
385 390 395 400
Glu Ser Ala Ala Gln Ala Tyr Glu Tyr Ala Ser Thr Glu Val Thr Pro
405 410 415
Lys Gly Leu Thr Gln Ala Glu Ser Asp Val Ile Glu Asp Tyr Cys Ala
420 425 430
Asp Ser Tyr Val Glu Met Asn Ser Phe Leu Leu Gly Lys Pro Asp Ser
435 440 445
Thr Arg Glu Glu Tyr Met Glu Arg Ala Ile Lys His Ile Glu Thr Leu
450 455 460
Asp Ser Ala Phe Ala Lys Gly Ser Val Leu Pro Pro Gly Thr Thr Leu
465 470 475 480
Tyr Arg Gly Gln Glu Val Thr Phe Lys Thr Leu Arg His Asn Ile Glu
485 490 495
Asn Lys Met Phe Tyr Phe Lys Asn Phe Val Ser Thr Ser Leu Lys Pro
500 505 510
Asn Ile Phe Gly Glu His Gly Lys Asn Tyr Met Ala Leu Asp Asp Ser
515 520 525
Gly Ala Val Phe Ser Gly Glu Gly Glu Gly Ser Ile Asp Ala Glu Asp
530 535 540
Leu Met His Met Gly Ser His Ser Thr Tyr Val Asn Glu Asp Ala Glu
545 550 555 560
Thr Ser Val Gly Met Val Ile Lys Gly Ala Glu Arg Ile Lys Val Ile
565 570 575
Val Pro Gly His Leu Ser Gly Phe Pro Ser Glu Ala Glu Val Ile Leu
580 585 590
Pro Arg Gly Ile Leu Leu Lys Ile Asn Lys Val Ser Thr Tyr Phe Met
595 600 605
Lys Glu Thr Ala Tyr Asn Lys Tyr Leu Ile Glu Gly Thr Ile Val Pro
610 615 620
Pro Ser Glu Gln Leu Glu Glu Ser Val Tyr Asp Gly Asp His Leu Met
625 630 635 640
Glu Thr Gly Glu Val Arg Pro Met Thr Gly Phe Asn Gln Phe Leu Val
645 650 655
Glu Glu Ser Lys Glu Glu Glu Asn Glu Val Ser Gln Ile Leu Ala Ser
660 665 670
Leu Val Asn Ile Asn Gly Met Ser Lys Lys Phe Lys Met
675 680 685

<210> 488

<211> 96

<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 488

Met	Lys	Ser	Ser	Leu	Arg	Phe	Leu	Gly	Gln	Glu	Leu	Val	Val	Glu	Gly
1				5					10					15	
Val	Ile	Pro	Ala	Asp	Asn	Ala	Phe	Asn	Glu	Ala	Val	Tyr	Asn	Glu	Phe
			20					25					30		
Ile	Lys	Ile	Phe	Gly	Thr	Asp	Lys	Lys	Phe	Gly	Ile	Phe	Pro	Ser	Glu
		35					40					45			
Asn	Phe	Ser	Lys	Pro	Glu	Gln	Thr	Glu	Ser	Ile	Phe	Gln	Gly	Val	Val
	50					55					60				
Thr	Gly	Lys	Phe	Glu	Ser	Glu	Ala	Pro	Val	Lys	Ile	Glu	Val	Tyr	Ile
65					70					75					80
Glu	Asp	Ser	Leu	Val	Ala	Ser	Val	Ala	Ala	Phe	Ile	Ser	Phe	Arg	Lys
				85					90					95	

<210> 489
<211> 321
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 489

Met	Tyr	Ser	Leu	Glu	Glu	Phe	Asn	Asn	Gln	Ala	Ile	Asn	Ala	Asp	Phe
1				5					10					15	
Gln	Arg	Asn	Asn	Met	Phe	Ser	Cys	Val	Phe	Ala	Thr	Thr	Pro	Ser	Thr
			20					25					30		
Lys	Ser	Ser	Ser	Leu	Ile	Ser	Ser	Ile	Ser	Asn	Phe	Ser	Tyr	Asn	Asn
		35					40					45			
Leu	Gly	Leu	Asn	Ser	Asp	Trp	Leu	Gly	Leu	Thr	Gln	Gly	Asp	Ile	Asn
	50					55					60				
Gln	Gly	Ile	Thr	Thr	Leu	Ile	Thr	Ala	Gly	Thr	Gln	Lys	Leu	Ile	Arg
65					70					75					80
Lys	Ser	Gly	Val	Ser	Lys	Tyr	Leu	Ile	Gly	Ala	Met	Ser	Gln	Arg	Thr
				85					90					95	
Val	Gln	Ser	Leu	Leu	Gly	Ser	Phe	Thr	Val	Gly	Thr	Tyr	Leu	Ile	Asp
			100					105					110		
Phe	Phe	Asn	Met	Ala	Tyr	Asn	Ser	Ser	Gly	Leu	Met	Ile	Tyr	Ser	Val
		115					120					125			
Lys	Met	Pro	Glu	Asn	Arg	Leu	Ser	Tyr	Glu	Thr	Asp	Trp	Asn	Tyr	Asn
	130					135					140				
Ser	Pro	Asn	Ile	Arg	Ile	Thr	Gly	Arg	Glu	Leu	Asp	Pro	Leu	Val	Ile
145					150					155					160
Ser	Phe	Arg	Met	Asp	Ser	Glu	Ala	Cys	Asn	Tyr	Arg	Ala	Met	Gln	Asp
				165					170					175	
Trp	Val	Asn	Ser	Val	Gln	Asp	Pro	Val	Thr	Gly	Leu	Arg	Ala	Leu	Pro
			180					185					190		

Gln Asp Val Glu Ala Asp Ile Gln Val Asn Leu His Ser Arg Asn Gly
195 200 205
Leu Pro His Thr Ala Val Met Phe Thr Gly Cys Ile Pro Ile Ser Val
210 215 220
Ser Ala Pro Glu Leu Ser Tyr Asp Gly Asp Asn Gln Ile Thr Thr Phe
225 230 235 240
Asp Val Thr Phe Ala Tyr Arg Val Met Gln Ala Gly Ala Val Asp Arg
245 250 255
Gln Ala Ala Leu Glu Trp Leu Glu Ser Ala Ala Ile Asn Gly Ile Gln
260 265 270
Ser Val Leu Gly Asn Ser Gly Gly Val Thr Gly Leu Ser Asn Ser Leu
275 280 285
Ser Arg Leu Ser Arg Leu Gly Gly Thr Ala Gly Ser Ile Ser Asn Ile
290 295 300
Asn Thr Met Thr Gly Ile Val Asn Ser Gln Ser Lys Ile Leu Gly Ala
305 310 315 320
Ile

<210> 490
<211> 364
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 490

Met Ala Ile Val Lys Glu Ile Thr Ala Asp Leu Ile Lys Lys Ser Gly
1 5 10 15
Glu Lys Ile Ser Ala Gly Gln Ser Thr Lys Ser Glu Val Ala Thr Lys
20 25 30
Thr Tyr Thr Ala Gln Phe Pro Thr Gly Arg Ala Ser Gly Asn Asp Thr
35 40 45
Thr Gly Asp Phe Gln Val Thr Asp Leu Tyr Lys Asn Gly Leu Leu Phe
50 55 60
Thr Ala Tyr Asn Met Ser Ser Arg Asp Ser Gly Ser Leu Arg Thr Met
65 70 75 80
Arg Ser Asn Tyr Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ile Leu Arg Thr Ala Arg
85 90 95
Asn Thr Ile Ser Asn Thr Val Ser Lys Leu Ser Asn Gly Leu Ile Ser
100 105 110
Asp Asn Asn Ser Gly Thr Ile Ser Lys Val Pro Val Ala Asn Ile Leu
115 120 125
Leu Pro Arg Ser Lys Ser Asp Val Asp Thr Ser Ser His Arg Phe Asn
130 135 140
Asp Val Gln Asp Ser Leu Ile Thr Lys Gly Gly Gly Thr Ala Thr Gly
145 150 155 160
Val Leu Ser Asn Met Ala Ser Thr Ala Val Phe Gly Ala Leu Glu Ser
165 170 175
Ile Thr Gln Gly Ile Met Ala Asp Asn Asn Glu Gln Ile Tyr Thr Thr
180 185 190

Ala Arg Ser Met Tyr Gly Gly Ala Glu Asn Arg Thr Lys Val Phe Thr
195 200 205
Trp Asp Leu Thr Pro Arg Ser Thr Glu Asp Leu Met Ala Ile Ile Asn
210 215 220
Ile Tyr Gln Tyr Phe Asn Tyr Phe Ser Tyr Gly Glu Thr Gly Lys Ser
225 230 235 240
Gln Tyr Ala Ala Glu Ile Lys Gly Tyr Leu Asp Glu Trp Tyr Arg Ser
245 250 255
Thr Phe Ile Glu Pro Leu Thr Pro Glu Asp Ala Val Lys Asn Lys Thr
260 265 270
Leu Phe Glu Lys Met Thr Ser Ser Leu Thr Asn Val Leu Val Val Ser
275 280 285
Asn Pro Thr Ile Trp Met Val Lys Asn Phe Gly Ala Thr Ser Lys Phe
290 295 300
Asp Gly Lys Thr Glu Ile Phe Gly Pro Cys Gln Ile Gln Ser Ile Arg
305 310 315 320
Phe Asp Lys Thr Pro Asn Gly Asn Phe Asn Gly Leu Ala Ile Ala Pro
325 330 335
Asn Leu Pro Ser Thr Phe Thr Leu Glu Ile Thr Met Arg Glu Ile Ile
340 345 350
Thr Leu Asn Arg Ala Ser Leu Tyr Ala Gly Thr Phe
355 360

<210> 491
<211> 590
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 491

Met Lys Lys Pro Gln Glu Met Gln Thr Met Arg Arg Lys Val Ile Ser
1 5 10 15
Asp Asn Lys Pro Thr Gln Glu Ala Ala Lys Ser Ala Ser Asn Thr Leu
20 25 30
Ser Gly Leu Asn Asp Ile Ser Thr Lys Leu Asp Asp Ala Gln Ala Ala
35 40 45
Ser Glu Leu Ile Ala Gln Thr Val Glu Glu Lys Ser Asn Glu Ile Ile
50 55 60
Gly Ala Ile Asp Asn Val Glu Ser Ala Val Ser Asp Thr Thr Ala Gly
65 70 75 80
Ser Glu Leu Ile Ala Glu Thr Val Glu Ile Gly Asn Asn Ile Asn Lys
85 90 95
Glu Ile Gly Glu Ser Leu Gly Ser Lys Leu Asp Lys Leu Thr Ser Leu
100 105 110
Leu Glu Gln Lys Ile Gln Thr Ala Gly Ile Gln Gln Thr Gly Thr Ser
115 120 125
Leu Ala Thr Val Glu Ser Ala Ile Pro Val Lys Val Val Glu Asp Asp
130 135 140
Thr Ala Glu Ser Val Gly Pro Leu Leu Pro Ala Pro Glu Ala Val Asn

145 150 155 160
Asn Asp Pro Asp Ala Asp Phe Phe Pro Thr Pro Gln Pro Val Glu Pro
165 170 175
Lys Gln Glu Ser Pro Glu Glu Lys Gln Lys Lys Glu Ala Phe Asn Leu
180 185 190
Lys Leu Ser Gln Ala Leu Asp Lys Leu Thr Lys Thr Val Asp Phe Gly
195 200 205
Phe Lys Lys Ser Ile Ser Ile Ser Asp Lys Ile Ser Ser Met Leu Phe
210 215 220
Lys Tyr Thr Val Ser Ala Ala Ile Glu Ala Ala Lys Met Thr Ala Met
225 230 235 240
Ile Leu Ala Val Val Val Gly Ile Asp Leu Leu Met Val His Phe Lys
245 250 255
Tyr Trp Ser Asp Lys Phe Ser Gln Ala Trp Asp Leu Phe Ser Thr Asn
260 265 270
Phe Thr Lys Phe Ser Ser Glu Thr Gly Thr Trp Gly Pro Leu Leu Gln
275 280 285
Ser Ile Phe Gly Ser Ile Asp Lys Ile Lys Lys Leu Trp Glu Ala Gly
290 295 300
Asp Trp Gly Gly Leu Thr Val Ala Ile Val Glu Gly Leu Gly Lys Val
305 310 315 320
Leu Phe Asn Leu Gly Glu Leu Ile Gln Leu Gly Met Ala Lys Leu Ser
325 330 335
Ala Ala Ile Leu Arg Val Ile Pro Gly Met Lys Asp Thr Ala Asp Glu
340 345 350
Val Glu Gly Arg Ala Leu Glu Asn Phe Gln Asn Thr Thr Asn Ala Ser
355 360 365
Leu Ser Lys Glu Asp Gln Glu Lys Val Ala Asn Tyr Gln Tyr Lys Arg
370 375 380
Met Asn Asp Asp Leu Gly Pro Ile Ala Lys Gly Leu Asp Lys Ile Ala
385 390 395 400
Asn Trp Lys Thr Arg Ala Ser Asn Trp Ile Arg Gly Val Asp Asn Lys
405 410 415
Glu Ala Leu Thr Thr Asp Glu Glu Arg Ala Glu Glu Glu Glu Lys Leu
420 425 430
Lys Gln Leu Ser Pro Glu Glu Ala Lys Ile Ala Leu Met Lys Ala Asn
435 440 445
Glu Ala Arg Ala Ala Met Asn Arg Phe Asp Glu Tyr Ala Asn Ser Ala
450 455 460
Asp Met Ser Lys Asp Ser Thr Val Lys Ser Val Glu Ala Ala Tyr Glu
465 470 475 480
Asp Leu Lys Lys Arg Met Asp Asp Pro Asp Leu Asn Asn Ser Pro Ala
485 490 495
Val Lys Lys Glu Leu Ala Ala Arg Phe Ser Lys Ile Asp Ala Thr Tyr
500 505 510
Gln Glu Leu Lys Lys Asn Gln Pro Asn Ala Lys Pro Gln Thr Ser Ala
515 520 525
Lys Ser Pro Glu Ala Lys Gln Val Gln Val Ile Glu Lys Asn Lys Ala

530 535 540
Gln Gln Ala Pro Ile Gln Gln Ala Ser Pro Ser Ile Asn Asn Thr Asn
545 550 555 560
Asn Val Ile Lys Lys Asn Thr Val Val His Asn Met Thr Pro Val Thr
565 570 575
Ser Thr Thr Ala Pro Gly Val Phe Asp Ala Thr Gly Val Asn
580 585 590

<210> 492
<211> 177
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 492

Met Asn Leu Lys Leu Ile Leu Pro Leu Lys Lys Val Val Leu Pro Ile
1 5 10 15
Ser Asn Lys Glu Val Ser Ile Pro Lys Met Gly Leu Lys His Tyr Asn
20 25 30
Ile Leu Lys Asp Val Lys Gly Pro Asp Glu Asn Leu Lys Leu Leu Ile
35 40 45
Asp Ser Ile Cys Pro Asn Leu Ser Pro Ala Glu Val Asp Phe Val Ser
50 55 60
Ile His Leu Leu Glu Phe Asn Gly Lys Ile Lys Ser Arg Lys Glu Ile
65 70 75 80
Asp Gly Tyr Thr Tyr Asp Ile Asn Asp Val Tyr Val Cys Gln Arg Leu
85 90 95
Glu Phe Gln Tyr Gln Gly Asn Thr Phe Tyr Phe Arg Pro Pro Gly Lys
100 105 110
Phe Glu Gln Phe Leu Thr Val Ser Asp Met Leu Ser Lys Cys Leu Leu
115 120 125
Lys Val Asn Asp Glu Val Lys Glu Ile Asn Phe Leu Glu Met Pro Ala
130 135 140
Phe Val Leu Lys Trp Ala Asn Asp Ile Phe Thr Thr Leu Ala Ile Pro
145 150 155 160
Gly Pro Asn Gly Pro Ile Thr Gly Ile Gly Asn Ile Ile Gly Leu Phe
165 170 175
Glu

<210> 493
<211> 390
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 493

Met Ser Met Leu Gln Arg Pro Gly Tyr Pro Asn Leu Ser Val Lys Leu
1 5 10 15
Phe Glu Ser Tyr Asp Ala Trp Ser Asn Asn Arg Phe Val Glu Leu Ala
20 25 30

Ala Thr Ile Thr Thr Leu Thr Met Arg Asp Ser Leu Tyr Gly Arg Asn
35 40 45
Glu Gly Met Leu Gln Phe Tyr Asp Ser Lys Asn Ile His Thr Lys Met
50 55 60
Asp Gly Asn Glu Ile Ile Gln Ile Ser Val Ala Asn Ala Asn Asp Ile
65 70 75 80
Asn Asn Val Lys Thr Arg Ile Tyr Gly Cys Lys His Phe Ser Val Ser
85 90 95
Val Asp Ser Lys Gly Asp Asn Ile Ile Ala Ile Glu Leu Gly Thr Ile
100 105 110
His Ser Ile Glu Asn Leu Lys Phe Gly Arg Pro Phe Phe Pro Asp Ala
115 120 125
Gly Glu Ser Ile Lys Glu Met Leu Gly Val Ile Tyr Gln Asp Arg Thr
130 135 140
Leu Leu Thr Pro Ala Ile Asn Ala Ile Asn Ala Tyr Val Pro Asp Ile
145 150 155 160
Pro Trp Thr Ser Thr Phe Glu Asn Tyr Leu Ser Tyr Val Arg Glu Val
165 170 175
Ala Leu Ala Val Gly Ser Asp Lys Phe Val Phe Val Trp Gln Asp Ile
180 185 190
Met Gly Val Asn Met Met Asp Tyr Asp Met Met Ile Asn Gln Glu Pro
195 200 205
Tyr Pro Met Ile Val Gly Glu Pro Thr Leu Ile Gly Gln Phe Val Gln
210 215 220
Glu Leu Lys Tyr Pro Leu Ala Tyr Asp Phe Val Trp Leu Thr Lys Ser
225 230 235 240
Asn Pro His Lys Arg Asp Pro Met Lys Asn Ala Thr Ile Tyr Ala His
245 250 255
Ser Phe Leu Asp Ser Ser Leu Pro Met Ile Thr Thr Gly Lys Gly Glu
260 265 270
Asn Ser Ile Val Val Ser Arg Ser Gly Ala Tyr Ser Glu Met Thr Tyr
275 280 285
Arg Asn Gly Tyr Glu Glu Ala Ile Arg Leu Gln Thr Met Ala Gln Tyr
290 295 300
Asp Gly Tyr Ala Lys Cys Ser Thr Val Gly Asn Phe Asn Leu Thr Pro
305 310 315 320
Gly Val Lys Ile Ile Phe Asn Asp Ser Lys Asn Gln Phe Lys Thr Glu
325 330 335
Phe Tyr Val Asp Glu Val Ile His Glu Leu Ser Asn Asn Asn Ser Val
340 345 350
Thr His Leu Tyr Met Phe Thr Asn Ala Thr Lys Leu Glu Thr Ile Asp
355 360 365
Pro Val Lys Val Lys Asn Glu Phe Lys Thr Asp Thr Thr Thr Glu Glu
370 375 380
Ser Ser Ser Ser Asp Lys
385 390
<210> 494
<211> 250

<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 494

```
Met Ala Asn Ile Ile Arg Cys Lys Leu Pro Asp Gly Val His Arg Phe
1               5                  10                  15
Lys Pro Phe Thr Val Glu Asp Tyr Arg Asp Phe Leu Leu Val Arg Asn
            20                  25                  30
Asp Ile Glu His Arg Ser Pro Gln Glu Gln Lys Glu Ile Ile Thr Asp
        35                  40                  45
Leu Ile Asp Asp Tyr Phe Gly Asp Tyr Pro Lys Thr Trp Gln Pro Phe
    50                  55                  60
Ile Phe Leu Gln Val Phe Val Gly Ser Ile Gly Lys Thr Lys Val Pro
65                  70                  75                  80
Val Thr Phe Val Cys Pro Lys Cys Lys Lys Glu Lys Thr Val Pro Phe
                85                  90                  95
Glu Ile Tyr Gln Lys Glu Leu Lys Glu Pro Val Phe Asp Val Ala Asn
            100                 105                 110
Val Lys Ile Lys Leu Lys Phe Pro Ser Glu Phe Tyr Glu Asn Lys Ala
        115                 120                 125
Lys Met Ile Thr Glu Asn Ile His Ser Val Gln Val Asp Glu Ile Trp
    130                 135                 140
Tyr Asp Trp Lys Glu Ile Ser Glu Ser Ser Gln Ile Glu Leu Val Asp
145                 150                 155                 160
Ala Ile Glu Ile Glu Thr Leu Glu Lys Ile Leu Asp Ala Met Asn Pro
                165                 170                 175
Ile Asn Leu Thr Leu His Met Ser Cys Cys Asp Lys Tyr Ile Lys Lys
            180                 185                 190
Tyr Thr Asp Ile Val Asp Val Phe Lys Leu Leu Val Asn Pro Asp Glu
        195                 200                 205
Ile Phe Thr Phe Tyr Gln Ile Asn His Thr Leu Val Lys Ser Asn Tyr
    210                 215                 220
Ser Leu Asn Ser Ile Met Lys Met Ile Pro Ala Glu Arg Gly Phe Val
225                 230                 235                 240
Leu Lys Leu Ile Glu Lys Asp Lys His Gln
                245                 250
```

<210> 495
<211> 208
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 495

```
Met Tyr Glu Tyr Lys Phe Asp Val Arg Val Gly Ser Lys Ile Ile Asn
1               5                  10                  15
Cys Arg Ala Phe Thr Leu Lys Glu Tyr Leu Glu Leu Ile Thr Ala Lys
            20                  25                  30
```

Asn Asn Gly Ser Val Glu Val Ile Val Lys Lys Leu Ile Lys Asp Cys
35 40 45
Thr Asn Ala Lys Asp Leu Asn Arg Gln Glu Ser Glu Leu Leu Leu Ile
50 55 60
His Leu Trp Ala His Ser Leu Gly Glu Val Asn His Glu Asn Ser Trp
65 70 75 80
Lys Cys Thr Cys Gly Thr Glu Ile Pro Thr His Ile Asn Leu Leu His
85 90 95
Thr Gln Ile Asp Ala Pro Glu Asp Leu Trp Tyr Thr Leu Gly Asp Ile
100 105 110
Lys Ile Lys Phe Arg Tyr Pro Lys Ile Phe Asp Asp Lys Asn Ile Ala
115 120 125
His Met Ile Val Ser Cys Ile Glu Thr Ile His Ala Asn Gly Glu Ser
130 135 140
Ile Pro Val Glu Asp Leu Asn Glu Lys Glu Leu Glu Asp Leu Tyr Ser
145 150 155 160
Ile Ile Thr Glu Ser Asp Ile Val Ala Ile Lys Asp Met Leu Leu Lys
165 170 175
Pro Thr Val Tyr Leu Ala Val Pro Ile Lys Cys Pro Glu Cys Gly Lys
180 185 190
Thr His Ala His Val Ile Arg Gly Leu Lys Glu Phe Phe Glu Leu Leu
195 200 205

<210> 496
<211> 132
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 496

Met Ala Asn Ile Asn Lys Leu Tyr Ser Asp Ile Asp Pro Glu Met Lys
1 5 10 15
Met Asp Trp Asn Lys Asp Val Ser Arg Ser Leu Gly Leu Arg Ser Ile
20 25 30
Lys Asn Ser Leu Leu Gly Ile Ile Thr Thr Arg Lys Gly Ser Arg Pro
35 40 45
Phe Asp Pro Glu Phe Gly Cys Asp Leu Ser Asp Gln Leu Phe Glu Asn
50 55 60
Met Thr Pro Leu Thr Ala Asp Thr Val Glu Arg Asn Ile Glu Ser Ala
65 70 75 80
Val Arg Asn Tyr Glu Pro Arg Ile Asp Lys Leu Ala Val Asn Val Ile
85 90 95
Pro Val Tyr Asp Asp Tyr Thr Leu Ile Val Glu Ile Arg Phe Ser Val
100 105 110
Ile Asp Asn Pro Asp Asp Ile Glu Gln Ile Lys Leu Gln Leu Ala Ser
115 120 125
Ser Asn Arg Val
130

<210> 497

<211> 137
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 497

```
Met Arg Leu Glu Asp Leu Gln Glu Glu Leu Lys Lys Asp Val Phe Ile
1               5                  10                  15
Asp Ser Thr Lys Leu Gln Tyr Glu Ala Ala Asn Asn Val Met Leu Tyr
            20                  25                  30
Ser Lys Trp Leu Asn Lys His Ser Ser Ile Lys Lys Glu Met Leu Arg
        35                  40                  45
Ile Glu Ala Gln Lys Lys Val Ala Leu Lys Ala Lys Leu Asp Tyr Tyr
    50                  55                  60
Ser Gly Arg Gly Asp Gly Asp Glu Phe Ser Met Asp Arg Tyr Glu Lys
65                  70                  75                  80
Ser Glu Met Lys Thr Val Leu Ser Ala Asp Lys Asp Val Leu Lys Val
                85                  90                  95
Asp Thr Ser Leu Gln Tyr Trp Gly Ile Leu Leu Asp Phe Cys Ser Gly
            100                 105                 110
Ala Leu Asp Ala Ile Lys Ser Arg Gly Phe Ala Ile Lys His Ile Gln
        115                 120                 125
Asp Met Arg Ala Phe Glu Ala Gly Lys
    130                 135
```

<210> 498
<211> 74
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 498

```
Met Arg Tyr Asn Ile Asp Asp Ala Phe Asn Tyr Glu Glu Glu Phe Glu
1               5                  10                  15
Thr Glu Ile Gln Phe Leu Met Lys Lys His Asn Leu Lys Arg Gln Asp
            20                  25                  30
Ile Arg Ile Leu Ala Asp His Pro Cys Gly Glu Asp Val Leu Tyr Ile
        35                  40                  45
Lys Gly Lys Phe Ala Gly Tyr Leu Asp Glu Tyr Phe Tyr Ser Lys Asp
    50                  55                  60
Met Gly Ile Asp Met His Met Arg Val Val
65                  70
```

<210> 499
<211> 55
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 499

Met Ser Asp Lys Ile Cys Val Val Cys Lys Thr Pro Ile Asp Ser Ala
1 5 10 15
Leu Val Val Glu Thr Asp Lys Gly Pro Val His Pro Gly Pro Cys Tyr
20 25 30
Asn Tyr Ile Lys Glu Leu Pro Val Ser Glu Ser Ser Glu Glu Gln Leu
35 40 45
Asn Glu Thr Gln Leu Leu Leu
50 55

<210> 500
<211> 76
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 500

Met Leu Leu Glu Phe Lys Gln Phe Leu Tyr Glu Ala Ser Ile Asp Glu
1 5 10 15
Phe Met Gly Lys Ile Ala Ser Cys Gln Thr Leu Glu Gly Leu Glu Glu
20 25 30
Leu Glu Ala Tyr Tyr Lys Lys Arg Val Lys Glu Thr Glu Leu Lys Asp
35 40 45
Thr Asp Asp Ile Ser Val Arg Asp Ala Leu Ala Gly Lys Arg Ala Glu
50 55 60
Leu Glu Asp Ser Asp Asp Glu Val Glu Glu Ser Phe
65 70 75

<210> 501
<211> 503
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 501

Met Thr Asp Ile Lys Val His Phe Tyr Asp Phe Ser His Val Arg Ile
1 5 10 15
Asp Cys Glu Glu Ser Thr Phe His Glu Leu Arg Asp Phe Phe Ser Phe
20 25 30
Glu Ala Asp Gly Tyr Arg Phe Asn Pro Lys Tyr Lys Tyr Gly His Trp
35 40 45
Asp Gly Arg Ile Arg Leu Leu Asp Tyr Asn Arg Leu Leu Pro Phe Gly
50 55 60
Leu Val Gly Gln Ile Lys Lys Phe Cys Asp Asn Phe Gly Tyr Lys Ala
65 70 75 80
Trp Ile Asp Pro Gln Ile Asn Glu Lys Glu Glu Leu Ser Arg Lys Asp
85 90 95
Phe Asp Glu Trp Leu Ser Lys Leu Glu Ile Tyr Ser Gly Asn Lys Arg
100 105 110
Ile Glu Pro His Trp Tyr Gln Lys Asp Ala Val Phe Glu Gly Leu Val
115 120 125

Asn Arg Arg Arg Ile Leu Asn Leu Pro Thr Ser Ala Gly Lys Ser Leu
130 135 140
Ile Gln Ala Leu Leu Ala Arg Tyr Tyr Leu Glu Asn Tyr Glu Gly Lys
145 150 155 160
Ile Leu Ile Ile Val Pro Thr Thr Ala Leu Thr Thr Gln Met Ala Asp
165 170 175
Asp Phe Val Asp Tyr Arg Leu Phe Ser His Ala Met Ile Lys Lys Ile
180 185 190
Gly Gly Gly Ala Ser Lys Asp Asp Lys Tyr Lys Asn Asp Ala Pro Val
195 200 205
Val Val Gly Thr Trp Gln Thr Val Val Lys Gln Pro Lys Glu Trp Phe
210 215 220
Ser Gln Phe Gly Met Met Met Asn Asp Glu Cys His Leu Ala Thr Gly
225 230 235 240
Lys Ser Ile Ser Ser Ile Ile Ser Gly Leu Asn Asn Cys Met Phe Lys
245 250 255
Phe Gly Leu Ser Gly Ser Leu Arg Asp Gly Lys Ala Asn Ile Met Gln
260 265 270
Tyr Val Gly Met Phe Gly Glu Ile Phe Lys Pro Val Thr Thr Ser Lys
275 280 285
Leu Met Glu Asp Gly Gln Val Thr Glu Leu Lys Ile Asn Ser Ile Phe
290 295 300
Leu Arg Tyr Pro Asp Glu Phe Thr Thr Lys Leu Lys Gly Lys Thr Tyr
305 310 315 320
Gln Glu Glu Ile Lys Ile Ile Thr Gly Leu Ser Lys Arg Asn Lys Trp
325 330 335
Ile Ala Lys Leu Ala Ile Lys Leu Ala Gln Lys Asp Glu Asn Ala Phe
340 345 350
Val Met Phe Lys His Val Ser His Gly Lys Ala Ile Phe Asp Leu Ile
355 360 365
Lys Asn Glu Tyr Asp Lys Val Tyr Tyr Val Ser Gly Glu Val Asp Thr
370 375 380
Glu Thr Arg Asn Ile Met Lys Thr Leu Ala Glu Asn Gly Lys Gly Ile
385 390 395 400
Ile Ile Val Ala Ser Tyr Gly Val Phe Ser Thr Gly Ile Ser Val Lys
405 410 415
Asn Leu His His Val Val Leu Ala His Gly Val Lys Ser Lys Ile Ile
420 425 430
Val Leu Gln Thr Ile Gly Arg Val Leu Arg Lys His Gly Ser Lys Thr
435 440 445
Ile Ala Thr Val Trp Asp Leu Ile Asp Asp Cys Gly Val Lys Pro Lys
450 455 460
Ser Ala Asn Thr Lys Lys Lys Tyr Val His Leu Asn Tyr Leu Leu Lys
465 470 475 480
His Gly Ile Asp Arg Ile Gln Arg Tyr Ala Asp Glu Lys Phe Asn Tyr
485 490 495
Val Met Lys Thr Val Asn Leu
500

<210> 502
<211> 226
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 502

Met Ile Asp Lys Asp Tyr Ile Ala Glu Leu Lys Ala Leu Asp Asp Asn
1 5 10 15
Lys Glu Ala Lys Ala Lys Leu Ala Glu Tyr Ala Glu Gln Phe Gly Ile
20 25 30
Lys Val Lys Lys Asn Lys Ser Phe Asp Asn Ile Val Asn Asp Ile Glu
35 40 45
Glu Ala Leu Gln Lys Leu Ala Ser Glu Pro Met Pro Glu Thr Asp Gly
50 55 60
Leu Ser Ile Lys Asp Leu Ile Asp Ala Ala Asp Ala Ala Glu Gly Leu
65 70 75 80
Lys Tyr Asp Asp Glu Glu Val Asn Pro Glu Ala Ala Leu Leu Ile Asp
85 90 95
Ser Pro Val Lys Ser Asp Ile Lys Ile Glu Val Val Glu Thr Asp Lys
100 105 110
Ile Pro Glu Asn Thr Asp Val Leu Ile Glu Asp Thr Pro Phe Val Glu
115 120 125
Glu Lys Phe Glu Gln Ala Val Ala Glu Ile Ile Glu Ser Glu Lys Pro
130 135 140
Ser Val Phe Thr Leu Pro Glu Asn Phe Ser Pro Asn Leu Gln Leu Ile
145 150 155 160
Gly Lys Asn Pro Gly Phe Cys Thr Val Pro Trp Trp Ile Tyr Gln Trp
165 170 175
Ile Ala Glu Thr Pro Asp Trp Lys Ser His Pro Thr Ser Phe Glu His
180 185 190
Ala Ser Ala His Gln Thr Leu Phe Ser Leu Ile Tyr Tyr Ile Asn Arg
195 200 205
Asp Gly Ser Val Leu Ile Arg Glu Thr Arg Asn Ser Ser Phe Val Thr
210 215 220
Leu Lys
225

<210> 503
<211> 472
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 503

Met Thr Phe Thr Val Asp Ile Thr Pro Lys Thr Pro Thr Gly Val Ile
1 5 10 15
Asp Glu Thr Lys Gln Phe Thr Ala Thr Pro Ser Gly Glu Thr Gly Gly
20 25 30

```
Gly Thr Ile Thr Tyr Ala Trp Thr Val Asp Asp Ala Pro Gln Glu Glu
        35                  40                  45
Thr Ser Ala Thr Phe Ser Tyr Val Leu Lys Gly Pro Ala Gly Gln Lys
    50                  55                  60
Thr Ile Lys Val Val Ala Thr Asn Gln Val Ala Glu Ser Glu Pro Glu
65                  70                  75                  80
Thr Ala Glu Ile Ser Thr Thr Ile Thr Val Gln Asn Lys Thr Gln Thr
                85                  90                  95
Thr Thr Leu Ala Val Thr Pro Gly Ser Pro Asp Ala Gly Val Ile Gly
            100                 105                 110
Thr Pro Ile Glu Phe Thr Ala Ala Leu Ala Ser Gln Pro Ser Gly Ala
        115                 120                 125
Asn Ala Thr Tyr Gln Trp Tyr Val Asp Gly Ser Pro Val Gly Glu Ala
    130                 135                 140
Thr Ser Thr Thr Phe Asn Tyr Thr Pro Asp Ala Ser Gly Val Lys Thr
145                 150                 155                 160
Ile Lys Cys Val Ala Gln Val Thr Ala Thr Asp Tyr Asp Thr Lys Glu
                165                 170                 175
Val Thr Ser Asn Glu Val Ser Leu Thr Val Asn Lys Lys Thr Gln Thr
            180                 185                 190
Thr Thr Leu Ala Val Thr Pro Asp Ser Pro Pro Ala Gly Val Ile Gly
        195                 200                 205
Thr Pro Val Gln Phe Thr Ala Ala Leu Ala Ser Gln Pro Asp Gly Ala
    210                 215                 220
Ser Ala Thr Tyr Gln Trp Tyr Val Asp Asp Ser Gln Val Gly Gly Glu
225                 230                 235                 240
Thr Asn Ser Thr Phe Ser Tyr Thr Pro Thr Thr Ser Gly Val Lys Arg
                245                 250                 255
Ile Lys Cys Val Ala Gln Val Thr Ala Glu Asn Tyr Asn Glu Lys Glu
            260                 265                 270
Val Thr Ser Asn Glu Val Ser Leu Thr Val Asn Lys Lys Thr Met Asn
        275                 280                 285
Pro Gln Val Thr Leu Thr Pro Pro Ser Ile Asn Val Gln Gln Asp Ala
    290                 295                 300
Ser Ala Thr Phe Thr Ala Asn Val Thr Gly Ala Pro Glu Glu Ala Gln
305                 310                 315                 320
Ile Thr Tyr Ser Trp Lys Lys Asp Ser Ser Pro Val Glu Gly Ser Thr
                325                 330                 335
Asn Val Tyr Thr Val Asp Thr Ser Ser Val Gly Ser Gln Thr Ile Glu
            340                 345                 350
Val Thr Ala Val Val Thr Ala Thr Asp Tyr Asp Ser Lys Thr Ile Thr
        355                 360                 365
Ala Glu Gly Gln Val Gln Val Thr Asp Lys Val Ala Pro Glu Pro Glu
    370                 375                 380
Gly Glu Leu Pro Tyr Val His Pro Leu Pro His Arg Thr Ser Ala Tyr
385                 390                 395                 400
Ile Trp Cys Gly Trp Trp Val Met Asp Glu Ile Gln Lys Met Thr Glu
                405                 410                 415
```

Glu Gly Lys Asp Trp Lys Thr Asp Asp Pro Asp Ser Lys Tyr Tyr Leu
420 425 430
His Arg Tyr Thr Leu Gln Lys Met Met Lys Asp Tyr Pro Glu Val Asp
435 440 445
Val Gln Glu Ser Arg Asn Gly Tyr Ile Ile His Lys Thr Ala Leu Glu
450 455 460
Thr Gly Ile Ile Tyr Thr Tyr Pro
465 470

<210> 504
<211> 67
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 504
Met Arg Thr Glu Val Val Val Phe Thr Leu His Glu Ser Gly Lys Ser
1 5 10 15
Phe Ile Glu Ile Ala Arg Glu Leu Asn Leu Gln Ala Lys Glu Val Ala
20 25 30
Val Leu Trp Ala Arg Ala Met Thr Ala Lys Asn Lys Phe Glu Thr Arg
35 40 45
Glu Lys Val Val Tyr Arg Lys Arg His Ile Asn Lys Lys Val Lys Asn
50 55 60
Gly Thr Val
65

<210> 505
<211> 92
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 505
Met Glu Gln Tyr Asp Leu Tyr Glu Asn Glu Ser Phe Ala Asn Gln Leu
1 5 10 15
Arg Glu Lys Ala Leu Lys Ser Lys Gln Phe Lys Leu Glu Cys Phe Ile
20 25 30
Lys Asp Phe Ser Glu Leu Ala Asn Lys Ala Ala Glu Gln Gly Lys Thr
35 40 45
His Phe Ser Tyr Tyr Cys Ile Ala Arg Asp Lys Leu Ile Thr Glu Glu
50 55 60
Ile Gly Asp Trp Leu Arg Lys Glu Gly Phe Ser Phe Lys Val Asn Ser
65 70 75 80
Asp Gln Arg Asp Gly Asp Trp Leu Glu Ile Thr Phe
85 90

<210> 506
<211> 334
<212> PRT
<213> Unknown

<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F488/08
<400> 506

```
Met Phe Lys Lys Tyr Ser Ser Leu Glu Asn His Tyr Asn Ser Lys Phe
1               5                  10                  15
Ile Glu Lys Leu Tyr Ser Leu Gly Leu Thr Gly Gly Glu Trp Val Ala
            20                  25                  30
Arg Glu Lys Ile His Gly Thr Asn Phe Ser Leu Ile Ile Glu Arg Asp
        35                  40                  45
Lys Val Thr Cys Ala Lys Arg Thr Gly Pro Ile Leu Pro Ala Glu Asp
    50                  55                  60
Phe Phe Gly Tyr Glu Ile Ile Leu Lys Asn Tyr Glu Asp Ser Ile Lys
65                  70                  75                  80
Ala Val Gln Asp Ile Met Glu Thr Ser Ala Val Val Ser Tyr Gln Val
                85                  90                  95
Phe Gly Glu Phe Ala Gly Pro Gly Ile Gln Lys Asn Val Asp Tyr Gly
            100                 105                 110
Asp Lys Asp Phe Tyr Val Phe Asp Ile Ile Val Thr Thr Glu Ser Gly
        115                 120                 125
Asp Val Thr Tyr Val Asp Asp Tyr Met Met Glu Ser Phe Cys Asn Thr
    130                 135                 140
Phe Lys Phe Lys Met Ala Pro Leu Leu Gly Arg Gly Lys Phe Glu Glu
145                 150                 155                 160
Leu Ile Lys Leu Pro Asn Asp Leu Asp Ser Val Val Gln Asp Tyr Asn
                165                 170                 175
Phe Thr Val Asp His Ala Gly Leu Val Asp Ala Asn Lys Cys Val Trp
            180                 185                 190
Lys Ala Glu Ala Lys Gly Glu Val Phe Thr Ala Glu Gly Tyr Val Leu
        195                 200                 205
Lys Pro Cys Tyr Pro Ser Trp Leu His Asn Gly Asn Arg Val Ala Ile
    210                 215                 220
Lys Cys Lys Asn Ser Lys Phe Ser Glu Lys Lys Lys Ser Asp Lys Pro
225                 230                 235                 240
Ile Lys Ala Lys Val Glu Leu Ser Glu Ala Asp Asn Lys Leu Val Gly
                245                 250                 255
Ile Leu Ala Cys Tyr Val Thr Leu Asn Arg Val Asn Asn Val Ile Ser
            260                 265                 270
Lys Ile Gly Glu Ile Gly Pro Lys Asp Phe Gly Lys Val Met Gly Leu
        275                 280                 285
Thr Val Gln Asp Ile Leu Glu Glu Thr Ser Arg Glu Gly Ile Thr Leu
    290                 295                 300
Thr Gln Ala Asp Asn Pro Ser Leu Val Lys Lys Glu Leu Val Lys Met
305                 310                 315                 320
Val Gln Asp Val Leu Arg Pro Ala Trp Ile Glu Leu Val Ser
                325                 330
```

<210> 507
<211> 40
<212> PRT

<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F510/08
<400> 507

Leu Leu Asn Glu Ala Val Ala Ser Lys Val Leu Asn Ser Arg Leu Gly
1 5 10 15
Trp Ser Ala Val Gly Glu Tyr Val Glu Leu Phe Asn Arg Thr Gln Ser
20 25 30
Arg Val Ala Gly Leu Ile Pro Glu
35 40

<210> 508
<211> 69
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F510/08
<400> 508

Met Leu Ser Arg Gln Asp Arg Gly Glu Arg Ala Trp His Gln Gln Asp
1 5 10 15
Ala Ala Trp Gln Arg Gln Ile Ala Thr Trp Ala Ala Gln Asp His Arg
20 25 30
His Tyr Ala Ala Pro Trp Arg Lys Arg Gln Ala Ser Gln Glu Tyr Ala
35 40 45
Val Ala Leu Thr Lys His Arg Glu Ala Leu Glu Arg Ser Arg His Tyr
50 55 60
Gly Gln Pro Lys Gly
65

<210> 509
<211> 117
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F510/08
<400> 509

Val Gly Ser Arg Ser Val Glu Phe Ala Leu Ser Ser Arg Asn Asn Ala
1 5 10 15
Ser Thr Gly Ser Leu Glu Thr Gly Leu Thr His Cys Gln Gly Ile Gly
20 25 30
Arg Val Arg Ser Gln Asn Asp Gly Arg Leu Gln Pro Ser Lys Arg Gly
35 40 45
Thr Ser His Arg Arg Lys Gly His Gly Lys Leu Leu Gly Gln Glu Pro
50 55 60
Gln Cys Val Arg Pro Ala Gly Ile Thr Glu Gly Ile Asp Thr Val Gln
65 70 75 80
Asp Thr Arg Tyr Ser Ser His His Leu Met Ala Thr Gln Gln Lys Gly
85 90 95
Leu Cys Gln Arg Thr Gly Arg Thr Asn Pro Arg Gln Arg Ile Asp Lys
100 105 110

Thr Ser Ala Ser Leu
115

<210> 510
<211> 94
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F510/08
<400> 510

Met Ala His Phe Lys Ala Lys Ala Pro Lys Ser Pro Phe Ala Ala Gln
1 5 10 15
Val Ala Tyr Trp Arg Asp Trp Glu Ala Lys Arg Thr Lys Leu Ile Ala
20 25 30
Gln Asp Asn Val Glu Gly Arg Lys Glu Leu Arg Lys Met Arg Asp Val
35 40 45
Arg Tyr Ala Thr Asp Pro Glu Pro Ala Pro Gly Arg Tyr His Asn Pro
50 55 60
Glu Gln Lys Ala Phe Val Lys Gly Ser Glu Gly Lys Ala Arg Asn Ile
65 70 75 80
Leu Lys Gly Trp Asn Ala Lys Lys Ser Gln Gly Lys Gly Leu
85 90

<210> 511
<211> 75
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F510/08
<400> 511

Met Pro Arg Val Asn Glu Leu Thr Pro Arg Gln Arg Lys Ala Ala Lys
1 5 10 15
Ala Arg Arg Asp Lys Ala Arg Arg Ile Asp Leu Ala His Arg Met Pro
20 25 30
Lys Gly Ala Asp Cys Pro Ile Phe Arg Lys Ala Glu Gln Ala Gln Ala
35 40 45
Lys Gln Pro Arg Val Asp Thr Leu Thr Thr Pro Arg Ser Ala Gly Tyr
50 55 60
Leu Ala Ala Ala Ala Tyr Leu Asn Lys Ser Ile
65 70 75

<210> 512
<211> 179
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F510/08
<400> 512

Met Thr Asn Ala Ile Ser Lys Thr Val Ile Ala Phe Arg Gly Thr Glu
1 5 10 15
Glu Ile Asn Arg Ala Ile Asp Ala Ile Arg Val Arg Gly Lys Glu Leu

20 25 30
Asp Glu Ala Ile Gln Leu Thr Gly Leu Ser Ile Ile His His Ile Asp
35 40 45
Gln Cys Gly Asp Val Thr Val Val Lys Ala Leu Tyr Glu Ala Met Pro
50 55 60
Lys Gly Ser Arg Arg Asn Ala Leu Val Glu Trp Leu Val Leu His Gly
65 70 75 80
Lys Val Gln Val Asn Thr Asp Lys Lys Ser Asn Lys Asp Leu Pro Phe
85 90 95
Leu Tyr Asn Lys Phe Gly Lys Thr Asp Leu Val Gly Ala Thr Asn Ser
100 105 110
Pro Trp Tyr Ser Phe Lys Pro Glu Lys Ala Leu Asp Gln Glu Phe Asn
115 120 125
Leu Ala Ala Ala Leu Ala Thr Ile Lys Lys Gln Val Leu Gln Ala Gln
130 135 140
Thr Lys Gly Lys Val Ile Val Gly Met Glu Leu Leu Gly Asp Leu Glu
145 150 155 160
Ala Leu Ala Ala Lys Ala Ala Pro Ile Ala Glu Gln Ser Lys Arg Ala
165 170 175
Ala Ala His

<210> 513
<211> 122
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F510/08
<400> 513
Met Gln Ala Leu Asn Thr Leu Leu Ile Ala Ile Pro Lys Asp Pro Thr
1 5 10 15
Ala Gly Met His Ala Ala Asp Lys Val Leu Cys Ala His Gly Phe Arg
20 25 30
Met Gly Asp Leu Asn Thr Ala His Val Leu Thr Pro Gly Gly Phe Val
35 40 45
Val Val Gly Ala Gly Val Thr Val Asn Arg Tyr Asp Glu Ala Tyr Arg
50 55 60
Met Ser Arg Asn Leu Asp Ser Glu Gly Phe Asp Val Leu Leu Val Gln
65 70 75 80
Gly Ser Pro Leu Ser Gly Arg Val Thr Cys Gln Ala Tyr Gly Trp Ile
85 90 95
Asn Ala Glu Tyr His Lys Gly Cys Ala Asn Gly Arg Pro Ile Phe Asp
100 105 110
Ile Ala Gly Thr Ser Tyr His Val Ile Ala
115 120

<210> 514
<211> 74
<212> PRT
<213> Unknown
<220>

<223> Description of Unknown: Bacteriophage F510/08
<400> 514
Met Ser Ser Arg Asp Pro Tyr Arg Ile Gly His Arg Val Gly Leu Val
1 5 10 15
Asn Tyr Ser Asp Arg Tyr Leu Gly Ala Asp Ala Ala Gly Thr Lys Gly
20 25 30
Ile Ile Glu Ala Ile Thr Arg Pro Ser Arg Cys Met Thr Val Tyr His
35 40 45
Val Arg Cys Glu Arg Thr Leu Arg Leu Ile Glu Ala Glu Ala Arg Asn
50 55 60
Val Arg Phe Ile Arg Gln Arg Ala Glu Arg
65 70
<210> 515
<211> 86
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F510/08
<400> 515
Met Thr Leu Val Ala Thr Val Val Asp Ser Ala His Asn Leu Glu Val
1 5 10 15
Asp Asp Leu Thr Ala Gly Asn Leu Tyr Ala Ala Ser Ser Pro Ser Gly
20 25 30
Asn Met Phe Ile Val Val Val Gly Asn His Asn Gly Arg Arg Leu Pro
35 40 45
Val Val Leu Ser Ser Thr Asp Thr Arg Thr Ile Gly Asp Val Ile Ser
50 55 60
Asn Thr Gly Phe Arg Tyr Ser Glu Ile Ala Gly Phe Ser Val Asn Leu
65 70 75 80
Ala Gln Gly Asp Tyr Asp
85
<210> 516
<211> 96
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F510/08
<400> 516
Met Val Thr Arg Thr Val Tyr Val Thr Pro Glu Asp Pro Thr Pro Pro
1 5 10 15
Ile Leu Ser Val Gly Arg Leu Ala Pro Gly Glu Leu Tyr Lys Val Val
20 25 30
Ala Pro Ser Ser Ala Glu Gly Ile Ile Val Leu Ala Thr Lys Gln Thr
35 40 45
Pro Ala Leu Ala Gln Ala Ala Val Val Leu His Ser Met Asn Pro Ala
50 55 60
Gln Tyr Pro Ala Gly Ser Ala Ile Leu Asn Thr Ala Trp Lys Cys Arg
65 70 75 80

Arg Leu Gly Val Gly Glu Tyr Val Lys Leu Val Gln Gly Glu Glu Asp
85 90 95

<210> 517
<211> 79
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F510/08
<400> 517

Met Ala Val Ala Ile Leu Ile Leu Ala Val Trp Leu Ile Gly Gly Ala
1 5 10 15
Leu Leu Phe Leu Pro Phe Asp Leu Val Val Ser Pro Arg Leu Pro Leu
20 25 30
Ser Asp Glu Ala Leu Asn Arg Thr Ala Leu Tyr Thr Val Leu Trp Pro
35 40 45
Val Thr Leu Pro Thr Leu Ile Ala Ile Thr Val Val Val Met Leu His
50 55 60
Ser Ala Tyr Arg Gly Ala Ile Glu Leu Tyr Gln Glu Met Lys Ser
65 70 75

<210> 518
<211> 97
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F510/08
<400> 518

Met Ile Arg Thr His Thr His Asn Val Glu Arg Thr Pro His Arg Leu
1 5 10 15
Tyr Arg His Thr Glu Leu Ala Ser Gly Glu Leu Tyr Arg Val Val Gln
20 25 30
Pro Asp Ser Lys Arg Gly Thr Leu Val Val Gly Val Ala Ala Trp Asp
35 40 45
Ser Gln Gly Arg Pro Ala Val Leu Pro Val Val Ile His Asp Asp Gly
50 55 60
Asp Ala Lys Val Thr Cys Ala Arg Pro Thr Val Leu Arg Asn Asp Gly
65 70 75 80
Trp Arg Met Val Leu Ala Asp Lys Gly Thr Gln Val Thr Leu Thr Ala
85 90 95
Glu

<210> 519
<211> 138
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F510/08
<400> 519

Met Thr Asn Val Asn Thr Thr Thr Glu Thr Thr Thr Ala Ala Val Leu
1 5 10 15

Gly Ala Lys Leu Ile Lys Lys Pro Ala Thr Val Glu Asp Phe Arg Asn
20 25 30
Asn Val Val Phe His His Ser Ala Leu Thr Lys Leu Thr Glu Val Tyr
35 40 45
Asn Glu Ala Val Ala Ala Leu Gln Thr Ala Glu Arg Leu Ser Ser Leu
50 55 60
Val Ala Gly Asp Val Ile Thr Phe Asp His Gly Lys Gly Glu Lys Ala
65 70 75 80
Glu Val Leu Ser Gly Glu Val Ile Ser Val Val Ala Gly Val Tyr Gln
85 90 95
Val Leu Val Arg Phe Ser Asp Ser Ala Pro Ala Lys Leu Leu Asp Val
100 105 110
Lys Ala Ser Ala Ile Arg Ala Val Gln Ser Ser Ala Ala Gln Ala Ala
115 120 125
Thr Leu Asp Glu Ala Ile Ala Gln Gly Glu
130 135

<210> 520
<211> 119
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F510/08
<400> 520

Met Ser Lys Arg Asn Pro Glu His Ile Asn Gly Thr Val Arg Ser Val
1 5 10 15
Ser Val Gln Lys Leu Ala Ala Thr Gln Glu Leu Glu Asp Arg Leu Glu
20 25 30
Ala Ala Leu Ala Val Cys Gln Gln Arg Ala Glu Asp Ile Asp Leu Leu
35 40 45
Ser Arg Arg Leu Gln Ala Ala Glu Arg Ala Arg Arg Trp Glu Ile Asp
50 55 60
Glu Ile Arg Asn His Gln Ala Thr Ile Arg Leu Leu Gln Asn Asp Leu
65 70 75 80
Asn Ala Ala His Asp Ala His Glu Ala Gln Glu Arg Arg Ala Arg Lys
85 90 95
Ala Thr Ile Met Ala Trp Val Cys Leu Leu Thr Ala Gly Leu Ala Val
100 105 110
Thr Leu Lys Leu Ala Gly Val
115

<210> 521
<211> 269
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F510/08
<400> 521

Met Gln Cys Lys Asp Leu Tyr Thr Asn Leu Ala Ser Gly Met Phe Asn
1 5 10 15

Val Pro Cys Ser Gln Val Thr Pro Glu Met Arg Arg Val Ala Lys Ser
20 25 30
Arg Ala Phe Ala His Ala Tyr Thr Pro Lys Lys Gln Ala Ser Gly Gly
35 40 45
Thr Tyr Thr Ala Arg Val Ser Gly Val Thr Cys Asp Gly Gly Lys Val
50 55 60
Glu Val Arg Leu Asp Asn Val Glu Arg Val Ser Thr Phe Asp Tyr Ala
65 70 75 80
Glu Leu Glu Thr Arg Val Ala Ala Ser Leu Cys Gln Ala Asp Ala Lys
85 90 95
Arg Ala Ala Glu Tyr Glu Lys Leu Leu Leu Lys Ala Phe Pro Ser Val
100 105 110
Ser Pro Lys Asp Gly Pro Leu Ser Ala Lys Asp Phe Glu Leu Arg Leu
115 120 125
His Asp Leu Cys Ser Thr Lys Leu Val Val Leu Arg Ala Leu Arg Asp
130 135 140
Ala Gly Ile Glu Met Asp Gly Pro Leu Arg Ser Arg Val Arg Lys Leu
145 150 155 160
Ala Asp Arg Asn Asn Val Met Gly Ala Glu Leu Phe Ser Leu Lys Gln
165 170 175
Glu Leu Ala Gln Leu Val Ala Val Gly Gln Lys Ala Gly Leu Asn Trp
180 185 190
Asp Gly Ala Glu Thr Gln Arg Leu Leu Thr Val Ala Pro Thr Lys Ala
195 200 205
Leu Cys Arg Leu Ile Ser Ala Leu Thr Gly Val Arg Tyr Thr His His
210 215 220
Thr Val Val Ala Lys Ala Glu Ala Glu Ala Arg Glu Arg Ala Lys Ala
225 230 235 240
Glu Ala Lys Asp Ser Leu Gln Ala Ala Thr Phe Ala Ala Ala Ile Ala
245 250 255
Gly Gly Val Val Gly Ser Ala Leu Met Phe Leu Leu Gly
260 265

<210> 522
<211> 180
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F510/08
<400> 522

Met Ser Lys Thr Ser Leu Tyr Pro Leu Asn Leu His Pro Gly Leu Ile
1 5 10 15
Gln Ile Arg Thr Ile His Val Phe Ser Ile Gln Ala Pro Ser Asn Ala
20 25 30
Glu Asn Trp Trp Gln Trp Phe Leu Trp Gln Arg Lys Tyr His Pro Leu
35 40 45
Arg Glu Ser Leu Ser Pro Ala Gly Glu Leu Ser Ala Ser Ile Ala Glu
50 55 60
Cys Val Leu His Leu Arg Arg Asn Gly Trp Gln Asp Ser Asp Ile Trp

65 70 75 80
Arg Lys Lys Gly Gly Val Leu Ala Leu Gly Ala Phe Asp Leu Ser Gly
85 90 95
Leu Met Val Gly Ser Cys Leu Val Val Gly Gly Glu Leu Lys Ala Leu
100 105 110
Cys Val Asp Asp Arg His Ser Arg Gln Gly Ile Gly Ala Glu Leu Val
115 120 125
Arg Ala Ala Glu Leu Ala Gly Ala Glu Tyr Leu Thr Cys Phe Glu Phe
130 135 140
Leu Glu Pro Phe Tyr Ala Asp Leu Gly Trp Ser Thr Thr His Arg Glu
145 150 155 160
Ala Asn Trp Thr Ala Gly Glu Pro Asp Val Leu His Met Arg Ala Pro
165 170 175
Gly His Asp Val
180

<210> 523
<211> 274
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F510/08
<400> 523

Met Ala Leu Arg Arg Asp Ser Trp Leu Lys Gln Ala Gln Ser Leu Ala
1 5 10 15
Val Gly Gln Ala Gly Arg Phe Arg His Val Leu Gly Cys Gln Ser Met
20 25 30
Ser Arg Gly Gly Thr Asn Met Thr Cys Lys Asn Leu Pro Asp Arg Trp
35 40 45
Val Ala Tyr Cys Tyr Ser Cys Gln Glu Gly Gly Val Val Glu Lys Thr
50 55 60
His Val Arg Arg Val Gln Cys Ala Asp Gln Glu Arg Phe Met Pro Trp
65 70 75 80
Pro Glu Asp Ala Ser Asp Trp Thr Gln Ala Asp Cys Tyr Gln Ser Leu
85 90 95
Tyr Gly Leu Leu Leu Ser Lys Gly Ile Asp Tyr Asn Val Met Thr Pro
100 105 110
Gly Leu Pro Leu Leu Tyr Ser Glu Arg Gln His Arg Leu Ile Phe Pro
115 120 125
Thr Asp Ala Gly Trp Ile Gly Arg Ala Thr Ala Asp Gln Asn Pro Lys
130 135 140
Trp Val Gly Tyr Gly Tyr Pro Ala Pro Asp Tyr His Gly Trp Pro Gln
145 150 155 160
Glu Leu Ser Met Gly Arg Pro Trp Val Leu Thr Glu Asp Tyr Leu Ser
165 170 175
Ala Leu Lys Val Arg Trp Ala Cys Pro Glu Val Phe Ala Val Gly Leu
180 185 190
Asn Gly Thr Arg Leu Arg Asp Arg Leu Ala Ala Ile Met Leu Gln Gln
195 200 205

Thr Cys Lys Arg Ala Phe Ile Phe Leu Asp Gly Asp Arg Ala Gly Val
210 215 220
Arg Gly Ser Ala Gly Val Met Arg Arg Leu Arg Ser Leu Leu Ile Glu
225 230 235 240
Gly Gln Val Ile Pro Thr Pro Asp Gly Phe Asp Pro Lys Asp Leu Thr
245 250 255
Arg Glu Gln Ile Arg Ser Leu Val Ile Gly Arg Ile Asp Ala Ser Arg
260 265 270
Thr Glu

<210> 524
<211> 422
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F510/08
<400> 524

Leu Asp Val Leu Thr Leu His Ala Leu Ser Asp Arg Asp Arg Phe Arg
1 5 10 15
Thr Leu Arg Ser Val Val Pro Glu Gly Met Met Gly Pro Glu Thr Cys
20 25 30
Phe Val Ile Asp Trp Ile Glu Gln Tyr Trp Lys Val Tyr Pro Ala His
35 40 45
Gln Lys Val Asp Pro Gln Ala Leu Arg Glu Leu Ile Lys Leu Arg Gly
50 55 60
Gly Tyr Gln Pro Glu Gln Leu Ala Val Val Leu Asn Leu Val Asn Gln
65 70 75 80
Leu Asp Lys Pro Val Asp Pro Asp Ser Leu Gln Gly Val Val Ser Gln
85 90 95
Leu Asn Glu Leu Asp Phe Ser Gly Arg Val Asp Ala Leu Leu Ala Gln
100 105 110
Tyr Asn Gln Gly Glu Asp Ile Asp Leu Ala Tyr Glu Leu Arg Arg Leu
115 120 125
Ser Asp Glu Ala Leu Arg Arg Gly Gly Val Ser Thr Pro Thr Asp Tyr
130 135 140
Val Thr Asp Asp Val Phe Asp Ile Leu Ala Glu Glu Gln Gly Asp His
145 150 155 160
Gly Ile Lys Leu Pro Gly Leu Val Leu Pro Ala Tyr Met Lys Gly Leu
165 170 175
His Ala Gly Ala Ser Val Leu Val Ala Ala Pro Pro Asp Ala Gly Lys
180 185 190
Thr Ser Phe Met Ala Trp Ile Ala Val His Ile Ala Pro Gln Leu Lys
195 200 205
Arg Tyr Phe Asp Pro Gly Arg Pro Ile Leu Trp Leu Asn Asn Glu Gly
210 215 220
Lys Gly Arg Arg Ile Lys Pro Arg Leu Tyr Ser Ala Ala Leu Gly Met
225 230 235 240
Thr Val Gly Glu Ile Leu Ala Leu Asp Pro Glu Glu Val Arg Arg Met
245 250 255

Tyr Ala Glu Lys Ile Gly Gly Asp Ser Glu Leu Ile Arg Ile Lys Asp
260 265 270
Phe His Gly Gly Ser Leu Ala Gln Ala Glu Gln Val Ile Asp Ala Met
275 280 285
Lys Pro Ser Val Val Phe Trp Asp Met Met Ala His Val Lys Gly Gly
290 295 300
Gln Arg Lys Asp Gln Asn Arg Thr Asp Glu Met Glu Tyr Lys Val Ala
305 310 315 320
Glu Val Arg Glu Met Ala Val Arg His Asp Phe Ile Ser Phe Met Thr
325 330 335
Trp Gln Ile Ser Asn Asp Gly His Asp Gln Leu Phe Pro Pro Gln Ser
340 345 350
Cys Leu Lys Asp Ser Lys Thr Ala Val Gln Gly Ala Val Asp Val Gln
355 360 365
Ile His Leu Gly Arg Leu Asn Gly Ala Asp Gln Gln Val Met Arg Gly
370 375 380
Leu Ser Leu Pro Lys Asn Lys Phe Gln Met Asp Gly Lys Pro Ser Asn
385 390 395 400
Val Glu Ala Met Ile Asn Phe Asp Ala Ala Arg Cys Arg Phe Phe Glu
405 410 415
Ser Val Asp His Ala Ser
420

<210> 525
<211> 206
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F510/08
<400> 525

Met Gln Ala Lys His Ser Arg Val Leu Glu Gly Thr Lys Glu Ile Pro
1 5 10 15
Leu Gly Ser Ile Glu Pro Leu Leu Gly Ser Val Ala Gly Leu Leu Leu
20 25 30
Cys Leu Tyr Ser Asp Ala Thr His Glu Glu Gly Val Ala Leu Ala Gly
35 40 45
Gly Phe Pro Arg Asp Leu Met His Gly Ala Thr Pro Lys Asp Val Asp
50 55 60
Val Ala Leu Tyr Ser Met Thr Trp Gly Arg Ala Glu His Leu Ile Gln
65 70 75 80
Lys Ala Leu Pro Val Leu Asn Pro Ile Phe Val Arg Asp Gly Gly Trp
85 90 95
Arg Ser Asp Tyr Ala Asp Gly Gly Asp Gly Gly Ile Phe Lys Gly Val
100 105 110
Met Ser Leu Val Gly Cys Arg Gly Leu Asn Gly Met Asp Leu Asp Phe
115 120 125
Asn Tyr Tyr Asp Ala Asp Ser Leu Gly Arg Val Met Glu Ser Phe Asp
130 135 140
Phe Thr Ile Asn Gln Val Gly Ile Ala Tyr Asn Trp Pro Asp Pro Glu

145 150 155 160
Gly Gly Pro Arg Leu Gly Ala Tyr Leu His Lys Asp Val Thr Trp Gly
165 170 175
Val Asn Lys Glu Val Gly Ala Gly Ser Arg Leu Pro Glu Arg Cys Glu
180 185 190
Lys Met Arg Ala Lys Ala Ala Tyr Tyr Gly Trp Glu Asn Val
195 200 205
<210> 526
<211> 315
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F510/08
<400> 526
Met Ser Lys Arg Asp Val Val Leu Asp Ile Glu Lys Gly Ile Trp Arg
1 5 10 15
Gly Val Asp Gln Asn Asp Lys Ala Val Glu Ala Ile Ile Lys Lys Asn
20 25 30
Gly Tyr Val Ile Val Glu Pro Lys Ile Asp Gly Cys Arg Ala Ile Val
35 40 45
Gly Ala His Gly Val Val Ser Arg Ser Gly Arg Arg Phe Pro Ala Leu
50 55 60
Asp Gly Leu Glu Asp Arg Ile Ile Glu Arg Leu Ala Arg Pro Gly Leu
65 70 75 80
Asp Ser Gly Leu Val Leu Asp Cys Glu Met Tyr Leu Ala Gly Met Pro
85 90 95
Phe Ser Glu Ala Thr Gly Arg Met Ser Ser Lys Thr Pro Leu Thr Glu
100 105 110
Glu Glu Leu Glu Cys Leu His Phe Ala Val Phe Asp Ala Thr His Ile
115 120 125
Asp Val Leu Arg Lys Ala Arg Thr Ser His Leu Val Tyr Glu Glu Arg
130 135 140
Arg Ala Met Ala Ser Ser Leu Leu Ala Ala Cys Arg Leu Ser Asp Thr
145 150 155 160
Pro Thr Phe Phe Gln Val Gly Phe Thr Val Cys Arg Arg Met Ser Asp
165 170 175
Val Tyr Arg Gln Tyr Lys Phe Asn Arg Glu Val Gly Tyr Glu Gly Ser
180 185 190
Met Glu Lys Asp Pro Ser Leu Val Tyr Arg Asn Gly Lys Val Ala Gly
195 200 205
Cys Tyr Lys Arg Lys Pro Gly Ile Thr Val Asp Gly Arg Ile Val Gly
210 215 220
Tyr Val Met Gly Lys Thr Gly Lys Asn Val Gly Arg Val Val Gly Tyr
225 230 235 240
Arg Val Glu Leu Glu Asp Gly Ser Gly Thr Val Ala Ala Thr Gly Leu
245 250 255
Ser Glu Glu His Ile Gln Leu Leu Thr Tyr Ala His Leu Asn Ala His
260 265 270

Ile Asp Glu Ala Met Pro Asn Tyr Gly Arg Ile Val Glu Val Ser Ala
275 280 285
Met Glu Arg Ser Ala Asn Thr Leu Arg His Pro Ser Phe Ser Arg Phe
290 295 300
Arg Asp Leu Ala Ser Asn Pro Gly Val Lys Val
305 310 315
<210> 527
<211> 94
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F510/08
<400> 527
Met Lys Ile Arg Lys Ser Arg Asn Arg Asn Tyr Pro Glu Asp Met Val
1 5 10 15
Tyr His Ala Thr Asn Arg Asp Ser Leu Leu Tyr Pro Lys Tyr Val Met
20 25 30
Gly Ser Val Phe Ile Ser Gln Asp Gly Thr Phe Arg Ile Cys Val Met
35 40 45
Ala Gly Thr Trp Asp His Val Gly Ser Glu Val Leu His His Ala Arg
50 55 60
Asp Ile Gln Ser Leu Gly Ala Gly Arg Arg Lys Leu His Arg Val Met
65 70 75 80
Arg Arg Leu Arg Arg Asn Leu Gln Gln Val Gly Val Lys Val
85 90
<210> 528
<211> 111
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F510/08
<400> 528
Met Arg Met Pro Thr Glu Glu Glu Arg Thr Ile Arg Cys Leu Leu Ala
1 5 10 15
Asp Ile His Glu Pro Leu Asn Leu Leu Phe Pro Gly Ile Arg Val Lys
20 25 30
Ala Glu Thr Met Pro Leu Gly Trp Gly Asp Ser Ile Cys Ala Leu Val
35 40 45
Leu Arg Val Ser Tyr Glu His Leu Thr Leu Gly Arg Leu Glu Tyr Met
50 55 60
His Glu Val Pro Ile Leu His Leu Ser Gln Trp Gly Arg Asp Gly Leu
65 70 75 80
Leu Gln His Leu Met Asn Glu Ile Pro Arg Arg Val Leu Asp Gly Met
85 90 95
Leu Arg Gln Ala Gln Lys Tyr Ser Gln Ser Asn Trp Tyr Ser Lys
100 105 110
<210> 529
<211> 807

<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F510/08
<400> 529

Met Thr Thr Ile Arg Ile Leu Asp Leu Glu Thr Glu Ser Tyr Glu His
1 5 10 15
Lys Gly Arg Lys Ala Ser Pro Phe Asp Pro Arg Asn Tyr Ile Val Met
20 25 30
Ala Gly Trp Arg Asp Asp Val Asp Gly Lys Val Gly Gln Lys Val Glu
35 40 45
His Arg Phe Arg Ser Arg Ala Glu Ala Glu Asp Pro Asn Asn Arg Trp
50 55 60
Phe Asn Leu Asp Gly Val Asp Val Ile Val Ala His Asn Ala Met Phe
65 70 75 80
Glu Ser Asn Trp Phe Phe Thr Arg Tyr Arg Asp Glu Tyr Leu Ala Phe
85 90 95
Leu Arg Arg Gly Gly Arg Val Trp Cys Thr Gln Gln Ala Glu Tyr Leu
100 105 110
Leu Ser His Gln Thr Trp Leu Tyr Pro Ala Leu Asp Glu Leu Ala Pro
115 120 125
Lys Tyr Gly Gly Thr His Lys Val Asp Gly Ile Lys Met Leu Trp Asp
130 135 140
Gln Gly Val Leu Thr Ser Glu Met Asp Gln Asp Leu Leu Ser Glu Tyr
145 150 155 160
Leu Ser Gly Pro Cys Gly Asp Ile Glu Asn Thr Ala Leu Val Phe Tyr
165 170 175
Gly Gln Leu Met Lys Leu Gln Ala Arg Gly Met Trp Ala Gly Tyr Leu
180 185 190
Glu Arg Cys Glu Ala Leu Ile Gly Phe Ser Ala Met Glu Cys Ala Gly
195 200 205
Leu Lys Val Asp Leu Glu Val Ala Lys Val Asn His Ala Lys Gln Leu
210 215 220
Glu Glu Val Ala Gly Ile Glu Ala Glu Leu Lys Lys Leu Met Pro Asp
225 230 235 240
Phe Pro Glu Tyr Phe Glu Phe Lys Tyr Thr Ser Leu Tyr His Met Ser
245 250 255
Ala Trp Leu Tyr Gly Gly Glu Val Arg Tyr Lys Gly Arg Val Pro Tyr
260 265 270
Glu Asp Gly Arg Met Glu Lys Ala Asp Phe Val Arg Phe Gly Thr Ala
275 280 285
Lys Arg Gly Thr Pro Ile Glu Ser Thr Ser Val Arg Val Pro Ile His
290 295 300
Glu Val Thr Asp Gln Gly Glu Trp His Trp Pro Thr Ile Thr Glu Leu
305 310 315 320
Ala Thr Lys His Gly Pro Val Ile Thr Phe Ser Ala Gly Lys Asn Lys
325 330 335
Gly Ser Val Lys Val Phe Arg Glu Asp Thr Asp Ile Pro Ala Thr Lys

340 345 350

Trp Asp Asp Asp Gln Arg Phe Arg Phe Pro Gly Leu Ile Asn Leu Thr

355 360 365

Asn Leu Pro Glu Val Val Arg Glu Lys Phe Leu Gly Lys Arg Pro Glu

370 375 380

Phe Gln Cys Ala Leu Thr Leu Ala Asp Gly Ser Pro Val Phe Ser Thr

385 390 395 400

Ser Gly Asp Ala Leu Lys Ala Leu Glu Lys Gln Gly Phe Glu Ala Ala

405 410 415

Lys Leu Leu Met Arg Leu Ala Glu Leu His Lys Asp Asn Ser Ser Phe

420 425 430

Tyr Ile Thr His Thr Tyr Asn Lys Asp Gly Thr Ile Lys Asp Thr Lys

435 440 445

Gly Met Leu Gln Tyr Val Asp Asp Asp Gly Ile Ile His His Ser Leu

450 455 460

Asn Thr Thr Ala Thr Ala Thr Thr Arg Leu Ser Ser Ser Arg Pro Asn

465 470 475 480

Leu Gln Gln Leu Pro Ser Lys Asp Glu Asp Asp Pro Glu Ala Gly Ser

485 490 495

Arg Val Lys Glu Met Phe Val Ser Arg Phe Gly Ala Asp Gly Met Ile

500 505 510

Gly Glu Thr Asp Tyr Thr Ala Leu Glu Val Val Met Leu Ala Ala Leu

515 520 525

Ser Lys Asp Arg Asn Leu Leu Ala Lys Leu Met Ala Gly Thr Asp Met

530 535 540

His Leu Tyr Arg Leu Ala Gly Lys His Asn Asn Trp Asn Gly Phe Asp

545 550 555 560

Tyr Asp Gln Leu Val Ala Ile Lys Lys Asp Pro Asn His Pro Trp His

565 570 575

Gly Arg Met Met Gln Ala Arg Lys Asn Ile Lys Pro Lys Ala Phe Ser

580 585 590

Ala Gln Tyr Gly Ala Ser Ala Ala Gly Ile Ala Phe Asn Thr Gly Cys

595 600 605

Thr Val Glu Glu Ala Gln Glu Phe Leu Asp Asn Glu Ala Ala Leu Phe

610 615 620

Pro Glu Ser Ile Ala Phe Arg Gln Ile Val Arg Asp Ser Ala Glu Ala

625 630 635 640

Thr Ser Leu Val Met Tyr Lys Ala Glu Asp Gln Met Pro Ala Gly Ala

645 650 655

Phe Ser Glu Met Gly Pro Asp Gly Asn Trp Arg Gln Tyr Arg Arg Gly

660 665 670

Phe Trp Gln Ala Pro Gly Gly Thr Cys Tyr Ser Phe Arg Gln Gln Glu

675 680 685

Arg Trp Asp Lys Glu Gln Arg Lys Thr Val Met Asp Phe Lys Asp Thr

690 695 700

Gln Ile Ala Asn Tyr Trp Asn Gln Gly Glu Ala Gly Phe Met Met Thr

705 710 715 720

Val Ser Val Gly Arg Ile Phe Arg Trp Met Leu His Arg Pro Gly Phe

725 730 735
Met Val Thr Glu Phe Leu Ile Asn Asn Val His Asp Ala Val Tyr Thr
740 745 750
Asp Cys His Lys Asp Thr Ala Ala Glu Val Asn Lys Gly Val Arg Asp
755 760 765
Ile Met Ala Asp Ala Ala Arg Tyr Met Ser Glu Arg Leu Gly Tyr Asp
770 775 780
Ile Ala Asp Val Pro Phe Pro Ala Val Ala Glu Met Gly Pro Asn Met
785 790 795 800
Phe Asn Met Glu Val Ile Gln
805

<210> 530
<211> 103
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F510/08
<400> 530
Val Lys Glu Leu His Pro Leu His Thr Pro Glu Phe Val Lys Thr Phe
1 5 10 15
Leu Asp Gln Thr Gly Cys Leu Pro Gly Val Arg Arg Thr Gly Arg Thr
20 25 30
Thr Gly Ile Ala Leu Gln Ala Ile Gly Met Ala Leu Ser His Pro Arg
35 40 45
Glu Thr Leu Thr Phe Val Asp His Pro Asp Gly Ser Ala Ala Ala Leu
50 55 60
Val Ala Ser Ile Glu Thr Ile Leu Ala Thr Leu Gly Tyr Lys Asn Val
65 70 75 80
Leu Val Arg Pro Thr Thr Arg Ala Asp Gly Arg Ser Val Ser Ile Val
85 90 95
Phe Lys Thr Leu Pro Asn Ala
100

<210> 531
<211> 349
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F510/08
<400> 531
Met Thr Gln Gln Leu Asn Ala Leu Gln Ala Ala Leu Ala Leu Ala Asn
1 5 10 15
Lys Ala Ala Glu Thr Ala Thr Ile Asp Met Ser Glu Thr Ser Thr Gly
20 25 30
Gly Gly Gly Gly Arg Ile Phe Pro Ala Gly Thr Ala Met Gly Arg Phe
35 40 45
Cys Ile Tyr Ile Glu Leu Gly Asp His Ala Lys Glu Phe Gln Gly Lys
50 55 60
Leu Lys Asn Pro Ala Pro Gln Ile Arg Leu Gly Phe Ala Leu Trp Gly

65 70 75 80
Asp Val Asn Pro Gln Ala Gly Asn Pro Gln Ser Arg Pro Asp Asp Leu
85 90 95
Phe His Thr Tyr Glu Ala Asp Gly Ser Ile Lys Pro Gly Leu Phe Arg
100 105 110
Thr Phe Glu Met Thr Leu Gly Asn Asn Glu Lys Ser Lys Thr Lys Leu
115 120 125
Ala Phe Asp Lys Met Asn Trp Ser Gly Gln His Thr His Phe Ala Gln
130 135 140
Met Leu Gly Gln Ala Phe Ile Ile Pro Ile Lys Arg Thr Lys Ile Thr
145 150 155 160
Lys Gly Asn Asn Ala Gly Lys Glu Arg Asn Asp Ile Asp Trp Gly Gly
165 170 175
Ile Met Lys Pro Tyr Asn Pro Val Asp Gly Ser Pro Tyr Asn Val Pro
180 185 190
Glu Leu Pro Met Asp Leu Leu Gln Tyr Phe Phe Phe Asp Ala Pro Thr
195 200 205
Lys Glu Thr Trp Asp Ala Leu Tyr Ile Glu Gly Thr Ser Asp Asn Gly
210 215 220
Lys Ser Lys Asn Phe Leu Gln Glu Thr Ile Arg Ser Ala Thr Asn Phe
225 230 235 240
Pro Gly Ser Ala Leu His Ile Met Leu Gly Gly Gly Asp Asp Leu Ile
245 250 255
Ile Lys Pro Thr Ser Gln Ala Ala Gly Ser Asn Leu Pro Ala Val Pro
260 265 270
Asn Val Ala Ala Asp Ala Gly Val Ala Ala Ala Pro Ala Val Pro Ala
275 280 285
Val Pro Gln Ala Val Ala Gln Thr Ala Pro Ser Val Pro Gln Val Ala
290 295 300
Asn Val Ala Ala Pro Val Val Gly Thr Ala Glu Ala Gln Asn Val Leu
305 310 315 320
Pro Asp Val Pro Gln Val Ala Gln Thr Ala Ala Pro Ala Ala Val Glu
325 330 335
Val Pro Ala Val Pro Val Val Pro Ala Val Pro Gln Val
340 345

<210> 532
<211> 313
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F510/08
<400> 532

Met Arg Leu Pro Ser Glu Glu Phe Leu Ala Gly Leu Ser Ala Gln Phe
1 5 10 15
Asp Arg Ser Met Ala Gly Gly Thr Leu Val Cys Asp Ala Asp Gly Pro
20 25 30
Ala Tyr Val Ala Ala Ala Thr Ala Lys Thr Leu Asp Thr Ala Leu Arg
35 40 45

Arg Phe Trp Lys Leu Ile Leu Glu Gln Gln Phe Leu Ala His Cys Thr
50 55 60
Gly Thr Arg Val His Leu Thr Ala Ala Gly Gly Ala Lys Ala Tyr Arg
65 70 75 80
Asp Thr Tyr Pro Thr Met Lys Pro Tyr Gln Gly Gln Arg Lys Gly Lys
85 90 95
Ala Lys Pro Ala Leu Leu Glu Pro Leu Arg Arg Ala Val Ala Asp Val
100 105 110
His Glu Arg Gly Gly Ala Pro Glu Gly Ile Asp Val Ile Leu His Thr
115 120 125
Phe Phe Glu Ala Asp Asp Gly Met Met Met Asp Ala Tyr Ala Met Gln
130 135 140
Asp Lys Ala Ile Ile Arg Ser Asp Asp Lys Asp Leu Arg Met Thr Ile
145 150 155 160
Tyr Pro Tyr Trp Glu Ile Asp Thr Ala Cys Val Ser Arg Ile Glu Gly
165 170 175
Gly Phe Gly Tyr Leu Lys Glu Ala Tyr Thr Pro Ser Gly Gln Phe Lys
180 185 190
Leu Lys Gly His Gly Arg Lys Phe Phe Leu Ala Gln Trp Leu Gly Gly
195 200 205
Asp Thr Ala Asp Asn Ile Arg Gly Ile Asp Arg Phe Asn Gly Lys Leu
210 215 220
Cys Gly Met Lys Thr Ala Phe Asp Ile Leu His Pro Ile Thr Asp Glu
225 230 235 240
Asp Glu Ala Ile Asp Met Ile Leu Glu Ala Tyr Ala Lys Ile Lys Gln
245 250 255
Asn Pro Leu Ala Glu Ala Glu Val Leu Trp Met Arg Arg Thr Pro Thr
260 265 270
Asp Asn Ala Ala Gln Tyr Leu Leu Ser Arg Asp Leu Arg Pro Ala Phe
275 280 285
Arg Gln Trp Ile Ile Glu Leu Asp Ala Tyr His Glu Ala Leu Leu Gln
290 295 300
Lys Arg Arg Glu Ser Asp Tyr Asp Glu
305 310

<210> 533
<211> 146
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F510/08
<400> 533

Met Thr Ser Glu Pro Lys Val Tyr Gln Ile Pro Arg Ser Gln Gln Arg
1 5 10 15
Thr Phe Thr Leu Lys Leu Trp Ala Glu Gln Asn Lys Leu Cys Pro Leu
20 25 30
Cys Gly Lys Pro Ile Asp Ile Ser Val Lys Gly Glu Ala Val Met Asp
35 40 45
His Asp His Glu Thr Gly Leu Val Arg Gly Val Leu His Arg Ser Cys

50 55 60

Asn Thr Ala Glu Gly Lys Ile Thr Asn Ala Ala Gly Ser Trp Gly Cys
65 70 75 80

Lys Ser Met Lys Tyr Ser Asp Ile Ile Pro Tyr Leu Arg Ala Leu Leu
85 90 95

Thr Tyr Leu Glu Gly Pro Lys His Pro Leu Ile Tyr Pro Leu His Lys
100 105 110

Thr Asp Glu Glu Lys His Glu Ala Lys Leu Ala Lys Arg Arg Gln Ala
115 120 125

Ala Ala Lys Arg Lys Ala Ala Met Ala Val Ala Lys His Asn Ala Arg
130 135 140

Asn Val
145

<210> 534

<211> 348

<212> PRT

<213> Unknown

<220>

<223> Description of Unknown: Bacteriophage F510/08

<400> 534

Met Ser Lys Leu Arg Lys Gln Phe Thr Asn Glu Tyr Leu Arg Asn Val
1 5 10 15

Tyr Val Glu Leu Gly Leu Lys Lys Gly Ala Glu His Leu Thr Glu His
20 25 30

Ser Arg Phe Gly Glu Val Ser Arg Gln Cys Phe Arg Asn Trp Cys Ile
35 40 45

Lys Leu Gly Phe His Asp Ser Arg Thr Arg Gly Met Tyr Ala Lys Lys
50 55 60

Gly Ala Met His Trp Leu Gly Arg Lys Ala Ala Glu Val Val Arg Lys
65 70 75 80

Phe Pro Gly Ala Val Gly Asn Val Val Gly Gln Gly Pro Lys Val Leu
85 90 95

Ser Leu Asp Ile Glu Thr Ser Pro Ile Glu Gly Trp Val Trp Ser Leu
100 105 110

Trp Lys Gln Asn Val Gly Leu Asn Gln Ile Lys Arg Asp Trp Thr Ile
115 120 125

Leu Ser Phe Cys Ala Lys Trp Met His Ser Asp Glu Val Ile Tyr Met
130 135 140

Asp Cys Gln Gly Asp Pro Leu Asp Asp Met His Leu Leu Val Ala Leu
145 150 155 160

His Lys Leu Leu Asp Glu Ala Asp Ile Ile Ile Val Gln Asn Gly Lys
165 170 175

Arg Phe Asp Val Pro Lys Ile Asn Ala Arg Phe Phe Leu Asn Lys Met
180 185 190

Pro Pro Pro Arg Pro Phe Lys Val Ile Asp Thr Leu Ile Ile Ala Lys
195 200 205

Gln Gln Phe Ala Phe Thr Ser Arg Lys Leu Glu Tyr Met Thr His Lys
210 215 220

Ala Cys Thr Ile Lys Lys Arg Leu His Gly Lys Phe Pro Gly Phe Asp
225 230 235 240
Leu Trp Ala Ala Cys Leu Gln Asp Asn Pro Glu Ala Trp Glu Glu Met
245 250 255
Arg Leu Tyr Asn Ile Asp Asp Val Arg Ser Met Glu Glu Leu Tyr Ile
260 265 270
Leu Met Arg Pro Trp Phe Val Gly His Pro Asn Val Ala Val Tyr Phe
275 280 285
Asn Asp Ala Glu Pro Thr Ile Arg Cys Pro Lys Cys Gly Asp Thr Asp
290 295 300
Val Lys Gln Glu Gly Trp Val His Thr Gln Thr Gly Lys Tyr Glu His
305 310 315 320
Tyr His Cys Gly Gly Cys Gly Gly Trp Ser Arg Gly Arg Tyr Thr Arg
325 330 335
Asn Thr Ser Glu Gln Arg Lys Ala Leu Leu Ser Asn
340 345

<210> 535
<211> 123
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F510/08
<400> 535

Met Ser Leu Ala Phe Pro Asp Ser Tyr Glu Ser Thr Ile Thr Thr Glu
1 5 10 15
Pro Tyr Arg Lys Gly Ala Ser Leu Glu Glu Arg Lys Val Gly Lys Leu
20 25 30
Pro Met His Leu Val Val Glu Gly Phe Pro Leu Leu Lys Arg Glu Leu
35 40 45
Ala Arg Met Met Gln Trp Ala Ala Glu Val Lys Gly Tyr Leu Pro His
50 55 60
Asp Trp Lys Lys Met Thr Val Gly Glu Phe Lys Ser Ala Gln His Arg
65 70 75 80
His Glu Ser Lys Arg Leu Ile Asp Gly Pro Leu Asp Asp Glu Ser Asn
85 90 95
Leu Met His Leu Val His Glu Ala Phe Asn Ala Met Ala Ala Ala Glu
100 105 110
Val Ala Leu Met Asp Arg Glu Lys Gly Asn Glu
115 120

<210> 536
<211> 116
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F510/08
<400> 536

Met Ser Lys Ile Cys Trp Cys Thr Arg Pro His Glu Thr Asp Glu Gly
1 5 10 15

Val Arg Val Ile Trp Ala Phe Asn Glu Arg Gly Ile Gly Val Asn Tyr
20 25 30
Val Thr Ala Tyr Ile Thr Pro Ala Met Val Ser His Arg Asp Trp Ser
35 40 45
Asp Val Ile Leu Pro Asp Ile Leu Arg Glu Met Ala Glu Arg Leu Glu
50 55 60
Arg Glu Val Lys Leu Val Glu Leu Arg Trp Phe Arg Ala Glu Ile Leu
65 70 75 80
Ser Cys Gly Glu Trp Arg Asp Tyr Arg Ala Met Thr Leu Glu Gly Ala
85 90 95
Val Ser Leu Ala Glu Ala Glu Trp Gly Pro Glu Asp Ile Gly Arg Val
100 105 110
Ile Glu Arg Arg
115

<210> 537
<211> 816
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F510/08
<400> 537

Met Asp Leu Ile Gln Gln Gln Ile Ala His Glu Glu Ala Leu Val Gly
1 5 10 15
Ala Ala Gln Asn Asp Ala Arg Ile Ala Leu Glu Lys Ala Ile Ala Gln
20 25 30
Gly Ser Ile Asp Arg Ile Pro Arg Ala Arg Ile Met Leu Met Arg Met
35 40 45
Leu Pro Ile Val Thr Glu Ala Ile Phe Ala His Gln Glu Ala Lys Ala
50 55 60
Ala Gly Pro Ala Ala Lys Leu Arg His Leu Leu Arg Ile Ile Asp Ala
65 70 75 80
Gln Asp Leu Ala Val Met Ala Leu Arg Ala Gly Leu Ser Met Leu Ile
85 90 95
Asn Tyr Pro Thr Ile Thr Ala Thr Lys Tyr Tyr Thr His Met Gly Lys
100 105 110
Ile Leu Cys Arg Glu Ile Glu Val Arg Leu Ala Phe Lys Val Asn Gln
115 120 125
Pro Tyr Tyr Asp Arg Thr Leu Asp Tyr Leu Lys Thr Ser Arg Thr Arg
130 135 140
Ser Val Arg His Ile Gln Lys Thr Met Asp Ala Leu Leu Asp Ala Val
145 150 155 160
Leu Pro Glu Glu Ala Arg Ile Asp Leu Pro Asp Gly Asp Tyr Leu Arg
165 170 175
Leu Gly Lys Phe Ile Gly Asp Pro Leu Ile Gln Cys Gly Leu Phe Glu
180 185 190
Pro Asn Arg Phe Thr Gly Arg Gly Gly Thr Ser Val His Leu Glu Pro
195 200 205
Ser Pro Glu Ala Lys Glu Phe Leu Gln Asp Pro Ser Ala Ala Met Thr

```
          210                 215                 220
Trp Gly Gly Pro Gly Arg Ser Val Met Leu Ala Pro Pro Arg Pro Trp
225                 230                 235                 240
Asn Asp Trp Cys Asp Gly Gly Tyr Tyr Ser Ala Lys Ala Gln Lys His
                245                 250                 255
His Val Leu Val Arg Arg Thr Lys His Gln Thr Lys Arg Ala Arg Gln
            260                 265                 270
Met Gln Leu Arg His Leu Gly Arg Asp Lys Met Pro Arg Val Tyr Glu
        275                 280                 285
Ala Val Asn Ala Leu Gln Ser Val Ala Tyr Glu Ile Asn His Asp Val
    290                 295                 300
Tyr Glu Ile Ile Glu Arg Val Phe Thr Ser Gly Gly Gly Val Leu Gly
305                 310                 315                 320
Ile Pro Gln Arg Thr Tyr Pro Asp Lys Pro Glu Phe Pro Leu Gly Asp
                325                 330                 335
Glu Trp Ala Lys Glu Asn Ala Ser Glu Gln Glu Leu Glu Ala Phe Asn
            340                 345                 350
Arg Trp Lys Arg Ser Val His Arg Trp Tyr Thr Gly Glu Arg Glu His
        355                 360                 365
Thr Ala Lys Leu Arg Glu Phe Ala Ala Leu Tyr Arg Val Val Arg Glu
    370                 375                 380
His His Gly Lys Ala Val Tyr Phe Pro Met His Val Asp Ser Arg Gly
385                 390                 395                 400
Arg Met Tyr Tyr Trp Gly Thr Pro Asn Pro Gln Gly Ser Asp Ile Ala
                405                 410                 415
Lys Ala Cys Leu Arg Phe His Glu Lys Arg Ala Leu Gly Lys Arg Gly
            420                 425                 430
Leu Tyr Trp Leu Lys Val His Val Ala Asn Ser Leu Gly Cys Asp Lys
        435                 440                 445
Val Tyr Phe Asp Asp Arg Ala Ala Trp Val Asp Glu Arg Trp Asp Asp
    450                 455                 460
Phe Gln Arg Ala Leu Asp Glu Gly Pro Glu Asn Tyr Pro Asn Leu Phe
465                 470                 475                 480
Pro Glu Asp Glu Ser Pro Leu Cys Ala Ile Ala Gly Leu Leu Glu Leu
                485                 490                 495
Arg Ala Ala Tyr Ala Ser Gly Asn Pro Glu Gly Tyr Ala Ser Gly Phe
            500                 505                 510
Ile Val His Met Asp Ala Thr Cys Ser Gly Leu Gln His Tyr Ser Ala
        515                 520                 525
Ile Leu Arg Asp Glu Ile Gly Gly Ala Tyr Val Asn Leu Leu Pro Pro
    530                 535                 540
Gly Leu Ala Lys Ala Asp Ile Tyr Ser Arg Val Leu Gly Leu Val Asn
545                 550                 555                 560
Glu Ser Leu Glu Arg Asp Arg Ala Glu Gly Ala Asp Gly Glu Ala Arg
                565                 570                 575
Gly Tyr Ala Ile Leu Trp Asp Lys Ala Gly Leu Thr Arg Ser Leu Thr
            580                 585                 590
Lys Lys Pro Cys Met Thr Leu Val Tyr Gly Thr Thr Phe Lys Gly Val
```

595 600 605
Val Asp His Cys Leu Asp Tyr Leu Asp Glu Ser Gly Val Glu Ile Pro
610 615 620
Glu Gly Val Pro Ser Tyr Arg Leu Gly Ser Tyr Met Ala Thr Leu Ile
625 630 635 640
Leu Asp Ala Ile Arg Glu Thr Val Pro Ser Ala Val Phe Ala Met Glu
645 650 655
Trp Leu Gln Arg Leu Ala Arg Ala Leu Pro Asp Ala Ser Lys Asp Leu
660 665 670
His Trp Thr Thr Pro Leu Gly Met Gln Val Phe Gln Ser Tyr Pro Lys
675 680 685
Thr Glu Glu Val Arg Val Arg Leu Arg Ala Glu Ala Val Glu Tyr Val
690 695 700
Thr Leu Tyr Glu Ala Lys Asp Glu Leu Asp Pro Val Arg Asn Ala Asn
705 710 715 720
Gly Ile Ala Pro Asn Phe Val His Gly Leu Asp Ser Ser His Leu Gly
725 730 735
Leu Thr Ala Leu Ala Cys Ala Ala Glu Gly Ile Pro Ile Gln Ala Ile
740 745 750
His Asp Ser Met Gly Thr Tyr Ala Ala Asp Val Asp Arg Met His Val
755 760 765
His Ile Arg Glu Gln Phe Ile Ala Met Tyr Ser Gly Pro Cys Val Leu
770 775 780
Val Glu Leu Ala Lys Gln Leu Gly Ile Glu Ala Thr Pro Pro Arg Arg
785 790 795 800
Gly Ser Leu Asn Leu Glu Ala Val Arg Asp Ser Trp Ala Phe Phe Cys
805 810 815

<210> 538
<211> 83
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F510/08
<400> 538
Met Ala Thr Met Lys Thr His Arg Pro Thr Val Met Ser Pro Thr Val
1 5 10 15
Glu Gly Ser Arg Thr Gly Lys Gly Thr Ala Arg Pro Val Thr Phe Thr
20 25 30
Ser Gln Gln Ile Glu Trp Leu Glu Gln Thr Phe Pro Glu His Gln Ile
35 40 45
Gly Pro Gly Thr Thr Met Glu Asp Ile Gln Phe Gln Ala Gly Arg Arg
50 55 60
Asp Val Val Arg Ala Val Arg Leu Arg Arg Arg Asp Ala Ile Ala Val
65 70 75 80
Glu Leu Lys

<210> 539
<211> 157
<212> PRT

<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F510/08
<400> 539

Met Asn Lys Ser Ile Trp Arg Val His Ala Lys Ala Gly Thr Pro Ser
1 5 10 15
Glu Leu Gln Gly Leu Cys Trp Leu Ala Ile Gln Glu Leu Glu Glu Phe
20 25 30
Thr Leu Phe Arg Ser Lys Asp Asp Ala Leu Asn Ala Met Leu Asp Ser
35 40 45
Ile Glu Gly Asn Asp Arg Thr Glu Leu Leu Val Phe Arg Asp Gly Gln
50 55 60
Leu Ala Gly Gly Ala Cys Ile Val Phe Glu Asp Asp Pro His Val Gly
65 70 75 80
Pro Cys Val Thr Ala Gln Trp Gln Tyr Val Leu Pro Arg Tyr Arg Asn
85 90 95
Thr Gly Val Val Arg Glu Phe Ile Arg Glu Leu His Arg Gln Ala Gly
100 105 110
Trp Gly Gln Ile Pro Leu Val Cys Trp Ser His Arg Glu Ser Asp Ser
115 120 125
Arg Tyr Thr Ile His Tyr Arg Arg Ala Lys Pro Tyr Gly Gln Glu Ser
130 135 140
Lys Glu Gly Ala Gly Gln Asp His His Arg Gln Thr Arg
145 150 155

<210> 540
<211> 98
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F510/08
<400> 540

Met Gly Lys Lys Val Lys Lys Val Leu Gly Lys Thr Ile Ile Gly Lys
1 5 10 15
Leu Ala Asp Gly Leu Leu Gly Thr Asp Leu Ser Gly Ala Gln Ser Asp
20 25 30
Ala Arg Lys Met Glu Glu Gln Asn Arg Leu Met Gln Gln Gln Ala Asp
35 40 45
Gln Leu Ala Arg Asn Gln Gln Val Asp Leu Thr Ala Glu Asn Val Ala
50 55 60
Gln Val Asp Leu Gly Ala Met Ala Asp Ala Thr Gly Thr Gly Thr Arg
65 70 75 80
Arg Arg Arg Asn Gln Ala Gly Thr Gly Val Ser Gln Thr Leu Gly Ile
85 90 95
Asn Tyr

<210> 541
<211> 510
<212> PRT
<213> Unknown

<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F510/08
<400> 541

```
Met Lys Thr Thr Ala Ala Met Leu Trp Glu Lys Leu Arg Asp Gly Ser
1               5                  10                  15
Val Glu Ser Arg Ala Ile Glu Phe Ala Lys Thr Thr Leu Pro Tyr Leu
            20                  25                  30
Met Val Asp Pro Met Ser Gly Ser Arg Gly Val Val Glu His Asp Phe
        35                  40                  45
Gln Ser Ala Gly Ala Leu Leu Val Asn Asn Leu Ala Ala Lys Leu Ala
    50                  55                  60
Arg Ser Leu Phe Pro Thr Gly Ile Pro Phe Phe Arg Ser Glu Leu Thr
65                  70                  75                  80
Asp Ala Ile Arg Arg Glu Ala Asp Ser Arg Asp Thr Asp Ile Thr Glu
                85                  90                  95
Val Thr Ala Ala Leu Ala Arg Val Asp Arg Lys Ala Thr Gln Arg Leu
            100                 105                 110
Phe Gln Asn Ala Ser Leu Ala Val Leu Thr Gln Val Ile Lys Leu Leu
        115                 120                 125
Ile Val Thr Gly Asn Ala Leu Leu Tyr Arg Asp Ser Ala Ala Ala Thr
    130                 135                 140
Val Val Ala Trp Ser Leu Arg Ser Tyr Ala Val Arg Arg Asp Ala Thr
145                 150                 155                 160
Gly Arg Trp Met Asp Ile Val Leu Lys Gln Arg Tyr Lys Ser Lys Asp
                165                 170                 175
Leu Asp Glu Glu Tyr Lys Gln Asp Leu Met Arg Ala Gly Arg Asn Leu
            180                 185                 190
Ser Gly Ser Gly Ser Val Asp Leu Tyr Thr His Val Gln Arg Lys Lys
        195                 200                 205
Gly Thr Ala Met Glu Tyr Ala Glu Leu Tyr His Glu Ile Asp Gly Val
    210                 215                 220
Arg Val Gly Lys Glu Gly Arg Trp Pro Ile His Leu Cys Pro Tyr Ile
225                 230                 235                 240
Val Pro Thr Trp Asn Leu Ala Pro Gly Glu His Tyr Gly Arg Gly His
                245                 250                 255
Val Glu Asp Tyr Ile Gly Asp Phe Ala Lys Leu Ser Leu Leu Ser Glu
            260                 265                 270
Lys Leu Gly Leu Tyr Glu Leu Glu Ser Leu Glu Val Leu Asn Leu Val
        275                 280                 285
Asp Glu Ala Lys Gly Ala Val Val Asp Asp Tyr Gln Asp Ala Glu Met
    290                 295                 300
Gly Asp Tyr Val Pro Gly Gly Ala Glu Ala Val Arg Ala Tyr Glu Arg
305                 310                 315                 320
Gly Asp Tyr Asn Lys Met Ala Ala Ile Gln Gln Ser Leu Gln Ala Val
                325                 330                 335
Val Val Arg Leu Asn Gln Ala Phe Met Tyr Gly Ala Asn Gln Arg Asp
            340                 345                 350
Ala Glu Arg Val Thr Ala Glu Glu Val Arg Ile Thr Ala Glu Glu Ala
```

```
        355                 360                 365
Glu Asn Thr Leu Gly Gly Thr Tyr Ser Leu Leu Ala Glu Asn Leu Gln
    370                 375                 380
Ser Pro Leu Ala Tyr Val Cys Leu Ser Glu Val Asp Asp Ala Leu Leu
385                 390                 395                 400
Gln Gly Leu Ile Thr Lys Gln His Lys Pro Ala Ile Glu Thr Gly Leu
                405                 410                 415
Pro Ala Leu Ser Arg Ser Ala Ala Val Gln Ser Met Leu Asn Ala Ser
            420                 425                 430
Gln Val Ile Ala Gly Leu Ala Pro Ile Ala Gln Leu Asp Pro Arg Ile
        435                 440                 445
Ser Leu Pro Lys Met Met Asp Thr Ile Trp Ala Ala Phe Ser Val Asp
    450                 455                 460
Thr Ser Gln Phe Tyr Lys Ser Ala Asp Glu Leu Glu Ala Glu Ala Glu
465                 470                 475                 480
Gln Gln Arg Gln Gln Ala Ala Gln Ala Gln Ala Ala Gln Glu Thr Leu
                485                 490                 495
Leu Glu Gly Ala Ser Asp Met Thr Asn Ala Leu Ala Gly Val
            500                 505                 510
<210> 542
<211> 322
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F510/08
<400> 542
Met Thr Gln Pro Asn Asp Gln Gln Leu Pro Pro Gly Leu Ala Asn Leu
1               5                   10                  15
Val Ala Asn Val Pro Pro Ala Ala Ala Pro Thr Pro Ser His Val Gln
            20                  25                  30
Val Leu Pro Asn Pro Val Ile Gln Pro Gln Ala Pro Val Gln Pro Gly
        35                  40                  45
Gln Val Gly Ala Pro Gln Gln Leu Ala Ile Pro Thr Gln Gln Pro Gln
    50                  55                  60
Pro Val Pro Thr Ser Ala Met Thr Pro His Tyr Gln Pro Val Ala Val
65                  70                  75                  80
Pro Val Ala Gly Gln Pro Val Val Pro Gln Ala Pro Ala Gln Pro Ala
                85                  90                  95
Pro Val Ala Pro Pro Ala Ala Gly Ala Val Leu Pro Glu Asn Leu Glu
            100                 105                 110
Val Pro Pro Pro Pro Ala Phe Thr Pro Asn Gly Glu Ile Val Gly Thr
        115                 120                 125
Leu Ala Gly Asn Leu Glu Gly Asp Pro Gln Leu Ala Pro Ser Ile Ser
    130                 135                 140
Tyr Leu Glu Ala Phe Ser Asp Lys Leu Asp Thr Val Arg Ala Phe Gly
145                 150                 155                 160
Lys Ala Ala Glu Asn Arg Asp Pro Arg Phe Ile Asp Glu His Tyr Leu
                165                 170                 175
```

Lys Glu Val Leu Gly Pro Ala Gln Ala Gln His Val Ile Asn Val Ala
180 185 190
Lys Gly Val Leu Thr Tyr Val Asp Ala Gln Thr Lys Ala Val Leu Asn
195 200 205
Gln Thr Tyr Ala Ala Val Gly Gly Glu Ala Val Leu Lys Gln Ala Ala
210 215 220
Gly Val Phe Asn Gln His Ala Asp Pro Ala Thr Lys Ala Ala Ile Gly
225 230 235 240
Arg Leu Met Asp Ser Gly Asp Ala Gln Ala Met Gln Tyr Ala Ala Lys
245 250 255
Gln Ile Val Ala Phe Ala Gln Gly Ser Gly Ala Val Val Gln Ala Thr
260 265 270
Gly Gln Pro Leu Gly Ala Ala Ala Pro Ala Leu Ala Ala Leu Ser Ala
275 280 285
Glu Gln Tyr Arg Leu Glu Val Ser Lys Leu Pro Leu Asn Ala Ser Glu
290 295 300
Ala Glu Met Ala Ala Leu Arg Glu Arg Arg Lys Ala Gly Met Ala Gln
305 310 315 320
Gly Ile

<210> 543
<211> 335
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F510/08
<400> 543

Met Ser Phe Leu Asn Asp Leu Thr Arg Pro Asn Tyr Ala Gly Lys Asn
1 5 10 15
Ala Asp Val Asp Ile His Leu Glu Glu His Leu Gly Ile Val Asp Lys
20 25 30
His Phe Ala Tyr Thr Ser Lys Phe Ala Pro Leu Met Asn Ile Arg Asp
35 40 45
Leu Arg Gly Ser Asn Val Val Arg Leu Asp Arg Leu Gly Asn Val Glu
50 55 60
Ala Lys Gly Arg Arg Ala Gly Glu Glu Leu Glu Arg Ser Arg Val Val
65 70 75 80
Asn Asp Lys Trp Asn Leu Thr Val Asp Thr Leu Leu Tyr Leu Arg His
85 90 95
Gln Phe Asp His Gln Asp Glu Trp Thr Gln Ser Phe Asp Met Arg Lys
100 105 110
Glu Val Ala Glu Leu Asp Gly Gln Glu Leu Ala Arg Lys Phe Asp Gln
115 120 125
Ala Cys Leu Ile Gln Val Ile Lys Ala Ala Ala Met Asp Ala Pro Val
130 135 140
Asp Leu Glu Asp Ala Phe Ser Pro Gly Val Leu Glu Lys Leu Asp Leu
145 150 155 160
Thr Gly Leu Thr Ala Lys Gln Ala Ala Asp Lys Ile Val Arg Met His
165 170 175

Arg Arg Val Val Glu Thr Phe Ile Asp Arg Asp Leu Gly Asp Ala Val
180 185 190
Tyr Ser Glu Gly Leu Thr Pro Met Ser Pro Arg Val Phe Ser Leu Leu
195 200 205
Leu Glu His Asp Lys Leu Met Asn Val Glu Tyr Gln Ala Thr Gly Ala
210 215 220
Thr Asn Asp Tyr Val Lys Ser Arg Val Ala Ile Leu Asn Gly Val Lys
225 230 235 240
Val Leu Glu Thr Pro Arg Phe Ala Thr Lys Ala Ile Ala Ala His Pro
245 250 255
Leu Gly Arg His Phe Asn Val Ser Ala Glu Glu Ser Glu Arg Gln Ile
260 265 270
Ala Leu Phe Leu Pro Ser Lys Thr Leu Ile Thr Ala Gln Val Ala Pro
275 280 285
Val Gln Ala Lys Leu Trp Glu Asp Asn Glu Lys Phe Ser Trp Val Leu
290 295 300
Asp Thr Phe Gln Met Tyr Asn Ile Gly Ala Arg Arg Pro Asp Thr Ala
305 310 315 320
Gly Ala Ile Glu Leu Lys Gly Ile Gly Ala Phe Asp Ile Thr Ala
325 330 335

<210> 544
<211> 184
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F510/08
<400> 544

Met Leu Leu Leu Asp Ala Val Asn Val Ile Leu Arg Lys Ile Gly Glu
1 5 10 15
Leu Pro Ile Pro Ser Met Asp Glu Thr Tyr Pro Thr Met Ala Ile Ala
20 25 30
Leu Pro Glu Leu Glu Asp Gln Arg Ile Gln Leu Leu Thr Gln Gly Trp
35 40 45
Trp Phe Asn Thr Trp Trp Lys His Lys Leu Thr Pro Asp Pro Gln Gly
50 55 60
Arg Ile Asn Leu Pro Lys Asp Thr Leu Ala Phe Tyr Pro Asp Ser Pro
65 70 75 80
Asp Leu Gln Trp Asp Gly Leu Gly Val Arg Asp Ala Asn Thr Gly Asp
85 90 95
Asp Arg Ile Gly Lys Ser Val Glu Gly Arg Leu Val Leu Ser Arg Glu
100 105 110
Trp Asp Arg Ile Pro Glu Ile Ala Gln Arg Val Ile Ala His Gln Ala
115 120 125
Ala Leu Ala Val Tyr Thr His Glu Ile Gly Pro Asp Glu Thr Ala Gln
130 135 140
Val Ile Ala Gln Glu Leu Gln Ala Tyr Gln Asn Glu Leu Ser Arg Met
145 150 155 160
His Thr Arg Ser Arg Pro Leu Asn Thr Gln Ala Lys Arg Ser Phe Ser

165 170 175

Arg Trp Arg Arg Ser Leu Arg Thr
180

<210> 545
<211> 826
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F510/08
<400> 545

Met Ser Tyr Lys Gln Ser Ala Tyr Pro Asn Leu Leu Met Gly Val Ser
1 5 10 15
Gln Gln Val Pro Phe Glu Arg Leu Pro Gly Gln Leu Ser Glu Gln Ile
20 25 30
Asn Met Val Ser Asp Pro Val Ser Gly Leu Arg Arg Arg Ser Gly Ile
35 40 45
Glu Leu Met Ala His Leu Leu His Thr Asp Gln Pro Trp Pro Arg Pro
50 55 60
Phe Leu Tyr His Thr Asn Leu Gly Gly Arg Ser Ile Ala Met Leu Val
65 70 75 80
Ala Gln His Arg Gly Glu Leu Tyr Leu Phe Asp Glu Arg Asp Gly Arg
85 90 95
Leu Leu Met Gly Gln Pro Leu Ala His Asp Tyr Leu Lys Ala Asp Asp
100 105 110
Tyr Arg Gln Leu Arg Ala Ala Thr Val Ala Asp Asp Leu Phe Ile Ala
115 120 125
Asn Leu Ser Val Lys Pro Glu Ala Asp Arg Thr Asp Val Lys Gly Val
130 135 140
Asp Pro Asn Lys Ala Gly Trp Leu Tyr Ile Lys Ala Gly Gln Tyr Ser
145 150 155 160
Lys Ala Phe Ser Met Thr Ile Lys Val Lys Asp Asn Ala Thr Gly Thr
165 170 175
Thr Tyr Ser His Thr Ala Thr Tyr Val Thr Pro Asp Asn Ala Ser Thr
180 185 190
Asn Pro Asn Leu Ala Glu Ala Pro Phe Gln Thr Ser Val Gly Tyr Ile
195 200 205
Ala Trp Gln Leu Tyr Gly Lys Phe Phe Gly Ala Pro Glu Tyr Thr Leu
210 215 220
Pro Asn Ser Thr Lys Lys Tyr Pro Lys Val Asp Pro Asp Ala Asn Ala
225 230 235 240
Ala Thr Ile Ala Gly Tyr Leu Asn Gln Arg Gly Val Gln Asp Gly Tyr
245 250 255
Ile Ala Phe Arg Gly Asp Ala Asp Ile Val Val Glu Val Ser Thr Asp
260 265 270
Met Gly Asn Asn Tyr Gly Ile Ala Ser Gly Gly Met Ser Leu Asn Ala
275 280 285
Thr Ala Asp Leu Pro Ala Leu Leu Pro Gly Ala Gly Ala Pro Gly Val
290 295 300

Gly Val Gln Phe Met Gly Gly Ala Val Met Ala Thr Gly Ser Thr Lys
305 310 315 320
Ala Pro Val Tyr Phe Glu Trp Asp Ser Ala Asn Arg Arg Trp Ala Glu
325 330 335
Arg Ala Ala Tyr Gly Thr Asp Trp Val Leu Lys Lys Met Pro Leu Ala
340 345 350
Leu Arg Trp Asp Glu Ala Thr Asp Thr Tyr Ser Leu Asn Glu Leu Glu
355 360 365
Tyr Asp Arg Arg Gly Ser Gly Asp Glu Asp Thr Asn Pro Thr Phe Asn
370 375 380
Phe Val Thr Arg Gly Ile Thr Gly Met Thr Thr Phe Gln Gly Arg Leu
385 390 395 400
Val Leu Leu Ser Gln Glu Tyr Val Cys Met Ser Ala Ser Asn Asn Pro
405 410 415
His Arg Trp Phe Lys Lys Ser Ala Ala Ala Leu Asn Asp Asp Asp Pro
420 425 430
Ile Glu Ile Ala Ala Gln Gly Ser Leu Thr Glu Pro Tyr Glu His Ala
435 440 445
Val Thr Phe Asn Lys Asp Leu Ile Val Phe Ala Lys Lys Tyr Gln Ala
450 455 460
Val Val Pro Gly Gly Gly Ile Val Thr Pro Arg Thr Ala Val Ile Ser
465 470 475 480
Ile Thr Thr Gln Tyr Asp Leu Asp Thr Arg Ala Ala Pro Ala Val Thr
485 490 495
Gly Arg Ser Val Tyr Phe Ala Ala Glu Arg Ala Leu Gly Phe Met Gly
500 505 510
Leu His Glu Met Ala Pro Ser Pro Ser Thr Asp Ser His Tyr Val Ala
515 520 525
Glu Asp Val Thr Ser His Ile Pro Ser Tyr Met Pro Gly Pro Ala Glu
530 535 540
Tyr Ile Gln Ala Ala Ala Ser Ser Gly Tyr Leu Val Phe Gly Thr Ser
545 550 555 560
Thr Ala Asp Glu Met Ile Cys His Gln Tyr Leu Trp Gln Gly Asn Glu
565 570 575
Lys Val Gln Asn Ala Phe His Arg Trp Thr Leu Arg His Gln Ile Ile
580 585 590
Gly Ala Tyr Phe Thr Gly Asp Asn Leu Met Val Leu Ile Gln Lys Gly
595 600 605
Gln Glu Ile Ala Leu Gly Arg Met His Leu Asn Ser Leu Pro Ala Arg
610 615 620
Glu Gly Leu Gln Tyr Pro Lys Tyr Asp Tyr Trp Arg Arg Ile Glu Ala
625 630 635 640
Thr Val Asp Gly Glu Leu Glu Leu Thr Lys Gln His Trp Asp Leu Ile
645 650 655
Lys Asp Ala Ser Ala Val Tyr Gln Leu Gln Pro Val Ala Gly Ala Tyr
660 665 670
Met Glu Arg Thr His Leu Gly Val Lys Arg Glu Thr Asn Thr Lys Val
675 680 685

Phe Leu Asp Val Pro Glu Ala Val Val Gly Ala Val Tyr Val Val Gly
690 695 700
Cys Glu Phe Trp Ser Lys Val Glu Phe Thr Pro Pro Val Leu Arg Asp
705 710 715 720
His Asn Gly Leu Pro Met Thr Ser Thr Arg Ala Val Leu His Arg Tyr
725 730 735
Asn Val Asn Phe Gly Trp Thr Gly Glu Phe Leu Trp Arg Ile Ser Asp
740 745 750
Thr Ala Arg Pro Asn Gln Pro Trp Tyr Asp Thr Thr Pro Leu Arg Leu
755 760 765
Phe Ser Arg Gln Leu Asn Ala Gly Glu Pro Leu Val Asp Ser Ala Val
770 775 780
Val Pro Leu Pro Ala Arg Val Asp Met Ala Thr Ser Lys Phe Glu Leu
785 790 795 800
Ser Cys His Ser Pro Tyr Asp Met Asn Val Arg Ala Val Glu Tyr Asn
805 810 815
Phe Lys Ser Asn Gln Thr Tyr Arg Arg Val
820 825

<210> 546
<211> 181
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F510/08
<400> 546
Met Ala Phe Trp Leu Pro Leu Leu Ala Ala Gly Gly Met Ser Ala Leu
1 5 10 15
Gln Gln Gly Leu Ala Asn Lys Glu Glu Arg Asn Lys Ile Lys Ala Glu
20 25 30
Asn Lys Ala Arg Leu Lys Thr Asp Leu Asp Asn Leu Gly Ala Ala Ala
35 40 45
Arg Asp Ile Ala Asn Leu Gly Val Met Ala Ala Ser Tyr Arg Lys Gln
50 55 60
Ala Val Ala Ser Gln Val Glu Ala Lys Arg Gln Gly Met Leu Ala Gly
65 70 75 80
Gly Ser Ala Glu Ala Gln Ala Gly Ala Phe Gly Val Lys Gly Ala Ser
85 90 95
Val Asp Ala Val Ala Leu Asp Ile Glu Arg Glu Val Gly Glu Ala Leu
100 105 110
Ile Gln Ile Asp Asp Asn Leu Asp Asn Gln Met Trp Asn Leu Ala Glu
115 120 125
Gln Ala His Ser Ile Gln Ala Gln Ala Lys Ala Gly Leu Leu Gly Gln
130 135 140
Lys Ser Thr Thr Ala Gly Gln Arg Ser Pro Leu Val Ala Gly Leu Met
145 150 155 160
Ser Ala Gly Ser Leu Tyr Ala Ser Gln Tyr Phe Lys Phe Gly Ala Thr
165 170 175
Pro Lys Gly Gly Asn

180

<210> 547
<211> 898
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F510/08
<400> 547

Met Ala Glu Ser Gln Arg Ala Ser Gln Glu Leu Gly Ile Asn Val Gly
1 5 10 15
Gln Thr Gln Leu Gln Pro Gly Gln Ser Ala Arg Arg Gly Val Arg Asp
20 25 30
Ser Glu Val Asn Tyr Ser Gly Pro Ser Val Gly Ser Gln Ile Leu Asp
35 40 45
Gly Ile Leu Gly Ala Gly Gln Gln Ile Ala Gly Lys Trp Phe Glu His
50 55 60
Asn Val Gln Gln Glu Val Leu Arg Gly Glu Arg Ala Arg Met Ala Gly
65 70 75 80
Glu Ala Glu Glu Ala Val Asp Ser Asn Val Leu Ala Lys Pro Phe Val
85 90 95
Lys Gly Gly Trp Arg Lys Gln Asp Tyr Arg Ile Ala Gln Ala Asp Phe
100 105 110
Ser Leu Lys Met Gln Arg Phe Ile Ala Asn Lys Gly Arg Glu Met Thr
115 120 125
Pro Glu Glu Phe Arg Lys Tyr Leu Ser Gln Glu Ala Thr His Val Leu
130 135 140
Asp Ser Thr Glu Gly Met Asn Pro Asn Asp Ala Leu Gln Ala Leu Ala
145 150 155 160
Gln Gln Gln Lys Ala Glu Glu Gln Leu Phe Gly Met Gln Ala Lys Ala
165 170 175
Tyr Met Asp Trp Ser Ile Asp Gln Ala Ala Arg Gly Phe Arg Thr Gln
180 185 190
Gly Asn Ser Ile Leu Ala Lys Ala Val Gln Ala Gln Ala Thr Gly Asp
195 200 205
Glu Leu Ser Arg Gln Leu Ser Leu Glu Glu Ala Gly Leu Phe Tyr Thr
210 215 220
Asn Ile Met Thr Ser Glu Asp Ile Pro Leu Glu Val Arg Asp Lys Val
225 230 235 240
Gly Met Gln Phe Leu Ala Ala Ser Leu Asp Met Asn Gln Arg Gly Ile
245 250 255
Tyr Glu Gly Leu Arg Asp Ala Gly Phe Leu Asp Ser Met Ser Phe Asp
260 265 270
Asp Arg Arg Ala Leu Asn Gly Leu Tyr Glu Lys Ser Lys Ala Gln Thr
275 280 285
Arg Ala Lys Glu Ser Met Ala Thr Leu Arg Ala Asp Ala Asp Phe Gln
290 295 300
Gln Arg Val Ala Asn Gly Ala Ile Thr Asp Leu Ala Glu Val Glu Ala
305 310 315 320

Tyr Ser Arg Gly Met Val Glu Glu Gly Arg Trp Ser Asp Ala Gln Ala
325 330 335
Ile Ser Phe Met Thr Lys Ala Met Thr Gly Leu Gly Asn Ala Gln Arg
340 345 350
Met Gln Gly Ile Met Ala Ala Leu Glu Ala Gly Asp Ile Asn Ala Leu
355 360 365
His Thr Leu Gly Thr Asn Val Thr Glu Ala Leu Glu Gln Trp Asp Lys
370 375 380
Met Gln Ala Ala Asn Gly Ser Ser Leu Thr Asp Arg Leu Val Gln Gly
385 390 395 400
Thr Gln Leu Gly Leu Arg Leu Gly Thr Phe Pro Lys Thr Tyr Gly Glu
405 410 415
Ser Val Gly Ser Ala Val Arg Met Ile Gln Ala Ala Lys Glu Gly Glu
420 425 430
Ala Asn Pro Glu Leu Val Asn Thr Leu Asn Ser Ile Phe Glu Gln Val
435 440 445
Ala Ser Ala Gln Glu Ile Asn Pro Ser Ala Gly Asn Val Met Leu Ser
450 455 460
Gly Ile Pro Glu Ala Glu Gln Gly Ala Val Ala Trp Ala Leu Lys Gln
465 470 475 480
Met Lys Met Gly Ile Ala Pro Ala Gln Ala Leu Arg Glu Phe Ser Ala
485 490 495
Asn Ala Glu Val Val Lys Gln Met Asp Glu Phe Glu Lys Gly Gln Asn
500 505 510
Thr Lys Ala Phe Lys Asp Asn Leu Gly Lys Gln Val Asn Asp Lys Phe
515 520 525
Val Asn Asn Ile Phe Gly Arg Ala Trp Asn Met Leu Thr Gly Glu Ser
530 535 540
Asp Leu Ser Asn Asn Glu Ala Val Leu Ser Met Tyr Arg Arg Ala Thr
545 550 555 560
Ile Asp Glu Ala Asn Trp Leu Ala Ser Asp Arg Lys His Ala Gly Leu
565 570 575
Leu Thr Ser Asp Thr Gly Arg Glu Ala Leu Leu Glu Ile Ala Ala Ala
580 585 590
Asn Val Arg Asn Arg Thr Ile Gln Val Gly Glu Gly Arg Asn Leu Lys
595 600 605
Glu Gly Asp Leu Phe Ser Arg Arg Asp Ser Ala Pro Leu Ile Leu Pro
610 615 620
Arg Gly Thr Thr Ala Glu Gln Leu Phe Gly Thr Asn Asp Thr Glu Thr
625 630 635 640
Ile Gly Thr Val Leu Ala Glu Gln His Lys Pro His Val Glu Gly Leu
645 650 655
Leu Gly Tyr Lys Ser Val Val Ala Phe Glu Tyr Asp Arg Thr Arg Gly
660 665 670
Ser Leu Leu Ala Val Glu Tyr Asp Glu Asn Gly Val Ala Leu Asp Arg
675 680 685
Thr Arg Val Asp Pro Gln Ala Val Gly Asn Glu Val Leu Lys Arg Asn
690 695 700

Ala Asp Lys Leu Asn Ala Met Arg Gly Ala Glu Tyr Gly Ala Asn Val
705 710 715 720
Lys Val Ser Gly Thr Asp Ile Arg Met Asn Gly Gly Asn Ser Ala Gly
725 730 735
Met Leu Lys Gln Asp Val Phe Asn Trp Arg Lys Glu Leu Ala Gln Phe
740 745 750
Glu Ala Tyr Arg Gly Glu Ala Tyr Lys Asp Ala Asp Gly Tyr Ser Val
755 760 765
Gly Leu Gly His Tyr Leu Gly Ser Gly Asn Ala Gly Ala Gly Thr Thr
770 775 780
Val Thr Pro Glu Gln Ala Ala Gln Trp Phe Ala Glu Asp Thr Asp Arg
785 790 795 800
Ala Leu Asp Gln Gly Val Arg Leu Ala Asp Glu Leu Gly Val Thr Asn
805 810 815
Asn Ala Ser Ile Leu Gly Leu Ala Gly Met Ala Phe Gln Met Gly Glu
820 825 830
Gly Arg Ala Arg Gln Phe Arg Asn Thr Phe Gln Ala Ile Lys Asp Arg
835 840 845
Asn Lys Glu Ala Phe Glu Ala Gly Val Arg Asn Ser Lys Trp Tyr Thr
850 855 860
Gln Thr Pro Asn Arg Ala Glu Ala Phe Ile Lys Arg Met Ala Pro His
865 870 875 880
Phe Asp Thr Pro Ser Gln Ile Gly Val Asp Trp Tyr Ser Ala Ala Thr
885 890 895
Ala Glu

<210> 548
<211> 1337
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F510/08
<400> 548

Met Ala Lys Gln Phe Lys Gly Arg Met Thr Pro Lys Tyr Pro Leu Asp
1 5 10 15
Gln Val Gln Leu Asp Glu Ala Gln Val Gln Gly Gln Leu Asp Ala Val
20 25 30
Pro Thr Val Gly Phe Asp Ala Leu Thr Gly Gly Glu Ile Gly Glu Arg
35 40 45
Asn Val Ala Ala Gly Gln Arg Ala Asn Ala Arg Glu Leu Glu Arg Ile
50 55 60
Val Ala Asp Gln Glu Leu Pro Ala Leu Asp Arg Ala Ser Ala Leu Trp
65 70 75 80
Asn Gln Ser Thr Leu Val Gly Arg Trp Val Asp Ala Leu Gln Leu Asp
85 90 95
Ala Asp Leu Ala Ala Asn Ser Thr Gly Glu Val Asp Pro Asn Phe Asp
100 105 110
Ala Gly Thr Tyr Gly Val Gln Ala Leu Gln Ala Ala Gly Ile Gln Pro
115 120 125

Thr Asp Asn Tyr Leu Gln Ile Met Ala Arg Ala Gly Asn Ala Glu Asp
130 135 140
Ala Ala Tyr Leu Leu Ser Arg Ile Gln Arg Tyr Glu Gln Asp Glu Gln
145 150 155 160
Ile Val Arg Asp Asn Pro Tyr Trp Asn Phe Ala Val Gly Met Leu Asp
165 170 175
Pro Ala Ala Leu Ala Val Asp Ala Val Thr Phe Gly Ala Gly Arg Ala
180 185 190
Leu Arg Leu Gly Arg Ala Gly Met Ala Ala Ala Gly Gly Ala Gly Gln
195 200 205
Val Gly Tyr Val Ala Gly Leu Asp Ala Ala Gly Ala Asp Val Asp Ala
210 215 220
Gly Thr Tyr Ile Val Ala Gly Ala Leu Gly Ala Gly Val Gly Ala Leu
225 230 235 240
Leu Gly Ser Gly Ala Gly Arg Ile Ala Ala Glu Ala Pro Thr Gln Pro
245 250 255
His Val Pro Glu Val Ser Ala Pro Thr Val Gly Leu Pro Glu Val Ala
260 265 270
Met Thr Ala Glu Glu Ala Ala Ala Arg Gly Phe Lys Ala Gly Asp Val
275 280 285
Val Asp Leu Leu Asp Glu Gly Thr Val Leu Ser Arg Val Ser Ala Arg
290 295 300
Val Glu Gln Ala Glu Ile Pro Ala Ile Pro Arg Arg Asp Thr Ala Phe
305 310 315 320
Gly Asp Glu Leu His Ser Leu Ser Gly Arg Lys Leu Ser Glu Val Leu
325 330 335
Asp His Ile Lys Thr His Ala Glu Val Pro Lys Pro Leu Gln Gly Ile
340 345 350
Ala Ala Lys Val Ala Asp Thr Ile Arg Thr Leu Glu Gly Leu Gly Gln
355 360 365
Arg Thr Ala Phe Arg Val Val Gln Gly Gly Asp Thr Ala Ser Ser Ala
370 375 380
Phe Leu Lys Pro Gly Thr Ala Gly Ile His Ser Thr Gln Gly Leu Asp
385 390 395 400
Thr Leu Val Gln Val Arg Gly Ser Thr Ala Pro Gly Arg Val Gly Thr
405 410 415
Asn Pro Val Thr Val Leu His Glu Ala Val His Ala Ala Thr Val Gly
420 425 430
Val Met Asn Ala Ala Leu Arg Asn Pro Gly Ala Met Ser Pro Lys Val
435 440 445
Ala Gln Ala Met Gln Thr Leu Glu Asn Val Arg Gly Asn Val Leu Asn
450 455 460
Ala Leu Lys Gln Asp Arg Ala Ala Gly Arg Gln Leu Ser Glu Phe Glu
465 470 475 480
Glu Thr Leu Leu Ala Gly Asn Ser Asn Thr Leu Ala Asn Val Lys Glu
485 490 495
Leu Val Ala Trp Gly Leu Thr Asp Thr Arg Phe Gln Arg Thr Leu Asn
500 505 510

```
Arg Leu Arg Tyr Ser Asp Gly Gly Pro Gly Leu Trp Ser Arg Phe Val
        515                 520                 525
Glu Gly Ile Arg Thr Leu Leu Gly Leu Arg Ser Asp Ala Asp Thr Ala
    530                 535                 540
Leu Ser Arg Val Leu Ala Ala Ser Glu Thr Ile Met Glu Ala Met Pro
545                 550                 555                 560
Gly Tyr Thr Lys Ala Gln Ala Lys Trp Ala Asn Lys Gly Ala Pro Val
                565                 570                 575
Thr Glu Glu Ala Ser Leu Glu Thr Ile Val Arg Ser Thr Arg Glu Arg
            580                 585                 590
Ala Arg Glu Gly Ala Gly Phe Val Asn Arg Phe Phe Ser Glu Ala Asp
        595                 600                 605
Leu Leu Ala Gln Pro Gly Glu Gly Ala Arg Arg Leu Leu Ser Arg Leu
    610                 615                 620
Ile Asp Asp Pro Val Arg Arg Asp Gly Phe Ser Thr Asn Asp Asn Ala
625                 630                 635                 640
Ala Ser Tyr Leu Arg Arg Tyr Arg Asn Glu Phe Glu Gly Tyr Val Lys
                645                 650                 655
Ser Tyr Asp Glu Met Met Ala Lys Ala Met Ala Glu Gln Gly Val Gly
            660                 665                 670
Leu Thr Ala Arg Ala Leu Asn Ser Arg Arg Ala Met Ala Val Arg Asp
        675                 680                 685
Gln Leu Asn Glu Gln Val Thr Arg Glu Leu Leu Arg Arg Asp Arg Glu
    690                 695                 700
Trp Thr Ala Tyr Gly Ser Val Arg Val Asp Pro Asn Leu Pro Pro Thr
705                 710                 715                 720
Ile Lys Ala Leu Ala Asp Arg Ser Asp Glu Ile His Gly Leu Met Gly
                725                 730                 735
Gln Arg Ala Arg Glu Ala Gly Val Arg Gly Phe Glu Asn Phe Ala Pro
            740                 745                 750
Arg Pro Gly Tyr Phe His Arg Ser Trp Asn Trp Ser Lys Met Ala Gln
        755                 760                 765
Met Asp Glu Ala Ala Pro Gly Leu Ala Arg Arg Ala Ile Ser Glu Ala
    770                 775                 780
Val Phe Arg Gly Ile Pro Gly Leu Glu Arg Ala Asp Ala Asp Thr Ile
785                 790                 795                 800
Ala Gln Ala Ile Val Gln Arg Ala Arg Asp Arg Ala Thr Gly Ile Arg
                805                 810                 815
Ser Glu Phe Met Gly Ala Met Gly Val Ala Asp Thr Ala Phe Ile Arg
            820                 825                 830
Gln Ala Leu Glu Glu Ala Asn Val Ser Gln Ala Lys Phe Asp Ser Ile
        835                 840                 845
Met Ala Lys Ile Glu Gln Lys Gln Ser Asp Gln Gly Thr Val Lys Tyr
    850                 855                 860
Gly Lys Gly Arg Leu Ser Leu Asp Met Thr Ala Glu Ile Asn His Asn
865                 870                 875                 880
Gly Thr Val Tyr Arg Val Gln Asp Leu Ile Asp Arg Asp Leu Asp Arg
                885                 890                 895
```

Leu Met Glu Asn Tyr Ala Gly Ser Met Ser Gly Arg Ser Ala Leu Ala
900 905 910
Arg Ala Gly Met Pro Gly Asp Ser Glu Ile Glu Ala Phe Ile Arg Glu
915 920 925
Tyr Gln Arg Glu Ala Ala His Leu Gly Thr Asp Lys Val Gln Glu Leu
930 935 940
Thr Gly Gln Leu Arg Gly Val Phe Gly Asp Phe Thr Gly Asn Val Pro
945 950 955 960
Arg Glu His Gln Leu Gly Pro Val Ala Gln Arg Ala Ser Gly Leu Thr
965 970 975
Ser Ala Thr Met Leu Gly Phe Ser Gly Val Tyr Gln Leu Ala Glu Leu
980 985 990
Ala Thr Met Ala His Arg Gln Gly Val Phe Asn Val Met Lys Ala Met
995 1000 1005
Leu Asn Ser Arg Leu Gly Asp Phe Val Gly Ala Met Arg Arg Asp
1010 1015 1020
Pro Asp Leu Ala Asp Glu Met Gln Thr Val Leu Gly Leu Asn Leu
1025 1030 1035
Ala Asn Asp Ile Arg Met Lys Pro Trp Lys Arg Gln Phe Asp Thr
1040 1045 1050
Phe Leu Val Ser Gln Asp Thr Phe Met Asp Arg Phe Leu His Ala
1055 1060 1065
Gly Lys Gln Ala Val Pro Val Leu Asn Gly Met Lys Phe Ile His
1070 1075 1080
Asn Trp Gln Ser Arg Met Asn Ala Asn Leu Thr Leu Asn Lys Val
1085 1090 1095
Ala Arg Ala Ala Gln Gly Asp Glu Ala Ala Leu Arg Val Leu Gln
1100 1105 1110
Gln Tyr Gly Lys Asp Val Asp Trp Thr Pro Val Leu Ala Arg Val
1115 1120 1125
Arg Gly Tyr Val Thr Tyr Arg Gly Arg Asn Ala Arg Ser Met Asn
1130 1135 1140
Trp Gly Ala Trp Ser Gln Ala Asp Val Asn Thr Val Met Asn Thr
1145 1150 1155
Ala Leu Arg Ile Met Asp Asp Ser Leu Leu Tyr Gly Arg Val Gly
1160 1165 1170
Gln Asn Ser Gly Phe Ala Arg Ser Pro Val Gly Gln Ile Leu Gly
1175 1180 1185
Gln Phe Arg Ser Phe Val Ala Phe Ala His Asn Lys Leu Leu Arg
1190 1195 1200
Gly Thr Tyr Glu Asn Ser Gly Val Leu Gly Val Ala Ser Leu Leu
1205 1210 1215
Ala Phe Gln Tyr Pro Leu Thr Ala Leu Met Met Gly Ala Lys Ala
1220 1225 1230
Ala Ile Asn Gly Lys Phe Asp Thr Ser Asp Glu Gly Ile Arg Lys
1235 1240 1245
Met Ala Ile Asp Gly Ile Gly Tyr Thr Ala Gly Leu Gly Phe Thr
1250 1255 1260

Ala Asp Met Trp Gly Val Ile Thr Gly His Ser Arg Met Ser Ala
1265 1270 1275
Pro Val Phe Gly Leu Ala Glu His Ser Asn Glu Val Phe Arg Gly
1280 1285 1290
Val Lys Asp Leu Val Thr Gly Asp Asp Pro Ala Ala Ala Thr Gly
1295 1300 1305
Asp Ile Val Asn Gly Ala Ala Gly Ala Leu Pro Phe Val Asn Val
1310 1315 1320
Phe Pro Ala Thr Lys Leu Leu Leu Glu Ser Ile Lys Gly Glu
1325 1330 1335

<210> 549
<211> 251
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F510/08
<400> 549

Val Ala Arg Phe Lys Asn Pro Glu Thr Ile His Val Ala Asp Gly Val
1 5 10 15
Glu Ala Val Phe Ser Leu Asp Phe Pro Phe Leu Arg Arg Glu Asp Val
20 25 30
Phe Val Gln Val Asp Lys Ile Leu Val Thr Asp Tyr Thr Trp Val Asp
35 40 45
Asp Thr Asn Ile Gln Leu Ala Val Val Pro Lys Lys Asp Gln Glu Val
50 55 60
Arg Ile Phe Arg Asp Thr Pro Ala Gln Val Pro Asp Thr Gln Phe Ser
65 70 75 80
Gln Gly Ile Pro Phe Leu Pro Arg Tyr Ile Asp Ala Asn Asn Lys Gln
85 90 95
Leu Leu Tyr Ala Val Gln Glu Gly Ile Asn Thr Ala Asn Leu Ala Leu
100 105 110
Asp Gly Val Leu Asp Ala Ile Arg Ile Ala Glu Glu Ala Arg Arg Leu
115 120 125
Ala Gln Glu Ala Leu Asp Ala Ala Asn Glu Ala Leu Arg Arg Ala Leu
130 135 140
Gly Phe Ala Glu Ile Arg Thr Val Thr Glu Asp Ser Asp Ile Asp Pro
145 150 155 160
Ser Trp Arg Gly Tyr Trp Asn Arg Cys Ile Thr Ser Glu Gln Ser Leu
165 170 175
Thr Leu Thr Met Gln Met Glu Asp Pro Asp Glu Pro Trp Ile Glu Phe
180 185 190
Ser Glu Val His Phe Glu Gln Ala Gly Ile Arg Asp Leu Asn Ile Val
195 200 205
Ala Gly Pro Gly Val Thr Ile Asn Arg Leu Gln Asn Thr Thr Met Gln
210 215 220
Leu Tyr Gly Glu Asn Gly Val Cys Thr Leu Lys Arg Leu Gly Pro Asn
225 230 235 240
His Trp Ile Ile Phe Gly Ala Met Glu Asp Asp

245 250

<210> 550
<211> 146
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F510/08
<400> 550

Met Arg Gly Ile Ile Ala Gly Val Val Ala Ser Gln Ile Arg Arg Pro
1 5 10 15
Lys Pro Val Leu Thr Thr Ile Thr Tyr Pro Gln Ser Ser Ser Asp Arg
20 25 30
Gly Gly Met Thr Phe His Ala Ile Ala Gly Ile Ile Gln Asp Thr Val
35 40 45
Lys Phe Ala Asp Ser Lys Asp Leu Gly Ser Tyr Glu Met Leu Val Arg
50 55 60
Asp Ala Thr Leu Lys Ser Met Val Ile Thr Leu Thr Glu Val Lys Asp
65 70 75 80
Ser Ser Val Trp Ser Met Gly Val Leu Ser Ala Ala Ile Lys Ser Val
85 90 95
Val Gln Phe Leu Thr Pro Val Glu Glu Lys Ser Ser Leu Asp Met Ser
100 105 110
Ile Ile His Gly Glu His Lys Gln Ser Val Ile Pro Tyr Ser Arg Trp
115 120 125
Ala Glu Ala Gly Ser Leu Ser Met Gly Ile Thr Glu Gly Lys Val Tyr
130 135 140
Val Pro
145

<210> 551
<211> 292
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F510/08
<400> 551

Met Tyr His Ser Ser Thr Ile Arg Gly Glu Phe Asp Leu Glu Ile Val
1 5 10 15
Arg Pro Asp Gly Thr Val Arg Gln His Leu His Phe Lys Asn Leu Ile
20 25 30
Thr Asp Leu Ala Leu Glu Ala Met Ser Ser Lys Gly Val Pro Ser Gly
35 40 45
Gly Trp Thr Asn Met Phe Ala Gly Thr Gly Asn Arg Thr Pro Val Pro
50 55 60
Ala Asp Val Ser Leu Val Ala Pro Val Ala Asn Ala Ser Ala Ser Leu
65 70 75 80
Asn Tyr Gly Asn Arg Ala Val Trp Asp Ser Thr Thr Gly Glu Lys Val
85 90 95
His Thr Gly Thr Gly Thr Phe Arg Ala Gly Ser Phe Gln Gly Gln Ser

100 105 110
Leu Ala Glu Val Gly Ile Gly Arg Val Val Ser Glu Leu Tyr Ser Arg
115 120 125
Ser Leu Ile Lys Asp Ala Asn Gly Asp Pro Thr Thr Ile Thr Val Leu
130 135 140
Val Asp Glu Glu Leu Arg Val Thr Tyr Thr Leu Arg Ile Ala Pro Pro
145 150 155 160
Ala Ser Ser Glu Val Lys Ile Thr Met Lys Gly Ile Glu Tyr Thr Leu
165 170 175
Ser Met Arg Asp Arg Arg Thr Phe Arg Asp Leu Ser Pro Glu Pro Ala
180 185 190
Ala Glu Phe Gly Thr Arg Gly Ser Leu Ser Trp Ser Ala Ile Ser Ala
195 200 205
Pro Asp Ser Asn Gly Gln Thr Lys Thr Ala Asn Leu Ser Gly Asp Ala
210 215 220
Gly Thr Gly Ile Ile Gln Val Pro Ala Gln Ser Ala Gln Ile Met Arg
225 230 235 240
Ile Gln Pro Ala Asp Ala Asn Trp Thr Glu Gly Ile Gln Tyr Leu Arg
245 250 255
Trp Glu Thr Pro Ala Gly Arg Glu Leu Glu Ile Lys Leu Asp Pro Pro
260 265 270
Leu Val Lys Asn Ser Leu Glu Arg Val Asp Ile Thr Val Thr His Ile
275 280 285
Phe Asn Arg Val
290

<210> 552
<211> 196
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F510/08
<400> 552

Met Ile Gln Phe Lys Phe Gly Asp Tyr Arg Thr Arg Val Pro Phe Gln
1 5 10 15
Gly Ala Arg Asp Arg Arg Asp Ile Asn Asp Arg Ser Asp Tyr Val Asp
20 25 30
Gly Gly Val Ala Ile Gln Asp Pro Ser Gln Gly Leu Leu Tyr Gln Glu
35 40 45
Trp His Ala Glu Leu Leu Glu Asp Gly Ile Tyr Leu Thr Pro Glu Lys
50 55 60
Glu Arg Val Thr Thr Arg Ile Gly Pro Gly Ile Asn Glu Gly Val Ala
65 70 75 80
Ser Met Ala Val Thr Phe Asp Gln Asn Met Asn Tyr Val Leu Val Tyr
85 90 95
Thr Lys Gln Gly Glu Gly Phe Ile Asp Phe Phe Asp Ser Ala Thr Glu
100 105 110
Glu Arg Asn Val Met Asn Leu Gly Pro Val Asp Tyr Ile Lys Thr Asp
115 120 125

Leu Asp Asp Arg Arg Pro Glu Gly Ser Ala Trp Ala Gln Val Leu Val
130 135 140
Cys Tyr Thr Arg Gln Gly Asn Phe Tyr Val Arg Ala Ser Ser Thr Arg
145 150 155 160
Phe Thr Glu Glu Glu Leu Ile Val Gly Thr Gly Lys Val Thr Arg Pro
165 170 175
Ile Val Lys Cys Gly Met Ala Ala Asn Trp Arg Phe Gln Val Leu Phe
180 185 190
Arg Gly Arg Met
195

<210> 553
<211> 101
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F510/08
<400> 553
Met Ser Lys Lys Gln Thr Ala Ser Ala Glu Arg Leu Gly Leu Leu His
1 5 10 15
Glu Leu Val Cys Thr Ala Ile Glu Arg Asn Phe Lys Trp Tyr Met Asp
20 25 30
Asn Asp Ile Pro Ile Pro Ala Ser Asp Ile Ala Ala Ala Thr Lys Phe
35 40 45
Leu Lys Asp Asn Glu Ile Thr Cys Asp Pro Ser Asp Thr Ile Asn Ile
50 55 60
Asp Arg Leu Arg Glu Glu Met Arg Gln Ala Gln Ala Glu Asn Arg Arg
65 70 75 80
Ile Ala Leu Glu Gly Phe Ile Ala Gly Glu Thr Asp Asp Glu Met Glu
85 90 95
Arg Leu Tyr Thr His
100

<210> 554
<211> 601
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F510/08
<400> 554
Met Thr Pro Gln Glu Arg Phe Gln Ile Ala His Glu Val Arg Asp Met
1 5 10 15
Tyr Pro Arg Phe Arg Asp Phe Cys Leu Asp Ala Met Leu Phe Leu Gly
20 25 30
Phe Lys Met Thr Trp Met Gln Leu Asp Ile Ala Asp Phe Met Gln Asp
35 40 45
Ser Pro Asn Lys Ala Met Val Ala Ala Gln Arg Gly Glu Ala Lys Ser
50 55 60
Thr Ile Ala Cys Ile Tyr Val Val Trp Cys Ile Thr Gln Asn Pro Ala
65 70 75 80

```
Thr Arg Ala Met Leu Val Ser Gly Ser Gly Asp Lys Ala Glu Glu Asn
                85                  90                  95
Gly Gln Leu Ile Thr Lys Leu Ile Met His Trp Asp Leu Leu Ala Tyr
            100                 105                 110
Leu Arg Pro Glu Ala Arg Met Gly Asp Arg Thr Ser Ala Thr Ser Phe
        115                 120                 125
Asp Val Asn Trp Ala Leu Lys Gly Val Glu Lys Ser Ala Ser Ile Asn
    130                 135                 140
Cys Ile Gly Ile Thr Ala Ala Leu Gln Gly Tyr Arg Ala Asp Ile Leu
145                 150                 155                 160
Ile Pro Asp Asp Ile Glu Thr Thr Lys Asn Gly Leu Thr Ala Thr Glu
                165                 170                 175
Arg Ala Lys Leu Thr Arg Gln Ser Gln Glu Phe Thr Ser Ile Cys Thr
            180                 185                 190
His Gly Lys Ile Leu Tyr Leu Gly Thr Pro Gln Ser Arg Glu Ser Ile
        195                 200                 205
Tyr Asn Gly Leu Pro Ala Arg Gly Phe Leu Met Arg Ile Trp Pro Gly
    210                 215                 220
Arg Phe Pro Thr Leu Asp Glu Gln Glu Arg Tyr Gly Asp Trp Leu Ala
225                 230                 235                 240
Pro Ser Ile Leu Ala Arg Ile Ala Arg Leu Glu Glu Lys Gly His Asn
                245                 250                 255
Pro Arg Thr Gly Lys Gly Leu Asp Gly Thr Arg Gly Trp Ala Ala Asp
            260                 265                 270
Pro Gln Arg Tyr Asn Glu Glu Asp Leu Leu Asp Lys Glu Leu Asp Gln
        275                 280                 285
Gly Pro Glu Gly Phe Gln Leu Gln Tyr Met Leu Asp Thr Ser Leu Ala
    290                 295                 300
Asp Glu Gln Arg Met Gln Leu Lys Leu Arg Asp Leu Leu Phe Ile Asp
305                 310                 315                 320
Ala Thr His Glu Ser Val Pro Glu Gln Val Ala Trp Ala Ala Asp Glu
                325                 330                 335
Arg Phe Lys Leu Lys Phe Asp Ala His Arg Phe Pro Val Ile Lys Pro
            340                 345                 350
Glu Leu Tyr Leu Pro Ala Leu Met Ala Gly Gly Trp Ala Pro Leu Gln
        355                 360                 365
Gln Met Thr Met Phe Val Asp Pro Ala Gly Asp Gly Gly Asp Glu Leu
    370                 375                 380
Ser Tyr Ala Val Gly Gly Thr Leu Gly Pro Tyr Ile His Val Val Ser
385                 390                 395                 400
Ile Gly Gly Trp Lys Gly Gly Phe Ala Glu Glu Asn Leu Glu Lys Cys
                405                 410                 415
Ile Ala Leu Ala Ala Arg Tyr Gly Val Lys Val Ile Tyr Val Glu Lys
            420                 425                 430
Asn Leu Gly Ala Gly Ala Val Gly Gln Leu Phe Arg Asn His Met Arg
        435                 440                 445
Ser Ile Asp Pro Asp Thr Asn Lys Pro Arg Tyr Glu Gly Ile Gly Val
    450                 455                 460
```

Glu Asp Arg Gln Lys Ser Gly Gln Lys Glu Arg Arg Ile Ile Asp Thr
465 470 475 480
Leu Arg Pro Ile Met Gln Arg His Arg Leu Ile Phe His Val Ser Ala
485 490 495
Met Asp Ser Asp His Val Ala Cys Gln Gln Tyr Pro Ala Asp Lys Arg
500 505 510
Asn Glu Arg Ser Val Phe His Gln Ile His Asn Ile Thr Thr Asp Arg
515 520 525
Gly Ser Leu Pro Lys Asp Asp Arg Ile Asp Ala Leu Glu Gly Leu Val
530 535 540
Arg Glu Leu Ala Pro Thr Leu Val Lys Asp Asp Glu Ala Ala Thr Arg
545 550 555 560
Ala Arg Glu Glu Ala Ala Lys Lys Glu Trp Leu Asn Asn Pro Met Gly
565 570 575
Tyr Thr Lys Ser Val Leu Arg Ser Leu Gly Met Gly Arg Glu Arg Arg
580 585 590
Lys Gly Arg Pro Lys Gly Arg Arg Leu
595 600

<210> 555
<211> 66
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F510/08
<400> 555
Met Met Leu Asp Thr Ala Thr Glu Ala Gly Lys Gly Thr Leu Ala Val
1 5 10 15
Thr Gly Val Gly Ile Ala Val Tyr Ser Pro Tyr Glu Ile Ala Ser Leu
20 25 30
Cys Ala Ala Val Leu Thr Ala Leu Tyr Val Gly Ala Gln Leu Ile Thr
35 40 45
Leu Leu Pro Lys Met Leu Asp Ser Ile Ala Glu Leu Arg Arg Arg Phe
50 55 60
Lys Lys
65

<210> 556
<211> 160
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F510/08
<400> 556
Val Asn Lys Pro Leu Arg Gly Ala Ala Leu Ala Ala Ala Leu Ala Gly
1 5 10 15
Leu Val Ala Leu Glu Gly Ser Glu Thr Thr Ala Tyr Arg Asp Ile Ala
20 25 30
Gly Val Pro Thr Ile Cys Ser Gly Thr Thr Ala Gly Val Lys Met Gly
35 40 45

Asp Lys Ala Thr Pro Glu Gln Cys Tyr Gln Met Thr Leu Lys Asp Tyr
50 55 60
Gln Arg Phe Glu Arg Ile Val Leu Asp Ala Ile Lys Val Pro Leu Asn
65 70 75 80
Val Asn Glu Gln Thr Ala Leu Thr Phe Phe Cys Tyr Asn Val Gly Pro
85 90 95
Val Cys Thr Thr Ser Thr Ala Phe Lys Arg Phe Asn Gln Gly Arg Ala
100 105 110
Thr Glu Gly Cys Gln Ala Leu Ala Met Trp Asn Lys Val Thr Ile Asn
115 120 125
Gly Gln Lys Val Val Ser Lys Gly Leu Val Asn Arg Arg Asn Ala Glu
130 135 140
Ile Lys Gln Cys Leu Glu Pro Ser Ser Gln Tyr Ser Ser Leu Leu Trp
145 150 155 160

<210> 557
<211> 109
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F510/08
<400> 557

Met Pro Arg Thr Ile Val Ala Ile Leu Val Leu Ala Val Val Ala Leu
1 5 10 15
Gly Ala Ser Tyr Gly Phe Val Gln Ser Tyr Arg Ala Leu Gly Ile Ala
20 25 30
Gln Glu Glu Ile Lys Arg Gln Thr Ala Arg Ala Glu Ala Leu Glu Val
35 40 45
Arg Tyr Ala Thr Leu Gln Arg His Val Lys Glu Val Ala Ala Arg Thr
50 55 60
Asn Thr Gln Arg Gln Glu Val Asp Arg Ala Leu Asp Gln Asn Arg Pro
65 70 75 80
Trp Ala Asp Arg Pro Val Pro Ala Ala Val Val Asp Ser Leu Cys Asn
85 90 95
Arg Pro Gly Ala Arg Cys Ala Val Arg Thr Pro Thr Asp
100 105

<210> 558
<211> 104
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F510/08
<400> 558

Met Ala Asn Thr Arg Glu Gln Tyr Leu Ala Gly Arg Asn Thr Gly Leu
1 5 10 15
Thr Phe Tyr Gln Val Cys Gln Pro Gly Thr Asp Asn Arg Ile Ala Leu
20 25 30
His Asp Met Asp Glu Ala Asp Val Lys Ala Lys Ala Thr Ala Val Ile
35 40 45

Ala Ala Ala Thr Ala Leu Gly Gly Glu Gly Gly Ala Thr Pro Pro Asp
50 55 60
Pro Leu Thr Ala Tyr Lys Val Lys Asn Gly Asp Thr Leu Pro Val Asp
65 70 75 80
Gly Gly Gly Ser Val Lys Val Thr Val Ala Asn Gly Ala Ile Thr Lys
85 90 95
Val Val Tyr Thr Ala Pro Ala Gly
100

<210> 559
<211> 81
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F510/08
<400> 559
Met Ala Thr Phe Ala Ala Ala Thr Gln Lys Asp Leu Arg Ala Phe Ala
1 5 10 15
Gly Ala Ile Glu Asn Leu Ile Arg Pro Leu Glu Glu Ala Ala Leu Gly
20 25 30
Ser Gly Phe Thr Glu Val Ile Thr Ile Thr Lys Gly Thr Asp Gly Asn
35 40 45
Glu Thr Arg Thr Ser Glu Arg Lys Val Arg Pro Glu Leu Val Ala Asn
50 55 60
Leu Asp Ala Leu Met Ala Ala Val Glu Thr Ala Lys Ala Ala Val Tyr
65 70 75 80
Lys

<210> 560
<211> 137360
<212> DNA
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 560

aatttcatta gaaaagaatt tttttctttt tctatagtat ctttcttgtt atcgtattct 60
gaatacatca taaattctat aaatatacta tttctgtcag atgaaaacat atctatagaa 120
aacggacaat caaaacttat gtcatcttta ttaatactaa aacattcagt aacatttaag 180
tcatttattt catatacctc aaagtatcca tcaactcttt taagttctat agcactatta 240
tatctataat aacgttgttc ctctattaac ttatcttttg ttagataggg atattcattt 300
ataaatatag gattacttgt tccatagtta tttttaatat attcagcatc ttctaaggaa 360
tcagtataac ctaaaacttc gtaacttgtt gtatacacag tatcctcttc ccacaagtca 420
tagtccattt cctctatttc ttcctctagt atataaattt ttttcatata ttactcccaa 480
acaccaataa gatttttaag tttagctata acttcttctt ctgtttgata agaaaatact 540
cctgtaatgt gtccatagtt acctataatt tcataatcct gtgtaccatg tttgtctact 600
agatatgagt tacccataac atttaaacta tcctccgagt aactgaaatt tatattatag 660
tctactaaaa aattaataat ttttttcatt tacataacct ctcctatcgg atattgtcct 720
aacattcttg ttccattttc gttatagaag gtatattcta ctacaataat attcattata 780
tcgacatata tagcttctat ataaggtgta atattctctt cttcttgtat gtgtttacct 840
ataatattat ataataattc agagtgtatt cttttatctc tcattataga cctccgtaag 900

aaatgataca gtcttatctt ttaaagattt ttctactagt tccatagcat ctttataatg 960
ttttatatta gattcattag acttcagttt atcttttact tcttgaatta gaggttcaac 1020
tttagtaact aaatcttttt tattttctat actcacattg cttctttttat tatctaatac 1080
ttcctttggc atatacttaa cttttgcaaa gtctttatag ctaacattta agttatctaa 1140
atcatctaat aaatcattat aatattctaa atgattatag aatgtgtaaa acttaacaag 1200
gtctttacct gctagctctt ctttttttag tatattattg atattaccaa taacagaata 1260
tgctataggc ttaaaattag ccctaacata agttaaaaat ataaaatcat cataaaacaa 1320
gtctaaaaca gttttattga atctagtatt tttagcttgc tctaattgag cacataaatt 1380
aagaacatta tcaaacccac tctttaatac caaagagata aatctttcca ctgcatagta 1440
cctagatact tcagtatgtt tgcttgcttt ttcactattt ctaaaaatag tatctgataa 1500
aggttgaact actaaactca tataatcttt atctgaatat tcatccgatg ttccttgata 1560
agtacttcca aattctattg tagataataa aaaacttttt tctaaattca ttataacatc 1620
ctccttttac ttgttattat aatactaaca catatgttta ttaatgtcaa acattaaata 1680
tcttctgttg tgtcaacttc atcttgtata tacttaaagt attcataaat tttaaatagt 1740
ataactccta gtgttattaa tcctaaaata tatttcataa caatcctcct taaaagtatt 1800
tatccttccc atcctgataa agcatccata gccatatcat actcttcttc atttttagtt 1860
cttataattt tctctatttc tttttttgct tgtttagagt tcataaaatc aatatctact 1920
gtatctaaat ttgtataatc aatattttct ctaataaagt tcttttgact tggtgttata 1980
gaattaactc gtacgttttc gtgatttaaa aattgataga agtccatact attcaccttc 2040
ttttaaacag tctgccatat cttttaaagt attaagtaca tatttcaaat ctctataata 2100
actatcagaa aaactaataa cagcatatgg tgtcatatca ctatagtgtg cacaatcaaa 2160
acctaatacc ctatagtcac cctcatgttc atcgtatgtt atacctccat gggaacaatc 2220
ttctatacta ttaaactgtt ctttggttat attcgtaggc acattaatat aaccatttag 2280
atgtcctgaa tgagggtgac gtttaacagt taggtttatt cccttataat ctatatttaa 2340
agttaagtcc tctcctaata tattatcctc tttatctata atttccataa tatgttctgg 2400
agcttttcca aacatcataa ttcctccctt ttctttatac tcttactata cactactttt 2460
tctattttgt caacaaaaaa aggctactaa ttaaagtagc ctaagaatta attatttagc 2520
attatatttc cattgccaat aaccattttt ctgtgagaac tcaaagtgaa aaccgtcata 2580
gtcaaattca atattatagt ctccatcttg aagtggtttt gaatttagta caggactatt 2640
actctttgcc aattctgcta gaaactcatg atttactttt tccatagggt ttattcctcc 2700
taattattct tacagtacta atatatcaca ggtctttttc taggtcgttt ttaaatttct 2760
cctcataaga actagcataa gttacttcat aacctattac cttagtataa tctatgcaaa 2820
gtaatttata attggacttt attttaatat cctctgattg ttctatttta ttgataactt 2880
catttagctc attcgaagag taatgtttat tatcaacttt tattgttttt ccttgggtat 2940
agatatcaat ttcttgtatc atcatttcat ccttttgatt attcattatt tgattataag 3000
tctctaaatc atcaatgtta tctgtatctg aacctttttac taaccattct cctctcttct 3060
taaggaggtc atcaaatttc tcatgttctt taattatctt ctctacttca ctcggtatta 3120
gaacagctct agcgtaattt atatgccaca tagacatatt atcaataaga taattaacca 3180
ttcttataag ttccttctca tttgccatat accaacctcc ttatatctaa tactaatata 3240
agagaaaagc agacttatta aaagtctgct tctgtaccta attctaatct tttatttttc 3300
atatgaggaa tcatttttct atctcctgtt aatagagata attctctagc tttttcttta 3360
gataatgtta atagtccatt ataattatct actttcttat tatattccat aattaagcgc 3420
tctagctcat atgatatatc ttcgagttct cctgatttaa ctccaagtaa ctttctatac 3480
atatcataat cttcagaaag actttctact ttatttttag atacagaatc ataaactgct 3540
tgtaaattac cttcttcaat aagtttaaag ttatgttcac ctatgattaa ttcctcctca 3600
gaagaatcaa gcgttactaa tccgcttgta ttacctgtaa agtcaccttt ataatctaca 3660
acaatacctt cagttacttt gtcacctaat tcaatagtcc catcttcatt ttctttaaat 3720
ttatgagcat catatacttc tactttgtca cctaatctca aatcttgagt taagttatgt 3780

ttaccaataa ttctatccat tactcaatct ctcctttatt aatagggtct tgtgttaaga 3840
acatttctag attctctttt gtaataggta accaaaaata tttactttcc ggaattgtaa 3900
ttgtatagaa atcctcatct ttgttaactt taatattaac atctgtaaac tcatcctgca 3960
ttaaccaatg agttacagtt aagttatatg aaccatcact aacataccct aaatcaatat 4020
catgtctaaa agccaaatct tctaaatgtt ctaataaatc gttcttttca ttatgttttt 4080
cttcttctgt attatttta attgggttaa ttaactctgt gcaaacaata tcgtacaatt 4140
caccatctgt aacctcatag ttcttttcaa ttaatacatc ttgtatttta ttgattgagt 4200
ttgtaactac tttcccatat tcttcttctg taaacttaca tttatctaaa tcaacatctg 4260
taattaattc tgcaatccat ttatttaaaa ttgatactgc cattgttcta gaaataatac 4320
tgtcgtatac catatttatt taatctcctt atttaggtga atgtggtctt ctaatgaaaa 4380
atcaaaaggc gctacaccat ttcttttatt atttgtttct tttttaagta taacataagt 4440
tagtgaaaaa gtcaagatag ttactacaac cattgataaa aatttaatca ggtttttcat 4500
aattactcta actccttaag tttatttttt actttctctt tatcgtactt ataatcttta 4560
ctagagtttt catttttttc tttctcttct tcattaagtt ctctatactg agcctcttct 4620
acctcttgtt ctttattatc attaccttct tctgcttttt gaatttctac atttttacta 4680
ctaccaccat ttacctttt tctaaaaaga aaccaaagta ttaataaaat gatgagtaaa 4740
ataataatgc ttaatacaac agcccaaata ttattaacca ttacaaccta cctccgaata 4800
gtttttttac ggctcttaag ttttcagatg aatcattatt tatatcaata cctatgctag 4860
aatcaaaaat tacagcatta tcaagtatat gctctgtcaa tttattaccg taactacttt 4920
tacttaccac actaccataa ccatgattag ttaggtcaac catatcaggt tcaacttcta 4980
gtactctaaa agatattcta cgtaagaatg aaggatttac caagtaaaag gaagatttaa 5040
aaacatttaa tctttgataa gaatgtttta tattaacaac aaaccctgtt aacttatttt 5100
catattctga atttgataac ttacctaggt aaaggtttat actatatcct tttgtttcta 5160
atgtttgaat agcacttaac attatagccc ctctataagc aaggttttca gggtcttcca 5220
tccaactaat actagaatta taaaatacat caataacttt cttctctgct ttaactcttt 5280
gctgagacat catagaatta ggtaaccctt ttatagcatt aggtacgtga ggttgatacc 5340
cttccggagc tacgacaggt tttcttttta ctgacttatc cattctaaat aatgcatctg 5400
tcatttttt aagtttaact accatatcat atgattctct atcaccctta accattaagt 5460
tataggcttc ttgaaaacta tgagttcctg taaaatcata gctacctgta tctgatgaat 5520
tttctctacc tgaaactcta ttctttttta aagcagaaaa gaaatcaggt agaccatcat 5580
atttaattac atttaattct gagttatcta ttaatcgtct acccattgat tttcctccta 5640
ttctaatcct aacttatcca taattgtatc aaagtccatt gaatcttttg atgtactatt 5700
agattttcta ggttcctgtt taggttcttg ttgcatacct aaaagctttc ttgttgcttc 5760
tgtatatctg ttaccttcag gtaaagagct aataaattga ttaatctcat ctttcggtac 5820
agatttaaag ataatacttt ctacaacaaa ctcatcttcc attactccat ctaatttact 5880
accattaata attgcacgca ttgagaatac ataaggtaat ccttttttcat cattctcatg 5940
tcttaattgt tgtacaaagt ttactaagtc ttcattgctt gatagttgat gttccacctt 6000
agtatcatag tcaaattcaa cttgagcaaa gcggtctaat gtagctccat ctaattgttg 6060
tctacctaca taaatatggt ctgctcctgt tcccatagta ttacctgctg acacaactct 6120
gaaatcttca tgagctgtta cacgtccaat agggaagtca aagtatttat ttgcaatagc 6180
tgaattaaga attaatagta cttcaggaat agatgcatcc atttcatcta agaagaataa 6240
cccacctttt gtaaatgctt tatagaattg agtttcatga aacttaccat ttgcatcaat 6300
aaatcctgtt aatttaaatt cttgagtaat tgcattacta aaatagaaat ctaaatctag 6360
ggcttctgct acttgttcca atacatggtt cttacctgaa cctgctccgc cttttaaaaa 6420
tactggaata ttttggttaa ctaactttag tatatcttga tatctgtaat ggaagattcc 6480
tgagatatct ttaattgttt ttccttcttg ttgtaattca attttaactg gtaaattact 6540
aagttgttct tctacatact cttcaatttg ttttttaaca tcagtaataa taatttctct 6600
actctcagtt cctgctttct caacaattgc atctacaatt gcttgttcat acggattaga 6660

gtttttctct cctagttttt ttgctaaatc tgctgttgtt tccatttgtt gctctaccaa 6720
tctctctaat ctttcaatag tatcttgctt tgccatattt atcattctcc tttgatttgt 6780
tatacattta ttatattaca agtatttgaa tttgtcaaca actttctaaa actttttag 6840
ttgctaataa aaaaatacct tacacctata acttaacata gggtaaggta attgtcaaca 6900
cttttgttaa aaatacatta atttaaaaaa atcatcaata tctttagttc catgtgtatc 6960
catatcatac ataaacatac aattatatgt atgactattc attatttcta acatgttatg 7020
catagaagtt gcattattga attcctctaa atcaatagtt accgtaagtt cttgaccttc 7080
ataaagtatg tttgctatat aatatttcct aacaccttcc attgttccat gggaagtttc 7140
attatgatta agtacttcta cacctagtga aggtaaatat tctgaaaagt aatatttaca 7200
gaaatatata aaattgtctg ttcttttaga cacgagtact atctccgtac tttatatttc 7260
tttctaatcg tacataatat gttttaattt tttgtacttc tttatctact gcatcctttc 7320
ttcctaacct tgtagtatat tttacaatat taaatatcat agaatcaaca aagccatcat 7380
aagaaaaatg ttcttctaga aaagaaataa catccttact acctttataa tgttcaggta 7440
aatgtgcatc tacttgtata ttataataat cttctaaaag acctatactc tcaccaagac 7500
tagataaagc gtaacctaaa tcatttgaat cattagacca ttctttagat actgatagtg 7560
catcttctat aattgttact tttaatttat ctaaataatc ttctacttga gcttgtgttt 7620
tcataaattc ttttgcgttc atgtaatacc ctcctaaatt atataaaaaa aacaccctgc 7680
ttggatacaa gcaaggtgaa aaaggaaaga tattatggaa gtgtactatc taagtacacc 7740
tcataatata acagttttcc ttgctagtta ttacttattt tttaaggtct tcttctttga 7800
caaacactcc gttaataagc ttacctttcc tttcttttat ctcatcataa gccatatcaa 7860
tacactcttc aatatctata tctaactgta aacatagtac tgttaatact acaaaaatat 7920
ccccaacact atctcttgtt acatggtcat tacttttagc aatacctgaa gctaattctc 7980
ctgcttcttc taataatttt aacatttgac cctcgggttt acctgtttgt aagtttctat 8040
cttttgccca ttgtttaata agttctactt tttccattat tctatatctc ctttaatttc 8100
tgtatctttg ataattaggt tatcagagtc acttgttaca tttaagttat cttcaactaa 8160
ttcatgtaga ttattagtaa tatcttcttc atacctataa cctacacgaa cataagcttt 8220
aactctgata tctatattaa cataatcttc ttggaatttt tccatttcta acttccttta 8280
ttatatcata ttattatact attgtcaatt aatctgagta gtttccttta gcaagttgat 8340
acttttgtg taattcttca tataattctc tcataccttc gtagtttctc atatcatctt 8400
ccaagaaact aagataatct aataatactt ttacatcctc aggttctaaa gttataactg 8460
gttttaccat taggcaacct ccttaaattc ttctttattt attttcttaa tatctttttc 8520
taatgcttct tttaattcat taggtaattt ataggcatca attgattgtt gttgacctaa 8580
tacatatcca ttatctgtga tacgtatttc cactgtaaac catgaattat ctaaatcttc 8640
ttctaatctt gctaataata ttaaacaact attttttaaa attctattag catacccgcc 8700
aacacaatga gataacattt taccttcatc tttaagttta cttacagtat ctgcaggaag 8760
gaattttact tttctaccat cttttaattt ataagtttta tcaattattt tttctaattt 8820
attatcatat ttagctttaa gttccgcatc atctaattgt tgttgtatag attgtttctc 8880
atctgtaact atatcatgtt ctagttttaa tgagaatggt gttaggttaa cactttctaa 8940
tgttctataa ccttctctta ttaatattga taaatcatgt aagtaatcta agtaatagtt 9000
atctagtgca tatcctgtta tacgttgtct gtcttgagca tctacatcta aatagtgagt 9060
catctttttg tagttagcaa aagatataga taatatttca tttacaatag gttttacttt 9120
taaagcattt gtaacatctc ttgaatctct aaccattaaa aaggtatcgt caaataattg 9180
gtgtaaatta acttcattgt gtaaatgatt atagttctta tagagagtat tagcaaatct 9240
taagtaatta ccttgctcaa atttatttaa agttagtagc tttttataag tctgttttgt 9300
aagattgaag gcttcatgaa ctttccattt agggttttta ggtatatgga atagtaatgc 9360
atttctttca aataatccaa attcttctaa gttatttatt ttatcaatat ttttaacaat 9420
atctgttaaa gttattaagt aattagaagt tgaattttct cctataaaaa tcctatactt 9480
atcccctcta taatttatat gaccataaac atctatatta tcaggacacc aactagaaaa 9540

atcaaaatta tgatgctcta atgtttgttc tattatcttt attataattc ctctatttaa 9600
gttaggttgt gaatagtttt ttaaaataac atttaataaa acagataatg tcaattcatt 9660
tttgtattca cttttactaa tatcatcttt atataggttt aaagctattt ctttattaac 9720
aagactatct gttaagaaaa ccttgactgc tcctgtctta acgtcaaatg aacttttatt 9780
ttctaaaacc catttgttac ccatattatg cttatccctg atatgtctaa ctttaagacc 9840
aaaagatgaa ttattctcag tacttgggtg catgtaccaa acacgactat acaatgaatc 9900
tgacatttcc ttataatact cactagaacc tttttctata tcttcattca taacaataat 9960
agatgaattt ataagaacat atttaccttg gtctagtaca tccatgatat cattatttaa 10020
actatctact gcttccttat actcatctaa ttgtctagct tcatatcccc ataaacggtt 10080
ttcattttct aattctttaa ttttttcttc aacataccct ttagattgta tttgttttct 10140
acgtctacta ccatataaag gaaaatcttt tctttctcct ctatcagctt caatatactc 10200
tttgtaattt cttcctttat tattaccaat cacaccttca actaattttt caactgtttc 10260
ataggggtca ccttcaaagt ttgttacttc tttattacca catagggcta aaaataaatg 10320
tatttctgta gctgtatcaa aactaaatat attatgaata tctctaaata attctttaga 10380
acctaagtta attatattat ttttcttttt cttaagaaat acatcttctt ctcctatata 10440
gatacatcct ttattaacct taggtaaatt aataatttct tgttctgtta atccttttg 10500
tttataagtt attgccattt aaaatcactc cttatttgtt atgtactaat cataccatag 10560
taaataatat ttgtcaacaa aaaaagaaga acttttaaa gttcttctaa atgagtttcg 10620
tatataactt tttgaatttt atttaatggt tctaaatcta aattcctaat aagtttttca 10680
tactttcttg aatttttaaa attgatagta tttggcatag caagagcttc atcaacatct 10740
ttagtatagc ttacaacatc tgaatagata tctacttctt ttacatatag accttgagtt 10800
aaactcctaa atactacctc attatgtgct ataatttctt ctttcttttc tatgctcatt 10860
tataaacctc ctggtctact ctacacaaac aagtacgtat tctaaattag ttaaagaaac 10920
tgatttaata ttgtttaatt cttgtaattt cttaatttcc acatcatagt tcttacttat 10980
agtccataat gtctctcctg ctcttacttt gtgataatat ttatttccct ctttgataag 11040
gtcattcaat attacctacc tccttgagta ataattagct tgtagataac atataagtat 11100
aagaacaaag tttacaaatt cagtagctat aatatgaaca taggtatgtg ttaaaaccat 11160
acttacaatt aatgaagcta atcctaatcc aataataaga aatagaaatc tatttgttcc 11220
ttctgcactt ttagttttat aaaaggttgt tatctgagtt acatacgcaa ggataatagt 11280
aatagttgct acagtttgtg ttaaggctgt aaagtcactt aataaaaata gtaacagtga 11340
gaacacaata ataaaaggta tagagaaata gtccttttt ctatatgaag ctactaataa 11400
gcaaacaata cctagagtta aattaagacc aactgatact acttgaaaca tcgtagcatc 11460
agttagaagt aaattgtaaa aactaatacc tactgtagct acaattaaat accaaaaata 11520
actactaaca cctttaacac tatctgactt aactagggct attaaacctg gtatataacc 11580
tactgtaact aatatagcat ataatatact taagtaatgt gataaattat ccatcttgtt 11640
cccctaattt ctctaatcta ttagtaactt cttcccatga aataaatcct tctccgtttg 11700
ttaattctaa aaccatacca tacacaaatt ggtttgtact aaattcagct ctgtcagggt 11760
cattgtatgg tttaccatga ccctgtctaa tatcagagca gtagattaat acgggttttt 11820
ttaaaatata ttcctgctct ccaatttgtc cttgtaaaat atcatatgtt tctgatagtt 11880
catctatctc attgaactta aataactcag actgttcttt taattgtttt attgtttctt 11940
gtgcttgatg tttcatacct aataaaatac ctagttctgc aattgttcct aatccttcat 12000
taagaacatc aaatacaaaa atatctgatt cttgcatagc cttaaagtca ttagttaaaa 12060
tacgttctgc tagcttagtt tgttctgcat tagctttatc atttattgac ttatctttgt 12120
gagggctata cggagttact cctacaatgc catctacttc tttatgttgt ttatctctgt 12180
aatctaccat agcttcattt aggatatgtc cacccatata aattactttg tctttaattt 12240
tattaaccat ctatagtatc tccttttttct tctaaaattt ctcttaaaat atgtggcatt 12300
tttttcttaa tttgtttatc tactattttc agtatatttt ctttttcttc ttccataata 12360
tcatcaacaa agttttgacc tacttgtttc ataattagac cgaagttttc taattctaaa 12420

tcatcttcag ataatctatc ttcttctata gccctaaaaa tcatttttc cattcttgct 12480
cttgtaatgg cataatctgc cactgactcg ttctttttta cttctgtttt catttttga 12540
cgactaaatt ctttaaactc attagatact aatttaaagt agtcatcata ttctgattta 12600
ccatctaagt atttaattac tataccttca cccttatcag gtttaactgt catgtcagat 12660
tttcctacta attcttgaat ttcttcaggt tttaaatcat ttaagtagtg agatggttta 12720
gctactagca aagttttaac tgtttttaac cctaaatgat gtgcaattac attcatgtct 12780
tctattgata aataaacttc attttcttta tcataaacat caaatacata aaaattgttg 12840
taaaattctt ctttgtactg aatcttatgt ttgactaacc attcaccaaa aataatgtat 12900
ttttctaagg ctgatacgta cgtatttctt acatttatat tttcatgtac ccaatcataa 12960
aaaccattta aagtttcatt ctcatttaat ttttttctac gtgaaaaaca tactaattca 13020
ccattttcta ctgtgaagct tgcattactt ccatctaatt tttcttgtac aactagacct 13080
ctttctttaa atttatctag tacaatacct ttatttttta ctttagtata cgatttcatt 13140
aattatcctc ctttgaatta tgtactatag aaaacaaaat aagacttaca ctagctaaaa 13200
atgctaatac tactaaacca ggtaaattaa gaactgttga taagaataat gatattgcac 13260
ttataacata aactagaccg cttagaaata aagttaataa tacaattgtt ataagtttca 13320
ccaaccaatt attattaata aataccttag ctaaataatt cataaaaaaa tcctccttag 13380
ttattataga ataactatac cataactaag gggatttgtc aacatattat tttaccattt 13440
aaaattgtct gcatattgtg caagcttaga gcggaaatta actgtaaaat tatgaaatac 13500
tgctccttca taatttttaa agtattccat ataatctcca aaacctgatt tactttcgtt 13560
ctttaaatct atttgtttaa aattaccttc tactattaca gtagaatttt ttgtatgaac 13620
ccttgtaaga actttttttaa gttcactgcg tttaaagttc tgtgcttcat ttataattat 13680
agtagcatct cttagatttc cacctcttag gaataaatgg gatatttgag atacccaaca 13740
atctcctagt ttatcttctt taacattatc ttccatcatt aacatttcag ttatttgttg 13800
ttcaggattc atattaagtt caataagggc atcgtgtaat cccatgaaat aagccatttc 13860
tttttctgtc tgattacctg gtctgcttcc taaatcttct gatactggtg aaattataaa 13920
tactagcttt ctatttttat taagatagtc tgcgtaagca caggctactg agcacattgt 13980
tttacctgta ccggcttgac tctcattcca aagtatttca acattatcat taaagaaatc 14040
ctcacagaaa tctaactgct cggttgtagc tttttcaagg aattcattaa agattagatg 14100
ttctcccatg ttgtatctta cattaggata atcttttaac ttaaagtcta actcttttag 14160
ttgtattgcc atattttaaa gttcccctat ctataaatag ttttactctc ttttaatata 14220
gtactaattt ccgatatatt ctcctgttga agagcaataa ttactacatt cacattcagg 14280
gtagttatca caaacatctt catcttctac atcatcataa ccaatatcat aattattata 14340
attaaaatct acaatacaat tttcactatt acctttagat aatcctgtat aaataatatc 14400
atccacagaa tcccaatcgt tatctgccaa gtaatttaca ctatctagta ctgattcatt 14460
atcaggtaaa taaatactac cgtctgaaaa tttaattaaa atatcacctt gaggtaaggt 14520
atcattaatt aaatcaatct ctgtttcttc ttcaatagtg aatacagttc cttctaatct 14580
ttccggtgta gtatgtgtta aatgttttac agtatcccct gattcttcat agaatcctac 14640
tgcattcata tctttattat attttgcaat aaatttacca ttgtcactta ccaaatattg 14700
actagttgca ttatagtcgt ttgcgtcatc tactgtcatg caagggttat aatctttaac 14760
ataataacta attttcctaa catctgctgt ttgtactttc ttaccttcac ctttaattac 14820
tgaattaatt ttcttcataa tattttctcc tttttatata tcaattgatt tttttgcaag 14880
attatcggca tagtcattcc atttgtcatt tgaatggctc tttactttta caaagtttat 14940
atctattact ttttggtatt ctcgtatcat attaatatat gttttactta gaatatttct 15000
tgcagaccaa gtaccttcat accaatgtat taaaccaata taatctatat aaactattgc 15060
ctgattgtat cctagtttta tagcctcttc aataccataa caacaagcca atatttcacc 15120
cgcaacatta ttatacttta ttaatcctgg tttgtcaaca cttttactaa tttccgatat 15180
tatatttcct tctttactta ccaagacagc acctgagcct actttacctt tattatatga 15240
ggagctaccg tctgtgtata tatttacact atcctgcata cttataatcc tccataaatt 15300

gagggaattc acaatctgaa tagacttctc tgcaaaaaga tactgagata tagttaaaat 15360
caaaacattt gaaacagtgt tcttgaactt ctttttttatc tttagcaatc acattaaatt 15420
taaaaccatc agctatgact gtaaatactc ctttttttcat aaaacaaata cctccactaa 15480
ttttatttta aattaataac taactcaata aatgatttaa tagttttatt tttaccttca 15540
tcaatatctg aaaagaaatt aattaaactg tcatcctcat caaataaatc ttcaacatca 15600
tcaaatttat ttaatatgtc tgtaacactg taaccctctt ctgatatata ctcatgtaag 15660
tcttctccat cttctgacag tgttgcttct attttaccat ttttactttc aattaaatat 15720
aaagtattta atactttaac agaatctaca actacactgt agttactaat agtaggatac 15780
tctgtataaa gtatttctat attagtattc atataactat caattacaga gttaactgta 15840
tctcttttta gctcagatac attatgtttt cgtatagtag ggaattcttc atcatattct 15900
actaattctt ttctatctgt attcaataac ttgtctaaag aagacaacaa tactatttta 15960
tattggttat caggaagact gtctgtaatt tccattattg ttaaaaacgt atcttcacct 16020
agaactttgt ttatatcttg taattcaaat gaatctacca tttcaatagt atcatctata 16080
tcatctgtag tcattaaaaa attaactaaa ttattattct ccatcgtctt cctccaattc 16140
tttaaataac tcttttcctg gagtatttaa cgctttctct aaccgcatta aattagcact 16200
tcttggtttc ttttttccat actcccaata agatataaga gagtaatgaa cacctatctc 16260
agaagctaga cttcttaacg tatgtccttt ttctactcta atttttgaa ggtttagagg 16320
tttactttcc tttttttcat ccataattat ttctcctcta cttttaaaaa tttaaaatcc 16380
tcagattctt ttgcattttt tagtatatac tcttgtgatt tatttcttgc ctctgcctta 16440
cttttagcat ataactctat atgaaataca tgaggttttt ttaaagacgg tgactcgtat 16500
ctccaataaa ctttaaaaag tagtgtttct ttttttaaaa cattaattcg aaaccatctt 16560
ttaaatttat tcattcatta tcctcctcta tttatttgtt aaactaatta tagcatagtt 16620
aacttatgaa gtcaactata atatacaaaa aagactaaga aattaatctt agccttaata 16680
tattaataac tattatgtgc gttgtggtat gcaagagctc ctgatgttga accgtaacgg 16740
tcaatcatat attgttttgc acctttagtt tgttctgcta tagaaccacc actccatgat 16800
ttacctaatc cttggaatag tccttgagct cctgatgatg cattaacagc attagggttc 16860
attgtagatt cacgcatagc aatttcaatc attgcctcgt ctccacctgc ttgtctaatc 16920
tgttctgcta cagagcctcc tgtagaacta gttgattgtg taggttgttt agtttccttt 16980
tgaactggtg ctgatgttgt ttgtacttct tttttagtat cttgtttatt ttgagtatca 17040
aattgtgctt gttgttggtc tacttttttgt tcaggtgttt gttcttctcc tgctaatcta 17100
gatactgtat tatctacttg agttgagcct gaatggtatt cataaccaaa gttaccatta 17160
taattataga aatgataagt aaattcaccg tcactaaatg agaaatcata attaccttct 17220
tgaattggtt ttgtattgac ttctgctgaa tttgatttag cctgttctgc taacttatta 17280
taatcaattt cgtctgcact agcttcgttt gtagcaatac ctccaaaagt aatagctgta 17340
cctaatgcta atgttgcaaa aattgttttc ttcataaatt taaaactcct taaataattt 17400
tttagaattg tttatttgta aaccgacata agtaatcata acatatatct ttaaataacg 17460
caagtataat atagcactaa ttagtgtaat attattaagg ttttattaca aacattacag 17520
ttatcagata attaaataca aaaaaaagag aggtattaac ctctctaatt tattattttc 17580
ctgttacatc tacaatagtt ccgtctccgc caatttgaat aggttgttta ccatcccatt 17640
tttcaattaa ctgttgacgt aatatcttat cagataagga agattctcta atctcattgg 17700
ctttttttatc accattagcc tctacttctt ttttcttagc attttgttca gcaatttgtt 17760
tatcaacttt agtacgttct aattcttggt tagctttaac tcgactgtca attgcttttt 17820
gagtattctt atctgcttta gggctagata atgcaatgtc ctcaattaca aatccttgtt 17880
tttctaagtt gtcattcaag ctatctaaag tatctttttt aatttcccct gttttaactc 17940
caaatgcatc aattacagaa tacttagata ctgcttgacg gacattatct tgtacccgtg 18000
aacgtaaata tccttttttct agttcttcga tatctgcact accaaaacga ttaaataaat 18060
ctacagcttt agttgcatct actttataag atacatcaat atccatttgt aaattcttgc 18120
catctgaagt tgctacattt aaatctttat atttatgtgt ttgtgtttta gttgggtatt 18180

tatttacctt atcaaaaggt gctgttaaat gccaacctgg tgatttagta tcttccttaa 18240
caccatttac tgagtataca actccaacat gaccttgtgg aatcttagta atacacatta 18300
ataaaataat aaacccctata attgctaaaa accctaatac tcctgaaata actactgact 18360
ttctcattac atttctcctt tttctatttc ttttattaag ctatttaaag ctttttcctc 18420
ttggtctatt tcttgtttat cggctctagt tacaattgat tgtctacggt catttaagaa 18480
ttgtttttta tactttacat attgttctaa accgtattca tctaatgtac cttgcctaac 18540
taattccctg tattgttttc ttatgttact cttcttctct ttcattgaaa gaaaatcaaa 18600
taaataactt ataccaaaac ctacaaggac tagaaaaaca ataaaaatag caaaatatgt 18660
taaaagtagt gccatgtaat tcctccttta tttgattaca tatataacta tacactatgt 18720
atttaatttt gtcaacactt ttttgcaaaa aaaaatagac ggattttaaa tccgtctaaa 18780
tttatattct atttgaatac tccccaggca acgccaggta tttgattagg tggaacacct 18840
tgacaagttc taacagggca atatactctg ttaccgttgt aagcattata acctatccaa 18900
atatgacctg cttggataca aacttcgtca tatacaattg tagcccctgc cggtaagtta 18960
ccgcctactg gagcatttaa gaatggagaa cctattctgg ttactatagg ttggttacca 19020
ttaacaaatg ttgcgctttc cggtttatac caagttccga actggttctt tttccaagaa 19080
cctgtaactg gtctagttgc cggtgtactt gcactacttg ttttaccatc tttaactaca 19140
gtagagcttg aagttccgtt actcatgtag tttttaattt gtttaatgaa gtaatctttt 19200
aacttattca ttattgcttg tgatggtctt ccttgtgtta ctgggttaaa tcctgtatga 19260
agaaccatcg aacggtgagg gcaggcagtt ggtacaaatt ccatatgcaa tcttacagtt 19320
ttacggttag gagtaagacc ccattcttta aatttctctg ctgtaaattg gaatactgct 19380
tgttcatttt taaggaattg agcatcacta gcactcattg attgacagac ttcaatacct 19440
gcaaatctaa agttacctga gtttgctcct gttccatccc ctgtgtgcca agcaatttga 19500
ttcttagcat ctattgcttc ccatacataa ccttcagagc catagtaatg agcaatacca 19560
ttagcatatc tagcataacc tgcattagct aatgaattct cgtattgttg tcctgaagaa 19620
cgacctgcat cgttgtgtat taccattcct tcaggttttt taccacgttt atccattgta 19680
tagttaatgt gattcttaga aacttttagt gttgctttct ttttaggtgc aggtgtttta 19740
cttgcgcttt tcttagctgt ttctttttta acagtagttc ctgcttttac aggtatttca 19800
atgaagtgag ttaatccgta ataattatct acacgttttg taggtttttt attagcataa 19860
ccattccagt tttgctctaa aatagtaaat gtagaagtat tacctccatc atatacaata 19920
cctatgtgac cccactgttc ataactaccg gatgtaaata ccgcaatcca acctttttta 19980
ggtacagtag aaggtttatt ttcatgtatt ttaaatccag taccataact ctgtttaatt 20040
tggtctttag cattacccca agttctaact ttattatctg ttaaccataa aacatagtct 20100
gtaataaggt cttgacattg agcgtgatag tagccatctg cgtcaatggc tcctgcttcc 20160
attacaccaa atgacgggtc ataacttgta gctttttaa ctctgtaagg gctatctact 20220
gttccttttg cataagcgtc taaacgttta tttatttctg cttgagtctt agccattact 20280
taacttcctc ctctgcaaat actttaccat gttcctcggt atcttcttca tcttgagaag 20340
gtgctgaacc accatcaatt tcatcttcaa tagcaggtac ttcatcacta tcatctgtgt 20400
caggttctgc attgttttcg tagctgtcta tctcaaaagt actagcgtta tttgcgtttg 20460
tttgccattg aacgaactca ttagggtctt tactatcacg aggtttaacg taatctgttt 20520
gaacaatatc actgtctcta agacctttag tattattatc aacaataata cctaaacctg 20580
ctaataatgt tagtatagaa cctacaatat ttacaccttg ctcaatttga gctgagtagt 20640
ctaaaccgaa agcacctgta atttggttag caaataatgc tactgctgat ataattgcta 20700
cccaaaatgt tttgctctta gttcttgtgc taaggtttat tcctccaaca actttaggtt 20760
gtttagtttc attagccatt aaaaaaccga cctttctatt atatttattt ctaacaataa 20820
tataacagta ggtcggtcat gtttatctat attaatttaa cacttactca ttaatttggt 20880
ttagtttttt gataacttca gacatttgtt tgttatctaa atcttctaat ttagtttccg 20940
gaagtagctc taacttatcc caaacttctt ctttattaga tactttatta ttaataattg 21000
ccttaccaac taaactttcc gtataatata attgttttgc tgatgccatt tgtatctctc 21060

ctttaaata tgtaaagtat atagctagta tcgtatccta ggaacaaaca cttgcgctat 21120
atactcaatg aaatcctacc ctcattcgag gacacagcaa accggttcgt caaccgcaca 21180
tatgaattct aagatttcat ttatgtaaaa cacaccctct ttgatttgca caaagactaa 21240
gggttttgga gacccttgta ctactaatta tactaagggt gtttattatg gtttctattg 21300
gatttgaacc aatgacacct agagcttcaa tctagtgctc taccatctga gctaagaaac 21360
cttaaaacga cccatacgag actcgaactc gtactctctg ccgtgacagg gcagtgtgtt 21420
aaccagttac accaatgagc caaaattata atgctatacc ctaaccttac cttaatgtat 21480
agcaggtttt ctcttaggct cgaagcaacg attattacca ctcataacaa ctatatatta 21540
agtgaaagga ggtgaaatga acaaaacgtg gtaattggta cctaagaagg taatatgtat 21600
aatctacaag gagtaagtta ttggttcata aaggagtgtg aacaataaat acatgaaaga 21660
gtgaaagttt actccctgta gattcttttt taattatcaa tcaaaggagg aaactgataa 21720
ttgttaataa taaactataa agaggaaaat atttatagtc acattctgat ataatgcaac 21780
taaatatcca agcataaccc gtctcacgag gaacctacct ataagacctg ttattaagtg 21840
aatcactacg attgactcta ttaaggagct accttaagtc catctcacgc aatttaaaag 21900
ggacttacaa accgtaaaac ggtaataagt ttattaaata atgtgatatt aacatattag 21960
ttaataactt tcacatggtc gaagaaaagt aaatttattt gattaccaaa ttatttttat 22020
caaatatagc tcttttgaac ctgtagattt atgctactca tactgataac ctctattatc 22080
taacacattt ctgtgctcca actacagtta gtcgttacag cgtatctttc taggattccg 22140
ctaagaccct agaaagaaat taaaccctag ccgttatcat actctacaga ccttataagt 22200
aagtaccaag tataccaatc gtatttaaca atactaatga cgacccatcc taccgatata 22260
tctccgataa gttttgattc gtttgattat cttgtacctt atgactacca aatcattatt 22320
cagtcactat gctcagatat ttagttgtat tatttatata ttaattataa catagttttt 22380
attacttgtc aagttaattt caaaaaaatt atagaagtag ggacgcttac ctacttccat 22440
ttaatttaca caaggatgat aacattgtta ttgttttata ctggaaaaca atgtaagaaa 22500
aacagtgatg tgtaaggtat ttgttttatt gttaattaca ttatagcata tactgatacc 22560
tttgtcaagt taatttaata ctttttaaa atattagtta tcttttgtta attcttcctg 22620
aatagcatcc catcttcttt ctgcttcact acgattatct tctatatgtt ttgtagtttt 22680
acaacatttg atacaatata tatctttgat atgaccttct tctcttttat ttgctctttt 22740
tcttggtact ttgaatacat ttccacattc tttacatatt aaacttgagt aaaacatttt 22800
ttgtcttttc ataattaatc aattcctttt ctcttttatt tgataattta actatatact 22860
atattgataa ataagtcaac agttttctaa aaataattta aattattttg aagaatcctt 22920
taatatcaag ggttacaaga gaaaaagtac gtatttagaa aataaggagt actcctatta 22980
tatataatta tattctgata tagagtaata aataatatta aatatataat tataattaat 23040
aaggttggga aaattgatat aaacataact gatattgctt atagatactc agtataaaag 23100
taaaatccct tagtatcagt acttacaggc aaaaaagtac gtatttagaa aataaggaac 23160
tctcctatta tagttatata tattaattac tattattaat tactatttaa atatataatt 23220
ataattaaca atgttagaaa gtcaacaata gtataaataa aaaagtgact acttaaagtc 23280
actcaataat tagaatacta ttttaaaaga ttctattctg tttggattaa tatatacttg 23340
aggtgaagtt atagcacttt cagtatatac ttttatagag gtttcatcca ttcctcttaa 23400
catataatct atatcttgcc tattgtaact cttttcatca gtagatacta aaaagtattt 23460
agctccactt gacattgtta tttcaatatg ttttgacatc tacaatctct cctatgcaaa 23520
tttgttaaag acaaaggata atatagctcc tagaacaagt aaaagaactt tctcagttgt 23580
atccttcttc ttagtatcct tagtttttgt acttccagca agttctgaaa tcttttcatc 23640
aagtctttct aattggacgt aaattgctga ttgtttttca ctattgacag ctacatcttt 23700
atctatacta actatcattt ttcttagttc agctacctca acttctaaat ctttgaaagt 23760
ccctctatct atataattac cttcttgtat cttagactta atagtttcta cttgagaaac 23820
aaggttgttt atctccttat ccaactagaa tcacctctaa ggtctaaccg tttcagattc 23880
agaatggata tcataatttt ctaagaaatc attgataatc tccatataat tatccgtaac 23940

gacttttccg taagatgttt ttgtatcaat ttcaaaccta agcttaccaa aactttggag 24000
gtctaattct tttattacaa tattagggtc atcagaagga aggtaataat agtcgaagta 24060
tataattgag ccatttatta atactctgtc tattctatag acgtggaaat agcgtctgtc 24120
tcttttaaaa tgggctagtg catctttaaa ctctaactta aggatatcct tatatttagt 24180
caaagtggta acctccttac tattaatttt taaatttact tattttgtgg tataatagtt 24240
atgataaagg cagttattat aattatatta agaataatga taataattat tttttctgag 24300
aaaataagcc aaatactaaa aacagataaa gcatagatag ctgatagata tactatatta 24360
agagttacct tacttttatc ttttctatag atagaataac ctaaagacgt tgtaacacca 24420
ctaagtataa aataatagaa acaaaaaaga ggtatagaca gaaaaaaaga tacgataatc 24480
attgttaaac acctatttct ttttgaccta ttatttctag aacttttaga ttacaccact 24540
aatataacat taaaagccag tcataaaagt caattgttag attaataata taataaaaaa 24600
agacaatagg aggttaaagt ggttgaataa taacatagct atattcatat tcaaaacact 24660
ggttatcatt atattcttac tactaatttt gtctgttatt aattccttgt cccttattta 24720
ctcaataaga ccgagtgtag ttatgacata ctttatcttt ggtggtattg tttctaatgt 24780
cgcacttact gtaacagata agttcttact gaagaaagaa gacccctac ctgaatatgt 24840
tcttaaaaaa gtagagataa atgataaaga aataagaata atcaagaaaa tcatagaaag 24900
taattacgga ataacagcag aagagataaa agttagggct aaagcacaaa gaagaataga 24960
ggaagatagt aaaaaggaag attacgatga aaacaaagaa agaaattaaa gaacaaagga 25020
aagagcttaa ggatggtgct acatctgttt ctttagtaaa aaaaggagat aagagaatag 25080
ctagccctag tagaatttgt agtctatgtg gtcagcagtt atcaggtatg aattacacta 25140
aaggaaaagc attatcaaaa gttaatcatt ttcatttaca gtattctaag tatatttatt 25200
ttgatatttg cgcagatatc aacaattgtt ataaaaattt aagaaaacga ggtgaaatgg 25260
attgagtgca gaaaatatta gagatataat taacaagaaa aagttagaag aagaggatac 25320
aagaaaatat atagctgatg gatttatgaa tggtatcggt aaattaatgt acgaattcaa 25380
taaaaaagta gataataaag aaatagaagt taaagaccct aatgatttat ataaattatt 25440
tgtgatattc tctcaaatgc aaaatatggt caatgaaact tctgaaggtg gagcaatacc 25500
tcaactatct agacctcaac aggaattatt tgatgagatt acaacagaag atagtaatgg 25560
agaatctaca gttgatttac agaagatatc agaaatgtca gcagaagata ttacagcaat 25620
gatttctgaa aaggaaaaag taatgaatga ggaaaattca gaaacattct aaggagaaag 25680
atataaatgg atggaaaaga actaattaag atagcacaag aaacatttca aactgaaaaa 25740
ataacaagag aacagataga ccatataatc aatatgctaa acccttctac ctatatgctt 25800
aagtatcata cactgagagg tcatcctata acttttagta ttcctaacag ggatagaagt 25860
aaagcacagg ctcatagacc ttggcaaact aggattgtaa atgatactca tcctaataag 25920
gctgtaataa aatcacgtca gttaggtctt agtgaaatgg gtgtaatgga aatggttcat 25980
tttgcagata tgcatagtta tgctaacgca aagtgtctgt atacattccc tacaaatgaa 26040
caaatgaaaa aatttgttca gtcacgtttg aaccctgttt tagagaaaga atattttaga 26100
gacattgttg attgggataa agactcgtta ggttttaaaa agataagaaa ctctagttta 26160
ttctttagaa caagttctaa agcaagtacc gtagagggtg tggatattga ttatttatct 26220
ttagatgagt atgatagggt aaacttatta gcagaatcgt ctgcactaga atcaatgtct 26280
tcatcacctt ttaagattgt gagaagatgg agcacacctt ctgtacctgg gatgggtata 26340
cacaaattat accaacaatc agaccagtgg tattacggtc atagatgtca acattgtgat 26400
tacttaaatg aaatgagtta taatgattac aaccctgata atcttgaaga aagtggaaat 26460
atgttatgtg ttaatcctga aggtgtagat gagcaagcta aaacagtaca gaatggcagt 26520
taccaatttg tttgtcaaaa atgtggtaaa ccattggata gatggtataa cggtgagtgg 26580
cattgtaagt accctgagcg tacaaaaggt aataaagggg tacgaggata cctaataaca 26640
caaatgaacg ctgtatggat ttctgctgat gaattaaaag agaaagaaat gaatacagaa 26700
tctaagcaag cattctacaa ctatatttta ggttatcctt ttgaagatgt taaacttaga 26760
gttaatgaag aagatgttta tggtaacaaa tcacctattg cagaaacaca attaatgaaa 26820

cgagatagat attctcatat agctattggt atagattggg gaaatactca ctggataact 26880
gttcatggta tgttacctaa tggtaaggta gacttaatac gattattctc tgttaaaaaa 26940
atgacaagac ctgatttagt tgaagcagat ttagaaaaaa taatttggga aatatctaag 27000
tacgaccctg atattataat tgcagataac ggggactcag gtaataacgt tttaaaactc 27060
attaatcatt ttggaaaaga taaagtattt gggtgtactt ataaatcttc tcctaaatct 27120
acagggcaat taagacctga atttaatgag aacaataata gggttacagt agataaatta 27180
atgcagaata aaagatatgt acaagcactt aagacaaagg atataagtgt ttatagtaca 27240
gtagatgatg atttaaaaac tttcttaaaa cattggcaga atgttgttat tatggatgaa 27300
gaagatgaaa aaactggaga aatgtaccaa gttatcaaac gtaaaggtga cgaccactat 27360
gcacaagcaa gtgtctacgc ctatatagga ttaacaagaa taaaagaact tcttaaagaa 27420
ggaaacggta caagctttgg ttctacattt gtttctactg attacaatca agaaggaaat 27480
aaacaattct actttgatga atagaggtga aatagacttg acagataaat tattttatgg 27540
tacaattagt aatgaagaaa ttaataaaag tgtattgaat ttgttattgg gtgaggaatt 27600
atccttagat tatgtttcta aaaatagtga tactttagat gttaaatatg aacatgttta 27660
taaatctcta ggattcgata atttctttga ttgtttttta tatgctaata gagagcctga 27720
aatagtccat aaaggtggag ataaaaatct tggtggacta aataaggtta aacgtactgt 27780
tattcgtaat ggtaaagaaa tggaaatgac agtttacgaa gatggtaata aagagaacga 27840
tagtaaagaa aaacaagaag gaaaagaaga agttagtaga agtgcagtag gagcaagggc 27900
tatttctaat ggtgaagaag gaaaggtaaa ccctaaaaag gtagcaaatt cattatctaa 27960
tttaagtaaa aaaggtgtag atgtatcaca tattaataca aactcatcat tgtataaaga 28020
gtttgttgat gataacggtg atacattagg aattacatct tttaaacgaa ctgaaaatga 28080
tataatatta gaatcttatg caagttcaca tgattcagat ggtgtaggag caagagctat 28140
tatggaatta ttacgtttaa gtattaagga aaataaaaat gcagttgtgt atgatataga 28200
attacctgaa gcagtagagt atttaaaaac tttaggattt aaacctaata aagatggata 28260
catcttaaga aaaaaagatg taaaacaatt cttaggtgat tatagtgatt ttatttagca 28320
ctatagtcat ctattctatt gtatttattc tatatattgt attaaaaaca atttatataa 28380
agtctaatat gagtagaata gataacacaa ctgaattatt aaaaatatta caggaagata 28440
ttgaaggtaa gataaaaaag gaaggaagaa ataaatgact ttagaagaaa ataaattaac 28500
attagaagaa tcaataactc cacttagcaa agaggagaaa gaagatagta ttaaagaatt 28560
tagcagttta ttatgtgaaa tggtaaatag actatataag tcttataatg tatttagaca 28620
agaccctatg gatgaaactc aacgtctaga tggctcttta atggtctttc aaagtagatt 28680
aaatgaccct ttaacaggag atttacatga taagatgtat aaacttgctt tttcaaaacg 28740
tattgatatt ttcgaagcta ataagcaatt tagaaaagat gtagaagcag gtaaagcaat 28800
tgagttaggt gatgtagcta ttatagatac agcattaagt aacatccttt caggcaatga 28860
gttccaagga agtatttcat ttatgcttag aaaagacttt gaagaaaaag aacgaattag 28920
aaaagaagaa gaagagaaac ttaataactt ataaaaggga agaattatga gactatataa 28980
aatgaggtat cataattgaa aaagaaacca caaggcaatg aggtaatcat aaccataata 29040
acggttatga tagcagtatt tgtagtcatt atgaccatat tttttaataa atatcaagat 29100
gctaaagaag ataaagatag atatcaaaga ttagtagaga tttataaaaa agcagatgat 29160
aatgatggtg agactaaaaa gaaatatgtt aaaagattaa ataaggctga agaagaactt 29220
aaaaaagtaa aaaagaaaca aattataaag attataataa gaagtcaagt aaagaaagac 29280
aaaaagaaga taaagaaact agagagaaaa tatatgatgt aactggtgat gatgacttaa 29340
tattagtaaa aaataatatt gagtttagtg ataaagtaga caagcccgaa atacttatta 29400
gtgaagatgg aattggtacg ataactgttc ctgtagatag tgggtatgaa aaacaaacag 29460
taggttctat tattactagt gtattaggtt ctcctttcct atcacctggt tcaaatagta 29520
tagatggttt aagtgttatt aacgataatg tttatccaaa tacagtagat agcatagtag 29580
aagatacaaa accttctatt aacttaccaa cggataatcc tattataaca aatccagttg 29640
aaccaactat accttcagat attatacctc ctattgataa tccttcagtt ccgatatctc 29700

ctgagaaccc aggagataat aatcaaggaa atacagataa tccaaatcct ccccctccag 29760
ggtacacaga tgaagatggt ggaagaggct ccggtggtgg aggaaattct gaaccaccat 29820
caacggaaga accttcggat aatggtaaca ccggaggagg agattgggaa gaaaaacctg 29880
acccaggaga agaaccttca gataatggta atacaggagg aaatggtgga gaagttacgc 29940
ctgaacctga acctgaacct gaacctgaac ctgaacctga acctgaacaa ccgaatgaaa 30000
atcctgatga aggtaatgaa gaaaaaccat ctgaaccgtc tgacaatcct gatgaaaatg 30060
gaggatggga aactgaacca actgaacctg agtcaccttc agagccggac gataaagtgg 30120
acgaagaaga taaaaatgaa gatactacag atgataaaca gcccactgaa caaccggacg 30180
ataacaacat agataatgaa gataaaactg aagaggagta attactcctc ttttttgttt 30240
gctatattaa ataagagcta aatataaaaa aattgaacat tacggtggtg aaaactttgt 30300
taggaatgaa tattataacg tcactatcag tagtatttac ttgtttaagt cttttaactt 30360
taatgatttt tgttcatagt aagttctcta gtaaaaacgt ttttgttttg tatgtaattt 30420
atgctataat aggaataggt acatacatag ttttaactat gtttcaaaca acatctgtac 30480
ttattaagaa tgatgtaata gattccatag aaaatactga acattatatt ggattcaatg 30540
accctataat tatatttact ataagtttta taggtgcaat acttggagga atttggtaca 30600
agatgatgaa aattattaaa aagagtaact ttaaagataa aaaataaaaa agacggtgaa 30660
taggttgata ttctctaaag ataaaaaatg ggatgaagca aaagatttca tcaaaggtca 30720
aggtatgcaa gataattgga tagagattgt agattattat agacagatag gtggaaaaca 30780
cgtagctgtt tttattgctt taaacaaagt aaaatacatg attctagaag caacaaaaga 30840
caataaggta atattagtag ataaagataa taatatacta ttagaagatt atgatattgt 30900
tatggaaagt aagaagatgt tttattacat tgaagaaccg ttcgaggtta aaataaatat 30960
ccctcaacat attagagatg taacttataa taatactgtt gtattaacta cagtaagagg 31020
gagtagaggt gactagtaat tggcagattt atttaagcaa ttcagattag gtaaagacta 31080
tggtaataat agtaccattg ctcaagttcc tattgatgaa ggattacaag ctaacattaa 31140
aaaaatagaa caagacaata aagagtatca agatttaact aagtctttat acggacagca 31200
acaggcttat gcagagccat ttatagaaat gatggatacg aatcctgaat ttagagataa 31260
gagaagttac atgaagaacg aacataactt acatgatgtt ttgaaaaagt ttggtaataa 31320
ccctatcctt aatgctatca tacttacacg ttcaaatcaa gtagctatgt attgtcaacc 31380
tgcaagatat tcagagaaag gtttaggttt tgaggtaaga ttaagagacc tagatgcgga 31440
acccggtaga aaagaaaaag aagaaatgaa acgtatagaa gattttattg ttaatacagg 31500
taaagataaa gatgtagata gagattcatt tcaaactttc tgtaagaaaa ttgttagaga 31560
tacttacatc tatgaccaag ttaactttga aaaagtattt aataagaata ataaaactaa 31620
attagaaaaa ttcatagcag tagacccttc tactattttt tatgcaacag ataaaaaagg 31680
taaaattatt aagggtggta agagatttgt tcaagtagta gataaaagag tagtagctag 31740
ttttacttct agagagttag ctatgggtat aagaaaccct agaactgaat tatcttcttc 31800
aggatatgga ttatcagaag tagagatagc tatgaaagag tttattgcct acaataacac 31860
tgaatcattt aatgatagat tcttctccca cggtggtact actagaggta ttttacagat 31920
acgttcagac caacaacaat cacaacatgc attagagaac tttaagcgtg aatggaaatc 31980
tagtttatca ggtatcaacg gttcatggca aataccagtg gtaatggcag atgatattaa 32040
atttgtcaat atgacaccaa ctgctaatga tatgcaattt gagaaatggt taaattacct 32100
tatcaatatt atatctgctt tatatggtat tgaccctgca gaaattggtt tccctaatag 32160
aggaggagct acaggttcta aaggtggttc tactttaaat gaggctgacc cgggtaaaaa 32220
acaacaacaa tctcaaaata aaggtttaca acctttactt agatttattg aagacttagt 32280
taatagacat attatatcag aatatggaga taagtataca ttccaattcg taggtggaga 32340
tactaagagt gctactgata aacttaatat tcttaaacta gagactcaaa tatttaaaac 32400
agttaatgag gctagagaag agcaaggtaa gaaacctatt gaaggtggag acattattct 32460
agatgcttca ttcttacaag gaacagccca attacaacaa gataaacaat ataatgatgg 32520
taaacaaaaa gaacgtttac aaatgatgat gagtttacta gaaggagaca atgatgattc 32580

tgaagaaggg caatcaacag attctagtaa tgatgataaa gagataggaa cagatgcaca 32640
aataaaaggt gacgataatg tttatcgtac tcaaacatct aataaaggtc aaggaagaaa 32700
aggagaaaaa tcttctgact ttaaacatta attaataagc ctagaataaa tctaggcttt 32760
gtttatttt ttcgtaattt aattttgata aatgtaataa ctatgatata ctatatgtaa 32820
ttgatattaa tacataaaaa atattaatat ttcacttaca agttattatt gttatattat 32880
taacgtaaaa gtaaataaaa taacaagtgg aggtgtagac acctttggaa gaaataaaat 32940
ttaatgcttt tgtacctatg gatttgaaga aatctgtatc aacagcttct gatactaatg 33000
agtattctat cgtttcagga tgggctagta ctccaagtat ggatttacag aatgatatag 33060
ttaatcctaa aggaatagat atagagtatt ttaagtcaca agggtacatt aattatgagc 33120
atcaaagtga taaagttgta ggtataccta cagagaattg ctatgtggat atagaaaaag 33180
gtttatttat tgaagcaaag ctatggaaga atgacgaaaa tgttgttaag atgcttgatt 33240
tagctgagaa attagaaaaa tcaggtagtg gaagacgttt aggtttttct attgaaggtg 33300
cagttaaaaa acgtaatata aatgacaatc gagttattga tgaagttatg ataaccggag 33360
ttgcattagt taaaaaccct gctaatcctg aagcaacatg ggaaagcttt atgaaatcat 33420
ttttaactgg tcatggtaca tcacctgaca ctcaagttga tgcaggagct ttaagaaaag 33480
aagaaatagc atctagcatt acaaatttag cttacgtcac taagattaaa gatttaaaag 33540
agtttaatga tgtatggaat ggcgttgttg aagatttgag taaatctaat agtatgggat 33600
atgaggaatc agtccttacg ttacaactag ctaaaggttt atctcgtaaa gatgcagaac 33660
tagcagtaat ggatataaac aaacaaaaac tagaataggt aaggagaata cattctatga 33720
gtaaagaaat gcaaaatatt ttagaagagt atgataagtt aaatgctcaa gaggcagttt 33780
cgaaatctgt agaagatgat gaaaagaata cagtagaatc taccgaagag caagtagcag 33840
aaacaactga agaacctgct aaagaacctg aaaaagtatc tgaggaagat gctaaagaag 33900
cacaagagca aggtgaaaaa gttgaatctg aagaggtagc agagggcaat gaagatgagg 33960
aagttgaaaa atcagctaaa gaatcaaaag accctgtaga ccaaaaagat actaagacag 34020
aaaataaaga caacgagaaa cgtaaaaata aaaaagataa aaaagaagat tctgacgatg 34080
aagataaaga tactgacgat gataaagata agaaagaaga taagaaggaa aaaacttcta 34140
aatcaatttc tgatgaagat atcacaacag tatttaaatc tatcttaaca tcttttgaaa 34200
acttaaataa agagaaagaa aactttgcta ctaaagaaga tttaagtgaa gttagtaaat 34260
ctattaatga gttatcagca aaaatttctg aaatccaagc tgaagatgtt tctaaatcag 34320
tagacactga tgaagaagct gtagaaaaat cagtaacatc tacaaacgga gagcaagaaa 34380
aagtagaagg ttacgtttct aaatcagtag acactgaaga acaagctgaa actggtgaag 34440
caaaatcaga agaagctgaa gaagtacaag aagataacac atttaaagga ttaagtcaag 34500
aagaacgaac taagttcatg gattcttaca aagcacaagc taaagaccct agagcttcta 34560
aacatgactt acaatcagct taccaatctt acttgaacat taacactgac cctactaatg 34620
catcagagaa agatattaaa actgtaaaag actttgcaca aatttaatta atgcacaaag 34680
ttgtgttata ttatacggtg taactaaaga atataaatag ggtacatttt actgtaccct 34740
acataaaata aaaagaacac aaatgaaagg tgataaattt atatgactat cgaaaagaac 34800
ctgtcagacg ttcaacaaaa gtacgctgac caattccaag aagacgtagt aaagtcattc 34860
caaactggtt atggaatcac tcctgataca caaattgacg caggagcttt acgtagagaa 34920
attttagatg accaaatcac aatgttaaca tggactaatg aagacttaat cttctatcgt 34980
gatatctcac gccgtcctgc tcaatctaca gtagtaaaat acgaccaata tttacgtcat 35040
ggtaacgtag gtcactctcg tttcgttaaa gaaatcggag tagcaccagt atctgaccca 35100
aatatccgtc aaaaaactgt atcaatgaaa tacgtttctg atactaaaaa tatgtcaatt 35160
gcatcaggtt tagtaaataa cattgctgac ccatcacaaa tccttacaga agatgctatc 35220
gcagttgttg caaaaacaat tgagtgggct tcattctacg gtgacgcttc attaacttct 35280
gaagttgaag gtgaaggtct agagtttgat ggtttagcta aattaattga caaaaataac 35340
gtaattaacg ctaaaggtaa tcaattaact gagaaacact taaatgaggc ggcggtacgt 35400
atcggtaaag gtttcggtac agctacagat gcttacatgc ctatcggtgt acacgcagac 35460

ttcgttaact caatcttagg tcgtcaaatg caattaatgc aagacaacag cggtaacgtt 35520
aacactggtt acagcgtaaa tggtttctac tcatctcgtg gattcattaa attacatggt 35580
tctacagtaa tggaaaatga actaatctta gatgaatcat tacaaccatt accaaatgct 35640
ccacaacctg ctaaagttac agctactgtt gaaactaagc aaaaaggtgc ttttgaaaat 35700
gaagaagacc gtgcaggatt atcatataaa gtagtagtta actcagatga cgctcaatca 35760
gctccttctg aagaagtaac agctacagta tctaacgtag acgatggtgt taaactttca 35820
attaatgtta acgctatgta ccaacaacaa ccacaattcg tttctatcta ccgtcaaggt 35880
aaagaaacag gtatgtactt cctaatcaaa cgtgtaccag ttaaagatgc acaagaagac 35940
ggaacaatcg tattcgtaga taagaacgaa acattgcctg aaacagcaga cgtatttgtt 36000
ggtgaaatgt caccacaagt agttcactta ttcgaattac ttccaatgat gaaattacca 36060
ttagctcaaa ttaatgcttc tattacattt gcagtattat ggtatggtgc attagcatta 36120
cgtgctccta aaaaatgggc tcgtattaaa aacgttcgtt atatcgcagt ttaatagaat 36180
aagaaaaact gaatacaaga gaatagggat aaacttaggg tttatccctt ttttattaaa 36240
ataaacttga agggatttaa taaatatgtt atactataag aaactattag ataaaaaaat 36300
ggctactgtt tatggtacag tggagattga caaagatgga gtagttaaag gattaactaa 36360
agagcaagaa aaagaatttg caaatgttcc aggttttgaa tttgaagaag aaaagaaaac 36420
tactagaaaa caatcagctt ctactagtaa agaagaagag cctaaggaag aggaaaagaa 36480
agcctctact agaaaaacta caagtactac tagaaaatct acagcacgta aaacaacagc 36540
caaaaaagat gaaaataagt aaagggtgaa ttaaatggtt aactcaatgt ttggagggga 36600
cttagaccct tatgaaaaat cattaaacta tgaatatcct tatcatccta gtggtaatcc 36660
taaacatata gacgtaagtg agatagataa tttaacatta gctgattatg gatggtcacc 36720
ggatgcagtt aaagcatata tgttcggtat cgtagttcaa aatcctgata caggacagcc 36780
tatgggtgat gagttttata accatatatt agaaagagcg gtaggtaaag ctgaaagagc 36840
attagatata tctatactac ctgacactca acatgagatg agagattatc atgagacaga 36900
gtttaatagt tatatgtttg tacatgctta cagaaaacct atattacagg tagagaactt 36960
acagctacag tttaatggta gaccaatata taaataccct gctaactggt ggaaagtaga 37020
gcatctagca ggacatgttc aattatttcc tacagcactt atgcaaacag gacaatcaat 37080
gtcatatgat gctgtattca atgggtatcc tcaattagca ggtgtatacc cgccatcagg 37140
ggcaacattt gcacctcaaa tgatacgatt agaatatgta tcaggtatgc ttccacgtaa 37200
aaaagcagga agaaataaac cttgggaaat gcctcctgag ttagaacagt tagttataaa 37260
atatgcattg aaagaaatat accaagtatg gggtaactta atcattggtg ccggtattgc 37320
taataaaaca ttagaagtag acggtattac agagacaata ggtactactc aatcagctat 37380
gtatggtgga gctagtgcac agatacttca aataaatgaa gatataaaag aactattaga 37440
tggtttaaga gcttactttg gatataatat gataggatta taaggagggt tagaaaatgg 37500
aaaaaccgta tatgatagga gccaactcta accctaatgt tattaataag tcaacaacat 37560
atactactac aacacaagca gatgaacaag ataaacctaa gtatactact agactagagt 37620
ttgatacgat tgacatgatt aggtttatta atgaccgagg tataaaagta ttatgggaag 37680
aagcatattt ctgtccttgt cttaatcctg atacaggaca tcctagggta gattgcccta 37740
gatgtcatgg taaagggatt gcatatctac ctcctaaaga gactataatg gcaatacagt 37800
ctcaagagaa aggaactaac cagttagata taggtatatt agacacaggt actgcaatag 37860
gtaccactca attagaaaag agaatttcct atagagatag gtttactgtt cctgaggtat 37920
tgatgcctca acaaatgatt tattttgtga ataaagatag aattagaaaa ggtatacctc 37980
tatactacga tgtaaaagaa gtaacttata tagctactca agatggtaca gtctatgaag 38040
aagattatga aattaagaat aacagattgt atttaaatga aaaatatgag aaccatacag 38100
taactttaaa gatacttatg actttaagat atgtagtatc agatatacta aaagaaagtc 38160
gttatcaata tactaagttt aatcaaccta aatcaaaatt tgaaaactta cctcaaaaat 38220
tacttcttaa aagggaagat gttattgtac tacaagaccc ttataaagtt aatgatggca 38280
tagaagaaga cctagaaatt caagtagatg accctaaggc ttcagcatct aatcctagta 38340

atttaggtgg attcttcgga ggtgcattta aataatgcca gttcacggaa agagacctaa 38400
tttatttaaa aataaaaact ataagcaggt aggtaagaga acaattgatg gtatgcgttc 38460
agaagttctt gataaattac aagcaacagc acagcaagta gagaatacta gtattaaacg 38520
tatgcctact tacctacaaa taacagagaa aaagcttgaa aaagaaggag tagtagacct 38580
taaaaaagct tttgctcact catctaaaaa gaaaactagt aaagatggcg gatggtattt 38640
aactgtacca atccgcatca aaactagtag aatgaataac agtacttacc aagatatgag 38700
aactttaaaa gtagataaag gtacaggttc agtctctaag ataactgatt acctagaagg 38760
acgtagaaag aatgtaagcc atccttcaat gaagcctgaa cctatgactc ataatatgac 38820
taaagttaaa agaggaaagc aatcttctta ctttatattt agaactgttt ctagtaagtc 38880
acctgctagt tcttggatac ttaacagaga taaagttaat gaagataact tctctaaaac 38940
aactctaaaa actgttaagc aattaatgaa ctggaagatg aaaaatttaa attaagagga 39000
gggttagtat taaatggcaa taacatcagt tgattcatat ttattatcag aaataaagcc 39060
tagacttaac actgtgctag agaattgtta tattatagat gaagttttaa aagactttga 39120
ttatcaaact agagagagct ttaaagaagc tttctgtggt aagaatgcac aacatgaagt 39180
aacggtagga tttaacttcc caaaatttaa aaataactat gaagctcatt acttgataca 39240
attaggtcaa ggacaagaga caaaaaactc tttagggagt attcagtcat cttactttga 39300
ggcaacagga gataccttag tcgaatcttc tacagcaata agagaagatg ataagttagt 39360
ttttactgtt tctaaaccaa taggagagtt aataaaggta gaagatatag agtttgctaa 39420
atacgataat ctccaagttg aaggtaataa ggtatcattt aagtatcaaa caaatgaaga 39480
ttatgagaac tacaatgcta acattatatt taccgaaaag aaaaatgatt ctaaaggttt 39540
agtaaaagga ttcacagttg aagaacaagt aacagttgta ggtctttcat ttaatgtaga 39600
cgttgcaaga tgtttagatg ctgtactgaa aatgatttta atatctatga gagatagtat 39660
agaagagcaa caaacattcc aattacagaa tttgtctttt ggtgatattg caccaataat 39720
agaagatggt gactcaatga tttttggtag accaacaatt attaagtaca caagttctct 39780
agatttggat tatactatta cacaagatat taataaacta acttttaaag aaagaaagga 39840
ttggaagtag gatggctaga aaaaagacac ctgaaaataa cactcctaaa tttaatggtt 39900
atgttcatat agatacattc cttgatactg caaaaaccct ttttaatatg aaggattcac 39960
aagtagcagg atttaaagct tatatggaag gtagtcatta tttgtttagt gagcaagaat 40020
tcttaccatc attagagaag tatctaggta ggaaattaga tatataataa cattcagata 40080
aggagaatta aatatggcag tagaaccatt cccaagaaga cctattaccc gtcctcatgc 40140
atctattgaa gtagatactt caggtatcgg tggctcagca ggttcaagtg aaaaagtatt 40200
ttgcttaatc ggtcaggctg aaggcggaga accaaataca gtttatgaat tacgtaacta 40260
tgcacaagct aaacgtttat tccgttcagg agaattactt gatgcaatag aattagcatg 40320
gggttctaac cctaactata cagcaggtaa gattttagct atgcgtatag aagatgctaa 40380
acctgcttca gcggaaatcg gtggattaaa agtaacatct aaaatctatg gtaatgttgc 40440
taacaacatt caagtaggat tagaaaagaa tacattaagt gattcattac gtttaagagt 40500
aatcttccaa gatgaccgtt tcaatgaggt ttatgataat atcggtaata tcttcacaat 40560
caagtacaaa ggagaagaag ctaacgcaac tttctctgta gaacatgatg aagaaactca 40620
aaaagcaagt cgtttagtat taaaagttgg agaccaagaa gttaagtcat atgatttaac 40680
tggtggagct tatgactaca ctaatgctat tattacagac attaatcaat tacctgattt 40740
cgaagctaaa ttatcacctt tcggagataa gaacttagaa tctagtaaat tagataaaat 40800
tgaaaatgca aatatcaaag ataaagctgt atatgtaaaa gcagtttttg gtgacttaga 40860
aaaacaaaca gcttacaacg gtatcgtatc tttcgagcaa cttaatgcag aaggagaagt 40920
accaagtaat gtagaggttg aagcaggaga agaatcagct acagtaactg ctacttcacc 40980
tattaaaact attgagccgt ttgagttaac taagttaacg ggcggtacta atggagaacc 41040
acctgctaca tgggcagaca agttagataa atttgcacat gaaggcggat actacattgt 41100
cccattatca tctaaacaat cagttcatgc agaggtagct tcttttgtta aagaacgttc 41160
tgatgcaggg gaaccaatga gagctattgt tggtggagga ttcaatgaat ctaaagaaca 41220

attgttcggt agacaagcat cattatctaa tccacgagta tcattagtag ctaactcagg 41280
tacttttgtt atggatgatg gacgtaaaaa ccacgtacct gcttacatgg tagccgtagc 41340
tctaggtggt cttgcaagtg gtttagaaat tggtgaatca atcacattca aaccactacg 41400
tgtaagttca ttagaccaaa tctatgagtc aatagactta gatgaattaa atgaaaatgg 41460
tattattagt atagagtttg ttcgtaaccg tactaataca ttcttcagaa tcgttgatga 41520
cgtaactaca ttcaatgata aatcagaccc agttaaggct gaaatggctg ttggggaagc 41580
taatgacttc ttagtaagtg agcttaaagt tcaacttgaa gaccaattta ttggtactcg 41640
tactatcaat acaagtgctt caatcattaa agactttatc caatcttact tgggtcgtaa 41700
gaaacgtgat aatgaaattc aagacttccc tgctgaagac gtacaagtta ttgttgaagg 41760
taacgaagca agaatttcaa tgacagttta cccaatcaga agcttcaaga aaatttctgt 41820
tagcttggtt tacaagcaac aaacattaga agcctagtct aggtgatgga gtacctggat 41880
taggtactcc tattaatata atttgaatac tttaggagag tgaatacaga tggcatcaga 41940
agctaaacaa accgtccata ctggtaatac cgtcctactt atgattaaag gtaaaccggt 42000
aggaagagca caatcagcat caggtcaacg tgaatacggt acaactggtg tatacgaaat 42060
cggttctatc atgcctcaag aacacgtata tttacgttat gaaggtacaa ttacagtaga 42120
acgtttacgt atgaaaaaag aaaactttgc agatttagga tatgcttcac ttggtgaaga 42180
aattcttaag aaagatatca ttgatatttt agtggtagat aacttaacga aacaagttat 42240
tatctcatat catggttgct ctgcaaataa ctacaatgaa acttggcaga caaatgaaat 42300
tgtaacagaa gaaatcgagt tcagttacct ttaactaata gaggctatgt ttggtgacaa 42360
gcatagaaaa cactttaaat tgcgtgaaag tcttaaagac tagataacta caacgtaact 42420
cgaaagggta agcgtgaatg ttgagaaatc agaaaaaata tctagtatag tataaggtta 42480
aatcctaagt acagtaaaat agatgatacg caggcaagcc tacaaatgtg ggaagcttca 42540
acgactataa taggtgagtc ttagttacac attaagatta tggtatagtc tactcccttt 42600
aaaatatatc gaaagatagg gtacaaagga cagcatcaga taaagctaga acttaaattt 42660
cttattaaga ccaacaataa aagttggtct tatattttat acttgctttg tctgaggcag 42720
tgtgctataa ttaaaataca aggaggtaat aatatgggaa aaaatcaata tacatttaat 42780
attaaagaaa ataaaaataa atggtatgaa tggtgtaaac tacaaaacgt aaaaccttta 42840
gtagaatatg aaaatgcaca acaaatattt tattttgaat ttcttgaagg taaatttaaa 42900
ggactaatag gaaaaacata ttgggctagt ataaatagag gttctaatat gcgtatgagt 42960
tgtttaacat cagaaagtaa agataaatat ttaaaaaatt taggaaaaag aaaaggtata 43020
gaggtagtag aagactataa gggtggcaga aaattaaaac ataaatttat agttttagaa 43080
ggtaagtacc aaggatgtga agggtatata actttaaatg atttagagaa tttaggtaga 43140
gtagataata gaagtttatc tgaaaaagga aggaaacaat actttgataa acaggcaaga 43200
cttagagatt gtattattct agagtaccct aaagactata gaataaaaac taaagataag 43260
atagtagtaa aagataaaga agggcatgtt cataatatta ttgttcagga ctttttgag 43320
aaatcatctt tattggagtt atcttgtgct agtgaaggag agaaaatagt taaagaaata 43380
cttactaaaa attctataaa atttgaaaaa gaaaaatcat ttagaaacaa agaaggtaaa 43440
gtacaaagat ttgattttta tattaatgaa aataataaag aatatgcaat agagtacaat 43500
ggtgcacagc actacataga ttctacagga tatcttaaag atactttgga aacaacccag 43560
aaaagagata aactaaaaaa agaatacagt aaagataaag gtataaattt attaattatt 43620
ccttacacaa taacagataa gaaagaaatg gaaaaaatta ttttaaattt tttaaacaaa 43680
taacccttga cactccctca agggatatgt tattataata acaggttagg agtaataagt 43740
atgaataata ggcaagctaa actaaaagga tataaccaat ttcattatta tgattttcca 43800
acaactaaag gtaagtttaa agatataatg aaaagaaaat ctagaacaga acttaaaaaa 43860
gatttacaaa aagaaaggaa gtattatctt gacaaataag agaaaaacga taggtaagat 43920
gagtaacaca agagcaacat ggaatattaa tccggtaact aaagttaaaa aagataaaac 43980
aaaatattct agaaaaaata aacataaagg tcttgacaat tataattaac taaggtatat 44040
tattagtata acaaaaaaag gagatgttat aatatgagaa tttatataag taatgactat 44100

aacaaagagc tattagataa atgtttatca gatattaaca aagataaagg taatataaac 44160
tacagtatta attatggtga aggtaacatt aaagaagcag atgtagaaat tattaaacta 44220
gataagaatc tattagaaac agaatcaaga gcatttgctt attcgaagtt tgttgaagat 44280
tgtatatttt tatttcctta taagattgct ttacttagag ggggtaaaat agagttaaga 44340
tttgattgga atgaaatatt ataacaaaaa aaggagatgg atatatgagt acattttggt 44400
cagaaagaag aacaactaat aaagataggc aagttaaaaa acattatact caaatgagta 44460
tgtatgaaag aaagaaatgt gtagagttat tacaagagac aattactgaa aatagaatta 44520
ttaattttac acgacatagt gcaaaaaaag ttaaaggtaa accaacaaca aatataccta 44580
aattaatagg ttttattttt aaaaataagt ttgcctacga aaatatcata gagtacaata 44640
acacagatta taatggtaat attgagagga gaattgttgt taaacatccc aaagttataa 44700
ctgtagaagg aaaacttagc tatcagtttt tgacaattag tcttgaagat gctagagtta 44760
ttacggtgtg gtataacagt gtagatgata cacatagaac actagattta aattattata 44820
gtaaagactt gacaattcaa taaggaggag ttataatggg attaacaata gtaaatggtt 44880
atttctttct atcaagtatt atatttattg tagtaagtat actaaatgga aaaggtacag 44940
ttacaaggga atcactagct atgagtcaag cattagtgat aataacatcc attcaatttt 45000
tagcattttt aattataaat ggcatttatt actcattaaa atatatgtaa taaaaaggag 45060
tacaaatgga aatatacatt gtaatagact taagaggaag cacagaagaa gaaacaagta 45120
tggattttaa agcttttaga aaattacaag atgctataac atatgtagat ggtaatggta 45180
acagggattt acatataatt cctctagaat tagaataaaa gtattgacaa attaaaacta 45240
ataaattata ataaaggtat aacaaattaa aggagaagat ataaaatgtc acaagataaa 45300
ttaagagcaa tttacacaga aatgaaagta gaattacaca aatttcctaa agaggtagat 45360
gtaacaagta aatcaactgc aattgcaatc aatcagattt tagataaatt caaaacatta 45420
acagaacaag caggaaagat tactagaaaa tatttagaag gtcaagaaat attaactatt 45480
gattatgagt actatgattc attacaagaa tactatattt acctacttag aaatagtgaa 45540
aaaattgaac aaagtttaca agaaattact aagcgtacag gtgaatatgt aaagtaattt 45600
tgatttaaaa acaaaatatg atatactatg tttaaagtag taagcctaca ctagtccgtg 45660
ttatattaat attgaatcgg ataagcgtag gctttattaa tatttaaaaa aaggaaggta 45720
tatcatatta tggcagaaga aattaaaaag gaacaagatg tacaagaaac aactaaagaa 45780
gaaaaaaaag atgttagcaa aatgacaccg gaagaaatag ataaattaaa atatcaagac 45840
aagcaagaaa aagaacaagt tattaacaaa gttattaaag gtgttaatga tacttgggaa 45900
aaagaatata actttgaaga attagactta agatttaaag ttaaaattaa attacctaac 45960
gcacgagagc aaggtaatat atttgcgtta cgttctgctt acttaggtgg tatggatatg 46020
taccaaacag accaagtaat tagagcatat caaatgttag ctacattaca ggaagtaggt 46080
attgaagttc ctaaggaatt ccaagaccct gacgatattt ataacttata tcctttaact 46140
gttatgtatg aagattggtt aggattctta aactcctttc gttactaata gtatagaaac 46200
actagataaa gatatagaac gattgggcgg tatggaatca attgttaaac aacctttatc 46260
tagaaatcta tgggctatta tgaaagagtt taatgtttta cctactgagc aaagatttaa 46320
ggacttagat gattatcaga tagagtttat tattgggaat atgaacagag atgtttatga 46380
acataacaaa caacttaaac aagctcaaaa aggtggaaaa ttcgatagtc aatttgaaga 46440
tgatgatagt agttggtgga atgaatctca tgaagacttt gacccagtac ctgatttctt 46500
agatgctgat gatttagcac aacagatgga agctaaatta tccgatagag ataaggaaga 46560
aagagctaag agaaacgatg cagagttaaa tgatgaaaca gaaggactta ctacacaaca 46620
tctagctatg atggaataca tcagacagaa acaacaagaa ttagatgatg aagtaggaaa 46680
tggtaagact agtgaagatg acgctactat atcacaagat agcgttaata aagcactaga 46740
agacctagat gatgactggt atatgtaaag ggtggtaggt gatactacca tccttatttt 46800
tttaaaatgg atggtgaata atgatggcaa tgaatgacga ttatagattg gtcttgtccg 46860
gtgatagttc ggatttagag aatagtctaa aggcaataga actttatatg gattctttag 46920
agtctaagaa tattgatgct cctttagata atttcttaaa aaaattaaaa gtaattgcta 46980

aagaagttaa aaatgtacag aacgcaatgg ataaacaaga tggtaaatct gttatatctt 47040
ctaaagacat ggatgaatct attaaatcca ctcaatctgc tacaaagaat ataaatgaat 47100
taaagaaagc tttagatgac cttcaaaaag agaatatatc taaaggtatt gcacctgacc 47160
ctgaagttga aaaagcatat gctaagatgg gtaaagttgt agatgaaact caagaaaaac 47220
ttgagaaaat gtcttcacaa aaaataggtt ctgatgctag tattcaaaat agaattaagg 47280
aaatgaaaac cttaaatcaa gtaactgaag aatacaataa aataagtaaa gattctagcg 47340
caactaaaga ttatacaaaa cgattaagag ctaatcgtaa tatgactaga ggttacatgg 47400
agcgttcaga aggaacagga cgtttgacat atgaccaagg tgcacgagtt agaagtgaac 47460
taggtaaagt aagttcttat gagagccaaa gaaaacaaaa ccaacgtaat ttgggacaag 47520
caagagaaca atatagcaac tatagaaacc aacaacaaga cttgactaaa cgtagagcta 47580
gcggtcaaat taataaggca caatatgaac aagagttagc ttctattaaa caggaaatga 47640
aagctagaga agaacttata tctaactatg agaaattagg agcagaactt gataaaacag 47700
ttcagtatta taagggttca gttcaaaagg atttccaatc tagagacgta gaccaacaaa 47760
gaggaacatt tggtagaatg gttcaagaac gtttgccatc tattggttct catgctatga 47820
tgggtactac agctatggct acaggtttat acatgaaggg tgcctcacta agtgaaacta 47880
atagacctat ggttacatca ttaggtcaaa attccgataa tatggatata gattctgtaa 47940
gaaatgcata tggagacttg tcaattgata acaaattagg ttataatagt actgacatgt 48000
tgaaaatggc tacttcatat gaagcatcag taggacataa aagtgatgag gacacaatgg 48060
caggaactaa acagcttgct attggaggac gttctttagg cattaaagac caagaagctt 48120
atcaagagtc tatgggtcaa atcatgcata ccggcggagt aaattctgat aacatgaagg 48180
aaatgcaaga tgcattctta ggtggtatta aacagtcagg tatggttggt cgtcaagatg 48240
aacaacttaa agcactaggt tctatagcgg aacaatcagg agaaggaaga actctaacta 48300
aagaccaaat gagtaatctt actgccatgc aatctacttt tgcagagtca ggaagtaaag 48360
gattacaagg tgaacaaggt gccaatgcta ttaacagtat agaccaagga cttaaaaatg 48420
gtatgaatag ttcttatgct cgtatagcaa tgggatgggg aacgcaatac caaggtcttg 48480
aaggtggata tgatttacaa aaacgtatgg atgaaggtat atctaatcct gaaaacttga 48540
cagatatggc tgatatggct actcaaatgg gtggcagtga aaaagaacaa aaatacctat 48600
ttaatagaag tatgaaagaa ataggcgcta acctaactat ggagcaatct gatgaaatat 48660
ttaaggactc taaagaagga aaactgtcta aagaagagtt agctaagaaa gctaagaaaa 48720
tggaaaaaga aggtaaaaaa gaaggagaag ataacgccac tgattataaa gaatctaaat 48780
caggaaaaaa tgaccaaaat aaatctaaga ctgatgataa agcagaagat acttatgata 48840
tggctcaacc actaagagat gctcatagtg ctttagcagg tcttcctgcc cctatatatt 48900
tagctattgg tgctatagga gcatttacag cttcactaat tgcatctgca agtcaatttg 48960
gagcaggtca cttaattggt aaaggagcca aaggacttag aaataaattt ggtagaaata 49020
aaggtggtag ctccggtggt aaccctatgg caggtggaat gcctagtggt ggtggttcac 49080
ctaagggtgg aggctcacct aaaggtgggg gcactcgttc tactggagga aaaatacttg 49140
atagcgctaa aggtcttgga ggattcctag taggtggcgc aggatggaaa ggtatgtttg 49200
gcggggagtc taaaggtaaa ggatttaaac aaacatctaa agaagcctgg tcaggtacta 49260
gaaaagtatt taatagagat aatggtagaa aagccatgga taaatctaaa gatatagcta 49320
aaggtaccgg tagtggtctt aaagatatct ataatgatag tatatttggt aaagaaagaa 49380
gacaaaacct aggagaaaaa gctaaaggtt ttggtggcaa agctaagggt ctctatggta 49440
agtttgctga taagtttggt gacggaggta aaaatggtat cctttcacaa tcaccaaaag 49500
caggtggaag tggcataggg aaacttggaa aacttgcagg tggacttgga aaaggagccg 49560
gagttttagg tgttgctacg tctgccttat cattaatacc tgctttagct tccggagata 49620
gtaaagctat cggcggagga ataggctcta tgggtggagg aatggcaggt gcatcagcag 49680
gagcttctat aggagcttta tttggtggtg taggtgcaat ccctggagct ttaataggtg 49740
gagctatagg ttctttcggt ggaggagctg ttggtgaaaa agtaggagac atggctaaga 49800
aggctaacac taaagaagga tggaacctag gatggactaa tggagataaa gacggtaaga 49860

ataaattcca agattcttta ttaggaaaac ctatatctaa agcatggagt ggtataacag 49920
gtctctttga taatgacgct gaagcatctg aagaaaatag caaagataag aaaaaaggcg 49980
ttaaaggtgt taaaggggat actaagaaga aagaaaaaat gacagcagaa caacttagag 50040
aaaaaaataa ccaatctgaa actaagaacc ttaaaatcta tagtgattta cttgatagag 50100
ctcagaaaat tattgagagt gctaaaggta ttaatataga tggaggaact tctgatagtg 50160
gttctgatag tggaggctct gcatctgatg taggaggaga aggtgcagag aaaatgtata 50220
agttccttaa aggaaaagga ctatctgata accaggtagg agctgttatg gggaacttac 50280
aacaagaatc taaccttgac cctaatgcta agaacccttc aagtggagca tttggtattg 50340
ctcaatggtt aggtgctaga aaaacaggat tagataactt tgctaagtct aaaggtaaaa 50400
aatccagtga tttagatgtt caattagact acctatggaa agaaatgcaa tctgattatg 50460
aaagtaaaaa cctcaagaat gcaggttgga gtaaaggtgg aagtctagaa cagaatacaa 50520
aagcatttgc taccgggttt gaacgtatgg gagcaaatga ggctatgatg ggtactcgtg 50580
ttaacaatgc caaggaattc aagaagaaat atggaggttc cggcggagga ggcggagggg 50640
gcgctatgtc ctctacttac caagaagcta tgagtaaccc tgtattaacc actggttcca 50700
actacagagg ctctaacgat gcttctaatg cttctacaac taacagaata acagttaatg 50760
ttaacgttca aggcggaaat aatcctgaag aaactggaga cattatcgga ggaagaatta 50820
gagaagtttt agacagcaac atggatattt ttgcaaatga acataagaga agttattagt 50880
gattttgtat tgacacaaga gtagtatagt agtatactac tcttatacat ataaaaataa 50940
aaggaagtat gtgtatatga aaagattaag aagacctaag gtaagaatag agatagttac 51000
agatgataat acatttacat taagatttga agatacacgt gactacaatg gtgatgagtt 51060
tggagctaaa cttttaggct ttcaaactaa aaactctatg gaagatgata gttctgtatt 51120
ccaaatcaat atggcaggag atacttactg ggataagtta gttatggcta atgatataat 51180
cagaatattt attacaccta atgatgaccc taatgataaa gaaggtcgtc aagaacgttt 51240
aatacaagta ggtatggtat cacaagtatc aaaagtaggt agctatggta atgaccaaac 51300
tcaatttaga ataacaggtc aatcttttgt aaaacccttt atgaaatttg gattaggtgt 51360
tattcaagag gttcaagctg tattacctga agtaggttgg cttattgatg gtgatgggga 51420
taatgaagta aaatttactg gtagttcggc acatgaagtt atgacaggta ttatccgaag 51480
atttgttcct tatatgaaat ataactatac agaaaaaaca tataatacaa tagatagtta 51540
ccttgattat gatgatttaa gtagttggga tgaatttgaa aatctgacag aagtatctgc 51600
ttttactaat tttgatggct cattaaaaca gttgatggat atggtaacag ctagaccttt 51660
caatgagtta ttctttaaaa actccgaaaa aacaccaggt aaagcacagc ttgttttaag 51720
aaaaactcct tttaatccta ctgagtggag agctttggat atgattaaag tacctactga 51780
agactttatt gaagaggatg tgggtaaaag tgacgtagaa acatactcta tatttacagc 51840
tacacctgca ggtatgttaa aagaacttaa tggtgatgta ttttctaaac cacaatttca 51900
ccctgaattg actgatagat atgggtatac taaatttgaa gtagagaata tctatcttag 51960
tactaaatca ggttcagcta ctgaagactc agattcttcg ggtgatgata atggtactga 52020
aagaggaact tattctaaaa ttatgaaaga tttaagtaac tatggaagag ataatatatc 52080
taaaggtata gataagtata caagtaaatt atcctcaaaa tataaaaact taaaaaagcc 52140
caagctaaaa aaattataga gaagtttgtc aaagaaggaa aagtaacaga aaaagaatat 52200
gaaaagataa caggtaataa ggtagatgat gaattaacat cagataacag accgaagttg 52260
acaaaagata aattaaagag tatactaaaa gagaagttta aaacacaaga tgattttaat 52320
aattctaaaa aaagaaaaaa gctaaaacag atgcacttaa agaattgaca actaaatatc 52380
gttttggtaa taaaacacat gctacaactt tgttagatga atatattaaa tacaaaggag 52440
aaccacctaa tgatgaggct tttgataaat atcttaaagc tattgaaggt gttagtaata 52500
tagctacaga tacaggttca gatgcaagtg atagtccttt agttatgttc tctagaatgc 52560
tatttaactg gtatcatggc aaccctaact tctatgcagg agatattatt gttttaggag 52620
accctaagta tgacctaggt aaaagattat ttattgaaga taagcaacga ggagacactt 52680
gggagttcta tattgaatct gtagaacata aattcgatta taaacaaggg tattatacaa 52740

ctgtaggagt aactagaggt ttaaaagatg ctattctaga agacggtaaa ggtagtcctc 52800
atagatttgc aggactatgg aaccaatcat cagacttcat gggaggtctt atgggtgaag 52860
atacttctaa agaacttaaa gaaaaaggtg tatcagagaa acaaagcagt ggagataaag 52920
acggtggctc tgatagtggt ggcgctcaag atggtggctc tttagattca cttaaaaaat 52980
ataatggcaa acttcctaag catgacccaa gttttgttca acctggtaac cgacattata 53040
agtatcagtg tacatggtat gcttataata gaagaggtca attaggcatt cctgtgcctt 53100
tatgggggga tgccgccgac tggataggcg gtgctaaagg agcaggttat ggagtaggta 53160
gaacacctaa acaaggtgct tgtgttatat ggcaaagagg agtacaagga ggtagtgctc 53220
aatatgggca tgttgctttt gttgagaaag ttttagacgg aggtaaaaaa atatttatct 53280
ccgaacataa ctgggctact cctaatggat atggtactag aacaatagat atgagctcag 53340
ctataggtaa gaatgctcaa ttcatttacg ataagaaata aaggaggata gtctatggca 53400
acagataaag aagctaaaga tgttattgac aagtttatag ataatgtatt taattttgat 53460
gtattaacta tggaaagagt taaagaaaaa gatgaagaaa ttaaaaaaat aactacagat 53520
gatatgtatg aaaaggttgt gtatatacga ccttatgttg gagtaataca aagccttaac 53580
cctcaacatg tacagtatga atcattttct aataatggtt atgatataga ggcagaatta 53640
agtttcagga aagtaagtta tttagttgat aaagggtcta tacctacaga ttctttatct 53700
actttaacag ttcatttagt agaaagaaat caagagctat taatagatta ctttgatgag 53760
atacaagatg tgttgtacgg agaatatatg gaagaagaat atgtattcga tgaagatgta 53820
cccttaagta cgatactagc attagactta aatgataatc ttaaatcctt atcaaatata 53880
aagtatatgt tcaaaggtgc tcctaaagag aatccatttg gaacagataa agatgtttat 53940
atagatactt ataacttatt atactggtta tatttaggtg aagatgaaga gttagcatac 54000
cctatgaata ttaattattt ctttacagag ggtagattct ttactatatt tggtaaaggg 54060
cataagtaca aggtagatgt tagtaaattt atagttggag atatattatt ctttggtaga 54120
agtgatacta atataggtat ttatgtaggt gatggagagt ttatatctat gataggtaaa 54180
tttcctaaag atgaaacacc tataggaaaa tataaacttg atgattactg gaatgaattt 54240
aacggaagag ttatgagatt cgatgaagag gtgtatattt aatggtagta agattccaat 54300
cttccatggg aagaagttta aaaagagtag attcagatga tttaaatgta aaaggattag 54360
ttttagctac agttagtaaa attaattata aatatcaatc agtagaagtt aaagttaaca 54420
acctaacttt gggaagtcgt ataggtgacg atggtagctt agctgtacct tatcctaaat 54480
ctttcatagg aagaacaccg gaaggaagcg tattcggtac aaaacctctt attactgaag 54540
gttctgtagt attaataggg ttcctaaatg atgatataaa tagccctata atcttaagtg 54600
tttacggtga taatgaacaa aataaaatga ttaatacgaa tcctttagat ggaggtaaat 54660
ttgatacaga cagtgtttat aaatatagta gtgcactata tgaaatttta ccatctttaa 54720
attataagta tgatgatgga gaaggtacaa gtattaagac ctataatggt aagtcattct 54780
tctccatgac atcaggtgaa gaagaaaaac ctcaggcaac agatttttac actggaactg 54840
agtatcaaga tttatttact tcttattatg gtaataagac attaattgag cctagaatac 54900
aaaaggctcc taatatgtta tttaaacatc aaggagtttt ttatgatgat ggtacaccgg 54960
ataatcatat aactacttta tttatatctg aaagaggaga tataagagct tcagttttaa 55020
atacagaaac acagaaaaga accacacagg aaatgtcaag tgatgggtct tatagggtta 55080
tcaaacaaga tgacgattta atgttggatg aagctcaagt ttggattgag tatggtatta 55140
gtgaagataa taaattttat attaaaaatg acaagcataa atttgaattt actgatgagg 55200
gaatctatat agatgataag cctatgttag aaaacttaga tgagagtata gcagaggcta 55260
tgaagaattt gaatgaaata caaaaagaac tcgatgatat aaactacctt ctcgagggtg 55320
tgggtaaaga caatttagaa gaattaatag agtctacaaa agagtctata gaagcttcta 55380
aaaaagcaac ttcagatgtc aatagactta caactcagat agcagaagtt agtggtagaa 55440
ctgaaggtat tataacacag ttccaaaaat ttagagatga gacttttaaa gatttttatg 55500
aagatgcttc tactgttatt aatgaagtaa atcagaattt ccctactatg aaaacagatg 55560
ttaatacctt aaagactaaa gttgataacc tagagaaaac tgaaatacca aacattaaaa 55620

ctagattaac agaactagag aacaataata acaatgccga taaaataatc tcagatagag 55680
gagagcatat aggtgctatg atacagttag aagaaaatgt tactgtaccg acaagaaact 55740
atatgccaat accttggagt aaagttactt ataataatgc agagttttgg gattctaata 55800
atcctactcg attagtagta cctaaaggaa taacaaaagt aagagttgca ggtaatgttt 55860
tgtgggactc taacgccaca ggacaacgta tgttgagaat attgaaaaat ggtacttata 55920
gtctagggtt accttataca agagatgtag ctatatctac agcccctcag aacggtacta 55980
gtggagttat tcctgttaaa gaaggagatt actttgagtt tgaagctttc caagactcag 56040
aaggtgacag acaattcaga gcagaccctt atacatggtt tagtattgaa gctatagaat 56100
tagaaactga aactatggag aaagacttta tgcttatagg acatagagga gcaaccggat 56160
acacagatga gcacacgata aaaggatatc aaatggcttt agataaaggt gcagattata 56220
tagaattgga tttacaatta acaaaagata ataagttatt gtgtatgcat gattctacta 56280
tagacagaac aacaacagga acaggtaagg taggagatat gactttatct tatatacaaa 56340
ctaactttac atctcttaat ggtgagccga taccatctct tgatgatgta ttaaatcatt 56400
ttggaacaaa agttaaatat tatatagaaa ctaaacgtcc gtttgatgct aatatggata 56460
aagaattatt aactcaatta aaagcaaaag gattaatagg aatagggtca gagagattcc 56520
aagtaattat tcaatcattt gctagagaat cattaattaa tattcataat caattctcta 56580
atataccttt agcttattta acaagtacat tctctgaaag tgaaatggat gattgtttaa 56640
gttatggttc ttatgctatt gctcctaagt atacaactat aactaaagaa ttagtagatt 56700
tagctcatag taaaggtctt aaagtacacg catggacggt aaacacaaaa gaagaaatgc 56760
aaagcttaat acaaatgggt gtagatggat tctttacaaa ctacttagat gaatataaaa 56820
agatttaata ttaaagacct attaatttag gtctttttt agttgtaatt taaactagtt 56880
cgtgatatat tagtagtatg agatttatat acatactgaa aaggagagga taaaatgcca 56940
caatcagatg gaataagtaa tcttcataga atagctttac gcttccctaa agaaggcggt 57000
ggttatgata tgtatagatt taaagttaac cccgagaact acacaataga ttcaccacaa 57060
cgtacgacag caattaaaac aaaatcagat attgtaatag aagattatgg taaagacata 57120
gaagttatta acttcacagg tacaactggt tttagacctg ttagagaagc agacggatta 57180
aaaacaggta agcagaaaat ggaagagtta caaagtagag ttagtgaata tgctatgcaa 57240
ggtggtagtg gtaatgtaag tggttcttac ttacaatttt ttaactttac agatgatagc 57300
tactataaag ttcatttagc tcctcaaggg ttaaagataa ctaggtctaa agatgaacca 57360
ttacttttta gatatgaaat aacattagta gttattggtt cgttaacaga agcagataga 57420
agtgctgtaa caacagaaga gtttggtaat gttaaaccta atgcttctca aagagtagat 57480
gagggtataa aagaattaga taaaaatgct cgtaaaacga gagatagaaa taatcaagaa 57540
atatctaaaa gagaaaatac aatacctaaa tctacaggag ataatacgaa tgagggtaat 57600
agacttaagc aaagcttccc tagtagttct atatataatc ctagacaatc tactaacgga 57660
ttaaaagggа atattgacaa tatggctctg ataataggtt acggtgatgg aggtgtatct 57720
agctaatgaa taattttata ccacaacctc aaggtctact cagattttta aatgccctag 57780
atgcagattt aacttcttct cacatgaatt tactggatga agaggtatca tttgtatcta 57840
aattttacac accacagcta caattaagtg aattagcaaa aaaagtattg acaaatataa 57900
agacagatga tatacctgta ttagaaagag aatttaatga taatacaatt atccataaag 57960
ctaatgatac attactaaaa gtacaggctc caagaatgta tatgattcta cagtctattg 58020
tgcttgaagc atatgctatt gttaattgct ttgtagaaaa tccaagctct ttaaaatact 58080
taactgaaga agatgttagt ataacacgag aaaatttaaa ttatgtagct gactacttag 58140
gtaactatga tgactacaat agtgttgtct tagacttaag agatttagac ttatgtttta 58200
gtgctataga attacaatta cctctaatta aaaaggaggc taatgtataa tgagatttaa 58260
gaaacacgta gttcaacatg aagaaacgat gcaagcaata gcacagagat actatggtga 58320
tgttagttat tggatagacc tagtagagca taataatcta aagtatccct atttagtaga 58380
aactgatgaa gaaaaaatga aagaccctga acgattggct tctacaggtg atacactgat 58440
tatacctata gaatctgatt taacagatgt atcagcaaaa gaaattaatt ctagagataa 58500

agatgtacta gttgaattag ctttaggaag agatttaaat attactgcag atgaaaagta 58560
ttttaatgaa catggtacta gtgataatat actagcattc agcacaaacg gtaatggaga 58620
tttagatact gtaaaaggca tagataatat gaaacagcaa ttacaggcac gtttattaac 58680
tcctagaggt tctttaatgc tacatcctaa ttatggttca gatttgcata atttatttgg 58740
tcttaatata cctgaacaag ctacattaat agaaatggaa gtattgagaa cattaacatc 58800
agataataga gtaaaatctg ctaatctaat tgattggaaa atacaaggta atgtttattc 58860
aggtcaattt tcagtggaaa taaaatctgt tgaagaatca ataaattttg tcttaggaca 58920
agatgaggaa ggaatttttg ctttatttga ataggaaagg attaaattat gaaaactaga 58980
aaattaacta acatactatc aaaattaata gataagacaa tggcaggtac aagcaagata 59040
acagacttta ctcctggttc agcttcccgt tcattattag aagctgtatc attagagata 59100
gagcaattct atatcctaac aaaagaaaat attgattggg gtatacaaga aggtatcatt 59160
gaagcttttg attttcaaaa aagacaatct aaaagagctt atggtgatgt tactattcaa 59220
ttctaccaac ccttagatat gagaatgtat atacctgcag gaacaacttt tacttcaaca 59280
cgacaagaat atcctcagca atttgaaaca ttagttgatt attatgcaga gcctgattct 59340
actgagattg ttgttgaagt ttattgtaaa gaaacagggg ttgcaggtaa tgttcctgaa 59400
ggaacaatta atactatagc atcaggttct agtttgatta gaagtgttaa taacgagtat 59460
tcttttaata caggaactaa agaagagagc caagaagact ttaagcgcag attccactct 59520
tttgtagaat ctagaggtag agcaactaat aaatcagtaa gatatggtgc attgcagata 59580
cctgatgtag aaggtgttta tgtttatgaa gaaacaggac atattacagt atttgctcat 59640
gatagaaatg gtaatttatc agatacctta aaagaagata taatcgatgc tttacaagac 59700
tatagaccaa gtggtataat gttagatgtt acaggtgtag aaaaagaaga agttaatgtt 59760
tctgctacag taactatatc taataaatct agaattggtg atacattaca aaaacatatc 59820
gaaggtgtta ttagaagcta tttaaataat ctaaaaactt ctgatgactt aataattaca 59880
gaccttattc aagctataat gaatattgat gatgtactaa tatatgatgt gtcatttgat 59940
aacctagatg agaacattat agtaccacca caaggaatta ttagagcagg agaaataaaa 60000
gtagaactaa agtaaagaga ggtgaaactt aagtcgtggc taatttttta aagaatcttc 60060
atccattatt aagaagagat agaaacaaaa aagataatca agaccctaac tttgctctca 60120
tagatgcact caatgaagag atgaatcaag tagagaaaga tgctatagaa agtaaattac 60180
aatcctctct aaagacatct acaagtgaat atttagataa gtttggggat tggtttggag 60240
tttatcgtaa gactgatgag aacgatgatg tttatagagc aagaattata aaatatttac 60300
tcttgaaaag aggaactaat aatgctataa tagatgctat aaaagattat ttaggtagag 60360
atgatattga tgtaagtgta tatgaacctt ttacaaatat tttctatacg aacaaatcac 60420
atttaaatgg tgaagaccac ttaatgggat actattatag atttgctgtt attaatgtct 60480
ctataggtga ttatttccct gtagagatta tagatgtaat taatgaattc aaacctgcag 60540
gtgtaactct gtatgtcact tatgatggag cttctactat tagaggtgga gcaattatta 60600
agtggttaga tgggttacct aaaatagaaa cataccaaga gtttgatagg tttacaggat 60660
acgatgatac attctatggt catattaaca tgaatcaaag taaagatact gataatagta 60720
catcagatat ttttaaaaca aaccatagct taattaatag tttagatgtt ttaacaggtt 60780
cctctagcgt aggtagacag tatgttaact atggatatat aacatcatat gtttataatc 60840
caggtatgac atcttctgta aatcaaataa gcgctagtac agaaggtaga gggcaagaag 60900
tacctactga ctattatatg tatactagta ctaagaataa caatacagta gaacttagta 60960
tgcaaactac ttccggtgtg tcttatttat ataataactt taattttagg gattatatga 61020
gtaaatatag acctcaagta aatttacaat ctgatgaggc tagaagaatt gtatctgatt 61080
atataaaaga attaagtatt gattattatc tcagtgctgt aatacctcct gatgaaagta 61140
tagaaattaa attacaagtt tatgattttt ctattaatag atggcttaca gtatcaatta 61200
ataatttatc tttctatgaa aaaaatatcg gtagcaatat aggatatata aaagattatt 61260
taaacagtga attaaatatg tttactagat tagagataaa cgcaggtaaa agagattcag 61320
tagatattaa agttaattac ttagatttaa tgttttatta ctatgaacga ggtatttata 61380

caataaaacc ttataaagcc ttagtagaaa attatttaga tatatctaga gagacttacg 61440
tagaggcatt taaaatatca tcgttatcta atggagatat tataactaaa acaggttatt 61500
tacctatagg ttatctaaga gtatcaggag acattgataa cttaagtaac catatagaaa 61560
ttattaccat agataataat actaatagta ttacaagtac tcttttagaa gatgactcta 61620
atagtttgat attatcatat ggtaacgtca aaaccaatat acacagtttt gaattaaata 61680
gtgatgcttc aatttcaaat attaaatttg aatactctta ttatggtgat gcttgggaag 61740
aactgacagt attaactgaa atatctgagg gtgaaactat agtacctaat atactaatag 61800
atttatatgg attacagaca gtagattatt ctaatataaa tccaatgtca aaagtatcat 61860
tacgttctat ttggaatgtt aaattaggtg aacttaataa taaagaaggt tctttatcaa 61920
atatgcctaa cgattatttt aatgctgtat ggcaagatat agataaacta tcagatattg 61980
atttaggctc tatgagaatg attaaagaca ctgagggtgg agtatttgat ggagctacag 62040
gtgaaattat taaagctact ttatttaatg ttggtgtata tactgattta gatatgttag 62100
cctacacttt aactaactat actgaaccaa taactttagg ttctagtcga ttaataagtg 62160
aacttaaaga agaactatta acatcagaat catttaatgt cgataataga attaaagtaa 62220
ttgactcaat atctgagcag ttacctaata acaatatatt aagtaactct taccaaacac 62280
aaactattac acagaatgga tttgctaagt ataatttgaa agaacctata gagcagagaa 62340
aacaatacaa tctaagaata catggagatt ttaaagaagg attagaaaga ttagctatag 62400
gtaattctaa tggttcattt aatgaagtat ttgtttaccc tgaaaatatt aaagatggta 62460
tagtagatat tacttacact tctagagatg ataattacgc agaagggaaa caaagactta 62520
ataatgatta tagagtttac gctcaaccat acgatagtga agtagtaaca atttacagtt 62580
tagagttaat aaaagtttaa taaataagtt gacagaaagt taataatatg gtatacttat 62640
aaagtaatat ttagtgggta taccatgtta tattaataaa gaaaacaaca gatgaaagga 62700
attaaaaaat atggcaattg caacgtataa ttctcatgtt gagttagcaa aatatctagt 62760
tagtaaagct gattcagttt acttaacaat tggaaagagc acaccgtggt ctaatgaaac 62820
aaacccaccg caacctgatg aaaatgcaac agtattacag gaggttatag gatacaaaaa 62880
agctactaaa gtaactttag ttagaccttc taaatcacct gaagatgata ataagaattt 62940
aatttcttat ggtaataaat catgggtaga agtaacacct gaaaatgcta aagatgaagg 63000
agctaaatgg gtttacttag aaagcagtat tgttggtgac gaactacctc ttggaacata 63060
tagacaagta ggatttgtta tggacttagt agcaaaaagt ggtattagta aatttaactt 63120
agtacctagt gaagtagaat caactggaac attattattc tttgataata aacaattcca 63180
aaatagaagt gagcaaacaa ctgctaaaga aagatttatt gtagaagttt aaagaaaggg 63240
agataattct aaatggcaat taattttaaa ggttcacctt atttagatag atttgacccg 63300
tctaaagata gaacaaaagt attatttaat cctgatagac ctctacaaca ggcagaatta 63360
aatgaaatgc agtctataga ccaatattat ttaaaaaatc taggagacgc tatttttaaa 63420
gacggagata aacaatcagg tcttggattc acattatctg aagataatgt attgacagta 63480
aatcctggtt atgtatatat caacggtaaa ataagatatt acgataatga cgattcagtt 63540
aaaataactg gcgtaggtaa agaaactatc ggtattaagt taacagaacg tattgttaca 63600
cctgatgaag atgctagcct actagaccaa actagtggag taccaagtta cttctctaaa 63660
ggtgcagata gattagaaga aaagatgtca ttaactgtta atgaccctac atcagcaact 63720
atttatactt tcatggacgg agatttatat atccaatcaa ctaatgctga gatggataaa 63780
atcaataaag tattagctga acgtacttat gatgagtcag gttcatataa agtaaatggt 63840
tttgagttat tctcagaagg taatgctgaa gatgatgacc acgtttctgt agttgtagat 63900
gcaggtaaag cctatgtaaa aggttttaaa gtagataaac ccgtatcaac aagaattagt 63960
gtacctaaat cttatgactt aggaacagca gaaaatgaaa gtactatctt taataagtct 64020
aataattcta ttagtttagc taatagccct gtaaaagaaa ttagacgtgt tacaggtcaa 64080
gtacttattg aaaaagaacg agttacaaga ggagcccaag gtgatggtca agattttctt 64140
tcaaataata cagcatttga aattgtaaaa gtttggactg aaacaagccc tggagttact 64200
acaaaagagt ataaacaagg agaagacttc agattaacag atggtcaaac gattgactgg 64260

tcacctcaag gtcaagaacc ttcaggaggt acttcatact atgtttctta taaatataat 64320
aaacgtatgg aagtcggtaa agattatgaa gtaacaactc aaggagaagg gttaagtaag 64380
aaatggtata ttaattttac acctgaaaat ggtgctaaac ctattgacca aacagtagta 64440
ttagtagatt atacttatta cttggctcgt aaagattcag tgtttattaa taagtatggt 64500
gatattgcaa tattacctgg tgaacctaat attatgagat tagttacacc accattaaac 64560
acagaccctg agaatttaca attaggtaca gttacagtat tacctgattc agatgaagcc 64620
gtatgtattt catttgcaat cactagattg tctatggaag acttacagaa agttaaaaca 64680
agagtagata acttagagta taaccaagca gtaaatgcct tagatgatgg tgctatggaa 64740
ggacagaacc ctctaacatt acgttcagta tttagtgaag gtttcattag tcttgataaa 64800
gcagatatta cccatcctga cttcggaata gtatttagtt ttgaagacgc agaagctact 64860
ctagcttata cagaagccgt taaccaacct aaaattattc ctggagatac aacagctcat 64920
atttggggta gattaatttc agcaccattt actgaggaac gtacaatcta tcaaggtcaa 64980
gcatcagaaa cattaaatgt taacccttat aatatcccta ataagcaagg tgtacttaag 65040
ttaacaccta gtgaggataa ttggattgat actgaaaatg ttacaattac tgagcaaaaa 65100
actaagaaag taactatgaa acgattttgg agacacaatg aaagttacta cggtgagact 65160
gaacactact tgtactctaa tttacaatta gacgcaggtc aaaagtggaa aggtgaaact 65220
tacgcttatg acagagagca tggtcgtaca ggtacattac tagaatcagg cggtcaacgt 65280
actttagaag agatgattga attcattaga attagagatg tatccttcga ggttaaaggt 65340
ctaaacccta atgataataa cttatattta ttatttgatg gtgtaagatg tcctattact 65400
cctgcaactg gttacagaaa aggttctgaa gatgggacta ttatgacaga tgcaaaagga 65460
acagctaaag gtaaatttac tattcctgca ggtattcgtt gtggtaaccg agaagttaca 65520
ctcaagaatg ctaactctac aagtgctaca acttacacag ctcaaggacg taaaaaaatc 65580
gttcaagata ttattattag aactcgtgta acagtaaact tagtagaccc gttagcacaa 65640
tcattccagt atgatgagaa cagaactata tcatcattag gtttatactt tgcttctaaa 65700
ggagataagc aatctaacgt tgttatccaa attagaggta tgggtgacca aggttatcct 65760
aataaaacaa tctatgcaga gacagttatg aatgcagatg atattaaagt atctaataat 65820
gctagtgctg aaactagagt atactttgat gaccctatga tggcagaagg cggtaaagaa 65880
tacgctattg ttattattac tgagaacagt gattatacaa tgtgggtagg tactagaact 65940
aagcctaaga ttgataaacc taatgaggtt atctcaggta atccatatct tcaaggtgtg 66000
ttattcagtt catcaaacgc atcaacatgg actcctcatc aaaactctga ccttaaattt 66060
ggtatctata cttctaaatt taatgaaaca gcaacaattg aattcgaacc aattaaagat 66120
gtatctgcag atagaatagt tcttatgtct acgtacttaa ctcctgagag aacaggatgt 66180
acatgggaaa tgaaattaat tctagatgac atggcatctt ctacaacatt cgaccagttg 66240
aaatgggaac ctattggtaa ctatcaagac ttagatgttt taggtctagc aagacaagtt 66300
aagttaagag caactttcga atctaataga tatatctcac cattaatgag ctctagtgat 66360
ttaacattca ctacattctt aacagagtta acaggttcat atgttggtag agctattgat 66420
atgacagagg ctccttacaa tacagtaaga tttagttatg aagctttctt acctaaaggt 66480
actaaagttg ttcctaagta ttctgcggat gatggaaaaa cttggaaaac atttactaaa 66540
tcccctacaa ctactagagc caataatgag tttacacgct atgtcattga cgagaaagta 66600
aaatcatcag gaacaaatac taaactacaa gttagattag atttatcaac tgaaaatagc 66660
tttttacgtc ctcgtgttcg tagacttatg gttactacta gggatgaata aactagaggg 66720
gttgattgac ccctctttat ttaataagga gagatttata tgcctagaga agttagagac 66780
ccttattctc aagctaaatt atttatacct acagttgagg aaaaatcaat taaggaatta 66840
gaaaaaacat acaaagaaaa aattgatgaa gctactaagt taatcaatga attaaagaaa 66900
gagagaggag aaaaatagat ggcatttaac tacacgcctc ttactgaaac acagaagtta 66960
aaagatatgt atcctaaagt taatgatata ggtaactttt taaaaacaga agttaacctt 67020
agtgatgtaa aacaaatatc acaacctgac tttaataata ttttagcatc tatacctgat 67080
agtggtaact actatgtaac taattcaaaa ggtgctccta gtggagaagc tacggcagga 67140

tttgtaagat tggataaacg aaatgtaaat tattataaaa tttattattc accatatagt 67200
agtaataaaa tgtatatcaa gacttatgct aatggtactg tatatgattg gattagtttt 67260
aaattagatg aaggtaactt atacaatgaa ggtaatactt tgaatgtaaa ggaacttact 67320
gaatctacaa ctcaatatgt aacactagtt aatcctccaa aagagaactt aaatacaggt 67380
tgggttaatt acaaagaaag taaaaatggt gtttcttctt tagtagaatt taacccagtt 67440
aactctacct caactttcaa gatgataaga aagttaccag tacaagaaca aaagcctaac 67500
ttattgaaag atagtttatt tgtttatcct gaaactagct cttcaaatat taaaacagat 67560
aattggaata cacctccttt ttggggatac acagctaata gtggtcgttc aggggttaga 67620
tttagaggag agaatactat acagattgat gatggtagta gcacatatcc tactgcaatg 67680
actaatagat ttaagatggg taatgagctt tctgtaggtg atacaattac tgtatctgta 67740
tatgctaaaa ttaatgaccc tgcattactt aaagataact tagtttactt tgaactagcg 67800
gggtatgata tggtagatag aactgataat ccttatacag gaggacgtag agaaataaca 67860
gcaagtgaga taacaactga gtggaaaaag tactccttca cattcacgat acctgaaaat 67920
acaattggag catcaggcgt taaagttaat tacgtatctt tactcttaag aatgaattgt 67980
tcatctagta aaggtaatgg tgctgtggta tactatgctc tacctaaatt agaaaaatca 68040
tctaaagtta caccgtttat cacacatgca actgatgttc gtaagtatga tgagatttgg 68100
tctaactggc aagaagttat tagtaaagat gaattaaaag gtcactctcc tgtagatata 68160
gaatataatg attactttaa gtaccaatgg tggaaatctg aagttaatga aaagagttta 68220
aaagatttag ctatgacagt acctcaagga tatcatacat tttattgcca aggctctatt 68280
gccgggacac ctaggggacg ttctattaga ggaaccattc aggtagatta tgacaaaggt 68340
gacccctaca gagctaataa gtttgttaaa ttattgttta ctgacacaga aggtatacct 68400
tatacattat actacggagg gtataatcaa ggttggaaac tcttaaagca atcagaaact 68460
tctactttac tatgggaagg tactttagat tttgggtcta cggaagctgt taacttaaat 68520
gactcattag ataattatga tttaattgag gtaacttatt ggactcgttc agcaggacat 68580
ttttctacaa aaagattaga tataaaaaat acatcaaatt tactgtatat tagagatttt 68640
aatatttcaa atgatagtac aggttctagt gtagactttt ttgaagggta ttgcactttt 68700
cctactagaa catcagtaca acctggtatg gtaaaatcta taactttaga cgggtctaca 68760
aatacaacaa aagtagcatc atggaatgaa aaggaacgta taaaggtata caatattatg 68820
ggaattaata gaggataaag aaaggtggaa taaaaaaaac tatggctgtt aaatatgata 68880
taggtaataa tgagatagta ttacatttaa gagaaggtaa atatataaca gggtttacaa 68940
cagtaggagg gtatgataag gagttaggac aagtaaaagt taatagagaa atcttacctg 69000
cttacttctt tgataatttt gcctatgaaa gatacttgta ttatagtaaa cctgaagagg 69060
ttatagagaa taaaaactat gtaccacctc aaatcaataa tggtgatgag gaatctcaac 69120
aaaatactgt acctaaagaa caatatgata gtttaaaaga agaactagaa cttatgagaa 69180
aacaacaaga agctatgatg gaaatgcttc aaaaactctt aggtcaaaag gggtaataat 69240
aaatggcatt aaattttact acaataacgg aaaacaatgt tattaaagac ctgactactc 69300
aggtcaataa cattggggaa gaattaacaa aagaaagaaa tatatttgac attacagatg 69360
atttagttta taattttaat aaatcacaga agattaaact aactgatgat aaaggattaa 69420
ctaaatcgta tggaaacata acagctctta gagatataaa agaaccaggt tactactata 69480
taggcgctag aacattagca acattattag atagacctga tatggagtct cttgatgttg 69540
ttttacatgt agtacctctt gatacttcta gtaaggtagt tcaacattta tatacactat 69600
ctactaacaa taaccaaatt aaaatgttat atagatttgt ctcaggaaac tctagttcag 69660
aatggcaatt tattcaagga ttaccgagta ataaaaatgc tgttatatca ggaactaata 69720
ttctagatat agcttcacca ggtgtttatt ttgttatggg aatgacagga gggatgccta 69780
gtggtgtaga ttcaggtttt ttagatttaa gtgtagatgc taatgacaat agattagcta 69840
gactaactga tgctgaaact ggtaaagaat atactagtat taagaagcct acagaagtat 69900
acacagcttg gaaaaaagaa tttgagccaa aagatatgga gaaatattta ctaagtagta 69960
tcagagacga tggtagtgca tcattcccac tcctagttta tactagtgat aataaaacgt 70020

ttcaacaagc tattatagac catatagata gaacaggtca aacaaccttt actttctacg 70080
ttcaaggtgg tgtatcaggt tcccctatgt ctaatagttg tcgaggtcta ttcatgtcag 70140
atacacctaa cacttctagt ttacatggtg tctataatgc tataggtaca gatggtagaa 70200
atgtaacagg ttcagtggta ggaggtaatt ggacttcacc aaagacatca ccttcccata 70260
aagaattatg gacgggagca caatcattcc tatctgtagg tactactaag aatctagcag 70320
atgatattag taattactct tatgtagagg tttatactaa acataagaca gtagagaaga 70380
ctaaaggtaa tgatgactcg ggtacaattt gccacaagtt ctacttagat ggtagcggta 70440
cttacgtttg ctcaggaact tttgtttcag gagatagaac agatacaaaa ccacctgtta 70500
cagagttcta tagagtaggt gtatctttca aaggttcaac atggacgctt gtagatagtg 70560
cagtacaaaa tagtaaaact caatacgtta caagaattat aggtattaat atgccataga 70620
ctaggataag tttcctagtc ttttttttctt gacttgaaaa ggattctatg gtatactata 70680
actcgtgtaa ggatataagg agattaaaat gagattaaga attaagaact tatataccta 70740
tgtagaattt gaggaggatg ataaatactt aaaagatata tttttaaaga gagttcatac 70800
aactatagga gcaaggcaag aaggttttca gtatagccct gcttacaaaa gaggcagttg 70860
ggatgggtat gtagactttt atgtttatga ggaagataaa ttccctactg gacttttatt 70920
taaaattgag ttattattag gtgagctaca atcaagatat aacttccagt ttgaaacaat 70980
tgatgagcgt gatgaaagtt tcttatctga agaagatatt gatgacgaga taacattgct 71040
tgataataat gtaggtcaaa ttaccttacg agattatcaa tatgaggcag tgtacaacag 71100
cttaacattt tacaatggta ttgctcattt agctactaat ggaggtaaaa ctgaggttgc 71160
tagtggtatt atagaccaac tattacctca attagaaaaa ggtgaaagag tagcattctt 71220
cacaggctct acggagatat tccatcagtc tgcagataga ctacaagaac gtttaaatat 71280
ccctattggt aaagtgggtg caggtaagtt tgatgttaag caggttacag ttgtaatgat 71340
acctacttta aatgcaaacc ttaaagaccc aacacaaggg gtaaaggtta cacctaaaca 71400
aaatattagt aaaaagattg ctcaagagat attaccgaaa tttgaaggcg gtacaaatca 71460
aaaaaaatta ctaaaagtat tacttgataa cacaacacct aaaacaaaag tagaacaaaa 71520
cgtattaagt gccttagaga taatttacca aaatagtaag acagatgcag aagttttatt 71580
aaacttaaga aatcataatg cacattttca aaaaattgtt agagaaaaaa acgaaaagaa 71640
atatgataaa tatcaagata tgagagattt tttagactca gttacagtta tgatagttga 71700
tgaggcacac cattctaaat ctgattcctg gtacaacaat ctaatgacat gtgaaaaagc 71760
tttataccga attgcattaa cagggtctat agataaaaaa gatgaattac tttggatgag 71820
attgcaggct ctattcggta atgttattgc acgaactact aataagtttt taattgatga 71880
aggtcattct gctagaccaa caataaatat tatacctgta gctaatccta atgacataga 71940
tagaattgat gattataggg aagcttatga taaaggtata acaaataatg attttagaaa 72000
taaacttatt gcaaaactaa cagaaaagtg gtataatcaa gataaaggta cattgattat 72060
tgtaaacttc attgaacatg gagacacaat atcagaaatg ttaaatgatt tagatgtaga 72120
gcactacttc ttacatggag aaatagactc tgaaactagg agagaaaaat taaatgatat 72180
gagaagtggt aaacttaaag taatgatagc tacatcactt attgatgagg gtgtagatat 72240
atccggtatt aacgcactaa tattaggtgc aggaggcaag tcattaagac aaacattgca 72300
acgtattggt cgtgctttgc gtaagaaaaa agacgataat acaacacaaa tatttgattt 72360
taatgatatg acaaatagat ttttatatac tcacgctaat gagcgtagga aaatttatga 72420
agaggaagat tttgaaataa aagacttagg aaaataggag ggtaagagat ggcaacaaaa 72480
acacaaagaa agctatacca atatctagag gaaaatgcta cagaaaataa atttcatatt 72540
tctactaaga aagagttagc agattctcta ggtgtttcca tctctgctct atccaataac 72600
cttaaaaagt tagaagaaga aaataaagtc gttactgttt ctaaaagagg aaaaaacggt 72660
ggagtaataa taactttagt tagagagtat gacacagaag aattgaaaga atttaataat 72720
tctacagata atattattac ttccgattta cagtatgcta aggcattaag agaaaagcac 72780
ttcccttctt atagatatga gagaaaagaa caacgtagac gtactaagat agaaatggca 72840
caatacaatg ctattaagga tgagaagaga agaattatag cagatatgaa tttctattca 72900

gaaggtcttc cttacccttc taaagatatt tttaatatgt cttatgaccc ggaaggtttt 72960
tataaagcat acatcttatg taagttatat gaccaatatg ctatttctca tatggatgct 73020
aaacatacaa gtcatcttaa agcaatgagt aaggcaacaa ctaaagatga atatgactac 73080
catcaacata tgtctgaata ctatagaaat aaaatgattc aaaatttacc tagaaatagt 73140
gttagtgata atttctttgg tagtaaaatg tttaatactt tttataattt ttatttaaaa 73200
ataaaagata aaaatattaa tgtatttaaa tatatgaaaa acgtatttaa aaatgtaaca 73260
ttttattacg agaacggtat gcaacctaat ccaatacctt ctcctaactt ctttagttca 73320
gataagtatt ttaaaaacta taataattat attaaaggaa taaaaaaagg cattaacagt 73380
acgaatagac acctaggtga tacagacagc atcattaatt catcagacta tgtgaaaaac 73440
cctgctgtat tacatctaca ccaactatat actacaggat taaattctac tttacatgat 73500
attgatacta tgtttgaaca agccttagac cttgagaatg cttcttatgg attatttgga 73560
gatatgaaac atattatctt actacagtat aattctatga ttgaagaaga aattaagaat 73620
ttacctatag aagagaagga tattattaat aaatatgtaa aacaatgcat aattaataat 73680
tactcaccaa caagtatttc accatctgca agattatcaa tgtttactat gcagaaagag 73740
catatagttt ataataagca attaaataag ggaatcaaga gagaggattt attaccatta 73800
agtctaggag gtatagtgaa taaagattca ttaagtagta tggatataca aaacttagaa 73860
cagaatggca atgaatacct atatatgaga caacatactt caacttatta tatactaaga 73920
atgtttggtg actatttagg gtatgaggta aatttaagag aagtaaaata tattgtagag 73980
aaatataatt taattgataa aataccattg acaaaagagg gtatgttgga ttataataaa 74040
cttatacatt tagtagagga agaggttaat aactatgagt aagaagataa aggagcttat 74100
ccttcataaa tcaatgaagg atatacattt tgcaagagaa gtattagata acttacctaa 74160
gaacttattt tcagcagagt ctgaagacat gggttactta tttacagcca taaagagaac 74220
agcacatatt tccgataaga tgtcaaatga agcattagca attaaagtag aacagcttat 74280
gggtaataac aaggaagatg aggagaaagt aaccaagaca ttaacttact tagaagattt 74340
atataaagta gacgttaatg aaaaagatga atctgttaat tatgaaatag agaagtatat 74400
taaaacagaa atgtcaaaag aagttttagt taaatttatt gcagaaaata aacaagaaga 74460
ctctgataat ctacatgaac ttgtagacaa actaaagcaa atagaagtaa gtgacatctc 74520
aggaggtaat ggggagttta ttgacttctt cgaagataca gaaaagaaac aagaactatt 74580
gagtaattta gctacaaata aattctctac tggatttact tctattgaca accatattga 74640
aggtggtata gcaagaggag aggttggatt aatcatagct cctaccggta gaggtaaatc 74700
attaatggct tcaaacttag ctaagaatta tgttaaaagt ggattaagtg ttttatatat 74760
tgccttagag gaaaaaatgg atagaatggt tttgcgtgct gagcaacaaa tggcaggagc 74820
agaaaagagt caaattgtaa atcaggatat gtctttaaat aataaagttt atgatgcaat 74880
acaaaatcat tatcagaaga atagaaagtt attaggtgac ttttatattt ctaaacatat 74940
gccgggtgaa gttacaccaa accaattaga gcaaattatt gtcaatacaa caattaagaa 75000
agataaaaat attgatgttg ttattattga ctatcctcat ttaatgagaa atccttatgc 75060
taaatatcat tcagaatcag atgcaggcgg aaaattgttt gaagatattc gtagattatc 75120
acagcaatat ggatttgttt gttggacgtt agctcaaact aaccgtggtg cttatggttc 75180
agatgttatt acaagtgagc atgtagaagg ttctcgtaaa attgtcaatg ctgttgaggt 75240
gtctttagca gtaaaccaaa aagatgaaga attcaagagt ggtttcttaa gattatattt 75300
agataaaatt cgtaatagct ctaacacagg agaacgattt gttaatctta aagtagaacc 75360
aactaagatg attgtaagag atgaaacacc tgaagaaaaa caagagcata tacaattgct 75420
atcagataat ggaaaagaag acacaagtaa atttcaaaat aaagataata aaatagaagc 75480
tataaataac acattcggag gattaccggg agtttaattt tttaaaatat accacttgac 75540
attttatatg ttaggtggta taattatttt ataaagaata aaggagagat taataatgaa 75600
atttgtattc tttacagata gtcattttca cctatttact aactatgcta aacctgataa 75660
tgaatttgtg aatgatagat ttaaagaaca gatagaagca ttacagaaag tttttgatat 75720
tgctaaaaaa gaagaagcaa cagttatatt tggtggagat ttattccata aacgtaactc 75780

ggtagatact agagtatata acaaagtatt tagtacattt gccaaaaata atgaggttcc 75840
tgtattatta cttagaggta atcatgatgc tacaactaat tcattatata ctgattcaag 75900
tatagataca tttgagtatc tacctaatgt aaatgtaata aaatcattaa atacaatttt 75960
aaaagataat gttaatattg tgtttactgc ttatggggat gagacgaagg aaataaagac 76020
atacattaat agtaattatg ataaagatat ggtcaatata ctagtaggtc atttaggtgt 76080
agaaggttca ttaactggaa aaggctctca tagattagaa ggggcatttg gataccagga 76140
tttattacct gataaatatg atttcatttt actaggtcat tatcaccgta gacagtattt 76200
ccaaaatccg aatcattttt atggtggctc attaatgcaa caatcatttt ctgatgaaca 76260
agaagctaat ggtgttcatt taatagatac agacaaaatg actacagaat tcattccaat 76320
tcatacacgt agatttatta ctattcaagg agaagatatt cctgataact ttgaacaatt 76380
aatagaggaa gataatttta ttagagttat tggtacagca aatcatgcta aggttttaga 76440
aatggatgac agtatgaaag ataagaatgt tgaagttcaa attaaaaaag agtatactgt 76500
agagaaacgt attgatagtg atgtatctga tgaccctcta acaattgcta gtacctatgc 76560
taaacaatac tcacctgaat cagaacaaga aatccttgaa tgtttgaagg aggttttata 76620
atgaaaaaat atagagaata tctaaataag acagatgcag aaaatttagc agaggattgg 76680
gagaaagtaa ccgaagattt atggaaagtg tttaaagata tgaaacctaa aattaataca 76740
ttagatatca gtaatgtagg aagtaaagat ttagataaaa gtaaacctat actacaattc 76800
caagattcag atggagtaat agagaatatt tgtaatgttg aaggtttaga agatggtcta 76860
agtaaaatga aaaagatttt tgatgatagt aattttgaaa agcattatta caatagagta 76920
gtagaccatg atgggtatta ctggattgat tatggttctc atcattgttt ctttagagtt 76980
acgaaagggg ataagtaatg gttgtattta aacaagtaga agttaataat tttttagcaa 77040
ttaaagaagc tacactagag ttagacaata gaggtttaat tctcattgag ggtgagaata 77100
aatccaatga gtcatttcat tcaaacggct caggtaaatc aactttaata tctgccatta 77160
cttatgcttt atatggtaaa actgaaaaag ggctaaaagc ggatgatgta gtaaataata 77220
ttgagaagaa aaatacgtct gtgaaactta agtttgatat cggggaagat agctatttaa 77280
ttgaacgtta tcgtaaggac aaagagaata agaataaagt aaaattattc gttaatgaaa 77340
aagagattac aggttcaaca aatgacgtta ccgataaaca aatacaagac ttatttggta 77400
ttgagtttaa tacttatgtt aatgccatca tgtatggtca aggtgatatt cctatgttct 77460
ctcaagcaac agataagggt aagaaagaaa ttcttgaatc tattactaag acagatgtat 77520
ataaacaagc gcaagatgta gcaaaagaga aagttaaaga agtagaagaa caacaaaata 77580
atataagaca ggaaatctat aaactaggtt atcagttatc tacaaaagat gagtacttcc 77640
aaagagaaat agaacaatat aatcagtata aagaacaatt ggttcagata gaaaatagta 77700
ataaggaaaa agatagatta agagaacaag aggagaagca aatagaagct caaatagagc 77760
aattagcttc acagatacca acaatacctg aagatgaatt taagcactca gaggagtata 77820
ataaagcctc tcaaagccta gatttacttt ctaataaatt aacggagtta aatcaagtat 77880
actcagaata taataccaaa gaacaagtac taaaatctga aatagctaca ttaagcaata 77940
gtctaaatca gttagatata aatgaccatt gtcctgtttg tggctcccct atagataatt 78000
ctcataaatt aaaagaacag gaaaatatca gcaatcagat tgagaataag aaacaagaga 78060
ttactagtgt attagaaatg aaagatacgt ataaagaagc tattgataaa gtaaaagata 78120
aatcacaaga aattaaagat aaaatgtcac aggaagacca acaagaacga gagcacaata 78180
ataagattaa cagtatcatt caagaggctt ctaggattaa atcagacatt agttcattag 78240
agaataataa aacttattta aaagtgaaat accaacatca atctgttcaa ggattagaga 78300
gagaagaacc aagtaaagaa aaacatgagg aagataaaaa agaattacaa gaatctattg 78360
acaaacatga agagaatata gtacaattag aaactaagaa agggaaatat caacaagctg 78420
tagatgcttt tagtaataaa ggtatacgtt cagtagtgtt agactttatt acaccattct 78480
taaatgagaa agcaaatgag taccttcaaa ctttatcagg ttcagatatt gaaatagagt 78540
tccaaactca agtgaagaat gctaaaggag aactaaaaga taagtttgat gttattgtta 78600
agaataacaa gggtggaggc tcctacaaat ccaattcagc aggagaacaa aaacgtattg 78660

atttagcaat tagttttgca attcaggatt taattatgag taaagatgag atatctacga 78720
acattgcact ttacgatgag tgttttgatg gattagatac tatcggttgt gaaaacgtga 78780
ttaaattatt aaaagataga cttaatacag taggaacgat atttgtaatt actcataata 78840
ccgaacttaa acccctattt gaacaaacaa ttaaaatagt aaaagaaaat ggagtatcaa 78900
aactggagga aaaataatga aattaaagat tttagataaa gataatgcaa cacttaatgt 78960
gtttcatcgt aataaggagc ataaaacgat agataatgta ccgactgcta atttagttga 79020
ttggtaccct ctaagtaatg cttatgaata caagttaagt agaaatggag aatacttaga 79080
attaaaaaga ttacgttcta ctttaccttc atcttatggt ttagatgata ataaccaaga 79140
tattattaga gataataacc atagatgtaa aataggttat tggtacaacc ctgcagtgcg 79200
taaagataat ttaaagatta tagagaaagc taaacaatat ggattacctg ttataacaga 79260
agaatatgat gctaatactg tagagcaagg atttagagat attggagtta tattccaaag 79320
tcttaaaact attgttgtta ctagatatct agaaggtaaa acagaggaag aattaagaat 79380
atttaacatg aaatcagagg aatcacaatt gaatgaagca cttaaagaga gtgatttttc 79440
tgtagactta acttatagtg acttaggaca aatttataat atgttgttat taatgaaaaa 79500
aattagtaaa tagtaaggaa ggatattatg aggtttgaag actttttaac ccaagaatta 79560
ggagaaccaa aagaaaatac tataggtgag ctaagatact gttgtccgtt ttgtggagaa 79620
aaaagttata agttctatgt taagcaagcc ctagactcta gtaatggtca gtatcattgt 79680
aaaaaatgtg atgaaacagg caaccctatt acatttatga agacttatta taacattaca 79740
ggtaagcaag cttttgattt attagagtct aagaatatag atatagagag agccccttta 79800
cttacaacta ataataagga tttaacagaa tcagagaaac ttatattaat gcttagaggt 79860
gtgcaccaag ataaaggaac tactagtatt aaacctcctc gattacctga aggatataaa 79920
ttattaaaag ataatttaaa taataaagag attatacctt ttttaaaata cttaaaaggt 79980
agaggtataa ctttagaaca aatcattaat aacaatatag gctatgttat taatggtagc 80040
ttttataaag ttgacgggga atccaaagta tcattaagga atagtattat atttttact 80100
tatgataaca atggaaacta ccagtactgg aatacaagaa gtatagagaa gaacccttat 80160
attaaatcta ttaatgctcc tgctaaacaa gatgaagtag ggagaaaaga tgtcatattt 80220
aatttgaata tagcaagaaa gaaaaagttc ttagttataa ctgaaggtgt atttgatgct 80280
ttaacctttc atgaatatgg agtagcaaca ttaggtaaac aagtaactga gaatcaaata 80340
aaaaaaataa ttgattacgt tagtatagat acatcaatat atattatgtt agacactgat 80400
gcattagata ataatataga cttagcttat aagttaaaaa cacattttaa taaagtttac 80460
tttgtaccac atggtgatga agatgcaaat gatatgggaa caaggaaagc ttttgagtta 80520
ttaaaacaga accgggtgtt agtaacacct gaaagtatac agagttacaa aatacaacaa 80580
aaacttaaac tttaggcttg accttagaga agttttatgt tatactagta attaagtaat 80640
taataaagga gaaaaaaata atgtcaaata gtaaaaaaga tattttagaa tttgtagatg 80700
aatacattac agctttaaga gttggtaatg agcaacgaca acaccaatta gaagaaatgg 80760
gtaaagaaga aacagcaaca ttaacagatg tagctaaagc tattactaac cttatgttag 80820
gtgttaatga gcagatgaca gacttagaat ataataacga gttaaactta aatattttaa 80880
ttgacgcttt atataaagca gagcttatta atgaagatgt attagactac attcaagaat 80940
caattgataa atcacaagaa gaacctaaaa atgaagaaga aaaaggagaa caagaataat 81000
ggaaaaaaat attagcacac acacaaaagg tattagtcaa gcagacatgg agaaatggat 81060
tgaagctgta gtacaaggaa ctgttgatgg taaacaagtt gatgagaaaa cagctaaaca 81120
attagataga attggttcac gtagtgtttc tttagaagaa gcaactcgta ttgctaaagt 81180
tcttaatgct gtaacagctc aagaggttac aggagacttt aatgatgcat ttaatgcaat 81240
tgacttaatg atgattatca tggaagatga gctaggagta actcaagaaa aagtgggtaa 81300
agctaaagat aaactaaatg aaaaacgaga agcttaccta aaagagaaac aagaagaatt 81360
acgccaaaaa caacaagaag aggcacaaaa agaaactgaa tctgacagca atgagaaagt 81420
aattcagttg aagaaaaatg acgaacagta agaaaaaagg ggatacattc gaacgtaaaa 81480
tagctaaaga attaactgct tggtggggat accaattcaa taggtctcct caatcaggtg 81540

gtgcttcatg gggtaaagat aataatgctg tcggagatat agtagtacct caggaagcta 81600
attttccttt agtagtagaa tgtaaacata gagaagaatg gactatagat aacgttcttt 81660
taaacaacag agagccacat acatggtggg agcaagtcat taatgatagt agcaaggtgg 81720
ataagacacc ttgcttaata tttactagaa acagagctca gagttatgtt gctttacctt 81780
atgatgagaa agtatatgaa gatttgagaa ataatgaata ccctgtcatg agaacagatt 81840
ttattattga taatattaga aaagataaat ttttttatga tgtacttata actaccatga 81900
atgggttgac ctcatttaca ccttcttata ttatatcttg ctacgacaaa aaagatataa 81960
aaccatacaa gaaggtcgag tctaatttat ctgaggtaag taagcatgaa gatgaattga 82020
ttaatgacct tcttagtgat atataaggaa ggtaagataa gtatgacaag taaagaaaga 82080
ccattaatcg tatatttttc aggtacaggg caaacagaaa gattagtaaa taaaattaat 82140
attaataatt catttgaaac atttagggtt aagagtggaa aagagaaagt aaataaacct 82200
tttatactaa taacacctac ttatatgaaa ggtgcaatac ctaaacaaat agaaagattc 82260
ctagaaatta atgggagccc taaagaagtt attggtacag gaaataaaca atggggctct 82320
aatttctgtg gagcaagtaa aaagatttca gagatgttta agattccttt aattgctaaa 82380
gtagagcaat caggacactt taacgagata caaccaatat tagaacactt tagtaataaa 82440
tataaagtag cgtaaaggat gagagatata tggcaacata tggaaaatgg attgagttaa 82500
ataatgaaat aactcaatta gatgacaatg gaaaaaataa actctataaa gaccaagaag 82560
ctttagatga gtatttaaaa tatattgaag acaatacaag aaagtttaat agtgaagtag 82620
aaagaattag agtattgaca aaagaaggaa catatgataa aatatttgac aaggttcctg 82680
atactattat tgatgagatg actaagttag cttacagttt taattttaaa ttccctagtt 82740
tcatggcagg gcaaaagttt tatgaatctt acgcatcaaa acagtatgat gaaaacaaaa 82800
aacctatttt tgttgaagac tatgagcaac ataatgttcg agtagcttta tatttatttc 82860
aaaatgacta tgtaaaggct agagaattac tagtacaact tatggagcaa acattccaac 82920
catctacacc tacgtataac aactcagggc aagctaatag aggtgaacta agttcatgtt 82980
atctatttgt agtagatgat tcaattgagt ctttaaactt tgttgaggat agcgtagcta 83040
atgctagttc taatggtggc ggagttgcaa ttgatttaac tagaattaga cctaaaggag 83100
ctccagtacg taatagacct aattcaagta aaggtgttat tgcttttgct aaagctattg 83160
aacataaagt tagtatttat gaccagggcg gtgtaagaca gggtagtggt gcagtttacc 83220
taaatatatt ccacaatgat atcttggatt tattaagctc taagaaaatc aatgccagtg 83280
agtctgttag actagataaa ttatctattg gtgttacaat ccctaacaaa tttatggagt 83340
tagttaaaga aggtagacct ttctatactt tcgatactta cgacattaat aaagtgtatg 83400
gtaagtattt agatgagcta aacattgatg aatggtatga taagttatta aataatgata 83460
gtatcggtaa agtaaaacat gatgctagag aagttatgac agatattgct aaaacgcaat 83520
tagaatcagg ctacccttat gtattctata ttgataatgc taatgataat cacccattga 83580
aaaacctagg taaagttaaa atgagtaact tatgtacaga aatttcacaa ttacaagagg 83640
tatcagaaat ttatccgtac tcttacagta atcagaatgt tattaataga gatgttgttt 83700
gtacattagg ttctcttaac ttggttaatg tagttgaaaa aggtttattg aatgaatctg 83760
tagatattgg tacaagagca ttaacaaaag ttactgatat tatggattta ccttacttac 83820
ctagtgttca aaaagcaaat gatgatatta gagctatcgg tttaggttca atgaatttac 83880
atggactttt agctaagaat atgattagtt atggttctag agaagcatta gacctagtaa 83940
acagtttata tagtgctatt aacttccagt ctattaagac atctatgtta atggctaaag 84000
aaacaggaaa accatttaaa ggctttgaga agtctgatta cgctacaggt gaatactttg 84060
taagatatat tagagaatcc aatcaaccta agacagataa agctaagaaa gtcttagata 84120
aggtttatat tccaacacaa gatgattggg atgaattagc taaagcagta aaagtacatg 84180
gcttgtataa tggttataga aaagcagaag cacctactca atctatatct tatgtacaga 84240
atgctacaag ttctattatg ccagtcccta gtgctataga gaatagacaa tatggagata 84300
tggagacata ttacccaatg ccttacctaa gtcctataac tcagttcttc tatgaaggag 84360
aaacagctta taagattgac aataaacgta ttattaatac aagcgcagtt gttcagaaac 84420

atacagacca agcagtgtct acaatacttt atgtagagtc agaaatccct actaataaac 84480
tagtatcatt atactattat gcttgggaac aaggattaaa atcattatac tatacacgtt 84540
cacgtaaact ttctgttatt gaatgtgaaa catgttcggt ttagaaagga aatagatatg 84600
gatattacac aaaaagtaaa acaacataat aaaaatgctg tattaaaagc aacaaactgg 84660
aatattgaag atgacggtat gtctgatatt tattgggagc aaggaatctc ccaattttgg 84720
actcctgaag agtttgatgt atcaagagat ttaagttctt ggaatagttt aactgaaagt 84780
gaaaagaaca cttataagaa agtccttgca gggctcacag gtctcgatac aaagcaagga 84840
ggagaaggta tgaacttagt atcctaccat gaaccaagac ccaaatacca agctgtattt 84900
gcgtttatgg gtggtatgga agagatacat gctaaatcct atagtcatat ctttacaaca 84960
ttactaagta ataaagaaac aagctatcta ttagatactt gggtcgaaga aaatgacttt 85020
ttaaaagtaa aagctcagtt tatcggatat tactatgacc aactattaaa acctaaccct 85080
actgtatttg atagatatat ggctaaagta gctagtgcct ttttagaaag tgcactattc 85140
tactcaggat tttattatcc tttacttctt gcaggaagag gtcagatgac acaatcagga 85200
gctattattt ataaaattac tcaagatgaa gcttaccatg gttcagcagt aggattaaca 85260
gctcaatatg attataatct tctaacagaa gaagagaaaa aacaagcaga taaagaaact 85320
tatgaattat tagatattct ttacactaat gaagtagcgt atacacatag tctatatgac 85380
ccactagaat taagtgaaga cgtaattaac tatgttcagt ataatttaa tagagctctt 85440
caaaaccttg gaagagagga ctattttaat cctgaacctt ataaccctat tgtagaaaat 85500
caaactaatg tagacagatt acgaaatgtt gatttcttta gtggtaaagc agactatgaa 85560
aaatctacaa atatcaaaga cattaaagat gaagatttct cattcttaga tagtaaagaa 85620
tacaatactg ccaaggaatt cctataaaaa ggagaaaaga tattatggat agaaaagaag 85680
caatggattt actaagtaaa gcagaaatat tatttaaaaa acatgatgag ttttcatgtg 85740
taagtgatat taatgaccct atgaagttat tcagtagctc taaggatgct aaagctgatg 85800
atacgtctaa gtcttttcag ctagagttta tgcatgatat gaccatgtat actttatctt 85860
atggctcagg acagttaaaa cttattgatt tagcagaagg ttatgaagca caaaaagcta 85920
cagtagttaa ctcatttccc gaaattatta aaacattaga aaaggatgat tcagaagatg 85980
gaaaaaatga atagtttagt agatttaaat acagcaatta gacaaaagaa agatgttatt 86040
gtcatgatta cacaagataa ttgtggtaag tgtgagattt taaaaagtgt aatccctatg 86100
tttcaagagt caggtgacat taaaaaacct atcttaacat taaatctaga tgctgaagat 86160
gtagatagag aaaaagctgt taagttattc gatatcatga gtacaccagt attaattggg 86220
tataaagatg gtcagttagt taaaaagtat gaagaccaag ttacacctat gcaattacaa 86280
gaattagagt cactttaatt tggaatttcc tactatctgt gctatactat aatagtacaa 86340
ggtagtagga ttttttaatg gaaggaagat gacatatcgc aaagaataaa acattaacga 86400
tatataatag tgatagatat tttaatatac acacaaaaga taaagataaa attaatgagg 86460
ctattaaagt cacacatggt aatgaagaag aaattgagaa gaatatggat gaattaatat 86520
ctaagtctag acgatatatc atgagagatg aaaatcatta catgttattt aatgagaagt 86580
ataataatga tagacttata gaaaaagtat gtaaacatgg cggtaaagtt acatactata 86640
ctgattcagt attaccttat tatgttttaa aagacttatc tagtcaccct gactcagaag 86700
ttgtttatcg tatgcgcaat ggttttactg caaaagaagt agataatata gctttatcat 86760
tcatgggtac aaaagttatt attgatattt ctgtagtatt tccttatgta aacccttatg 86820
atattattag aagtttacat gatattaaaa caaatgtaga tgaagttcat ttatcatttc 86880
cacgaatatt agaggtagat gaaaaacaag aaaagtttta tttctttgat ggtgaagctt 86940
atgatttaaa acctgaatat aaagtcgatt ttgcagataa aattagagta tctttatcag 87000
tatggaaaat gtatatctat atcttaacaa gtagtcgtga ttttgaggat gtagacaatg 87060
taattacgaa attaaaacaa caacgaaaga ttaagatata aggtgattat atgagtacag 87120
caaatagaag agatatagca agaaagatat cagagaatac aggttactat atccaagatg 87180
tagaggaaat actaagtgca gagacagatg ctatttctga cttactagaa gaaggatata 87240
ctaaagtaaa gaatcataaa tttatgcaaa tagaagttat tgaaagaaaa ggtaaaaaag 87300

cgtgggatgg tctgaataaa gaatacttcc atttacctaa tagaaaagct ataaaattca 87360
aaccactaaa agaactagaa gaggttattg atagacttaa tgaagaagag aaataattct 87420
cttctttttt tattgacaag gtttaaaata tatggtatag tattattaag ttaaaaaagg 87480
agaggaatta aatgaaagta ttaatcttat ttgaccacat tagagaagag catttttctg 87540
taagtaaaga tgggagtgtg aaatctaatg tactaaatac acctaatgga aaaacactta 87600
agaaattact tgagaagtgt tctaacttaa agagagataa gacaaacaga gattatgata 87660
ttgattttct ctacaatgca gtacctacac ctatcagaaa tgactacggt aaaatcatta 87720
aatatcaaga tgttaaacaa gcagaagtaa agccatacta tgagagaatg aacaatatta 87780
ttattgataa ttcttatgat atggtaattc ctgtaggtaa actaggtgtt aaatacctat 87840
taaatgttac agctatcggt aaagtaagag gagtcccaag taaagtaact attgaaaatg 87900
aaacatcttc tcatgacgtg tgggtattac ctacttacag tattgaatat actaatgtaa 87960
ataaaaatag tgaacgtcat gtagtatcag atttacaaac agttggtaag tttgtagagc 88020
aaggagaaga ggcatttaaa cctaaggaag tatcttacga gttggtagat aacattgaaa 88080
gagtaagaga aatattcaat aaggaagtaa agaacgacaa ttatgatggc gtagatatta 88140
ccgcatggga cttagagact aactcattaa aacctgataa agaaggaagt aaacctttag 88200
tactatctct atcatggaga aacggtcaag gtgtaactat acctttatat aaatcagact 88260
ttaactggga aaatggtcaa gatgatattg atgaagtctt agaattgctt aagaattggt 88320
tagctagtaa agaagacatt aaagtagcac acaacggtaa atgatttgct gttgtaaaat 88380
ccctctcata tcgggcatag ctttaagaag ctgataagag aacctaagtc ctgtaataag 88440
gatagtggta atcccgagcc tacattattg gtgacaatag atggggtgta gagactgagc 88500
tgaggttttg tagaccaagg tgagacatag tgtatcaact taatagaggt ggtacagtga 88560
aaaaagatta tatgacatca gttaaaaata acaaaaaagt atgtagaaga tgtaatgaag 88620
aattagactt atctaatttt aaaacatata aaaagaatga taaaatttat tatcagagta 88680
tgtgtatacc ttgtagaaag gaatacaata aattagataa aactaaaaat actattaaaa 88740
aatgttatga taaaaatgga gataagtatc ggaaacaagg taatgagtat aacacttctg 88800
atagaggaag agaactaaat aaaaagcgtt caagaaaata cagagaaaat aattctttaa 88860
aagctaaagc tagaaactct gtaagaactg cattaagaaa tggttctcta ttaagaccta 88920
gtaaatgttc agagtgtaat aaggaatgta ttcctgaagc tcatcatcct gattataaca 88980
aacctttaga aataaaatgg ttatgtaaat catgtcatga agatacacat cataaaaaat 89040
aatcacacta tgtaaatgag ggacatcaag cccatttagg taactacaaa caaacctaat 89100
ggtaagggct tatgaaggta tagtccgttc tgtatagaaa tatacaggct aaaacgaaat 89160
atgatattaa attcttaatg agtactgaaa actttaaaga ttttgagagt attcaggata 89220
ctaaagtagg ttggtaccta gccgttaccc aggaagttaa agaatcttta agattatctg 89280
atttagctta cgaggttacg gatgtcggag gatatgataa accattagaa gactttaaat 89340
tatggtttgt tactaagtta ttaagattct tctcagataa aattaaagag atacagaaag 89400
aaaataaaaa aattgctaag aaagagtatg atgttaaagc tcctgaatat aaagaatggt 89460
tagagaataa actaaatgaa acagtagtag aactagatga tactgagaag aaatttagag 89520
tcagtgaatt agagaaaaag tatattcaac taggtctttc acctgaaatt gtaaatatga 89580
atttagttat gaataacgat gagtttataa gtattgcaga acaatcacct gagtacatgg 89640
ggttatctga ctacgctaag tcttacacat taaatactgc aattaattta attaatgagt 89700
atagagatgt aaaagatgta gttaatgata ttgatggagg taactttaat tatgattggt 89760
tccctattga gttaatgcat ccatatgctt caggagatac tgatgtatgt agaagaattc 89820
attgtgatgt agttaaaaaa cttaaagaac aagatagacc taaatcaatg catttattag 89880
aagttaatta tccaagactt actaagtctt tagctaggat tgaatcaaat ggtttatatt 89940
gtgacttaga ttatatgaaa gaaaatgatg agtcatacga gtctgagatg gctaaaaatc 90000
atgctacaat gagagagcac tgggctgtta aagaatttga agaataccaa tacaatcttt 90060
accaaatggc gttagaagaa catgagaaaa agccaaaaga tagagataaa gatatccatc 90120
agtatagaga taaatttaaa gatggtaaat ggatgttttc cccaagttcc ggagaccata 90180

aaggtagagt aatttatgat attttaggaa ttcaattacc ttatgataaa gaatatgtta 90240
aggaaaaacc atttaatgct aatgttaaag aagcagacct tacttggcag gactataaaa 90300
cagacaagaa agctattggt tatgcgttag ataatttaga attaaaagat gatgttagag 90360
aacttcttga gttacttaaa tatcatgcta gtatgcagac aaaacgtaat tcatttacta 90420
agaaattacc taatatgatt aataaacaaa aacgaacatt acatggttct ttttctgaga 90480
caggtacaga gacatcaaga ctaagtagta gtaaccctaa cttgcaaaac ttaccggcac 90540
acacatcaga tgtaaacaag tttgattaca aacatccaat taaacgttca tttgtttcta 90600
gatttgaaaa tggagtacta ctgggagccg actatagcgc cctagagatg cgtattattg 90660
gattatttac taaagaccct gatatgctac aatcattctt aaatggggaa gatattcata 90720
aggctactgc aagtattgtt tataataaac cagtagaaga ggtaactaag gaagaacgac 90780
aagcaactaa agcagttaac ttcgggttag ccttcggtga atcacccttc tcatttgcag 90840
gtaaaaataa tatggaagta agtgaagcag aagaaatatt tgaaaagtac ttccaaacaa 90900
aaccaagtgt aaaaacttct attgacaatg tacatgagtt tgtgcaacaa tatggttatg 90960
ttgatacaat gcacggacat agaagattta tccgttcagc ccaatcaaca gataaaaaga 91020
taaaaaatga aggtctaaga cagtcattta acactattat ccaaggttca ggtagtttct 91080
taacaaacat gtctttaact tacttagatg attttatcca atctcgtaac ttaaaatcaa 91140
aagttattgc cacagtacat gatagtatct taattgattg tcctcctgaa gaagctaaaa 91200
ttatggctaa agtgacaatt catattatgg aaaacttacc atttgatttc ttaaaagcag 91260
aaattgatgg aaaagaagta caatacccta ttgaagctga tatggaaatc gggttaaact 91320
ataatgatat ggttgaatat gatgaggaag aaatagatac atttaattct taccaaggtt 91380
atattaagta tatgatgaat ttacagacct tagaagatta taaagagtca ggtaaactaa 91440
cagatgaaca atttgaaaag gctactaacg ttgttaaaag tgaaaaacat atttaccaag 91500
aaatttaata aaagtattga caatatattt aacttatgtt atactatata ggtaataaat 91560
ataaggagga aaaagagtga atacaggaga gattagattt aatcgttcta tggatgaatg 91620
gattataaca agtatgtacc aggatgagct aggtgatatg aatattgttg ttacattcta 91680
taatagagaa gaaaataaac acggttctac agttttaccc acagagtcat ctactggaga 91740
agtaacagag gaattggcaa atcttgaaga agaatatcct ctagctttac ctttaagtag 91800
tatctcagtt aatatttaaa aggaggaact gataaatgga aatacacatt gattccctag 91860
attttacaaa ctttactatt aaagatagaa atgggaactc acaagagttt gatattacag 91920
atgagttaag aattacagag tatacaatac aagaggactt tatgcaacaa tcagctaaat 91980
atgctttttg ggcttctata ttagagaagg taagagcata ttctgaaatg gaacaaagaa 92040
atctagaaac aattggtagt aagctaaacc ttacaattag acaagagtac gaacaacaag 92100
gtaaaaagcc tactaaagat atgattgaat ctagtgttta tattcatgat tcttaccaac 92160
aacaacttaa agttgttgag gcttggaatt ataaagttaa acaacttcaa tatgttgtaa 92220
aagctttga gacaagaaga gatatgatga ttcaattagg tgcagaatta cgacaaacaa 92280
ataaaaatgg tggaattact aatccatttt cacattaaaa aataaagtaa agaatataat 92340
tgacaaatat aaaaaactat gttataataa ataagtaaat taattaaaag gagaaaagat 92400
aattatggat ttcaatcaat ttattaacaa tgaggcaagc aaattagaaa gcaataacag 92460
ttcttttaac aataatgtag agagctacaa acctaaaaac cctgtactac gtttaggtaa 92520
tattaaagat gcaaacggaa ataaggttgt taaagaaaat gcttttgtac gagtattacc 92580
tcctgcacaa ggaacaaatg ttttctttaa agaatttaga acaacaggta ttaactattc 92640
taagaaagat ggttctcaag gattcacagg attaacatta cctgcagaag aaggttcatc 92700
tgtccttgac ccgtacattc aggactggat aacaaatggt gttcaattta gtagattccc 92760
taataaacca ggagtacgct attacattca tgtgattgaa tactttaata acaatggtca 92820
aattcaacca aaaacggatg ctcaaggaaa tgtaatgatt caacctatgg aattatctaa 92880
cacaggatat aaagaattat tagctaactt aaaagatact atgttaaaac catcacctaa 92940
tgcacctcat agctttatct cagcaaatga agcattctta gttaatattg ttaaagctaa 93000
gaaaggtgaa atgtcatgga aagtaagtgt ttatcctaat gctcctttag gtgcgttacc 93060

gcaaggttgg gaacaacaat tatctgacct agaccaatta gcaaaaccaa cagaagaaca 93120
aaatcctaat tttgttaact tcttaatcaa taatgttaat aacacagagt taagtcatga 93180
taactttaaa tttaaccgtg aaacaaatgt cttaggtgaa gaaccttcag agcctaaaca 93240
agcacctacg caacaagatg tagatagtca aatgccaagt aatatgggag gacaacctaa 93300
tcagcctcag caaggtcaag taggtcagta tgcacaacaa ggtcaaagta atggtcaagg 93360
acagcagtta caaggtacac aacaacctat caataacacg caatttggtc aaggaactcc 93420
ttcaggacaa caaccaagta acacaggttc tgttgattgg gataacttag cgcaacaaca 93480
atcacaacct gattcaaacc cattcaatga ttttgatgtt agcagtgttg atgattcaca 93540
ggtacctttt gagacacaac ctcaaaatac acaacaagca cctgaaccac accaaactac 93600
acaagagcct ccaaaacaaa aacaaacgca aagtattgac gatgtattag gtggtctaga 93660
cttagataac ctataagata tagagtgcct tagagcactc ttttatttga gatataatta 93720
ctaggaggat attaaatggc aagagcaaaa aaaggtaaag aagtagattt aacagattta 93780
aatacaattg atttaggtaa agaattagga ttaacattgc tatcagatac aaacagagca 93840
gatattaaaa acgttatacc tacaatggtt cctcagtatg actatatttt aggtggaggt 93900
attccattag gtcgattaac agaagtttac ggtttaactg gtagtggtaa atctactttt 93960
gcagttcact tatctagaat tgcaacacaa ctaggtgtta tcactatttg gattgatatt 94020
gaaggaacag cagataacaa tcgtatggaa caacttggtg tagatgtttc aaaactattc 94080
tctattcaat caggagaagg tagacttaaa aatacagtag aattatctgt agagcaagta 94140
ggtaaagaat tagaatactg gattgacact ttcaatgaaa agattccagg agtacctatt 94200
gtatttattt gggactcatt aggggctaca agaactcaga aagagattga tggcggtatt 94260
gatgagaagc aaatgggtct caaagcatca gctactcaaa aagtaattaa tgcagtaaca 94320
cctaaactaa atgatacaaa cacagggtta attgttatta accaagcccg tgatgatatg 94380
aacgcaggta tgtatggtga ccctattaaa tctacaggtg gtagagcttt tgaacatagt 94440
gctagtttac gtattaaggt tcataaagca tctcagttaa aacagaagag tgagttaact 94500
ggtaaagatg aataccacgg tcacattatg cgtattgaaa ctaagaaatc taaactatca 94560
cgaccagggc aaaaagctga agcagactta ctatctgatt atatggtagg taaagaagat 94620
gaccctatct tattaaatgg tatcgactta gaacataccg tatataaaga agcagttgaa 94680
agaggtttaa ttactaaagg agcatggaga aactatgtta cattgaatgg tgaggaaatt 94740
aaacttagag atgctgaatg ggttcctgta cttaaagata atagagagtt atatctagaa 94800
ttgtttagta gagtttatgg agaacacttc cctaatggtt actcaccatt acttaataac 94860
aaagtaatcg taactcaatt agaagagtat caagctcttg aaaactacta taaagaatgg 94920
gctacagata ataaacaaga agaacaagag gaagaactaa aaggagaatc tcaagaaaag 94980
gattctgaat aatagatgga taatttaata gataaaaaca tgagtcaggt aaaagaatct 95040
ttggggaacg caaattcctc agatgttctt cctttacctt ataaagatat agcaaagaaa 95100
tttgaagaag taaaagaaaa aggtgaatca attatcattg aagaaggtgg attcccttat 95160
acagattcta cagtgatgta tatagaacat gtaacagata gatgggcagg aggatattcc 95220
ttaattagac atgaaggtga ggaagttaaa gtacctaaga ctatccattt ctctgatata 95280
tatgttaaag ataaatcaca caaagtaaga ataatcttcg agggggctaa tccttatgaa 95340
gaaagctaat aatggtaata gatatgtaat agatatagat ggtatacctg ttgattttga 95400
aagagattta gatagtttac ttaataggta taaaaacctt agatggtctt tatatcatag 95460
atacgcaggg attttatcta atgattttga aagacaagaa ctaagagaat atattgatga 95520
gcaatttatt aaattagtta aagaatataa tattagaagt aaagtggatt ttcctggata 95580
tattaaagct aaactaactt taagagttca aaatagttat gttaagaaga atgaaaaata 95640
taaacgtact gaaattatcg gtaaaaaaga ttatacagta gagtccttaa cagaagattt 95700
aaatgaagac ttcgaggata atcaaattat gagttatgta tttgatgata tagaatttac 95760
agaggttcaa agtgagttac ttaaagaatt acttattaac cctgaaagag aagatgatgc 95820
ctttatcgtt tctcaagtag cggaaaagtt tgatatgaaa agaaaagaag tagcaagtga 95880
gttgacagaa ctcagagact atgttagatt taaaataaat gcataccatg agtactatgc 95940

taagaaagaa ttaaataacc atagagttaa tactgaaaat catatttggg aaaactagtt 96000
acagtgcctt ccttgtgtta tattattatc gagaattcaa taataaagca tagggaaggc 96060
ttttttctat gtcttataga atgctttaaa atagattact aaaataaaga ttggagatta 96120
agcttatggc taaaaagaat gttaatgatg tattacaaca agaatctgtt acagtagcag 96180
ataagtattt acaagttaaa gttaaccgtg acggttatac tcgtacacat gaaggacaat 96240
atgcgtacaa agtagtttca gagggagaag aattattctt ataccctgta caaacagatg 96300
gtaaaggtac attaaatgta atgaagaaat cacctattgc ttacactgat ggagacaata 96360
tccatttcgt agtaaacaca gtagtagacc cttataatca ctcatttatc cgtactgaag 96420
atattaaagg attagataaa ggtaaacaac ttattcaagc tttcttagct ttcgttgaag 96480
accgtttcaa atttggtgtt tataacgtat ttgttgcaaa caacaaagag gatgtattat 96540
ctattgtaga ccctacagat aatgatgcag atgaagttaa agatagttta gagcacgcac 96600
atgaagatgt aattgcggat ttccctgcta gccctgctcg taaggacgtt aaaggcgtag 96660
attcaggaga aggtcaagga gacacttcag aaccatcagc acctaagaac gttcaagtta 96720
ctcctaagga agacggagca gacgtatcag cagaataata tatagataag gatggtaaat 96780
ttggctaagt taaatttata caaaggtaat gagttactaa acagcgtaga aaaaacagaa 96840
ggaaaatcaa caatcacgat tgagaattta gatgctaata cggattaccc taaaggtact 96900
tttaaagtat cattctcaaa tgattcagga gagtcagaga aggtcgatgt tcctcagttt 96960
aagacaaaag caattaaagt tatttcagtt acccttgacg ttgatagttt agaccttaca 97020
gttggagata ctcaccaact atcaacaact atcacgccta gtgaagcatc taacaaaaat 97080
gtgtcatttg aatcagacaa atcaggtgtt gctagcgtaa catcagaaga cttaattgaa 97140
gcagttagtg caggaacagc taatgttact gtaactactg aagatggtag tcacactgat 97200
attgttgctg taacagttaa ggaacctatt cctgaagcac ctgcagacgt aacagttgaa 97260
cctggtgaaa atagcgcaga tattactgta taagaggaca ataaagaatg gaaaagacat 97320
taaaagttta tagtaatggt gaagttgtgg gctctcaagt agctaataac gatggagcta 97380
ctacagtatc tattacaggc ttagaagccg gaaaaactta tgctaaagga gattttaaag 97440
tagcatttgc taatgattca ggtgaatcag aaaaagtaga tgttcctgaa tttacaacta 97500
aaactcctac tgaagaacct tcaggagacg cataataatt aagaccaact aaaaagttgg 97560
tctttttta ttgacaattt ataatatcta tgatacacta tataagaatt aagaaaagga 97620
ggggaaagta atggatattc caacaatatt atttagaaat ccatatgatt atacgaaagt 97680
aaaaaaatta atggaaaaca aagagcagta tattgtagta aagtttgatt ctgtttctgt 97740
tcataattta aatgttcaag gtatgatgaa tgtcatccaa gattacctac acatctatgg 97800
ttacagagtt aaagagtacg gacaagaaaa ttcttctaaa gatgatgaaa gagacgttaa 97860
aggctactta tatgaaagag taggtgagta gggtatggga attatagtaa actccaacca 97920
tattcaatca gacactttat atgagtatga tagctttttt gatattgaga aagtagatac 97980
atttgaagaa ggattgcttt caatacagga tgagccaact gttttagcag gattcatcta 98040
tgatgatatc acatttaata aggtcattaa ttctaattca gatattgatg actatattaa 98100
gaataatgat atttattatg tctctgatat aggattactt cctgatactt ttatcactgt 98160
tgattctgat agaaaatatt attcattatt acaacagata actgagttaa gtaaagaccc 98220
ttttcctaaa tgggtagagg atgatgcaaa aggtttaact aagtattata actttcaaga 98280
ttttgaagat gtatttgatt taaatagttt ttacaaaaaa gaagttgaca tggtaagaga 98340
aaagtgctat aataatggta atgtatattt attatatgag gttctgcctg attataaatt 98400
acctctagct tatagtttac tttcaaacaa ggagcatggt attgttatta tcggttcaca 98460
gacacgttct aataatgata tactgacttt ttatgttaaa ggtatggatg ctaaggcaat 98520
agctagtatg ttcaatgtag aacatgatta tgattctaat attttccata catttgtaaa 98580
cagtcacatt aatattttag gaaatcaaat aactaagttt ataagagaga aaggaagcag 98640
ttatgagtaa ctataaaaca atagaagaag tacaagcagt tattattggg gtattattta 98700
aagatgaagg taaaattata acatctaagt ttaataaaat tactaaagag tttggtttag 98760
atagaatcgg taaagatgac cttaaagaaa ttgtagagga tatccgacaa gacgcttatc 98820

taaatgaact taaaaacaaa gcaattaaag gtaaagtaac gttaggtgat ttaaaagatg 98880
ttgcagataa ccaagtattc gaaggtaata actaccatga agaagtatct acttatgtag 98940
tagctaaaga aaaagaattg tctcacttaa gagaacagcg taagcacaat aggcatactg 99000
cataccctca aattatgttt gatgaactta aagaacatat ggttaaggaa ttacaagggg 99060
aaacattagt agaacatcac ggaagtaaag ctaatattaa tgatacagag ctaattgtgt 99120
tactatcaga tttccatatt ggaagtattg tatctgatat gactaatggt aaatatgatt 99180
ttgaagttct taaagcaaga ttaaatcatt ttattaatac aacagttaaa gaaattgaag 99240
atagagaaat ttctaatgta actgtttact ttgttgggga cttagtagaa catattaata 99300
tgagagatgt taaccaagca tttgaaacag agtttacttt agcagaacaa atctctaaag 99360
gtactcgatt acttattgat atcctgaatg tactatctaa tgtagtttca ggagaactaa 99420
gatttggtat tattggtggt aaccatgacc gtatgcaagg taacaagaat cagaagattt 99480
ataatgataa cattgcttat gtagtgttag attctttatt gttattccaa gaacaaggac 99540
tattaaatgg tgtagatatt attgataatc gtgaagatat ttatactatt agagatacct 99600
ttggcggtaa atctattatc attaaccacg gagatgggtt aaaaggtaaa ggtaatcata 99660
tcaataaatt tatcttagat agtcatattg acttattaat tacaggtcat gtacatcatt 99720
tctcagtaaa acaagaagat tttaatagaa tgcacatcgt agcttcatct ccgatgggat 99780
ataataacta tgctaaagag ttacatttat caaaaactaa accttcacag cagttattat 99840
tcataaataa ggaaaataaa gatattgata ttaaaacagt atttttagat taaggatggt 99900
taataaatgg atacaatttt tattataggt gtagcgttta taacttttgc aacatttaac 99960
atagtcttta gattatttga tttatggact acagagaaaa aaatggtaag tcaaggacaa 100020
cctccactaa gtaactttga gtactatcat gtgatagtac cttacttagt aggtgttatt 100080
gttattatac tgagtattat ttttagggat tccttgtatt ccgcacaatc agggttcggt 100140
gttattatta caagctttat ttacatgcta gtttatgtta taattggtct tgtagggtca 100200
tttgtactta caatattcca agctagaaaa gctagacagt atcaaacaca ggaggataat 100260
aatgaagttc aatgatattt atgagcaatt aattaaaaat gatacagtac aaaacattca 100320
tgagtctcaa gatgacaaag gaaatattta tacaatacag tttgataaag gtaatgataa 100380
gtatttattt aatgttatta atgatggatt cttgaaagaa atgacaaatg gtatggtaga 100440
ccatcctgaa ggtcagccat attcagtaag tttaatcaat aaagaaacac ctagtatgtc 100500
agtgaaacaa tatttaacag atgtagaaga tattgtacct actattagaa aaatggaaaa 100560
ggatttctta tagagtcaag tctttacttg actcttttta ctatatatgg tatattaata 100620
tagaggtgac ttaaaaatgg attttaattt tagtgctttt gataatagct cattagcaat 100680
gagaattagt gagggtgtat actatttcaa tgatacgcct tattacttta ttgagcatgt 100740
agaagaagaa atgtctgagt atgttattgt atatgacata catgacagag aggaaaaaga 100800
aaatcctcag aagaaatata gaatagaacc ttaccaacgt acaataccgg gaggaacacc 100860
tcttagtaat ttaattaaga gtatgatgcc tcaacgtaag tatcctaaga aggttacaga 100920
agaccctata tttgtagcta atgttattcc tttaggaaca gatacagtaa caggtaaaac 100980
cggtaaagga ttttttgaaa gagataagga tagaactatc tattctcaaa aggaaccaac 101040
taaagtcgtt catggtcaat acacaggtgt ttttataggt ctaacaagtg ttaagtggaa 101100
tagaacatat acccccttag aaagtgttgt tgagtactac aaaagggtta aaggagatag 101160
gttaaatgtc taatgatgta gttaagttct atgaaaaaga tattaaagac cttatcagaa 101220
ctaaaaaaca catgttcaaa gacgatgaaa taactagtga tataaacgat atacgaatct 101280
ttaatgagaa agtcatttgt caaggtaaat gtagaacaga ttgtttagtg ttagaccgta 101340
atggtacagt aatgggtata gagataaaaa cagaacgaga ctctacacaa agattaaata 101400
accaattaaa atattatagt ctagtatgta agtatgtata tgtaatgtgc catgacaaac 101460
atgtacctaa agtagaacaa atacttaaaa ggtataaaca taatcatgta ggtataatga 101520
gttacattag ttttaaaggc aaacctgttg taggcaaata caaagatgct acaccatcac 101580
cacatagaag cccttatcat acaatgaata tattatggaa gacaaactta atgacaatac 101640
ttagattgat tagagaccct catacgtata gaacagggta tagctataat gctagtggta 101700

gatatagtgg aggggaaggt aatttctccc aaacaactca aagtaaaaga atgaaaaaac 101760
ctgctattat taaccaaata attcattatg taggggtaga taatacttat aaactcttta 101820
caagaggtgt tatctatggt tataataata ggtgggaagt tatagaagaa gatttcttta 101880
atactatgaa gaatggggta agagtaatta atgagcaaag acaaaccaaa tagacgtaaa 101940
gagatacagc atcaacctgt taactttgcc cctacgaata ctttaacagg agctaataat 102000
agtttctttg ctaaaaatcc ttcagagcct aaagatgcaa catctgttat tgaatatcgt 102060
atactattta ttaaaagatt tgataacgta acaagtacag atgtgaaatt acagaaaaag 102120
tatgcactaa atcttattag tgaagcactt gatgttaaag aaacttactt gtctcttaag 102180
caaaaaggaa aaaaaacaga atctattttg catacagata gagtttatta tgttcataga 102240
ggtaaaaaac ttattggaaa gtgtagtatc agagagcaaa gaacatttaa gggtaaacat 102300
ttgatattta tattcaaaac aagacataga gttaaagcag aaaggaaaga taaataatgt 102360
taaaaggatt ttcagaacat gtagacaaac ctacaactag taagacctta tacaagacct 102420
taacaagtgg taaagtagaa ttactaggtg tatcttacga tagtgattac ttcccttcag 102480
gtgttacagt acaatcttac attgaggata taggtaatga agatgagggt ctacagtttg 102540
ttaataaggt aaatgtagta gaatcaatga aacaggctgt agtaggtatg aataatcaat 102600
taggttcttc aggtcttggc tatgtgagaa ctgaacaact taaaaaagag ttggaagaga 102660
ctggactaat gacagattta cttgctagag gtactaactt aacctctact aagaaagtag 102720
atattgtaag tacttttatt gagcctgagg taacatacca aaatattact atagctaaag 102780
atattaaact acgtttgtat aaagtagaag aagaatcacc attaaatggt tacactcata 102840
ttgtatactt acttactaca gaaaaactat atgatggtca aacactcttc ggtatgctct 102900
ctaaaaaaga taagttatct aaaggagata ctgataaatt attagcattc ttcagaaaca 102960
atagtttaat aagtaaaagt gtattttgtg ttaagttatt aagtaaagac tactacttta 103020
atttatataa tacacatgag acagggatat tctttttaga agacacagat gttattacta 103080
ttgcttgtgg tcagtcatat gttaaagtta acactaaaga tattaagtct agttatgtta 103140
aaattgaaga taagactcat aaattaactg agctagtaat taacctaaag ggtgacgaca 103200
cattaactat tttattctag gaaaatgtta taaatatgtg ataattaagt ataaatatac 103260
gttatataag aagttttcat aatgttttta atacagaaac tagttaagtt ttttctactt 103320
gctctagttt ctgtgaaatt atatttatga aaagttaaaa tatcttttag gtaaaggctt 103380
tgtaaatagt taaaaaatat attaaaattt tatacaaagt agttaataaa attatattac 103440
atttatatat tatgaaataa taacagaaat tgtgatatat tatatagtgt aaccttgaaa 103500
cagttgatgt tgtagggttt gtttatgttc gttaaactgg tttcaaaaca tcagttacca 103560
taaataaatg acagttaagg agagctatat aatggctaga aaaaagaatt tacgaaataa 103620
aaacagtgat ataaaagttg ttcctgataa agaaaaagaa agtatattat ctaagctata 103680
ccataataaa ttactacgtt ctaaggtaga taatgcatta gatgaagata tgagttatga 103740
tgatattata gaactatgta aagaatatga tttagaattg tctaaatcag ctattacaag 103800
atacaaaagt aaaagaaaag aagctattga aaatggttgg gatttaggag aattaattga 103860
taaacgtaaa aaaacaagtg taaaagatat taaggaaaaa gaaactccta tattagaaga 103920
ggagcaactt tctccattcg aacaatcaaa acatcacaca caaacaattt atgatgatat 103980
tcaagtacta gatatgatta tttctaaagg tgcaaaagga ttagagtttg tggaaacttt 104040
agaccctgct ttaatgatac gtgcaatgga aactaaagat aagattaccg gaaatcaatt 104100
aaaaggtatg tcatttattg gacttagaga attacaatta aaacaaacag ctcaagatac 104160
agctatgagt gaagtattat tagaatttat acctgaagag aaacatgaag aggtattaca 104220
acgattagaa gaactacaaa atgaattcta caaaaatcta gatttagatg aggaaagtag 104280
aaaattaaaa gaagctcttg atagagtagg ctatacaatt tagatagtga ggttagagta 104340
atggcagatg agattagttt aaatccaata caagatgcta agccaattga cgatatagta 104400
gatatcatga catacttaaa aaacgggaaa gtactgagag ttaaacaaga caaccaagga 104460
gatatccttg ttagaatgag tccagggaaa cacaaattta ctgaagtatc tagagactta 104520
gataaagaat cattctacta taaaagacat tgggttctct ataatgtatc tgttaactct 104580

cttataacat ttgatgttta tctagatgaa gaatattcag aaacaactaa ggttaagtat 104640
cctaaagata ctattgtaga atatacaaga gaagaccaag aaaaagatgt tgctatgatt 104700
aaagaaatac ttacagataa taatggtaat tatttctatg cacttacagg agaaacaatg 104760
ctctttgatg aaaataaatt aaataaagtt aaagattagg gttgacagct tctatagttt 104820
atgatatagt atatgtatac taaaaataaa ggagctaaca attatgttta tttcattaaa 104880
tcaagaagag aaagaattat taactaaaga ggaaagtaaa tacacaccac tagaaacatc 104940
aagagagttt aacacaccta aagaagaatt cattgtaaca agttataacg aaggtaaacc 105000
cttagattac attgcaaaag aagctaaggt aagtatggga ttaatttaca cagttctaaa 105060
ctactataaa gtaggtaagc gtaataagaa atcacctgta gaagaaagaa ttgcacatat 105120
cttaaaagat aaaaacttag tcaaagagat tattaaggat taccaatata tgaatttaca 105180
ggacatttat agtaaatata atcttcataa gaatggttta tattacatct tagatttata 105240
ccatgtagaa agaaaatctg aacttaagga caaagcatta gaagaggata atattgtcgt 105300
tgagtaagta aagaggttat aatatgagaa ataaaaaatc atttcaagag cagttaaatg 105360
acatgcgtaa taaagagaaa tgggtatctg aagaggagtt cactgaagaa gtggctcctt 105420
ctgaagaacc tgaagtagaa gaagaaaaac tatatacttt aaatgagtta aaagagaact 105480
tactagatgc tcaaggatta aaagatgttg tagctgattt tcctgcatct aaagatttat 105540
atgaacctaa taaactatat atttgtacaa taccaaaagg atatcgttct acagaagtac 105600
aaccaggtca atatattggt atcagtacag gattattatc agaatcagaa gattttagtc 105660
atttaagagg tcaaatgcct agaaatcttt atgaaacttc tcatgtttta aaacctttag 105720
tacgtattaa taatacaaat ctcgaatatc aacagcatga gttacttgaa gatattaaag 105780
atgacaagaa gatatacgat gttgaattag aagacctgag attagtaaca ggagaagaaa 105840
tatcccattt agaaattgtc gatagtaagt tttttgaaag tcgtattaat gaaattctag 105900
accgctatac tgaattaacg gattccgatg atttgcttat atactatagt aaattacgag 105960
aattagttgg tagtgacaaa atgatttatt gttcactttt agataaatgt gttaaaatta 106020
tagattaata gttagtctcc tcttatatta taactgtaag aggagacatt tttgtataga 106080
ggtgttaatt atgtcaagaa aagcaagtat attctatata ctagtggtta ttgttttggc 106140
tttttctatt tcatcttatt atatatcttc tttcatgtat cacgacaaag caaagaatga 106200
agtctctact gagttatcaa acacgggaaa gattaaagaa gaaaagaacg tagaatttgt 106260
cggtgactat acacttaaaa aagtggaaaa taataaagct tattttatgg aaacattacc 106320
tacttaccta cccggtagaa caggagataa cagcatagat atgaggtact acaaaacaag 106380
tagatttaaa gaaggggtaa atttcaagct tattagggta tatactgaag atggggaaga 106440
taatccaatt cataagtata ggtttgaagc agtaccaacc aaaaagtaat aaggaggtga 106500
cttaaatgac aacattaatt gtcgtcatct ttattgctat catttattac ttatggaaca 106560
gtgattgagt caagttaatt cttgactctc tttttgtttt atggtatatt aatatataga 106620
aaggagagat taattatgga aatggcagat ttagaaagat tcgatacgtt tgtaagatta 106680
gtttcagatg atgagctttc ggaggagaga gcattagaat taagtgtaga cttattaaat 106740
ccgatactag aaggaggtac agcttaccaa gctaaaaaac gcattagaag taagttcggt 106800
aaaatagaag caaaaaactt taaaagaaat tataaattct tactcaagtc gatagctcaa 106860
atagaccaaa ggagatagga caatgataga aagggaaaag ttagttaaag aaattgaaga 106920
tgctaataga gacatacaat tgaggttaaa agaagtagat gattataagg atagtatacg 106980
ttctaaagga acaagaaact atgtatctac taaggtatta gattcagtta tggtagggct 107040
aattataagt ttctttattc ttgtaatgtt acgtgtactt gaatattttg taacaggtaa 107100
tgctgtttat tcacctttag cacccgcagt tattattatg tttgttttag ccttaggtac 107160
atggaaagta agtaaaatga ataaaatagt atcctatagg ggaactatta agatgtactg 107220
ggaattaagt aatgctgaac agaaccaagc taaggtattt aagtatccta atgatgaagt 107280
agatattgta tcaaaacata acttaagaca aataactttt agtgagatta atatacttca 107340
tcttaaatat atgagatata ataaggcagt agaacagcat actaagttat ctaaagaact 107400
ttttaaaaaa gataaagaaa ctgttgacaa gaataaataa gtgtagtata gtattactaa 107460

aggaggagag atattatggt tatacctagt attaaagcac aaaacaaatt caagaatgaa 107520
ttagagtatt ataagcaagg tcacattagt gaaagtaaaa tgttagaatt agcttttgat 107580
tacattcaag aattagaaca aaataatgaa tacgttacta atttgctaga agaggagaga 107640
tacggtgagt aaatttattg gagtgtactt atttaattta ttagtagtag cactaattta 107700
cacagtagga tttttattct tttatggtgt agctagctta gttattattt taactcatgc 107760
tactattgac ccgttcgtat tagctacttt cttaggaata ggattcttag ttattagaac 107820
tgcacacaga atcatggcac gagtaattaa tgatgcagta gctaaagcta ttaaggataa 107880
agaaaatgaa taaaggggaa tttattatgg ataaaacatt accaaagttt agtgtatatg 107940
aagttattgt aaagactgta attatgacac caacagaagg aagttctgac ctagaatcat 108000
tttacttttc aactagagag ttagcagaaa gatttgttga agaaaataca gtggaaacaa 108060
aaaacggtaa acgtgtatct tttgctgtta aagaacgtaa agtaaatcaa ccaggctaac 108120
attaatttgt tagctttttt tattgacaaa tcattttata tagtgtatag taatattata 108180
cagaaaagga ggaattatta tgaaagtttc agaagaagta aaacagagtt atctagagaa 108240
tagagctaat actaaaatgg ataagataag ttggtctgag ttaaggtcta gtcctttagg 108300
tattacctta ggtgatatta tattttatag tgtggttatt atagataaca ttatagctat 108360
tattttaact ttaaccttaa taggtactat tactgactca attgagagta ctttagccca 108420
aataatcgta gggatgttca taatcattac tatatatgga atcctatcag cgttaatacc 108480
tattctagtt cataaagctg tatcaccggg atggagctat actgaatgga atgaatccta 108540
ttacatcaga ttacctggag aagagaacta caagtactat agtaaatggt atttagattt 108600
attaggagtt aaagaatttt actataagag agacaatgga gaagaagtaa aagaaaaaat 108660
atatcatggg cttttcaagc tgaagtaaaa agacctgaag atgttaacca ctggaaaaac 108720
caattgctta ctaatagacc tttaacaatt ttagaatata aaaaattaaa gaaattagat 108780
aaggaaagtg aaattaggaa acaagaagat ttagaagaat ataaacaata caatagtaat 108840
taaagaggtg gaaagcaatg ataagctcat ttgatagtat actacttgtc atatacatta 108900
ttatagcttt tgcagtagct atggcaatta tctacttagt atttaaaggt atgactattc 108960
tactagataa gctaatgatg ttattattaa gtaaaactac attagatgta gaagcttgct 109020
ctatgataat ggcagtcatc agtacaattg tgtttggaat tattgtactt ttaatatggc 109080
tagcagtaaa taatatttta ctataaggag atttactatg gattttaatg actttataaa 109140
cagtgaatcg gatagggtag gtaagcctaa acaaaagaag aaggtagaga ataagctacc 109200
ttcttctact cctattgaag ataaggaaaa gaaattaaaa gagataagaa agaaatcatt 109260
atatattgat ttaaggagaa aaagaaatga ctaaagaaac aaatgtactt tacaaagata 109320
agtatagaga ttatactata gttgtaagat tagcagggaa tattattgtt actgaagtag 109380
ataagaaaca taaaacagca tttacaccta ttatatttga caatggtgta gaaggcgtag 109440
agcttgtaat gcgtataggt tctgtagagc ttagcatgac agatttacgt gagttcacaa 109500
aggaagtatc tacagctcag aaagctttag aatattttaa taaaaaactt tatattaaag 109560
gcttgacaga tgaagcattt taatatatac taaaagtata aataaaataa agaaaagagg 109620
aatgattatt atgttattag gaattttatg gtttatatgg ggatttgtat cgtactttgt 109680
attgatgttt ggaattgagt tttggaaaga tagatggatg ccaggtgtta tcggagcagg 109740
agctttacta ctattcttat tttggattat gaaatctatt cataatgcta tgacagtagt 109800
atacttgtat taggaggttg tatagatgat tgatatacta gttattcact atgaagaaac 109860
aaataaacgg gttttaaaag aaacaataca aacaatacaa aatcatttaa atgatgaaca 109920
tggtttggtt aagatgacag caacaaaact tagcagagag aatatagaga aaagatttaa 109980
taactataat atagtcattg cagaagatga ccctgataat tcttatcatt acggtgaagc 110040
tgtagaagac gcagatttta ttatagacat accaatttca tatttagata tacatgcagg 110100
aatagaatgg gatgttgata atcctgtaga tatgctagat aggaatcctg attttataga 110160
agctgtaaat aaactaaatg aagacttaat gttataagga ggaaatagaa tgctaaatga 110220
aaaactaaaa aacctggaag atacaaaagt atacatgatt aatagtattg caagtttact 110280
aagcgcaagt acaggaaaat caagtaaagt atttttgat gaaggaacta ttaaaattgt 110340

aagtggtgaa acaaaagcag tagaagttat tgataactta gttcaccctc actcaggacg 110400
tttacctatt aaaacaacag aacgtattgc gctaggtaga ttaacagatt ctttacagtt 110460
tgttatctca gaaatagaag tagttaaaga ccaaattata gatgaagaaa atgaagctta 110520
cattgatttt gtgatggaag actggaactg ggattaatgc ctatggactt attaactatt 110580
gcttctgttg cttttatagc tgtagtcatt attgatttga ttaatgatga tatgagctat 110640
atgcttactg gtactgcaat cttaataaat atttgggcgg gattttatgg atggtttttc 110700
ttactacaag caggtatgtt acttttctta ttattagcta ggaaggttaa agatgataag 110760
gagtcaatac tatattccag tgcttcatta atatgtgcac taggaatgat aataaatctt 110820
ctttcatttt cttaaaaata agtattgaca cctttgtact tttgtattat acttagtata 110880
taacaagtac aggagatgat taatatgagt aaagaaacaa tcagaagaca attttcaaat 110940
gcaattgaga ttatggcaac aactaaagaa tggtggaact tccctaaaag ttttgatacg 111000
aataaagaat ttaaaattaa aacttttaaa aatgatacac ttgtatttga agttagagaa 111060
ggtagtagaa acttaggaag ctttgtagtt tttacaaaca ttgattttga ttatgataaa 111120
ctagaaggaa cttcaacaca atatatgatt aattactttg ctaagaaatt aactaaagat 111180
atgtttaact atcataagtt acaattatag taggaggtgg aaagatgaga gaagagttaa 111240
aacctttaa taggaaacaa gttaatgtta aagggtattt agatgatgtt aagtactcaa 111300
agcgtagaag acataagggt aatcaacatg ggtgtgttaa aatcacagtt actgatgtaa 111360
agattaatgg tatacctatt gaccacgtta acattgaagt tggtatctct ttctatgaaa 111420
aactaaagga gcttcaagga aagagaatcc aatttgtagg cactgtttac aagtatgtta 111480
aacatgctag agggcgcaaa ggtagaatta aaggatttta taaagaggat tatagcgtaa 111540
ctttagataa gaagttacaa aaggaggaaa aataatgact gaatggtatg ctttatgcta 111600
ttatgataaa gtaggtaaaa agaaaatacc taggcaagtt agagcgcaca gagatatttc 111660
agtattagaa gaattaaaag aaagattaga agaaagaaat cctaatacag aatactctat 111720
aaaaacaaca aaagaatttg atgaggagag ataaggatgt taacaccaca acaaaaagat 111780
tcattaaaag aacaacaaaa gaaattaagt aaaaagaaga aataactgtt gacaaatgag 111840
tgtgcatagg ttatacttaa gttaacaaat aaagaggagg tatgacctat gttattcata 111900
atttttattc tagcagtatt ctttgtacta ggatttatta acggatggaa ctcagaagac 111960
taaaaaagga gtggttatag tgaagttaga agataaagta ttagaaagaa ttgattctct 112020
tggaggtaag ttaggtgata ttagccaaca tgcttgggaa gctttagtaa agtaccaaat 112080
tatatatggt attatagacc ttatagtagg tattgtagtt atagcattaa ctttattttt 112140
atggaaggta tttattaatc aacataagaa ggtaaatgat atggatagag atgatgatta 112200
tagtttacta tttgaagatt gtgaagattt atcaggcata ggtttgtttt atgtaatagt 112260
tacatcatta atatcactat ttgcatttat atacttaatc tatggaatac ctatggatat 112320
tataaagata ttaaaccctg aagtatttgc agtaaaagac ttaatagaac aagctaaagg 112380
aggaaattaa tatgaaacaa agagatttcg aatttgaaga ggattttgta ttaacttatg 112440
aatgtgagga ttgcaaacat ttcgaggatt ggggtcatga tgaagagcct gaagaatgca 112500
gtgaatgtgg tagtagtgac ttaattaaca atacaagtca tgaagacact gagtgtgata 112560
tgtgtaaagg atacattgat atgtggcaag atggttatag atacatggga gataataaag 112620
cataccttga aaaagaagat tcaggtttaa tttgtgaaga ttgctatgag aaattagata 112680
tttaataagg aggaatttat atgaataaag cagtagaaca agcaagtaac gcagtaggtc 112740
aaggattttc agccatggta tggcatcaag tattagtagg tctagggttt attttattag 112800
ggttgatatt atccttacta gtttgggtac tagtgaaaaa atttcatgta ccttttaatc 112860
acccaacagc ttttgttgta tattcaatta tgttagttag tattgttgct agttttattt 112920
ggggcggttt acatgtaatt aaccccgagt attacgctat cttagaactt aaaggtttta 112980
taaagtagga ggaattctat gactaaagaa gagttagagc aaagagtaaa agaacttgaa 113040
gcagagaata aagaacttaa aaaacaaata gaacgttttg aagacgaggg aggaaaaaca 113100
aaagatgaat agtagacaaa agaaaatttt aacattaaca gtaagtaact ttttaattct 113160
agccttagat actgtagcac taattagata taaaaaaggt aaaattaaac aagagaatta 113220

taacacaggg caaattacaa gaatgatagc tacaacagct aactcattag gtattcttta 113280
cttagaagag caagagcgta aagaagttaa agatattaaa gtaggtactt ttgaaattgg 113340
agccttaaaa agatttacaa ataataaata aaaaaagttt aagaaaccta ttgacattag 113400
gtttctttta ttatatacta atattataag aaataaggag gttaacttat gaaaggtatt 113460
atcatatttt acaaggaaga gaccaaagag gatttaggat attttcttgg gtttataaac 113520
tttaagctag aaggattatc ttacacaact gaaggtactt tagtagataa tgatgtagta 113580
gttttaaagg ataaccaaat taatgaggat aatttagagc agtttagtat gtcaaacaat 113640
aatttagtta ttggaatact aggtcattca tctctttcag tacgcatcta tgaaaaaggt 113700
attagacaag agtttgatag agtagaagaa tatttagagg agttgagaca ataatgatat 113760
ttatattaat ttttggttta ctatttattt tatctttact aggtattttt atttattcta 113820
tagttttacg aaagaaaaaa caattaatag aagaaagaga atcatttggt atttataata 113880
gaacaaaaga aaaactgggt gatgtaacac gtttagggta tgaggaagat gtatataagt 113940
taatccataa ccaatctaat aaaacaatca tagaggataa aaagagtaaa gttgtagata 114000
caattaaaaa gatgtatgaa ttagaattaa catctgtaga tgtttctaag gtagaaggat 114060
tatctccact tgatacagaa cctatgacaa atatgaaatt actttcatat aagctagata 114120
gagaaggatt atatagttta agtaaattta tttaggagtg atacaatgga atttatagat 114180
aaaaataatg taattaaagc ttatgatata ccaaatgttt atttaaaagg ttatgtatta 114240
caggcatgtg ataaaaatgg agatacaaca gcttatgatg gttatgacca aatacactat 114300
aaagaaggta gagtattaac attccctttt gataaaccat taagaaagat aaatgtacta 114360
tcaggatatt acaaactatt taaaaaggag gacataatat gatttatttt gttagtgatt 114420
tacatttcgg tcatgataat attagagaat tcgaagcacc tacaagaagt cactggaact 114480
cagtagaaga aatgaatgaa ggtttaattg agttgtggaa taatacaatt acaaataacg 114540
atattgttta taacattgga gacttctttt tcaatatgaa accttctaaa gtagaagata 114600
tacttaatag actaaattat aaagagatga tactgattgc aggtaaccat gaccataaga 114660
aacttataaa actatatgaa cgtaatggta ttacagtaaa gtacgcagac atgattaaaa 114720
aggatggtaa gagattttat ctaagccatt atcctacact aataggtaga aaaaacatgt 114780
ttaatattca tggtcatata cactcacaat taatgggtac tgaatatcac atcaatgtag 114840
gttatgatgt agagggtaaa attgcctata gttttgatga tattataagt agagcaggtg 114900
aatataatgg agaaattcaa aggtaaagat ttatataaaa ctagaattag aaaacaaaca 114960
attaaaaatt tagttataaa aacagagaag ctacataata aacacggaaa gtatagacct 115020
attggtcatg tttattatta tccaaaaaca aaagagttta ctttatctaa acctgagcag 115080
aaaatattta tagagtatat gaaggcatta ggttttagtg ttaaacataa gagacgtaag 115140
aaaataatta tagtatacaa gaatgtgtta gatgaatatc ttagtatgta tcaggaagca 115200
attgaaagta cgtgttgaca attaaggtat actatgctat agtatagaaa aggaggttaa 115260
ctgatgaagc attttatttt gattttaggt attgtaattc tagttattgc attaggtatt 115320
gttttacctg catggatttt acaattagta ttatctgcat tcggtgttaa agtaagtatt 115380
tgggtatgta tcgggatatt tattttaatc agtgcagtag gaagtatgtt tagtagaaat 115440
taaaggagga actataaatg gcaaaatatg aatcaaatat caatggagaa aattatattg 115500
caacaccgtc acaagcttta agagaggcat tggcagaatt aattagagaa gaaaagaatt 115560
ttgcagagta tcaaactaag ggtgaggaac agtatgaatc acagttacaa ctaagacact 115620
ttgattcaat gatttctcag tatgaagagg ctattcgagt actagaggat agatattcac 115680
ctcagatttt tattccaaaa gataataagg aggaaaagta attatgaaag cagaatcaat 115740
agcaagattt tttcaggata aggtattaca aatagaaggg tataaagtaa gattcactca 115800
agctagttca tcatatattt tagatataga tactatggat gaatcagtat tgtttttaga 115860
tactgtagtt ttcactctat caggcaagta cttattagat acgcacatta caattaataa 115920
acctgagaca ctaagttcta atgaattata cacagagatt agtaataaac tacaagagat 115980
tgtaggagac caaactaaaa cagatataga gttatcaaaa tactttaagg aggtaaaata 116040
aatgagttca gaagctatta caaatcattt attaaattta aatcaaataa aaattaaaga 116100

atataatatt catgcttaca ttaaaaaatc tgtttgttcc ggtattgaaa atgcagattt 116160
tgaagtaaga ataaactata tagcagacaa agaccctaac tatattagaa ctattaattc 116220
tattattttt gttgattaca gtaaccgtaa tccaaaagaa attttactac agtttaaaga 116280
aaaaattctt tctattgtaa aagaacaggt agagattgat aatgatttta ttgaggctat 116340
taaagatatt aatacaaatc atgaactaga gaaattagaa ccttttatta ataaagaata 116400
ctattctatg tttaagtcat ctattgaaaa agaggtacca gtagctttat catctgaagt 116460
acttaataga tgtacaggta aaacaagcac actagcttat ttagctattg aaaaggattt 116520
acctttaatt gtgtctaaca attctatgat gaaaatgctt aaaaaagatt acccttctgt 116580
taaagtttcg tctgttgaag atttctcaaa ctataatatt aaaggtgaaa ttgtacttat 116640
agatgaagta gatgtagacc agttatatag tgcagataga gtttctgttg atgcactact 116700
agtaggtatc ataaaaaatt aaataaattt gtaaatacct gttgacagca ggtatttttt 116760
atagtatact ttagatgtaa agaaaaagga ggtagtaata tggttggtat tataatttta 116820
attgtcggtt taatattatt tttagctagt ggatataaat tagttttagg taaatattat 116880
gatgacatag atttaaagat gttatttaca atctttggta ttggtgctat actattactt 116940
acaggattta tattataaag gaggaaatta caaatgaact ataaagaagt actagaagtt 117000
attaaaaaga ataagccatg taaggttaga tttactggaa gtattttagc aatcgttaat 117060
aaggaattta atgcagatac tgataaaggt atactacaaa ttgatgtatc aaatattaat 117120
aaaaatgact acattaagtt acaacagtat tgtttagaaa gagatgatta tactgtagca 117180
ggagctattt tattttaagg aggagtaatt atgaattata gagattttat tacggattgt 117240
attagttgtg gttataaagt ccacattagt gttactgaga aaagagttca cattatttca 117300
gaaatgacat cagcatctta tccaaagaaa gaaattaatt tggatgaatt acaagcttat 117360
gtttattata tgaataattt tggaagtcag attacaacgg agggattata aatggaatta 117420
gttattaata ttatagcagt attaattggt atgtatggta tttacttta tgttacaaaa 117480
tttagtactg gtctatcagg tatcttaatt gtactaggta tggctgtagg tctttacttt 117540
tacttagatt acttaaatgt tagagagaat gttattcgat tagtatctgt aatgtttggt 117600
gctttcttat ttagtatcga gatgatttat aataagatta tgtttgaaat taaaaaatct 117660
aagtatgata agactgttag aacgtacaga ggagaccaat aagaatttta ctataaagag 117720
tacttaaaat aggttaagtg ccctatatgg taccttaaaa tggcttagaa ttgaaattaa 117780
ggagatgaaa agttattata gctactaaat atattgtatc tattgaacga tggtaaataa 117840
ggaggagtag ttatgaatgc taggaaagca cgtaagaaca ctaaaaatca taaagactct 117900
agtgtagtaa ctaaggagca acacctaact tatatctata ataagataaa ctacttgatt 117960
gcaaatagta gtagtcaggg taagacatat gtggtaatga acctaagaac aggttatcct 118020
gacgagttct ctttatctaa attaaaatat ctaaaagaaa ttaaacagca ctataaagac 118080
ctaggattta ccgtacaaac tcaagtaaga aagtcacggt ggtcagagaa aagtataatc 118140
aggtactact ttaacttagg ttatatagat agcgtgttag ttcctattat acacattagt 118200
tggtaattac aaggaggaat agttatggat aatccaaact taaataaaaa gacactgaga 118260
gctgtaataa gagaaatgga taaagatata gaagaaagag cagaagcatt aagaagagaa 118320
gagactagat taagtattgc tagggataat agaaaaaggc tttacattga attagagtct 118380
atactagagg aggaataatt atggatttta atttgaaaga ctatgctgta agacctataa 118440
cagacaaaga aggaaatatg gtagtaagaa cagtgtatgt gtgtttaaag agagaataca 118500
gtgattgggt agtagataaa gtatatggta gacaagagag ttctgaaacg tggttaaaat 118560
ttatgcaaga aattagaaac atagagagag caaaactaag agtggagaaa tggcaagtta 118620
attagaataa ttagttaaag gagggaaaga tatgagttta tcagaattat tagagtatca 118680
taaaaatagt ggtaaggaac gagcagagta tataagtgat aatggtaatt gtagagtagc 118740
tattatgcat tatgataaat gggcagttgt aggagattta gagaatgcag tctttacaat 118800
tgagaagtaa tagttatgta cttatttgct aaaataatta ttatatctat tgatgttata 118860
cccttaatgt ctattattgt tgtacagtta attacagatt ataatgatag acattaagta 118920
tcgaatattg ttgactagta agaagaagaa aatattacta ttaagaagtt aaagttaccc 118980

gggaatattg ttgactaaca ataataagaa gaaaaaaata ttattactat taagtacctg 119040
ggaattcttt tacctctccc actcagccta ttacttacta ccgacttccc taactactta 119100
ttctatagtt atagtattca tttattatac aatacttaaa ctatagtatt ctaaccttaa 119160
tctatgctga agcggtatta atctattgtt attatataat aatcttatct aatagtggta 119220
taatctaggt tattacatta gaatgattct aatctagtat tttaatcttt agaccctagg 119280
aaaagtggta ctaaaatata gaaccctata ggtacgggat tcttattttt aaaattacta 119340
aaaagtatta ggttttccct agggtaaagt tttaatgtac ttaaaatcgt aagtagctcc 119400
ttatcattta ggtctgttta attgagaata ttagaagata tccgcttcaa ttacaattaa 119460
gtgttgacaa tcatgaagcg gtatgttata cttagtatat aaattaatag gagatgaatt 119520
aaatgattat accattaatt atactcatga tgaccttcgg tacatttgca ttcagttatg 119580
ttgcacatga tgcatacagg gtagatgaaa aaggtatcat gtatgctatg gtagttggta 119640
ttgtagttat aaatgtaatt ggtttagaaa tgataattgt agaatgttta tagaggagat 119700
gatttaatat gattgatatt tatttacaca gtgaatatga taaagataag ttaaaattta 119760
tccttaaagc aataagggat ttttctccta gagaattaac ctacgatttt aggaatccaa 119820
aagcggatgt tagtatccag gaactactag gagatgacat agacatattt gaatctatag 119880
cattagatta ccctaatgat attaatatcc ttgtaggaga tagtggatac tcgatagttt 119940
atcagaatga ttttcttaca attagtggat tgagtacggc tatgaaggag gtaataggat 120000
gataggattc acaatattaa gtacaataat ggttatctta gttatagcta tgtacactca 120060
ggtgttagta gatatgattc agtcaatcag gtatgataga tttgataagg tacttaacat 120120
agtaacgttt atagttatga cagttgtact agtatcaggt attttaatta tgtttgacat 120180
ttagagctta tttaagaagc ggttaagtag ttaaggataa attggtctag aaatatacta 120240
ccgcttctct atggctcttt aaataggctt agaattgaaa ggagatggaa taatgaaagc 120300
aattgtatat tgtgctaaaa gatatagtaa gcatacactg aagcatattt tagaggaatt 120360
agaagcggag aatagtgact taacatttag tacagaaata tcagatttag gggaagtaga 120420
tattgttgta caacatacta aattaccttt ctcagaacta atggatttgt gtagtaaagt 120480
aagtaaaggg tctgaccgct tctatgtatt tgttggtaat cactcagggt attatataaa 120540
cggtgattta tatatcaacg agataggtaa gtttattaca tctagagaaa ctaatgttat 120600
gatgtagagg aggagatatt atgatagaaa ttagattagt tgaaggctat gataaaagtc 120660
agttgaagtt tatgttaaag aaaattaaga gagtagcacc tagggaatta acttatgata 120720
tagaagcggg gatagattcg gtagatgtta atattgaaga tgtacttcct cataaatcac 120780
cccaggagta tgaaagatat tcaatgttac ttgaagaaga cttatggata gttatacttg 120840
agtcaggtta tatagcttac tgggatggaa agaagtatgg tggtgaagct ttagatgata 120900
ttatatataa tatgtttaaa gggagaggga gactataatg atagaagtat ttttaagtaa 120960
agattatgat aaggatttac tcaaagctta tttagagtat attagaaagt ccgcttcaag 121020
agagttaaag tataatacta accatactaa aggaacggat gttaatattg aaaatattat 121080
tagttatact aatcaagagg ttcatcattt tagctcttac ggtatgtata gagatgactt 121140
atgtgtattc atagataata caagagtatc tgagtatctt aatggtgaac ctgtaggggt 121200
agatacaata tataaatata taaaggagat gtaatggatg tttaaagtat attatacagt 121260
ttatcataga caaagtatga agactattaa ggataagtta gatagaagcg gtttaatcta 121320
tttcttatat gaaacttggt ataaagatat aaataatgta tgtccttcta actataaccc 121380
ggaatttggt agtcttaata aagatataga catagataga ttaattgaag cggttaatga 121440
agaagggata ctacttatta accatggtaa ttatgttaca gtagaagagt ggtaggatgt 121500
tgacaaatca taagtagtgt ggtatgatta aggtagaaat tttacgataa actcgtagga 121560
taaaaccgta ggataaaaaa ggaggataga atatgataga tattgagata aaaatttggg 121620
atgaaaccct taggatgcag gttgaagaag aggatgtact ttccttctta tctaagttta 121680
aaaataaaac aacaggtgat aaagaagaat cttatggagt agggttagat gaatctaaat 121740
ggaaagtaca cccattctat acacgttatg aggtacaccc tgaaggatac gttaggttga 121800
aggatactaa aacacctgta atatttacta agtatagaaa agaacttcac cataaaccac 121860

agtttattag ctctaatata atggatgatg aaggtaagca tacagtagct ctacataagt 121920
tagttgctga tacatttata cctattccat ggtatttaca gggatataac tatacagatt 121980
tatcagtagg cttgaaggat ggagattatg aaaataaaga agcggttaaa gcatataact 122040
tagcttggta tgtaggaagg atacgaggta atgctccaat gattaaactt atggacttag 122100
aagatgatag agtattatac tttgctagta ttcctcaaat agagaacttt attagagata 122160
ataaattaga ccctaaacgt tttaattaca aaactgaata aatgataagt agagagggct 122220
taagtagtcc tcttttattt aggttagaat aattagtaag tagctcctcg taatactaag 122280
tagttcctga ttttttgata tagttgtaag tagtcccctg gtaatccccc cagtttatcc 122340
caaccgcttc aagcagaccg caataagaat ccccaggaat tatattccca gggatttcta 122400
taatttttt atttaattaa gatatgtttc aatatattct tcataaattg cacttgctaa 122460
atcattgtac ccgtcttttt gtttttcctc cattaaccaa ttgtaatcta cacttaaact 122520
gaataaataa tctttttctt ttacatcaat taaatttctt aattcattct caaagatatt 122580
aacttgatac acatagttta ctttttttaa taggttgtgc acctctttat tcaattcttc 122640
tttagttccc tcaaatttaa attccattgt tatcaatcct tttcatttag ttgttaaggt 122700
gtttgattac cttacaaata ctattatatc agattgagga taaattgcaa taggtttttg 122760
aaacttttt aaattctttt tgtgttgact tgatcgacct ataacaacta tttagtaggc 122820
ttttttgaat atgttttttc tgtttcttcc attataaaca aaaaataggc tcataaaact 122880
ttttaaaaga atttgtaaat atgtattgac ttattaatca tatgatagta atataaaggt 122940
acagcaaggg aacagcaaca agatattaga attatataaa aaaattattt aattggagat 123000
gatttaaatg gatgtaaaag aaattgcaaa tactataatg gagttgtggc aaatggacgg 123060
ctacagatgt acagaaccac cattatatga aagcacatta aaccatacac gcacatatac 123120
ggctttaatc gtaagcatta aaggaaacta tgacactgtt caaatgttcc gcaaaacgcc 123180
tataatgagc atgagagggc aagcccaacc ggctagtatg ttagtaaatg taattgatga 123240
tgtgattata atcgtatatg aaaatgttgt ttacggggta cagaataaag aaataaaatt 123300
tattgaagaa atttaaaaat aggggttgca ataccccta agatgtagta atataataga 123360
tgtaagggat agcaacacac cttaaaaaac tttttaaaaa gttaaaaaaa gtgttgacac 123420
cttacaagat acatgttatt attagtatag aagttaagac aagccacata gcaaataacg 123480
aaattaaata aaaaaattat agaataggat ttgattatta tgacaaacaa aaattactta 123540
tatgaagaag ctcacacagt acaagggaac gaaattacgg ctttcagaat tccaaatgac 123600
gcaaacggca acccacgtta tgtagtgcat ttcatggatt taaatattaa actagcagac 123660
tatgacaaca tcaataaact ttacggattt aataaatatc gtgctaaatg gtttggcggt 123720
ggtgtagtat tccaaagcta taatatagaa gatacattaa attttgcact agataaagtt 123780
aaagaaatag aagcggttaa gaattaaaac cgcttctgaa ttaaataaaa aatttatata 123840
aaaaggatat gataatatga aatttaaaat agaaaaaaat aacagtgata taaaaacttt 123900
atggaattta gctaaaaatg gatatatgag ttatcaaact gtacacaata tatttaaaaa 123960
tgaatcagat gaatttatta tatttaacag taaacaaact tataataaat ttatggaatt 124020
aagatataat agaagtgcaa tccaatagta taaaaaaatt atacaattcc ctgggattaa 124080
attcctaggg atttttattt gttttaattt atataaaaaa attatttaat aaataagtta 124140
gtgtaaaatt gactattgac aaggttgtat tttttatggt ataatgaagt gaagaccttt 124200
tttagtataa aaaaattatt atataaaaaa tttatattaa atggttttaa agcgggtctt 124260
tctcccaacc ttgtcattta tatagcggaa gggttaggct ggttaccgct gttttacttt 124320
ctatatatag aatactatga ataatggtaa ttgtcaacac ctttcagaaa ctttttttac 124380
tttcttttat tattatataa aaaaattata catattttag ggctccactt ccattatata 124440
ataattcggt attaatgtca atagataaat gtaaaaaagt tttttaaatt aatttcatta 124500
aatccattga cttgtgtttc tttctatagt aatatatagg tataccaaca agggaggcaa 124560
tacaaatgct aaaattcaaa tggaaaaaca aaacaattaa atcaactcaa aaaacggata 124620
acattctatt acttattata ggtggtttag ttgcaacaat cacacctaaa cttgtaaact 124680
ggtttttact actacaagat aatataaata ttttttttaag ataactattg acaacctaga 124740

aacaacatgt taatattaag ataacaaata aatcaataaa ggaaatgata aaaatgaaaa 124800
aaatcacaac aactttaaac ttaatcggca tgaaaaataa tgaaaggttt acagaagagt 124860
taaaaaacta ccgtcaagat gttactttct tgaaagcaaa taaaattgta aaatattcaa 124920
aataaggctt gacaacttaa acactacatg ttattattaa ggtacaaggt aagggaagcg 124980
gtcaaccgct tccaacctaa ataaaaaagt ttaaaaaaac tattgacagt cacttgaaac 125040
catgatatta ttaagataac aaaaaacaaa cagaaaagga attgattata atgaaattta 125100
tcaaaactat cgaaaacttа ttaactaaag cagaaaacaa agggcaagca attttaaacg 125160
gtcgttatta tgacggatat agaaacggtg agcttgaaga aaaatacgca atcgaaattg 125220
agggaaacaa attagttatg cgtcactggg gaacacaaac aattgagatt gacttaggta 125280
tgaaagaaat tgtttcatac tatggagaaa gcaactcaga ccgtgacagt ttaaacacac 125340
ttgtatattg cttaggaatt gcgccaaact ttagatactt accaagcaaa gacttattta 125400
tttacgaaaa ttaattaaat aaagggcttg acttccaagc cctaccatgt tattattaaa 125460
ttgtaaggta atcaagcaca acgacaaaat aaactgaaaa ggaattgatg aaaatgttca 125520
aattacaaaa taaagtggaa attatcgtac ctaaatatac taatagtggt aaagagattt 125580
caagccctgc aattaaagaa gcggttaaca atgcaactaa aatatgtgga ggttgtacga 125640
taactgaaat caagggacaa tggtggtcag acgatgaaca acgtattatg gaagatgaca 125700
acttaaatct tgagtggtac tatgacaaag gtatgcaaga catgaacgac caacaagggt 125760
tattacaagc cttatcaaag attgctagac aattgattgt attctatgaa caagaggcaa 125820
tcagtataaa aattaatggt acactatata ttatagatta tgaagattta gatttattat 125880
cttatgactt atatgaatta atgtttaaaa attaaataaa aattttatat aaaccgcttc 125940
ggattaaatt cttgaagcgg ttttttatgt aaaatttatg cttgacaaat gtattaaaaa 126000
atgagataat agagtgacaa ctttttttag tataaaaata atattatata aaaaagttat 126060
agagttttta aggctccaag tccattatat caattttact actggttgtc aatactttct 126120
ttttttatat aataatttaa ttatcttaaa gataccgtcc acctccatta tctcaaattt 126180
tgcccccaaa gtcaagaact ttctttcaaa taatttattt aaaaaagttt ataaaaaggg 126240
ttgacttatt ttgtactata gtgtaatata taaagtgtag taaggaagcg gaggaaataa 126300
cctaaaaaaa gaatttaaaa aacttttaaa aaggtgttga caaacttcca aatacatgat 126360
aatattaaga tagttagaaa aacaaaaaac gaaaaggaat tgataattat gaacagatta 126420
gaaatagtaa aagatacggc aatggaatat atccttatga tggataacag tgttatggac 126480
ggcgttatga cacaagagga atacaacgaa gcggttagct ttgaaaaggt gtatgactat 126540
actctatcag aagcaaatca agaatgtaaa ttcttaggtg gtaaggtttt aactttccta 126600
gtacatgaag caatcgaaga atacgcataa aaaaacttaa taaaaggggt tgaatgtcaa 126660
cccctaccat gttaatatta atatatacca aatgagagga attgataatt atgagatacg 126720
aaatcgtaac attagttaat ggagaattat tcatgtttgc aacatttaag aaagcagagg 126780
cagaaaataa atatcaagaa tggtgtgact tgtacggtca agaaaatgtg agcatggaaa 126840
aaaattaaaa taagcggttg acaaactaac cgcttcatgg taatattaaa ctatactaaa 126900
gaaaaggaaa tgattacaat gacaaaaaca atcaaacaat tagaaagcca acttgaaaga 126960
ctagaaagaa aatcagatga gcaactagca aacggatatt atgaagcctt tgaaagaact 127020
tgcgcacaaa ttagagaatt agacctacaa atcgaattaa aaaagaattc agaaactgtt 127080
taaaaaaatt aaataagggg ttgacactta acccccttaga tgttattatt aatacataag 127140
gtaaaacaaa taaaggagga aaacaaaatg atgatttgga tattgatttt tatggtaatc 127200
ccttttgtac ttggattcat taacggttgg aactcagaag aagaaaatta aaaaaagtgt 127260
tgacacttta aaaaatacat gttaatataa atatatacta aagaaaagga attgataaaa 127320
atgaaattat taaacagaga caatgaaatc gtaattagca tagcaacatt agagagcgta 127380
aaacaagcct taatttggga atacatcgac cacatagata ataacatcct agacagtgaa 127440
atctatgacc aagaagcggt tgtcgttact tctaagactc tacaatcaat aaaatttgca 127500
gacactatgg aagacctgca ggaatacatt gcagatatca attggaaatt agtttaaaaa 127560
agttttaaat aactgttgac accttagcaa atagatggta atataagagt ataaagaaaa 127620

acaaaaaaac gaaaaggatt tgattataat gacaaacaca ataaaaggat ttttacaaac 127680
agaagaagca agcacagtta aggacgtagc aactcacgga gtacaaagcg gagcaattgg 127740
cagattaatc tatacatcgg acgtagtaaa attctttgat agacattatt cagatattga 127800
agcggtagta ttagacttct tagaaggctt tacaggtcaa agatactatg acctattaga 127860
ttatgacttg atgagagaac tcgaagagca tgcaaatgta gagtttgaag acgaagacga 127920
atataataat attcaatttg acttagcaga aaatattgct tctgatgaga ttgaaggatt 127980
cgaagacatg gacgaagccg agcaggcgga tgcagttatc gaagctatgg acgatgtaga 128040
attagagata ctagacacgg ataaggtgca gtttgttaac ttagcagttg agattgtagc 128100
acaacaaatg caagaagcat aagaccctgc aggaagcaca cagagacaca cagagaagct 128160
taaccgcttc tctaatataa aactattagg agatgttgaa catgacaatt aaagagatta 128220
taaaccaatt acaagcagta gaaaataagg aacttgaact attcgtatgt gacaaggaag 128280
gaaataacat ttcaattaaa gatattactt tgtttgatag tgaagcggag cacacagaaa 128340
acaacccatt agggattaac tattaggagg tttataattg aacattagag aggttcataa 128400
tgtcgttaag agtgcaaaga gcaaactcct acaggagcag aataatatta ataatgtaat 128460
gatagatgac tacatcacag aagagcttca cagacgcaca cagagaagcg gaacaataca 128520
gatgaacaat aacaccgctt catatagtaa tggctcatat ggtagcttag aagagattag 128580
agaagcttat gacctatctt cattatctac taatgagatt aaagaactgc ttgaaacatt 128640
tgtttaaatt attttatcaa aacgctttac aactatttaa tttgtatgat ataatgaact 128700
taacaaatta aaagaaaagg aaatgatgaa catgagagac ttacaagaaa gaaaaagaga 128760
attgaaaaca ttactattta acttagctat agagaagaac agagcaactg acgagacact 128820
aagaagtgta ttagaagaag cccatcaaga ggtaggaaac caactaagaa aagtaagaaa 128880
agaaattgaa attttagttg aagaaaaaga aagagaattt tggaacgatt tcgactttaa 128940
tggattagac taagagggaa taaaatccct cttttatttt tatcctatta tataattttt 129000
ttatattata cgggggcagg ggtaaaatgc cactcaatgg gggtgggtct atataccccc 129060
atggtctacc caggtactta ttttttgggg aaaattatga aaataaatat tctaaaagtc 129120
aacacccccc tattataagt caacattaca accctaccct ataagtcaac aatttataat 129180
ataaatagat agcccttaaa tataaagtca acatatctaa aataaaaaag ccaccccttt 129240
aggagtgact tagtgtttta atattttatt tcttctccta aaatgagttt gttttgataa 129300
ctacctaatc ttgtatatat cttactatta gggtctgatg aatttatact atttgtgcta 129360
ccataagcta tacaactatc taaccacata tgactacctg atgaagtttg gaaatctttg 129420
ccttggtaac tttcgaaagc ggtacatcct aaattccaag attctgtacc ttcatttaca 129480
tctgcgacat taccgccatc atttctagca taaataccgt ttactcgtat agctttaaga 129540
ccatcatgag ttgtggaacc attatttgat ttagtacctg ctgttccttt ttcgaatcca 129600
ttttctaaag ctgtacaatt aatttcaata actaaaggtt tagagctatc tgcacctata 129660
tgataattaa atccatccat atagttatta ttagctacac tattattgac gataacttct 129720
ttacctccaa caatttctaa accattacca ttgacttggg aagcatagct cagtacacag 129780
ttattaatat atacgctatt gtcttggttt aattcaaacc tagcaggtct agctccaccg 129840
tacagattta aattttcaat ataaaagtca gttggtacac tagatactat taggtgttgg 129900
gatgataata gcggtacaac ttttttgtta ggttctatgg aaccgttatt aacataaact 129960
tttgtaccat cagagtacca agaaaaaagt gtcgtatcta ctttatctaa ggaggtaaca 130020
tttgtaaact ccctatcatt attaaaatct actacccttc taacggcgga acgtgtaaat 130080
tcataagtgc tatctctacc tgatgtttta gtccaagttg gctcatctgc cataaataag 130140
tttacatttg agcccaaacc aataatatta atactcttat tacttattgg tggaagcaat 130200
gtgcctccta ctctaaagta atccccgtca ctaacataaa gtgtatcccc attatttatt 130260
atgccttgag ctttttttaaa tgttttaaag ggggttgatt gagaaagacc gtcattagta 130320
tcattaccat tttctccatc aacatagtaa gatttacctc ccctaagttt aaagttctcc 130380
atatttaaag aagtggaaaa cttacctaaa ccatctgtaa aaatattatt gacaagcggg 130440
tggtctttaa ttaagtaatc tacaggagtg aaaacaggta ttttatacga tgtttctttt 130500

ttcatagaaa ttttcatatt atcaatttct ttgattaatc ctttaatgaa ttcctcatta 130560
ttaactgttt gtattttctt agtagaagaa ccatcaaaaa gtagaaactg ttttatattt 130620
acaggtgaag taacttgtct tgtatctatt cttaaactaa ttttgcttga attttccggg 130680
atatttatat tattaattgc aaatgtcgtg tcatttattt tattaagttg agtaattgtt 130740
tgtatatatg aaccatcaga atcttgtatt gaatactcaa atgatgcttt cgggtcaggt 130800
acgtcatctg ttattatttt agcactaaat gttttacctg gtgcaagttt ttcaacagct 130860
ttaactgtgt aaaataacca accatttgaa ttaagtgtaa aagaaccatc ggggttcatg 130920
gtattttccg gtatactgtt tctaattgta atattagaga aatatgtttt atctactgtt 130980
gatgggtata aacgaatgtc ttctccatta tcagggtaca ctattaaact atcttccatt 131040
gttttattta cttcttgtaa attagagtca ctaggattaa caaaaactct caatgaatct 131100
aattgttctt cggtaaatct atcaaaagta aagtctttac ctggttcccc tgttttacct 131160
ggctctcctg gttttcctgg ctctcctggt tttcctggct ctcctggttc acctttaatg 131220
gacttaaccc attcttcttc tgtacctgta aaaccattat ctactgctat atcataagct 131280
gttttaggtt taacagttaa gatgtcttta gcataaaaag taatttcttt gtaagaagat 131340
tctaatgtag taaattcagg aactacagtt ttttccgact catagttatc cccttcccaa 131400
gaaacataaa actccccttg agggtactta gtatgaggtt ttaaatttgg tataataact 131460
gaaccttgct cagtatatac attataacct atggctagta tattgccttc tttatcataa 131520
gcttttaaat gtggcattta taaatctcct attctaatgt gttagtacat ataatatatc 131580
aaattgaata aaagaagagt attagttacc cttctttatg tttatatcgc agtctacgat 131640
attaagttca tgaatagtaa tcatatccat tccatcgaat cctcttgggt ctcctttaat 131700
gaactcttgt tctcctctat aattagtctc ttccctatac ccttcttctt taatacgttt 131760
aattaatttt tccttatttg tatatacatt gtcttctcta aaatgaaaat tatcttcata 131820
aggttcacaa ttatcatgtt ctacttgata tagtttcatt catttgtcct cctttactct 131880
ctataataat catatatttc taagtaaggt gaaaatggtg aatcacctct agtattaata 131940
ataacttcac cttcatgttt acttatctct gtaagctctt ctagactatt aatttctaca 132000
caccatcgtt ctagtgtaaa tggattacct ttttggtcta caagttctag tttctttata 132060
taggcaccct ctataggctt tttattaatg gtgcttgtcc tatctataaa aaattccatt 132120
agttttcctc cttttcataa gaccattcac catattctgc gttaaaatgg gctgtatccg 132180
taccctcgtc ttcatattct acactatacc atgcatcctc ttctgtttct gcatctatat 132240
atcttacttc ctctgtagta ataatacgtt ttactttaaa tctctccata ttagttttcc 132300
tccttatatt ctttataact tttaataaca atcttacaga tacctctatt aacagctaaa 132360
aacaataaaa atgataacag agttataact gctctagtat ctcctgtgaa aggtaatact 132420
ttaaatagta aaacactttc taaaacactt gtagctgtga tagttgttag gtataagata 132480
gttagtaaat aatcttttaa ttttagctta acaaaaggtt ttttattatc ttgagttctt 132540
actataccat atagaattat aaaccattct acagttacga gcatagttat aaagtaatta 132600
tttatgtcta atgcatataa accataaatg atacctgcag gaataccaat aatgaatgct 132660
aaaaatacag agagtataat tagcattata agaagagcta caaggaatcc taagccttgt 132720
tttgagtact ctagtgtatt ctttcctatg gctttaaaga atgttttatt catctgctac 132780
ctccttgtaa tatacagtat ctatatggat aatattgtct ttgaaccata tagatgtatc 132840
acctttgtta gattctaaaa atttaacacc attaaaaaca agacccccga taaaagaatt 132900
taaattagtt ttagtatctt tttgctttat aatagtagaa gtccctgata catcatgaat 132960
ccttataaaa ttaatatctt tttttacttc ctcttcttta tgtttttaa atatcattat 133020
tcttcctcct ttatattctc ttctaatatt tgttttaacg tctgacaatc tttttggtct 133080
aaagtattcc aactttctag attttgtaat tgatagtgaa attcatttac aatttcatcg 133140
aaggcttctg ctttttggta gacttcttgt aactcttcta attctttttc attatcaata 133200
caccagtagt tctcgttgtc agttataata tcttgaattt tatttttata ttcataagcc 133260
attatttatc cctcctcttc tatagaatta ctttccgtaa tagttacctc tagcatgtta 133320
ttgtaatact cattcttttg attgatattg tagtagtcat tatattcatt aaagtctaca 133380

taagtgtatt catttgtatc atcatcataa ataatatcta tagctgtaat atctgagtat 133440
gctgtaatca tttcataagc atttgtatta tccggataag caaaaccaac ttgagatatt 133500
tctttagggt tatcaataag aataccaaaa taagtacatc tacgtgttcg acttatatgt 133560
gaagtaccat agtaatctat accttctgta attccatcta catggaacct ttttacatct 133620
ttaggttcta gtcttacaac atcacaattt tctaatacta aatcaatata ttttatattc 133680
attttaattc tcctctttat ttaaacctat tatatacgca atggactcta acatcttcca 133740
ttactttacc taatagattc tgacctttcc agttgctttc atctaatatc ttagggtcat 133800
ttgctttaat acctacaccc catattttat catagggtga tgcttctacg aaatctttac 133860
gtaaatctgt atctagtatt ttttgtttta agtgtgtagt cataaattta tctttaacca 133920
cttctaccat aatgtcatat ctcaccttat tccattgctc ttcattaaaa ttacgaactt 133980
tacgacctag acttttagca tggttcggat gcttagcatt taatatttct cctgctattt 134040
gccagtcttt aaaatattga gctttacgcc acataaaggc ttgttctgag ttattaaatg 134100
ttcttccttt gtgtttaaat gttattgggt aaaagttaga atagatatct tccttacccc 134160
aaaacataat gtattcttta gtctctttca tattatctct cctttaattc cataatgatg 134220
gtaatacgat tttaaagtta tctagaattt tgttttgtac ctgttcaatc tcgtcctcat 134280
tatcaacatc aaagctatcc attgattcgt ggtagaattg aattaaactt aatatatgct 134340
ttatcatatc tatctgtgtt ctttcttttc cttctatatc agtaaatgta tggtactcca 134400
tatccacatg attactactt tctacaaaag catttaaatc agcatatagt tgaataaaga 134460
aggacatatc atagttccaa tatttaggtt catttctacc taattcttta ttcatttttt 134520
tgtatttttt attctttttt aatccaaaaa cttctttttc aaagtcattt aatttaagtc 134580
ctttaaaata tcttttcttc atgagtttcc ctccaattta ataaaaggta aatctatatc 134640
cctgaataca gcacctacat cacacattaa catgtctcca ttaatttcta cttctccact 134700
gtcagttggt gtatgaccac atacataggt aaaaccatct tttctaggtt gaaagtctct 134760
tgaccatatt aattggtcaa ttgtttgttc ttctacaggc ttccaactaa ccccgcctga 134820
atgagagaat atatacttgt cttctttata gtactttcta caattaacca taagtatttt 134880
aaattttcta tagtcgtctg attctttaag tttctttagt tcacttttaa taaaatcata 134940
attacttctt aggttttctt ctacactact atactttaaa gttaccgtac tcacaccgta 135000
agagttaagt gtttctatac aatatcttga gagccattca atatcataga tacttaatcg 135060
gtctacgttt tccataacat tataaaactc atcatcatgg ttccctaaca gagttactac 135120
attatcatca ttagacatta aatcaaatat atagttaaca acgtcttttg acctttacc 135180
tctatctaca taatccccta aaaatactat tgtttcttta ggttttcttt cattgtttat 135240
tttatccata attgttaata atttttggta ttctccatga atatcgggaa caacgtatat 135300
agccatctaa tctcctcctt attgtatata actatcttac catacttagt aaaaaaagtc 135360
aataaaaaaa cacctattaa tttaataggt gtttatcatt taatgttatt ttaaagtatc 135420
attaccatgt gctaattttt tatcatctat tgcatggtca ttataaatat atttaacctc 135480
tatatactgg tcttcacttt tcagtgcatc tactatagaa gcattattag ttattgagct 135540
tgttctaggg taagtaaatt tttgaccgtc agataaaata atagtaacat caacttcaaa 135600
gttaacaggt agtctgtatc cataatcttc caaataatta ataaagttat taagagaaaa 135660
tggtttatac ttgccatcta aggtatagtc aatatattca tttaatgcat cagtaagttc 135720
tgattctgtt aactccattg tatcataatc tttttcgtta tagaatacta caacattatg 135780
ttgttctata ctagaatctc cgtctttata cttagatata aaaaatccaa tatttccttt 135840
atgctctaaa taatctgctt tcataatttt aaatacttct tctgctatag gttttgctaa 135900
tagtgttacc cattcacctt tttctgcgtc ataaacacta ggtagtacgt ttaccatcat 135960
ttaaatctcc tcttcttaat ttattggttt aaaccacaat ttactcttat cacttggttc 136020
tgtttcacta actacgaaag agttagaatc aatgtttaaa gtattaaaaa caatttcttg 136080
tttgtcttca ttacttttg ttgtaaattc gggaacatct gttaatatag actctttacc 136140
attaatagtc catgatattt taaaagaccc ttggctatac actgtattcg gtgtcagttt 136200
ttcaattata attttagcgg atgcacctgt aatttttct gaagatttta ataatttacc 136260

tttggaatca tataagttta atgttctctc cacaaatttt atctccttta ctatattttg 136320
tacaattaat ataacaaaaa aacacctatt agtttaaata ggtgtccgac agagctcccg 136380
tacttagatt acggttaata atattttacg acaactatat gagaccctct gtcgttgaaa 136440
ctcttgtcac tgcgttattc cacaagatat tttagaaggt agcttgtgga agaagattgt 136500
ttttaaaggt acaattagcg tttttaagcc tattcgatac ccaggacact atgtccgtac 136560
taactattac gtcaataaag gttctacggt ctcaattacc tactctttat tgttaaaact 136620
aaaattaagc ttgagtgctc tagaagccaa aatcaattaa ttaactatag atacggaatg 136680
gagggacact accatccgga gtctacggtc agatacaaag cctctgccgg gcaacatacg 136740
gtatctctcg tacatcaggt tgactagacc tttagagttt ttcactcctt ctcttataac 136800
cagtaactta ggagaaatag gttttactta gtagatatga aacaataaat ccacatacaa 136860
tattaaatca tagtcaagtg attgcacata tgtctaatac ctataagttt tttgctagcc 136920
tggtatatgg actctgcagg attcgaacct acagtcaaac cgttatgagc ggttggcttt 136980
acctttaagc taagagtcct agaaatatcc tgagagagga ctcgaacctc aacgactagg 137040
tagctacatc tagccaatgc cattactcag gattgctagt aacgctaaat agaattataa 137100
cgttaccgta gacctttttct acgcttggta gataggtaaa atataatgat ttcaaagtac 137160
ccatatagtt aggctcttat tctcattata aggttaaaaa ggctaactgt gtttagcatt 137220
atataagagg ctttagttaa ctactatact aatagtatac cataaataat acttaatgtc 137280
aagttaattt atcaattgaa tccataattt ttgatgtact tcttatatcc gcttctttac 137340
tgtgtttaag aagatatttt 137360

<210> 561
<211> 155
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 561

Met Lys Lys Ile Tyr Ile Leu Glu Glu Glu Ile Glu Glu Met Asp Tyr
1 5 10 15
Asp Leu Trp Glu Glu Asp Thr Val Tyr Thr Thr Ser Tyr Glu Val Leu
20 25 30
Gly Tyr Thr Asp Ser Leu Glu Asp Ala Glu Tyr Ile Lys Asn Asn Tyr
35 40 45
Gly Thr Ser Asn Pro Ile Phe Ile Asn Glu Tyr Pro Tyr Leu Thr Lys
50 55 60
Asp Lys Leu Ile Glu Glu Gln Arg Tyr Tyr Arg Tyr Asn Ser Ala Ile
65 70 75 80
Glu Leu Lys Arg Val Asp Gly Tyr Phe Glu Val Tyr Glu Ile Asn Asp
85 90 95
Leu Asn Val Thr Glu Cys Phe Ser Ile Asn Lys Asp Asp Ile Ser Phe
100 105 110
Asp Cys Pro Phe Ser Ile Asp Met Phe Ser Ser Asp Arg Asn Ser Ile
115 120 125
Phe Ile Glu Phe Met Met Tyr Ser Glu Tyr Asp Asn Lys Lys Asp Thr
130 135 140
Ile Glu Lys Glu Lys Asn Ser Phe Leu Met Lys
145 150 155

<210> 562
<211> 72

<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 562

```
Met Lys Lys Ile Ile Asn Phe Leu Val Asp Tyr Asn Ile Asn Phe Ser
1               5                  10                  15
Tyr Ser Glu Asp Ser Leu Asn Val Met Gly Asn Ser Tyr Leu Val Asp
            20                  25                  30
Lys His Gly Thr Gln Asp Tyr Glu Ile Ile Gly Asn Tyr Gly His Ile
        35                  40                  45
Thr Gly Val Phe Ser Tyr Gln Thr Glu Glu Glu Val Ile Ala Lys Leu
    50                  55                  60
Lys Asn Leu Ile Gly Val Trp Glu
65                  70
```

<210> 563
<211> 64
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 563

```
Met Arg Asp Lys Arg Ile His Ser Glu Leu Leu Tyr Asn Ile Ile Gly
1               5                  10                  15
Lys His Ile Gln Glu Glu Glu Asn Ile Thr Pro Tyr Ile Glu Ala Ile
            20                  25                  30
Tyr Val Asp Ile Met Asn Ile Ile Val Val Glu Tyr Thr Phe Tyr Asn
        35                  40                  45
Glu Asn Gly Thr Arg Met Leu Gly Gln Tyr Pro Ile Gly Glu Val Met
    50                  55                  60
```

<210> 564
<211> 245
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 564

```
Met Asn Leu Glu Lys Ser Phe Leu Leu Ser Thr Ile Glu Phe Gly Ser
1               5                  10                  15
Thr Tyr Gln Gly Thr Ser Asp Glu Tyr Ser Asp Lys Asp Tyr Met Ser
            20                  25                  30
Leu Val Val Gln Pro Leu Ser Asp Thr Ile Phe Arg Asn Ser Glu Lys
        35                  40                  45
Ala Ser Lys His Thr Glu Val Ser Arg Tyr Tyr Ala Val Glu Arg Phe
    50                  55                  60
Ile Ser Leu Val Leu Lys Ser Gly Phe Asp Asn Val Leu Asn Leu Cys
65                  70                  75                  80
Ala Gln Leu Glu Gln Ala Lys Asn Thr Arg Phe Asn Lys Thr Val Leu
```

85 90 95

Asp Leu Phe Tyr Asp Asp Phe Ile Phe Leu Thr Tyr Val Arg Ala Asn
100 105 110

Phe Lys Pro Ile Ala Tyr Ser Val Ile Gly Asn Ile Asn Asn Ile Leu
115 120 125

Lys Lys Glu Glu Leu Ala Gly Lys Asp Leu Val Lys Phe Tyr Thr Phe
130 135 140

Tyr Asn His Leu Glu Tyr Tyr Asn Asp Leu Leu Asp Asp Leu Asp Asn
145 150 155 160

Leu Asn Val Ser Tyr Lys Asp Phe Ala Lys Val Lys Tyr Met Pro Lys
165 170 175

Glu Val Leu Asp Asn Lys Arg Ser Asn Val Ser Ile Glu Asn Lys Lys
180 185 190

Asp Leu Val Thr Lys Val Glu Pro Leu Ile Gln Glu Val Lys Asp Lys
195 200 205

Leu Lys Ser Asn Glu Ser Asn Ile Lys His Tyr Lys Asp Ala Met Glu
210 215 220

Leu Val Glu Lys Ser Leu Lys Asp Lys Thr Val Ser Phe Leu Thr Glu
225 230 235 240

Val Tyr Asn Glu Arg
245

<210> 565
<211> 34
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 565

Met Lys Tyr Ile Leu Gly Leu Ile Thr Leu Gly Val Ile Leu Phe Lys
1 5 10 15

Ile Tyr Glu Tyr Phe Lys Tyr Ile Gln Asp Glu Val Asp Thr Thr Glu
20 25 30

Asp Ile

<210> 566
<211> 75
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 566

Met Asp Phe Tyr Gln Phe Leu Asn His Glu Asn Val Arg Val Asn Ser
1 5 10 15

Ile Thr Pro Ser Gln Lys Asn Phe Ile Arg Glu Asn Ile Asp Tyr Thr
20 25 30

Asn Leu Asp Thr Val Asp Ile Asp Phe Met Asn Ser Lys Gln Ala Lys
35 40 45

Lys Glu Ile Glu Lys Ile Ile Arg Thr Lys Asn Glu Glu Glu Tyr Asp
50 55 60

Met Ala Met Asp Ala Leu Ser Gly Trp Glu Gly
65 70 75

<210> 567
<211> 128
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 567

Met Phe Gly Lys Ala Pro Glu His Ile Met Glu Ile Ile Asp Lys Glu
1 5 10 15
Asp Asn Ile Leu Gly Glu Asp Leu Thr Leu Asn Ile Asp Tyr Lys Gly
20 25 30
Ile Asn Leu Thr Val Lys Arg His Pro His Ser Gly His Leu Asn Gly
35 40 45
Tyr Ile Asn Val Pro Thr Asn Ile Thr Lys Glu Gln Phe Asn Ser Ile
50 55 60
Glu Asp Cys Ser His Gly Gly Ile Thr Tyr Asp Glu His Glu Gly Asp
65 70 75 80
Tyr Arg Val Leu Gly Phe Asp Cys Ala His Tyr Ser Asp Met Thr Pro
85 90 95
Tyr Ala Val Ile Ser Phe Ser Asp Ser Tyr Tyr Arg Asp Leu Lys Tyr
100 105 110
Val Leu Asn Thr Leu Lys Asp Met Ala Asp Cys Leu Lys Glu Gly Glu
115 120 125

<210> 568
<211> 57
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 568

Met Glu Lys Val Asn His Glu Phe Leu Ala Glu Leu Ala Lys Ser Asn
1 5 10 15
Ser Pro Val Leu Asn Ser Lys Pro Leu Gln Asp Gly Asp Tyr Asn Ile
20 25 30
Glu Phe Asp Tyr Asp Gly Phe His Phe Glu Phe Ser Gln Lys Asn Gly
35 40 45
Tyr Trp Gln Trp Lys Tyr Asn Ala Lys
50 55

<210> 569
<211> 160
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 569

Met Ala Asn Glu Lys Glu Leu Ile Arg Met Val Asn Tyr Leu Ile Asp

1 5 10 15
Asn Met Ser Met Trp His Ile Asn Tyr Ala Arg Ala Val Leu Ile Pro
20 25 30
Ser Glu Val Glu Lys Ile Ile Lys Glu His Glu Lys Phe Asp Asp Leu
35 40 45
Leu Lys Lys Arg Gly Glu Trp Leu Val Lys Gly Ser Asp Thr Asp Asn
50 55 60
Ile Asp Asp Leu Glu Thr Tyr Asn Gln Ile Met Asn Asn Gln Lys Asp
65 70 75 80
Glu Met Met Ile Gln Glu Ile Asp Ile Tyr Thr Gln Gly Lys Thr Ile
85 90 95
Lys Val Asp Asn Lys His Tyr Ser Ser Asn Glu Leu Asn Glu Val Ile
100 105 110
Asn Lys Ile Glu Gln Ser Glu Asp Ile Lys Ile Lys Ser Asn Tyr Lys
115 120 125
Leu Leu Cys Ile Asp Tyr Thr Lys Val Ile Gly Tyr Glu Val Thr Tyr
130 135 140
Ala Ser Ser Tyr Glu Glu Lys Phe Lys Asn Asp Leu Glu Lys Asp Leu
145 150 155 160

<210> 570
<211> 180
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 570

Met Asp Arg Ile Ile Gly Lys His Asn Leu Thr Gln Asp Leu Arg Leu
1 5 10 15
Gly Asp Lys Val Glu Val Tyr Asp Ala His Lys Phe Lys Glu Asn Glu
20 25 30
Asp Gly Thr Ile Glu Leu Gly Asp Lys Val Thr Glu Gly Ile Val Val
35 40 45
Asp Tyr Lys Gly Asp Phe Thr Gly Asn Thr Ser Gly Leu Val Thr Leu
50 55 60
Asp Ser Ser Glu Glu Glu Leu Ile Ile Gly Glu His Asn Phe Lys Leu
65 70 75 80
Ile Glu Glu Gly Asn Leu Gln Ala Val Tyr Asp Ser Val Ser Lys Asn
85 90 95
Lys Val Glu Ser Leu Ser Glu Asp Tyr Asp Met Tyr Arg Lys Leu Leu
100 105 110
Gly Val Lys Ser Gly Glu Leu Glu Asp Ile Ser Tyr Glu Leu Glu Arg
115 120 125
Leu Ile Met Glu Tyr Asn Lys Lys Val Asp Asn Tyr Asn Gly Leu Leu
130 135 140
Thr Leu Ser Lys Glu Lys Ala Arg Glu Leu Ser Leu Leu Thr Gly Asp
145 150 155 160
Arg Lys Met Ile Pro His Met Lys Asn Lys Arg Leu Glu Leu Gly Thr
165 170 175

Glu Ala Asp Phe
180

<210> 571
<211> 177
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 571

Met Val Tyr Asp Ser Ile Ile Ser Arg Thr Met Ala Val Ser Ile Leu
1 5 10 15
Asn Lys Trp Ile Ala Glu Leu Ile Thr Asp Val Asp Leu Asp Lys Cys
20 25 30
Lys Phe Thr Glu Glu Glu Tyr Gly Lys Val Val Thr Asn Ser Ile Asn
35 40 45
Lys Ile Gln Asp Val Leu Ile Glu Lys Asn Tyr Glu Val Thr Asp Gly
50 55 60
Glu Leu Tyr Asp Ile Val Cys Thr Glu Leu Ile Asn Pro Ile Lys Asn
65 70 75 80
Asn Thr Glu Glu Glu Lys His Asn Glu Lys Asn Asp Leu Leu Glu His
85 90 95
Leu Glu Asp Leu Ala Phe Arg His Asp Ile Asp Leu Gly Tyr Val Ser
100 105 110
Asp Gly Ser Tyr Asn Leu Thr Val Thr His Trp Leu Met Gln Asp Glu
115 120 125
Phe Thr Asp Val Asn Ile Lys Val Asn Lys Asp Glu Asp Phe Tyr Thr
130 135 140
Ile Thr Ile Pro Glu Ser Lys Tyr Phe Trp Leu Pro Ile Thr Lys Glu
145 150 155 160
Asn Leu Glu Met Phe Leu Thr Gln Asp Pro Ile Asn Lys Gly Glu Ile
165 170 175
Glu

<210> 572
<211> 54
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 572

Met Lys Asn Leu Ile Lys Phe Leu Ser Met Val Val Val Thr Ile Leu
1 5 10 15
Thr Phe Ser Leu Thr Tyr Val Ile Leu Lys Lys Glu Thr Asn Asn Lys
20 25 30
Arg Asn Gly Val Ala Pro Phe Asp Phe Ser Leu Glu Asp His Ile His
35 40 45
Leu Asn Lys Glu Ile Lys
50

<210> 573

<211> 92
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 573

```
Met Val Asn Asn Ile Trp Ala Val Val Leu Ser Ile Ile Ile Leu Leu
1               5                  10                  15
Ile Ile Leu Leu Ile Leu Trp Phe Leu Phe Arg Lys Lys Val Asn Gly
            20                  25                  30
Gly Ser Ser Lys Asn Val Glu Ile Gln Lys Ala Glu Glu Gly Asn Asp
        35                  40                  45
Asn Lys Glu Gln Glu Val Glu Glu Ala Gln Tyr Arg Glu Leu Asn Glu
    50                  55                  60
Glu Glu Lys Glu Lys Asn Glu Asn Ser Ser Lys Asp Tyr Lys Tyr Asp
65                  70                  75                  80
Lys Glu Lys Val Lys Asn Lys Leu Lys Glu Leu Glu
                85                  90
```

<210> 574
<211> 281
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 574

```
Met Gly Arg Arg Leu Ile Asp Asn Ser Glu Leu Asn Val Ile Lys Tyr
1               5                  10                  15
Asp Gly Leu Pro Asp Phe Phe Ser Ala Leu Lys Lys Asn Arg Val Ser
            20                  25                  30
Gly Arg Glu Asn Ser Ser Asp Thr Gly Ser Tyr Asp Phe Thr Gly Thr
        35                  40                  45
His Ser Phe Gln Glu Ala Tyr Asn Leu Met Val Lys Gly Asp Arg Glu
    50                  55                  60
Ser Tyr Asp Met Val Val Lys Leu Lys Lys Met Thr Asp Ala Leu Phe
65                  70                  75                  80
Arg Met Asp Lys Ser Val Lys Arg Lys Pro Val Val Ala Pro Glu Gly
                85                  90                  95
Tyr Gln Pro His Val Pro Asn Ala Ile Lys Gly Leu Pro Asn Ser Met
            100                 105                 110
Met Ser Gln Gln Arg Val Lys Ala Glu Lys Lys Val Ile Asp Val Phe
        115                 120                 125
Tyr Asn Ser Ser Ile Ser Trp Met Glu Asp Pro Glu Asn Leu Ala Tyr
    130                 135                 140
Arg Gly Ala Ile Met Leu Ser Ala Ile Gln Thr Leu Glu Thr Lys Gly
145                 150                 155                 160
Tyr Ser Ile Asn Leu Tyr Leu Gly Lys Leu Ser Asn Ser Glu Tyr Glu
                165                 170                 175
Asn Lys Leu Thr Gly Phe Val Val Asn Ile Lys His Ser Tyr Gln Arg
```

180 185 190

Leu Asn Val Phe Lys Ser Ser Phe Tyr Leu Val Asn Pro Ser Phe Leu
195 200 205

Arg Arg Ile Ser Phe Arg Val Leu Glu Val Glu Pro Asp Met Val Asp
210 215 220

Leu Thr Asn His Gly Tyr Gly Ser Val Val Ser Lys Ser Ser Tyr Gly
225 230 235 240

Asn Lys Leu Thr Glu His Ile Leu Asp Asn Ala Val Ile Phe Asp Ser
245 250 255

Ser Ile Gly Ile Asp Ile Asn Asn Asp Ser Ser Glu Asn Leu Arg Ala
260 265 270

Val Lys Lys Leu Phe Gly Gly Arg Leu
275 280

<210> 575

<211> 372

<212> PRT

<213> Unknown

<220>

<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10

<400> 575

Met Ala Lys Gln Asp Thr Ile Glu Arg Leu Glu Arg Leu Val Glu Gln
1 5 10 15

Gln Met Glu Thr Thr Ala Asp Leu Ala Lys Lys Leu Gly Glu Lys Asn
20 25 30

Ser Asn Pro Tyr Glu Gln Ala Ile Val Asp Ala Ile Val Glu Lys Ala
35 40 45

Gly Thr Glu Ser Arg Glu Ile Ile Ile Thr Asp Val Lys Lys Gln Ile
50 55 60

Glu Glu Tyr Val Glu Glu Gln Leu Ser Asn Leu Pro Val Lys Ile Glu
65 70 75 80

Leu Gln Gln Glu Gly Lys Thr Ile Lys Asp Ile Ser Gly Ile Phe His
85 90 95

Tyr Arg Tyr Gln Asp Ile Leu Lys Leu Val Asn Gln Asn Ile Pro Val
100 105 110

Phe Leu Lys Gly Gly Ala Gly Ser Gly Lys Asn His Val Leu Glu Gln
115 120 125

Val Ala Glu Ala Leu Asp Leu Asp Phe Tyr Phe Ser Asn Ala Ile Thr
130 135 140

Gln Glu Phe Lys Leu Thr Gly Phe Ile Asp Ala Asn Gly Lys Phe His
145 150 155 160

Glu Thr Gln Phe Tyr Lys Ala Phe Thr Lys Gly Gly Leu Phe Phe Leu
165 170 175

Asp Glu Met Asp Ala Ser Ile Pro Glu Val Leu Leu Ile Leu Asn Ser
180 185 190

Ala Ile Ala Asn Lys Tyr Phe Asp Phe Pro Ile Gly Arg Val Thr Ala
195 200 205

His Glu Asp Phe Arg Val Val Ser Ala Gly Asn Thr Met Gly Thr Gly
210 215 220

Ala Asp His Ile Tyr Val Gly Arg Gln Gln Leu Asp Gly Ala Thr Leu
225 230 235 240
Asp Arg Phe Ala Gln Val Glu Phe Asp Tyr Asp Thr Lys Val Glu His
245 250 255
Gln Leu Ser Ser Asn Glu Asp Leu Val Asn Phe Val Gln Gln Leu Arg
260 265 270
His Glu Asn Asp Glu Lys Gly Leu Pro Tyr Val Phe Ser Met Arg Ala
275 280 285
Ile Ile Asn Gly Ser Lys Leu Asp Gly Val Met Glu Asp Glu Phe Val
290 295 300
Val Glu Ser Ile Ile Phe Lys Ser Val Pro Lys Asp Glu Ile Asn Gln
305 310 315 320
Phe Ile Ser Ser Leu Pro Glu Gly Asn Arg Tyr Thr Glu Ala Thr Arg
325 330 335
Lys Leu Leu Gly Met Gln Gln Glu Pro Lys Gln Glu Pro Arg Lys Ser
340 345 350
Asn Ser Thr Ser Lys Asp Ser Met Asp Phe Asp Thr Ile Met Asp Lys
355 360 365
Leu Gly Leu Glu
370

<210> 576
<211> 108
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 576

Val Ser Lys Arg Thr Asp Asn Phe Ile Tyr Phe Cys Lys Tyr Tyr Phe
1 5 10 15
Ser Glu Tyr Leu Pro Ser Leu Gly Val Glu Val Leu Asn His Asn Glu
20 25 30
Thr Ser His Gly Thr Met Glu Gly Val Arg Lys Tyr Tyr Ile Ala Asn
35 40 45
Ile Leu Tyr Glu Gly Gln Glu Leu Thr Val Thr Ile Asp Leu Glu Glu
50 55 60
Phe Asn Asn Ala Thr Ser Met His Asn Met Leu Glu Ile Met Asn Ser
65 70 75 80
His Thr Tyr Asn Cys Met Phe Met Tyr Asp Met Asp Thr His Gly Thr
85 90 95
Lys Asp Ile Asp Asp Phe Phe Lys Leu Met Tyr Phe
100 105

<210> 577
<211> 138
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 577

Met Asn Ala Lys Glu Phe Met Lys Thr Gln Ala Gln Val Glu Asp Tyr
1 5 10 15
Leu Asp Lys Leu Lys Val Thr Ile Ile Glu Asp Ala Leu Ser Val Ser
20 25 30
Lys Glu Trp Ser Asn Asp Ser Asn Asp Leu Gly Tyr Ala Leu Ser Ser
35 40 45
Leu Gly Glu Ser Ile Gly Leu Leu Glu Asp Tyr Tyr Asn Ile Gln Val
50 55 60
Asp Ala His Leu Pro Glu His Tyr Lys Gly Ser Lys Asp Val Ile Ser
65 70 75 80
Phe Leu Glu Glu His Phe Ser Tyr Asp Gly Phe Val Asp Ser Met Ile
85 90 95
Phe Asn Ile Val Lys Tyr Thr Thr Arg Leu Gly Arg Lys Asp Ala Val
100 105 110
Asp Lys Glu Val Gln Lys Ile Lys Thr Tyr Tyr Val Arg Leu Glu Arg
115 120 125
Asn Ile Lys Tyr Gly Asp Ser Thr Arg Val
130 135

<210> 578
<211> 100
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 578
Met Glu Lys Val Glu Leu Ile Lys Gln Trp Ala Lys Asp Arg Asn Leu
1 5 10 15
Gln Thr Gly Lys Pro Glu Gly Gln Met Leu Lys Leu Leu Glu Glu Ala
20 25 30
Gly Glu Leu Ala Ser Gly Ile Ala Lys Ser Asn Asp His Val Thr Arg
35 40 45
Asp Ser Val Gly Asp Ile Phe Val Val Leu Thr Val Leu Cys Leu Gln
50 55 60
Leu Asp Ile Asp Ile Glu Glu Cys Ile Asp Met Ala Tyr Asp Glu Ile
65 70 75 80
Lys Glu Arg Lys Gly Lys Leu Ile Asn Gly Val Phe Val Lys Glu Glu
85 90 95
Asp Leu Lys Lys
100

<210> 579
<211> 62
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 579
Met Glu Lys Phe Gln Glu Asp Tyr Val Asn Ile Asp Ile Arg Val Lys
1 5 10 15

Ala Tyr Val Arg Val Gly Tyr Arg Tyr Glu Glu Asp Ile Thr Asn Asn
20 25 30
Leu His Glu Leu Val Glu Asp Asn Leu Asn Val Thr Ser Asp Ser Asp
35 40 45
Asn Leu Ile Ile Lys Asp Thr Glu Ile Lys Gly Asp Ile Glu
50 55 60

<210> 580
<211> 53
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 580

Met Val Lys Pro Val Ile Thr Leu Glu Pro Glu Asp Val Lys Val Leu
1 5 10 15
Leu Asp Tyr Leu Ser Phe Leu Glu Asp Asp Met Arg Asn Tyr Glu Gly
20 25 30
Met Arg Glu Leu Tyr Glu Glu Leu His Lys Lys Tyr Gln Leu Ala Lys
35 40 45
Gly Asn Tyr Ser Asp
50

<210> 581
<211> 682
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 581

Met Ala Ile Thr Tyr Lys Gln Lys Gly Leu Thr Glu Gln Glu Ile Ile
1 5 10 15
Asn Leu Pro Lys Val Asn Lys Gly Cys Ile Tyr Ile Gly Glu Glu Asp
20 25 30
Val Phe Leu Lys Lys Lys Lys Asn Asn Ile Ile Asn Leu Gly Ser Lys
35 40 45
Glu Leu Phe Arg Asp Ile His Asn Ile Phe Ser Phe Asp Thr Ala Thr
50 55 60
Glu Ile His Leu Phe Leu Ala Leu Cys Gly Asn Lys Glu Val Thr Asn
65 70 75 80
Phe Glu Gly Asp Pro Tyr Glu Thr Val Glu Lys Leu Val Glu Gly Val
85 90 95
Ile Gly Asn Asn Lys Gly Arg Asn Tyr Lys Glu Tyr Ile Glu Ala Asp
100 105 110
Arg Gly Glu Arg Lys Asp Phe Pro Leu Tyr Gly Ser Arg Arg Arg Lys
115 120 125
Gln Ile Gln Ser Lys Gly Tyr Val Glu Glu Lys Ile Lys Glu Leu Glu
130 135 140
Asn Glu Asn Arg Leu Trp Gly Tyr Glu Ala Arg Gln Leu Asp Glu Tyr
145 150 155 160

```
Lys Glu Ala Val Asp Ser Leu Asn Asn Asp Ile Met Asp Val Leu Asp
                165                 170                 175
Gln Gly Lys Tyr Val Leu Ile Asn Ser Ser Ile Ile Val Met Asn Glu
            180                 185                 190
Asp Ile Glu Lys Gly Ser Ser Glu Tyr Tyr Lys Glu Met Ser Asp Ser
        195                 200                 205
Leu Tyr Ser Arg Val Trp Tyr Met His Pro Ser Thr Glu Asn Asn Ser
    210                 215                 220
Ser Phe Gly Leu Lys Val Arg His Ile Arg Asp Lys His Asn Met Gly
225                 230                 235                 240
Asn Lys Trp Val Leu Glu Asn Lys Ser Ser Phe Asp Val Lys Thr Gly
                245                 250                 255
Ala Val Lys Val Phe Leu Thr Asp Ser Leu Val Asn Lys Glu Ile Ala
            260                 265                 270
Leu Asn Leu Tyr Lys Asp Asp Ile Ser Lys Ser Glu Tyr Lys Asn Glu
        275                 280                 285
Leu Thr Leu Ser Val Leu Leu Asn Val Ile Leu Lys Asn Tyr Ser Gln
    290                 295                 300
Pro Asn Leu Asn Arg Gly Ile Ile Ile Lys Ile Ile Glu Gln Thr Leu
305                 310                 315                 320
Glu His His Asn Phe Asp Phe Ser Ser Trp Cys Pro Asp Asn Ile Asp
                325                 330                 335
Val Tyr Gly His Ile Asn Tyr Arg Gly Asp Lys Tyr Arg Ile Phe Ile
            340                 345                 350
Gly Glu Asn Ser Thr Ser Asn Tyr Leu Ile Thr Leu Thr Asp Ile Val
        355                 360                 365
Lys Asn Ile Asp Lys Ile Asn Asn Leu Glu Glu Phe Gly Leu Phe Glu
    370                 375                 380
Arg Asn Ala Leu Leu Phe His Ile Pro Lys Asn Pro Lys Trp Lys Val
385                 390                 395                 400
His Glu Ala Phe Asn Leu Thr Lys Gln Thr Tyr Lys Lys Leu Leu Thr
                405                 410                 415
Leu Asn Lys Phe Glu Gln Gly Asn Tyr Leu Arg Phe Ala Asn Thr Leu
            420                 425                 430
Tyr Lys Asn Tyr Asn His Leu His Asn Glu Val Asn Leu His Gln Leu
        435                 440                 445
Phe Asp Asp Thr Phe Leu Met Val Arg Asp Ser Arg Asp Val Thr Asn
    450                 455                 460
Ala Leu Lys Val Lys Pro Ile Val Asn Glu Ile Leu Ser Ile Ser Phe
465                 470                 475                 480
Ala Asn Tyr Lys Lys Met Thr His Tyr Leu Asp Val Asp Ala Gln Asp
                485                 490                 495
Arg Gln Arg Ile Thr Gly Tyr Ala Leu Asp Asn Tyr Tyr Leu Asp Tyr
            500                 505                 510
Leu His Asp Leu Ser Ile Leu Ile Arg Glu Gly Tyr Arg Thr Leu Glu
        515                 520                 525
Ser Val Asn Leu Thr Pro Phe Ser Leu Lys Leu Glu His Asp Ile Val
    530                 535                 540
```

Thr Asp Glu Lys Gln Ser Ile Gln Gln Gln Leu Asp Asp Ala Glu Leu
545 550 555 560
Lys Ala Lys Tyr Asp Asn Lys Leu Glu Lys Ile Ile Asp Lys Thr Tyr
565 570 575
Lys Leu Lys Asp Gly Arg Lys Val Lys Phe Leu Pro Ala Asp Thr Val
580 585 590
Ser Lys Leu Lys Asp Glu Gly Lys Met Leu Ser His Cys Val Gly Gly
595 600 605
Tyr Ala Asn Arg Ile Leu Lys Asn Ser Cys Leu Ile Leu Leu Ala Arg
610 615 620
Leu Glu Glu Asp Leu Asp Asn Ser Trp Phe Thr Val Glu Ile Arg Ile
625 630 635 640
Thr Asp Asn Gly Tyr Val Leu Gly Gln Gln Gln Ser Ile Asp Ala Tyr
645 650 655
Lys Leu Pro Asn Glu Leu Lys Glu Ala Leu Glu Lys Asp Ile Lys Lys
660 665 670
Ile Asn Lys Glu Glu Phe Lys Glu Val Ala
675 680

<210> 582
<211> 87
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 582
Met Ser Ile Glu Lys Lys Glu Glu Ile Ile Ala His Asn Glu Val Val
1 5 10 15
Phe Arg Ser Leu Thr Gln Gly Leu Tyr Val Lys Glu Val Asp Ile Tyr
20 25 30
Ser Asp Val Val Ser Tyr Thr Lys Asp Val Asp Glu Ala Leu Ala Met
35 40 45
Pro Asn Thr Ile Asn Phe Lys Asn Ser Arg Lys Tyr Glu Lys Leu Ile
50 55 60
Arg Asn Leu Asp Leu Glu Pro Leu Asn Lys Ile Gln Lys Val Ile Tyr
65 70 75 80
Glu Thr His Leu Glu Glu Leu
85

<210> 583
<211> 57
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 583
Leu Asn Asp Leu Ile Lys Glu Gly Asn Lys Tyr Tyr His Lys Val Arg
1 5 10 15
Ala Gly Glu Thr Leu Trp Thr Ile Ser Lys Asn Tyr Asp Val Glu Ile
20 25 30

Lys Lys Leu Gln Glu Leu Asn Asn Ile Lys Ser Val Ser Leu Thr Asn
35 40 45
Leu Glu Tyr Val Leu Val Cys Val Glu
50 55

<210> 584
<211> 192
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 584
Met Asp Asn Leu Ser His Tyr Leu Ser Ile Leu Tyr Ala Ile Leu Val
1 5 10 15
Thr Val Gly Tyr Ile Pro Gly Leu Ile Ala Leu Val Lys Ser Asp Ser
20 25 30
Val Lys Gly Val Ser Ser Tyr Phe Trp Tyr Leu Ile Val Ala Thr Val
35 40 45
Gly Ile Ser Phe Tyr Asn Leu Leu Leu Thr Asp Ala Thr Met Phe Gln
50 55 60
Val Val Ser Val Gly Leu Asn Leu Thr Leu Gly Ile Val Cys Leu Leu
65 70 75 80
Val Ala Ser Tyr Arg Lys Lys Asp Tyr Phe Ser Ile Pro Phe Ile Ile
85 90 95
Val Phe Ser Leu Leu Leu Phe Leu Leu Ser Asp Phe Thr Ala Leu Thr
100 105 110
Gln Thr Val Ala Thr Ile Thr Ile Ile Leu Ala Tyr Val Thr Gln Ile
115 120 125
Thr Thr Phe Tyr Lys Thr Lys Ser Ala Glu Gly Thr Asn Arg Phe Leu
130 135 140
Phe Leu Ile Ile Gly Leu Gly Leu Ala Ser Leu Ile Val Ser Met Val
145 150 155 160
Leu Thr His Thr Tyr Val His Ile Ile Ala Thr Glu Phe Val Asn Phe
165 170 175
Val Leu Ile Leu Ile Cys Tyr Leu Gln Ala Asn Tyr Tyr Ser Arg Arg
180 185 190

<210> 585
<211> 207
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 585
Met Val Asn Lys Ile Lys Asp Lys Val Ile Tyr Met Gly Gly His Ile
1 5 10 15
Leu Asn Glu Ala Met Val Asp Tyr Arg Asp Lys Gln His Lys Glu Val
20 25 30
Asp Gly Ile Val Gly Val Thr Pro Tyr Ser Pro His Lys Asp Lys Ser
35 40 45

Ile Asn Asp Lys Ala Asn Ala Glu Gln Thr Lys Leu Ala Glu Arg Ile
50 55 60
Leu Thr Asn Asp Phe Lys Ala Met Gln Glu Ser Asp Ile Phe Val Phe
65 70 75 80
Asp Val Leu Asn Glu Gly Leu Gly Thr Ile Ala Glu Leu Gly Ile Leu
85 90 95
Leu Gly Met Lys His Gln Ala Gln Glu Thr Ile Lys Gln Leu Lys Glu
100 105 110
Gln Ser Glu Leu Phe Lys Phe Asn Glu Ile Asp Glu Leu Ser Glu Thr
115 120 125
Tyr Asp Ile Leu Gln Gly Gln Ile Gly Glu Gln Glu Tyr Ile Leu Lys
130 135 140
Lys Pro Val Leu Ile Tyr Cys Ser Asp Ile Arg Gln Gly His Gly Lys
145 150 155 160
Pro Tyr Asn Asp Pro Asp Arg Ala Glu Phe Ser Thr Asn Gln Phe Val
165 170 175
Tyr Gly Met Val Leu Glu Leu Thr Asn Gly Glu Gly Phe Ile Ser Trp
180 185 190
Glu Glu Val Thr Asn Arg Leu Glu Lys Leu Gly Glu Gln Asp Gly
195 200 205

<210> 586
<211> 298
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 586

Met Lys Ser Tyr Thr Lys Val Lys Asn Lys Gly Ile Val Leu Asp Lys
1 5 10 15
Phe Lys Glu Arg Gly Leu Val Val Gln Glu Lys Leu Asp Gly Ser Asn
20 25 30
Ala Ser Phe Thr Val Glu Asn Gly Glu Leu Val Cys Phe Ser Arg Arg
35 40 45
Lys Lys Leu Asn Glu Asn Glu Thr Leu Asn Gly Phe Tyr Asp Trp Val
50 55 60
His Glu Asn Ile Asn Val Arg Asn Thr Tyr Val Ser Ala Leu Glu Lys
65 70 75 80
Tyr Ile Ile Phe Gly Glu Trp Leu Val Lys His Lys Ile Gln Tyr Lys
85 90 95
Glu Glu Phe Tyr Asn Asn Phe Tyr Val Phe Asp Val Tyr Asp Lys Glu
100 105 110
Asn Glu Val Tyr Leu Ser Ile Glu Asp Met Asn Val Ile Ala His His
115 120 125
Leu Gly Leu Lys Thr Val Lys Thr Leu Leu Val Ala Lys Pro Ser His
130 135 140
Tyr Leu Asn Asp Leu Lys Pro Glu Glu Ile Gln Glu Leu Val Gly Lys
145 150 155 160
Ser Asp Met Thr Val Lys Pro Asp Lys Gly Glu Gly Ile Val Ile Lys

165 170 175
Tyr Leu Asp Gly Lys Ser Glu Tyr Asp Asp Tyr Phe Lys Leu Val Ser
180 185 190
Asn Glu Phe Lys Glu Phe Ser Arg Gln Lys Met Lys Thr Glu Val Lys
195 200 205
Lys Asn Glu Ser Val Ala Asp Tyr Ala Ile Thr Arg Ala Arg Met Glu
210 215 220
Lys Met Ile Phe Arg Ala Ile Glu Glu Asp Arg Leu Ser Glu Asp Asp
225 230 235 240
Leu Glu Leu Glu Asn Phe Gly Leu Ile Met Lys Gln Val Gly Gln Asn
245 250 255
Phe Val Asp Asp Ile Met Glu Glu Glu Lys Glu Asn Ile Leu Lys Ile
260 265 270
Val Asp Lys Gln Ile Lys Lys Lys Met Pro His Ile Leu Arg Glu Ile
275 280 285
Leu Glu Glu Lys Gly Asp Thr Ile Asp Gly
290 295

<210> 587
<211> 74
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 587
Met Asn Tyr Leu Ala Lys Val Phe Ile Asn Asn Asn Trp Leu Val Lys
1 5 10 15
Leu Ile Thr Ile Val Leu Leu Thr Leu Phe Leu Ser Gly Leu Val Tyr
20 25 30
Val Ile Ser Ala Ile Ser Leu Phe Leu Ser Thr Val Leu Asn Leu Pro
35 40 45
Gly Leu Val Val Leu Ala Phe Leu Ala Ser Val Ser Leu Ile Leu Phe
50 55 60
Ser Ile Val His Asn Ser Lys Glu Asp Asn
65 70

<210> 588
<211> 246
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 588
Met Ala Ile Gln Leu Lys Glu Leu Asp Phe Lys Leu Lys Asp Tyr Pro
1 5 10 15
Asn Val Arg Tyr Asn Met Gly Glu His Leu Ile Phe Asn Glu Phe Leu
20 25 30
Glu Lys Ala Thr Thr Glu Gln Leu Asp Phe Cys Glu Asp Phe Phe Asn
35 40 45
Asp Asn Val Glu Ile Leu Trp Asn Glu Ser Gln Ala Gly Thr Gly Lys

50 55 60
Thr Met Cys Ser Val Ala Cys Ala Tyr Ala Asp Tyr Leu Asn Lys Asn
65 70 75 80
Arg Lys Leu Val Phe Ile Ile Ser Pro Val Ser Glu Asp Leu Gly Ser
85 90 95
Arg Pro Gly Asn Gln Thr Glu Lys Glu Met Ala Tyr Phe Met Gly Leu
100 105 110
His Asp Ala Leu Ile Glu Leu Asn Met Asn Pro Glu Gln Gln Ile Thr
115 120 125
Glu Met Leu Met Met Glu Asp Asn Val Lys Glu Asp Lys Leu Gly Asp
130 135 140
Cys Trp Val Ser Gln Ile Ser His Leu Phe Leu Arg Gly Gly Asn Leu
145 150 155 160
Arg Asp Ala Thr Ile Ile Ile Asn Glu Ala Gln Asn Phe Lys Arg Ser
165 170 175
Glu Leu Lys Lys Val Leu Thr Arg Val His Thr Lys Asn Ser Thr Val
180 185 190
Ile Val Glu Gly Asn Phe Lys Gln Ile Asp Leu Lys Asn Glu Ser Lys
195 200 205
Ser Gly Phe Gly Asp Tyr Met Glu Tyr Phe Lys Asn Tyr Glu Gly Ala
210 215 220
Val Phe His Asn Phe Thr Val Asn Phe Arg Ser Lys Leu Ala Gln Tyr
225 230 235 240
Ala Asp Asn Phe Lys Trp
245

<210> 589
<211> 204
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 589
Met Lys Lys Ile Asn Ser Val Ile Lys Gly Glu Gly Lys Lys Val Gln
1 5 10 15
Thr Ala Asp Val Arg Lys Ile Ser Tyr Tyr Val Lys Asp Tyr Asn Pro
20 25 30
Cys Met Thr Val Asp Asp Ala Asn Asp Tyr Asn Ala Thr Ser Gln Tyr
35 40 45
Leu Val Ser Asp Asn Gly Lys Phe Ile Ala Lys Tyr Asn Lys Asp Met
50 55 60
Asn Ala Val Gly Phe Tyr Glu Glu Ser Gly Asp Thr Val Lys His Leu
65 70 75 80
Thr His Thr Thr Pro Glu Arg Leu Glu Gly Thr Val Phe Thr Ile Glu
85 90 95
Glu Glu Thr Glu Ile Asp Leu Ile Asn Asp Thr Leu Pro Gln Gly Asp
100 105 110
Ile Leu Ile Lys Phe Ser Asp Gly Ser Ile Tyr Leu Pro Asp Asn Glu
115 120 125

Ser Val Leu Asp Ser Val Asn Tyr Leu Ala Asp Asn Asp Trp Asp Ser
130 135 140
Val Asp Asp Ile Ile Tyr Thr Gly Leu Ser Lys Gly Asn Ser Glu Asn
145 150 155 160
Cys Ile Val Asp Phe Asn Tyr Asn Asn Tyr Asp Ile Gly Tyr Asp Asp
165 170 175
Val Glu Asp Glu Asp Val Cys Asp Asn Tyr Pro Glu Cys Glu Cys Ser
180 185 190
Asn Tyr Cys Ser Ser Thr Gly Glu Tyr Ile Gly Asn
195 200

<210> 590
<211> 141
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 590

Met Gln Asp Ser Val Asn Ile Tyr Thr Asp Gly Ser Ser Ser Tyr Asn
1 5 10 15
Lys Gly Lys Val Gly Ser Gly Ala Val Leu Val Ser Lys Glu Gly Asn
20 25 30
Ile Ile Ser Glu Ile Ser Lys Ser Val Asp Lys Pro Gly Leu Ile Lys
35 40 45
Tyr Asn Asn Val Ala Gly Glu Ile Leu Ala Cys Cys Tyr Gly Ile Glu
50 55 60
Glu Ala Ile Lys Leu Gly Tyr Asn Gln Ala Ile Val Tyr Ile Asp Tyr
65 70 75 80
Ile Gly Leu Ile His Trp Tyr Glu Gly Thr Trp Ser Ala Arg Asn Ile
85 90 95
Leu Ser Lys Thr Tyr Ile Asn Met Ile Arg Glu Tyr Gln Lys Val Ile
100 105 110
Asp Ile Asn Phe Val Lys Val Lys Ser His Ser Asn Asp Lys Trp Asn
115 120 125
Asp Tyr Ala Asp Asn Leu Ala Lys Lys Ser Ile Asp Ile
130 135 140

<210> 591
<211> 63
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 591

Met Lys Lys Gly Val Phe Thr Val Ile Ala Asp Gly Phe Lys Phe Asn
1 5 10 15
Val Ile Ala Lys Asp Lys Lys Glu Val Gln Glu His Cys Phe Lys Cys
20 25 30
Phe Asp Phe Asn Tyr Ile Ser Val Ser Phe Cys Arg Glu Val Tyr Ser
35 40 45

Asp Cys Glu Phe Pro Gln Phe Met Glu Asp Tyr Lys Tyr Ala Gly
50 55 60

<210> 592
<211> 213
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 592

Met Glu Asn Asn Asn Leu Val Asn Phe Leu Met Thr Thr Asp Asp Ile
1 5 10 15
Asp Asp Thr Ile Glu Met Val Asp Ser Phe Glu Leu Gln Asp Ile Asn
20 25 30
Lys Val Leu Gly Glu Asp Thr Phe Leu Thr Ile Met Glu Ile Thr Asp
35 40 45
Ser Leu Pro Asp Asn Gln Tyr Lys Ile Val Leu Leu Ser Ser Leu Asp
50 55 60
Lys Leu Leu Asn Thr Asp Arg Lys Glu Leu Val Glu Tyr Asp Glu Glu
65 70 75 80
Phe Pro Thr Ile Arg Lys His Asn Val Ser Glu Leu Lys Arg Asp Thr
85 90 95
Val Asn Ser Val Ile Asp Ser Tyr Met Asn Thr Asn Ile Glu Ile Leu
100 105 110
Tyr Thr Glu Tyr Pro Thr Ile Ser Asn Tyr Ser Val Val Val Asp Ser
115 120 125
Val Lys Val Leu Asn Thr Leu Tyr Leu Ile Glu Ser Lys Asn Gly Lys
130 135 140
Ile Glu Ala Thr Leu Ser Glu Asp Gly Glu Asp Leu His Glu Tyr Ile
145 150 155 160
Ser Glu Glu Gly Tyr Ser Val Thr Asp Ile Leu Asn Lys Phe Asp Asp
165 170 175
Val Glu Asp Leu Phe Asp Glu Asp Asp Ser Leu Ile Asn Phe Phe Ser
180 185 190
Asp Ile Asp Glu Gly Lys Asn Lys Thr Ile Lys Ser Phe Ile Glu Leu
195 200 205
Val Ile Asn Leu Lys
210

<210> 593
<211> 76
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 593

Met Asp Glu Lys Lys Glu Ser Lys Pro Leu Asn Leu Gln Lys Ile Arg
1 5 10 15
Val Glu Lys Gly His Thr Leu Arg Ser Leu Ala Ser Glu Ile Gly Val
20 25 30

His Tyr Ser Leu Ile Ser Tyr Trp Glu Tyr Gly Lys Lys Lys Pro Arg
35 40 45
Ser Ala Asn Leu Met Arg Leu Glu Lys Ala Leu Asn Thr Pro Gly Lys
50 55 60
Glu Leu Phe Lys Glu Leu Glu Glu Asp Asp Gly Glu
65 70 75
<210> 594
<211> 75
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 594
Met Asn Lys Phe Lys Arg Trp Phe Arg Ile Asn Val Leu Lys Lys Glu
1 5 10 15
Thr Leu Leu Phe Lys Val Tyr Trp Arg Tyr Glu Ser Pro Ser Leu Lys
20 25 30
Lys Pro His Val Phe His Ile Glu Leu Tyr Ala Lys Ser Lys Ala Glu
35 40 45
Ala Arg Asn Lys Ser Gln Glu Tyr Ile Leu Lys Asn Ala Lys Glu Ser
50 55 60
Glu Asp Phe Lys Phe Leu Lys Val Glu Glu Lys
65 70 75
<210> 595
<211> 230
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 595
Met Lys Lys Thr Ile Phe Ala Thr Leu Ala Leu Gly Thr Ala Ile Thr
1 5 10 15
Phe Gly Gly Ile Ala Thr Asn Glu Ala Ser Ala Asp Glu Ile Asp Tyr
20 25 30
Asn Lys Leu Ala Glu Gln Ala Lys Ser Asn Ser Ala Glu Val Asn Thr
35 40 45
Lys Pro Ile Gln Glu Gly Asn Tyr Asp Phe Ser Phe Ser Asp Gly Glu
50 55 60
Phe Thr Tyr His Phe Tyr Asn Tyr Asn Gly Asn Phe Gly Tyr Glu Tyr
65 70 75 80
His Ser Gly Ser Thr Gln Val Asp Asn Thr Val Ser Arg Leu Ala Gly
85 90 95
Glu Glu Gln Thr Pro Glu Gln Lys Val Asp Gln Gln Gln Ala Gln Phe
100 105 110
Asp Thr Gln Asn Lys Gln Asp Thr Lys Lys Glu Val Gln Thr Thr Ser
115 120 125
Ala Pro Val Gln Lys Glu Thr Lys Gln Pro Thr Gln Ser Thr Ser Ser
130 135 140

Thr Gly Gly Ser Val Ala Glu Gln Ile Arg Gln Ala Gly Gly Asp Glu
145 150 155 160
Ala Met Ile Glu Ile Ala Met Arg Glu Ser Thr Met Asn Pro Asn Ala
165 170 175
Val Asn Ala Ser Ser Gly Ala Gln Gly Leu Phe Gln Gly Leu Gly Lys
180 185 190
Ser Trp Ser Gly Gly Ser Ile Ala Glu Gln Thr Lys Gly Ala Lys Gln
195 200 205
Tyr Met Ile Asp Arg Tyr Gly Ser Thr Ser Gly Ala Leu Ala Tyr His
210 215 220
Asn Ala His Asn Ser Tyr
225 230

<210> 596
<211> 264
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 596

Met Arg Lys Ser Val Val Ile Ser Gly Val Leu Gly Phe Leu Ala Ile
1 5 10 15
Ile Gly Phe Ile Ile Leu Leu Met Cys Ile Thr Lys Ile Pro Gln Gly
20 25 30
His Val Gly Val Val Tyr Ser Val Asn Gly Val Lys Glu Asp Thr Lys
35 40 45
Ser Pro Gly Trp His Leu Thr Ala Pro Phe Asp Lys Val Asn Lys Tyr
50 55 60
Pro Thr Lys Thr Gln Thr His Lys Tyr Lys Asp Leu Asn Val Ala Thr
65 70 75 80
Ser Asp Gly Lys Asn Leu Gln Met Asp Ile Asp Val Ser Tyr Lys Val
85 90 95
Asp Ala Thr Lys Ala Val Asp Leu Phe Asn Arg Phe Gly Ser Ala Asp
100 105 110
Ile Glu Glu Leu Glu Lys Gly Tyr Leu Arg Ser Arg Val Gln Asp Asn
115 120 125
Val Arg Gln Ala Val Ser Lys Tyr Ser Val Ile Asp Ala Phe Gly Val
130 135 140
Lys Thr Gly Glu Ile Lys Lys Asp Thr Leu Asp Ser Leu Asn Asp Asn
145 150 155 160
Leu Glu Lys Gln Gly Phe Val Ile Glu Asp Ile Ala Leu Ser Ser Pro
165 170 175
Lys Ala Asp Lys Asn Thr Gln Lys Ala Ile Asp Ser Arg Val Lys Ala
180 185 190
Asn Gln Glu Leu Glu Arg Thr Lys Val Asp Lys Gln Ile Ala Glu Gln
195 200 205
Asn Ala Lys Lys Lys Glu Val Glu Ala Asn Gly Asp Lys Lys Ala Asn
210 215 220
Glu Ile Arg Glu Ser Ser Leu Ser Asp Lys Ile Leu Arg Gln Gln Leu

225 230 235 240
Ile Glu Lys Trp Asp Gly Lys Gln Pro Ile Gln Ile Gly Gly Asp Gly
245 250 255
Thr Ile Val Asp Val Thr Gly Lys
260

<210> 597
<211> 102
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 597
Met Ala Leu Leu Leu Thr Tyr Phe Ala Ile Phe Ile Val Phe Leu Val
1 5 10 15
Leu Val Gly Phe Gly Ile Ser Tyr Leu Phe Asp Phe Leu Ser Met Lys
20 25 30
Glu Lys Lys Ser Asn Ile Arg Lys Gln Tyr Arg Glu Leu Val Arg Gln
35 40 45
Gly Thr Leu Asp Glu Tyr Gly Leu Glu Gln Tyr Val Lys Tyr Lys Lys
50 55 60
Gln Phe Leu Asn Asp Arg Arg Gln Ser Ile Val Thr Arg Ala Asp Lys
65 70 75 80
Gln Glu Ile Asp Gln Glu Glu Lys Ala Leu Asn Ser Leu Ile Lys Glu
85 90 95
Ile Glu Lys Gly Glu Met
100

<210> 598
<211> 495
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 598
Met Ala Lys Thr Gln Ala Glu Ile Asn Lys Arg Leu Asp Ala Tyr Ala
1 5 10 15
Lys Gly Thr Val Asp Ser Pro Tyr Arg Val Lys Lys Ala Thr Ser Tyr
20 25 30
Asp Pro Ser Phe Gly Val Met Glu Ala Gly Ala Ile Asp Ala Asp Gly
35 40 45
Tyr Tyr His Ala Gln Cys Gln Asp Leu Ile Thr Asp Tyr Val Leu Trp
50 55 60
Leu Thr Asp Asn Lys Val Arg Thr Trp Gly Asn Ala Lys Asp Gln Ile
65 70 75 80
Lys Gln Ser Tyr Gly Thr Gly Phe Lys Ile His Glu Asn Lys Pro Ser
85 90 95
Thr Val Pro Lys Lys Gly Trp Ile Ala Val Phe Thr Ser Gly Ser Tyr
100 105 110
Glu Gln Trp Gly His Ile Gly Ile Val Tyr Asp Gly Gly Asn Thr Ser

115 120 125

Thr Phe Thr Ile Leu Glu Gln Asn Trp Asn Gly Tyr Ala Asn Lys Lys

130 135 140

Pro Thr Lys Arg Val Asp Asn Tyr Tyr Gly Leu Thr His Phe Ile Glu

145 150 155 160

Ile Pro Val Lys Ala Gly Thr Thr Val Lys Lys Glu Thr Ala Lys Lys

165 170 175

Ser Ala Ser Lys Thr Pro Ala Pro Lys Lys Lys Ala Thr Leu Lys Val

180 185 190

Ser Lys Asn His Ile Asn Tyr Thr Met Asp Lys Arg Gly Lys Lys Pro

195 200 205

Glu Gly Met Val Ile His Asn Asp Ala Gly Arg Ser Ser Gly Gln Gln

210 215 220

Tyr Glu Asn Ser Leu Ala Asn Ala Gly Tyr Ala Arg Tyr Ala Asn Gly

225 230 235 240

Ile Ala His Tyr Tyr Gly Ser Glu Gly Tyr Val Trp Glu Ala Ile Asp

245 250 255

Ala Lys Asn Gln Ile Ala Trp His Thr Gly Asp Gly Thr Gly Ala Asn

260 265 270

Ser Gly Asn Phe Arg Phe Ala Gly Ile Glu Val Cys Gln Ser Met Ser

275 280 285

Ala Ser Asp Ala Gln Phe Leu Lys Asn Glu Gln Ala Val Phe Gln Phe

290 295 300

Thr Ala Glu Lys Phe Lys Glu Trp Gly Leu Thr Pro Asn Arg Lys Thr

305 310 315 320

Val Arg Leu His Met Glu Phe Val Pro Thr Ala Cys Pro His Arg Ser

325 330 335

Met Val Leu His Thr Gly Phe Asn Pro Val Thr Gln Gly Arg Pro Ser

340 345 350

Gln Ala Ile Met Asn Lys Leu Lys Asp Tyr Phe Ile Lys Gln Ile Lys

355 360 365

Asn Tyr Met Ser Asn Gly Thr Ser Ser Ser Thr Val Val Lys Asp Gly

370 375 380

Lys Thr Ser Ser Ala Ser Thr Pro Ala Thr Arg Pro Val Thr Gly Ser

385 390 395 400

Trp Lys Lys Asn Gln Phe Gly Thr Trp Tyr Lys Pro Glu Ser Ala Thr

405 410 415

Phe Val Asn Gly Asn Gln Pro Ile Val Thr Arg Ile Gly Ser Pro Phe

420 425 430

Leu Asn Ala Pro Val Gly Gly Asn Leu Pro Ala Gly Ala Thr Ile Val

435 440 445

Tyr Asp Glu Val Cys Ile Gln Ala Gly His Ile Trp Ile Gly Tyr Asn

450 455 460

Ala Tyr Asn Gly Asn Arg Val Tyr Cys Pro Val Arg Thr Cys Gln Gly

465 470 475 480

Val Pro Pro Asn Gln Ile Pro Gly Val Ala Trp Gly Val Phe Lys

485 490 495

<210> 599

<211> 167
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 599

```
Met Ala Asn Glu Thr Lys Gln Pro Lys Val Val Gly Gly Ile Asn Leu
1               5                  10                  15
Ser Thr Arg Thr Lys Ser Lys Thr Phe Trp Val Ala Ile Ile Ser Ala
            20                  25                  30
Val Ala Leu Phe Ala Asn Gln Ile Thr Gly Ala Phe Gly Leu Asp Tyr
        35                  40                  45
Ser Ala Gln Ile Glu Gln Gly Val Asn Ile Val Gly Ser Ile Leu Thr
    50                  55                  60
Leu Leu Ala Gly Leu Gly Ile Ile Val Asp Asn Asn Thr Lys Gly Leu
65                  70                  75                  80
Arg Asp Ser Asp Ile Val Gln Thr Asp Tyr Val Lys Pro Arg Asp Ser
                85                  90                  95
Lys Asp Pro Asn Glu Phe Val Gln Trp Gln Thr Asn Ala Asn Asn Ala
            100                 105                 110
Ser Thr Phe Glu Ile Asp Ser Tyr Glu Asn Asn Ala Glu Pro Asp Thr
        115                 120                 125
Asp Asp Ser Asp Glu Val Pro Ala Ile Glu Asp Glu Ile Asp Gly Gly
    130                 135                 140
Ser Ala Pro Ser Gln Asp Glu Glu Asp Thr Glu Glu His Gly Lys Val
145                 150                 155                 160
Phe Ala Glu Glu Glu Val Lys
                165
```

<210> 600
<211> 61
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 600

```
Met Ala Ser Ala Lys Gln Leu Tyr Tyr Thr Glu Ser Leu Val Gly Lys
1               5                  10                  15
Ala Ile Ile Asn Asn Lys Val Ser Asn Lys Glu Glu Val Trp Asp Lys
            20                  25                  30
Leu Glu Leu Leu Pro Glu Thr Lys Leu Glu Asp Leu Asp Asn Lys Gln
        35                  40                  45
Met Ser Glu Val Ile Lys Lys Leu Asn Gln Ile Asn Glu
    50                  55                  60
```

<210> 601
<211> 72
<212> RNA
<213> Unknown
<220>

<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 601
acacccuuag uauaauuagu aguacaaggg ucuccaaaac ccuuagucuu ugugcaaauc 60
aaagagggug ug 72
<210> 602
<211> 73
<212> RNA
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 602
gguuucuuag cucagauggu agagcacuag auugaagcuc uaggugucau ugguucaaau 60
ccaauagaaa cca 73
<210> 603
<211> 74
<212> RNA
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 603
ggcucauugg uguaacuggu uaacacacug cccugucacg gcagagagua cgaguucgag 60
ucucguaugg gucg 74
<210> 604
<211> 72
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 604

Met	Lys	Arg	Gln	Lys	Met	Phe	Tyr	Ser	Ser	Leu	Ile	Cys	Lys	Glu	Cys
1				5				10					15		
Gly	Asn	Val	Phe	Lys	Val	Pro	Arg	Lys	Arg	Ala	Asn	Lys	Arg	Glu	Glu
			20					25				30			
Gly	His	Ile	Lys	Asp	Ile	Tyr	Cys	Ile	Lys	Cys	Cys	Lys	Thr	Thr	Lys
		35					40				45				
His	Ile	Glu	Asp	Asn	Arg	Ser	Glu	Ala	Glu	Arg	Arg	Trp	Asp	Ala	Ile
	50					55					60				
Gln	Glu	Glu	Leu	Thr	Lys	Asp	Asn								
65					70										

<210> 605
<211> 69
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 605

Met	Ser	Lys	His	Ile	Glu	Ile	Thr	Met	Ser	Ser	Gly	Ala	Lys	Tyr	Phe
1				5				10					15		

Leu Val Ser Thr Asp Glu Lys Ser Tyr Asn Arg Gln Asp Ile Asp Tyr
20 25 30
Met Leu Arg Gly Met Asp Glu Thr Ser Ile Lys Val Tyr Thr Glu Ser
35 40 45
Ala Ile Thr Ser Pro Gln Val Tyr Ile Asn Pro Asn Arg Ile Glu Ser
50 55 60
Phe Lys Ile Val Phe
65

<210> 606
<211> 110
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 606

Leu Asp Lys Glu Ile Asn Asn Leu Val Ser Gln Val Glu Thr Ile Lys
1 5 10 15
Ser Lys Ile Gln Glu Gly Asn Tyr Ile Asp Arg Gly Thr Phe Lys Asp
20 25 30
Leu Glu Val Glu Val Ala Glu Leu Arg Lys Met Ile Val Ser Ile Asp
35 40 45
Lys Asp Val Ala Val Asn Ser Glu Lys Gln Ser Ala Ile Tyr Val Gln
50 55 60
Leu Glu Arg Leu Asp Glu Lys Ile Ser Glu Leu Ala Gly Ser Thr Lys
65 70 75 80
Thr Lys Asp Thr Lys Lys Lys Asp Thr Thr Glu Lys Val Leu Leu Leu
85 90 95
Val Leu Gly Ala Ile Leu Ser Phe Val Phe Asn Lys Phe Ala
100 105 110

<210> 607
<211> 108
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 607

Leu Thr Lys Tyr Lys Asp Ile Leu Lys Leu Glu Phe Lys Asp Ala Leu
1 5 10 15
Ala His Phe Lys Arg Asp Arg Arg Tyr Phe His Val Tyr Arg Ile Asp
20 25 30
Arg Val Leu Ile Asn Gly Ser Ile Ile Tyr Phe Asp Tyr Tyr Tyr Leu
35 40 45
Pro Ser Asp Asp Pro Asn Ile Val Ile Lys Glu Leu Asp Leu Gln Ser
50 55 60
Phe Gly Lys Leu Arg Phe Glu Ile Asp Thr Lys Thr Ser Tyr Gly Lys
65 70 75 80
Val Val Thr Asp Asn Tyr Met Glu Ile Ile Asn Asp Phe Leu Glu Asn
85 90 95

Tyr Asp Ile His Ser Glu Ser Glu Thr Val Arg Pro
100 105

<210> 608
<211> 128
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 608

Leu Asn Asn Asn Ile Ala Ile Phe Ile Phe Lys Thr Leu Val Ile Ile
1 5 10 15
Ile Phe Leu Leu Leu Ile Leu Ser Val Ile Asn Ser Leu Ser Leu Ile
20 25 30
Tyr Ser Ile Arg Pro Ser Val Val Met Thr Tyr Phe Ile Phe Gly Gly
35 40 45
Ile Val Ser Asn Val Ala Leu Thr Val Thr Asp Lys Phe Leu Leu Lys
50 55 60
Lys Glu Asp Pro Leu Pro Glu Tyr Val Leu Lys Lys Val Glu Ile Asn
65 70 75 80
Asp Lys Glu Ile Arg Ile Ile Lys Lys Ile Ile Glu Ser Asn Tyr Gly
85 90 95
Ile Thr Ala Glu Glu Ile Lys Val Arg Ala Lys Ala Gln Arg Arg Ile
100 105 110
Glu Glu Asp Ser Lys Lys Glu Asp Tyr Asp Glu Asn Lys Glu Arg Asn
115 120 125

<210> 609
<211> 92
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 609

Met Lys Thr Lys Lys Glu Ile Lys Glu Gln Arg Lys Glu Leu Lys Asp
1 5 10 15
Gly Ala Thr Ser Val Ser Leu Val Lys Lys Gly Asp Lys Arg Ile Ala
20 25 30
Ser Pro Ser Arg Ile Cys Ser Leu Cys Gly Gln Gln Leu Ser Gly Met
35 40 45
Asn Tyr Thr Lys Gly Lys Ala Leu Ser Lys Val Asn His Phe His Leu
50 55 60
Gln Tyr Ser Lys Tyr Ile Tyr Phe Asp Ile Cys Ala Asp Ile Asn Asn
65 70 75 80
Cys Tyr Lys Asn Leu Arg Lys Arg Gly Glu Met Asp
85 90

<210> 610
<211> 136
<212> PRT
<213> Unknown

<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 610

Leu Ser Ala Glu Asn Ile Arg Asp Ile Ile Asn Lys Lys Lys Leu Glu
1 5 10 15
Glu Glu Asp Thr Arg Lys Tyr Ile Ala Asp Gly Phe Met Asn Gly Ile
20 25 30
Gly Lys Leu Met Tyr Glu Phe Asn Lys Lys Val Asp Asn Lys Glu Ile
35 40 45
Glu Val Lys Asp Pro Asn Asp Leu Tyr Lys Leu Phe Val Ile Phe Ser
50 55 60
Gln Met Gln Asn Met Val Asn Glu Thr Ser Glu Gly Gly Ala Ile Pro
65 70 75 80
Gln Leu Ser Arg Pro Gln Gln Glu Leu Phe Asp Glu Ile Thr Thr Glu
85 90 95
Asp Ser Asn Gly Glu Ser Thr Val Asp Leu Gln Lys Ile Ser Glu Met
100 105 110
Ser Ala Glu Asp Ile Thr Ala Met Ile Ser Glu Lys Glu Lys Val Met
115 120 125
Asn Glu Glu Asn Ser Glu Thr Phe
130 135

<210> 611
<211> 605
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 611

Met Asp Gly Lys Glu Leu Ile Lys Ile Ala Gln Glu Thr Phe Gln Thr
1 5 10 15
Glu Lys Ile Thr Arg Glu Gln Ile Asp His Ile Ile Asn Met Leu Asn
20 25 30
Pro Ser Thr Tyr Met Leu Lys Tyr His Thr Leu Arg Gly His Pro Ile
35 40 45
Thr Phe Ser Ile Pro Asn Arg Asp Arg Ser Lys Ala Gln Ala His Arg
50 55 60
Pro Trp Gln Thr Arg Ile Val Asn Asp Thr His Pro Asn Lys Ala Val
65 70 75 80
Ile Lys Ser Arg Gln Leu Gly Leu Ser Glu Met Gly Val Met Glu Met
85 90 95
Val His Phe Ala Asp Met His Ser Tyr Ala Asn Ala Lys Cys Leu Tyr
100 105 110
Thr Phe Pro Thr Asn Glu Gln Met Lys Lys Phe Val Gln Ser Arg Leu
115 120 125
Asn Pro Val Leu Glu Lys Glu Tyr Phe Arg Asp Ile Val Asp Trp Asp
130 135 140
Lys Asp Ser Leu Gly Phe Lys Lys Ile Arg Asn Ser Ser Leu Phe Phe
145 150 155 160

```
Arg Thr Ser Ser Lys Ala Ser Thr Val Glu Gly Val Asp Ile Asp Tyr
                165                 170                 175
Leu Ser Leu Asp Glu Tyr Asp Arg Val Asn Leu Leu Ala Glu Ser Ser
            180                 185                 190
Ala Leu Glu Ser Met Ser Ser Ser Pro Phe Lys Ile Val Arg Arg Trp
        195                 200                 205
Ser Thr Pro Ser Val Pro Gly Met Gly Ile His Lys Leu Tyr Gln Gln
    210                 215                 220
Ser Asp Gln Trp Tyr Tyr Gly His Arg Cys Gln His Cys Asp Tyr Leu
225                 230                 235                 240
Asn Glu Met Ser Tyr Asn Asp Tyr Asn Pro Asp Asn Leu Glu Glu Ser
                245                 250                 255
Gly Asn Met Leu Cys Val Asn Pro Glu Gly Val Asp Glu Gln Ala Lys
            260                 265                 270
Thr Val Gln Asn Gly Ser Tyr Gln Phe Val Cys Gln Lys Cys Gly Lys
        275                 280                 285
Pro Leu Asp Arg Trp Tyr Asn Gly Glu Trp His Cys Lys Tyr Pro Glu
    290                 295                 300
Arg Thr Lys Gly Asn Lys Gly Val Arg Gly Tyr Leu Ile Thr Gln Met
305                 310                 315                 320
Asn Ala Val Trp Ile Ser Ala Asp Glu Leu Lys Glu Lys Glu Met Asn
                325                 330                 335
Thr Glu Ser Lys Gln Ala Phe Tyr Asn Tyr Ile Leu Gly Tyr Pro Phe
            340                 345                 350
Glu Asp Val Lys Leu Arg Val Asn Glu Glu Asp Val Tyr Gly Asn Lys
        355                 360                 365
Ser Pro Ile Ala Glu Thr Gln Leu Met Lys Arg Asp Arg Tyr Ser His
    370                 375                 380
Ile Ala Ile Gly Ile Asp Trp Gly Asn Thr His Trp Ile Thr Val His
385                 390                 395                 400
Gly Met Leu Pro Asn Gly Lys Val Asp Leu Ile Arg Leu Phe Ser Val
                405                 410                 415
Lys Lys Met Thr Arg Pro Asp Leu Val Glu Ala Asp Leu Glu Lys Ile
            420                 425                 430
Ile Trp Glu Ile Ser Lys Tyr Asp Pro Asp Ile Ile Ile Ala Asp Asn
        435                 440                 445
Gly Asp Ser Gly Asn Asn Val Leu Lys Leu Ile Asn His Phe Gly Lys
    450                 455                 460
Asp Lys Val Phe Gly Cys Thr Tyr Lys Ser Ser Pro Lys Ser Thr Gly
465                 470                 475                 480
Gln Leu Arg Pro Glu Phe Asn Glu Asn Asn Asn Arg Val Thr Val Asp
                485                 490                 495
Lys Leu Met Gln Asn Lys Arg Tyr Val Gln Ala Leu Lys Thr Lys Asp
            500                 505                 510
Ile Ser Val Tyr Ser Thr Val Asp Asp Asp Leu Lys Thr Phe Leu Lys
        515                 520                 525
His Trp Gln Asn Val Val Ile Met Asp Glu Glu Asp Glu Lys Thr Gly
    530                 535                 540
```

Glu Met Tyr Gln Val Ile Lys Arg Lys Gly Asp Asp His Tyr Ala Gln
545 550 555 560
Ala Ser Val Tyr Ala Tyr Ile Gly Leu Thr Arg Ile Lys Glu Leu Leu
565 570 575
Lys Glu Gly Asn Gly Thr Ser Phe Gly Ser Thr Phe Val Ser Thr Asp
580 585 590
Tyr Asn Gln Glu Gly Asn Lys Gln Phe Tyr Phe Asp Glu
595 600 605

<210> 612
<211> 273
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 612

Met Asn Arg Gly Glu Ile Asp Leu Thr Asp Lys Leu Phe Tyr Gly Thr
1 5 10 15
Ile Ser Asn Glu Glu Ile Asn Lys Ser Val Leu Asn Leu Leu Leu Gly
20 25 30
Glu Glu Leu Ser Leu Asp Tyr Val Ser Lys Asn Ser Asp Thr Leu Asp
35 40 45
Val Lys Tyr Glu His Val Tyr Lys Ser Leu Gly Phe Asp Asn Phe Phe
50 55 60
Asp Cys Phe Leu Tyr Ala Asn Arg Glu Pro Glu Ile Val His Lys Gly
65 70 75 80
Gly Asp Lys Asn Leu Gly Gly Leu Asn Lys Val Lys Arg Thr Val Ile
85 90 95
Arg Asn Gly Lys Glu Met Glu Met Thr Val Tyr Glu Asp Gly Asn Lys
100 105 110
Glu Asn Asp Ser Lys Glu Lys Gln Glu Gly Lys Glu Glu Val Ser Arg
115 120 125
Ser Ala Val Gly Ala Arg Ala Ile Ser Asn Gly Glu Glu Gly Lys Val
130 135 140
Asn Pro Lys Lys Val Ala Asn Ser Leu Ser Asn Leu Ser Lys Lys Gly
145 150 155 160
Val Asp Val Ser His Ile Asn Thr Asn Ser Ser Leu Tyr Lys Glu Phe
165 170 175
Val Asp Asp Asn Gly Asp Thr Leu Gly Ile Thr Ser Phe Lys Arg Thr
180 185 190
Glu Asn Asp Ile Ile Leu Glu Ser Tyr Ala Ser Ser His Asp Ser Asp
195 200 205
Gly Val Gly Ala Arg Ala Ile Met Glu Leu Leu Arg Leu Ser Ile Lys
210 215 220
Glu Asn Lys Asn Ala Val Val Tyr Asp Ile Glu Leu Pro Glu Ala Val
225 230 235 240
Glu Tyr Leu Lys Thr Leu Gly Phe Lys Pro Asn Lys Asp Gly Tyr Ile
245 250 255
Leu Arg Lys Lys Asp Val Lys Gln Phe Leu Gly Asp Tyr Ser Asp Phe

260 265 270

Ile

<210> 613
<211> 60
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 613

Val Ile Ile Val Ile Leu Phe Ser Thr Ile Val Ile Tyr Ser Ile Val
1 5 10 15
Phe Ile Leu Tyr Ile Val Leu Lys Thr Ile Tyr Ile Lys Ser Asn Met
20 25 30
Ser Arg Ile Asp Asn Thr Thr Glu Leu Leu Lys Ile Leu Gln Glu Asp
35 40 45
Ile Glu Gly Lys Ile Lys Lys Glu Gly Arg Asn Lys
50 55 60

<210> 614
<211> 159
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 614

Met Thr Leu Glu Glu Asn Lys Leu Thr Leu Glu Glu Ser Ile Thr Pro
1 5 10 15
Leu Ser Lys Glu Glu Lys Glu Asp Ser Ile Lys Glu Phe Ser Ser Leu
20 25 30
Leu Cys Glu Met Val Asn Arg Leu Tyr Lys Ser Tyr Asn Val Phe Arg
35 40 45
Gln Asp Pro Met Asp Glu Thr Gln Arg Leu Asp Gly Ser Leu Met Val
50 55 60
Phe Gln Ser Arg Leu Asn Asp Pro Leu Thr Gly Asp Leu His Asp Lys
65 70 75 80
Met Tyr Lys Leu Ala Phe Ser Lys Arg Ile Asp Ile Phe Glu Ala Asn
85 90 95
Lys Gln Phe Arg Lys Asp Val Glu Ala Gly Lys Ala Ile Glu Leu Gly
100 105 110
Asp Val Ala Ile Ile Asp Thr Ala Leu Ser Asn Ile Leu Ser Gly Asn
115 120 125
Glu Phe Gln Gly Ser Ile Ser Phe Met Leu Arg Lys Asp Phe Glu Glu
130 135 140
Lys Glu Arg Ile Arg Lys Glu Glu Glu Glu Lys Leu Asn Asn Leu
145 150 155

<210> 615
<211> 108
<212> PRT
<213> Unknown

<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 615
Leu Lys Lys Lys Pro Gln Gly Asn Glu Val Ile Ile Thr Ile Ile Thr
1 5 10 15
Val Met Ile Ala Val Phe Val Val Ile Met Thr Ile Phe Phe Asn Lys
20 25 30
Tyr Gln Asp Ala Lys Glu Asp Lys Asp Arg Tyr Gln Arg Leu Val Glu
35 40 45
Ile Tyr Lys Lys Ala Asp Asp Asn Asp Gly Glu Thr Lys Lys Lys Tyr
50 55 60
Val Lys Arg Leu Asn Lys Ala Glu Glu Glu Leu Lys Lys Val Lys Lys
65 70 75 80
Lys Gln Ile Ile Lys Ile Ile Ile Arg Ser Gln Val Lys Lys Asp Lys
85 90 95
Lys Lys Ile Lys Lys Leu Glu Arg Lys Tyr Met Met
100 105
<210> 616
<211> 34
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 616
Val Asp Glu Glu Asp Lys Asn Glu Asp Thr Thr Asp Asp Lys Gln Pro
1 5 10 15
Thr Glu Gln Pro Asp Asp Asn Asn Ile Asp Asn Glu Asp Lys Thr Glu
20 25 30
Glu Glu
<210> 617
<211> 113
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 617
Met Asn Ile Ile Thr Ser Leu Ser Val Val Phe Thr Cys Leu Ser Leu
1 5 10 15
Leu Thr Leu Met Ile Phe Val His Ser Lys Phe Ser Ser Lys Asn Val
20 25 30
Phe Val Leu Tyr Val Ile Tyr Ala Ile Ile Gly Ile Gly Thr Tyr Ile
35 40 45
Val Leu Thr Met Phe Gln Thr Thr Ser Val Leu Ile Lys Asn Asp Val
50 55 60
Ile Asp Ser Ile Glu Asn Thr Glu His Tyr Ile Gly Phe Asn Asp Pro
65 70 75 80
Ile Ile Ile Phe Thr Ile Ser Phe Ile Gly Ala Ile Leu Gly Gly Ile
85 90 95

Trp Tyr Lys Met Met Lys Ile Ile Lys Lys Ser Asn Phe Lys Asp Lys
100 105 110

Lys

<210> 618

<211> 123

<212> PRT

<213> Unknown

<220>

<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10

<400> 618

Leu Ile Phe Ser Lys Asp Lys Lys Trp Asp Glu Ala Lys Asp Phe Ile
1 5 10 15

Lys Gly Gln Gly Met Gln Asp Asn Trp Ile Glu Ile Val Asp Tyr Tyr
20 25 30

Arg Gln Ile Gly Gly Lys His Val Ala Val Phe Ile Ala Leu Asn Lys
35 40 45

Val Lys Tyr Met Ile Leu Glu Ala Thr Lys Asp Asn Lys Val Ile Leu
50 55 60

Val Asp Lys Asp Asn Asn Ile Leu Leu Glu Asp Tyr Asp Ile Val Met
65 70 75 80

Glu Ser Lys Lys Met Phe Tyr Tyr Ile Glu Glu Pro Phe Glu Val Lys
85 90 95

Ile Asn Ile Pro Gln His Ile Arg Asp Val Thr Tyr Asn Asn Thr Val
100 105 110

Val Leu Thr Thr Val Arg Gly Ser Arg Gly Asp
115 120

<210> 619

<211> 563

<212> PRT

<213> Unknown

<220>

<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10

<400> 619

Leu Ala Asp Leu Phe Lys Gln Phe Arg Leu Gly Lys Asp Tyr Gly Asn
1 5 10 15

Asn Ser Thr Ile Ala Gln Val Pro Ile Asp Glu Gly Leu Gln Ala Asn
20 25 30

Ile Lys Lys Ile Glu Gln Asp Asn Lys Glu Tyr Gln Asp Leu Thr Lys
35 40 45

Ser Leu Tyr Gly Gln Gln Gln Ala Tyr Ala Glu Pro Phe Ile Glu Met
50 55 60

Met Asp Thr Asn Pro Glu Phe Arg Asp Lys Arg Ser Tyr Met Lys Asn
65 70 75 80

Glu His Asn Leu His Asp Val Leu Lys Lys Phe Gly Asn Asn Pro Ile
85 90 95

Leu Asn Ala Ile Ile Leu Thr Arg Ser Asn Gln Val Ala Met Tyr Cys
100 105 110

Gln Pro Ala Arg Tyr Ser Glu Lys Gly Leu Gly Phe Glu Val Arg Leu

```
        115                 120                 125
Arg Asp Leu Asp Ala Glu Pro Gly Arg Lys Glu Lys Glu Glu Met Lys
    130                 135                 140
Arg Ile Glu Asp Phe Ile Val Asn Thr Gly Lys Asp Lys Asp Val Asp
145                 150                 155                 160
Arg Asp Ser Phe Gln Thr Phe Cys Lys Lys Ile Val Arg Asp Thr Tyr
                165                 170                 175
Ile Tyr Asp Gln Val Asn Phe Glu Lys Val Phe Asn Lys Asn Asn Lys
            180                 185                 190
Thr Lys Leu Glu Lys Phe Ile Ala Val Asp Pro Ser Thr Ile Phe Tyr
        195                 200                 205
Ala Thr Asp Lys Lys Gly Lys Ile Ile Lys Gly Gly Lys Arg Phe Val
    210                 215                 220
Gln Val Val Asp Lys Arg Val Val Ala Ser Phe Thr Ser Arg Glu Leu
225                 230                 235                 240
Ala Met Gly Ile Arg Asn Pro Arg Thr Glu Leu Ser Ser Ser Gly Tyr
                245                 250                 255
Gly Leu Ser Glu Val Glu Ile Ala Met Lys Glu Phe Ile Ala Tyr Asn
            260                 265                 270
Asn Thr Glu Ser Phe Asn Asp Arg Phe Phe Ser His Gly Gly Thr Thr
        275                 280                 285
Arg Gly Ile Leu Gln Ile Arg Ser Asp Gln Gln Gln Ser Gln His Ala
    290                 295                 300
Leu Glu Asn Phe Lys Arg Glu Trp Lys Ser Ser Leu Ser Gly Ile Asn
305                 310                 315                 320
Gly Ser Trp Gln Ile Pro Val Val Met Ala Asp Asp Ile Lys Phe Val
                325                 330                 335
Asn Met Thr Pro Thr Ala Asn Asp Met Gln Phe Glu Lys Trp Leu Asn
            340                 345                 350
Tyr Leu Ile Asn Ile Ile Ser Ala Leu Tyr Gly Ile Asp Pro Ala Glu
        355                 360                 365
Ile Gly Phe Pro Asn Arg Gly Gly Ala Thr Gly Ser Lys Gly Gly Ser
    370                 375                 380
Thr Leu Asn Glu Ala Asp Pro Gly Lys Lys Gln Gln Gln Ser Gln Asn
385                 390                 395                 400
Lys Gly Leu Gln Pro Leu Leu Arg Phe Ile Glu Asp Leu Val Asn Arg
                405                 410                 415
His Ile Ile Ser Glu Tyr Gly Asp Lys Tyr Thr Phe Gln Phe Val Gly
            420                 425                 430
Gly Asp Thr Lys Ser Ala Thr Asp Lys Leu Asn Ile Leu Lys Leu Glu
        435                 440                 445
Thr Gln Ile Phe Lys Thr Val Asn Glu Ala Arg Glu Glu Gln Gly Lys
    450                 455                 460
Lys Pro Ile Glu Gly Gly Asp Ile Ile Leu Asp Ala Ser Phe Leu Gln
465                 470                 475                 480
Gly Thr Ala Gln Leu Gln Gln Asp Lys Gln Tyr Asn Asp Gly Lys Gln
                485                 490                 495
Lys Glu Arg Leu Gln Met Met Met Ser Leu Leu Glu Gly Asp Asn Asp
```

500 505 510

Asp Ser Glu Glu Gly Gln Ser Thr Asp Ser Ser Asn Asp Asp Lys Glu
515 520 525

Ile Gly Thr Asp Ala Gln Ile Lys Gly Asp Asp Asn Val Tyr Arg Thr
530 535 540

Gln Thr Ser Asn Lys Gly Gln Gly Arg Lys Gly Glu Lys Ser Ser Asp
545 550 555 560

Phe Lys His

<210> 620

<211> 257

<212> PRT

<213> Unknown

<220>

<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10

<400> 620

Leu Glu Glu Ile Lys Phe Asn Ala Phe Val Pro Met Asp Leu Lys Lys
1 5 10 15

Ser Val Ser Thr Ala Ser Asp Thr Asn Glu Tyr Ser Ile Val Ser Gly
20 25 30

Trp Ala Ser Thr Pro Ser Met Asp Leu Gln Asn Asp Ile Val Asn Pro
35 40 45

Lys Gly Ile Asp Ile Glu Tyr Phe Lys Ser Gln Gly Tyr Ile Asn Tyr
50 55 60

Glu His Gln Ser Asp Lys Val Val Gly Ile Pro Thr Glu Asn Cys Tyr
65 70 75 80

Val Asp Ile Glu Lys Gly Leu Phe Ile Glu Ala Lys Leu Trp Lys Asn
85 90 95

Asp Glu Asn Val Val Lys Met Leu Asp Leu Ala Glu Lys Leu Glu Lys
100 105 110

Ser Gly Ser Gly Arg Arg Leu Gly Phe Ser Ile Glu Gly Ala Val Lys
115 120 125

Lys Arg Asn Ile Asn Asp Asn Arg Val Ile Asp Glu Val Met Ile Thr
130 135 140

Gly Val Ala Leu Val Lys Asn Pro Ala Asn Pro Glu Ala Thr Trp Glu
145 150 155 160

Ser Phe Met Lys Ser Phe Leu Thr Gly His Gly Thr Ser Pro Asp Thr
165 170 175

Gln Val Asp Ala Gly Ala Leu Arg Lys Glu Glu Ile Ala Ser Ser Ile
180 185 190

Thr Asn Leu Ala Tyr Val Thr Lys Ile Lys Asp Leu Lys Glu Phe Asn
195 200 205

Asp Val Trp Asn Gly Val Val Glu Asp Leu Ser Lys Ser Asn Ser Met
210 215 220

Gly Tyr Glu Glu Ser Val Leu Thr Leu Gln Leu Ala Lys Gly Leu Ser
225 230 235 240

Arg Lys Asp Ala Glu Leu Ala Val Met Asp Ile Asn Lys Gln Lys Leu
245 250 255

Glu

<210> 621
<211> 316
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 621

```
Met Ser Lys Glu Met Gln Asn Ile Leu Glu Glu Tyr Asp Lys Leu Asn
1               5                  10                  15
Ala Gln Glu Ala Val Ser Lys Ser Val Glu Asp Asp Glu Lys Asn Thr
            20                  25                  30
Val Glu Ser Thr Glu Glu Gln Val Ala Glu Thr Thr Glu Glu Pro Ala
        35                  40                  45
Lys Glu Pro Glu Lys Val Ser Glu Glu Asp Ala Lys Glu Ala Gln Glu
    50                  55                  60
Gln Gly Glu Lys Val Glu Ser Glu Glu Val Ala Glu Gly Asn Glu Asp
65                  70                  75                  80
Glu Glu Val Glu Lys Ser Ala Lys Glu Ser Lys Asp Pro Val Asp Gln
                85                  90                  95
Lys Asp Thr Lys Thr Glu Asn Lys Asp Asn Glu Lys Arg Lys Asn Lys
            100                 105                 110
Lys Asp Lys Lys Glu Asp Ser Asp Asp Glu Asp Lys Asp Thr Asp Asp
        115                 120                 125
Asp Lys Asp Lys Lys Glu Asp Lys Lys Glu Lys Thr Ser Lys Ser Ile
    130                 135                 140
Ser Asp Glu Asp Ile Thr Thr Val Phe Lys Ser Ile Leu Thr Ser Phe
145                 150                 155                 160
Glu Asn Leu Asn Lys Glu Lys Glu Asn Phe Ala Thr Lys Glu Asp Leu
                165                 170                 175
Ser Glu Val Ser Lys Ser Ile Asn Glu Leu Ser Ala Lys Ile Ser Glu
            180                 185                 190
Ile Gln Ala Glu Asp Val Ser Lys Ser Val Asp Thr Asp Glu Glu Ala
        195                 200                 205
Val Glu Lys Ser Val Thr Ser Thr Asn Gly Glu Gln Glu Lys Val Glu
    210                 215                 220
Gly Tyr Val Ser Lys Ser Val Asp Thr Glu Glu Gln Ala Glu Thr Gly
225                 230                 235                 240
Glu Ala Lys Ser Glu Glu Ala Glu Glu Val Gln Glu Asp Asn Thr Phe
                245                 250                 255
Lys Gly Leu Ser Gln Glu Glu Arg Thr Lys Phe Met Asp Ser Tyr Lys
            260                 265                 270
Ala Gln Ala Lys Asp Pro Arg Ala Ser Lys His Asp Leu Gln Ser Ala
        275                 280                 285
Tyr Gln Ser Tyr Leu Asn Ile Asn Thr Asp Pro Thr Asn Ala Ser Glu
    290                 295                 300
Lys Asp Ile Lys Thr Val Lys Asp Phe Ala Gln Ile
305                 310                 315
```

<210> 622

<211> 463
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 622

```
Met Thr Ile Glu Lys Asn Leu Ser Asp Val Gln Gln Lys Tyr Ala Asp
1               5                  10                  15
Gln Phe Gln Glu Asp Val Val Lys Ser Phe Gln Thr Gly Tyr Gly Ile
            20                  25                  30
Thr Pro Asp Thr Gln Ile Asp Ala Gly Ala Leu Arg Arg Glu Ile Leu
        35                  40                  45
Asp Asp Gln Ile Thr Met Leu Thr Trp Thr Asn Glu Asp Leu Ile Phe
    50                  55                  60
Tyr Arg Asp Ile Ser Arg Arg Pro Ala Gln Ser Thr Val Val Lys Tyr
65                  70                  75                  80
Asp Gln Tyr Leu Arg His Gly Asn Val Gly His Ser Arg Phe Val Lys
                85                  90                  95
Glu Ile Gly Val Ala Pro Val Ser Asp Pro Asn Ile Arg Gln Lys Thr
            100                 105                 110
Val Ser Met Lys Tyr Val Ser Asp Thr Lys Asn Met Ser Ile Ala Ser
        115                 120                 125
Gly Leu Val Asn Asn Ile Ala Asp Pro Ser Gln Ile Leu Thr Glu Asp
    130                 135                 140
Ala Ile Ala Val Val Ala Lys Thr Ile Glu Trp Ala Ser Phe Tyr Gly
145                 150                 155                 160
Asp Ala Ser Leu Thr Ser Glu Val Glu Gly Glu Gly Leu Glu Phe Asp
                165                 170                 175
Gly Leu Ala Lys Leu Ile Asp Lys Asn Asn Val Ile Asn Ala Lys Gly
            180                 185                 190
Asn Gln Leu Thr Glu Lys His Leu Asn Glu Ala Ala Val Arg Ile Gly
        195                 200                 205
Lys Gly Phe Gly Thr Ala Thr Asp Ala Tyr Met Pro Ile Gly Val His
    210                 215                 220
Ala Asp Phe Val Asn Ser Ile Leu Gly Arg Gln Met Gln Leu Met Gln
225                 230                 235                 240
Asp Asn Ser Gly Asn Val Asn Thr Gly Tyr Ser Val Asn Gly Phe Tyr
                245                 250                 255
Ser Ser Arg Gly Phe Ile Lys Leu His Gly Ser Thr Val Met Glu Asn
            260                 265                 270
Glu Leu Ile Leu Asp Glu Ser Leu Gln Pro Leu Pro Asn Ala Pro Gln
        275                 280                 285
Pro Ala Lys Val Thr Ala Thr Val Glu Thr Lys Gln Lys Gly Ala Phe
    290                 295                 300
Glu Asn Glu Glu Asp Arg Ala Gly Leu Ser Tyr Lys Val Val Val Asn
305                 310                 315                 320
Ser Asp Asp Ala Gln Ser Ala Pro Ser Glu Glu Val Thr Ala Thr Val
                325                 330                 335
```

Ser Asn Val Asp Asp Gly Val Lys Leu Ser Ile Asn Val Asn Ala Met
340 345 350
Tyr Gln Gln Gln Pro Gln Phe Val Ser Ile Tyr Arg Gln Gly Lys Glu
355 360 365
Thr Gly Met Tyr Phe Leu Ile Lys Arg Val Pro Val Lys Asp Ala Gln
370 375 380
Glu Asp Gly Thr Ile Val Phe Val Asp Lys Asn Glu Thr Leu Pro Glu
385 390 395 400
Thr Ala Asp Val Phe Val Gly Glu Met Ser Pro Gln Val Val His Leu
405 410 415
Phe Glu Leu Leu Pro Met Met Lys Leu Pro Leu Ala Gln Ile Asn Ala
420 425 430
Ser Ile Thr Phe Ala Val Leu Trp Tyr Gly Ala Leu Ala Leu Arg Ala
435 440 445
Pro Lys Lys Trp Ala Arg Ile Lys Asn Val Arg Tyr Ile Ala Val
450 455 460

<210> 623
<211> 98
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 623

Met Leu Tyr Tyr Lys Lys Leu Leu Asp Lys Lys Met Ala Thr Val Tyr
1 5 10 15
Gly Thr Val Glu Ile Asp Lys Asp Gly Val Val Lys Gly Leu Thr Lys
20 25 30
Glu Gln Glu Lys Glu Phe Ala Asn Val Pro Gly Phe Glu Phe Glu Glu
35 40 45
Glu Lys Lys Thr Thr Arg Lys Gln Ser Ala Ser Thr Ser Lys Glu Glu
50 55 60
Glu Pro Lys Glu Glu Glu Lys Lys Ala Ser Thr Arg Lys Thr Thr Ser
65 70 75 80
Thr Thr Arg Lys Ser Thr Ala Arg Lys Thr Thr Ala Lys Lys Asp Glu
85 90 95
Asn Lys

<210> 624
<211> 302
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 624

Met Val Asn Ser Met Phe Gly Gly Asp Leu Asp Pro Tyr Glu Lys Ser
1 5 10 15
Leu Asn Tyr Glu Tyr Pro Tyr His Pro Ser Gly Asn Pro Lys His Ile
20 25 30
Asp Val Ser Glu Ile Asp Asn Leu Thr Leu Ala Asp Tyr Gly Trp Ser

```
        35                  40                  45
Pro Asp Ala Val Lys Ala Tyr Met Phe Gly Ile Val Val Gln Asn Pro
    50                  55                  60
Asp Thr Gly Gln Pro Met Gly Asp Glu Phe Tyr Asn His Ile Leu Glu
65                  70                  75                  80
Arg Ala Val Gly Lys Ala Glu Arg Ala Leu Asp Ile Ser Ile Leu Pro
                85                  90                  95
Asp Thr Gln His Glu Met Arg Asp Tyr His Glu Thr Glu Phe Asn Ser
            100                 105                 110
Tyr Met Phe Val His Ala Tyr Arg Lys Pro Ile Leu Gln Val Glu Asn
        115                 120                 125
Leu Gln Leu Gln Phe Asn Gly Arg Pro Ile Tyr Lys Tyr Pro Ala Asn
    130                 135                 140
Trp Trp Lys Val Glu His Leu Ala Gly His Val Gln Leu Phe Pro Thr
145                 150                 155                 160
Ala Leu Met Gln Thr Gly Gln Ser Met Ser Tyr Asp Ala Val Phe Asn
                165                 170                 175
Gly Tyr Pro Gln Leu Ala Gly Val Tyr Pro Pro Ser Gly Ala Thr Phe
            180                 185                 190
Ala Pro Gln Met Ile Arg Leu Glu Tyr Val Ser Gly Met Leu Pro Arg
        195                 200                 205
Lys Lys Ala Gly Arg Asn Lys Pro Trp Glu Met Pro Pro Glu Leu Glu
    210                 215                 220
Gln Leu Val Ile Lys Tyr Ala Leu Lys Glu Ile Tyr Gln Val Trp Gly
225                 230                 235                 240
Asn Leu Ile Ile Gly Ala Gly Ile Ala Asn Lys Thr Leu Glu Val Asp
                245                 250                 255
Gly Ile Thr Glu Thr Ile Gly Thr Thr Gln Ser Ala Met Tyr Gly Gly
            260                 265                 270
Ala Ser Ala Gln Ile Leu Gln Ile Asn Glu Asp Ile Lys Glu Leu Leu
        275                 280                 285
Asp Gly Leu Arg Ala Tyr Phe Gly Tyr Asn Met Ile Gly Leu
    290                 295                 300
<210> 625
<211> 292
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 625
Met Glu Lys Pro Tyr Met Ile Gly Ala Asn Ser Asn Pro Asn Val Ile
1               5                   10                  15
Asn Lys Ser Thr Thr Tyr Thr Thr Thr Thr Gln Ala Asp Glu Gln Asp
            20                  25                  30
Lys Pro Lys Tyr Thr Thr Arg Leu Glu Phe Asp Thr Ile Asp Met Ile
        35                  40                  45
Arg Phe Ile Asn Asp Arg Gly Ile Lys Val Leu Trp Glu Glu Ala Tyr
    50                  55                  60
```

Phe Cys Pro Cys Leu Asn Pro Asp Thr Gly His Pro Arg Val Asp Cys
65 70 75 80
Pro Arg Cys His Gly Lys Gly Ile Ala Tyr Leu Pro Pro Lys Glu Thr
85 90 95
Ile Met Ala Ile Gln Ser Gln Glu Lys Gly Thr Asn Gln Leu Asp Ile
100 105 110
Gly Ile Leu Asp Thr Gly Thr Ala Ile Gly Thr Thr Gln Leu Glu Lys
115 120 125
Arg Ile Ser Tyr Arg Asp Arg Phe Thr Val Pro Glu Val Leu Met Pro
130 135 140
Gln Gln Met Ile Tyr Phe Val Asn Lys Asp Arg Ile Arg Lys Gly Ile
145 150 155 160
Pro Leu Tyr Tyr Asp Val Lys Glu Val Thr Tyr Ile Ala Thr Gln Asp
165 170 175
Gly Thr Val Tyr Glu Glu Asp Tyr Glu Ile Lys Asn Asn Arg Leu Tyr
180 185 190
Leu Asn Glu Lys Tyr Glu Asn His Thr Val Thr Leu Lys Ile Leu Met
195 200 205
Thr Leu Arg Tyr Val Val Ser Asp Ile Leu Lys Glu Ser Arg Tyr Gln
210 215 220
Tyr Thr Lys Phe Asn Gln Pro Lys Ser Lys Phe Glu Asn Leu Pro Gln
225 230 235 240
Lys Leu Leu Leu Lys Arg Glu Asp Val Ile Val Leu Gln Asp Pro Tyr
245 250 255
Lys Val Asn Asp Gly Ile Glu Glu Asp Leu Glu Ile Gln Val Asp Asp
260 265 270
Pro Lys Ala Ser Ala Ser Asn Pro Ser Asn Leu Gly Gly Phe Phe Gly
275 280 285
Gly Ala Phe Lys
290

<210> 626
<211> 206
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 626

Met Pro Val His Gly Lys Arg Pro Asn Leu Phe Lys Asn Lys Asn Tyr
1 5 10 15
Lys Gln Val Gly Lys Arg Thr Ile Asp Gly Met Arg Ser Glu Val Leu
20 25 30
Asp Lys Leu Gln Ala Thr Ala Gln Gln Val Glu Asn Thr Ser Ile Lys
35 40 45
Arg Met Pro Thr Tyr Leu Gln Ile Thr Glu Lys Lys Leu Glu Lys Glu
50 55 60
Gly Val Val Asp Leu Lys Lys Ala Phe Ala His Ser Ser Lys Lys Lys
65 70 75 80
Thr Ser Lys Asp Gly Gly Trp Tyr Leu Thr Val Pro Ile Arg Ile Lys

85 90 95
Thr Ser Arg Met Asn Asn Ser Thr Tyr Gln Asp Met Arg Thr Leu Lys
100 105 110
Val Asp Lys Gly Thr Gly Ser Val Ser Lys Ile Thr Asp Tyr Leu Glu
115 120 125
Gly Arg Arg Lys Asn Val Ser His Pro Ser Met Lys Pro Glu Pro Met
130 135 140
Thr His Asn Met Thr Lys Val Lys Arg Gly Lys Gln Ser Ser Tyr Phe
145 150 155 160
Ile Phe Arg Thr Val Ser Ser Lys Ser Pro Ala Ser Ser Trp Ile Leu
165 170 175
Asn Arg Asp Lys Val Asn Glu Asp Asn Phe Ser Lys Thr Thr Leu Lys
180 185 190
Thr Val Lys Gln Leu Met Asn Trp Lys Met Lys Asn Leu Asn
195 200 205

<210> 627
<211> 278
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 627

Met Ala Ile Thr Ser Val Asp Ser Tyr Leu Leu Ser Glu Ile Lys Pro
1 5 10 15
Arg Leu Asn Thr Val Leu Glu Asn Cys Tyr Ile Ile Asp Glu Val Leu
20 25 30
Lys Asp Phe Asp Tyr Gln Thr Arg Glu Ser Phe Lys Glu Ala Phe Cys
35 40 45
Gly Lys Asn Ala Gln His Glu Val Thr Val Gly Phe Asn Phe Pro Lys
50 55 60
Phe Lys Asn Asn Tyr Glu Ala His Tyr Leu Ile Gln Leu Gly Gln Gly
65 70 75 80
Gln Glu Thr Lys Asn Ser Leu Gly Ser Ile Gln Ser Ser Tyr Phe Glu
85 90 95
Ala Thr Gly Asp Thr Leu Val Glu Ser Ser Thr Ala Ile Arg Glu Asp
100 105 110
Asp Lys Leu Val Phe Thr Val Ser Lys Pro Ile Gly Glu Leu Ile Lys
115 120 125
Val Glu Asp Ile Glu Phe Ala Lys Tyr Asp Asn Leu Gln Val Glu Gly
130 135 140
Asn Lys Val Ser Phe Lys Tyr Gln Thr Asn Glu Asp Tyr Glu Asn Tyr
145 150 155 160
Asn Ala Asn Ile Ile Phe Thr Glu Lys Lys Asn Asp Ser Lys Gly Leu
165 170 175
Val Lys Gly Phe Thr Val Glu Glu Gln Val Thr Val Val Gly Leu Ser
180 185 190
Phe Asn Val Asp Val Ala Arg Cys Leu Asp Ala Val Leu Lys Met Ile
195 200 205

Leu Ile Ser Met Arg Asp Ser Ile Glu Glu Gln Gln Thr Phe Gln Leu
210 215 220
Gln Asn Leu Ser Phe Gly Asp Ile Ala Pro Ile Ile Glu Asp Gly Asp
225 230 235 240
Ser Met Ile Phe Gly Arg Pro Thr Ile Ile Lys Tyr Thr Ser Ser Leu
245 250 255
Asp Leu Asp Tyr Thr Ile Thr Gln Asp Ile Asn Lys Leu Thr Phe Lys
260 265 270
Glu Arg Lys Asp Trp Lys
275

<210> 628
<211> 71
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 628
Met Ala Arg Lys Lys Thr Pro Glu Asn Asn Thr Pro Lys Phe Asn Gly
1 5 10 15
Tyr Val His Ile Asp Thr Phe Leu Asp Thr Ala Lys Thr Leu Phe Asn
20 25 30
Met Lys Asp Ser Gln Val Ala Gly Phe Lys Ala Tyr Met Glu Gly Ser
35 40 45
His Tyr Leu Phe Ser Glu Gln Glu Phe Leu Pro Ser Leu Glu Lys Tyr
50 55 60
Leu Gly Arg Lys Leu Asp Ile
65 70

<210> 629
<211> 587
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 629
Met Ala Val Glu Pro Phe Pro Arg Arg Pro Ile Thr Arg Pro His Ala
1 5 10 15
Ser Ile Glu Val Asp Thr Ser Gly Ile Gly Gly Ser Ala Gly Ser Ser
20 25 30
Glu Lys Val Phe Cys Leu Ile Gly Gln Ala Glu Gly Gly Glu Pro Asn
35 40 45
Thr Val Tyr Glu Leu Arg Asn Tyr Ala Gln Ala Lys Arg Leu Phe Arg
50 55 60
Ser Gly Glu Leu Leu Asp Ala Ile Glu Leu Ala Trp Gly Ser Asn Pro
65 70 75 80
Asn Tyr Thr Ala Gly Lys Ile Leu Ala Met Arg Ile Glu Asp Ala Lys
85 90 95
Pro Ala Ser Ala Glu Ile Gly Gly Leu Lys Val Thr Ser Lys Ile Tyr
100 105 110

Gly Asn Val Ala Asn Asn Ile Gln Val Gly Leu Glu Lys Asn Thr Leu
115 120 125
Ser Asp Ser Leu Arg Leu Arg Val Ile Phe Gln Asp Asp Arg Phe Asn
130 135 140
Glu Val Tyr Asp Asn Ile Gly Asn Ile Phe Thr Ile Lys Tyr Lys Gly
145 150 155 160
Glu Glu Ala Asn Ala Thr Phe Ser Val Glu His Asp Glu Glu Thr Gln
165 170 175
Lys Ala Ser Arg Leu Val Leu Lys Val Gly Asp Gln Glu Val Lys Ser
180 185 190
Tyr Asp Leu Thr Gly Gly Ala Tyr Asp Tyr Thr Asn Ala Ile Ile Thr
195 200 205
Asp Ile Asn Gln Leu Pro Asp Phe Glu Ala Lys Leu Ser Pro Phe Gly
210 215 220
Asp Lys Asn Leu Glu Ser Ser Lys Leu Asp Lys Ile Glu Asn Ala Asn
225 230 235 240
Ile Lys Asp Lys Ala Val Tyr Val Lys Ala Val Phe Gly Asp Leu Glu
245 250 255
Lys Gln Thr Ala Tyr Asn Gly Ile Val Ser Phe Glu Gln Leu Asn Ala
260 265 270
Glu Gly Glu Val Pro Ser Asn Val Glu Val Glu Ala Gly Glu Glu Ser
275 280 285
Ala Thr Val Thr Ala Thr Ser Pro Ile Lys Thr Ile Glu Pro Phe Glu
290 295 300
Leu Thr Lys Leu Thr Gly Gly Thr Asn Gly Glu Pro Pro Ala Thr Trp
305 310 315 320
Ala Asp Lys Leu Asp Lys Phe Ala His Glu Gly Gly Tyr Tyr Ile Val
325 330 335
Pro Leu Ser Ser Lys Gln Ser Val His Ala Glu Val Ala Ser Phe Val
340 345 350
Lys Glu Arg Ser Asp Ala Gly Glu Pro Met Arg Ala Ile Val Gly Gly
355 360 365
Gly Phe Asn Glu Ser Lys Glu Gln Leu Phe Gly Arg Gln Ala Ser Leu
370 375 380
Ser Asn Pro Arg Val Ser Leu Val Ala Asn Ser Gly Thr Phe Val Met
385 390 395 400
Asp Asp Gly Arg Lys Asn His Val Pro Ala Tyr Met Val Ala Val Ala
405 410 415
Leu Gly Gly Leu Ala Ser Gly Leu Glu Ile Gly Glu Ser Ile Thr Phe
420 425 430
Lys Pro Leu Arg Val Ser Ser Leu Asp Gln Ile Tyr Glu Ser Ile Asp
435 440 445
Leu Asp Glu Leu Asn Glu Asn Gly Ile Ile Ser Ile Glu Phe Val Arg
450 455 460
Asn Arg Thr Asn Thr Phe Phe Arg Ile Val Asp Asp Val Thr Thr Phe
465 470 475 480
Asn Asp Lys Ser Asp Pro Val Lys Ala Glu Met Ala Val Gly Glu Ala
485 490 495

Asn Asp Phe Leu Val Ser Glu Leu Lys Val Gln Leu Glu Asp Gln Phe
500 505 510
Ile Gly Thr Arg Thr Ile Asn Thr Ser Ala Ser Ile Ile Lys Asp Phe
515 520 525
Ile Gln Ser Tyr Leu Gly Arg Lys Lys Arg Asp Asn Glu Ile Gln Asp
530 535 540
Phe Pro Ala Glu Asp Val Gln Val Ile Val Glu Gly Asn Glu Ala Arg
545 550 555 560
Ile Ser Met Thr Val Tyr Pro Ile Arg Ser Phe Lys Lys Ile Ser Val
565 570 575
Ser Leu Val Tyr Lys Gln Gln Thr Leu Glu Ala
580 585

<210> 630
<211> 134
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 630
Met Ala Ser Glu Ala Lys Gln Thr Val His Thr Gly Asn Thr Val Leu
1 5 10 15
Leu Met Ile Lys Gly Lys Pro Val Gly Arg Ala Gln Ser Ala Ser Gly
20 25 30
Gln Arg Glu Tyr Gly Thr Thr Gly Val Tyr Glu Ile Gly Ser Ile Met
35 40 45
Pro Gln Glu His Val Tyr Leu Arg Tyr Glu Gly Thr Ile Thr Val Glu
50 55 60
Arg Leu Arg Met Lys Lys Glu Asn Phe Ala Asp Leu Gly Tyr Ala Ser
65 70 75 80
Leu Gly Glu Glu Ile Leu Lys Lys Asp Ile Ile Asp Ile Leu Val Val
85 90 95
Asp Asn Leu Thr Lys Gln Val Ile Ile Ser Tyr His Gly Cys Ser Ala
100 105 110
Asn Asn Tyr Asn Glu Thr Trp Gln Thr Asn Glu Ile Val Thr Glu Glu
115 120 125
Ile Glu Phe Ser Tyr Leu
130

<210> 631
<211> 309
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 631
Met Gly Lys Asn Gln Tyr Thr Phe Asn Ile Lys Glu Asn Lys Asn Lys
1 5 10 15
Trp Tyr Glu Trp Cys Lys Leu Gln Asn Val Lys Pro Leu Val Glu Tyr
20 25 30

Glu Asn Ala Gln Gln Ile Phe Tyr Phe Glu Phe Leu Glu Gly Lys Phe
35 40 45
Lys Gly Leu Ile Gly Lys Thr Tyr Trp Ala Ser Ile Asn Arg Gly Ser
50 55 60
Asn Met Arg Met Ser Cys Leu Thr Ser Glu Ser Lys Asp Lys Tyr Leu
65 70 75 80
Lys Asn Leu Gly Lys Arg Lys Gly Ile Glu Val Val Glu Asp Tyr Lys
85 90 95
Gly Gly Arg Lys Leu Lys His Lys Phe Ile Val Leu Glu Gly Lys Tyr
100 105 110
Gln Gly Cys Glu Gly Tyr Ile Thr Leu Asn Asp Leu Glu Asn Leu Gly
115 120 125
Arg Val Asp Asn Arg Ser Leu Ser Glu Lys Gly Arg Lys Gln Tyr Phe
130 135 140
Asp Lys Gln Ala Arg Leu Arg Asp Cys Ile Ile Leu Glu Tyr Pro Lys
145 150 155 160
Asp Tyr Arg Ile Lys Thr Lys Asp Lys Ile Val Val Lys Asp Lys Glu
165 170 175
Gly His Val His Asn Ile Ile Val Gln Asp Phe Phe Glu Lys Ser Ser
180 185 190
Leu Leu Glu Leu Ser Cys Ala Ser Glu Gly Glu Lys Ile Val Lys Glu
195 200 205
Ile Leu Thr Lys Asn Ser Ile Lys Phe Glu Lys Glu Lys Ser Phe Arg
210 215 220
Asn Lys Glu Gly Lys Val Gln Arg Phe Asp Phe Tyr Ile Asn Glu Asn
225 230 235 240
Asn Lys Glu Tyr Ala Ile Glu Tyr Asn Gly Ala Gln His Tyr Ile Asp
245 250 255
Ser Thr Gly Tyr Leu Lys Asp Thr Leu Glu Thr Thr Gln Lys Arg Asp
260 265 270
Lys Leu Lys Lys Glu Tyr Ser Lys Asp Lys Gly Ile Asn Leu Leu Ile
275 280 285
Ile Pro Tyr Thr Ile Thr Asp Lys Lys Glu Met Glu Lys Ile Ile Leu
290 295 300
Asn Phe Leu Asn Lys
305

<210> 632
<211> 52
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10

<400> 632
Met Asn Asn Arg Gln Ala Lys Leu Lys Gly Tyr Asn Gln Phe His Tyr
1 5 10 15
Tyr Asp Phe Pro Thr Thr Lys Gly Lys Phe Lys Asp Ile Met Lys Arg
20 25 30
Lys Ser Arg Thr Glu Leu Lys Lys Asp Leu Gln Lys Glu Arg Lys Tyr

35 40 45

Tyr Leu Asp Lys
50

<210> 633
<211> 46
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 633

Leu Thr Asn Lys Arg Lys Thr Ile Gly Lys Met Ser Asn Thr Arg Ala
1 5 10 15
Thr Trp Asn Ile Asn Pro Val Thr Lys Val Lys Lys Asp Lys Thr Lys
20 25 30
Tyr Ser Arg Lys Asn Lys His Lys Gly Leu Asp Asn Tyr Asn
35 40 45

<210> 634
<211> 96
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 634

Met Arg Ile Tyr Ile Ser Asn Asp Tyr Asn Lys Glu Leu Leu Asp Lys
1 5 10 15
Cys Leu Ser Asp Ile Asn Lys Asp Lys Gly Asn Ile Asn Tyr Ser Ile
20 25 30
Asn Tyr Gly Glu Gly Asn Ile Lys Glu Ala Asp Val Glu Ile Ile Lys
35 40 45
Leu Asp Lys Asn Leu Leu Glu Thr Glu Ser Arg Ala Phe Ala Tyr Ser
50 55 60
Lys Phe Val Glu Asp Cys Ile Phe Leu Phe Pro Tyr Lys Ile Ala Leu
65 70 75 80
Leu Arg Gly Gly Lys Ile Glu Leu Arg Phe Asp Trp Asn Glu Ile Leu
85 90 95

<210> 635
<211> 152
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 635

Met Ser Thr Phe Trp Ser Glu Arg Arg Thr Thr Asn Lys Asp Arg Gln
1 5 10 15
Val Lys Lys His Tyr Thr Gln Met Ser Met Tyr Glu Arg Lys Lys Cys
20 25 30
Val Glu Leu Leu Gln Glu Thr Ile Thr Glu Asn Arg Ile Ile Asn Phe
35 40 45

Thr Arg His Ser Ala Lys Lys Val Lys Gly Lys Pro Thr Thr Asn Ile
50 55 60
Pro Lys Leu Ile Gly Phe Ile Phe Lys Asn Lys Phe Ala Tyr Glu Asn
65 70 75 80
Ile Ile Glu Tyr Asn Asn Thr Asp Tyr Asn Gly Asn Ile Glu Arg Arg
85 90 95
Ile Val Val Lys His Pro Lys Val Ile Thr Val Glu Gly Lys Leu Ser
100 105 110
Tyr Gln Phe Leu Thr Ile Ser Leu Glu Asp Ala Arg Val Ile Thr Val
115 120 125
Trp Tyr Asn Ser Val Asp Asp Thr His Arg Thr Leu Asp Leu Asn Tyr
130 135 140
Tyr Ser Lys Asp Leu Thr Ile Gln
145 150

<210> 636
<211> 64
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 636
Met Gly Leu Thr Ile Val Asn Gly Tyr Phe Phe Leu Ser Ser Ile Ile
1 5 10 15
Phe Ile Val Val Ser Ile Leu Asn Gly Lys Gly Thr Val Thr Arg Glu
20 25 30
Ser Leu Ala Met Ser Gln Ala Leu Val Ile Ile Thr Ser Ile Gln Phe
35 40 45
Leu Ala Phe Leu Ile Ile Asn Gly Ile Tyr Tyr Ser Leu Lys Tyr Met
50 55 60

<210> 637
<211> 50
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 637
Met Glu Ile Tyr Ile Val Ile Asp Leu Arg Gly Ser Thr Glu Glu Glu
1 5 10 15
Thr Ser Met Asp Phe Lys Ala Phe Arg Lys Leu Gln Asp Ala Ile Thr
20 25 30
Tyr Val Asp Gly Asn Gly Asn Arg Asp Leu His Ile Ile Pro Leu Glu
35 40 45
Leu Glu
50

<210> 638
<211> 103
<212> PRT
<213> Unknown

<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 638
Met Ser Gln Asp Lys Leu Arg Ala Ile Tyr Thr Glu Met Lys Val Glu
1 5 10 15
Leu His Lys Phe Pro Lys Glu Val Asp Val Thr Ser Lys Ser Thr Ala
20 25 30
Ile Ala Ile Asn Gln Ile Leu Asp Lys Phe Lys Thr Leu Thr Glu Gln
35 40 45
Ala Gly Lys Ile Thr Arg Lys Tyr Leu Glu Gly Gln Glu Ile Leu Thr
50 55 60
Ile Asp Tyr Glu Tyr Tyr Asp Ser Leu Gln Glu Tyr Tyr Ile Tyr Leu
65 70 75 80
Leu Arg Asn Ser Glu Lys Ile Glu Gln Ser Leu Gln Glu Ile Thr Lys
85 90 95
Arg Thr Gly Glu Tyr Val Lys
100
<210> 639
<211> 152
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 639
Met Ala Glu Glu Ile Lys Lys Glu Gln Asp Val Gln Glu Thr Thr Lys
1 5 10 15
Glu Glu Lys Lys Asp Val Ser Lys Met Thr Pro Glu Glu Ile Asp Lys
20 25 30
Leu Lys Tyr Gln Asp Lys Gln Glu Lys Glu Gln Val Ile Asn Lys Val
35 40 45
Ile Lys Gly Val Asn Asp Thr Trp Glu Lys Glu Tyr Asn Phe Glu Glu
50 55 60
Leu Asp Leu Arg Phe Lys Val Lys Ile Lys Leu Pro Asn Ala Arg Glu
65 70 75 80
Gln Gly Asn Ile Phe Ala Leu Arg Ser Ala Tyr Leu Gly Gly Met Asp
85 90 95
Met Tyr Gln Thr Asp Gln Val Ile Arg Ala Tyr Gln Met Leu Ala Thr
100 105 110
Leu Gln Glu Val Gly Ile Glu Val Pro Lys Glu Phe Gln Asp Pro Asp
115 120 125
Asp Ile Tyr Asn Leu Tyr Pro Leu Thr Val Met Tyr Glu Asp Trp Leu
130 135 140
Gly Phe Leu Asn Ser Phe Arg Tyr
145 150
<210> 640
<211> 178
<212> PRT
<213> Unknown

<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 640

Met Glu Ser Ile Val Lys Gln Pro Leu Ser Arg Asn Leu Trp Ala Ile
1 5 10 15
Met Lys Glu Phe Asn Val Leu Pro Thr Glu Gln Arg Phe Lys Asp Leu
20 25 30
Asp Asp Tyr Gln Ile Glu Phe Ile Ile Gly Asn Met Asn Arg Asp Val
35 40 45
Tyr Glu His Asn Lys Gln Leu Lys Gln Ala Gln Lys Gly Gly Lys Phe
50 55 60
Asp Ser Gln Phe Glu Asp Asp Asp Ser Ser Trp Trp Asn Glu Ser His
65 70 75 80
Glu Asp Phe Asp Pro Val Pro Asp Phe Leu Asp Ala Asp Asp Leu Ala
85 90 95
Gln Gln Met Glu Ala Lys Leu Ser Asp Arg Asp Lys Glu Glu Arg Ala
100 105 110
Lys Arg Asn Asp Ala Glu Leu Asn Asp Glu Thr Glu Gly Leu Thr Thr
115 120 125
Gln His Leu Ala Met Met Glu Tyr Ile Arg Gln Lys Gln Gln Glu Leu
130 135 140
Asp Asp Glu Val Gly Asn Gly Lys Thr Ser Glu Asp Asp Ala Thr Ile
145 150 155 160
Ser Gln Asp Ser Val Asn Lys Ala Leu Glu Asp Leu Asp Asp Asp Trp
165 170 175
Tyr Met

<210> 641
<211> 1352
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 641

Met Met Ala Met Asn Asp Asp Tyr Arg Leu Val Leu Ser Gly Asp Ser
1 5 10 15
Ser Asp Leu Glu Asn Ser Leu Lys Ala Ile Glu Leu Tyr Met Asp Ser
20 25 30
Leu Glu Ser Lys Asn Ile Asp Ala Pro Leu Asp Asn Phe Leu Lys Lys
35 40 45
Leu Lys Val Ile Ala Lys Glu Val Lys Asn Val Gln Asn Ala Met Asp
50 55 60
Lys Gln Asp Gly Lys Ser Val Ile Ser Ser Lys Asp Met Asp Glu Ser
65 70 75 80
Ile Lys Ser Thr Gln Ser Ala Thr Lys Asn Ile Asn Glu Leu Lys Lys
85 90 95
Ala Leu Asp Asp Leu Gln Lys Glu Asn Ile Ser Lys Gly Ile Ala Pro
100 105 110
Asp Pro Glu Val Glu Lys Ala Tyr Ala Lys Met Gly Lys Val Val Asp

```
                115                 120                 125
Glu Thr Gln Glu Lys Leu Glu Lys Met Ser Ser Gln Lys Ile Gly Ser
    130                 135                 140
Asp Ala Ser Ile Gln Asn Arg Ile Lys Glu Met Lys Thr Leu Asn Gln
145                 150                 155                 160
Val Thr Glu Glu Tyr Asn Lys Ile Ser Lys Asp Ser Ser Ala Thr Lys
                165                 170                 175
Asp Tyr Thr Lys Arg Leu Arg Ala Asn Arg Asn Met Thr Arg Gly Tyr
            180                 185                 190
Met Glu Arg Ser Glu Gly Thr Gly Arg Leu Thr Tyr Asp Gln Gly Ala
        195                 200                 205
Arg Val Arg Ser Glu Leu Gly Lys Val Ser Ser Tyr Glu Ser Gln Arg
    210                 215                 220
Lys Gln Asn Gln Arg Asn Leu Gly Gln Ala Arg Glu Gln Tyr Ser Asn
225                 230                 235                 240
Tyr Arg Asn Gln Gln Gln Asp Leu Thr Lys Arg Arg Ala Ser Gly Gln
                245                 250                 255
Ile Asn Lys Ala Gln Tyr Glu Gln Glu Leu Ala Ser Ile Lys Gln Glu
            260                 265                 270
Met Lys Ala Arg Glu Glu Leu Ile Ser Asn Tyr Glu Lys Leu Gly Ala
        275                 280                 285
Glu Leu Asp Lys Thr Val Gln Tyr Tyr Lys Gly Ser Val Gln Lys Asp
    290                 295                 300
Phe Gln Ser Arg Asp Val Asp Gln Gln Arg Gly Thr Phe Gly Arg Met
305                 310                 315                 320
Val Gln Glu Arg Leu Pro Ser Ile Gly Ser His Ala Met Met Gly Thr
                325                 330                 335
Thr Ala Met Ala Thr Gly Leu Tyr Met Lys Gly Ala Ser Leu Ser Glu
            340                 345                 350
Thr Asn Arg Pro Met Val Thr Ser Leu Gly Gln Asn Ser Asp Asn Met
        355                 360                 365
Asp Ile Asp Ser Val Arg Asn Ala Tyr Gly Asp Leu Ser Ile Asp Asn
    370                 375                 380
Lys Leu Gly Tyr Asn Ser Thr Asp Met Leu Lys Met Ala Thr Ser Tyr
385                 390                 395                 400
Glu Ala Ser Val Gly His Lys Ser Asp Glu Asp Thr Met Ala Gly Thr
                405                 410                 415
Lys Gln Leu Ala Ile Gly Gly Arg Ser Leu Gly Ile Lys Asp Gln Glu
            420                 425                 430
Ala Tyr Gln Glu Ser Met Gly Gln Ile Met His Thr Gly Gly Val Asn
        435                 440                 445
Ser Asp Asn Met Lys Glu Met Gln Asp Ala Phe Leu Gly Gly Ile Lys
    450                 455                 460
Gln Ser Gly Met Val Gly Arg Gln Asp Glu Gln Leu Lys Ala Leu Gly
465                 470                 475                 480
Ser Ile Ala Glu Gln Ser Gly Glu Gly Arg Thr Leu Thr Lys Asp Gln
                485                 490                 495
Met Ser Asn Leu Thr Ala Met Gln Ser Thr Phe Ala Glu Ser Gly Ser
```

500 505 510

Lys Gly Leu Gln Gly Glu Gln Gly Ala Asn Ala Ile Asn Ser Ile Asp

515 520 525

Gln Gly Leu Lys Asn Gly Met Asn Ser Ser Tyr Ala Arg Ile Ala Met

530 535 540

Gly Trp Gly Thr Gln Tyr Gln Gly Leu Glu Gly Gly Tyr Asp Leu Gln

545 550 555 560

Lys Arg Met Asp Glu Gly Ile Ser Asn Pro Glu Asn Leu Thr Asp Met

565 570 575

Ala Asp Met Ala Thr Gln Met Gly Gly Ser Glu Lys Glu Gln Lys Tyr

580 585 590

Leu Phe Asn Arg Ser Met Lys Glu Ile Gly Ala Asn Leu Thr Met Glu

595 600 605

Gln Ser Asp Glu Ile Phe Lys Asp Ser Lys Glu Gly Lys Leu Ser Lys

610 615 620

Glu Glu Leu Ala Lys Lys Ala Lys Lys Met Glu Lys Glu Gly Lys Lys

625 630 635 640

Glu Gly Glu Asp Asn Ala Thr Asp Tyr Lys Glu Ser Lys Ser Gly Lys

645 650 655

Asn Asp Gln Asn Lys Ser Lys Thr Asp Asp Lys Ala Glu Asp Thr Tyr

660 665 670

Asp Met Ala Gln Pro Leu Arg Asp Ala His Ser Ala Leu Ala Gly Leu

675 680 685

Pro Ala Pro Ile Tyr Leu Ala Ile Gly Ala Ile Gly Ala Phe Thr Ala

690 695 700

Ser Leu Ile Ala Ser Ala Ser Gln Phe Gly Ala Gly His Leu Ile Gly

705 710 715 720

Lys Gly Ala Lys Gly Leu Arg Asn Lys Phe Gly Arg Asn Lys Gly Gly

725 730 735

Ser Ser Gly Gly Asn Pro Met Ala Gly Gly Met Pro Ser Gly Gly Gly

740 745 750

Ser Pro Lys Gly Gly Gly Ser Pro Lys Gly Gly Gly Thr Arg Ser Thr

755 760 765

Gly Gly Lys Ile Leu Asp Ser Ala Lys Gly Leu Gly Gly Phe Leu Val

770 775 780

Gly Gly Ala Gly Trp Lys Gly Met Phe Gly Gly Glu Ser Lys Gly Lys

785 790 795 800

Gly Phe Lys Gln Thr Ser Lys Glu Ala Trp Ser Gly Thr Arg Lys Val

805 810 815

Phe Asn Arg Asp Asn Gly Arg Lys Ala Met Asp Lys Ser Lys Asp Ile

820 825 830

Ala Lys Gly Thr Gly Ser Gly Leu Lys Asp Ile Tyr Asn Asp Ser Ile

835 840 845

Phe Gly Lys Glu Arg Arg Gln Asn Leu Gly Glu Lys Ala Lys Gly Phe

850 855 860

Gly Gly Lys Ala Lys Gly Leu Tyr Gly Lys Phe Ala Asp Lys Phe Gly

865 870 875 880

Asp Gly Gly Lys Asn Gly Ile Leu Ser Gln Ser Pro Lys Ala Gly Gly

885 890 895
Ser Gly Ile Gly Lys Leu Gly Lys Leu Ala Gly Gly Leu Gly Lys Gly
900 905 910
Ala Gly Val Leu Gly Val Ala Thr Ser Ala Leu Ser Leu Ile Pro Ala
915 920 925
Leu Ala Ser Gly Asp Ser Lys Ala Ile Gly Gly Gly Ile Gly Ser Met
930 935 940
Gly Gly Gly Met Ala Gly Ala Ser Ala Gly Ala Ser Ile Gly Ala Leu
945 950 955 960
Phe Gly Gly Val Gly Ala Ile Pro Gly Ala Leu Ile Gly Gly Ala Ile
965 970 975
Gly Ser Phe Gly Gly Gly Ala Val Gly Glu Lys Val Gly Asp Met Ala
980 985 990
Lys Lys Ala Asn Thr Lys Glu Gly Trp Asn Leu Gly Trp Thr Asn Gly
995 1000 1005
Asp Lys Asp Gly Lys Asn Lys Phe Gln Asp Ser Leu Leu Gly Lys
1010 1015 1020
Pro Ile Ser Lys Ala Trp Ser Gly Ile Thr Gly Leu Phe Asp Asn
1025 1030 1035
Asp Ala Glu Ala Ser Glu Glu Asn Ser Lys Asp Lys Lys Lys Gly
1040 1045 1050
Val Lys Gly Val Lys Gly Asp Thr Lys Lys Lys Glu Lys Met Thr
1055 1060 1065
Ala Glu Gln Leu Arg Glu Lys Asn Asn Gln Ser Glu Thr Lys Asn
1070 1075 1080
Leu Lys Ile Tyr Ser Asp Leu Leu Asp Arg Ala Gln Lys Ile Ile
1085 1090 1095
Glu Ser Ala Lys Gly Ile Asn Ile Asp Gly Gly Thr Ser Asp Ser
1100 1105 1110
Gly Ser Asp Ser Gly Gly Ser Ala Ser Asp Val Gly Gly Glu Gly
1115 1120 1125
Ala Glu Lys Met Tyr Lys Phe Leu Lys Gly Lys Gly Leu Ser Asp
1130 1135 1140
Asn Gln Val Gly Ala Val Met Gly Asn Leu Gln Gln Glu Ser Asn
1145 1150 1155
Leu Asp Pro Asn Ala Lys Asn Pro Ser Ser Gly Ala Phe Gly Ile
1160 1165 1170
Ala Gln Trp Leu Gly Ala Arg Lys Thr Gly Leu Asp Asn Phe Ala
1175 1180 1185
Lys Ser Lys Gly Lys Lys Ser Ser Asp Leu Asp Val Gln Leu Asp
1190 1195 1200
Tyr Leu Trp Lys Glu Met Gln Ser Asp Tyr Glu Ser Lys Asn Leu
1205 1210 1215
Lys Asn Ala Gly Trp Ser Lys Gly Gly Ser Leu Glu Gln Asn Thr
1220 1225 1230
Lys Ala Phe Ala Thr Gly Phe Glu Arg Met Gly Ala Asn Glu Ala
1235 1240 1245
Met Met Gly Thr Arg Val Asn Asn Ala Lys Glu Phe Lys Lys Lys

1250 1255 1260
Tyr Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Gly Gly Ala Met Ser Ser
1265 1270 1275
Thr Tyr Gln Glu Ala Met Ser Asn Pro Val Leu Thr Thr Gly Ser
1280 1285 1290
Asn Tyr Arg Gly Ser Asn Asp Ala Ser Asn Ala Ser Thr Thr Asn
1295 1300 1305
Arg Ile Thr Val Asn Val Asn Val Gln Gly Gly Asn Asn Pro Glu
1310 1315 1320
Glu Thr Gly Asp Ile Ile Gly Gly Arg Ile Arg Glu Val Leu Asp
1325 1330 1335
Ser Asn Met Asp Ile Phe Ala Asn Glu His Lys Arg Ser Tyr
1340 1345 1350

<210> 642
<211> 400
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 642

Met Lys Arg Leu Arg Arg Pro Lys Val Arg Ile Glu Ile Val Thr Asp
1 5 10 15
Asp Asn Thr Phe Thr Leu Arg Phe Glu Asp Thr Arg Asp Tyr Asn Gly
20 25 30
Asp Glu Phe Gly Ala Lys Leu Leu Gly Phe Gln Thr Lys Asn Ser Met
35 40 45
Glu Asp Asp Ser Ser Val Phe Gln Ile Asn Met Ala Gly Asp Thr Tyr
50 55 60
Trp Asp Lys Leu Val Met Ala Asn Asp Ile Ile Arg Ile Phe Ile Thr
65 70 75 80
Pro Asn Asp Asp Pro Asn Asp Lys Glu Gly Arg Gln Glu Arg Leu Ile
85 90 95
Gln Val Gly Met Val Ser Gln Val Ser Lys Val Gly Ser Tyr Gly Asn
100 105 110
Asp Gln Thr Gln Phe Arg Ile Thr Gly Gln Ser Phe Val Lys Pro Phe
115 120 125
Met Lys Phe Gly Leu Gly Val Ile Gln Glu Val Gln Ala Val Leu Pro
130 135 140
Glu Val Gly Trp Leu Ile Asp Gly Asp Gly Asp Asn Glu Val Lys Phe
145 150 155 160
Thr Gly Ser Ser Ala His Glu Val Met Thr Gly Ile Ile Arg Arg Phe
165 170 175
Val Pro Tyr Met Lys Tyr Asn Tyr Thr Glu Lys Thr Tyr Asn Thr Ile
180 185 190
Asp Ser Tyr Leu Asp Tyr Asp Asp Leu Ser Ser Trp Asp Glu Phe Glu
195 200 205
Asn Leu Thr Glu Val Ser Ala Phe Thr Asn Phe Asp Gly Ser Leu Lys
210 215 220

Gln Leu Met Asp Met Val Thr Ala Arg Pro Phe Asn Glu Leu Phe Phe
225 230 235 240
Lys Asn Ser Glu Lys Thr Pro Gly Lys Ala Gln Leu Val Leu Arg Lys
245 250 255
Thr Pro Phe Asn Pro Thr Glu Trp Arg Ala Leu Asp Met Ile Lys Val
260 265 270
Pro Thr Glu Asp Phe Ile Glu Glu Asp Val Gly Lys Ser Asp Val Glu
275 280 285
Thr Tyr Ser Ile Phe Thr Ala Thr Pro Ala Gly Met Leu Lys Glu Leu
290 295 300
Asn Gly Asp Val Phe Ser Lys Pro Gln Phe His Pro Glu Leu Thr Asp
305 310 315 320
Arg Tyr Gly Tyr Thr Lys Phe Glu Val Glu Asn Ile Tyr Leu Ser Thr
325 330 335
Lys Ser Gly Ser Ala Thr Glu Asp Ser Asp Ser Ser Gly Asp Asp Asn
340 345 350
Gly Thr Glu Arg Gly Thr Tyr Ser Lys Ile Met Lys Asp Leu Ser Asn
355 360 365
Tyr Gly Arg Asp Asn Ile Ser Lys Gly Ile Asp Lys Tyr Thr Ser Lys
370 375 380
Leu Ser Ser Lys Tyr Lys Asn Leu Lys Lys Pro Lys Leu Lys Lys Leu
385 390 395 400

<210> 643
<211> 36
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 643

Leu Thr Lys Asp Lys Leu Lys Ser Ile Leu Lys Glu Lys Phe Lys Thr
1 5 10 15
Gln Asp Asp Phe Asn Asn Ser Lys Lys Arg Lys Lys Leu Lys Gln Met
20 25 30
His Leu Lys Asn
35

<210> 644
<211> 338
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 644

Leu Thr Thr Lys Tyr Arg Phe Gly Asn Lys Thr His Ala Thr Thr Leu
1 5 10 15
Leu Asp Glu Tyr Ile Lys Tyr Lys Gly Glu Pro Pro Asn Asp Glu Ala
20 25 30
Phe Asp Lys Tyr Leu Lys Ala Ile Glu Gly Val Ser Asn Ile Ala Thr
35 40 45

Asp Thr Gly Ser Asp Ala Ser Asp Ser Pro Leu Val Met Phe Ser Arg
50 55 60
Met Leu Phe Asn Trp Tyr His Gly Asn Pro Asn Phe Tyr Ala Gly Asp
65 70 75 80
Ile Ile Val Leu Gly Asp Pro Lys Tyr Asp Leu Gly Lys Arg Leu Phe
85 90 95
Ile Glu Asp Lys Gln Arg Gly Asp Thr Trp Glu Phe Tyr Ile Glu Ser
100 105 110
Val Glu His Lys Phe Asp Tyr Lys Gln Gly Tyr Tyr Thr Thr Val Gly
115 120 125
Val Thr Arg Gly Leu Lys Asp Ala Ile Leu Glu Asp Gly Lys Gly Ser
130 135 140
Pro His Arg Phe Ala Gly Leu Trp Asn Gln Ser Ser Asp Phe Met Gly
145 150 155 160
Gly Leu Met Gly Glu Asp Thr Ser Lys Glu Leu Lys Glu Lys Gly Val
165 170 175
Ser Glu Lys Gln Ser Ser Gly Asp Lys Asp Gly Gly Ser Asp Ser Gly
180 185 190
Gly Ala Gln Asp Gly Gly Ser Leu Asp Ser Leu Lys Lys Tyr Asn Gly
195 200 205
Lys Leu Pro Lys His Asp Pro Ser Phe Val Gln Pro Gly Asn Arg His
210 215 220
Tyr Lys Tyr Gln Cys Thr Trp Tyr Ala Tyr Asn Arg Arg Gly Gln Leu
225 230 235 240
Gly Ile Pro Val Pro Leu Trp Gly Asp Ala Ala Asp Trp Ile Gly Gly
245 250 255
Ala Lys Gly Ala Gly Tyr Gly Val Gly Arg Thr Pro Lys Gln Gly Ala
260 265 270
Cys Val Ile Trp Gln Arg Gly Val Gln Gly Gly Ser Ala Gln Tyr Gly
275 280 285
His Val Ala Phe Val Glu Lys Val Leu Asp Gly Gly Lys Lys Ile Phe
290 295 300
Ile Ser Glu His Asn Trp Ala Thr Pro Asn Gly Tyr Gly Thr Arg Thr
305 310 315 320
Ile Asp Met Ser Ser Ala Ile Gly Lys Asn Ala Gln Phe Ile Tyr Asp
325 330 335
Lys Lys
<210> 645
<211> 295
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 645
Met Ala Thr Asp Lys Glu Ala Lys Asp Val Ile Asp Lys Phe Ile Asp
1 5 10 15
Asn Val Phe Asn Phe Asp Val Leu Thr Met Glu Arg Val Lys Glu Lys
20 25 30

Asp Glu Glu Ile Lys Lys Ile Thr Thr Asp Asp Met Tyr Glu Lys Val
35 40 45
Val Tyr Ile Arg Pro Tyr Val Gly Val Ile Gln Ser Leu Asn Pro Gln
50 55 60
His Val Gln Tyr Glu Ser Phe Ser Asn Asn Gly Tyr Asp Ile Glu Ala
65 70 75 80
Glu Leu Ser Phe Arg Lys Val Ser Tyr Leu Val Asp Lys Gly Ser Ile
85 90 95
Pro Thr Asp Ser Leu Ser Thr Leu Thr Val His Leu Val Glu Arg Asn
100 105 110
Gln Glu Leu Leu Ile Asp Tyr Phe Asp Glu Ile Gln Asp Val Leu Tyr
115 120 125
Gly Glu Tyr Met Glu Glu Glu Tyr Val Phe Asp Glu Asp Val Pro Leu
130 135 140
Ser Thr Ile Leu Ala Leu Asp Leu Asn Asp Asn Leu Lys Ser Leu Ser
145 150 155 160
Asn Ile Lys Tyr Met Phe Lys Gly Ala Pro Lys Glu Asn Pro Phe Gly
165 170 175
Thr Asp Lys Asp Val Tyr Ile Asp Thr Tyr Asn Leu Leu Tyr Trp Leu
180 185 190
Tyr Leu Gly Glu Asp Glu Glu Leu Ala Tyr Pro Met Asn Ile Asn Tyr
195 200 205
Phe Phe Thr Glu Gly Arg Phe Phe Thr Ile Phe Gly Lys Gly His Lys
210 215 220
Tyr Lys Val Asp Val Ser Lys Phe Ile Val Gly Asp Ile Leu Phe Phe
225 230 235 240
Gly Arg Ser Asp Thr Asn Ile Gly Ile Tyr Val Gly Asp Gly Glu Phe
245 250 255
Ile Ser Met Ile Gly Lys Phe Pro Lys Asp Glu Thr Pro Ile Gly Lys
260 265 270
Tyr Lys Leu Asp Asp Tyr Trp Asn Glu Phe Asn Gly Arg Val Met Arg
275 280 285
Phe Asp Glu Glu Val Tyr Ile
290 295

<210> 646
<211> 848
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 646

Met Val Val Arg Phe Gln Ser Ser Met Gly Arg Ser Leu Lys Arg Val
1 5 10 15
Asp Ser Asp Asp Leu Asn Val Lys Gly Leu Val Leu Ala Thr Val Ser
20 25 30
Lys Ile Asn Tyr Lys Tyr Gln Ser Val Glu Val Lys Val Asn Asn Leu
35 40 45
Thr Leu Gly Ser Arg Ile Gly Asp Asp Gly Ser Leu Ala Val Pro Tyr

50 55 60

Pro Lys Ser Phe Ile Gly Arg Thr Pro Glu Gly Ser Val Phe Gly Thr
65 70 75 80
Lys Pro Leu Ile Thr Glu Gly Ser Val Val Leu Ile Gly Phe Leu Asn
85 90 95
Asp Asp Ile Asn Ser Pro Ile Ile Leu Ser Val Tyr Gly Asp Asn Glu
100 105 110
Gln Asn Lys Met Ile Asn Thr Asn Pro Leu Asp Gly Gly Lys Phe Asp
115 120 125
Thr Asp Ser Val Tyr Lys Tyr Ser Ser Ala Leu Tyr Glu Ile Leu Pro
130 135 140
Ser Leu Asn Tyr Lys Tyr Asp Asp Gly Glu Gly Thr Ser Ile Lys Thr
145 150 155 160
Tyr Asn Gly Lys Ser Phe Phe Ser Met Thr Ser Gly Glu Glu Glu Lys
165 170 175
Pro Gln Ala Thr Asp Phe Tyr Thr Gly Thr Glu Tyr Gln Asp Leu Phe
180 185 190
Thr Ser Tyr Tyr Gly Asn Lys Thr Leu Ile Glu Pro Arg Ile Gln Lys
195 200 205
Ala Pro Asn Met Leu Phe Lys His Gln Gly Val Phe Tyr Asp Asp Gly
210 215 220
Thr Pro Asp Asn His Ile Thr Thr Leu Phe Ile Ser Glu Arg Gly Asp
225 230 235 240
Ile Arg Ala Ser Val Leu Asn Thr Glu Thr Gln Lys Arg Thr Thr Gln
245 250 255
Glu Met Ser Ser Asp Gly Ser Tyr Arg Val Ile Lys Gln Asp Asp Asp
260 265 270
Leu Met Leu Asp Glu Ala Gln Val Trp Ile Glu Tyr Gly Ile Ser Glu
275 280 285
Asp Asn Lys Phe Tyr Ile Lys Asn Asp Lys His Lys Phe Glu Phe Thr
290 295 300
Asp Glu Gly Ile Tyr Ile Asp Asp Lys Pro Met Leu Glu Asn Leu Asp
305 310 315 320
Glu Ser Ile Ala Glu Ala Met Lys Asn Leu Asn Glu Ile Gln Lys Glu
325 330 335
Leu Asp Asp Ile Asn Tyr Leu Leu Glu Gly Val Gly Lys Asp Asn Leu
340 345 350
Glu Glu Leu Ile Glu Ser Thr Lys Glu Ser Ile Glu Ala Ser Lys Lys
355 360 365
Ala Thr Ser Asp Val Asn Arg Leu Thr Thr Gln Ile Ala Glu Val Ser
370 375 380
Gly Arg Thr Glu Gly Ile Ile Thr Gln Phe Gln Lys Phe Arg Asp Glu
385 390 395 400
Thr Phe Lys Asp Phe Tyr Glu Asp Ala Ser Thr Val Ile Asn Glu Val
405 410 415
Asn Gln Asn Phe Pro Thr Met Lys Thr Asp Val Asn Thr Leu Lys Thr
420 425 430
Lys Val Asp Asn Leu Glu Lys Thr Glu Ile Pro Asn Ile Lys Thr Arg

```
                435                 440                 445
Leu Thr Glu Leu Glu Asn Asn Asn Asn Asn Ala Asp Lys Ile Ile Ser
    450                 455                 460
Asp Arg Gly Glu His Ile Gly Ala Met Ile Gln Leu Glu Glu Asn Val
465                 470                 475                 480
Thr Val Pro Thr Arg Asn Tyr Met Pro Ile Pro Trp Ser Lys Val Thr
                485                 490                 495
Tyr Asn Asn Ala Glu Phe Trp Asp Ser Asn Asn Pro Thr Arg Leu Val
            500                 505                 510
Val Pro Lys Gly Ile Thr Lys Val Arg Val Ala Gly Asn Val Leu Trp
        515                 520                 525
Asp Ser Asn Ala Thr Gly Gln Arg Met Leu Arg Ile Leu Lys Asn Gly
    530                 535                 540
Thr Tyr Ser Leu Gly Leu Pro Tyr Thr Arg Asp Val Ala Ile Ser Thr
545                 550                 555                 560
Ala Pro Gln Asn Gly Thr Ser Gly Val Ile Pro Val Lys Glu Gly Asp
                565                 570                 575
Tyr Phe Glu Phe Glu Ala Phe Gln Asp Ser Glu Gly Asp Arg Gln Phe
            580                 585                 590
Arg Ala Asp Pro Tyr Thr Trp Phe Ser Ile Glu Ala Ile Glu Leu Glu
        595                 600                 605
Thr Glu Thr Met Glu Lys Asp Phe Met Leu Ile Gly His Arg Gly Ala
    610                 615                 620
Thr Gly Tyr Thr Asp Glu His Thr Ile Lys Gly Tyr Gln Met Ala Leu
625                 630                 635                 640
Asp Lys Gly Ala Asp Tyr Ile Glu Leu Asp Leu Gln Leu Thr Lys Asp
                645                 650                 655
Asn Lys Leu Leu Cys Met His Asp Ser Thr Ile Asp Arg Thr Thr Thr
            660                 665                 670
Gly Thr Gly Lys Val Gly Asp Met Thr Leu Ser Tyr Ile Gln Thr Asn
        675                 680                 685
Phe Thr Ser Leu Asn Gly Glu Pro Ile Pro Ser Leu Asp Asp Val Leu
    690                 695                 700
Asn His Phe Gly Thr Lys Val Lys Tyr Tyr Ile Glu Thr Lys Arg Pro
705                 710                 715                 720
Phe Asp Ala Asn Met Asp Lys Glu Leu Leu Thr Gln Leu Lys Ala Lys
                725                 730                 735
Gly Leu Ile Gly Ile Gly Ser Glu Arg Phe Gln Val Ile Ile Gln Ser
            740                 745                 750
Phe Ala Arg Glu Ser Leu Ile Asn Ile His Asn Gln Phe Ser Asn Ile
        755                 760                 765
Pro Leu Ala Tyr Leu Thr Ser Thr Phe Ser Glu Ser Glu Met Asp Asp
    770                 775                 780
Cys Leu Ser Tyr Gly Ser Tyr Ala Ile Ala Pro Lys Tyr Thr Thr Ile
785                 790                 795                 800
Thr Lys Glu Leu Val Asp Leu Ala His Ser Lys Gly Leu Lys Val His
                805                 810                 815
Ala Trp Thr Val Asn Thr Lys Glu Glu Met Gln Ser Leu Ile Gln Met
```

820 825 830
Gly Val Asp Gly Phe Phe Thr Asn Tyr Leu Asp Glu Tyr Lys Lys Ile
835 840 845

<210> 647
<211> 263
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 647

Met Pro Gln Ser Asp Gly Ile Ser Asn Leu His Arg Ile Ala Leu Arg
1 5 10 15
Phe Pro Lys Glu Gly Gly Gly Tyr Asp Met Tyr Arg Phe Lys Val Asn
20 25 30
Pro Glu Asn Tyr Thr Ile Asp Ser Pro Gln Arg Thr Thr Ala Ile Lys
35 40 45
Thr Lys Ser Asp Ile Val Ile Glu Asp Tyr Gly Lys Asp Ile Glu Val
50 55 60
Ile Asn Phe Thr Gly Thr Thr Gly Phe Arg Pro Val Arg Glu Ala Asp
65 70 75 80
Gly Leu Lys Thr Gly Lys Gln Lys Met Glu Glu Leu Gln Ser Arg Val
85 90 95
Ser Glu Tyr Ala Met Gln Gly Gly Ser Gly Asn Val Ser Gly Ser Tyr
100 105 110
Leu Gln Phe Phe Asn Phe Thr Asp Asp Ser Tyr Tyr Lys Val His Leu
115 120 125
Ala Pro Gln Gly Leu Lys Ile Thr Arg Ser Lys Asp Glu Pro Leu Leu
130 135 140
Phe Arg Tyr Glu Ile Thr Leu Val Val Ile Gly Ser Leu Thr Glu Ala
145 150 155 160
Asp Arg Ser Ala Val Thr Thr Glu Glu Phe Gly Asn Val Lys Pro Asn
165 170 175
Ala Ser Gln Arg Val Asp Glu Gly Ile Lys Glu Leu Asp Lys Asn Ala
180 185 190
Arg Lys Thr Arg Asp Arg Asn Asn Gln Glu Ile Ser Lys Arg Glu Asn
195 200 205
Thr Ile Pro Lys Ser Thr Gly Asp Asn Thr Asn Glu Gly Asn Arg Leu
210 215 220
Lys Gln Ser Phe Pro Ser Ser Ser Ile Tyr Asn Pro Arg Gln Ser Thr
225 230 235 240
Asn Gly Leu Lys Gly Asn Ile Asp Asn Met Ala Leu Ile Ile Gly Tyr
245 250 255
Gly Asp Gly Gly Val Ser Ser
260

<210> 648
<211> 174
<212> PRT
<213> Unknown

<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 648

Met	Asn	Asn	Phe	Ile	Pro	Gln	Pro	Gln	Gly	Leu	Leu	Arg	Phe	Leu	Asn
1				5				10						15	
Ala	Leu	Asp	Ala	Asp	Leu	Thr	Ser	Ser	His	Met	Asn	Leu	Leu	Asp	Glu
			20					25					30		
Glu	Val	Ser	Phe	Val	Ser	Lys	Phe	Tyr	Thr	Pro	Gln	Leu	Gln	Leu	Ser
		35					40					45			
Glu	Leu	Ala	Lys	Lys	Val	Leu	Thr	Asn	Ile	Lys	Thr	Asp	Asp	Ile	Pro
	50					55					60				
Val	Leu	Glu	Arg	Glu	Phe	Asn	Asp	Asn	Thr	Ile	Ile	His	Lys	Ala	Asn
65					70					75					80
Asp	Thr	Leu	Leu	Lys	Val	Gln	Ala	Pro	Arg	Met	Tyr	Met	Ile	Leu	Gln
				85					90					95	
Ser	Ile	Val	Leu	Glu	Ala	Tyr	Ala	Ile	Val	Asn	Cys	Phe	Val	Glu	Asn
			100					105					110		
Pro	Ser	Ser	Leu	Lys	Tyr	Leu	Thr	Glu	Glu	Asp	Val	Ser	Ile	Thr	Arg
		115					120					125			
Glu	Asn	Leu	Asn	Tyr	Val	Ala	Asp	Tyr	Leu	Gly	Asn	Tyr	Asp	Asp	Tyr
	130					135					140				
Asn	Ser	Val	Val	Leu	Asp	Leu	Arg	Asp	Leu	Asp	Leu	Cys	Phe	Ser	Ala
145					150					155					160
Ile	Glu	Leu	Gln	Leu	Pro	Leu	Ile	Lys	Lys	Glu	Ala	Asn	Val		
				165					170						

<210> 649
<211> 234
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 649

Met	Arg	Phe	Lys	Lys	His	Val	Val	Gln	His	Glu	Glu	Thr	Met	Gln	Ala
1				5				10						15	
Ile	Ala	Gln	Arg	Tyr	Tyr	Gly	Asp	Val	Ser	Tyr	Trp	Ile	Asp	Leu	Val
			20					25					30		
Glu	His	Asn	Asn	Leu	Lys	Tyr	Pro	Tyr	Leu	Val	Glu	Thr	Asp	Glu	Glu
		35					40					45			
Lys	Met	Lys	Asp	Pro	Glu	Arg	Leu	Ala	Ser	Thr	Gly	Asp	Thr	Leu	Ile
	50					55					60				
Ile	Pro	Ile	Glu	Ser	Asp	Leu	Thr	Asp	Val	Ser	Ala	Lys	Glu	Ile	Asn
65					70					75					80
Ser	Arg	Asp	Lys	Asp	Val	Leu	Val	Glu	Leu	Ala	Leu	Gly	Arg	Asp	Leu
				85					90					95	
Asn	Ile	Thr	Ala	Asp	Glu	Lys	Tyr	Phe	Asn	Glu	His	Gly	Thr	Ser	Asp
			100					105					110		
Asn	Ile	Leu	Ala	Phe	Ser	Thr	Asn	Gly	Asn	Gly	Asp	Leu	Asp	Thr	Val
		115					120					125			

Lys Gly Ile Asp Asn Met Lys Gln Gln Leu Gln Ala Arg Leu Leu Thr
130 135 140
Pro Arg Gly Ser Leu Met Leu His Pro Asn Tyr Gly Ser Asp Leu His
145 150 155 160
Asn Leu Phe Gly Leu Asn Ile Pro Glu Gln Ala Thr Leu Ile Glu Met
165 170 175
Glu Val Leu Arg Thr Leu Thr Ser Asp Asn Arg Val Lys Ser Ala Asn
180 185 190
Leu Ile Asp Trp Lys Ile Gln Gly Asn Val Tyr Ser Gly Gln Phe Ser
195 200 205
Val Glu Ile Lys Ser Val Glu Glu Ser Ile Asn Phe Val Leu Gly Gln
210 215 220
Asp Glu Glu Gly Ile Phe Ala Leu Phe Glu
225 230

<210> 650
<211> 348
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 650

Met Lys Thr Arg Lys Leu Thr Asn Ile Leu Ser Lys Leu Ile Asp Lys
1 5 10 15
Thr Met Ala Gly Thr Ser Lys Ile Thr Asp Phe Thr Pro Gly Ser Ala
20 25 30
Ser Arg Ser Leu Leu Glu Ala Val Ser Leu Glu Ile Glu Gln Phe Tyr
35 40 45
Ile Leu Thr Lys Glu Asn Ile Asp Trp Gly Ile Gln Glu Gly Ile Ile
50 55 60
Glu Ala Phe Asp Phe Gln Lys Arg Gln Ser Lys Arg Ala Tyr Gly Asp
65 70 75 80
Val Thr Ile Gln Phe Tyr Gln Pro Leu Asp Met Arg Met Tyr Ile Pro
85 90 95
Ala Gly Thr Thr Phe Thr Ser Thr Arg Gln Glu Tyr Pro Gln Gln Phe
100 105 110
Glu Thr Leu Val Asp Tyr Tyr Ala Glu Pro Asp Ser Thr Glu Ile Val
115 120 125
Val Glu Val Tyr Cys Lys Glu Thr Gly Val Ala Gly Asn Val Pro Glu
130 135 140
Gly Thr Ile Asn Thr Ile Ala Ser Gly Ser Ser Leu Ile Arg Ser Val
145 150 155 160
Asn Asn Glu Tyr Ser Phe Asn Thr Gly Thr Lys Glu Glu Ser Gln Glu
165 170 175
Asp Phe Lys Arg Arg Phe His Ser Phe Val Glu Ser Arg Gly Arg Ala
180 185 190
Thr Asn Lys Ser Val Arg Tyr Gly Ala Leu Gln Ile Pro Asp Val Glu
195 200 205
Gly Val Tyr Val Tyr Glu Glu Thr Gly His Ile Thr Val Phe Ala His

210 215 220
Asp Arg Asn Gly Asn Leu Ser Asp Thr Leu Lys Glu Asp Ile Ile Asp
225 230 235 240
Ala Leu Gln Asp Tyr Arg Pro Ser Gly Ile Met Leu Asp Val Thr Gly
245 250 255
Val Glu Lys Glu Glu Val Asn Val Ser Ala Thr Val Thr Ile Ser Asn
260 265 270
Lys Ser Arg Ile Gly Asp Thr Leu Gln Lys His Ile Glu Gly Val Ile
275 280 285
Arg Ser Tyr Leu Asn Asn Leu Lys Thr Ser Asp Asp Leu Ile Ile Thr
290 295 300
Asp Leu Ile Gln Ala Ile Met Asn Ile Asp Asp Val Leu Ile Tyr Asp
305 310 315 320
Val Ser Phe Asp Asn Leu Asp Glu Asn Ile Ile Val Pro Pro Gln Gly
325 330 335
Ile Ile Arg Ala Gly Glu Ile Lys Val Glu Leu Lys
340 345

<210> 651
<211> 854
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 651

Val Ala Asn Phe Leu Lys Asn Leu His Pro Leu Leu Arg Arg Asp Arg
1 5 10 15
Asn Lys Lys Asp Asn Gln Asp Pro Asn Phe Ala Leu Ile Asp Ala Leu
20 25 30
Asn Glu Glu Met Asn Gln Val Glu Lys Asp Ala Ile Glu Ser Lys Leu
35 40 45
Gln Ser Ser Leu Lys Thr Ser Thr Ser Glu Tyr Leu Asp Lys Phe Gly
50 55 60
Asp Trp Phe Gly Val Tyr Arg Lys Thr Asp Glu Asn Asp Asp Val Tyr
65 70 75 80
Arg Ala Arg Ile Ile Lys Tyr Leu Leu Leu Lys Arg Gly Thr Asn Asn
85 90 95
Ala Ile Ile Asp Ala Ile Lys Asp Tyr Leu Gly Arg Asp Asp Ile Asp
100 105 110
Val Ser Val Tyr Glu Pro Phe Thr Asn Ile Phe Tyr Thr Asn Lys Ser
115 120 125
His Leu Asn Gly Glu Asp His Leu Met Gly Tyr Tyr Tyr Arg Phe Ala
130 135 140
Val Ile Asn Val Ser Ile Gly Asp Tyr Phe Pro Val Glu Ile Ile Asp
145 150 155 160
Val Ile Asn Glu Phe Lys Pro Ala Gly Val Thr Leu Tyr Val Thr Tyr
165 170 175
Asp Gly Ala Ser Thr Ile Arg Gly Gly Ala Ile Ile Lys Trp Leu Asp
180 185 190

```
Gly Leu Pro Lys Ile Glu Thr Tyr Gln Glu Phe Asp Arg Phe Thr Gly
        195                 200                 205
Tyr Asp Asp Thr Phe Tyr Gly His Ile Asn Met Asn Gln Ser Lys Asp
    210                 215                 220
Thr Asp Asn Ser Thr Ser Asp Ile Phe Lys Thr Asn His Ser Leu Ile
225                 230                 235                 240
Asn Ser Leu Asp Val Leu Thr Gly Ser Ser Ser Val Gly Arg Gln Tyr
                245                 250                 255
Val Asn Tyr Gly Tyr Ile Thr Ser Tyr Val Tyr Asn Pro Gly Met Thr
            260                 265                 270
Ser Ser Val Asn Gln Ile Ser Ala Ser Thr Glu Gly Arg Gly Gln Glu
        275                 280                 285
Val Pro Thr Asp Tyr Tyr Met Tyr Thr Ser Thr Lys Asn Asn Asn Thr
    290                 295                 300
Val Glu Leu Ser Met Gln Thr Thr Ser Gly Val Ser Tyr Leu Tyr Asn
305                 310                 315                 320
Asn Phe Asn Phe Arg Asp Tyr Met Ser Lys Tyr Arg Pro Gln Val Asn
                325                 330                 335
Leu Gln Ser Asp Glu Ala Arg Arg Ile Val Ser Asp Tyr Ile Lys Glu
            340                 345                 350
Leu Ser Ile Asp Tyr Tyr Leu Ser Ala Val Ile Pro Pro Asp Glu Ser
        355                 360                 365
Ile Glu Ile Lys Leu Gln Val Tyr Asp Phe Ser Ile Asn Arg Trp Leu
    370                 375                 380
Thr Val Ser Ile Asn Asn Leu Ser Phe Tyr Glu Lys Asn Ile Gly Ser
385                 390                 395                 400
Asn Ile Gly Tyr Ile Lys Asp Tyr Leu Asn Ser Glu Leu Asn Met Phe
                405                 410                 415
Thr Arg Leu Glu Ile Asn Ala Gly Lys Arg Asp Ser Val Asp Ile Lys
            420                 425                 430
Val Asn Tyr Leu Asp Leu Met Phe Tyr Tyr Tyr Glu Arg Gly Ile Tyr
        435                 440                 445
Thr Ile Lys Pro Tyr Lys Ala Leu Val Glu Asn Tyr Leu Asp Ile Ser
    450                 455                 460
Arg Glu Thr Tyr Val Glu Ala Phe Lys Ile Ser Ser Leu Ser Asn Gly
465                 470                 475                 480
Asp Ile Ile Thr Lys Thr Gly Tyr Leu Pro Ile Gly Tyr Leu Arg Val
                485                 490                 495
Ser Gly Asp Ile Asp Asn Leu Ser Asn His Ile Glu Ile Ile Thr Ile
            500                 505                 510
Asp Asn Asn Thr Asn Ser Ile Thr Ser Thr Leu Leu Glu Asp Asp Ser
        515                 520                 525
Asn Ser Leu Ile Leu Ser Tyr Gly Asn Val Lys Thr Asn Ile His Ser
    530                 535                 540
Phe Glu Leu Asn Ser Asp Ala Ser Ile Ser Asn Ile Lys Phe Glu Tyr
545                 550                 555                 560
Ser Tyr Tyr Gly Asp Ala Trp Glu Glu Leu Thr Val Leu Thr Glu Ile
                565                 570                 575
```

Ser Glu Gly Glu Thr Ile Val Pro Asn Ile Leu Ile Asp Leu Tyr Gly
580 585 590
Leu Gln Thr Val Asp Tyr Ser Asn Ile Asn Pro Met Ser Lys Val Ser
595 600 605
Leu Arg Ser Ile Trp Asn Val Lys Leu Gly Glu Leu Asn Asn Lys Glu
610 615 620
Gly Ser Leu Ser Asn Met Pro Asn Asp Tyr Phe Asn Ala Val Trp Gln
625 630 635 640
Asp Ile Asp Lys Leu Ser Asp Ile Asp Leu Gly Ser Met Arg Met Ile
645 650 655
Lys Asp Thr Glu Gly Gly Val Phe Asp Gly Ala Thr Gly Glu Ile Ile
660 665 670
Lys Ala Thr Leu Phe Asn Val Gly Val Tyr Thr Asp Leu Asp Met Leu
675 680 685
Ala Tyr Thr Leu Thr Asn Tyr Thr Glu Pro Ile Thr Leu Gly Ser Ser
690 695 700
Arg Leu Ile Ser Glu Leu Lys Glu Glu Leu Leu Thr Ser Glu Ser Phe
705 710 715 720
Asn Val Asp Asn Arg Ile Lys Val Ile Asp Ser Ile Ser Glu Gln Leu
725 730 735
Pro Asn Asn Asn Ile Leu Ser Asn Ser Tyr Gln Thr Gln Thr Ile Thr
740 745 750
Gln Asn Gly Phe Ala Lys Tyr Asn Leu Lys Glu Pro Ile Glu Gln Arg
755 760 765
Lys Gln Tyr Asn Leu Arg Ile His Gly Asp Phe Lys Glu Gly Leu Glu
770 775 780
Arg Leu Ala Ile Gly Asn Ser Asn Gly Ser Phe Asn Glu Val Phe Val
785 790 795 800
Tyr Pro Glu Asn Ile Lys Asp Gly Ile Val Asp Ile Thr Tyr Thr Ser
805 810 815
Arg Asp Asp Asn Tyr Ala Glu Gly Lys Gln Arg Leu Asn Asn Asp Tyr
820 825 830
Arg Val Tyr Ala Gln Pro Tyr Asp Ser Glu Val Val Thr Ile Tyr Ser
835 840 845
Leu Glu Leu Ile Lys Val
850

<210> 652
<211> 173
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 652

Met Ala Ile Ala Thr Tyr Asn Ser His Val Glu Leu Ala Lys Tyr Leu
1 5 10 15
Val Ser Lys Ala Asp Ser Val Tyr Leu Thr Ile Gly Lys Ser Thr Pro
20 25 30
Trp Ser Asn Glu Thr Asn Pro Pro Gln Pro Asp Glu Asn Ala Thr Val

```
         35                  40                  45
Leu Gln Glu Val Ile Gly Tyr Lys Lys Ala Thr Lys Val Thr Leu Val
    50                  55                  60
Arg Pro Ser Lys Ser Pro Glu Asp Asp Asn Lys Asn Leu Ile Ser Tyr
65                  70                  75                  80
Gly Asn Lys Ser Trp Val Glu Val Thr Pro Glu Asn Ala Lys Asp Glu
                85                  90                  95
Gly Ala Lys Trp Val Tyr Leu Glu Ser Ser Ile Val Gly Asp Glu Leu
            100                 105                 110
Pro Leu Gly Thr Tyr Arg Gln Val Gly Phe Val Met Asp Leu Val Ala
        115                 120                 125
Lys Ser Gly Ile Ser Lys Phe Asn Leu Val Pro Ser Glu Val Glu Ser
    130                 135                 140
Thr Gly Thr Leu Leu Phe Phe Asp Asn Lys Gln Phe Gln Asn Arg Ser
145                 150                 155                 160
Glu Gln Thr Thr Ala Lys Glu Arg Phe Ile Val Glu Val
                165                 170
<210> 653
<211> 1152
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 653
Met Ala Ile Asn Phe Lys Gly Ser Pro Tyr Leu Asp Arg Phe Asp Pro
1               5                   10                  15
Ser Lys Asp Arg Thr Lys Val Leu Phe Asn Pro Asp Arg Pro Leu Gln
            20                  25                  30
Gln Ala Glu Leu Asn Glu Met Gln Ser Ile Asp Gln Tyr Tyr Leu Lys
        35                  40                  45
Asn Leu Gly Asp Ala Ile Phe Lys Asp Gly Asp Lys Gln Ser Gly Leu
    50                  55                  60
Gly Phe Thr Leu Ser Glu Asp Asn Val Leu Thr Val Asn Pro Gly Tyr
65                  70                  75                  80
Val Tyr Ile Asn Gly Lys Ile Arg Tyr Tyr Asp Asn Asp Asp Ser Val
                85                  90                  95
Lys Ile Thr Gly Val Gly Lys Glu Thr Ile Gly Ile Lys Leu Thr Glu
            100                 105                 110
Arg Ile Val Thr Pro Asp Glu Asp Ala Ser Leu Leu Asp Gln Thr Ser
        115                 120                 125
Gly Val Pro Ser Tyr Phe Ser Lys Gly Ala Asp Arg Leu Glu Glu Lys
    130                 135                 140
Met Ser Leu Thr Val Asn Asp Pro Thr Ser Ala Thr Ile Tyr Thr Phe
145                 150                 155                 160
Met Asp Gly Asp Leu Tyr Ile Gln Ser Thr Asn Ala Glu Met Asp Lys
                165                 170                 175
Ile Asn Lys Val Leu Ala Glu Arg Thr Tyr Asp Glu Ser Gly Ser Tyr
            180                 185                 190
```

Lys Val Asn Gly Phe Glu Leu Phe Ser Glu Gly Asn Ala Glu Asp Asp
195 200 205
Asp His Val Ser Val Val Val Asp Ala Gly Lys Ala Tyr Val Lys Gly
210 215 220
Phe Lys Val Asp Lys Pro Val Ser Thr Arg Ile Ser Val Pro Lys Ser
225 230 235 240
Tyr Asp Leu Gly Thr Ala Glu Asn Glu Ser Thr Ile Phe Asn Lys Ser
245 250 255
Asn Asn Ser Ile Ser Leu Ala Asn Ser Pro Val Lys Glu Ile Arg Arg
260 265 270
Val Thr Gly Gln Val Leu Ile Glu Lys Glu Arg Val Thr Arg Gly Ala
275 280 285
Gln Gly Asp Gly Gln Asp Phe Leu Ser Asn Asn Thr Ala Phe Glu Ile
290 295 300
Val Lys Val Trp Thr Glu Thr Ser Pro Gly Val Thr Thr Lys Glu Tyr
305 310 315 320
Lys Gln Gly Glu Asp Phe Arg Leu Thr Asp Gly Gln Thr Ile Asp Trp
325 330 335
Ser Pro Gln Gly Gln Glu Pro Ser Gly Gly Thr Ser Tyr Tyr Val Ser
340 345 350
Tyr Lys Tyr Asn Lys Arg Met Glu Val Gly Lys Asp Tyr Glu Val Thr
355 360 365
Thr Gln Gly Glu Gly Leu Ser Lys Lys Trp Tyr Ile Asn Phe Thr Pro
370 375 380
Glu Asn Gly Ala Lys Pro Ile Asp Gln Thr Val Val Leu Val Asp Tyr
385 390 395 400
Thr Tyr Tyr Leu Ala Arg Lys Asp Ser Val Phe Ile Asn Lys Tyr Gly
405 410 415
Asp Ile Ala Ile Leu Pro Gly Glu Pro Asn Ile Met Arg Leu Val Thr
420 425 430
Pro Pro Leu Asn Thr Asp Pro Glu Asn Leu Gln Leu Gly Thr Val Thr
435 440 445
Val Leu Pro Asp Ser Asp Glu Ala Val Cys Ile Ser Phe Ala Ile Thr
450 455 460
Arg Leu Ser Met Glu Asp Leu Gln Lys Val Lys Thr Arg Val Asp Asn
465 470 475 480
Leu Glu Tyr Asn Gln Ala Val Asn Ala Leu Asp Asp Gly Ala Met Glu
485 490 495
Gly Gln Asn Pro Leu Thr Leu Arg Ser Val Phe Ser Glu Gly Phe Ile
500 505 510
Ser Leu Asp Lys Ala Asp Ile Thr His Pro Asp Phe Gly Ile Val Phe
515 520 525
Ser Phe Glu Asp Ala Glu Ala Thr Leu Ala Tyr Thr Glu Ala Val Asn
530 535 540
Gln Pro Lys Ile Ile Pro Gly Asp Thr Thr Ala His Ile Trp Gly Arg
545 550 555 560
Leu Ile Ser Ala Pro Phe Thr Glu Glu Arg Thr Ile Tyr Gln Gly Gln
565 570 575

Ala Ser Glu Thr Leu Asn Val Asn Pro Tyr Asn Ile Pro Asn Lys Gln
580 585 590
Gly Val Leu Lys Leu Thr Pro Ser Glu Asp Asn Trp Ile Asp Thr Glu
595 600 605
Asn Val Thr Ile Thr Glu Gln Lys Thr Lys Lys Val Thr Met Lys Arg
610 615 620
Phe Trp Arg His Asn Glu Ser Tyr Tyr Gly Glu Thr Glu His Tyr Leu
625 630 635 640
Tyr Ser Asn Leu Gln Leu Asp Ala Gly Gln Lys Trp Lys Gly Glu Thr
645 650 655
Tyr Ala Tyr Asp Arg Glu His Gly Arg Thr Gly Thr Leu Leu Glu Ser
660 665 670
Gly Gly Gln Arg Thr Leu Glu Glu Met Ile Glu Phe Ile Arg Ile Arg
675 680 685
Asp Val Ser Phe Glu Val Lys Gly Leu Asn Pro Asn Asp Asn Asn Leu
690 695 700
Tyr Leu Leu Phe Asp Gly Val Arg Cys Pro Ile Thr Pro Ala Thr Gly
705 710 715 720
Tyr Arg Lys Gly Ser Glu Asp Gly Thr Ile Met Thr Asp Ala Lys Gly
725 730 735
Thr Ala Lys Gly Lys Phe Thr Ile Pro Ala Gly Ile Arg Cys Gly Asn
740 745 750
Arg Glu Val Thr Leu Lys Asn Ala Asn Ser Thr Ser Ala Thr Thr Tyr
755 760 765
Thr Ala Gln Gly Arg Lys Lys Ile Val Gln Asp Ile Ile Ile Arg Thr
770 775 780
Arg Val Thr Val Asn Leu Val Asp Pro Leu Ala Gln Ser Phe Gln Tyr
785 790 795 800
Asp Glu Asn Arg Thr Ile Ser Ser Leu Gly Leu Tyr Phe Ala Ser Lys
805 810 815
Gly Asp Lys Gln Ser Asn Val Val Ile Gln Ile Arg Gly Met Gly Asp
820 825 830
Gln Gly Tyr Pro Asn Lys Thr Ile Tyr Ala Glu Thr Val Met Asn Ala
835 840 845
Asp Asp Ile Lys Val Ser Asn Asn Ala Ser Ala Glu Thr Arg Val Tyr
850 855 860
Phe Asp Asp Pro Met Met Ala Glu Gly Gly Lys Glu Tyr Ala Ile Val
865 870 875 880
Ile Ile Thr Glu Asn Ser Asp Tyr Thr Met Trp Val Gly Thr Arg Thr
885 890 895
Lys Pro Lys Ile Asp Lys Pro Asn Glu Val Ile Ser Gly Asn Pro Tyr
900 905 910
Leu Gln Gly Val Leu Phe Ser Ser Ser Asn Ala Ser Thr Trp Thr Pro
915 920 925
His Gln Asn Ser Asp Leu Lys Phe Gly Ile Tyr Thr Ser Lys Phe Asn
930 935 940
Glu Thr Ala Thr Ile Glu Phe Glu Pro Ile Lys Asp Val Ser Ala Asp
945 950 955 960

Arg Ile Val Leu Met Ser Thr Tyr Leu Thr Pro Glu Arg Thr Gly Cys
965 970 975
Thr Trp Glu Met Lys Leu Ile Leu Asp Asp Met Ala Ser Ser Thr Thr
980 985 990
Phe Asp Gln Leu Lys Trp Glu Pro Ile Gly Asn Tyr Gln Asp Leu Asp
995 1000 1005
Val Leu Gly Leu Ala Arg Gln Val Lys Leu Arg Ala Thr Phe Glu
1010 1015 1020
Ser Asn Arg Tyr Ile Ser Pro Leu Met Ser Ser Ser Asp Leu Thr
1025 1030 1035
Phe Thr Thr Phe Leu Thr Glu Leu Thr Gly Ser Tyr Val Gly Arg
1040 1045 1050
Ala Ile Asp Met Thr Glu Ala Pro Tyr Asn Thr Val Arg Phe Ser
1055 1060 1065
Tyr Glu Ala Phe Leu Pro Lys Gly Thr Lys Val Val Pro Lys Tyr
1070 1075 1080
Ser Ala Asp Asp Gly Lys Thr Trp Lys Thr Phe Thr Lys Ser Pro
1085 1090 1095
Thr Thr Thr Arg Ala Asn Asn Glu Phe Thr Arg Tyr Val Ile Asp
1100 1105 1110
Glu Lys Val Lys Ser Ser Gly Thr Asn Thr Lys Leu Gln Val Arg
1115 1120 1125
Leu Asp Leu Ser Thr Glu Asn Ser Phe Leu Arg Pro Arg Val Arg
1130 1135 1140
Arg Leu Met Val Thr Thr Arg Asp Glu
1145 1150

<210> 654
<211> 52
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 654

Met Pro Arg Glu Val Arg Asp Pro Tyr Ser Gln Ala Lys Leu Phe Ile
1 5 10 15
Pro Thr Val Glu Glu Lys Ser Ile Lys Glu Leu Glu Lys Thr Tyr Lys
20 25 30
Glu Lys Ile Asp Glu Ala Thr Lys Leu Ile Asn Glu Leu Lys Lys Glu
35 40 45
Arg Gly Glu Lys
50

<210> 655
<211> 639
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 655

```
Met Ala Phe Asn Tyr Thr Pro Leu Thr Glu Thr Gln Lys Leu Lys Asp
1               5                  10                  15
Met Tyr Pro Lys Val Asn Asp Ile Gly Asn Phe Leu Lys Thr Glu Val
            20                  25                  30
Asn Leu Ser Asp Val Lys Gln Ile Ser Gln Pro Asp Phe Asn Asn Ile
        35                  40                  45
Leu Ala Ser Ile Pro Asp Ser Gly Asn Tyr Tyr Val Thr Asn Ser Lys
    50                  55                  60
Gly Ala Pro Ser Gly Glu Ala Thr Ala Gly Phe Val Arg Leu Asp Lys
65                  70                  75                  80
Arg Asn Val Asn Tyr Tyr Lys Ile Tyr Tyr Ser Pro Tyr Ser Ser Asn
                85                  90                  95
Lys Met Tyr Ile Lys Thr Tyr Ala Asn Gly Thr Val Tyr Asp Trp Ile
            100                 105                 110
Ser Phe Lys Leu Asp Glu Gly Asn Leu Tyr Asn Glu Gly Asn Thr Leu
        115                 120                 125
Asn Val Lys Glu Leu Thr Glu Ser Thr Thr Gln Tyr Val Thr Leu Val
    130                 135                 140
Asn Pro Pro Lys Glu Asn Leu Asn Thr Gly Trp Val Asn Tyr Lys Glu
145                 150                 155                 160
Ser Lys Asn Gly Val Ser Ser Leu Val Glu Phe Asn Pro Val Asn Ser
                165                 170                 175
Thr Ser Thr Phe Lys Met Ile Arg Lys Leu Pro Val Gln Glu Gln Lys
            180                 185                 190
Pro Asn Leu Leu Lys Asp Ser Leu Phe Val Tyr Pro Glu Thr Ser Ser
        195                 200                 205
Ser Asn Ile Lys Thr Asp Asn Trp Asn Thr Pro Pro Phe Trp Gly Tyr
    210                 215                 220
Thr Ala Asn Ser Gly Arg Ser Gly Val Arg Phe Arg Gly Glu Asn Thr
225                 230                 235                 240
Ile Gln Ile Asp Asp Gly Ser Ser Thr Tyr Pro Thr Ala Met Thr Asn
                245                 250                 255
Arg Phe Lys Met Gly Asn Glu Leu Ser Val Gly Asp Thr Ile Thr Val
            260                 265                 270
Ser Val Tyr Ala Lys Ile Asn Asp Pro Ala Leu Leu Lys Asp Asn Leu
        275                 280                 285
Val Tyr Phe Glu Leu Ala Gly Tyr Asp Met Val Asp Arg Thr Asp Asn
    290                 295                 300
Pro Tyr Thr Gly Gly Arg Arg Glu Ile Thr Ala Ser Glu Ile Thr Thr
305                 310                 315                 320
Glu Trp Lys Lys Tyr Ser Phe Thr Phe Thr Ile Pro Glu Asn Thr Ile
                325                 330                 335
Gly Ala Ser Gly Val Lys Val Asn Tyr Val Ser Leu Leu Leu Arg Met
            340                 345                 350
Asn Cys Ser Ser Ser Lys Gly Asn Gly Ala Val Val Tyr Tyr Ala Leu
        355                 360                 365
Pro Lys Leu Glu Lys Ser Ser Lys Val Thr Pro Phe Ile Thr His Ala
    370                 375                 380
```

Thr Asp Val Arg Lys Tyr Asp Glu Ile Trp Ser Asn Trp Gln Glu Val
385 390 395 400
Ile Ser Lys Asp Glu Leu Lys Gly His Ser Pro Val Asp Ile Glu Tyr
405 410 415
Asn Asp Tyr Phe Lys Tyr Gln Trp Trp Lys Ser Glu Val Asn Glu Lys
420 425 430
Ser Leu Lys Asp Leu Ala Met Thr Val Pro Gln Gly Tyr His Thr Phe
435 440 445
Tyr Cys Gln Gly Ser Ile Ala Gly Thr Pro Arg Gly Arg Ser Ile Arg
450 455 460
Gly Thr Ile Gln Val Asp Tyr Asp Lys Gly Asp Pro Tyr Arg Ala Asn
465 470 475 480
Lys Phe Val Lys Leu Leu Phe Thr Asp Thr Glu Gly Ile Pro Tyr Thr
485 490 495
Leu Tyr Tyr Gly Gly Tyr Asn Gln Gly Trp Lys Leu Leu Lys Gln Ser
500 505 510
Glu Thr Ser Thr Leu Leu Trp Glu Gly Thr Leu Asp Phe Gly Ser Thr
515 520 525
Glu Ala Val Asn Leu Asn Asp Ser Leu Asp Asn Tyr Asp Leu Ile Glu
530 535 540
Val Thr Tyr Trp Thr Arg Ser Ala Gly His Phe Ser Thr Lys Arg Leu
545 550 555 560
Asp Ile Lys Asn Thr Ser Asn Leu Leu Tyr Ile Arg Asp Phe Asn Ile
565 570 575
Ser Asn Asp Ser Thr Gly Ser Ser Val Asp Phe Phe Glu Gly Tyr Cys
580 585 590
Thr Phe Pro Thr Arg Thr Ser Val Gln Pro Gly Met Val Lys Ser Ile
595 600 605
Thr Leu Asp Gly Ser Thr Asn Thr Thr Lys Val Ala Ser Trp Asn Glu
610 615 620
Lys Glu Arg Ile Lys Val Tyr Asn Ile Met Gly Ile Asn Arg Gly
625 630 635

<210> 656
<211> 124
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 656

Met Ala Val Lys Tyr Asp Ile Gly Asn Asn Glu Ile Val Leu His Leu
1 5 10 15
Arg Glu Gly Lys Tyr Ile Thr Gly Phe Thr Thr Val Gly Gly Tyr Asp
20 25 30
Lys Glu Leu Gly Gln Val Lys Val Asn Arg Glu Ile Leu Pro Ala Tyr
35 40 45
Phe Phe Asp Asn Phe Ala Tyr Glu Arg Tyr Leu Tyr Tyr Ser Lys Pro
50 55 60
Glu Glu Val Ile Glu Asn Lys Asn Tyr Val Pro Pro Gln Ile Asn Asn

65 70 75 80
Gly Asp Glu Glu Ser Gln Gln Asn Thr Val Pro Lys Glu Gln Tyr Asp
85 90 95
Ser Leu Lys Glu Glu Leu Glu Leu Met Arg Lys Gln Gln Glu Ala Met
100 105 110
Met Glu Met Leu Gln Lys Leu Leu Gly Gln Lys Gly
115 120
<210> 657
<211> 458
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 657
Met Ala Leu Asn Phe Thr Thr Ile Thr Glu Asn Asn Val Ile Lys Asp
1 5 10 15
Leu Thr Thr Gln Val Asn Asn Ile Gly Glu Glu Leu Thr Lys Glu Arg
20 25 30
Asn Ile Phe Asp Ile Thr Asp Asp Leu Val Tyr Asn Phe Asn Lys Ser
35 40 45
Gln Lys Ile Lys Leu Thr Asp Asp Lys Gly Leu Thr Lys Ser Tyr Gly
50 55 60
Asn Ile Thr Ala Leu Arg Asp Ile Lys Glu Pro Gly Tyr Tyr Tyr Ile
65 70 75 80
Gly Ala Arg Thr Leu Ala Thr Leu Leu Asp Arg Pro Asp Met Glu Ser
85 90 95
Leu Asp Val Val Leu His Val Val Pro Leu Asp Thr Ser Ser Lys Val
100 105 110
Val Gln His Leu Tyr Thr Leu Ser Thr Asn Asn Asn Gln Ile Lys Met
115 120 125
Leu Tyr Arg Phe Val Ser Gly Asn Ser Ser Ser Glu Trp Gln Phe Ile
130 135 140
Gln Gly Leu Pro Ser Asn Lys Asn Ala Val Ile Ser Gly Thr Asn Ile
145 150 155 160
Leu Asp Ile Ala Ser Pro Gly Val Tyr Phe Val Met Gly Met Thr Gly
165 170 175
Gly Met Pro Ser Gly Val Asp Ser Gly Phe Leu Asp Leu Ser Val Asp
180 185 190
Ala Asn Asp Asn Arg Leu Ala Arg Leu Thr Asp Ala Glu Thr Gly Lys
195 200 205
Glu Tyr Thr Ser Ile Lys Lys Pro Thr Glu Val Tyr Thr Ala Trp Lys
210 215 220
Lys Glu Phe Glu Pro Lys Asp Met Glu Lys Tyr Leu Leu Ser Ser Ile
225 230 235 240
Arg Asp Asp Gly Ser Ala Ser Phe Pro Leu Leu Val Tyr Thr Ser Asp
245 250 255
Asn Lys Thr Phe Gln Gln Ala Ile Ile Asp His Ile Asp Arg Thr Gly
260 265 270

Gln Thr Thr Phe Thr Phe Tyr Val Gln Gly Gly Val Ser Gly Ser Pro
275 280 285
Met Ser Asn Ser Cys Arg Gly Leu Phe Met Ser Asp Thr Pro Asn Thr
290 295 300
Ser Ser Leu His Gly Val Tyr Asn Ala Ile Gly Thr Asp Gly Arg Asn
305 310 315 320
Val Thr Gly Ser Val Val Gly Gly Asn Trp Thr Ser Pro Lys Thr Ser
325 330 335
Pro Ser His Lys Glu Leu Trp Thr Gly Ala Gln Ser Phe Leu Ser Val
340 345 350
Gly Thr Thr Lys Asn Leu Ala Asp Asp Ile Ser Asn Tyr Ser Tyr Val
355 360 365
Glu Val Tyr Thr Lys His Lys Thr Val Glu Lys Thr Lys Gly Asn Asp
370 375 380
Asp Ser Gly Thr Ile Cys His Lys Phe Tyr Leu Asp Gly Ser Gly Thr
385 390 395 400
Tyr Val Cys Ser Gly Thr Phe Val Ser Gly Asp Arg Thr Asp Thr Lys
405 410 415
Pro Pro Val Thr Glu Phe Tyr Arg Val Gly Val Ser Phe Lys Gly Ser
420 425 430
Thr Trp Thr Leu Val Asp Ser Ala Val Gln Asn Ser Lys Thr Gln Tyr
435 440 445
Val Thr Arg Ile Ile Gly Ile Asn Met Pro
450 455

<210> 658
<211> 582
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 658

Met Arg Leu Arg Ile Lys Asn Leu Tyr Thr Tyr Val Glu Phe Glu Glu
1 5 10 15
Asp Asp Lys Tyr Leu Lys Asp Ile Phe Leu Lys Arg Val His Thr Thr
20 25 30
Ile Gly Ala Arg Gln Glu Gly Phe Gln Tyr Ser Pro Ala Tyr Lys Arg
35 40 45
Gly Ser Trp Asp Gly Tyr Val Asp Phe Tyr Val Tyr Glu Glu Asp Lys
50 55 60
Phe Pro Thr Gly Leu Leu Phe Lys Ile Glu Leu Leu Leu Gly Glu Leu
65 70 75 80
Gln Ser Arg Tyr Asn Phe Gln Phe Glu Thr Ile Asp Glu Arg Asp Glu
85 90 95
Ser Phe Leu Ser Glu Glu Asp Ile Asp Asp Glu Ile Thr Leu Leu Asp
100 105 110
Asn Asn Val Gly Gln Ile Thr Leu Arg Asp Tyr Gln Tyr Glu Ala Val
115 120 125
Tyr Asn Ser Leu Thr Phe Tyr Asn Gly Ile Ala His Leu Ala Thr Asn

130 135 140

Gly Gly Lys Thr Glu Val Ala Ser Gly Ile Ile Asp Gln Leu Leu Pro
145 150 155 160
Gln Leu Glu Lys Gly Glu Arg Val Ala Phe Phe Thr Gly Ser Thr Glu
165 170 175
Ile Phe His Gln Ser Ala Asp Arg Leu Gln Glu Arg Leu Asn Ile Pro
180 185 190
Ile Gly Lys Val Gly Ala Gly Lys Phe Asp Val Lys Gln Val Thr Val
195 200 205
Val Met Ile Pro Thr Leu Asn Ala Asn Leu Lys Asp Pro Thr Gln Gly
210 215 220
Val Lys Val Thr Pro Lys Gln Asn Ile Ser Lys Lys Ile Ala Gln Glu
225 230 235 240
Ile Leu Pro Lys Phe Glu Gly Gly Thr Asn Gln Lys Lys Leu Leu Lys
245 250 255
Val Leu Leu Asp Asn Thr Thr Pro Lys Thr Lys Val Glu Gln Asn Val
260 265 270
Leu Ser Ala Leu Glu Ile Ile Tyr Gln Asn Ser Lys Thr Asp Ala Glu
275 280 285
Val Leu Leu Asn Leu Arg Asn His Asn Ala His Phe Gln Lys Ile Val
290 295 300
Arg Glu Lys Asn Glu Lys Lys Tyr Asp Lys Tyr Gln Asp Met Arg Asp
305 310 315 320
Phe Leu Asp Ser Val Thr Val Met Ile Val Asp Glu Ala His His Ser
325 330 335
Lys Ser Asp Ser Trp Tyr Asn Asn Leu Met Thr Cys Glu Lys Ala Leu
340 345 350
Tyr Arg Ile Ala Leu Thr Gly Ser Ile Asp Lys Lys Asp Glu Leu Leu
355 360 365
Trp Met Arg Leu Gln Ala Leu Phe Gly Asn Val Ile Ala Arg Thr Thr
370 375 380
Asn Lys Phe Leu Ile Asp Glu Gly His Ser Ala Arg Pro Thr Ile Asn
385 390 395 400
Ile Ile Pro Val Ala Asn Pro Asn Asp Ile Asp Arg Ile Asp Asp Tyr
405 410 415
Arg Glu Ala Tyr Asp Lys Gly Ile Thr Asn Asn Asp Phe Arg Asn Lys
420 425 430
Leu Ile Ala Lys Leu Thr Glu Lys Trp Tyr Asn Gln Asp Lys Gly Thr
435 440 445
Leu Ile Ile Val Asn Phe Ile Glu His Gly Asp Thr Ile Ser Glu Met
450 455 460
Leu Asn Asp Leu Asp Val Glu His Tyr Phe Leu His Gly Glu Ile Asp
465 470 475 480
Ser Glu Thr Arg Arg Glu Lys Leu Asn Asp Met Arg Ser Gly Lys Leu
485 490 495
Lys Val Met Ile Ala Thr Ser Leu Ile Asp Glu Gly Val Asp Ile Ser
500 505 510
Gly Ile Asn Ala Leu Ile Leu Gly Ala Gly Gly Lys Ser Leu Arg Gln

```
        515                 520                 525
Thr Leu Gln Arg Ile Gly Arg Ala Leu Arg Lys Lys Lys Asp Asp Asn
    530                 535                 540
Thr Thr Gln Ile Phe Asp Phe Asn Asp Met Thr Asn Arg Phe Leu Tyr
545                 550                 555                 560
Thr His Ala Asn Glu Arg Arg Lys Ile Tyr Glu Glu Glu Asp Phe Glu
                565                 570                 575
Ile Lys Asp Leu Gly Lys
            580
<210> 659
<211> 537
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 659
Met Ala Thr Lys Thr Gln Arg Lys Leu Tyr Gln Tyr Leu Glu Glu Asn
1               5                   10                  15
Ala Thr Glu Asn Lys Phe His Ile Ser Thr Lys Lys Glu Leu Ala Asp
            20                  25                  30
Ser Leu Gly Val Ser Ile Ser Ala Leu Ser Asn Asn Leu Lys Lys Leu
        35                  40                  45
Glu Glu Glu Asn Lys Val Val Thr Val Ser Lys Arg Gly Lys Asn Gly
    50                  55                  60
Gly Val Ile Ile Thr Leu Val Arg Glu Tyr Asp Thr Glu Glu Leu Lys
65                  70                  75                  80
Glu Phe Asn Asn Ser Thr Asp Asn Ile Ile Thr Ser Asp Leu Gln Tyr
                85                  90                  95
Ala Lys Ala Leu Arg Glu Lys His Phe Pro Ser Tyr Arg Tyr Glu Arg
            100                 105                 110
Lys Glu Gln Arg Arg Arg Thr Lys Ile Glu Met Ala Gln Tyr Asn Ala
        115                 120                 125
Ile Lys Asp Glu Lys Arg Arg Ile Ile Ala Asp Met Asn Phe Tyr Ser
    130                 135                 140
Glu Gly Leu Pro Tyr Pro Ser Lys Asp Ile Phe Asn Met Ser Tyr Asp
145                 150                 155                 160
Pro Glu Gly Phe Tyr Lys Ala Tyr Ile Leu Cys Lys Leu Tyr Asp Gln
                165                 170                 175
Tyr Ala Ile Ser His Met Asp Ala Lys His Thr Ser His Leu Lys Ala
            180                 185                 190
Met Ser Lys Ala Thr Thr Lys Asp Glu Tyr Asp Tyr His Gln His Met
        195                 200                 205
Ser Glu Tyr Tyr Arg Asn Lys Met Ile Gln Asn Leu Pro Arg Asn Ser
    210                 215                 220
Val Ser Asp Asn Phe Phe Gly Ser Lys Met Phe Asn Thr Phe Tyr Asn
225                 230                 235                 240
Phe Tyr Leu Lys Ile Lys Asp Lys Asn Ile Asn Val Phe Lys Tyr Met
                245                 250                 255
```

Lys Asn Val Phe Lys Asn Val Thr Phe Tyr Tyr Glu Asn Gly Met Gln
260 265 270
Pro Asn Pro Ile Pro Ser Pro Asn Phe Phe Ser Ser Asp Lys Tyr Phe
275 280 285
Lys Asn Tyr Asn Asn Tyr Ile Lys Gly Ile Lys Lys Gly Ile Asn Ser
290 295 300
Thr Asn Arg His Leu Gly Asp Thr Asp Ser Ile Ile Asn Ser Ser Asp
305 310 315 320
Tyr Val Lys Asn Pro Ala Val Leu His Leu His Gln Leu Tyr Thr Thr
325 330 335
Gly Leu Asn Ser Thr Leu His Asp Ile Asp Thr Met Phe Glu Gln Ala
340 345 350
Leu Asp Leu Glu Asn Ala Ser Tyr Gly Leu Phe Gly Asp Met Lys His
355 360 365
Ile Ile Leu Leu Gln Tyr Asn Ser Met Ile Glu Glu Glu Ile Lys Asn
370 375 380
Leu Pro Ile Glu Glu Lys Asp Ile Ile Asn Lys Tyr Val Lys Gln Cys
385 390 395 400
Ile Ile Asn Asn Tyr Ser Pro Thr Ser Ile Ser Pro Ser Ala Arg Leu
405 410 415
Ser Met Phe Thr Met Gln Lys Glu His Ile Val Tyr Asn Lys Gln Leu
420 425 430
Asn Lys Gly Ile Lys Arg Glu Asp Leu Leu Pro Leu Ser Leu Gly Gly
435 440 445
Ile Val Asn Lys Asp Ser Leu Ser Ser Met Asp Ile Gln Asn Leu Glu
450 455 460
Gln Asn Gly Asn Glu Tyr Leu Tyr Met Arg Gln His Thr Ser Thr Tyr
465 470 475 480
Tyr Ile Leu Arg Met Phe Gly Asp Tyr Leu Gly Tyr Glu Val Asn Leu
485 490 495
Arg Glu Val Lys Tyr Ile Val Glu Lys Tyr Asn Leu Ile Asp Lys Ile
500 505 510
Pro Leu Thr Lys Glu Gly Met Leu Asp Tyr Asn Lys Leu Ile His Leu
515 520 525
Val Glu Glu Glu Val Asn Asn Tyr Glu
530 535

<210> 660
<211> 480
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 660

Met Ser Lys Lys Ile Lys Glu Leu Ile Leu His Lys Ser Met Lys Asp
1 5 10 15
Ile His Phe Ala Arg Glu Val Leu Asp Asn Leu Pro Lys Asn Leu Phe
20 25 30
Ser Ala Glu Ser Glu Asp Met Gly Tyr Leu Phe Thr Ala Ile Lys Arg

```
        35                  40                  45
Thr Ala His Ile Ser Asp Lys Met Ser Asn Glu Ala Leu Ala Ile Lys
    50                  55                  60
Val Glu Gln Leu Met Gly Asn Asn Lys Glu Asp Glu Glu Lys Val Thr
65                  70                  75                  80
Lys Thr Leu Thr Tyr Leu Glu Asp Leu Tyr Lys Val Asp Val Asn Glu
                85                  90                  95
Lys Asp Glu Ser Val Asn Tyr Glu Ile Glu Lys Tyr Ile Lys Thr Glu
            100                 105                 110
Met Ser Lys Glu Val Leu Val Lys Phe Ile Ala Glu Asn Lys Gln Glu
        115                 120                 125
Asp Ser Asp Asn Leu His Glu Leu Val Asp Lys Leu Lys Gln Ile Glu
    130                 135                 140
Val Ser Asp Ile Ser Gly Gly Asn Gly Glu Phe Ile Asp Phe Phe Glu
145                 150                 155                 160
Asp Thr Glu Lys Lys Gln Glu Leu Leu Ser Asn Leu Ala Thr Asn Lys
                165                 170                 175
Phe Ser Thr Gly Phe Thr Ser Ile Asp Asn His Ile Glu Gly Gly Ile
            180                 185                 190
Ala Arg Gly Glu Val Gly Leu Ile Ile Ala Pro Thr Gly Arg Gly Lys
        195                 200                 205
Ser Leu Met Ala Ser Asn Leu Ala Lys Asn Tyr Val Lys Ser Gly Leu
    210                 215                 220
Ser Val Leu Tyr Ile Ala Leu Glu Glu Lys Met Asp Arg Met Val Leu
225                 230                 235                 240
Arg Ala Glu Gln Gln Met Ala Gly Ala Glu Lys Ser Gln Ile Val Asn
                245                 250                 255
Gln Asp Met Ser Leu Asn Asn Lys Val Tyr Asp Ala Ile Gln Asn His
            260                 265                 270
Tyr Gln Lys Asn Arg Lys Leu Leu Gly Asp Phe Tyr Ile Ser Lys His
        275                 280                 285
Met Pro Gly Glu Val Thr Pro Asn Gln Leu Glu Gln Ile Ile Val Asn
    290                 295                 300
Thr Thr Ile Lys Lys Asp Lys Asn Ile Asp Val Val Ile Ile Asp Tyr
305                 310                 315                 320
Pro His Leu Met Arg Asn Pro Tyr Ala Lys Tyr His Ser Glu Ser Asp
                325                 330                 335
Ala Gly Gly Lys Leu Phe Glu Asp Ile Arg Arg Leu Ser Gln Gln Tyr
            340                 345                 350
Gly Phe Val Cys Trp Thr Leu Ala Gln Thr Asn Arg Gly Ala Tyr Gly
        355                 360                 365
Ser Asp Val Ile Thr Ser Glu His Val Glu Gly Ser Arg Lys Ile Val
    370                 375                 380
Asn Ala Val Glu Val Ser Leu Ala Val Asn Gln Lys Asp Glu Glu Phe
385                 390                 395                 400
Lys Ser Gly Phe Leu Arg Leu Tyr Leu Asp Lys Ile Arg Asn Ser Ser
                405                 410                 415
Asn Thr Gly Glu Arg Phe Val Asn Leu Lys Val Glu Pro Thr Lys Met
```

420 425 430

Ile Val Arg Asp Glu Thr Pro Glu Glu Lys Gln Glu His Ile Gln Leu
435 440 445

Leu Ser Asp Asn Gly Lys Glu Asp Thr Ser Lys Phe Gln Asn Lys Asp
450 455 460

Asn Lys Ile Glu Ala Ile Asn Asn Thr Phe Gly Gly Leu Pro Gly Val
465 470 475 480

<210> 661
<211> 341
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 661

Met Lys Phe Val Phe Phe Thr Asp Ser His Phe His Leu Phe Thr Asn
1 5 10 15

Tyr Ala Lys Pro Asp Asn Glu Phe Val Asn Asp Arg Phe Lys Glu Gln
20 25 30

Ile Glu Ala Leu Gln Lys Val Phe Asp Ile Ala Lys Lys Glu Glu Ala
35 40 45

Thr Val Ile Phe Gly Gly Asp Leu Phe His Lys Arg Asn Ser Val Asp
50 55 60

Thr Arg Val Tyr Asn Lys Val Phe Ser Thr Phe Ala Lys Asn Asn Glu
65 70 75 80

Val Pro Val Leu Leu Leu Arg Gly Asn His Asp Ala Thr Thr Asn Ser
85 90 95

Leu Tyr Thr Asp Ser Ser Ile Asp Thr Phe Glu Tyr Leu Pro Asn Val
100 105 110

Asn Val Ile Lys Ser Leu Asn Thr Ile Leu Lys Asp Asn Val Asn Ile
115 120 125

Val Phe Thr Ala Tyr Gly Asp Glu Thr Lys Glu Ile Lys Thr Tyr Ile
130 135 140

Asn Ser Asn Tyr Asp Lys Asp Met Val Asn Ile Leu Val Gly His Leu
145 150 155 160

Gly Val Glu Gly Ser Leu Thr Gly Lys Gly Ser His Arg Leu Glu Gly
165 170 175

Ala Phe Gly Tyr Gln Asp Leu Leu Pro Asp Lys Tyr Asp Phe Ile Leu
180 185 190

Leu Gly His Tyr His Arg Arg Gln Tyr Phe Gln Asn Pro Asn His Phe
195 200 205

Tyr Gly Gly Ser Leu Met Gln Gln Ser Phe Ser Asp Glu Gln Glu Ala
210 215 220

Asn Gly Val His Leu Ile Asp Thr Asp Lys Met Thr Thr Glu Phe Ile
225 230 235 240

Pro Ile His Thr Arg Arg Phe Ile Thr Ile Gln Gly Glu Asp Ile Pro
245 250 255

Asp Asn Phe Glu Gln Leu Ile Glu Glu Asp Asn Phe Ile Arg Val Ile
260 265 270

Gly Thr Ala Asn His Ala Lys Val Leu Glu Met Asp Asp Ser Met Lys
275 280 285
Asp Lys Asn Val Glu Val Gln Ile Lys Lys Glu Tyr Thr Val Glu Lys
290 295 300
Arg Ile Asp Ser Asp Val Ser Asp Asp Pro Leu Thr Ile Ala Ser Thr
305 310 315 320
Tyr Ala Lys Gln Tyr Ser Pro Glu Ser Glu Gln Glu Ile Leu Glu Cys
325 330 335
Leu Lys Glu Val Leu
340

<210> 662
<211> 125
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 662
Met Lys Lys Tyr Arg Glu Tyr Leu Asn Lys Thr Asp Ala Glu Asn Leu
1 5 10 15
Ala Glu Asp Trp Glu Lys Val Thr Glu Asp Leu Trp Lys Val Phe Lys
20 25 30
Asp Met Lys Pro Lys Ile Asn Thr Leu Asp Ile Ser Asn Val Gly Ser
35 40 45
Lys Asp Leu Asp Lys Ser Lys Pro Ile Leu Gln Phe Gln Asp Ser Asp
50 55 60
Gly Val Ile Glu Asn Ile Cys Asn Val Glu Gly Leu Glu Asp Gly Leu
65 70 75 80
Ser Lys Met Lys Lys Ile Phe Asp Asp Ser Asn Phe Glu Lys His Tyr
85 90 95
Tyr Asn Arg Val Val Asp His Asp Gly Tyr Tyr Trp Ile Asp Tyr Gly
100 105 110
Ser His His Cys Phe Phe Arg Val Thr Lys Gly Asp Lys
115 120 125

<210> 663
<211> 639
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 663
Met Val Val Phe Lys Gln Val Glu Val Asn Asn Phe Leu Ala Ile Lys
1 5 10 15
Glu Ala Thr Leu Glu Leu Asp Asn Arg Gly Leu Ile Leu Ile Glu Gly
20 25 30
Glu Asn Lys Ser Asn Glu Ser Phe His Ser Asn Gly Ser Gly Lys Ser
35 40 45
Thr Leu Ile Ser Ala Ile Thr Tyr Ala Leu Tyr Gly Lys Thr Glu Lys
50 55 60

Gly Leu Lys Ala Asp Asp Val Val Asn Asn Ile Glu Lys Lys Asn Thr
65 70 75 80
Ser Val Lys Leu Lys Phe Asp Ile Gly Glu Asp Ser Tyr Leu Ile Glu
85 90 95
Arg Tyr Arg Lys Asp Lys Glu Asn Lys Asn Lys Val Lys Leu Phe Val
100 105 110
Asn Glu Lys Glu Ile Thr Gly Ser Thr Asn Asp Val Thr Asp Lys Gln
115 120 125
Ile Gln Asp Leu Phe Gly Ile Glu Phe Asn Thr Tyr Val Asn Ala Ile
130 135 140
Met Tyr Gly Gln Gly Asp Ile Pro Met Phe Ser Gln Ala Thr Asp Lys
145 150 155 160
Gly Lys Lys Glu Ile Leu Glu Ser Ile Thr Lys Thr Asp Val Tyr Lys
165 170 175
Gln Ala Gln Asp Val Ala Lys Glu Lys Val Lys Glu Val Glu Glu Gln
180 185 190
Gln Asn Asn Ile Arg Gln Glu Ile Tyr Lys Leu Gly Tyr Gln Leu Ser
195 200 205
Thr Lys Asp Glu Tyr Phe Gln Arg Glu Ile Glu Gln Tyr Asn Gln Tyr
210 215 220
Lys Glu Gln Leu Val Gln Ile Glu Asn Ser Asn Lys Glu Lys Asp Arg
225 230 235 240
Leu Arg Glu Gln Glu Glu Lys Gln Ile Glu Ala Gln Ile Glu Gln Leu
245 250 255
Ala Ser Gln Ile Pro Thr Ile Pro Glu Asp Glu Phe Lys His Ser Glu
260 265 270
Glu Tyr Asn Lys Ala Ser Gln Ser Leu Asp Leu Leu Ser Asn Lys Leu
275 280 285
Thr Glu Leu Asn Gln Val Tyr Ser Glu Tyr Asn Thr Lys Glu Gln Val
290 295 300
Leu Lys Ser Glu Ile Ala Thr Leu Ser Asn Ser Leu Asn Gln Leu Asp
305 310 315 320
Ile Asn Asp His Cys Pro Val Cys Gly Ser Pro Ile Asp Asn Ser His
325 330 335
Lys Leu Lys Glu Gln Glu Asn Ile Ser Asn Gln Ile Glu Asn Lys Lys
340 345 350
Gln Glu Ile Thr Ser Val Leu Glu Met Lys Asp Thr Tyr Lys Glu Ala
355 360 365
Ile Asp Lys Val Lys Asp Lys Ser Gln Glu Ile Lys Asp Lys Met Ser
370 375 380
Gln Glu Asp Gln Gln Glu Arg Glu His Asn Asn Lys Ile Asn Ser Ile
385 390 395 400
Ile Gln Glu Ala Ser Arg Ile Lys Ser Asp Ile Ser Ser Leu Glu Asn
405 410 415
Asn Lys Thr Tyr Leu Lys Val Lys Tyr Gln His Gln Ser Val Gln Gly
420 425 430
Leu Glu Arg Glu Glu Pro Ser Lys Glu Lys His Glu Glu Asp Lys Lys
435 440 445

Glu Leu Gln Glu Ser Ile Asp Lys His Glu Glu Asn Ile Val Gln Leu
450 455 460
Glu Thr Lys Lys Gly Lys Tyr Gln Gln Ala Val Asp Ala Phe Ser Asn
465 470 475 480
Lys Gly Ile Arg Ser Val Val Leu Asp Phe Ile Thr Pro Phe Leu Asn
485 490 495
Glu Lys Ala Asn Glu Tyr Leu Gln Thr Leu Ser Gly Ser Asp Ile Glu
500 505 510
Ile Glu Phe Gln Thr Gln Val Lys Asn Ala Lys Gly Glu Leu Lys Asp
515 520 525
Lys Phe Asp Val Ile Val Lys Asn Asn Lys Gly Gly Gly Ser Tyr Lys
530 535 540
Ser Asn Ser Ala Gly Glu Gln Lys Arg Ile Asp Leu Ala Ile Ser Phe
545 550 555 560
Ala Ile Gln Asp Leu Ile Met Ser Lys Asp Glu Ile Ser Thr Asn Ile
565 570 575
Ala Leu Tyr Asp Glu Cys Phe Asp Gly Leu Asp Thr Ile Gly Cys Glu
580 585 590
Asn Val Ile Lys Leu Leu Lys Asp Arg Leu Asn Thr Val Gly Thr Ile
595 600 605
Phe Val Ile Thr His Asn Thr Glu Leu Lys Pro Leu Phe Glu Gln Thr
610 615 620
Ile Lys Ile Val Lys Glu Asn Gly Val Ser Lys Leu Glu Glu Lys
625 630 635

<210> 664
<211> 198
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 664

Met Lys Leu Lys Ile Leu Asp Lys Asp Asn Ala Thr Leu Asn Val Phe
1 5 10 15
His Arg Asn Lys Glu His Lys Thr Ile Asp Asn Val Pro Thr Ala Asn
20 25 30
Leu Val Asp Trp Tyr Pro Leu Ser Asn Ala Tyr Glu Tyr Lys Leu Ser
35 40 45
Arg Asn Gly Glu Tyr Leu Glu Leu Lys Arg Leu Arg Ser Thr Leu Pro
50 55 60
Ser Ser Tyr Gly Leu Asp Asp Asn Asn Gln Asp Ile Ile Arg Asp Asn
65 70 75 80
Asn His Arg Cys Lys Ile Gly Tyr Trp Tyr Asn Pro Ala Val Arg Lys
85 90 95
Asp Asn Leu Lys Ile Ile Glu Lys Ala Lys Gln Tyr Gly Leu Pro Val
100 105 110
Ile Thr Glu Glu Tyr Asp Ala Asn Thr Val Glu Gln Gly Phe Arg Asp
115 120 125
Ile Gly Val Ile Phe Gln Ser Leu Lys Thr Ile Val Val Thr Arg Tyr

130 135 140
Leu Glu Gly Lys Thr Glu Glu Glu Leu Arg Ile Phe Asn Met Lys Ser
145 150 155 160
Glu Glu Ser Gln Leu Asn Glu Ala Leu Lys Glu Ser Asp Phe Ser Val
165 170 175
Asp Leu Thr Tyr Ser Asp Leu Gly Gln Ile Tyr Asn Met Leu Leu Leu
180 185 190
Met Lys Lys Ile Ser Lys
195

<210> 665
<211> 355
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 665
Met Arg Phe Glu Asp Phe Leu Thr Gln Glu Leu Gly Glu Pro Lys Glu
1 5 10 15
Asn Thr Ile Gly Glu Leu Arg Tyr Cys Cys Pro Phe Cys Gly Glu Lys
20 25 30
Ser Tyr Lys Phe Tyr Val Lys Gln Ala Leu Asp Ser Ser Asn Gly Gln
35 40 45
Tyr His Cys Lys Lys Cys Asp Glu Thr Gly Asn Pro Ile Thr Phe Met
50 55 60
Lys Thr Tyr Tyr Asn Ile Thr Gly Lys Gln Ala Phe Asp Leu Leu Glu
65 70 75 80
Ser Lys Asn Ile Asp Ile Glu Arg Ala Pro Leu Leu Thr Thr Asn Asn
85 90 95
Lys Asp Leu Thr Glu Ser Glu Lys Leu Ile Leu Met Leu Arg Gly Val
100 105 110
His Gln Asp Lys Gly Thr Thr Ser Ile Lys Pro Pro Arg Leu Pro Glu
115 120 125
Gly Tyr Lys Leu Leu Lys Asp Asn Leu Asn Asn Lys Glu Ile Ile Pro
130 135 140
Phe Leu Lys Tyr Leu Lys Gly Arg Gly Ile Thr Leu Glu Gln Ile Ile
145 150 155 160
Asn Asn Asn Ile Gly Tyr Val Ile Asn Gly Ser Phe Tyr Lys Val Asp
165 170 175
Gly Glu Ser Lys Val Ser Leu Arg Asn Ser Ile Ile Phe Phe Thr Tyr
180 185 190
Asp Asn Asn Gly Asn Tyr Gln Tyr Trp Asn Thr Arg Ser Ile Glu Lys
195 200 205
Asn Pro Tyr Ile Lys Ser Ile Asn Ala Pro Ala Lys Gln Asp Glu Val
210 215 220
Gly Arg Lys Asp Val Ile Phe Asn Leu Asn Ile Ala Arg Lys Lys Lys
225 230 235 240
Phe Leu Val Ile Thr Glu Gly Val Phe Asp Ala Leu Thr Phe His Glu
245 250 255

Tyr Gly Val Ala Thr Leu Gly Lys Gln Val Thr Glu Asn Gln Ile Lys
260 265 270
Lys Ile Ile Asp Tyr Val Ser Ile Asp Thr Ser Ile Tyr Ile Met Leu
275 280 285
Asp Thr Asp Ala Leu Asp Asn Asn Ile Asp Leu Ala Tyr Lys Leu Lys
290 295 300
Thr His Phe Asn Lys Val Tyr Phe Val Pro His Gly Asp Glu Asp Ala
305 310 315 320
Asn Asp Met Gly Thr Arg Lys Ala Phe Glu Leu Leu Lys Gln Asn Arg
325 330 335
Val Leu Val Thr Pro Glu Ser Ile Gln Ser Tyr Lys Ile Gln Gln Lys
340 345 350
Leu Lys Leu
355

<210> 666
<211> 112
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 666
Met Ser Asn Ser Lys Lys Asp Ile Leu Glu Phe Val Asp Glu Tyr Ile
1 5 10 15
Thr Ala Leu Arg Val Gly Asn Glu Gln Arg Gln His Gln Leu Glu Glu
20 25 30
Met Gly Lys Glu Glu Thr Ala Thr Leu Thr Asp Val Ala Lys Ala Ile
35 40 45
Thr Asn Leu Met Leu Gly Val Asn Glu Gln Met Thr Asp Leu Glu Tyr
50 55 60
Asn Asn Glu Leu Asn Leu Asn Ile Leu Ile Asp Ala Leu Tyr Lys Ala
65 70 75 80
Glu Leu Ile Asn Glu Asp Val Leu Asp Tyr Ile Gln Glu Ser Ile Asp
85 90 95
Lys Ser Gln Glu Glu Pro Lys Asn Glu Glu Glu Lys Gly Glu Gln Glu
100 105 110

<210> 667
<211> 150
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 667
Met Glu Lys Asn Ile Ser Thr His Thr Lys Gly Ile Ser Gln Ala Asp
1 5 10 15
Met Glu Lys Trp Ile Glu Ala Val Val Gln Gly Thr Val Asp Gly Lys
20 25 30
Gln Val Asp Glu Lys Thr Ala Lys Gln Leu Asp Arg Ile Gly Ser Arg
35 40 45

Ser Val Ser Leu Glu Glu Ala Thr Arg Ile Ala Lys Val Leu Asn Ala
50 55 60
Val Thr Ala Gln Glu Val Thr Gly Asp Phe Asn Asp Ala Phe Asn Ala
65 70 75 80
Ile Asp Leu Met Met Ile Ile Met Glu Asp Glu Leu Gly Val Thr Gln
85 90 95
Glu Lys Val Gly Lys Ala Lys Asp Lys Leu Asn Glu Lys Arg Glu Ala
100 105 110
Tyr Leu Lys Glu Lys Gln Glu Glu Leu Arg Gln Lys Gln Gln Glu Glu
115 120 125
Ala Gln Lys Glu Thr Glu Ser Asp Ser Asn Glu Lys Val Ile Gln Leu
130 135 140
Lys Lys Asn Asp Glu Gln
145 150

<210> 668
<211> 202
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 668

Met Thr Asn Ser Lys Lys Lys Gly Asp Thr Phe Glu Arg Lys Ile Ala
1 5 10 15
Lys Glu Leu Thr Ala Trp Trp Gly Tyr Gln Phe Asn Arg Ser Pro Gln
20 25 30
Ser Gly Gly Ala Ser Trp Gly Lys Asp Asn Asn Ala Val Gly Asp Ile
35 40 45
Val Val Pro Gln Glu Ala Asn Phe Pro Leu Val Val Glu Cys Lys His
50 55 60
Arg Glu Glu Trp Thr Ile Asp Asn Val Leu Leu Asn Asn Arg Glu Pro
65 70 75 80
His Thr Trp Trp Glu Gln Val Ile Asn Asp Ser Ser Lys Val Asp Lys
85 90 95
Thr Pro Cys Leu Ile Phe Thr Arg Asn Arg Ala Gln Ser Tyr Val Ala
100 105 110
Leu Pro Tyr Asp Glu Lys Val Tyr Glu Asp Leu Arg Asn Asn Glu Tyr
115 120 125
Pro Val Met Arg Thr Asp Phe Ile Ile Asp Asn Ile Arg Lys Asp Lys
130 135 140
Phe Phe Tyr Asp Val Leu Ile Thr Thr Met Asn Gly Leu Thr Ser Phe
145 150 155 160
Thr Pro Ser Tyr Ile Ile Ser Cys Tyr Asp Lys Lys Asp Ile Lys Pro
165 170 175
Tyr Lys Lys Val Glu Ser Asn Leu Ser Glu Val Ser Lys His Glu Asp
180 185 190
Glu Leu Ile Asn Asp Leu Leu Ser Asp Ile
195 200

<210> 669

<211> 130
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 669

Met	Thr	Ser	Lys	Glu	Arg	Pro	Leu	Ile	Val	Tyr	Phe	Ser	Gly	Thr	Gly
1				5				10						15	
Gln	Thr	Glu	Arg	Leu	Val	Asn	Lys	Ile	Asn	Ile	Asn	Asn	Ser	Phe	Glu
		20					25					30			
Thr	Phe	Arg	Val	Lys	Ser	Gly	Lys	Glu	Lys	Val	Asn	Lys	Pro	Phe	Ile
	35					40					45				
Leu	Ile	Thr	Pro	Thr	Tyr	Met	Lys	Gly	Ala	Ile	Pro	Lys	Gln	Ile	Glu
50					55					60					
Arg	Phe	Leu	Glu	Ile	Asn	Gly	Ser	Pro	Lys	Glu	Val	Ile	Gly	Thr	Gly
65				70					75					80	
Asn	Lys	Gln	Trp	Gly	Ser	Asn	Phe	Cys	Gly	Ala	Ser	Lys	Lys	Ile	Ser
			85					90					95		
Glu	Met	Phe	Lys	Ile	Pro	Leu	Ile	Ala	Lys	Val	Glu	Gln	Ser	Gly	His
		100					105					110			
Phe	Asn	Glu	Ile	Gln	Pro	Ile	Leu	Glu	His	Phe	Ser	Asn	Lys	Tyr	Lys
	115					120					125				
Val	Ala														
130															

<210> 670
<211> 704
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 670

Met	Ala	Thr	Tyr	Gly	Lys	Trp	Ile	Glu	Leu	Asn	Asn	Glu	Ile	Thr	Gln
1				5				10						15	
Leu	Asp	Asp	Asn	Gly	Lys	Asn	Lys	Leu	Tyr	Lys	Asp	Gln	Glu	Ala	Leu
		20					25					30			
Asp	Glu	Tyr	Leu	Lys	Tyr	Ile	Glu	Asp	Asn	Thr	Arg	Lys	Phe	Asn	Ser
	35					40					45				
Glu	Val	Glu	Arg	Ile	Arg	Val	Leu	Thr	Lys	Glu	Gly	Thr	Tyr	Asp	Lys
50					55					60					
Ile	Phe	Asp	Lys	Val	Pro	Asp	Thr	Ile	Ile	Asp	Glu	Met	Thr	Lys	Leu
65				70					75					80	
Ala	Tyr	Ser	Phe	Asn	Phe	Lys	Phe	Pro	Ser	Phe	Met	Ala	Gly	Gln	Lys
			85					90					95		
Phe	Tyr	Glu	Ser	Tyr	Ala	Ser	Lys	Gln	Tyr	Asp	Glu	Asn	Lys	Lys	Pro
		100					105					110			
Ile	Phe	Val	Glu	Asp	Tyr	Glu	Gln	His	Asn	Val	Arg	Val	Ala	Leu	Tyr
	115					120					125				
Leu	Phe	Gln	Asn	Asp	Tyr	Val	Lys	Ala	Arg	Glu	Leu	Leu	Val	Gln	Leu

130 135 140

Met Glu Gln Thr Phe Gln Pro Ser Thr Pro Thr Tyr Asn Asn Ser Gly
145 150 155 160
Gln Ala Asn Arg Gly Glu Leu Ser Ser Cys Tyr Leu Phe Val Val Asp
165 170 175
Asp Ser Ile Glu Ser Leu Asn Phe Val Glu Asp Ser Val Ala Asn Ala
180 185 190
Ser Ser Asn Gly Gly Gly Val Ala Ile Asp Leu Thr Arg Ile Arg Pro
195 200 205
Lys Gly Ala Pro Val Arg Asn Arg Pro Asn Ser Ser Lys Gly Val Ile
210 215 220
Ala Phe Ala Lys Ala Ile Glu His Lys Val Ser Ile Tyr Asp Gln Gly
225 230 235 240
Gly Val Arg Gln Gly Ser Gly Ala Val Tyr Leu Asn Ile Phe His Asn
245 250 255
Asp Ile Leu Asp Leu Leu Ser Ser Lys Lys Ile Asn Ala Ser Glu Ser
260 265 270
Val Arg Leu Asp Lys Leu Ser Ile Gly Val Thr Ile Pro Asn Lys Phe
275 280 285
Met Glu Leu Val Lys Glu Gly Arg Pro Phe Tyr Thr Phe Asp Thr Tyr
290 295 300
Asp Ile Asn Lys Val Tyr Gly Lys Tyr Leu Asp Glu Leu Asn Ile Asp
305 310 315 320
Glu Trp Tyr Asp Lys Leu Leu Asn Asn Asp Ser Ile Gly Lys Val Lys
325 330 335
His Asp Ala Arg Glu Val Met Thr Asp Ile Ala Lys Thr Gln Leu Glu
340 345 350
Ser Gly Tyr Pro Tyr Val Phe Tyr Ile Asp Asn Ala Asn Asp Asn His
355 360 365
Pro Leu Lys Asn Leu Gly Lys Val Lys Met Ser Asn Leu Cys Thr Glu
370 375 380
Ile Ser Gln Leu Gln Glu Val Ser Glu Ile Tyr Pro Tyr Ser Tyr Ser
385 390 395 400
Asn Gln Asn Val Ile Asn Arg Asp Val Val Cys Thr Leu Gly Ser Leu
405 410 415
Asn Leu Val Asn Val Val Glu Lys Gly Leu Leu Asn Glu Ser Val Asp
420 425 430
Ile Gly Thr Arg Ala Leu Thr Lys Val Thr Asp Ile Met Asp Leu Pro
435 440 445
Tyr Leu Pro Ser Val Gln Lys Ala Asn Asp Asp Ile Arg Ala Ile Gly
450 455 460
Leu Gly Ser Met Asn Leu His Gly Leu Leu Ala Lys Asn Met Ile Ser
465 470 475 480
Tyr Gly Ser Arg Glu Ala Leu Asp Leu Val Asn Ser Leu Tyr Ser Ala
485 490 495
Ile Asn Phe Gln Ser Ile Lys Thr Ser Met Leu Met Ala Lys Glu Thr
500 505 510
Gly Lys Pro Phe Lys Gly Phe Glu Lys Ser Asp Tyr Ala Thr Gly Glu

515 520 525

Tyr Phe Val Arg Tyr Ile Arg Glu Ser Asn Gln Pro Lys Thr Asp Lys
530 535 540

Ala Lys Lys Val Leu Asp Lys Val Tyr Ile Pro Thr Gln Asp Asp Trp
545 550 555 560

Asp Glu Leu Ala Lys Ala Val Lys Val His Gly Leu Tyr Asn Gly Tyr
565 570 575

Arg Lys Ala Glu Ala Pro Thr Gln Ser Ile Ser Tyr Val Gln Asn Ala
580 585 590

Thr Ser Ser Ile Met Pro Val Pro Ser Ala Ile Glu Asn Arg Gln Tyr
595 600 605

Gly Asp Met Glu Thr Tyr Tyr Pro Met Pro Tyr Leu Ser Pro Ile Thr
610 615 620

Gln Phe Phe Tyr Glu Gly Glu Thr Ala Tyr Lys Ile Asp Asn Lys Arg
625 630 635 640

Ile Ile Asn Thr Ser Ala Val Val Gln Lys His Thr Asp Gln Ala Val
645 650 655

Ser Thr Ile Leu Tyr Val Glu Ser Glu Ile Pro Thr Asn Lys Leu Val
660 665 670

Ser Leu Tyr Tyr Tyr Ala Trp Glu Gln Gly Leu Lys Ser Leu Tyr Tyr
675 680 685

Thr Arg Ser Arg Lys Leu Ser Val Ile Glu Cys Glu Thr Cys Ser Val
690 695 700

<210> 671

<211> 349

<212> PRT

<213> Unknown

<220>

<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10

<400> 671

Met Asp Ile Thr Gln Lys Val Lys Gln His Asn Lys Asn Ala Val Leu
1 5 10 15

Lys Ala Thr Asn Trp Asn Ile Glu Asp Asp Gly Met Ser Asp Ile Tyr
20 25 30

Trp Glu Gln Gly Ile Ser Gln Phe Trp Thr Pro Glu Glu Phe Asp Val
35 40 45

Ser Arg Asp Leu Ser Ser Trp Asn Ser Leu Thr Glu Ser Glu Lys Asn
50 55 60

Thr Tyr Lys Lys Val Leu Ala Gly Leu Thr Gly Leu Asp Thr Lys Gln
65 70 75 80

Gly Gly Glu Gly Met Asn Leu Val Ser Tyr His Glu Pro Arg Pro Lys
85 90 95

Tyr Gln Ala Val Phe Ala Phe Met Gly Gly Met Glu Glu Ile His Ala
100 105 110

Lys Ser Tyr Ser His Ile Phe Thr Thr Leu Leu Ser Asn Lys Glu Thr
115 120 125

Ser Tyr Leu Leu Asp Thr Trp Val Glu Glu Asn Asp Phe Leu Lys Val
130 135 140

Lys Ala Gln Phe Ile Gly Tyr Tyr Tyr Asp Gln Leu Leu Lys Pro Asn
145 150 155 160
Pro Thr Val Phe Asp Arg Tyr Met Ala Lys Val Ala Ser Ala Phe Leu
165 170 175
Glu Ser Ala Leu Phe Tyr Ser Gly Phe Tyr Tyr Pro Leu Leu Leu Ala
180 185 190
Gly Arg Gly Gln Met Thr Gln Ser Gly Ala Ile Ile Tyr Lys Ile Thr
195 200 205
Gln Asp Glu Ala Tyr His Gly Ser Ala Val Gly Leu Thr Ala Gln Tyr
210 215 220
Asp Tyr Asn Leu Leu Thr Glu Glu Glu Lys Lys Gln Ala Asp Lys Glu
225 230 235 240
Thr Tyr Glu Leu Leu Asp Ile Leu Tyr Thr Asn Glu Val Ala Tyr Thr
245 250 255
His Ser Leu Tyr Asp Pro Leu Glu Leu Ser Glu Asp Val Ile Asn Tyr
260 265 270
Val Gln Tyr Asn Phe Asn Arg Ala Leu Gln Asn Leu Gly Arg Glu Asp
275 280 285
Tyr Phe Asn Pro Glu Pro Tyr Asn Pro Ile Val Glu Asn Gln Thr Asn
290 295 300
Val Asp Arg Leu Arg Asn Val Asp Phe Phe Ser Gly Lys Ala Asp Tyr
305 310 315 320
Glu Lys Ser Thr Asn Ile Lys Asp Ile Lys Asp Glu Asp Phe Ser Phe
325 330 335
Leu Asp Ser Lys Glu Tyr Asn Thr Ala Lys Glu Phe Leu
340 345

<210> 672
<211> 109
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 672

Met Asp Arg Lys Glu Ala Met Asp Leu Leu Ser Lys Ala Glu Ile Leu
1 5 10 15
Phe Lys Lys His Asp Glu Phe Ser Cys Val Ser Asp Ile Asn Asp Pro
20 25 30
Met Lys Leu Phe Ser Ser Ser Lys Asp Ala Lys Ala Asp Asp Thr Ser
35 40 45
Lys Ser Phe Gln Leu Glu Phe Met His Asp Met Thr Met Tyr Thr Leu
50 55 60
Ser Tyr Gly Ser Gly Gln Leu Lys Leu Ile Asp Leu Ala Glu Gly Tyr
65 70 75 80
Glu Ala Gln Lys Ala Thr Val Val Asn Ser Phe Pro Glu Ile Ile Lys
85 90 95
Thr Leu Glu Lys Asp Asp Ser Glu Asp Gly Lys Asn Glu
100 105

<210> 673

<211> 106
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 673

Met Glu Lys Met Asn Ser Leu Val Asp Leu Asn Thr Ala Ile Arg Gln
1 5 10 15
Lys Lys Asp Val Ile Val Met Ile Thr Gln Asp Asn Cys Gly Lys Cys
20 25 30
Glu Ile Leu Lys Ser Val Ile Pro Met Phe Gln Glu Ser Gly Asp Ile
35 40 45
Lys Lys Pro Ile Leu Thr Leu Asn Leu Asp Ala Glu Asp Val Asp Arg
50 55 60
Glu Lys Ala Val Lys Leu Phe Asp Ile Met Ser Thr Pro Val Leu Ile
65 70 75 80
Gly Tyr Lys Asp Gly Gln Leu Val Lys Lys Tyr Glu Asp Gln Val Thr
85 90 95
Pro Met Gln Leu Gln Glu Leu Glu Ser Leu
100 105

<210> 674
<211> 198
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 674

Met Asp Glu Leu Ile Ser Lys Ser Arg Arg Tyr Ile Met Arg Asp Glu
1 5 10 15
Asn His Tyr Met Leu Phe Asn Glu Lys Tyr Asn Asn Asp Arg Leu Ile
20 25 30
Glu Lys Val Cys Lys His Gly Gly Lys Val Thr Tyr Tyr Thr Asp Ser
35 40 45
Val Leu Pro Tyr Tyr Val Leu Lys Asp Leu Ser Ser His Pro Asp Ser
50 55 60
Glu Val Val Tyr Arg Met Arg Asn Gly Phe Thr Ala Lys Glu Val Asp
65 70 75 80
Asn Ile Ala Leu Ser Phe Met Gly Thr Lys Val Ile Ile Asp Ile Ser
85 90 95
Val Val Phe Pro Tyr Val Asn Pro Tyr Asp Ile Ile Arg Ser Leu His
100 105 110
Asp Ile Lys Thr Asn Val Asp Glu Val His Leu Ser Phe Pro Arg Ile
115 120 125
Leu Glu Val Asp Glu Lys Gln Glu Lys Phe Tyr Phe Phe Asp Gly Glu
130 135 140
Ala Tyr Asp Leu Lys Pro Glu Tyr Lys Val Asp Phe Ala Asp Lys Ile
145 150 155 160
Arg Val Ser Leu Ser Val Trp Lys Met Tyr Ile Tyr Ile Leu Thr Ser

165 170 175
Ser Arg Asp Phe Glu Asp Val Asp Asn Val Ile Thr Lys Leu Lys Gln
180 185 190
Gln Arg Lys Ile Lys Ile
195

<210> 675
<211> 101
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 675
Met Ser Thr Ala Asn Arg Arg Asp Ile Ala Arg Lys Ile Ser Glu Asn
1 5 10 15
Thr Gly Tyr Tyr Ile Gln Asp Val Glu Glu Ile Leu Ser Ala Glu Thr
20 25 30
Asp Ala Ile Ser Asp Leu Leu Glu Glu Gly Tyr Thr Lys Val Lys Asn
35 40 45
His Lys Phe Met Gln Ile Glu Val Ile Glu Arg Lys Gly Lys Lys Ala
50 55 60
Trp Asp Gly Leu Asn Lys Glu Tyr Phe His Leu Pro Asn Arg Lys Ala
65 70 75 80
Ile Lys Phe Lys Pro Leu Lys Glu Leu Glu Glu Val Ile Asp Arg Leu
85 90 95
Asn Glu Glu Glu Lys
100

<210> 676
<211> 290
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 676
Met Lys Val Leu Ile Leu Phe Asp His Ile Arg Glu Glu His Phe Ser
1 5 10 15
Val Ser Lys Asp Gly Ser Val Lys Ser Asn Val Leu Asn Thr Pro Asn
20 25 30
Gly Lys Thr Leu Lys Lys Leu Leu Glu Lys Cys Ser Asn Leu Lys Arg
35 40 45
Asp Lys Thr Asn Arg Asp Tyr Asp Ile Asp Phe Leu Tyr Asn Ala Val
50 55 60
Pro Thr Pro Ile Arg Asn Asp Tyr Gly Lys Ile Ile Lys Tyr Gln Asp
65 70 75 80
Val Lys Gln Ala Glu Val Lys Pro Tyr Tyr Glu Arg Met Asn Asn Ile
85 90 95
Ile Ile Asp Asn Ser Tyr Asp Met Val Ile Pro Val Gly Lys Leu Gly
100 105 110
Val Lys Tyr Leu Leu Asn Val Thr Ala Ile Gly Lys Val Arg Gly Val

115 120 125
Pro Ser Lys Val Thr Ile Glu Asn Glu Thr Ser Ser His Asp Val Trp
130 135 140
Val Leu Pro Thr Tyr Ser Ile Glu Tyr Thr Asn Val Asn Lys Asn Ser
145 150 155 160
Glu Arg His Val Val Ser Asp Leu Gln Thr Val Gly Lys Phe Val Glu
165 170 175
Gln Gly Glu Glu Ala Phe Lys Pro Lys Glu Val Ser Tyr Glu Leu Val
180 185 190
Asp Asn Ile Glu Arg Val Arg Glu Ile Phe Asn Lys Glu Val Lys Asn
195 200 205
Asp Asn Tyr Asp Gly Val Asp Ile Thr Ala Trp Asp Leu Glu Thr Asn
210 215 220
Ser Leu Lys Pro Asp Lys Glu Gly Ser Lys Pro Leu Val Leu Ser Leu
225 230 235 240
Ser Trp Arg Asn Gly Gln Gly Val Thr Ile Pro Leu Tyr Lys Ser Asp
245 250 255
Phe Asn Trp Glu Asn Gly Gln Asp Asp Ile Asp Glu Val Leu Glu Leu
260 265 270
Leu Lys Asn Trp Leu Ala Ser Lys Glu Asp Ile Lys Val Ala His Asn
275 280 285
Gly Lys
290

<210> 677
<211> 170
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 677
Val Tyr Gln Leu Asn Arg Gly Gly Thr Val Lys Lys Asp Tyr Met Thr
1 5 10 15
Ser Val Lys Asn Asn Lys Lys Val Cys Arg Arg Cys Asn Glu Glu Leu
20 25 30
Asp Leu Ser Asn Phe Lys Thr Tyr Lys Lys Asn Asp Lys Ile Tyr Tyr
35 40 45
Gln Ser Met Cys Ile Pro Cys Arg Lys Glu Tyr Asn Lys Leu Asp Lys
50 55 60
Thr Lys Asn Thr Ile Lys Lys Cys Tyr Asp Lys Asn Gly Asp Lys Tyr
65 70 75 80
Arg Lys Gln Gly Asn Glu Tyr Asn Thr Ser Asp Arg Gly Arg Glu Leu
85 90 95
Asn Lys Lys Arg Ser Arg Lys Tyr Arg Glu Asn Asn Ser Leu Lys Ala
100 105 110
Lys Ala Arg Asn Ser Val Arg Thr Ala Leu Arg Asn Gly Ser Leu Leu
115 120 125
Arg Pro Ser Lys Cys Ser Glu Cys Asn Lys Glu Cys Ile Pro Glu Ala
130 135 140

His His Pro Asp Tyr Asn Lys Pro Leu Glu Ile Lys Trp Leu Cys Lys
145 150 155 160
Ser Cys His Glu Asp Thr His His Lys Lys
165 170

<210> 678
<211> 776
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 678
Met Ser Thr Glu Asn Phe Lys Asp Phe Glu Ser Ile Gln Asp Thr Lys
1 5 10 15
Val Gly Trp Tyr Leu Ala Val Thr Gln Glu Val Lys Glu Ser Leu Arg
20 25 30
Leu Ser Asp Leu Ala Tyr Glu Val Thr Asp Val Gly Gly Tyr Asp Lys
35 40 45
Pro Leu Glu Asp Phe Lys Leu Trp Phe Val Thr Lys Leu Leu Arg Phe
50 55 60
Phe Ser Asp Lys Ile Lys Glu Ile Gln Lys Glu Asn Lys Lys Ile Ala
65 70 75 80
Lys Lys Glu Tyr Asp Val Lys Ala Pro Glu Tyr Lys Glu Trp Leu Glu
85 90 95
Asn Lys Leu Asn Glu Thr Val Val Glu Leu Asp Asp Thr Glu Lys Lys
100 105 110
Phe Arg Val Ser Glu Leu Glu Lys Lys Tyr Ile Gln Leu Gly Leu Ser
115 120 125
Pro Glu Ile Val Asn Met Asn Leu Val Met Asn Asn Asp Glu Phe Ile
130 135 140
Ser Ile Ala Glu Gln Ser Pro Glu Tyr Met Gly Leu Ser Asp Tyr Ala
145 150 155 160
Lys Ser Tyr Thr Leu Asn Thr Ala Ile Asn Leu Ile Asn Glu Tyr Arg
165 170 175
Asp Val Lys Asp Val Val Asn Asp Ile Asp Gly Gly Asn Phe Asn Tyr
180 185 190
Asp Trp Phe Pro Ile Glu Leu Met His Pro Tyr Ala Ser Gly Asp Thr
195 200 205
Asp Val Cys Arg Arg Ile His Cys Asp Val Val Lys Lys Leu Lys Glu
210 215 220
Gln Asp Arg Pro Lys Ser Met His Leu Leu Glu Val Asn Tyr Pro Arg
225 230 235 240
Leu Thr Lys Ser Leu Ala Arg Ile Glu Ser Asn Gly Leu Tyr Cys Asp
245 250 255
Leu Asp Tyr Met Lys Glu Asn Asp Glu Ser Tyr Glu Ser Glu Met Ala
260 265 270
Lys Asn His Ala Thr Met Arg Glu His Trp Ala Val Lys Glu Phe Glu
275 280 285
Glu Tyr Gln Tyr Asn Leu Tyr Gln Met Ala Leu Glu Glu His Glu Lys

290 295 300

Lys Pro Lys Asp Arg Asp Lys Asp Ile His Gln Tyr Arg Asp Lys Phe
305 310 315 320
Lys Asp Gly Lys Trp Met Phe Ser Pro Ser Ser Gly Asp His Lys Gly
325 330 335
Arg Val Ile Tyr Asp Ile Leu Gly Ile Gln Leu Pro Tyr Asp Lys Glu
340 345 350
Tyr Val Lys Glu Lys Pro Phe Asn Ala Asn Val Lys Glu Ala Asp Leu
355 360 365
Thr Trp Gln Asp Tyr Lys Thr Asp Lys Lys Ala Ile Gly Tyr Ala Leu
370 375 380
Asp Asn Leu Glu Leu Lys Asp Asp Val Arg Glu Leu Leu Glu Leu Leu
385 390 395 400
Lys Tyr His Ala Ser Met Gln Thr Lys Arg Asn Ser Phe Thr Lys Lys
405 410 415
Leu Pro Asn Met Ile Asn Lys Gln Lys Arg Thr Leu His Gly Ser Phe
420 425 430
Ser Glu Thr Gly Thr Glu Thr Ser Arg Leu Ser Ser Ser Asn Pro Asn
435 440 445
Leu Gln Asn Leu Pro Ala His Thr Ser Asp Val Asn Lys Phe Asp Tyr
450 455 460
Lys His Pro Ile Lys Arg Ser Phe Val Ser Arg Phe Glu Asn Gly Val
465 470 475 480
Leu Leu Gly Ala Asp Tyr Ser Ala Leu Glu Met Arg Ile Ile Gly Leu
485 490 495
Phe Thr Lys Asp Pro Asp Met Leu Gln Ser Phe Leu Asn Gly Glu Asp
500 505 510
Ile His Lys Ala Thr Ala Ser Ile Val Tyr Asn Lys Pro Val Glu Glu
515 520 525
Val Thr Lys Glu Glu Arg Gln Ala Thr Lys Ala Val Asn Phe Gly Leu
530 535 540
Ala Phe Gly Glu Ser Pro Phe Ser Phe Ala Gly Lys Asn Asn Met Glu
545 550 555 560
Val Ser Glu Ala Glu Glu Ile Phe Glu Lys Tyr Phe Gln Thr Lys Pro
565 570 575
Ser Val Lys Thr Ser Ile Asp Asn Val His Glu Phe Val Gln Gln Tyr
580 585 590
Gly Tyr Val Asp Thr Met His Gly His Arg Arg Phe Ile Arg Ser Ala
595 600 605
Gln Ser Thr Asp Lys Lys Ile Lys Asn Glu Gly Leu Arg Gln Ser Phe
610 615 620
Asn Thr Ile Ile Gln Gly Ser Gly Ser Phe Leu Thr Asn Met Ser Leu
625 630 635 640
Thr Tyr Leu Asp Asp Phe Ile Gln Ser Arg Asn Leu Lys Ser Lys Val
645 650 655
Ile Ala Thr Val His Asp Ser Ile Leu Ile Asp Cys Pro Pro Glu Glu
660 665 670
Ala Lys Ile Met Ala Lys Val Thr Ile His Ile Met Glu Asn Leu Pro

675 680 685
Phe Asp Phe Leu Lys Ala Glu Ile Asp Gly Lys Glu Val Gln Tyr Pro
690 695 700
Ile Glu Ala Asp Met Glu Ile Gly Leu Asn Tyr Asn Asp Met Val Glu
705 710 715 720
Tyr Asp Glu Glu Glu Ile Asp Thr Phe Asn Ser Tyr Gln Gly Tyr Ile
725 730 735
Lys Tyr Met Met Asn Leu Gln Thr Leu Glu Asp Tyr Lys Glu Ser Gly
740 745 750
Lys Leu Thr Asp Glu Gln Phe Glu Lys Ala Thr Asn Val Val Lys Ser
755 760 765
Glu Lys His Ile Tyr Gln Glu Ile
770 775

<210> 679
<211> 80
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 679
Val Asn Thr Gly Glu Ile Arg Phe Asn Arg Ser Met Asp Glu Trp Ile
1 5 10 15
Ile Thr Ser Met Tyr Gln Asp Glu Leu Gly Asp Met Asn Ile Val Val
20 25 30
Thr Phe Tyr Asn Arg Glu Glu Asn Lys His Gly Ser Thr Val Leu Pro
35 40 45
Thr Glu Ser Ser Thr Gly Glu Val Thr Glu Glu Leu Ala Asn Leu Glu
50 55 60
Glu Glu Tyr Pro Leu Ala Leu Pro Leu Ser Ser Ile Ser Val Asn Ile
65 70 75 80

<210> 680
<211> 160
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 680
Met Glu Ile His Ile Asp Ser Leu Asp Phe Thr Asn Phe Thr Ile Lys
1 5 10 15
Asp Arg Asn Gly Asn Ser Gln Glu Phe Asp Ile Thr Asp Glu Leu Arg
20 25 30
Ile Thr Glu Tyr Thr Ile Gln Glu Asp Phe Met Gln Gln Ser Ala Lys
35 40 45
Tyr Ala Phe Trp Ala Ser Ile Leu Glu Lys Val Arg Ala Tyr Ser Glu
50 55 60
Met Glu Gln Arg Asn Leu Glu Thr Ile Gly Ser Lys Leu Asn Leu Thr
65 70 75 80
Ile Arg Gln Glu Tyr Glu Gln Gln Gly Lys Lys Pro Thr Lys Asp Met

85 90 95
Ile Glu Ser Ser Val Tyr Ile His Asp Ser Tyr Gln Gln Gln Leu Lys
100 105 110
Val Val Glu Ala Trp Asn Tyr Lys Val Lys Gln Leu Gln Tyr Val Val
115 120 125
Lys Ala Phe Glu Thr Arg Arg Asp Met Met Ile Gln Leu Gly Ala Glu
130 135 140
Leu Arg Gln Thr Asn Lys Asn Gly Gly Ile Thr Asn Pro Phe Ser His
145 150 155 160

<210> 681
<211> 423
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 681

Met Asp Phe Asn Gln Phe Ile Asn Asn Glu Ala Ser Lys Leu Glu Ser
1 5 10 15
Asn Asn Ser Ser Phe Asn Asn Asn Val Glu Ser Tyr Lys Pro Lys Asn
20 25 30
Pro Val Leu Arg Leu Gly Asn Ile Lys Asp Ala Asn Gly Asn Lys Val
35 40 45
Val Lys Glu Asn Ala Phe Val Arg Val Leu Pro Pro Ala Gln Gly Thr
50 55 60
Asn Val Phe Phe Lys Glu Phe Arg Thr Thr Gly Ile Asn Tyr Ser Lys
65 70 75 80
Lys Asp Gly Ser Gln Gly Phe Thr Gly Leu Thr Leu Pro Ala Glu Glu
85 90 95
Gly Ser Ser Val Leu Asp Pro Tyr Ile Gln Asp Trp Ile Thr Asn Gly
100 105 110
Val Gln Phe Ser Arg Phe Pro Asn Lys Pro Gly Val Arg Tyr Tyr Ile
115 120 125
His Val Ile Glu Tyr Phe Asn Asn Asn Gly Gln Ile Gln Pro Lys Thr
130 135 140
Asp Ala Gln Gly Asn Val Met Ile Gln Pro Met Glu Leu Ser Asn Thr
145 150 155 160
Gly Tyr Lys Glu Leu Leu Ala Asn Leu Lys Asp Thr Met Leu Lys Pro
165 170 175
Ser Pro Asn Ala Pro His Ser Phe Ile Ser Ala Asn Glu Ala Phe Leu
180 185 190
Val Asn Ile Val Lys Ala Lys Lys Gly Glu Met Ser Trp Lys Val Ser
195 200 205
Val Tyr Pro Asn Ala Pro Leu Gly Ala Leu Pro Gln Gly Trp Glu Gln
210 215 220
Gln Leu Ser Asp Leu Asp Gln Leu Ala Lys Pro Thr Glu Glu Gln Asn
225 230 235 240
Pro Asn Phe Val Asn Phe Leu Ile Asn Asn Val Asn Asn Thr Glu Leu
245 250 255

Ser His Asp Asn Phe Lys Phe Asn Arg Glu Thr Asn Val Leu Gly Glu
260 265 270
Glu Pro Ser Glu Pro Lys Gln Ala Pro Thr Gln Gln Asp Val Asp Ser
275 280 285
Gln Met Pro Ser Asn Met Gly Gly Gln Pro Asn Gln Pro Gln Gln Gly
290 295 300
Gln Val Gly Gln Tyr Ala Gln Gln Gly Gln Ser Asn Gly Gln Gly Gln
305 310 315 320
Gln Leu Gln Gly Thr Gln Gln Pro Ile Asn Asn Thr Gln Phe Gly Gln
325 330 335
Gly Thr Pro Ser Gly Gln Gln Pro Ser Asn Thr Gly Ser Val Asp Trp
340 345 350
Asp Asn Leu Ala Gln Gln Gln Ser Gln Pro Asp Ser Asn Pro Phe Asn
355 360 365
Asp Phe Asp Val Ser Ser Val Asp Asp Ser Gln Val Pro Phe Glu Thr
370 375 380
Gln Pro Gln Asn Thr Gln Gln Ala Pro Glu Pro His Gln Thr Thr Gln
385 390 395 400
Glu Pro Pro Lys Gln Lys Gln Thr Gln Ser Ile Asp Asp Val Leu Gly
405 410 415
Gly Leu Asp Leu Asp Asn Leu
420

<210> 682
<211> 418
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 682

Met Ala Arg Ala Lys Lys Gly Lys Glu Val Asp Leu Thr Asp Leu Asn
1 5 10 15
Thr Ile Asp Leu Gly Lys Glu Leu Gly Leu Thr Leu Leu Ser Asp Thr
20 25 30
Asn Arg Ala Asp Ile Lys Asn Val Ile Pro Thr Met Val Pro Gln Tyr
35 40 45
Asp Tyr Ile Leu Gly Gly Gly Ile Pro Leu Gly Arg Leu Thr Glu Val
50 55 60
Tyr Gly Leu Thr Gly Ser Gly Lys Ser Thr Phe Ala Val His Leu Ser
65 70 75 80
Arg Ile Ala Thr Gln Leu Gly Val Ile Thr Ile Trp Ile Asp Ile Glu
85 90 95
Gly Thr Ala Asp Asn Asn Arg Met Glu Gln Leu Gly Val Asp Val Ser
100 105 110
Lys Leu Phe Ser Ile Gln Ser Gly Glu Gly Arg Leu Lys Asn Thr Val
115 120 125
Glu Leu Ser Val Glu Gln Val Gly Lys Glu Leu Glu Tyr Trp Ile Asp
130 135 140
Thr Phe Asn Glu Lys Ile Pro Gly Val Pro Ile Val Phe Ile Trp Asp

145 150 155 160
Ser Leu Gly Ala Thr Arg Thr Gln Lys Glu Ile Asp Gly Gly Ile Asp
165 170 175
Glu Lys Gln Met Gly Leu Lys Ala Ser Ala Thr Gln Lys Val Ile Asn
180 185 190
Ala Val Thr Pro Lys Leu Asn Asp Thr Asn Thr Gly Leu Ile Val Ile
195 200 205
Asn Gln Ala Arg Asp Asp Met Asn Ala Gly Met Tyr Gly Asp Pro Ile
210 215 220
Lys Ser Thr Gly Gly Arg Ala Phe Glu His Ser Ala Ser Leu Arg Ile
225 230 235 240
Lys Val His Lys Ala Ser Gln Leu Lys Gln Lys Ser Glu Leu Thr Gly
245 250 255
Lys Asp Glu Tyr His Gly His Ile Met Arg Ile Glu Thr Lys Lys Ser
260 265 270
Lys Leu Ser Arg Pro Gly Gln Lys Ala Glu Ala Asp Leu Leu Ser Asp
275 280 285
Tyr Met Val Gly Lys Glu Asp Asp Pro Ile Leu Leu Asn Gly Ile Asp
290 295 300
Leu Glu His Thr Val Tyr Lys Glu Ala Val Glu Arg Gly Leu Ile Thr
305 310 315 320
Lys Gly Ala Trp Arg Asn Tyr Val Thr Leu Asn Gly Glu Glu Ile Lys
325 330 335
Leu Arg Asp Ala Glu Trp Val Pro Val Leu Lys Asp Asn Arg Glu Leu
340 345 350
Tyr Leu Glu Leu Phe Ser Arg Val Tyr Gly Glu His Phe Pro Asn Gly
355 360 365
Tyr Ser Pro Leu Leu Asn Asn Lys Val Ile Val Thr Gln Leu Glu Glu
370 375 380
Tyr Gln Ala Leu Glu Asn Tyr Tyr Lys Glu Trp Ala Thr Asp Asn Lys
385 390 395 400
Gln Glu Glu Gln Glu Glu Glu Leu Lys Gly Glu Ser Gln Glu Lys Asp
405 410 415
Ser Glu

<210> 683
<211> 117
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 683

Met Asp Asn Leu Ile Asp Lys Asn Met Ser Gln Val Lys Glu Ser Leu
1 5 10 15
Gly Asn Ala Asn Ser Ser Asp Val Leu Pro Leu Pro Tyr Lys Asp Ile
20 25 30
Ala Lys Lys Phe Glu Glu Val Lys Glu Lys Gly Glu Ser Ile Ile Ile
35 40 45
Glu Glu Gly Gly Phe Pro Tyr Thr Asp Ser Thr Val Met Tyr Ile Glu

50 55 60

His Val Thr Asp Arg Trp Ala Gly Gly Tyr Ser Leu Ile Arg His Glu
65 70 75 80

Gly Glu Glu Val Lys Val Pro Lys Thr Ile His Phe Ser Asp Ile Tyr
85 90 95

Val Lys Asp Lys Ser His Lys Val Arg Ile Ile Phe Glu Gly Ala Asn
100 105 110

Pro Tyr Glu Glu Ser
115

<210> 684
<211> 220
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 684

Met Lys Lys Ala Asn Asn Gly Asn Arg Tyr Val Ile Asp Ile Asp Gly
1 5 10 15

Ile Pro Val Asp Phe Glu Arg Asp Leu Asp Ser Leu Leu Asn Arg Tyr
20 25 30

Lys Asn Leu Arg Trp Ser Leu Tyr His Arg Tyr Ala Gly Ile Leu Ser
35 40 45

Asn Asp Phe Glu Arg Gln Glu Leu Arg Glu Tyr Ile Asp Glu Gln Phe
50 55 60

Ile Lys Leu Val Lys Glu Tyr Asn Ile Arg Ser Lys Val Asp Phe Pro
65 70 75 80

Gly Tyr Ile Lys Ala Lys Leu Thr Leu Arg Val Gln Asn Ser Tyr Val
85 90 95

Lys Lys Asn Glu Lys Tyr Lys Arg Thr Glu Ile Ile Gly Lys Lys Asp
100 105 110

Tyr Thr Val Glu Ser Leu Thr Glu Asp Leu Asn Glu Asp Phe Glu Asp
115 120 125

Asn Gln Ile Met Ser Tyr Val Phe Asp Asp Ile Glu Phe Thr Glu Val
130 135 140

Gln Ser Glu Leu Leu Lys Glu Leu Leu Ile Asn Pro Glu Arg Glu Asp
145 150 155 160

Asp Ala Phe Ile Val Ser Gln Val Ala Glu Lys Phe Asp Met Lys Arg
165 170 175

Lys Glu Val Ala Ser Glu Leu Thr Glu Leu Arg Asp Tyr Val Arg Phe
180 185 190

Lys Ile Asn Ala Tyr His Glu Tyr Tyr Ala Lys Lys Glu Leu Asn Asn
195 200 205

His Arg Val Asn Thr Glu Asn His Ile Trp Glu Asn
210 215 220

<210> 685
<211> 210
<212> PRT
<213> Unknown

<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 685

```
Met Ala Lys Lys Asn Val Asn Asp Val Leu Gln Gln Glu Ser Val Thr
1               5                  10                  15
Val Ala Asp Lys Tyr Leu Gln Val Lys Val Asn Arg Asp Gly Tyr Thr
            20                  25                  30
Arg Thr His Glu Gly Gln Tyr Ala Tyr Lys Val Val Ser Glu Gly Glu
        35                  40                  45
Glu Leu Phe Leu Tyr Pro Val Gln Thr Asp Gly Lys Gly Thr Leu Asn
    50                  55                  60
Val Met Lys Lys Ser Pro Ile Ala Tyr Thr Asp Gly Asp Asn Ile His
65                  70                  75                  80
Phe Val Val Asn Thr Val Val Asp Pro Tyr Asn His Ser Phe Ile Arg
                85                  90                  95
Thr Glu Asp Ile Lys Gly Leu Asp Lys Gly Lys Gln Leu Ile Gln Ala
            100                 105                 110
Phe Leu Ala Phe Val Glu Asp Arg Phe Lys Phe Gly Val Tyr Asn Val
        115                 120                 125
Phe Val Ala Asn Asn Lys Glu Asp Val Leu Ser Ile Val Asp Pro Thr
    130                 135                 140
Asp Asn Asp Ala Asp Glu Val Lys Asp Ser Leu Glu His Ala His Glu
145                 150                 155                 160
Asp Val Ile Ala Asp Phe Pro Ala Ser Pro Ala Arg Lys Asp Val Lys
                165                 170                 175
Gly Val Asp Ser Gly Glu Gly Gln Gly Asp Thr Ser Glu Pro Ser Ala
            180                 185                 190
Pro Lys Asn Val Gln Val Thr Pro Lys Glu Asp Gly Ala Asp Val Ser
        195                 200                 205
Ala Glu
    210
```

<210> 686
<211> 170
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 686

```
Leu Ala Lys Leu Asn Leu Tyr Lys Gly Asn Glu Leu Leu Asn Ser Val
1               5                  10                  15
Glu Lys Thr Glu Gly Lys Ser Thr Ile Thr Ile Glu Asn Leu Asp Ala
            20                  25                  30
Asn Thr Asp Tyr Pro Lys Gly Thr Phe Lys Val Ser Phe Ser Asn Asp
        35                  40                  45
Ser Gly Glu Ser Glu Lys Val Asp Val Pro Gln Phe Lys Thr Lys Ala
    50                  55                  60
Ile Lys Val Ile Ser Val Thr Leu Asp Val Asp Ser Leu Asp Leu Thr
65                  70                  75                  80
```

Val Gly Asp Thr His Gln Leu Ser Thr Thr Ile Thr Pro Ser Glu Ala
85 90 95
Ser Asn Lys Asn Val Ser Phe Glu Ser Asp Lys Ser Gly Val Ala Ser
100 105 110
Val Thr Ser Glu Asp Leu Ile Glu Ala Val Ser Ala Gly Thr Ala Asn
115 120 125
Val Thr Val Thr Thr Glu Asp Gly Ser His Thr Asp Ile Val Ala Val
130 135 140
Thr Val Lys Glu Pro Ile Pro Glu Ala Pro Ala Asp Val Thr Val Glu
145 150 155 160
Pro Gly Glu Asn Ser Ala Asp Ile Thr Val
165 170

<210> 687
<211> 75
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 687
Met Glu Lys Thr Leu Lys Val Tyr Ser Asn Gly Glu Val Val Gly Ser
1 5 10 15
Gln Val Ala Asn Asn Asp Gly Ala Thr Thr Val Ser Ile Thr Gly Leu
20 25 30
Glu Ala Gly Lys Thr Tyr Ala Lys Gly Asp Phe Lys Val Ala Phe Ala
35 40 45
Asn Asp Ser Gly Glu Ser Glu Lys Val Asp Val Pro Glu Phe Thr Thr
50 55 60
Lys Thr Pro Thr Glu Glu Pro Ser Gly Asp Ala
65 70 75

<210> 688
<211> 86
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 688
Met Asp Ile Pro Thr Ile Leu Phe Arg Asn Pro Tyr Asp Tyr Thr Lys
1 5 10 15
Val Lys Lys Leu Met Glu Asn Lys Glu Gln Tyr Ile Val Val Lys Phe
20 25 30
Asp Ser Val Ser Val His Asn Leu Asn Val Gln Gly Met Met Asn Val
35 40 45
Ile Gln Asp Tyr Leu His Ile Tyr Gly Tyr Arg Val Lys Glu Tyr Gly
50 55 60
Gln Glu Asn Ser Ser Lys Asp Asp Glu Arg Asp Val Lys Gly Tyr Leu
65 70 75 80
Tyr Glu Arg Val Gly Glu
85

<210> 689
<211> 251
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 689

Met	Gly	Ile	Ile	Val	Asn	Ser	Asn	His	Ile	Gln	Ser	Asp	Thr	Leu	Tyr
1				5				10						15	
Glu	Tyr	Asp	Ser	Phe	Phe	Asp	Ile	Glu	Lys	Val	Asp	Thr	Phe	Glu	Glu
			20					25					30		
Gly	Leu	Leu	Ser	Ile	Gln	Asp	Glu	Pro	Thr	Val	Leu	Ala	Gly	Phe	Ile
		35					40					45			
Tyr	Asp	Asp	Ile	Thr	Phe	Asn	Lys	Val	Ile	Asn	Ser	Asn	Ser	Asp	Ile
	50					55					60				
Asp	Asp	Tyr	Ile	Lys	Asn	Asn	Asp	Ile	Tyr	Tyr	Val	Ser	Asp	Ile	Gly
65					70					75					80
Leu	Leu	Pro	Asp	Thr	Phe	Ile	Thr	Val	Asp	Ser	Asp	Arg	Lys	Tyr	Tyr
				85					90					95	
Ser	Leu	Leu	Gln	Gln	Ile	Thr	Glu	Leu	Ser	Lys	Asp	Pro	Phe	Pro	Lys
			100					105					110		
Trp	Val	Glu	Asp	Asp	Ala	Lys	Gly	Leu	Thr	Lys	Tyr	Tyr	Asn	Phe	Gln
		115					120					125			
Asp	Phe	Glu	Asp	Val	Phe	Asp	Leu	Asn	Ser	Phe	Tyr	Lys	Lys	Glu	Val
	130					135					140				
Asp	Met	Val	Arg	Glu	Lys	Cys	Tyr	Asn	Asn	Gly	Asn	Val	Tyr	Leu	Leu
145					150					155					160
Tyr	Glu	Val	Leu	Pro	Asp	Tyr	Lys	Leu	Pro	Leu	Ala	Tyr	Ser	Leu	Leu
				165					170					175	
Ser	Asn	Lys	Glu	His	Gly	Ile	Val	Ile	Ile	Gly	Ser	Gln	Thr	Arg	Ser
			180					185					190		
Asn	Asn	Asp	Ile	Leu	Thr	Phe	Tyr	Val	Lys	Gly	Met	Asp	Ala	Lys	Ala
		195					200					205			
Ile	Ala	Ser	Met	Phe	Asn	Val	Glu	His	Asp	Tyr	Asp	Ser	Asn	Ile	Phe
	210					215					220				
His	Thr	Phe	Val	Asn	Ser	His	Ile	Asn	Ile	Leu	Gly	Asn	Gln	Ile	Thr
225					230					235					240
Lys	Phe	Ile	Arg	Glu	Lys	Gly	Ser	Ser	Tyr	Glu					
				245					250						

<210> 690
<211> 416
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 690

Met	Ser	Asn	Tyr	Lys	Thr	Ile	Glu	Glu	Val	Gln	Ala	Val	Ile	Ile	Gly
1				5				10						15	

Val Leu Phe Lys Asp Glu Gly Lys Ile Ile Thr Ser Lys Phe Asn Lys
20 25 30
Ile Thr Lys Glu Phe Gly Leu Asp Arg Ile Gly Lys Asp Asp Leu Lys
35 40 45
Glu Ile Val Glu Asp Ile Arg Gln Asp Ala Tyr Leu Asn Glu Leu Lys
50 55 60
Asn Lys Ala Ile Lys Gly Lys Val Thr Leu Gly Asp Leu Lys Asp Val
65 70 75 80
Ala Asp Asn Gln Val Phe Glu Gly Asn Asn Tyr His Glu Glu Val Ser
85 90 95
Thr Tyr Val Val Ala Lys Glu Lys Glu Leu Ser His Leu Arg Glu Gln
100 105 110
Arg Lys His Asn Arg His Thr Ala Tyr Pro Gln Ile Met Phe Asp Glu
115 120 125
Leu Lys Glu His Met Val Lys Glu Leu Gln Gly Glu Thr Leu Val Glu
130 135 140
His His Gly Ser Lys Ala Asn Ile Asn Asp Thr Glu Leu Ile Val Leu
145 150 155 160
Leu Ser Asp Phe His Ile Gly Ser Ile Val Ser Asp Met Thr Asn Gly
165 170 175
Lys Tyr Asp Phe Glu Val Leu Lys Ala Arg Leu Asn His Phe Ile Asn
180 185 190
Thr Thr Val Lys Glu Ile Glu Asp Arg Glu Ile Ser Asn Val Thr Val
195 200 205
Tyr Phe Val Gly Asp Leu Val Glu His Ile Asn Met Arg Asp Val Asn
210 215 220
Gln Ala Phe Glu Thr Glu Phe Thr Leu Ala Glu Gln Ile Ser Lys Gly
225 230 235 240
Thr Arg Leu Leu Ile Asp Ile Leu Asn Val Leu Ser Asn Val Val Ser
245 250 255
Gly Glu Leu Arg Phe Gly Ile Ile Gly Gly Asn His Asp Arg Met Gln
260 265 270
Gly Asn Lys Asn Gln Lys Ile Tyr Asn Asp Asn Ile Ala Tyr Val Val
275 280 285
Leu Asp Ser Leu Leu Leu Phe Gln Glu Gln Gly Leu Leu Asn Gly Val
290 295 300
Asp Ile Ile Asp Asn Arg Glu Asp Ile Tyr Thr Ile Arg Asp Thr Phe
305 310 315 320
Gly Gly Lys Ser Ile Ile Ile Asn His Gly Asp Gly Leu Lys Gly Lys
325 330 335
Gly Asn His Ile Asn Lys Phe Ile Leu Asp Ser His Ile Asp Leu Leu
340 345 350
Ile Thr Gly His Val His His Phe Ser Val Lys Gln Glu Asp Phe Asn
355 360 365
Arg Met His Ile Val Ala Ser Ser Pro Met Gly Tyr Asn Asn Tyr Ala
370 375 380
Lys Glu Leu His Leu Ser Lys Thr Lys Pro Ser Gln Gln Leu Leu Phe
385 390 395 400

Ile Asn Lys Glu Asn Lys Asp Ile Asp Ile Lys Thr Val Phe Leu Asp
405 410 415

<210> 691
<211> 122
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 691

Met Asp Thr Ile Phe Ile Ile Gly Val Ala Phe Ile Thr Phe Ala Thr
1 5 10 15
Phe Asn Ile Val Phe Arg Leu Phe Asp Leu Trp Thr Thr Glu Lys Lys
20 25 30
Met Val Ser Gln Gly Gln Pro Pro Leu Ser Asn Phe Glu Tyr Tyr His
35 40 45
Val Ile Val Pro Tyr Leu Val Gly Val Ile Val Ile Ile Leu Ser Ile
50 55 60
Ile Phe Arg Asp Ser Leu Tyr Ser Ala Gln Ser Gly Phe Gly Val Ile
65 70 75 80
Ile Thr Ser Phe Ile Tyr Met Leu Val Tyr Val Ile Ile Gly Leu Val
85 90 95
Gly Ser Phe Val Leu Thr Ile Phe Gln Ala Arg Lys Ala Arg Gln Tyr
100 105 110
Gln Thr Gln Glu Asp Asn Asn Glu Val Gln
115 120

<210> 692
<211> 103
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 692

Met Lys Phe Asn Asp Ile Tyr Glu Gln Leu Ile Lys Asn Asp Thr Val
1 5 10 15
Gln Asn Ile His Glu Ser Gln Asp Asp Lys Gly Asn Ile Tyr Thr Ile
20 25 30
Gln Phe Asp Lys Gly Asn Asp Lys Tyr Leu Phe Asn Val Ile Asn Asp
35 40 45
Gly Phe Leu Lys Glu Met Thr Asn Gly Met Val Asp His Pro Glu Gly
50 55 60
Gln Pro Tyr Ser Val Ser Leu Ile Asn Lys Glu Thr Pro Ser Met Ser
65 70 75 80
Val Lys Gln Tyr Leu Thr Asp Val Glu Asp Ile Val Pro Thr Ile Arg
85 90 95
Lys Met Glu Lys Asp Phe Leu
100

<210> 693
<211> 178

<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 693

Met	Asp	Phe	Asn	Phe	Ser	Ala	Phe	Asp	Asn	Ser	Ser	Leu	Ala	Met	Arg
1				5				10						15	
Ile	Ser	Glu	Gly	Val	Tyr	Tyr	Phe	Asn	Asp	Thr	Pro	Tyr	Tyr	Phe	Ile
			20				25					30			
Glu	His	Val	Glu	Glu	Glu	Met	Ser	Glu	Tyr	Val	Ile	Val	Tyr	Asp	Ile
		35				40					45				
His	Asp	Arg	Glu	Glu	Lys	Glu	Asn	Pro	Gln	Lys	Lys	Tyr	Arg	Ile	Glu
	50				55					60					
Pro	Tyr	Gln	Arg	Thr	Ile	Pro	Gly	Gly	Thr	Pro	Leu	Ser	Asn	Leu	Ile
65				70					75					80	
Lys	Ser	Met	Met	Pro	Gln	Arg	Lys	Tyr	Pro	Lys	Lys	Val	Thr	Glu	Asp
			85					90					95		
Pro	Ile	Phe	Val	Ala	Asn	Val	Ile	Pro	Leu	Gly	Thr	Asp	Thr	Val	Thr
		100					105					110			
Gly	Lys	Thr	Gly	Lys	Gly	Phe	Phe	Glu	Arg	Asp	Lys	Asp	Arg	Thr	Ile
	115					120					125				
Tyr	Ser	Gln	Lys	Glu	Pro	Thr	Lys	Val	Val	His	Gly	Gln	Tyr	Thr	Gly
	130				135					140					
Val	Phe	Ile	Gly	Leu	Thr	Ser	Val	Lys	Trp	Asn	Arg	Thr	Tyr	Thr	Pro
145				150					155					160	
Leu	Glu	Ser	Val	Val	Glu	Tyr	Tyr	Lys	Arg	Val	Lys	Gly	Asp	Arg	Leu
			165					170					175		

Asn Val
<210> 694
<211> 255
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 694

Met	Ser	Asn	Asp	Val	Val	Lys	Phe	Tyr	Glu	Lys	Asp	Ile	Lys	Asp	Leu
1				5				10						15	
Ile	Arg	Thr	Lys	Lys	His	Met	Phe	Lys	Asp	Asp	Glu	Ile	Thr	Ser	Asp
			20				25					30			
Ile	Asn	Asp	Ile	Arg	Ile	Phe	Asn	Glu	Lys	Val	Ile	Cys	Gln	Gly	Lys
		35				40					45				
Cys	Arg	Thr	Asp	Cys	Leu	Val	Leu	Asp	Arg	Asn	Gly	Thr	Val	Met	Gly
	50				55					60					
Ile	Glu	Ile	Lys	Thr	Glu	Arg	Asp	Ser	Thr	Gln	Arg	Leu	Asn	Asn	Gln
65				70					75					80	
Leu	Lys	Tyr	Tyr	Ser	Leu	Val	Cys	Lys	Tyr	Val	Tyr	Val	Met	Cys	His
			85					90					95		
Asp	Lys	His	Val	Pro	Lys	Val	Glu	Gln	Ile	Leu	Lys	Arg	Tyr	Lys	His

100 105 110
Asn His Val Gly Ile Met Ser Tyr Ile Ser Phe Lys Gly Lys Pro Val
115 120 125
Val Gly Lys Tyr Lys Asp Ala Thr Pro Ser Pro His Arg Ser Pro Tyr
130 135 140
His Thr Met Asn Ile Leu Trp Lys Thr Asn Leu Met Thr Ile Leu Arg
145 150 155 160
Leu Ile Arg Asp Pro His Thr Tyr Arg Thr Gly Tyr Ser Tyr Asn Ala
165 170 175
Ser Gly Arg Tyr Ser Gly Gly Glu Gly Asn Phe Ser Gln Thr Thr Gln
180 185 190
Ser Lys Arg Met Lys Lys Pro Ala Ile Ile Asn Gln Ile Ile His Tyr
195 200 205
Val Gly Val Asp Asn Thr Tyr Lys Leu Phe Thr Arg Gly Val Ile Tyr
210 215 220
Gly Tyr Asn Asn Arg Trp Glu Val Ile Glu Glu Asp Phe Phe Asn Thr
225 230 235 240
Met Lys Asn Gly Val Arg Val Ile Asn Glu Gln Arg Gln Thr Lys
245 250 255

<210> 695
<211> 148
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 695
Met Ser Lys Asp Lys Pro Asn Arg Arg Lys Glu Ile Gln His Gln Pro
1 5 10 15
Val Asn Phe Ala Pro Thr Asn Thr Leu Thr Gly Ala Asn Asn Ser Phe
20 25 30
Phe Ala Lys Asn Pro Ser Glu Pro Lys Asp Ala Thr Ser Val Ile Glu
35 40 45
Tyr Arg Ile Leu Phe Ile Lys Arg Phe Asp Asn Val Thr Ser Thr Asp
50 55 60
Val Lys Leu Gln Lys Lys Tyr Ala Leu Asn Leu Ile Ser Glu Ala Leu
65 70 75 80
Asp Val Lys Glu Thr Tyr Leu Ser Leu Lys Gln Lys Gly Lys Lys Thr
85 90 95
Glu Ser Ile Leu His Thr Asp Arg Val Tyr Tyr Val His Arg Gly Lys
100 105 110
Lys Leu Ile Gly Lys Cys Ser Ile Arg Glu Gln Arg Thr Phe Lys Gly
115 120 125
Lys His Leu Ile Phe Ile Phe Lys Thr Arg His Arg Val Lys Ala Glu
130 135 140
Arg Lys Asp Lys
145

<210> 696
<211> 287

<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 696

Met Leu Lys Gly Phe Ser Glu His Val Asp Lys Pro Thr Thr Ser Lys
1 5 10 15
Thr Leu Tyr Lys Thr Leu Thr Ser Gly Lys Val Glu Leu Leu Gly Val
20 25 30
Ser Tyr Asp Ser Asp Tyr Phe Pro Ser Gly Val Thr Val Gln Ser Tyr
35 40 45
Ile Glu Asp Ile Gly Asn Glu Asp Glu Gly Leu Gln Phe Val Asn Lys
50 55 60
Val Asn Val Val Glu Ser Met Lys Gln Ala Val Val Gly Met Asn Asn
65 70 75 80
Gln Leu Gly Ser Ser Gly Leu Gly Tyr Val Arg Thr Glu Gln Leu Lys
85 90 95
Lys Glu Leu Glu Glu Thr Gly Leu Met Thr Asp Leu Leu Ala Arg Gly
100 105 110
Thr Asn Leu Thr Ser Thr Lys Lys Val Asp Ile Val Ser Thr Phe Ile
115 120 125
Glu Pro Glu Val Thr Tyr Gln Asn Ile Thr Ile Ala Lys Asp Ile Lys
130 135 140
Leu Arg Leu Tyr Lys Val Glu Glu Glu Ser Pro Leu Asn Gly Tyr Thr
145 150 155 160
His Ile Val Tyr Leu Leu Thr Thr Glu Lys Leu Tyr Asp Gly Gln Thr
165 170 175
Leu Phe Gly Met Leu Ser Lys Lys Asp Lys Leu Ser Lys Gly Asp Thr
180 185 190
Asp Lys Leu Leu Ala Phe Phe Arg Asn Asn Ser Leu Ile Ser Lys Ser
195 200 205
Val Phe Cys Val Lys Leu Leu Ser Lys Asp Tyr Tyr Phe Asn Leu Tyr
210 215 220
Asn Thr His Glu Thr Gly Ile Phe Phe Leu Glu Asp Thr Asp Val Ile
225 230 235 240
Thr Ile Ala Cys Gly Gln Ser Tyr Val Lys Val Asn Thr Lys Asp Ile
245 250 255
Lys Ser Ser Tyr Val Lys Ile Glu Asp Lys Thr His Lys Leu Thr Glu
260 265 270
Leu Val Ile Asn Leu Lys Gly Asp Asp Thr Leu Thr Ile Leu Phe
275 280 285

<210> 697
<211> 243
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 697

Met Ala Arg Lys Lys Asn Leu Arg Asn Lys Asn Ser Asp Ile Lys Val
1 5 10 15
Val Pro Asp Lys Glu Lys Glu Ser Ile Leu Ser Lys Leu Tyr His Asn
20 25 30
Lys Leu Leu Arg Ser Lys Val Asp Asn Ala Leu Asp Glu Asp Met Ser
35 40 45
Tyr Asp Asp Ile Ile Glu Leu Cys Lys Glu Tyr Asp Leu Glu Leu Ser
50 55 60
Lys Ser Ala Ile Thr Arg Tyr Lys Ser Lys Arg Lys Glu Ala Ile Glu
65 70 75 80
Asn Gly Trp Asp Leu Gly Glu Leu Ile Asp Lys Arg Lys Lys Thr Ser
85 90 95
Val Lys Asp Ile Lys Glu Lys Glu Thr Pro Ile Leu Glu Glu Glu Gln
100 105 110
Leu Ser Pro Phe Glu Gln Ser Lys His His Thr Gln Thr Ile Tyr Asp
115 120 125
Asp Ile Gln Val Leu Asp Met Ile Ile Ser Lys Gly Ala Lys Gly Leu
130 135 140
Glu Phe Val Glu Thr Leu Asp Pro Ala Leu Met Ile Arg Ala Met Glu
145 150 155 160
Thr Lys Asp Lys Ile Thr Gly Asn Gln Leu Lys Gly Met Ser Phe Ile
165 170 175
Gly Leu Arg Glu Leu Gln Leu Lys Gln Thr Ala Gln Asp Thr Ala Met
180 185 190
Ser Glu Val Leu Leu Glu Phe Ile Pro Glu Glu Lys His Glu Glu Val
195 200 205
Leu Gln Arg Leu Glu Glu Leu Gln Asn Glu Phe Tyr Lys Asn Leu Asp
210 215 220
Leu Asp Glu Glu Ser Arg Lys Leu Lys Glu Ala Leu Asp Arg Val Gly
225 230 235 240
Tyr Thr Ile

<210> 698
<211> 152
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 698

Met Ala Asp Glu Ile Ser Leu Asn Pro Ile Gln Asp Ala Lys Pro Ile
1 5 10 15
Asp Asp Ile Val Asp Ile Met Thr Tyr Leu Lys Asn Gly Lys Val Leu
20 25 30
Arg Val Lys Gln Asp Asn Gln Gly Asp Ile Leu Val Arg Met Ser Pro
35 40 45
Gly Lys His Lys Phe Thr Glu Val Ser Arg Asp Leu Asp Lys Glu Ser
50 55 60
Phe Tyr Tyr Lys Arg His Trp Val Leu Tyr Asn Val Ser Val Asn Ser
65 70 75 80

Leu Ile Thr Phe Asp Val Tyr Leu Asp Glu Glu Tyr Ser Glu Thr Thr
85 90 95
Lys Val Lys Tyr Pro Lys Asp Thr Ile Val Glu Tyr Thr Arg Glu Asp
100 105 110
Gln Glu Lys Asp Val Ala Met Ile Lys Glu Ile Leu Thr Asp Asn Asn
115 120 125
Gly Asn Tyr Phe Tyr Ala Leu Thr Gly Glu Thr Met Leu Phe Asp Glu
130 135 140
Asn Lys Leu Asn Lys Val Lys Asp
145 150

<210> 699
<211> 147
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 699

Met Phe Ile Ser Leu Asn Gln Glu Glu Lys Glu Leu Leu Thr Lys Glu
1 5 10 15
Glu Ser Lys Tyr Thr Pro Leu Glu Thr Ser Arg Glu Phe Asn Thr Pro
20 25 30
Lys Glu Glu Phe Ile Val Thr Ser Tyr Asn Glu Gly Lys Pro Leu Asp
35 40 45
Tyr Ile Ala Lys Glu Ala Lys Val Ser Met Gly Leu Ile Tyr Thr Val
50 55 60
Leu Asn Tyr Tyr Lys Val Gly Lys Arg Asn Lys Lys Ser Pro Val Glu
65 70 75 80
Glu Arg Ile Ala His Ile Leu Lys Asp Lys Asn Leu Val Lys Glu Ile
85 90 95
Ile Lys Asp Tyr Gln Tyr Met Asn Leu Gln Asp Ile Tyr Ser Lys Tyr
100 105 110
Asn Leu His Lys Asn Gly Leu Tyr Tyr Ile Leu Asp Leu Tyr His Val
115 120 125
Glu Arg Lys Ser Glu Leu Lys Asp Lys Ala Leu Glu Glu Asp Asn Ile
130 135 140
Val Val Glu
145

<210> 700
<211> 234
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 700

Met Arg Asn Lys Lys Ser Phe Gln Glu Gln Leu Asn Asp Met Arg Asn
1 5 10 15
Lys Glu Lys Trp Val Ser Glu Glu Glu Phe Thr Glu Glu Val Ala Pro
20 25 30

Ser Glu Glu Pro Glu Val Glu Glu Glu Lys Leu Tyr Thr Leu Asn Glu
35 40 45
Leu Lys Glu Asn Leu Leu Asp Ala Gln Gly Leu Lys Asp Val Val Ala
50 55 60
Asp Phe Pro Ala Ser Lys Asp Leu Tyr Glu Pro Asn Lys Leu Tyr Ile
65 70 75 80
Cys Thr Ile Pro Lys Gly Tyr Arg Ser Thr Glu Val Gln Pro Gly Gln
85 90 95
Tyr Ile Gly Ile Ser Thr Gly Leu Leu Ser Glu Ser Glu Asp Phe Ser
100 105 110
His Leu Arg Gly Gln Met Pro Arg Asn Leu Tyr Glu Thr Ser His Val
115 120 125
Leu Lys Pro Leu Val Arg Ile Asn Asn Thr Asn Leu Glu Tyr Gln Gln
130 135 140
His Glu Leu Leu Glu Asp Ile Lys Asp Asp Lys Lys Ile Tyr Asp Val
145 150 155 160
Glu Leu Glu Asp Leu Arg Leu Val Thr Gly Glu Glu Ile Ser His Leu
165 170 175
Glu Ile Val Asp Ser Lys Phe Phe Glu Ser Arg Ile Asn Glu Ile Leu
180 185 190
Asp Arg Tyr Thr Glu Leu Thr Asp Ser Asp Asp Leu Leu Ile Tyr Tyr
195 200 205
Ser Lys Leu Arg Glu Leu Val Gly Ser Asp Lys Met Ile Tyr Cys Ser
210 215 220
Leu Leu Asp Lys Cys Val Lys Ile Ile Asp
225 230

<210> 701
<211> 132
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 701

Met Ser Arg Lys Ala Ser Ile Phe Tyr Ile Leu Val Val Ile Val Leu
1 5 10 15
Ala Phe Ser Ile Ser Ser Tyr Tyr Ile Ser Ser Phe Met Tyr His Asp
20 25 30
Lys Ala Lys Asn Glu Val Ser Thr Glu Leu Ser Asn Thr Gly Lys Ile
35 40 45
Lys Glu Glu Lys Asn Val Glu Phe Val Gly Asp Tyr Thr Leu Lys Lys
50 55 60
Val Glu Asn Asn Lys Ala Tyr Phe Met Glu Thr Leu Pro Thr Tyr Leu
65 70 75 80
Pro Gly Arg Thr Gly Asp Asn Ser Ile Asp Met Arg Tyr Tyr Lys Thr
85 90 95
Ser Arg Phe Lys Glu Gly Val Asn Phe Lys Leu Ile Arg Val Tyr Thr
100 105 110
Glu Asp Gly Glu Asp Asn Pro Ile His Lys Tyr Arg Phe Glu Ala Val

115 120 125

Pro Thr Lys Lys
130

<210> 702
<211> 80
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 702

Met Glu Met Ala Asp Leu Glu Arg Phe Asp Thr Phe Val Arg Leu Val
1 5 10 15
Ser Asp Asp Glu Leu Ser Glu Glu Arg Ala Leu Glu Leu Ser Val Asp
20 25 30
Leu Leu Asn Pro Ile Leu Glu Gly Gly Thr Ala Tyr Gln Ala Lys Lys
35 40 45
Arg Ile Arg Ser Lys Phe Gly Lys Ile Glu Ala Lys Asn Phe Lys Arg
50 55 60
Asn Tyr Lys Phe Leu Leu Lys Ser Ile Ala Gln Ile Asp Gln Arg Arg
65 70 75 80

<210> 703
<211> 185
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 703

Met Ile Glu Arg Glu Lys Leu Val Lys Glu Ile Glu Asp Ala Asn Arg
1 5 10 15
Asp Ile Gln Leu Arg Leu Lys Glu Val Asp Asp Tyr Lys Asp Ser Ile
20 25 30
Arg Ser Lys Gly Thr Arg Asn Tyr Val Ser Thr Lys Val Leu Asp Ser
35 40 45
Val Met Val Gly Leu Ile Ile Ser Phe Phe Ile Leu Val Met Leu Arg
50 55 60
Val Leu Glu Tyr Phe Val Thr Gly Asn Ala Val Tyr Ser Pro Leu Ala
65 70 75 80
Pro Ala Val Ile Ile Met Phe Val Leu Ala Leu Gly Thr Trp Lys Val
85 90 95
Ser Lys Met Asn Lys Ile Val Ser Tyr Arg Gly Thr Ile Lys Met Tyr
100 105 110
Trp Glu Leu Ser Asn Ala Glu Gln Asn Gln Ala Lys Val Phe Lys Tyr
115 120 125
Pro Asn Asp Glu Val Asp Ile Val Ser Lys His Asn Leu Arg Gln Ile
130 135 140
Thr Phe Ser Glu Ile Asn Ile Leu His Leu Lys Tyr Met Arg Tyr Asn
145 150 155 160
Lys Ala Val Glu Gln His Thr Lys Leu Ser Lys Glu Leu Phe Lys Lys

165 170 175
Asp Lys Glu Thr Val Asp Lys Asn Lys
180 185
<210> 704
<211> 58
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 704
Met Val Ile Pro Ser Ile Lys Ala Gln Asn Lys Phe Lys Asn Glu Leu
1 5 10 15
Glu Tyr Tyr Lys Gln Gly His Ile Ser Glu Ser Lys Met Leu Glu Leu
20 25 30
Ala Phe Asp Tyr Ile Gln Glu Leu Glu Gln Asn Asn Glu Tyr Val Thr
35 40 45
Asn Leu Leu Glu Glu Glu Arg Tyr Gly Glu
50 55
<210> 705
<211> 82
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 705
Val Ser Lys Phe Ile Gly Val Tyr Leu Phe Asn Leu Leu Val Val Ala
1 5 10 15
Leu Ile Tyr Thr Val Gly Phe Leu Phe Phe Tyr Gly Val Ala Ser Leu
20 25 30
Val Ile Ile Leu Thr His Ala Thr Ile Asp Pro Phe Val Leu Ala Thr
35 40 45
Phe Leu Gly Ile Gly Phe Leu Val Ile Arg Thr Ala His Arg Ile Met
50 55 60
Ala Arg Val Ile Asn Asp Ala Val Ala Lys Ala Ile Lys Asp Lys Glu
65 70 75 80
Asn Glu
<210> 706
<211> 77
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 706
Met Asn Lys Gly Glu Phe Ile Met Asp Lys Thr Leu Pro Lys Phe Ser
1 5 10 15
Val Tyr Glu Val Ile Val Lys Thr Val Ile Met Thr Pro Thr Glu Gly
20 25 30
Ser Ser Asp Leu Glu Ser Phe Tyr Phe Ser Thr Arg Glu Leu Ala Glu

35 40 45
Arg Phe Val Glu Glu Asn Thr Val Glu Thr Lys Asn Gly Lys Arg Val
50 55 60
Ser Phe Ala Val Lys Glu Arg Lys Val Asn Gln Pro Gly
65 70 75
<210> 707
<211> 162
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 707
Met Lys Val Ser Glu Glu Val Lys Gln Ser Tyr Leu Glu Asn Arg Ala
1 5 10 15
Asn Thr Lys Met Asp Lys Ile Ser Trp Ser Glu Leu Arg Ser Ser Pro
20 25 30
Leu Gly Ile Thr Leu Gly Asp Ile Ile Phe Tyr Ser Val Val Ile Ile
35 40 45
Asp Asn Ile Ile Ala Ile Ile Leu Thr Leu Thr Leu Ile Gly Thr Ile
50 55 60
Thr Asp Ser Ile Glu Ser Thr Leu Ala Gln Ile Ile Val Gly Met Phe
65 70 75 80
Ile Ile Ile Thr Ile Tyr Gly Ile Leu Ser Ala Leu Ile Pro Ile Leu
85 90 95
Val His Lys Ala Val Ser Pro Gly Trp Ser Tyr Thr Glu Trp Asn Glu
100 105 110
Ser Tyr Tyr Ile Arg Leu Pro Gly Glu Glu Asn Tyr Lys Tyr Tyr Ser
115 120 125
Lys Trp Tyr Leu Asp Leu Leu Gly Val Lys Glu Phe Tyr Tyr Lys Arg
130 135 140
Asp Asn Gly Glu Glu Val Lys Glu Lys Ile Tyr His Gly Leu Phe Lys
145 150 155 160
Leu Lys
<210> 708
<211> 39
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 708
Leu Leu Thr Asn Arg Pro Leu Thr Ile Leu Glu Tyr Lys Lys Leu Lys
1 5 10 15
Lys Leu Asp Lys Glu Ser Glu Ile Arg Lys Gln Glu Asp Leu Glu Glu
20 25 30
Tyr Lys Gln Tyr Asn Ser Asn
35
<210> 709
<211> 82

<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 709

```
Met Ile Ser Ser Phe Asp Ser Ile Leu Leu Val Ile Tyr Ile Ile Ile
1               5                  10                  15
Ala Phe Ala Val Ala Met Ala Ile Ile Tyr Leu Val Phe Lys Gly Met
            20                  25                  30
Thr Ile Leu Leu Asp Lys Leu Met Met Leu Leu Leu Ser Lys Thr Thr
        35                  40                  45
Leu Asp Val Glu Ala Cys Ser Met Ile Met Ala Val Ile Ser Thr Ile
    50                  55                  60
Val Phe Gly Ile Ile Val Leu Leu Ile Trp Leu Ala Val Asn Asn Ile
65                  70                  75                  80
Leu Leu
```

<210> 710
<211> 58
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 710

```
Met Asp Phe Asn Asp Phe Ile Asn Ser Glu Ser Asp Arg Val Gly Lys
1               5                  10                  15
Pro Lys Gln Lys Lys Lys Val Glu Asn Lys Leu Pro Ser Ser Thr Pro
            20                  25                  30
Ile Glu Asp Lys Glu Lys Lys Leu Lys Glu Ile Arg Lys Lys Ser Leu
        35                  40                  45
Tyr Ile Asp Leu Arg Arg Lys Arg Asn Asp
    50                  55
```

<210> 711
<211> 98
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 711

```
Met Thr Lys Glu Thr Asn Val Leu Tyr Lys Asp Lys Tyr Arg Asp Tyr
1               5                  10                  15
Thr Ile Val Val Arg Leu Ala Gly Asn Ile Ile Val Thr Glu Val Asp
            20                  25                  30
Lys Lys His Lys Thr Ala Phe Thr Pro Ile Ile Phe Asp Asn Gly Val
        35                  40                  45
Glu Gly Val Glu Leu Val Met Arg Ile Gly Ser Val Glu Leu Ser Met
    50                  55                  60
Thr Asp Leu Arg Glu Phe Thr Lys Glu Val Ser Thr Ala Gln Lys Ala
65                  70                  75                  80
```

Leu Glu Tyr Phe Asn Lys Lys Leu Tyr Ile Lys Gly Leu Thr Asp Glu
85 90 95

Ala Phe

<210> 712

<211> 60

<212> PRT

<213> Unknown

<220>

<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10

<400> 712

Met Leu Leu Gly Ile Leu Trp Phe Ile Trp Gly Phe Val Ser Tyr Phe
1 5 10 15

Val Leu Met Phe Gly Ile Glu Phe Trp Lys Asp Arg Trp Met Pro Gly
20 25 30

Val Ile Gly Ala Gly Ala Leu Leu Leu Phe Leu Phe Trp Ile Met Lys
35 40 45

Ser Ile His Asn Ala Met Thr Val Val Tyr Leu Tyr
50 55 60

<210> 713

<211> 123

<212> PRT

<213> Unknown

<220>

<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10

<400> 713

Met Ile Asp Ile Leu Val Ile His Tyr Glu Glu Thr Asn Lys Arg Val
1 5 10 15

Leu Lys Glu Thr Ile Gln Thr Ile Gln Asn His Leu Asn Asp Glu His
20 25 30

Gly Leu Val Lys Met Thr Ala Thr Lys Leu Ser Arg Glu Asn Ile Glu
35 40 45

Lys Arg Phe Asn Asn Tyr Asn Ile Val Ile Ala Glu Asp Asp Pro Asp
50 55 60

Asn Ser Tyr His Tyr Gly Glu Ala Val Glu Asp Ala Asp Phe Ile Ile
65 70 75 80

Asp Ile Pro Ile Ser Tyr Leu Asp Ile His Ala Gly Ile Glu Trp Asp
85 90 95

Val Asp Asn Pro Val Asp Met Leu Asp Arg Asn Pro Asp Phe Ile Glu
100 105 110

Ala Val Asn Lys Leu Asn Glu Asp Leu Met Leu
115 120

<210> 714

<211> 115

<212> PRT

<213> Unknown

<220>

<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10

<400> 714

Met Leu Asn Glu Lys Leu Lys Asn Leu Glu Asp Thr Lys Val Tyr Met
1 5 10 15
Ile Asn Ser Ile Ala Ser Leu Leu Ser Ala Ser Thr Gly Lys Ser Ser
20 25 30
Lys Val Phe Phe Asp Glu Gly Thr Ile Lys Ile Val Ser Gly Glu Thr
35 40 45
Lys Ala Val Glu Val Ile Asp Asn Leu Val His Pro His Ser Gly Arg
50 55 60
Leu Pro Ile Lys Thr Thr Glu Arg Ile Ala Leu Gly Arg Leu Thr Asp
65 70 75 80
Ser Leu Gln Phe Val Ile Ser Glu Ile Glu Val Val Lys Asp Gln Ile
85 90 95
Ile Asp Glu Glu Asn Glu Ala Tyr Ile Asp Phe Val Met Glu Asp Trp
100 105 110
Asn Trp Asp
115

<210> 715
<211> 92
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 715

Met Pro Met Asp Leu Leu Thr Ile Ala Ser Val Ala Phe Ile Ala Val
1 5 10 15
Val Ile Ile Asp Leu Ile Asn Asp Asp Met Ser Tyr Met Leu Thr Gly
20 25 30
Thr Ala Ile Leu Ile Asn Ile Trp Ala Gly Phe Tyr Gly Trp Phe Phe
35 40 45
Leu Leu Gln Ala Gly Met Leu Leu Phe Leu Leu Leu Ala Arg Lys Val
50 55 60
Lys Asp Asp Lys Glu Ser Ile Leu Tyr Ser Ser Ala Ser Leu Ile Cys
65 70 75 80
Ala Leu Gly Met Ile Ile Asn Leu Leu Ser Phe Ser
85 90

<210> 716
<211> 101
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 716

Met Ser Lys Glu Thr Ile Arg Arg Gln Phe Ser Asn Ala Ile Glu Ile
1 5 10 15
Met Ala Thr Thr Lys Glu Trp Trp Asn Phe Pro Lys Ser Phe Asp Thr
20 25 30
Asn Lys Glu Phe Lys Ile Lys Thr Phe Lys Asn Asp Thr Leu Val Phe
35 40 45

Glu Val Arg Glu Gly Ser Arg Asn Leu Gly Ser Phe Val Val Phe Thr
50 55 60
Asn Ile Asp Phe Asp Tyr Asp Lys Leu Glu Gly Thr Ser Thr Gln Tyr
65 70 75 80
Met Ile Asn Tyr Phe Ala Lys Lys Leu Thr Lys Asp Met Phe Asn Tyr
85 90 95
His Lys Leu Gln Leu
100

<210> 717
<211> 116
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 717

Met Arg Glu Glu Leu Lys Pro Phe Asn Arg Lys Gln Val Asn Val Lys
1 5 10 15
Gly Tyr Leu Asp Asp Val Lys Tyr Ser Lys Arg Arg Arg His Lys Gly
20 25 30
Asn Gln His Gly Cys Val Lys Ile Thr Val Thr Asp Val Lys Ile Asn
35 40 45
Gly Ile Pro Ile Asp His Val Asn Ile Glu Val Gly Ile Ser Phe Tyr
50 55 60
Glu Lys Leu Lys Glu Leu Gln Gly Lys Arg Ile Gln Phe Val Gly Thr
65 70 75 80
Val Tyr Lys Tyr Val Lys His Ala Arg Gly Arg Lys Gly Arg Ile Lys
85 90 95
Gly Phe Tyr Lys Glu Asp Tyr Ser Val Thr Leu Asp Lys Lys Leu Gln
100 105 110
Lys Glu Glu Lys
115

<210> 718
<211> 59
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 718

Met Thr Glu Trp Tyr Ala Leu Cys Tyr Tyr Asp Lys Val Gly Lys Lys
1 5 10 15
Lys Ile Pro Arg Gln Val Arg Ala His Arg Asp Ile Ser Val Leu Glu
20 25 30
Glu Leu Lys Glu Arg Leu Glu Glu Arg Asn Pro Asn Thr Glu Tyr Ser
35 40 45
Ile Lys Thr Thr Lys Glu Phe Asp Glu Glu Arg
50 55

<210> 719
<211> 136

<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 719

```
Val Lys Leu Glu Asp Lys Val Leu Glu Arg Ile Asp Ser Leu Gly Gly
1               5                  10                  15
Lys Leu Gly Asp Ile Ser Gln His Ala Trp Glu Ala Leu Val Lys Tyr
            20                  25                  30
Gln Ile Ile Tyr Gly Ile Ile Asp Leu Ile Val Gly Ile Val Val Ile
        35                  40                  45
Ala Leu Thr Leu Phe Leu Trp Lys Val Phe Ile Asn Gln His Lys Lys
    50                  55                  60
Val Asn Asp Met Asp Arg Asp Asp Asp Tyr Ser Leu Leu Phe Glu Asp
65                  70                  75                  80
Cys Glu Asp Leu Ser Gly Ile Gly Leu Phe Tyr Val Ile Val Thr Ser
                85                  90                  95
Leu Ile Ser Leu Phe Ala Phe Ile Tyr Leu Ile Tyr Gly Ile Pro Met
            100                 105                 110
Asp Ile Ile Lys Ile Leu Asn Pro Glu Val Phe Ala Val Lys Asp Leu
        115                 120                 125
Ile Glu Gln Ala Lys Gly Gly Asn
    130                 135
```

<210> 720
<211> 97
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 720

```
Met Lys Gln Arg Asp Phe Glu Phe Glu Glu Asp Phe Val Leu Thr Tyr
1               5                  10                  15
Glu Cys Glu Asp Cys Lys His Phe Glu Asp Trp Gly His Asp Glu Glu
            20                  25                  30
Pro Glu Glu Cys Ser Glu Cys Gly Ser Ser Asp Leu Ile Asn Asn Thr
        35                  40                  45
Ser His Glu Asp Thr Glu Cys Asp Met Cys Lys Gly Tyr Ile Asp Met
    50                  55                  60
Trp Gln Asp Gly Tyr Arg Tyr Met Gly Asp Asn Lys Ala Tyr Leu Glu
65                  70                  75                  80
Lys Glu Asp Ser Gly Leu Ile Cys Glu Asp Cys Tyr Glu Lys Leu Asp
                85                  90                  95
Ile
```

<210> 721
<211> 95
<212> PRT
<213> Unknown
<220>

<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 721
Met Asn Lys Ala Val Glu Gln Ala Ser Asn Ala Val Gly Gln Gly Phe
1 5 10 15
Ser Ala Met Val Trp His Gln Val Leu Val Gly Leu Gly Phe Ile Leu
20 25 30
Leu Gly Leu Ile Leu Ser Leu Leu Val Trp Val Leu Val Lys Lys Phe
35 40 45
His Val Pro Phe Asn His Pro Thr Ala Phe Val Val Tyr Ser Ile Met
50 55 60
Leu Val Ser Ile Val Ala Ser Phe Ile Trp Gly Gly Leu His Val Ile
65 70 75 80
Asn Pro Glu Tyr Tyr Ala Ile Leu Glu Leu Lys Gly Phe Ile Lys
85 90 95
<210> 722
<211> 37
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 722
Met Thr Lys Glu Glu Leu Glu Gln Arg Val Lys Glu Leu Glu Ala Glu
1 5 10 15
Asn Lys Glu Leu Lys Lys Gln Ile Glu Arg Phe Glu Asp Glu Gly Gly
20 25 30
Lys Thr Lys Asp Glu
35
<210> 723
<211> 88
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 723
Met Asn Ser Arg Gln Lys Lys Ile Leu Thr Leu Thr Val Ser Asn Phe
1 5 10 15
Leu Ile Leu Ala Leu Asp Thr Val Ala Leu Ile Arg Tyr Lys Lys Gly
20 25 30
Lys Ile Lys Gln Glu Asn Tyr Asn Thr Gly Gln Ile Thr Arg Met Ile
35 40 45
Ala Thr Thr Ala Asn Ser Leu Gly Ile Leu Tyr Leu Glu Glu Gln Glu
50 55 60
Arg Lys Glu Val Lys Asp Ile Lys Val Gly Thr Phe Glu Ile Gly Ala
65 70 75 80
Leu Lys Arg Phe Thr Asn Asn Lys
85
<210> 724
<211> 101

<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 724

```
Met Lys Gly Ile Ile Ile Phe Tyr Lys Glu Glu Thr Lys Glu Asp Leu
1               5                  10                  15
Gly Tyr Phe Leu Gly Phe Ile Asn Phe Lys Leu Glu Gly Leu Ser Tyr
            20                  25                  30
Thr Thr Glu Gly Thr Leu Val Asp Asn Asp Val Val Val Leu Lys Asp
        35                  40                  45
Asn Gln Ile Asn Glu Asp Asn Leu Glu Gln Phe Ser Met Ser Asn Asn
    50                  55                  60
Asn Leu Val Ile Gly Ile Leu Gly His Ser Ser Leu Ser Val Arg Ile
65                  70                  75                  80
Tyr Glu Lys Gly Ile Arg Gln Glu Phe Asp Arg Val Glu Glu Tyr Leu
                85                  90                  95
Glu Glu Leu Arg Gln
            100
```

<210> 725
<211> 133
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 725

```
Met Ile Phe Ile Leu Ile Phe Gly Leu Leu Phe Ile Leu Ser Leu Leu
1               5                  10                  15
Gly Ile Phe Ile Tyr Ser Ile Val Leu Arg Lys Lys Lys Gln Leu Ile
            20                  25                  30
Glu Glu Arg Glu Ser Phe Gly Ile Tyr Asn Arg Thr Lys Glu Lys Leu
        35                  40                  45
Gly Asp Val Thr Arg Leu Gly Tyr Glu Glu Asp Val Tyr Lys Leu Ile
    50                  55                  60
His Asn Gln Ser Asn Lys Thr Ile Ile Glu Asp Lys Lys Ser Lys Val
65                  70                  75                  80
Val Asp Thr Ile Lys Lys Met Tyr Glu Leu Glu Leu Thr Ser Val Asp
                85                  90                  95
Val Ser Lys Val Glu Gly Leu Ser Pro Leu Asp Thr Glu Pro Met Thr
            100                 105                 110
Asn Met Lys Leu Leu Ser Tyr Lys Leu Asp Arg Glu Gly Leu Tyr Ser
        115                 120                 125
Leu Ser Lys Phe Ile
    130
```

<210> 726
<211> 78
<212> PRT
<213> Unknown

<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 726

Met Glu Phe Ile Asp Lys Asn Asn Val Ile Lys Ala Tyr Asp Ile Pro
1 5 10 15
Asn Val Tyr Leu Lys Gly Tyr Val Leu Gln Ala Cys Asp Lys Asn Gly
20 25 30
Asp Thr Thr Ala Tyr Asp Gly Tyr Asp Gln Ile His Tyr Lys Glu Gly
35 40 45
Arg Val Leu Thr Phe Pro Phe Asp Lys Pro Leu Arg Lys Ile Asn Val
50 55 60
Leu Ser Gly Tyr Tyr Lys Leu Phe Lys Lys Glu Asp Ile Ile
65 70 75

<210> 727
<211> 175
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 727

Met Ile Tyr Phe Val Ser Asp Leu His Phe Gly His Asp Asn Ile Arg
1 5 10 15
Glu Phe Glu Ala Pro Thr Arg Ser His Trp Asn Ser Val Glu Glu Met
20 25 30
Asn Glu Gly Leu Ile Glu Leu Trp Asn Asn Thr Ile Thr Asn Asn Asp
35 40 45
Ile Val Tyr Asn Ile Gly Asp Phe Phe Phe Asn Met Lys Pro Ser Lys
50 55 60
Val Glu Asp Ile Leu Asn Arg Leu Asn Tyr Lys Glu Met Ile Leu Ile
65 70 75 80
Ala Gly Asn His Asp His Lys Lys Leu Ile Lys Leu Tyr Glu Arg Asn
85 90 95
Gly Ile Thr Val Lys Tyr Ala Asp Met Ile Lys Lys Asp Gly Lys Arg
100 105 110
Phe Tyr Leu Ser His Tyr Pro Thr Leu Ile Gly Arg Lys Asn Met Phe
115 120 125
Asn Ile His Gly His Ile His Ser Gln Leu Met Gly Thr Glu Tyr His
130 135 140
Ile Asn Val Gly Tyr Asp Val Glu Gly Lys Ile Ala Tyr Ser Phe Asp
145 150 155 160
Asp Ile Ile Ser Arg Ala Gly Glu Tyr Asn Gly Glu Ile Gln Arg
165 170 175

<210> 728
<211> 103
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10

<400> 728
Met Glu Lys Phe Lys Gly Lys Asp Leu Tyr Lys Thr Arg Ile Arg Lys
1 5 10 15
Gln Thr Ile Lys Asn Leu Val Ile Lys Thr Glu Lys Leu His Asn Lys
20 25 30
His Gly Lys Tyr Arg Pro Ile Gly His Val Tyr Tyr Tyr Pro Lys Thr
35 40 45
Lys Glu Phe Thr Leu Ser Lys Pro Glu Gln Lys Ile Phe Ile Glu Tyr
50 55 60
Met Lys Ala Leu Gly Phe Ser Val Lys His Lys Arg Arg Lys Lys Ile
65 70 75 80
Ile Ile Val Tyr Lys Asn Val Leu Asp Glu Tyr Leu Ser Met Tyr Gln
85 90 95
Glu Ala Ile Glu Ser Thr Cys
100

<210> 729
<211> 59
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 729
Met Lys His Phe Ile Leu Ile Leu Gly Ile Val Ile Leu Val Ile Ala
1 5 10 15
Leu Gly Ile Val Leu Pro Ala Trp Ile Leu Gln Leu Val Leu Ser Ala
20 25 30
Phe Gly Val Lys Val Ser Ile Trp Val Cys Ile Gly Ile Phe Ile Leu
35 40 45
Ile Ser Ala Val Gly Ser Met Phe Ser Arg Asn
50 55

<210> 730
<211> 87
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 730
Met Ala Lys Tyr Glu Ser Asn Ile Asn Gly Glu Asn Tyr Ile Ala Thr
1 5 10 15
Pro Ser Gln Ala Leu Arg Glu Ala Leu Ala Glu Leu Ile Arg Glu Glu
20 25 30
Lys Asn Phe Ala Glu Tyr Gln Thr Lys Gly Glu Glu Gln Tyr Glu Ser
35 40 45
Gln Leu Gln Leu Arg His Phe Asp Ser Met Ile Ser Gln Tyr Glu Glu
50 55 60
Ala Ile Arg Val Leu Glu Asp Arg Tyr Ser Pro Gln Ile Phe Ile Pro
65 70 75 80
Lys Asp Asn Lys Glu Glu Lys

85

<210> 731
<211> 105
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 731

Met Lys Ala Glu Ser Ile Ala Arg Phe Phe Gln Asp Lys Val Leu Gln
1 5 10 15
Ile Glu Gly Tyr Lys Val Arg Phe Thr Gln Ala Ser Ser Ser Tyr Ile
20 25 30
Leu Asp Ile Asp Thr Met Asp Glu Ser Val Leu Phe Leu Asp Thr Val
35 40 45
Val Phe Thr Leu Ser Gly Lys Tyr Leu Leu Asp Thr His Ile Thr Ile
50 55 60
Asn Lys Pro Glu Thr Leu Ser Ser Asn Glu Leu Tyr Thr Glu Ile Ser
65 70 75 80
Asn Lys Leu Gln Glu Ile Val Gly Asp Gln Thr Lys Thr Asp Ile Glu
85 90 95
Leu Ser Lys Tyr Phe Lys Glu Val Lys
100 105

<210> 732
<211> 226
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 732

Met Ser Ser Glu Ala Ile Thr Asn His Leu Leu Asn Leu Asn Gln Ile
1 5 10 15
Lys Ile Lys Glu Tyr Asn Ile His Ala Tyr Ile Lys Lys Ser Val Cys
20 25 30
Ser Gly Ile Glu Asn Ala Asp Phe Glu Val Arg Ile Asn Tyr Ile Ala
35 40 45
Asp Lys Asp Pro Asn Tyr Ile Arg Thr Ile Asn Ser Ile Ile Phe Val
50 55 60
Asp Tyr Ser Asn Arg Asn Pro Lys Glu Ile Leu Leu Gln Phe Lys Glu
65 70 75 80
Lys Ile Leu Ser Ile Val Lys Glu Gln Val Glu Ile Asp Asn Asp Phe
85 90 95
Ile Glu Ala Ile Lys Asp Ile Asn Thr Asn His Glu Leu Glu Lys Leu
100 105 110
Glu Pro Phe Ile Asn Lys Glu Tyr Tyr Ser Met Phe Lys Ser Ser Ile
115 120 125
Glu Lys Glu Val Pro Val Ala Leu Ser Ser Glu Val Leu Asn Arg Cys
130 135 140
Thr Gly Lys Thr Ser Thr Leu Ala Tyr Leu Ala Ile Glu Lys Asp Leu

145 150 155 160
Pro Leu Ile Val Ser Asn Asn Ser Met Met Lys Met Leu Lys Lys Asp
165 170 175
Tyr Pro Ser Val Lys Val Ser Ser Val Glu Asp Phe Ser Asn Tyr Asn
180 185 190
Ile Lys Gly Glu Ile Val Leu Ile Asp Glu Val Asp Val Asp Gln Leu
195 200 205
Tyr Ser Ala Asp Arg Val Ser Val Asp Ala Leu Leu Val Gly Ile Ile
210 215 220
Lys Asn
225

<210> 733
<211> 52
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 733
Met Val Gly Ile Ile Ile Leu Ile Val Gly Leu Ile Leu Phe Leu Ala
1 5 10 15
Ser Gly Tyr Lys Leu Val Leu Gly Lys Tyr Tyr Asp Asp Ile Asp Leu
20 25 30
Lys Met Leu Phe Thr Ile Phe Gly Ile Gly Ala Ile Leu Leu Leu Thr
35 40 45
Gly Phe Ile Leu
50

<210> 734
<211> 74
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 734
Met Asn Tyr Lys Glu Val Leu Glu Val Ile Lys Lys Asn Lys Pro Cys
1 5 10 15
Lys Val Arg Phe Thr Gly Ser Ile Leu Ala Ile Val Asn Lys Glu Phe
20 25 30
Asn Ala Asp Thr Asp Lys Gly Ile Leu Gln Ile Asp Val Ser Asn Ile
35 40 45
Asn Lys Asn Asp Tyr Ile Lys Leu Gln Gln Tyr Cys Leu Glu Arg Asp
50 55 60
Asp Tyr Thr Val Ala Gly Ala Ile Leu Phe
65 70

<210> 735
<211> 66
<212> PRT
<213> Unknown
<220>

<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 735
Met Asn Tyr Arg Asp Phe Ile Thr Asp Cys Ile Ser Cys Gly Tyr Lys
1 5 10 15
Val His Ile Ser Val Thr Glu Lys Arg Val His Ile Ile Ser Glu Met
20 25 30
Thr Ser Ala Ser Tyr Pro Lys Lys Glu Ile Asn Leu Asp Glu Leu Gln
35 40 45
Ala Tyr Val Tyr Tyr Met Asn Asn Phe Gly Ser Gln Ile Thr Thr Glu
50 55 60
Gly Leu
65
<210> 736
<211> 96
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 736
Met Glu Leu Val Ile Asn Ile Ile Ala Val Leu Ile Gly Met Tyr Gly
1 5 10 15
Ile Tyr Phe Tyr Val Thr Lys Phe Ser Thr Gly Leu Ser Gly Ile Leu
20 25 30
Ile Val Leu Gly Met Ala Val Gly Leu Tyr Phe Tyr Leu Asp Tyr Leu
35 40 45
Asn Val Arg Glu Asn Val Ile Arg Leu Val Ser Val Met Phe Gly Ala
50 55 60
Phe Leu Phe Ser Ile Glu Met Ile Tyr Asn Lys Ile Met Phe Glu Ile
65 70 75 80
Lys Lys Ser Lys Tyr Asp Lys Thr Val Arg Thr Tyr Arg Gly Asp Gln
85 90 95
<210> 737
<211> 117
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 737
Met Asn Ala Arg Lys Ala Arg Lys Asn Thr Lys Asn His Lys Asp Ser
1 5 10 15
Ser Val Val Thr Lys Glu Gln His Leu Thr Tyr Ile Tyr Asn Lys Ile
20 25 30
Asn Tyr Leu Ile Ala Asn Ser Ser Ser Gln Gly Lys Thr Tyr Val Val
35 40 45
Met Asn Leu Arg Thr Gly Tyr Pro Asp Glu Phe Ser Leu Ser Lys Leu
50 55 60
Lys Tyr Leu Lys Glu Ile Lys Gln His Tyr Lys Asp Leu Gly Phe Thr
65 70 75 80

Val Gln Thr Gln Val Arg Lys Ser Arg Trp Ser Glu Lys Ser Ile Ile
85 90 95
Arg Tyr Tyr Phe Asn Leu Gly Tyr Ile Asp Ser Val Leu Val Pro Ile
100 105 110
Ile His Ile Ser Trp
115
<210> 738
<211> 57
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 738
Met Asp Asn Pro Asn Leu Asn Lys Lys Thr Leu Arg Ala Val Ile Arg
1 5 10 15
Glu Met Asp Lys Asp Ile Glu Glu Arg Ala Glu Ala Leu Arg Arg Glu
20 25 30
Glu Thr Arg Leu Ser Ile Ala Arg Asp Asn Arg Lys Arg Leu Tyr Ile
35 40 45
Glu Leu Glu Ser Ile Leu Glu Glu Glu
50 55
<210> 739
<211> 74
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 739
Met Asp Phe Asn Leu Lys Asp Tyr Ala Val Arg Pro Ile Thr Asp Lys
1 5 10 15
Glu Gly Asn Met Val Val Arg Thr Val Tyr Val Cys Leu Lys Arg Glu
20 25 30
Tyr Ser Asp Trp Val Val Asp Lys Val Tyr Gly Arg Gln Glu Ser Ser
35 40 45
Glu Thr Trp Leu Lys Phe Met Gln Glu Ile Arg Asn Ile Glu Arg Ala
50 55 60
Lys Leu Arg Val Glu Lys Trp Gln Val Asn
65 70
<210> 740
<211> 52
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 740
Met Ser Leu Ser Glu Leu Leu Glu Tyr His Lys Asn Ser Gly Lys Glu
1 5 10 15
Arg Ala Glu Tyr Ile Ser Asp Asn Gly Asn Cys Arg Val Ala Ile Met

20 25 30
His Tyr Asp Lys Trp Ala Val Val Gly Asp Leu Glu Asn Ala Val Phe
35 40 45
Thr Ile Glu Lys
50
<210> 741
<211> 33
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 741
Met Tyr Leu Phe Ala Lys Ile Ile Ile Ile Ser Ile Asp Val Ile Pro
1 5 10 15
Leu Met Ser Ile Ile Val Val Gln Leu Ile Thr Asp Tyr Asn Asp Arg
20 25 30
His
<210> 742
<211> 56
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 742
Met Ile Ile Pro Leu Ile Ile Leu Met Met Thr Phe Gly Thr Phe Ala
1 5 10 15
Phe Ser Tyr Val Ala His Asp Ala Tyr Arg Val Asp Glu Lys Gly Ile
20 25 30
Met Tyr Ala Met Val Val Gly Ile Val Val Ile Asn Val Ile Gly Leu
35 40 45
Glu Met Ile Ile Val Glu Cys Leu
50 55
<210> 743
<211> 97
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 743
Met Ile Asp Ile Tyr Leu His Ser Glu Tyr Asp Lys Asp Lys Leu Lys
1 5 10 15
Phe Ile Leu Lys Ala Ile Arg Asp Phe Ser Pro Arg Glu Leu Thr Tyr
20 25 30
Asp Phe Arg Asn Pro Lys Ala Asp Val Ser Ile Gln Glu Leu Leu Gly
35 40 45
Asp Asp Ile Asp Ile Phe Glu Ser Ile Ala Leu Asp Tyr Pro Asn Asp
50 55 60
Ile Asn Ile Leu Val Gly Asp Ser Gly Tyr Ser Ile Val Tyr Gln Asn

65 70 75 80
Asp Phe Leu Thr Ile Ser Gly Leu Ser Thr Ala Met Lys Glu Val Ile
85 90 95
Gly
<210> 744
<211> 61
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 744
Met Ile Gly Phe Thr Ile Leu Ser Thr Ile Met Val Ile Leu Val Ile
1 5 10 15
Ala Met Tyr Thr Gln Val Leu Val Asp Met Ile Gln Ser Ile Arg Tyr
20 25 30
Asp Arg Phe Asp Lys Val Leu Asn Ile Val Thr Phe Ile Val Met Thr
35 40 45
Val Val Leu Val Ser Gly Ile Leu Ile Met Phe Asp Ile
50 55 60
<210> 745
<211> 104
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 745
Met Lys Ala Ile Val Tyr Cys Ala Lys Arg Tyr Ser Lys His Thr Leu
1 5 10 15
Lys His Ile Leu Glu Glu Leu Glu Ala Glu Asn Ser Asp Leu Thr Phe
20 25 30
Ser Thr Glu Ile Ser Asp Leu Gly Glu Val Asp Ile Val Val Gln His
35 40 45
Thr Lys Leu Pro Phe Ser Glu Leu Met Asp Leu Cys Ser Lys Val Ser
50 55 60
Lys Gly Ser Asp Arg Phe Tyr Val Phe Val Gly Asn His Ser Gly Tyr
65 70 75 80
Tyr Ile Asn Gly Asp Leu Tyr Ile Asn Glu Ile Gly Lys Phe Ile Thr
85 90 95
Ser Arg Glu Thr Asn Val Met Met
100
<210> 746
<211> 105
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 746
Met Ile Glu Ile Arg Leu Val Glu Gly Tyr Asp Lys Ser Gln Leu Lys

1 5 10 15
Phe Met Leu Lys Lys Ile Lys Arg Val Ala Pro Arg Glu Leu Thr Tyr
20 25 30
Asp Ile Glu Ala Gly Ile Asp Ser Val Asp Val Asn Ile Glu Asp Val
35 40 45
Leu Pro His Lys Ser Pro Gln Glu Tyr Glu Arg Tyr Ser Met Leu Leu
50 55 60
Glu Glu Asp Leu Trp Ile Val Ile Leu Glu Ser Gly Tyr Ile Ala Tyr
65 70 75 80
Trp Asp Gly Lys Lys Tyr Gly Gly Glu Ala Leu Asp Asp Ile Ile Tyr
85 90 95
Asn Met Phe Lys Gly Arg Gly Arg Leu
100 105

<210> 747
<211> 98
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 747
Met Ile Glu Val Phe Leu Ser Lys Asp Tyr Asp Lys Asp Leu Leu Lys
1 5 10 15
Ala Tyr Leu Glu Tyr Ile Arg Lys Ser Ala Ser Arg Glu Leu Lys Tyr
20 25 30
Asn Thr Asn His Thr Lys Gly Thr Asp Val Asn Ile Glu Asn Ile Ile
35 40 45
Ser Tyr Thr Asn Gln Glu Val His His Phe Ser Ser Tyr Gly Met Tyr
50 55 60
Arg Asp Asp Leu Cys Val Phe Ile Asp Asn Thr Arg Val Ser Glu Tyr
65 70 75 80
Leu Asn Gly Glu Pro Val Gly Val Asp Thr Ile Tyr Lys Tyr Ile Lys
85 90 95
Glu Met

<210> 748
<211> 85
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 748
Met Phe Lys Val Tyr Tyr Thr Val Tyr His Arg Gln Ser Met Lys Thr
1 5 10 15
Ile Lys Asp Lys Leu Asp Arg Ser Gly Leu Ile Tyr Phe Leu Tyr Glu
20 25 30
Thr Trp Tyr Lys Asp Ile Asn Asn Val Cys Pro Ser Asn Tyr Asn Pro
35 40 45
Glu Phe Gly Ser Leu Asn Lys Asp Ile Asp Ile Asp Arg Leu Ile Glu
50 55 60

Ala Val Asn Glu Glu Gly Ile Leu Leu Ile Asn His Gly Asn Tyr Val
65 70 75 80
Thr Val Glu Glu Trp
85

<210> 749
<211> 202
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 749

Met Ile Asp Ile Glu Ile Lys Ile Trp Asp Glu Thr Leu Arg Met Gln
1 5 10 15
Val Glu Glu Glu Asp Val Leu Ser Phe Leu Ser Lys Phe Lys Asn Lys
20 25 30
Thr Thr Gly Asp Lys Glu Glu Ser Tyr Gly Val Gly Leu Asp Glu Ser
35 40 45
Lys Trp Lys Val His Pro Phe Tyr Thr Arg Tyr Glu Val His Pro Glu
50 55 60
Gly Tyr Val Arg Leu Lys Asp Thr Lys Thr Pro Val Ile Phe Thr Lys
65 70 75 80
Tyr Arg Lys Glu Leu His His Lys Pro Gln Phe Ile Ser Ser Asn Ile
85 90 95
Met Asp Asp Glu Gly Lys His Thr Val Ala Leu His Lys Leu Val Ala
100 105 110
Asp Thr Phe Ile Pro Ile Pro Trp Tyr Leu Gln Gly Tyr Asn Tyr Thr
115 120 125
Asp Leu Ser Val Gly Leu Lys Asp Gly Asp Tyr Glu Asn Lys Glu Ala
130 135 140
Val Lys Ala Tyr Asn Leu Ala Trp Tyr Val Gly Arg Ile Arg Gly Asn
145 150 155 160
Ala Pro Met Ile Lys Leu Met Asp Leu Glu Asp Asp Arg Val Leu Tyr
165 170 175
Phe Ala Ser Ile Pro Gln Ile Glu Asn Phe Ile Arg Asp Asn Lys Leu
180 185 190
Asp Pro Lys Arg Phe Asn Tyr Lys Thr Glu
195 200

<210> 750
<211> 84
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 750

Met Glu Phe Lys Phe Glu Gly Thr Lys Glu Glu Leu Asn Lys Glu Val
1 5 10 15
His Asn Leu Leu Lys Lys Val Asn Tyr Val Tyr Gln Val Asn Ile Phe
20 25 30

Glu Asn Glu Leu Arg Asn Leu Ile Asp Val Lys Glu Lys Asp Tyr Leu
35 40 45
Phe Ser Leu Ser Val Asp Tyr Asn Trp Leu Met Glu Glu Lys Gln Lys
50 55 60
Asp Gly Tyr Asn Asp Leu Ala Ser Ala Ile Tyr Glu Glu Tyr Ile Glu
65 70 75 80
Thr Tyr Leu Asn
<210> 751
<211> 102
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 751
Met Asp Val Lys Glu Ile Ala Asn Thr Ile Met Glu Leu Trp Gln Met
1 5 10 15
Asp Gly Tyr Arg Cys Thr Glu Pro Pro Leu Tyr Glu Ser Thr Leu Asn
20 25 30
His Thr Arg Thr Tyr Thr Ala Leu Ile Val Ser Ile Lys Gly Asn Tyr
35 40 45
Asp Thr Val Gln Met Phe Arg Lys Thr Pro Ile Met Ser Met Arg Gly
50 55 60
Gln Ala Gln Pro Ala Ser Met Leu Val Asn Val Ile Asp Asp Val Ile
65 70 75 80
Ile Ile Val Tyr Glu Asn Val Val Tyr Gly Val Gln Asn Lys Glu Ile
85 90 95
Lys Phe Ile Glu Glu Ile
100
<210> 752
<211> 95
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 752
Met Thr Asn Lys Asn Tyr Leu Tyr Glu Glu Ala His Thr Val Gln Gly
1 5 10 15
Asn Glu Ile Thr Ala Phe Arg Ile Pro Asn Asp Ala Asn Gly Asn Pro
20 25 30
Arg Tyr Val Val His Phe Met Asp Leu Asn Ile Lys Leu Ala Asp Tyr
35 40 45
Asp Asn Ile Asn Lys Leu Tyr Gly Phe Asn Lys Tyr Arg Ala Lys Trp
50 55 60
Phe Gly Gly Gly Val Val Phe Gln Ser Tyr Asn Ile Glu Asp Thr Leu
65 70 75 80
Asn Phe Ala Leu Asp Lys Val Lys Glu Ile Glu Ala Val Lys Asn
85 90 95
<210> 753

<211> 63
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 753
Met Lys Phe Lys Ile Glu Lys Asn Asn Ser Asp Ile Lys Thr Leu Trp
1 5 10 15
Asn Leu Ala Lys Asn Gly Tyr Met Ser Tyr Gln Thr Val His Asn Ile
20 25 30
Phe Lys Asn Glu Ser Asp Glu Phe Ile Ile Phe Asn Ser Lys Gln Thr
35 40 45
Tyr Asn Lys Phe Met Glu Leu Arg Tyr Asn Arg Ser Ala Ile Gln
50 55 60
<210> 754
<211> 52
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 754
Met Leu Lys Phe Lys Trp Lys Asn Lys Thr Ile Lys Ser Thr Gln Lys
1 5 10 15
Thr Asp Asn Ile Leu Leu Leu Ile Ile Gly Gly Leu Val Ala Thr Ile
20 25 30
Thr Pro Lys Leu Val Asn Trp Phe Leu Leu Leu Gln Asp Asn Ile Asn
35 40 45
Ile Phe Leu Arg
50
<210> 755
<211> 43
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 755
Met Lys Lys Ile Thr Thr Thr Leu Asn Leu Ile Gly Met Lys Asn Asn
1 5 10 15
Glu Arg Phe Thr Glu Glu Leu Lys Asn Tyr Arg Gln Asp Val Thr Phe
20 25 30
Leu Lys Ala Asn Lys Ile Val Lys Tyr Ser Lys
35 40
<210> 756
<211> 107
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10

<400> 756
Met Lys Phe Ile Lys Thr Ile Glu Asn Leu Leu Thr Lys Ala Glu Asn
1 5 10 15
Lys Gly Gln Ala Ile Leu Asn Gly Arg Tyr Tyr Asp Gly Tyr Arg Asn
20 25 30
Gly Glu Leu Glu Glu Lys Tyr Ala Ile Glu Ile Glu Gly Asn Lys Leu
35 40 45
Val Met Arg His Trp Gly Thr Gln Thr Ile Glu Ile Asp Leu Gly Met
50 55 60
Lys Glu Ile Val Ser Tyr Tyr Gly Glu Ser Asn Ser Asp Arg Asp Ser
65 70 75 80
Leu Asn Thr Leu Val Tyr Cys Leu Gly Ile Ala Pro Asn Phe Arg Tyr
85 90 95
Leu Pro Ser Lys Asp Leu Phe Ile Tyr Glu Asn
100 105
<210> 757
<211> 133
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 757
Met Phe Lys Leu Gln Asn Lys Val Glu Ile Ile Val Pro Lys Tyr Thr
1 5 10 15
Asn Ser Gly Lys Glu Ile Ser Ser Pro Ala Ile Lys Glu Ala Val Asn
20 25 30
Asn Ala Thr Lys Ile Cys Gly Gly Cys Thr Ile Thr Glu Ile Lys Gly
35 40 45
Gln Trp Trp Ser Asp Asp Glu Gln Arg Ile Met Glu Asp Asp Asn Leu
50 55 60
Asn Leu Glu Trp Tyr Tyr Asp Lys Gly Met Gln Asp Met Asn Asp Gln
65 70 75 80
Gln Gly Leu Leu Gln Ala Leu Ser Lys Ile Ala Arg Gln Leu Ile Val
85 90 95
Phe Tyr Glu Gln Glu Ala Ile Ser Ile Lys Ile Asn Gly Thr Leu Tyr
100 105 110
Ile Ile Asp Tyr Glu Asp Leu Asp Leu Leu Ser Tyr Asp Leu Tyr Glu
115 120 125
Leu Met Phe Lys Asn
130
<210> 758
<211> 73
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 758
Met Asn Arg Leu Glu Ile Val Lys Asp Thr Ala Met Glu Tyr Ile Leu

1 5 10 15
Met Met Asp Asn Ser Val Met Asp Gly Val Met Thr Gln Glu Glu Tyr
20 25 30
Asn Glu Ala Val Ser Phe Glu Lys Val Tyr Asp Tyr Thr Leu Ser Glu
35 40 45
Ala Asn Gln Glu Cys Lys Phe Leu Gly Gly Lys Val Leu Thr Phe Leu
50 55 60
Val His Glu Ala Ile Glu Glu Tyr Ala
65 70

<210> 759
<211> 45
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 759
Met Arg Tyr Glu Ile Val Thr Leu Val Asn Gly Glu Leu Phe Met Phe
1 5 10 15
Ala Thr Phe Lys Lys Ala Glu Ala Glu Asn Lys Tyr Gln Glu Trp Cys
20 25 30
Asp Leu Tyr Gly Gln Glu Asn Val Ser Met Glu Lys Asn
35 40 45

<210> 760
<211> 54
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 760
Met Thr Lys Thr Ile Lys Gln Leu Glu Ser Gln Leu Glu Arg Leu Glu
1 5 10 15
Arg Lys Ser Asp Glu Gln Leu Ala Asn Gly Tyr Tyr Glu Ala Phe Glu
20 25 30
Arg Thr Cys Ala Gln Ile Arg Glu Leu Asp Leu Gln Ile Glu Leu Lys
35 40 45
Lys Asn Ser Glu Thr Val
50

<210> 761
<211> 78
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 761
Met Lys Leu Leu Asn Arg Asp Asn Glu Ile Val Ile Ser Ile Ala Thr
1 5 10 15
Leu Glu Ser Val Lys Gln Ala Leu Ile Trp Glu Tyr Ile Asp His Ile
20 25 30

Asp Asn Asn Ile Leu Asp Ser Glu Ile Tyr Asp Gln Glu Ala Val Val
35 40 45
Val Thr Ser Lys Thr Leu Gln Ser Ile Lys Phe Ala Asp Thr Met Glu
50 55 60
Asp Leu Gln Glu Tyr Ile Ala Asp Ile Asn Trp Lys Leu Val
65 70 75

<210> 762
<211> 157
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 762

Met Thr Asn Thr Ile Lys Gly Phe Leu Gln Thr Glu Glu Ala Ser Thr
1 5 10 15
Val Lys Asp Val Ala Thr His Gly Val Gln Ser Gly Ala Ile Gly Arg
20 25 30
Leu Ile Tyr Thr Ser Asp Val Val Lys Phe Phe Asp Arg His Tyr Ser
35 40 45
Asp Ile Glu Ala Val Val Leu Asp Phe Leu Glu Gly Phe Thr Gly Gln
50 55 60
Arg Tyr Tyr Asp Leu Leu Asp Tyr Asp Leu Met Arg Glu Leu Glu Glu
65 70 75 80
His Ala Asn Val Glu Phe Glu Asp Glu Asp Glu Tyr Asn Asn Ile Gln
85 90 95
Phe Asp Leu Ala Glu Asn Ile Ala Ser Asp Glu Ile Glu Gly Phe Glu
100 105 110
Asp Met Asp Glu Ala Glu Gln Ala Asp Ala Val Ile Glu Ala Met Asp
115 120 125
Asp Val Glu Leu Glu Ile Leu Asp Thr Asp Lys Val Gln Phe Val Asn
130 135 140
Leu Ala Val Glu Ile Val Ala Gln Gln Met Gln Glu Ala
145 150 155

<210> 763
<211> 54
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 763

Met Thr Ile Lys Glu Ile Ile Asn Gln Leu Gln Ala Val Glu Asn Lys
1 5 10 15
Glu Leu Glu Leu Phe Val Cys Asp Lys Glu Gly Asn Asn Ile Ser Ile
20 25 30
Lys Asp Ile Thr Leu Phe Asp Ser Glu Ala Glu His Thr Glu Asn Asn
35 40 45
Pro Leu Gly Ile Asn Tyr
50

<210> 764
<211> 89
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 764

Leu	Asn	Ile	Arg	Glu	Val	His	Asn	Val	Val	Lys	Ser	Ala	Lys	Ser	Lys
1				5				10						15	
Leu	Leu	Gln	Glu	Gln	Asn	Asn	Ile	Asn	Asn	Val	Met	Ile	Asp	Asp	Tyr
		20					25					30			
Ile	Thr	Glu	Glu	Leu	His	Arg	Arg	Thr	Gln	Arg	Ser	Gly	Thr	Ile	Gln
	35					40					45				
Met	Asn	Asn	Asn	Thr	Ala	Ser	Tyr	Ser	Asn	Gly	Ser	Tyr	Gly	Ser	Leu
50					55					60					
Glu	Glu	Ile	Arg	Glu	Ala	Tyr	Asp	Leu	Ser	Ser	Leu	Ser	Thr	Asn	Glu
65				70					75					80	
Ile	Lys	Glu	Leu	Leu	Glu	Thr	Phe	Val							
				85											

<210> 765
<211> 73
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 765

Met	Arg	Asp	Leu	Gln	Glu	Arg	Lys	Arg	Glu	Leu	Lys	Thr	Leu	Leu	Phe
1				5				10						15	
Asn	Leu	Ala	Ile	Glu	Lys	Asn	Arg	Ala	Thr	Asp	Glu	Thr	Leu	Arg	Ser
		20					25					30			
Val	Leu	Glu	Glu	Ala	His	Gln	Glu	Val	Gly	Asn	Gln	Leu	Arg	Lys	Val
	35					40					45				
Arg	Lys	Glu	Ile	Glu	Ile	Leu	Val	Glu	Glu	Lys	Glu	Arg	Glu	Phe	Trp
50					55					60					
Asn	Asp	Phe	Asp	Phe	Asn	Gly	Leu	Asp							
65				70											

<210> 766
<211> 759
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 766

Met	Pro	His	Leu	Lys	Ala	Tyr	Asp	Lys	Glu	Gly	Asn	Ile	Leu	Ala	Ile
1				5				10						15	
Gly	Tyr	Asn	Val	Tyr	Thr	Glu	Gln	Gly	Ser	Val	Ile	Ile	Pro	Asn	Leu
		20					25					30			
Lys	Pro	His	Thr	Lys	Tyr	Pro	Gln	Gly	Glu	Phe	Tyr	Val	Ser	Trp	Glu

```
         35                  40                  45
Gly Asp Asn Tyr Glu Ser Glu Lys Thr Val Val Pro Glu Phe Thr Thr
    50                  55                  60
Leu Glu Ser Ser Tyr Lys Glu Ile Thr Phe Tyr Ala Lys Asp Ile Leu
65                  70                  75                  80
Thr Val Lys Pro Lys Thr Ala Tyr Asp Ile Ala Val Asp Asn Gly Phe
                85                  90                  95
Thr Gly Thr Glu Glu Glu Trp Val Lys Ser Ile Lys Gly Glu Pro Gly
            100                 105                 110
Glu Pro Gly Lys Pro Gly Glu Pro Gly Lys Pro Gly Glu Pro Gly Lys
        115                 120                 125
Thr Gly Glu Pro Gly Lys Asp Phe Thr Phe Asp Arg Phe Thr Glu Glu
    130                 135                 140
Gln Leu Asp Ser Leu Arg Val Phe Val Asn Pro Ser Asp Ser Asn Leu
145                 150                 155                 160
Gln Glu Val Asn Lys Thr Met Glu Asp Ser Leu Ile Val Tyr Pro Asp
                165                 170                 175
Asn Gly Glu Asp Ile Arg Leu Tyr Pro Ser Thr Val Asp Lys Thr Tyr
            180                 185                 190
Phe Ser Asn Ile Thr Ile Arg Asn Ser Ile Pro Glu Asn Thr Met Asn
        195                 200                 205
Pro Asp Gly Ser Phe Thr Leu Asn Ser Asn Gly Trp Leu Phe Tyr Thr
    210                 215                 220
Val Lys Ala Val Glu Lys Leu Ala Pro Gly Lys Thr Phe Ser Ala Lys
225                 230                 235                 240
Ile Ile Thr Asp Asp Val Pro Asp Pro Lys Ala Ser Phe Glu Tyr Ser
                245                 250                 255
Ile Gln Asp Ser Asp Gly Ser Tyr Ile Gln Thr Ile Thr Gln Leu Asn
            260                 265                 270
Lys Ile Asn Asp Thr Thr Phe Ala Ile Asn Asn Ile Asn Ile Pro Glu
        275                 280                 285
Asn Ser Ser Lys Ile Ser Leu Arg Ile Asp Thr Arg Gln Val Thr Ser
    290                 295                 300
Pro Val Asn Ile Lys Gln Phe Leu Leu Phe Asp Gly Ser Ser Thr Lys
305                 310                 315                 320
Lys Ile Gln Thr Val Asn Asn Glu Glu Phe Ile Lys Gly Leu Ile Lys
                325                 330                 335
Glu Ile Asp Asn Met Lys Ile Ser Met Lys Lys Glu Thr Ser Tyr Lys
            340                 345                 350
Ile Pro Val Phe Thr Pro Val Asp Tyr Leu Ile Lys Asp His Pro Leu
        355                 360                 365
Val Asn Asn Ile Phe Thr Asp Gly Leu Gly Lys Phe Ser Thr Ser Leu
    370                 375                 380
Asn Met Glu Asn Phe Lys Leu Arg Gly Gly Lys Ser Tyr Tyr Val Asp
385                 390                 395                 400
Gly Glu Asn Gly Asn Asp Thr Asn Asp Gly Leu Ser Gln Ser Thr Pro
                405                 410                 415
Phe Lys Thr Phe Lys Lys Ala Gln Gly Ile Ile Asn Asn Gly Asp Thr
```

420 425 430

Leu Tyr Val Ser Asp Gly Asp Tyr Phe Arg Val Gly Gly Thr Leu Leu

435 440 445

Pro Pro Ile Ser Asn Lys Ser Ile Asn Ile Ile Gly Leu Gly Ser Asn

450 455 460

Val Asn Leu Phe Met Ala Asp Glu Pro Thr Trp Thr Lys Thr Ser Gly

465 470 475 480

Arg Asp Ser Thr Tyr Glu Phe Thr Arg Ser Ala Val Arg Arg Val Val

485 490 495

Asp Phe Asn Asn Asp Arg Glu Phe Thr Asn Val Thr Ser Leu Asp Lys

500 505 510

Val Asp Thr Thr Leu Phe Ser Trp Tyr Ser Asp Gly Thr Lys Val Tyr

515 520 525

Val Asn Asn Gly Ser Ile Glu Pro Asn Lys Lys Val Val Pro Leu Leu

530 535 540

Ser Ser Gln His Leu Ile Val Ser Ser Val Pro Thr Asp Phe Tyr Ile

545 550 555 560

Glu Asn Leu Asn Leu Tyr Gly Gly Ala Arg Pro Ala Arg Phe Glu Leu

565 570 575

Asn Gln Asp Asn Ser Val Tyr Ile Asn Asn Cys Val Leu Ser Tyr Ala

580 585 590

Ser Gln Val Asn Gly Asn Gly Leu Glu Ile Val Gly Gly Lys Glu Val

595 600 605

Ile Val Asn Asn Ser Val Ala Asn Asn Asn Tyr Met Asp Gly Phe Asn

610 615 620

Tyr His Ile Gly Ala Asp Ser Ser Lys Pro Leu Val Ile Glu Ile Asn

625 630 635 640

Cys Thr Ala Leu Glu Asn Gly Phe Glu Lys Gly Thr Ala Gly Thr Lys

645 650 655

Ser Asn Asn Gly Ser Thr Thr His Asp Gly Leu Lys Ala Ile Arg Val

660 665 670

Asn Gly Ile Tyr Ala Arg Asn Asp Gly Gly Asn Val Ala Asp Val Asn

675 680 685

Glu Gly Thr Glu Ser Trp Asn Leu Gly Cys Thr Ala Phe Glu Ser Tyr

690 695 700

Gln Gly Lys Asp Phe Gln Thr Ser Ser Gly Ser His Met Trp Leu Asp

705 710 715 720

Ser Cys Ile Ala Tyr Gly Ser Thr Asn Ser Ile Asn Ser Ser Asp Pro

725 730 735

Asn Ser Lys Ile Tyr Thr Arg Leu Gly Ser Tyr Gln Asn Lys Leu Ile

740 745 750

Leu Gly Glu Glu Ile Lys Tyr

755

<210> 767

<211> 85

<212> PRT

<213> Unknown

<220>

<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 767

```
Met Lys Leu Tyr Gln Val Glu His Asp Asn Cys Glu Pro Tyr Glu Asp
1               5                  10                  15
Asn Phe His Phe Arg Glu Asp Asn Val Tyr Thr Asn Lys Glu Lys Leu
            20                  25                  30
Ile Lys Arg Ile Lys Glu Glu Gly Tyr Arg Glu Glu Thr Asn Tyr Arg
        35                  40                  45
Gly Glu Gln Glu Phe Ile Lys Gly Asp Pro Arg Gly Phe Asp Gly Met
    50                  55                  60
Asp Met Ile Thr Ile His Glu Leu Asn Ile Val Asp Cys Asp Ile Asn
65                  70                  75                  80
Ile Lys Lys Gly Asn
                85
```

<210> 768
<211> 81
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 768

```
Met Glu Phe Phe Ile Asp Arg Thr Ser Thr Ile Asn Lys Lys Pro Ile
1               5                  10                  15
Glu Gly Ala Tyr Ile Lys Lys Leu Glu Leu Val Asp Gln Lys Gly Asn
            20                  25                  30
Pro Phe Thr Leu Glu Arg Trp Cys Val Glu Ile Asn Ser Leu Glu Glu
        35                  40                  45
Leu Thr Glu Ile Ser Lys His Glu Gly Glu Val Ile Ile Asn Thr Arg
    50                  55                  60
Gly Asp Ser Pro Phe Ser Pro Tyr Leu Glu Ile Tyr Asp Tyr Tyr Arg
65                  70                  75                  80
Glu
```

<210> 769
<211> 56
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 769

```
Met Glu Arg Phe Lys Val Lys Arg Ile Ile Thr Thr Glu Glu Val Arg
1               5                  10                  15
Tyr Ile Asp Ala Glu Thr Glu Glu Asp Ala Trp Tyr Ser Val Glu Tyr
            20                  25                  30
Glu Asp Glu Gly Thr Asp Thr Ala His Phe Asn Ala Glu Tyr Gly Glu
        35                  40                  45
Trp Ser Tyr Glu Lys Glu Glu Asn
    50                  55
```

<210> 770

<211> 160
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 770

```
Met Asn Lys Thr Phe Phe Lys Ala Ile Gly Lys Asn Thr Leu Glu Tyr
1               5                  10                  15
Ser Lys Gln Gly Leu Gly Phe Leu Val Ala Leu Leu Ile Met Leu Ile
            20                  25                  30
Ile Leu Ser Val Phe Leu Ala Phe Ile Ile Gly Ile Pro Ala Gly Ile
        35                  40                  45
Ile Tyr Gly Leu Tyr Ala Leu Asp Ile Asn Asn Tyr Phe Ile Thr Met
    50                  55                  60
Leu Val Thr Val Glu Trp Phe Ile Ile Leu Tyr Gly Ile Val Arg Thr
65                  70                  75                  80
Gln Asp Asn Lys Lys Pro Phe Val Lys Leu Lys Leu Lys Asp Tyr Leu
                85                  90                  95
Leu Thr Ile Leu Tyr Leu Thr Thr Ile Thr Ala Thr Ser Val Leu Glu
            100                 105                 110
Ser Val Leu Leu Phe Lys Val Leu Pro Phe Thr Gly Asp Thr Arg Ala
        115                 120                 125
Val Ile Thr Leu Leu Ser Phe Leu Leu Phe Leu Ala Val Asn Arg Gly
    130                 135                 140
Ile Cys Lys Ile Val Ile Lys Ser Tyr Lys Glu Tyr Lys Glu Glu Asn
145                 150                 155                 160
```

<210> 771
<211> 83
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 771

```
Met Ile Phe Lys Lys His Lys Glu Glu Glu Val Lys Lys Asp Ile Asn
1               5                  10                  15
Phe Ile Arg Ile His Asp Val Ser Gly Thr Ser Thr Ile Ile Lys Gln
            20                  25                  30
Lys Asp Thr Lys Thr Asn Leu Asn Ser Phe Ile Gly Gly Leu Val Phe
        35                  40                  45
Asn Gly Val Lys Phe Leu Glu Ser Asn Lys Gly Asp Thr Ser Ile Trp
    50                  55                  60
Phe Lys Asp Asn Ile Ile His Ile Asp Thr Val Tyr Tyr Lys Glu Val
65                  70                  75                  80
Ala Asp Glu
```

<210> 772
<211> 81
<212> PRT
<213> Unknown

<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 772

Met	Ala	Tyr	Glu	Tyr	Lys	Asn	Lys	Ile	Gln	Asp	Ile	Ile	Thr	Asp	Asn
1				5				10						15	
Glu	Asn	Tyr	Trp	Cys	Ile	Asp	Asn	Glu	Lys	Glu	Leu	Glu	Glu	Leu	Gln
			20					25					30		
Glu	Val	Tyr	Gln	Lys	Ala	Glu	Ala	Phe	Asp	Glu	Ile	Val	Asn	Glu	Phe
		35					40					45			
His	Tyr	Gln	Leu	Gln	Asn	Leu	Glu	Ser	Trp	Asn	Thr	Leu	Asp	Gln	Lys
	50					55					60				
Asp	Cys	Gln	Thr	Leu	Lys	Gln	Ile	Leu	Glu	Glu	Asn	Ile	Lys	Glu	Glu
65					70					75					80
Glu															

<210> 773
<211> 138
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 773

Met	Asn	Ile	Lys	Tyr	Ile	Asp	Leu	Val	Leu	Glu	Asn	Cys	Asp	Val	Val
1				5				10						15	
Arg	Leu	Glu	Pro	Lys	Asp	Val	Lys	Arg	Phe	His	Val	Asp	Gly	Ile	Thr
		20					25					30			
Glu	Gly	Ile	Asp	Tyr	Tyr	Gly	Thr	Ser	His	Ile	Ser	Arg	Thr	Arg	Arg
	35					40					45				
Cys	Thr	Tyr	Phe	Gly	Ile	Leu	Ile	Asp	Asn	Pro	Lys	Glu	Ile	Ser	Gln
50					55					60					
Val	Gly	Phe	Ala	Tyr	Pro	Asp	Asn	Thr	Asn	Ala	Tyr	Glu	Met	Ile	Thr
65				70					75					80	
Ala	Tyr	Ser	Asp	Ile	Thr	Ala	Ile	Asp	Ile	Ile	Tyr	Asp	Asp	Asp	Thr
			85					90					95		
Asn	Glu	Tyr	Thr	Tyr	Val	Asp	Phe	Asn	Glu	Tyr	Asn	Asp	Tyr	Tyr	Asn
		100					105					110			
Ile	Asn	Gln	Lys	Asn	Glu	Tyr	Tyr	Asn	Asn	Met	Leu	Glu	Val	Thr	Ile
	115					120					125				
Thr	Glu	Ser	Asn	Ser	Ile	Glu	Glu	Glu	Gly						
130					135										

<210> 774
<211> 164
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 774

Met	Lys	Glu	Thr	Lys	Glu	Tyr	Ile	Met	Phe	Trp	Gly	Lys	Glu	Asp	Ile
1				5				10						15	

Tyr Ser Asn Phe Tyr Pro Ile Thr Phe Lys His Lys Gly Arg Thr Phe
20 25 30
Asn Asn Ser Glu Gln Ala Phe Met Trp Arg Lys Ala Gln Tyr Phe Lys
35 40 45
Asp Trp Gln Ile Ala Gly Glu Ile Leu Asn Ala Lys His Pro Asn His
50 55 60
Ala Lys Ser Leu Gly Arg Lys Val Arg Asn Phe Asn Glu Glu Gln Trp
65 70 75 80
Asn Lys Val Arg Tyr Asp Ile Met Val Glu Val Val Lys Asp Lys Phe
85 90 95
Met Thr Thr His Leu Lys Gln Lys Ile Leu Asp Thr Asp Leu Arg Lys
100 105 110
Asp Phe Val Glu Ala Ser Pro Tyr Asp Lys Ile Trp Gly Val Gly Ile
115 120 125
Lys Ala Asn Asp Pro Lys Ile Leu Asp Glu Ser Asn Trp Lys Gly Gln
130 135 140
Asn Leu Leu Gly Lys Val Met Glu Asp Val Arg Val His Cys Val Tyr
145 150 155 160
Asn Arg Phe Lys

<210> 775
<211> 132
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 775

Met Lys Lys Arg Tyr Phe Lys Gly Leu Lys Leu Asn Asp Phe Glu Lys
1 5 10 15
Glu Val Phe Gly Leu Lys Lys Asn Lys Lys Tyr Lys Lys Met Asn Lys
20 25 30
Glu Leu Gly Arg Asn Glu Pro Lys Tyr Trp Asn Tyr Asp Met Ser Phe
35 40 45
Phe Ile Gln Leu Tyr Ala Asp Leu Asn Ala Phe Val Glu Ser Ser Asn
50 55 60
His Val Asp Met Glu Tyr His Thr Phe Thr Asp Ile Glu Gly Lys Glu
65 70 75 80
Arg Thr Gln Ile Asp Met Ile Lys His Ile Leu Ser Leu Ile Gln Phe
85 90 95
Tyr His Glu Ser Met Asp Ser Phe Asp Val Asp Asn Glu Asp Glu Ile
100 105 110
Glu Gln Val Gln Asn Lys Ile Leu Asp Asn Phe Lys Ile Val Leu Pro
115 120 125
Ser Leu Trp Asn
130

<210> 776
<211> 235
<212> PRT
<213> Unknown

<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 776

```
Met Ala Ile Tyr Val Val Pro Asp Ile His Gly Glu Tyr Gln Lys Leu
1               5                  10                  15
Leu Thr Ile Met Asp Lys Ile Asn Asn Glu Arg Lys Pro Lys Glu Thr
            20                  25                  30
Ile Val Phe Leu Gly Asp Tyr Val Asp Arg Gly Lys Arg Ser Lys Asp
        35                  40                  45
Val Val Asn Tyr Ile Phe Asp Leu Met Ser Asn Asp Asp Asn Val Val
    50                  55                  60
Thr Leu Leu Gly Asn His Asp Asp Glu Phe Tyr Asn Val Met Glu Asn
65                  70                  75                  80
Val Asp Arg Leu Ser Ile Tyr Asp Ile Glu Trp Leu Ser Arg Tyr Cys
                85                  90                  95
Ile Glu Thr Leu Asn Ser Tyr Gly Val Ser Thr Val Thr Leu Lys Tyr
            100                 105                 110
Ser Ser Val Glu Glu Asn Leu Arg Ser Asn Tyr Asp Phe Ile Lys Ser
        115                 120                 125
Glu Leu Lys Lys Leu Lys Glu Ser Asp Asp Tyr Arg Lys Phe Lys Ile
    130                 135                 140
Leu Met Val Asn Cys Arg Lys Tyr Tyr Lys Glu Asp Lys Tyr Ile Phe
145                 150                 155                 160
Ser His Ser Gly Gly Val Ser Trp Lys Pro Val Glu Glu Gln Thr Ile
                165                 170                 175
Asp Gln Leu Ile Trp Ser Arg Asp Phe Gln Pro Arg Lys Asp Gly Phe
            180                 185                 190
Thr Tyr Val Cys Gly His Thr Pro Thr Asp Ser Gly Glu Val Glu Ile
        195                 200                 205
Asn Gly Asp Met Leu Met Cys Asp Val Gly Ala Val Phe Arg Asp Ile
    210                 215                 220
Asp Leu Pro Phe Ile Lys Leu Glu Gly Asn Ser
225                 230                 235
```

<210> 777
<211> 183
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 777

```
Met Val Asn Val Leu Pro Ser Val Tyr Asp Ala Glu Lys Gly Glu Trp
1               5                  10                  15
Val Thr Leu Leu Ala Lys Pro Ile Ala Glu Glu Val Phe Lys Ile Met
            20                  25                  30
Lys Ala Asp Tyr Leu Glu His Lys Gly Asn Ile Gly Phe Phe Ile Ser
        35                  40                  45
Lys Tyr Lys Asp Gly Asp Ser Ser Ile Glu Gln His Asn Val Val Val
    50                  55                  60
```

Phe Tyr Asn Glu Lys Asp Tyr Asp Thr Met Glu Leu Thr Glu Ser Glu
65 70 75 80
Leu Thr Asp Ala Leu Asn Glu Tyr Ile Asp Tyr Thr Leu Asp Gly Lys
85 90 95
Tyr Lys Pro Phe Ser Leu Asn Asn Phe Ile Asn Tyr Leu Glu Asp Tyr
100 105 110
Gly Tyr Arg Leu Pro Val Asn Phe Glu Val Asp Val Thr Ile Ile Leu
115 120 125
Ser Asp Gly Gln Lys Phe Thr Tyr Pro Arg Thr Ser Ser Ile Thr Asn
130 135 140
Asn Ala Ser Ile Val Asp Ala Leu Lys Ser Glu Asp Gln Tyr Ile Glu
145 150 155 160
Val Lys Tyr Ile Tyr Asn Asp His Ala Ile Asp Asp Lys Lys Leu Ala
165 170 175
His Gly Asn Asp Thr Leu Lys
180

<210> 778
<211> 105
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 778

Val Glu Arg Thr Leu Asn Leu Tyr Asp Ser Lys Gly Lys Leu Leu Lys
1 5 10 15
Ser Ser Glu Lys Ile Thr Gly Ala Ser Ala Lys Ile Ile Ile Glu Lys
20 25 30
Leu Thr Pro Asn Thr Val Tyr Ser Gln Gly Ser Phe Lys Ile Ser Trp
35 40 45
Thr Ile Asn Gly Lys Glu Ser Ile Leu Thr Asp Val Pro Glu Phe Thr
50 55 60
Thr Lys Ser Asn Glu Asp Lys Gln Glu Ile Val Phe Asn Thr Leu Asn
65 70 75 80
Ile Asp Ser Asn Ser Phe Val Val Ser Glu Thr Glu Pro Ser Asp Lys
85 90 95
Ser Lys Leu Trp Phe Lys Pro Ile Asn
100 105

<210> 779
<211> 39
<212> RNA
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 779

ggacucuuag cuuaaaggua aagccaaccg cucauaacg 39

<210> 780
<211> 26
<212> PRT

<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F44/10
<400> 780

Lys Tyr Leu Leu Lys His Ser Lys Glu Ala Asp Ile Arg Ser Thr Ser
1 5 10 15
Lys Ile Met Asp Ser Ile Asp Lys Leu Thr
20 25

<210> 781
<211> 166679
<212> DNA
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 781

cgttagcacc tttataaccg atggtgaagt aatcctgacg agcatactgg tcgatgtata 60
cacggtagcg accacccaga acaccagcaa atactgcttt agtggtgtcg gtattataac 120
cacgacccag accctgagct gccggagata cgttggtatc aacagctgcc agtacgttaa 180
ctacgttacg ggaagcgata atgaagttac cttcaccgcg accggtctga cgagcgattt 240
cagcggattc tttgtcaatc tggaacagca gagctttaaa gctttcacct gcccaacgag 300
caccgcggat atcaatcggg tcttggaagt cgaatacacc agctttagaa ccaacagtct 360
gggtcatacc agatttacca acctgagcgg agtagttaat ccagtcaaca acttcacggt 420
tgatttccag cataatttcg gtagccagga ttgaactcaa ttcagcatca gcgtccatac 480
cgtgaacagc acggaggtcc tgagccagtt cgatggaata ctgtgctttc agctgacgag 540
atttcgcttc gatagtttgt ttatcgatac ggaagcccat ttcattccac gggttatctt 600
tagaaccgtt aaatgcttct tgcagttcag caacggaagt agccatacct tcggcgattt 660
ctacaacttt accagcttcc agagcagcag taactgcagc gtccagttta gcagcatcgg 720
tagcaccagc gtctacagtg aaatcttcaa caacctgcag atgagcacga ccggtctgtg 780
cgaaatcgtg aacaacgata tcaccaacag tcagagcagc accagcttta actgcttcaa 840
acttctcggt tgcaccctga ccagagaaca ttgcatccgg agcgtacatc ggatggaaag 900
cttctttagc accagcagcc agagggtctt tgccgtaaac agcgcggaga gcgaatacct 960
gaccggttgg gttagacatc ggctgtacac cacagatatc gaaagcaatc aggttaggga 1020
tagcacgacg aaccataccc ataactgccg ggccaatctg ggttacagca ccagaggtct 1080
gaccagctgc gatgttctgt gcatcataac cgtggtcacc gccaatttct gcttcagaca 1140
ggaaagaacc aaatgcttca gcgatttttt catcgcggta ttctggagcc tgattaatat 1200
cagcttcctg gttttcaaaa atcttagcga tcagagcttt tttgctagcg ccaacaattt 1260
ccggcagagc ttcgttctca agcagcggct gccatttttc gataagttta ttctttttca 1320
tgtgttgtat aacctttttaa attaagaaag acgagccgct tgggccacat aagcatccat 1380
aacggatggg gttttagtcg caggagtttc ttctactgct tcagttgtga agtttaaacc 1440
gtctgcttct ttgtcgatag tatttatatc ggcagattcc gttacagact gctctacaga 1500
accctgcacc atttcaacaa tagctttcag cttagttgaa aatgcgtcag aataatccat 1560
gccctctgtc agagaaacta ctttctcttt ttgggtatca gtcagttcac gggttgcttc 1620
ttggatagca tactcacgtt gggcataatt gatatactca tcgcgcttag aaacttcttc 1680
aaataaacga gcagtttctg ctttttgctc agcaagttct tcttccatct cagctactac 1740
gtctactgat tcttcaggaa ttacaacgtt gtgctcaaca aacagctctt tcataccgac 1800
aaacatggat tcaaacaggt cagctttaat accgcggtca accgccagct ggttttctgc 1860
catccattct gcagcgatat ggtcaaagta tttagaagca gcttctttca gctcttcgcg 1920
agcttcttct ttagcttttt ctttttcttc ttctactttt tcttctgctt tctcagcaat 1980

ctttcaatg tgagattctg ccagagctac ggcgtgtttt ttgactgttg cttcgaatac 2040
agtgctgaag ttagctttag cttccggaga aagctgaact gattcgaaaa tactgtcaag 2100
agcgacggaa gcatcgatag ttttagcttc ggtcattaaa agttctttaa gcatttttga 2160
tgtcctgtgt taagttacat aattatttat aacgctttta acttctctgc gagagccata 2220
aaagcatcat cagcactatt ggcaacttgt gccgaggtat tttccgaaat ttgtttcggt 2280
tgtacccatg catccggagc actaggaccc caaactgcgt ctacaccaac agtcaggcga 2340
aagccttctt gtacgatgtt atatcctttt cctgagtctt ttaaagaacc gagcccgcgg 2400
cttgatacac caggaatcca accagcacgg atgttagcgg ctaatttatc acctggaccg 2460
tggtctcctt cgatgattct tgcacgccca taaacatcgt tgcctttcca ccacatatct 2520
tcgataatga ttgcggcttg catcgggtca acatttgcgc gaggtggatg gtttaattct 2580
cctagagcct gacgagtagc aacctgttcc ttaatataac gacttaccgc agtctcaaga 2640
atgcgttttg gataaagacg tttattacgg tttactactt ctgcctgcat aaaaacacct 2700
tcaatataca gaccaggttt taagccagat tcattttcgc cttcaacgat aatagattct 2760
agcatgggtt taccatcaat tacatcgccc ggttgacccc aatgctcaat taaaagttgt 2820
tcattgaggt tttccattaa cttagcccca gagcctgacg gcgtttaagt gctttcttac 2880
gtttacgtaa tccacgagtt tgagccgatg gattagcacg ttttgatttt actgctttac 2940
gcgcgatttg acggcgttta gctttagaaa gtccagttgt ttggaacgcg ttacgctcac 3000
gtgttttacg atccttagta cgtgtaatag tacctttaga atcaacatgt ttaacgataa 3060
attcatttag ttgtagagat tcattgattg aacctaaagc aattgctaaa tcaggctcag 3120
aaacaacaag attctctaca attttattta tatcatcttt agagagcgct gcggacaact 3180
tatcaaaacg cgcctgggct tcaggaagaa gagcttcgac agtgtcgata actaattcat 3240
gattttcagg cagtataagc attactcgtc ctcttcgtcg tcttcgtctt tatcagactt 3300
atcttcgtct tcgtcgtctt catcttcgtc ctcatcgggc tcttcaccct caatcatgac 3360
agacgctgcg ataaattttt tgcgctcttc aattaaacca gatgtccgtt cagccataat 3420
tgcaccaaaa gctttttggg ctgctacgag gtctctggat tcaattgcgg aaatataatt 3480
ttccattaga aatcctcttc attttcttgg tcttggaagc gagcctcttt agactctaat 3540
tcaatttgct tggcttcttg ttcaatttct tcatctgaca tctgaaggaa gtctttcatt 3600
gctgtcttat gagaaatata cttgccgata aacggttcag ccattgtgag catattgatt 3660
ctacgctcca taacttcagc atctttcaac tcggtgaaat atgaatcttt atggaacaca 3720
atcttaatat tatttatttc gtcttcccac tcatctttag acaaaacttt tttaagaatt 3780
agattagtgc gaagtggatc aagcataatc tcttcgaatt tatgctgtaa tctacgaata 3840
aatttagcaa aatcaagctc atcgcgagta attgctgtgc cagcatcaaa ctgcacaccg 3900
ccttgattat ttgcatccgg catgcgcgaa agaggaactc gcaatgccat gtataacgct 3960
gttctaaagt aacggacgtc atccatatca ctcatacctg acataccagg aagagtatct 4020
acttcagtaa ctgctttacc atctctacgc tgcaaccaat agtcttctgt cattgacata 4080
ttatgttgct gatttttaat cttaccggtt gatgcatcat atacaacgcg atttttcatc 4140
gtgttcataa tatgttgcat atgagctgcc gctttacgag aaggcatatt accagtgtca 4200
atgtaaaaca cacgacggtc aggagcacga gtaatacgat aaattaccaa cgcatcttct 4260
aatagcttta actggttggc gggtttaacg gctcggtgta aataaccgat gatgttttga 4320
cctgaacaat caactagtcc agaatgtgca tatacgatag catcgcgtgg aattttaatt 4380
ttcgttccgg cggaatataa tctgccatct gcataataac tttctttgcc agtatcgtaa 4440
atgaaatact ctttgtaccc cttaacgatt ttagtaccag cgtcatcagc agtaacgatt 4500
tcacggatga attgtaagtt gcgcgggtca agacgtctca gttcctgaat tccgtctttc 4560
attttcttgg tgttgacgat tttatggaag aatattcttg agtcaacata ccaacggcgg 4620
aaatggtcag cgccctttcg ctcgaaatta aggcatgtta aaactgtatt aaactcttca 4680
agaatgcggt ctttaattgc ttgactgaag tcagtagaat ctaaatcaag agaaactact 4740
ggatgaccgt cttcgtatac aactgcgtca gaaactattt cttcaacagc attgtcaact 4800
tcgtagttat tcattaaact acgataagtg ttgattaaat cagcagttgt tttcattcca 4860

ggttcattgg aaccaaacat catttggttg aatgaattgt actggatttc gttttcgttt 4920
gattcaactt cacgagctcc atcatcaaat tttggagcag tgattgactc taggtcattg 4980
ttgatttgtt gcttatattc agcttcgtcg cgtttttccc acggagcgaa taagtccaaa 5040
atatgaaagg ccattggagt ctccgaaatt atctataagt atatttatat cgaagataaa 5100
catgctttat gatatctcat aattgcacta cgtgttgact ccactccgca tactggacaa 5160
gtcattcgtg gctggtttat ctttttcct ttgttagggt gctcttttcc gaacatagga 5220
tttctttcac ccgacattgc tttagaatgg tcaggtcgtt ttcttccgga taatttaata 5280
gagtgatctg gacgttttat tcctaaccgc tgatgacgtt gtttttcttt agactcttca 5340
ctcatttttc ttcctttagt tgacatccca aagaaaccgt ttggttgtgc taaagccata 5400
tttatatacg aactggattt aactacgtcg tattttattt gcaactcaag ttcagcttta 5460
gaagcttcct ctcgagtttc atatgtgttt aatatccggg ttttgaataa atgaggatta 5520
tcatgttgct cactcttcca gaggtcttta tatttcttgg atttaactga gccatgataa 5580
ttttcatcaa taattcgtga tacactagta gaaccgatgt agcgacgggg aagtttattc 5640
cccgtgtata ttgtcaaata agtacagaac attaatacct ccacttcgtt gttagaggta 5700
tttattcagc attattccca ccaatcgata gcaaaggtag tttcaaacgt ttctatctca 5760
ttattcgaat cccaatccat ctgtacttca ccaacgttag ttggccacag accagtaatg 5820
gtgtgttcat ttgtgatagt tttgccatca cgactaaact ggcgtaccgt agcaaccttt 5880
ttgtaatcgg ctggagtcat accagagata tcattgcctt gagcgtgggc ctgagcctgc 5940
caagcaataa ttgccttacg tacttcgtgt ttatcatcgt tatagatggt aacagtccag 6000
tcgtcataag tacggtcacc agcgacgtta atcttacggt tcatgtaccc gactggaact 6060
ttttctacga tacctgccgg catcggtgct gctttacatt tgaaactgaa gttacgaccc 6120
agataaggaa tttctacctc aaacaggtta ggacgcgcaa agtcaccaga ttcaaacgca 6180
cgagtgatgt ctgttaattc catcgttgtt tcctatagat atttatatag cctctcgatt 6240
gactacatca tcgtagaggc tattaaagtg tgcggtaata taatttatca tctaaagatt 6300
agatgacccc agaatgtcct ggggttcata ttactgtggt ccgattaact catcgaaatc 6360
tgcaccagtt gccgtagcaa cgaagttcag agtgatatag ttaattgaac gtgccggctt 6420
gatgtagaag ctcgctacaa actcgttgcg gtcgataact gctggagtgt tattcgtggt 6480
atcacatata actcggaagt catatacacc acccagagct ttaatacctg cgaggtattg 6540
gctggtttcc atacggaaag aactacgggt aaagttatcg tttaattcaa acagctgcca 6600
cttagaagaa tcaccgatgt tgttcttcag catgttaaac aagcgacgaa cgttaattcg 6660
gtcaaacggt gttggaacag tggttgcagt cttatcaccg aacagaatga aaccttcacc 6720
tgtaccttga ccagtcactg ggttaatacc tgcttggtac atgcggtcac gatgtgcctg 6780
acgcggttca attgccaatt tgatgcaatt taaaatctga ccacgacgat atccagctgg 6840
tgacatccaa ggctgagcaa tatcatcagt acgagcacac aggcctgcaa tatcagcagc 6900
taacggaacc caacggttta cgtcgttata tttatcatac tgatatttat agttaccatc 6960
aattgctgcg tacgtagtat tgatgttcat gttagcagaa tcataagttc catcgccttg 7020
gcgccagtcg attaaattat caacagcacg agtcagagga atatttacaa tcgttgacct 7080
tggaggcgaa atgagtgcta agcagtcttg acgctcatct gcaatagacg aaacgtgttt 7140
ttgtactgta cttgcgattt catcggtttc accagcacaa gcaccagcaa tcagaaggtt 7200
tacacgcaat gcttcacggt caccaaataa atcccagcct tgaattaaat cgccagccgt 7260
aactgattca ttagctgaaa ccccaccacc cagacgaata acgccggaaa atccttcagg 7320
ccatccttgc gcagtagcaa atacatagcg tgaagaaccc ttggagaaat aatcgtccat 7380
aaagatgttg tttccgtaga tatctttatc ttggcggctt gttgataaca ccgctgattc 7440
aactacagca ccatctctac gaacaatgat agcgtactga gtatcggtct gaggaccata 7500
tccaaatacg gcttttgcgg ttgatgcacg ctgtccacca ctcggataaa tcgtcagttg 7560
ttcgccttta tcaaaagcgg cttttgatac aatttcaatt tccagttggt ttccgagctc 7620
gccaggatac gcagctacaa ttccaggcat tttatattgc gcaagcgcag tctggaattc 7680
agtttttgtc atttcttcat gggcagtttc atgttcagtc agtagaactg tagactcaga 7740

aataatttta cctaaagtaa tgacagcgga aacaccagaa ctctgtgaag taatggtagt 7800
tgtccacgaa gaccctaaat caggatattg attaatgctt tttgcatatg caataatctt 7860
cgatgtcgga atgaacaccg acttaatttt tccgtcacta tctacttcag taactgaacc 7920
ggtgtcatct acggtttggt ctgcatattt aaccgtaatt ttatcaccaa cttcatagtt 7980
actaccagca gtagtgatag tccattcaat attatcaacc aatggagatg cgtttttagc 8040
agcttcacgg ttaactacac ggacggtgcg tagatcatta ccatattgca gaaagttcat 8100
tgctgacata aagtaatcag cagtttggtt attagggccg ccaaacatat caaccagttc 8160
aacttcatta gtgatttgag taacttgata tgcaggaccc cattggaact tcccgacaat 8220
tgcggcacga cctgtagcgt taagtactac cgtgctctgt acgctcgttt ctttgagctc 8280
aattccagga gagactaaag gcatgatata tcctcaatgt tgtttgcttt ttattattta 8340
tacaaatgaa agaccatgtt cttgaggcgc atattctgcg ctattcacgg cgtcaacgaa 8400
cactacagga gcgtaatcgt cgttcatatc ttctaattcg cgtttaaaaa cttcagatgc 8460
taaacgcatt tcatctttat ccacgaaatc agcaaatttt tgctgtgttg ttaaccatgc 8520
gaaaattacg agtgacataa ttaaatcgtc atgatatcca tcttctgccg cccaggatac 8580
tcctttctca gagaaagtac gaaattcttg aacagtagca cgatggtgaa taatgagttt 8640
atctttttcg ataaggtctt ttagtgcaga acatccaacg gcttttgacc ttttcgtctg 8700
tttcattcct aaatcaacta ttgaatcgca aatgacattc tcatattcta aatccatata 8760
aagactcttc gctacagaaa cacctgtaga gttaagttct atatagatcg gagcttcgtt 8820
gtactccatt agatatttaa taactatatc cgggaggatt aagtgagaaa ttgtattaga 8880
atgtaatact ccaacttgtt cccattcaga tgtagtaacg tcaataatat ttagtgcatg 8940
gtaatcctga ccgcgtcctt cagcagagtc aagagttgca atatatttgt ggtctgcttc 9000
cgcttcttta aatttataaa acccgtgcga gtcaggagta acttcaatcc aatccatatt 9060
ggcaagtttc ataccggaaa tgagagtacc ggatgtgcca tgaaattccg cacagtgctc 9120
ttgtttaaac tgttcaagag aagaagcact gatagtttga agtgaccatt gccacccatc 9180
atcaaacata tcttcgtcgt tatatagacg ttctttaacc gagttccaaa ttgcagtata 9240
aggcgtaaag ccggatttac cttcaacagc tgcagtccaa atatcataga agtggtttaa 9300
tccacttggt gtagtcgtga taataatttt agaacgacga cctgatgaaa taacaggttg 9360
gatagcaagc catgcatcta tgaagtttgg aataaacgca cattcgtcaa tgtaaatcat 9420
tgcaaatgag ttaccacgaa cggcatcagg actcgaagcg tatgccccaa tagatgagcc 9480
attatctaat tcgattgagc ctttgttcca ttcaacaata ccaggctgaa gaaagtcagg 9540
aagtaattca attgcttgct tagtacggtc gagaacttcc gcagacattg agcctttatg 9600
cgcaagaata cctactgctt tatccttatt aaaacacacg aagtgcgcaa gaaagattgc 9660
tactacagta gttttaccga gctgacgact gaggttacaa caagtcatac gtttggctgc 9720
catgatttcc agcatgtccc tctggtaatc acgaagctgg actttaatgg taccatagtc 9780
aatgtgagta attgcacagt aggtctctgc gaagtacaca atatcgtctc ggcatttctt 9840
ccattctgca actatttcac gggttagttg cattttaata tttgctcgtt taaggtttgg 9900
caatcccata tagcgggtgc gcttattatt tttgtcctta aacgtttgga aatgagctgg 9960
gtcttcacct tgcaaacgaa ttttaactat cccatgcaac ttaagatagt cttcaaattt 10020
ctcaggatac cacttatcat cccattgcga tttaaagaaa cgaactccgt tttcaatttt 10080
cgtttccatt tcagacgggt gacgaataac cgtcagtttc ccgtcattta aaggatgggc 10140
atcactcaga acgttaaacg gttgagtctg ttccatttac tattttctct cgagcttctt 10200
gtgcttcata ggcatcaccg aattcatcca tcatatcagc ggtagaccct acaaagactg 10260
ttgcattttg aatattcatt ccttgctgag gattagctcc ctttccggtg ccaacctgct 10320
cagaagtaat gtctttcatt tctttatgaa gcttaagaat ttctttgttg gttgtagtca 10380
tctgacccat aagagttgca aatacttcca tatgtctagg agaatcagca ttcttagcag 10440
tttccaaaaa tattttagct gcgtccatta acatctgttg ttggaagtgc atgttcttgc 10500
gaacaaccga ataatcatct tcgaggtcag gtttacggtc atttggatta gatttaactt 10560
caactaattc aagtttttca taaactggaa tttcttgtcc ttctattcca ggaattcctt 10620

cgatgtctaa taatttagcc atatctaatt gtaattcact cattttcac ctctcggtcc 10680
aggagcctcc ggatttaccg gaataggaat atcgtgagaa taagtttgtt tactagaacc 10740
atcccaattt tcgtgttgaa catctcgtgg agtgacttcg ctatctactg attcaaagtt 10800
tccttctgga gttaactcct tgctgttagc gaagaaatct aaataaatgg ttctaatttc 10860
gccatcaatt tcagctacag gcggatacaa ccagccattg acttcaaaca tcagcgacca 10920
ttctaatcta cggcgagtga tattatctcc atcaacagct tcatcctgag aaaatgactg 10980
taatacaatt ctaacatcac gattaaagct tgtgtctttg tcgtaaagct cagttatagt 11040
cgtgttaaaa tgcggctgaa aataaggaac gatttgctcg atgatttgat acatatcatc 11100
ttgattgcgt gtataaattc ccaattcaaa aatcatctta atcggagtag gattatactg 11160
agatgtaatt tttgaagggg ttttatatga tttggttcta ttcaactgtg atgttttata 11220
catcgcattg tattgcatat caaccaagtg caaattcatt cttggcaaaa cagtttctat 11280
ctttgcttta ttctcggtag actgaatagc agtccatttt ccgagttgag aaaggaactt 11340
ttcctttgaa gcataagtga taggtacttt aatatatttt agtccagtgt cttcacgcca 11400
acgagcaatt tgtacatgag aaaataaatc tccaagcaat acaatgtatc ggcgtaagga 11460
cgaattatac caatgtccaa acatgatttc tcctaaggga cccaaaggtc ccatctttat 11520
tttatttatt cgaagaaccc gtcatcaaac gaatctgctt taggagggga ctcaagtcct 11580
cttccgttat taacataata cggatgaaca tattcagagg cttctttatt gatttcatca 11640
ctttctgcgt attgtatatc agaaatatca gcaagagcat ctatattttt gattggttct 11700
aaatcaagct cagaaaattc aggaatatta atgccttcat tacgttgcaa ttctggctga 11760
agctgctcac cagaataaat gtatttttgt gcagtaatct tgcgttgaac attttgacct 11820
aactgataaa atggatcgta tggctgaacc cagttaattt cgaataatga gttatccata 11880
ggaaaataaa ttaggtcacc ggcttttggt tcagaattat tagtttgatg cttgaatagg 11940
ttgggattaa tagtcaaatt gacttcatca ttaaccatca taccaaattt actaaagaat 12000
gtgttatcgc cagaatatcc ttcaaatgaa tctaaataag cagcaaattt ccaagctttg 12060
gtgaatttac ttgatgggtc ttctccaaaa agcaaatcag gattgttata ttcacgagga 12120
aggaaataaa actcaattcc tctcatttga atagcctcag ccgataaagc atctgctaac 12180
gtttggctat ttctgtgatt ataaaaattc acataaggat tgagaatttc agtctcatta 12240
gttttattat atcctcgata atcttcgagt ttagcgaaga gcctagaatc aaatgtagac 12300
atcttttacc ccaacagaat aggacaaccc gggtcaagta aatcaagttc ctctcggagc 12360
ctctcgattt cttcttgggc ctctacctta agtgtttgac catcaactgt aactccacct 12420
gccaattgca gaccctgatg tttaaaaaga atttcacccc acagcttttt agttaatgct 12480
gtagcataat cttttaccca acgattatta tatgcgcctt ctctatttgt attaccttca 12540
ccagcatatt gaccattatt acgaaggtca ggattctgat atctatctcc taatccccaa 12600
tgatcagcag tttgcggccc agcaaatccg tatcctgctg tattgcctac catcgcatct 12660
gtattcataa atgatttggt ccagcattca cagacaatga tgtcaccctt catgaagttg 12720
cccattactt taagcatttc attatcagag ttataccaat aatccgggag aggagcaagt 12780
aaatcttgca tcattgacca gtaagtcatc aattgagtaa aatagccaag gtcagcacca 12840
aacgcatttg gcccatagct tttattacag cttgacccca ttccgccatt aattcctgcc 12900
attcccatta gaaagtcggt aaaccatggg tatgtcgcat taccatccat tgaagttaat 12960
gaacctacat ttgttctaac aatttgggtg acagcaaata cattacggcc gcgcaaatca 13020
aatacgccgt tcaaaaatct tgcgttgtca gcttcgtctt ttccaatata aaaaacttga 13080
taacctttat tcaatccgtt aaagtggtat tcaccataca actctaatgc tcgttgaata 13140
caatcataaa tttggtcttc agttacttct acattaatta ccggcgctcc tagacgtcga 13200
agtatagcgt ctttaagcgt ttttgggttg tacgtgttgt atgacatatg aactcctctt 13260
tatattccta tttatacgaa aaagggaccc gaaggtccct tttgttatac agctggatga 13320
atagtaatat ccaaagattt aattttaaca agaacctgtg attcttctga agcagctcta 13380
tacacgattt tgattgcatc accagatgaa aactcaatga gtttcttggt tttaatcaac 13440
tgttcgcccg ttacagcctt aacaccgagc ccgtaggaaa acacctcgat gttattaacg 13500

agaataacaa ttttcacgcc tttatctgaa tcagaagctt cgataaccgt atcagtttct 13560
acgcaaaata cgccatcgtc atcaacaaca atgtcatcga caatacgaat gccagcattg 13620
aatggagcag cgaccaatga gttaggattt accaatgcat cagaacttaa atcaacagtg 13680
aaatcttctt tactgaattc acctattgat gaaggttttt taaaccattc gccctgttta 13740
cggaggtatg ctccagcttg ttctacgtca gtaactgcag tcacgaattt atcttgcaat 13800
tctactacag tagcgtatac accatcacgt tgaactgggt tttctgacga aaagtcacca 13860
ttcatttgag tctgtaatgt aaatacagaa ccctttaacc cttcattgtt attgccaagt 13920
tctacttgaa tgtcctgaat agcagactgt tgagagtttt gcataccttc aacattggtc 13980
attctcgcta aaattgaccc aggaggaatc ggctgctcgc taggaacaat accaacctgt 14040
tggtttatcc atgctacttg accctgaagc cctgatgaag tatcacgtcc tacaacatca 14100
gaaatgtacc cttggtcagt tgaaagagaa ctaatttttc cttcaatagt atcaggctta 14160
tcagaagacc ctaaacgagc atcaatatta ttgacacgag gaactaaccc ggtttgtgca 14220
aagttaagtg ttgcgtcaac tatacgataa tcgttttcta atctagtagt acgagctcca 14280
atttttactg gattggtaaa atcaatggct tggttaatag caaagatttc attattagct 14340
gcggaaatag catcagcgtt attcacaagc cttgcataaa ttgaagctga cgtagctccg 14400
gatttaggac caacttcttt acgcaggtcg tttacttcaa tagtcagaga acctacgtct 14460
gaatcattgt atgcatcctc tagcgcctga atacgctcgt catgttttac tatagctgac 14520
gcattattga tgattcggta tttcatacca gaacccggag agtcttgctt cggctgtccg 14580
ttaatatctt gcccaggata cgcaccaatt tcacgtttaa cccaaactat attatcacga 14640
actgttctgt aatagtcatc tttactagaa tcataaacac ctacatcctc ttcgagaaaa 14700
tcaaggtcag ttcgaagttt ttcggtgtct tcttctaatt taagaatttg tccatcatgc 14760
ttttcaatat tctttttatt gatataaacc tgctcaatgg cgtcagaaga acctgtaatt 14820
tctaacgatt ttttgatttg gtctacatct acttgaatat tttctacagc agttccaacg 14880
ttgttcaaat cgttatgtac ctgaacaacg tttttctgga tttgaacaga agctctattc 14940
agttctccat catttccata gcgggttgaa gccccattaa gaggctctgt atttttatc 15000
cagttaattc tctgttgaaa atcgtctgga attccgtcta cgaacggaag cgaatctact 15060
agtttggtca tattgttcct tacggtctat ttgtacagaa tgtaagcatg cagtcataaa 15120
atataatacg actgtcttct gttggtctta tttgaacagt ggcatttgga ggaatgttat 15180
tgaagaaaaa gttgctagat gcgtaagctt caaatctcca tgaatgacca tttcgtccgc 15240
ctttagtatt ttcgatgtta agagtaagtt caccgcccca ttgggaaccg ttaactatta 15300
caacaaatct gaaaatacga ttgtcatatc cgtcgttgtt acgctcaaat tttacattaa 15360
catttagagc taatctacta gaagcttccc atggtgcatt acatgtaaac gttgcacctc 15420
gactaatcca agattgacct tcaacccaag taacattacc tactctggtt ccagctggca 15480
tgtaacgccc gtcagattct tgtcttgtat aacaattaat atcattgtta gtaatcgtta 15540
tgtcattgtc aagagttttt ccgtttattc tacgggtttt aaagactgca tctgttgcag 15600
ccgctgccaa tgaagcatca gtagttggag aacctgataa tctggttaat ccatatttat 15660
ccttggtgga ttttagcgct tgaagacttt ttggagtaac agccaaattg ttagaagtag 15720
ctgaagccac atctgagtct ttagcaaatt ttactatacc aaatacgctg tcagacgctt 15780
ttgatgccat gaaggttttt ggagttactg cgtatccatc gtgaacagca cctgctgcta 15840
cctgggcttg ggttgcgaca cgaactaatc ccaagttgct ttctgtcgca gaggtataac 15900
taggaggact gacactgaac tttccaatca tttctacaac acgcttagga gttactgcgg 15960
tagtttcgtc agttcctgct tgcgcttgag ccgcagtagt taacctaaca gttccatcta 16020
cgttttcttg ggctttcaca gttttaaaca catgaccgag agccgccgcg gtaatagttc 16080
tatttcctgc ggttaatgct gcggcttcag tattagtagc ataccgtgtt aagccaagaa 16140
ctgttgtagt tgcttcagga cgggtaactg tggattttaa tgtagcagga gttaccgcag 16200
cattaccaat agttccagca tcaacttcag cctgtgttgc tgtgcgaatt acaccggcta 16260
ctgtaggaga tgctacaggt aatccggtat cagttcttgc ccagctacca atcagctcta 16320
acgctgattg gacgtctttt atagcaacag gccattgtgt atttgttggg tcaaatatcg 16380

tatatttggc caaatcactg tagtgattat agttattctg ggccattatc ccatccttct 16440
aaaatagtgg aaagtaaatg tgttcgcgcc gaaggtttta gattcgttgc cgatagcatc 16500
ccattgccca taacctgctt tagctggtga agtaatagta aattcaacag ttaaaccata 16560
ctttttatat gtttcaaaat tatggttctg ataatctaaa tgaataatat caacatactg 16620
tggtgttgcc ggcgattgag taacctgttg aacaaccttt ccaacagctt ctaattcttt 16680
tactttatca taccaacgtg ttgctactgc tgcaaagtca tcaccgtttg caattctaat 16740
tggtaagcca agaatatgaa ttattactgg gtcaccgaca gagccgtctt cttttggctc 16800
taacgcaacg acacctgaaa aagtagcacg cgtaatttgc tgtgcgggct gtggagatat 16860
tccagtgtca ttgcaaataa tagttccaat ttctgctgac tgcaatgaca tcaaatcatt 16920
aatagcagct tcagtatttg gataccaaac ccctaaatcc atttgttcaa aggttaggct 16980
ccctatagga gccgtatttc ctaccgcaat attttgcggg tcaacgcgat attctgaaaa 17040
agcagctaat cttgaattaa ctttagctcc ttcacgagtt ttagtttcaa tcgtcatttt 17100
aacctaccct aatccaacga taaacggtga ttgttggctg aattttagtg atgtcatttg 17160
gaactacacc gttgtttacc gcaacagtgt cttcacggta tttagaataa cctggtccct 17220
gcgcgtctgg gtctaattga catccaccga taactacgct tccatgttca gggtctgaaa 17280
ttagaacttt atctcttgac attagttcag gaatgtgttc ttttcctaac gtaaatgtca 17340
aatctccaac cgttccacct gctgttaatg atggctgacc attttcgttt aagttattgt 17400
tgttacgcga aaaataagga tcagatgaat cattattcca accagcagta acacggcctt 17460
gtgaataaag cttccacacc ccaaatccca tatagtcagc agggtttgcg tggttgtgag 17520
cgttttcata aatcgtgcca atcggataaa ttacgtcaaa aaatgctgca atattattga 17580
ctttaatcat aatatcgtca gcaaccggac gcatattttt ctgattaggt tcatcataat 17640
ttgtgtattc aatgcgattt tttagagtta ctaattgctc agcattcata tacacttggt 17700
cggtttctgc catgatatcg tcaatatcca tagtagtacc gatgttatta ttgaaccaac 17760
ggacggtaag aaggtcttta tcttcaaacg cctcaccaaa aataatagct tcgacgttag 17820
taccagttga gtcaaattcc agtctatagt cttggttaga atttacccat tgaccaccat 17880
tgtttataca gtcttctgcg tatccacctt ccgcaccttc acaataaaat aaaggaagac 17940
ctgcagttcc agcttcgagt aattcctttc cgttcaacga aatttcaagc gaattgggat 18000
tcacacccac acctggaagt acacccatat catctagagt gattcttcga agagcagtaa 18060
ggttatctac tataattgac ccaggaatcg tctgggatgt agtctgggct gaatctcgta 18120
tctggatagc caacttgttg tatgaagacc gataaacacc aattccatct aggaaggttt 18180
caaatgttat tacttcccct tcaacacatg gaacttttaa acgaatgtct ttaccgttta 18240
attctaccaa ttgacctgct actgttccag gagaaccgta atcagcattg gctttatcca 18300
taacgctggt ttcaccgtaa tataaaatat taccacgacg atatacatta agcgagtctt 18360
cgttatattc tacgccatca aaaatgttaa gaaagtcagt ctgacccgca gtagcaataa 18420
ttgatttttt cgctacagta cttaagttac cattagttag cttatctaca gttttatttt 18480
caatatattc ccagcggcca ggggcgcaat aaaccaattc caaatcttgg aagttagtat 18540
tgaaaatttt aggagaagct gaacccttta atgtatcgcc ttgagcagga ataactgtga 18600
ttgggcttaa tcgccaggtt gaccaaacat cacgaagttt aataactttg ttatagtcgt 18660
tggctgtacc ctttggaagc tgaacgttaa ctcttgctgc ctgggtatta atagcaaagg 18720
cctgaccaaa cttagcattt aaagtagttc cagtagggct agctttaaaa gttttccatg 18780
cacctgctgc gaatggaact gaaccatcac ctaactctga atataaatca tcaaagttgt 18840
tattaatttt aagaccacct ttacggaggt aatcaccaga cccatcatct actgattggc 18900
ctactatcaa attttgtttc attattgaga tacccctacg gtctgtgtag caataacttt 18960
aactgccaaa cgtgcgtttc cataagatgt tgaagctgtg catattaaat ctttctgcgc 19020
gttaatagag tatgaaatag aatacatctt ttcattttca gatgattcac cacttcttaa 19080
cactgcatat tcagtgtcaa atactcttcc gtttggcgct gatgaagtaa tagtcgggtc 19140
aatcataagc atgacttcag atgattgcct tttgatggtt tgaccacctg gatttgcgct 19200
gaagcttaat agcaatttaa cagtagagta atcatcatta tatccaagtc gaatattaat 19260

aggagaactc gttaaattat atgtagcttc taacggcgaa tatgtgctgc caaacatact 19320
tgaaattgaa taatcccaaa cagcagcacc gttagctttt acctcaacac accacaattc 19380
aattctacat cttggtgtgt tgataatcaa ttctcgcgat ccgtctttaa atgcatctgc 19440
tacgccttcg ccgtttgttg ttatttttat ggatctagct tttgatgctg agccattact 19500
atttacaacg aatacagctt ctcccgcttt acctttttgaa agacgtattt gaactgcgcc 19560
ttctgaacaa tcagcatcta tgcatgaccc cattggaact gtccctgcag agttagcatc 19620
tccaaatttt atcttttggt aatagcttgt tgcatgaatt ttttggttca atgctccgcc 19680
gccagctgca aataatcgtt ggtcggcgaa ggcgttgtaa atggcgtcga agttatcatt 19740
aattttcaca ccgccatcat acagaatgtc gccggtagaa gcattaccaa tctcaccgac 19800
gtcaattatt tttttaccct tatctgtata cataggttaa cctcatatca aagtatagtc 19860
ttatttatat aaaatgggga gccaaaggct ccccataatt aaaactcgaa aattaagttt 19920
aattcttccg tttggtccat tgaacgaata ataggttgcc gattttccat gtaaatcatt 19980
tcacctgact gtctttcaag accagaagca ctataccagc ctttttcagc cttaacatta 20040
ggtgaatttg gcattggctt aacttcaagc ggattagtta taattgacag ctgtctaaat 20100
ccagtatttc ccggaagact gaactccgga aaataaaccg catcaagata cgctttaaac 20160
ctgatagtat tgcatttcat gcgataaatc aaattaaagt cgttttgttg ccaagttaag 20220
ttgttttgaa atccccaacg ggctggagat tcttcaatct cttctggcca aggaactacg 20280
atatattcat ttgtacatct gttaattgat acgtcggctg gaatttcata tagatattcc 20340
caaagatatc catcgcccaa atcgacggta ccatttgcat caccacgacc tcgaggagct 20400
gaaccagaaa tagtggatgg tgtccattta cccccaagct taatacattc ttctttgctt 20460
gtaagattgc caattgaaca cattccatcc tttggaacat caatacatct atataccatc 20520
catccaaatc cagcatcagt tctgttatat ggcgcagagt tagcaacaac gatatcgcca 20580
attagaaatg tgcgtgggtt aggatatctt gtatctcccc agtctcttct tggaacaaca 20640
cagtcaagca ttgatgattc aattttgacc gcgcccatca tatttgtcca aacatcaact 20700
accccatctc cattatcagc gggatatgga ggtgcaaatc cgggttcaga ttcgttatct 20760
gaccacggag tgcttttgcc aaatgaaaca tacagtgtgt tttggtccgt tcccggacca 20820
atcgatttat aaaatgtgta catcttttca gttctaaact tagatgtaat gatagcacga 20880
taaatcgtgc tacgcgttga acttgctctt gttgaattac tcatcaattt ttacctgtgt 20940
cggattttca ggatcgcgag gattacctgc atcgtcttta agacgttggt taactaaatc 21000
gcgataatta gcaaacgtta ctgctgattg gtcaaacgta ggacttaacg gtttacgtcg 21060
ttgtccaggg ttttgtccag cgataatgct gttattattt tcttgattgt agttagcagg 21120
taacgggaaa ggttcaccag cttgagcacg tgaagaatac ctaggctcat tggttattgg 21180
gtctctttct attgtatcat ctgaagcgat aatagcaact ctatcaggat aaactgatgg 21240
cagtcctgca tcccatttat agttcttgag tttatttatg atagtctcaa catgcttcat 21300
atttaagcca ctattgataa acattgtcag caatgttata ccaatgaaac cgaaacctac 21360
cggatgaaca aaccttaata catcgtcgcg gaaacgagaa gtaggaagct gagacttaat 21420
tttcataaca tagtaagaac ggctgcggtt tatataatca atgttattac tcagcatatc 21480
ctttccacga acaccttgaa ctataatacc ctcaaagtcc gtacgctctg atttaatttc 21540
ctggccttca atgaaccgtc ctgataagtt atgaatagta atacgccata acagacgacc 21600
atcccggtat tctctctcga tataagtcac attactacga ccggaagcag tataaatcgt 21660
acgaccaact aaatcgtcag aaatatttgt actttcaaca ataatgtcat attcggtagt 21720
gttctttgac tcaatatcga tttcaacatc ttcattataa agaagtttaa acaagaattt 21780
gtatgagtct tcaattcctt tggtagcata gaaatcattc ttacgggctt caaagaaacg 21840
gacaacagca tcgcgagcgt ctttactcag ataaatattg cgtttataaa cttctgacca 21900
caggtattcc catgcatttt cttcacgagg atatttgttc ttaacaagat taacgagact 21960
gttgtaatgc gttccatttc cgtctgaaag gaattggaga tagtacttac aaaattgctc 22020
aaaattacta tcttgtagca agtaactatc cggcatcatt ttagtaagat acggacgcaa 22080
atctgggtca cgtaagcctg gagtatgttc aggtgtccag tcttcttccc gtgtttggtt 22140

ctgcagaaac gctttaaaca ttacatcagt cggtttccag ttaagcgtta cctggtcacg 22200
aacacgataa tcaaatgcgt aatagcctat cagttttccg tctggttcgt gaaacatgat 22260
gccagaagca tactgcaaaa atccattaaa tgaaactgga gggcaataaa acgttgcgtc 22320
acctttatcc cacacttccg aaagaacacg ctcggtagtt ccctgcgccg ctgcatctac 22380
tctttttga taaagaatat cattataaat gacaactgca tggtcagctg tacttatcca 22440
gcatctgtta ccttcacgag ccatccagac aaaccaaggc tcagcataaa acctcatcgg 22500
tccaggaaca aatgtttccc atcttgaaaa ttcatctgct ctgaaactca tcatgtgata 22560
atgcttatca gagtgatact gaattggatt aacattttta actgcagtag aaattagttc 22620
tggatatttc gtctcaagtt caatatcctg ggtgtactct gttgtcttaa aattagctga 22680
tgaaaagaat atttcctttc cgtcagttga catagacgtc cataaatgct ctatacgacg 22740
tttttcttca tctgtattac cgaatacacg tttccatgta tttgtgtctt cttgataaac 22800
atagacgcct ttagtagcag aatccacaac attccgcggg tctgttgggt ctaatcctaa 22860
ggttttaact tctccggtaa taagagcgaa gattttgcct ccgacagaat ccattttaaa 22920
gcatacagat ttaggattgc ctgttatatg agatgcttct ttttcgaaca ctttttcacc 22980
aaatgtaggg cttaaagggt cagtgtctat tggagcatct tttaatttaa ctctgcgtac 23040
tgtatccttt gcaactacat ataagtggtc atcattgcat gtaaaggctt ctgcatattt 23100
ggtaacatca gcaggtagtg atgcatatgt accaaataac tctacttcaa atcccagttt 23160
taactggtct cccaatttag caaatgtaac ttcgttatcg ctaaatttaa cctcatttga 23220
tgaccagcgt acgtcagatg attttcttcc gtaaaagatt ttatcatagc ctaaaacata 23280
tgatgtggta cttgattgat aaattaccac tctagaaacc ggatttccta cacggtcatt 23340
aaataactga acgtattgcc agttctgtcc tttatcgttt gatactttaa ccatatgttg 23400
gaatctttca aacagataca aaattccgtc tatttctcct agcatggttc tatttttatc 23460
aacacagact gcttcaatag gtccctgaat ttcatgatat ccagattcgc ctactacgaa 23520
attttcaata gctgacaaat gagaatattc aggactaaat tgaaaagact cagtcatcaa 23580
agatgccatc atggcagatg tgttgaagtt aacatacgac atgttattta aagaaaactt 23640
ctgcttaatg aattctttca ctaaactgaa ttcttgcata tgctcaaacg tgtacgcgtt 23700
ttcttcaaaa gtttggaact cttctgtttc aacccattca gacggttcaa atcctgctga 23760
cgtagtttga acacgcattt tataataggt aagcggttca atacgatttt gttcgaacca 23820
atcattatcc gcggtataac ccagtgaaga ccaactcaaa ttatcagcgg ggataatttc 23880
ccccgctctg tttcgagttt cggccagttc tacaaaatag tagaagtttg caccaacgtc 23940
atcccaacga atattgacct gattcgcaga tagcttatga attcgtaagc tggtgacgaa 24000
cggtgcaatt gtcattgagt aataggctcc aatttaatag ttgtgtattg aggacgaagg 24060
tcattctcaa atacgataag tgttccatcg cgggcgaaga cgatatcctg ggtaggagta 24120
gaataaagct caatactttg gtcttcaaac tgaagaggat cggctccaat ggctccaaga 24180
ctccagtaaa tgttatcacc ataataatct acttcaccga ttttatacca gcgagttctt 24240
tcgccgatgg tagttctatc aaaatcgttt tcagtatatg gctggatatg agtattctct 24300
ttaatatcac ctggtttaaa tggtccaata accatatttc ctttgccatt tttatctggg 24360
tcagttccaa cgatattaac tgaatacggt tcagcagttg gggtaacagt aaagaccaaa 24420
tcaccagaac gtaacgtccg cggagtaata gtattatagt atttaatacc tgcgctagga 24480
agagtgaaat agttgacaat ttcacgaacc atctgaatat ccacagaaga accgatgatt 24540
gagtggtcag tgtcatcaat gtaagtcaac aacttagatt tactgaaatt tttgttgaac 24600
atttcaactt catcaacgta atatctatta atcgagtcta taatttttga ctgtaaccac 24660
tgctctgatt cttgcaactt attcaatgca taagaagctt taatattatg acgaatgaat 24720
aagtaatctg ggctcattac cgaaggggta atcggagcaa gacagaaagg ttttagataa 24780
tcctgaatgt cttcccgttg aaccgcagtt aactgcaacc cagattttgg tttgattgcg 24840
ataaatgcat atccgggttt gtcctgatca gtaaagcatt gtactgcttg tacgatagaa 24900
ccaaagcgtg aactaacgaa tgattcatag tcagttttag acacgcatcg catttgagat 24960
tcgcgcttaa tctgtgcgag ctcacgaata cgctcgatgt cttcaggttc accaccgcca 25020

tcagcgccaa cataatcagg agaatctgac cagttttcaa tgattctatt tactacgata 25080
tattgcagag tatccgcata actaaattca gtcgcgccat tagcagcttc accgtcagta 25140
cgaatatatt caataacgac ttgcgcaccc ttagtaggct tcaatccacc gatgaagttg 25200
ctttcaagaa ctcctcctgc cacagatgct tctgccacac cctcaccaaa gaagaattct 25260
gtatttccat cgacagtttc acgcatataa taaattgttg aaatagacga agcatgaacc 25320
attgatcggt ctgtccagtt agtccattca gcgccatcca cccacagctt aacttgcttg 25380
cggtcaattg attgatcgcg aataacaata ggtttcttcg ggtcatatga caactgagta 25440
cgaataatac gtccctgcgc caaattgaca ataggccaat atttttggtc attatcacga 25500
atagccacaa cgttttcagt aacaacgaag ttatatgggt tggctttatc ggattttgag 25560
tatgctaaaa atttagttcc tcgtggaatt acaactctca acgtgctgct cgggttcatg 25620
tgagttacct caagcataat agatgcagta gccgctgatt tggaacttgg caaatacccg 25680
ttttgctgag ctgcttgaac aacggaactt ctcaagttag ctgttccaat aaagctttcg 25740
tataaagcag tattactaaa ttgctgtatg taaagcgtgt tatatgctaa taagtctaat 25800
agcacgttta aacgcgaacc agcaaaatca aagtcctgaa actctttttg accgctaagc 25860
cagttaataa gctgattttt aatttcgtcg aatgttgctc cagtaaatgc gtctgggata 25920
gcgtttgcag tacgcgttaa ctgataattt aagggttctt taatagccat tagtgtatga 25980
ataccttga acttgattgc gcgacagtgt cgccacaaga aattggatcg gccatttgaa 26040
cagctttttt gcctgttaca aataccttgg atgtgcgagg ttgaacaact cctccatgcg 26100
tatcatgagg gtcaaccgtc ttggtgtgtg gggtaattga gtcgccatca actaataccg 26160
ctattccacc agtgaatact ttactttgtg tagcatttac ttctgtcgga ggatacgcac 26220
tatgcccggc agttaagcat ttattaaatg atagtccagc catttaattc cccgcatata 26280
cataagcacg aagttggtcg ccccatctac tccagttgcc tttaacggtt tgagagtaaa 26340
tcttttgctt tttatgttct gttatgattg gagcgctaga acctccggat gaacctccag 26400
acgattcttc tgtcactgta tatattatct caactgtata ggtaaatgtc ttctctagtg 26460
ttctgggggc tttccataga tacaaatcag cagttttggg attaggtaaa tcctcccacg 26520
ctgaagcgga ctttagctca tcaccttcac ggtatttaag cacatcgttt ccaaaagtaa 26580
aaactgagtt ataattacct ttataatgag tttcagacac agagatatca gatactggtt 26640
gatagtcgat aatatttatt gattttaatg tttcgttagt agataattga gcagtaaagt 26700
actgctcaac atattcacct tctattactt cacgtaacgt tgtattaata ggaagtatat 26760
cagccatgat taacctacat caattcgtga accatcaaca gtgtattgac cttgggcgat 26820
tgagctcata gaagccattg tttcagtcca agccccacca acattccaat tcacagtacc 26880
tgctacttgc caagttaaat taccaccgac ggtcacgtcg tggttgccat ctactttagt 26940
agtggcatca ccattgactt ggatatcagc atttccttca acgactatct taatgttacc 27000
cttgacaaaa atagtaccat tgccttcaat cgttttagtt tcatttccac gtacgtaaag 27060
cgtgttatcg ccatcaattt gctgtcgacg attatacatg ttataatagg tctcgttccc 27120
tccaacgtta accttcttat caccagagat taaaatattt ccatcaccct gagtcatgtc 27180
atataaatca gctacagttt ttctggtacg acgtccatca ggagcaactt cttcatatga 27240
accggttgga tgaacaatac gatagcgttc atagccaggc gtatcatcaa attcttggat 27300
atggcctgat tctgtttcca tcgtatgtac atatggatat tgaccattat atgaagactc 27360
aggttctttg aaaagaattc ttgaatcctc tggggtccac gggtcttcag gattaccacc 27420
agacttcggt tctacataag ccgcagacag gttttttcct tctggctttg gagcaggaac 27480
tccatatgat tccatattac ctgttagaat aatcatggaa acacgagaag cacgaccttt 27540
tgtctggtta aaccacacgg agtttcttgc ttcagtatag gctgttttcc aatcaccaat 27600
gagcatggca tcaagcattt taccaaattt tgctaatcca cctacaccca tttgaaaact 27660
catattttct aaagccattt gccttgattt gttgacttta gcatataccg gtcctacgcg 27720
tgaattcgtt ttaatatcag aaagcatttt atcacgatct ttcttaaata gtgcaactgc 27780
ttcgtccatt gtaatgatac cgggatttcc tgtaacagta cgaccaacct gattagataa 27840
agttttatta atgacagaca tatcacgtac tttttgtgcc atgataaggt gtccaatacc 27900

tacagtagga tatccttctg tatcccaata gactttcaat ctaagacctt catccctatt 27960
aagcatatct gttattgtaa ttgcaggatt tgggtcttca ggaatatcgc ttaggtcagc 28020
atcgtcagga ttaatgccaa tatccaagtt tctatcttgg atgatgtttg gtatagcact 28080
atacccagtt tcatcgcctt gaactagtgg gttggtatct gacccaacct gtctaggata 28140
ttgacctgtg gggtcagaaa aaccttccgt gtagtttggc ttagtttttc tgtgcgcaga 28200
atatgttcct attactaatc ctgctgtttt gaattcatca agccataagc caaataccga 28260
tgttccttcc accattccag ttatagacga gccaactccg gaaattccag ctgagtttgt 28320
aggctgaatc actgacatcc aaggaaggtc ttcggtagga agaccggtta tagctccttg 28380
taccttttca aacggatgaa gcccgtaaac acgtactcgc actcttcctt gctttaacgg 28440
gtcttgtctg tcttcaacaa caccagtaaa ccattttaat gaatcgttca tttcaatcat 28500
aaaacttctc cgatggtagt ctgggatttg tatcggcctg attcgtattc gctgtcaggt 28560
gctttttcca tttctcgtat aatatcagaa agaaatgcct caatatcact aggattgata 28620
atgtttattt ggcgcagttt ttcattttct atgatagagt cttcataaat gtcaacacca 28680
gccaaagcac cagtatattg aggatactga tgattaaagt ccccttttatc ataccaaaca 28740
cctgaatttt caggatattg ctcgagattg taatagcgat tgccatacgc atccacgtga 28800
tagagtattt ggtctccacc tacatctgca tatttttgct gcgcaaattg atagcatgca 28860
tcttgggttt taatccaatc tctgaatggg tcatatacat tattacacat taaaagaatc 28920
cagtacagct gactatttcc ataaagaata tatgctaatt cttctggtct aggagctcca 28980
cttatgtaat atgtttgtaa aagatagttt tctgccacag tgtcaaaata tttgcgataa 29040
ttacgaaata tgtcagcggt tgggatagct tttgccttag caccttttac ggtctttgca 29100
gaataatcta tcggactaaa aaatgagaag agcatagttt atcctcttat aaatattaat 29160
aacagtattt ataaggaggc cactatggca tattccggca aattcatgcc gcagaatctc 29220
cacaaatata aaggcgactt cagaaagatt acttatcgtt ctacgtggga acagtacatg 29280
atgagatggc ttgacaatca tccagatgta gttcaatgga acagcgaaga ggtagtcatt 29340
ccatacttta gtaatgcaga tggaaagaaa cgccggtatt tcatggattt ctgggctaag 29400
ttttctaatg gtcaacagtt ctttttgaa gttaagccga agaaagaaac tagacctccg 29460
gtcaaaccca caaagttgac gacatcagcg aagaaacggt acattgatga aatttacaca 29520
tggtctgtaa acgttgataa gtggaaagca gctcaagcta ctgccagtaa aatgggtata 29580
gaatttaggt taattaccga agattcactt aaaaaattag gatggaaagg ctgatggcta 29640
tatttgaatt tatcactgaa gctgcagaat cgcctaaagc taaatcccgt agtgaaaatc 29700
aatgggtagc attaggagtt gaatactctg ctgctcgtaa aaaaggcatg acatcaaaat 29760
catttgctga aagtaaagga ataaatcctg ctacgttcag taaagctatg gctcgtcatg 29820
catcaagaat taaaacggca attaaagtag cagaaattga gaaaaaacct gctaacaaaa 29880
tgaccaaaca agagcgtgct cttgtgatgg taaattcatt tcgaagctct atcaaagata 29940
aaattcgtaa tgaaggcgca gcagtaaaca ataaatctgc taaatggttt gcagaaacta 30000
taaagaaaaa tatacgtggt cattctgtaa ccaagcctca acctggaaag ctatatgctt 30060
acatgtatga cgctaagcac aaagacactc ttccattctg ggataaattt cctttgatag 30120
tttatcttgg tcttggaaag caaggtacaa ccacattgat gtatgggtta aaccttcact 30180
acattccgcc aaaggctcgt cagcagtttt tagaagaact tctgaaacag tatgctaata 30240
cgccagtgat atctaataag accagattaa agataaactg gagccaggtt aaaggatttg 30300
ctggcgctga caaaatgatt aaagcatata ttcctggtaa tataaagggt gctttaattg 30360
agataaaacc ggctgattgg gcgaatgtag tcatgttacc actgcagcag ttcatgtcga 30420
aaggcaaacg ctactctgct acttctgtat ggaaatcata atgtctactg gactgtttaa 30480
tcaaactaac acaactaact ttatattaga ggtccctgac gggggcctca cccaagcgtt 30540
taaagctaat cttcaaacag ctgtagttcc tggaattcat attcctgcta ctgatactgt 30600
gggttcgccg caaggcatgc accgtgctaa attgcctggg tctacctttg aatttgacgc 30660
tgttcctgtt agatttttag tagacgaaaa ccttgattca tgggtacaaa tgtacaaatg 30720
gatgttaagc tgtcaaaact acattgaccg agacaagtct ggatggaata acggcggtga 30780

aggatttcct ggtgcagttt taatgcatgt tcttgataac gataaacatg atatagtatt 30840
aactgtccgc tacatcggag gttgggtgag tgatttatct gaaattgagt attctttaac 30900
cgaagaatcc gacccagcaa tggtatgtgt agcaactttg cagtacaaat acattgaagt 30960
tgaaaaagat ggtataataa ttactggtag accttctgtc aatgatactc gcgaatccca 31020
gtatcaacag aaagttatgg gaatgcatcc ttctatgagg taataatttg aagcttttat 31080
ttttgattgg taaaaaacgt agtggcaaag atacaactgc tgactacatt atggataact 31140
ataacgcaac aaagcatcag ttagcaggtc caattaaaga tgctttggct gatgcaatgc 31200
ttactgagtg gtatcgcgat acgtctcgtg agtttccgcg cattactcgg tctatgattg 31260
agggcattga ttacgatcgc gaacaagatt taaatctgtc tactaaagac gtgattcgta 31320
tcatggcgaa tgcgattgaa tatgttcatc atgatttgcc tttacctggc gtggtttatg 31380
ataacaaacg taaaatactt gacggcgata cgatggaagt catccgtaaa gttgtaataa 31440
ataaacctgt tgagccatgg tcaattcgtc gtctcatgca gacccttggg actgacattg 31500
tctgtgataa gctcgatcgc atgtattggg taaaacgatt cactttggtt atggctgata 31560
cttttggtga ttatgattat ttcattgtcc cagatactcg tcaagaccat gaacttgatg 31620
tagccagggc gatgggtgct acagttattc atgtagttcg tcctgagcaa gaaggttcta 31680
aaaaagatac tcacgtcaca gagcgtggac ttccgattcg cgaaggcgat atcgtaataa 31740
ctaacgacgg ttctctagaa gaactttatt caaaaatcaa cactatatta ggaattcaaa 31800
atgactactg aacaactgca agcccaagtc gatactctga aagttcgtgt atttgacctg 31860
tctgaaacta tccaaggcct ttctgctctg cgtgcacaat atgaagaagt actgcagaag 31920
ctgattgctg tatccggcgt tgaaattggc gaagacggcc aggttaaact tgatgacctg 31980
gttgcaaaaa tcgaagcaca gttcgcagaa gaaactactg aagaatctga gtgatgaaat 32040
tcagtgattt tagcactggc ttatatgtag ctgctaaatt ctctgagaaa actcttgatg 32100
ctattgagga ccttcagcgt gaattgaagg tccctaatcc tgtacctcgt cataagattc 32160
atacgacgat atgctattca agagttcatg ttccatacgt ttgtgcttca ggaagttttg 32220
aagttgctac atcaggtaaa cttgaagtat gggacacaca agacggacgt acgctagttc 32280
ttaagctaga ttcagaatac ttaaaattcc gtcaccaata tgcaagagct ttgggagcaa 32340
ctcatgattt cccagattac tcaccgcaca ttactctcag ctacaatgta ggtccagctc 32400
acttcgaggg tgaagttcaa gtacctgtag tgcttgatag agagtaccaa gagccactaa 32460
aactgaactg gtcagaggac cttaaatgaa gtcataccaa gaatttttaa tggaaactga 32520
ggctcttttg gagtctactc tgccagatta catgattgta aaaagcttta atgtaaaaaa 32580
tggctacgta attaaatttc ctatcgctag tgtcaagcct ggtgctgaca tgtcaaatga 32640
tgctggcatt agtgttaaag ttaatgtaca gtttattaat tacaactctg ctaaaaagtc 32700
gtatgatgct aaaatgactt tttccggtgg cgaaaaggta gttaaaaaca ttaagttaga 32760
ttacgatgaa tccgcagaaa gtgtcaagaa acgctttggt gataaactgg taaaatctat 32820
catggttcat ccaactttca aacgcgattt cacggaactt tataaataaa aagttgttta 32880
ctttcctcga gggctatgat actatagccc tatcaaaaca aatgaggata aaacatgaaa 32940
cgctgtgaac tgataagaaa tgttgcttct gctatttgcc ttactgctgt gggcactagc 33000
attttcggtg ccatctttat gggtgcaaaa gaaataatgg ttgtgttagt agctgcattt 33060
cttatgggtt caatttcatt tattatggat aaaatttctc atgaaaaaga ttaaacaatg 33120
gtttgttaag acctatgatt taggccgtga agaagtaact aagtatgatt atgttacttt 33180
gggtgtagga ctaggtgcac tactggcagc attgcattca tcattacttg ccattgcagt 33240
gcttcttatt ttggctcact acagctggaa acgtaagtaa tgtatgcact tttaacttgg 33300
tctaattatt atcctgctcc tggctctgac caaatcagag gtgtttactc tacagtagaa 33360
gaatgctatg aagccctcca gggaacgtat caggactatt ttgagatact gaactctcgg 33420
tttgagaccg ttgctaaagg ttcaactgaa gcatacaaag attaattgtg aggaaattgt 33480
gatgaatatc agagctgcat ttaatacttt ctaccaagag aattataagc ttctttccca 33540
tgaatactat gatgcacaag gcgttccaat tcctagtgat ttagttacgc ctaagcatgt 33600
caaaaccgat tctcttgaca atgaaattca acctggtgat ttggtatcat actattgtgg 33660

cgggtcactt tctgcagcaa gcgttggtat tttgctagga tttacgccta aaggttatcg 33720
tgtggttcct ttccatacaa gtccaattcc tgagcaccgg gtattgctct ctcatatgga 33780
ttcaccgcat agggtattcc tggttaaatc aaagagctca ccgattgtgt aatatgcttt 33840
aggttttctt tgttattatt aatctatcaa ctgctctgat taatttcagg gcagtataaa 33900
taaaattacc caatggggag ttagaccgta ggggtagcgg gacagactgt aaatctgttg 33960
ctcaaaaggc tcgagtggtt cgactccatt actccccacc aaatttaagg gatactagct 34020
cagttggtta gagcaccgga cttttaatcc gggtgtacga agttcgaatc ttcggtgtcc 34080
caccaaattc gggtcgttgg ctgagagggt aagcgacgga ctgttaatcc gtgtcagaaa 34140
tgactaggca ggttcgatac ctgcacggcc cgccaaatga agaagtcaga agacgttctg 34200
ataaatcgtc ggcatagaat tccctggcat ggcgtttgta ttaaggagta tgatttcatc 34260
ctgcttaata cttgttcatg ttataatttc ttacggcgtt gaaagttcgc tttcagggat 34320
acatcttaga acagagtgct aaacaagatt catctggtac caaggtgatg agagtcctgt 34380
tccccctttgc ttcggcatag tgccagagta tctctgaaag cgaattatag tgctgtagtc 34440
gagatggtta agacactccc ctgtcacggg agagatcgcg ggttcgacac ccgtcagcac 34500
tgccaaatac gagagcaaca tgaaagatta tgaaaagtac cgcatgcaaa aagtgcatgc 34560
caaataaaga ggtattgaat ttaaattgac atttgatgaa tggttatcat ggtggaaagc 34620
tactggcaaa tatcatttgc ggggtagagc atcagataac tattgcatgt gtcgtaaagg 34680
agatgttgga ccatattctt tagataacat ctattgcgca actaatgcgc aaaacgctaa 34740
agacgctggc gctaacggaa gaataatatc tactggtttt actggacata accattctga 34800
tgaaacaaaa ataaaaatat cagaaaacca tgcacacaag ttaaatgcag acgaaatttc 34860
tttgcgaata gacctgtata attctataga ttttacacag cgtggtgcac tagtaaaatt 34920
tgcaaataaa cttggaatta gtcatactca agctagaaag ttcataaata agtttataaa 34980
gtaacgtggc agttcttgaa gatgagtttg agtcctgtaa gataatgccg aggacgaagc 35040
ggtttgttcc cacggaataa gctctatatt cgtaagatta tatctttagc gtgttctaca 35100
tcaagctact tgttagtact tcaagaaccc ggataaatgc ggagtaactt cagttggtag 35160
aatgttgggc tcatatcccg acacgcgcag gttcgagtcc tgcctccgcc tccaaacaat 35220
tgaatcatag ccaagttggt aaggcagtag gttttgatcc tacgatccct ggttcgagtc 35280
caggtggttc agccaaatta atattcattc aacgcgatgt gtaggcagaa gtcatgaacc 35340
tgctttagct accgtatgaa gtcctcatga tggatggagt gaatattgat gtggtcgtag 35400
ttcagttggt agaacccgag gttgtgatcc tcgatgtcac ggattcgaat tccgtcggcc 35460
accccaacaa tgaaggaatg gtggaaaaat acacggcccg caaaacgctg tggctgtcgc 35520
taagcgaatt gtgtctataa tggcacttcc ttcaccaatt aatggagagt agcgctagtg 35580
gtagcaaacc ggacttgaaa tccgggccac cggaaacggt gagggttcaa ctcctttact 35640
ctccgccaaa tttatgaaag ttaaacgctg cccatagcag tggtacatca acaattagat 35700
gattagcttt ccatgggagt atagctcatt tggtagagct ctcgaccgat aatcgagcgg 35760
tgactggttc gagtccagtt actcccacca aataacaggt tcttagtata atggctatta 35820
tgctgggctc caaacccagt gatgagggtt cgattccttc agggcctgcc aaatttgcat 35880
ccatcgtata gcggatatta tgtctggctt ccacccagaa gatgggagtt cgattctccc 35940
tggatgctcc aaattactcc gtatagctca gcctggtaga gcgctccatt tgggatggag 36000
aggtcgaatg ttcgagtcat tctatggaga ccaaattaac ggtatgacac aatacaagat 36060
ggtgtaagct gagtagcggg attgcagtct cgttcagata tgctatcgag tatgggtgat 36120
atattaaaca cacggattct gcaaagtcca tgtgactcgg ttcgagaccg ggcataccgt 36180
ccaatcactt gccattgaga attatattat gaaatattac ggcttcaaaa catcccattt 36240
cgggaaagca tatcgtacag aaaacattga tagacgtcga gcatattacg aatcactgca 36300
taaagcagga cgttctcgtg cacgacaaga aggccaaaaa caagcgaagg aaatagaatg 36360
aatattttta ttggtgttgc aaataacgta aatgctatta cggtgaaatt acaatggaat 36420
cgtccaacta attttgcttt aggattatgt aaatctgaac gtgatttaat gcttcatgct 36480
gattttgcat acacttttga tgaacgcaaa ggtatgtggg tatggattaa atgcagatac 36540

gaagcattaa tcaaatatga gtacttcagt gagcgtgata ttcaagaagt tattgcttat 36600
cattctggct gtaaagtaag taaactgcgt caagttattc cgtttactaa tgcttcaaat 36660
gtagaagagc taattactga ttttaaacga atttatcagg cgaaatatga tgaaagattc 36720
taaaggtcga gacgtacaag ttggtgatat cgttttctat ggagaacgta catacaataa 36780
aggcggtcgt ggttctatgc gctgtggtcg tattactgat attgcttcag gattggctaa 36840
agtagataac gactacgttg caatgcgaag caaatcattc gttaaggttt ctcctatgtt 36900
cgcaacaatg tgggaaaacg gaacgatttt cgagatttaa tgctacaaga ataacctgtt 36960
attattacta catcaaaaca aacaaggaaa aagaatgaaa cgtatcgcac tgattgttga 37020
ccaagaagct atgttcgctg ctaccggtaa atttcatccg gtgagtaaat ttgttgctcg 37080
cagcgagaaa atcgttggtc tggtagaaac tgtcgcaggt gatgtaattg tttctattaa 37140
aacgtctgaa atttctccag tagttaaagt agcagttgaa aatgacttct gggaagtagc 37200
tgattttatg tgtgagtaat tctgcctagc aggtggataa gcccgacaag gcgccctctt 37260
cggagggctt ttataaaagt cataagattt ctataaaggc cctgtagctc aattggtaga 37320
gcgttcccct cataagggat tggttgcatg ttcgagtctt tgccagggtc accaaattaa 37380
tgaggaaaat attatgatgc gattagttaa agtagttgta gaagaatctg aatacatggg 37440
cgatagccga atgattgaag aattcgttac tgttgaggca gattctgaat ctgaaatcgt 37500
tgataaagtt tatcgtcatt ttgataatat gtctgattcg tatggcacaa tgtatagcat 37560
ttatcgttta gatgtaatag tacatatcaa ctgaggaaat tgaaatgcat attagatttg 37620
gacaagttat tcctaaaggc ttagcaatgg caattaccac ttgggaaaac gatgctgatc 37680
ggtattctac ccaaatggtt tatggcttag aaaaagaaga gattaatcaa gtaattcacg 37740
ttcttgaatg gttctcttct aatggtcggc gtggtgaata ccttggaaat aatgattaca 37800
accatgaagc aattcttgaa aagcttcata ctgaacagaa gtatgtaact cctgaatttt 37860
ccaagaaatt ctttggcgtt gatgttcctg catatgattg cacagacgaa gagtttgatg 37920
cttatttaga taaccactat tcttgttcaa atgaagttat gtatgctatt caggcttggt 37980
tgggtaatcc aattgaatat gattatgatt tcatgcgagt atttgagaaa gtagaaatct 38040
ttgacattaa agaagaaatt cgtattcctg atgctccagt tgcattccat gttggaatta 38100
cgtataaaca aaaagaaagt ccattaaaag ttgattggtt gaaatacgtg aaggaaaagt 38160
aatggatatt ggttcaggca gttcatatcc atcatgtgct ttgagcaact ttgctcctca 38220
taaatttatc tatgatggcg tagaatgtgc ctcaatggag ggattcttgc agtccctcaa 38280
attttcttcg cctgaaatgc aagcacatgt atgtacacta gtcggaaagt ccgctaaatt 38340
taaaggtaag aagaaacgtt ggtggccaac tcaaacactt tattggaaag gcgtgccaat 38400
ccatcgtgct tcagaagcgt atcagaattt actgacagga gcatacgatg cacttagtaa 38460
aaatgaagga ttcagaaaag ctttggctgc tacccggaat gctacgctca ctcacagtat 38520
gggtaaaaat aaaatttctg aaacgatttt gactgaacgc gaattctgta atcaacttta 38580
tcgtttgaga aatgctataa ataatcagta atataattat cttgttcagt gttgaaatcg 38640
gtagacatgg tgacgggcac cttttgagct cgcatattgc atcatatgct ggcgatggtg 38700
gtaaatcgcc gacggaatca gtcgtgcagg ttcgagtcct gcctgaacaa atatttgcgt 38760
cgatgttgga attggtagac aaaggagact taaaatctcc cgggattaaa cccgtacgag 38820
ttcgagtctc gttcgacgca ccaaagccct tatagtgtaa tggatagcac acgatcgttc 38880
taaggtcggt agtccgggtt cgagtcctgg tgggggtacc acgccgattt agctcagttg 38940
gtagagcgct tcacttgtaa tgaagatgcc gcgggttcga ctcctgcaat cggcaccaaa 39000
ttcgaaggga aacttgcgta taccctcgtt gagtcgtcag atagaagaga atggttcgtc 39060
cattgccgca agtcggttgt tccctgtcgc aagcataacc tcctgacgct atacttcttt 39120
ggatgagact gatgcctccg agtccaaaga aatgaatttc gcaggtcatc tgccagtggg 39180
tgatgctgtc gattattaga gccctgtctt cggacggggc tttttagtat aaatagtaat 39240
ttaatcggca ctaaggattt ttttgcaatg aaatttaaag atttttttaac cgaagaagag 39300
ctttttgaag cagctcctgg ccgcatgact aaatcgaaat ggcgtgacgc tctggtattg 39360
gttccacgtg gtgaacgcca tgattttagc aaatttgcgg cttctgtgga aaagatttat 39420

ggtattggga ttagcgatcc taaagactat gctaaggtag cagctgcctt tgaaagttta 39480
ggcggaaagg ttactacacc tgcacgtgga gcttctccgg cacaagcacc ggccgcaaaa 39540
ccggctccgg ttaaagcgaa acctaaaaat attcctggcc ttaaaattag tggagaccat 39600
ggagacatca ttggttcagg tgaactgttt aaagctattg ataaagctct tccactagta 39660
agagataatg gtcctcttta taaagcagtt caattctatt tcgataatct gtggaagtat 39720
cgtgaatccc aaggtgctaa accttctgca cgtgaaactc agcatatcgg tgaagtgaaa 39780
acacttttag ctaaactgaa tcatcacctt gttgaactca gtcgtcagac agaattatcg 39840
tacaatgtat aataaaatgt aatcctacag ccctagaatt catctagggc atttttgtat 39900
cctcggctgt ataaatccat tctatcttcc agaaagttcc tccagatgcc ctaaaaattt 39960
ttgcacaaag ttgtttactt cctctatcaa ctcggttact atagctccat caaaacaaaa 40020
cagagtaacg gagaataaaa tgtctaaatt caactttatc caaattgaac gtggttataa 40080
caattacggt actcctgatc gttatcgcgc gatttggatt aaaggtgaac atgaacacgc 40140
agtgttcaat gtagcagaaa ctcgtgaact taaagatttg attaagcatg ttcgtaaaga 40200
ttggcctgct gttgaagagt actacgttcg agtttaccat gaagaagctc ctaccgaaac 40260
tgttcaaatt aaattcgcaa aaactgctag tgctttaacc aaacgaattg aagctgtaat 40320
taactgctaa taattttggg gagttataat gaactcccca cctactgagg aaataaaatg 40380
tctattctga aaaaacttgt tgaattcatc cgttctaaat tcggtacctt tgttgcacag 40440
aacacttctg ttgaagacca gtatacgatg gcagcaaacc gtattattga tgaaatcact 40500
aaactgcgta ccacgcatgt taaatcagta aatgaagaaa agcgtctgct gaaacttgct 40560
gatgaaaaag accaagcggg tgcttctaaa gagcgtgaaa ttcgtcgctt gatggcagaa 40620
ggtatgaatg tagaaaccca tgctaaactg ggtcttctgt atcgtcgtac tgctaaggct 40680
ttacgtgata aagctgccga atataaagaa atgcgggccc aaattgaaga aaccgtagtt 40740
aagcttgatg accaacgtct tgatttggca gtgaaactcg aatacatccg tgagacccgt 40800
aatgcttctg ctctgggtat tacctctgct gacgacgtga ttgaaatcgc agaactcgct 40860
aaagtagatg tacaagacat catgatgaaa gttgaaacct tcagcggtac tcagcctggt 40920
attgaaacca ccactgctga tgtccaggaa tatctggaaa gtctgaagta atttaccgg 40980
ggccttcggg ccccctaact tggataataa aatgttatat gaatgcgctg gagatattcc 41040
aatggcaaca cctcaaatta aagaattaat tgcagcagga ttcccaacag aaatcactga 41100
tattcttgga aaatttgctt atcctgatac tcggcctgaa aattggaaaa ctcgctataa 41160
cgggtataac accacagttt taccgcgggc tatcgttctt aaagactatt ccaagctgaa 41220
aaacttaatt tctaatattt cgtctatttc cgacggagtt aagcttgtgg atatttttgc 41280
acttcggtac ggaatctact cttttaacga ttctccatca aatttaaaat cagcccgtac 41340
taatgccggt gaatactcta cttctggttc aacaacgtac accatagtta ttgagattat 41400
tcataataaa aatagctatc gtcttggtat taacctagtt aaatatgtga catctcagga 41460
tgattatagc aattatttaa attactgtgt taatgaattg ccatcaaagg ttatgagtat 41520
gtttgactct aacaacatgg taggcaaaca attaatcatt gatgaattta tcaaatactg 41580
ccgtgagagg gtgcagaaat gagtaactta tatctgccaa gtgaacctcc cgtttataat 41640
tatgtctata aatttgatca gattgattat gcccttgttc ctggtattgg tgcaactgtc 41700
ggcgcaatgt gtacctttgc cgcgattgat atcatgcatt taactgatat tacaccggca 41760
gtgttattcg gaattctgct tgcatggtgg ggaactagtt tgctcatcat gggattaatt 41820
gaatgttccc gatgggttaa atggtctcgc aataattata agcgtaaagc tgaatggaaa 41880
gaacagtgca agaatttaac tcttgaatgg aatcgcaaaa agtcgtttga gtttattaaa 41940
gaggtgagaa gaaaatgaat gaatataaac ccgacggatt ttggaatcaa gatgggctcg 42000
cgccaggttt tggaattgtg acatggcttt tatattgtgc tttcgtaatt gttggaggga 42060
cattctttgg attgaacgtc tcagagttta tgattatgct tttattttta ggtgttttcg 42120
cattcagcct catgtggatg ctaattatcg cgttgattaa ttgctgtaca tttttagctt 42180
accgaatgaa atacaagaag tggaaagaaa aagaagattt caacacctgg attaggagct 42240
gcagaaaatg attaaaactt gctaccgtgg aatgattaaa agcgatgagc ctgggtattt 42300

cttcctattt ctgcttattt ggttttcatt atcagccttt gttggatttg gaacattctg 42360
ggggttctac ttcttttctc cagtatttgg cgatgcgtta tattacatag gctggatgtc 42420
aggtgttgga acttggtttg caatacttgc ccggtggttg caattcgttt cccagcggca 42480
gaggggtgta ttcgataagc ccaaagtaaa gaaagaaaaa tctaaagatg actctcgtag 42540
tgaaacttta tcctggatta aggagatgaa ataatggctg ttgcagtgca tgtaaaattt 42600
gaaaatggtg atactcgcct tctgtgttac agtgataatg aatcactgag cggtatcgag 42660
atttcactca aagaagaact gcttggtatt aatggaccta tctgtgattt ctcggtagaa 42720
ggttcggata attgtaatga tgatttggag tctatggtct atactgccat ggaagatatt 42780
cttgaagaaa gttggaacga atgccaatga aagagctcag tgcaggaatt ttattcttta 42840
ccgatgacaa acggctttta atgggtcgta tgacaaatac atatgtccag ggcagaggct 42900
ctagatggga tattccaaaa ggacatgttg agcctggtga aacaccaaaa gaagctgcta 42960
ttcgcgaatg caaggaagag actggattta ctgagtttga ccaagacctc ttatatgacc 43020
ttggacgaca tgattatgca agcaataagg atatccatct gtttggatat atgctccctg 43080
taagcccaga aatgttcaga aattgccgtt gtacagctta ccataaagat gaaaatggaa 43140
ttaattttcc tgaaatcgat gcatttgctt taattaaacc aagccagtgg aaatatgtga 43200
tgggaccaag tttatacaaa atcatgacgc aaatgtatag cacagctcag tgaggttatt 43260
atggaagaag ccgttgaatt aggcattcca cacatttata aacatgagct acgatttatt 43320
cacgatggaa aatggattag catatttcat cctagggata aaatgtcgcg tatactaatg 43380
aaatcacggt atgtcttcag tgatagtgag tatataaaat cagcatatta tatagcagaa 43440
cagctatatc cgggatttag tgaattgccc gaggacgata aaagagatta tgtgtggtgg 43500
aaagataaat ggacaccata cgagaagtgt agccttgagt tattcatagc caagtgcagg 43560
gccaaataaa tactcctata aattaatagg aggtccttat ggatattttt ggcatgttgc 43620
gtattgatga aggatacgac agcaaaattt ataaagatag cgaagggtat tggactatcg 43680
gtattggtca cttactgact aaagacccgt caaaatcttt ggctatttct aatctggaca 43740
aactggtagg tcgttctacc ggtggccaaa ttactcaggc tgaggcagaa gtaatttttg 43800
ccaaagatgt tgagaaggca attaaaggta ttgttgctaa tgctacatta agcccggtat 43860
ataatatatt agatgatgtt cgtagagctg ctctgattaa catggtattc caaatgggtg 43920
tgtctggtgt agccgggttc ccagcttcaa tgaagttatt actcgctaaa aaatgggatg 43980
ctgctgccaa ggaacttgca aattcacgtt ggtatcgtca gacacctaat cgtgctcgtc 44040
gtgtaattga aactatgcgg accggaactt gggccgctta tcaaggaaaa taaatgaaaa 44100
cctatcaaga atttttaaat gaatcccgtt tagcaacagt tggcgtaatg actgaatctg 44160
ttggaagtaa tcttctgaaa tttaaaaaag gtcagaagat gacagccacg ctagaagatg 44220
gcacagaaat tgaaatggac gttgttggat ataactacgt agtagacggc aagttatata 44280
ataagagcca tgctaagttt gattcattcg atgattttgt ctcttcggtt gaagatgaat 44340
cttctcgcaa agcagtagca tctggcgatg cacgctcttt aatggcccat ggacatatgc 44400
gtattaagtc taagcagaac aaacctggtg aagataactt tgcattagta ggttatcagt 44460
ctggtaaaac ttctaacggt taccagcgta cggttaccat gtacatgcgt aatggtaaaa 44520
ttgcattcgt aaacgatcgc ggcgctattc gttacgctaa atcaattaag taagcaattt 44580
cctaataaag ccgaacacga cctctcctca tgaacgtcga gtcctctgag tgaagtagct 44640
tttcctacct gtaataaggt cgagcgcaag tgcggtaagg ggtttacata gtgtgtcgat 44700
ggattaaaca tgtgccaagg aatggcccca tttaatttaa aacttttacc tttctggatt 44760
taaaaatgaa aacttataaa gaatttatca ctgaagcgcg agtgagtgca ggtaaattag 44820
aagccgctat aaataaaaag gcccattcat ttcatgattt gtcagataaa gaccgtaaga 44880
aacttgtaag cctttatatt gacaaagagc gtattctcgc tcttcctggc gctaatgaag 44940
gtaaacaggc caagcctttg aatgctgtcg aaaagaaaat tgataacttt gcttctaaat 45000
tcggtatgtc tatggatgac cttcagcaag cggctatcga agcagctaaa gtaattaaag 45060
gtaaataaca gtttactttc tcctagaatt gtgatagtat attcatattt acatttaaac 45120
aacattggaa taacctggac ctcatgattc tatgagggat tcccgcctac ctgtaataag 45180

gtcgagccca agtgtggcaa tgccagttac ataaggtatc ggaatggact cactccatgc 45240
gccaaggaat ggccccatta aaagagagct tatgaaatac ttaacaccaa tttatttgac 45300
cctgatgcat gctttcaaag acgctgcaga cagacgatta aataatccca actacagttt 45360
ttatgaaccg tcttgcctta tgcgagagta cggtaccctt cgtctagatg gtggaagaca 45420
aaccggaaag accgcagcct tatgccaatt cgctaccgat tggttgcttg aagatggttc 45480
ggttataatc ttatctactc gatacacaca atcatctgaa ctgatggaag gtattctacg 45540
agaatataat tcatcgcatt taattaataa attaccggct aacgagatag ctaaatcaat 45600
tgttccgatg acaatcaggg aatttctatc caatgattcc tcttataagt ttagaggaag 45660
aaagcttgga agagcattaa ttatcattga agaaccaatg aaagttcccg atatgatgaa 45720
gttctatgat atgtaccagg aagctatcag atggtctatg cctaatgata ccttaccttt 45780
atttttcgtg ataggaatgc aatgatgaca cagacagaaa ttgttgatat gattacagtg 45840
atggaaaata caggatttgc cgatatgaag caattaataa caatggttac ggctggcaac 45900
ctgcttgagt acaagcgcta caagtttctg tctggcccgt tcaaaggcgc agaattcatt 45960
tctaatgctc ctaacacgaa gtggatgaat cgctatccta attttagaat tgagtttata 46020
tctggtaagc taaaaggcgt gattagttca agcttaatca catatgacca acgcattcaa 46080
gagaaaacaa tgcaatggct gaaattgtta taaggtgtcc tccacaccta gttgagagct 46140
tctgtgaatg gttcagtaat tctggtgagc aagattttta tgaagctcac cagaatggaa 46200
cttggaatga aacaaccaaa cagtgggaag aagctacaac gtatataggc actcgcggat 46260
atggagttaa cgagcctatt gaaattgtgg aatacgataa agaaactgat gaagaagtta 46320
cttatcatga agataaaata acttatctag aagcagctgc aaagtttcat tcagacgaat 46380
ggaataaaat gagtgtaatt accgcataca tgcgtggttg gaataaagaa tctaattaag 46440
aggaaatatg aaagcatatc aaattcttga aggtgaactt aaaggcacca tttacatcga 46500
agatggtgat gacgcacgag taatcgtttc aaaagttctt aaagaagata ctattacgga 46560
tgctgaaact ttttatggct acaaggctcg tgaagtagaa attgaatacc agccaacggt 46620
aaaaattgaa ggcggtcagc acctgaacgt taacgtgctg cgtcgcgaaa ccctgctgga 46680
cgcggttgag catccggaaa aatacccgca gctgaccatt cgtgtttccg gctacgctgt 46740
acgcttcaac tccctgacgc cggaacagca gcgcgacgtt atcgcccgta ctttcacaga 46800
ggcactataa tggcaattga agatatcaaa ggatataagc cacataccga tgaaaaaatt 46860
ggtaaagtga atgctattaa agacgcggaa attcgtcttg gattaatttt caaagcgtta 46920
gaagaagaac atgttgaaaa gtacatgaat ttagatgtta gcacaatgag cgacaaagaa 46980
tttgatttag cacatgagcg tattactcaa attcgcaacg cgattcaaca cttgaaggaa 47040
gcttctatgt gggcatgtcg ttcagtgttt caaccagaag aaaaatatta aaaagtagtt 47100
tactttcctt acgggccatg atactatggc cctacaaaca aaggagaatg aactatgtca 47160
actaacccag aagtattcat ccgcagaact aaactacgtc gtaagtttga ggaagcattt 47220
cgctctttga atttatcagt tcgtgcccga gctaaagctg agggcaaaga gcctttcttc 47280
actaagtact ctgatcattt gttggaccgt gctatccaac gtgaaattga tgaagagtat 47340
gtattctctg ttctttccaa aattcctaat catcttaaag aaattaatga attcttagca 47400
atgccttggc ttccaattga cccaaaggac attgatgaaa acattgagta taagccaatg 47460
cggttagaaa ttacggatgg aaatctgtgg ctagggttta ctatggatat tccaagacca 47520
ggaaaaggac ctagtataaa gtgtcgtatg gcattcgtta atgataaacg tttgaaaggt 47580
aaaatcagca caaaagttat acacattaat tgaggtaaac atgaaaaaag cgcttatcgg 47640
tctaatggcc ttatgttcaa cggcctttgg gtctgagcca actttcagta atgttcaact 47700
tgacaacttg cattacgcat ataatttgg tgaacaatat caaaaatccg gaaaagaaaa 47760
atctccgcat aaccgatatg ataataacgg cttaggatat ataatggctg ctatatcatg 47820
gaaagaatct tcggcaggag ccaatttaaa agcaggaaag gggcatcatt cttatggggt 47880
atttcaaaat tacttgccta cggttaaagc cagagctaaa ttagagggca aaaaccttag 47940
tgattctgaa ataagaaaaa tgcttaaatc tagacagaat tccgcggaat gggcatatat 48000
tgagctttca tattggttaa atatacataa cggcaatatg cgaaaagctc ttgctagtta 48060

taatgcagga tggaatgtca aaaggggaaa ctcttatgcg tcagatgtcc tagagaaagc 48120
taatttctta aaaaaacata aaatgctaca tacaaaggtg gaataatggt aaagtacgcc 48180
gcgcttcttg gattggtatt ggcattctct gctaatgctg aaaattcaat gacagattca 48240
cttcgtatcg ctaaaacatt ttgcaatacg aactctgaat gtgttgatat attagcgctt 48300
gaattagatt cagcattcag cgatggagta aaagattcac gtagcccggc tcagtggaca 48360
acactaataa atcgtaaggc taagagcatg aaagatttat gtgtcaatgc tcctaacgaa 48420
aatatatgtt taatgtatcg tgaccaatta atggctcgtt atatgtcagg actatcgtca 48480
aaatgaaaaa agcggctatt ttattatgct gcgcattttc agttaatgcc tgggaaaaac 48540
tcccaggcta tcctgaaact gtacttgcag cacagggtac taaaatagaa agcaatggcc 48600
cattcaagaa caacattgaa atagcatttg ttcctagcag cagaaaattg ctaatgtcat 48660
tttataatta tcaagataaa gatgaccagg tgatagttcc acttgtcgaa tataatgctc 48720
gtggatgtgg aatgcagagc gatggcgttt ctgttgatgg agtaatgcat cctaaagaac 48780
aaggagtgct gaaccctatc cttaattgta acaatgctat atttttaaga gtatacaata 48840
atcttaatga atatgcaaca tataaaattc cataggtgaa taaatgatta ctggatatat 48900
taagggcaat attgtagaac tattcatgaa gcatgaatgc gatatcgctc atgggtgtaa 48960
ttgctttact acaatgggtg ctggtgtagc aggacaactt gctaaagcat atcctccaat 49020
tctcgatatt gacatcgatg aagaccgtta ttatgacaat aatttagcca agcttggaac 49080
tcatacacga gccattcaca aaaaaggcac tgcatattgc tataatctgt atactcagta 49140
tgctccaggt ccaaacgttg attacggcgc aatttttaat gcattccatg aactaaattc 49200
tggtcgtatt gtttataatc gtcctctata cattccaaaa attggagctg gtattgctgg 49260
cggtgattgg gaactaattg agaaattaat caatttagca acacctgata ttgacattat 49320
ggtggtagaa tatgaagaag ctaaaagcta aatccgtctt gtagaggtaa atagatgatt 49380
actgaagagc aaaaaactaa actgtggcag ttgattgacg attatgcagg tgccgagcaa 49440
gtagtagcta ttagtgccat ttacggaaat ggtctacctg aagaatacga tgaactcatt 49500
cgttctaaga atgctatttc tgattttatg gagacacttt aatggcacag ctttatttca 49560
actacgcgag catgaatgca ggcaaatcag ctaaccttct tacagcagct cataactata 49620
aagaacgcgg catgggaact ctcattctga aacctgctat tgatactcgg gattcggcaa 49680
cggaagttac ttctcgtatt ggtctacgtc atgaagctaa tacagtagac gaatctattg 49740
acatacttga atttttcaag tgggcacaaa cacaacgtga tattcattgt gtatttgtag 49800
atgaagcaca attcttgact gctgaacatg ttcttcagct atgtaaaatc gttgacttgt 49860
atgatgttcc agtaatggca tatgggcttc gcactgattt tcgcggcgag ttattcgaag 49920
gttctaaagc tcttctttct gtagccgata aacttgttga gctcaagggc gtttgccact 49980
gtggacgtaa ggctacaatg gtagctcgta ttgacgaaaa cggaaatgct attaccgatg 50040
gtgaagtagt agaacttggt ggtgaagaca aatacgtttc tctttgtcgt aaacactggt 50100
gcgaactggt aggtgtttat aatgaagcca agaacgtata acactatcct gatgctagtt 50160
ttaagtatgt tattcatttg gatgggtgta gcagcatcta ttcaaagcga tagacgagaa 50220
gaacttcaaa atcgtcttga ttctggatgc aaagtattag ctcagggtaa agactttatt 50280
gctaatacaa atgggtgtta tattaaatat gagtagccta tttgctatag cgggtgtata 50340
gtactagtac tcgtgattgg gtttttacta tacgtaatat ttctttcgtt attggtttaa 50400
tatgaaaaaa tatgtgatgt gctatcgttg tcttcatgta tatgattaca acactgctcc 50460
aaagactgct accaagcgtc ttaaaaccaa agaacctgaa tgtccaaaat gtaaatgcaa 50520
ggtcatctat tcatgaatat taaatttttc aaatcaggat tttactatcg ttgaggtaat 50580
ttaacttaac gaggtaataa tgtctagaac aattcgccgt aaaggctggc atgtagtaaa 50640
atcttccaaa tggaacgatc agaataataa cgaatttgct tatattaaaa gctataacga 50700
atacgttaaa actcagaaag ataaagaaaa ccagcagaaa tatgttgaac tgcgtatttc 50760
tgaaaacagt gaaagaccgt tagaggccaa gaaactgatc gctaaatcaa agcgcgatgg 50820
attctggaaa actctacgtt ggacccgtta tgctatgccg gttccgcgtt tatttcataa 50880
agccgaaatt aaacgtgcat tgaagtatga tgaagaatat aactgggacg aagctggtgc 50940

tagaaccatt gagcaaggca tctgcgaatg gctttgggat taagtaacac atacttatat 51000
aaatactatt actaactgat gaggtgtata tgcagcattt aagtgaaaag caacttcgta 51060
atcttactgt agagcagctg gacgaacttc gtcgtgagat tgggcatggt atttcgcacc 51120
ttcaggaaga aattcgtcaa catagttcaa aagcagatta tacccgtaaa cgtacgctgg 51180
aaaaatacct caaagaagtt aaggctgtac ttcagcacaa acgtaatact ggacaaaaat 51240
aataggaggc cgtatggcct ttaatcacat ttgcttagcc ctggtgttgg gctgcgggat 51300
ttcattccca gctgcatcac acgacgacat ttcagattat aattcgtatg ttgagggagc 51360
tctacaagtt tatgctaaat ttaaggagcc tagtaagcaa gagtctgaac agttctatgc 51420
tttcgtacaa agtaaatgga agagcgagtc ttgttctaaa gattgcgatt ctttaggacg 51480
ttcagcaggt gaagaatacg ctaaccgtat gaggatacaa ttcgataatg aagttcaatg 51540
attttgtaaa ggacggtaaa cttactccgc aggatgaatt catcggttta cttatggtgt 51600
ctcaagcgta ttttcattca gcgcattttg ataccaaatc gtatgccaga cataaagcgt 51660
atgaagtttt ctttaacgag attccagatt tgatagatgc ttttggtgag cagtggttag 51720
gattctcagg taagagttat acaccggctt taccatcgca gaaagagctg ccaaaggaca 51780
ccattgaaat gctagacttc attctggcta aggccgatgg tatctacaag tccgttcctg 51840
ccgccctcca aagtgttctg gatgacatta caggcctatg ctacaagact aagtatttgt 51900
tatcattgca gtaataccct ccgcctcctt cgggaggcat tttcttttca aaaagttgtt 51960
tacttccctt cattacatga tactatagac atatcaacaa ccaaacgaga aaaacattat 52020
gattaagtta actaccgagc ttcaacctgg aaaaatcttt tatcacgtgt gtggtgttaa 52080
tcgcacagaa actaaacccg gcgaaataac gcgttacatt gttgcttcag gcacatatga 52140
tgtagaactt ggtcttagtg gtgtatattc acgtaaatct cctttcttcc aagtgatttg 52200
tgaatatgaa aactatgctg gccaaactga aagctattca actgaacggt ctgcccatga 52260
tatgggtata ttcaagccag gtgaaaagcg ttcggttcat aatcttaatc gtgggttttg 52320
gacgcgtgaa gaagctgaac agttcatcaa agagctccaa gaaaataagt tcagcgatcc 52380
agatgatcaa gcatatgcag acagactgac cccttctgaa gatttccgcc gtcaacaaga 52440
atttatggat tcttatcttg acagttgtga ttatgattac tacgactttg atgatggcga 52500
agaatgagaa acgttttact tatcatctac attgtggtac aataccagca tccgatgttt 52560
acatataatt tggtgcaaat gattctggag agtttgaaat gaatggatgg ggcccatcag 52620
atgacggatt tgcaactcgc gaagctacaa tagcagacgg gattgaatgg gcccgtcttc 52680
agaaacaact ccaagaacag cgggaatccg aagagttctg tgttgattgt gatgaggaaa 52740
tcccagtagc tcgtcgtctg ttggttaaag gctgtcaacg gtgtgtagaa tgtcaaggaa 52800
agtgggatac agtaatgact tctgcttata atcgccgtgg ttcaaaagat tcacaattga 52860
ggtaattatg gaaagtattc ttgatagtac caatttagat aatccgtaca gcgatgtgca 52920
tgtaaaggtt gtgaattcgt attttactaa aaagttgagt cgtgtcgtgc taaaacaagg 52980
taatgatata attcatcttg atactaaaca aattgattca ttaattcaat tcttgataga 53040
ggcaaaagat ggcgagtaaa ttagtatggg acggaaaacc ccgtaaaggc gatgcagtaa 53100
ttgaagatga aagcccgcat gttattgatt tgtatcttac ggtattccac acgtatgaac 53160
ataatactat catcgaaatt gaacgtgacg gagattgtgt agctattgat aaaagcgacg 53220
ctattgaact ggtcaaatat cttaccgcaa tgattccaac tatgaaacag gataacttat 53280
aatgaatatc aataaaaatt cttggcattt caaaatgaac ctatggttta aatctggcaa 53340
tatatggaaa atgccaaaaa ctctatgtgg atacttttgg accacagtac ttcatattct 53400
gttctcttca gcaattgcta tattcattgg ttctgttgca tggatgttcg gttggccgct 53460
tatagcgcag acgggtattc tcgcttggat aggtgttagt ttatccgcct tttggctaaa 53520
tgttgtagca gtaccagttg gtgcagtgtt tatagcaaca tttgtgcttg cgtttgtagc 53580
aatagtgttt ggatttattt tcggtttaga aaaatttaaa gaataccgta aaaataaaca 53640
atttacgaag aaacttgctc gagtaaaagc tggtcttccg gcagaatccg aaccgttagt 53700
attcatccag tatttaaaag ctcgtaaacg gaaagtttgc ccaatgattg attatgtaga 53760
aggtaaaact agtgaagaat gatcaagttt atatcgtgaa cggccgaaag gccgtctttc 53820

gtgctaaaac tgaacgtggt ataatttcta cataccctat tgccgaattt acttttgaag 53880
atggcgagca gattaaaatt aaatatgttc cgttatctca gacgtaccga ttcatcggcg 53940
gcgaaattga tttagacatt tattatgaag gtggcgtatg gaaattgaaa tcgtaacaac 54000
caaaaagaaa ctctctatga gcttgcttaa gcagatgaaa atggcaagct cttctgaaat 54060
caaattcgca atgtttgacc gagttcatcg tgttcttgga tatgttaatg cctttaaatg 54120
gaacaaaatg gatatccaag tagcaatcat taacactggg aacgattggg cattagttcc 54180
tatgtatgat acacatgtta ttaaaaccgc ccggcgcgaa ccacatccag acggtcaaga 54240
atatcatttc catgacgtag tatactacca tactatgcag aaaatcggga atgttcatcg 54300
caattctaag aagagtactg ataaagaaca tgttgaagcc tgtgctaaag cctcaaatga 54360
tttgattaaa ttcgctaaag ggaatcatat ttacttatga aaacaatcgt aaaatcttat 54420
tttggttcac atctgtatgg tacttcaact cccgagtcag atgtggattt taaagaaatc 54480
tttgtacctc atccgcgtga tattctaatg tgtcaggcga tgaaccacac caattgtaat 54540
actaacaaca gcgcaaccaa aaatacgaaa gacgacgtcg accatgagct gttcagctta 54600
aagtatttct tcaagctcgc tgctgacggt gaaactgtcg cgttggatat gctgcatact 54660
ccaccggaat tggtagttgc atctgacctt cctgaagtat ggaaattcat tcaagacaac 54720
cgagctcgtt tctataccac tgacatgaaa gcttatctcg gatatgtccg taagcaagca 54780
ggtaagtatg gtgttaaggg ttctcgttta gctgacctgc ataaagtcct ggatgttatc 54840
agagatgttc ctgaatggaa atatgacgat cgtcctcagc agaagggtat caatgagcgt 54900
tggaaagtac aggatatcgc agagaaactt cctctcggtg aattcctcga atggaccacc 54960
ttcgttgacc acaaatcagg cgagcagaag ttttataacg ttctgggtcg taaattccag 55020
acgactatca ctatcaaaga gatgaagtat tcccttgaga agcttgatgc tgaatacggt 55080
gaacgtgctc gtaaggcaga agctaacgaa ggcgttgact ggaaagcact gagtcatgct 55140
cttcgtgcag gtctgcagct tcaggaaatc tatatgactg gtgaccttca attccctctg 55200
acccatgcta aaatggtcaa gatggtcaaa gcaggtgagt taccgttcaa agaagtacag 55260
gagcttctcg agtctgtagt agatgaagta gaaattctag ctcatactgc tgaaaagaac 55320
ggaatgccta agaaagtaga catgaagttc tgggacgatt tcgtcgagaa ggtttatctt 55380
gaaaaccaca attcttacta caaatgatac aatgaaggtc ttcttgaatt atggaagacc 55440
tcataaaggt agacggtggt atttggaagc agtttgcaga gagactggtc gtagagaaaa 55500
tgctaaattc tctgctcgac caactcgaaa acaaatccac caatttatgt catgggccgg 55560
agaaactctc cggttctcac tttactgggc tgaaatatga ttttactttg gagcgtagta 55620
gtgccaatcg ttgttgcaat aatttacttt atcgtgggtt ggtctgtctg taaacatcta 55680
atcaaaaacg gaactattga gaaggtagga gagtattggt tctatctcat cttttggttc 55740
cctgctttta ttgttggagc gattatcatg ttcttccgct gggcaggtaa acttccaaag 55800
cgtatcgcag aaaacgctat caacaagcac gcataactga ggagccttcg ggctcctctt 55860
tttgtttcaa aagaatgcat aaagtagtat acaaactcgc gggctggtga tactatagac 55920
ctgtaccacc caaacagata cattggagaa taaaatgaaa actttagaaa tcgtcgtaaa 55980
caacattgat aaagccttta aagctgctga agcccacggt gtagaatttg aaccaatgat 56040
ggtgggagaa gcgttctcta agcttgctat catccgtggt gaaactgaca acttgattga 56100
ttttgtggat gacttctatc tcggttcaaa ggtccgtcct tactacatca atgaaatttt 56160
agaaaaataa ttaaaaagta gtttactttg gagctgtaga atgatactat agctccatca 56220
aaacaaaaca gagtaacgga gaataaaatg tcaactatca ccatcaagaa agggatttac 56280
ttcggcaaag agatttcagg tacttatgag ttactcggtg agtggttccc ggatagctta 56340
agtgctgaag attctcgcca gggtgatggt aaagtctttg ttgaactgaa tggcaaaaag 56400
cgtggtgttt gggtattcaa agatgatatc acaattgacg gagtagctgc taaaattgaa 56460
gttgttgaat ccgttgatga aatgaaagag cgtatcaaga aacgctttaa cgttatggga 56520
ttaatgacta acggtttaat ccacgggaac attcgttctc tgattatctc cggagcagca 56580
ggtatcggta agacttactc tttggataaa gcattacaac atgctcatga tactaacgct 56640
attgattaca aatcagtgaa cggtaaaatc tcaggaattg gtttatactg ccgtctttgg 56700

gaatcacgtg aagcaaattc agttctgctt attgatgatg tagatgtatt ctctgatatg 56760
gacattctta accttctgaa agctgctttg gattcagggg agaaacgtaa agtatgctgg 56820
agcactgcat cttctttctt ggaagataaa ggaattccta atgagtttga gtttgaaggt 56880
actgtggtct ttatcactaa cgttgatatt gaccgtgaat tagagcgcgg ttctaaactt 56940
gctccgcatc ttcaagcctt ggtatcacgt tcggtttatc ttgaccttgg tgttcacact 57000
aatgaagaga ttatggttcg tgttcaagat gtaataatga ctacttctat gttacagaac 57060
cgtgggttaa gaaattctga agttattgaa gttttggaat ttatgaaaga taacgtaaat 57120
cgtctgcgta acgtatctct ccgtactgct ctttatatcg gtgatttcgt tgcgactgac 57180
cgtaaaaatt ggcggacaat cgctgaagta acaatgctga aataatttaa acgggaggag 57240
aaatcctccc taactgagga aaatataatg gctactttaa tttctaatga tgtaaaacgt 57300
gttttgttta aaggcggaat gtatatcgtt gatactccta aaggtgatac ctcttcctgg 57360
actattaacg agtggattaa ttacattgat gaaaacggag cgtgggtaca atgagtttag 57420
cagctattaa agatattgaa tgttggttaa acgatattaa agtatatccg cctggtcata 57480
tctttgcagg taaacccaag ggtaaagcag agaaagcttg tgaagcaatc tgtgaaaaac 57540
tttataagtt taattttggc gataagaaaa atgtattagc tgaagtccat tcttcttatc 57600
atgaattacg tgtaatggta aacgtatttc gtgctcctcc attcattgag ctcaggaaag 57660
aatacgctaa taaagtattt gatactttcc ttgcaaatgt gcaggatgca gtaaagcatt 57720
tagacgaaat gcataaacaa caccaagatt taaatgccta ttataagcct tggcgtaaat 57780
cataccaaga gcttaaaaat cgtattgaac ttattcgtta tgaggtgcta aaatgaaaaa 57840
ctgggtaatg acggaaagtg aagcctatgc agcgtatgtt tcaccagacg atcgtcgtag 57900
tgagttgttt ggttattatg gttcatattg cgttgccgaa gaagcagtta aggggcagtc 57960
ttggtggggc tcagatggta cagttaatcg taagccaacg gaactaatta cattcaccga 58020
tgaaaatggc gaatcatgga cttttcctaa aagcgctgct attagtgttc aggaagaaac 58080
acctgaagct aagcgtaaac ggttggaaaa aattaaagaa tccgctttgg ctaaattaaa 58140
tcctgatgaa cgcgaggcgc tcggattatg agtaaagaat ttagtactac tcgtatggta 58200
gatgcttttg gatatccgtg caacggttat cgtgaattta ttcacccgga agttgaaaat 58260
caatttaaag aagtcgtaag aaatattttg ctcaatgcat ttaaaactca aggaactaac 58320
ccgagagatt taggcattta tcttgaagaa gccatcagag acgtacaaaa gagcgtatcg 58380
gctaaacttc attgggctga agaaaatatt gcttggtcaa acaagaaacg ttctgattta 58440
aattggcccg ctgatcgtga acaaatcgtc aattatgcta aagggtaacc catgtttaat 58500
actatagtgt ctatacatgc gtattacgaa gggcagttaa atgctgcccg aaccaagtat 58560
aagcgaggaa tggaggaatc tgtggaatgc cttaaagata ttcagacatt tgcccagaag 58620
acccagaacc tcatcttgat ggaccgtaaa caggtctcat tggctgaaga gctaaaagcc 58680
tctaagatga ttatagaaga caataggaaa caccaactga aattgcttaa acggcgacaa 58740
caccagtcgc catggtttaa cagtgatttc cgatcttttt aagggccttc gggccctttt 58800
gttgtttaca tcttagaaaa gccatgataa gatagcttcc gttaactaat gaggagattg 58860
aaatgaaagc acctacttgg aacgaacttc aagaaatgtt caatactgaa gaagcttttg 58920
gaactatttc tgaaatggtt gagaatttag tagattctcc ttcagaagat aatcttctgt 58980
gtttagcaca gttcatcatt gaaacttaca tagagaatca gaaatgacag tatacgtaga 59040
tgtcttgatg aatcatggtt ggaaaatgag aggtcatcaa gtaaagaact gccacatgtt 59100
tagcgacaat cttgatgagt tgcatgctat ggcagaagcc atcggaatga aacgttcttg 59160
gttccaggat aagcgagttc cacactatga tttgcgtgat gttcgtcgca agcaagcagt 59220
tgctctagga gcagtagaag tatctcgtag agacgcagtt ctgctttgga gaaaattttt 59280
cacaaagtag tttactttcg gcgaggctgt tgataagatg gtctcgtcaa ccaaactgga 59340
gaataaaatg aaaactttaa ccgagattat ctctgcactt gttgaagaaa atcgtgtagc 59400
ccgccaagca caccgagcga aagttgaaaa acgcgccgag gagttgaatg ctggatgggc 59460
gaagacccgc ttcggtcgtg aatactttga taaagtggta gctcctactt ggggcaaaga 59520
tgatcgtcct catgctccct ttgatggtta tctttgggaa aatgaattag gtgaagttga 59580

agcttatcac gcaggcagtt acttgccgta tgttacagaa ttggattcac tggataagcc 59640
tgagtatacc ggtgaccacg gttggtggaa aatccgctta actcaagaag agtacaaaga 59700
acttcgggag tatggttatc ctcttgaagt acgcattcca tataaagagt ggaaattgca 59760
agatggcaca aatgttgtta tggcagaagt tagagctcat aagagcatct tagaggctat 59820
ccaggaacat tcaaaagagg tctttgataa tatattcaat gagctgaata agaataaagg 59880
ggatgcaccg gaaggacgag tgaccgtctc tggtacagta acgtcagtaa aagtttatga 59940
agactattac ggcgtacaat gtaagatgat ggttgtgctt gagaatggag ctacggttta 60000
cggctccctt ccaaaaagta ttccgtttga atacagaggc aaagtacagt ttactgctac 60060
atttgaatta gcgaaagatg ataaaactca tgctttctat aagcgtccaa gcaaagttat 60120
tatgcttgat gaatagttgt tgtataatgg gttcagggag attttgagat actctttgag 60180
cccagtccaa aatagaggaa aagataatga ataagaatga attaaagatg tttgtagaag 60240
ctgaatttaa taagttgaaa gataaaactc tcacgaagcg tgagaaacat gttaaggtgt 60300
tatcagcttt acatgattta aatccaaggg cttatgatgt agcaattgct ggtaacgtag 60360
ctcgtcgtgt gctaaatagc atggcatcac atgaagccaa ttatgctggt tttgttgtag 60420
aaaacattcg tcgttctcgc tggttaggtg caatgtcagc agagaaacag ctcaaaaagt 60480
ttgctatcgg caatgctaaa atttacggtc agcgttatag ctttgcggca ggggcgttta 60540
aaactgaaga aagacatgac cgtagcgctg ctcaaatctt ctgttctgaa tttaatgcaa 60600
acctgcgccg tattcttaat cgttcaattt gcttgcttaa aggcgatgac cgcgtgaaat 60660
accaggcatc ttctactagt tctagaaatc ctaagggtgt ttcatttatt cgtgccgaag 60720
aacttgacaa tgtaactgta cgaattcata ttaatagcca tttatccagc ggaaagtatc 60780
cggctcgggc gcttttagcg caagttcgta ctgcattaga tcatatggat gtagttaaaa 60840
aatcatgctg taaacagcag ggtgaaaact catctgttct tgaagtacat ttggacccat 60900
ttaagatttt tcctaaaaca ttgagcacca ccccagttat tgatgaagat gtagcacata 60960
tgtatctcaa tgttgttaag cctcttccgt taacaccagt aaatcatatt gaaatcgcta 61020
agaatagtat tactgccgaa atggaatcgg ttaagcgatt tattgacaca aaagaagctg 61080
aattggctaa gcatgaattg acgatggcag atttggttaa atcgcttaac gaatacaaag 61140
agcgttatga atctctcgag tatgcccgga gcttactgtg aaaaatcaat taaaagaaga 61200
catggtcgtt gatgataacg accttgaaat tgagtttgag tatccacctg tacctgaatt 61260
taaaattgac tgggacgcct gtcttgaaat ggtagaccgt cgagaagctg cagctaaaca 61320
agttgtgcct tgcgaaaaat gtggtagtat tcaagtacag cttgtcgatt ggacaaccga 61380
tattctgaaa atgaaatgcc ggacttgtaa acacagattt gagagaaaat taaaatgatt 61440
actaaaacta ttactggtgc taatactaag ttttttgtcg agtatgctaa taacctcata 61500
aaagacaaaa actttgataa catcattgca gatatgattc ttgacgcata cgaaagtggc 61560
atcgacccta tgcagcttaa agaatatctt cgagcgacaa tggattttac agttcttaac 61620
atgatgctta gaactgatac tgaattcaat gaaatgattg ctcgtcgtaa tgaaggcaag 61680
ttcaatttga ctgatgatga agtattagca tgcgctgctc acgaagcttg gaagaaggtg 61740
attaaatgaa aacaactggc gcgctttgga aagaatttta taacgatgaa gccttctggg 61800
aaggctatta tcatgatgac actttaatac tctttgatga tgttgaagta gaagaatatg 61860
aagacccttc gcctgatgcg gtagtaaaaa ttgaaagcgg atatgtttac aaaaccgatg 61920
atgattcctt cacttcccat gatttgagtc ttgaaacttt ctttaaacgt tggaaaaaga 61980
aacagaccac tcgcactatg gtagtcactg ttgataaaga tgacttcgcc aaagtatttg 62040
aaactatctc taatattcct ggagtgaaaa aggtaaaatg attgacatta aattagatac 62100
ttatgcagta cgccagttat tcccagaagg tacagcagcc cgtgctcaac tgcaacagtc 62160
agtaatcaat aacatcgtta aagaaatggt gttaaaagat tcacagaata agctgaagca 62220
agcagtacaa tctgaagtta atattgctgc tgtgactatt ccagatgtcc gagcagaagt 62280
taagaagcaa gttcagcaga tgttccatac tcgcggttgg aatgatatgt ctgctaaaga 62340
agaaatgtca cagatgatgc gtaacgctgc ccaatcatgc gctaaaaatg ctattgatga 62400
tatggttcgt caaactattg atgacgctgt taagcaagct gaaggtcgta ttaagatgtc 62460

tattgaaaga gctaatctcc gaattcaaga aatcattgtt aatgcaatga ataaaaattt 62520
cgctgatcaa attaacgctg ccattgctgc taaattggca gaacacttcc cggtaactgc 62580
taatggataa aattgatttt agcaaattaa atataccacg tatgggaatt cctgatgata 62640
ttgccaagca attagctagc gttcaaccaa tgccagataa ttgcatcaaa gatattttcg 62700
atgcgttaga tggtaaaaca ttagttataa ctactaaggc tgaaaatggc tcgtaaacga 62760
tatatggaag aagccgaacg agtaatgcta ctcatgtatt cggtttatta taatgagact 62820
ggtcaaatag ttgatagttc taaactcaaa ggagctatga ctcgtggccg aggttttgca 62880
caagcagcta ttgataaaga aattatttct cgccttggaa ttaagtatag ctccaagatg 62940
tatctccatc ctggctggaa ccaagttcaa gctcaagtat ttaaggaaat agaagaagat 63000
gttcacagtt tttggctacg acagcaacat ccataagtgt gtattttgcg ataatgcaaa 63060
gcgtctgctc gatgttaaga aacaagagta tgcattcatt aatgtaatgc cagaaaaagg 63120
cgtatttgat gaagtggtta tcagtgattt gcttcgtcgt ttaggtcgtg aatcacaggt 63180
tggattaact atgcctcaga tttttgctcc tgacggtaca catatcggcg gttttgatga 63240
actccgtaaa ttcaaattca atgcatgatt atcgtggaac cctccttcgg gagggtgata 63300
ttgtagccct ttattatggc tatggcggat tagaaaccgg tgagattaaa caaatcaaaa 63360
atcatcgagc aaaggtagag gtaacttact ctaatggagt taaggttatg tctaaatgga 63420
aatacggtga gtgtatggtg aaattatgat tagcatgagg aagagttatg agttatgata 63480
ttggtgattt aaaagctccg tgcacggtaa caatttcagc agaagagttc atccgcttgc 63540
aagctattga agaactgttg tgggaaattg aatgtgcgct tccgtctggt ttagaaagct 63600
ggattgatga tgaagaccta caaaaactgc gaggttaaaa tgactaacgc tgaattagta 63660
aaagaaatca agcatatcgc tggtgtcact ggcgaatggg acgacaacta tgatttcgaa 63720
tatccgccta atgcaccaga cgatgatgca gaagaaatct ttgttttagt agaagatgat 63780
gaatggacac aggaccataa gtatcaaagc cgttctcaga tttggtatta cccagctcgc 63840
ggcgtccatt tcatggtatc agagtctcgt tcaggttcat atcataccga ttggtattat 63900
aatcctcctg aagtagatat cgtcactcgt cacgagaaag tagttactcg tactgaagtt 63960
gaatggcgta ttgaatacga ttctgttaat gattccgctc cggcaccatg caaagcagca 64020
aaggcataaa accttggtac acggctcgat gggaaactgt cgagccagag gaagatgcta 64080
ttcctgaaga agattataat acttctgaac ctaccattaa cgaactactt gattatgagg 64140
acaaagtgaa tggaacttat tggtaagcag tttgaagtta tagaaaatga tgatgaatta 64200
actgaacaat ttccccagtt tgttcctgga tttaaatttc aggttatcaa tgcagttaat 64260
gaagatgacc ttgaaacatg tggcattaca gcagtaattg atttgctcac aaataaaatc 64320
atcacaatta atgacccaac tccattcggt gaatcttggt tctggtgctt ctatagtgaa 64380
gataccatgc accaaattaa agaaatcggc caaggtgaag acgttccaaa tatttctgaa 64440
attaaactcg accattttca tggaaaaatt gttccaatta ccaaagctct ttatgctttc 64500
gcaggtcaag aaaattgtga ttctgaagaa tacgatttaa tgcagaaagc agctgattat 64560
atcgtcgcct tggaaactcg tcttggagtt caatatgtct aaatcatgcg taaccaaaac 64620
tattacagta aaaattttgg atttttgtga tattcatcgt attgcaaggg aaatcttacg 64680
tagtcatgga tataaaattg gtgacattat taaattcagt aatggatatt atgacgatga 64740
catcggtgga atggcttggc caaaaatgag tattattcac aaagaaacta attcatatat 64800
tgagttcaat gcggatgatt atgaaggcat ctatgctttc tgtacttctt tctgcataaa 64860
agagtctaat cataacatct atagtagtta ctcgttaatt taactataaa tactcttatc 64920
taatcgctga ggtaagagta tgttattaac cggtaagtta tataaagaag aaaaagaaaa 64980
actatatcag gcacagaacg gattatgtcc ttgctgcaaa cgtcctttag atgaggatat 65040
tcaaaagaat cacctcgacc atgaccatgc gttagaaggt gacaatgcag gaaaggtcag 65100
aggcttgctc tgtaacctgt gtaatgcggc agaaggccaa atgaagcata agttcaaccg 65160
ctctggttta aaaggtcaag atattgacta cctcgaatgg ttagagaatt tgctggttta 65220
tctccgccag aatcgtaaag acagtaatat tcacccgcaa tatgttgccg atatggctaa 65280
acgcttttca cgtcttggta aacctgagat gattgctgaa atggaattgc atgggtttac 65340

atacgaggaa agtgatggaa aatcacaact tgcttcaaaa tacaagaagc agcttcgtaa 65400
gagtttaaaa tgaatatcga attagaaatc cagggactta ttaataaaac caacaaggac 65460
ctcttaaacg agaatgctaa caaagattct cgtgtttttc ctacccaacg tgacctgatg 65520
gctggtatcg tatctaaaca tatcgccaat caggtcattc ctttctctgt aatggaagca 65580
cacaaagaag gtgttatcca ttttcatgat atggactaca gtccagcttt gcctttcacc 65640
aactgctgtt tggtagattt gaaaggtatg ttgcagaatg gctttaaact tggtaacgct 65700
caaattgaaa ctcctaagag tattggagta gctactgcta tcatggcgca aatcactgca 65760
caagtagcat ctcaccaata tggtggaact acttttgcta atgtcgattt agttctggct 65820
ccttatgtag agaagacatt cgctaaacat gtacgtgatg ctcgcaaata tcaagtagca 65880
ttagtaaaag attatgctat ttcaaaaaca gaaaaagacg tatttgatgc tttccaggcg 65940
tatgaatatg aagtgaatac tttgttcagt tcaaatggcc aaactccatt tgtgactatc 66000
acatttggta tgggaacgtc atgggaagaa aaattaattc aacgagctat tcttgataat 66060
cgtattcgtg gattaggacg tgatggaatt actccaatct ttccaaagct tgtgatgttt 66120
gtagaagaag gcattaatct acgcaaagaa gacccgaact atgatattaa gcagcttgca 66180
ttagaatgcg cagctaaacg catgtatcct gatatcatca gtgctagaaa taatagagca 66240
attacaggtt cagaaactcc tgtatctcca atgggctgta gaagtttcct tggtgcttgg 66300
agagactctt ctggcaaacc cgttcttgac ggccgtaata atctaggggt agtaacattg 66360
aacctcccta ggatagctct ggatgcaaat tataaaagtt cagatgatag taataaactg 66420
ttcaaactac tggatgaacg tcttgatatt tgtaaagaag ctcttttaac tagaattaaa 66480
tcccttgaag gtgttactgc gtcagttgct cctattcttt accaggaagg tgcttttggt 66540
gtgcgtatga aacctgatga tgaaattctt gagctattca aaaatggacg tagttcaatt 66600
tcattaggat atattggcat tcacgaattt gatatgctta cttttaaagg aagcggtaaa 66660
ctcgtcctga agtacatcaa cactaagcta aacaagtgga cggaagaaac cgggtatgcc 66720
tttagtttgt attctactcc ggctgaaagt ctgtgctatc gtttctgtaa gattgaccaa 66780
gccaagtttg gtgatgttaa gggcgtaact gataaaggct ggtacactaa tagtttccat 66840
gtgtcagtag aagaaaacct gtcgcctttt gaaaagattg accgtgaagc accatatcat 66900
tccattgcta aaggtggtca tatttcttat gttgaactgc ctgacatgaa gcgtaacctt 66960
gaaggtcttg aagtggtatg ggactatgct atcgagaagt tggattattt tggtgttaat 67020
atgccagtag ataaatgtct ttcttgcggt tctactcatg agatgacacc tactgaaaac 67080
ggattcactt gctcaatttg cggtgaaact gatccaaaga aaatgaatac aattcgtagg 67140
acttgcggct atcttggtaa tccttctgag cgtgggttca atcttggtaa gaacaaagaa 67200
attatgcata gggtaaaaca tgttagagaa accaatgaag caagttgatt ggaaccaact 67260
tagcgaatgg ggattgattt ggaaaatcaa caaagaggtt ctgcacccgc ttggaattgc 67320
tataacccgt gaccccgaaa gtggattatc ggctggggct attcaaactg atgagccctg 67380
gaaatatgat gcagaagtag aagcacgtaa tgaggtaagg ttcaatgaat ttcgacagaa 67440
tctacccttc tgactttgtg aatggccctg gatgcagggt cgttcttttt gtcacagggt 67500
gtttgcataa atgtgaaggg tgttataata aatctacttg gaatgctcgt aacggacagc 67560
tattcactat gaatactgtt aaagaaattg catctcactt aagcaaatcg tatatccaag 67620
gccttacctt aaccggtggt gacccacttt atccacagaa ccgagaagag atttcaaatt 67680
tagtttcttg ggttaaagca agatttccgg agaaagatat ctggatgtgg acaggatata 67740
agtttgaaga tatcaaagat ttagatttgc tacaacacat cgatgttata attgatggga 67800
aatatgagaa atcactgcca actactaaaa actggcgcgg ttctgacaac caaagactct 67860
gggtaagaaa tggttctacc tggacacatg attgaggaaa tttatatgct gacttacaaa 67920
attatgttta ctctgaacca catggctact gaactgtttg gaccggaatt tctggctatg 67980
acagcgttca tcttaactat ttaaggaaaa ttatgaaatt tattaatgct attcgtaaat 68040
ttatttctaa cgttatcgct ttggttgcat taacggcagg tgctttcgta gcaattccgt 68100
ttattgttct tattatcatc gcagattgga ttaatcctac caagaaagat gaaaagttat 68160
ctaatgaaga atttcagaaa cgagttaaca ctctgactgc taaactccaa caggtcatga 68220

aatgatagaa atctatggca tccctgaaga agtttggaga tgccctggat gtaaagcagt 68280
tcgtgacttg ctcgataagc tgcaacttcc gtatgagttc tataacgtaa tcaatgaggt 68340
agacggtcaa ccggtttatg accgtccgtt gattgagtca cttgctaaac gcatcgggtg 68400
ctatccatcg cttgctattc ggtatcctgt catttttatg gataacgtta agcagtatga 68460
cattccaaca ttcaaaacca atcttattgc tgctgggcat gacccagata tcatagaaga 68520
ttaaccggtt cctttctaag gtcatcttga ccaccttctg tatatttcta tacccttcat 68580
ttagaggttc ctgtgggacc tctcttttat tttaaatcca tttcacaaag ttgtttacaa 68640
gctagctgat gagtgatact atagctctat caacggataa cagcataccg tttaactcga 68700
gaggaaaata tgaactggtt aaattggcaa gaagctctag aagctatgag taaaggctgt 68760
aaagtaaagc atgtgcattt tactgatgac gaatacttct tgatgaagaa caaagtcatc 68820
tgtgacgaaa atggatatga tatgactcgc tggtacaagg gtgagtcttg gcaaaacgaa 68880
cattggtaca tcgcatgaaa acttttgctg taggtgatat cgtccgtacc agaatttggg 68940
atgggcttca atttgaagta gttgtctacg tcggttcaga tggagttcta cttcaccgaa 69000
ttaacaatct gattaagtgg caccttgaac gcttcgtgaa atatcatgaa ttcaatagct 69060
accactgtac tgtagctccg gttgctagta aagaatacta cgatatgctc gaagagttaa 69120
aatctctcaa agattgattt gctacaggag atttgattta aaatctcctc tgtcaagaca 69180
atcactactg aggaaaataa catgtcccaa gcaattaaaa acgcactgaa cgctttcgca 69240
tactataaag tttctgcaat gctggaagaa ggacgttgtg taactccgtc tttgcttgat 69300
cagtgggaag ttgagcttca cggtacgatg aaagaagaag gacaaaaaat tggtaaagca 69360
cgcatccgtg aattagtggt tgcttatctt ctgtctgaat ttggtattaa agcctttggt 69420
gtagaaccca tcgtagttgg tgttggtgaa atttctgaat ccgctattcg caaaatgaaa 69480
aaccaacgca agaaaggttt tcgtgatgtg aaagcggtta aggcggcaaa atgaaactaa 69540
atcaaaacgg atgtccttct cgcgtacgat tttgcattct agaattacga tctaacattg 69600
tcgttattga cgaatacacc acgattgtag gtgtacaaca atatcttgat agacgttttg 69660
atacacgaac ccatatgaaa tatggatttc aggcaaatg taaattttat ccaatgagtg 69720
ctgatcatca atctgtagta aatgatgaat acaagtgggc agaaggtctt actttaaaag 69780
aacttgagga atatcttgat gcgtaaagtt attctataca cagaaatttt taccagccgt 69840
tgggtgtttg acagtgtcag aatttcaaac gcttcaaaag aagatgttcg taacgctcag 69900
cgattagcat acgatgaagc tggaaaatca ccagcatttg taaaaattga gtatatcatt 69960
actgattctg ctttaattca taatgtatca gaatcagtat taaagaagtt ctgcgttgat 70020
cgcatcaata aaggaacttc aatggaatat tttctattag cgagagaact gaaatggtag 70080
aagaacaaat tgcagaaatc ggtttactcg gatggttcgt gtctaaaact aaagacggca 70140
gaaacttgat tgaaactcca gaaggagaat tcattattga agaagatttt gacgcgtttt 70200
ggatttatga acgctctgga gagaatgaat acacatccgt ggatgctttc tctaaatttg 70260
aagatgctat tgactcggtg aaagcatggc taaagtaaac caaattatga ttgtagtaga 70320
aggcattggc ggatttacta tagattctta tatgggtgtt tggtttgaca atgaagaggg 70380
catgtattgg gaaacgcatg cctctatgtt aaatgaaact cattatgaaa gtttatactc 70440
ttcattcatg gaaatgatgc atgaagtaga tgaatctgat tggtttgaac ttagtttggt 70500
tgagttcaaa cgtatcatgg aacagctgtt ccaatgctat cgtattatga agggtgaact 70560
atgaaaattc aattgactct tacacatgaa aatattaaag gtgtgttctg tcttgaaaat 70620
agccaaataa cttttgcaca agatggaacg tactggtatg ctgaatcaga tgatatcgct 70680
ggttatggaa tggaacgtgt atttgaagat tttgaagccg tcattgatgt tccattagat 70740
ttcacgtata acgattttta tcgtatcatg atgaaattaa ttgcatgcgc tgaattgatt 70800
aagtaatgct ttaatcctct cgcttcccaa atttgttata atagatatta ttaattgaag 70860
cgaagaggca atatgagtaa ttatgtaaat aacaaggagt tgtataaatc aatctgttca 70920
tggaaagaga agtgtcggga gtctgaagct gctggcggtc ctcgagtagt aaaacagaac 70980
gatacgatcg gccttgctat tatgctgatc gcagaaggtc tgagtaagcg tttcaacttt 71040
tcaggataca cccaatcctg gaagcaagaa atgatttcag acgggattga agccgcaatt 71100

aaaggcttaa tcaacttcga tgaaactaag tatgataacc cgcatgcgta tataacccaa 71160
gcttgtttca atgcattcgt tcagcgtatc aaaaaagaac gcaaagaaat ggcaaagaaa 71220
tacagctatt ttgtccacaa cgtgtatgat tcacgggacg atgatatggt tgcgttagca 71280
gatgaaacct ttattcagga catctacgat aaaatgacgc agtatgaatc caccgcttat 71340
aaggcgccag ggtctgctaa aaagagcgaa cctacaagtg atggacctaa tctggaattt 71400
ttatatgagg ctgaagatta acctcgacgg gtttttagaa gatgtgcaag acctagacgc 71460
tatcccttat ttgctaaaga tgtatttaag ggaggtgctt gatcttgata ttcacattga 71520
cccgaaaaat ccacatgacg ctgatttcag atcagattct gctataattg aacatagtta 71580
taattggact gatactgaat tcacatttga aataaattac catccaaagg aataacatga 71640
acaatattac ccaggaagag cgcgacgaac tgcagcagaa actaatggaa gcggcagaag 71700
aacaagctat tgctcgagcc aacaaaattg ttcgtaaaaa ccgtcgtgaa attgagcgat 71760
taaaagctca tgctggagac gcggtattag acaacaattt ccctgcttac aagtatgcta 71820
ttgaaaaact gcgtactatt ttaaaacaac cttttaccga tgagattatt ctcacctgtt 71880
ggaatacctc tcgtaaatct gtttgggaca ttctaaatgc tggtacaagt aaaatttaaa 71940
cgtgttcgta aagacgcagg atttactttg aacactgcta ctggaacaat ggcagtaaaa 72000
gtagcagata atcaatatcg cgtgttaggc tctaccgaag gatgtaagct aatagataag 72060
aactctcttg tctgggttga caccttccaa gttaaacggt ggtatgaatg gtaaatgaag 72120
agaattggga tgtatgacga atttgatggg ttctaatcct gggcatgatt ggcctgaagg 72180
aaattacgcg tgtcggtgta gtaattgttc agaacgttat acaggaccaa agcgtagtta 72240
cttctgctat aaatgcgata ccgccaggag agaagcaccc gctcccgatt atgaagcaat 72300
tcgtaatgct aagatagata tgctcaagcg ctttgaagaa gctaagcgta tatgcgaagc 72360
agcgggttat gttgtgtata agaaaattta aagggcttcg gccctttgc tttattacgg 72420
gaatggtaaa atatccaaaa ttaacaacaa aggtcaatat atgaagatta atattttaat 72480
ggctcgcgga cttgagggat gcggcgtaac caagttcagt ctcgagcatc gtgagtggtt 72540
agtaaaacat ggccatgaag taaatatcat ttacgctaaa gataaagcgt ttactcgtaa 72600
tagagcacat agctataaag atgtaactat tcctgtgtct ctggcagatg actacgataa 72660
gactttatct ctgcttaatg catgtgacat tcttatcatt aactcagtac ctgctgtcaa 72720
cgctccagaa gcagcgattg ataactataa gaagctcata gagaacatta aacctgaagt 72780
tcgggtagtc gtatatcaac atgaccatag agcattgtca cttcgtagaa atgctggtct 72840
tgaagaaacc gttaagcgtg ctgatgtact gtttagtcat agctcaaacg gcgattttaa 72900
taccgtgcta atggaagaat attttccaag cggcgggttg agtttctttg atgattctga 72960
ctcagctcct ccggtttata actttcaacc tgctatgaac atcaaagcaa ttcgtgataa 73020
gtattggaaa gacttctctg ccattgattt tgatatccat cgttggattg gtcgtactac 73080
tacgtggaaa ggctatttct tgatgtttga ctttcatgaa agtcatctgc gtcccgcagg 73140
caaaacgact atcttggaag ggttagaacg cagtcctgcg tttattaaca tcaaagaacg 73200
ctatgaaatt gactattgcc gtcattatca tcaggttaaa actgggccag gtctgaatcc 73260
tcaagttctt gaccgatatg ttaactctga aatgcttgag cgtatgtctc aatctggatt 73320
tggctatcag ctgtcacgtc ttccggataa attccttgag cgttcgttgg aatatactca 73380
tttggaatta ggtgcatgtg gtactattcc tgtgttccat aaagccaccg gtgatgcttt 73440
gaaattccga gttgatggaa agccattgac ttctcatgat tctggcattc tgtggttgaa 73500
tgatgaaaat aaaaatgaag tctttgaacg aatgaaacat ctgtcatctg accagaagct 73560
ctatgataaa gagcgaaata aagcatttga attcctggta gaacaccaag attctgagca 73620
ttgctttaaa gaacaatttg agttaatgac aaaataagta atgggccttc gggccctttt 73680
tgctattcat ggaataatat aaaattaaac tctactagag aggttatatg aaaattattc 73740
actcaggcga ttggcattta ggtgtccgcg cagatgaccc gtgggtacag gatgtacaac 73800
gacacggaat taagcagcat attgattatg ccaaaaagca tggaattaaa actatcattc 73860
aatacggtga tatttttgat gttcgtaaag ctatcactca taagacaatg gaatttgctc 73920
gtgaaattgc agagtctctt gagaaagaag gaattaactt aattacgatc gtcggaaatc 73980

atgacatgca ctacaagaat acgttgacgc ctaatgcatc aaccgaagtt cttggtaagt 74040
ataagcatat tactgttatt gaaaagcccg tgactatgga ttttgatggg actttgattg 74100
acttgtgtcc atggatgtgt gaagagaaca catcagaaat catgaagcat atcaaagaat 74160
cgtctgctga atactgcatt ggtcattggg agcttaatgg cttttatttt tataaaggaa 74220
tgaaatctca tgggctggaa ccagatttcc tcaaaaagta caaacaagta tggtctgggc 74280
acttccacac catatcaagc gcagcaaacg ttaagtacat cggaacgcct tggacgctta 74340
cagcgggtga cgagaacgac ccacgcggct tctgggttca agacactgaa ttatcaacct 74400
ttgatttcgt ccctaatgaa atcacttggc acagaaaact gatttatcct gtcacagggc 74460
aagttgattt tgaagagttc agaaatcttg cagtgcgaat tattatcact gcggtcgatg 74520
aagaccttcc taagtttgaa tcagaacttg aaaaggtagt acatgaatta agaactgttt 74580
ctaaagttga caactcggtt gagtctgaag atggcgaaga agtagaagtt aaaagcttat 74640
tggatttaat ggaagaatat atccaagcac ttgaagacct gtccgcagat gatatcaaag 74700
ccttaaaggt tatgtctaaa cagttataca ttgaggcaca aaatcagtga agacttttaa 74760
actaaatcgt gtcaagtata agaatataat gtcagttggc caagcggcca ttgacattca 74820
acttgataaa tgtcaaaaga ccttaatcac aggtaagaat ggtggtggca aaagtactat 74880
gcttgaagct attacttttg ccttatttgg taaaccattc cgtgatatta agaaaggtca 74940
attaattaac tcattcaata agaaggactc tgtagtagaa ctgtggatgg agtatgacgg 75000
tcatagtttc tacattaaac gtggacaaaa accgaatgtc tttgagattt tacgagatgg 75060
caataagctt gatgaagccg caagttcaaa ggattttcaa tcctactttg aaagcctcat 75120
cggcatgtca tacacatcgt ttaagcagat tgtcgtatta ggaacggcag gatatactcc 75180
gttcatgggg ttatcaactg ctaatagacg aaagctcgtt gaagatttgc ttgaagtgtc 75240
tcttttagct gatatggaca aactgaacaa gacacagata agagaaatca atcagcaaat 75300
ccaggttaat gatgttcagc gtgaagcatt gactaatgaa attaaaactc accatgagta 75360
tgcagaaaag cagaagaaac tttctggtga taacgttgct cgcctgcagg cgatgtatga 75420
tgaacaggtc aatgaagccc gtgggtataa agcagaatta gaaactcttc agagagaact 75480
gcttgagtta gtaattggag acgacccagc agagtcaatc caagaagttc aaggtaaaac 75540
atttaaaatt cggtctaaaa ttgaatcata ttcaaaggtt cttgggctgt atgataaagg 75600
tggtcattgc ccaacgtgct tgcaggattt gcattctaat gacactctaa tcactaagat 75660
taatcatcat gttgaagaat gtaataccat tcttggtgag ttaaagacgc gccagagtga 75720
actggatgaa ctagctcgcg agtataacac ggtccgggct cgcgctagag atatcaaaac 75780
ccaaatgggt agtttaaagc aaatgactat cactgctgtg gaaaaggcac gtcgtattaa 75840
agcagctatt gataaagcat ctcaggagtt tattgataac tcagacaaga ttaaactgct 75900
acaagaagaa ttagataaaa ttatcctcgt caaaactaat ttggttatgg aaaaatatcg 75960
tcgtggtatt ttaactgaaa tgctgaaaga ctccggtatt aaaggagcta tcatcaagaa 76020
gtacatcccg atgttcaata agcaaattaa cagctaccta aaaattatgg aagctgatta 76080
ttcgttcaca ctgaacgaag agttctctga aacgattaaa tcacgtggac gagaagagtt 76140
tagttatgcc tcgtttagtc agggtgaaaa agccagaatt gatatagcat tactattcac 76200
gtggcgtgat attgctgaaa aagtttctgg tgttaaaata aactgtctgt tccttgatga 76260
agtttatgat tcggctaccg acgcagaagg tgttaaggca ataactgcta ttcttaataa 76320
gatggtagat gccaatgtgt ttattatttc tcaccgtgac cacgacccgc aggcatatgg 76380
ccaacacctt caaatgaaga aggtcggacg attcacggtg atggaatgaa tgagtttact 76440
acgggccaac atctgttggc ctttcctgaa ttaaagcgtt atgtgttagt taatttattt 76500
tctgatgaac gtcatcttgt aactgaagaa atgttacgag atgcttttac gggaaatgaa 76560
tataatagag tcatgtccaa caggaatccc ggttggatgg ttgaagatta ctacgattaa 76620
ggtaaatata atgattaatt ttgttgatgt gaaagatatc caggttaaaa acgtacgtgc 76680
agattccaac ccgaataacc aaaatcgtat tcgtaaatct tgggttctgg ctctaactga 76740
agaaactaaa caggctatca aagataagat taaagattct gaagctcgct ttgctttcta 76800
taaatctatc gatgatgaag tcgcagaaaa atggattgaa ctgatgcgta agcattacaa 76860

tgaatcaatc aaggctggtg ctaaaattgt tactgatcgt cacggtggcg aacgtctaga 76920
aaatgattac tgtgtagatg ctgatgagca actcgttgcg gcaggtcaga ttgttgcaga 76980
agaattaact gctacattcg cagcttgata taattatcct gaacttaatt aaaaggtatt 77040
gaaatgaaat tctctaaaga aactctgaac attctgaaaa atttctccac catcaactct 77100
ggtatcatgc tgaaacctgg caattttatc atgactcgtg ctgttaatgg tacgacttat 77160
gctgaagcaa caatttctga taccatcgat actgatgtag caatttatga cctgaacagt 77220
ttcctgagca ttctgtcttt ggttggtgat gatgcagata ttatcatgca ggaagatggt 77280
aatctggcaa ttaaagatgc tcgctcaact atcttctggc cagcagctga cccgagcaca 77340
atcgtgttcc cgactaaacc aatcccattc ccggtggcaa acgtaattat cgattttaaa 77400
ggtgaagacc tgcaacagct gatgcgagta tctcgtggca tgcagattga cacaattgct 77460
atcaccaatg ttgatggtaa aattgttctg cgtggttata acaaagtaga agatgctgca 77520
ctgacccgtc cgaagtattc tctgacactc ggtgattatg aaggtgaggg taacttcaac 77580
tttatcatca acatgagcaa tatgaagatg actatcggcg attataaact gatgctgtgg 77640
gcaaaaatga atggctccaa gaaacagact gccgcaaaat ttgaaggtgc atcagcctct 77700
tatgtagtag caatggaagc agacagtacc tttgattttg agtaataact tcggggcttc 77760
ggccccatct ttaatctgaa tgaggaaata taaatgaaat tgacagtaaa cgaagcagac 77820
ttcatgtggg aacagaaata tcgtccaggt actatttctg agtgtgtact tcctgctgaa 77880
gataaagaaa ttttttcagc tttagtagct aaaggaaaaa ttcctcattt aattctccat 77940
agcacttctc ctggtactgg taagactaca gtagctaaag cattatgtaa tgacattaat 78000
gctgaaatga tgttcgtgaa tggttctgac tgtaagattg atttcgttcg tggaccgtta 78060
actgcatttg caagttctgc ttctattgca ggcaagcaga aaattatcgt tattgatgaa 78120
tttgaccgtg caggtcttgc agaatctcaa cgacatctgc gttcattcat ggaagcgtat 78180
agcacaaact gtactattat cattactgca aacaatcttg atggtatcat taaacctctt 78240
cagtctcgtt gccgtgtaat taattttggt aaaccatctc catctgatgt taagccaatg 78300
caaatcgaga tgctcaagcg ttgtctcgca atttgtgaaa acgaaggcgt ggtagttgaa 78360
gataagaaag ttgtagctgc tttggtcaaa aagaattttc cagaattccg taagaccatt 78420
aacatgcttg accattattc ttctaagggt gtgattgatg caggtatctt gtctatcgtt 78480
ctgaatgacc gtggttcaat tgaagatgtc atcgaagcta ttaaaactaa gaacatcaaa 78540
gaactccgtg ctcttgcccc gaaatatgca gcagactata cttggttcgt agataaactt 78600
tcttcggaac tgtatacaat ggttactggc ccaagcatta tccgaatgta tgaaatcatt 78660
ggtgaaaata accagtatca tggcatagca gcttcgattg aattacactt ggtttatatg 78720
cttattcaac ttgttgtaga gatgcagtgg aaatgatgag tttatttgaa gatgatgatc 78780
agtataacga gcaccaaata gcgtggttag gtaaagactg gacgaaagtc caggaattat 78840
ctgattcata taaagaaaaa gcagaaaatc aattcttcac aattattggg tctattaacg 78900
aaaagcaaga gcatttgaat atctcgacga tggattattc aaaattcatg gttgaaaacg 78960
ctctttctca acaccctgac tgtatgcctt cggtttatgt tatgaacctt gttggtcaag 79020
ggttatctga ccaagcacac tataactata tgatggcctc tgttcctaga ggtcgtcggt 79080
atggtaaatg ggctaagtta acagaaaaca tccaggatgc attgattctt caagttataa 79140
tgacatatta caaggtcaat gcgattgacg ctaggatgta tagagagacc ctggaagcta 79200
aaaacaagct taaacctgct ctcaagaaaa tgaaaggtct tgtgactgat gaattggtca 79260
agacaatcac gaaaaacgtg aaagaacaga aaaatcttaa gaaaacagca ttggaatggt 79320
aaagatgatt gaaattacac tgaaacagcc tgaagacttc ctgaaagtta aagaaactct 79380
gacccgtatg ggaattgcta ataacaaaga taaggtacta tatcaaagct gccacattct 79440
tcagaaacaa ggtcgttact atattgttca ttttaaagaa atgttgaagc ttgatggccg 79500
ccctgttact attgatttgg aagatgaaat tcgtcgagac tcaatcgcac aactacttgc 79560
tgactggggt ctactgagta ttaatcgtgg tcaaactctt gctcagatgc agaataactt 79620
ccgggtcatt acgttcaagc agaaacatga atggacctta aaatctaaat atacgattgg 79680
tgcataatga cagaccaaga attttacgac aaacttaaaa atatcaggat tactgctcct 79740

gaatggttca gtcttcctat tgatgaacaa attcagtatc aggtaaaaga aactttagaa 79800
aaatatcctg gccgaaaagt tatgatgtgc ttcacatatg ataagaatcg agttcctcga 79860
attcagaagc aagtaattga agtttaagaa aaggccttcg ggccttttac tttataaaac 79920
tcggagtata attatcccac ctaaagacta ataactcggt ctataaacaa aggaaaccca 79980
tgaaagaatt ttatattagc gttgaatctc taggcaatga cattgtagaa cgttatatcg 80040
attctactgg tgaggaacgc atgcgtcgtg ttccgtattc tcctgtgatg tttagtcatt 80100
gcatggaaga aacaaagtac aaagatatct acggcaagta ttgcaagaaa aatacattcc 80160
caactatgaa agatgcccgc gattggatgc gtcgtatgga agatatggga atggaagcaa 80220
tgggtatgga tgatttcaaa ctcgcgtata tcagtgatac ttacggttca gaaatcgtct 80280
ataataaaaa attcatccga attgcaaact gtgacattga ggttactgca tctcaattcc 80340
cagacccaat gaaagcagaa tatgaaattg acgctatcac tcattatgat tcggttgatg 80400
acaagttcta cgtatttgat ttactgcatt ctctttatgg ttctgtttcc gagtgggaca 80460
agaaacttgc tgctcgttta gattctgaag gcggtgatga agttccacaa catattcttg 80520
accgcgtagt atatatgccg ttcaattcag aaaaagaaat gatgcttgag tacatcaatc 80580
tttgggaaca gaaatgccca gcaatcttta ctggatggaa cattgaagga tttgatattc 80640
cgtacatcat gaatcgtgtg aaacagattc ttggtgagcg tgcgatgaaa cggttctctc 80700
ctctgaataa agtttcatct aagattatca caaacatgta tggtgataaa gaaatttatt 80760
ctatcatggg tgtgactatt cttgattaca tggatttgta taagaaattt agtttcacga 80820
accaaccgac gtataagttg gatttcattg cttattatga aaccaagaaa ggtaaattag 80880
catatgacgg tccgatcaat aaattgcgtg aaactaacca ccaacggtat atttcgtata 80940
acatcatcga cgttgaatca gtacaagcga ttgatgctgt tcgtggattt attgacctgg 81000
ctatctcgat gtcttattat gcgaagatgc catatcaagg tgtaatgagt ccaattaaaa 81060
catgggacgc aatcatcttt aacagtctga aagaacaaga caaggttatt ccgcaaagtc 81120
gttctcatgt taaacagtca tatcctggtg cgtatgttaa ggaaccagtt cctgctgcat 81180
atcgctatat catgtcgttt gacttgacat ctctgtatcc gtcaatcatc cgacaagtta 81240
atatttcacc agaaaccatc gttggacagt ttaaacttca tccgttgggt gagtacatta 81300
acaagactgc tcctcgtccg tctgatgaat attcatgttc accaaatggt tggatgtatc 81360
gtaaagatgt agatggtgtc attccagttg aaatcgcgaa ggtattttat cagcgtaaag 81420
agtggaaaaa taaaatgatg ggtgccaaac gaaatcaaga actgattaaa aaggttctga 81480
atgataagaa gtttggaact atcgataaat tcgcagaagt taatgtctat gaagatttct 81540
ctgatgatat gaaagcagaa ctgctgacat ataccgaaga gtgtcttgac aaactgatgt 81600
ttgaatgtaa acacgctgaa atcttgggta acactaacca gttaaaccgt aagattctga 81660
tcaactcact ttatggtgca ttgggtaaca tttacttccg ttattatgat ttgcgcaacg 81720
catcagcaat cacattgttt ggtcaaatgg caattcaatg gattgaacgt aaagttaatg 81780
aatacctcaa caaggtatgt ggcaccgaag gacattcgtt tgtagtagct ggtgatactg 81840
actcaattta cgtttgtgtt gataaggtta tcgagaaggt aggtcttgag cgtttcaaag 81900
aaactaacga tttggtcgaa ttcctgaacc aattcggcaa gaagaaaatg gaaccatgga 81960
ttgaccaatc atatcgtgag atgtgtgaat acatgaacaa caaagaacat ttaatgttca 82020
tggaccgtga agctatttct tgtcctccgt tggggtcaaa cggcattggc ggattctgga 82080
aagcgaagaa acgatatgct ctgaacgtgt atgatatgga aggtactcga tatgcagaac 82140
ctcatctgaa aatcatgggt atggaaactc agcaaagttc tacgccaact gctgttcaga 82200
atgcattgga agaatctatt cggcgtatgc tgcaggaagg tgaagaatct ttacagcaat 82260
attataagca gtttgagtct gaatatcgtg aacttgatta taaagtaatc gccgaagtta 82320
agactgcaaa caacatcggt aagtatgatg acggtgcagg atatccagat aaaggtacac 82380
catatcacgt taaaggtgct ttggcatata accgagcaac cgcaggattt gaaggtataa 82440
caccaatcat ggaaggtgag aaagtgatgg tcatcccgct gcgtgaaggt aacccgtacg 82500
gtgagaaatg catggcatgg ccatcgggca ctgagctgcc acaagaaatc cgacaggaag 82560
ttctagtgtg gcttgaccac agtgttctgt tccaaaaatc gttcgttaaa cctctgacgg 82620

gtatgtctga agcggcaggg ttagactatg aagagaaatc gtctcttctt gacatgttcg 82680
atttttaaaa aagttgttta ctttaccaca aggatgtggt actatagctc tcgaaataac 82740
atactgagga gattacaatg aaatcgttac ttgctgttat tgttgctctc acgctgactg 82800
gttgtcaaat gccacaaggt gatatcgtcc cggcttcttc tgttgggcag gtgcgagcaa 82860
ttggcggtac tgtaggatac tatcgtgcta gcaaccaggt ctctgctgaa tcgctcgcgg 82920
ttgagcgtcg gttggcgaaa gaaaaagcta atcctaatcg tcagctgtct gcgatggaac 82980
ttgacatgat tgagcagaat aagcatgaac tggaagaaat taagcgtctg cgtaaaactc 83040
aaaaagaacg tacgtgcact gctcaagcgg cagcagtgaa tgaccagatt cgtttaactg 83100
attttgctaa cggcggattg agttataatg agcataaaca acgtatggag cagttaaaat 83160
ctctccaaaa tcacatctac aacaaatgca tgtctaactg aggagattaa catggaagca 83220
gtatttggtt taatcattct tttcttcatc tatttttgc cgacctttgt agcttgcagt 83280
cgtaagcata aatcacgggg tggaatcttt atcacaaatc tagtattcgg ttggtccatt 83340
atcggttggt taattgcgct gatttggtct gcttctaacg cacagcagaa tacaattatt 83400
atccagcaag ttaaataaga ggtctcatga ttgtaactcc aatgacagta caagatatcc 83460
gtcaagaatt cgctgatgct ttgctcaaca aagaatttgt gattgataag acgggtgtga 83520
agactattga aatcgtaggt gcatcattta ttgcagatga aaacctaatt tttggcgcag 83580
ttaatgatgg atacattgct cgtgaacttg agtggtataa atctcaaagt ttattcgtta 83640
aagatattcc gggtgaaacc ccagctattt ggaaagcaat tgcatccaaa cacggcgaga 83700
ttaattctaa ctatggctgg gcagtttggt caacacaaaa ctattcacag tttgctaact 83760
gtgcgaaaga acttatcaat aatcctgatt ctcgccgcgg aattatgatt tatacacgac 83820
ctcaaatgca gtatgatttt gagcgcgatg gcatgagtga tttcatgtgt actaacaatg 83880
ttcagtatct gattcgtgat aatcgtgtgc atgctgtggt aaacatgcgt tcgaatgatg 83940
tcgtctttgg atatcgtaat gactatgcat ggcagctcta tgttttggaa cagttaacca 84000
aacttctgaa tgcatcaggt aaaaattatt cagttggtga cattatttgg aacgtcgggt 84060
ctttgcacgt atattctcga catttctatc tcgtagataa ttatgctcac acgggtgaaa 84120
ctcacatcgc aaagaaagac tataaaggtg aatggaaatg attcagtttg taattccaag 84180
ttataagcgc gccggggcag ttactgccct gactatgttt cctgaaggtt atgttccaca 84240
tcttgtagta cgtgaatcag aaaaagaagc atacgaaact tggcacggtc atgctgctaa 84300
aatcgttact gtccccgatg atgtcgatgg aattgcggga actcgccgtc tgattactga 84360
aatgtatgca gggcaacgaa tttggatgct tgatgatgat acgaccattc atctgactga 84420
aattcgtgaa cgcgacgatc gccgggttcc acttggtgtc ggcgaggcaa tgagtcaaga 84480
ggtatttgat gatatggtca aatacgtcga gactgccatg gattgtggtt attatcacgg 84540
tcatgctcgc ttaccgattt tcaaaatcac atcaagctgg ggtcattatc gtgagaatag 84600
ctttgggttc accaatactt tctatgattt gactaaactt accgcagaag acattggcta 84660
cggaattatt gaccttaacg aagatgctta tgcttttcta aaattaatta acatgggtca 84720
tcctcatctg gctctgttta agtacctcgt taaatctggt aaggtgcagt cacctggtgg 84780
ttgttctaca cagcgtgata ctgctcgcca gaatagagcc cttgaacagc tgcatgctgc 84840
tttcccaaat caagcccgtt ggaaatctaa agacggtgaa agacgtggtt tattcggtga 84900
tgacgaacca ctaaaatcaa ttcgtatgtg tattaacact cgagtgaaat cccaggcctt 84960
ccatgaattt ggtaaggtag aaccatatct gtgagggcga aagccctcca aggacctctt 85020
atgaacatct atgataaatc tgatgtagct ggtaacatat tcaaggctga agaattcaga 85080
tgcttcgtat gtaaatctga tgagtttgtt catgaaggaa ctactggctc agatggaatg 85140
cattgctggt ggcacggcat gtgtgttgga tgtaaaatac actacgaaat agatatggaa 85200
acagtggttt ataacaccaa gaagaaatgg aacttctgtt aatagcttca agaacaaagt 85260
aatataatta ctctatcctt taacctgtga gaaaaatata atggagactt atggaatata 85320
atgaatgtct gacttaaaat ctcgcctgat taaagcatcc acttctaaaa tgacagcaga 85380
actgactaaa tcaaaattct ttaacgagaa agatgtagtt agaaccaaaa ttccgatgct 85440
taatatcgca atcagtggag cgttggatgg tggtatgcag tccgggttga ctatcttcgc 85500

aggtccatct aaacacttca aatctaacat gtctctgaca atggttagtg cttatcttaa 85560
taagtatcct gatgcggtct gcttgttcta tgattcagaa tttggtatca ctccagctta 85620
tctgaaatct atgggtgttg accctgaccg tgtaattcat acaccggttc agtcggttga 85680
acaattaaaa atcgatatgg ttaaccagct tgaagctatt gagcgtggtg aaaaagtcat 85740
cgtgtttatc gactctattg gtaacatggc gtctaaaaag gaaaccgaag atgctttgaa 85800
cgagaaatct gttgcagata tgactcgtgc gaaaagtctg aagtcgctct tccgtatcgt 85860
aactccttac ttctctatta agaacattcc ttgtgtagcg gttaaccaca caatcgagac 85920
tatcgagatg ttcagtaaga cggtaatgac aggtggtaca ggtcctatgt attctgcgga 85980
tactgtattc atcatcggta aacgtcaaat taaagatggt tctgagcttg agggatatca 86040
gtttgtcctg aacgctgaga aatcgcgtac tgtcaaagag aaaagtaagt tcttcatcga 86100
tgttaaattc gatggtggta tcgatccata tagtggtctg cttgatatgg ctctagatat 86160
cgggtttgtg gttaaaccga aaaatggatg gtatgcacga gaattcctgg atgttgaaac 86220
cggtgagatg attcgtgaag aaaaatcctg gcgggcaaaa gatacgagca gtacggaatt 86280
ttggggtcct ctgtttaagc atgagccatt ccgtgacgct atcaaagccc ggtatcagtt 86340
gggtgctatt gattcaaacg ctgcggttga tgaagcggta gcagaaatga ttaactcaaa 86400
agtttcaact aaggttgatg gtgttaaact tcctgagagt ggttcagtat cagctgctga 86460
agttgaagat gaattagaga acttcatgaa tgaagactga gtttgattta gaatctgaac 86520
tcgagaaatt tgaacaagaa tctccctcgg aagagggaga cttcgagcgt caagaacgag 86580
tgttcaagaa aagccatgaa ataatccaag aagctatgaa gactgttatc caagaaattg 86640
tgataaaatt aaatggtcaa tcacacttgg tttatgttca taaattaaat atttctcctt 86700
cgggggaagt aactattgag ttcagtacac catctgaagc tcataaggat gaactttatc 86760
ctcatgtgga agcttgtgtt aaacaacaaa tccagagtgc attaaagacc aagaaaaaat 86820
cattatggaa aatcttttaa gaggttaaag tggtagaaac aatcttagct aatctgattt 86880
acaaccaggc tttctttacg aaggtttggc catatatgga caaagagtac ttcgagcaag 86940
gacctgctca gacggtgttt aacataatta agaaacacgt taatgaatac acagcaattc 87000
cttcaaagac tgcgttatgt gtagcactgg ataattcgtc tataactgaa acggaacatg 87060
aaggtgcaaa gaaacttatt gataagttat ctgatgctcc tgaagatttg aattggttag 87120
ttaaggaaac agagaagtac gttcaagaaa aggctatgta caacgcaacg tctcgaatta 87180
ttgaaattca gactaatgcc cagcttgagc caaataaacg cgataagcgt cttcctgata 87240
ttggggctat tcctgatatc atgcgtgaag cgttatcagt atcgtttgat agctatattg 87300
gccatgattg gatggaagat tatgaagctc gttggttatc ataccagaat aaagctcgta 87360
aagttccgtt taaacttagc attctgaaca aaattactaa aggtggtgcc gagactggta 87420
cactgaacgt attgatggct ggcgtcaacg ttggtaaatc attaggatta tgttcattgg 87480
ctgcagacta tcttcagatg gggcataacg tcctttatat ttccatggaa atggccgaag 87540
aagtttgcgc taaacgtatt gatgctaact tgcttgatgt atcacttgat gatattgacg 87600
atggatgtgt atcatacgct gaatataaag gcaagatgga aaaatggcgt agttctagta 87660
ctcttggtcg tttaatcatt aaacagtatc cgactggtgg cgctaacgct aatacattcc 87720
gagctcttct gaatgagttg aaactcaaga agaactttaa accgactgtt atcatcattg 87780
actatcttgg tatttgtgct tcttgccgta ttcgtcaata tactgaaaac agttacacgt 87840
tagttaaagc tattgcagaa gaacttcgtg cattggctgt agaatctgaa actgttcttt 87900
ggaccgcagc tcaggtaggt cgttcagcgt gggatgcttc tgatatggac atgagtgata 87960
ttgcagaatc tgcgggtcta cctgctacgg cagactttat gctggctgtg attgaaaccc 88020
ctgaacttgc tcagatgaag cagcaattaa ttaagcagat taaatcacgt tacggtgata 88080
agaacatcaa caataagttc tctatgggtg tacataaggc taatcagcgt tgggtagaaa 88140
ttgagcagca aaacgaccca actaagccta atccaagcaa taccgtccga gaaggtgccg 88200
gtgcacagaa ccgtgtagcc gaatctaatc gtcaagaacg agtatcacgt tctaagcttg 88260
atgctctagc agaagagttg aaattctagg gtaaatttta tgatttttgt gtttagcgta 88320
attcgcgacc aatcaggtcg ctcctttgtg gtgacggcgt ctgatagcgt ccatcgtgga 88380

gtcatagctt acaacaaagc agatttatct tcatatgact atggtgaagt taaggcatat 88440
aatgacgaag gtatctgggt taactctgcg atataccttc caaccaagaa tttgacatcc 88500
gacgaagtcc tcgaaaaatt attcaaaaga tagtttactt ttaagtttgg ccatgttatt 88560
atggccttac tgaaacaaac tgaggaaaac aaaatgaaaa agattgtact tgctttaatc 88620
ttcgcagtat caagttgctc tgctgttccc gctctggcga actatgacaa agacctctgc 88680
gaatggtcaa tgactgcaga tgaaaaagat gttgctgagc agattcgtgc tgatgtaggt 88740
catatcattg ataacactga cccaagcaag atgaaagaag ttcaggcaga aatctccaat 88800
gatggcgcag caattaaact gaactatgct ctgtactgcg atgctaattt tgataacttc 88860
acaattgcaa gctggattct cggatgatta catacgtatt agtaatggct ataatgactg 88920
gtgccggcgg tgtttctact gaaaagttat cattcacagg aatgaacgag tcttcgctgg 88980
ctcagaaatg tgaagatgcg ggaaaacaat ttactggcat caaagccgat tccgggttcg 89040
gttcaccatc agtctacact acgtacaagt gtattcgtat tgatggtgga aataataaat 89100
agtttggagg ctctatgaaa acatttaaag agtttgttaa acttaatgag gaaatggttg 89160
ctggcgatgc cggcggtaat cctcagaaca ttgcatcagg cactacttcg ggcgcagtag 89220
taaataaagg cccagaaact ctcccaaaga aaaagcgaga taaatcaaaa cctgaaacgt 89280
gatacaatgg ccttattagt ttaaggccag aggaatataa tatgtcatgg gttgataacg 89340
aattcgctat ccgcgcaata tctcacctac ctaagtttag acacgttact acatcttcaa 89400
catttaagtt aaactgccgt tgcccaattt gtggtgactc acagaaagat atcaataaag 89460
cccgattctg gatttttgat gcgggtcaag gattacgctg ccattgcttc aactgtgagt 89520
ataacaagtg gctatcacaa tatcttaaag ataatgaacc cgatctctat cgagagtatc 89580
ttcttgagaa aagaaaggag caggtctttg ataagccaaa gaccgtagaa ccgtctgaga 89640
aaattaatgc aaaactcccc gtaatagaaa aacttaattt ctgtgagcga ttagatagac 89700
ttcctaagga acatccgata gttaaatacg tgactgccag atgtattcca agcacttctt 89760
ggaaaaggtt atggtttact aaccaatggc cttctcttgt taactccgtt aatccaggaa 89820
cctataagaa tgagacgaac gaaccacgtt tggttattcc tatcttcaac aagaaaggag 89880
agattgagtc gtttcaagga cgagcactac gaaaaaatgc tccacaaaaa tacatcacaa 89940
tcaaagccca tgaacacgcg accaaaattt atggtctcga cactattgat gagtcaaaac 90000
tcgtattcgt catggaagga ccaatagatt cgttgttcat tgataacgct attgcaatca 90060
ctggcgggtc tttagattta gctcaagttc catgccatga taaccgagcg tggattatgg 90120
accatgaacc tcgtcatccc gatacaatta agcgtatgaa acgtttagta gatgctggtg 90180
aaaaggtagt tttctgggat aagtcgcctt ggaaaagcaa agatataaat gatatgatta 90240
tgaaagaggg ggcaactgct tctgaaataa cggattatat taatcaaaat atatcgcaag 90300
gtttaatggc taaattacgt cttgacaaat atgcgaagat ataggggcca aagcccctta 90360
aattaaagca atcctccagt cataataaac gacacaactt tttctaacgg cattggagga 90420
agaactagcc cgtgtgtgct agctaatgga actaccacat aattccatgc agctaaagca 90480
gcagtggcga ttccgacgta aagatatctt ccaaatcctc ctttgtcttt acattctcgt 90540
ttcacttcag acatgaatcc tcctgctatt tatgttaagt gatataatat ttatctaatt 90600
taattgaaag gaaaaataat atgccacatt tcaacgaatg tagtcaactg atcgctggtg 90660
cagataaagc tgaagctcga tacgcaggta tcgtacgcaa agttggtggt gaccctctgc 90720
aagtaatgct tgatatgcaa aaatctcttc aggttcgtct tgcaaatgac aagcctggta 90780
ctaacatgca tcctgatgaa ttggcccaag ccggtgatat cgtgcagtgg ctgcgtaacc 90840
aaaaagatta cattgatgac gaattccgcg aattgctgac gtctcttggc ggtatgagta 90900
atggtgaaaa ggcagctagt gctgtgtgga aaccatggaa atctgaccac gtcaaaatgc 90960
aggaaactta tatcaaagac ctgtctgata aagaccagct tgaaatcaaa tttgaaatga 91020
ttgatatcct gcactttgtt ctgaatatgt ttatggcgct tggtctggat tctgaagaaa 91080
tctttaagct gtattatctg aaaaacgccg agaactttgc tcgccaagac agtggttact 91140
gatggccaaa agaatatcta agcgtcgttt aaaaattatc agaaaacaaa aagaaagggc 91200
cttagtattg gcccttcgag aagaaatcac tcgagaaatt gataaagaaa tattaaaggc 91260

gcttacagca gctatataaa tactcctgta aactaaatag gagattaaaa tggcttacgt 91320
aaacatcaaa acttttgacc atacaactgc tgatggtgaa gttaaaggta cagaagtatc 91380
tgtagctttt aaggtgtatt ctgattcaca tcgcattgct aacgcacagt atcagatttt 91440
cccatctgaa aaagctgctt attcaacagt agttgatgat gctgcaactt gggcaaccac 91500
caacgctaaa atgtttgaag ctgttccatc tgatgcagaa gtataaaaat taaggactcc 91560
tccgggagtc cttttatgct atactgggaa tagtatatta ttcctactaa ctgaggagaa 91620
gaaaatgata tgttatacta agccctggta tcaatcgtca ttaaagaagt ctcattttga 91680
ttgttggtac agaggtgtaa gagctgcagc gttattactc aaagctgcgc cggctttaat 91740
taaagcaaat gataagtggt ttgaagacaa caacatgact gaaggagctc tttgtggcaa 91800
acgcaaaaat ctataacgca aaaatctata aagtaagctt acaacgcgca gttcaatcaa 91860
gaagtgatgc aaatggagtt ttgcgtctag accaagatag aatttttact gttgctctat 91920
acagtacgtt cgacaaagat ttcaaagacc tagttaataa attcgaagcg tttggttggt 91980
gtccttctga agattatggc attattaaga ctgcccatgt ctttgacgta gatacagttc 92040
caggaagtcc tgttgctata ctacgtgctc tccacttgaa aggatacact aatgtatgtc 92100
atgaaactag cttatatgaa tacgaaaatg acataatttc aagaggcaaa aagattatca 92160
ttgatagcac agattctcta atagaattta ctaagttagt ttggttgtat atgggcgcag 92220
attttatcaa actgactcca agcccgctgt tgcaaaaagc ggctgatgga tataacagca 92280
gtagttgtct gtatcgcaat aatgagtggt tcatgtgatg gatttgtttg aaatgatgga 92340
agagcctcag gaagaggttc aagttcatcc agtgatttct aaggacatca aagacgaata 92400
ccgtataatt atacagaagt atggtattaa agccccagaa gctcttctag atgaactagc 92460
ttcaatctgg tctgacccgc cgccctggtc tccgtgggca aaataatttc acaaagtagt 92520
ttactcttcc aaaagccatg ataagatacc tctcgtaacc aaaaaatgga gaatatcatg 92580
gctatttcat taaacccatc tatttcagta aaattatcaa aggttattcc tatcgaaaaa 92640
cccattcgtt ccattgatgt tcttaacttc gcgcgagaaa gcaaaggatt acctttatat 92700
gatttaagcg tgtgggaagc attagccaat cgttttgact gcaaagaaca gtcaattcta 92760
tggcaatgca tgaacaataa gattggcgaa gaatttcata agaaacttga ctctatcgtt 92820
agacgtcatc aaattgataa tagtgacatt ctctatagag gtctatcatg ccgcgagtct 92880
aaagcctttt atgacgccct tattaaagga gagaaatttg gctttggaaa ggttgcgtca 92940
ttcacaacag atgaaacgat cgccagagag tttgcaggca aatggcatta ctcgaccttt 93000
gtagtcattg aagtcaataa ttgccatcaa tcatttgatt atcataccaa catgaaatcg 93060
cttttaatta ctgcaccaga ttctgaattc atgcgtccaa atgatgtgat tgataacatt 93120
gctcagcgca gaagcgctga catcgagatg attgataaag aacaagaaag gatgctaccg 93180
atgggaacta agttcaaagt ggtgggtcat aacaaagttg aaaaatctgg tttacttatg 93240
gactacttta gtgttactat agcttagtca actagtgatt atctagaact agggacctag 93300
acccattata ccgtccgtaa gacgaaagca tttttgagga aaacatgatg aaatttactg 93360
ctgaaaccgc taagatttat actcgcctga ttacaacttt aggttctgcc cagcgtcgga 93420
acaaggagtt caatcttacc cctgagtatc tgtttaacat catgcaacag actcattgcg 93480
catactcggg tgaaaagttt ggaaccgtca aaggaaacca tcctgacagc atgacgcttg 93540
aacgctggaa taatgacttg ggatatgtaa tggggaatgt tattcctgtc aagcaaaagt 93600
ataatacttt gcgtggaaat aatacgattg aaggccttga gcgaaaagcg aatgaaatcg 93660
cagcacgcat agttcgttct tcagattctg ttaagccaac aagtgataaa gaagcttctc 93720
gtttggaaaa gattcgtgag tatgaaaaaa ctataacatc aattaaaact aacttacaca 93780
atcgtgaaaa tcatctttct caatttgtgc aaaaagaaaa gaatggaact gcaacctcgg 93840
ctgatttaga acttattaat gcattgagaa ctcgtatcag cggtggtaag tctgaattag 93900
ctaaagttga gcgtaagtta tctgctattt tagcgtcagt tccgaatcgt ccgtcagatg 93960
ctgaaatccg tgtacaatca atacggttaa ttgttagctc acttcgtcgg ttagaagaat 94020
gctcaatgtt agataagtta aaattgaaaa aaggtcttcc attgactgct tccttcttcc 94080
aacttttgag aggtaaaatg taatgcaaca ctatggatat gtagtagcgt ataaggataa 94140

agacggattt gaccatccag tcacaactga tatgtatgat ggagaacgat gtgtagtctt 94200
cactaatgaa gaatcagcca ataaagcacg gattcgtaca atgtcggttt taacagacaa 94260
attggcaaag gggaatttta ctgggaaaag caaaaccaaa gggatgcttt ggtggaaaac 94320
aactgagcta gtgtatgaac cacttagcga tgttgagcgt gaaaaactca aagcaaaaat 94380
taaaaatcta catgtagtga gggtaaaagt ggcatgatta cgtttgacca attaaaagaa 94440
agtcaaaaag cgatttttaa taaagtcatt gaaatggtca aacaaggagc taaaggtcaa 94500
catattacga ttaatggacc cgccggtaca ggtaaaacaa ctttaaccaa atttatcatt 94560
gacgctttga tttctcaggg tatctctgga attgcattgg cagcacctac gcatggggcc 94620
aaaaaggttt tatctaagct cagcggaatg caagccagta ctattcatag tcttctgaaa 94680
attaacccga cgacatatga agaaaacgtt ctgtttgagc aaaagaaagt tccggatatg 94740
gcatctattc gagttcttat ctgtgatgaa gcttcaatgt atgaccgtaa gctgtttaag 94800
attttgatgg caactattcc tgcctggtgt attgtcattg ccattggtga taaggctcaa 94860
atacgtccgg tagaacctgg aagtaatgaa cctgcactga gtccattctt cactcataaa 94920
gatttcttac aacttcattt gaccgaggtg atgcggagta atgctccaat cattgaagtt 94980
gctactgaaa tcagaaacgg tgggtggatt cgtgactgtg tagttgatgg tcatggcgtc 95040
cgtggtttta ctaaaggaac cgcccttaaa gattttatgc taaattattt taatttagtt 95100
aaaacaccag aagatttatt tgaaaacaga atgcttgcat tcactaataa atctgtggat 95160
aaattgaacg aaataatcag acgcagaatc tatgaaactg aacgaccatt cgtagtaggt 95220
gagattgttg ttatgcaaga acctcttacc aaggaactta aatttgaagg gaagaaattc 95280
agcgaaattc ttttcaataa tggtcagttt gttcgcatat tagatgcaat tgaaaccacg 95340
tcatttttag gtgccagagg tgttccaggt gaatatctgg ttcgtcattg ggtattagat 95400
attgaaacct atggcgacga tgaagagtac gctagagaga aaatctgtgt catctcatcc 95460
gaagaagaaa tgaataagtt tcaattcttc ttggcaaaaa cagcggatac atataagaac 95520
tggaataaag gcggtaaagc accttggtct gaattctggg atgctaagcg caagtttcat 95580
aaagtgaaag cattaccagc ttcgactttc cataaggccc agggcatctc aattgacaga 95640
agcttcattt atactccatg cattcacatg gcagatgctt ctctcgcgca acagttatta 95700
tatgttggta ctactcgtgg tcgctatgat gtattctatg tgtgaggtaa tatgtttgaa 95760
ttgaaattag aagaccttca aacaatgatt gttggcttac aagaatctaa gtttgaagca 95820
ccagataatg ttaagcgtgc tattaacatt aaaattgata tagttctgaa tgagcttcgt 95880
gatatagcag ataatgctaa tgctattact tggttcacag gatatgaccc aaaggtgtat 95940
ctgagcgaat atattggttg ccagttacgc gaaattaaat ttatgctaga ggctcaaaat 96000
ggctaaagac tttattattg attttgaaac attcggaaat gtgtcaagct cttctgtgat 96060
tgaccttgct ctaatcacat ttgattctga ccccgaagtt ttggaaagct tcgatgaatt 96120
ggttaaacgt ggtcatcgta ttaagtttga ccttaaatcc cagaaaggtc atcggttgtt 96180
tggtaagtct actcttgagt ggtggaagaa acaatcagct gaggcccgtg ctaacctggc 96240
ctcaacgcca gacgatttat cagtaattgc tggaattaaa gaagctcagc aatatctgat 96300
tgataatgga attcacccat gggattcctt tggctggtgt cgtggacaga gctttgactt 96360
tccaattttt gttgattgtc ttcgcgatgt tcaacgagcc caaggaattt ccgaagaaga 96420
aattgataca tttaaagaag aaccatgtaa gttctggaat cagcgtgata ttcgtaccgc 96480
gattgaatca ctgcttctta cccgcgggct gacaactacc cctcttccaa agggtactct 96540
caacgggttt attgcgcatg atagtatcca tgactgtgct aaagatattc taatgcttaa 96600
atatgctcaa cgctatgctc taggcctaag cgaagcacca agtccagaag ataccgatcc 96660
actgagttta cctaaggggc gtggctaatg gaagagtttg agttcgatga aaactttgaa 96720
gagtggttca accgggaaat cctcccgaaa atctctccaa cgatggttct ggtggccaag 96780
gctttgatgg ctaaaggctg ggacgcaggg tatatgttcg gcgtcgatgt tgggtgtgaa 96840
atttctcacc gatagctatt tactttatga aagagccgtt atataatggc tctacattaa 96900
caaactgaga gaaacatgat gaaaaatttg gttgtaggcg aaaacgttaa agtaattggt 96960
ggtaagcata tcggtaaaga aggcgtaatt gttggaatct ttaaccgttc taacaaaatg 97020

tcttcatatt tgcttcaatt ggaaaatgaa gacaaagccg tgtattcgct gcaaaaattc 97080
gtagttgctc tagaatcgcg cgatttgctt gattctatgt ttaacgaaag ctatctgcgc 97140
aagtgggtac atgtgaattc acttgacaat gttattaccc aatcggtgag ttctactaat 97200
tcagccacta atctgtcgct gcataaaaat gttcttgtca ctgatgagtg ggaagaagac 97260
ggtaaaaccc tagtaaacgt agtgtttcaa ggcaactatg cagttctgcc taaagccgat 97320
gtagagccga cagaatcgca acgtcaaggt ttagtataaa aagttgttta ctttgccaca 97380
aggatgtggt actattatct tatcaactac tgaggagaat aacatgaaaa ctgaaaacac 97440
cgtaaaaatt actgccgaag cttttgaaga cattctgttc aacccggact taatcgtcgt 97500
tcagaaagag aaaaccttcg gtaaagaaga gcattggacc tggttgtatg tattcgcgaa 97560
ccatggtgat atcgtcccag ttcgtacctt tgctcgtgta attacagttg atggcccaga 97620
atacatggag attgtgtaat gaattttaaa gaaggcgtac agtacaaatt cgtcaatgat 97680
gaagcggaag aagaattttc ttcacgttat gaggttaatg aagactttgt gtatgaactc 97740
tatgaaaatg gcgggagttt tactgttact aaagttgacc gccaaaataa tagagtatca 97800
ggaattatgt gggctaatgg cacagaatgt gatgaagtcg gcggtgaaga ccttgtaatt 97860
tttgatagcg aattcaaata ctttactgaa gttggaactt ccgcgaatgt aattccaacc 97920
gatttggtta tgaatctttc tattcataac cgtggtcaag caatcgctgc tattgcagca 97980
ctgcagagtg catatcaatg ttaaatttag ctcctatttt tgaagcatca aaactgtctt 98040
atcctattcc taaccgtagc attgggaatg tcatgctgca actttcttca gaaactggag 98100
aaatgtgtga ttggattaat cgtccatggc ggcagaaaga agagtttgaa ggtgagtgcg 98160
cagatgttat taactgtgta gtagatgcac tttggctgca tttcagaaat cgtcataaaa 98220
atgataccca tgtatcagat gatgaaatct ccatgatggt tactcgtgca ctaaatgagc 98280
aaatcatggt caaaacacaa aaatggaagg atgctgttaa tgccaatgta tgattacaag 98340
tgtgaagtct gtggaaaaaa gatagaaatt atgcgtaaaa tttcccatcg tgactatact 98400
gttaactgct ttaaccctaa gtgtgaaggt caaatgaagc gggtggtttc tgctccggca 98460
gttcactacg atggattaaa gagtggtgat tattgatggg aactaaagca cgcattacca 98520
tgaaacccgg agaaatccgg gttattaaag taggtaatat aacttatagg gttaaattga 98580
aatgaaaaag attttaatta cagcgcttgc cttcatgatg attggatgca ctgacgctga 98640
taacgcaact cgagtattag aaaatgcagg attcactgaa gttgatatca ctggatacaa 98700
atttttctca tgttcagaag atgattttca gcataccggg ttcaaagcgg tcggtcctac 98760
cggaaagacg gttaaaggta cagtgtgttc tgggattttc ttgaagaata gtactattcg 98820
ttttgaataa aaaggacctt cgggtccttt agttgtttac acgaatagtc ttctgcggta 98880
ttatagactt ataaactact ggagaataaa acatgaaata catcatctta actttaatcg 98940
cattagttat ctcaattgga gttctggttt ccttagcaga ttctacggaa tcttctaatg 99000
aagttcagaa aagctcaatt ggtattggtg tgaatggaca agttggtgtt aagatttcag 99060
ataatctttg tgttaatcct tctactggtg ctgctgaagt atgcttttaa aatgtattga 99120
tataatgcct ccactaactg aggaaatgta atgattaaga acgaaattaa aattctgagt 99180
gaccgagaac atatcattaa gcgcagcgga atgtacatcg gtagttctgc gtgtgaggca 99240
catgaccgtt ttctttttgg taaattccaa tcagtaaagt atgttcctgg tattattaag 99300
cttattgatg aaatcattga taactctgtt gatgaagcaa ttcgtacaaa ttttaaacat 99360
gccaataaaa tttccgttga tatcaaggga aataagatta tcgtaactga taatggtcgt 99420
ggtcttccac aggctccggt agtaactcct gaaggagaaa ctattccagg cccagtcgcc 99480
gcatggactc gtcctcgtgc gggtggtaac tttggcgatg atgctgagcg taaaactggt 99540
ggtatgaacg gtgtcggttc tgcattaact aacatctttt cagtatcttt cactggtgca 99600
acatgtgatg gtaaaaatga aatcattgtc cgttgttcta atggctcaga aaatatctcc 99660
tgggaagaac atccagcaaa agacaaagaa ttcatcaaag ataagactgg tactgtagta 99720
tcattcattc cagatttcag tcactttgaa agcacaggat tgactgatgt tgaccaatca 99780
atcattcacg atcgtctgat gacattagca gtagtttatc ctgatattga attcaaattc 99840
atgggtaaac gtgttcaagg taagtttaaa gcttacgccc agatgtatga tgaaaatgcg 99900

gtagtgcagg attctgatac ttgtgctatt gctattggtc gctcagatga tgggttccgc 99960
cagctttcat atgttaataa cattcacacc aaaaatggtg gtactcacgt tgacctagtt 100020
cttgatgaac tgagcaatga acttattcca gcattaaaac gcaagtacaa actagaagtt 100080
aataaagcac gaattaaaga gtgtctgact gtcattatgt ttattcgtga catgtctaac 100140
atgcgatttg attctcagac taaagagcgt ttgacttctc cttggggcga aattcgtagt 100200
catattgata ttgattacaa gaaacttgct aacgctatta tgaaatctga agatattcat 100260
atgccgatta ttgaggcgat gttagctcgt aaacttgctg cagagaaagc tgcagaaact 100320
aaagccgcca agaaagcgca gaaagctaaa gtagctaagc acatcaaagc caacaaatat 100380
ggtaaagatg ctgacaccac tttattcttg accgaaggtg attctgcgat tggttatcta 100440
ctcacaactc gcgaccgtga acttcatggt ggatatcctc tacgtggtaa gttcatgaat 100500
acatggggaa tgtctgctgc agatgctatg aagaacaagg aagtatttga catttgtgca 100560
atcaccggtt tgacgattgg tgagcctgct gaaaatacta actaccgaaa tattgctatc 100620
atgaccgatg cggatgttga tggtgttggt tcaattttcc caagtctttt agcgtttttc 100680
agtaattggc ctgaactgtt tgaacaaggt agaatccgct ttgtgaaaac tccggttatt 100740
attctcacca aaggtaaaga acaacgttgg ttctattctc ttggcgaata tgaagaccat 100800
aaagatgatt tcaaaggttg gaaacttcgt tatattaaag gtcttggttc tcttgaagaa 100860
gatgaatatg aacgtgttat tcaagacccg gtttatgatg tagtatctct tcctgaaaac 100920
tggaaagaac tgtttgaatt aattatgggt aatgatgctg ctccacgtaa gacctggatg 100980
agtgaataaa tagtacgggt aatattgccc tgctatagaa ggaattacta tgcaacgtta 101040
ttggattact ttggtctcag gcgattacgg atacatgttt gccgaaaaga aacctctccc 101100
tggtacttgg gttactatct gggtggaaaa ctcggatggt tctaaacatg aggtgtatgg 101160
ccgcgttagc agagtgcatt aatcccgagg ggcttcggcc cctcttttct gaggaaatta 101220
ttatgaagtc aactatcatt tcaatactcc gcactgaggc actaaaatac tcagtcgacc 101280
cctccaatga ataccaagaa cttttaatca aacggttatt aaattctata gctgaccgtt 101340
tggaaagtaa ccagagtgtc cctattaatc acagcctttt tgctatgaaa gtgatacgct 101400
ttttacgtcc tgatattaaa attgctgaca tggtcaaagt gattaaatcg tcaggagcag 101460
taaaatgcta aagaaaagtt atgttccaaa taaagaatta tttgatgatg ctatatatcg 101520
agagtatcgt atcatccaac gtttctttga tatccaagca gcagaggaat tcaaagaccg 101580
ctttaaacaa atcagtgata aaatttttac aactaacacc gctactgctg aagagctcct 101640
tgaagtagca gaaatcatta aacgacacaa ttgataggaa taaaatgaaa attaaatgtg 101700
atgatgaagt aattattggt tcttctgacg ctgaggattc aacgtttacc attaaagctt 101760
caggtaaagc ttttgacatc ttgtcaaaca aactctataa gtataaagtt cgtgcggttg 101820
ttcgtgaact ttctactaac tgtgatgatg ctcataaact gaacggtaat gaaaatcgtc 101880
cattttacat caaagcacca actcgtcttg acccgcgctt tgtaattcgt gattatggtc 101940
caggtcttaa tcataatgac atgatgacga tgtacaaaac gttctttgaa tctacaaaga 102000
ataatagtaa tgatttcatc ggtgctcttg gtcttggttc taaatcgcct ttaagctata 102060
caagtacatt taacgtagta tcatatcata atggtaaagc caccggttat actgtcatga 102120
aaaaccgcgg tgaacctact attcgtccga tgtttgtcga tgatatgaaa gaagacgaag 102180
aaactggtct tgaaattaca gttccggtta aagtagaaga tattgatacc tggcactatg 102240
aaatcgcata tattttgcgt acatttggtg ctgtacctcc aaaggtagat tctcttcgcc 102300
gtgaaattga atatttccca gtagataaaa ctgattggtt tagcgttaat agctcttacg 102360
aaagttatgg cctgtatgca gtttatggaa aaatcgtata tcctatcagc ggtgtagatg 102420
ttaaggcaga ttggctgctt aatcgctatg gtaaggttta tgttcatttc ccactgggtg 102480
aattggatat cactccatct cgtgaagagc tttctcttga cgaagaaaca attgctaata 102540
tccagaagcg tgtgaatgct cttgaagaag aggtaattac cgcagatatt aaagcgtttg 102600
aagcgtatga atctgaccgt gaattcctgc gtgagttcaa taagctgagt tctaaggaac 102660
gctctattct tcagagccgc ggtattacca ttgggaaccg cgatattaaa caagtagttg 102720
cgaagtataa tcttgataaa attcgttcat actatgtaga taacgaagta tcagtttatg 102780

tttcatgcga tgaacctgct cgtcgtaaag tgtcaagcag ttcttggcat cgtcataacc 102840
aagtaaacat ttctgatatt tgcggggttg atagaactaa agcgtttgtt cttattgacg 102900
ataaagcggg taagcgtatt gctacggttc gtgctctgtg taaatctggg ttagttccaa 102960
tctgggcaca cattactgta atcaaagaca atgaagatga attacatgtc attgatgagc 103020
tgaagaaaat catggatact gatgaagttg tagtattccg tgtgtctgaa cttgaagccc 103080
agagaaaagc tcttcctgat tacgacactg gtccaaaaga gaaacgtcct aaatcaccaa 103140
atgtttctct gcattggatt gataaagacg ggtactggga agaagaccgt cagactttat 103200
tatcatctga aattactgag cttgaaggtt atgctatcgg tcgcaatcgt gatgaaatcc 103260
acactttccc agataatgtt tggtggtgga atatgagcat cacagatatg cgttctttgg 103320
cagaagcatg tggaattaag aaattctatg caattcgtcc gagtgctatg aaagccgcgg 103380
ccaaagctga tggattgctt tcatttgacc ggtttattat tgaccaatac atcaagtgta 103440
ttgataaggt agactacgac cagtacatgc catcaaatgc tactggaaac cgtatctgtg 103500
gaaatattgc gcattacgat aaattgaatt tcttgtcgag taagtttact gcgtctggaa 103560
tgaaaaatcc gttcctgaca aaactaaaca aaatcgctaa agtttgtcgt acaagtaaaa 103620
tcaaagatga aaatgatgaa aacaatgatt tagctttatg taataaaatt tataataaac 103680
tgtctagtga tgctgagaca atcttctata aaaagattga acagtttaaa gatgattatc 103740
ctgtcatcgc aagtgtcttg gatacttggc ggactgacag caaactcgtc gatgatatcg 103800
taaaaatcat ggagctcctt gatggagctt ctactcaaaa ttctgaaaat aaaggtgaat 103860
aaatggctgt tacctgtctg tctgaaatcc aaaaagatgc aatcgttaaa aacttcaaaa 103920
acggtctgta cactaagaaa gagctcgccg agaattatgg tgtttcccgt gacactattc 103980
ggcgtgtttt taaagagcgt gaagctcgag ctgccgcggc agctgttcct gctaaagtag 104040
aagctccagt tgagcgtgaa tttaaatggg cagcaagttc caaattcatt tcaattactg 104100
aaggccgtac tacttataac gctgatagcc aacatcccgg gtttaaatct gcactgcaga 104160
aacttgtaga tggtgatatc gctggtgcta ttgaccacat taacctggaa caaggcatca 104220
agaaattcgt tcagggtaac gtccgaattg aagatggtac tttgttctat aaagatatcg 104280
agctgaaatc tggtctgact gagcgtatcg ttcgagctat ggaagatggc gaagacttta 104340
aacgttatct gcctttcctg gaaaacctga tgctgaaccc gtctcgtcgt gcagtttatc 104400
gtctgtttga tttcctgaac gcaaacgata tcgacatcac tgatgatggc cacttcattg 104460
gttggaaagt agttcgttcc aattacttcg attgtgcttc aaacacattt gataactctc 104520
cgggtaaaac tgttacgatg ccgcgtaacc aggtagatga agatgatcag cgtacttgtt 104580
ccacaggtct gcatgtctgc tctaaatctt acatcggtca cttcggtagt ggttccgatc 104640
gtatcgtttc agttaaagtt catccgcgtg atgtagtatc tatcccggtt gattacaacg 104700
atgctaaaat gcgtacatgt ggttatgtag tacttgaaga tgtaaccgat cgttggggtt 104760
cagaacttcg ctaattataa ggagccttcg ggctcctctt ttattatggg tgaaacatga 104820
ttaatccatt taacgtatct cattctaaag ttgttaatct tcgtggtact catcatgctg 104880
ctacggtatt ttgccatcat gtagttaaac atgaaggtga tgttcactat gcttggttgc 104940
actgtgatga actcgtagaa cttggtgatg attttgttgt ggaaccagac acatgtaacc 105000
acgacgatcg tgtttatttt ggtgaattac atatcagagg aatttatggc attgatgaac 105060
aaagccctgc agagattgaa ccaactccgg acatttaccc tagatttgaa taagctaagg 105120
ggtgaagcaa aagtaaaaat cattgatact gccagatata gcttagatat cgatccatct 105180
caagatagaa ttgacgttct taaacgatgc agaattgcta taccggcaga gtatgtggta 105240
gcggattttc ttgatggata cgtgaacgat caagttgttg accataataa caacgaccca 105300
tatgaatggg cctgggacgt attagctcat ccacactacc aaggtgttag ggttgaagtt 105360
aaaacacact ttgttcatga ccgagcaaat cataagccat ggattaatgt tacaactggt 105420
aaagacggtc cattcccaga tggaagtgga ataaatctag ggcccatgtt taaacataaa 105480
gtcgcagact gtataattat attcgttgca gaagaagtgt cccagaatgt catacggtac 105540
acaccaatgt ttgccggcgg tatcgaacag ctcatggaag tagtaaaacc ttcacgtgtt 105600
ggagctggcg ggtatatcat gcacaaattt taaaaagttg tttacttccg ggattggcca 105660

tgatactatg gccctacaaa ctgaacggga gtaaaacatg agttacttag agctaaaatc 105720
acttcgagcc aaacgcggaa atgcttctat taaagctgag cttttgaaag agtatagaat 105780
tctcgaatct atgaattggc attatgctat cattgcttgt gataatggcg attcaactta 105840
cggtggattg tatcccaatg gagccgctgc tgcccgtgat gagcataaag ataaagttaa 105900
agccttagaa gaaaaaattc gtaacttgtg catttaacgg tttactttcc tgttcttcgg 105960
tgatactata atcttgttag ctaaactgga gaacaaaaat gaaaaagtta cttacgattt 106020
tgaagaacac ctttgtagta ttctgcctta tcgttacttt cattggtgtt ttcgcatggg 106080
atttagttaa cgtttggatt aatgctttca tctgaggaaa atataatgat tcgtagtagt 106140
tttgatcgtc gctttaactt aatgagaact gttgttctgt cctttatcgt tgcggtagcg 106200
cttggaattg ttgctatatt cgggttcgga atttattttg ctattcaagc ggtagatatt 106260
attcagaccg atggccttaa atctttagta gaaaccgtat gggaaggtca aaaatgaaac 106320
gacacatcgt gtatcgtctg ttggcttcgg gtcttcttgc attttgggtt ggtatcgtga 106380
cagtggtagt agtattttgg taataagagg ggcttcggcc ccttatcgga gaataaactt 106440
taatcaactg aggaaattaa catgcgtaat attatgactt ttgctgatct cgataacgct 106500
ggtgcagaac tgatcggttc tattcgtaac ggtgattggg cagcaggtgc tccatctcgt 106560
gaaattactg agcgtgaagg attttatttc ctgatgttca atgatggcaa agcaggttat 106620
atcggtgcat ctgctcgttt ctttgtagct aaacaacgtt caaaggcagg atttgagagt 106680
gttctttctc atatccgttc tggacgttct cagttgggtc gtacccttcg ttcaaactgt 106740
gtaacatacg gtgtgttctg gattcctgcc aataaaatga aaccgctcac caccggttat 106800
ggcaaaggtc aacttgcact ggcgtttact cgtcagcatt caagcgccgc gcagacctac 106860
tctgaactga atcgtattct gaatgataac ttcatcttta ctttgcagaa atactaatga 106920
gaaccttctt cgtgatgggc tatgtgtttc tgatggccct aatgatttgc tcaggaacat 106980
tcatgtggta tggccttgtg cctaccacta aagtaatcgg aagcattgcg ttcactgcag 107040
catttattat gtttgagcgc atttgtaaaa ttgtaggagt ttacaaatga ttaaaggaat 107100
tgctggcgga atttgggctg ctctatgcgt atcgacattg actaccggtg aaacttctgt 107160
tatttcgcag gcgttagcgc aaggaacttt atcaattatt cttattatag cagccttttc 107220
caatgattaa gaaaattttg attggagcgg ctttagtagc cgctttgctt ttaattttgt 107280
actatggaat gatttacggg atgatttata ttgtgctttt catttccgat gttatagtac 107340
aaatcggctc actaatttgg taggtacaat ggatattttt gacactctat taaaacaagc 107400
aggttctatc gatgatttgg ctaaggcatc aaatcttcgt catcgcgatt tgaaatctat 107460
cattgataat gaagcaaaag agtatgcgat ttacactgta gaaaaccgtg ctattccgaa 107520
cttgattgat gggtttaaac ctgtacagcg ttttgttatt gctcgggctc ttgatttagc 107580
tcgtggtaat aaagaaaaat tccataagct tgcgtctgtc gccggtggtg tagctgattt 107640
aggatatcat catggcgaaa cctctgctca agatgctggt gcattgatgg caaacacatg 107700
gaataacaac tatcctctgt tagatggaca aggtaacttc ggttcgcgtc tggttcaatc 107760
tgctgcggca agtcgttata ttttctgccg gatttctgac aacttccgta aaatctacaa 107820
agacacagaa atcgctccgg tgcataaaga caaagaacat gttccacctg cgtattatct 107880
tccggtaatt ccgactgttc ttctgaatgg cgttcgcggt attgcaacag gttattcaac 107940
ttctattctt ccgcatagtt ttgaatctgt tttggaatgc actaaagcag cacttcgtgg 108000
cgaaatgatg gaacctgaag tacagtttcc taaatttaac ggaaaaatcg ttcaaacaga 108060
agacggttct gttgagctgc acggcgtgta taaagaaact tcacggaact caatctatat 108120
cagtgaaatt ccatacaagt ttgaacgagc ttcttacgtt gaaaaagtac ttgacccgtt 108180
ggaagatgca ggatatatca catatgatga tgactgttct aagactggct ttggctttaa 108240
ggttaaattc cgtaaagact atgctttaag cgaagaccct gagcagcgtc atgctaaaat 108300
catgaaggat tttaaactca ttgagaaaat gagtcaatac attgtggtca tcgatgagaa 108360
tggtaagctg aacgacaagt tcaaaacttc cggtgagctg attcgtcatt ttgtagaagt 108420
ccgtaagaca ttcactgcca aacgaatcga gcataaaatc gctgaaacta agcaggcgtt 108480
taatcttgct caggcaaaag ctcaatttat caaagaggtt atcgcaggta acatcgttat 108540

ccaaggtaaa actcgcaagc aactgactaa agaaattgaa caaaatgaac tattcaaaga 108600
ccattctgaa aaactcgttt caatgaacat ctatcacatc actgatgatg aagcgaagaa 108660
acttgctcag gaagcaaaac gcctagcaca agaggttaag tactgggaaa agacaactcc 108720
tgaagccgag tatctgaaag acctggaaga actatgatag aattttattt aattataggt 108780
tctgtaattg ccgtattagg tttagtttta ttgctcctca gttaatctag ggaacctgga 108840
ggtcatctcc aggtccttcc atataaatct atatccctcc aaaatccttc cttagaatgc 108900
cccaaattat tttcacaaag ttgtttacat gcttactcgg ttgtggtatt atagcaatat 108960
caaaacaaca cggagtaaaa caaaatgatt acatcattaa aatctgatat caaaaacatt 109020
ctttatattt ccactcaagc cgatggcact cgactgagcc actatgtcaa aggtaacatt 109080
gtggtgctcg atgagttcga agttaatcgc gagtatccta tgcgtcaggt aattcaagca 109140
agtaactatg aagacggtga agagtatcaa gtcgttcttt gtgtatatga tgatttctgg 109200
gtgcttaaac ttgagaatgg cgataagttc ttgatcttta acgtataaca tttttactgc 109260
tctttgaaga aaatttttca gagagcagaa taaaatggtt tacaactgct ttaaaccatg 109320
gtattatagt ctcataccaa acaaactgaa taaaacatca tggagaatca caatgtctaa 109380
agtaacttac atcatcaaag cttccgaaga tgctctgaac gaaaaaactg ctgctatcct 109440
ggttcaggta gctaaaaagg atttcatcac ttcttctgaa ctgcgtgaaa tccttgaaga 109500
aaccatgaac gcaagttctg ttaactcaaa catcggcgtt ctgattaaga aaggtctcat 109560
cgagaaatct ggtgacggtt taatcatcac tggtgaagca caggacatca tctctaaagc 109620
ggcagttatc tatgcagaag agaacaagcc tgaacttctt aagaaacgca atactcgtaa 109680
agctcgtcct ctgactgaag atatgaatga gcacaaagac ctgatgatga aacttctcgg 109740
tgagatggaa gatatcttgc ctttgaaaga actgactgtt taccgcagta actatatcgc 109800
agttctggaa aaacgtacct tcggtattcg tagtcttgaa gttaacaaca aaggtacttt 109860
ccgcatcttc ggttacaaga tttctgaaga gcatcagaaa cacttcactg acctcggaat 109920
gtcttgccgt gtagctgcaa caggcaatac ttacttagat atcgcccgta ctgctgaaaa 109980
cattgaaacc atcatccgct ctattaagga actgtaatgg aactttggga aattatatat 110040
gaagatgatg tgaatatcag aggcagcatc ttcattaagg ccctggacaa atatcacgcg 110100
attgaattgt ttgaacagtt acagcaacaa acttatatca atgaatcgcg ttatttaatt 110160
aaactcgcaa tgtttttggt ggaataatga acaagtttaa agtattgaat gagcttcagc 110220
gttgtgttga aaaggttaac ttgaatgcta atatcccaac tgattgttgg gatgtatggt 110280
tccgtggaca ctttatcgga tacattgata agaaattcac aaaatgctat gctatctaca 110340
atgcagatgg taaacatatc atggatgtag ataattacca aaaggccctt gctaaatttg 110400
ttccattagc ggaagctgtt aactcaatgg aatggttaga gaaaatacag ggtgaacctg 110460
ttattcgcca gattggtatt cgtgaaaaga aaagtttgtg gcagaaaatt aaaggattct 110520
ttaaatgagc aagttttccg aacaaatgaa taaatttgtt gatgcttctc gtcacggtgc 110580
tctaattaat gaaccagaag aagttagtat tcctgaaatt tgctttaaag tagctgattg 110640
gtgggatgga cgattacttc aacgccgtat cgtttgtgca gcaaatcgtt ttgaattgaa 110700
atctggtgga acaattgtgg ttccaggcac tcgccattat tctgttgata tggcgaacgt 110760
tctagatatg ttccgtgaca aactggtttc tgaccatgtc catggagaca atcaaggatt 110820
tgtcgaccag tggggtgagt acttcacacg tgaagaagca ttaatcatcg ctacacatgc 110880
aggtcaagtt aatacagttc gtcctaaatc aggacccgcc aatgaattat tctcagagga 110940
tttatactaa tgattagtac attaaagaat aacattacgc ttttaaaaat tcaacgtaaa 111000
tcgcttcagc gctcattaga aatgatggac gataattggg gtacatatac caatgaagcc 111060
gggtttaaaa tggcagatag caaattcatg aaaactctca tggataagga atacatctgc 111120
ccgtttagcc atccatttaa tggcggtgct aagccatttc ttgctgaaat gtacaaaata 111180
atgacagaag aaatgattaa agatattgac tattacatca aggaacttga atgcaaggaa 111240
gataaagtgt gagagcaata agcgccaagg cagattactt caatagctta aatcgttcag 111300
aaaaggctca aattaaacgg tttatcttgg aattgggata tgtgcatgcc ggagatttaa 111360
aagcacatat ccaagaatgt ggtattgcta agcgttttga tattacacgc aactgcttaa 111420

atgaggtaat tgcacatgta caacccagta gcgaagaatg actttaacaa aggaggcgcg 111480
cataaagata aaaagcgtgc tgctaaagaa tcaaaacgta agcaaaaaca taaaggtaaa 111540
gacaatgcgc attctgaata attctaaatg tactacttta accattattt gtgatgacct 111600
agaagctctc cataaaaaat taggggacca ttctggatta gtagcagata tccattctga 111660
actaatggaa gacctccaga atgctggata tggggactgg atggtacatg attggaataa 111720
tggtaccttt actgtagcta ttattgctaa cgttgaacct gaagaagttc ttgaacaatt 111780
tcagaaatgc gttgatgctt atgatattgg agattatcta tgaatactga aactttacgc 111840
agagaagatg aagccaaggc atatcataaa cgtgttgaat tactttcagc aattaaagta 111900
gaatacactt tacaagttag gcttaaagtt cttaactctt gggctaatga cttagaagta 111960
aaacatttag aacaagcagt aatgtttacg tttactcagg aagcttctaa accgtttagt 112020
ctatcagcag atttccacac gtatggaatt attactatta aagcaaagga tagaggtgac 112080
attataagtg gagttgagta tattgaaagc attttaggta atcgcggaga ggttgtttta 112140
gcatgagtca taacttagaa tctgtcattg aatcacaaag atatctcgaa gcgttaatga 112200
ataaaatcgc gcttggaagt ctaatcgact tgtcctttca ggaggcaatg gacgtatgtc 112260
actggatgaa tcgtagggtt cgtccaattg gaaaggaatg gtatttaacg gctaaagtaa 112320
aagatggtcg ctacgggctc tggatgtcct ctggtgctga gtatatcact accaaggaag 112380
atttgaattc tcgttgggaa ttggcataaa ctggtttaca acgtggtatc aagatgatac 112440
tataatcaca taatccatta tgttgtagga aaaataatga ctaagtttga aattgtccaa 112500
gaaattgtta ccgttgcttc tattctgact aagttcaatg ctgaacatat catggagaag 112560
cgagatgaat ttattgcgtt cttgaacgaa attggaatca agaacgagca ggggcgtcag 112620
ttaaatcaga gcaacttccg taaaatggtt tctgagttaa ctgacgaaga gaagagaatt 112680
ctcgttgaag aatacaacga gggatttgag tctatctatc gaacaatggc tatgcatagt 112740
aataagtaat cacttagctc ttcctagagc tctaaccgcc tgaccacata tcgatgttag 112800
tctttcgtta gataatgcag gtttggaatt gtaccagtac atttcaacag ttccagcata 112860
aacattgtct aaattgaaat acggacagct aaacatgtac gatatttcag gtggttttct 112920
ttttgtcggt aagaaaacaa attccttatc cgtccaaaaa tatctacccg ataaatgcgt 112980
gctatattca gcagacgttt tgtcgattgg atatcctccc aggtttttag aatctaccgt 113040
gctaggtaaa gtcccctcat aagcaattaa gtctacgaag tagttcaagt ttttaggtct 113100
gaacgtaaag accgcagaaa aatctgcacc acttgagata tgtactatct ggagttgttc 113160
gagtgctgta ttatcaaatc gggtatccct atccttttga accagtttat catacttgtc 113220
atatgtacta tcgacgtaag cagtaataag actatctgac ttataaccag caaacgccaa 113280
caatgctaaa agtatgacaa caaaaacacg ggaaaagaga actcttcccg tggctccatc 113340
tttgaataat agctcgagca acccaagaaa catatcaaaa aatggtattg attgtttgct 113400
tgccatattg ctctccttac agagctattt attgctatct tctagttata agaccttgcc 113460
agtattggtc agttctgtca ctaaaccagt ttttaagctt attagcttcg tcatttgaag 113520
ctatttgata gtttcttaca tctccatcca ttttacctgg agtaaaatca aaggtagtgc 113580
catctgacat cattacccga agatttattg cgtcgccatt tcttattccc aaggttgtac 113640
cttgagggtc accgttccaa tagttaaccc caccttgtcc agatacagac acaaataaag 113700
taacctcttt accttcgaag ttaccttgta ctgtattttt ggttgtcggt ttagggctcc 113760
agttccagcc accaacttgc catgaacctc tatagtaaat attgttccag ttacgatatt 113820
gcactgttaa actaaagtta aaaacacttc gtcctatcat attagacatc cagaaaggtg 113880
ttcctagtct taatttggct ccggcttggg ccatccacgg ctcgccggtt tcagccttcg 113940
cggaacttcc aacccatggt cctgttactg ccatgatatc tccttaaaga tggggccgaa 114000
gccccatgca ttatttagat ttaagttctt caatttccgc tttaaggcct ttaacctcag 114060
cagaaagctc tttaacagat tcaacaagaa gtgcaattac tgagttgtaa ttcagacgca 114120
ataatccgcc gtccgcttca atatcttgag taactgcttc cggaagaact tcttgaactt 114180
cttgagcaat caacccagca gaacgagtag taccgccaga agtattatga agctcataag 114240
tattaccgct taaggtctct actttttcca aagcgttttc aataacttta atatcagatt 114300

tagctctacg gtcagaacga atctcaacgt tatcaaatga accattgcga gtacagatga 114360
agtcaccgcc agctctgaaa tagaaactgt catctcgacc gaatccatta acattaatga 114420
tagcttggtg gaagttacca acatattctt ggaaatacag agaggcataa gcaccattac 114480
taaatctgct tactaaccca gcggtattgt tatatgtgcc attgggttgt cctgcaggat 114540
aattagtagt gctgctaatt ccgttatagt tagaaatggc tcctgggaat tgacatgaac 114600
cacttgccca gaaattccat actggtccag aagcaccgcc ggctcttata ctaacattac 114660
caggctcatc agcccaaaga agacctttt ctgtaccatc tgctttacgg aagaacacat 114720
ggctattacc ggtgttctga acgttaacag aagtggatac actgaactct tgattaaacc 114780
tagcctttcc atcaacagtt aaaaccccat taacggcagc atctccggta gtccatagag 114840
aagtagtttt cagttgatta cctgtaacta ttaatgtacc agttacagta ccacctgcta 114900
atggaagata agtatcgcca gcattactaa tagcagaagc aaccttatca tcaacatatt 114960
tcttgttggt taggtgcgag ttatcagtag gagcttgacc tgcaataaca aacttaccag 115020
aagcgacgtt gatgtttcca tcagcattaa tcacaccgct gaagcgggaa ttgcctttaa 115080
ctatcaagtc tgagttcaag ttagtattac ttgttactgt aagctgcctg ttaatttggg 115140
catttccgta aacagtttgg tttccgctag catcaacttt gaatatatcg ctaaacgtgt 115200
cagcaggatt aatttggttg ttggtatttg cagataccat aacggtaaat gagttagatt 115260
taccgatggc catttttcct ggcataccgt ttttcttgac taaaccaata tcagagtttt 115320
tgccaagaac gatcattctg ttatcttcag aaacgttcaa gttgcctgtg attttcgagt 115380
tctgggcctc gaactcacca ccgacagtca ttttaccttt ttggtcaata actgtagctt 115440
ggttggaatc atcgccgtta ggtcttaaat gaagagcttg acctgttttt gcgtagataa 115500
caaaagcacc agagtcgttt gaacgaatac ccgggccata ggaccactca agcagaggct 115560
cagaaccgtt agctttaact ctaatctcag acccagaaga atcaccgaat ggtctaaaag 115620
caatatattt cgctgatgct gcggctgtag cagaagctga catgatcaat gcaccagtac 115680
taccaccttg ggcttcacga actactgcgc catttttaaa tgtgatagtt ggatcacttg 115740
ttccgacgcc attaacaact aaccagccga acttcacact ctgtccttca ccaacaccga 115800
ggttattacg agcagcagcc acagaagttg ctccggtacc gcccaagttg attggttgaa 115860
cccctgcaac aacctctttc catgcagacc atgtgccgtt ttggcagtat ctaacatatg 115920
tgccttcaac attaccgttc tttgtagtaa aggtctgctt acacgtccaa tcactgtcag 115980
aaattttacg caaagacaga acttcaagaa caaagttacc atcagatgta ggtttattag 116040
atatattaga accaccacca gatgatacac atttatacag ctgacgagta cctaaatcac 116100
tgcctttaat aaccatgttg ttaaggtcat tagtcttatc agtaatatta attgcatctt 116160
cagtaccgcg atatgtctga ttaaaaacca aatccccttc tacatcaagg ccatcaggct 116220
taactcggat gtacttgctg ggagctggag tagcaactgc atcttgataa ccaaactgca 116280
cgtatccttc aggagtaatt ttaagcattg ctacggcagc gccagagcca actttacgtg 116340
caagggtcaa tctgctatac ttatctgagt tctctgaacc taaatcaacc attgatccat 116400
tagggttttc gacttttaag ttagcgttaa tagtcaagtt accggtcatg gtatcaccag 116460
tcttgcttac ttgcttacta tcaccagtgg tgatatcatt tttaatagaa gtcaaatagt 116520
tgttaaggtt accgccaaac attgaaccag aggtaatatt cccgtctttg gttagcattg 116580
ctgctccacc aactttaact gctacaggaa catcaaggcg gccatcagaa cggaagctaa 116640
aatcaccggc agaaacatca ccagtagttt ttgcacgaat attaatctga cccaagtccg 116700
cggtattcgg agttgcccaa attacaccac gctcattacc tcctgttcta aaccatacat 116760
gagcgtttcc gcttcctgcg ttaacatata ctgatgcagt accagtgccg gaagcatgta 116820
aattaggaac agttaaatca ccagtcatgg tatcgccggc tttcttaact tgagtatcgt 116880
ttgtcagatt accaagtccg acatcagcct tagatggttt gtttgctgtg ccgtagagaa 116940
cattagaatt tactcttcca cttgctaaac cgctatcgtt tatagcaaat actctgacgt 117000
tgccagttgc ataatctata ttaagcgcag acattgtatc gccagttcta gaaaagaatc 117060
ctgcgccatg ggagtaataa ggagccccgg tataaccact cgctacgttg gctctaaatg 117120
ttgtaccacc aagagcctta aggcgagtca ttaaatcaac atcagaagta atatctacta 117180

gtgattttcc gttaccgcca ataccaaagg caccaacttc catcacattt ccgctggatt 117240
caccaacatc acgaacagcc gcagttctaa gacctaggtt atttctagca tctcctacgt 117300
tagtagcacc tgtaccacca cggttaaccg gaagagtacc ggtagtatcg ctgaaatctg 117360
gttttgagat actatcaaaa acctgtttca ttgaaacaag aatgcttcca gatggtgtag 117420
tagcaccagt atcttggcca gtttcataga taattacttt accgctatct tggccgttgt 117480
attcagcagt gtttagcact gtaacataaa gtccatttcc gtatcgagga actttagcgt 117540
aaaaatcaaa tgaagcctct gaatctgtag cagcatcatt tttaacaacg taatactctg 117600
gaacgtttcc tttattagga gaaccaatcc tgcgccattc aacccagtta tctaaattgc 117660
tagtgctcca ggatgttaaa ttgcgaccag ataacgtgat aaaatcaaca taatgccttc 117720
cgtgtccaga atcaatgcca ccagtaatca ttaaatctaa ctgcgaagat gcatctcctg 117780
ggtgtttaat tgtagctact ttaacccagc gcggagttcc agcggttgca gcagaaatta 117840
cgtattgcca tgcctgacgg ttgttttcta cattcgtcag aagagtaccg gatttaccag 117900
gacctcttcc gttcatggcg taataaacct gtgaatttct gaatgtcaga ttactgtcat 117960
tggttaattg aagaacacct acgcctcgtt ggtttttaat gtaagcgtcg ttagagccta 118020
cacccatttc aaggacaagt gtgcttccat tgttaatttt aacagtttta ttagtggata 118080
atcttaaatc accaggaaga gtggtattac ccgagccgtc aagcaagacc agttttcggg 118140
cttcaacgtt gccgcttccg cgttgtacga attgaatagt ttcagcgcca tcgtcaatag 118200
taccgatttc aagaataccg ctattgcttg taccacctgc accgatgtac cagccatcgt 118260
tagtagcgca tttgccgacg atatgacgca ctattgctcc gcttaaatca gtggcttcaa 118320
aattgatagc tttattcgga gaaatagtaa cgttgtcttt taatgtagta attccatcaa 118380
cattaagatt acctgcagta tctaagaaag gaacaccttt acctgcaagc tgaacaacgt 118440
tatcggcttc atctttagtg taaatggcaa gagtacgccc gtgtgtattc aacacgattt 118500
cgccacgggc tacgatatct gcacctggtg ctttattctc tgtgctagtt cttttaaatt 118560
gtatttgttt taagttttga tcggccatgg ctacctctta gtatgtgcca aaatctattg 118620
ttaccccgcg tgaaataacc tgatctaatc taggagcata ttcaccggat gttgctttat 118680
ttactataac tacgccagcg ttagctctaa gtacaccggt catggtgtcg ccagctttct 118740
tgactgctgc gttagctacg ttgctaacag tatttattag ctcatcgaca tagtctttgc 118800
gtgttaagtg tgaatttgct gttggagctg cagccgcaac agaaacttga ttgttagaag 118860
tgattccacc tttagtagta atattaccag atcgtaaatc gaatgcgata gttattccgt 118920
ttgaaccaga attagattca aatcccaagc cccaccaagt ttttattttg gcattgacac 118980
catttaaagt ggctccatca actccgccat ttacgagttc catgcccccg gagccagtag 119040
tttgaactct taaacctgtt tcaaacgtta ctgttctaga gtaacttccg ccattagctt 119100
ttgacacaaa gtcgttatct gcggcttgtg gtttatctat ctcagtataa acctttttac 119160
ctctataagt tagggagttt cctgccggca caagaggaaa agtacccgcg tgccaaatag 119220
gatttccgcc aactgttgaa cctgctttta aatcggccat agtttatcct cttatatatt 119280
ttctatttat acgaaaaaag gaagcccgaa ggcttcctta gtctgatgtt tctctgaacg 119340
attgaactgg aataacaccg ctcggatcga cttttgaatt tggaagttcc ataatcatag 119400
tagttcctcc ttcaacgcct ttattcattc ttataccatt cacaccaaac tcctgaataa 119460
cactattcaa ttgttcgcca tgagaagttt gaacaaatac gaggtttttg attttagagt 119520
caccaactac agacgttttt ggatatcgcg ataccacgat agtaaatcca tcagcgtctg 119580
taggaacagc ggtaaatctt tcaaatctta accatctatc agctccattt tttggaactt 119640
ctaatgatac gtttgaagat aataaagatg taccccttgaa ccaccgcaag ctagctctag 119700
tagtagaacc agcatcaaga aggcttttag atgcatacat atcacatact aaaaataccg 119760
aatccccagg agatagtcca taatcagcta ttttgcttat agattcattt tgtactggat 119820
atcgtttata ttcatatcca gtagaatccg agtattcatt ggtatcttca atagaacgat 119880
aaggacaccc agtatatcct acatctccta cattgtcata taccgtatct actttagccc 119940
ttgaatcttc tttaaccttt ccgtcattcc cataaaatga ctcaattaat atacgtcctt 120000
ttgctgctcc gagcactcct acataagcag agtttggaaa tgatttggaa aaatcagaac 120060

ctggccaaga tgcagaccac ttatttttaa accatctgtc tattaacggg ctggattgaa 120120
atcgttcatg cgtcattata atatacaatc ctgaagttaa tccatttgca tattctacaa 120180
acgctttgtt attagcgttg ttgtcatcag tggtaacgtc aaacgtttta aagttaataa 120240
atctgtcacc attaacttga acaacattaa tccccctccg taaggaggag gtcatatcaa 120300
aggcaccgtt aatattcaat tctggcttat tcggaacagc attagaatgt gtagcataag 120360
cttttagcca atacttcaca gagtttgcct cagagaggat tcgtgtttcc acgaaatcct 120420
caccaaaggc tgccattaaa attggatcag ccattaatca cctacccatt caaatttgag 120480
agtttggttt ggacggtctg gccagatttt aactggacca agcttaatcc attccaaaac 120540
ttcaagggtt ttaacctgag ttgatactga gcttggagct ccgatatcag ctgcagttgg 120600
aggagtagca gacgtgaaca ctcgcatcca atcatcaaac ttattaaggt ttggattata 120660
aatcctcatc cacacagtat gcgcgaaacg cttatcagca gtttcggttg ttggaggata 120720
aggtgtccaa agctgataag tgttgtttgt agttacacca acctgagtta aaacaccgcc 120780
agcagcagtt ttttcttcat atccggtcac tactaaagtg cttgggttag cagggtcaat 120840
cggtgttctg attggaacca tataaccacg aagacctttc aatttagtag cgtctttaat 120900
ttcagcagtc caagaacctt gtcgcaatac agtatcatta gtcggcacat accacgattc 120960
agaacctgta atgacgatag ccgaactatt tatgttaaga ttgccggtca tggtatcacc 121020
agctttcttg acataacgac catcagctaa tcttgcgtag tttttggtag ttaaaatcgg 121080
atacgagtta gtattatctc gagcaaaaat ttgcgtatca gcgtcacgag tatcaataaa 121140
cgcagagtga gacctagcac caataatagc attttgggtt tcaatagtta atagaaccgt 121200
atcttttacc ataacagttc cgccaactat tgtatttcca gaagacctca gagttttagt 121260
tgatacttca ttaggaacat ccagcgtgcc gtttccacca aatgtgtagg tctggcttgc 121320
agcagtagtt cctgttccgt ttttgacacg aacttttaaa tttccagctg aagctgtttg 121380
ggtttctgca taaattatac cgcgttcagt tccatctcta ttttgaaaac gaacatgcgc 121440
atttccagtg tcagcagttg gagaaatttt tacttcgcca ccattagcgt ataaaatatt 121500
ctggacagaa atgttgttat taaacacagt atcctggcta aatgtccaag ctccagaaat 121560
tgtctgcgct atatcgcgac gagcatattt gtctggggtt tgaccaccta gcattccggt 121620
gtcatacgct ttaccaagac gaggcaagta atgtttcaac gtgaggttca attcatacgg 121680
agacactgcg acgcccttag aggcataccc gttatccgga agagttgagc cattggtatc 121740
attacctttc cacgttccat cgcctgtaga tagcctgacg gtccctctaa cgctgtctgt 121800
agcttgccat gactctgtta cctgaatagt ttgtttcaag taagcaggag gaacaattct 121860
atcacttaat gtgcctgcat caacttgcgc ctgtgtagca tactgagcaa gaccgatagc 121920
tccttcggtt gctgttttcg cgtgcaacgt ggcagcagta actattttct tggcgtcggt 121980
gccggttctg acctcagcag cagttgcaag agtagttgta cctctttgag aagtacttgc 122040
ttcctgtatg ttgatggtat aatggtccca gaggttccca gtaatagtta agccagaact 122100
agtattaact tggatacgac tagtattagc aaatttatcg aacagtaatt tagggtttac 122160
cattactgta cttgaagtac cagcttcaaa ttcaccctgg gcaccaggtg tcgcgaagcg 122220
agcaatacca gtacgatcgt tagttgctgt acggtcattt aatgttttag gtgtaactgc 122280
tttattagtc acgccaccag cattaacttc tgtctgtgta gctatttgga ttaaaccaat 122340
tgctccatca gtagcaactt ttttatgcaa agattctggt gtaacaaccg taggaatatt 122400
tgaagaagca ggagttccgt ttctaacttc gctatcactt gctaaccaaa ctattcctga 122460
ctgatttaca gtagctttat actcacgaag agtttttgga gtaactgcat ttttgtaatc 122520
agaatgatcg aatataccgg tgccagcaga agaacgatca gcagttgtgt taggagcacc 122580
accagttttt actaactgaa taacacctaa ccgtgaatcc gacgtagtac gataaagcaa 122640
cttcttagga gtaacaattg taaaatcgtc tgttcctgca tccattttag cattagacgc 122700
aatttcagct aaacctctac gagtttcagt agcagatctt tcgttaagct ttttaggagt 122760
aacgattacg ttatccaagt aagaagcagt tgttgcctga ttaacttcgc cggaagttgc 122820
aattcttgct ataccagtct gagtttcagt agaacgacgt ccatttaaag tttctggagt 122880
aattgctaat tctttttctg gatttgactc cgcgttggct tgagcttgcg tagcaagagc 122940

aataacacct aatcgtgctc tggtagtatt gtctttagca tcaacacgtt ctacagtagg 123000
gtcagattca gttacaatcc aatagctttt tccggatgct ttatcttcaa tatatgcaag 123060
ctcaagaaca ggaacatatg acgtagttcc attaaaggta atcgagcttg attgaaccca 123120
tgctgcatca ggtggatact ctgagcgttt tggaaactgc agtaaattca aattactagc 123180
gatggtatca ccatcagaag ctttaattac tactgtctgt cctttacgca tataattcat 123240
tgcgattttg acagtatccc caacagctac gtcagtaggt aaagtaatgt taattgtttt 123300
aactgtacta ttatctgcgc caaatacaga aatatgctca ttaggcatta aagtaacgtc 123360
agaagtaatt attcttacac gtgtacgtaa atcattttca aagatgcgcc atattttgtc 123420
aatagcgtca tacaccaaaa atccactacc tgaagtacgt acttgaattt ccgtttgtcc 123480
aggagtccca attgagatag ttgggtcaaa cgtacgcaca gtcatatggt taatcggcga 123540
tgtaccatca aggtcagtaa aattaatgat atcgtttgaa ttagcgaaca acggcagagt 123600
aataaaaatc tctgagttgg aagtataacg acgaactacg ttatcacctg actgtacctg 123660
ggttggaaca atcccgttcg gaactaccat tttagcagta tcgccaaaat cggttaaact 123720
agcacgccat gcaccattac taaacgtaag cataatttgt gaatacggac gagtaagtct 123780
tacctcacgc agacgcgatt caccaaatac gatagacgca ccagtatctt gtgctttaat 123840
taagattccg ttatagccag gacgacctcc aatatcacga actacaatgg tatcgccttc 123900
gtctggtgct aacggaagaa gtagtgtagc attaccggca gcgttcgagt caacgttgat 123960
gaactgacca gattgaattt caaactctcc tttacggacg gtataaatcc agttcgggtc 124020
aacacgtaaa gaagtccaat tggcctgatt aaattctccg gctggttttg gaatatcttt 124080
gtttgcaatc caaatgcgtc gtccataagt cacagcaaaa tcggtgagat acccacgcgt 124140
cgggtcatat ttttggatag tattttcttg aataacgtac tcgacagaga cgccgtcggt 124200
tttaacgttg cggtcagcga gtgccacatt tataacttta tttccgccgg catccaaacc 124260
gttagttgca cggaaatgtt gtttcagtaa atcgctcata gagtctccta tggggttatg 124320
cttcattata gaagtattta taatggctgt actaactaat tgaacgaggt tcaaatgtct 124380
gatttaaatt gcttattcgc cgaagaagac caagtaaaag aaggtgtcat tctgattgac 124440
ttgtcgcaaa tcgcaatggc gacaattctt catacgtata aagaaggaga taaactaacc 124500
actcctatgg ttcgtcatct tattctttct actttaaaat ttaatgcttt taagtggaag 124560
aaagatgggt acactaaaat tgtcatttgt gttgataacg cagttaatgg atattggcgc 124620
cgagatgtag cgtactacta taaaaagaac cgtgctaaag cccgcgaaga atcaaattgg 124680
gattgggaag gttactttga aggtcttcgt actgtaattg atgaatttaa gcagtatatg 124740
ccttattacg tcattgatat tgataaagca gaagctgatg atagtattgc tgtactgacc 124800
aaaaagttca gtctcgaagg ccatccagtc atgattgttt cttcggatgg tgactttact 124860
caattgcata agtatcctaa tgttaagcaa tggtcaccaa tgcagaagaa attagtgaaa 124920
tctaaaaccg gctctcctgc tttagattgc atggttaaaa ttattaaggg tgataagaaa 124980
gataacgtag cttctattaa agttcgttca gatttttggt acacccatgt tgatggcgag 125040
cgtactcctt caacgaaaat gacgtttgtt gaagagtgtc ttgatgctgg cgaaaacatc 125100
aaagatttgc ttaccgaaga acagtataag cgtttcttag aaaaccgagt gttaatcgat 125160
tttgattata tccgtgaaga cattgttgct aacattttag attgttataa taattatcaa 125220
ctaccgggtc gtggtaaaat ttatagctac tttgttaaat ccggtctgtc taaattaatg 125280
aaagaaataa acaactttta aggtgaatat aatggctaag aaagaaaaag agcaagtagt 125340
atttgatgaa gcagtacacg gacaggctct gcgagatatg attaaggaag cctcaggtaa 125400
taagctaaaa gcagaaagct atcttgagct taacaaagac attaaagacc gcgccaagaa 125460
agaacttggc gtagaaggca aattatttaa tcagctgctt gccctgttcc ataaaggtac 125520
acgcgatcgt tttgaaactg aaaaagatga agtggtagaa gcttatgact ctattttcgc 125580
ttaaagatga gggggacaca tccccctccg aatccattaa ccagctgcta gataagcaag 125640
ctaatggatt tgctatcgaa tctatggtaa cagaacttgg aatggggtat ctcgaggcaa 125700
cgacacaatg gctagaagaa aattctattc ctgagggaaa cttcagtaga tatattccac 125760
ctgcaatcat agaaaaaatt atgtcagaag cattagaaga aaatatgctt cgaccatcat 125820

ttagtcaaac acataaaacg aatagtctgg atttttttatt atgattcgtc tacgcatgcc 125880
ccaaaacaat aatagatacg ttaacggtaa gagcgtttat cttttatatt taatgctcaa 125940
acaacacttt gccggtcgtt atgatgttgt taagtataat tgggtcatgc gtgtctctga 126000
taaagcttat caaaagcgca gagacaaata cttctttgag aaacttgccg agaagtatac 126060
gctaaaggaa ttgactctga tattcatgag caatcttgta gctaatcaag atgcttggat 126120
tggtgatatc agtgacgctg atgcgttgat attctatcgt gaatacatcg gtaagttgaa 126180
gcaaatcaaa actacattct ctgaagatgt aaagaatatt tactactttg ctaagaaagt 126240
taatgtagat aagcttcatg atatttttga atataatgag aaagtcggaa catcttatgt 126300
gttcaaactt cttcagtcaa acgttatatc tttcgagaca ttcatcatgc ttgactcgtt 126360
tttagatata ataaatacac atgatactgc aacggataac ttagtttgga gtaattactc 126420
cactaaatta aaagcttata aaaaactttt aaacgttgac ggtgctgaag ctaagaaact 126480
ctttattagc ataatcaaat cttgtaaaga aattagtata taattaatct atcgtccagt 126540
tgcaaggacc catgttgcaa caacaactgt taaattaaaa aggtaatcat atgttcaagc 126600
gtaaaaatcc tgctcaactt caacaacaac tggctggtct gaaaggtggt tcttctttct 126660
ctaatgaaga taaaaacgaa tggaaactga agaccgataa tgctggtaat ggtcaagcag 126720
taattcgctt cctgcctggt aaagatgaaa actctctacc gtttgtaaaa ctgatcaatc 126780
acggtttcaa acatgctggt aaatggtaca tcgaaaattg tacttctacc cacggtgatt 126840
ttgattcttg cccggtttgt gctcatctga gcaaaaacga ttcttataac agcaacccag 126900
ctgaatataa actgctgaaa cgtaaaactt ctttctggtc taacatcctg gttattaaag 126960
acccggctaa cccagaaaac gaaggtaaag tatttaaatt ccgtttcggt cagaaaatta 127020
tggacaaaat caacgcgatg gttgaagtcg atgttgatat gggtgaaact ccggttgatg 127080
taacttgtgt gtatgaaggt gcaaacttcg tcatgaaagt taagaaagtc ggtggtttcc 127140
agaactatga tgaatgtaaa ttccttggtc agtccgagat tgcaaacatc aatgatgaag 127200
aaactcagaa attcctgacc gaaaatatgg ctgacctcag cgaaattgtg gctccatctc 127260
agtttaaatc gtttgaagtt aacgaagcta aatttaaaca gattatgggt acagcagctc 127320
ttggtggtgc cgcggcaaaa gcagcagctc aagccgataa aattggtgat gacctggatt 127380
cctttgacaa agacctgtct gattttgaat ccaaaccgac ctcttctcgt tccgcagacg 127440
atatcatggg cgatgctggt gacagtgttg gcgatgacga tctgaatgat attttgaacg 127500
acctctaata taaagggacc ttcgggtccc tttttcttta tccctccaaa aatattttca 127560
caaaattgtt tacaagccag ttgatgagtg atactatatc tacatcgaaa caaaacgagt 127620
agaggaaaac atcatgggta aattaaacat tgatatcgtg gcagaacctt acatcaataa 127680
atcaggattt tgtactgatt taatttttga agatggttca cgtttttatg acactgacca 127740
tggtattgat tttgatttag ttatcaaaga aggccctggt ggtggttggc caaatattga 127800
cctccgcggt tctaaagaag cagttcgtgc ttggttagaa gcaaacgagt gggaagatat 127860
tgatttgatg atggaagact ggaaagagta attacctttg gggacttcgg tccccacttt 127920
gaggaaatga taatggcaca ggttactgta gaaatatatg attatgaaca cttcattgaa 127980
accattgaaa aatacggttt gattgaagtt agtaacaagt ctgccccatg gggaggaaac 128040
gaaatcactg tagaaggtga tactcctacc ctatggttat ggcttgaaca agaatatttt 128100
cctggcatgg atgatgaatg ccgtgaagat acattaacga cttttagcgg gtaaattatg 128160
aaactgaaca cagaatatcg cattatccca agtcttgctg ccgagtggga cctttcatct 128220
agcggaaatc gccggatgcg cttgatgatt gaagaacatg gtggttcgtt ctttcctact 128280
aaaatgctcg acgaagataa tagtttcatc acagaagtaa aatttaaaga tggaacaact 128340
gctgacgctg aaggatttgg agatgcatac tttgaaatat ctgattatga attcaaatac 128400
ttcgaaccag tatatgaaat tggtagtgca atccaacctg gtcctactcg cttggacttg 128460
atcgttaccc cagaaaatgc agaagaaatg attgacttga tcaaaaaagt tttcaaaaag 128520
tagtttacac ggagctatgc ttgtgatagt atagctccat aatctactgg agaataaaaa 128580
tgaaacttca acgtcaaagc attaaacttg gttctgaata tcgtggtaaa tggaatttct 128640
gcatttgcga taaaaaccca gaagaattag agcgtgttga agaagtactg tgccaaatgg 128700

aagctccatt cactatgggt ggtgaaactg tctattggaa tgattactgt gataactgcc 128760
catgctatga agatgggtat ggctcaggct tctggattcc agttgaagat gttgaagaat 128820
tcaaaaaagc atttaaactt gctaaggcca agaaatgatt gaggctgaat tagtagtttt 128880
gttaatttct gttactgtcg cttttattag cggcgttata ttaggattat ttttatatgt 128940
ctaaatttag tgtaacggga tatcctcgcg ttaatattcg ctgccagttt gatgaaattc 129000
ctggagtaac tcatattgag ctcgtatttg accctcattc gcgatgcaat caggtttcag 129060
gtaaaattga ttcagcgtat ggcgaatttt taattaatga ccaagttgtg gtttcagcta 129120
tttctggtga acaagcaggt tcgttgtata ttctgaaaag ggaagtattt gaggaaattt 129180
cagaagccat aaaagaaggg tttaaaactc ttcagagcat gattaaagct agtgagtaca 129240
agtcatgtgg attttaactg actgggattg taagtactgt ggcggtagct tatggcaatt 129300
aggtggccgg tgttttaagt gtggaatgag gcaaggttaa tggaaaattt cgcagtagat 129360
gattacgatg atttgatttg gtgggacggc cgtgaatggg taactatctg cgcaatgtcc 129420
aatatcgata gcgctatcaa acgtctccaa gagcttcaac agaagtggga agacggtaat 129480
gttgaacggg ttgaatttta ttgaggttta aatgattcaa atagtttatg cctttgctcc 129540
tacaaaaact gtagacggca aaaatgaaaa tgctttcggt ttaggcgatg gtcttccatg 129600
gaaacatatt tcccaggaca tgaaaaactt tgctaatcgt actcgagata ctatcttgat 129660
ttgcggagca aagactttta tgagttttcc tgaacctctt cctgggcgta agacaatcgt 129720
tgtccaagac atgagtcgtg cgttggcaac tgctaaaaat ggcttctttg cagatgctta 129780
tgtaagtgaa ttagaattta tcggtttctt gggtggtgac attatggccg ctcatacttc 129840
ttacaacagt actatcactt ttaatagaga ccttaattat tctatcatag gtggtgccgg 129900
aatcatccag aaggcatatc catacgcgga tagggttatc caaacaatca ttagaaaaag 129960
tcatagagtg aattctgatg tcactctacc tgctgaattt gtaacagctc ctacttggcc 130020
agaatcagga ttcattacta aagaaaatca ctggtatcat attgatgaag tgactaacat 130080
ttcagaggtg gtctatgagc gcaaactatg atatcactca gctatcagaa gacaaagtcc 130140
aaaagaggtg gaaaagattt ccatttaagc atggtattca tcttctagtt ttcagttata 130200
atggtcttag cacttataac ggttcaacta cagtatataa ccgaaatgga aatataccta 130260
ttgaaattga acgtgattat aagaagatgt tcatcggaat gtcacacggt aatgtgacgg 130320
ttaatgatga tgtagtgtct attattgggc gatttgaaaa gcgtggtgat cagcttttct 130380
ttacacctct tcaggaaaaa tttaatgcgt gaataccaag aattaattaa agacattttt 130440
gaaaacggct atgagacgga tgaccgtact ggtaccggta ctattgcaaa gtttggtact 130500
caacaccggt ttgatttaca agaaggattt ccggcagtaa ctaccaagcg tcttgcgtgg 130560
aaagcgtgca ttgcggagct gatttggttc atgtgtgggt ctactaatgt gcatgaatta 130620
cgtcttattc agcatgactc attactagaa ggtaaaactg tctgggacga caactatgaa 130680
aaccaggcaa aagacatggg gtattccggt ggtgagctag gtcctgtgta tggtaagcaa 130740
tggcgtgatt tcatgggtgt tgaccaactg aaattgatca ttgatcgtat caagcaactt 130800
ccatatgacc gtcgtcagat tgtgactgct tggaacccgg ttgatttgga taagatggca 130860
ttgccaccat gtcatttgct gtatcaattt aacgttcgtc aggggcatct tgacctccaa 130920
tggtatcagc gttctgtaga tgtattcctt ggcctcccct tcaatattgc gtcatatgca 130980
gcattggttc atatcattgc taaaatgaca aatcttaaac ctgggcattt ggtattcact 131040
ggtggtaaca ctcatattta cctgaaccat attgagcaat gtaaagaaat cttgcgtcga 131100
gagccaaaag agttgtgtga acttgaaatt gcattcccag atacgtatga aacttggcag 131160
actagttctc agattcgttg gttagaacaa tttgcacgtc ctcatcattt tgaactagtt 131220
gggtataaat cccatccaac aattaagggg aaaatggcta tatgaatatt cgatttgttc 131280
gtaaaggaca tcagtctaaa accgtattag gagaaatgca ggacgcattc tctagtgatt 131340
tgcctgaggt taatgacacg atagtttttg acggaaccga acaacgtgtt ttatctgtca 131400
ttaaatcata tgaatggtct attggcaaaa cacaattaat ctgctggttt gaagttgata 131460
taacatgaag atatgtcggg tggttaataa ataccattcc gacttcgatg taaatatcca 131520
acgtggaaca atgtggggaa attacgtcgg taaagattgc gataatcgtc ctgatgctat 131580

tgcggcattt aaggacgatt ttattgctaa gattcggaac ggagaaataa agcgagagca 131640
cttagaaact ttaagaggaa tgagattagg atgcacctgc aaaccgcttc cttgccatgg 131700
tgatataata gctcttgtag tgaataaact ttttaaagat acatttgaat tagaggactt 131760
atgcaagtaa ttaagagctc aggtgttagt caagaatttg acatgcagaa aatcattaaa 131820
gtcctcgaat gggcgtgcga aggaactaaa gtagacccat acgagttgta tgaaattatt 131880
aaatctcatc tgcgtgatgg catgagcact gcagatatcc agaagactat cgttaaggta 131940
gcggcgaata gcatttctat tgatgagcca gattatcaat atgtagcatc caatgcagca 132000
atgtttgaaa tccgtaaacg tgtttatgga cagtttgaac cgcctgcatt tattgaccac 132060
atttcacgtt gtgttaacgc aaataagtac gataaagaaa ttctaagtaa gtggtctgca 132120
gaagaaatta ctttgcttga ttcttatatt aagcatgagc gtgatttcac tatgacttat 132180
gctggaacaa tgcagcttat cgagaagtat ctcgtaaaag accgtcatac tggtgaattg 132240
tatgaaactc cacagtttgc ctttatgctg atcggtatgt gcttgcacca agatgatggc 132300
gaaaatcgtt tagcaaacgt tattcgtttc tatgatgcag tttctactaa aaagatttca 132360
ttgccaacac caattatgtc tggtgttcgt actccgacac gccagttcag ttcatgcgtg 132420
gttattgaag gtggtgacag tcttaattca attaacgaag ctgctgcgtc aattacgaaa 132480
tacatcagta agcgtgcagg tattggtatt aatgcaggca tgattcgcgc agagggttca 132540
aaaattggat ttggtgaagt caaacatact ggagttattc ctttctggaa acacttccag 132600
acagcagtta aatcctgctc ccaaggtgga gtccgtggtg gcgcggcgac actgtactat 132660
ccaatctggc acttggaagt tgaaaacctc ctcgtactta agaacaacaa aggtgtagat 132720
gaaaaccgta ttcgtcattt agattatggt gttcagatta ataacctaat gattgaacgc 132780
ttgattaaga atgattacat cactctgttt agtcccgatg tatgtcttgg cgcgctgtac 132840
acagaatact tccgtgatgc acaagcgttc cgtactttat acgaagagct ggaaaagaac 132900
ccagatataa gaaagaaacg tattaaagcc cgtgaactgt ttgagttgtt ccttactgag 132960
cgtgctggta ctgctcgaat ttacccgtac atggtagata acgttggtga atatggtcct 133020
tttattcgtg atgtggctac ggttaagcaa tcaaacctct gcctcgaaat tgcgttacca 133080
acttcggatg ttggccaaga agatggcgaa atcgcgctgt gtacactcgc agcattcgtg 133140
ctcgacaact tcaactggca agaccaagaa gaagttaacg aaatcgcaga agtaatggta 133200
agagctttgg ataacctttt ggattaccaa gattatccag tagacaaagc gttaaaagca 133260
aaagaccgca gagcattagg tgttggcatt actaactatg cagcttggtt agcaagtaac 133320
tttgcttcat acgcagatgc taatgatatt actcacgaaa tgatggaacg tattcaatat 133380
gcactcatca aagcctcagt taaacttgct agcgaaaaag gtccgtgcgc gctttacaaa 133440
gaaacacgat atggacgtgg cgaactgcct attgactggt acaataaacg aattgaccaa 133500
ctcgcagctc caaactatgt ctgtgactgg gaactcctgc gagaagacct caagcgatac 133560
ggtatccgaa attcaacgtt atctgcgctt atgccatgcg aatcgtctag tcaggtatca 133620
aactctacca acggtattga accaccacgt ggaccagtgt cagttaaaga atcaaaagaa 133680
ggaagcttca accaagtcgt tccaaatgtt gaacacaatg cttcccttta tgattatgcc 133740
tggcagctcg cgaaacaggg taataagcct tatctgaacc aggttctgat tatgcagaaa 133800
tttgtagacc aaagcatctc tgctaatact tattacgacc cggcgaattt ccctaaaggt 133860
aaagttgaaa tgtcggtaat gatggacgac ttgctttatt tctggtactt tggcggtaag 133920
actctttact atcataacac ccgtgatggt tccggtaacg atgatatgat tcaagactct 133980
gctgactgcg cggcctgtaa attataatga attatcaaaa cgtatataat agtttaatct 134040
cccgggctag agcccgggaa tctttattag gatataaaga gactcatcat ataattccta 134100
gatgcatagg aggttctgat gataaagaaa acttagttga attaacaggt agagaacatt 134160
ttatagcgca ctggctttta tgtaaaatat atgaagcgcc gggattaaag aaagcctttg 134220
gtttaatgtg tttgaccggt aaaaatcgct catataaagt ttcctctcaa ttgtatgaat 134280
taggcaaacg gcgtttatct gaagctgcta caggacgtaa agcttctata gaaaccagag 134340
aaaagataag caaatctctt aaaggaaggg aatttaccga agagcattta gccaacatga 134400
gaaagcctaa aactgaagaa accaaaaaga atatagctgc tgctaaagtg ggcgtgctta 134460

atcctatgta tggtaaaatt tctccaacaa gagatgttcc ccatactaaa gaaacccgtg 134520
atgtgatttc tttgagaact aagcaaggta cagagtatcc accttgtcca cattgcggca 134580
agaaagttaa taaaggtaat gctcttcgtt ggcattatga taaatgtaaa tttaaggacc 134640
ctaaatgagt acagttttta ataaagaacc cgtagacatt atgaacgaac cgatgttctt 134700
aggctctggt ctaggaatcg ctcgttatga tgtccaacgg cacaaagtat ttgaagaact 134760
tattgagaag tctttatcat ttttctggcg tcctgaagaa gttaacgtta tgatggaccg 134820
tggtcagttt gaaaaactcc cagaacacca gcgtaatatc ttcactgata acttgaagta 134880
ccaatctctt cttgattcaa ttcaaggacg agctccagca gcagttttat ctgcacttat 134940
ttctgaccca agcctagata cttggaacca gacttggacg ttcagtgaaa ctattcacag 135000
ccgttcgtac acgcatatca tgcgtaacct ttatgtagac ccagctaaaa tctttgatga 135060
aatcgttctt gacgaagcaa tcatgaaacg cgctgagtca attggtgttt actatgatga 135120
tgttatagcg aagactcgcg catgggaaaa tgccaaaaat cgctgcttta atcaagataa 135180
tatcgaaatt aaagaagcta aacgtgattt aatgaaatct ctttatcttt gcttacatgt 135240
tattaacgca ttagaagcta ttcgtttcta tgttagtttt gcatgtacct tcaacttcca 135300
taaaaatatg gaaatcatgg aaggtaatgc taaaatcatg aagttcattg ctcgcgatga 135360
acaacttcat ctgaagggca cacagtacat tctgcgtcaa cttcaaactg gaactgatgg 135420
cgaagaatgg gttgagattg ctaaagagtg tgaacaagaa gcaattgaaa tcttcatgga 135480
agttaaccgc caagaaaaag attgggctat tcatcttttc cgcaatggtg gtcttccggg 135540
tctgaatgtt aaaattcttc atgacttcat tgactatctg actgtatctc gtatgcgtag 135600
ttgtggtctt ccttgtccga ttactgatgc accaactcgt catcctattc cttggattcg 135660
cgaatatctt aactctgatg cagtccaatc tgctcctcag gaagttgaga taagttctta 135720
tctggtagct cagattgaca atgatgtcac tgatgatgtt ctaattggat ttaaaaggta 135780
cttataagga aaggggcttc ggcccctctt tattatgaat gatattgcta acgagttttc 135840
ttttataaaa tatgttcaac ttgagttaga accagatttc agtattaaac ctgttttggt 135900
agcaaacaag ttgaatgtag tttatgccat cgcagttgat gatgaactag tttacattgg 135960
taagactaaa aatcttcgta aacgtataaa ttattataga actgctatta atcggaaaga 136020
ccaaacctct gattcggcta aatctgccaa gatttttgaa gcactaatgg ctggcaaaaa 136080
agtagagttc tatgctcgtc agtgttttaa tcttttgatt aataatgaac ttggcgagat 136140
gtcaatatcc actatggact tggaagaacc gatgtttatt aaaaagttca atcctccatg 136200
gaacacacaa cataaggtaa agaaatgtta gagctatata aaaatttaat gaatctatgt 136260
gaaagctcag aagttgcaaa attcttttat aaagatttta ccggtcctat ggatggtaag 136320
ttcagagtgt tttcatacca ctatgcaagc tacagtgagt ggttaaaacc tgatgctctt 136380
gagtgccgcg gtatcatgtt tgagatggat ggcgataccc caattcgaat tgcttcgcgt 136440
ccgatggaaa aattcttcaa tttgaatgaa aacccactaa cgatgggaat tgatattagt 136500
gatgtagaat acattatgga taaggctgat ggttctctag tatcatctta tgtcgatgat 136560
gggtatctat accttaagtc aaaaacatct ctctacagtg accaggcaag acaagcttca 136620
gctttgctta acagtgaaga atattcttcg cttcatcagg ttattcttga gctagcgcta 136680
gatggttata cggtaaacat ggaatttgtt tcacctaata atcgcgttgt tttagcatat 136740
caggagccac agctgtttgt gttaaacgtc cgtaataaca caactggcga gtatattaaa 136800
tatgatgatt tgtacgctaa tgctaagatt cgtccttatt taattaatgc ttacggaatt 136860
tctgatccca caacttgggt tgaaggtgtt cgtgaacttg aaggcgtaga agggtacatt 136920
gcagttctaa acactgggca gagatttaag gttaaaaccg aatggtattc tgctcttcat 136980
cacactaaag actcaataac gtcaaatgaa agactgtttg cgtctgtcgt atctgcaaat 137040
tccgacgatt tgcgttctct ttttgctgga gatgaataca caattaagaa aatttctgcg 137100
tttgagcaag cttatctaga ttacctcgga aagtcacttg agctgtgtca gtcattctat 137160
gatgaataca gaggtcgtgc tcgtaaagat tatgctattg ctgctcagaa agcaacggtt 137220
aatcagcgcc atctttttgg tgttatcatg aacatgtacg aaggaactgt agatgtagat 137280
aaactgctta aagacctcga aagggtgttc ttgaagtact gggcaggata tgttccaaaa 137340

gagtacgaaa aggaaattga aatttccgaa gaataattgt ttacatcctc atcagggtgt 137400
gataccatag acttacacca actgatgagg ataatgaaat ggatatgcaa gcaattactt 137460
tagatatggt tgttaacaaa tacggtactc attctgacgg gatttttgtg tggaatggta 137520
ccaagaaagt gggattcgtc actgatctac gtacccatat ggctcgcaag gaagctgctc 137580
gtaagaagca aaaagagtac actaatcgtg tgaacgagca gcgtgccgaa gcccttcctg 137640
aagccgtaga tgaaatgatt gatttcctag ataatcatct cgcgaagtat ggtgcagagg 137700
tgttcaagaa catcacccag ccaaacgttc atgctaacgg gtgcaaatgc tatgtaatcg 137760
ttgacccgat ttatggtaag catcgtcttg gtattatgca tcgtgagctg aattattctg 137820
agatggcaga atatgtagaa gcgtgcttca agtgttctcc ttcggaaagt tctgatcgtc 137880
acatcctcat ttcgggatta tcccgtgatg atatcgtaga ggttatcctt aaactatgct 137940
caaaataaac acaacttggt tgttgattgg agtgttagca ttatccgcag gaggattgaa 138000
atatctttcg tggcgggtag aaaatcttaa agctgacctc aaagtcgtcc aagatgaatc 138060
tgatcgacaa gcaaaagaaa tagaaaatat tggtgtttct ataaaaaatc tgcagacaac 138120
atataaaggc tatcaggaaa accgagcagc tcgtgatact tctaacgcta agatgaataa 138180
agattctaag cgtggaaacg tagttgcagc caaacctgga ttagttgaaa aacagattaa 138240
tgcaagcttc aataagtttg cagaagatat ccaggaggct accagatgaa acgaagtcta 138300
ttagccatgt gtattatcag cttattagct ggatgctctt ctagtgcccc agatgttccg 138360
gttttacatc ctgagtggcc agatccaatt caaaaatggg aaggacattg ggaagtaaaa 138420
gtaattgacg gtaaagcctg ggttggtatg ccgtttgaag agtcgcaaga atatcgtatc 138480
tggatgaatg acattttacg atatactaaa gatgctaatg gaatgatatg ttattatcgt 138540
tctgaactta aagaacctcg ttgcgttaag taaactaaac aagaggaaaa tattatggaa 138600
ccgtcacatt tttattctta ctttgtaaaa gacgcatcgc atcttttatc gattaaaaat 138660
acacagctca gaaatatgct agctgttggg tcgtgccagt taactcctct tgctaagaaa 138720
gctactgtta taccggaaaa tatttctaat ggatatgttt atacagtccg tgttagtgtg 138780
cctggcgctt taaaagaaag attgtttgag cttaatgacc aaacacgaat ttcgtttgat 138840
gtgtggttta aactattcat ggtagaattc atgtatcctg atttcttgaa gtttgttcag 138900
cgtaaagagg cattgaagga agcaatttct gaattggaag atgcctcaat tgaatttggt 138960
aaggcactcc aatttgtaga aagtggcggt gtagagcaag atgctgttaa cgggtttttg 139020
aagaaatatg gaaagcgccg ctcattggcg catcgtaatc tttctaaaat ggtgatgtag 139080
tgaatcaaga acagtatgaa acacttaaag gattaattgc tgaaaatgaa ttggcgtgca 139140
tcgtgtttgg acgcgcagct gaaaattatg acaaaaatga tatactgtca atgaataagc 139200
cattgcgagc aattaaagaa aaatatcgtg ctaattgggg tgaaaagtct aaggctcttc 139260
atgattttat tgacactctt aaggacgtat aatgaaaaaa ttggttttga cacaggggggc 139320
tccaggctct ggtaaaacaa cctgggctaa cgaatacgta gcagctaatc caggttggta 139380
tgttttgtct cgtgatgatt tgcgtgaagg catctttggc cttgataagc gtaatgatta 139440
caaatattct aagcttcgtg agaagtccgt atctgtatgc cagttttcta tggcgaagac 139500
tctactcgag atggaaacca ctaaaggtgt catcattgct gatactaacc ttaatccaac 139560
gactatcaag aagtggcaag agttggcata tgaaattgat ggtgtcaagt gggaaattaa 139620
acgctttgac gttccttgga ctgaactagt taagcgtaac ctctatcgtg gcgcgaatgc 139680
agttcctatt gaagtgctcc gtagcttcta ctctaagatg catccgtatg atttgtacat 139740
tccagatgaa tcattgccaa aagcagttat ctttgacctt gatggcacgt tagcagataa 139800
caatcatcgt tctccttatg acttggccaa atgtggtaaa gaccatccaa aggaaatggt 139860
aattgaattt cttaaaatgc ttcgtaacaa aggatataaa attcttactg tttctggtag 139920
agagtctgga actaaagaag accctacagt ttatcaacgt attacgaaga aatggctgtt 139980
ggaccatgtt ggcgaaacag gcgaacactt ccaacgtaag caaggcgatt cacgcaaaga 140040
cgatgtggta aaagaagaaa tcttctggga ccgaattgct gatcgttata atgtaaaact 140100
tgcagtagat gacagggcgc aggtagttga aatgtggcgt cgtatcggtg ttgaatgctg 140160
gcaagtagcc cacggtgatt tttagaggaa agtataatgt ttccaaagta ttctgaagta 140220

gtaaaagtat catttacgca agttgttgct aatcatttaa cagatgagtt tactccggct 140280
gaagtagcca aaatgcatgc agagttttta tctgccatga atgcacttat tccaaatggc 140340
gaagttgtta aattttcaat tgaccgtcta ggcggttcgt ctgaaattaa aatttcttgt 140400
ggcgaaggtg aacacgactg gtttatcgtt ggaattattg ctaattttga aacccaacag 140460
gttgagactt atgttgtctg acgctaaatt ttcacatgat gaatttattt cgaaggttaa 140520
aatcttcgca caggaagtag caaaccgggt tcctggaagt aaagtgactc tccgacgaga 140580
gtcatccttt aactatgttg atgcttatat cattacagtt aataatggaa agagcaatca 140640
acatactcaa ttggctttaa ctggaacagg ccaagttgaa atgactaaca ttttaggaca 140700
tatctaatga ctttacgtga agcggtagaa gctcttttaa ttgaacatgc tcgtggcatt 140760
aaagcagaaa tcagcccaaa tggtattcgg ctgatcagtg ctgttattgg ttctgaccaa 140820
ggtgtttggt caattccacg cgaagaatat gatgctattt tgtacagtaa cgttaatgtc 140880
aaggaaggac aacctatgta tggttatgtc ttctctgact cgcttgaacg aggaaaccat 140940
ccgtttccag atggcacagg cattcgtact tctcgagtag agagttttgc ttctcctacc 141000
gacgagttaa aattggttaa aacaaataac acaacttatc tggtgattta aatgaaagcg 141060
tcgacggtac tacaaattgc gtatctcgta tctcaagagt caaaatgctg ctcgtggaaa 141120
gtcggcgcag taattgaaaa gaacggacga attatttcta ctggctataa cggttcacct 141180
tctggtggtg tgaactgttg tgaccatgca gcagaacaag gttggattgg tgaaattcct 141240
tacaaatcta cgggattgcg tcaagacgga ttccaagtca aaaaagtcgg attgctcaaa 141300
gaacatcgag cagcccactc tgcatggtct aaagtcaatg aaatccatgc tgagcttaat 141360
gctattcttt ttgctgcccg gaacggcagt agtattgatg gagcaacaat gtatgtcaca 141420
ctgtctccat gtccagattg tgcaaaagcc atcgctcagt ctggtattaa aaaattagta 141480
tactgtgaaa catacgacaa gaacgaacct ggctgggacg atattcttcg ttctgctgga 141540
atcgaggtgt tcaatgttcc aaaacgtaat ttggataagt tgaattggta taacattaaa 141600
gaattctgtg gaattgaata atgaaactta gaattgttga aattaataaa cttaacctaa 141660
gtggtgatgt tgttatatca tactcagtag aacgccggta ttggtttaaa tggaaaccat 141720
tagcaacatt taaatttgaa gatcaagcag ttcgattatt aaaagaatta tccaagcgca 141780
aatctgtaat tatcaaaact attaaagaga catcaaaatg aaactgacta ctgaacaaaa 141840
catccatatt cgtgaaactc tgaaggctgt gctgagcatg ggcgaatccc agattgtgtt 141900
tgaaaaagct gatggcacta ttcgtactct gcgctgtact cgtgataaag acattattcc 141960
atctgatttg gtagaaagca ctactaaatc tgctcgagca gaaagcacta cttcacttcc 142020
agtatatgat accgagaaag aaggttggcg ctcatttgcc tttgataaac tgatctcggt 142080
aaatggtatg aaagttgagc atctgctgca gatgatcggt aagtaatttg ctttaaactg 142140
accatgttaa tataactaca tggtcaaaca ataaaggtaa cacatggaac ttccaattaa 142200
agctctaggc gagtatgtaa ttctcgtatc tgaacctgca cagcaaggtg atgaaattgt 142260
ttctccttct ggtattattc ttggtaaaga agaacaagga caactgccgg atatgtgtga 142320
aatctattct atcggtgatg atgtaccgaa aggatttgtc gaggtcggtg atttgactcc 142380
gttgcctgtt ggtaatatca gaaacgtacc tcatccgtta gtagcagcag gtgtgaagaa 142440
acccaaagaa attcggcaga agtttgtgac ttgtcattat aagtcccttg catgcgtata 142500
taaataataa tatgaattgg gcgtcggaca attagttacc cgagcaattc tacgtggtgg 142560
atgcccgagc taaacctcgg ttaccgtcca ccaaatttta acctcatttg aggaacgatt 142620
caatgaacaa acaacttact aaagctctgg aactccaacg taatgcatgg aattccggtc 142680
acgaaaacta cggtgcttca atcgatatct atgcagaagc actggaagtt ctgaaagggt 142740
ttaaacacct gaacccagca caagctgaat ttcgtgatac tttagaagcg atggacgaac 142800
tgaagtatgc taagcatctt ggttctgctg ctcgcaaagc tgttcgccac tttgtggtaa 142860
cgctgaagta atttgtacgc ccaccatgtg tacgcatggg taacgtatga tgtggacgtt 142920
gttggttatc cccacgtaaa acatccgaaa ccaacggtga tttgctacca aagtgcagct 142980
agaaataaac ggcaagtgca tgctaccccg aggcgatggc caatcgggag tacgcctcaa 143040
ggcctataca tccatcggtg tatatcttat ccccgataaa tcggacccgg aacctttaag 143100

ctaacggtgt gcaacagata agagtttaaa cgtacccctt gagggctttc gggagctaca 143160
accgaaagaa ctgtcgaaag aagttgaacc tcggaagaac gtgctcccat gtatttctcc 143220
aaaatggaag atgataaaat ggctaaacaa gctaaagcaa aaactgcagt aaaagaagtt 143280
gttggtacct ctaaacgcgc tggctacaag cgtgggtcga acaagcgtat caatcagacg 143340
gttgagaaaa tcatgcgtcg agctcgtgcg gttcttcgcg atgatgcttc tcgttttggt 143400
aagccgaaag cataagttca gggactcctt cgggagtccc ttttttattt tccacagaat 143460
gaaaaaagtt gtttacttct aggctcaaca aggttactat agacctgtac cacccaaacg 143520
gacaacggag aataaaatga acttcactaa cttcaaccgc aaatacgtac agaacaatgc 143580
ctgggacgtc tctactactt tgctgtggga acacaacaac ggcacagtgg ctcaaatcga 143640
tatgtactgg gaagataact acgtattttt cagctttgaa aatggtccta ctctggatat 143700
tcagttcaac ggttctgaaa tcaaagttgg attccatgat gaagttcgta aacgtgattt 143760
atcttcacat ccgtcttgga acacaaatcg tcagctgctt gttaaaattt atctgcgcca 143820
catcctcggt cgtaaaacaa ccgaagaaca acgtgaagca atctgggata tcgtttcaaa 143880
cgaaataaag ttttaactaa ctcggggctt cggccccact attgaggaaa tgataatgga 143940
aaaaggtaaa ttctataagc ttaaaaagac tccaagcttg tctccaggcg ctcttatcaa 144000
gggtgttttt gagcaaatcg gtaataatcc aattaaaatt accagaacct ttaaatatgc 144060
ggaaaacact ggattagttg aatttgaaat cattaagccc gatggggaat acaaacgcgt 144120
tagtatagat gaagttcgct tttctcgcat gtggtgtatt attactaatc aagagtttca 144180
gcattatttt gaagaaacca cccacaaaga acctgaaccg aagaccgatg acggaagcaa 144240
tgattggggt gtttggacct caaataaagg aaatgatacc tacaaaggtg gattaacaaa 144300
ggaagaagct gttaatcttg caaaagtaca acgcctgaat gcaactaaag acacaaaagt 144360
tgtaatcatg caacctttg ctgtccctgt ggttcacgtt aatattcgcc cgttttaaga 144420
ggaaattgaa atgattgtat cagctttcta tgattcacga aagaaaaaag ttgaaaccat 144480
tatcagcgat acccgcgatg gtacacctgc taataaaaat ggtgtgaaag catacattga 144540
taagtattgc cctcctgaat ttcgtatgat tgacggtgta gattctctga gcattaacat 144600
tataaatgct aaaattgaat ttattaatga aactgtgcca attgggtatt ctgacggtga 144660
tggctcaaat gctaaaatgc cgaaagaaaa attcataact aaattttgag gaaatcaaca 144720
tgattgtatc cgtgcctaaa tctaaagatg gtatttttc ttgcggcttg aaaaaccacc 144780
caatggttga tatcatgtca gctaacgtta aacaacacac cgttgagtat gaaattgatg 144840
ctccggattt ctttgaattg cctgaatggg cagtgaggct tgatgcatga aatatcatat 144900
cttcaataca gtaagattag caaatggaat tcctggagtt gtatgtgata cggctccagc 144960
cattaaagcc tactcggttg aaccttggta tgaagttaat tgggttgatg gcaatcgttc 145020
aatccatgca gaatccgagc tttatccaat tactcaatta agggctgcta acgacgatgt 145080
ctattaatcc tcacttcggt catatggttg cccgacgtat caccagggaa atgctaaaga 145140
ctgctgagta ttataatata gaattaattg atatagaacc ctcggacgct ccagggttaa 145200
tctggttcaa tttcaccggt gccgcaaata gcgtcgccaa atttaaacaa gcattgagga 145260
atttccccga atgtcaaaac cagtaatcgc aaccgatgtt gatggaatca tcgttaagtg 145320
gcaaagtggt ctgccttact ttgcccaaaa atataacctt ccggtagagc atatccttga 145380
tatgatgact actgaaaaat tcattaaacc cgctgagctg tttgattgtg aagaagacct 145440
ggctgttaag cttcttctga aatataacaa cagtgatttt attcgttatc tggcgccgta 145500
tgcggatgct ttagctacag ttaataagct caaagaaaaa tacgattttg tcgctatcac 145560
ggctcttggt aattcagtag atgctaacct taatcgtcgt ttcaatctga atgctttgtt 145620
ccctgatgca tttacagaaa tcatggtctg cgattatgat gaatctaaag atgctttact 145680
ggaaaaggct aaagtaaaat acggcgatcg catcgtctgc tatgtagatg atttgcctaa 145740
acatattgct gcggccagca aagtatttga agacactgaa acccgtgtgt tctatatgcc 145800
tcgtggtgag cgagagggtt cagtgactgc tcctggaatt atggttgaag attggcatca 145860
aattgtaact tgcctggaat ctttggaatc tgttaagaaa ccgcagaagt ctctttctag 145920
attgtgggaa gaagctatca aagaccaaat tcgtaaagag caacatcctt ttaattggcc 145980

tccacggcaa gttccaggag attggtggaa acaacctatc attccgttta gtcctagtcc 146040
gcatgttcct cctggaaacg actggtggaa taacggtcgt attacatgtg ataaccacca 146100
aattaattgc taacacactg ggtatggtat aatagccata ccctaggagg aaatatgttt 146160
gtagttcata ctaaggtagg taaacgttgg ttatcatgtg attatggcca tgttaatcag 146220
ttttatcgtt ggaatccaat ttggcgtgaa gcaaaggcgt gcccgatttg gaatgaatgc 146280
atcaataacg ggtttgttta tatcgatgga ttaacttatc atcgtagcgt aagcgaactt 146340
tcaaaagaat taggtgaata atgatttttg atatcatcaa agcgattgaa gatgctaagg 146400
gttctaaagc caaaacccaa attctcattg acaataaaga taacgttgat ttaaaacgag 146460
cttatctgct ggcgtattcc gggcgattta agttctttat taagaaagtt ccagaatata 146520
ctcccgttaa atatccaaat gttccttcaa agacgttttc tgatggtcta gattacctcc 146580
aagacattct ggcagcacga gtacttactg gtaatatggc aatccagggg ctagtagatt 146640
tgctctctaa gatgaacgag ggtgatgcta gtgtactggt ccgtgtactt cttaaggata 146700
tgcgttgcgg cgcttcaggt tctattgcta acaaggtatg gaagaagtta attcctgaga 146760
tgccacagat gttagcatca gcttattctg agaaagcgct atcgtatatt aagttccctg 146820
catttgctca gcttaaagcc gatggagccc ggtgcttcgc tgaaatccgc ggagatgatt 146880
tagatgatgt aactcttctt actcgttccg gtaatgaata cctgggtcta gataaactta 146940
agcgtcaact tatcgagatg accaaagaag cccgagaacg ccatcctaat ggtgtgatga 147000
ttgatggcga gttggtatat catgtcgaag tgaaagaaga agaaaacgac ctgtttgata 147060
tgtttaaaga gcctgagctt cctgaactaa gtaaagctaa ggaattccaa cagacggctc 147120
gtacagaatc aaacggcttg gctaataagg ccattaaagg aacaatctct gccgaagaag 147180
cagaaggcat gagattccaa gtttgggatt atgttccgct tgatgtagta tattccgaag 147240
gtaaagttcc tggatttgct tatgatgtac gcttccgtgc actggaaatg atgagcaaag 147300
gctatgacaa gattattcta attgaaaatc atgtcgtaca caacatccat gaagctcgtg 147360
ctatctataa gacatatgta gaccaaggtc tcgaaggtat tatccttaag aatatcggtg 147420
cttattggga agataagcgt tctaagaacc tcgttaaatt taaagaggtt atcactgtag 147480
atttgaaatg tgtcggttcg tacgagcata gaaaacaacc tggtaaaatg ggcggcttga 147540
tgttcgtatc agaatgtggt cgtattcgtg ttaacgctgg gtcaggtctt aaagataagc 147600
ccgaagaact gcacgagctt gaccgtactc atctatggaa aattagagat tctcttccag 147660
gaactatctg ggaacttgaa tgtaatggtt gggtaactgc tgaaggtcgt gatgatggta 147720
cggtaggatt gttcttgcct atcattaaac agcgcagata tgataaagaa gtggctaata 147780
cattcgaagc cgcatttggc gtgaacttta cagaggcaac aggaataaaa tgaaagtatt 147840
atacgaagta attgctaaaa ctgatgatgg gcgaggaggt atttccgtcc ataccgaagt 147900
tcttgatttt gataatatcg atgtattcaa aaacttcaaa gaaaacattg aagagtatga 147960
gtctgtaaat ggattacagg tttggcgtac tgccacaata attaattaaa ggccttcggg 148020
ccttttttcg tataaataga ataaacaaac gaggatatgt catggaactt ttaaatgaag 148080
ttttcgatga agagaatagc aaaatctatc ctgtcgagaa cgttaaacca aaactaaagg 148140
tgcctcaggt atttctgatt aaggtgccgg gtaataacaa tctaatgatt cgcttagtac 148200
atgggtcagg tcaaggtgat gcagttaaga atatcaaaat gggtgataaa ttcattcagg 148260
tatatgtttt ctctgtgtca gaaaaaggta atattggagc cctcaagggt gggttaggac 148320
aagacccgat tggtgctatc aatacaatct ttgaaactgt caacaaagta gttaaacaaa 148380
ttaaagccga tgcagtaatg ttccgcttta atccaaagaa aatgcaagga caagataaag 148440
ctattcaacg cattcttgct cggttgatta ctactcgcac cggtggtcgg ttcaatctaa 148500
tgaaagatat ggcttactat aaaggtaagt atgcttattc cattatggtt cacaaaggta 148560
agaagcttga agagattgaa ggaattcctg aaatttcaga tgagttatac acaaaggttg 148620
aatccaaagt aggtgaaatt tatgtgtcta aagaaaccgg cgaaagcgtt accaaagccg 148680
aagcattggc taattctatt ggcgaaaaag aagacaagaa atctgaactc gctgtaatga 148740
gtaaaatgaa agtgtctcga aaagatttaa tccgagcaca gtacggcaaa tttgtttcat 148800
atgttgatga agattggcca gaaaataaac gcgaacgttg gtacgaatta actactaaca 148860

ctccagtact aaacgcagaa ggcgatacgg tagacctcca aaaagatatc aaagccggat 148920
tagaaaaatc aattcctttt tatgttgatg atatcaagca ctatcgtgtt cgtggcggat 148980
atggaagtaa ttttggcgat gcagttgaga gattatttgt aggccaaatg tcgagaatgc 149040
atgacgactg gaaggttttc attccttcgg gttcagacaa aatgaaaatc gctgaacaac 149100
gaatttcaga cgttgctgac gttattgctc aagctaaaaa tcctgcatct atggaaacaa 149160
tgcgtaaaat cgttgaagta gctactcgtg gatttgatat gcctccagct gacgatttcg 149220
gagctttgcg tcaataccaa aatcttgtca attatatgat atccgcttat gtgtcaattg 149280
ttggcgattc tatatccaaa gcaattgaat ataaccgtga aatgcaatct cgtttaagcg 149340
aagaagaaag agatgcaata catcattact gtggttctgg ttattcattt gttaataact 149400
atcttattgg tatggaaagc ttaggcgatc cgattattga caagaaaatt cgtccgctcg 149460
attctgcctt tgaaaaaggt ttgcgtcttg aaccaggcac tcttttgtat cgtggtcagc 149520
gaggaaaata tgaagacttt aaagataaca ttgagtctaa aatgttttat ttccagaact 149580
atgtttctac ttcgttaagt ccaattatct ttggtgctta ttcaaatgct ggtgattcat 149640
taatgccaga cgcacctagt tctgatttag aaaacaaaga aacaactgct aatgcggtat 149700
cttctgttat tggaacagac aacttggaaa gagttgatag aggcgaggaa gttgcctatg 149760
gcgatgagtt taagtttgga ttcgttattc atggggctga taaagttaag gtagttatcc 149820
caggtgtctt gtcaagcttt agcgatgagg ctgaagttat tcttcctcgc gggttggcaa 149880
tgaaagtcaa caaagtatgg ggaactcctt ttagaaatgg agttggtgta gcgaataaca 149940
agacattcat ggtagaaatg acggtagttc cgccagagca aatcgatgaa tccgttcatc 150000
tctatgatgg tgacatcttg atggaacaag gaaaagtgga acctcttgaa gaaagcaagt 150060
tcaaaggctt tttaaatgag atttactttt cgccagaccg ttctacagat aaggttagct 150120
acacacgtac catggagcta ctggctggtg ctatcaacct ggatggtatc ccagaaaaac 150180
ttgcataaag ttgtttactt atcacaagga cgtgatacta tagacttaca caaaccaatg 150240
aggaaattga tatgaaacac gtattccgct ttaacggtat tgaatggtct gctgatgtta 150300
aagatgcaga gaagttcaat gaagaagttc ttatcatgct tgaagggttt aacgaaggta 150360
ctccgacggt tcttattcaa gatatcttcc gtaagccaac tgaaccatcg tttgttgaag 150420
cggttctaaa cggtaaagca gaaggtatta ttccggtcaa agtagtttgg actactaaag 150480
aaatgaaact tcttcgtact gagccagggt ttattggctg cattgcataa aacaaagggg 150540
ccataaggcc cctaaattat tctgcttgtt gaagtagtga tattagaaat tccaccacct 150600
gccccgccta aacgagacaa tcttgaagca gacgtactca agccctgatt tggattaatc 150660
gtctcaattt tctgaatagt tttatcttct aaccaatcca ttgcggcttg ttttccgact 150720
gaacctgttt gcatgctgcg ataagcaaac gtgacatcaa acacagctat tgtgttttct 150780
ccatcgtaag taaattcggg agctccacat gctacaggca tagcccctga gaacaggcat 150840
acagtatgtg gtaatccatt tctagcatga aggttaactt ggatatcaca ttctacgtct 150900
tgtggcaatc ctcgcagacc agtcaccggg tcttcaactg catttaccca atcttgcatt 150960
gctctatagt tgcttgcttc tgggtccatc ctaaatgaaa gaaccaacgg ctccatatct 151020
cttccagtga tttttatgtt aggagcgtta tggaacttat ccatttcata tgacagtcta 151080
ttctctggta ttttagcaga atacaccatc aagcctgctg tcggaaatgc catgttaaag 151140
aaatcaagca gataagtacc tactgtgaat tcacctaaca acgactgtac aacacgctgt 151200
gtcattgcgc caatcataaa tgtattcaca cctgatttgc gaacaacctg tcgagttcct 151260
tgtgtcacta tggttgttat accctgattg aattcacctg gtgtcaatcc aagccaattt 151320
ccatctaaac ccatattatt atacagctct ccgccaaagt cgtttagaag agcctgggtt 151380
ttactagagg gtacagtagc gaatacaaca gagaacatat tagttctctg gaaatcgatg 151440
tcagcagctt gactcttaaa ttcttcgaga gtaaacatta ttcaatacct ccgatataaa 151500
cgttccctct attaagagta agtatttcac gcatagtaat ttcaagcgta aacgtgcttg 151560
gaaggttagg agcgattgct aacccattaa aatgaccgtt cggtgtttta tcaaagcgga 151620
tgctctgaat ttggcacgga ccaaatatat cctctctacc atccattgat gtagaatatc 151680
caaaattacg aacagtccaa atcgttgggt tagaaactac aataacattg cttaaaaacg 151740

atgttatttg ctcaaacaca gtgttttcta ctttagctcc atccggtgct gccgatttaa 151800
gtgttccttt ataccattca tcaatagcag ctttaacttc ttttgcatat gatgaattcc 151860
ccgtcacacc gtaagaatag tagttaaaaa tttcatagat gcgaataatt tgtataaggt 151920
catctgcaga cctaggagtt aaatcccaag taaacacttt cgttctatta tcaggtccgg 151980
catacatact acgggcagtg ttataaattt gctcaccgtt atcggccatt aatccctgcg 152040
ttaaagattc tatcgaccca aacaccgcag tagaagccac gttgcttaat acaccagtag 152100
cagtaccgct gccgcgagta acaagagaat cgccaacatc attaaattta tggctaaccg 152160
aatcaacgtc tgacttagac cgtggtaata gaatattagc taccggcgca gtacttgtag 152220
tagaacttga tgaattagcc agtgctgaca ttggtgaatc gaatacagac gataacatta 152280
catctcgtct aaatgaacgc aaatcaggag tagttcttcc tttaaaatca tatgctgtga 152340
ataataatcc gttacgatac aagtcatgta ctctcatatc ttgtgcggaa tcgtttccgg 152400
ctgagcgttc ggccggaaac tgcgccacct tagtggtagg cgcattcgtc agtttagatt 152460
taccttggga aattcgagtt cctgattttt tgatgttttc aaggccatcg gccagttctt 152520
caaaaatcat tgtttttcct taagaggttt tcatagcgcc ttgcattcca ggagcagctg 152580
ttgaagtctg tggaggcgtt ctataaacgt atgtgctatt cttatttaca gcggtattaa 152640
cctgaatagg ttgcgactgt gtattagatt cacgtgtacg agctgcttca cgactatctg 152700
cggcggcttt aatagaagca gactgcttaa cctcaggctg ttctgttgca ggtatagctt 152760
cggcagttgg agcaggttct gatattttag aatcaagaag cttttgcaat tggtctaatt 152820
caacctttaa atcttttgca acttctggag ataatttctc caattcttta tatctggtgg 152880
ttgtgctttg tactgcatcc ttagcagagt ctaatcgagt ggaatcagat gcatcagttt 152940
tttcaacata tgcttttgta cgcttgagtt ctgcctcagc attattacga gctgtgatga 153000
ttttgaggcg ttcgtcttct ggcaagtctg catacgctga ctgcttttc tctccgctca 153060
gcaatttatt atattcatcg tcatcaatct gaccggtgaa tttttggaat ttagcagaaa 153120
gctttctttt ccattcaggt tgttcgtcat attctctttc ttgacggtca acatattttg 153180
ctctcatttt agcatcttct tcatctagtt ctgccccagt aacagtttga aatctgtcta 153240
aagcagcgcc ttcaatgtta tctgccgaat cgttaaatcc taatgcgcgt aacattccag 153300
cgagaagctt actcattccg agcataatag tttctccgag cttgtcaatt acatcaacca 153360
agccagaacc aatggcttta gctaatccgc cccaatcccc tttgacgaat gattttacta 153420
tttcattcga catctcgctt attgctgtta atagcggacc ccattctttg gcttgcttgt 153480
taaattcaac aaagttcttt tcgaacagtt tagtccaata attaaaatga actttaatta 153540
aatctataag cattatcacg cccaaaacca tggcggcagt tttcgccatt tgagccaaag 153600
cgctaacagt atagctaaat agcatgctgc taattttatc tgttaatgaa atagtttttc 153660
caaaaccaga tttaacactt ttaattaatt ctccaaattt taggccaaga aacttttttat 153720
tcttatcctc agtttctttg ttaggttctt ttctttcctc ttgctcttct gtgttaggaa 153780
agaaatccgc gtcaggacgt ctatcatcct gtggaggaat aagcctttcg agtaattcct 153840
ctagcggctg ctgaaccgga gcatcaggta cttgttccgt tattgtttct aacgatgttc 153900
cagtaccagt cttttggaca tcttgctgaa catcatgctt tttagataac aagtcggcaa 153960
gtttcgtgag cttatcatta attaacgatg ctgtatcatt tagtttagag acagcatctg 154020
ttgtgcgttc tgaagcttca gcagttaatt caacaccagc tgaaacatct tctactgatt 154080
tgataatttc atttgattta gtttctatta catccgaaat caaatcagta gacgcttgtt 154140
ggtcgtctaa gcgacgacca atatcttcta gcgtattaat ctgagcatca gcttgagact 154200
cagccttttt ctgtggagcc gagtcagcaa taactcttct acgcattgaa ttcatttctg 154260
atttcttagt cattcaaata tttccattac gttaagcatg cctttgattg gtccttcagg 154320
tccatcaatg gctatagtgt ttactaagtc atcagcccac tttgttacaa aagctggaag 154380
cttcataaag tttatatcca ttggttttcc atctactgat tcaagaaatt cgcttaaaat 154440
tgaatctact gaacctagtt tggaataacg aggaggagct ctgaatttga attctttacc 154500
atctaaccgc tgagttaatc gttggcaaat gtaaacttta ttcaaatcgt aggtaaaatc 154560
atctttaaca accgtttctt ttattcggtt gttaaatgct aataaatgta gtacaacgat 154620

atcggattcg gctgccgtta atcctgggca aattgaatct aaaagaagat tcatgttttc 154680
gtctggtccc ttaacatctt tcatcagatt atggtgcttt aatccaagtt ttggaattga 154740
tatcgtcttt tcgtttatta ctatttttctt aataggaaga atcacgttta agttcatttt 154800
tcaccttaat caaatctaca ggttcaaggg cagagccatt tgtgaacata tataagttag 154860
ttatagatgt gttatttgat atttcatgga taacttcatc tacataaaag tcagttctga 154920
actggtcctt taaatcaaca aaattgattt tcattccagg agttagttca aaattaccgt 154980
aacatttagt ttgagcatac ccgtcatatt gagccatcgt agaaatgcgt agtgcttctt 155040
catagccatt tctaaaaatc atgtcagaat atccgcctga cctattaatg aatacgctgt 155100
tttggccttc tccattaata attcgggtaa catctttgtc cacaaacgag tgtgcataaa 155160
atgttgcgtt tttcatggga tttctattat atctgtttga tttaacaagc cattcaaaat 155220
cccatgccaa tggatatttt aatcctgctg caaactgacc tattgtttga ggagctccaa 155280
acatgaatac atttgggttc tgggatatca ttgattcata atccatcatg ttaatcccag 155340
tgatatcttc ccatgcaaaa ataaattggt cgttatcagt agaaatgcct acgtttctaa 155400
cgtatcgcaa gtaatctttg agagtactag tccatggaac tcgtgggacg taggcgttaa 155460
ttccgttgat aggaggagca atcaatggtt ggtcaacata catcgcgcct atcatttctt 155520
ttatagtttc atatgcagaa ctaaaaaacg ctctactgaa cttgagattc attatgtcat 155580
gcagcgttcc aagctgaagg gtgataatgc tatcaccttt atcatcaaca ccgactgtaa 155640
agtgtttaat tccgtaaatt cgagtttgcg ttcttgatgt gttactgttt gcaacagata 155700
tttgaactag ttcatcaccg ttcatacgcg tgtgcatatt tttcgaatca taaaactgaa 155760
gtagaccctc attagtcccg cgtaatgaat ctctcattgt taatgtaata aatgtagctg 155820
ctaattcaac gaatctatta gctagccacg catcatatcc agaatataat tttatgctta 155880
tattaggata tcctaatctt tgtgctgtca tgatttaagg tccttttcaa taagcgataa 155940
ggttatgcca cgttctatag gcagcatttt cattatagaa ttcaaatcgt atttaccctg 156000
agaaaccaat ctatggttaa tctgataaaa tgtgaaaatc tcgtcaggat gtagcaatag 156060
cttaaaaata tcgacaatgt tatcatattt taatattgtc gtggtatcac agcatgatgt 156120
ttttaattca aaattaaagg gcttcatctg tgataaaatc ttttccaagg tttcaacatc 156180
tatagcatcg ataacggtca atttattgct atcgctcaat tcattccatg cgtattcccc 156240
agatgaatcc ttcacagata taatgttatc taaaatcatt ttacctgtat cgtcaattat 156300
ttctatgggt tttttgaact tgagcgttaa tccagcaacc tctacttttg gatttaccaa 156360
tggaggttgg ttaagattaa aaagatactg cttatatttt ccgcattttg ggcacttcat 156420
tctgacaggt attttggttt taccaatact tgaaagaaat accttaagaa atatataagg 156480
acgatactcg gcaggatggt catgaaaata atcatccatt aattctgcta taagttgttt 156540
ttgttcttct tcagacttgg tgttcatgtc gtttctaacc aataaaaggt ctctataatc 156600
ttctactgta aatggcttaa aacgttggac accatctggt aattcgcatc taactatatt 156660
ggccataagg taatcctctt tatactattt ataaataatt gaataagagg agtggatatg 156720
aacatcacat acaaatttga aacaagaata aatggcaaga atatccagtg ccgagctttt 156780
acactagaag aatacgctaa tttaattgca gcgaagaaaa acggcacaat cgatgaatgc 156840
attaaagcat tgctcagaga atgcactaat gccactgaat taaacaaaca ggaatcggaa 156900
ttacttatag ttatactctg ggcccatagt attggcgagg ttaatcacga ggtgacctgg 156960
aattgcacct gcgggcgtaa aattcctgtg ccattaaatt atacacacgc gcaaatcgat 157020
cctccagaag acctctggta tgacttaaag ggatttaaaa taaagttcaa gtatccgagt 157080
ctttttgacg attcagacat tccaatgatg atatcaaaat gcatagatta tatcgtggtt 157140
ggaaatgagc agatttactt taatgattta aacgatgcag aaatcgatga tttatattct 157200
gctattacaa ccgaagatgt agttaacatc aaaaatatgc tattgaagcc gcaggttcaa 157260
ttagcagttc ccattacttg tgaatgcgga atttctcaca ttcatgtaat taaggggctt 157320
aaagaattct ttaagattat gtcatgagca atatcgataa attatattct gaccttgacc 157380
cagagatgcg acttgcttgg gatactgatg tgtcaaaaac ggtaggagca cgatcggtta 157440
aaaatagcct tcttggaata ataaccacca gaaaggggtc tcggccattt gacccagcgt 157500

ttggctgtga tatcacaaac gaattatttg aaaacatgac tccattaact ggtgatacga 157560
taaagcgtaa tatagtctct gccgtgcgta attatgagcc taggattaat cgtctatcgg 157620
ttgatgtgct tccgttatat gacgataatg ctataattgt tacggtgcag ttttctatag 157680
tagacgaccc tgatacgcta gagcgtatac gcatacagat gcgtagtaat gctaactcta 157740
gcagtagagt ataatgggac tagtccttcc aaagaaacag tagagtggag atagaatgag 157800
attagaagaa ttacaggatg aattggataa tgatttgatt atcgaccaga ctaaactaca 157860
gtatgaagcg gctaataacc ctgttctgta tggtaaatgg gtgcgtaagc actcgacttg 157920
tcgaaaagaa atgttaagat tagatgccct caaaaagcaa aatcttaaag cacgattgga 157980
ttattacact ggccgtggag aggttggtgg tgaagtatgc atggatgtat atgaaaaatc 158040
agaaatgaaa actgttttaa gcgctgataa agaaatcttg ggtgtagata ctaaattgca 158100
atattgggga attcttttgg agttctgtag cgatgcaatg gatgctatca agtcacgagg 158160
ttttagcatt aagcacatta ttgaccttcg tcagtttgaa gctggcgcgt aataaataaa 158220
cttgtaaact aaggagacaa tcatgtcgaa tacggtatgt gtcgtctgta aaggaccaat 158280
cgatgaagca ttggttgtcc aaacagacaa aggcccggtt catcccggag cttgctataa 158340
ttatgcgatt gaattgcctg tcactgaaga cacagaagag caattacaag aaacgcagct 158400
tttaatttag tctagtgttg atgtagccaa ttggctttgc cccttccttt cggttggggc 158460
ttttttatat cagaagtctt cgtcttcgtc atcttcagaa tcagcttcaa gagcctgtct 158520
acgccccgcc aaagcatccc gcacaatgat gtcatcagaa tcagcaagag tagtttcttt 158580
agagcgctta tcgtaatact tctcgagttc tttcagacca tctaaggttt ggcaagcatt 158640
aattttactc atgaagttat cgatagtagc ctcacgaatt gtggcttcgt aaatatcttc 158700
aaatttaatc atagatttac cgttttcatt acgtagttaa atttttcatc agcatatcgt 158760
tgaatacgct ctaatgcatg ttttaagcaa tagtttaaat gtgtgtattt ctttttagca 158820
ttggctgact tcggctttac gcccaggtca tcaatgatat cccacactgt agccaaagat 158880
ttatctttat gcttacgaag aacacgacca atagtttgga gtacgataat cttcgattta 158940
actggatggg ctaaaattac atgatgcagg tttttaacag aaatacctgt agaaaataca 159000
ccgtagcttg cgacgataat aattcccttt ccgttttctg ccatagcctt taaagcatta 159060
cgtgtttcgg tattaacttc gcctgacaca taatatacat gctcatgacc cgcagcttta 159120
atcatctcga acagctcttt accatgagct acatgtttaa acatcacaaa ggcattttcg 159180
tcacgcgctg caagtttagt agcaagatta gcaatccaac gatttctttt cttaacattg 159240
gtgatgaatt taatttcttc ttgatacgtt ttgccttta aagcgtttgc ggctgcatct 159300
gggtatctta agaagattgt attaatttta agctcagtta cttgtccatc ttccattaac 159360
ttagaagttg atactggacg gaagatttca ccaaacatac caacatattg catgatatta 159420
gctttgccgt ctttaagaga accagacagt ccgtacttaa acatgcaatt tgtaagacct 159480
gcaatgattg ttgaaattga ctttcctgtt gcaagatgac attcatcatt catcatcatg 159540
ccgaattgag aaaaccattc tttaggctgc ttaacagcgg tctgccaggt agatacataa 159600
actaatgcat tcgaatcacg agcagtacca cctcgaatac ccagcatagc attgcgagga 159660
aataaacgat aatcacaaaa atcatcaatc atctggtcaa ctaacgctgt ggtaggaacg 159720
atgataagaa ccttgccttc gtaattttct acataatatc gagcaagtaa tgcctggata 159780
agagacttac cagcagatgt tggaagatta agaattctac gccgattaac tagaccttca 159840
tatacagcat ctttctgata ccagtgaggt tcaatcttag ttaatcctga ataaatttct 159900
ttagttgata accaattatc aaaatcctcc cgcgaaagag tttcttgctc gaatatagct 159960
ggatcgaaat aaaccttata tccgaattgg tcagcgaatt ttctgatttg gccaacaaga 160020
ccaaacggta agagacgatt ataatctagc agacgaattc gtccatccca atgtccatag 160080
cgatatttcg ggttgaatct gtatccatcg gcttcgaagc taaaatagtc tctgagttca 160140
tagaaaatcg agtcatcaca ctcaatatga acatgactaa aatctttaaa tttgacttgg 160200
atgtcgtgca ctgtactatc ctcagttata aatacaatca tatttataca ttacatgagg 160260
cacacccaat gctagataaa gactatatta aagaaattca ggcactcgat aaaaaagaag 160320
ctaaagataa gctcgacgag tatgcccaaa ctttcggtat taaactgaaa aagacccgtt 160380

catttgacaa tatggttgct gacttagaaa aagaactggc taaattggcc aatgagccta 160440
tgccagaaga taatgatggg ctgtcaattg ctgatttaat tcaagcagat gatgaaattg 160500
agggtaaagc agtatttaaa gatgaagcgt ctgatgaggc aaaactactg tttgacgctc 160560
cagttaatgt tggtattaaa attcatgata ttgacccagg tttttataaa gaaaccccta 160620
aggtaaatga cccagggttt gaagtaaaaa caccttctat caatgataaa ggattttatg 160680
ctgaagctcc tattggagac agcgttattc atatagatga tgaaggacaa gttaccaata 160740
ttccggttag tatcacggac cctgaagaat tctccaaagc aatggacaaa gtagttaaaa 160800
ttattaaaac agacgaaatc attgagcttc ctgaaaactt tagtccaaat atgcaattgc 160860
taggtaagaa cccaggatat attactcttc catggtggat ttaccaatgg attaaagata 160920
acccagattg gaaatctcgg ccaacgtcgt ttgaacaccc atcagcacac cagacactgt 160980
ttagtttaat ctattacatc aaaagaaacg ggtctgttat gattcgtgaa acacgtaatt 161040
cttcatttgt aactttaaaa taaggaacac ctatggctta tagcgtatct attgctcctt 161100
tggctgcttc ggcagtcatt ggagcaacaa ccaattttac tgcaacaact tctggagccg 161160
cagctgaagg cacagaaacg tttgtatgga cagtaaatgg cgtaaaacaa tcttctgtca 161220
ctgcagctat gaattatgtc actgcaggac ctgccggtag taagactgtt aaagtagttg 161280
ctactgttac cccagcagag ggtgaggtag aaaccgctga agcagaaact actttgacag 161340
ttaagaacaa aactatgcct gcgattactt taactttgag cccgacttct gtttctaaag 161400
aaattggaca atcacaagta gtcacggctg atgttactgg cgcaccgtca ggagcaagca 161460
ttgcttatgt ttggaaacgt ggctcttctg ttatttccgg tcaaactggt aaaacaatta 161520
ccttaactga atcaacggaa accagctaca cactgaattg tgaagtgacg gtttctgctc 161580
cagactataa taatggaact gcaactaaag gtattgctgt tgcttttact aaaaagacca 161640
tgagtggtgt ttcagttact ttgagcccaa cttctgtttc taaagaaatt ggccagtctc 161700
aggtagttac ggctaacgtt gttggtgctc cagaaggggc aagtattgct tatgtctgga 161760
agcgtggtac tgtcgttatt gaaggtcaga ctgctaaaac gattaccata actgagtcag 161820
cagaggctaa ttatactctg aattgtgaag caacagtttc tgcaccagat tacaatccag 161880
tgactgtaag caaaggtgct agcgtaacca tcactaaaaa gacaatgagt ggtgtttcag 161940
ttactttgac tcctgaatct attacagtcg agcaggggtc tgatgcatct tttaaagccg 162000
acgttatcgg ttctccagaa ggtgcatccg gaacttattc atggaccaaa gacggttccc 162060
ctgttgaagg ttcaactagt actttagtga ttgacacgtc tgatataggg tctcaagtga 162120
ttggggtttc tgttgaggtt tccgcagaag attataactc agtcacagta actacaactg 162180
gtaatgtaac tattaccaaa agggtagctc ctactcctaa cggagagctt ccgtatattc 162240
atcctctgcc gttccgtgaa acagcttata tctggtgcgg ttggtgggta atggatgaaa 162300
tccagcgaat gactgttgag ggcaaagatt ggaaactcga cgaccctgac agcgattatt 162360
acctacaccg atatactctg gctaaaatgc tagacgatta tccagaagtc gatgtacaag 162420
aatctagaaa tggatacatt gttcatcgta ctgcgctgga agcaggtatt atctatcctt 162480
aatattcggg agccttcggg ctccctttt gctattcata gactggttta atatgtcttc 162540
atcacataga tgaggttatt atgaaagcaa tacaagctca cttgatgcat gaaagtggta 162600
aagatttcca agaaattgcg agagcattag atatcactcc agcggaagct gctaaattgt 162660
gggtctcagt tgagaaagca cacgaacggt ttaagcaaaa agaaaaagtc gtatatcgga 162720
aacgcttaac aaacgttggt ataaaatctc gtcataagaa acttgttaaa cacatgagga 162780
ctttatgatg tctaaagtag acccaattgt agtagaacga tttgaagaaa tgctttctaa 162840
gaaatttacg ccagctgcta atggggtaaa tgtctggttg tttgcatcta aatttgttag 162900
taaaatgatg gctgttcaga gttcttacta ctataaaagt ggtgcacgta aaataacgga 162960
tttgattaat gaacggtatg gaaaaattga ttggatgctg atggataaag atattccatt 163020
agtacttgag gttggaagca aaagtcaatt tgaaatcatg ctaactaaaa gcggatatat 163080
catgtatcgc ttcgtgccga gcggttatta attgctttaa aaatcgatgt ggtataatgg 163140
gctcagggga aatcctctga taccattatc cttatcccaa gatagatgga ctcctggttt 163200
tatattattt attgagagaa aaattatgaa ccttgcagat agaatggcta atacagctat 163260

taatgttgct acagaagaat tgagtgcagc aaaagaagaa gtattaaccc agattgagaa 163320
aaccgcttta gcgggtaagc gtgagctaat tatgtatcct agcagtttag ttaagaaaca 163380
tatcacaaac gttcttaatt atttgcatga tgaaggattt gttacaaatt ataccagtgc 163440
ccagcgtaat ggtgatactg actttatgaa aatcacattc taaggaaatt ataatgtttg 163500
caaaatattc tagtctcgag aaccattaca acaataagtt catcgagaag attcgtggtg 163560
ctggttttga tatgcatact gttgagtggg tggctcgtga gaaaattcat ggcactaact 163620
tcagtgtgat tattacccct accgaaattg ttccggctaa gcgtactggt cctattttag 163680
aaggtgaaag cttctttggt catgagatta tcatgaagaa gtacaaggat tctttcgtta 163740
agatgcagaa catgctgaac accatggatt tagtatctgt tcaaatcttc ggtgaatttg 163800
ctggcggtgg tattcagaaa ggcgtagatt atggtgataa agatttctac gtgtttgata 163860
tcctgtcgga ttccggtaac gaaaaagttt attgggacga ttatgtagta gaatcgtttg 163920
ctactggtct tggtcttaaa ttagctccac tgcttggtcg tggttcattc gctgagctat 163980
ctcagtatgt aaatgacttt aaatctattg tcaattacta taatgaactt gttgacacga 164040
ctgaccttga acatgcaaat aaacatgtgt tcggtccaca ggcttcttct gaaaccggtg 164100
tagctgaagg ctatgttctt aaaccggtta atcctaaatt ctttaataac ggtacccgtg 164160
tagctattaa gtgtaagaat tctaagttca gcgagaaagc taaatctgat aagcctatta 164220
aagctaaggt tgaactcact gatactgata agcgtgttct ggaaatcttt tccgagtatg 164280
taacctggaa ccgtgtaagt aacgttctgt ctcatattgg tactgtaact gccaaagatt 164340
ttggtcgagt tatgggactg actatgaaag atatcattaa cgaagcagct cgtgaaggtc 164400
atgacatgct attcgctgat aatccttctg ctgttaagaa agaactgact actttaattc 164460
aaaacactat tcgtagcaaa tggcatgagg ttttagaata atgaggctgg cgctgattgg 164520
ttcaagagaa gcgccacgca gagttctgag tctaatgact ataatcggtc aacgcctctc 164580
ggaagagggg cattttcat attcaggtgg agctccgggt tcagatgaag cgtggttggc 164640
gaaatacgat aggtcaaatt cttgtaggat tattccttat tctggctttt gtggccatgt 164700
tcctgataca ggtgttgttg tatggtctga attatcaaac gaagccaaaa tcaaaagcat 164760
cattaaggcg agagaagtta cgtcgtactg ggatgaatgc tcgaagatag tacagacact 164820
atttgcacgg aattctatgc aggtattggg cctagaatgc actgagcctg tagataaggt 164880
attatattgg gcgcctgaaa aaagatgtgg gagtgtatct ggagggacga gagtagctgt 164940
tgatatagcc cgtagacatg gaatagaatg cgtcaacctc tatgataaga atgtgtttaa 165000
atccctcgag gaggaatact ccccgaggtt tgacatattt agtttataac aaaaagggga 165060
gccgaagctc cccataaatt agtccgcaat aagcttaggt aacttaacac cgagcagtac 165120
agacatctta cttcttcctg ccatcttatc catatccgca gcattaatca cacgagcttc 165180
gtcctcgtcc aatcctacag tatatgggtt aactgacaat gcatatcgta ccagtaaagc 165240
aacagaaggc tgcaagctag ctgggtcaac aataacttta aatgcaccaa catgctcagg 165300
gtcgtctaaa tccaagcctt cggtatatgg cgcataaaat aaagaaccta cagtttcctt 165360
cccaccaaat tctgccttaa caccaacaat aacgtaatca accggactgt tagtatcaca 165420
ataaagaggt aaaccgttat tcagcatacc gtatgcgttt tccggaatac ttccatcatt 165480
cttctgtgtt aaccaaccgg aagctgcaag caccgcagca caacgagtag atgctactgc 165540
ataagtacca gaataagaag tattacgttg aactgctgaa ttcatttcac aaatgaaacg 165600
atacagagta cgaccttgtt ccggagcaga atcttgttta gttaaatcta atacacctt 165660
atcggataca ccagctactt taaaccgaga agaaaccgta atcaatgatt gcaagatgtc 165720
tttattaatg tcttctgcca tttcagtagc aagtaaatca tcaataagtt ctggagcatc 165780
gaacccatta gcttctaaat cttgagctaa ttctaccgtt aaatctgttt taagcttacg 165840
tgatttaacc tgggtctgcc atttatcaat tttaaaactg gcttcggtga ttgggtctga 165900
atcgggtcct tcaaattttt cagtgactgc agcatctgac aacatacgaa tattattagc 165960
tgctactgct tcagacacaa ttccaaattc atcggtttct gctgtatcgg taaacgggct 166020
atctttaagt actttaaaga ccacattctg atatttgaac atatcgtctt tattgaatga 166080
gtctttattt gccatagtga gttcttcaat tgactcacgt tctggcgccc cgatttgacc 166140

tgcataagtt gcacccgtat taaacgtcag gtcaccatta gggttaagat atttgatacc 166200
atatagcgct gctacaggct gtttagtacg ctgtgtagca acaagatcgg tatagattaa 166260
tttagtagtt gcgcgcgtta atgcaacgag attagggcga ccaattaagt tgctactcgt 166320
tgtagttgac tcgcgcagaa gttcgttgat tttagccatt gcgctttcct ctgtggattt 166380
ataagtttat ttatatccat taaaacaact aaagggagcc cgaaggctcc cttattggta 166440
ttagatacct ttaacccata cacgacggaa gtaagcattc ttaccaacag agttgacgat 166500
agaaggcata ccagaggtaa tacgaccttt cggctgttga gcagcagaat cggcgaacgg 166560
gttaataccg ataccgtaac gggttttgaa ccccatgacc ggttggaagt tcttcggatc 166620
ggaaccacgc agcggggtca gtgcaacata cggagcatag tagataccag catccattt 166679

<210> 782
<211> 440
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 782

Met Lys Lys Asn Lys Leu Ile Glu Lys Trp Gln Pro Leu Leu Glu Asn
1 5 10 15
Glu Ala Leu Pro Glu Ile Val Gly Ala Ser Lys Lys Ala Leu Ile Ala
20 25 30
Lys Ile Phe Glu Asn Gln Glu Ala Asp Ile Asn Gln Ala Pro Glu Tyr
35 40 45
Arg Asp Glu Lys Ile Ala Glu Ala Phe Gly Ser Phe Leu Ser Glu Ala
50 55 60
Glu Ile Gly Gly Asp His Gly Tyr Asp Ala Gln Asn Ile Ala Ala Gly
65 70 75 80
Gln Thr Ser Gly Ala Val Thr Gln Ile Gly Pro Ala Val Met Gly Met
85 90 95
Val Arg Arg Ala Ile Pro Asn Leu Ile Ala Phe Asp Ile Cys Gly Val
100 105 110
Gln Pro Met Ser Asn Pro Thr Gly Gln Val Phe Ala Leu Arg Ala Val
115 120 125
Tyr Gly Lys Asp Pro Leu Ala Ala Gly Ala Lys Glu Ala Phe His Pro
130 135 140
Met Tyr Ala Pro Asp Ala Met Phe Ser Gly Gln Gly Ala Thr Glu Lys
145 150 155 160
Phe Glu Ala Val Lys Ala Gly Ala Ala Leu Thr Val Gly Asp Ile Val
165 170 175
Val His Asp Phe Ala Gln Thr Gly Arg Ala His Leu Gln Val Val Glu
180 185 190
Asp Phe Thr Val Asp Ala Gly Ala Thr Asp Ala Ala Lys Leu Asp Ala
195 200 205
Ala Val Thr Ala Ala Leu Glu Ala Gly Lys Val Val Glu Ile Ala Glu
210 215 220
Gly Met Ala Thr Ser Val Ala Glu Leu Gln Glu Ala Phe Asn Gly Ser
225 230 235 240
Lys Asp Asn Pro Trp Asn Glu Met Gly Phe Arg Ile Asp Lys Gln Thr
245 250 255

Ile Glu Ala Lys Ser Arg Gln Leu Lys Ala Gln Tyr Ser Ile Glu Leu
260 265 270
Ala Gln Asp Leu Arg Ala Val His Gly Met Asp Ala Asp Ala Glu Leu
275 280 285
Ser Ser Ile Leu Ala Thr Glu Ile Met Leu Glu Ile Asn Arg Glu Val
290 295 300
Val Asp Trp Ile Asn Tyr Ser Ala Gln Val Gly Lys Ser Gly Met Thr
305 310 315 320
Gln Thr Val Gly Ser Lys Ala Gly Val Phe Asp Phe Gln Asp Pro Ile
325 330 335
Asp Ile Arg Gly Ala Arg Trp Ala Gly Glu Ser Phe Lys Ala Leu Leu
340 345 350
Phe Gln Ile Asp Lys Glu Ser Ala Glu Ile Ala Arg Gln Thr Gly Arg
355 360 365
Gly Glu Gly Asn Phe Ile Ile Ala Ser Arg Asn Val Val Asn Val Leu
370 375 380
Ala Ala Val Asp Thr Asn Val Ser Pro Ala Ala Gln Gly Leu Gly Arg
385 390 395 400
Gly Tyr Asn Thr Asp Thr Thr Lys Ala Val Phe Ala Gly Val Leu Gly
405 410 415
Gly Arg Tyr Arg Val Tyr Ile Asp Gln Tyr Ala Arg Gln Asp Tyr Phe
420 425 430
Thr Ile Gly Tyr Lys Gly Ala Asn
435 440

<210> 783
<211> 270
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 783
Met Leu Lys Glu Leu Leu Met Thr Glu Ala Lys Thr Ile Asp Ala Ser
1 5 10 15
Val Ala Leu Asp Ser Ile Phe Glu Ser Val Gln Leu Ser Pro Glu Ala
20 25 30
Lys Ala Asn Phe Ser Thr Val Phe Glu Ala Thr Val Lys Lys His Ala
35 40 45
Val Ala Leu Ala Glu Ser His Ile Glu Lys Ile Ala Glu Lys Ala Glu
50 55 60
Glu Lys Val Glu Glu Glu Lys Glu Lys Ala Lys Glu Glu Ala Arg Glu
65 70 75 80
Glu Leu Lys Glu Ala Ala Ser Lys Tyr Phe Asp His Ile Ala Ala Glu
85 90 95
Trp Met Ala Glu Asn Gln Leu Ala Val Asp Arg Gly Ile Lys Ala Asp
100 105 110
Leu Phe Glu Ser Met Phe Val Gly Met Lys Glu Leu Phe Val Glu His
115 120 125
Asn Val Val Ile Pro Glu Glu Ser Val Asp Val Val Ala Glu Met Glu

130 135 140

Glu Glu Leu Ala Glu Gln Lys Ala Glu Thr Ala Arg Leu Phe Glu Glu
145 150 155 160
Val Ser Lys Arg Asp Glu Tyr Ile Asn Tyr Ala Gln Arg Glu Tyr Ala
165 170 175
Ile Gln Glu Ala Thr Arg Glu Leu Thr Asp Thr Gln Lys Glu Lys Val
180 185 190
Val Ser Leu Thr Glu Gly Met Asp Tyr Ser Asp Ala Phe Ser Thr Lys
195 200 205
Leu Lys Ala Ile Val Glu Met Val Gln Gly Ser Val Glu Gln Ser Val
210 215 220
Thr Glu Ser Ala Asp Ile Asn Thr Ile Asp Lys Glu Ala Asp Gly Leu
225 230 235 240
Asn Phe Thr Thr Glu Ala Val Glu Glu Thr Pro Ala Thr Lys Thr Pro
245 250 255
Ser Val Met Asp Ala Tyr Val Ala Gln Ala Ala Arg Leu Ser
260 265 270

<210> 784
<211> 216
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 784

Met Glu Asn Leu Asn Glu Gln Leu Leu Ile Glu His Trp Gly Gln Pro
1 5 10 15
Gly Asp Val Ile Asp Gly Lys Pro Met Leu Glu Ser Ile Ile Val Glu
20 25 30
Gly Glu Asn Glu Ser Gly Leu Lys Pro Gly Leu Tyr Ile Glu Gly Val
35 40 45
Phe Met Gln Ala Glu Val Val Asn Arg Asn Lys Arg Leu Tyr Pro Lys
50 55 60
Arg Ile Leu Glu Thr Ala Val Ser Arg Tyr Ile Lys Glu Gln Val Ala
65 70 75 80
Thr Arg Gln Ala Leu Gly Glu Leu Asn His Pro Pro Arg Ala Asn Val
85 90 95
Asp Pro Met Gln Ala Ala Ile Ile Ile Glu Asp Met Trp Trp Lys Gly
100 105 110
Asn Asp Val Tyr Gly Arg Ala Arg Ile Ile Glu Gly Asp His Gly Pro
115 120 125
Gly Asp Lys Leu Ala Ala Asn Ile Arg Ala Gly Trp Ile Pro Gly Val
130 135 140
Ser Ser Arg Gly Leu Gly Ser Leu Lys Asp Ser Gly Lys Gly Tyr Asn
145 150 155 160
Ile Val Gln Glu Gly Phe Arg Leu Thr Val Gly Val Asp Ala Val Trp
165 170 175
Gly Pro Ser Ala Pro Asp Ala Trp Val Gln Pro Lys Gln Ile Ser Glu
180 185 190

Asn Thr Ser Ala Gln Val Ala Asn Ser Ala Asp Asp Ala Phe Met Ala
195 200 205
Leu Ala Glu Lys Leu Lys Ala Leu
210 215

<210> 785
<211> 141
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 785
Met Leu Ile Leu Pro Glu Asn His Glu Leu Val Ile Asp Thr Val Glu
1 5 10 15
Ala Leu Leu Pro Glu Ala Gln Ala Arg Phe Asp Lys Leu Ser Ala Ala
20 25 30
Leu Ser Lys Asp Asp Ile Asn Lys Ile Val Glu Asn Leu Val Val Ser
35 40 45
Glu Pro Asp Leu Ala Ile Ala Leu Gly Ser Ile Asn Glu Ser Leu Gln
50 55 60
Leu Asn Glu Phe Ile Val Lys His Val Asp Ser Lys Gly Thr Ile Thr
65 70 75 80
Arg Thr Lys Asp Arg Lys Thr Arg Glu Arg Asn Ala Phe Gln Thr Thr
85 90 95
Gly Leu Ser Lys Ala Lys Arg Arg Gln Ile Ala Arg Lys Ala Val Lys
100 105 110
Ser Lys Arg Ala Asn Pro Ser Ala Gln Thr Arg Gly Leu Arg Lys Arg
115 120 125
Lys Lys Ala Leu Lys Arg Arg Gln Ala Leu Gly Leu Ser
130 135 140

<210> 786
<211> 74
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 786
Met Glu Asn Tyr Ile Ser Ala Ile Glu Ser Arg Asp Leu Val Ala Ala
1 5 10 15
Lys Lys Ala Phe Gly Ala Ile Met Ala Glu Arg Thr Ser Gly Leu Ile
20 25 30
Glu Glu Arg Lys Lys Phe Ile Ala Ala Ser Val Met Ile Glu Gly Glu
35 40 45
Glu Pro Asp Glu Asp Glu Asp Glu Asp Asp Glu Asp Glu Asp Lys Ser
50 55 60
Asp Lys Asp Glu Asp Asp Glu Glu Asp Glu
65 70

<210> 787
<211> 522

<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 787

```
Met Ala Phe His Ile Leu Asp Leu Phe Ala Pro Trp Glu Lys Arg Asp
1               5                  10                  15
Glu Ala Glu Tyr Lys Gln Gln Ile Asn Asn Asp Leu Glu Ser Ile Thr
            20                  25                  30
Ala Pro Lys Phe Asp Asp Gly Ala Arg Glu Val Glu Ser Asn Glu Asn
        35                  40                  45
Glu Ile Gln Tyr Asn Ser Phe Asn Gln Met Met Phe Gly Ser Asn Glu
    50                  55                  60
Pro Gly Met Lys Thr Thr Ala Asp Leu Ile Asn Thr Tyr Arg Ser Leu
65                  70                  75                  80
Met Asn Asn Tyr Glu Val Asp Asn Ala Val Glu Glu Ile Val Ser Asp
                85                  90                  95
Ala Val Val Tyr Glu Asp Gly His Pro Val Val Ser Leu Asp Leu Asp
            100                 105                 110
Ser Thr Asp Phe Ser Gln Ala Ile Lys Asp Arg Ile Leu Glu Glu Phe
        115                 120                 125
Asn Thr Val Leu Thr Cys Leu Asn Phe Glu Arg Lys Gly Ala Asp His
    130                 135                 140
Phe Arg Arg Trp Tyr Val Asp Ser Arg Ile Phe Phe His Lys Ile Val
145                 150                 155                 160
Asn Thr Lys Lys Met Lys Asp Gly Ile Gln Glu Leu Arg Arg Leu Asp
                165                 170                 175
Pro Arg Asn Leu Gln Phe Ile Arg Glu Ile Val Thr Ala Asp Asp Ala
            180                 185                 190
Gly Thr Lys Ile Val Lys Gly Tyr Lys Glu Tyr Phe Ile Tyr Asp Thr
        195                 200                 205
Gly Lys Glu Ser Tyr Tyr Ala Asp Gly Arg Leu Tyr Ser Ala Gly Thr
    210                 215                 220
Lys Ile Lys Ile Pro Arg Asp Ala Ile Val Tyr Ala His Ser Gly Leu
225                 230                 235                 240
Val Asp Cys Ser Gly Gln Asn Ile Ile Gly Tyr Leu His Arg Ala Val
                245                 250                 255
Lys Pro Ala Asn Gln Leu Lys Leu Leu Glu Asp Ala Leu Val Ile Tyr
            260                 265                 270
Arg Ile Thr Arg Ala Pro Asp Arg Arg Val Phe Tyr Ile Asp Thr Gly
        275                 280                 285
Asn Met Pro Ser Arg Lys Ala Ala Ala His Met Gln His Ile Met Asn
    290                 295                 300
Thr Met Lys Asn Arg Val Val Tyr Asp Ala Ser Thr Gly Lys Ile Lys
305                 310                 315                 320
Asn Gln Gln His Asn Met Ser Met Thr Glu Asp Tyr Trp Leu Gln Arg
                325                 330                 335
Arg Asp Gly Lys Ala Val Thr Glu Val Asp Thr Leu Pro Gly Met Ser
```

340 345 350
Gly Met Ser Asp Met Asp Asp Val Arg Tyr Phe Arg Thr Ala Leu Tyr
355 360 365
Met Ala Leu Arg Val Pro Leu Ser Arg Met Pro Asp Ala Asn Asn Gln
370 375 380
Gly Gly Val Gln Phe Asp Ala Gly Thr Ala Ile Thr Arg Asp Glu Leu
385 390 395 400
Asp Phe Ala Lys Phe Ile Arg Arg Leu Gln His Lys Phe Glu Glu Ile
405 410 415
Met Leu Asp Pro Leu Arg Thr Asn Leu Ile Leu Lys Lys Val Leu Ser
420 425 430
Lys Asp Glu Trp Glu Asp Glu Ile Asn Asn Ile Lys Ile Val Phe His
435 440 445
Lys Asp Ser Tyr Phe Thr Glu Leu Lys Asp Ala Glu Val Met Glu Arg
450 455 460
Arg Ile Asn Met Leu Thr Met Ala Glu Pro Phe Ile Gly Lys Tyr Ile
465 470 475 480
Ser His Lys Thr Ala Met Lys Asp Phe Leu Gln Met Ser Asp Glu Glu
485 490 495
Ile Glu Gln Glu Ala Lys Gln Ile Glu Leu Glu Ser Lys Glu Ala Arg
500 505 510
Phe Gln Asp Gln Glu Asn Glu Glu Asp Phe
515 520

<210> 788
<211> 195
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08 sequence
<400> 788
Met Phe Cys Thr Tyr Leu Thr Ile Tyr Thr Gly Asn Lys Leu Pro Arg
1 5 10 15
Arg Tyr Ile Gly Ser Thr Ser Val Ser Arg Ile Ile Asp Glu Asn Tyr
20 25 30
His Gly Ser Val Lys Ser Lys Lys Tyr Lys Asp Leu Trp Lys Ser Glu
35 40 45
Gln His Asp Asn Pro His Leu Phe Lys Thr Arg Ile Leu Asn Thr Tyr
50 55 60
Glu Thr Arg Glu Glu Ala Ser Lys Ala Glu Leu Glu Leu Gln Ile Lys
65 70 75 80
Tyr Asp Val Val Lys Ser Ser Ser Tyr Ile Asn Met Ala Leu Ala Gln
85 90 95
Pro Asn Gly Phe Phe Gly Met Ser Thr Lys Gly Arg Lys Met Ser Glu
100 105 110
Glu Ser Lys Glu Lys Gln Arg His Gln Arg Leu Gly Ile Lys Arg Pro
115 120 125
Asp His Ser Ile Lys Leu Ser Gly Arg Lys Arg Pro Asp His Ser Lys

130 135 140
Ala Met Ser Gly Glu Arg Asn Pro Met Phe Gly Lys Glu His Pro Asn
145 150 155 160
Lys Gly Lys Lys Ile Asn Gln Pro Arg Met Thr Cys Pro Val Cys Gly
165 170 175
Val Glu Ser Thr Arg Ser Ala Ile Met Arg Tyr His Lys Ala Cys Leu
180 185 190
Ser Ser Ile
195

<210> 789
<211> 163
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 789
Met Glu Leu Thr Asp Ile Thr Arg Ala Phe Glu Ser Gly Asp Phe Ala
1 5 10 15
Arg Pro Asn Leu Phe Glu Val Glu Ile Pro Tyr Leu Gly Arg Asn Phe
20 25 30
Ser Phe Lys Cys Lys Ala Ala Pro Met Pro Ala Gly Ile Val Glu Lys
35 40 45
Val Pro Val Gly Tyr Met Asn Arg Lys Ile Asn Val Ala Gly Asp Arg
50 55 60
Thr Tyr Asp Asp Trp Thr Val Thr Ile Tyr Asn Asp Asp Lys His Glu
65 70 75 80
Val Arg Lys Ala Ile Ile Ala Trp Gln Ala Gln Ala His Ala Gln Gly
85 90 95
Asn Asp Ile Ser Gly Met Thr Pro Ala Asp Tyr Lys Lys Val Ala Thr
100 105 110
Val Arg Gln Phe Ser Arg Asp Gly Lys Thr Ile Thr Asn Glu His Thr
115 120 125
Ile Thr Gly Leu Trp Pro Thr Asn Val Gly Glu Val Gln Met Asp Trp
130 135 140
Asp Ser Asn Asn Glu Ile Glu Thr Phe Glu Thr Thr Phe Ala Ile Asp
145 150 155 160
Trp Trp Glu

<210> 790
<211> 657
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 790
Met Pro Leu Val Ser Pro Gly Ile Glu Leu Lys Glu Thr Ser Val Gln
1 5 10 15
Ser Thr Val Val Leu Asn Ala Thr Gly Arg Ala Ala Ile Val Gly Lys
20 25 30

Phe Gln Trp Gly Pro Ala Tyr Gln Val Thr Gln Ile Thr Asn Glu Val
35 40 45
Glu Leu Val Asp Met Phe Gly Gly Pro Asn Asn Gln Thr Ala Asp Tyr
50 55 60
Phe Met Ser Ala Met Asn Phe Leu Gln Tyr Gly Asn Asp Leu Arg Thr
65 70 75 80
Val Arg Val Val Asn Arg Glu Ala Ala Lys Asn Ala Ser Pro Leu Val
85 90 95
Asp Asn Ile Glu Trp Thr Ile Thr Thr Ala Gly Ser Asn Tyr Glu Val
100 105 110
Gly Asp Lys Ile Thr Val Lys Tyr Ala Asp Gln Thr Val Asp Asp Thr
115 120 125
Gly Ser Val Thr Glu Val Asp Ser Asp Gly Lys Ile Lys Ser Val Phe
130 135 140
Ile Pro Thr Ser Lys Ile Ile Ala Tyr Ala Lys Ser Ile Asn Gln Tyr
145 150 155 160
Pro Asp Leu Gly Ser Ser Trp Thr Thr Thr Ile Thr Ser Gln Ser Ser
165 170 175
Gly Val Ser Ala Val Ile Thr Leu Gly Lys Ile Ile Ser Glu Ser Thr
180 185 190
Val Leu Leu Thr Glu His Glu Thr Ala His Glu Glu Met Thr Lys Thr
195 200 205
Glu Phe Gln Thr Ala Leu Ala Gln Tyr Lys Met Pro Gly Ile Val Ala
210 215 220
Ala Tyr Pro Gly Glu Leu Gly Asn Gln Leu Glu Ile Glu Ile Val Ser
225 230 235 240
Lys Ala Ala Phe Asp Lys Gly Glu Gln Leu Thr Ile Tyr Pro Ser Gly
245 250 255
Gly Gln Arg Ala Ser Thr Ala Lys Ala Val Phe Gly Tyr Gly Pro Gln
260 265 270
Thr Asp Thr Gln Tyr Ala Ile Ile Val Arg Arg Asp Gly Ala Val Val
275 280 285
Glu Ser Ala Val Leu Ser Thr Ser Arg Gln Asp Lys Asp Ile Tyr Gly
290 295 300
Asn Asn Ile Phe Met Asp Asp Tyr Phe Ser Lys Gly Ser Ser Arg Tyr
305 310 315 320
Val Phe Ala Thr Ala Gln Gly Trp Pro Glu Gly Phe Ser Gly Val Ile
325 330 335
Arg Leu Gly Gly Gly Val Ser Ala Asn Glu Ser Val Thr Ala Gly Asp
340 345 350
Leu Ile Gln Gly Trp Asp Leu Phe Gly Asp Arg Glu Ala Leu Arg Val
355 360 365
Asn Leu Leu Ile Ala Gly Ala Cys Ala Gly Glu Thr Asp Glu Ile Ala
370 375 380
Ser Thr Val Gln Lys His Val Ser Ser Ile Ala Asp Glu Arg Gln Asp
385 390 395 400
Cys Leu Ala Leu Ile Ser Pro Pro Arg Ser Thr Ile Val Asn Ile Pro
405 410 415

Leu Thr Arg Ala Val Asp Asn Leu Ile Asp Trp Arg Gln Gly Asp Gly
420 425 430
Thr Tyr Asp Ser Ala Asn Met Asn Ile Asn Thr Thr Tyr Ala Ala Ile
435 440 445
Asp Gly Asn Tyr Lys Tyr Gln Tyr Asp Lys Tyr Asn Asp Val Asn Arg
450 455 460
Trp Val Pro Leu Ala Ala Asp Ile Ala Gly Leu Cys Ala Arg Thr Asp
465 470 475 480
Asp Ile Ala Gln Pro Trp Met Ser Pro Ala Gly Tyr Arg Arg Gly Gln
485 490 495
Ile Leu Asn Cys Ile Lys Leu Ala Ile Glu Pro Arg Gln Ala His Arg
500 505 510
Asp Arg Met Tyr Gln Ala Gly Ile Asn Pro Val Thr Gly Gln Gly Thr
515 520 525
Gly Glu Gly Phe Ile Leu Phe Gly Asp Lys Thr Ala Thr Thr Val Pro
530 535 540
Thr Pro Phe Asp Arg Ile Asn Val Arg Arg Leu Phe Asn Met Leu Lys
545 550 555 560
Asn Asn Ile Gly Asp Ser Ser Lys Trp Gln Leu Phe Glu Leu Asn Asp
565 570 575
Asn Phe Thr Arg Ser Ser Phe Arg Met Glu Thr Ser Gln Tyr Leu Ala
580 585 590
Gly Ile Lys Ala Leu Gly Gly Val Tyr Asp Phe Arg Val Val Cys Asp
595 600 605
Thr Thr Asn Asn Thr Pro Ala Val Ile Asp Arg Asn Glu Phe Val Ala
610 615 620
Ser Phe Tyr Ile Lys Pro Ala Arg Ser Ile Asn Tyr Ile Thr Leu Asn
625 630 635 640
Phe Val Ala Thr Ala Thr Gly Ala Asp Phe Asp Glu Leu Ile Gly Pro
645 650 655
Gln

<210> 791
<211> 612
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 791

Met Glu Gln Thr Gln Pro Phe Asn Val Leu Ser Asp Ala His Pro Leu
1 5 10 15
Asn Asp Gly Lys Leu Thr Val Ile Arg His Pro Ser Glu Met Glu Thr
20 25 30
Lys Ile Glu Asn Gly Val Arg Phe Phe Lys Ser Gln Trp Asp Asp Lys
35 40 45
Trp Tyr Pro Glu Lys Phe Glu Asp Tyr Leu Lys Leu His Gly Ile Val
50 55 60
Lys Ile Arg Leu Gln Gly Glu Asp Pro Ala His Phe Gln Thr Phe Lys
65 70 75 80

```
Asp Lys Asn Asn Lys Arg Thr Arg Tyr Met Gly Leu Pro Asn Leu Lys
                85                  90                  95
Arg Ala Asn Ile Lys Met Gln Leu Thr Arg Glu Ile Val Ala Glu Trp
            100                 105                 110
Lys Lys Cys Arg Asp Asp Ile Val Tyr Phe Ala Glu Thr Tyr Cys Ala
        115                 120                 125
Ile Thr His Ile Asp Tyr Gly Thr Ile Lys Val Gln Leu Arg Asp Tyr
    130                 135                 140
Gln Arg Asp Met Leu Glu Ile Met Ala Ala Lys Arg Met Thr Cys Cys
145                 150                 155                 160
Asn Leu Ser Arg Gln Leu Gly Lys Thr Thr Val Val Ala Ile Phe Leu
                165                 170                 175
Ala His Phe Val Cys Phe Asn Lys Asp Lys Ala Val Gly Ile Leu Ala
            180                 185                 190
His Lys Gly Ser Met Ser Ala Glu Val Leu Asp Arg Thr Lys Gln Ala
        195                 200                 205
Ile Glu Leu Leu Pro Asp Phe Leu Gln Pro Gly Ile Val Glu Trp Asn
    210                 215                 220
Lys Gly Ser Ile Glu Leu Asp Asn Gly Ser Ser Ile Gly Ala Tyr Ala
225                 230                 235                 240
Ser Ser Pro Asp Ala Val Arg Gly Asn Ser Phe Ala Met Ile Tyr Ile
                245                 250                 255
Asp Glu Cys Ala Phe Ile Pro Asn Phe Ile Asp Ala Trp Leu Ala Ile
            260                 265                 270
Gln Pro Val Ile Ser Ser Gly Arg Arg Ser Lys Ile Ile Ile Thr Thr
        275                 280                 285
Thr Pro Ser Gly Leu Asn His Phe Tyr Asp Ile Trp Thr Ala Ala Val
    290                 295                 300
Glu Gly Lys Ser Gly Phe Thr Pro Tyr Thr Ala Ile Trp Asn Ser Val
305                 310                 315                 320
Lys Glu Arg Leu Tyr Asn Asp Glu Asp Met Phe Asp Asp Gly Trp Gln
                325                 330                 335
Trp Ser Leu Gln Thr Ile Ser Ala Ser Ser Leu Glu Gln Phe Lys Gln
            340                 345                 350
Glu His Cys Ala Glu Phe His Gly Thr Ser Gly Thr Leu Ile Ser Gly
        355                 360                 365
Met Lys Leu Ala Asn Met Asp Trp Ile Glu Val Thr Pro Asp Ser His
    370                 375                 380
Gly Phe Tyr Lys Phe Lys Glu Ala Glu Ala Asp His Lys Tyr Ile Ala
385                 390                 395                 400
Thr Leu Asp Ser Ala Glu Gly Arg Gly Gln Asp Tyr His Ala Leu Asn
                405                 410                 415
Ile Ile Asp Val Thr Thr Ser Glu Trp Glu Gln Val Gly Val Leu His
            420                 425                 430
Ser Asn Thr Ile Ser His Leu Ile Leu Pro Asp Ile Val Ile Lys Tyr
        435                 440                 445
Leu Met Glu Tyr Asn Glu Ala Pro Ile Tyr Ile Glu Leu Asn Ser Thr
    450                 455                 460
```

Gly Val Ser Val Ala Lys Ser Leu Tyr Met Asp Leu Glu Tyr Glu Asn
465 470 475 480
Val Ile Cys Asp Ser Ile Val Asp Leu Gly Met Lys Gln Thr Lys Arg
485 490 495
Ser Lys Ala Val Gly Cys Ser Ala Leu Lys Asp Leu Ile Glu Lys Asp
500 505 510
Lys Leu Ile Ile His His Arg Ala Thr Val Gln Glu Phe Arg Thr Phe
515 520 525
Ser Glu Lys Gly Val Ser Trp Ala Ala Glu Asp Gly Tyr His Asp Asp
530 535 540
Leu Ile Met Ser Leu Val Ile Phe Ala Trp Leu Thr Thr Gln Gln Lys
545 550 555 560
Phe Ala Asp Phe Val Asp Lys Asp Glu Met Arg Leu Ala Ser Glu Val
565 570 575
Phe Lys Arg Glu Leu Glu Asp Met Asn Asp Asp Tyr Ala Pro Val Val
580 585 590
Phe Val Asp Ala Val Asn Ser Ala Glu Tyr Ala Pro Gln Glu His Gly
595 600 605
Leu Ser Phe Val
610

<210> 792
<211> 169
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 792

Met Ser Glu Leu Gln Leu Asp Met Ala Lys Leu Leu Asp Ile Glu Gly
1 5 10 15
Ile Pro Gly Ile Glu Gly Gln Glu Ile Pro Val Tyr Glu Lys Leu Glu
20 25 30
Leu Val Glu Val Lys Ser Asn Pro Asn Asp Arg Lys Pro Asp Leu Glu
35 40 45
Asp Asp Tyr Ser Val Val Arg Lys Asn Met His Phe Gln Gln Gln Met
50 55 60
Leu Met Asp Ala Ala Lys Ile Phe Leu Glu Thr Ala Lys Asn Ala Asp
65 70 75 80
Ser Pro Arg His Met Glu Val Phe Ala Thr Leu Met Gly Gln Met Thr
85 90 95
Thr Thr Asn Lys Glu Ile Leu Lys Leu His Lys Glu Met Lys Asp Ile
100 105 110
Thr Ser Glu Gln Val Gly Thr Gly Lys Gly Ala Asn Pro Gln Gln Gly
115 120 125
Met Asn Ile Gln Asn Ala Thr Val Phe Val Gly Ser Thr Ala Asp Met
130 135 140
Met Asp Glu Phe Gly Asp Ala Tyr Glu Ala Gln Glu Ala Arg Glu Lys
145 150 155 160
Ile Val Asn Gly Thr Asp Ser Thr Val

165

<210> 793
<211> 274
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 793

Met Phe Gly His Trp Tyr Asn Ser Ser Leu Arg Arg Tyr Ile Val Leu
1 5 10 15
Leu Gly Asp Leu Phe Ser His Val Gln Ile Ala Arg Trp Arg Glu Asp
20 25 30
Thr Gly Leu Lys Tyr Ile Lys Val Pro Ile Thr Tyr Ala Ser Lys Glu
35 40 45
Lys Phe Leu Ser Gln Leu Gly Lys Trp Thr Ala Ile Gln Ser Thr Glu
50 55 60
Asn Lys Ala Lys Ile Glu Thr Val Leu Pro Arg Met Asn Leu His Leu
65 70 75 80
Val Asp Met Gln Tyr Asn Ala Met Tyr Lys Thr Ser Gln Leu Asn Arg
85 90 95
Thr Lys Ser Tyr Lys Thr Pro Ser Lys Ile Thr Ser Gln Tyr Asn Pro
100 105 110
Thr Pro Ile Lys Met Ile Phe Glu Leu Gly Ile Tyr Thr Arg Asn Gln
115 120 125
Asp Asp Met Tyr Gln Ile Ile Glu Gln Ile Val Pro Tyr Phe Gln Pro
130 135 140
His Phe Asn Thr Thr Ile Thr Glu Leu Tyr Asp Lys Asp Thr Ser Phe
145 150 155 160
Asn Arg Asp Val Arg Ile Val Leu Gln Ser Phe Ser Gln Asp Glu Ala
165 170 175
Val Asp Gly Asp Asn Ile Thr Arg Arg Arg Leu Glu Trp Ser Leu Met
180 185 190
Phe Glu Val Asn Gly Trp Leu Tyr Pro Pro Val Ala Glu Ile Asp Gly
195 200 205
Glu Ile Arg Thr Ile Tyr Leu Asp Phe Phe Ala Asn Ser Lys Glu Leu
210 215 220
Thr Pro Glu Gly Asn Phe Glu Ser Val Asp Ser Glu Val Thr Pro Arg
225 230 235 240
Asp Val Gln His Glu Asn Trp Asp Gly Ser Ser Lys Gln Thr Tyr Ser
245 250 255
His Asp Ile Pro Ile Pro Val Asn Pro Glu Ala Pro Gly Pro Arg Gly
260 265 270
Glu Lys

<210> 794
<211> 258
<212> PRT
<213> Unknown
<220>

<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 794

```
Met Ser Thr Phe Asp Ser Arg Leu Phe Ala Lys Leu Glu Asp Tyr Arg
1               5                  10                  15
Gly Tyr Asn Lys Thr Asn Glu Thr Glu Ile Leu Asn Pro Tyr Val Asn
            20                  25                  30
Phe Tyr Asn His Arg Asn Ser Gln Thr Leu Ala Asp Ala Leu Ser Ala
        35                  40                  45
Glu Ala Ile Gln Met Arg Gly Ile Glu Phe Tyr Phe Leu Pro Arg Glu
    50                  55                  60
Tyr Asn Asn Pro Asp Leu Leu Phe Gly Glu Asp Pro Ser Ser Lys Phe
65                  70                  75                  80
Thr Lys Ala Trp Lys Phe Ala Ala Tyr Leu Asp Ser Phe Glu Gly Tyr
                85                  90                  95
Ser Gly Asp Asn Thr Phe Phe Ser Lys Phe Gly Met Met Val Asn Asp
            100                 105                 110
Glu Val Asn Leu Thr Ile Asn Pro Asn Leu Phe Lys His Gln Thr Asn
        115                 120                 125
Asn Ser Glu Pro Lys Ala Gly Asp Leu Ile Tyr Phe Pro Met Asp Asn
    130                 135                 140
Ser Leu Phe Glu Ile Asn Trp Val Gln Pro Tyr Asp Pro Phe Tyr Gln
145                 150                 155                 160
Leu Gly Gln Asn Val Gln Arg Lys Ile Thr Ala Gln Lys Tyr Ile Tyr
                165                 170                 175
Ser Gly Glu Gln Leu Gln Pro Glu Leu Gln Arg Asn Glu Gly Ile Asn
            180                 185                 190
Ile Pro Glu Phe Ser Glu Leu Asp Leu Glu Pro Ile Lys Asn Ile Asp
        195                 200                 205
Ala Leu Ala Asp Ile Ser Asp Ile Gln Tyr Ala Glu Ser Asp Glu Ile
    210                 215                 220
Asn Lys Glu Ala Ser Glu Tyr Val His Pro Tyr Tyr Val Asn Asn Gly
225                 230                 235                 240
Arg Gly Leu Glu Ser Pro Pro Lys Ala Asp Ser Phe Asp Asp Gly Phe
                245                 250                 255
Phe Glu
```

<210> 795
<211> 313
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 795

```
Met Ser Tyr Asn Thr Tyr Asn Pro Lys Thr Leu Lys Asp Ala Ile Leu
1               5                  10                  15
Arg Arg Leu Gly Ala Pro Val Ile Asn Val Glu Val Thr Glu Asp Gln
            20                  25                  30
Ile Tyr Asp Cys Ile Gln Arg Ala Leu Glu Leu Tyr Gly Glu Tyr His
        35                  40                  45
```

Phe Asn Gly Leu Asn Lys Gly Tyr Gln Val Phe Tyr Ile Gly Lys Asp
50 55 60
Glu Ala Asp Asn Ala Arg Phe Leu Asn Gly Val Phe Asp Leu Arg Gly
65 70 75 80
Arg Asn Val Phe Ala Val Thr Gln Ile Val Arg Thr Asn Val Gly Ser
85 90 95
Leu Thr Ser Met Asp Gly Asn Ala Thr Tyr Pro Trp Phe Thr Asp Phe
100 105 110
Leu Met Gly Met Ala Gly Ile Asn Gly Gly Met Gly Ser Ser Cys Asn
115 120 125
Lys Ser Tyr Gly Pro Asn Ala Phe Gly Ala Asp Leu Gly Tyr Phe Thr
130 135 140
Gln Leu Met Thr Tyr Trp Ser Met Met Gln Asp Leu Leu Ala Pro Leu
145 150 155 160
Pro Asp Tyr Trp Tyr Asn Ser Asp Asn Glu Met Leu Lys Val Met Gly
165 170 175
Asn Phe Met Lys Gly Asp Ile Ile Val Cys Glu Cys Trp Thr Lys Ser
180 185 190
Phe Met Asn Thr Asp Ala Met Val Gly Asn Thr Ala Gly Tyr Gly Phe
195 200 205
Ala Gly Pro Gln Thr Ala Asp His Trp Gly Leu Gly Asp Arg Tyr Gln
210 215 220
Asn Pro Asp Leu Arg Asn Asn Gly Gln Tyr Ala Gly Glu Gly Asn Thr
225 230 235 240
Asn Arg Glu Gly Ala Tyr Asn Asn Arg Trp Val Lys Asp Tyr Ala Thr
245 250 255
Ala Leu Thr Lys Lys Leu Trp Gly Glu Ile Leu Phe Lys His Gln Gly
260 265 270
Leu Gln Leu Ala Gly Gly Val Thr Val Asp Gly Gln Thr Leu Lys Val
275 280 285
Glu Ala Gln Glu Glu Ile Glu Arg Leu Arg Glu Glu Leu Asp Leu Leu
290 295 300
Asp Pro Gly Cys Pro Ile Leu Leu Gly
305 310

<210> 796
<211> 588
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 796

Met Thr Lys Leu Val Asp Ser Leu Pro Phe Val Asp Gly Ile Pro Asp
1 5 10 15
Asp Phe Gln Gln Arg Ile Asn Trp Ile Lys Asn Thr Glu Pro Leu Asn
20 25 30
Gly Ala Ser Thr Arg Tyr Gly Asn Asp Gly Glu Leu Asn Arg Ala Ser
35 40 45
Val Gln Ile Gln Lys Asn Val Val Gln Val His Asn Asp Leu Asn Asn

```
     50                  55                  60
Val Gly Thr Ala Val Glu Asn Ile Gln Val Asp Val Asp Gln Ile Lys
65                  70                  75                  80
Lys Ser Leu Glu Ile Thr Gly Ser Ser Asp Ala Ile Glu Gln Val Tyr
                85                  90                  95
Ile Asn Lys Lys Asn Ile Glu Lys His Asp Gly Gln Ile Leu Lys Leu
            100                 105                 110
Glu Glu Asp Thr Glu Lys Leu Arg Thr Asp Leu Asp Phe Leu Glu Glu
        115                 120                 125
Asp Val Gly Val Tyr Asp Ser Ser Lys Asp Asp Tyr Tyr Arg Thr Val
    130                 135                 140
Arg Asp Asn Ile Val Trp Val Lys Arg Glu Ile Gly Ala Tyr Pro Gly
145                 150                 155                 160
Gln Asp Ile Asn Gly Gln Pro Lys Gln Asp Ser Pro Gly Ser Gly Met
                165                 170                 175
Lys Tyr Arg Ile Ile Asn Asn Ala Ser Ala Ile Val Lys His Asp Glu
            180                 185                 190
Arg Ile Gln Ala Leu Glu Asp Ala Tyr Asn Asp Ser Asp Val Gly Ser
        195                 200                 205
Leu Thr Ile Glu Val Asn Asp Leu Arg Lys Glu Val Gly Pro Lys Ser
    210                 215                 220
Gly Ala Thr Ser Ala Ser Ile Tyr Ala Arg Leu Val Asn Asn Ala Asp
225                 230                 235                 240
Ala Ile Ser Ala Ala Asn Asn Glu Ile Phe Ala Ile Asn Gln Ala Ile
                245                 250                 255
Asp Phe Thr Asn Pro Val Lys Ile Gly Ala Arg Thr Thr Arg Leu Glu
            260                 265                 270
Asn Asp Tyr Arg Ile Val Asp Ala Thr Leu Asn Phe Ala Gln Thr Gly
        275                 280                 285
Leu Val Pro Arg Val Asn Asn Ile Asp Ala Arg Leu Gly Ser Ser Asp
    290                 295                 300
Lys Pro Asp Thr Ile Glu Gly Lys Ile Ser Ser Leu Ser Thr Asp Gln
305                 310                 315                 320
Gly Tyr Ile Ser Asp Val Val Gly Arg Asp Thr Ser Ser Gly Leu Gln
                325                 330                 335
Gly Gln Val Ala Trp Ile Asn Gln Gln Val Gly Ile Val Pro Ser Glu
            340                 345                 350
Gln Pro Ile Pro Pro Gly Ser Ile Leu Ala Arg Met Thr Asn Val Glu
        355                 360                 365
Gly Met Gln Asn Ser Gln Gln Ser Ala Ile Gln Asp Ile Gln Val Glu
    370                 375                 380
Leu Gly Asn Asn Asn Glu Gly Leu Lys Gly Ser Val Phe Thr Leu Gln
385                 390                 395                 400
Thr Gln Met Asn Gly Asp Phe Ser Ser Glu Asn Pro Val Gln Arg Asp
                405                 410                 415
Gly Val Tyr Ala Thr Val Val Glu Leu Gln Asp Lys Phe Val Thr Ala
            420                 425                 430
Val Thr Asp Val Glu Gln Ala Gly Ala Tyr Leu Arg Lys Gln Gly Glu
```

435 440 445

Trp Phe Lys Lys Pro Ser Ser Ile Gly Glu Phe Ser Lys Glu Asp Phe
450 455 460

Thr Val Asp Leu Ser Ser Asp Ala Leu Val Asn Pro Asn Ser Leu Val
465 470 475 480

Ala Ala Pro Phe Asn Ala Gly Ile Arg Ile Val Asp Asp Ile Val Val
485 490 495

Asp Asp Asp Gly Val Phe Cys Val Glu Thr Asp Thr Val Ile Glu Ala
500 505 510

Ser Asp Ser Asp Lys Gly Val Lys Ile Val Ile Leu Val Asn Asn Ile
515 520 525

Glu Val Phe Ser Tyr Gly Leu Gly Val Lys Ala Val Thr Gly Glu Gln
530 535 540

Leu Ile Lys Thr Lys Lys Leu Ile Glu Phe Ser Ser Gly Asp Ala Ile
545 550 555 560

Lys Ile Val Tyr Arg Ala Ala Ser Glu Glu Ser Gln Val Leu Val Lys
565 570 575

Ile Lys Ser Leu Asp Ile Thr Ile His Pro Ala Val
580 585

<210> 797
<211> 448
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 797

Met Ala Gln Asn Asn Tyr Asn His Tyr Ser Asp Leu Ala Lys Tyr Thr
1 5 10 15

Ile Phe Asp Pro Thr Asn Thr Gln Trp Pro Val Ala Ile Lys Asp Val
20 25 30

Gln Ser Ala Leu Glu Leu Ile Gly Ser Trp Ala Arg Thr Asp Thr Gly
35 40 45

Leu Pro Val Ala Ser Pro Thr Val Ala Gly Val Ile Arg Thr Ala Thr
50 55 60

Gln Ala Glu Val Asp Ala Gly Thr Ile Gly Asn Ala Ala Val Thr Pro
65 70 75 80

Ala Thr Leu Lys Ser Thr Val Thr Arg Pro Glu Ala Thr Thr Thr Val
85 90 95

Leu Gly Leu Thr Arg Tyr Ala Thr Asn Thr Glu Ala Ala Ala Leu Thr
100 105 110

Ala Gly Asn Arg Thr Ile Thr Ala Ala Ala Leu Gly His Val Phe Lys
115 120 125

Thr Val Lys Ala Gln Glu Asn Val Asp Gly Thr Val Arg Leu Thr Thr
130 135 140

Ala Ala Gln Ala Gln Ala Gly Thr Asp Glu Thr Thr Ala Val Thr Pro
145 150 155 160

Lys Arg Val Val Glu Met Ile Gly Lys Phe Ser Val Ser Pro Pro Ser
165 170 175

Tyr Thr Ser Ala Thr Glu Ser Asn Leu Gly Leu Val Arg Val Ala Thr
180 185 190
Gln Ala Gln Val Ala Ala Gly Ala Val His Asp Gly Tyr Ala Val Thr
195 200 205
Pro Lys Thr Phe Met Ala Ser Lys Ala Ser Asp Ser Val Phe Gly Ile
210 215 220
Val Lys Phe Ala Lys Asp Ser Asp Val Ala Ser Ala Thr Ser Asn Asn
225 230 235 240
Leu Ala Val Thr Pro Lys Ser Leu Gln Ala Leu Lys Ser Thr Lys Asp
245 250 255
Lys Tyr Gly Leu Thr Arg Leu Ser Gly Ser Pro Thr Thr Asp Ala Ser
260 265 270
Leu Ala Ala Ala Ala Thr Asp Ala Val Phe Lys Thr Arg Arg Ile Asn
275 280 285
Gly Lys Thr Leu Asp Asn Asp Ile Thr Ile Thr Asn Asn Asp Ile Asn
290 295 300
Cys Tyr Thr Arg Gln Glu Ser Asp Gly Arg Tyr Met Pro Ala Gly Thr
305 310 315 320
Arg Val Gly Asn Val Thr Trp Val Glu Gly Gln Ser Trp Ile Ser Arg
325 330 335
Gly Ala Thr Phe Thr Cys Asn Ala Pro Trp Glu Ala Ser Ser Arg Leu
340 345 350
Ala Leu Asn Val Asn Val Lys Phe Glu Arg Asn Asn Asp Gly Tyr Asp
355 360 365
Asn Arg Ile Phe Arg Phe Val Val Ile Val Asn Gly Ser Gln Trp Gly
370 375 380
Gly Glu Leu Thr Leu Asn Ile Glu Asn Thr Lys Gly Gly Arg Asn Gly
385 390 395 400
His Ser Trp Arg Phe Glu Ala Tyr Ala Ser Ser Asn Phe Phe Phe Asn
405 410 415
Asn Ile Pro Pro Asn Ala Thr Val Gln Ile Arg Pro Thr Glu Asp Ser
420 425 430
Arg Ile Ile Phe Tyr Asp Cys Met Leu Thr Phe Cys Thr Asn Arg Pro
435 440 445

<210> 798
<211> 223
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 798

Met Thr Ile Glu Thr Lys Thr Arg Glu Gly Ala Lys Val Asn Ser Arg
1 5 10 15
Leu Ala Ala Phe Ser Glu Tyr Arg Val Asp Pro Gln Asn Ile Ala Val
20 25 30
Gly Asn Thr Ala Pro Ile Gly Ser Leu Thr Phe Glu Gln Met Asp Leu
35 40 45
Gly Val Trp Tyr Pro Asn Thr Glu Ala Ala Ile Asn Asp Leu Met Ser

50 55 60

Leu Gln Ser Ala Glu Ile Gly Thr Ile Ile Cys Asn Asp Thr Gly Ile
65 70 75 80

Ser Pro Gln Pro Ala Gln Gln Ile Thr Arg Ala Thr Phe Ser Gly Val
85 90 95

Val Ala Leu Glu Pro Lys Glu Asp Gly Ser Val Gly Asp Pro Val Ile
100 105 110

Ile His Ile Leu Gly Leu Pro Ile Arg Ile Ala Asn Gly Asp Asp Phe
115 120 125

Ala Ala Val Ala Thr Arg Trp Tyr Asp Lys Val Lys Glu Leu Glu Ala
130 135 140

Val Gly Lys Val Val Gln Gln Val Thr Gln Ser Pro Ala Thr Pro Gln
145 150 155 160

Tyr Val Asp Ile Ile His Leu Asp Tyr Gln Asn His Asn Phe Glu Thr
165 170 175

Tyr Lys Lys Tyr Gly Leu Thr Val Glu Phe Thr Ile Thr Ser Pro Ala
180 185 190

Lys Ala Gly Tyr Gly Gln Trp Asp Ala Ile Gly Asn Glu Ser Lys Thr
195 200 205

Phe Gly Ala Asn Thr Phe Thr Phe His Tyr Phe Arg Arg Met Gly
210 215 220

<210> 799
<211> 607
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 799

Met Lys Gln Asn Leu Ile Val Gly Gln Ser Val Asp Asp Gly Ser Gly
1 5 10 15

Asp Tyr Leu Arg Lys Gly Gly Leu Lys Ile Asn Asn Asn Phe Asp Asp
20 25 30

Leu Tyr Ser Glu Leu Gly Asp Gly Ser Val Pro Phe Ala Ala Gly Ala
35 40 45

Trp Lys Thr Phe Lys Ala Ser Pro Thr Gly Thr Thr Leu Asn Ala Lys
50 55 60

Phe Gly Gln Ala Phe Ala Ile Asn Thr Gln Ala Ala Arg Val Asn Val
65 70 75 80

Gln Leu Pro Lys Gly Thr Ala Asn Asp Tyr Asn Lys Val Ile Lys Leu
85 90 95

Arg Asp Val Trp Ser Thr Trp Arg Leu Ser Pro Ile Thr Val Ile Pro
100 105 110

Ala Gln Gly Asp Thr Leu Lys Gly Ser Ala Ser Pro Lys Ile Phe Asn
115 120 125

Thr Asn Phe Gln Asp Leu Glu Leu Val Tyr Cys Ala Pro Gly Arg Trp
130 135 140

Glu Tyr Ile Glu Asn Lys Thr Val Asp Lys Leu Thr Asn Gly Asn Leu
145 150 155 160

Ser Thr Val Ala Lys Lys Ser Ile Ile Ala Thr Ala Gly Gln Thr Asp
165 170 175
Phe Leu Asn Ile Phe Asp Gly Val Glu Tyr Asn Glu Asp Ser Leu Asn
180 185 190
Val Tyr Arg Arg Gly Asn Ile Leu Tyr Tyr Gly Glu Thr Ser Val Met
195 200 205
Asp Lys Ala Asn Ala Asp Tyr Gly Ser Pro Gly Thr Val Ala Gly Gln
210 215 220
Leu Val Glu Leu Asn Gly Lys Asp Ile Arg Leu Lys Val Pro Cys Val
225 230 235 240
Glu Gly Glu Val Ile Thr Phe Glu Thr Phe Leu Asp Gly Ile Gly Val
245 250 255
Tyr Arg Ser Ser Tyr Asn Lys Leu Ala Ile Gln Ile Arg Asp Ser Ala
260 265 270
Gln Thr Thr Ser Gln Thr Ile Pro Gly Ser Ile Ile Val Asp Asn Leu
275 280 285
Thr Ala Leu Arg Arg Ile Thr Leu Asp Asp Met Gly Val Leu Pro Gly
290 295 300
Val Gly Val Asn Pro Asn Ser Leu Glu Ile Ser Leu Asn Gly Lys Glu
305 310 315 320
Leu Leu Glu Ala Gly Thr Ala Gly Leu Pro Leu Phe Tyr Cys Glu Gly
325 330 335
Ala Glu Gly Gly Tyr Ala Glu Asp Cys Ile Asn Asn Gly Gly Gln Trp
340 345 350
Val Asn Ser Asn Gln Asp Tyr Arg Leu Glu Phe Asp Ser Thr Gly Thr
355 360 365
Asn Val Glu Ala Ile Ile Phe Gly Glu Ala Phe Glu Asp Lys Asp Leu
370 375 380
Leu Thr Val Arg Trp Phe Asn Asn Asn Ile Gly Thr Thr Met Asp Ile
385 390 395 400
Asp Asp Ile Met Ala Glu Thr Asp Gln Val Tyr Met Asn Ala Glu Gln
405 410 415
Leu Val Thr Leu Lys Asn Arg Ile Glu Tyr Thr Asn Tyr Asp Glu Pro
420 425 430
Asn Gln Lys Asn Met Arg Pro Val Ala Asp Asp Ile Met Ile Lys Val
435 440 445
Asn Asn Ile Ala Ala Phe Phe Asp Val Ile Tyr Pro Ile Gly Thr Ile
450 455 460
Tyr Glu Asn Ala His Asn His Ala Asn Pro Ala Asp Tyr Met Gly Phe
465 470 475 480
Gly Val Trp Lys Leu Tyr Ser Gln Gly Arg Val Thr Ala Gly Trp Asn
485 490 495
Asn Asp Ser Ser Asp Pro Tyr Phe Ser Arg Asn Asn Asn Asn Leu Asn
500 505 510
Glu Asn Gly Gln Pro Ser Leu Thr Ala Gly Gly Thr Val Gly Asp Leu
515 520 525
Thr Phe Thr Leu Gly Lys Glu His Ile Pro Glu Leu Met Ser Arg Asp
530 535 540

Lys Val Leu Ile Ser Asp Pro Glu His Gly Ser Val Val Ile Gly Gly
545 550 555 560
Cys Gln Leu Asp Pro Asp Ala Gln Gly Pro Gly Tyr Ser Lys Tyr Arg
565 570 575
Glu Asp Thr Val Ala Val Asn Asn Gly Val Val Pro Asn Asp Ile Thr
580 585 590
Lys Ile Gln Pro Thr Ile Thr Val Tyr Arg Trp Ile Arg Val Gly
595 600 605

<210> 800
<211> 303
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 800

Met Tyr Thr Asp Lys Gly Lys Lys Ile Ile Asp Val Gly Glu Ile Gly
1 5 10 15
Asn Ala Ser Thr Gly Asp Ile Leu Tyr Asp Gly Gly Val Lys Ile Asn
20 25 30
Asp Asn Phe Asp Ala Ile Tyr Asn Ala Phe Ala Asp Gln Arg Leu Phe
35 40 45
Ala Ala Gly Gly Gly Ala Leu Asn Gln Lys Ile His Ala Thr Ser Tyr
50 55 60
Tyr Gln Lys Ile Lys Phe Gly Asp Ala Asn Ser Ala Gly Thr Val Pro
65 70 75 80
Met Gly Ser Cys Ile Asp Ala Asp Cys Ser Glu Gly Ala Val Gln Ile
85 90 95
Arg Leu Ser Lys Gly Lys Ala Gly Glu Ala Val Phe Val Val Asn Ser
100 105 110
Asn Gly Ser Ala Ser Lys Ala Arg Ser Ile Lys Ile Thr Thr Asn Gly
115 120 125
Glu Gly Val Ala Asp Ala Phe Lys Asp Gly Ser Arg Glu Leu Ile Ile
130 135 140
Asn Thr Pro Arg Cys Arg Ile Glu Leu Trp Cys Val Glu Val Lys Ala
145 150 155 160
Asn Gly Ala Ala Val Trp Asp Tyr Ser Ile Ser Ser Met Phe Gly Ser
165 170 175
Thr Tyr Ser Pro Leu Glu Ala Thr Tyr Asn Leu Thr Ser Ser Pro Ile
180 185 190
Asn Ile Arg Leu Gly Tyr Asn Asp Asp Tyr Ser Thr Val Lys Leu Leu
195 200 205
Leu Ser Phe Ser Ala Asn Pro Gly Gly Gln Thr Ile Lys Arg Gln Ser
210 215 220
Ser Glu Val Met Leu Met Ile Asp Pro Thr Ile Thr Ser Ser Ala Pro
225 230 235 240
Asn Gly Arg Val Phe Asp Thr Glu Tyr Ala Val Leu Arg Ser Gly Glu
245 250 255
Ser Ser Glu Asn Glu Lys Met Tyr Ser Ile Ser Tyr Ser Ile Asn Ala

260 265 270
Gln Lys Asp Leu Ile Cys Thr Ala Ser Thr Ser Tyr Gly Asn Ala Arg
275 280 285
Leu Ala Val Lys Val Ile Ala Thr Gln Thr Val Gly Val Ser Gln
290 295 300
<210> 801
<211> 341
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 801
Met Ser Asn Ser Thr Arg Ala Ser Ser Thr Arg Ser Thr Ile Tyr Arg
1 5 10 15
Ala Ile Ile Thr Ser Lys Phe Arg Thr Glu Lys Met Tyr Thr Phe Tyr
20 25 30
Lys Ser Ile Gly Pro Gly Thr Asp Gln Asn Thr Leu Tyr Val Ser Phe
35 40 45
Gly Lys Ser Thr Pro Trp Ser Asp Asn Glu Ser Glu Pro Gly Phe Ala
50 55 60
Pro Pro Tyr Pro Ala Asp Asn Gly Asp Gly Val Val Asp Val Trp Thr
65 70 75 80
Asn Met Met Gly Ala Val Lys Ile Glu Ser Ser Met Leu Asp Cys Val
85 90 95
Val Pro Arg Arg Asp Trp Gly Asp Thr Arg Tyr Pro Asn Pro Arg Thr
100 105 110
Phe Leu Ile Gly Asp Ile Val Val Ala Asn Ser Ala Pro Tyr Asn Arg
115 120 125
Thr Asp Ala Gly Phe Gly Trp Met Val Tyr Arg Cys Ile Asp Val Pro
130 135 140
Lys Asp Gly Met Cys Ser Ile Gly Asn Leu Thr Ser Lys Glu Glu Cys
145 150 155 160
Ile Lys Leu Gly Gly Lys Trp Thr Pro Ser Thr Ile Ser Gly Ser Ala
165 170 175
Pro Arg Gly Arg Gly Asp Ala Asn Gly Thr Val Asp Leu Gly Asp Gly
180 185 190
Tyr Leu Trp Glu Tyr Leu Tyr Glu Ile Pro Ala Asp Val Ser Ile Asn
195 200 205
Arg Cys Thr Asn Glu Tyr Ile Val Val Pro Trp Pro Glu Glu Ile Glu
210 215 220
Glu Ser Pro Ala Arg Trp Gly Phe Gln Asn Asn Leu Thr Trp Gln Gln
225 230 235 240
Asn Asp Phe Asn Leu Ile Tyr Arg Met Lys Cys Asn Thr Ile Arg Phe
245 250 255
Lys Ala Tyr Leu Asp Ala Val Tyr Phe Pro Glu Phe Ser Leu Pro Gly
260 265 270
Asn Thr Gly Phe Arg Gln Leu Ser Ile Ile Thr Asn Pro Leu Glu Val
275 280 285

Lys Pro Met Pro Asn Ser Pro Asn Val Lys Ala Glu Lys Gly Trp Tyr
290 295 300
Ser Ala Ser Gly Leu Glu Arg Gln Ser Gly Glu Met Ile Tyr Met Glu
305 310 315 320
Asn Arg Gln Pro Ile Ile Arg Ser Met Asp Gln Thr Glu Glu Leu Asn
325 330 335
Leu Ile Phe Glu Phe
340

<210> 802
<211> 1032
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 802

Met Thr Ile Ala Pro Phe Val Thr Ser Leu Arg Ile His Lys Leu Ser
1 5 10 15
Ala Asn Gln Val Asn Ile Arg Trp Asp Asp Val Gly Ala Asn Phe Tyr
20 25 30
Tyr Phe Val Glu Leu Ala Glu Thr Arg Asn Arg Ala Gly Glu Ile Ile
35 40 45
Pro Ala Asp Asn Leu Ser Trp Ser Ser Leu Gly Tyr Thr Ala Asp Asn
50 55 60
Asp Trp Phe Glu Gln Asn Arg Ile Glu Pro Leu Thr Tyr Tyr Lys Met
65 70 75 80
Arg Val Gln Thr Thr Ser Ala Gly Phe Glu Pro Ser Glu Trp Val Glu
85 90 95
Thr Glu Glu Phe Gln Thr Phe Glu Glu Asn Ala Tyr Thr Phe Glu His
100 105 110
Met Gln Glu Phe Ser Leu Val Lys Glu Phe Ile Lys Gln Lys Phe Ser
115 120 125
Leu Asn Asn Met Ser Tyr Val Asn Phe Asn Thr Ser Ala Met Met Ala
130 135 140
Ser Leu Met Thr Glu Ser Phe Gln Phe Ser Pro Glu Tyr Ser His Leu
145 150 155 160
Ser Ala Ile Glu Asn Phe Val Val Gly Glu Ser Gly Tyr His Glu Ile
165 170 175
Gln Gly Pro Ile Glu Ala Val Cys Val Asp Lys Asn Arg Thr Met Leu
180 185 190
Gly Glu Ile Asp Gly Ile Leu Tyr Leu Phe Glu Arg Phe Gln His Met
195 200 205
Val Lys Val Ser Asn Asp Lys Gly Gln Asn Trp Gln Tyr Val Gln Leu
210 215 220
Phe Asn Asp Arg Val Gly Asn Pro Val Ser Arg Val Val Ile Tyr Gln
225 230 235 240
Ser Ser Thr Thr Ser Tyr Val Leu Gly Tyr Asp Lys Ile Phe Tyr Gly
245 250 255
Arg Lys Ser Ser Asp Val Arg Trp Ser Ser Asn Glu Val Lys Phe Ser

260 265 270

Asp Asn Glu Val Thr Phe Ala Lys Leu Gly Asp Gln Leu Lys Leu Gly

275 280 285

Phe Glu Val Glu Leu Phe Gly Thr Tyr Ala Ser Leu Pro Ala Asp Val

290 295 300

Thr Lys Tyr Ala Glu Ala Phe Thr Cys Asn Asp Asp His Leu Tyr Val

305 310 315 320

Val Ala Lys Asp Thr Val Arg Arg Val Lys Leu Lys Asp Ala Pro Ile

325 330 335

Asp Thr Asp Pro Leu Ser Pro Thr Phe Gly Glu Lys Val Phe Glu Lys

340 345 350

Glu Ala Ser His Ile Thr Gly Asn Pro Lys Ser Val Cys Phe Lys Met

355 360 365

Asp Ser Val Gly Gly Lys Ile Phe Ala Leu Ile Thr Gly Glu Val Lys

370 375 380

Thr Leu Gly Leu Asp Pro Thr Asp Pro Arg Asn Val Val Asp Ser Ala

385 390 395 400

Thr Lys Gly Val Tyr Val Tyr Gln Glu Asp Thr Asn Thr Trp Lys Arg

405 410 415

Val Phe Gly Asn Thr Asp Glu Glu Lys Arg Arg Ile Glu His Leu Trp

420 425 430

Thr Ser Met Ser Thr Asp Gly Lys Glu Ile Phe Phe Ser Ser Ala Asn

435 440 445

Phe Lys Thr Thr Glu Tyr Thr Gln Asp Ile Glu Leu Glu Thr Lys Tyr

450 455 460

Pro Glu Leu Ile Ser Thr Ala Val Lys Asn Val Asn Pro Ile Gln Tyr

465 470 475 480

His Ser Asp Lys His Tyr His Met Met Ser Phe Arg Ala Asp Glu Phe

485 490 495

Ser Arg Trp Glu Thr Phe Val Pro Gly Pro Met Arg Phe Tyr Ala Glu

500 505 510

Pro Trp Phe Val Trp Met Ala Arg Glu Gly Asn Arg Cys Trp Ile Ser

515 520 525

Thr Ala Asp His Ala Val Val Ile Tyr Asn Asp Ile Leu Tyr Gln Lys

530 535 540

Arg Val Asp Ala Ala Ala Gln Gly Thr Thr Glu Arg Val Leu Ser Glu

545 550 555 560

Val Trp Asp Lys Gly Asp Ala Thr Phe Tyr Cys Pro Pro Val Ser Phe

565 570 575

Asn Gly Phe Leu Gln Tyr Ala Ser Gly Ile Met Phe His Glu Pro Asp

580 585 590

Gly Lys Leu Ile Gly Tyr Tyr Ala Phe Asp Tyr Arg Val Arg Asp Gln

595 600 605

Val Thr Leu Asn Trp Lys Pro Thr Asp Val Met Phe Lys Ala Phe Leu

610 615 620

Gln Asn Gln Thr Arg Glu Glu Asp Trp Thr Pro Glu His Thr Pro Gly

625 630 635 640

Leu Arg Asp Pro Asp Leu Arg Pro Tyr Leu Thr Lys Met Met Pro Asp

645 650 655
Ser Tyr Leu Leu Gln Asp Ser Asn Phe Glu Gln Phe Cys Lys Tyr Tyr
660 665 670
Leu Gln Phe Leu Ser Asp Gly Asn Gly Thr His Tyr Asn Ser Leu Val
675 680 685
Asn Leu Val Lys Asn Lys Tyr Pro Arg Glu Glu Asn Ala Trp Glu Tyr
690 695 700
Leu Trp Ser Glu Val Tyr Lys Arg Asn Ile Tyr Leu Ser Lys Asp Ala
705 710 715 720
Arg Asp Ala Val Val Arg Phe Phe Glu Ala Arg Lys Asn Asp Phe Tyr
725 730 735
Ala Thr Lys Gly Ile Glu Asp Ser Tyr Lys Phe Leu Phe Lys Leu Leu
740 745 750
Tyr Asn Glu Asp Val Glu Ile Asp Ile Glu Ser Lys Asn Thr Thr Glu
755 760 765
Tyr Asp Ile Ile Val Glu Ser Thr Asn Ile Ser Asp Asp Leu Val Gly
770 775 780
Arg Thr Ile Tyr Thr Ala Ser Gly Arg Ser Asn Val Thr Tyr Ile Glu
785 790 795 800
Arg Glu Tyr Arg Asp Gly Arg Leu Leu Trp Arg Ile Thr Ile His Asn
805 810 815
Leu Ser Gly Arg Phe Ile Glu Gly Gln Glu Ile Lys Ser Glu Arg Thr
820 825 830
Asp Phe Glu Gly Ile Ile Val Gln Gly Val Arg Gly Lys Asp Met Leu
835 840 845
Ser Asn Asn Ile Asp Tyr Ile Asn Arg Ser Arg Ser Tyr Tyr Val Met
850 855 860
Lys Ile Lys Ser Gln Leu Pro Thr Ser Arg Phe Arg Asp Asp Val Leu
865 870 875 880
Arg Phe Val His Pro Val Gly Phe Gly Phe Ile Gly Ile Thr Leu Leu
885 890 895
Thr Met Phe Ile Asn Ser Gly Leu Asn Met Lys His Val Glu Thr Ile
900 905 910
Ile Asn Lys Leu Lys Asn Tyr Lys Trp Asp Ala Gly Leu Pro Ser Val
915 920 925
Tyr Pro Asp Arg Val Ala Ile Ile Ala Ser Asp Asp Thr Ile Glu Arg
930 935 940
Asp Pro Ile Thr Asn Glu Pro Arg Tyr Ser Ser Arg Ala Gln Ala Gly
945 950 955 960
Glu Pro Phe Pro Leu Pro Ala Asn Tyr Asn Gln Glu Asn Asn Asn Ser
965 970 975
Ile Ile Ala Gly Gln Asn Pro Gly Gln Arg Arg Lys Pro Leu Ser Pro
980 985 990
Thr Phe Asp Gln Ser Ala Val Thr Phe Ala Asn Tyr Arg Asp Leu Val
995 1000 1005
Asn Gln Arg Leu Lys Asp Asp Ala Gly Asn Pro Arg Asp Pro Glu
1010 1015 1020
Asn Pro Thr Gln Val Lys Ile Asp Glu

1025 1030

<210> 803
<211> 652
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 803

Met Ala Ile Lys Glu Pro Leu Asn Tyr Gln Leu Thr Arg Thr Ala Asn
1 5 10 15
Ala Ile Pro Asp Ala Phe Thr Gly Ala Thr Phe Asp Glu Ile Lys Asn
20 25 30
Gln Leu Ile Asn Trp Leu Ser Gly Gln Lys Glu Phe Gln Asp Phe Asp
35 40 45
Phe Ala Gly Ser Arg Leu Asn Val Leu Leu Asp Leu Leu Ala Tyr Asn
50 55 60
Thr Leu Tyr Ile Gln Gln Phe Ser Asn Thr Ala Leu Tyr Glu Ser Phe
65 70 75 80
Ile Gly Thr Ala Asn Leu Arg Ser Ser Val Val Gln Ala Ala Gln Gln
85 90 95
Asn Gly Tyr Leu Pro Ser Ser Lys Ser Ala Ala Thr Ala Ser Ile Met
100 105 110
Leu Glu Val Thr His Met Asn Pro Ser Ser Thr Leu Arg Val Val Ile
115 120 125
Pro Arg Gly Thr Lys Phe Leu Ala Tyr Ser Lys Ser Asp Lys Ala Asn
130 135 140
Pro Tyr Asn Phe Val Val Thr Glu Asn Val Val Ala Ile Arg Asp Asn
145 150 155 160
Asp Gln Lys Tyr Trp Pro Ile Val Asn Leu Ala Gln Gly Arg Ile Ile
165 170 175
Arg Thr Gln Leu Ser Tyr Asp Pro Lys Lys Pro Ile Val Ile Arg Asp
180 185 190
Gln Ser Ile Asp Arg Lys Gln Val Lys Leu Trp Val Asp Gly Ala Glu
195 200 205
Trp Thr Asn Trp Thr Asp Arg Ser Met Val His Ala Ser Ser Ile Ser
210 215 220
Thr Ile Tyr Tyr Met Arg Glu Thr Val Asp Gly Asn Thr Glu Phe Phe
225 230 235 240
Phe Gly Glu Gly Val Ala Glu Ala Ser Val Ala Gly Gly Val Leu Glu
245 250 255
Ser Asn Phe Ile Gly Gly Leu Lys Pro Thr Lys Gly Ala Gln Val Val
260 265 270
Ile Glu Tyr Ile Arg Thr Asp Gly Glu Ala Ala Asn Gly Ala Thr Glu
275 280 285
Phe Ser Tyr Ala Asp Thr Leu Gln Tyr Ile Val Val Asn Arg Ile Ile
290 295 300
Glu Asn Trp Ser Asp Ser Pro Asp Tyr Val Gly Ala Asp Gly Gly Gly
305 310 315 320

Glu Pro Glu Asp Ile Glu Arg Ile Arg Glu Leu Ala Gln Ile Lys Arg
325 330 335
Glu Ser Gln Met Arg Cys Val Ser Lys Thr Asp Tyr Glu Ser Phe Val
340 345 350
Ser Ser Arg Phe Gly Ser Ile Val Gln Ala Val Gln Cys Phe Thr Asp
355 360 365
Gln Asp Lys Pro Gly Tyr Ala Phe Ile Ala Ile Lys Pro Lys Ser Gly
370 375 380
Leu Gln Leu Thr Ala Val Gln Arg Glu Asp Ile Gln Asp Tyr Leu Lys
385 390 395 400
Pro Phe Cys Leu Ala Pro Ile Thr Pro Ser Val Met Ser Pro Asp Tyr
405 410 415
Leu Phe Ile Arg His Asn Ile Lys Ala Ser Tyr Ala Leu Asn Lys Leu
420 425 430
Gln Glu Ser Glu Gln Trp Leu Gln Ser Lys Ile Ile Asp Ser Ile Asn
435 440 445
Arg Tyr Tyr Val Asp Glu Val Glu Met Phe Asn Lys Asn Phe Ser Lys
450 455 460
Ser Lys Leu Leu Thr Tyr Ile Asp Asp Thr Asp His Ser Ile Ile Gly
465 470 475 480
Ser Ser Val Asp Ile Gln Met Val Arg Glu Ile Val Asn Tyr Phe Thr
485 490 495
Leu Pro Ser Ala Gly Ile Lys Tyr Tyr Asn Thr Ile Thr Pro Arg Thr
500 505 510
Leu Arg Ser Gly Asp Leu Val Phe Thr Val Thr Pro Thr Ala Glu Pro
515 520 525
Tyr Ser Val Asn Ile Val Gly Thr Asp Pro Asp Lys Asn Gly Lys Gly
530 535 540
Asn Met Val Ile Gly Pro Phe Lys Pro Gly Asp Ile Lys Glu Asn Thr
545 550 555 560
His Ile Gln Pro Tyr Thr Glu Asn Asp Phe Asp Arg Thr Thr Ile Gly
565 570 575
Glu Arg Thr Arg Trp Tyr Lys Ile Gly Glu Val Asp Tyr Tyr Gly Asp
580 585 590
Asn Ile Tyr Trp Ser Leu Gly Ala Ile Gly Ala Asp Pro Leu Gln Phe
595 600 605
Glu Asp Gln Ser Ile Glu Leu Tyr Ser Thr Pro Thr Gln Asp Ile Val
610 615 620
Phe Ala Arg Asp Gly Thr Leu Ile Val Phe Glu Asn Asp Leu Arg Pro
625 630 635 640
Gln Tyr Thr Thr Ile Lys Leu Glu Pro Ile Thr Gln
645 650

<210> 804
<211> 97
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08

<400> 804
Met Ala Gly Leu Ser Phe Asn Lys Cys Leu Thr Ala Gly His Ser Ala
1 5 10 15
Tyr Pro Pro Thr Glu Val Asn Ala Thr Gln Ser Lys Val Phe Thr Gly
20 25 30
Gly Ile Ala Val Leu Val Asp Gly Asp Ser Ile Thr Pro His Thr Lys
35 40 45
Thr Val Asp Pro His Asp Thr His Gly Gly Val Val Gln Pro Arg Thr
50 55 60
Ser Lys Val Phe Val Thr Gly Lys Lys Ala Val Gln Met Ala Asp Pro
65 70 75 80
Ile Ser Cys Gly Asp Thr Val Ala Gln Ser Ser Ser Lys Val Phe Ile
85 90 95
His
<210> 805
<211> 167
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 805
Met Ala Asp Ile Leu Pro Ile Asn Thr Thr Leu Arg Glu Val Ile Glu
1 5 10 15
Gly Glu Tyr Val Glu Gln Tyr Phe Thr Ala Gln Leu Ser Thr Asn Glu
20 25 30
Thr Leu Lys Ser Ile Asn Ile Ile Asp Tyr Gln Pro Val Ser Asp Ile
35 40 45
Ser Val Ser Glu Thr His Tyr Lys Gly Asn Tyr Asn Ser Val Phe Thr
50 55 60
Phe Gly Asn Asp Val Leu Lys Tyr Arg Glu Gly Asp Glu Leu Lys Ser
65 70 75 80
Ala Ser Ala Trp Glu Asp Leu Pro Asn Pro Lys Thr Ala Asp Leu Tyr
85 90 95
Leu Trp Lys Ala Pro Arg Thr Leu Glu Lys Thr Phe Thr Tyr Thr Val
100 105 110
Glu Ile Ile Tyr Thr Val Thr Glu Glu Ser Ser Gly Gly Ser Ser Gly
115 120 125
Gly Ser Ser Ala Pro Ile Ile Thr Glu His Lys Lys Gln Lys Ile Tyr
130 135 140
Ser Gln Thr Val Lys Gly Asn Trp Ser Arg Trp Gly Asp Gln Leu Arg
145 150 155 160
Ala Tyr Val Tyr Ala Gly Asn
165
<210> 806
<211> 576
<212> PRT
<213> Unknown
<220>

<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 806

```
Met Ile Glu Met Asn Asp Ser Leu Lys Trp Phe Thr Gly Val Val Glu
1               5                  10                  15
Asp Arg Gln Asp Pro Leu Lys Gln Gly Arg Val Arg Val Arg Val Tyr
            20                  25                  30
Gly Leu His Pro Phe Glu Lys Val Gln Gly Ala Ile Thr Gly Leu Pro
        35                  40                  45
Thr Glu Asp Leu Pro Trp Met Ser Val Ile Gln Pro Thr Asn Ser Ala
    50                  55                  60
Gly Ile Ser Gly Val Gly Ser Ser Ile Thr Gly Met Val Glu Gly Thr
65                  70                  75                  80
Ser Val Phe Gly Leu Trp Leu Asp Glu Phe Lys Thr Ala Gly Leu Val
                85                  90                  95
Ile Gly Thr Tyr Ser Ala His Arg Lys Thr Lys Pro Asn Tyr Thr Glu
            100                 105                 110
Gly Phe Ser Asp Pro Thr Gly Gln Tyr Pro Arg Gln Val Gly Ser Asp
        115                 120                 125
Thr Asn Pro Leu Val Gln Gly Asp Glu Thr Gly Tyr Ser Ala Ile Pro
    130                 135                 140
Asn Ile Ile Gln Asp Arg Asn Leu Asp Ile Gly Ile Asn Pro Asp Asp
145                 150                 155                 160
Ala Asp Leu Ser Asp Ile Pro Glu Asp Pro Asn Pro Ala Ile Thr Ile
                165                 170                 175
Thr Asp Met Leu Asn Arg Asp Glu Gly Leu Arg Leu Lys Val Tyr Trp
            180                 185                 190
Asp Thr Glu Gly Tyr Pro Thr Val Gly Ile Gly His Leu Ile Met Ala
        195                 200                 205
Gln Lys Val Arg Asp Met Ser Val Ile Asn Lys Thr Leu Ser Asn Gln
    210                 215                 220
Val Gly Arg Thr Val Thr Gly Asn Pro Gly Ile Ile Thr Met Asp Glu
225                 230                 235                 240
Ala Val Ala Leu Phe Lys Lys Asp Arg Asp Lys Met Leu Ser Asp Ile
                245                 250                 255
Lys Thr Asn Ser Arg Val Gly Pro Val Tyr Ala Lys Val Asn Lys Ser
            260                 265                 270
Arg Gln Met Ala Leu Glu Asn Met Ser Phe Gln Met Gly Val Gly Gly
        275                 280                 285
Leu Ala Lys Phe Gly Lys Met Leu Asp Ala Met Leu Ile Gly Asp Trp
    290                 295                 300
Lys Thr Ala Tyr Thr Glu Ala Arg Asn Ser Val Trp Phe Asn Gln Thr
305                 310                 315                 320
Lys Gly Arg Ala Ser Arg Val Ser Met Ile Ile Leu Thr Gly Asn Met
                325                 330                 335
Glu Ser Tyr Gly Val Pro Ala Pro Lys Pro Glu Gly Lys Asn Leu Ser
            340                 345                 350
Ala Ala Tyr Val Glu Pro Lys Ser Gly Gly Asn Pro Glu Asp Pro Trp
        355                 360                 365
```

Thr Pro Glu Asp Ser Arg Ile Leu Phe Lys Glu Pro Glu Ser Ser Tyr
370 375 380
Asn Gly Gln Tyr Pro Tyr Val His Thr Met Glu Thr Glu Ser Gly His
385 390 395 400
Ile Gln Glu Phe Asp Asp Thr Pro Gly Tyr Glu Arg Tyr Arg Ile Val
405 410 415
His Pro Thr Gly Ser Tyr Glu Glu Val Ala Pro Asp Gly Arg Arg Thr
420 425 430
Arg Lys Thr Val Ala Asp Leu Tyr Asp Met Thr Gln Gly Asp Gly Asn
435 440 445
Ile Leu Ile Ser Gly Asp Lys Lys Val Asn Val Gly Gly Asn Glu Thr
450 455 460
Tyr Tyr Asn Met Tyr Asn Arg Arg Gln Gln Ile Asp Gly Asp Asn Thr
465 470 475 480
Leu Tyr Val Arg Gly Asn Glu Thr Lys Thr Ile Glu Gly Asn Gly Thr
485 490 495
Ile Phe Val Lys Gly Asn Ile Lys Ile Val Val Glu Gly Asn Ala Asp
500 505 510
Ile Gln Val Asn Gly Asp Ala Thr Thr Lys Val Asp Gly Asn His Asp
515 520 525
Val Thr Val Gly Gly Asn Leu Thr Trp Gln Val Ala Gly Thr Val Asn
530 535 540
Trp Asn Val Gly Gly Ala Trp Thr Glu Thr Met Ala Ser Met Ser Ser
545 550 555 560
Ile Ala Gln Gly Gln Tyr Thr Val Asp Gly Ser Arg Ile Asp Val Gly
565 570 575

<210> 807
<211> 212
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 807

Met Leu Phe Ser Phe Phe Ser Pro Ile Asp Tyr Ser Ala Lys Thr Val
1 5 10 15
Lys Gly Ala Lys Ala Lys Ala Ile Pro Thr Ala Asp Ile Phe Arg Asn
20 25 30
Tyr Arg Lys Tyr Phe Asp Thr Val Ala Glu Asn Tyr Leu Leu Gln Thr
35 40 45
Tyr Tyr Ile Ser Gly Ala Pro Arg Pro Glu Glu Leu Ala Tyr Ile Leu
50 55 60
Tyr Gly Asn Ser Gln Leu Tyr Trp Ile Leu Leu Met Cys Asn Asn Val
65 70 75 80
Tyr Asp Pro Phe Arg Asp Trp Ile Lys Thr Gln Asp Ala Cys Tyr Gln
85 90 95
Phe Ala Gln Gln Lys Tyr Ala Asp Val Gly Gly Asp Gln Ile Leu Tyr
100 105 110
His Val Asp Ala Tyr Gly Asn Arg Tyr Tyr Asn Leu Glu Gln Tyr Pro

115 120 125
Glu Asn Ser Gly Val Trp Tyr Asp Lys Gly Asp Phe Asn His Gln Tyr
130 135 140
Pro Gln Tyr Thr Gly Ala Leu Ala Gly Val Asp Ile Tyr Glu Asp Ser
145 150 155 160
Ile Ile Glu Asn Glu Lys Leu Arg Gln Ile Asn Ile Ile Asn Pro Ser
165 170 175
Asp Ile Glu Ala Phe Leu Ser Asp Ile Ile Arg Glu Met Glu Lys Ala
180 185 190
Pro Asp Ser Glu Tyr Glu Ser Gly Arg Tyr Lys Ser Gln Thr Thr Ile
195 200 205
Gly Glu Val Leu
210

<210> 808
<211> 149
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 808
Met Ala Tyr Ser Gly Lys Phe Met Pro Gln Asn Leu His Lys Tyr Lys
1 5 10 15
Gly Asp Phe Arg Lys Ile Thr Tyr Arg Ser Thr Trp Glu Gln Tyr Met
20 25 30
Met Arg Trp Leu Asp Asn His Pro Asp Val Val Gln Trp Asn Ser Glu
35 40 45
Glu Val Val Ile Pro Tyr Phe Ser Asn Ala Asp Gly Lys Lys Arg Arg
50 55 60
Tyr Phe Met Asp Phe Trp Ala Lys Phe Ser Asn Gly Gln Gln Phe Phe
65 70 75 80
Phe Glu Val Lys Pro Lys Lys Glu Thr Arg Pro Pro Val Lys Pro Thr
85 90 95
Lys Leu Thr Thr Ser Ala Lys Lys Arg Tyr Ile Asp Glu Ile Tyr Thr
100 105 110
Trp Ser Val Asn Val Asp Lys Trp Lys Ala Ala Gln Ala Thr Ala Ser
115 120 125
Lys Met Gly Ile Glu Phe Arg Leu Ile Thr Glu Asp Ser Leu Lys Lys
130 135 140
Leu Gly Trp Lys Gly
145

<210> 809
<211> 275
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 809
Met Ala Ile Phe Glu Phe Ile Thr Glu Ala Ala Glu Ser Pro Lys Ala

1 5 10 15
Lys Ser Arg Ser Glu Asn Gln Trp Val Ala Leu Gly Val Glu Tyr Ser
20 25 30
Ala Ala Arg Lys Lys Gly Met Thr Ser Lys Ser Phe Ala Glu Ser Lys
35 40 45
Gly Ile Asn Pro Ala Thr Phe Ser Lys Ala Met Ala Arg His Ala Ser
50 55 60
Arg Ile Lys Thr Ala Ile Lys Val Ala Glu Ile Glu Lys Lys Pro Ala
65 70 75 80
Asn Lys Met Thr Lys Gln Glu Arg Ala Leu Val Met Val Asn Ser Phe
85 90 95
Arg Ser Ser Ile Lys Asp Lys Ile Arg Asn Glu Gly Ala Ala Val Asn
100 105 110
Asn Lys Ser Ala Lys Trp Phe Ala Glu Thr Ile Lys Lys Asn Ile Arg
115 120 125
Gly His Ser Val Thr Lys Pro Gln Pro Gly Lys Leu Tyr Ala Tyr Met
130 135 140
Tyr Asp Ala Lys His Lys Asp Thr Leu Pro Phe Trp Asp Lys Phe Pro
145 150 155 160
Leu Ile Val Tyr Leu Gly Leu Gly Lys Gln Gly Thr Thr Thr Leu Met
165 170 175
Tyr Gly Leu Asn Leu His Tyr Ile Pro Pro Lys Ala Arg Gln Gln Phe
180 185 190
Leu Glu Glu Leu Leu Lys Gln Tyr Ala Asn Thr Pro Val Ile Ser Asn
195 200 205
Lys Thr Arg Leu Lys Ile Asn Trp Ser Gln Val Lys Gly Phe Ala Gly
210 215 220
Ala Asp Lys Met Ile Lys Ala Tyr Ile Pro Gly Asn Ile Lys Gly Ala
225 230 235 240
Leu Ile Glu Ile Lys Pro Ala Asp Trp Ala Asn Val Val Met Leu Pro
245 250 255
Leu Gln Gln Phe Met Ser Lys Gly Lys Arg Tyr Ser Ala Thr Ser Val
260 265 270
Trp Lys Ser
275

<210> 810
<211> 200
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 810

Met Ser Thr Gly Leu Phe Asn Gln Thr Asn Thr Thr Asn Phe Ile Leu
1 5 10 15
Glu Val Pro Asp Gly Gly Leu Thr Gln Ala Phe Lys Ala Asn Leu Gln
20 25 30
Thr Ala Val Val Pro Gly Ile His Ile Pro Ala Thr Asp Thr Val Gly
35 40 45

Ser Pro Gln Gly Met His Arg Ala Lys Leu Pro Gly Ser Thr Phe Glu
50 55 60
Phe Asp Ala Val Pro Val Arg Phe Leu Val Asp Glu Asn Leu Asp Ser
65 70 75 80
Trp Val Gln Met Tyr Lys Trp Met Leu Ser Cys Gln Asn Tyr Ile Asp
85 90 95
Arg Asp Lys Ser Gly Trp Asn Asn Gly Gly Glu Gly Phe Pro Gly Ala
100 105 110
Val Leu Met His Val Leu Asp Asn Asp Lys His Asp Ile Val Leu Thr
115 120 125
Val Arg Tyr Ile Gly Gly Trp Val Ser Asp Leu Ser Glu Ile Glu Tyr
130 135 140
Ser Leu Thr Glu Glu Ser Asp Pro Ala Met Val Cys Val Ala Thr Leu
145 150 155 160
Gln Tyr Lys Tyr Ile Glu Val Glu Lys Asp Gly Ile Ile Ile Thr Gly
165 170 175
Arg Pro Ser Val Asn Asp Thr Arg Glu Ser Gln Tyr Gln Gln Lys Val
180 185 190
Met Gly Met His Pro Ser Met Arg
195 200

<210> 811
<211> 247
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 811

Leu Lys Leu Leu Phe Leu Ile Gly Lys Lys Arg Ser Gly Lys Asp Thr
1 5 10 15
Thr Ala Asp Tyr Ile Met Asp Asn Tyr Asn Ala Thr Lys His Gln Leu
20 25 30
Ala Gly Pro Ile Lys Asp Ala Leu Ala Asp Ala Met Leu Thr Glu Trp
35 40 45
Tyr Arg Asp Thr Ser Arg Glu Phe Pro Arg Ile Thr Arg Ser Met Ile
50 55 60
Glu Gly Ile Asp Tyr Asp Arg Glu Gln Asp Leu Asn Leu Ser Thr Lys
65 70 75 80
Asp Val Ile Arg Ile Met Ala Asn Ala Ile Glu Tyr Val His His Asp
85 90 95
Leu Pro Leu Pro Gly Val Val Tyr Asp Asn Lys Arg Lys Ile Leu Asp
100 105 110
Gly Asp Thr Met Glu Val Ile Arg Lys Val Val Ile Asn Lys Pro Val
115 120 125
Glu Pro Trp Ser Ile Arg Arg Leu Met Gln Thr Leu Gly Thr Asp Ile
130 135 140
Val Cys Asp Lys Leu Asp Arg Met Tyr Trp Val Lys Arg Phe Thr Leu
145 150 155 160
Val Met Ala Asp Thr Phe Gly Asp Tyr Asp Tyr Phe Ile Val Pro Asp

165 170 175
Thr Arg Gln Asp His Glu Leu Asp Val Ala Arg Ala Met Gly Ala Thr
180 185 190
Val Ile His Val Val Arg Pro Glu Gln Glu Gly Ser Lys Lys Asp Thr
195 200 205
His Val Thr Glu Arg Gly Leu Pro Ile Arg Glu Gly Asp Ile Val Ile
210 215 220
Thr Asn Asp Gly Ser Leu Glu Glu Leu Tyr Ser Lys Ile Asn Thr Ile
225 230 235 240
Leu Gly Ile Gln Asn Asp Tyr
245

<210> 812
<211> 77
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 812
Met Thr Thr Glu Gln Leu Gln Ala Gln Val Asp Thr Leu Lys Val Arg
1 5 10 15
Val Phe Asp Leu Ser Glu Thr Ile Gln Gly Leu Ser Ala Leu Arg Ala
20 25 30
Gln Tyr Glu Glu Val Leu Gln Lys Leu Ile Ala Val Ser Gly Val Glu
35 40 45
Ile Gly Glu Asp Gly Gln Val Lys Leu Asp Asp Leu Val Ala Lys Ile
50 55 60
Glu Ala Gln Phe Ala Glu Glu Thr Thr Glu Glu Ser Glu
65 70 75

<210> 813
<211> 151
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 813
Met Lys Phe Ser Asp Phe Ser Thr Gly Leu Tyr Val Ala Ala Lys Phe
1 5 10 15
Ser Glu Lys Thr Leu Asp Ala Ile Glu Asp Leu Gln Arg Glu Leu Lys
20 25 30
Val Pro Asn Pro Val Pro Arg His Lys Ile His Thr Thr Ile Cys Tyr
35 40 45
Ser Arg Val His Val Pro Tyr Val Cys Ala Ser Gly Ser Phe Glu Val
50 55 60
Ala Thr Ser Gly Lys Leu Glu Val Trp Asp Thr Gln Asp Gly Arg Thr
65 70 75 80
Leu Val Leu Lys Leu Asp Ser Glu Tyr Leu Lys Phe Arg His Gln Tyr
85 90 95
Ala Arg Ala Leu Gly Ala Thr His Asp Phe Pro Asp Tyr Ser Pro His

100 105 110
Ile Thr Leu Ser Tyr Asn Val Gly Pro Ala His Phe Glu Gly Glu Val
115 120 125
Gln Val Pro Val Val Leu Asp Arg Glu Tyr Gln Glu Pro Leu Lys Leu
130 135 140
Asn Trp Ser Glu Asp Leu Lys
145 150
<210> 814
<211> 127
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 814
Met Lys Ser Tyr Gln Glu Phe Leu Met Glu Thr Glu Ala Leu Leu Glu
1 5 10 15
Ser Thr Leu Pro Asp Tyr Met Ile Val Lys Ser Phe Asn Val Lys Asn
20 25 30
Gly Tyr Val Ile Lys Phe Pro Ile Ala Ser Val Lys Pro Gly Ala Asp
35 40 45
Met Ser Asn Asp Ala Gly Ile Ser Val Lys Val Asn Val Gln Phe Ile
50 55 60
Asn Tyr Asn Ser Ala Lys Lys Ser Tyr Asp Ala Lys Met Thr Phe Ser
65 70 75 80
Gly Gly Glu Lys Val Val Lys Asn Ile Lys Leu Asp Tyr Asp Glu Ser
85 90 95
Ala Glu Ser Val Lys Lys Arg Phe Gly Asp Lys Leu Val Lys Ser Ile
100 105 110
Met Val His Pro Thr Phe Lys Arg Asp Phe Thr Glu Leu Tyr Lys
115 120 125
<210> 815
<211> 59
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 815
Met Lys Arg Cys Glu Leu Ile Arg Asn Val Ala Ser Ala Ile Cys Leu
1 5 10 15
Thr Ala Val Gly Thr Ser Ile Phe Gly Ala Ile Phe Met Gly Ala Lys
20 25 30
Glu Ile Met Val Val Leu Val Ala Ala Phe Leu Met Gly Ser Ile Ser
35 40 45
Phe Ile Met Asp Lys Ile Ser His Glu Lys Asp
50 55
<210> 816
<211> 59
<212> PRT

<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 816

Met Lys Lys Ile Lys Gln Trp Phe Val Lys Thr Tyr Asp Leu Gly Arg
1 5 10 15
Glu Glu Val Thr Lys Tyr Asp Tyr Val Thr Leu Gly Val Gly Leu Gly
20 25 30
Ala Leu Leu Ala Ala Leu His Ser Ser Leu Leu Ala Ile Ala Val Leu
35 40 45
Leu Ile Leu Ala His Tyr Ser Trp Lys Arg Lys
50 55

<210> 817
<211> 61
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 817

Met Tyr Ala Leu Leu Thr Trp Ser Asn Tyr Tyr Pro Ala Pro Gly Ser
1 5 10 15
Asp Gln Ile Arg Gly Val Tyr Ser Thr Val Glu Glu Cys Tyr Glu Ala
20 25 30
Leu Gln Gly Thr Tyr Gln Asp Tyr Phe Glu Ile Leu Asn Ser Arg Phe
35 40 45
Glu Thr Val Ala Lys Gly Ser Thr Glu Ala Tyr Lys Asp
50 55 60

<210> 818
<211> 116
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 818

Met Asn Ile Arg Ala Ala Phe Asn Thr Phe Tyr Gln Glu Asn Tyr Lys
1 5 10 15
Leu Leu Ser His Glu Tyr Tyr Asp Ala Gln Gly Val Pro Ile Pro Ser
20 25 30
Asp Leu Val Thr Pro Lys His Val Lys Thr Asp Ser Leu Asp Asn Glu
35 40 45
Ile Gln Pro Gly Asp Leu Val Ser Tyr Tyr Cys Gly Gly Ser Leu Ser
50 55 60
Ala Ala Ser Val Gly Ile Leu Leu Gly Phe Thr Pro Lys Gly Tyr Arg
65 70 75 80
Val Val Pro Phe His Thr Ser Pro Ile Pro Glu His Arg Val Leu Leu
85 90 95
Ser His Met Asp Ser Pro His Arg Val Phe Leu Val Lys Ser Lys Ser
100 105 110

Ser Pro Ile Val
115

<210> 819
<211> 84
<212> RNA
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 819
ggggaguuag accguagggg uagcgggaca gacuguaaau cuguugcuca aaaggcucga 60
gugguucgac uccauuacuc ccca 84

<210> 820
<211> 74
<212> RNA
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 820
gggauacuag cucaguuggu uagagcaccg gacuuuuaau ccggguguac gaaguucgaa 60
ucuucggugu ccca 74

<210> 821
<211> 82
<212> RNA
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 821
gggucguugg cugagagggu aagcgacgga cuguuaaucc gugucagaaa ugacuaggca 60
gguucgauac cugcacggcc cg 82

<210> 822
<211> 74
<212> RNA
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 822
agugcuguag ucgagauggu uaagacacuc cccugucacg ggagagaucg cggguucgac 60
acccgucagc acug 74

<210> 823
<211> 132
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 823
Leu Thr Phe Asp Glu Trp Leu Ser Trp Trp Lys Ala Thr Gly Lys Tyr
1 5 10 15
His Leu Arg Gly Arg Ala Ser Asp Asn Tyr Cys Met Cys Arg Lys Gly

20 25 30
Asp Val Gly Pro Tyr Ser Leu Asp Asn Ile Tyr Cys Ala Thr Asn Ala
35 40 45
Gln Asn Ala Lys Asp Ala Gly Ala Asn Gly Arg Ile Ile Ser Thr Gly
50 55 60
Phe Thr Gly His Asn His Ser Asp Glu Thr Lys Ile Lys Ile Ser Glu
65 70 75 80
Asn His Ala His Lys Leu Asn Ala Asp Glu Ile Ser Leu Arg Ile Asp
85 90 95
Leu Tyr Asn Ser Ile Asp Phe Thr Gln Arg Gly Ala Leu Val Lys Phe
100 105 110
Ala Asn Lys Leu Gly Ile Ser His Thr Gln Ala Arg Lys Phe Ile Asn
115 120 125
Lys Phe Ile Lys
130

<210> 824
<211> 74
<212> RNA
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 824
ugcggaguaa cuucaguugg uagaauguug ggcucauauc ccgacacgcg cagguucgag 60
uccugccucc gccu 74

<210> 825
<211> 72
<212> RNA
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 825
ugaaucauag ccaaguuggu aaggcaguag guuuugaucc uacgaucccu gguucgaguc 60
caggugguuc ag 72

<210> 826
<211> 57
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 826
Met Met Asp Gly Val Asn Ile Asp Val Val Val Val Gln Leu Val Glu
1 5 10 15
Pro Glu Val Val Ile Leu Asp Val Thr Asp Ser Asn Ser Val Gly His
20 25 30
Pro Asn Asn Glu Gly Met Val Glu Lys Tyr Thr Ala Arg Lys Thr Leu
35 40 45
Trp Leu Ser Leu Ser Glu Leu Cys Leu
50 55

<210> 827
<211> 73
<212> RNA
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 827
guggucguag uucaguuggu agaacccgag guugugaucc ucgaugucac ggauucgaau 60
uccgucggcc acc 73
<210> 828
<211> 82
<212> RNA
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 828
ggagaguagc gcuaguggua gcaaaccgga cuugaaaucc gggccaccgg aaacggugag 60
gguucaacuc cuuuacucuc cg 82
<210> 829
<211> 73
<212> RNA
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 829
gggaguauag cucauuuggu agagcucucg accgauaauc gagcggugac ugguucgagu 60
ccaguuacuc cca 73
<210> 830
<211> 72
<212> RNA
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 830
agguucuuag uauaauggcu auuaugcugg gcuccaaacc cagugaugag gguucgauuc 60
cuucagggcc ug 72
<210> 831
<211> 72
<212> RNA
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 831
gcauccaucg uauagcggau auuaugucug gcuuccaccc agaagauggg aguucgauuc 60
ucccuggaug cu 72
<210> 832
<211> 74
<212> RNA

<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 832
cuccguauag cucagccugg uagagcgcuc cauuugggau ggagaggucg aauguucgag 60
ucauucuaug gaga 74
<210> 833
<211> 50
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 833
Met Lys Tyr Tyr Gly Phe Lys Thr Ser His Phe Gly Lys Ala Tyr Arg
1 5 10 15
Thr Glu Asn Ile Asp Arg Arg Arg Ala Tyr Tyr Glu Ser Leu His Lys
20 25 30
Ala Gly Arg Ser Arg Ala Arg Gln Glu Gly Gln Lys Gln Ala Lys Glu
35 40 45
Ile Glu
50
<210> 834
<211> 121
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 834
Met Asn Ile Phe Ile Gly Val Ala Asn Asn Val Asn Ala Ile Thr Val
1 5 10 15
Lys Leu Gln Trp Asn Arg Pro Thr Asn Phe Ala Leu Gly Leu Cys Lys
20 25 30
Ser Glu Arg Asp Leu Met Leu His Ala Asp Phe Ala Tyr Thr Phe Asp
35 40 45
Glu Arg Lys Gly Met Trp Val Trp Ile Lys Cys Arg Tyr Glu Ala Leu
50 55 60
Ile Lys Tyr Glu Tyr Phe Ser Glu Arg Asp Ile Gln Glu Val Ile Ala
65 70 75 80
Tyr His Ser Gly Cys Lys Val Ser Lys Leu Arg Gln Val Ile Pro Phe
85 90 95
Thr Asn Ala Ser Asn Val Glu Glu Leu Ile Thr Asp Phe Lys Arg Ile
100 105 110
Tyr Gln Ala Lys Tyr Asp Glu Arg Phe
115 120
<210> 835
<211> 77
<212> PRT
<213> Unknown

<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 835
Met Met Lys Asp Ser Lys Gly Arg Asp Val Gln Val Gly Asp Ile Val
1 5 10 15
Phe Tyr Gly Glu Arg Thr Tyr Asn Lys Gly Gly Arg Gly Ser Met Arg
20 25 30
Cys Gly Arg Ile Thr Asp Ile Ala Ser Gly Leu Ala Lys Val Asp Asn
35 40 45
Asp Tyr Val Ala Met Arg Ser Lys Ser Phe Val Lys Val Ser Pro Met
50 55 60
Phe Ala Thr Met Trp Glu Asn Gly Thr Ile Phe Glu Ile
65 70 75
<210> 836
<211> 74
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 836
Met Lys Arg Ile Ala Leu Ile Val Asp Gln Glu Ala Met Phe Ala Ala
1 5 10 15
Thr Gly Lys Phe His Pro Val Ser Lys Phe Val Ala Arg Ser Glu Lys
20 25 30
Ile Val Gly Leu Val Glu Thr Val Ala Gly Asp Val Ile Val Ser Ile
35 40 45
Lys Thr Ser Glu Ile Ser Pro Val Val Lys Val Ala Val Glu Asn Asp
50 55 60
Phe Trp Glu Val Ala Asp Phe Met Cys Glu
65 70
<210> 837
<211> 74
<212> RNA
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 837
ggcccuguag cucaauuggu agagcguucc ccucauaagg gauugguugc auguucgagu 60
cuuugccagg guca 74
<210> 838
<211> 66
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 838
Met Met Arg Leu Val Lys Val Val Val Glu Glu Ser Glu Tyr Met Gly
1 5 10 15

Asp Ser Arg Met Ile Glu Glu Phe Val Thr Val Glu Ala Asp Ser Glu
20 25 30
Ser Glu Ile Val Asp Lys Val Tyr Arg His Phe Asp Asn Met Ser Asp
35 40 45
Ser Tyr Gly Thr Met Tyr Ser Ile Tyr Arg Leu Asp Val Ile Val His
50 55 60
Ile Asn
65

<210> 839
<211> 185
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 839

Met His Ile Arg Phe Gly Gln Val Ile Pro Lys Gly Leu Ala Met Ala
1 5 10 15
Ile Thr Thr Trp Glu Asn Asp Ala Asp Arg Tyr Ser Thr Gln Met Val
20 25 30
Tyr Gly Leu Glu Lys Glu Glu Ile Asn Gln Val Ile His Val Leu Glu
35 40 45
Trp Phe Ser Ser Asn Gly Arg Arg Gly Glu Tyr Leu Gly Asn Asn Asp
50 55 60
Tyr Asn His Glu Ala Ile Leu Glu Lys Leu His Thr Glu Gln Lys Tyr
65 70 75 80
Val Thr Pro Glu Phe Ser Lys Lys Phe Phe Gly Val Asp Val Pro Ala
85 90 95
Tyr Asp Cys Thr Asp Glu Glu Phe Asp Ala Tyr Leu Asp Asn His Tyr
100 105 110
Ser Cys Ser Asn Glu Val Met Tyr Ala Ile Gln Ala Trp Leu Gly Asn
115 120 125
Pro Ile Glu Tyr Asp Tyr Asp Phe Met Arg Val Phe Glu Lys Val Glu
130 135 140
Ile Phe Asp Ile Lys Glu Glu Ile Arg Ile Pro Asp Ala Pro Val Ala
145 150 155 160
Phe His Val Gly Ile Thr Tyr Lys Gln Lys Glu Ser Pro Leu Lys Val
165 170 175
Asp Trp Leu Lys Tyr Val Lys Glu Lys
180 185

<210> 840
<211> 149
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 840

Met Asp Ile Gly Ser Gly Ser Ser Tyr Pro Ser Cys Ala Leu Ser Asn
1 5 10 15

Phe Ala Pro His Lys Phe Ile Tyr Asp Gly Val Glu Cys Ala Ser Met
20 25 30
Glu Gly Phe Leu Gln Ser Leu Lys Phe Ser Ser Pro Glu Met Gln Ala
35 40 45
His Val Cys Thr Leu Val Gly Lys Ser Ala Lys Phe Lys Gly Lys Lys
50 55 60
Lys Arg Trp Trp Pro Thr Gln Thr Leu Tyr Trp Lys Gly Val Pro Ile
65 70 75 80
His Arg Ala Ser Glu Ala Tyr Gln Asn Leu Leu Thr Gly Ala Tyr Asp
85 90 95
Ala Leu Ser Lys Asn Glu Gly Phe Arg Lys Ala Leu Ala Ala Thr Arg
100 105 110
Asn Ala Thr Leu Thr His Ser Met Gly Lys Asn Lys Ile Ser Glu Thr
115 120 125
Ile Leu Thr Glu Arg Glu Phe Cys Asn Gln Leu Tyr Arg Leu Arg Asn
130 135 140
Ala Ile Asn Asn Gln
145

<210> 841
<211> 84
<212> RNA
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 841
gcgucgaugu uggaauuggu agacaaagga gacuuaaaau cucccgggau uaaacccgua 60
cgaguucgag ucucguucga cgca 84

<210> 842
<211> 73
<212> DNA
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<220>
<223> Description of Unknown:
sequence
<400> 842
gcccuuauag uguaauggau agcacacgau cguuctaagg ucgguagucc ggguucgagu 60
ccuggugggg gua 73

<210> 843
<211> 73
<212> RNA
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<220>
<223> Description of Unknown:
sequence

<400> 843
gccgauuuag cucaguuggu agagcgcuuc acuuguaaug aagaugccgc ggguucgacu 60
ccugcaaucg gca 73
<210> 844
<211> 194
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 844

```
Met Lys Phe Lys Asp Phe Leu Thr Glu Glu Glu Leu Phe Glu Ala Ala
1               5                  10                  15
Pro Gly Arg Met Thr Lys Ser Lys Trp Arg Asp Ala Leu Val Leu Val
            20                  25                  30
Pro Arg Gly Glu Arg His Asp Phe Ser Lys Phe Ala Ala Ser Val Glu
        35                  40                  45
Lys Ile Tyr Gly Ile Gly Ile Ser Asp Pro Lys Asp Tyr Ala Lys Val
    50                  55                  60
Ala Ala Ala Phe Glu Ser Leu Gly Gly Lys Val Thr Thr Pro Ala Arg
65                  70                  75                  80
Gly Ala Ser Pro Ala Gln Ala Pro Ala Ala Lys Pro Ala Pro Val Lys
                85                  90                  95
Ala Lys Pro Lys Asn Ile Pro Gly Leu Lys Ile Ser Gly Asp His Gly
            100                 105                 110
Asp Ile Ile Gly Ser Gly Glu Leu Phe Lys Ala Ile Asp Lys Ala Leu
        115                 120                 125
Pro Leu Val Arg Asp Asn Gly Pro Leu Tyr Lys Ala Val Gln Phe Tyr
    130                 135                 140
Phe Asp Asn Leu Trp Lys Tyr Arg Glu Ser Gln Gly Ala Lys Pro Ser
145                 150                 155                 160
Ala Arg Glu Thr Gln His Ile Gly Glu Val Lys Thr Leu Leu Ala Lys
                165                 170                 175
Leu Asn His His Leu Val Glu Leu Ser Arg Gln Thr Glu Leu Ser Tyr
            180                 185                 190
Asn Val
```

<210> 845
<211> 96
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 845

```
Met Ser Lys Phe Asn Phe Ile Gln Ile Glu Arg Gly Tyr Asn Asn Tyr
1               5                  10                  15
Gly Thr Pro Asp Arg Tyr Arg Ala Ile Trp Ile Lys Gly Glu His Glu
            20                  25                  30
His Ala Val Phe Asn Val Ala Glu Thr Arg Glu Leu Lys Asp Leu Ile
        35                  40                  45
```

Lys His Val Arg Lys Asp Trp Pro Ala Val Glu Glu Tyr Tyr Val Arg
50 55 60
Val Tyr His Glu Glu Ala Pro Thr Glu Thr Val Gln Ile Lys Phe Ala
65 70 75 80
Lys Thr Ala Ser Ala Leu Thr Lys Arg Ile Glu Ala Val Ile Asn Cys
85 90 95

<210> 846
<211> 197
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 846

Met Ser Ile Leu Lys Lys Leu Val Glu Phe Ile Arg Ser Lys Phe Gly
1 5 10 15
Thr Phe Val Ala Gln Asn Thr Ser Val Glu Asp Gln Tyr Thr Met Ala
20 25 30
Ala Asn Arg Ile Ile Asp Glu Ile Thr Lys Leu Arg Thr Thr His Val
35 40 45
Lys Ser Val Asn Glu Glu Lys Arg Leu Leu Lys Leu Ala Asp Glu Lys
50 55 60
Asp Gln Ala Gly Ala Ser Lys Glu Arg Glu Ile Arg Arg Leu Met Ala
65 70 75 80
Glu Gly Met Asn Val Glu Thr His Ala Lys Leu Gly Leu Leu Tyr Arg
85 90 95
Arg Thr Ala Lys Ala Leu Arg Asp Lys Ala Ala Glu Tyr Lys Glu Met
100 105 110
Arg Ala Gln Ile Glu Glu Thr Val Val Lys Leu Asp Asp Gln Arg Leu
115 120 125
Asp Leu Ala Val Lys Leu Glu Tyr Ile Arg Glu Thr Arg Asn Ala Ser
130 135 140
Ala Leu Gly Ile Thr Ser Ala Asp Asp Val Ile Glu Ile Ala Glu Leu
145 150 155 160
Ala Lys Val Asp Val Gln Asp Ile Met Met Lys Val Glu Thr Phe Ser
165 170 175
Gly Thr Gln Pro Gly Ile Glu Thr Thr Thr Ala Asp Val Gln Glu Tyr
180 185 190
Leu Glu Ser Leu Lys
195

<210> 847
<211> 186
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 847

Met Ala Thr Pro Gln Ile Lys Glu Leu Ile Ala Ala Gly Phe Pro Thr
1 5 10 15

Glu Ile Thr Asp Ile Leu Gly Lys Phe Ala Tyr Pro Asp Thr Arg Pro
20 25 30
Glu Asn Trp Lys Thr Arg Tyr Asn Gly Tyr Asn Thr Thr Val Leu Pro
35 40 45
Arg Ala Ile Val Leu Lys Asp Tyr Ser Lys Leu Lys Asn Leu Ile Ser
50 55 60
Asn Ile Ser Ser Ile Ser Asp Gly Val Lys Leu Val Asp Ile Phe Ala
65 70 75 80
Leu Arg Tyr Gly Ile Tyr Ser Phe Asn Asp Ser Pro Ser Asn Leu Lys
85 90 95
Ser Ala Arg Thr Asn Ala Gly Glu Tyr Ser Thr Ser Gly Ser Thr Thr
100 105 110
Tyr Thr Ile Val Ile Glu Ile Ile His Asn Lys Asn Ser Tyr Arg Leu
115 120 125
Gly Ile Asn Leu Val Lys Tyr Val Thr Ser Gln Asp Asp Tyr Ser Asn
130 135 140
Tyr Leu Asn Tyr Cys Val Asn Glu Leu Pro Ser Lys Val Met Ser Met
145 150 155 160
Phe Asp Ser Asn Asn Met Val Gly Lys Gln Leu Ile Ile Asp Glu Phe
165 170 175
Ile Lys Tyr Cys Arg Glu Arg Val Gln Lys
180 185

<210> 848
<211> 119
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 848

Met Ser Asn Leu Tyr Leu Pro Ser Glu Pro Pro Val Tyr Asn Tyr Val
1 5 10 15
Tyr Lys Phe Asp Gln Ile Asp Tyr Ala Leu Val Pro Gly Ile Gly Ala
20 25 30
Thr Val Gly Ala Met Cys Thr Phe Ala Ala Ile Asp Ile Met His Leu
35 40 45
Thr Asp Ile Thr Pro Ala Val Leu Phe Gly Ile Leu Leu Ala Trp Trp
50 55 60
Gly Thr Ser Leu Leu Ile Met Gly Leu Ile Glu Cys Ser Arg Trp Val
65 70 75 80
Lys Trp Ser Arg Asn Asn Tyr Lys Arg Lys Ala Glu Trp Lys Glu Gln
85 90 95
Cys Lys Asn Leu Thr Leu Glu Trp Asn Arg Lys Lys Ser Phe Glu Phe
100 105 110
Ile Lys Glu Val Arg Arg Lys
115

<210> 849
<211> 98
<212> PRT

<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 849

Met Asn Glu Tyr Lys Pro Asp Gly Phe Trp Asn Gln Asp Gly Leu Ala
1 5 10 15
Pro Gly Phe Gly Ile Val Thr Trp Leu Leu Tyr Cys Ala Phe Val Ile
20 25 30
Val Gly Gly Thr Phe Phe Gly Leu Asn Val Ser Glu Phe Met Ile Met
35 40 45
Leu Leu Phe Leu Gly Val Phe Ala Phe Ser Leu Met Trp Met Leu Ile
50 55 60
Ile Ala Leu Ile Asn Cys Cys Thr Phe Leu Ala Tyr Arg Met Lys Tyr
65 70 75 80
Lys Lys Trp Lys Glu Lys Glu Asp Phe Asn Thr Trp Ile Arg Ser Cys
85 90 95
Arg Lys

<210> 850
<211> 108
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 850

Met Ile Lys Thr Cys Tyr Arg Gly Met Ile Lys Ser Asp Glu Pro Gly
1 5 10 15
Tyr Phe Phe Leu Phe Leu Leu Ile Trp Phe Ser Leu Ser Ala Phe Val
20 25 30
Gly Phe Gly Thr Phe Trp Gly Phe Tyr Phe Phe Ser Pro Val Phe Gly
35 40 45
Asp Ala Leu Tyr Tyr Ile Gly Trp Met Ser Gly Val Gly Thr Trp Phe
50 55 60
Ala Ile Leu Ala Arg Trp Leu Gln Phe Val Ser Gln Arg Gln Arg Gly
65 70 75 80
Val Phe Asp Lys Pro Lys Val Lys Lys Glu Lys Ser Lys Asp Asp Ser
85 90 95
Arg Ser Glu Thr Leu Ser Trp Ile Lys Glu Met Lys
100 105

<210> 851
<211> 78
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 851

Met Ala Val Ala Val His Val Lys Phe Glu Asn Gly Asp Thr Arg Leu
1 5 10 15
Leu Cys Tyr Ser Asp Asn Glu Ser Leu Ser Gly Ile Glu Ile Ser Leu

20 25 30
Lys Glu Glu Leu Leu Gly Ile Asn Gly Pro Ile Cys Asp Phe Ser Val
35 40 45
Glu Gly Ser Asp Asn Cys Asn Asp Asp Leu Glu Ser Met Val Tyr Thr
50 55 60
Ala Met Glu Asp Ile Leu Glu Glu Ser Trp Asn Glu Cys Gln
65 70 75
<210> 852
<211> 150
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 852
Met Pro Met Lys Glu Leu Ser Ala Gly Ile Leu Phe Phe Thr Asp Asp
1 5 10 15
Lys Arg Leu Leu Met Gly Arg Met Thr Asn Thr Tyr Val Gln Gly Arg
20 25 30
Gly Ser Arg Trp Asp Ile Pro Lys Gly His Val Glu Pro Gly Glu Thr
35 40 45
Pro Lys Glu Ala Ala Ile Arg Glu Cys Lys Glu Glu Thr Gly Phe Thr
50 55 60
Glu Phe Asp Gln Asp Leu Leu Tyr Asp Leu Gly Arg His Asp Tyr Ala
65 70 75 80
Ser Asn Lys Asp Ile His Leu Phe Gly Tyr Met Leu Pro Val Ser Pro
85 90 95
Glu Met Phe Arg Asn Cys Arg Cys Thr Ala Tyr His Lys Asp Glu Asn
100 105 110
Gly Ile Asn Phe Pro Glu Ile Asp Ala Phe Ala Leu Ile Lys Pro Ser
115 120 125
Gln Trp Lys Tyr Val Met Gly Pro Ser Leu Tyr Lys Ile Met Thr Gln
130 135 140
Met Tyr Ser Thr Ala Gln
145 150
<210> 853
<211> 102
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 853
Met Glu Glu Ala Val Glu Leu Gly Ile Pro His Ile Tyr Lys His Glu
1 5 10 15
Leu Arg Phe Ile His Asp Gly Lys Trp Ile Ser Ile Phe His Pro Arg
20 25 30
Asp Lys Met Ser Arg Ile Leu Met Lys Ser Arg Tyr Val Phe Ser Asp
35 40 45
Ser Glu Tyr Ile Lys Ser Ala Tyr Tyr Ile Ala Glu Gln Leu Tyr Pro

50 55 60

Gly Phe Ser Glu Leu Pro Glu Asp Asp Lys Arg Asp Tyr Val Trp Trp
65 70 75 80

Lys Asp Lys Trp Thr Pro Tyr Glu Lys Cys Ser Leu Glu Leu Phe Ile
85 90 95

Ala Lys Cys Arg Ala Lys
100

<210> 854
<211> 164
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 854

Met Asp Ile Phe Gly Met Leu Arg Ile Asp Glu Gly Tyr Asp Ser Lys
1 5 10 15

Ile Tyr Lys Asp Ser Glu Gly Tyr Trp Thr Ile Gly Ile Gly His Leu
20 25 30

Leu Thr Lys Asp Pro Ser Lys Ser Leu Ala Ile Ser Asn Leu Asp Lys
35 40 45

Leu Val Gly Arg Ser Thr Gly Gly Gln Ile Thr Gln Ala Glu Ala Glu
50 55 60

Val Ile Phe Ala Lys Asp Val Glu Lys Ala Ile Lys Gly Ile Val Ala
65 70 75 80

Asn Ala Thr Leu Ser Pro Val Tyr Asn Ile Leu Asp Asp Val Arg Arg
85 90 95

Ala Ala Leu Ile Asn Met Val Phe Gln Met Gly Val Ser Gly Val Ala
100 105 110

Gly Phe Pro Ala Ser Met Lys Leu Leu Leu Ala Lys Lys Trp Asp Ala
115 120 125

Ala Ala Lys Glu Leu Ala Asn Ser Arg Trp Tyr Arg Gln Thr Pro Asn
130 135 140

Arg Ala Arg Arg Val Ile Glu Thr Met Arg Thr Gly Thr Trp Ala Ala
145 150 155 160

Tyr Gln Gly Lys

<210> 855
<211> 159
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 855

Met Lys Thr Tyr Gln Glu Phe Leu Asn Glu Ser Arg Leu Ala Thr Val
1 5 10 15

Gly Val Met Thr Glu Ser Val Gly Ser Asn Leu Leu Lys Phe Lys Lys
20 25 30

Gly Gln Lys Met Thr Ala Thr Leu Glu Asp Gly Thr Glu Ile Glu Met
35 40 45

Asp Val Val Gly Tyr Asn Tyr Val Val Asp Gly Lys Leu Tyr Asn Lys
50 55 60
Ser His Ala Lys Phe Asp Ser Phe Asp Asp Phe Val Ser Ser Val Glu
65 70 75 80
Asp Glu Ser Ser Arg Lys Ala Val Ala Ser Gly Asp Ala Arg Ser Leu
85 90 95
Met Ala His Gly His Met Arg Ile Lys Ser Lys Gln Asn Lys Pro Gly
100 105 110
Glu Asp Asn Phe Ala Leu Val Gly Tyr Gln Ser Gly Lys Thr Ser Asn
115 120 125
Gly Tyr Gln Arg Thr Val Thr Met Tyr Met Arg Asn Gly Lys Ile Ala
130 135 140
Phe Val Asn Asp Arg Gly Ala Ile Arg Tyr Ala Lys Ser Ile Lys
145 150 155

<210> 856
<211> 100
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 856

Met Lys Thr Tyr Lys Glu Phe Ile Thr Glu Ala Arg Val Ser Ala Gly
1 5 10 15
Lys Leu Glu Ala Ala Ile Asn Lys Lys Ala His Ser Phe His Asp Leu
20 25 30
Ser Asp Lys Asp Arg Lys Lys Leu Val Ser Leu Tyr Ile Asp Lys Glu
35 40 45
Arg Ile Leu Ala Leu Pro Gly Ala Asn Glu Gly Lys Gln Ala Lys Pro
50 55 60
Leu Asn Ala Val Glu Lys Lys Ile Asp Asn Phe Ala Ser Lys Phe Gly
65 70 75 80
Met Ser Met Asp Asp Leu Gln Gln Ala Ala Ile Glu Ala Ala Lys Val
85 90 95
Ile Lys Gly Lys
100

<210> 857
<211> 177
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 857

Met Lys Tyr Leu Thr Pro Ile Tyr Leu Thr Leu Met His Ala Phe Lys
1 5 10 15
Asp Ala Ala Asp Arg Arg Leu Asn Asn Pro Asn Tyr Ser Phe Tyr Glu
20 25 30
Pro Ser Cys Leu Met Arg Glu Tyr Gly Thr Leu Arg Leu Asp Gly Gly
35 40 45

Arg Gln Thr Gly Lys Thr Ala Ala Leu Cys Gln Phe Ala Thr Asp Trp
50 55 60
Leu Leu Glu Asp Gly Ser Val Ile Ile Leu Ser Thr Arg Tyr Thr Gln
65 70 75 80
Ser Ser Glu Leu Met Glu Gly Ile Leu Arg Glu Tyr Asn Ser Ser His
85 90 95
Leu Ile Asn Lys Leu Pro Ala Asn Glu Ile Ala Lys Ser Ile Val Pro
100 105 110
Met Thr Ile Arg Glu Phe Leu Ser Asn Asp Ser Ser Tyr Lys Phe Arg
115 120 125
Gly Arg Lys Leu Gly Arg Ala Leu Ile Ile Ile Glu Glu Pro Met Lys
130 135 140
Val Pro Asp Met Met Lys Phe Tyr Asp Met Tyr Gln Glu Ala Ile Arg
145 150 155 160
Trp Ser Met Pro Asn Asp Thr Leu Pro Leu Phe Phe Val Ile Gly Met
165 170 175
Gln

<210> 858
<211> 103
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 858

Met Met Thr Gln Thr Glu Ile Val Asp Met Ile Thr Val Met Glu Asn
1 5 10 15
Thr Gly Phe Ala Asp Met Lys Gln Leu Ile Thr Met Val Thr Ala Gly
20 25 30
Asn Leu Leu Glu Tyr Lys Arg Tyr Lys Phe Leu Ser Gly Pro Phe Lys
35 40 45
Gly Ala Glu Phe Ile Ser Asn Ala Pro Asn Thr Lys Trp Met Asn Arg
50 55 60
Tyr Pro Asn Phe Arg Ile Glu Phe Ile Ser Gly Lys Leu Lys Gly Val
65 70 75 80
Ile Ser Ser Ser Leu Ile Thr Tyr Asp Gln Arg Ile Gln Glu Lys Thr
85 90 95
Met Gln Trp Leu Lys Leu Leu
100

<210> 859
<211> 114
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 859

Met Ala Glu Ile Val Ile Arg Cys Pro Pro His Leu Val Glu Ser Phe
1 5 10 15
Cys Glu Trp Phe Ser Asn Ser Gly Glu Gln Asp Phe Tyr Glu Ala His

20 25 30
Gln Asn Gly Thr Trp Asn Glu Thr Thr Lys Gln Trp Glu Glu Ala Thr
35 40 45
Thr Tyr Ile Gly Thr Arg Gly Tyr Gly Val Asn Glu Pro Ile Glu Ile
50 55 60
Val Glu Tyr Asp Lys Glu Thr Asp Glu Glu Val Thr Tyr His Glu Asp
65 70 75 80
Lys Ile Thr Tyr Leu Glu Ala Ala Ala Lys Phe His Ser Asp Glu Trp
85 90 95
Asn Lys Met Ser Val Ile Thr Ala Tyr Met Arg Gly Trp Asn Lys Glu
100 105 110
Ser Asn

<210> 860
<211> 120
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 860
Met Lys Ala Tyr Gln Ile Leu Glu Gly Glu Leu Lys Gly Thr Ile Tyr
1 5 10 15
Ile Glu Asp Gly Asp Asp Ala Arg Val Ile Val Ser Lys Val Leu Lys
20 25 30
Glu Asp Thr Ile Thr Asp Ala Glu Thr Phe Tyr Gly Tyr Lys Ala Arg
35 40 45
Glu Val Glu Ile Glu Tyr Gln Pro Thr Val Lys Ile Glu Gly Gly Gln
50 55 60
His Leu Asn Val Asn Val Leu Arg Arg Glu Thr Leu Leu Asp Ala Val
65 70 75 80
Glu His Pro Glu Lys Tyr Pro Gln Leu Thr Ile Arg Val Ser Gly Tyr
85 90 95
Ala Val Arg Phe Asn Ser Leu Thr Pro Glu Gln Gln Arg Asp Val Ile
100 105 110
Ala Arg Thr Phe Thr Glu Ala Leu
115 120

<210> 861
<211> 93
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 861
Met Ala Ile Glu Asp Ile Lys Gly Tyr Lys Pro His Thr Asp Glu Lys
1 5 10 15
Ile Gly Lys Val Asn Ala Ile Lys Asp Ala Glu Ile Arg Leu Gly Leu
20 25 30
Ile Phe Lys Ala Leu Glu Glu Glu His Val Glu Lys Tyr Met Asn Leu
35 40 45

Asp Val Ser Thr Met Ser Asp Lys Glu Phe Asp Leu Ala His Glu Arg
50 55 60
Ile Thr Gln Ile Arg Asn Ala Ile Gln His Leu Lys Glu Ala Ser Met
65 70 75 80
Trp Ala Cys Arg Ser Val Phe Gln Pro Glu Glu Lys Tyr
85 90

<210> 862
<211> 152
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 862

Met Ser Thr Asn Pro Glu Val Phe Ile Arg Arg Thr Lys Leu Arg Arg
1 5 10 15
Lys Phe Glu Glu Ala Phe Arg Ser Leu Asn Leu Ser Val Arg Ala Arg
20 25 30
Ala Lys Ala Glu Gly Lys Glu Pro Phe Phe Thr Lys Tyr Ser Asp His
35 40 45
Leu Leu Asp Arg Ala Ile Gln Arg Glu Ile Asp Glu Glu Tyr Val Phe
50 55 60
Ser Val Leu Ser Lys Ile Pro Asn His Leu Lys Glu Ile Asn Glu Phe
65 70 75 80
Leu Ala Met Pro Trp Leu Pro Ile Asp Pro Lys Asp Ile Asp Glu Asn
85 90 95
Ile Glu Tyr Lys Pro Met Arg Leu Glu Ile Thr Asp Gly Asn Leu Trp
100 105 110
Leu Gly Phe Thr Met Asp Ile Pro Arg Pro Gly Lys Gly Pro Ser Ile
115 120 125
Lys Cys Arg Met Ala Phe Val Asn Asp Lys Arg Leu Lys Gly Lys Ile
130 135 140
Ser Thr Lys Val Ile His Ile Asn
145 150

<210> 863
<211> 181
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 863

Met Lys Lys Ala Leu Ile Gly Leu Met Ala Leu Cys Ser Thr Ala Phe
1 5 10 15
Gly Ser Glu Pro Thr Phe Ser Asn Val Gln Leu Asp Asn Leu His Tyr
20 25 30
Ala Tyr Asn Phe Gly Glu Gln Tyr Gln Lys Ser Gly Lys Glu Lys Ser
35 40 45
Pro His Asn Arg Tyr Asp Asn Asn Gly Leu Gly Tyr Ile Met Ala Ala
50 55 60

Ile Ser Trp Lys Glu Ser Ser Ala Gly Ala Asn Leu Lys Ala Gly Lys
65 70 75 80
Gly His His Ser Tyr Gly Val Phe Gln Asn Tyr Leu Pro Thr Val Lys
85 90 95
Ala Arg Ala Lys Leu Glu Gly Lys Asn Leu Ser Asp Ser Glu Ile Arg
100 105 110
Lys Met Leu Lys Ser Arg Gln Asn Ser Ala Glu Trp Ala Tyr Ile Glu
115 120 125
Leu Ser Tyr Trp Leu Asn Ile His Asn Gly Asn Met Arg Lys Ala Leu
130 135 140
Ala Ser Tyr Asn Ala Gly Trp Asn Val Lys Arg Gly Asn Ser Tyr Ala
145 150 155 160
Ser Asp Val Leu Glu Lys Ala Asn Phe Leu Lys Lys His Lys Met Leu
165 170 175
His Thr Lys Val Glu
180

<210> 864
<211> 106
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 864
Met Val Lys Tyr Ala Ala Leu Leu Gly Leu Val Leu Ala Phe Ser Ala
1 5 10 15
Asn Ala Glu Asn Ser Met Thr Asp Ser Leu Arg Ile Ala Lys Thr Phe
20 25 30
Cys Asn Thr Asn Ser Glu Cys Val Asp Ile Leu Ala Leu Glu Leu Asp
35 40 45
Ser Ala Phe Ser Asp Gly Val Lys Asp Ser Arg Ser Pro Ala Gln Trp
50 55 60
Thr Thr Leu Ile Asn Arg Lys Ala Lys Ser Met Lys Asp Leu Cys Val
65 70 75 80
Asn Ala Pro Asn Glu Asn Ile Cys Leu Met Tyr Arg Asp Gln Leu Met
85 90 95
Ala Arg Tyr Met Ser Gly Leu Ser Ser Lys
100 105

<210> 865
<211> 130
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 865
Met Lys Lys Ala Ala Ile Leu Leu Cys Cys Ala Phe Ser Val Asn Ala
1 5 10 15
Trp Glu Lys Leu Pro Gly Tyr Pro Glu Thr Val Leu Ala Ala Gln Gly
20 25 30

Thr Lys Ile Glu Ser Asn Gly Pro Phe Lys Asn Asn Ile Glu Ile Ala
35 40 45
Phe Val Pro Ser Ser Arg Lys Leu Leu Met Ser Phe Tyr Asn Tyr Gln
50 55 60
Asp Lys Asp Asp Gln Val Ile Val Pro Leu Val Glu Tyr Asn Ala Arg
65 70 75 80
Gly Cys Gly Met Gln Ser Asp Gly Val Ser Val Asp Gly Val Met His
85 90 95
Pro Lys Glu Gln Gly Val Leu Asn Pro Ile Leu Asn Cys Asn Asn Ala
100 105 110
Ile Phe Leu Arg Val Tyr Asn Asn Leu Asn Glu Tyr Ala Thr Tyr Lys
115 120 125
Ile Pro
130

<210> 866
<211> 155
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 866

Met Ile Thr Gly Tyr Ile Lys Gly Asn Ile Val Glu Leu Phe Met Lys
1 5 10 15
His Glu Cys Asp Ile Ala His Gly Cys Asn Cys Phe Thr Thr Met Gly
20 25 30
Ala Gly Val Ala Gly Gln Leu Ala Lys Ala Tyr Pro Pro Ile Leu Asp
35 40 45
Ile Asp Ile Asp Glu Asp Arg Tyr Tyr Asp Asn Asn Leu Ala Lys Leu
50 55 60
Gly Thr His Thr Arg Ala Ile His Lys Lys Gly Thr Ala Tyr Cys Tyr
65 70 75 80
Asn Leu Tyr Thr Gln Tyr Ala Pro Gly Pro Asn Val Asp Tyr Gly Ala
85 90 95
Ile Phe Asn Ala Phe His Glu Leu Asn Ser Gly Arg Ile Val Tyr Asn
100 105 110
Arg Pro Leu Tyr Ile Pro Lys Ile Gly Ala Gly Ile Ala Gly Gly Asp
115 120 125
Trp Glu Leu Ile Glu Lys Leu Ile Asn Leu Ala Thr Pro Asp Ile Asp
130 135 140
Ile Met Val Val Glu Tyr Glu Glu Ala Lys Ser
145 150 155

<210> 867
<211> 55
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 867

Met Ile Thr Glu Glu Gln Lys Thr Lys Leu Trp Gln Leu Ile Asp Asp
1 5 10 15
Tyr Ala Gly Ala Glu Gln Val Val Ala Ile Ser Ala Ile Tyr Gly Asn
20 25 30
Gly Leu Pro Glu Glu Tyr Asp Glu Leu Ile Arg Ser Lys Asn Ala Ile
35 40 45
Ser Asp Phe Met Glu Thr Leu
50 55

<210> 868
<211> 199
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 868

Met Ala Gln Leu Tyr Phe Asn Tyr Ala Ser Met Asn Ala Gly Lys Ser
1 5 10 15
Ala Asn Leu Leu Thr Ala Ala His Asn Tyr Lys Glu Arg Gly Met Gly
20 25 30
Thr Leu Ile Leu Lys Pro Ala Ile Asp Thr Arg Asp Ser Ala Thr Glu
35 40 45
Val Thr Ser Arg Ile Gly Leu Arg His Glu Ala Asn Thr Val Asp Glu
50 55 60
Ser Ile Asp Ile Leu Glu Phe Phe Lys Trp Ala Gln Thr Gln Arg Asp
65 70 75 80
Ile His Cys Val Phe Val Asp Glu Ala Gln Phe Leu Thr Ala Glu His
85 90 95
Val Leu Gln Leu Cys Lys Ile Val Asp Leu Tyr Asp Val Pro Val Met
100 105 110
Ala Tyr Gly Leu Arg Thr Asp Phe Arg Gly Glu Leu Phe Glu Gly Ser
115 120 125
Lys Ala Leu Leu Ser Val Ala Asp Lys Leu Val Glu Leu Lys Gly Val
130 135 140
Cys His Cys Gly Arg Lys Ala Thr Met Val Ala Arg Ile Asp Glu Asn
145 150 155 160
Gly Asn Ala Ile Thr Asp Gly Glu Val Val Glu Leu Gly Gly Glu Asp
165 170 175
Lys Tyr Val Ser Leu Cys Arg Lys His Trp Cys Glu Leu Val Gly Val
180 185 190
Tyr Asn Glu Ala Lys Asn Val
195

<210> 869
<211> 64
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 869

Met Lys Pro Arg Thr Tyr Asn Thr Ile Leu Met Leu Val Leu Ser Met
1 5 10 15
Leu Phe Ile Trp Met Gly Val Ala Ala Ser Ile Gln Ser Asp Arg Arg
20 25 30
Glu Glu Leu Gln Asn Arg Leu Asp Ser Gly Cys Lys Val Leu Ala Gln
35 40 45
Gly Lys Asp Phe Ile Ala Asn Thr Asn Gly Cys Tyr Ile Lys Tyr Glu
50 55 60

<210> 870
<211> 127
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 870

Met Ser Arg Thr Ile Arg Arg Lys Gly Trp His Val Val Lys Ser Ser
1 5 10 15
Lys Trp Asn Asp Gln Asn Asn Asn Glu Phe Ala Tyr Ile Lys Ser Tyr
20 25 30
Asn Glu Tyr Val Lys Thr Gln Lys Asp Lys Glu Asn Gln Gln Lys Tyr
35 40 45
Val Glu Leu Arg Ile Ser Glu Asn Ser Glu Arg Pro Leu Glu Ala Lys
50 55 60
Lys Leu Ile Ala Lys Ser Lys Arg Asp Gly Phe Trp Lys Thr Leu Arg
65 70 75 80
Trp Thr Arg Tyr Ala Met Pro Val Pro Arg Leu Phe His Lys Ala Glu
85 90 95
Ile Lys Arg Ala Leu Lys Tyr Asp Glu Glu Tyr Asn Trp Asp Glu Ala
100 105 110
Gly Ala Arg Thr Ile Glu Gln Gly Ile Cys Glu Trp Leu Trp Asp
115 120 125

<210> 871
<211> 70
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 871

Met Gln His Leu Ser Glu Lys Gln Leu Arg Asn Leu Thr Val Glu Gln
1 5 10 15
Leu Asp Glu Leu Arg Arg Glu Ile Gly His Gly Ile Ser His Leu Gln
20 25 30
Glu Glu Ile Arg Gln His Ser Ser Lys Ala Asp Tyr Thr Arg Lys Arg
35 40 45
Thr Leu Glu Lys Tyr Leu Lys Glu Val Lys Ala Val Leu Gln His Lys
50 55 60
Arg Asn Thr Gly Gln Lys
65 70

<210> 872
<211> 95
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 872

Met	Ala	Phe	Asn	His	Ile	Cys	Leu	Ala	Leu	Val	Leu	Gly	Cys	Gly	Ile
1				5				10						15	
Ser	Phe	Pro	Ala	Ala	Ser	His	Asp	Asp	Ile	Ser	Asp	Tyr	Asn	Ser	Tyr
			20					25				30			
Val	Glu	Gly	Ala	Leu	Gln	Val	Tyr	Ala	Lys	Phe	Lys	Glu	Pro	Ser	Lys
		35					40					45			
Gln	Glu	Ser	Glu	Gln	Phe	Tyr	Ala	Phe	Val	Gln	Ser	Lys	Trp	Lys	Ser
	50					55					60				
Glu	Ser	Cys	Ser	Lys	Asp	Cys	Asp	Ser	Leu	Gly	Arg	Ser	Ala	Gly	Glu
65					70					75					80
Glu	Tyr	Ala	Asn	Arg	Met	Arg	Ile	Gln	Phe	Asp	Asn	Glu	Val	Gln	
				85					90					95	

<210> 873
<211> 128
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 873

Met	Lys	Phe	Asn	Asp	Phe	Val	Lys	Asp	Gly	Lys	Leu	Thr	Pro	Gln	Asp
1				5				10						15	
Glu	Phe	Ile	Gly	Leu	Leu	Met	Val	Ser	Gln	Ala	Tyr	Phe	His	Ser	Ala
			20					25				30			
His	Phe	Asp	Thr	Lys	Ser	Tyr	Ala	Arg	His	Lys	Ala	Tyr	Glu	Val	Phe
		35					40					45			
Phe	Asn	Glu	Ile	Pro	Asp	Leu	Ile	Asp	Ala	Phe	Gly	Glu	Gln	Trp	Leu
	50					55					60				
Gly	Phe	Ser	Gly	Lys	Ser	Tyr	Thr	Pro	Ala	Leu	Pro	Ser	Gln	Lys	Glu
65					70					75					80
Leu	Pro	Lys	Asp	Thr	Ile	Glu	Met	Leu	Asp	Phe	Ile	Leu	Ala	Lys	Ala
				85					90					95	
Asp	Gly	Ile	Tyr	Lys	Ser	Val	Pro	Ala	Ala	Leu	Gln	Ser	Val	Leu	Asp
			100					105				110			
Asp	Ile	Thr	Gly	Leu	Cys	Tyr	Lys	Thr	Lys	Tyr	Leu	Leu	Ser	Leu	Gln
		115					120					125			

<210> 874
<211> 162
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08

<400> 874
Met Ile Lys Leu Thr Thr Glu Leu Gln Pro Gly Lys Ile Phe Tyr His
1 5 10 15
Val Cys Gly Val Asn Arg Thr Glu Thr Lys Pro Gly Glu Ile Thr Arg
20 25 30
Tyr Ile Val Ala Ser Gly Thr Tyr Asp Val Glu Leu Gly Leu Ser Gly
35 40 45
Val Tyr Ser Arg Lys Ser Pro Phe Phe Gln Val Ile Cys Glu Tyr Glu
50 55 60
Asn Tyr Ala Gly Gln Thr Glu Ser Tyr Ser Thr Glu Arg Ser Ala His
65 70 75 80
Asp Met Gly Ile Phe Lys Pro Gly Glu Lys Arg Ser Val His Asn Leu
85 90 95
Asn Arg Gly Phe Trp Thr Arg Glu Glu Ala Glu Gln Phe Ile Lys Glu
100 105 110
Leu Gln Glu Asn Lys Phe Ser Asp Pro Asp Asp Gln Ala Tyr Ala Asp
115 120 125
Arg Leu Thr Pro Ser Glu Asp Phe Arg Arg Gln Gln Glu Phe Met Asp
130 135 140
Ser Tyr Leu Asp Ser Cys Asp Tyr Asp Tyr Tyr Asp Phe Asp Asp Gly
145 150 155 160
Glu Glu
<210> 875
<211> 88
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 875
Met Asn Gly Trp Gly Pro Ser Asp Asp Gly Phe Ala Thr Arg Glu Ala
1 5 10 15
Thr Ile Ala Asp Gly Ile Glu Trp Ala Arg Leu Gln Lys Gln Leu Gln
20 25 30
Glu Gln Arg Glu Ser Glu Glu Phe Cys Val Asp Cys Asp Glu Glu Ile
35 40 45
Pro Val Ala Arg Arg Leu Leu Val Lys Gly Cys Gln Arg Cys Val Glu
50 55 60
Cys Gln Gly Lys Trp Asp Thr Val Met Thr Ser Ala Tyr Asn Arg Arg
65 70 75 80
Gly Ser Lys Asp Ser Gln Leu Arg
85
<210> 876
<211> 63
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 876

Met Glu Ser Ile Leu Asp Ser Thr Asn Leu Asp Asn Pro Tyr Ser Asp
1 5 10 15
Val His Val Lys Val Val Asn Ser Tyr Phe Thr Lys Lys Leu Ser Arg
20 25 30
Val Val Leu Lys Gln Gly Asn Asp Ile Ile His Leu Asp Thr Lys Gln
35 40 45
Ile Asp Ser Leu Ile Gln Phe Leu Ile Glu Ala Lys Asp Gly Glu
50 55 60

<210> 877
<211> 77
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 877

Met Ala Ser Lys Leu Val Trp Asp Gly Lys Pro Arg Lys Gly Asp Ala
1 5 10 15
Val Ile Glu Asp Glu Ser Pro His Val Ile Asp Leu Tyr Leu Thr Val
20 25 30
Phe His Thr Tyr Glu His Asn Thr Ile Ile Glu Ile Glu Arg Asp Gly
35 40 45
Asp Cys Val Ala Ile Asp Lys Ser Asp Ala Ile Glu Leu Val Lys Tyr
50 55 60
Leu Thr Ala Met Ile Pro Thr Met Lys Gln Asp Asn Leu
65 70 75

<210> 878
<211> 166
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 878

Met Asn Ile Asn Lys Asn Ser Trp His Phe Lys Met Asn Leu Trp Phe
1 5 10 15
Lys Ser Gly Asn Ile Trp Lys Met Pro Lys Thr Leu Cys Gly Tyr Phe
20 25 30
Trp Thr Thr Val Leu His Ile Leu Phe Ser Ser Ala Ile Ala Ile Phe
35 40 45
Ile Gly Ser Val Ala Trp Met Phe Gly Trp Pro Leu Ile Ala Gln Thr
50 55 60
Gly Ile Leu Ala Trp Ile Gly Val Ser Leu Ser Ala Phe Trp Leu Asn
65 70 75 80
Val Val Ala Val Pro Val Gly Ala Val Phe Ile Ala Thr Phe Val Leu
85 90 95
Ala Phe Val Ala Ile Val Phe Gly Phe Ile Phe Gly Leu Glu Lys Phe
100 105 110
Lys Glu Tyr Arg Lys Asn Lys Gln Phe Thr Lys Lys Leu Ala Arg Val
115 120 125

Lys Ala Gly Leu Pro Ala Glu Ser Glu Pro Leu Val Phe Ile Gln Tyr
130 135 140
Leu Lys Ala Arg Lys Arg Lys Val Cys Pro Met Ile Asp Tyr Val Glu
145 150 155 160
Gly Lys Thr Ser Glu Glu
165

<210> 879
<211> 74
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 879
Val Lys Asn Asp Gln Val Tyr Ile Val Asn Gly Arg Lys Ala Val Phe
1 5 10 15
Arg Ala Lys Thr Glu Arg Gly Ile Ile Ser Thr Tyr Pro Ile Ala Glu
20 25 30
Phe Thr Phe Glu Asp Gly Glu Gln Ile Lys Ile Lys Tyr Val Pro Leu
35 40 45
Ser Gln Thr Tyr Arg Phe Ile Gly Gly Glu Ile Asp Leu Asp Ile Tyr
50 55 60
Tyr Glu Gly Gly Val Trp Lys Leu Lys Ser
65 70

<210> 880
<211> 140
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 880
Met Glu Ile Glu Ile Val Thr Thr Lys Lys Lys Leu Ser Met Ser Leu
1 5 10 15
Leu Lys Gln Met Lys Met Ala Ser Ser Ser Glu Ile Lys Phe Ala Met
20 25 30
Phe Asp Arg Val His Arg Val Leu Gly Tyr Val Asn Ala Phe Lys Trp
35 40 45
Asn Lys Met Asp Ile Gln Val Ala Ile Ile Asn Thr Gly Asn Asp Trp
50 55 60
Ala Leu Val Pro Met Tyr Asp Thr His Val Ile Lys Thr Ala Arg Arg
65 70 75 80
Glu Pro His Pro Asp Gly Gln Glu Tyr His Phe His Asp Val Val Tyr
85 90 95
Tyr His Thr Met Gln Lys Ile Gly Asn Val His Arg Asn Ser Lys Lys
100 105 110
Ser Thr Asp Lys Glu His Val Glu Ala Cys Ala Lys Ala Ser Asn Asp
115 120 125
Leu Ile Lys Phe Ala Lys Gly Asn His Ile Tyr Leu
130 135 140

<210> 881
<211> 336
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 881

```
Met Lys Thr Ile Val Lys Ser Tyr Phe Gly Ser His Leu Tyr Gly Thr
1               5                  10                  15
Ser Thr Pro Glu Ser Asp Val Asp Phe Lys Glu Ile Phe Val Pro His
            20                  25                  30
Pro Arg Asp Ile Leu Met Cys Gln Ala Met Asn His Thr Asn Cys Asn
        35                  40                  45
Thr Asn Asn Ser Ala Thr Lys Asn Thr Lys Asp Asp Val Asp His Glu
    50                  55                  60
Leu Phe Ser Leu Lys Tyr Phe Phe Lys Leu Ala Ala Asp Gly Glu Thr
65                  70                  75                  80
Val Ala Leu Asp Met Leu His Thr Pro Pro Glu Leu Val Val Ala Ser
                85                  90                  95
Asp Leu Pro Glu Val Trp Lys Phe Ile Gln Asp Asn Arg Ala Arg Phe
            100                 105                 110
Tyr Thr Thr Asp Met Lys Ala Tyr Leu Gly Tyr Val Arg Lys Gln Ala
        115                 120                 125
Gly Lys Tyr Gly Val Lys Gly Ser Arg Leu Ala Asp Leu His Lys Val
    130                 135                 140
Leu Asp Val Ile Arg Asp Val Pro Glu Trp Lys Tyr Asp Asp Arg Pro
145                 150                 155                 160
Gln Gln Lys Gly Ile Asn Glu Arg Trp Lys Val Gln Asp Ile Ala Glu
                165                 170                 175
Lys Leu Pro Leu Gly Glu Phe Leu Glu Trp Thr Thr Phe Val Asp His
            180                 185                 190
Lys Ser Gly Glu Gln Lys Phe Tyr Asn Val Leu Gly Arg Lys Phe Gln
        195                 200                 205
Thr Thr Ile Thr Ile Lys Glu Met Lys Tyr Ser Leu Glu Lys Leu Asp
    210                 215                 220
Ala Glu Tyr Gly Glu Arg Ala Arg Lys Ala Glu Ala Asn Glu Gly Val
225                 230                 235                 240
Asp Trp Lys Ala Leu Ser His Ala Leu Arg Ala Gly Leu Gln Leu Gln
                245                 250                 255
Glu Ile Tyr Met Thr Gly Asp Leu Gln Phe Pro Leu Thr His Ala Lys
            260                 265                 270
Met Val Lys Met Val Lys Ala Gly Glu Leu Pro Phe Lys Glu Val Gln
        275                 280                 285
Glu Leu Leu Glu Ser Val Val Asp Glu Val Glu Ile Leu Ala His Thr
    290                 295                 300
Ala Glu Lys Asn Gly Met Pro Lys Lys Val Asp Met Lys Phe Trp Asp
305                 310                 315                 320
Asp Phe Val Glu Lys Val Tyr Leu Glu Asn His Asn Ser Tyr Tyr Lys
```

325 330 335

<210> 882
<211> 62
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 882

Met Lys Val Phe Leu Asn Tyr Gly Arg Pro His Lys Gly Arg Arg Trp
1 5 10 15
Tyr Leu Glu Ala Val Cys Arg Glu Thr Gly Arg Arg Glu Asn Ala Lys
20 25 30
Phe Ser Ala Arg Pro Thr Arg Lys Gln Ile His Gln Phe Met Ser Trp
35 40 45
Ala Gly Glu Thr Leu Arg Phe Ser Leu Tyr Trp Ala Glu Ile
50 55 60

<210> 883
<211> 79
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 883

Met Ile Leu Leu Trp Ser Val Val Val Pro Ile Val Val Ala Ile Ile
1 5 10 15
Tyr Phe Ile Val Gly Trp Ser Val Cys Lys His Leu Ile Lys Asn Gly
20 25 30
Thr Ile Glu Lys Val Gly Glu Tyr Trp Phe Tyr Leu Ile Phe Trp Phe
35 40 45
Pro Ala Phe Ile Val Gly Ala Ile Ile Met Phe Phe Arg Trp Ala Gly
50 55 60
Lys Leu Pro Lys Arg Ile Ala Glu Asn Ala Ile Asn Lys His Ala
65 70 75

<210> 884
<211> 71
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 884

Met Lys Thr Leu Glu Ile Val Val Asn Asn Ile Asp Lys Ala Phe Lys
1 5 10 15
Ala Ala Glu Ala His Gly Val Glu Phe Glu Pro Met Met Val Gly Glu
20 25 30
Ala Phe Ser Lys Leu Ala Ile Ile Arg Gly Glu Thr Asp Asn Leu Ile
35 40 45
Asp Phe Val Asp Asp Phe Tyr Leu Gly Ser Lys Val Arg Pro Tyr Tyr
50 55 60

Ile Asn Glu Ile Leu Glu Lys
65 70

<210> 885
<211> 325
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 885

Met Ser Thr Ile Thr Ile Lys Lys Gly Ile Tyr Phe Gly Lys Glu Ile
1 5 10 15
Ser Gly Thr Tyr Glu Leu Leu Gly Glu Trp Phe Pro Asp Ser Leu Ser
20 25 30
Ala Glu Asp Ser Arg Gln Gly Asp Gly Lys Val Phe Val Glu Leu Asn
35 40 45
Gly Lys Lys Arg Gly Val Trp Val Phe Lys Asp Asp Ile Thr Ile Asp
50 55 60
Gly Val Ala Ala Lys Ile Glu Val Val Glu Ser Val Asp Glu Met Lys
65 70 75 80
Glu Arg Ile Lys Lys Arg Phe Asn Val Met Gly Leu Met Thr Asn Gly
85 90 95
Leu Ile His Gly Asn Ile Arg Ser Leu Ile Ile Ser Gly Ala Ala Gly
100 105 110
Ile Gly Lys Thr Tyr Ser Leu Asp Lys Ala Leu Gln His Ala His Asp
115 120 125
Thr Asn Ala Ile Asp Tyr Lys Ser Val Asn Gly Lys Ile Ser Gly Ile
130 135 140
Gly Leu Tyr Cys Arg Leu Trp Glu Ser Arg Glu Ala Asn Ser Val Leu
145 150 155 160
Leu Ile Asp Asp Val Asp Val Phe Ser Asp Met Asp Ile Leu Asn Leu
165 170 175
Leu Lys Ala Ala Leu Asp Ser Gly Glu Lys Arg Lys Val Cys Trp Ser
180 185 190
Thr Ala Ser Ser Phe Leu Glu Asp Lys Gly Ile Pro Asn Glu Phe Glu
195 200 205
Phe Glu Gly Thr Val Val Phe Ile Thr Asn Val Asp Ile Asp Arg Glu
210 215 220
Leu Glu Arg Gly Ser Lys Leu Ala Pro His Leu Gln Ala Leu Val Ser
225 230 235 240
Arg Ser Val Tyr Leu Asp Leu Gly Val His Thr Asn Glu Glu Ile Met
245 250 255
Val Arg Val Gln Asp Val Ile Met Thr Thr Ser Met Leu Gln Asn Arg
260 265 270
Gly Leu Arg Asn Ser Glu Val Ile Glu Val Leu Glu Phe Met Lys Asp
275 280 285
Asn Val Asn Arg Leu Arg Asn Val Ser Leu Arg Thr Ala Leu Tyr Ile
290 295 300
Gly Asp Phe Val Ala Thr Asp Arg Lys Asn Trp Arg Thr Ile Ala Glu

305 310 315 320
Val Thr Met Leu Lys
325
<210> 886
<211> 48
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 886
Met Ala Thr Leu Ile Ser Asn Asp Val Lys Arg Val Leu Phe Lys Gly
1 5 10 15
Gly Met Tyr Ile Val Asp Thr Pro Lys Gly Asp Thr Ser Ser Trp Thr
20 25 30
Ile Asn Glu Trp Ile Asn Tyr Ile Asp Glu Asn Gly Ala Trp Val Gln
35 40 45
<210> 887
<211> 141
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 887
Met Ser Leu Ala Ala Ile Lys Asp Ile Glu Cys Trp Leu Asn Asp Ile
1 5 10 15
Lys Val Tyr Pro Pro Gly His Ile Phe Ala Gly Lys Pro Lys Gly Lys
20 25 30
Ala Glu Lys Ala Cys Glu Ala Ile Cys Glu Lys Leu Tyr Lys Phe Asn
35 40 45
Phe Gly Asp Lys Lys Asn Val Leu Ala Glu Val His Ser Ser Tyr His
50 55 60
Glu Leu Arg Val Met Val Asn Val Phe Arg Ala Pro Pro Phe Ile Glu
65 70 75 80
Leu Arg Lys Glu Tyr Ala Asn Lys Val Phe Asp Thr Phe Leu Ala Asn
85 90 95
Val Gln Asp Ala Val Lys His Leu Asp Glu Met His Lys Gln His Gln
100 105 110
Asp Leu Asn Ala Tyr Tyr Lys Pro Trp Arg Lys Ser Tyr Gln Glu Leu
115 120 125
Lys Asn Arg Ile Glu Leu Ile Arg Tyr Glu Val Leu Lys
130 135 140
<210> 888
<211> 112
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 888

Met Lys Asn Trp Val Met Thr Glu Ser Glu Ala Tyr Ala Ala Tyr Val
1 5 10 15
Ser Pro Asp Asp Arg Arg Ser Glu Leu Phe Gly Tyr Tyr Gly Ser Tyr
20 25 30
Cys Val Ala Glu Glu Ala Val Lys Gly Gln Ser Trp Trp Gly Ser Asp
35 40 45
Gly Thr Val Asn Arg Lys Pro Thr Glu Leu Ile Thr Phe Thr Asp Glu
50 55 60
Asn Gly Glu Ser Trp Thr Phe Pro Lys Ser Ala Ala Ile Ser Val Gln
65 70 75 80
Glu Glu Thr Pro Glu Ala Lys Arg Lys Arg Leu Glu Lys Ile Lys Glu
85 90 95
Ser Ala Leu Ala Lys Leu Asn Pro Asp Glu Arg Glu Ala Leu Gly Leu
100 105 110

<210> 889
<211> 106
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 889
Met Ser Lys Glu Phe Ser Thr Thr Arg Met Val Asp Ala Phe Gly Tyr
1 5 10 15
Pro Cys Asn Gly Tyr Arg Glu Phe Ile His Pro Glu Val Glu Asn Gln
20 25 30
Phe Lys Glu Val Val Arg Asn Ile Leu Leu Asn Ala Phe Lys Thr Gln
35 40 45
Gly Thr Asn Pro Arg Asp Leu Gly Ile Tyr Leu Glu Glu Ala Ile Arg
50 55 60
Asp Val Gln Lys Ser Val Ser Ala Lys Leu His Trp Ala Glu Glu Asn
65 70 75 80
Ile Ala Trp Ser Asn Lys Lys Arg Ser Asp Leu Asn Trp Pro Ala Asp
85 90 95
Arg Glu Gln Ile Val Asn Tyr Ala Lys Gly
100 105

<210> 890
<211> 96
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 890
Met Phe Asn Thr Ile Val Ser Ile His Ala Tyr Tyr Glu Gly Gln Leu
1 5 10 15
Asn Ala Ala Arg Thr Lys Tyr Lys Arg Gly Met Glu Glu Ser Val Glu
20 25 30
Cys Leu Lys Asp Ile Gln Thr Phe Ala Gln Lys Thr Gln Asn Leu Ile
35 40 45

Leu Met Asp Arg Lys Gln Val Ser Leu Ala Glu Glu Leu Lys Ala Ser
50 55 60
Lys Met Ile Ile Glu Asp Asn Arg Lys His Gln Leu Lys Leu Leu Lys
65 70 75 80
Arg Arg Gln His Gln Ser Pro Trp Phe Asn Ser Asp Phe Arg Ser Phe
85 90 95

<210> 891
<211> 54
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 891
Met Lys Ala Pro Thr Trp Asn Glu Leu Gln Glu Met Phe Asn Thr Glu
1 5 10 15
Glu Ala Phe Gly Thr Ile Ser Glu Met Val Glu Asn Leu Val Asp Ser
20 25 30
Pro Ser Glu Asp Asn Leu Leu Cys Leu Ala Gln Phe Ile Ile Glu Thr
35 40 45
Tyr Ile Glu Asn Gln Lys
50

<210> 892
<211> 88
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 892
Met Thr Val Tyr Val Asp Val Leu Met Asn His Gly Trp Lys Met Arg
1 5 10 15
Gly His Gln Val Lys Asn Cys His Met Phe Ser Asp Asn Leu Asp Glu
20 25 30
Leu His Ala Met Ala Glu Ala Ile Gly Met Lys Arg Ser Trp Phe Gln
35 40 45
Asp Lys Arg Val Pro His Tyr Asp Leu Arg Asp Val Arg Arg Lys Gln
50 55 60
Ala Val Ala Leu Gly Ala Val Glu Val Ser Arg Arg Asp Ala Val Leu
65 70 75 80
Leu Trp Arg Lys Phe Phe Thr Lys
85

<210> 893
<211> 262
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 893
Met Lys Thr Leu Thr Glu Ile Ile Ser Ala Leu Val Glu Glu Asn Arg

1 5 10 15
Val Ala Arg Gln Ala His Arg Ala Lys Val Glu Lys Arg Ala Glu Glu
20 25 30
Leu Asn Ala Gly Trp Ala Lys Thr Arg Phe Gly Arg Glu Tyr Phe Asp
35 40 45
Lys Val Val Ala Pro Thr Trp Gly Lys Asp Asp Arg Pro His Ala Pro
50 55 60
Phe Asp Gly Tyr Leu Trp Glu Asn Glu Leu Gly Glu Val Glu Ala Tyr
65 70 75 80
His Ala Gly Ser Tyr Leu Pro Tyr Val Thr Glu Leu Asp Ser Leu Asp
85 90 95
Lys Pro Glu Tyr Thr Gly Asp His Gly Trp Trp Lys Ile Arg Leu Thr
100 105 110
Gln Glu Glu Tyr Lys Glu Leu Arg Glu Tyr Gly Tyr Pro Leu Glu Val
115 120 125
Arg Ile Pro Tyr Lys Glu Trp Lys Leu Gln Asp Gly Thr Asn Val Val
130 135 140
Met Ala Glu Val Arg Ala His Lys Ser Ile Leu Glu Ala Ile Gln Glu
145 150 155 160
His Ser Lys Glu Val Phe Asp Asn Ile Phe Asn Glu Leu Asn Lys Asn
165 170 175
Lys Gly Asp Ala Pro Glu Gly Arg Val Thr Val Ser Gly Thr Val Thr
180 185 190
Ser Val Lys Val Tyr Glu Asp Tyr Tyr Gly Val Gln Cys Lys Met Met
195 200 205
Val Val Leu Glu Asn Gly Ala Thr Val Tyr Gly Ser Leu Pro Lys Ser
210 215 220
Ile Pro Phe Glu Tyr Arg Gly Lys Val Gln Phe Thr Ala Thr Phe Glu
225 230 235 240
Leu Ala Lys Asp Asp Lys Thr His Ala Phe Tyr Lys Arg Pro Ser Lys
245 250 255
Val Ile Met Leu Asp Glu
260

<210> 894
<211> 324
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 894

Met Asn Lys Asn Glu Leu Lys Met Phe Val Glu Ala Glu Phe Asn Lys
1 5 10 15
Leu Lys Asp Lys Thr Leu Thr Lys Arg Glu Lys His Val Lys Val Leu
20 25 30
Ser Ala Leu His Asp Leu Asn Pro Arg Ala Tyr Asp Val Ala Ile Ala
35 40 45
Gly Asn Val Ala Arg Arg Val Leu Asn Ser Met Ala Ser His Glu Ala
50 55 60

Asn Tyr Ala Gly Phe Val Val Glu Asn Ile Arg Arg Ser Arg Trp Leu
65 70 75 80
Gly Ala Met Ser Ala Glu Lys Gln Leu Lys Lys Phe Ala Ile Gly Asn
85 90 95
Ala Lys Ile Tyr Gly Gln Arg Tyr Ser Phe Ala Ala Gly Ala Phe Lys
100 105 110
Thr Glu Glu Arg His Asp Arg Ser Ala Ala Gln Ile Phe Cys Ser Glu
115 120 125
Phe Asn Ala Asn Leu Arg Arg Ile Leu Asn Arg Ser Ile Cys Leu Leu
130 135 140
Lys Gly Asp Asp Arg Val Lys Tyr Gln Ala Ser Ser Thr Ser Ser Arg
145 150 155 160
Asn Pro Lys Gly Val Ser Phe Ile Arg Ala Glu Glu Leu Asp Asn Val
165 170 175
Thr Val Arg Ile His Ile Asn Ser His Leu Ser Ser Gly Lys Tyr Pro
180 185 190
Ala Arg Ala Leu Leu Ala Gln Val Arg Thr Ala Leu Asp His Met Asp
195 200 205
Val Val Lys Lys Ser Cys Cys Lys Gln Gln Gly Glu Asn Ser Ser Val
210 215 220
Leu Glu Val His Leu Asp Pro Phe Lys Ile Phe Pro Lys Thr Leu Ser
225 230 235 240
Thr Thr Pro Val Ile Asp Glu Asp Val Ala His Met Tyr Leu Asn Val
245 250 255
Val Lys Pro Leu Pro Leu Thr Pro Val Asn His Ile Glu Ile Ala Lys
260 265 270
Asn Ser Ile Thr Ala Glu Met Glu Ser Val Lys Arg Phe Ile Asp Thr
275 280 285
Lys Glu Ala Glu Leu Ala Lys His Glu Leu Thr Met Ala Asp Leu Val
290 295 300
Lys Ser Leu Asn Glu Tyr Lys Glu Arg Tyr Glu Ser Leu Glu Tyr Ala
305 310 315 320
Arg Ser Leu Leu

<210> 895
<211> 86
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 895

Val Lys Asn Gln Leu Lys Glu Asp Met Val Val Asp Asp Asn Asp Leu
1 5 10 15
Glu Ile Glu Phe Glu Tyr Pro Pro Val Pro Glu Phe Lys Ile Asp Trp
20 25 30
Asp Ala Cys Leu Glu Met Val Asp Arg Arg Glu Ala Ala Ala Lys Gln
35 40 45
Val Val Pro Cys Glu Lys Cys Gly Ser Ile Gln Val Gln Leu Val Asp
50 55 60

Trp Thr Thr Asp Ile Leu Lys Met Lys Cys Arg Thr Cys Lys His Arg
65 70 75 80
Phe Glu Arg Lys Leu Lys
85

<210> 896
<211> 104
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 896
Met Ile Thr Lys Thr Ile Thr Gly Ala Asn Thr Lys Phe Phe Val Glu
1 5 10 15
Tyr Ala Asn Asn Leu Ile Lys Asp Lys Asn Phe Asp Asn Ile Ile Ala
20 25 30
Asp Met Ile Leu Asp Ala Tyr Glu Ser Gly Ile Asp Pro Met Gln Leu
35 40 45
Lys Glu Tyr Leu Arg Ala Thr Met Asp Phe Thr Val Leu Asn Met Met
50 55 60
Leu Arg Thr Asp Thr Glu Phe Asn Glu Met Ile Ala Arg Arg Asn Glu
65 70 75 80
Gly Lys Phe Asn Leu Thr Asp Asp Glu Val Leu Ala Cys Ala Ala His
85 90 95
Glu Ala Trp Lys Lys Val Ile Lys
100

<210> 897
<211> 111
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 897
Met Lys Thr Thr Gly Ala Leu Trp Lys Glu Phe Tyr Asn Asp Glu Ala
1 5 10 15
Phe Trp Glu Gly Tyr Tyr His Asp Asp Thr Leu Ile Leu Phe Asp Asp
20 25 30
Val Glu Val Glu Glu Tyr Glu Asp Pro Ser Pro Asp Ala Val Val Lys
35 40 45
Ile Glu Ser Gly Tyr Val Tyr Lys Thr Asp Asp Asp Ser Phe Thr Ser
50 55 60
His Asp Leu Ser Leu Glu Thr Phe Phe Lys Arg Trp Lys Lys Lys Gln
65 70 75 80
Thr Thr Arg Thr Met Val Val Thr Val Asp Lys Asp Asp Phe Ala Lys
85 90 95
Val Phe Glu Thr Ile Ser Asn Ile Pro Gly Val Lys Lys Val Lys
100 105 110

<210> 898
<211> 170

<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 898

```
Met Ile Asp Ile Lys Leu Asp Thr Tyr Ala Val Arg Gln Leu Phe Pro
1               5                  10                  15
Glu Gly Thr Ala Ala Arg Ala Gln Leu Gln Gln Ser Val Ile Asn Asn
            20                  25                  30
Ile Val Lys Glu Met Val Leu Lys Asp Ser Gln Asn Lys Leu Lys Gln
        35                  40                  45
Ala Val Gln Ser Glu Val Asn Ile Ala Ala Val Thr Ile Pro Asp Val
    50                  55                  60
Arg Ala Glu Val Lys Lys Gln Val Gln Gln Met Phe His Thr Arg Gly
65                  70                  75                  80
Trp Asn Asp Met Ser Ala Lys Glu Glu Met Ser Gln Met Met Arg Asn
                85                  90                  95
Ala Ala Gln Ser Cys Ala Lys Asn Ala Ile Asp Asp Met Val Arg Gln
            100                 105                 110
Thr Ile Asp Asp Ala Val Lys Gln Ala Glu Gly Arg Ile Lys Met Ser
        115                 120                 125
Ile Glu Arg Ala Asn Leu Arg Ile Gln Glu Ile Ile Val Asn Ala Met
    130                 135                 140
Asn Lys Asn Phe Ala Asp Gln Ile Asn Ala Ala Ile Ala Ala Lys Leu
145                 150                 155                 160
Ala Glu His Phe Pro Val Thr Ala Asn Gly
                165                 170
```

<210> 899
<211> 57
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 899

```
Met Asp Lys Ile Asp Phe Ser Lys Leu Asn Ile Pro Arg Met Gly Ile
1               5                  10                  15
Pro Asp Asp Ile Ala Lys Gln Leu Ala Ser Val Gln Pro Met Pro Asp
            20                  25                  30
Asn Cys Ile Lys Asp Ile Phe Asp Ala Leu Asp Gly Lys Thr Leu Val
        35                  40                  45
Ile Thr Thr Lys Ala Glu Asn Gly Ser
    50                  55
```

<210> 900
<211> 96
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08

<400> 900
Met Ala Arg Lys Arg Tyr Met Glu Glu Ala Glu Arg Val Met Leu Leu
1 5 10 15
Met Tyr Ser Val Tyr Tyr Asn Glu Thr Gly Gln Ile Val Asp Ser Ser
20 25 30
Lys Leu Lys Gly Ala Met Thr Arg Gly Arg Gly Phe Ala Gln Ala Ala
35 40 45
Ile Asp Lys Glu Ile Ile Ser Arg Leu Gly Ile Lys Tyr Ser Ser Lys
50 55 60
Met Tyr Leu His Pro Gly Trp Asn Gln Val Gln Ala Gln Val Phe Lys
65 70 75 80
Glu Ile Glu Glu Asp Val His Ser Phe Trp Leu Arg Gln Gln His Pro
85 90 95
<210> 901
<211> 89
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 901
Met Phe Thr Val Phe Gly Tyr Asp Ser Asn Ile His Lys Cys Val Phe
1 5 10 15
Cys Asp Asn Ala Lys Arg Leu Leu Asp Val Lys Lys Gln Glu Tyr Ala
20 25 30
Phe Ile Asn Val Met Pro Glu Lys Gly Val Phe Asp Glu Val Val Ile
35 40 45
Ser Asp Leu Leu Arg Arg Leu Gly Arg Glu Ser Gln Val Gly Leu Thr
50 55 60
Met Pro Gln Ile Phe Ala Pro Asp Gly Thr His Ile Gly Gly Phe Asp
65 70 75 80
Glu Leu Arg Lys Phe Lys Phe Asn Ala
85
<210> 902
<211> 62
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 902
Met His Asp Tyr Arg Gly Thr Leu Leu Arg Glu Gly Asp Ile Val Ala
1 5 10 15
Leu Tyr Tyr Gly Tyr Gly Gly Leu Glu Thr Gly Glu Ile Lys Gln Ile
20 25 30
Lys Asn His Arg Ala Lys Val Glu Val Thr Tyr Ser Asn Gly Val Lys
35 40 45
Val Met Ser Lys Trp Lys Tyr Gly Glu Cys Met Val Lys Leu
50 55 60
<210> 903

<211> 56
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 903

```
Met Ser Tyr Asp Ile Gly Asp Leu Lys Ala Pro Cys Thr Val Thr Ile
1               5                  10                  15
Ser Ala Glu Glu Phe Ile Arg Leu Gln Ala Ile Glu Glu Leu Leu Trp
            20                  25                  30
Glu Ile Glu Cys Ala Leu Pro Ser Gly Leu Glu Ser Trp Ile Asp Asp
        35                  40                  45
Glu Asp Leu Gln Lys Leu Arg Gly
    50                  55
```

<210> 904
<211> 129
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 904

```
Met Thr Asn Ala Glu Leu Val Lys Glu Ile Lys His Ile Ala Gly Val
1               5                  10                  15
Thr Gly Glu Trp Asp Asp Asn Tyr Asp Phe Glu Tyr Pro Pro Asn Ala
            20                  25                  30
Pro Asp Asp Asp Ala Glu Glu Ile Phe Val Leu Val Glu Asp Asp Glu
        35                  40                  45
Trp Thr Gln Asp His Lys Tyr Gln Ser Arg Ser Gln Ile Trp Tyr Tyr
    50                  55                  60
Pro Ala Arg Gly Val His Phe Met Val Ser Glu Ser Arg Ser Gly Ser
65                  70                  75                  80
Tyr His Thr Asp Trp Tyr Tyr Asn Pro Pro Glu Val Asp Ile Val Thr
                85                  90                  95
Arg His Glu Lys Val Val Thr Arg Thr Glu Val Glu Trp Arg Ile Glu
            100                 105                 110
Tyr Asp Ser Val Asn Asp Ser Ala Pro Ala Pro Cys Lys Ala Ala Lys
        115                 120                 125
Ala
```

<210> 905
<211> 52
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 905

```
Met Gln Ser Ser Lys Gly Ile Lys Pro Trp Tyr Thr Ala Arg Trp Glu
1               5                  10                  15
Thr Val Glu Pro Glu Glu Asp Ala Ile Pro Glu Glu Asp Tyr Asn Thr
```

20 25 30
Ser Glu Pro Thr Ile Asn Glu Leu Leu Asp Tyr Glu Asp Lys Val Asn
35 40 45
Gly Thr Tyr Trp
50
<210> 906
<211> 150
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 906
Met Glu Leu Ile Gly Lys Gln Phe Glu Val Ile Glu Asn Asp Asp Glu
1 5 10 15
Leu Thr Glu Gln Phe Pro Gln Phe Val Pro Gly Phe Lys Phe Gln Val
20 25 30
Ile Asn Ala Val Asn Glu Asp Asp Leu Glu Thr Cys Gly Ile Thr Ala
35 40 45
Val Ile Asp Leu Leu Thr Asn Lys Ile Ile Thr Ile Asn Asp Pro Thr
50 55 60
Pro Phe Gly Glu Ser Trp Phe Trp Cys Phe Tyr Ser Glu Asp Thr Met
65 70 75 80
His Gln Ile Lys Glu Ile Gly Gln Gly Glu Asp Val Pro Asn Ile Ser
85 90 95
Glu Ile Lys Leu Asp His Phe His Gly Lys Ile Val Pro Ile Thr Lys
100 105 110
Ala Leu Tyr Ala Phe Ala Gly Gln Glu Asn Cys Asp Ser Glu Glu Tyr
115 120 125
Asp Leu Met Gln Lys Ala Ala Asp Tyr Ile Val Ala Leu Glu Thr Arg
130 135 140
Leu Gly Val Gln Tyr Val
145 150
<210> 907
<211> 102
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 907
Met Ser Lys Ser Cys Val Thr Lys Thr Ile Thr Val Lys Ile Leu Asp
1 5 10 15
Phe Cys Asp Ile His Arg Ile Ala Arg Glu Ile Leu Arg Ser His Gly
20 25 30
Tyr Lys Ile Gly Asp Ile Ile Lys Phe Ser Asn Gly Tyr Tyr Asp Asp
35 40 45
Asp Ile Gly Gly Met Ala Trp Pro Lys Met Ser Ile Ile His Lys Glu
50 55 60
Thr Asn Ser Tyr Ile Glu Phe Asn Ala Asp Asp Tyr Glu Gly Ile Tyr

65 70 75 80
Ala Phe Cys Thr Ser Phe Cys Ile Lys Glu Ser Asn His Asn Ile Tyr
85 90 95
Ser Ser Tyr Ser Leu Ile
100

<210> 908
<211> 157
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 908
Met Leu Leu Thr Gly Lys Leu Tyr Lys Glu Glu Lys Glu Lys Leu Tyr
1 5 10 15
Gln Ala Gln Asn Gly Leu Cys Pro Cys Cys Lys Arg Pro Leu Asp Glu
20 25 30
Asp Ile Gln Lys Asn His Leu Asp His Asp His Ala Leu Glu Gly Asp
35 40 45
Asn Ala Gly Lys Val Arg Gly Leu Leu Cys Asn Leu Cys Asn Ala Ala
50 55 60
Glu Gly Gln Met Lys His Lys Phe Asn Arg Ser Gly Leu Lys Gly Gln
65 70 75 80
Asp Ile Asp Tyr Leu Glu Trp Leu Glu Asn Leu Leu Val Tyr Leu Arg
85 90 95
Gln Asn Arg Lys Asp Ser Asn Ile His Pro Gln Tyr Val Ala Asp Met
100 105 110
Ala Lys Arg Phe Ser Arg Leu Gly Lys Pro Glu Met Ile Ala Glu Met
115 120 125
Glu Leu His Gly Phe Thr Tyr Glu Glu Ser Asp Gly Lys Ser Gln Leu
130 135 140
Ala Ser Lys Tyr Lys Lys Gln Leu Arg Lys Ser Leu Lys
145 150 155

<210> 909
<211> 612
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 909
Met Asn Ile Glu Leu Glu Ile Gln Gly Leu Ile Asn Lys Thr Asn Lys
1 5 10 15
Asp Leu Leu Asn Glu Asn Ala Asn Lys Asp Ser Arg Val Phe Pro Thr
20 25 30
Gln Arg Asp Leu Met Ala Gly Ile Val Ser Lys His Ile Ala Asn Gln
35 40 45
Val Ile Pro Phe Ser Val Met Glu Ala His Lys Glu Gly Val Ile His
50 55 60
Phe His Asp Met Asp Tyr Ser Pro Ala Leu Pro Phe Thr Asn Cys Cys

65 70 75 80
Leu Val Asp Leu Lys Gly Met Leu Gln Asn Gly Phe Lys Leu Gly Asn
85 90 95
Ala Gln Ile Glu Thr Pro Lys Ser Ile Gly Val Ala Thr Ala Ile Met
100 105 110
Ala Gln Ile Thr Ala Gln Val Ala Ser His Gln Tyr Gly Gly Thr Thr
115 120 125
Phe Ala Asn Val Asp Leu Val Leu Ala Pro Tyr Val Glu Lys Thr Phe
130 135 140
Ala Lys His Val Arg Asp Ala Arg Lys Tyr Gln Val Ala Leu Val Lys
145 150 155 160
Asp Tyr Ala Ile Ser Lys Thr Glu Lys Asp Val Phe Asp Ala Phe Gln
165 170 175
Ala Tyr Glu Tyr Glu Val Asn Thr Leu Phe Ser Ser Asn Gly Gln Thr
180 185 190
Pro Phe Val Thr Ile Thr Phe Gly Met Gly Thr Ser Trp Glu Glu Lys
195 200 205
Leu Ile Gln Arg Ala Ile Leu Asp Asn Arg Ile Arg Gly Leu Gly Arg
210 215 220
Asp Gly Ile Thr Pro Ile Phe Pro Lys Leu Val Met Phe Val Glu Glu
225 230 235 240
Gly Ile Asn Leu Arg Lys Glu Asp Pro Asn Tyr Asp Ile Lys Gln Leu
245 250 255
Ala Leu Glu Cys Ala Ala Lys Arg Met Tyr Pro Asp Ile Ile Ser Ala
260 265 270
Arg Asn Asn Arg Ala Ile Thr Gly Ser Glu Thr Pro Val Ser Pro Met
275 280 285
Gly Cys Arg Ser Phe Leu Gly Ala Trp Arg Asp Ser Ser Gly Lys Pro
290 295 300
Val Leu Asp Gly Arg Asn Asn Leu Gly Val Val Thr Leu Asn Leu Pro
305 310 315 320
Arg Ile Ala Leu Asp Ala Asn Tyr Lys Ser Ser Asp Asp Ser Asn Lys
325 330 335
Leu Phe Lys Leu Leu Asp Glu Arg Leu Asp Ile Cys Lys Glu Ala Leu
340 345 350
Leu Thr Arg Ile Lys Ser Leu Glu Gly Val Thr Ala Ser Val Ala Pro
355 360 365
Ile Leu Tyr Gln Glu Gly Ala Phe Gly Val Arg Met Lys Pro Asp Asp
370 375 380
Glu Ile Leu Glu Leu Phe Lys Asn Gly Arg Ser Ser Ile Ser Leu Gly
385 390 395 400
Tyr Ile Gly Ile His Glu Phe Asp Met Leu Thr Phe Lys Gly Ser Gly
405 410 415
Lys Leu Val Leu Lys Tyr Ile Asn Thr Lys Leu Asn Lys Trp Thr Glu
420 425 430
Glu Thr Gly Tyr Ala Phe Ser Leu Tyr Ser Thr Pro Ala Glu Ser Leu
435 440 445
Cys Tyr Arg Phe Cys Lys Ile Asp Gln Ala Lys Phe Gly Asp Val Lys

450 455 460
Gly Val Thr Asp Lys Gly Trp Tyr Thr Asn Ser Phe His Val Ser Val
465 470 475 480
Glu Glu Asn Leu Ser Pro Phe Glu Lys Ile Asp Arg Glu Ala Pro Tyr
485 490 495
His Ser Ile Ala Lys Gly Gly His Ile Ser Tyr Val Glu Leu Pro Asp
500 505 510
Met Lys Arg Asn Leu Glu Gly Leu Glu Val Val Trp Asp Tyr Ala Ile
515 520 525
Glu Lys Leu Asp Tyr Phe Gly Val Asn Met Pro Val Asp Lys Cys Leu
530 535 540
Ser Cys Gly Ser Thr His Glu Met Thr Pro Thr Glu Asn Gly Phe Thr
545 550 555 560
Cys Ser Ile Cys Gly Glu Thr Asp Pro Lys Lys Met Asn Thr Ile Arg
565 570 575
Arg Thr Cys Gly Tyr Leu Gly Asn Pro Ser Glu Arg Gly Phe Asn Leu
580 585 590
Gly Lys Asn Lys Glu Ile Met His Arg Val Lys His Val Arg Glu Thr
595 600 605
Asn Glu Ala Ser
610

<210> 910
<211> 77
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 910
Met Leu Glu Lys Pro Met Lys Gln Val Asp Trp Asn Gln Leu Ser Glu
1 5 10 15
Trp Gly Leu Ile Trp Lys Ile Asn Lys Glu Val Leu His Pro Leu Gly
20 25 30
Ile Ala Ile Thr Arg Asp Pro Glu Ser Gly Leu Ser Ala Gly Ala Ile
35 40 45
Gln Thr Asp Glu Pro Trp Lys Tyr Asp Ala Glu Val Glu Ala Arg Asn
50 55 60
Glu Val Arg Phe Asn Glu Phe Arg Gln Asn Leu Pro Phe
65 70 75

<210> 911
<211> 156
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 911
Met Asn Phe Asp Arg Ile Tyr Pro Ser Asp Phe Val Asn Gly Pro Gly
1 5 10 15
Cys Arg Val Val Leu Phe Val Thr Gly Cys Leu His Lys Cys Glu Gly

20 25 30
Cys Tyr Asn Lys Ser Thr Trp Asn Ala Arg Asn Gly Gln Leu Phe Thr
35 40 45
Met Asn Thr Val Lys Glu Ile Ala Ser His Leu Ser Lys Ser Tyr Ile
50 55 60
Gln Gly Leu Thr Leu Thr Gly Gly Asp Pro Leu Tyr Pro Gln Asn Arg
65 70 75 80
Glu Glu Ile Ser Asn Leu Val Ser Trp Val Lys Ala Arg Phe Pro Glu
85 90 95
Lys Asp Ile Trp Met Trp Thr Gly Tyr Lys Phe Glu Asp Ile Lys Asp
100 105 110
Leu Asp Leu Leu Gln His Ile Asp Val Ile Ile Asp Gly Lys Tyr Glu
115 120 125
Lys Ser Leu Pro Thr Thr Lys Asn Trp Arg Gly Ser Asp Asn Gln Arg
130 135 140
Leu Trp Val Arg Asn Gly Ser Thr Trp Thr His Asp
145 150 155

<210> 912
<211> 44
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 912
Met Val Leu Pro Gly His Met Ile Glu Glu Ile Tyr Met Leu Thr Tyr
1 5 10 15
Lys Ile Met Phe Thr Leu Asn His Met Ala Thr Glu Leu Phe Gly Pro
20 25 30
Glu Phe Leu Ala Met Thr Ala Phe Ile Leu Thr Ile
35 40

<210> 913
<211> 70
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 913
Met Lys Phe Ile Asn Ala Ile Arg Lys Phe Ile Ser Asn Val Ile Ala
1 5 10 15
Leu Val Ala Leu Thr Ala Gly Ala Phe Val Ala Ile Pro Phe Ile Val
20 25 30
Leu Ile Ile Ile Ala Asp Trp Ile Asn Pro Thr Lys Lys Asp Glu Lys
35 40 45
Leu Ser Asn Glu Glu Phe Gln Lys Arg Val Asn Thr Leu Thr Ala Lys
50 55 60
Leu Gln Gln Val Met Lys
65 70

<210> 914

<211> 100
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 914

```
Met Ile Glu Ile Tyr Gly Ile Pro Glu Glu Val Trp Arg Cys Pro Gly
1               5                  10                  15
Cys Lys Ala Val Arg Asp Leu Leu Asp Lys Leu Gln Leu Pro Tyr Glu
            20                  25                  30
Phe Tyr Asn Val Ile Asn Glu Val Asp Gly Gln Pro Val Tyr Asp Arg
        35                  40                  45
Pro Leu Ile Glu Ser Leu Ala Lys Arg Ile Gly Cys Tyr Pro Ser Leu
    50                  55                  60
Ala Ile Arg Tyr Pro Val Ile Phe Met Asp Asn Val Lys Gln Tyr Asp
65                  70                  75                  80
Ile Pro Thr Phe Lys Thr Asn Leu Ile Ala Ala Gly His Asp Pro Asp
                85                  90                  95
Ile Ile Glu Asp
            100
```

<210> 915
<211> 62
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 915

```
Met Asn Trp Leu Asn Trp Gln Glu Ala Leu Glu Ala Met Ser Lys Gly
1               5                  10                  15
Cys Lys Val Lys His Val His Phe Thr Asp Asp Glu Tyr Phe Leu Met
            20                  25                  30
Lys Asn Lys Val Ile Cys Asp Glu Asn Gly Tyr Asp Met Thr Arg Trp
        35                  40                  45
Tyr Lys Gly Glu Ser Trp Gln Asn Glu His Trp Tyr Ile Ala
    50                  55                  60
```

<210> 916
<211> 80
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 916

```
Met Lys Thr Phe Ala Val Gly Asp Ile Val Arg Thr Arg Ile Trp Asp
1               5                  10                  15
Gly Leu Gln Phe Glu Val Val Val Tyr Val Gly Ser Asp Gly Val Leu
            20                  25                  30
Leu His Arg Ile Asn Asn Leu Ile Lys Trp His Leu Glu Arg Phe Val
        35                  40                  45
```

Lys Tyr His Glu Phe Asn Ser Tyr His Cys Thr Val Ala Pro Val Ala
50 55 60
Ser Lys Glu Tyr Tyr Asp Met Leu Glu Glu Leu Lys Ser Leu Lys Asp
65 70 75 80

<210> 917
<211> 110
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 917

Met Ser Gln Ala Ile Lys Asn Ala Leu Asn Ala Phe Ala Tyr Tyr Lys
1 5 10 15
Val Ser Ala Met Leu Glu Glu Gly Arg Cys Val Thr Pro Ser Leu Leu
20 25 30
Asp Gln Trp Glu Val Glu Leu His Gly Thr Met Lys Glu Glu Gly Gln
35 40 45
Lys Ile Gly Lys Ala Arg Ile Arg Glu Leu Val Val Ala Tyr Leu Leu
50 55 60
Ser Glu Phe Gly Ile Lys Ala Phe Gly Val Glu Pro Ile Val Val Gly
65 70 75 80
Val Gly Glu Ile Ser Glu Ser Ala Ile Arg Lys Met Lys Asn Gln Arg
85 90 95
Lys Lys Gly Phe Arg Asp Val Lys Ala Val Lys Ala Ala Lys
100 105 110

<210> 918
<211> 91
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 918

Met Lys Leu Asn Gln Asn Gly Cys Pro Ser Arg Val Arg Phe Cys Ile
1 5 10 15
Leu Glu Leu Arg Ser Asn Ile Val Val Ile Asp Glu Tyr Thr Thr Ile
20 25 30
Val Gly Val Gln Gln Tyr Leu Asp Arg Arg Phe Asp Thr Arg Thr His
35 40 45
Met Lys Tyr Gly Phe Pro Gly Lys Cys Lys Phe Tyr Pro Met Ser Ala
50 55 60
Asp His Gln Ser Val Val Asn Asp Glu Tyr Lys Trp Ala Glu Gly Leu
65 70 75 80
Thr Leu Lys Glu Leu Glu Glu Tyr Leu Asp Ala
85 90

<210> 919
<211> 93
<212> PRT
<213> Unknown

<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 919
Met Arg Lys Val Ile Leu Tyr Thr Glu Ile Phe Thr Ser Arg Trp Val
1 5 10 15
Phe Asp Ser Val Arg Ile Ser Asn Ala Ser Lys Glu Asp Val Arg Asn
20 25 30
Ala Gln Arg Leu Ala Tyr Asp Glu Ala Gly Lys Ser Pro Ala Phe Val
35 40 45
Lys Ile Glu Tyr Ile Ile Thr Asp Ser Ala Leu Ile His Asn Val Ser
50 55 60
Glu Ser Val Leu Lys Lys Phe Cys Val Asp Arg Ile Asn Lys Gly Thr
65 70 75 80
Ser Met Glu Tyr Phe Leu Leu Ala Arg Glu Leu Lys Trp
85 90
<210> 920
<211> 74
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 920
Met Val Glu Glu Gln Ile Ala Glu Ile Gly Leu Leu Gly Trp Phe Val
1 5 10 15
Ser Lys Thr Lys Asp Gly Arg Asn Leu Ile Glu Thr Pro Glu Gly Glu
20 25 30
Phe Ile Ile Glu Glu Asp Phe Asp Ala Phe Trp Ile Tyr Glu Arg Ser
35 40 45
Gly Glu Asn Glu Tyr Thr Ser Val Asp Ala Phe Ser Lys Phe Glu Asp
50 55 60
Ala Ile Asp Ser Val Lys Ala Trp Leu Lys
65 70
<210> 921
<211> 92
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 921
Met Ala Lys Val Asn Gln Ile Met Ile Val Val Glu Gly Ile Gly Gly
1 5 10 15
Phe Thr Ile Asp Ser Tyr Met Gly Val Trp Phe Asp Asn Glu Glu Gly
20 25 30
Met Tyr Trp Glu Thr His Ala Ser Met Leu Asn Glu Thr His Tyr Glu
35 40 45
Ser Leu Tyr Ser Ser Phe Met Glu Met Met His Glu Val Asp Glu Ser
50 55 60
Asp Trp Phe Glu Leu Ser Leu Val Glu Phe Lys Arg Ile Met Glu Gln

65 70 75 80
Leu Phe Gln Cys Tyr Arg Ile Met Lys Gly Glu Leu
85 90
<210> 922
<211> 81
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 922
Met Lys Ile Gln Leu Thr Leu Thr His Glu Asn Ile Lys Gly Val Phe
1 5 10 15
Cys Leu Glu Asn Ser Gln Ile Thr Phe Ala Gln Asp Gly Thr Tyr Trp
20 25 30
Tyr Ala Glu Ser Asp Asp Ile Ala Gly Tyr Gly Met Glu Arg Val Phe
35 40 45
Glu Asp Phe Glu Ala Val Ile Asp Val Pro Leu Asp Phe Thr Tyr Asn
50 55 60
Asp Phe Tyr Arg Ile Met Met Lys Leu Ile Ala Cys Ala Glu Leu Ile
65 70 75 80
Lys
<210> 923
<211> 182
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 923
Met Ser Asn Tyr Val Asn Asn Lys Glu Leu Tyr Lys Ser Ile Cys Ser
1 5 10 15
Trp Lys Glu Lys Cys Arg Glu Ser Glu Ala Ala Gly Gly Pro Arg Val
20 25 30
Val Lys Gln Asn Asp Thr Ile Gly Leu Ala Ile Met Leu Ile Ala Glu
35 40 45
Gly Leu Ser Lys Arg Phe Asn Phe Ser Gly Tyr Thr Gln Ser Trp Lys
50 55 60
Gln Glu Met Ile Ser Asp Gly Ile Glu Ala Ala Ile Lys Gly Leu Ile
65 70 75 80
Asn Phe Asp Glu Thr Lys Tyr Asp Asn Pro His Ala Tyr Ile Thr Gln
85 90 95
Ala Cys Phe Asn Ala Phe Val Gln Arg Ile Lys Lys Glu Arg Lys Glu
100 105 110
Met Ala Lys Lys Tyr Ser Tyr Phe Val His Asn Val Tyr Asp Ser Arg
115 120 125
Asp Asp Asp Met Val Ala Leu Ala Asp Glu Thr Phe Ile Gln Asp Ile
130 135 140
Tyr Asp Lys Met Thr Gln Tyr Glu Ser Thr Ala Tyr Lys Ala Pro Gly
145 150 155 160

Ser Ala Lys Lys Ser Glu Pro Thr Ser Asp Gly Pro Asn Leu Glu Phe
165 170 175
Leu Tyr Glu Ala Glu Asp
180

<210> 924
<211> 76
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 924
Met Arg Leu Lys Ile Asn Leu Asp Gly Phe Leu Glu Asp Val Gln Asp
1 5 10 15
Leu Asp Ala Ile Pro Tyr Leu Leu Lys Met Tyr Leu Arg Glu Val Leu
20 25 30
Asp Leu Asp Ile His Ile Asp Pro Lys Asn Pro His Asp Ala Asp Phe
35 40 45
Arg Ser Asp Ser Ala Ile Ile Glu His Ser Tyr Asn Trp Thr Asp Thr
50 55 60
Glu Phe Thr Phe Glu Ile Asn Tyr His Pro Lys Glu
65 70 75

<210> 925
<211> 100
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 925
Met Asn Asn Ile Thr Gln Glu Glu Arg Asp Glu Leu Gln Gln Lys Leu
1 5 10 15
Met Glu Ala Ala Glu Glu Gln Ala Ile Ala Arg Ala Asn Lys Ile Val
20 25 30
Arg Lys Asn Arg Arg Glu Ile Glu Arg Leu Lys Ala His Ala Gly Asp
35 40 45
Ala Val Leu Asp Asn Asn Phe Pro Ala Tyr Lys Tyr Ala Ile Glu Lys
50 55 60
Leu Arg Thr Ile Leu Lys Gln Pro Phe Thr Asp Glu Ile Ile Leu Thr
65 70 75 80
Cys Trp Asn Thr Ser Arg Lys Ser Val Trp Asp Ile Leu Asn Ala Gly
85 90 95
Thr Ser Lys Ile
100

<210> 926
<211> 65
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08

<400> 926
Met Leu Val Gln Val Lys Phe Lys Arg Val Arg Lys Asp Ala Gly Phe
1 5 10 15
Thr Leu Asn Thr Ala Thr Gly Thr Met Ala Val Lys Val Ala Asp Asn
20 25 30
Gln Tyr Arg Val Leu Gly Ser Thr Glu Gly Cys Lys Leu Ile Asp Lys
35 40 45
Asn Ser Leu Val Trp Val Asp Thr Phe Gln Val Lys Arg Trp Tyr Glu
50 55 60
Trp
65
<210> 927
<211> 81
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 927
Met Gly Ser Asn Pro Gly His Asp Trp Pro Glu Gly Asn Tyr Ala Cys
1 5 10 15
Arg Cys Ser Asn Cys Ser Glu Arg Tyr Thr Gly Pro Lys Arg Ser Tyr
20 25 30
Phe Cys Tyr Lys Cys Asp Thr Ala Arg Arg Glu Ala Pro Ala Pro Asp
35 40 45
Tyr Glu Ala Ile Arg Asn Ala Lys Ile Asp Met Leu Lys Arg Phe Glu
50 55 60
Glu Ala Lys Arg Ile Cys Glu Ala Ala Gly Tyr Val Val Tyr Lys Lys
65 70 75 80
Ile
<210> 928
<211> 398
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 928
Met Lys Ile Asn Ile Leu Met Ala Arg Gly Leu Glu Gly Cys Gly Val
1 5 10 15
Thr Lys Phe Ser Leu Glu His Arg Glu Trp Leu Val Lys His Gly His
20 25 30
Glu Val Asn Ile Ile Tyr Ala Lys Asp Lys Ala Phe Thr Arg Asn Arg
35 40 45
Ala His Ser Tyr Lys Asp Val Thr Ile Pro Val Ser Leu Ala Asp Asp
50 55 60
Tyr Asp Lys Thr Leu Ser Leu Leu Asn Ala Cys Asp Ile Leu Ile Ile
65 70 75 80
Asn Ser Val Pro Ala Val Asn Ala Pro Glu Ala Ala Ile Asp Asn Tyr
85 90 95

Lys Lys Leu Ile Glu Asn Ile Lys Pro Glu Val Arg Val Val Val Tyr
100 105 110
Gln His Asp His Arg Ala Leu Ser Leu Arg Arg Asn Ala Gly Leu Glu
115 120 125
Glu Thr Val Lys Arg Ala Asp Val Leu Phe Ser His Ser Ser Asn Gly
130 135 140
Asp Phe Asn Thr Val Leu Met Glu Glu Tyr Phe Pro Ser Gly Gly Leu
145 150 155 160
Ser Phe Phe Asp Asp Ser Asp Ser Ala Pro Pro Val Tyr Asn Phe Gln
165 170 175
Pro Ala Met Asn Ile Lys Ala Ile Arg Asp Lys Tyr Trp Lys Asp Phe
180 185 190
Ser Ala Ile Asp Phe Asp Ile His Arg Trp Ile Gly Arg Thr Thr Thr
195 200 205
Trp Lys Gly Tyr Phe Leu Met Phe Asp Phe His Glu Ser His Leu Arg
210 215 220
Pro Ala Gly Lys Thr Thr Ile Leu Glu Gly Leu Glu Arg Ser Pro Ala
225 230 235 240
Phe Ile Asn Ile Lys Glu Arg Tyr Glu Ile Asp Tyr Cys Arg His Tyr
245 250 255
His Gln Val Lys Thr Gly Pro Gly Leu Asn Pro Gln Val Leu Asp Arg
260 265 270
Tyr Val Asn Ser Glu Met Leu Glu Arg Met Ser Gln Ser Gly Phe Gly
275 280 285
Tyr Gln Leu Ser Arg Leu Pro Asp Lys Phe Leu Glu Arg Ser Leu Glu
290 295 300
Tyr Thr His Leu Glu Leu Gly Ala Cys Gly Thr Ile Pro Val Phe His
305 310 315 320
Lys Ala Thr Gly Asp Ala Leu Lys Phe Arg Val Asp Gly Lys Pro Leu
325 330 335
Thr Ser His Asp Ser Gly Ile Leu Trp Leu Asn Asp Glu Asn Lys Asn
340 345 350
Glu Val Phe Glu Arg Met Lys His Leu Ser Ser Asp Gln Lys Leu Tyr
355 360 365
Asp Lys Glu Arg Asn Lys Ala Phe Glu Phe Leu Val Glu His Gln Asp
370 375 380
Ser Glu His Cys Phe Lys Glu Gln Phe Glu Leu Met Thr Lys
385 390 395

<210> 929
<211> 340
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 929

Met Lys Ile Ile His Ser Gly Asp Trp His Leu Gly Val Arg Ala Asp
1 5 10 15
Asp Pro Trp Val Gln Asp Val Gln Arg His Gly Ile Lys Gln His Ile

20 25 30

Asp Tyr Ala Lys Lys His Gly Ile Lys Thr Ile Ile Gln Tyr Gly Asp
35 40 45

Ile Phe Asp Val Arg Lys Ala Ile Thr His Lys Thr Met Glu Phe Ala
50 55 60

Arg Glu Ile Ala Glu Ser Leu Glu Lys Glu Gly Ile Asn Leu Ile Thr
65 70 75 80

Ile Val Gly Asn His Asp Met His Tyr Lys Asn Thr Leu Thr Pro Asn
85 90 95

Ala Ser Thr Glu Val Leu Gly Lys Tyr Lys His Ile Thr Val Ile Glu
100 105 110

Lys Pro Val Thr Met Asp Phe Asp Gly Thr Leu Ile Asp Leu Cys Pro
115 120 125

Trp Met Cys Glu Glu Asn Thr Ser Glu Ile Met Lys His Ile Lys Glu
130 135 140

Ser Ser Ala Glu Tyr Cys Ile Gly His Trp Glu Leu Asn Gly Phe Tyr
145 150 155 160

Phe Tyr Lys Gly Met Lys Ser His Gly Leu Glu Pro Asp Phe Leu Lys
165 170 175

Lys Tyr Lys Gln Val Trp Ser Gly His Phe His Thr Ile Ser Ser Ala
180 185 190

Ala Asn Val Lys Tyr Ile Gly Thr Pro Trp Thr Leu Thr Ala Gly Asp
195 200 205

Glu Asn Asp Pro Arg Gly Phe Trp Val Gln Asp Thr Glu Leu Ser Thr
210 215 220

Phe Asp Phe Val Pro Asn Glu Ile Thr Trp His Arg Lys Leu Ile Tyr
225 230 235 240

Pro Val Thr Gly Gln Val Asp Phe Glu Glu Phe Arg Asn Leu Ala Val
245 250 255

Arg Ile Ile Ile Thr Ala Val Asp Glu Asp Leu Pro Lys Phe Glu Ser
260 265 270

Glu Leu Glu Lys Val Val His Glu Leu Arg Thr Val Ser Lys Val Asp
275 280 285

Asn Ser Val Glu Ser Glu Asp Gly Glu Glu Val Glu Val Lys Ser Leu
290 295 300

Leu Asp Leu Met Glu Glu Tyr Ile Gln Ala Leu Glu Asp Leu Ser Ala
305 310 315 320

Asp Asp Ile Lys Ala Leu Lys Val Met Ser Lys Gln Leu Tyr Ile Glu
325 330 335

Ala Gln Asn Gln
340

<210> 930
<211> 560
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 930

```
Val Lys Thr Phe Lys Leu Asn Arg Val Lys Tyr Lys Asn Ile Met Ser
1               5                  10                  15
Val Gly Gln Ala Ala Ile Asp Ile Gln Leu Asp Lys Cys Gln Lys Thr
            20                  25                  30
Leu Ile Thr Gly Lys Asn Gly Gly Gly Lys Ser Thr Met Leu Glu Ala
        35                  40                  45
Ile Thr Phe Ala Leu Phe Gly Lys Pro Phe Arg Asp Ile Lys Lys Gly
    50                  55                  60
Gln Leu Ile Asn Ser Phe Asn Lys Lys Asp Ser Val Val Glu Leu Trp
65                  70                  75                  80
Met Glu Tyr Asp Gly His Ser Phe Tyr Ile Lys Arg Gly Gln Lys Pro
                85                  90                  95
Asn Val Phe Glu Ile Leu Arg Asp Gly Asn Lys Leu Asp Glu Ala Ala
            100                 105                 110
Ser Ser Lys Asp Phe Gln Ser Tyr Phe Glu Ser Leu Ile Gly Met Ser
        115                 120                 125
Tyr Thr Ser Phe Lys Gln Ile Val Val Leu Gly Thr Ala Gly Tyr Thr
    130                 135                 140
Pro Phe Met Gly Leu Ser Thr Ala Asn Arg Arg Lys Leu Val Glu Asp
145                 150                 155                 160
Leu Leu Glu Val Ser Leu Leu Ala Asp Met Asp Lys Leu Asn Lys Thr
                165                 170                 175
Gln Ile Arg Glu Ile Asn Gln Gln Ile Gln Val Asn Asp Val Gln Arg
            180                 185                 190
Glu Ala Leu Thr Asn Glu Ile Lys Thr His His Glu Tyr Ala Glu Lys
        195                 200                 205
Gln Lys Lys Leu Ser Gly Asp Asn Val Ala Arg Leu Gln Ala Met Tyr
    210                 215                 220
Asp Glu Gln Val Asn Glu Ala Arg Gly Tyr Lys Ala Glu Leu Glu Thr
225                 230                 235                 240
Leu Gln Arg Glu Leu Leu Glu Leu Val Ile Gly Asp Asp Pro Ala Glu
                245                 250                 255
Ser Ile Gln Glu Val Gln Gly Lys Thr Phe Lys Ile Arg Ser Lys Ile
            260                 265                 270
Glu Ser Tyr Ser Lys Val Leu Gly Leu Tyr Asp Lys Gly Gly His Cys
        275                 280                 285
Pro Thr Cys Leu Gln Asp Leu His Ser Asn Asp Thr Leu Ile Thr Lys
    290                 295                 300
Ile Asn His His Val Glu Glu Cys Asn Thr Ile Leu Gly Glu Leu Lys
305                 310                 315                 320
Thr Arg Gln Ser Glu Leu Asp Glu Leu Ala Arg Glu Tyr Asn Thr Val
                325                 330                 335
Arg Ala Arg Ala Arg Asp Ile Lys Thr Gln Met Gly Ser Leu Lys Gln
            340                 345                 350
Met Thr Ile Thr Ala Val Glu Lys Ala Arg Arg Ile Lys Ala Ala Ile
        355                 360                 365
Asp Lys Ala Ser Gln Glu Phe Ile Asp Asn Ser Asp Lys Ile Lys Leu
    370                 375                 380
```

Leu Gln Glu Glu Leu Asp Lys Ile Ile Leu Val Lys Thr Asn Leu Val
385 390 395 400
Met Glu Lys Tyr Arg Arg Gly Ile Leu Thr Glu Met Leu Lys Asp Ser
405 410 415
Gly Ile Lys Gly Ala Ile Ile Lys Lys Tyr Ile Pro Met Phe Asn Lys
420 425 430
Gln Ile Asn Ser Tyr Leu Lys Ile Met Glu Ala Asp Tyr Ser Phe Thr
435 440 445
Leu Asn Glu Glu Phe Ser Glu Thr Ile Lys Ser Arg Gly Arg Glu Glu
450 455 460
Phe Ser Tyr Ala Ser Phe Ser Gln Gly Glu Lys Ala Arg Ile Asp Ile
465 470 475 480
Ala Leu Leu Phe Thr Trp Arg Asp Ile Ala Glu Lys Val Ser Gly Val
485 490 495
Lys Ile Asn Cys Leu Phe Leu Asp Glu Val Tyr Asp Ser Ala Thr Asp
500 505 510
Ala Glu Gly Val Lys Ala Ile Thr Ala Ile Leu Asn Lys Met Val Asp
515 520 525
Ala Asn Val Phe Ile Ile Ser His Arg Asp His Asp Pro Gln Ala Tyr
530 535 540
Gly Gln His Leu Gln Met Lys Lys Val Gly Arg Phe Thr Val Met Glu
545 550 555 560

<210> 931
<211> 64
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 931

Met Asn Glu Phe Thr Thr Gly Gln His Leu Leu Ala Phe Pro Glu Leu
1 5 10 15
Lys Arg Tyr Val Leu Val Asn Leu Phe Ser Asp Glu Arg His Leu Val
20 25 30
Thr Glu Glu Met Leu Arg Asp Ala Phe Thr Gly Asn Glu Tyr Asn Arg
35 40 45
Val Met Ser Asn Arg Asn Pro Gly Trp Met Val Glu Asp Tyr Tyr Asp
50 55 60

<210> 932
<211> 125
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 932

Met Ile Asn Phe Val Asp Val Lys Asp Ile Gln Val Lys Asn Val Arg
1 5 10 15
Ala Asp Ser Asn Pro Asn Asn Gln Asn Arg Ile Arg Lys Ser Trp Val
20 25 30

Leu Ala Leu Thr Glu Glu Thr Lys Gln Ala Ile Lys Asp Lys Ile Lys
35 40 45
Asp Ser Glu Ala Arg Phe Ala Phe Tyr Lys Ser Ile Asp Asp Glu Val
50 55 60
Ala Glu Lys Trp Ile Glu Leu Met Arg Lys His Tyr Asn Glu Ser Ile
65 70 75 80
Lys Ala Gly Ala Lys Ile Val Thr Asp Arg His Gly Gly Glu Arg Leu
85 90 95
Glu Asn Asp Tyr Cys Val Asp Ala Asp Glu Gln Leu Val Ala Ala Gly
100 105 110
Gln Ile Val Ala Glu Glu Leu Thr Ala Thr Phe Ala Ala
115 120 125

<210> 933
<211> 233
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 933

Met Lys Phe Ser Lys Glu Thr Leu Asn Ile Leu Lys Asn Phe Ser Thr
1 5 10 15
Ile Asn Ser Gly Ile Met Leu Lys Pro Gly Asn Phe Ile Met Thr Arg
20 25 30
Ala Val Asn Gly Thr Thr Tyr Ala Glu Ala Thr Ile Ser Asp Thr Ile
35 40 45
Asp Thr Asp Val Ala Ile Tyr Asp Leu Asn Ser Phe Leu Ser Ile Leu
50 55 60
Ser Leu Val Gly Asp Asp Ala Asp Ile Ile Met Gln Glu Asp Gly Asn
65 70 75 80
Leu Ala Ile Lys Asp Ala Arg Ser Thr Ile Phe Trp Pro Ala Ala Asp
85 90 95
Pro Ser Thr Ile Val Phe Pro Thr Lys Pro Ile Pro Phe Pro Val Ala
100 105 110
Asn Val Ile Ile Asp Phe Lys Gly Glu Asp Leu Gln Gln Leu Met Arg
115 120 125
Val Ser Arg Gly Met Gln Ile Asp Thr Ile Ala Ile Thr Asn Val Asp
130 135 140
Gly Lys Ile Val Leu Arg Gly Tyr Asn Lys Val Glu Asp Ala Ala Leu
145 150 155 160
Thr Arg Pro Lys Tyr Ser Leu Thr Leu Gly Asp Tyr Glu Gly Glu Gly
165 170 175
Asn Phe Asn Phe Ile Ile Asn Met Ser Asn Met Lys Met Thr Ile Gly
180 185 190
Asp Tyr Lys Leu Met Leu Trp Ala Lys Met Asn Gly Ser Lys Lys Gln
195 200 205
Thr Ala Ala Lys Phe Glu Gly Ala Ser Ala Ser Tyr Val Val Ala Met
210 215 220
Glu Ala Asp Ser Thr Phe Asp Phe Glu

225 230

<210> 934

<211> 320

<212> PRT

<213> Unknown

<220>

<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08

<400> 934

Met Lys Leu Thr Val Asn Glu Ala Asp Phe Met Trp Glu Gln Lys Tyr
1 5 10 15
Arg Pro Gly Thr Ile Ser Glu Cys Val Leu Pro Ala Glu Asp Lys Glu
20 25 30
Ile Phe Ser Ala Leu Val Ala Lys Gly Lys Ile Pro His Leu Ile Leu
35 40 45
His Ser Thr Ser Pro Gly Thr Gly Lys Thr Thr Val Ala Lys Ala Leu
50 55 60
Cys Asn Asp Ile Asn Ala Glu Met Met Phe Val Asn Gly Ser Asp Cys
65 70 75 80
Lys Ile Asp Phe Val Arg Gly Pro Leu Thr Ala Phe Ala Ser Ser Ala
85 90 95
Ser Ile Ala Gly Lys Gln Lys Ile Ile Val Ile Asp Glu Phe Asp Arg
100 105 110
Ala Gly Leu Ala Glu Ser Gln Arg His Leu Arg Ser Phe Met Glu Ala
115 120 125
Tyr Ser Thr Asn Cys Thr Ile Ile Ile Thr Ala Asn Asn Leu Asp Gly
130 135 140
Ile Ile Lys Pro Leu Gln Ser Arg Cys Arg Val Ile Asn Phe Gly Lys
145 150 155 160
Pro Ser Pro Ser Asp Val Lys Pro Met Gln Ile Glu Met Leu Lys Arg
165 170 175
Cys Leu Ala Ile Cys Glu Asn Glu Gly Val Val Val Glu Asp Lys Lys
180 185 190
Val Val Ala Ala Leu Val Lys Lys Asn Phe Pro Glu Phe Arg Lys Thr
195 200 205
Ile Asn Met Leu Asp His Tyr Ser Ser Lys Gly Val Ile Asp Ala Gly
210 215 220
Ile Leu Ser Ile Val Leu Asn Asp Arg Gly Ser Ile Glu Asp Val Ile
225 230 235 240
Glu Ala Ile Lys Thr Lys Asn Ile Lys Glu Leu Arg Ala Leu Ala Pro
245 250 255
Lys Tyr Ala Ala Asp Tyr Thr Trp Phe Val Asp Lys Leu Ser Ser Glu
260 265 270
Leu Tyr Thr Met Val Thr Gly Pro Ser Ile Ile Arg Met Tyr Glu Ile
275 280 285
Ile Gly Glu Asn Asn Gln Tyr His Gly Ile Ala Ala Ser Ile Glu Leu
290 295 300
His Leu Val Tyr Met Leu Ile Gln Leu Val Val Glu Met Gln Trp Lys
305 310 315 320

<210> 935
<211> 188
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 935

Met Ser Leu Phe Glu Asp Asp Asp Gln Tyr Asn Glu His Gln Ile Ala
1 5 10 15
Trp Leu Gly Lys Asp Trp Thr Lys Val Gln Glu Leu Ser Asp Ser Tyr
20 25 30
Lys Glu Lys Ala Glu Asn Gln Phe Phe Thr Ile Ile Gly Ser Ile Asn
35 40 45
Glu Lys Gln Glu His Leu Asn Ile Ser Thr Met Asp Tyr Ser Lys Phe
50 55 60
Met Val Glu Asn Ala Leu Ser Gln His Pro Asp Cys Met Pro Ser Val
65 70 75 80
Tyr Val Met Asn Leu Val Gly Gln Gly Leu Ser Asp Gln Ala His Tyr
85 90 95
Asn Tyr Met Met Ala Ser Val Pro Arg Gly Arg Arg Tyr Gly Lys Trp
100 105 110
Ala Lys Leu Thr Glu Asn Ile Gln Asp Ala Leu Ile Leu Gln Val Ile
115 120 125
Met Thr Tyr Tyr Lys Val Asn Ala Ile Asp Ala Arg Met Tyr Arg Glu
130 135 140
Thr Leu Glu Ala Lys Asn Lys Leu Lys Pro Ala Leu Lys Lys Met Lys
145 150 155 160
Gly Leu Val Thr Asp Glu Leu Val Lys Thr Ile Thr Lys Asn Val Lys
165 170 175
Glu Gln Lys Asn Leu Lys Lys Thr Ala Leu Glu Trp
180 185

<210> 936
<211> 123
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 936

Met Val Lys Met Ile Glu Ile Thr Leu Lys Gln Pro Glu Asp Phe Leu
1 5 10 15
Lys Val Lys Glu Thr Leu Thr Arg Met Gly Ile Ala Asn Asn Lys Asp
20 25 30
Lys Val Leu Tyr Gln Ser Cys His Ile Leu Gln Lys Gln Gly Arg Tyr
35 40 45
Tyr Ile Val His Phe Lys Glu Met Leu Lys Leu Asp Gly Arg Pro Val
50 55 60
Thr Ile Asp Leu Glu Asp Glu Ile Arg Arg Asp Ser Ile Ala Gln Leu
65 70 75 80

Leu Ala Asp Trp Gly Leu Leu Ser Ile Asn Arg Gly Gln Thr Leu Ala
85 90 95
Gln Met Gln Asn Asn Phe Arg Val Ile Thr Phe Lys Gln Lys His Glu
100 105 110
Trp Thr Leu Lys Ser Lys Tyr Thr Ile Gly Ala
115 120

<210> 937
<211> 66
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 937
Met Thr Asp Gln Glu Phe Tyr Asp Lys Leu Lys Asn Ile Arg Ile Thr
1 5 10 15
Ala Pro Glu Trp Phe Ser Leu Pro Ile Asp Glu Gln Ile Gln Tyr Gln
20 25 30
Val Lys Glu Thr Leu Glu Lys Tyr Pro Gly Arg Lys Val Met Met Cys
35 40 45
Phe Thr Tyr Asp Lys Asn Arg Val Pro Arg Ile Gln Lys Gln Val Ile
50 55 60
Glu Val
65

<210> 938
<211> 902
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 938
Met Lys Glu Phe Tyr Ile Ser Val Glu Ser Leu Gly Asn Asp Ile Val
1 5 10 15
Glu Arg Tyr Ile Asp Ser Thr Gly Glu Glu Arg Met Arg Arg Val Pro
20 25 30
Tyr Ser Pro Val Met Phe Ser His Cys Met Glu Glu Thr Lys Tyr Lys
35 40 45
Asp Ile Tyr Gly Lys Tyr Cys Lys Lys Asn Thr Phe Pro Thr Met Lys
50 55 60
Asp Ala Arg Asp Trp Met Arg Arg Met Glu Asp Met Gly Met Glu Ala
65 70 75 80
Met Gly Met Asp Asp Phe Lys Leu Ala Tyr Ile Ser Asp Thr Tyr Gly
85 90 95
Ser Glu Ile Val Tyr Asn Lys Lys Phe Ile Arg Ile Ala Asn Cys Asp
100 105 110
Ile Glu Val Thr Ala Ser Gln Phe Pro Asp Pro Met Lys Ala Glu Tyr
115 120 125
Glu Ile Asp Ala Ile Thr His Tyr Asp Ser Val Asp Asp Lys Phe Tyr
130 135 140

```
Val Phe Asp Leu Leu His Ser Leu Tyr Gly Ser Val Ser Glu Trp Asp
145                 150                 155                 160
Lys Lys Leu Ala Ala Arg Leu Asp Ser Glu Gly Gly Asp Glu Val Pro
                165                 170                 175
Gln His Ile Leu Asp Arg Val Val Tyr Met Pro Phe Asn Ser Glu Lys
            180                 185                 190
Glu Met Met Leu Glu Tyr Ile Asn Leu Trp Glu Gln Lys Cys Pro Ala
        195                 200                 205
Ile Phe Thr Gly Trp Asn Ile Glu Gly Phe Asp Ile Pro Tyr Ile Met
    210                 215                 220
Asn Arg Val Lys Gln Ile Leu Gly Glu Arg Ala Met Lys Arg Phe Ser
225                 230                 235                 240
Pro Leu Asn Lys Val Ser Ser Lys Ile Ile Thr Asn Met Tyr Gly Asp
                245                 250                 255
Lys Glu Ile Tyr Ser Ile Met Gly Val Thr Ile Leu Asp Tyr Met Asp
            260                 265                 270
Leu Tyr Lys Lys Phe Ser Phe Thr Asn Gln Pro Thr Tyr Lys Leu Asp
        275                 280                 285
Phe Ile Ala Tyr Tyr Glu Thr Lys Lys Gly Lys Leu Ala Tyr Asp Gly
    290                 295                 300
Pro Ile Asn Lys Leu Arg Glu Thr Asn His Gln Arg Tyr Ile Ser Tyr
305                 310                 315                 320
Asn Ile Ile Asp Val Glu Ser Val Gln Ala Ile Asp Ala Val Arg Gly
                325                 330                 335
Phe Ile Asp Leu Ala Ile Ser Met Ser Tyr Tyr Ala Lys Met Pro Tyr
            340                 345                 350
Gln Gly Val Met Ser Pro Ile Lys Thr Trp Asp Ala Ile Ile Phe Asn
        355                 360                 365
Ser Leu Lys Glu Gln Asp Lys Val Ile Pro Gln Ser Arg Ser His Val
    370                 375                 380
Lys Gln Ser Tyr Pro Gly Ala Tyr Val Lys Glu Pro Val Pro Ala Ala
385                 390                 395                 400
Tyr Arg Tyr Ile Met Ser Phe Asp Leu Thr Ser Leu Tyr Pro Ser Ile
                405                 410                 415
Ile Arg Gln Val Asn Ile Ser Pro Glu Thr Ile Val Gly Gln Phe Lys
            420                 425                 430
Leu His Pro Leu Gly Glu Tyr Ile Asn Lys Thr Ala Pro Arg Pro Ser
        435                 440                 445
Asp Glu Tyr Ser Cys Ser Pro Asn Gly Trp Met Tyr Arg Lys Asp Val
    450                 455                 460
Asp Gly Val Ile Pro Val Glu Ile Ala Lys Val Phe Tyr Gln Arg Lys
465                 470                 475                 480
Glu Trp Lys Asn Lys Met Met Gly Ala Lys Arg Asn Gln Glu Leu Ile
                485                 490                 495
Lys Lys Val Leu Asn Asp Lys Lys Phe Gly Thr Ile Asp Lys Phe Ala
            500                 505                 510
Glu Val Asn Val Tyr Glu Asp Phe Ser Asp Asp Met Lys Ala Glu Leu
        515                 520                 525
```

Leu Thr Tyr Thr Glu Glu Cys Leu Asp Lys Leu Met Phe Glu Cys Lys
530 535 540
His Ala Glu Ile Leu Gly Asn Thr Asn Gln Leu Asn Arg Lys Ile Leu
545 550 555 560
Ile Asn Ser Leu Tyr Gly Ala Leu Gly Asn Ile Tyr Phe Arg Tyr Tyr
565 570 575
Asp Leu Arg Asn Ala Ser Ala Ile Thr Leu Phe Gly Gln Met Ala Ile
580 585 590
Gln Trp Ile Glu Arg Lys Val Asn Glu Tyr Leu Asn Lys Val Cys Gly
595 600 605
Thr Glu Gly His Ser Phe Val Val Ala Gly Asp Thr Asp Ser Ile Tyr
610 615 620
Val Cys Val Asp Lys Val Ile Glu Lys Val Gly Leu Glu Arg Phe Lys
625 630 635 640
Glu Thr Asn Asp Leu Val Glu Phe Leu Asn Gln Phe Gly Lys Lys Lys
645 650 655
Met Glu Pro Trp Ile Asp Gln Ser Tyr Arg Glu Met Cys Glu Tyr Met
660 665 670
Asn Asn Lys Glu His Leu Met Phe Met Asp Arg Glu Ala Ile Ser Cys
675 680 685
Pro Pro Leu Gly Ser Asn Gly Ile Gly Gly Phe Trp Lys Ala Lys Lys
690 695 700
Arg Tyr Ala Leu Asn Val Tyr Asp Met Glu Gly Thr Arg Tyr Ala Glu
705 710 715 720
Pro His Leu Lys Ile Met Gly Met Glu Thr Gln Gln Ser Ser Thr Pro
725 730 735
Thr Ala Val Gln Asn Ala Leu Glu Glu Ser Ile Arg Arg Met Leu Gln
740 745 750
Glu Gly Glu Glu Ser Leu Gln Gln Tyr Tyr Lys Gln Phe Glu Ser Glu
755 760 765
Tyr Arg Glu Leu Asp Tyr Lys Val Ile Ala Glu Val Lys Thr Ala Asn
770 775 780
Asn Ile Gly Lys Tyr Asp Asp Gly Ala Gly Tyr Pro Asp Lys Gly Thr
785 790 795 800
Pro Tyr His Val Lys Gly Ala Leu Ala Tyr Asn Arg Ala Thr Ala Gly
805 810 815
Phe Glu Gly Ile Thr Pro Ile Met Glu Gly Glu Lys Val Met Val Ile
820 825 830
Pro Leu Arg Glu Gly Asn Pro Tyr Gly Glu Lys Cys Met Ala Trp Pro
835 840 845
Ser Gly Thr Glu Leu Pro Gln Glu Ile Arg Gln Glu Val Leu Val Trp
850 855 860
Leu Asp His Ser Val Leu Phe Gln Lys Ser Phe Val Lys Pro Leu Thr
865 870 875 880
Gly Met Ser Glu Ala Ala Gly Leu Asp Tyr Glu Glu Lys Ser Ser Leu
885 890 895
Leu Asp Met Phe Asp Phe
900

<210> 939
<211> 147
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 939

```
Met Lys Ser Leu Leu Ala Val Ile Val Ala Leu Thr Leu Thr Gly Cys
1               5                  10                  15
Gln Met Pro Gln Gly Asp Ile Val Pro Ala Ser Ser Val Gly Gln Val
            20                  25                  30
Arg Ala Ile Gly Gly Thr Val Gly Tyr Tyr Arg Ala Ser Asn Gln Val
        35                  40                  45
Ser Ala Glu Ser Leu Ala Val Glu Arg Arg Leu Ala Lys Glu Lys Ala
    50                  55                  60
Asn Pro Asn Arg Gln Leu Ser Ala Met Glu Leu Asp Met Ile Glu Gln
65                  70                  75                  80
Asn Lys His Glu Leu Glu Glu Ile Lys Arg Leu Arg Lys Thr Gln Lys
                85                  90                  95
Glu Arg Thr Cys Thr Ala Gln Ala Ala Ala Val Asn Asp Gln Ile Arg
            100                 105                 110
Leu Thr Asp Phe Ala Asn Gly Gly Leu Ser Tyr Asn Glu His Lys Gln
        115                 120                 125
Arg Met Glu Gln Leu Lys Ser Leu Gln Asn His Ile Tyr Asn Lys Cys
    130                 135                 140
Met Ser Asn
145
```

<210> 940
<211> 68
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 940

```
Met Glu Ala Val Phe Gly Leu Ile Ile Leu Phe Phe Ile Tyr Phe Leu
1               5                  10                  15
Pro Thr Phe Val Ala Cys Ser Arg Lys His Lys Ser Arg Gly Gly Ile
            20                  25                  30
Phe Ile Thr Asn Leu Val Phe Gly Trp Ser Ile Ile Gly Trp Leu Ile
        35                  40                  45
Ala Leu Ile Trp Ser Ala Ser Asn Ala Gln Gln Asn Thr Ile Ile Ile
    50                  55                  60
Gln Gln Val Lys
65
```

<210> 941
<211> 244
<212> PRT
<213> Unknown

<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 941

Met Ile Val Thr Pro Met Thr Val Gln Asp Ile Arg Gln Glu Phe Ala
1 5 10 15
Asp Ala Leu Leu Asn Lys Glu Phe Val Ile Asp Lys Thr Gly Val Lys
20 25 30
Thr Ile Glu Ile Val Gly Ala Ser Phe Ile Ala Asp Glu Asn Leu Ile
35 40 45
Phe Gly Ala Val Asn Asp Gly Tyr Ile Ala Arg Glu Leu Glu Trp Tyr
50 55 60
Lys Ser Gln Ser Leu Phe Val Lys Asp Ile Pro Gly Glu Thr Pro Ala
65 70 75 80
Ile Trp Lys Ala Ile Ala Ser Lys His Gly Glu Ile Asn Ser Asn Tyr
85 90 95
Gly Trp Ala Val Trp Ser Thr Gln Asn Tyr Ser Gln Phe Ala Asn Cys
100 105 110
Ala Lys Glu Leu Ile Asn Asn Pro Asp Ser Arg Arg Gly Ile Met Ile
115 120 125
Tyr Thr Arg Pro Gln Met Gln Tyr Asp Phe Glu Arg Asp Gly Met Ser
130 135 140
Asp Phe Met Cys Thr Asn Asn Val Gln Tyr Leu Ile Arg Asp Asn Arg
145 150 155 160
Val His Ala Val Val Asn Met Arg Ser Asn Asp Val Val Phe Gly Tyr
165 170 175
Arg Asn Asp Tyr Ala Trp Gln Leu Tyr Val Leu Glu Gln Leu Thr Lys
180 185 190
Leu Leu Asn Ala Ser Gly Lys Asn Tyr Ser Val Gly Asp Ile Ile Trp
195 200 205
Asn Val Gly Ser Leu His Val Tyr Ser Arg His Phe Tyr Leu Val Asp
210 215 220
Asn Tyr Ala His Thr Gly Glu Thr His Ile Ala Lys Lys Asp Tyr Lys
225 230 235 240
Gly Glu Trp Lys

<210> 942
<211> 278
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 942

Met Ile Gln Phe Val Ile Pro Ser Tyr Lys Arg Ala Gly Ala Val Thr
1 5 10 15
Ala Leu Thr Met Phe Pro Glu Gly Tyr Val Pro His Leu Val Val Arg
20 25 30
Glu Ser Glu Lys Glu Ala Tyr Glu Thr Trp His Gly His Ala Ala Lys
35 40 45
Ile Val Thr Val Pro Asp Asp Val Asp Gly Ile Ala Gly Thr Arg Arg

50 55 60
Leu Ile Thr Glu Met Tyr Ala Gly Gln Arg Ile Trp Met Leu Asp Asp
65 70 75 80
Asp Thr Thr Ile His Leu Thr Glu Ile Arg Glu Arg Asp Asp Arg Arg
85 90 95
Val Pro Leu Gly Val Gly Glu Ala Met Ser Gln Glu Val Phe Asp Asp
100 105 110
Met Val Lys Tyr Val Glu Thr Ala Met Asp Cys Gly Tyr Tyr His Gly
115 120 125
His Ala Arg Leu Pro Ile Phe Lys Ile Thr Ser Ser Trp Gly His Tyr
130 135 140
Arg Glu Asn Ser Phe Gly Phe Thr Asn Thr Phe Tyr Asp Leu Thr Lys
145 150 155 160
Leu Thr Ala Glu Asp Ile Gly Tyr Gly Ile Ile Asp Leu Asn Glu Asp
165 170 175
Ala Tyr Ala Phe Leu Lys Leu Ile Asn Met Gly His Pro His Leu Ala
180 185 190
Leu Phe Lys Tyr Leu Val Lys Ser Gly Lys Val Gln Ser Pro Gly Gly
195 200 205
Cys Ser Thr Gln Arg Asp Thr Ala Arg Gln Asn Arg Ala Leu Glu Gln
210 215 220
Leu His Ala Ala Phe Pro Asn Gln Ala Arg Trp Lys Ser Lys Asp Gly
225 230 235 240
Glu Arg Arg Gly Leu Phe Gly Asp Asp Glu Pro Leu Lys Ser Ile Arg
245 250 255
Met Cys Ile Asn Thr Arg Val Lys Ser Gln Ala Phe His Glu Phe Gly
260 265 270
Lys Val Glu Pro Tyr Leu
275

<210> 943
<211> 83
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 943
Val Arg Ala Lys Ala Leu Gln Gly Pro Leu Met Asn Ile Tyr Asp Lys
1 5 10 15
Ser Asp Val Ala Gly Asn Ile Phe Lys Ala Glu Glu Phe Arg Cys Phe
20 25 30
Val Cys Lys Ser Asp Glu Phe Val His Glu Gly Thr Thr Gly Ser Asp
35 40 45
Gly Met His Cys Trp Trp His Gly Met Cys Val Gly Cys Lys Ile His
50 55 60
Tyr Glu Ile Asp Met Glu Thr Val Val Tyr Asn Thr Lys Lys Lys Trp
65 70 75 80
Asn Phe Cys
<210> 944

<211> 391
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 944

Met Ser Asp Leu Lys Ser Arg Leu Ile Lys Ala Ser Thr Ser Lys Met
1 5 10 15
Thr Ala Glu Leu Thr Lys Ser Lys Phe Phe Asn Glu Lys Asp Val Val
20 25 30
Arg Thr Lys Ile Pro Met Leu Asn Ile Ala Ile Ser Gly Ala Leu Asp
35 40 45
Gly Gly Met Gln Ser Gly Leu Thr Ile Phe Ala Gly Pro Ser Lys His
50 55 60
Phe Lys Ser Asn Met Ser Leu Thr Met Val Ser Ala Tyr Leu Asn Lys
65 70 75 80
Tyr Pro Asp Ala Val Cys Leu Phe Tyr Asp Ser Glu Phe Gly Ile Thr
85 90 95
Pro Ala Tyr Leu Lys Ser Met Gly Val Asp Pro Asp Arg Val Ile His
100 105 110
Thr Pro Val Gln Ser Val Glu Gln Leu Lys Ile Asp Met Val Asn Gln
115 120 125
Leu Glu Ala Ile Glu Arg Gly Glu Lys Val Ile Val Phe Ile Asp Ser
130 135 140
Ile Gly Asn Met Ala Ser Lys Lys Glu Thr Glu Asp Ala Leu Asn Glu
145 150 155 160
Lys Ser Val Ala Asp Met Thr Arg Ala Lys Ser Leu Lys Ser Leu Phe
165 170 175
Arg Ile Val Thr Pro Tyr Phe Ser Ile Lys Asn Ile Pro Cys Val Ala
180 185 190
Val Asn His Thr Ile Glu Thr Ile Glu Met Phe Ser Lys Thr Val Met
195 200 205
Thr Gly Gly Thr Gly Pro Met Tyr Ser Ala Asp Thr Val Phe Ile Ile
210 215 220
Gly Lys Arg Gln Ile Lys Asp Gly Ser Glu Leu Glu Gly Tyr Gln Phe
225 230 235 240
Val Leu Asn Ala Glu Lys Ser Arg Thr Val Lys Glu Lys Ser Lys Phe
245 250 255
Phe Ile Asp Val Lys Phe Asp Gly Gly Ile Asp Pro Tyr Ser Gly Leu
260 265 270
Leu Asp Met Ala Leu Asp Ile Gly Phe Val Val Lys Pro Lys Asn Gly
275 280 285
Trp Tyr Ala Arg Glu Phe Leu Asp Val Glu Thr Gly Glu Met Ile Arg
290 295 300
Glu Glu Lys Ser Trp Arg Ala Lys Asp Thr Ser Ser Thr Glu Phe Trp
305 310 315 320
Gly Pro Leu Phe Lys His Glu Pro Phe Arg Asp Ala Ile Lys Ala Arg
325 330 335

Tyr Gln Leu Gly Ala Ile Asp Ser Asn Ala Ala Val Asp Glu Ala Val
340 345 350
Ala Glu Met Ile Asn Ser Lys Val Ser Thr Lys Val Asp Gly Val Lys
355 360 365
Leu Pro Glu Ser Gly Ser Val Ser Ala Ala Glu Val Glu Asp Glu Leu
370 375 380
Glu Asn Phe Met Asn Glu Asp
385 390

<210> 945
<211> 116
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 945

Met Lys Thr Glu Phe Asp Leu Glu Ser Glu Leu Glu Lys Phe Glu Gln
1 5 10 15
Glu Ser Pro Ser Glu Glu Gly Asp Phe Glu Arg Gln Glu Arg Val Phe
20 25 30
Lys Lys Ser His Glu Ile Ile Gln Glu Ala Met Lys Thr Val Ile Gln
35 40 45
Glu Ile Val Ile Lys Leu Asn Gly Gln Ser His Leu Val Tyr Val His
50 55 60
Lys Leu Asn Ile Ser Pro Ser Gly Glu Val Thr Ile Glu Phe Ser Thr
65 70 75 80
Pro Ser Glu Ala His Lys Asp Glu Leu Tyr Pro His Val Glu Ala Cys
85 90 95
Val Lys Gln Gln Ile Gln Ser Ala Leu Lys Thr Lys Lys Lys Ser Leu
100 105 110
Trp Lys Ile Phe
115

<210> 946
<211> 479
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 946

Val Val Glu Thr Ile Leu Ala Asn Leu Ile Tyr Asn Gln Ala Phe Phe
1 5 10 15
Thr Lys Val Trp Pro Tyr Met Asp Lys Glu Tyr Phe Glu Gln Gly Pro
20 25 30
Ala Gln Thr Val Phe Asn Ile Ile Lys Lys His Val Asn Glu Tyr Thr
35 40 45
Ala Ile Pro Ser Lys Thr Ala Leu Cys Val Ala Leu Asp Asn Ser Ser
50 55 60
Ile Thr Glu Thr Glu His Glu Gly Ala Lys Lys Leu Ile Asp Lys Leu
65 70 75 80

Ser Asp Ala Pro Glu Asp Leu Asn Trp Leu Val Lys Glu Thr Glu Lys
85 90 95
Tyr Val Gln Glu Lys Ala Met Tyr Asn Ala Thr Ser Arg Ile Ile Glu
100 105 110
Ile Gln Thr Asn Ala Gln Leu Glu Pro Asn Lys Arg Asp Lys Arg Leu
115 120 125
Pro Asp Ile Gly Ala Ile Pro Asp Ile Met Arg Glu Ala Leu Ser Val
130 135 140
Ser Phe Asp Ser Tyr Ile Gly His Asp Trp Met Glu Asp Tyr Glu Ala
145 150 155 160
Arg Trp Leu Ser Tyr Gln Asn Lys Ala Arg Lys Val Pro Phe Lys Leu
165 170 175
Ser Ile Leu Asn Lys Ile Thr Lys Gly Gly Ala Glu Thr Gly Thr Leu
180 185 190
Asn Val Leu Met Ala Gly Val Asn Val Gly Lys Ser Leu Gly Leu Cys
195 200 205
Ser Leu Ala Ala Asp Tyr Leu Gln Met Gly His Asn Val Leu Tyr Ile
210 215 220
Ser Met Glu Met Ala Glu Glu Val Cys Ala Lys Arg Ile Asp Ala Asn
225 230 235 240
Leu Leu Asp Val Ser Leu Asp Asp Ile Asp Asp Gly Cys Val Ser Tyr
245 250 255
Ala Glu Tyr Lys Gly Lys Met Glu Lys Trp Arg Ser Ser Ser Thr Leu
260 265 270
Gly Arg Leu Ile Ile Lys Gln Tyr Pro Thr Gly Gly Ala Asn Ala Asn
275 280 285
Thr Phe Arg Ala Leu Leu Asn Glu Leu Lys Leu Lys Lys Asn Phe Lys
290 295 300
Pro Thr Val Ile Ile Ile Asp Tyr Leu Gly Ile Cys Ala Ser Cys Arg
305 310 315 320
Ile Arg Gln Tyr Thr Glu Asn Ser Tyr Thr Leu Val Lys Ala Ile Ala
325 330 335
Glu Glu Leu Arg Ala Leu Ala Val Glu Ser Glu Thr Val Leu Trp Thr
340 345 350
Ala Ala Gln Val Gly Arg Ser Ala Trp Asp Ala Ser Asp Met Asp Met
355 360 365
Ser Asp Ile Ala Glu Ser Ala Gly Leu Pro Ala Thr Ala Asp Phe Met
370 375 380
Leu Ala Val Ile Glu Thr Pro Glu Leu Ala Gln Met Lys Gln Gln Leu
385 390 395 400
Ile Lys Gln Ile Lys Ser Arg Tyr Gly Asp Lys Asn Ile Asn Asn Lys
405 410 415
Phe Ser Met Gly Val His Lys Ala Asn Gln Arg Trp Val Glu Ile Glu
420 425 430
Gln Gln Asn Asp Pro Thr Lys Pro Asn Pro Ser Asn Thr Val Arg Glu
435 440 445
Gly Ala Gly Ala Gln Asn Arg Val Ala Glu Ser Asn Arg Gln Glu Arg
450 455 460

Val Ser Arg Ser Lys Leu Asp Ala Leu Ala Glu Glu Leu Lys Phe
465 470 475

<210> 947
<211> 77
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 947

Met Ile Phe Val Phe Ser Val Ile Arg Asp Gln Ser Gly Arg Ser Phe
1 5 10 15
Val Val Thr Ala Ser Asp Ser Val His Arg Gly Val Ile Ala Tyr Asn
20 25 30
Lys Ala Asp Leu Ser Ser Tyr Asp Tyr Gly Glu Val Lys Ala Tyr Asn
35 40 45
Asp Glu Gly Ile Trp Val Asn Ser Ala Ile Tyr Leu Pro Thr Lys Asn
50 55 60
Leu Thr Ser Asp Glu Val Leu Glu Lys Leu Phe Lys Arg
65 70 75

<210> 948
<211> 97
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 948

Met Lys Lys Ile Val Leu Ala Leu Ile Phe Ala Val Ser Ser Cys Ser
1 5 10 15
Ala Val Pro Ala Leu Ala Asn Tyr Asp Lys Asp Leu Cys Glu Trp Ser
20 25 30
Met Thr Ala Asp Glu Lys Asp Val Ala Glu Gln Ile Arg Ala Asp Val
35 40 45
Gly His Ile Ile Asp Asn Thr Asp Pro Ser Lys Met Lys Glu Val Gln
50 55 60
Ala Glu Ile Ser Asn Asp Gly Ala Ala Ile Lys Leu Asn Tyr Ala Leu
65 70 75 80
Tyr Cys Asp Ala Asn Phe Asp Asn Phe Thr Ile Ala Ser Trp Ile Leu
85 90 95
Gly

<210> 949
<211> 72
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 949

Met Ile Thr Tyr Val Leu Val Met Ala Ile Met Thr Gly Ala Gly Gly
1 5 10 15

Val Ser Thr Glu Lys Leu Ser Phe Thr Gly Met Asn Glu Ser Ser Leu
20 25 30
Ala Gln Lys Cys Glu Asp Ala Gly Lys Gln Phe Thr Gly Ile Lys Ala
35 40 45
Asp Ser Gly Phe Gly Ser Pro Ser Val Tyr Thr Thr Tyr Lys Cys Ile
50 55 60
Arg Ile Asp Gly Gly Asn Asn Lys
65 70

<210> 950
<211> 55
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 950
Met Lys Thr Phe Lys Glu Phe Val Lys Leu Asn Glu Glu Met Val Ala
1 5 10 15
Gly Asp Ala Gly Gly Asn Pro Gln Asn Ile Ala Ser Gly Thr Thr Ser
20 25 30
Gly Ala Val Val Asn Lys Gly Pro Glu Thr Leu Pro Lys Lys Lys Arg
35 40 45
Asp Lys Ser Lys Pro Glu Thr
50 55

<210> 951
<211> 340
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 951
Met Ser Trp Val Asp Asn Glu Phe Ala Ile Arg Ala Ile Ser His Leu
1 5 10 15
Pro Lys Phe Arg His Val Thr Thr Ser Ser Thr Phe Lys Leu Asn Cys
20 25 30
Arg Cys Pro Ile Cys Gly Asp Ser Gln Lys Asp Ile Asn Lys Ala Arg
35 40 45
Phe Trp Ile Phe Asp Ala Gly Gln Gly Leu Arg Cys His Cys Phe Asn
50 55 60
Cys Glu Tyr Asn Lys Trp Leu Ser Gln Tyr Leu Lys Asp Asn Glu Pro
65 70 75 80
Asp Leu Tyr Arg Glu Tyr Leu Leu Glu Lys Arg Lys Glu Gln Val Phe
85 90 95
Asp Lys Pro Lys Thr Val Glu Pro Ser Glu Lys Ile Asn Ala Lys Leu
100 105 110
Pro Val Ile Glu Lys Leu Asn Phe Cys Glu Arg Leu Asp Arg Leu Pro
115 120 125
Lys Glu His Pro Ile Val Lys Tyr Val Thr Ala Arg Cys Ile Pro Ser
130 135 140

Thr Ser Trp Lys Arg Leu Trp Phe Thr Asn Gln Trp Pro Ser Leu Val
145 150 155 160
Asn Ser Val Asn Pro Gly Thr Tyr Lys Asn Glu Thr Asn Glu Pro Arg
165 170 175
Leu Val Ile Pro Ile Phe Asn Lys Lys Gly Glu Ile Glu Ser Phe Gln
180 185 190
Gly Arg Ala Leu Arg Lys Asn Ala Pro Gln Lys Tyr Ile Thr Ile Lys
195 200 205
Ala His Glu His Ala Thr Lys Ile Tyr Gly Leu Asp Thr Ile Asp Glu
210 215 220
Ser Lys Leu Val Phe Val Met Glu Gly Pro Ile Asp Ser Leu Phe Ile
225 230 235 240
Asp Asn Ala Ile Ala Ile Thr Gly Gly Ser Leu Asp Leu Ala Gln Val
245 250 255
Pro Cys His Asp Asn Arg Ala Trp Ile Met Asp His Glu Pro Arg His
260 265 270
Pro Asp Thr Ile Lys Arg Met Lys Arg Leu Val Asp Ala Gly Glu Lys
275 280 285
Val Val Phe Trp Asp Lys Ser Pro Trp Lys Ser Lys Asp Ile Asn Asp
290 295 300
Met Ile Met Lys Glu Gly Ala Thr Ala Ser Glu Ile Thr Asp Tyr Ile
305 310 315 320
Asn Gln Asn Ile Ser Gln Gly Leu Met Ala Lys Leu Arg Leu Asp Lys
325 330 335
Tyr Ala Lys Ile
340

<210> 952
<211> 63
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 952

Met Ser Glu Val Lys Arg Glu Cys Lys Asp Lys Gly Gly Phe Gly Arg
1 5 10 15
Tyr Leu Tyr Val Gly Ile Ala Thr Ala Ala Leu Ala Ala Trp Asn Tyr
20 25 30
Val Val Val Pro Leu Ala Ser Thr His Gly Leu Val Leu Pro Pro Met
35 40 45
Pro Leu Glu Lys Val Val Ser Phe Ile Met Thr Gly Gly Leu Leu
50 55 60

<210> 953
<211> 173
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 953

Met Pro His Phe Asn Glu Cys Ser Gln Leu Ile Ala Gly Ala Asp Lys
1 5 10 15
Ala Glu Ala Arg Tyr Ala Gly Ile Val Arg Lys Val Gly Gly Asp Pro
20 25 30
Leu Gln Val Met Leu Asp Met Gln Lys Ser Leu Gln Val Arg Leu Ala
35 40 45
Asn Asp Lys Pro Gly Thr Asn Met His Pro Asp Glu Leu Ala Gln Ala
50 55 60
Gly Asp Ile Val Gln Trp Leu Arg Asn Gln Lys Asp Tyr Ile Asp Asp
65 70 75 80
Glu Phe Arg Glu Leu Leu Thr Ser Leu Gly Gly Met Ser Asn Gly Glu
85 90 95
Lys Ala Ala Ser Ala Val Trp Lys Pro Trp Lys Ser Asp His Val Lys
100 105 110
Met Gln Glu Thr Tyr Ile Lys Asp Leu Ser Asp Lys Asp Gln Leu Glu
115 120 125
Ile Lys Phe Glu Met Ile Asp Ile Leu His Phe Val Leu Asn Met Phe
130 135 140
Met Ala Leu Gly Leu Asp Ser Glu Glu Ile Phe Lys Leu Tyr Tyr Leu
145 150 155 160
Lys Asn Ala Glu Asn Phe Ala Arg Gln Asp Ser Gly Tyr
165 170

<210> 954
<211> 45
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 954
Met Ala Lys Arg Ile Ser Lys Arg Arg Leu Lys Ile Ile Arg Lys Gln
1 5 10 15
Lys Glu Arg Ala Leu Val Leu Ala Leu Arg Glu Glu Ile Thr Arg Glu
20 25 30
Ile Asp Lys Glu Ile Leu Lys Ala Leu Thr Ala Ala Ile
35 40 45

<210> 955
<211> 78
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 955
Met Ala Tyr Val Asn Ile Lys Thr Phe Asp His Thr Thr Ala Asp Gly
1 5 10 15
Glu Val Lys Gly Thr Glu Val Ser Val Ala Phe Lys Val Tyr Ser Asp
20 25 30
Ser His Arg Ile Ala Asn Ala Gln Tyr Gln Ile Phe Pro Ser Glu Lys
35 40 45

Ala Ala Tyr Ser Thr Val Val Asp Asp Ala Ala Thr Trp Ala Thr Thr
50 55 60
Asn Ala Lys Met Phe Glu Ala Val Pro Ser Asp Ala Glu Val
65 70 75

<210> 956
<211> 63
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 956
Met Ile Cys Tyr Thr Lys Pro Trp Tyr Gln Ser Ser Leu Lys Lys Ser
1 5 10 15
His Phe Asp Cys Trp Tyr Arg Gly Val Arg Ala Ala Ala Leu Leu Leu
20 25 30
Lys Ala Ala Pro Ala Leu Ile Lys Ala Asn Asp Lys Trp Phe Glu Asp
35 40 45
Asn Asn Met Thr Glu Gly Ala Leu Cys Gly Lys Arg Lys Asn Leu
50 55 60

<210> 957
<211> 174
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 957
Val Ala Asn Ala Lys Ile Tyr Asn Ala Lys Ile Tyr Lys Val Ser Leu
1 5 10 15
Gln Arg Ala Val Gln Ser Arg Ser Asp Ala Asn Gly Val Leu Arg Leu
20 25 30
Asp Gln Asp Arg Ile Phe Thr Val Ala Leu Tyr Ser Thr Phe Asp Lys
35 40 45
Asp Phe Lys Asp Leu Val Asn Lys Phe Glu Ala Phe Gly Trp Cys Pro
50 55 60
Ser Glu Asp Tyr Gly Ile Ile Lys Thr Ala His Val Phe Asp Val Asp
65 70 75 80
Thr Val Pro Gly Ser Pro Val Ala Ile Leu Arg Ala Leu His Leu Lys
85 90 95
Gly Tyr Thr Asn Val Cys His Glu Thr Ser Leu Tyr Glu Tyr Glu Asn
100 105 110
Asp Ile Ile Ser Arg Gly Lys Lys Ile Ile Ile Asp Ser Thr Asp Ser
115 120 125
Leu Ile Glu Phe Thr Lys Leu Val Trp Leu Tyr Met Gly Ala Asp Phe
130 135 140
Ile Lys Leu Thr Pro Ser Pro Leu Leu Gln Lys Ala Ala Asp Gly Tyr
145 150 155 160
Asn Ser Ser Ser Cys Leu Tyr Arg Asn Asn Glu Trp Phe Met
165 170

<210> 958
<211> 62
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 958

```
Met Asp Leu Phe Glu Met Met Glu Glu Pro Gln Glu Glu Val Gln Val
1               5                  10                  15
His Pro Val Ile Ser Lys Asp Ile Lys Asp Glu Tyr Arg Ile Ile Ile
            20                  25                  30
Gln Lys Tyr Gly Ile Lys Ala Pro Glu Ala Leu Leu Asp Glu Leu Ala
        35                  40                  45
Ser Ile Trp Ser Asp Pro Pro Pro Trp Ser Pro Trp Ala Lys
    50                  55                  60
```

<210> 959
<211> 229
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 959

```
Met Ala Ile Ser Leu Asn Pro Ser Ile Ser Val Lys Leu Ser Lys Val
1               5                  10                  15
Ile Pro Ile Glu Lys Pro Ile Arg Ser Ile Asp Val Leu Asn Phe Ala
            20                  25                  30
Arg Glu Ser Lys Gly Leu Pro Leu Tyr Asp Leu Ser Val Trp Glu Ala
        35                  40                  45
Leu Ala Asn Arg Phe Asp Cys Lys Glu Gln Ser Ile Leu Trp Gln Cys
    50                  55                  60
Met Asn Asn Lys Ile Gly Glu Glu Phe His Lys Lys Leu Asp Ser Ile
65                  70                  75                  80
Val Arg Arg His Gln Ile Asp Asn Ser Asp Ile Leu Tyr Arg Gly Leu
                85                  90                  95
Ser Cys Arg Glu Ser Lys Ala Phe Tyr Asp Ala Leu Ile Lys Gly Glu
            100                 105                 110
Lys Phe Gly Phe Gly Lys Val Ala Ser Phe Thr Thr Asp Glu Thr Ile
        115                 120                 125
Ala Arg Glu Phe Ala Gly Lys Trp His Tyr Ser Thr Phe Val Val Ile
    130                 135                 140
Glu Val Asn Asn Cys His Gln Ser Phe Asp Tyr His Thr Asn Met Lys
145                 150                 155                 160
Ser Leu Leu Ile Thr Ala Pro Asp Ser Glu Phe Met Arg Pro Asn Asp
                165                 170                 175
Val Ile Asp Asn Ile Ala Gln Arg Arg Ser Ala Asp Ile Glu Met Ile
            180                 185                 190
Asp Lys Glu Gln Glu Arg Met Leu Pro Met Gly Thr Lys Phe Lys Val
        195                 200                 205
```

Val Gly His Asn Lys Val Glu Lys Ser Gly Leu Leu Met Asp Tyr Phe
210 215 220
Ser Val Thr Ile Ala
225

<210> 960
<211> 252
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 960

Met Met Lys Phe Thr Ala Glu Thr Ala Lys Ile Tyr Thr Arg Leu Ile
1 5 10 15
Thr Thr Leu Gly Ser Ala Gln Arg Arg Asn Lys Glu Phe Asn Leu Thr
20 25 30
Pro Glu Tyr Leu Phe Asn Ile Met Gln Gln Thr His Cys Ala Tyr Ser
35 40 45
Gly Glu Lys Phe Gly Thr Val Lys Gly Asn His Pro Asp Ser Met Thr
50 55 60
Leu Glu Arg Trp Asn Asn Asp Leu Gly Tyr Val Met Gly Asn Val Ile
65 70 75 80
Pro Val Lys Gln Lys Tyr Asn Thr Leu Arg Gly Asn Asn Thr Ile Glu
85 90 95
Gly Leu Glu Arg Lys Ala Asn Glu Ile Ala Ala Arg Ile Val Arg Ser
100 105 110
Ser Asp Ser Val Lys Pro Thr Ser Asp Lys Glu Ala Ser Arg Leu Glu
115 120 125
Lys Ile Arg Glu Tyr Glu Lys Thr Ile Thr Ser Ile Lys Thr Asn Leu
130 135 140
His Asn Arg Glu Asn His Leu Ser Gln Phe Val Gln Lys Glu Lys Asn
145 150 155 160
Gly Thr Ala Thr Ser Ala Asp Leu Glu Leu Ile Asn Ala Leu Arg Thr
165 170 175
Arg Ile Ser Gly Gly Lys Ser Glu Leu Ala Lys Val Glu Arg Lys Leu
180 185 190
Ser Ala Ile Leu Ala Ser Val Pro Asn Arg Pro Ser Asp Ala Glu Ile
195 200 205
Arg Val Gln Ser Ile Arg Leu Ile Val Ser Ser Leu Arg Arg Leu Glu
210 215 220
Glu Cys Ser Met Leu Asp Lys Leu Lys Leu Lys Lys Gly Leu Pro Leu
225 230 235 240
Thr Ala Ser Phe Phe Gln Leu Leu Arg Gly Lys Met
245 250

<210> 961
<211> 104
<212> PRT
<213> Unknown
<220>

<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 961

```
Met Gln His Tyr Gly Tyr Val Val Ala Tyr Lys Asp Lys Asp Gly Phe
1               5                  10                  15
Asp His Pro Val Thr Thr Asp Met Tyr Asp Gly Glu Arg Cys Val Val
            20                  25                  30
Phe Thr Asn Glu Glu Ser Ala Asn Lys Ala Arg Ile Arg Thr Met Ser
        35                  40                  45
Val Leu Thr Asp Lys Leu Ala Lys Gly Asn Phe Thr Gly Lys Ser Lys
    50                  55                  60
Thr Lys Gly Met Leu Trp Trp Lys Thr Thr Glu Leu Val Tyr Glu Pro
65                  70                  75                  80
Leu Ser Asp Val Glu Arg Glu Lys Leu Lys Ala Lys Ile Lys Asn Leu
                85                  90                  95
His Val Val Arg Val Lys Val Ala
            100
```

<210> 962
<211> 443
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 962

```
Met Ile Thr Phe Asp Gln Leu Lys Glu Ser Gln Lys Ala Ile Phe Asn
1               5                  10                  15
Lys Val Ile Glu Met Val Lys Gln Gly Ala Lys Gly Gln His Ile Thr
            20                  25                  30
Ile Asn Gly Pro Ala Gly Thr Gly Lys Thr Thr Leu Thr Lys Phe Ile
        35                  40                  45
Ile Asp Ala Leu Ile Ser Gln Gly Ile Ser Gly Ile Ala Leu Ala Ala
    50                  55                  60
Pro Thr His Gly Ala Lys Lys Val Leu Ser Lys Leu Ser Gly Met Gln
65                  70                  75                  80
Ala Ser Thr Ile His Ser Leu Leu Lys Ile Asn Pro Thr Thr Tyr Glu
                85                  90                  95
Glu Asn Val Leu Phe Glu Gln Lys Lys Val Pro Asp Met Ala Ser Ile
            100                 105                 110
Arg Val Leu Ile Cys Asp Glu Ala Ser Met Tyr Asp Arg Lys Leu Phe
        115                 120                 125
Lys Ile Leu Met Ala Thr Ile Pro Ala Trp Cys Ile Val Ile Ala Ile
    130                 135                 140
Gly Asp Lys Ala Gln Ile Arg Pro Val Glu Pro Gly Ser Asn Glu Pro
145                 150                 155                 160
Ala Leu Ser Pro Phe Phe Thr His Lys Asp Phe Leu Gln Leu His Leu
                165                 170                 175
Thr Glu Val Met Arg Ser Asn Ala Pro Ile Ile Glu Val Ala Thr Glu
            180                 185                 190
Ile Arg Asn Gly Gly Trp Ile Arg Asp Cys Val Val Asp Gly His Gly
```

195 200 205

Val Arg Gly Phe Thr Lys Gly Thr Ala Leu Lys Asp Phe Met Leu Asn
210 215 220

Tyr Phe Asn Leu Val Lys Thr Pro Glu Asp Leu Phe Glu Asn Arg Met
225 230 235 240

Leu Ala Phe Thr Asn Lys Ser Val Asp Lys Leu Asn Glu Ile Ile Arg
245 250 255

Arg Arg Ile Tyr Glu Thr Glu Arg Pro Phe Val Val Gly Glu Ile Val
260 265 270

Val Met Gln Glu Pro Leu Thr Lys Glu Leu Lys Phe Glu Gly Lys Lys
275 280 285

Phe Ser Glu Ile Leu Phe Asn Asn Gly Gln Phe Val Arg Ile Leu Asp
290 295 300

Ala Ile Glu Thr Thr Ser Phe Leu Gly Ala Arg Gly Val Pro Gly Glu
305 310 315 320

Tyr Leu Val Arg His Trp Val Leu Asp Ile Glu Thr Tyr Gly Asp Asp
325 330 335

Glu Glu Tyr Ala Arg Glu Lys Ile Cys Val Ile Ser Ser Glu Glu Glu
340 345 350

Met Asn Lys Phe Gln Phe Phe Leu Ala Lys Thr Ala Asp Thr Tyr Lys
355 360 365

Asn Trp Asn Lys Gly Gly Lys Ala Pro Trp Ser Glu Phe Trp Asp Ala
370 375 380

Lys Arg Lys Phe His Lys Val Lys Ala Leu Pro Ala Ser Thr Phe His
385 390 395 400

Lys Ala Gln Gly Ile Ser Ile Asp Arg Ser Phe Ile Tyr Thr Pro Cys
405 410 415

Ile His Met Ala Asp Ala Ser Leu Ala Gln Gln Leu Leu Tyr Val Gly
420 425 430

Thr Thr Arg Gly Arg Tyr Asp Val Phe Tyr Val
435 440

<210> 963
<211> 84
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 963

Met Phe Glu Leu Lys Leu Glu Asp Leu Gln Thr Met Ile Val Gly Leu
1 5 10 15

Gln Glu Ser Lys Phe Glu Ala Pro Asp Asn Val Lys Arg Ala Ile Asn
20 25 30

Ile Lys Ile Asp Ile Val Leu Asn Glu Leu Arg Asp Ile Ala Asp Asn
35 40 45

Ala Asn Ala Ile Thr Trp Phe Thr Gly Tyr Asp Pro Lys Val Tyr Leu
50 55 60

Ser Glu Tyr Ile Gly Cys Gln Leu Arg Glu Ile Lys Phe Met Leu Glu
65 70 75 80

Ala Gln Asn Gly
<210> 964
<211> 229
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 964

Met	Ala	Lys	Asp	Phe	Ile	Ile	Asp	Phe	Glu	Thr	Phe	Gly	Asn	Val	Ser
1				5				10						15	
Ser	Ser	Ser	Val	Ile	Asp	Leu	Ala	Leu	Ile	Thr	Phe	Asp	Ser	Asp	Pro
			20					25					30		
Glu	Val	Leu	Glu	Ser	Phe	Asp	Glu	Leu	Val	Lys	Arg	Gly	His	Arg	Ile
		35					40					45			
Lys	Phe	Asp	Leu	Lys	Ser	Gln	Lys	Gly	His	Arg	Leu	Phe	Gly	Lys	Ser
	50					55					60				
Thr	Leu	Glu	Trp	Trp	Lys	Lys	Gln	Ser	Ala	Glu	Ala	Arg	Ala	Asn	Leu
65					70					75					80
Ala	Ser	Thr	Pro	Asp	Asp	Leu	Ser	Val	Ile	Ala	Gly	Ile	Lys	Glu	Ala
				85					90					95	
Gln	Gln	Tyr	Leu	Ile	Asp	Asn	Gly	Ile	His	Pro	Trp	Asp	Ser	Phe	Gly
			100					105					110		
Trp	Cys	Arg	Gly	Gln	Ser	Phe	Asp	Phe	Pro	Ile	Phe	Val	Asp	Cys	Leu
		115					120					125			
Arg	Asp	Val	Gln	Arg	Ala	Gln	Gly	Ile	Ser	Glu	Glu	Glu	Ile	Asp	Thr
	130					135					140				
Phe	Lys	Glu	Glu	Pro	Cys	Lys	Phe	Trp	Asn	Gln	Arg	Asp	Ile	Arg	Thr
145					150					155					160
Ala	Ile	Glu	Ser	Leu	Leu	Leu	Thr	Arg	Gly	Leu	Thr	Thr	Thr	Pro	Leu
				165					170					175	
Pro	Lys	Gly	Thr	Leu	Asn	Gly	Phe	Ile	Ala	His	Asp	Ser	Ile	His	Asp
			180					185					190		
Cys	Ala	Lys	Asp	Ile	Leu	Met	Leu	Lys	Tyr	Ala	Gln	Arg	Tyr	Ala	Leu
		195					200					205			
Gly	Leu	Ser	Glu	Ala	Pro	Ser	Pro	Glu	Asp	Thr	Asp	Pro	Leu	Ser	Leu
	210					215					220				
Pro	Lys	Gly	Arg	Gly											
225															

<210> 965
<211> 55
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 965

Met	Glu	Glu	Phe	Glu	Phe	Asp	Glu	Asn	Phe	Glu	Glu	Trp	Phe	Asn	Arg
1				5				10						15	
Glu	Ile	Leu	Pro	Lys	Ile	Ser	Pro	Thr	Met	Val	Leu	Val	Ala	Lys	Ala

20 25 30
Leu Met Ala Lys Gly Trp Asp Ala Gly Tyr Met Phe Gly Val Asp Val
35 40 45
Gly Cys Glu Ile Ser His Arg
50 55
<210> 966
<211> 147
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 966
Met Met Lys Asn Leu Val Val Gly Glu Asn Val Lys Val Ile Gly Gly
1 5 10 15
Lys His Ile Gly Lys Glu Gly Val Ile Val Gly Ile Phe Asn Arg Ser
20 25 30
Asn Lys Met Ser Ser Tyr Leu Leu Gln Leu Glu Asn Glu Asp Lys Ala
35 40 45
Val Tyr Ser Leu Gln Lys Phe Val Val Ala Leu Glu Ser Arg Asp Leu
50 55 60
Leu Asp Ser Met Phe Asn Glu Ser Tyr Leu Arg Lys Trp Val His Val
65 70 75 80
Asn Ser Leu Asp Asn Val Ile Thr Gln Ser Val Ser Ser Thr Asn Ser
85 90 95
Ala Thr Asn Leu Ser Leu His Lys Asn Val Leu Val Thr Asp Glu Trp
100 105 110
Glu Glu Asp Gly Lys Thr Leu Val Asn Val Val Phe Gln Gly Asn Tyr
115 120 125
Ala Val Leu Pro Lys Ala Asp Val Glu Pro Thr Glu Ser Gln Arg Gln
130 135 140
Gly Leu Val
145
<210> 967
<211> 71
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 967
Met Lys Thr Glu Asn Thr Val Lys Ile Thr Ala Glu Ala Phe Glu Asp
1 5 10 15
Ile Leu Phe Asn Pro Asp Leu Ile Val Val Gln Lys Glu Lys Thr Phe
20 25 30
Gly Lys Glu Glu His Trp Thr Trp Leu Tyr Val Phe Ala Asn His Gly
35 40 45
Asp Ile Val Pro Val Arg Thr Phe Ala Arg Val Ile Thr Val Asp Gly
50 55 60
Pro Glu Tyr Met Glu Ile Val

65 70

<210> 968

<211> 121

<212> PRT

<213> Unknown

<220>

<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08

<400> 968

Met Asn Phe Lys Glu Gly Val Gln Tyr Lys Phe Val Asn Asp Glu Ala
1 5 10 15
Glu Glu Glu Phe Ser Ser Arg Tyr Glu Val Asn Glu Asp Phe Val Tyr
20 25 30
Glu Leu Tyr Glu Asn Gly Gly Ser Phe Thr Val Thr Lys Val Asp Arg
35 40 45
Gln Asn Asn Arg Val Ser Gly Ile Met Trp Ala Asn Gly Thr Glu Cys
50 55 60
Asp Glu Val Gly Gly Glu Asp Leu Val Ile Phe Asp Ser Glu Phe Lys
65 70 75 80
Tyr Phe Thr Glu Val Gly Thr Ser Ala Asn Val Ile Pro Thr Asp Leu
85 90 95
Val Met Asn Leu Ser Ile His Asn Arg Gly Gln Ala Ile Ala Ala Ile
100 105 110
Ala Ala Leu Gln Ser Ala Tyr Gln Cys
115 120

<210> 969

<211> 111

<212> PRT

<213> Unknown

<220>

<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08

<400> 969

Met Leu Asn Leu Ala Pro Ile Phe Glu Ala Ser Lys Leu Ser Tyr Pro
1 5 10 15
Ile Pro Asn Arg Ser Ile Gly Asn Val Met Leu Gln Leu Ser Ser Glu
20 25 30
Thr Gly Glu Met Cys Asp Trp Ile Asn Arg Pro Trp Arg Gln Lys Glu
35 40 45
Glu Phe Glu Gly Glu Cys Ala Asp Val Ile Asn Cys Val Val Asp Ala
50 55 60
Leu Trp Leu His Phe Arg Asn Arg His Lys Asn Asp Thr His Val Ser
65 70 75 80
Asp Asp Glu Ile Ser Met Met Val Thr Arg Ala Leu Asn Glu Gln Ile
85 90 95
Met Val Lys Thr Gln Lys Trp Lys Asp Ala Val Asn Ala Asn Val
100 105 110

<210> 970

<211> 58

<212> PRT

<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 970

Met Pro Met Tyr Asp Tyr Lys Cys Glu Val Cys Gly Lys Lys Ile Glu
1 5 10 15
Ile Met Arg Lys Ile Ser His Arg Asp Tyr Thr Val Asn Cys Phe Asn
20 25 30
Pro Lys Cys Glu Gly Gln Met Lys Arg Val Val Ser Ala Pro Ala Val
35 40 45
His Tyr Asp Gly Leu Lys Ser Gly Asp Tyr
50 55

<210> 971
<211> 82
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 971

Met Lys Lys Ile Leu Ile Thr Ala Leu Ala Phe Met Met Ile Gly Cys
1 5 10 15
Thr Asp Ala Asp Asn Ala Thr Arg Val Leu Glu Asn Ala Gly Phe Thr
20 25 30
Glu Val Asp Ile Thr Gly Tyr Lys Phe Phe Ser Cys Ser Glu Asp Asp
35 40 45
Phe Gln His Thr Gly Phe Lys Ala Val Gly Pro Thr Gly Lys Thr Val
50 55 60
Lys Gly Thr Val Cys Ser Gly Ile Phe Leu Lys Asn Ser Thr Ile Arg
65 70 75 80
Phe Glu

<210> 972
<211> 65
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 972

Met Lys Tyr Ile Ile Leu Thr Leu Ile Ala Leu Val Ile Ser Ile Gly
1 5 10 15
Val Leu Val Ser Leu Ala Asp Ser Thr Glu Ser Ser Asn Glu Val Gln
20 25 30
Lys Ser Ser Ile Gly Ile Gly Val Asn Gly Gln Val Gly Val Lys Ile
35 40 45
Ser Asp Asn Leu Cys Val Asn Pro Ser Thr Gly Ala Ala Glu Val Cys
50 55 60
Phe
65

<210> 973

<211> 612
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 973

```
Met Ile Lys Asn Glu Ile Lys Ile Leu Ser Asp Arg Glu His Ile Ile
1               5                  10                  15
Lys Arg Ser Gly Met Tyr Ile Gly Ser Ser Ala Cys Glu Ala His Asp
            20                  25                  30
Arg Phe Leu Phe Gly Lys Phe Gln Ser Val Lys Tyr Val Pro Gly Ile
        35                  40                  45
Ile Lys Leu Ile Asp Glu Ile Ile Asp Asn Ser Val Asp Glu Ala Ile
    50                  55                  60
Arg Thr Asn Phe Lys His Ala Asn Lys Ile Ser Val Asp Ile Lys Gly
65                  70                  75                  80
Asn Lys Ile Ile Val Thr Asp Asn Gly Arg Gly Leu Pro Gln Ala Pro
                85                  90                  95
Val Val Thr Pro Glu Gly Glu Thr Ile Pro Gly Pro Val Ala Ala Trp
            100                 105                 110
Thr Arg Pro Arg Ala Gly Gly Asn Phe Gly Asp Asp Ala Glu Arg Lys
        115                 120                 125
Thr Gly Gly Met Asn Gly Val Gly Ser Ala Leu Thr Asn Ile Phe Ser
    130                 135                 140
Val Ser Phe Thr Gly Ala Thr Cys Asp Gly Lys Asn Glu Ile Ile Val
145                 150                 155                 160
Arg Cys Ser Asn Gly Ser Glu Asn Ile Ser Trp Glu Glu His Pro Ala
                165                 170                 175
Lys Asp Lys Glu Phe Ile Lys Asp Lys Thr Gly Thr Val Val Ser Phe
            180                 185                 190
Ile Pro Asp Phe Ser His Phe Glu Ser Thr Gly Leu Thr Asp Val Asp
        195                 200                 205
Gln Ser Ile Ile His Asp Arg Leu Met Thr Leu Ala Val Val Tyr Pro
    210                 215                 220
Asp Ile Glu Phe Lys Phe Met Gly Lys Arg Val Gln Gly Lys Phe Lys
225                 230                 235                 240
Ala Tyr Ala Gln Met Tyr Asp Glu Asn Ala Val Val Gln Asp Ser Asp
                245                 250                 255
Thr Cys Ala Ile Ala Ile Gly Arg Ser Asp Asp Gly Phe Arg Gln Leu
            260                 265                 270
Ser Tyr Val Asn Asn Ile His Thr Lys Asn Gly Gly Thr His Val Asp
        275                 280                 285
Leu Val Leu Asp Glu Leu Ser Asn Glu Leu Ile Pro Ala Leu Lys Arg
    290                 295                 300
Lys Tyr Lys Leu Glu Val Asn Lys Ala Arg Ile Lys Glu Cys Leu Thr
305                 310                 315                 320
Val Ile Met Phe Ile Arg Asp Met Ser Asn Met Arg Phe Asp Ser Gln
                325                 330                 335
```

Thr Lys Glu Arg Leu Thr Ser Pro Trp Gly Glu Ile Arg Ser His Ile
340 345 350
Asp Ile Asp Tyr Lys Lys Leu Ala Asn Ala Ile Met Lys Ser Glu Asp
355 360 365
Ile His Met Pro Ile Ile Glu Ala Met Leu Ala Arg Lys Leu Ala Ala
370 375 380
Glu Lys Ala Ala Glu Thr Lys Ala Ala Lys Lys Ala Gln Lys Ala Lys
385 390 395 400
Val Ala Lys His Ile Lys Ala Asn Lys Tyr Gly Lys Asp Ala Asp Thr
405 410 415
Thr Leu Phe Leu Thr Glu Gly Asp Ser Ala Ile Gly Tyr Leu Leu Thr
420 425 430
Thr Arg Asp Arg Glu Leu His Gly Gly Tyr Pro Leu Arg Gly Lys Phe
435 440 445
Met Asn Thr Trp Gly Met Ser Ala Ala Asp Ala Met Lys Asn Lys Glu
450 455 460
Val Phe Asp Ile Cys Ala Ile Thr Gly Leu Thr Ile Gly Glu Pro Ala
465 470 475 480
Glu Asn Thr Asn Tyr Arg Asn Ile Ala Ile Met Thr Asp Ala Asp Val
485 490 495
Asp Gly Val Gly Ser Ile Phe Pro Ser Leu Leu Ala Phe Phe Ser Asn
500 505 510
Trp Pro Glu Leu Phe Glu Gln Gly Arg Ile Arg Phe Val Lys Thr Pro
515 520 525
Val Ile Ile Leu Thr Lys Gly Lys Glu Gln Arg Trp Phe Tyr Ser Leu
530 535 540
Gly Glu Tyr Glu Asp His Lys Asp Asp Phe Lys Gly Trp Lys Leu Arg
545 550 555 560
Tyr Ile Lys Gly Leu Gly Ser Leu Glu Glu Asp Glu Tyr Glu Arg Val
565 570 575
Ile Gln Asp Pro Val Tyr Asp Val Val Ser Leu Pro Glu Asn Trp Lys
580 585 590
Glu Leu Phe Glu Leu Ile Met Gly Asn Asp Ala Ala Pro Arg Lys Thr
595 600 605
Trp Met Ser Glu
610

<210> 974
<211> 50
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 974

Met Gln Arg Tyr Trp Ile Thr Leu Val Ser Gly Asp Tyr Gly Tyr Met
1 5 10 15
Phe Ala Glu Lys Lys Pro Leu Pro Gly Thr Trp Val Thr Ile Trp Val
20 25 30
Glu Asn Ser Asp Gly Ser Lys His Glu Val Tyr Gly Arg Val Ser Arg

35 40 45

Val His
50

<210> 975
<211> 82
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 975

Met Lys Ser Thr Ile Ile Ser Ile Leu Arg Thr Glu Ala Leu Lys Tyr
1 5 10 15
Ser Val Asp Pro Ser Asn Glu Tyr Gln Glu Leu Leu Ile Lys Arg Leu
20 25 30
Leu Asn Ser Ile Ala Asp Arg Leu Glu Ser Asn Gln Ser Val Pro Ile
35 40 45
Asn His Ser Leu Phe Ala Met Lys Val Ile Arg Phe Leu Arg Pro Asp
50 55 60
Ile Lys Ile Ala Asp Met Val Lys Val Ile Lys Ser Ser Gly Ala Val
65 70 75 80
Lys Cys

<210> 976
<211> 69
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 976

Met Leu Lys Lys Ser Tyr Val Pro Asn Lys Glu Leu Phe Asp Asp Ala
1 5 10 15
Ile Tyr Arg Glu Tyr Arg Ile Ile Gln Arg Phe Phe Asp Ile Gln Ala
20 25 30
Ala Glu Glu Phe Lys Asp Arg Phe Lys Gln Ile Ser Asp Lys Ile Phe
35 40 45
Thr Thr Asn Thr Ala Thr Ala Glu Glu Leu Leu Glu Val Ala Glu Ile
50 55 60
Ile Lys Arg His Asn
65

<210> 977
<211> 725
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 977

Met Lys Ile Lys Cys Asp Asp Glu Val Ile Ile Gly Ser Ser Asp Ala
1 5 10 15
Glu Asp Ser Thr Phe Thr Ile Lys Ala Ser Gly Lys Ala Phe Asp Ile

```
                20                  25                  30
Leu Ser Asn Lys Leu Tyr Lys Tyr Lys Val Arg Ala Val Val Arg Glu
        35                  40                  45
Leu Ser Thr Asn Cys Asp Asp Ala His Lys Leu Asn Gly Asn Glu Asn
    50                  55                  60
Arg Pro Phe Tyr Ile Lys Ala Pro Thr Arg Leu Asp Pro Arg Phe Val
65                  70                  75                  80
Ile Arg Asp Tyr Gly Pro Gly Leu Asn His Asn Asp Met Met Thr Met
                85                  90                  95
Tyr Lys Thr Phe Phe Glu Ser Thr Lys Asn Asn Ser Asn Asp Phe Ile
            100                 105                 110
Gly Ala Leu Gly Leu Gly Ser Lys Ser Pro Leu Ser Tyr Thr Ser Thr
        115                 120                 125
Phe Asn Val Val Ser Tyr His Asn Gly Lys Ala Thr Gly Tyr Thr Val
    130                 135                 140
Met Lys Asn Arg Gly Glu Pro Thr Ile Arg Pro Met Phe Val Asp Asp
145                 150                 155                 160
Met Lys Glu Asp Glu Glu Thr Gly Leu Glu Ile Thr Val Pro Val Lys
                165                 170                 175
Val Glu Asp Ile Asp Thr Trp His Tyr Glu Ile Ala Tyr Ile Leu Arg
            180                 185                 190
Thr Phe Gly Ala Val Pro Pro Lys Val Asp Ser Leu Arg Arg Glu Ile
        195                 200                 205
Glu Tyr Phe Pro Val Asp Lys Thr Asp Trp Phe Ser Val Asn Ser Ser
    210                 215                 220
Tyr Glu Ser Tyr Gly Leu Tyr Ala Val Tyr Gly Lys Ile Val Tyr Pro
225                 230                 235                 240
Ile Ser Gly Val Asp Val Lys Ala Asp Trp Leu Leu Asn Arg Tyr Gly
                245                 250                 255
Lys Val Tyr Val His Phe Pro Leu Gly Glu Leu Asp Ile Thr Pro Ser
            260                 265                 270
Arg Glu Glu Leu Ser Leu Asp Glu Glu Thr Ile Ala Asn Ile Gln Lys
        275                 280                 285
Arg Val Asn Ala Leu Glu Glu Glu Val Ile Thr Ala Asp Ile Lys Ala
    290                 295                 300
Phe Glu Ala Tyr Glu Ser Asp Arg Glu Phe Leu Arg Glu Phe Asn Lys
305                 310                 315                 320
Leu Ser Ser Lys Glu Arg Ser Ile Leu Gln Ser Arg Gly Ile Thr Ile
                325                 330                 335
Gly Asn Arg Asp Ile Lys Gln Val Val Ala Lys Tyr Asn Leu Asp Lys
            340                 345                 350
Ile Arg Ser Tyr Tyr Val Asp Asn Glu Val Ser Val Tyr Val Ser Cys
        355                 360                 365
Asp Glu Pro Ala Arg Arg Lys Val Ser Ser Ser Ser Trp His Arg His
    370                 375                 380
Asn Gln Val Asn Ile Ser Asp Ile Cys Gly Val Asp Arg Thr Lys Ala
385                 390                 395                 400
Phe Val Leu Ile Asp Asp Lys Ala Gly Lys Arg Ile Ala Thr Val Arg
```

405 410 415
Ala Leu Cys Lys Ser Gly Leu Val Pro Ile Trp Ala His Ile Thr Val
420 425 430
Ile Lys Asp Asn Glu Asp Glu Leu His Val Ile Asp Glu Leu Lys Lys
435 440 445
Ile Met Asp Thr Asp Glu Val Val Val Phe Arg Val Ser Glu Leu Glu
450 455 460
Ala Gln Arg Lys Ala Leu Pro Asp Tyr Asp Thr Gly Pro Lys Glu Lys
465 470 475 480
Arg Pro Lys Ser Pro Asn Val Ser Leu His Trp Ile Asp Lys Asp Gly
485 490 495
Tyr Trp Glu Glu Asp Arg Gln Thr Leu Leu Ser Ser Glu Ile Thr Glu
500 505 510
Leu Glu Gly Tyr Ala Ile Gly Arg Asn Arg Asp Glu Ile His Thr Phe
515 520 525
Pro Asp Asn Val Trp Trp Trp Asn Met Ser Ile Thr Asp Met Arg Ser
530 535 540
Leu Ala Glu Ala Cys Gly Ile Lys Lys Phe Tyr Ala Ile Arg Pro Ser
545 550 555 560
Ala Met Lys Ala Ala Ala Lys Ala Asp Gly Leu Leu Ser Phe Asp Arg
565 570 575
Phe Ile Ile Asp Gln Tyr Ile Lys Cys Ile Asp Lys Val Asp Tyr Asp
580 585 590
Gln Tyr Met Pro Ser Asn Ala Thr Gly Asn Arg Ile Cys Gly Asn Ile
595 600 605
Ala His Tyr Asp Lys Leu Asn Phe Leu Ser Ser Lys Phe Thr Ala Ser
610 615 620
Gly Met Lys Asn Pro Phe Leu Thr Lys Leu Asn Lys Ile Ala Lys Val
625 630 635 640
Cys Arg Thr Ser Lys Ile Lys Asp Glu Asn Asp Glu Asn Asn Asp Leu
645 650 655
Ala Leu Cys Asn Lys Ile Tyr Asn Lys Leu Ser Ser Asp Ala Glu Thr
660 665 670
Ile Phe Tyr Lys Lys Ile Glu Gln Phe Lys Asp Asp Tyr Pro Val Ile
675 680 685
Ala Ser Val Leu Asp Thr Trp Arg Thr Asp Ser Lys Leu Val Asp Asp
690 695 700
Ile Val Lys Ile Met Glu Leu Leu Asp Gly Ala Ser Thr Gln Asn Ser
705 710 715 720
Glu Asn Lys Gly Glu
725

<210> 978
<211> 303
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 978

Met Ala Val Thr Cys Leu Ser Glu Ile Gln Lys Asp Ala Ile Val Lys
1 5 10 15
Asn Phe Lys Asn Gly Leu Tyr Thr Lys Lys Glu Leu Ala Glu Asn Tyr
20 25 30
Gly Val Ser Arg Asp Thr Ile Arg Arg Val Phe Lys Glu Arg Glu Ala
35 40 45
Arg Ala Ala Ala Ala Ala Val Pro Ala Lys Val Glu Ala Pro Val Glu
50 55 60
Arg Glu Phe Lys Trp Ala Ala Ser Ser Lys Phe Ile Ser Ile Thr Glu
65 70 75 80
Gly Arg Thr Thr Tyr Asn Ala Asp Ser Gln His Pro Gly Phe Lys Ser
85 90 95
Ala Leu Gln Lys Leu Val Asp Gly Asp Ile Ala Gly Ala Ile Asp His
100 105 110
Ile Asn Leu Glu Gln Gly Ile Lys Lys Phe Val Gln Gly Asn Val Arg
115 120 125
Ile Glu Asp Gly Thr Leu Phe Tyr Lys Asp Ile Glu Leu Lys Ser Gly
130 135 140
Leu Thr Glu Arg Ile Val Arg Ala Met Glu Asp Gly Glu Asp Phe Lys
145 150 155 160
Arg Tyr Leu Pro Phe Leu Glu Asn Leu Met Leu Asn Pro Ser Arg Arg
165 170 175
Ala Val Tyr Arg Leu Phe Asp Phe Leu Asn Ala Asn Asp Ile Asp Ile
180 185 190
Thr Asp Asp Gly His Phe Ile Gly Trp Lys Val Val Arg Ser Asn Tyr
195 200 205
Phe Asp Cys Ala Ser Asn Thr Phe Asp Asn Ser Pro Gly Lys Thr Val
210 215 220
Thr Met Pro Arg Asn Gln Val Asp Glu Asp Asp Gln Arg Thr Cys Ser
225 230 235 240
Thr Gly Leu His Val Cys Ser Lys Ser Tyr Ile Gly His Phe Gly Ser
245 250 255
Gly Ser Asp Arg Ile Val Ser Val Lys Val His Pro Arg Asp Val Val
260 265 270
Ser Ile Pro Val Asp Tyr Asn Asp Ala Lys Met Arg Thr Cys Gly Tyr
275 280 285
Val Val Leu Glu Asp Val Thr Asp Arg Trp Gly Ser Glu Leu Arg
290 295 300

<210> 979
<211> 98
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 979

Met Ile Asn Pro Phe Asn Val Ser His Ser Lys Val Val Asn Leu Arg
1 5 10 15
Gly Thr His His Ala Ala Thr Val Phe Cys His His Val Val Lys His

20 25 30
Glu Gly Asp Val His Tyr Ala Trp Leu His Cys Asp Glu Leu Val Glu
35 40 45
Leu Gly Asp Asp Phe Val Val Glu Pro Asp Thr Cys Asn His Asp Asp
50 55 60
Arg Val Tyr Phe Gly Glu Leu His Ile Arg Gly Ile Tyr Gly Ile Asp
65 70 75 80
Glu Gln Ser Pro Ala Glu Ile Glu Pro Thr Pro Asp Ile Tyr Pro Arg
85 90 95
Phe Glu
<210> 980
<211> 195
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 980
Met Ala Leu Met Asn Lys Ala Leu Gln Arg Leu Asn Gln Leu Arg Thr
1 5 10 15
Phe Thr Leu Asp Leu Asn Lys Leu Arg Gly Glu Ala Lys Val Lys Ile
20 25 30
Ile Asp Thr Ala Arg Tyr Ser Leu Asp Ile Asp Pro Ser Gln Asp Arg
35 40 45
Ile Asp Val Leu Lys Arg Cys Arg Ile Ala Ile Pro Ala Glu Tyr Val
50 55 60
Val Ala Asp Phe Leu Asp Gly Tyr Val Asn Asp Gln Val Val Asp His
65 70 75 80
Asn Asn Asn Asp Pro Tyr Glu Trp Ala Trp Asp Val Leu Ala His Pro
85 90 95
His Tyr Gln Gly Val Arg Val Glu Val Lys Thr His Phe Val His Asp
100 105 110
Arg Ala Asn His Lys Pro Trp Ile Asn Val Thr Thr Gly Lys Asp Gly
115 120 125
Pro Phe Pro Asp Gly Ser Gly Ile Asn Leu Gly Pro Met Phe Lys His
130 135 140
Lys Val Ala Asp Cys Ile Ile Ile Phe Val Ala Glu Glu Val Ser Gln
145 150 155 160
Asn Val Ile Arg Tyr Thr Pro Met Phe Ala Gly Gly Ile Glu Gln Leu
165 170 175
Met Glu Val Val Lys Pro Ser Arg Val Gly Ala Gly Gly Tyr Ile Met
180 185 190
His Lys Phe
195
<210> 981
<211> 79
<212> PRT
<213> Unknown
<220>

<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 981
Met Ser Tyr Leu Glu Leu Lys Ser Leu Arg Ala Lys Arg Gly Asn Ala
1 5 10 15
Ser Ile Lys Ala Glu Leu Leu Lys Glu Tyr Arg Ile Leu Glu Ser Met
20 25 30
Asn Trp His Tyr Ala Ile Ile Ala Cys Asp Asn Gly Asp Ser Thr Tyr
35 40 45
Gly Gly Leu Tyr Pro Asn Gly Ala Ala Ala Ala Arg Asp Glu His Lys
50 55 60
Asp Lys Val Lys Ala Leu Glu Glu Lys Ile Arg Asn Leu Cys Ile
65 70 75
<210> 982
<211> 63
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 982
Met Ile Arg Ser Ser Phe Asp Arg Arg Phe Asn Leu Met Arg Thr Val
1 5 10 15
Val Leu Ser Phe Ile Val Ala Val Ala Leu Gly Ile Val Ala Ile Phe
20 25 30
Gly Phe Gly Ile Tyr Phe Ala Ile Gln Ala Val Asp Ile Ile Gln Thr
35 40 45
Asp Gly Leu Lys Ser Leu Val Glu Thr Val Trp Glu Gly Gln Lys
50 55 60
<210> 983
<211> 151
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 983
Met Arg Asn Ile Met Thr Phe Ala Asp Leu Asp Asn Ala Gly Ala Glu
1 5 10 15
Leu Ile Gly Ser Ile Arg Asn Gly Asp Trp Ala Ala Gly Ala Pro Ser
20 25 30
Arg Glu Ile Thr Glu Arg Glu Gly Phe Tyr Phe Leu Met Phe Asn Asp
35 40 45
Gly Lys Ala Gly Tyr Ile Gly Ala Ser Ala Arg Phe Phe Val Ala Lys
50 55 60
Gln Arg Ser Lys Ala Gly Phe Glu Ser Val Leu Ser His Ile Arg Ser
65 70 75 80
Gly Arg Ser Gln Leu Gly Arg Thr Leu Arg Ser Asn Cys Val Thr Tyr
85 90 95
Gly Val Phe Trp Ile Pro Ala Asn Lys Met Lys Pro Leu Thr Thr Gly
100 105 110

Tyr Gly Lys Gly Gln Leu Ala Leu Ala Phe Thr Arg Gln His Ser Ser
115 120 125
Ala Ala Gln Thr Tyr Ser Glu Leu Asn Arg Ile Leu Asn Asp Asn Phe
130 135 140
Ile Phe Thr Leu Gln Lys Tyr
145 150
<210> 984
<211> 47
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 984
Met Ile Lys Gly Ile Ala Gly Gly Ile Trp Ala Ala Leu Cys Val Ser
1 5 10 15
Thr Leu Thr Thr Gly Glu Thr Ser Val Ile Ser Gln Ala Leu Ala Gln
20 25 30
Gly Thr Leu Ser Ile Ile Leu Ile Ile Ala Ala Phe Ser Asn Asp
35 40 45
<210> 985
<211> 46
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 985
Met Ile Lys Lys Ile Leu Ile Gly Ala Ala Leu Val Ala Ala Leu Leu
1 5 10 15
Leu Ile Leu Tyr Tyr Gly Met Ile Tyr Gly Met Ile Tyr Ile Val Leu
20 25 30
Phe Ile Ser Asp Val Ile Val Gln Ile Gly Ser Leu Ile Trp
35 40 45
<210> 986
<211> 462
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 986
Met Asp Ile Phe Asp Thr Leu Leu Lys Gln Ala Gly Ser Ile Asp Asp
1 5 10 15
Leu Ala Lys Ala Ser Asn Leu Arg His Arg Asp Leu Lys Ser Ile Ile
20 25 30
Asp Asn Glu Ala Lys Glu Tyr Ala Ile Tyr Thr Val Glu Asn Arg Ala
35 40 45
Ile Pro Asn Leu Ile Asp Gly Phe Lys Pro Val Gln Arg Phe Val Ile
50 55 60
Ala Arg Ala Leu Asp Leu Ala Arg Gly Asn Lys Glu Lys Phe His Lys

65 70 75 80
Leu Ala Ser Val Ala Gly Gly Val Ala Asp Leu Gly Tyr His His Gly
85 90 95
Glu Thr Ser Ala Gln Asp Ala Gly Ala Leu Met Ala Asn Thr Trp Asn
100 105 110
Asn Asn Tyr Pro Leu Leu Asp Gly Gln Gly Asn Phe Gly Ser Arg Leu
115 120 125
Val Gln Ser Ala Ala Ala Ser Arg Tyr Ile Phe Cys Arg Ile Ser Asp
130 135 140
Asn Phe Arg Lys Ile Tyr Lys Asp Thr Glu Ile Ala Pro Val His Lys
145 150 155 160
Asp Lys Glu His Val Pro Pro Ala Tyr Tyr Leu Pro Val Ile Pro Thr
165 170 175
Val Leu Leu Asn Gly Val Arg Gly Ile Ala Thr Gly Tyr Ser Thr Ser
180 185 190
Ile Leu Pro His Ser Phe Glu Ser Val Leu Glu Cys Thr Lys Ala Ala
195 200 205
Leu Arg Gly Glu Met Met Glu Pro Glu Val Gln Phe Pro Lys Phe Asn
210 215 220
Gly Lys Ile Val Gln Thr Glu Asp Gly Ser Val Glu Leu His Gly Val
225 230 235 240
Tyr Lys Glu Thr Ser Arg Asn Ser Ile Tyr Ile Ser Glu Ile Pro Tyr
245 250 255
Lys Phe Glu Arg Ala Ser Tyr Val Glu Lys Val Leu Asp Pro Leu Glu
260 265 270
Asp Ala Gly Tyr Ile Thr Tyr Asp Asp Asp Cys Ser Lys Thr Gly Phe
275 280 285
Gly Phe Lys Val Lys Phe Arg Lys Asp Tyr Ala Leu Ser Glu Asp Pro
290 295 300
Glu Gln Arg His Ala Lys Ile Met Lys Asp Phe Lys Leu Ile Glu Lys
305 310 315 320
Met Ser Gln Tyr Ile Val Val Ile Asp Glu Asn Gly Lys Leu Asn Asp
325 330 335
Lys Phe Lys Thr Ser Gly Glu Leu Ile Arg His Phe Val Glu Val Arg
340 345 350
Lys Thr Phe Thr Ala Lys Arg Ile Glu His Lys Ile Ala Glu Thr Lys
355 360 365
Gln Ala Phe Asn Leu Ala Gln Ala Lys Ala Gln Phe Ile Lys Glu Val
370 375 380
Ile Ala Gly Asn Ile Val Ile Gln Gly Lys Thr Arg Lys Gln Leu Thr
385 390 395 400
Lys Glu Ile Glu Gln Asn Glu Leu Phe Lys Asp His Ser Glu Lys Leu
405 410 415
Val Ser Met Asn Ile Tyr His Ile Thr Asp Asp Glu Ala Lys Lys Leu
420 425 430
Ala Gln Glu Ala Lys Arg Leu Ala Gln Glu Val Lys Tyr Trp Glu Lys
435 440 445
Thr Thr Pro Glu Ala Glu Tyr Leu Lys Asp Leu Glu Glu Leu

450 455 460

<210> 987
<211> 87
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 987

Met Ile Thr Ser Leu Lys Ser Asp Ile Lys Asn Ile Leu Tyr Ile Ser
1 5 10 15
Thr Gln Ala Asp Gly Thr Arg Leu Ser His Tyr Val Lys Gly Asn Ile
20 25 30
Val Val Leu Asp Glu Phe Glu Val Asn Arg Glu Tyr Pro Met Arg Gln
35 40 45
Val Ile Gln Ala Ser Asn Tyr Glu Asp Gly Glu Glu Tyr Gln Val Val
50 55 60
Leu Cys Val Tyr Asp Asp Phe Trp Val Leu Lys Leu Glu Asn Gly Asp
65 70 75 80
Lys Phe Leu Ile Phe Asn Val
85

<210> 988
<211> 214
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 988

Met Ser Lys Val Thr Tyr Ile Ile Lys Ala Ser Glu Asp Ala Leu Asn
1 5 10 15
Glu Lys Thr Ala Ala Ile Leu Val Gln Val Ala Lys Lys Asp Phe Ile
20 25 30
Thr Ser Ser Glu Leu Arg Glu Ile Leu Glu Glu Thr Met Asn Ala Ser
35 40 45
Ser Val Asn Ser Asn Ile Gly Val Leu Ile Lys Lys Gly Leu Ile Glu
50 55 60
Lys Ser Gly Asp Gly Leu Ile Ile Thr Gly Glu Ala Gln Asp Ile Ile
65 70 75 80
Ser Lys Ala Ala Val Ile Tyr Ala Glu Glu Asn Lys Pro Glu Leu Leu
85 90 95
Lys Lys Arg Asn Thr Arg Lys Ala Arg Pro Leu Thr Glu Asp Met Asn
100 105 110
Glu His Lys Asp Leu Met Met Lys Leu Leu Gly Glu Met Glu Asp Ile
115 120 125
Leu Pro Leu Lys Glu Leu Thr Val Tyr Arg Ser Asn Tyr Ile Ala Val
130 135 140
Leu Glu Lys Arg Thr Phe Gly Ile Arg Ser Leu Glu Val Asn Asn Lys
145 150 155 160
Gly Thr Phe Arg Ile Phe Gly Tyr Lys Ile Ser Glu Glu His Gln Lys

165 170 175
His Phe Thr Asp Leu Gly Met Ser Cys Arg Val Ala Ala Thr Gly Asn
180 185 190
Thr Tyr Leu Asp Ile Ala Arg Thr Ala Glu Asn Ile Glu Thr Ile Ile
195 200 205
Arg Ser Ile Lys Glu Leu
210
<210> 989
<211> 56
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 989
Met Glu Leu Trp Glu Ile Ile Tyr Glu Asp Asp Val Asn Ile Arg Gly
1 5 10 15
Ser Ile Phe Ile Lys Ala Leu Asp Lys Tyr His Ala Ile Glu Leu Phe
20 25 30
Glu Gln Leu Gln Gln Gln Thr Tyr Ile Asn Glu Ser Arg Tyr Leu Ile
35 40 45
Lys Leu Ala Met Phe Leu Val Glu
50 55
<210> 990
<211> 113
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 990
Met Asn Lys Phe Lys Val Leu Asn Glu Leu Gln Arg Cys Val Glu Lys
1 5 10 15
Val Asn Leu Asn Ala Asn Ile Pro Thr Asp Cys Trp Asp Val Trp Phe
20 25 30
Arg Gly His Phe Ile Gly Tyr Ile Asp Lys Lys Phe Thr Lys Cys Tyr
35 40 45
Ala Ile Tyr Asn Ala Asp Gly Lys His Ile Met Asp Val Asp Asn Tyr
50 55 60
Gln Lys Ala Leu Ala Lys Phe Val Pro Leu Ala Glu Ala Val Asn Ser
65 70 75 80
Met Glu Trp Leu Glu Lys Ile Gln Gly Glu Pro Val Ile Arg Gln Ile
85 90 95
Gly Ile Arg Glu Lys Lys Ser Leu Trp Gln Lys Ile Lys Gly Phe Phe
100 105 110
Lys
<210> 991
<211> 141
<212> PRT
<213> Unknown

<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 991

Met	Ser	Lys	Phe	Ser	Glu	Gln	Met	Asn	Lys	Phe	Val	Asp	Ala	Ser	Arg
1				5				10						15	
His	Gly	Ala	Leu	Ile	Asn	Glu	Pro	Glu	Glu	Val	Ser	Ile	Pro	Glu	Ile
			20					25					30		
Cys	Phe	Lys	Val	Ala	Asp	Trp	Trp	Asp	Gly	Arg	Leu	Leu	Gln	Arg	Arg
		35					40					45			
Ile	Val	Cys	Ala	Ala	Asn	Arg	Phe	Glu	Leu	Lys	Ser	Gly	Gly	Thr	Ile
	50					55					60				
Val	Val	Pro	Gly	Thr	Arg	His	Tyr	Ser	Val	Asp	Met	Ala	Asn	Val	Leu
65					70					75					80
Asp	Met	Phe	Arg	Asp	Lys	Leu	Val	Ser	Asp	His	Val	His	Gly	Asp	Asn
				85					90					95	
Gln	Gly	Phe	Val	Asp	Gln	Trp	Gly	Glu	Tyr	Phe	Thr	Arg	Glu	Glu	Ala
			100					105					110		
Leu	Ile	Ile	Ala	Thr	His	Ala	Gly	Gln	Val	Asn	Thr	Val	Arg	Pro	Lys
		115					120					125			
Ser	Gly	Pro	Ala	Asn	Glu	Leu	Phe	Ser	Glu	Asp	Leu	Tyr			
	130					135					140				

<210> 992
<211> 100
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 992

Met	Ile	Ser	Thr	Leu	Lys	Asn	Asn	Ile	Thr	Leu	Leu	Lys	Ile	Gln	Arg
1				5				10						15	
Lys	Ser	Leu	Gln	Arg	Ser	Leu	Glu	Met	Met	Asp	Asp	Asn	Trp	Gly	Thr
			20					25					30		
Tyr	Thr	Asn	Glu	Ala	Gly	Phe	Lys	Met	Ala	Asp	Ser	Lys	Phe	Met	Lys
		35					40					45			
Thr	Leu	Met	Asp	Lys	Glu	Tyr	Ile	Cys	Pro	Phe	Ser	His	Pro	Phe	Asn
	50					55					60				
Gly	Gly	Ala	Lys	Pro	Phe	Leu	Ala	Glu	Met	Tyr	Lys	Ile	Met	Thr	Glu
65					70					75					80
Glu	Met	Ile	Lys	Asp	Ile	Asp	Tyr	Tyr	Ile	Lys	Glu	Leu	Glu	Cys	Lys
				85					90					95	
Glu	Asp	Lys	Val												
			100												

<210> 993
<211> 70
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08

<400> 993
Val Arg Ala Ile Ser Ala Lys Ala Asp Tyr Phe Asn Ser Leu Asn Arg
1 5 10 15
Ser Glu Lys Ala Gln Ile Lys Arg Phe Ile Leu Glu Leu Gly Tyr Val
20 25 30
His Ala Gly Asp Leu Lys Ala His Ile Gln Glu Cys Gly Ile Ala Lys
35 40 45
Arg Phe Asp Ile Thr Arg Asn Cys Leu Asn Glu Val Ile Ala His Val
50 55 60
Gln Pro Ser Ser Glu Glu
65 70
<210> 994
<211> 41
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 994
Met Tyr Asn Pro Val Ala Lys Asn Asp Phe Asn Lys Gly Gly Ala His
1 5 10 15
Lys Asp Lys Lys Arg Ala Ala Lys Glu Ser Lys Arg Lys Gln Lys His
20 25 30
Lys Gly Lys Asp Asn Ala His Ser Glu
35 40
<210> 995
<211> 40
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 995
Met Val His Asp Trp Asn Asn Gly Thr Phe Thr Val Ala Ile Ile Ala
1 5 10 15
Asn Val Glu Pro Glu Glu Val Leu Glu Gln Phe Gln Lys Cys Val Asp
20 25 30
Ala Tyr Asp Ile Gly Asp Tyr Leu
35 40
<210> 996
<211> 108
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 996
Met Asn Thr Glu Thr Leu Arg Arg Glu Asp Glu Ala Lys Ala Tyr His
1 5 10 15
Lys Arg Val Glu Leu Leu Ser Ala Ile Lys Val Glu Tyr Thr Leu Gln
20 25 30

Val Arg Leu Lys Val Leu Asn Ser Trp Ala Asn Asp Leu Glu Val Lys
35 40 45
His Leu Glu Gln Ala Val Met Phe Thr Phe Thr Gln Glu Ala Ser Lys
50 55 60
Pro Phe Ser Leu Ser Ala Asp Phe His Thr Tyr Gly Ile Ile Thr Ile
65 70 75 80
Lys Ala Lys Asp Arg Gly Asp Ile Ile Ser Gly Val Glu Tyr Ile Glu
85 90 95
Ser Ile Leu Gly Asn Arg Gly Glu Val Val Leu Ala
100 105

<210> 997
<211> 88
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 997
Met Ser His Asn Leu Glu Ser Val Ile Glu Ser Gln Arg Tyr Leu Glu
1 5 10 15
Ala Leu Met Asn Lys Ile Ala Leu Gly Ser Leu Ile Asp Leu Ser Phe
20 25 30
Gln Glu Ala Met Asp Val Cys His Trp Met Asn Arg Arg Val Arg Pro
35 40 45
Ile Gly Lys Glu Trp Tyr Leu Thr Ala Lys Val Lys Asp Gly Arg Tyr
50 55 60
Gly Leu Trp Met Ser Ser Gly Ala Glu Tyr Ile Thr Thr Lys Glu Asp
65 70 75 80
Leu Asn Ser Arg Trp Glu Leu Ala
85

<210> 998
<211> 90
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 998
Met Thr Lys Phe Glu Ile Val Gln Glu Ile Val Thr Val Ala Ser Ile
1 5 10 15
Leu Thr Lys Phe Asn Ala Glu His Ile Met Glu Lys Arg Asp Glu Phe
20 25 30
Ile Ala Phe Leu Asn Glu Ile Gly Ile Lys Asn Glu Gln Gly Arg Gln
35 40 45
Leu Asn Gln Ser Asn Phe Arg Lys Met Val Ser Glu Leu Thr Asp Glu
50 55 60
Glu Lys Arg Ile Leu Val Glu Glu Tyr Asn Glu Gly Phe Glu Ser Ile
65 70 75 80
Tyr Arg Thr Met Ala Met His Ser Asn Lys
85 90

<210> 999
<211> 218
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 999

```
Met Ala Ser Lys Gln Ser Ile Pro Phe Phe Asp Met Phe Leu Gly Leu
1               5                  10                  15
Leu Glu Leu Leu Phe Lys Asp Gly Ala Thr Gly Arg Val Leu Phe Ser
            20                  25                  30
Arg Val Phe Val Val Ile Leu Leu Ala Leu Leu Ala Phe Ala Gly Tyr
        35                  40                  45
Lys Ser Asp Ser Leu Ile Thr Ala Tyr Val Asp Ser Thr Tyr Asp Lys
    50                  55                  60
Tyr Asp Lys Leu Val Gln Lys Asp Arg Asp Thr Arg Phe Asp Asn Thr
65                  70                  75                  80
Ala Leu Glu Gln Leu Gln Ile Val His Ile Ser Ser Gly Ala Asp Phe
                85                  90                  95
Ser Ala Val Phe Thr Phe Arg Pro Lys Asn Leu Asn Tyr Phe Val Asp
            100                 105                 110
Leu Ile Ala Tyr Glu Gly Thr Leu Pro Ser Thr Val Asp Ser Lys Asn
        115                 120                 125
Leu Gly Gly Tyr Pro Ile Asp Lys Thr Ser Ala Glu Tyr Ser Thr His
    130                 135                 140
Leu Ser Gly Arg Tyr Phe Trp Thr Asp Lys Glu Phe Val Phe Leu Pro
145                 150                 155                 160
Thr Lys Arg Lys Pro Pro Glu Ile Ser Tyr Met Phe Ser Cys Pro Tyr
                165                 170                 175
Phe Asn Leu Asp Asn Val Tyr Ala Gly Thr Val Glu Met Tyr Trp Tyr
            180                 185                 190
Asn Ser Lys Pro Ala Leu Ser Asn Glu Arg Leu Thr Ser Ile Cys Gly
        195                 200                 205
Gln Ala Val Arg Ala Leu Gly Arg Ala Lys
    210                 215
```

<210> 1000
<211> 179
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 1000

```
Met Ala Val Thr Gly Pro Trp Val Gly Ser Ser Ala Lys Ala Glu Thr
1               5                  10                  15
Gly Glu Pro Trp Met Ala Gln Ala Gly Ala Lys Leu Arg Leu Gly Thr
            20                  25                  30
Pro Phe Trp Met Ser Asn Met Ile Gly Arg Ser Val Phe Asn Phe Ser
        35                  40                  45
```

Leu Thr Val Gln Tyr Arg Asn Trp Asn Asn Ile Tyr Tyr Arg Gly Ser
50 55 60
Trp Gln Val Gly Gly Trp Asn Trp Ser Pro Lys Pro Thr Thr Lys Asn
65 70 75 80
Thr Val Gln Gly Asn Phe Glu Gly Lys Glu Val Thr Leu Phe Val Ser
85 90 95
Val Ser Gly Gln Gly Gly Val Asn Tyr Trp Asn Gly Asp Pro Gln Gly
100 105 110
Thr Thr Leu Gly Ile Arg Asn Gly Asp Ala Ile Asn Leu Arg Val Met
115 120 125
Met Ser Asp Gly Thr Thr Phe Asp Phe Thr Pro Gly Lys Met Asp Gly
130 135 140
Asp Val Arg Asn Tyr Gln Ile Ala Ser Asn Asp Glu Ala Asn Lys Leu
145 150 155 160
Lys Asn Trp Phe Ser Asp Arg Thr Asp Gln Tyr Trp Gln Gly Leu Ile
165 170 175
Thr Arg Arg

<210> 1001
<211> 1525
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 1001

Met Ala Asp Gln Asn Leu Lys Gln Ile Gln Phe Lys Arg Thr Ser Thr
1 5 10 15
Glu Asn Lys Ala Pro Gly Ala Asp Ile Val Ala Arg Gly Glu Ile Val
20 25 30
Leu Asn Thr His Gly Arg Thr Leu Ala Ile Tyr Thr Lys Asp Glu Ala
35 40 45
Asp Asn Val Val Gln Leu Ala Gly Lys Gly Val Pro Phe Leu Asp Thr
50 55 60
Ala Gly Asn Leu Asn Val Asp Gly Ile Thr Thr Leu Lys Asp Asn Val
65 70 75 80
Thr Ile Ser Pro Asn Lys Ala Ile Asn Phe Glu Ala Thr Asp Leu Ser
85 90 95
Gly Ala Ile Val Arg His Ile Val Gly Lys Cys Ala Thr Asn Asp Gly
100 105 110
Trp Tyr Ile Gly Ala Gly Gly Thr Ser Asn Ser Gly Ile Leu Glu Ile
115 120 125
Gly Thr Ile Asp Asp Gly Ala Glu Thr Ile Gln Phe Val Gln Arg Gly
130 135 140
Ser Gly Asn Val Glu Ala Arg Lys Leu Val Leu Leu Asp Gly Ser Gly
145 150 155 160
Asn Thr Thr Leu Pro Gly Asp Leu Arg Leu Ser Thr Asn Lys Thr Val
165 170 175
Lys Ile Asn Asn Gly Ser Thr Leu Val Leu Glu Met Gly Val Gly Ser
180 185 190

```
Asn Asp Ala Tyr Ile Lys Asn Gln Arg Gly Val Gly Val Leu Gln Leu
        195                 200                 205
Thr Asn Asp Ser Asn Leu Thr Phe Arg Asn Ser Gln Val Tyr Tyr Ala
    210                 215                 220
Met Asn Gly Arg Gly Pro Gly Lys Ser Gly Thr Leu Leu Thr Asn Val
225                 230                 235                 240
Glu Asn Asn Arg Gln Ala Trp Gln Tyr Val Ile Ser Ala Ala Thr Ala
                245                 250                 255
Gly Thr Pro Arg Trp Val Lys Val Ala Thr Ile Lys His Pro Gly Asp
            260                 265                 270
Ala Ser Ser Gln Leu Asp Leu Met Ile Thr Gly Gly Ile Asp Ser Gly
        275                 280                 285
His Gly Arg His Tyr Val Asp Phe Ile Thr Leu Ser Gly Arg Asn Leu
    290                 295                 300
Thr Ser Trp Ser Thr Ser Asn Leu Asp Asn Trp Val Glu Trp Arg Arg
305                 310                 315                 320
Ile Gly Ser Pro Asn Lys Gly Asn Val Pro Glu Tyr Tyr Val Val Lys
                325                 330                 335
Asn Asp Ala Ala Thr Asp Ser Glu Ala Ser Phe Asp Phe Tyr Ala Lys
            340                 345                 350
Val Pro Arg Tyr Gly Asn Gly Leu Tyr Val Thr Val Leu Asn Thr Ala
        355                 360                 365
Glu Tyr Asn Gly Gln Asp Ser Gly Lys Val Ile Ile Tyr Glu Thr Gly
    370                 375                 380
Gln Asp Thr Gly Ala Thr Thr Pro Ser Gly Ser Ile Leu Val Ser Met
385                 390                 395                 400
Lys Gln Val Phe Asp Ser Ile Ser Lys Pro Asp Phe Ser Asp Thr Thr
                405                 410                 415
Gly Thr Leu Pro Val Asn Arg Gly Gly Thr Gly Ala Thr Asn Val Gly
            420                 425                 430
Asp Ala Arg Asn Asn Leu Gly Leu Arg Thr Ala Ala Val Arg Asp Val
        435                 440                 445
Gly Glu Ser Ser Gly Asn Val Met Glu Val Gly Ala Phe Gly Ile Gly
    450                 455                 460
Gly Asn Gly Lys Ser Leu Val Asp Ile Thr Ser Asp Val Asp Leu Met
465                 470                 475                 480
Thr Arg Leu Lys Ala Leu Gly Gly Thr Thr Phe Arg Ala Asn Val Ala
                485                 490                 495
Ser Gly Tyr Thr Gly Ala Pro Tyr Tyr Ser His Gly Ala Gly Phe Phe
            500                 505                 510
Ser Arg Thr Gly Asp Thr Met Ser Ala Leu Asn Ile Asp Tyr Ala Thr
        515                 520                 525
Gly Asn Val Arg Val Phe Ala Ile Asn Asp Ser Gly Leu Ala Ser Gly
    530                 535                 540
Arg Val Asn Ser Asn Val Leu Tyr Gly Thr Ala Asn Lys Pro Ser Lys
545                 550                 555                 560
Ala Asp Val Gly Leu Gly Asn Leu Thr Asn Asp Thr Gln Val Lys Lys
                565                 570                 575
```

Ala Gly Asp Thr Met Thr Gly Asp Leu Thr Val Pro Asn Leu His Ala
580 585 590
Ser Gly Thr Gly Thr Ala Ser Val Tyr Val Asn Ala Gly Ser Gly Asn
595 600 605
Ala His Val Trp Phe Arg Thr Gly Gly Asn Glu Arg Gly Val Ile Trp
610 615 620
Ala Thr Pro Asn Thr Ala Asp Leu Gly Gln Ile Asn Ile Arg Ala Lys
625 630 635 640
Thr Thr Gly Asp Val Ser Ala Gly Asp Phe Ser Phe Arg Ser Asp Gly
645 650 655
Arg Leu Asp Val Pro Val Ala Val Lys Val Gly Gly Ala Ala Met Leu
660 665 670
Thr Lys Asp Gly Asn Ile Thr Ser Gly Ser Met Phe Gly Gly Asn Leu
675 680 685
Asn Asn Tyr Leu Thr Ser Ile Lys Asn Asp Ile Thr Thr Gly Asp Ser
690 695 700
Lys Gln Val Ser Lys Thr Gly Asp Thr Met Thr Gly Asn Leu Thr Ile
705 710 715 720
Asn Ala Asn Leu Lys Val Glu Asn Pro Asn Gly Ser Met Val Asp Leu
725 730 735
Gly Ser Glu Asn Ser Asp Lys Tyr Ser Arg Leu Thr Leu Ala Arg Lys
740 745 750
Val Gly Ser Gly Ala Ala Val Ala Met Leu Lys Ile Thr Pro Glu Gly
755 760 765
Tyr Val Gln Phe Gly Tyr Gln Asp Ala Val Ala Thr Pro Ala Pro Ser
770 775 780
Lys Tyr Ile Arg Val Lys Pro Asp Gly Leu Asp Val Glu Gly Asp Leu
785 790 795 800
Val Phe Asn Gln Thr Tyr Arg Gly Thr Glu Asp Ala Ile Asn Ile Thr
805 810 815
Asp Lys Thr Asn Asp Leu Asn Asn Met Val Ile Lys Gly Ser Asp Leu
820 825 830
Gly Thr Arg Gln Leu Tyr Lys Cys Val Ser Ser Gly Gly Gly Ser Asn
835 840 845
Ile Ser Asn Lys Pro Thr Ser Asp Gly Asn Phe Val Leu Glu Val Leu
850 855 860
Ser Leu Arg Lys Ile Ser Asp Ser Asp Trp Thr Cys Lys Gln Thr Phe
865 870 875 880
Thr Thr Lys Asn Gly Asn Val Glu Gly Thr Tyr Val Arg Tyr Cys Gln
885 890 895
Asn Gly Thr Trp Ser Ala Trp Lys Glu Val Val Ala Gly Val Gln Pro
900 905 910
Ile Asn Leu Gly Gly Thr Gly Ala Thr Ser Val Ala Ala Ala Arg Asn
915 920 925
Asn Leu Gly Val Gly Glu Gly Gln Ser Val Lys Phe Gly Trp Leu Val
930 935 940
Val Asn Gly Val Gly Thr Ser Asp Pro Thr Ile Thr Phe Lys Asn Gly
945 950 955 960

```
Ala Val Val Arg Glu Ala Gln Gly Gly Ser Thr Gly Ala Leu Ile Met
               965                 970                 975
Ser Ala Ser Ala Thr Ala Ala Ala Ser Ala Lys Tyr Ile Ala Phe Arg
           980                 985                 990
Pro Phe Gly Asp Ser Ser Gly Ser  Glu Ile Arg Val Lys  Ala Asn Gly
       995                1000                1005
Ser Glu  Pro Leu Leu Glu Trp  Ser Tyr Gly Pro Gly  Ile Arg Ser
   1010                1015                1020
Asn Asp  Ser Gly Ala Phe Val  Ile Tyr Ala Lys Thr  Gly Gln Ala
   1025                1030                1035
Leu His  Leu Arg Pro Asn Gly  Asp Asp Ser Asn Gln  Ala Thr Val
   1040                1045                1050
Ile Asp  Gln Lys Gly Lys Met  Thr Val Gly Gly Glu  Phe Glu Ala
   1055                1060                1065
Gln Asn  Ser Lys Ile Thr Gly  Asn Leu Asn Val Ser  Glu Asp Asn
   1070                1075                1080
Arg Met  Ile Val Leu Gly Lys  Asn Ser Asp Ile Gly  Leu Val Lys
   1085                1090                1095
Lys Asn  Gly Met Pro Gly Lys  Met Ala Ile Gly Lys  Ser Asn Ser
   1100                1105                1110
Phe Thr  Val Met Val Ser Ala  Asn Thr Asn Asn Gln  Ile Asn Pro
   1115                1120                1125
Ala Asp  Thr Phe Ser Asp Ile  Phe Lys Val Asp Ala  Ser Gly Asn
   1130                1135                1140
Gln Thr  Val Tyr Gly Asn Ala  Gln Ile Asn Arg Gln  Leu Thr Val
   1145                1150                1155
Thr Ser  Asn Thr Asn Leu Asn  Ser Asp Leu Ile Val  Lys Gly Asn
   1160                1165                1170
Ser Arg  Phe Ser Gly Val Ile  Asn Ala Asp Gly Asn  Ile Asn Val
   1175                1180                1185
Ala Ser  Gly Lys Phe Val Ile  Ala Gly Gln Ala Pro  Thr Asp Asn
   1190                1195                1200
Ser His  Leu Thr Asn Lys Lys  Tyr Val Asp Asp Lys  Val Ala Ser
   1205                1210                1215
Ala Ile  Ser Asn Ala Gly Asp  Thr Tyr Leu Pro Leu  Ala Gly Gly
   1220                1225                1230
Thr Val  Thr Gly Thr Leu Ile  Val Thr Gly Asn Gln  Leu Lys Thr
   1235                1240                1245
Thr Ser  Leu Trp Thr Thr Gly  Asp Ala Ala Val Asn  Gly Val Leu
   1250                1255                1260
Thr Val  Asp Gly Lys Ala Arg  Phe Asn Gln Glu Phe  Ser Val Ser
   1265                1270                1275
Thr Ser  Val Asn Val Gln Asn  Thr Gly Asn Ser His  Val Phe Phe
   1280                1285                1290
Arg Lys  Ala Asp Gly Thr Glu  Lys Gly Leu Leu Trp  Ala Asp Glu
   1295                1300                1305
Pro Gly  Asn Val Ser Ile Arg  Ala Gly Gly Ala Ser  Gly Pro Val
   1310                1315                1320
```

Trp Asn Phe Trp Ala Ser Gly Ser Cys Gln Phe Pro Gly Ala Ile
1325 1330 1335
Ser Asn Tyr Asn Gly Ile Ser Ser Thr Thr Asn Tyr Pro Ala Gly
1340 1345 1350
Gln Pro Asn Gly Thr Tyr Asn Asn Thr Ala Gly Leu Val Ser Arg
1355 1360 1365
Phe Ser Asn Gly Ala Tyr Ala Ser Leu Tyr Phe Gln Glu Tyr Val
1370 1375 1380
Gly Asn Phe His Gln Ala Ile Ile Asn Val Asn Gly Phe Gly Arg
1385 1390 1395
Asp Asp Ser Phe Tyr Phe Arg Ala Gly Gly Asp Phe Ile Cys Thr
1400 1405 1410
Arg Asn Gly Ser Phe Asp Asn Val Glu Ile Arg Ser Asp Arg Arg
1415 1420 1425
Ala Lys Ser Asp Ile Lys Val Ile Glu Asn Ala Leu Glu Lys Val
1430 1435 1440
Glu Thr Leu Ser Gly Asn Thr Tyr Glu Leu His Asn Thr Ser Gly
1445 1450 1455
Gly Thr Thr Arg Ser Ala Gly Leu Ile Ala Gln Glu Val Gln Glu
1460 1465 1470
Val Leu Pro Glu Ala Val Thr Gln Asp Ile Glu Ala Asp Gly Gly
1475 1480 1485
Leu Leu Arg Leu Asn Tyr Asn Ser Val Ile Ala Leu Leu Val Glu
1490 1495 1500
Ser Val Lys Glu Leu Ser Ala Glu Val Lys Gly Leu Lys Ala Glu
1505 1510 1515
Ile Glu Glu Leu Lys Ser Lys
1520 1525

<210> 1002
<211> 220
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 1002

Met Ala Asp Leu Lys Ala Gly Ser Thr Val Gly Gly Asn Pro Ile Trp
1 5 10 15
His Ala Gly Thr Phe Pro Leu Val Pro Ala Gly Asn Ser Leu Thr Tyr
20 25 30
Arg Gly Lys Lys Val Tyr Thr Glu Ile Asp Lys Pro Gln Ala Ala Asp
35 40 45
Asn Asp Phe Val Ser Lys Ala Asn Gly Gly Ser Tyr Ser Arg Thr Val
50 55 60
Thr Phe Glu Thr Gly Leu Arg Val Gln Thr Thr Gly Ser Gly Gly Met
65 70 75 80
Glu Leu Val Asn Gly Gly Val Asp Gly Ala Thr Leu Asn Gly Val Asn
85 90 95
Ala Lys Ile Lys Thr Trp Trp Gly Leu Gly Phe Glu Ser Asn Ser Gly

100 105 110
Ser Asn Gly Ile Thr Ile Ala Phe Asp Leu Arg Ser Gly Asn Ile Thr
115 120 125
Thr Lys Gly Gly Ile Thr Ser Asn Asn Gln Val Ser Val Ala Ala Ala
130 135 140
Ala Pro Thr Ala Asn Ser His Leu Thr Arg Lys Asp Tyr Val Asp Glu
145 150 155 160
Leu Ile Asn Thr Val Ser Asn Val Ala Asn Ala Ala Val Lys Lys Ala
165 170 175
Gly Asp Thr Met Thr Gly Val Leu Arg Ala Asn Ala Gly Val Val Ile
180 185 190
Val Asn Lys Ala Thr Ser Gly Glu Tyr Ala Pro Arg Leu Asp Gln Val
195 200 205
Ile Ser Arg Gly Val Thr Ile Asp Phe Gly Thr Tyr
210 215 220
<210> 1003
<211> 378
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 1003
Met Ala Asp Pro Ile Leu Met Ala Ala Phe Gly Glu Asp Phe Val Glu
1 5 10 15
Thr Arg Ile Leu Ser Glu Ala Asn Ser Val Lys Tyr Trp Leu Lys Ala
20 25 30
Tyr Ala Thr His Ser Asn Ala Val Pro Asn Lys Pro Glu Leu Asn Ile
35 40 45
Asn Gly Ala Phe Asp Met Thr Ser Ser Leu Arg Arg Gly Ile Asn Val
50 55 60
Val Gln Val Asn Gly Asp Arg Phe Ile Asn Phe Lys Thr Phe Asp Val
65 70 75 80
Thr Thr Asp Asp Asn Asn Ala Asn Asn Lys Ala Phe Val Glu Tyr Ala
85 90 95
Asn Gly Leu Thr Ser Gly Leu Tyr Ile Ile Met Thr His Glu Arg Phe
100 105 110
Gln Ser Ser Pro Leu Ile Asp Arg Trp Phe Lys Asn Lys Trp Ser Ala
115 120 125
Ser Trp Pro Gly Ser Asp Phe Ser Lys Ser Phe Pro Asn Ser Ala Tyr
130 135 140
Val Gly Val Leu Gly Ala Ala Lys Gly Arg Ile Leu Ile Glu Ser Phe
145 150 155 160
Tyr Gly Asn Asp Gly Lys Val Lys Glu Asp Ser Arg Ala Lys Val Asp
165 170 175
Thr Val Tyr Asp Asn Val Gly Asp Val Gly Tyr Thr Gly Cys Pro Tyr
180 185 190
Arg Ser Ile Glu Asp Thr Asn Glu Tyr Ser Asp Ser Thr Gly Tyr Glu
195 200 205

Tyr Lys Arg Tyr Pro Val Gln Asn Glu Ser Ile Ser Lys Ile Ala Asp
210 215 220
Tyr Gly Leu Ser Pro Gly Asp Ser Val Phe Leu Val Cys Asp Met Tyr
225 230 235 240
Ala Ser Lys Ser Leu Leu Asp Ala Gly Ser Thr Thr Arg Ala Ser Leu
245 250 255
Arg Trp Phe Lys Gly Thr Ser Leu Leu Ser Ser Asn Val Ser Leu Glu
260 265 270
Val Pro Lys Asn Gly Ala Asp Arg Trp Leu Arg Phe Glu Arg Phe Thr
275 280 285
Ala Val Pro Thr Asp Ala Asp Gly Phe Thr Ile Val Val Ser Arg Tyr
290 295 300
Pro Lys Thr Ser Val Val Gly Asp Ser Lys Ile Lys Asn Leu Val Phe
305 310 315 320
Val Gln Thr Ser His Gly Glu Gln Leu Asn Ser Val Ile Gln Glu Phe
325 330 335
Gly Val Asn Gly Ile Arg Met Asn Lys Gly Val Glu Gly Gly Thr Thr
340 345 350
Met Ile Met Glu Leu Pro Asn Ser Lys Val Asp Pro Ser Gly Val Ile
355 360 365
Pro Val Gln Ser Phe Arg Glu Thr Ser Asp
370 375

<210> 1004
<211> 1281
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08

<400> 1004
Met Ser Asp Leu Leu Lys Gln His Phe Arg Ala Thr Asn Gly Leu Asp
1 5 10 15
Ala Gly Gly Asn Lys Val Ile Asn Val Ala Leu Ala Asp Arg Asn Val
20 25 30
Lys Thr Asp Gly Val Ser Val Glu Tyr Val Ile Gln Glu Asn Thr Ile
35 40 45
Gln Lys Tyr Asp Pro Thr Arg Gly Tyr Leu Thr Asp Phe Ala Val Thr
50 55 60
Tyr Gly Arg Arg Ile Trp Ile Ala Asn Lys Asp Ile Pro Lys Pro Ala
65 70 75 80
Gly Glu Phe Asn Gln Ala Asn Trp Thr Ser Leu Arg Val Asp Pro Asn
85 90 95
Trp Ile Tyr Thr Val Arg Lys Gly Glu Phe Glu Ile Gln Ser Gly Gln
100 105 110
Phe Ile Asn Val Asp Ser Asn Ala Ala Gly Asn Ala Thr Leu Leu Leu
115 120 125
Pro Leu Ala Pro Asp Glu Gly Asp Thr Ile Val Val Arg Asp Ile Gly
130 135 140
Gly Arg Pro Gly Tyr Asn Gly Ile Leu Ile Lys Ala Gln Asp Thr Gly

```
145                 150                 155                 160
Ala Ser Ile Val Phe Gly Glu Ser Arg Leu Arg Glu Val Arg Leu Thr
                165                 170                 175
Arg Pro Tyr Ser Gln Ile Met Leu Thr Phe Ser Asn Gly Ala Trp Arg
            180                 185                 190
Ala Ser Leu Thr Asp Phe Gly Asp Thr Ala Lys Met Val Val Pro Asn
        195                 200                 205
Gly Ile Val Pro Thr Gln Val Gln Ser Gly Asp Asn Val Val Arg Arg
    210                 215                 220
Tyr Thr Ser Asn Ser Glu Ile Phe Ile Thr Leu Pro Leu Phe Ala Asn
225                 230                 235                 240
Ser Asn Asp Ile Ile Asn Phe Thr Asp Leu Asp Gly Thr Ser Pro Ile
                245                 250                 255
Asn His Met Thr Val Arg Thr Phe Asp Pro Thr Ile Ser Ile Gly Thr
            260                 265                 270
Pro Gly Gln Thr Glu Ile Gln Val Arg Thr Ser Gly Ser Gly Phe Leu
        275                 280                 285
Val Tyr Asp Ala Ile Asp Lys Ile Trp Arg Ile Phe Glu Asn Asp Leu
    290                 295                 300
Arg Thr Arg Val Arg Ile Ile Thr Ser Asp Val Thr Leu Met Pro Asn
305                 310                 315                 320
Glu His Ile Ser Val Phe Gly Ala Asp Asn Ser Thr Val Lys Thr Ile
                325                 330                 335
Asn Ile Thr Leu Pro Thr Asp Val Ala Val Gly Asp Thr Val Lys Ile
            340                 345                 350
Ala Met Asn Tyr Met Arg Lys Gly Gln Thr Val Val Ile Lys Ala Ser
        355                 360                 365
Asp Gly Asp Thr Ile Ala Ser Asn Leu Asn Leu Leu Gln Phe Pro Lys
    370                 375                 380
Arg Ser Glu Tyr Pro Pro Asp Ala Ala Trp Val Gln Ser Ser Ser Ile
385                 390                 395                 400
Thr Phe Asn Gly Thr Thr Ser Tyr Val Pro Val Leu Glu Leu Ala Tyr
                405                 410                 415
Ile Glu Asp Lys Ala Ser Gly Lys Ser Tyr Trp Ile Val Thr Glu Ser
            420                 425                 430
Asp Pro Thr Val Glu Arg Val Asp Ala Lys Asp Asn Thr Thr Arg Ala
        435                 440                 445
Arg Leu Gly Val Ile Ala Leu Ala Thr Gln Ala Gln Ala Asn Ala Glu
    450                 455                 460
Ser Asn Pro Glu Lys Glu Leu Ala Ile Thr Pro Glu Thr Leu Asn Gly
465                 470                 475                 480
Arg Arg Ser Thr Glu Thr Gln Thr Gly Ile Ala Arg Ile Ala Thr Ser
                485                 490                 495
Gly Glu Val Asn Gln Ala Thr Thr Ala Ser Tyr Leu Asp Asn Val Ile
            500                 505                 510
Val Thr Pro Lys Lys Leu Asn Glu Arg Ser Ala Thr Glu Thr Arg Arg
        515                 520                 525
Gly Leu Ala Glu Ile Ala Ser Asn Ala Lys Met Asp Ala Gly Thr Asp
```

```
          530                 535                 540
Asp Phe Thr Ile Val Thr Pro Lys Lys Leu Leu Tyr Arg Thr Thr Ser
545                 550                 555                 560
Asp Ser Arg Leu Gly Val Ile Gln Leu Val Lys Thr Gly Gly Ala Pro
                565                 570                 575
Asn Thr Thr Ala Asp Arg Ser Ser Ala Gly Thr Gly Ile Phe Asp His
            580                 585                 590
Ser Asp Tyr Lys Asn Ala Val Thr Pro Lys Thr Leu Arg Glu Tyr Lys
        595                 600                 605
Ala Thr Val Asn Gln Ser Gly Ile Val Trp Leu Ala Ser Asp Ser Glu
    610                 615                 620
Val Arg Asn Gly Thr Pro Ala Ser Ser Asn Ile Pro Thr Val Val Thr
625                 630                 635                 640
Pro Glu Ser Leu His Lys Lys Val Ala Thr Asp Gly Ala Ile Gly Leu
                645                 650                 655
Ile Gln Ile Ala Thr Gln Thr Glu Val Asn Ala Gly Gly Val Thr Asn
            660                 665                 670
Lys Ala Val Thr Pro Lys Thr Leu Asn Asp Arg Thr Ala Thr Asn Asp
        675                 680                 685
Arg Thr Gly Ile Ala Arg Phe Ala Thr Pro Gly Ala Gln Gly Glu Phe
    690                 695                 700
Glu Ala Gly Thr Ser Ser Thr Val Met Val Asn Pro Lys Leu Leu Phe
705                 710                 715                 720
Asp Lys Phe Ala Asn Thr Ser Arg Ile Gln Val Asn Thr Ser Ser Gly
                725                 730                 735
Leu Thr Ile Thr Gly Asn Leu Trp Asp His Tyr Thr Ile Asn Ile Gln
            740                 745                 750
Glu Ala Ser Thr Ser Gln Arg Gly Thr Thr Thr Leu Ala Thr Ala Ala
        755                 760                 765
Glu Val Arg Thr Gly Thr Asp Ala Lys Lys Ile Val Thr Ala Ala Thr
    770                 775                 780
Leu His Ala Lys Thr Ala Thr Glu Gly Ala Ile Gly Leu Ala Gln Tyr
785                 790                 795                 800
Ala Thr Gln Ala Gln Val Asp Ala Gly Thr Leu Ser Asp Arg Ile Val
                805                 810                 815
Pro Pro Ala Tyr Leu Lys Gln Thr Ile Gln Val Thr Glu Ser Trp Gln
            820                 825                 830
Ala Thr Asp Ser Val Arg Gly Thr Val Arg Leu Ser Thr Gly Asp Gly
        835                 840                 845
Thr Trp Lys Gly Asn Asp Thr Asn Gly Ser Thr Leu Pro Asp Asn Gly
    850                 855                 860
Tyr Ala Ser Lys Gly Val Ala Val Ser Pro Tyr Glu Leu Asn Leu Thr
865                 870                 875                 880
Leu Lys His Tyr Leu Pro Arg Leu Gly Lys Ala Tyr Asp Thr Gly Met
                885                 890                 895
Leu Gly Gly Gln Thr Pro Asp Lys Tyr Ala Arg Arg Asp Ile Ala Gln
            900                 905                 910
Thr Ile Ser Gly Ala Trp Thr Phe Ser Gln Asp Thr Val Phe Asn Asn
```

915 920 925
Asn Ile Ser Val Gln Asn Ile Leu Tyr Ala Asn Gly Gly Glu Val Lys
930 935 940
Ile Ser Pro Thr Ala Asp Thr Gly Asn Ala His Val Arg Phe Gln Asn
945 950 955 960
Arg Asp Gly Thr Glu Arg Gly Ile Ile Tyr Ala Glu Thr Gln Thr Ala
965 970 975
Ser Ala Gly Asn Leu Lys Val Arg Val Lys Asn Gly Thr Gly Thr Thr
980 985 990
Ala Ala Ser Gln Thr Tyr Thr Phe Gly Gly Asn Gly Thr Leu Asp Val
995 1000 1005
Pro Asn Glu Val Ser Thr Lys Thr Leu Arg Ser Ser Gly Asn Thr
1010 1015 1020
Ile Val Gly Gly Thr Val Met Val Lys Asp Thr Val Leu Leu Thr
1025 1030 1035
Ile Glu Thr Gln Asn Ala Ile Ile Gly Ala Arg Ser His Ser Ala
1040 1045 1050
Phe Ile Asp Thr Arg Asp Ala Asp Thr Gln Ile Phe Ala Arg Asp
1055 1060 1065
Asn Thr Asn Ser Tyr Pro Ile Leu Thr Thr Lys Asn Tyr Ala Arg
1070 1075 1080
Leu Ala Asp Gly Arg Tyr Val Lys Lys Ala Gly Asp Thr Met Thr
1085 1090 1095
Gly Asn Leu Asn Ile Asn Ser Ser Ala Ile Val Ile Thr Gly Ser
1100 1105 1110
Glu Ser Trp Tyr Val Pro Thr Asn Asp Thr Val Leu Arg Gln Gly
1115 1120 1125
Ser Trp Thr Ala Glu Ile Lys Asp Ala Thr Lys Leu Lys Gly Leu
1130 1135 1140
Arg Gly Tyr Met Val Pro Ile Arg Thr Pro Ile Asp Pro Ala Asn
1145 1150 1155
Pro Ser Thr Leu Val Val Thr Gly Tyr Glu Glu Lys Thr Ala Ala
1160 1165 1170
Gly Gly Val Leu Thr Gln Val Gly Val Thr Thr Asn Asn Thr Tyr
1175 1180 1185
Gln Leu Trp Thr Pro Tyr Pro Pro Thr Thr Glu Thr Ala Asp Lys
1190 1195 1200
Arg Phe Ala His Thr Val Trp Met Arg Ile Tyr Asn Pro Asn Leu
1205 1210 1215
Asn Lys Phe Asp Asp Trp Met Arg Val Phe Thr Ser Ala Thr Pro
1220 1225 1230
Pro Thr Ala Ala Asp Ile Gly Ala Pro Ser Ser Val Ser Thr Gln
1235 1240 1245
Val Lys Thr Leu Glu Val Leu Glu Trp Ile Lys Leu Gly Pro Val
1250 1255 1260
Lys Ile Trp Pro Asp Arg Pro Asn Gln Thr Leu Lys Phe Glu Trp
1265 1270 1275
Val Gly Asp

1280

<210> 1005

<211> 308

<212> PRT

<213> Unknown

<220>

<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08

<400> 1005

```
Met Ser Asp Leu Asn Cys Leu Phe Ala Glu Glu Asp Gln Val Lys Glu
1               5                  10                  15
Gly Val Ile Leu Ile Asp Leu Ser Gln Ile Ala Met Ala Thr Ile Leu
            20                  25                  30
His Thr Tyr Lys Glu Gly Asp Lys Leu Thr Thr Pro Met Val Arg His
        35                  40                  45
Leu Ile Leu Ser Thr Leu Lys Phe Asn Ala Phe Lys Trp Lys Lys Asp
    50                  55                  60
Gly Tyr Thr Lys Ile Val Ile Cys Val Asp Asn Ala Val Asn Gly Tyr
65                  70                  75                  80
Trp Arg Arg Asp Val Ala Tyr Tyr Tyr Lys Lys Asn Arg Ala Lys Ala
                85                  90                  95
Arg Glu Glu Ser Asn Trp Asp Trp Glu Gly Tyr Phe Glu Gly Leu Arg
            100                 105                 110
Thr Val Ile Asp Glu Phe Lys Gln Tyr Met Pro Tyr Tyr Val Ile Asp
        115                 120                 125
Ile Asp Lys Ala Glu Ala Asp Asp Ser Ile Ala Val Leu Thr Lys Lys
    130                 135                 140
Phe Ser Leu Glu Gly His Pro Val Met Ile Val Ser Ser Asp Gly Asp
145                 150                 155                 160
Phe Thr Gln Leu His Lys Tyr Pro Asn Val Lys Gln Trp Ser Pro Met
                165                 170                 175
Gln Lys Lys Leu Val Lys Ser Lys Thr Gly Ser Pro Ala Leu Asp Cys
            180                 185                 190
Met Val Lys Ile Ile Lys Gly Asp Lys Lys Asp Asn Val Ala Ser Ile
        195                 200                 205
Lys Val Arg Ser Asp Phe Trp Tyr Thr His Val Asp Gly Glu Arg Thr
    210                 215                 220
Pro Ser Thr Lys Met Thr Phe Val Glu Glu Cys Leu Asp Ala Gly Glu
225                 230                 235                 240
Asn Ile Lys Asp Leu Leu Thr Glu Glu Gln Tyr Lys Arg Phe Leu Glu
                245                 250                 255
Asn Arg Val Leu Ile Asp Phe Asp Tyr Ile Arg Glu Asp Ile Val Ala
            260                 265                 270
Asn Ile Leu Asp Cys Tyr Asn Asn Tyr Gln Leu Pro Gly Arg Gly Lys
        275                 280                 285
Ile Tyr Ser Tyr Phe Val Lys Ser Gly Leu Ser Lys Leu Met Lys Glu
    290                 295                 300
Ile Asn Asn Phe
305
```

<210> 1006
<211> 90
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 1006

```
Met Ala Lys Lys Glu Lys Glu Gln Val Val Phe Asp Glu Ala Val His
1               5                  10                  15
Gly Gln Ala Leu Arg Asp Met Ile Lys Glu Ala Ser Gly Asn Lys Leu
            20                  25                  30
Lys Ala Glu Ser Tyr Leu Glu Leu Asn Lys Asp Ile Lys Asp Arg Ala
        35                  40                  45
Lys Lys Glu Leu Gly Val Glu Gly Lys Leu Phe Asn Gln Leu Leu Ala
    50                  55                  60
Leu Phe His Lys Gly Thr Arg Asp Arg Phe Glu Thr Glu Lys Asp Glu
65                  70                  75                  80
Val Val Glu Ala Tyr Asp Ser Ile Phe Ala
                85                  90
```

<210> 1007
<211> 99
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 1007

```
Met Thr Leu Phe Ser Leu Lys Asp Glu Gly Asp Thr Ser Pro Ser Glu
1               5                  10                  15
Ser Ile Asn Gln Leu Leu Asp Lys Gln Ala Asn Gly Phe Ala Ile Glu
            20                  25                  30
Ser Met Val Thr Glu Leu Gly Met Gly Tyr Leu Glu Ala Thr Thr Gln
        35                  40                  45
Trp Leu Glu Glu Asn Ser Ile Pro Glu Gly Asn Phe Ser Arg Tyr Ile
    50                  55                  60
Pro Pro Ala Ile Ile Glu Lys Ile Met Ser Glu Ala Leu Glu Glu Asn
65                  70                  75                  80
Met Leu Arg Pro Ser Phe Ser Gln Thr His Lys Thr Asn Ser Leu Asp
                85                  90                  95
Phe Leu Leu
```

<210> 1008
<211> 220
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 1008

```
Met Ile Arg Leu Arg Met Pro Gln Asn Asn Asn Arg Tyr Val Asn Gly
1               5                  10                  15
```

Lys Ser Val Tyr Leu Leu Tyr Leu Met Leu Lys Gln His Phe Ala Gly
20 25 30
Arg Tyr Asp Val Val Lys Tyr Asn Trp Val Met Arg Val Ser Asp Lys
35 40 45
Ala Tyr Gln Lys Arg Arg Asp Lys Tyr Phe Phe Glu Lys Leu Ala Glu
50 55 60
Lys Tyr Thr Leu Lys Glu Leu Thr Leu Ile Phe Met Ser Asn Leu Val
65 70 75 80
Ala Asn Gln Asp Ala Trp Ile Gly Asp Ile Ser Asp Ala Asp Ala Leu
85 90 95
Ile Phe Tyr Arg Glu Tyr Ile Gly Lys Leu Lys Gln Ile Lys Thr Thr
100 105 110
Phe Ser Glu Asp Val Lys Asn Ile Tyr Tyr Phe Ala Lys Lys Val Asn
115 120 125
Val Asp Lys Leu His Asp Ile Phe Glu Tyr Asn Glu Lys Val Gly Thr
130 135 140
Ser Tyr Val Phe Lys Leu Leu Gln Ser Asn Val Ile Ser Phe Glu Thr
145 150 155 160
Phe Ile Met Leu Asp Ser Phe Leu Asp Ile Ile Asn Thr His Asp Thr
165 170 175
Ala Thr Asp Asn Leu Val Trp Ser Asn Tyr Ser Thr Lys Leu Lys Ala
180 185 190
Tyr Lys Lys Leu Leu Asn Val Asp Gly Ala Glu Ala Lys Lys Leu Phe
195 200 205
Ile Ser Ile Ile Lys Ser Cys Lys Glu Ile Ser Ile
210 215 220

<210> 1009
<211> 305
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 1009

Met Phe Lys Arg Lys Asn Pro Ala Gln Leu Gln Gln Gln Leu Ala Gly
1 5 10 15
Leu Lys Gly Gly Ser Ser Phe Ser Asn Glu Asp Lys Asn Glu Trp Lys
20 25 30
Leu Lys Thr Asp Asn Ala Gly Asn Gly Gln Ala Val Ile Arg Phe Leu
35 40 45
Pro Gly Lys Asp Glu Asn Ser Leu Pro Phe Val Lys Leu Ile Asn His
50 55 60
Gly Phe Lys His Ala Gly Lys Trp Tyr Ile Glu Asn Cys Thr Ser Thr
65 70 75 80
His Gly Asp Phe Asp Ser Cys Pro Val Cys Ala His Leu Ser Lys Asn
85 90 95
Asp Ser Tyr Asn Ser Asn Pro Ala Glu Tyr Lys Leu Leu Lys Arg Lys
100 105 110
Thr Ser Phe Trp Ser Asn Ile Leu Val Ile Lys Asp Pro Ala Asn Pro

115 120 125
Glu Asn Glu Gly Lys Val Phe Lys Phe Arg Phe Gly Gln Lys Ile Met
130 135 140
Asp Lys Ile Asn Ala Met Val Glu Val Asp Val Asp Met Gly Glu Thr
145 150 155 160
Pro Val Asp Val Thr Cys Val Tyr Glu Gly Ala Asn Phe Val Met Lys
165 170 175
Val Lys Lys Val Gly Gly Phe Gln Asn Tyr Asp Glu Cys Lys Phe Leu
180 185 190
Gly Gln Ser Glu Ile Ala Asn Ile Asn Asp Glu Glu Thr Gln Lys Phe
195 200 205
Leu Thr Glu Asn Met Ala Asp Leu Ser Glu Ile Val Ala Pro Ser Gln
210 215 220
Phe Lys Ser Phe Glu Val Asn Glu Ala Lys Phe Lys Gln Ile Met Gly
225 230 235 240
Thr Ala Ala Leu Gly Gly Ala Ala Ala Lys Ala Ala Ala Gln Ala Asp
245 250 255
Lys Ile Gly Asp Asp Leu Asp Ser Phe Asp Lys Asp Leu Ser Asp Phe
260 265 270
Glu Ser Lys Pro Thr Ser Ser Arg Ser Ala Asp Asp Ile Met Gly Asp
275 280 285
Ala Gly Asp Ser Val Gly Asp Asp Asp Leu Asn Asp Ile Leu Asn Asp
290 295 300
Leu
305

<210> 1010
<211> 85
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 1010
Met Gly Lys Leu Asn Ile Asp Ile Val Ala Glu Pro Tyr Ile Asn Lys
1 5 10 15
Ser Gly Phe Cys Thr Asp Leu Ile Phe Glu Asp Gly Ser Arg Phe Tyr
20 25 30
Asp Thr Asp His Gly Ile Asp Phe Asp Leu Val Ile Lys Glu Gly Pro
35 40 45
Gly Gly Gly Trp Pro Asn Ile Asp Leu Arg Gly Ser Lys Glu Ala Val
50 55 60
Arg Ala Trp Leu Glu Ala Asn Glu Trp Glu Asp Ile Asp Leu Met Met
65 70 75 80
Glu Asp Trp Lys Glu
85

<210> 1011
<211> 73
<212> PRT
<213> Unknown

<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 1011

```
Met Ala Gln Val Thr Val Glu Ile Tyr Asp Tyr Glu His Phe Ile Glu
1               5                  10                  15
Thr Ile Glu Lys Tyr Gly Leu Ile Glu Val Ser Asn Lys Ser Ala Pro
            20                  25                  30
Trp Gly Gly Asn Glu Ile Thr Val Glu Gly Asp Thr Pro Thr Leu Trp
        35                  40                  45
Leu Trp Leu Glu Gln Glu Tyr Phe Pro Gly Met Asp Asp Glu Cys Arg
    50                  55                  60
Glu Asp Thr Leu Thr Thr Phe Ser Gly
65                  70
```

<210> 1012
<211> 121
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 1012

```
Met Lys Leu Asn Thr Glu Tyr Arg Ile Ile Pro Ser Leu Ala Ala Glu
1               5                  10                  15
Trp Asp Leu Ser Ser Ser Gly Asn Arg Arg Met Arg Leu Met Ile Glu
            20                  25                  30
Glu His Gly Gly Ser Phe Phe Pro Thr Lys Met Leu Asp Glu Asp Asn
        35                  40                  45
Ser Phe Ile Thr Glu Val Lys Phe Lys Asp Gly Thr Thr Ala Asp Ala
    50                  55                  60
Glu Gly Phe Gly Asp Ala Tyr Phe Glu Ile Ser Asp Tyr Glu Phe Lys
65                  70                  75                  80
Tyr Phe Glu Pro Val Tyr Glu Ile Gly Ser Ala Ile Gln Pro Gly Pro
                85                  90                  95
Thr Arg Leu Asp Leu Ile Val Thr Pro Glu Asn Ala Glu Glu Met Ile
            100                 105                 110
Asp Leu Ile Lys Lys Val Phe Lys Lys
        115                 120
```

<210> 1013
<211> 92
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 1013

```
Met Lys Leu Gln Arg Gln Ser Ile Lys Leu Gly Ser Glu Tyr Arg Gly
1               5                  10                  15
Lys Trp Asn Phe Cys Ile Cys Asp Lys Asn Pro Glu Glu Leu Glu Arg
            20                  25                  30
Val Glu Glu Val Leu Cys Gln Met Glu Ala Pro Phe Thr Met Gly Gly
```

35 40 45
Glu Thr Val Tyr Trp Asn Asp Tyr Cys Asp Asn Cys Pro Cys Tyr Glu
50 55 60
Asp Gly Tyr Gly Ser Gly Phe Trp Ile Pro Val Glu Asp Val Glu Glu
65 70 75 80
Phe Lys Lys Ala Phe Lys Leu Ala Lys Ala Lys Lys
85 90

<210> 1014
<211> 106
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 1014
Met Ser Lys Phe Ser Val Thr Gly Tyr Pro Arg Val Asn Ile Arg Cys
1 5 10 15
Gln Phe Asp Glu Ile Pro Gly Val Thr His Ile Glu Leu Val Phe Asp
20 25 30
Pro His Ser Arg Cys Asn Gln Val Ser Gly Lys Ile Asp Ser Ala Tyr
35 40 45
Gly Glu Phe Leu Ile Asn Asp Gln Val Val Val Ser Ala Ile Ser Gly
50 55 60
Glu Gln Ala Gly Ser Leu Tyr Ile Leu Lys Arg Glu Val Phe Glu Glu
65 70 75 80
Ile Ser Glu Ala Ile Lys Glu Gly Phe Lys Thr Leu Gln Ser Met Ile
85 90 95
Lys Ala Ser Glu Tyr Lys Ser Cys Gly Phe
100 105

<210> 1015
<211> 54
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 1015
Met Glu Asn Phe Ala Val Asp Asp Tyr Asp Asp Leu Ile Trp Trp Asp
1 5 10 15
Gly Arg Glu Trp Val Thr Ile Cys Ala Met Ser Asn Ile Asp Ser Ala
20 25 30
Ile Lys Arg Leu Gln Glu Leu Gln Gln Lys Trp Glu Asp Gly Asn Val
35 40 45
Glu Arg Val Glu Phe Tyr
50

<210> 1016
<211> 199
<212> PRT
<213> Unknown
<220>

<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 1016

```
Met Ile Gln Ile Val Tyr Ala Phe Ala Pro Thr Lys Thr Val Asp Gly
1               5                  10                  15
Lys Asn Glu Asn Ala Phe Gly Leu Gly Asp Gly Leu Pro Trp Lys His
            20                  25                  30
Ile Ser Gln Asp Met Lys Asn Phe Ala Asn Arg Thr Arg Asp Thr Ile
        35                  40                  45
Leu Ile Cys Gly Ala Lys Thr Phe Met Ser Phe Pro Glu Pro Leu Pro
    50                  55                  60
Gly Arg Lys Thr Ile Val Val Gln Asp Met Ser Arg Ala Leu Ala Thr
65                  70                  75                  80
Ala Lys Asn Gly Phe Phe Ala Asp Ala Tyr Val Ser Glu Leu Glu Phe
                85                  90                  95
Ile Gly Phe Leu Gly Gly Asp Ile Met Ala Ala His Thr Ser Tyr Asn
            100                 105                 110
Ser Thr Ile Thr Phe Asn Arg Asp Leu Asn Tyr Ser Ile Ile Gly Gly
        115                 120                 125
Ala Gly Ile Ile Gln Lys Ala Tyr Pro Tyr Ala Asp Arg Val Ile Gln
    130                 135                 140
Thr Ile Ile Arg Lys Ser His Arg Val Asn Ser Asp Val Thr Leu Pro
145                 150                 155                 160
Ala Glu Phe Val Thr Ala Pro Thr Trp Pro Glu Ser Gly Phe Ile Thr
                165                 170                 175
Lys Glu Asn His Trp Tyr His Ile Asp Glu Val Thr Asn Ile Ser Glu
            180                 185                 190
Val Val Tyr Glu Arg Lys Leu
        195
```

<210> 1017
<211> 105
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 1017

```
Met Ser Ala Asn Tyr Asp Ile Thr Gln Leu Ser Glu Asp Lys Val Gln
1               5                  10                  15
Lys Arg Trp Lys Arg Phe Pro Phe Lys His Gly Ile His Leu Leu Val
            20                  25                  30
Phe Ser Tyr Asn Gly Leu Ser Thr Tyr Asn Gly Ser Thr Thr Val Tyr
        35                  40                  45
Asn Arg Asn Gly Asn Ile Pro Ile Glu Ile Glu Arg Asp Tyr Lys Lys
    50                  55                  60
Met Phe Ile Gly Met Ser His Gly Asn Val Thr Val Asn Asp Asp Val
65                  70                  75                  80
Val Ser Ile Ile Gly Arg Phe Glu Lys Arg Gly Asp Gln Leu Phe Phe
                85                  90                  95
Thr Pro Leu Gln Glu Lys Phe Asn Ala
```

100 105

<210> 1018
<211> 286
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 1018

Met Arg Glu Tyr Gln Glu Leu Ile Lys Asp Ile Phe Glu Asn Gly Tyr
1 5 10 15
Glu Thr Asp Asp Arg Thr Gly Thr Gly Thr Ile Ala Lys Phe Gly Thr
20 25 30
Gln His Arg Phe Asp Leu Gln Glu Gly Phe Pro Ala Val Thr Thr Lys
35 40 45
Arg Leu Ala Trp Lys Ala Cys Ile Ala Glu Leu Ile Trp Phe Met Cys
50 55 60
Gly Ser Thr Asn Val His Glu Leu Arg Leu Ile Gln His Asp Ser Leu
65 70 75 80
Leu Glu Gly Lys Thr Val Trp Asp Asp Asn Tyr Glu Asn Gln Ala Lys
85 90 95
Asp Met Gly Tyr Ser Gly Gly Glu Leu Gly Pro Val Tyr Gly Lys Gln
100 105 110
Trp Arg Asp Phe Met Gly Val Asp Gln Leu Lys Leu Ile Ile Asp Arg
115 120 125
Ile Lys Gln Leu Pro Tyr Asp Arg Arg Gln Ile Val Thr Ala Trp Asn
130 135 140
Pro Val Asp Leu Asp Lys Met Ala Leu Pro Pro Cys His Leu Leu Tyr
145 150 155 160
Gln Phe Asn Val Arg Gln Gly His Leu Asp Leu Gln Trp Tyr Gln Arg
165 170 175
Ser Val Asp Val Phe Leu Gly Leu Pro Phe Asn Ile Ala Ser Tyr Ala
180 185 190
Ala Leu Val His Ile Ile Ala Lys Met Thr Asn Leu Lys Pro Gly His
195 200 205
Leu Val Phe Thr Gly Gly Asn Thr His Ile Tyr Leu Asn His Ile Glu
210 215 220
Gln Cys Lys Glu Ile Leu Arg Arg Glu Pro Lys Glu Leu Cys Glu Leu
225 230 235 240
Glu Ile Ala Phe Pro Asp Thr Tyr Glu Thr Trp Gln Thr Ser Ser Gln
245 250 255
Ile Arg Trp Leu Glu Gln Phe Ala Arg Pro His His Phe Glu Leu Val
260 265 270
Gly Tyr Lys Ser His Pro Thr Ile Lys Gly Lys Met Ala Ile
275 280 285

<210> 1019
<211> 68
<212> PRT
<213> Unknown

<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 1019

```
Met Asn Ile Arg Phe Val Arg Lys Gly His Gln Ser Lys Thr Val Leu
1               5                  10                  15
Gly Glu Met Gln Asp Ala Phe Ser Ser Asp Leu Pro Glu Val Asn Asp
            20                  25                  30
Thr Ile Val Phe Asp Gly Thr Glu Gln Arg Val Leu Ser Val Ile Lys
        35                  40                  45
Ser Tyr Glu Trp Ser Ile Gly Lys Thr Gln Leu Ile Cys Trp Phe Glu
    50                  55                  60
Val Asp Ile Thr
65
```

<210> 1020
<211> 101
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 1020

```
Met Lys Ile Cys Arg Val Val Asn Lys Tyr His Ser Asp Phe Asp Val
1               5                  10                  15
Asn Ile Gln Arg Gly Thr Met Trp Gly Asn Tyr Val Gly Lys Asp Cys
            20                  25                  30
Asp Asn Arg Pro Asp Ala Ile Ala Ala Phe Lys Asp Asp Phe Ile Ala
        35                  40                  45
Lys Ile Arg Asn Gly Glu Ile Lys Arg Glu His Leu Glu Thr Leu Arg
    50                  55                  60
Gly Met Arg Leu Gly Cys Thr Cys Lys Pro Leu Pro Cys His Gly Asp
65                  70                  75                  80
Ile Ile Ala Leu Val Val Asn Lys Leu Phe Lys Asp Thr Phe Glu Leu
                85                  90                  95
Glu Asp Leu Cys Lys
            100
```

<210> 1021
<211> 748
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 1021

```
Met Gln Val Ile Lys Ser Ser Gly Val Ser Gln Glu Phe Asp Met Gln
1               5                  10                  15
Lys Ile Ile Lys Val Leu Glu Trp Ala Cys Glu Gly Thr Lys Val Asp
            20                  25                  30
Pro Tyr Glu Leu Tyr Glu Ile Ile Lys Ser His Leu Arg Asp Gly Met
        35                  40                  45
Ser Thr Ala Asp Ile Gln Lys Thr Ile Val Lys Val Ala Ala Asn Ser
```

50 55 60

Ile Ser Ile Asp Glu Pro Asp Tyr Gln Tyr Val Ala Ser Asn Ala Ala
65 70 75 80
Met Phe Glu Ile Arg Lys Arg Val Tyr Gly Gln Phe Glu Pro Pro Ala
85 90 95
Phe Ile Asp His Ile Ser Arg Cys Val Asn Ala Asn Lys Tyr Asp Lys
100 105 110
Glu Ile Leu Ser Lys Trp Ser Ala Glu Glu Ile Thr Leu Leu Asp Ser
115 120 125
Tyr Ile Lys His Glu Arg Asp Phe Thr Met Thr Tyr Ala Gly Thr Met
130 135 140
Gln Leu Ile Glu Lys Tyr Leu Val Lys Asp Arg His Thr Gly Glu Leu
145 150 155 160
Tyr Glu Thr Pro Gln Phe Ala Phe Met Leu Ile Gly Met Cys Leu His
165 170 175
Gln Asp Asp Gly Glu Asn Arg Leu Ala Asn Val Ile Arg Phe Tyr Asp
180 185 190
Ala Val Ser Thr Lys Lys Ile Ser Leu Pro Thr Pro Ile Met Ser Gly
195 200 205
Val Arg Thr Pro Thr Arg Gln Phe Ser Ser Cys Val Val Ile Glu Gly
210 215 220
Gly Asp Ser Leu Asn Ser Ile Asn Glu Ala Ala Ala Ser Ile Thr Lys
225 230 235 240
Tyr Ile Ser Lys Arg Ala Gly Ile Gly Ile Asn Ala Gly Met Ile Arg
245 250 255
Ala Glu Gly Ser Lys Ile Gly Phe Gly Glu Val Lys His Thr Gly Val
260 265 270
Ile Pro Phe Trp Lys His Phe Gln Thr Ala Val Lys Ser Cys Ser Gln
275 280 285
Gly Gly Val Arg Gly Gly Ala Ala Thr Leu Tyr Tyr Pro Ile Trp His
290 295 300
Leu Glu Val Glu Asn Leu Leu Val Leu Lys Asn Asn Lys Gly Val Asp
305 310 315 320
Glu Asn Arg Ile Arg His Leu Asp Tyr Gly Val Gln Ile Asn Asn Leu
325 330 335
Met Ile Glu Arg Leu Ile Lys Asn Asp Tyr Ile Thr Leu Phe Ser Pro
340 345 350
Asp Val Cys Leu Gly Ala Leu Tyr Thr Glu Tyr Phe Arg Asp Ala Gln
355 360 365
Ala Phe Arg Thr Leu Tyr Glu Glu Leu Glu Lys Asn Pro Asp Ile Arg
370 375 380
Lys Lys Arg Ile Lys Ala Arg Glu Leu Phe Glu Leu Phe Leu Thr Glu
385 390 395 400
Arg Ala Gly Thr Ala Arg Ile Tyr Pro Tyr Met Val Asp Asn Val Gly
405 410 415
Glu Tyr Gly Pro Phe Ile Arg Asp Val Ala Thr Val Lys Gln Ser Asn
420 425 430
Leu Cys Leu Glu Ile Ala Leu Pro Thr Ser Asp Val Gly Gln Glu Asp

435 440 445

Gly Glu Ile Ala Leu Cys Thr Leu Ala Ala Phe Val Leu Asp Asn Phe
450 455 460

Asn Trp Gln Asp Gln Glu Glu Val Asn Glu Ile Ala Glu Val Met Val
465 470 475 480

Arg Ala Leu Asp Asn Leu Leu Asp Tyr Gln Asp Tyr Pro Val Asp Lys
485 490 495

Ala Leu Lys Ala Lys Asp Arg Arg Ala Leu Gly Val Gly Ile Thr Asn
500 505 510

Tyr Ala Ala Trp Leu Ala Ser Asn Phe Ala Ser Tyr Ala Asp Ala Asn
515 520 525

Asp Ile Thr His Glu Met Met Glu Arg Ile Gln Tyr Ala Leu Ile Lys
530 535 540

Ala Ser Val Lys Leu Ala Ser Glu Lys Gly Pro Cys Ala Leu Tyr Lys
545 550 555 560

Glu Thr Arg Tyr Gly Arg Gly Glu Leu Pro Ile Asp Trp Tyr Asn Lys
565 570 575

Arg Ile Asp Gln Leu Ala Ala Pro Asn Tyr Val Cys Asp Trp Glu Leu
580 585 590

Leu Arg Glu Asp Leu Lys Arg Tyr Gly Ile Arg Asn Ser Thr Leu Ser
595 600 605

Ala Leu Met Pro Cys Glu Ser Ser Ser Gln Val Ser Asn Ser Thr Asn
610 615 620

Gly Ile Glu Pro Pro Arg Gly Pro Val Ser Val Lys Glu Ser Lys Glu
625 630 635 640

Gly Ser Phe Asn Gln Val Val Pro Asn Val Glu His Asn Ala Ser Leu
645 650 655

Tyr Asp Tyr Ala Trp Gln Leu Ala Lys Gln Gly Asn Lys Pro Tyr Leu
660 665 670

Asn Gln Val Leu Ile Met Gln Lys Phe Val Asp Gln Ser Ile Ser Ala
675 680 685

Asn Thr Tyr Tyr Asp Pro Ala Asn Phe Pro Lys Gly Lys Val Glu Met
690 695 700

Ser Val Met Met Asp Asp Leu Leu Tyr Phe Trp Tyr Phe Gly Gly Lys
705 710 715 720

Thr Leu Tyr Tyr His Asn Thr Arg Asp Gly Ser Gly Asn Asp Asp Met
725 730 735

Ile Gln Asp Ser Ala Asp Cys Ala Ala Cys Lys Leu
740 745

<210> 1022
<211> 213
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 1022

Met Asn Tyr Gln Asn Val Tyr Asn Ser Leu Ile Ser Arg Ala Arg Ala
1 5 10 15

Arg Glu Ser Leu Leu Gly Tyr Lys Glu Thr His His Ile Ile Pro Arg
20 25 30
Cys Ile Gly Gly Ser Asp Asp Lys Glu Asn Leu Val Glu Leu Thr Gly
35 40 45
Arg Glu His Phe Ile Ala His Trp Leu Leu Cys Lys Ile Tyr Glu Ala
50 55 60
Pro Gly Leu Lys Lys Ala Phe Gly Leu Met Cys Leu Thr Gly Lys Asn
65 70 75 80
Arg Ser Tyr Lys Val Ser Ser Gln Leu Tyr Glu Leu Gly Lys Arg Arg
85 90 95
Leu Ser Glu Ala Ala Thr Gly Arg Lys Ala Ser Ile Glu Thr Arg Glu
100 105 110
Lys Ile Ser Lys Ser Leu Lys Gly Arg Glu Phe Thr Glu Glu His Leu
115 120 125
Ala Asn Met Arg Lys Pro Lys Thr Glu Glu Thr Lys Lys Asn Ile Ala
130 135 140
Ala Ala Lys Val Gly Val Leu Asn Pro Met Tyr Gly Lys Ile Ser Pro
145 150 155 160
Thr Arg Asp Val Pro His Thr Lys Glu Thr Arg Asp Val Ile Ser Leu
165 170 175
Arg Thr Lys Gln Gly Thr Glu Tyr Pro Pro Cys Pro His Cys Gly Lys
180 185 190
Lys Val Asn Lys Gly Asn Ala Leu Arg Trp His Tyr Asp Lys Cys Lys
195 200 205
Phe Lys Asp Pro Lys
210

<210> 1023
<211> 380
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 1023

Met Ser Thr Val Phe Asn Lys Glu Pro Val Asp Ile Met Asn Glu Pro
1 5 10 15
Met Phe Leu Gly Ser Gly Leu Gly Ile Ala Arg Tyr Asp Val Gln Arg
20 25 30
His Lys Val Phe Glu Glu Leu Ile Glu Lys Ser Leu Ser Phe Phe Trp
35 40 45
Arg Pro Glu Glu Val Asn Val Met Met Asp Arg Gly Gln Phe Glu Lys
50 55 60
Leu Pro Glu His Gln Arg Asn Ile Phe Thr Asp Asn Leu Lys Tyr Gln
65 70 75 80
Ser Leu Leu Asp Ser Ile Gln Gly Arg Ala Pro Ala Ala Val Leu Ser
85 90 95
Ala Leu Ile Ser Asp Pro Ser Leu Asp Thr Trp Asn Gln Thr Trp Thr
100 105 110
Phe Ser Glu Thr Ile His Ser Arg Ser Tyr Thr His Ile Met Arg Asn

115 120 125
Leu Tyr Val Asp Pro Ala Lys Ile Phe Asp Glu Ile Val Leu Asp Glu
130 135 140
Ala Ile Met Lys Arg Ala Glu Ser Ile Gly Val Tyr Tyr Asp Asp Val
145 150 155 160
Ile Ala Lys Thr Arg Ala Trp Glu Asn Ala Lys Asn Arg Cys Phe Asn
165 170 175
Gln Asp Asn Ile Glu Ile Lys Glu Ala Lys Arg Asp Leu Met Lys Ser
180 185 190
Leu Tyr Leu Cys Leu His Val Ile Asn Ala Leu Glu Ala Ile Arg Phe
195 200 205
Tyr Val Ser Phe Ala Cys Thr Phe Asn Phe His Lys Asn Met Glu Ile
210 215 220
Met Glu Gly Asn Ala Lys Ile Met Lys Phe Ile Ala Arg Asp Glu Gln
225 230 235 240
Leu His Leu Lys Gly Thr Gln Tyr Ile Leu Arg Gln Leu Gln Thr Gly
245 250 255
Thr Asp Gly Glu Glu Trp Val Glu Ile Ala Lys Glu Cys Glu Gln Glu
260 265 270
Ala Ile Glu Ile Phe Met Glu Val Asn Arg Gln Glu Lys Asp Trp Ala
275 280 285
Ile His Leu Phe Arg Asn Gly Gly Leu Pro Gly Leu Asn Val Lys Ile
290 295 300
Leu His Asp Phe Ile Asp Tyr Leu Thr Val Ser Arg Met Arg Ser Cys
305 310 315 320
Gly Leu Pro Cys Pro Ile Thr Asp Ala Pro Thr Arg His Pro Ile Pro
325 330 335
Trp Ile Arg Glu Tyr Leu Asn Ser Asp Ala Val Gln Ser Ala Pro Gln
340 345 350
Glu Val Glu Ile Ser Ser Tyr Leu Val Ala Gln Ile Asp Asn Asp Val
355 360 365
Thr Asp Asp Val Leu Ile Gly Phe Lys Arg Tyr Leu
370 375 380

<210> 1024
<211> 138
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 1024
Met Asn Asp Ile Ala Asn Glu Phe Ser Phe Ile Lys Tyr Val Gln Leu
1 5 10 15
Glu Leu Glu Pro Asp Phe Ser Ile Lys Pro Val Leu Val Ala Asn Lys
20 25 30
Leu Asn Val Val Tyr Ala Ile Ala Val Asp Asp Glu Leu Val Tyr Ile
35 40 45
Gly Lys Thr Lys Asn Leu Arg Lys Arg Ile Asn Tyr Tyr Arg Thr Ala
50 55 60

Ile Asn Arg Lys Asp Gln Thr Ser Asp Ser Ala Lys Ser Ala Lys Ile
65 70 75 80
Phe Glu Ala Leu Met Ala Gly Lys Lys Val Glu Phe Tyr Ala Arg Gln
85 90 95
Cys Phe Asn Leu Leu Ile Asn Asn Glu Leu Gly Glu Met Ser Ile Ser
100 105 110
Thr Met Asp Leu Glu Glu Pro Met Phe Ile Lys Lys Phe Asn Pro Pro
115 120 125
Trp Asn Thr Gln His Lys Val Lys Lys Cys
130 135

<210> 1025
<211> 383
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 1025

Met Leu Glu Leu Tyr Lys Asn Leu Met Asn Leu Cys Glu Ser Ser Glu
1 5 10 15
Val Ala Lys Phe Phe Tyr Lys Asp Phe Thr Gly Pro Met Asp Gly Lys
20 25 30
Phe Arg Val Phe Ser Tyr His Tyr Ala Ser Tyr Ser Glu Trp Leu Lys
35 40 45
Pro Asp Ala Leu Glu Cys Arg Gly Ile Met Phe Glu Met Asp Gly Asp
50 55 60
Thr Pro Ile Arg Ile Ala Ser Arg Pro Met Glu Lys Phe Phe Asn Leu
65 70 75 80
Asn Glu Asn Pro Leu Thr Met Gly Ile Asp Ile Ser Asp Val Glu Tyr
85 90 95
Ile Met Asp Lys Ala Asp Gly Ser Leu Val Ser Ser Tyr Val Asp Asp
100 105 110
Gly Tyr Leu Tyr Leu Lys Ser Lys Thr Ser Leu Tyr Ser Asp Gln Ala
115 120 125
Arg Gln Ala Ser Ala Leu Leu Asn Ser Glu Glu Tyr Ser Ser Leu His
130 135 140
Gln Val Ile Leu Glu Leu Ala Leu Asp Gly Tyr Thr Val Asn Met Glu
145 150 155 160
Phe Val Ser Pro Asn Asn Arg Val Val Leu Ala Tyr Gln Glu Pro Gln
165 170 175
Leu Phe Val Leu Asn Val Arg Asn Asn Thr Thr Gly Glu Tyr Ile Lys
180 185 190
Tyr Asp Asp Leu Tyr Ala Asn Ala Lys Ile Arg Pro Tyr Leu Ile Asn
195 200 205
Ala Tyr Gly Ile Ser Asp Pro Thr Thr Trp Val Glu Gly Val Arg Glu
210 215 220
Leu Glu Gly Val Glu Gly Tyr Ile Ala Val Leu Asn Thr Gly Gln Arg
225 230 235 240
Phe Lys Val Lys Thr Glu Trp Tyr Ser Ala Leu His His Thr Lys Asp

245 250 255
Ser Ile Thr Ser Asn Glu Arg Leu Phe Ala Ser Val Val Ser Ala Asn
260 265 270
Ser Asp Asp Leu Arg Ser Leu Phe Ala Gly Asp Glu Tyr Thr Ile Lys
275 280 285
Lys Ile Ser Ala Phe Glu Gln Ala Tyr Leu Asp Tyr Leu Gly Lys Ser
290 295 300
Leu Glu Leu Cys Gln Ser Phe Tyr Asp Glu Tyr Arg Gly Arg Ala Arg
305 310 315 320
Lys Asp Tyr Ala Ile Ala Ala Gln Lys Ala Thr Val Asn Gln Arg His
325 330 335
Leu Phe Gly Val Ile Met Asn Met Tyr Glu Gly Thr Val Asp Val Asp
340 345 350
Lys Leu Leu Lys Asp Leu Glu Arg Val Phe Leu Lys Tyr Trp Ala Gly
355 360 365
Tyr Val Pro Lys Glu Tyr Glu Lys Glu Ile Glu Ile Ser Glu Glu
370 375 380

<210> 1026
<211> 169
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 1026
Met Asp Met Gln Ala Ile Thr Leu Asp Met Val Val Asn Lys Tyr Gly
1 5 10 15
Thr His Ser Asp Gly Ile Phe Val Trp Asn Gly Thr Lys Lys Val Gly
20 25 30
Phe Val Thr Asp Leu Arg Thr His Met Ala Arg Lys Glu Ala Ala Arg
35 40 45
Lys Lys Gln Lys Glu Tyr Thr Asn Arg Val Asn Glu Gln Arg Ala Glu
50 55 60
Ala Leu Pro Glu Ala Val Asp Glu Met Ile Asp Phe Leu Asp Asn His
65 70 75 80
Leu Ala Lys Tyr Gly Ala Glu Val Phe Lys Asn Ile Thr Gln Pro Asn
85 90 95
Val His Ala Asn Gly Cys Lys Cys Tyr Val Ile Val Asp Pro Ile Tyr
100 105 110
Gly Lys His Arg Leu Gly Ile Met His Arg Glu Leu Asn Tyr Ser Glu
115 120 125
Met Ala Glu Tyr Val Glu Ala Cys Phe Lys Cys Ser Pro Ser Glu Ser
130 135 140
Ser Asp Arg His Ile Leu Ile Ser Gly Leu Ser Arg Asp Asp Ile Val
145 150 155 160
Glu Val Ile Leu Lys Leu Cys Ser Lys
165

<210> 1027
<211> 117

<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 1027

Met	Leu	Lys	Ile	Asn	Thr	Thr	Trp	Leu	Leu	Ile	Gly	Val	Leu	Ala	Leu
1				5				10						15	
Ser	Ala	Gly	Gly	Leu	Lys	Tyr	Leu	Ser	Trp	Arg	Val	Glu	Asn	Leu	Lys
			20				25					30			
Ala	Asp	Leu	Lys	Val	Val	Gln	Asp	Glu	Ser	Asp	Arg	Gln	Ala	Lys	Glu
		35				40					45				
Ile	Glu	Asn	Ile	Gly	Val	Ser	Ile	Lys	Asn	Leu	Gln	Thr	Thr	Tyr	Lys
	50				55					60					
Gly	Tyr	Gln	Glu	Asn	Arg	Ala	Ala	Arg	Asp	Thr	Ser	Asn	Ala	Lys	Met
65				70					75						80
Asn	Lys	Asp	Ser	Lys	Arg	Gly	Asn	Val	Val	Ala	Ala	Lys	Pro	Gly	Leu
			85					90						95	
Val	Glu	Lys	Gln	Ile	Asn	Ala	Ser	Phe	Asn	Lys	Phe	Ala	Glu	Asp	Ile
		100					105					110			
Gln	Glu	Ala	Thr	Arg											
		115													

<210> 1028
<211> 95
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 1028

Met	Lys	Arg	Ser	Leu	Leu	Ala	Met	Cys	Ile	Ile	Ser	Leu	Leu	Ala	Gly
1				5				10						15	
Cys	Ser	Ser	Ser	Ala	Pro	Asp	Val	Pro	Val	Leu	His	Pro	Glu	Trp	Pro
			20				25					30			
Asp	Pro	Ile	Gln	Lys	Trp	Glu	Gly	His	Trp	Glu	Val	Lys	Val	Ile	Asp
		35				40					45				
Gly	Lys	Ala	Trp	Val	Gly	Met	Pro	Phe	Glu	Glu	Ser	Gln	Glu	Tyr	Arg
	50				55					60					
Ile	Trp	Met	Asn	Asp	Ile	Leu	Arg	Tyr	Thr	Lys	Asp	Ala	Asn	Gly	Met
65				70					75						80
Ile	Cys	Tyr	Tyr	Arg	Ser	Glu	Leu	Lys	Glu	Pro	Arg	Cys	Val	Lys	
			85					90					95		

<210> 1029
<211> 161
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 1029

Met	Glu	Pro	Ser	His	Phe	Tyr	Ser	Tyr	Phe	Val	Lys	Asp	Ala	Ser	His

1 5 10 15
Leu Leu Ser Ile Lys Asn Thr Gln Leu Arg Asn Met Leu Ala Val Gly
20 25 30
Ser Cys Gln Leu Thr Pro Leu Ala Lys Lys Ala Thr Val Ile Pro Glu
35 40 45
Asn Ile Ser Asn Gly Tyr Val Tyr Thr Val Arg Val Ser Val Pro Gly
50 55 60
Ala Leu Lys Glu Arg Leu Phe Glu Leu Asn Asp Gln Thr Arg Ile Ser
65 70 75 80
Phe Asp Val Trp Phe Lys Leu Phe Met Val Glu Phe Met Tyr Pro Asp
85 90 95
Phe Leu Lys Phe Val Gln Arg Lys Glu Ala Leu Lys Glu Ala Ile Ser
100 105 110
Glu Leu Glu Asp Ala Ser Ile Glu Phe Gly Lys Ala Leu Gln Phe Val
115 120 125
Glu Ser Gly Gly Val Glu Gln Asp Ala Val Asn Gly Phe Leu Lys Lys
130 135 140
Tyr Gly Lys Arg Arg Ser Leu Ala His Arg Asn Leu Ser Lys Met Val
145 150 155 160
Met

<210> 1030
<211> 70
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 1030

Val Asn Gln Glu Gln Tyr Glu Thr Leu Lys Gly Leu Ile Ala Glu Asn
1 5 10 15
Glu Leu Ala Cys Ile Val Phe Gly Arg Ala Ala Glu Asn Tyr Asp Lys
20 25 30
Asn Asp Ile Leu Ser Met Asn Lys Pro Leu Arg Ala Ile Lys Glu Lys
35 40 45
Tyr Arg Ala Asn Trp Gly Glu Lys Ser Lys Ala Leu His Asp Phe Ile
50 55 60
Asp Thr Leu Lys Asp Val
65 70

<210> 1031
<211> 297
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 1031

Met Lys Lys Leu Val Leu Thr Gln Gly Ala Pro Gly Ser Gly Lys Thr
1 5 10 15
Thr Trp Ala Asn Glu Tyr Val Ala Ala Asn Pro Gly Trp Tyr Val Leu
20 25 30

Ser Arg Asp Asp Leu Arg Glu Gly Ile Phe Gly Leu Asp Lys Arg Asn
35 40 45
Asp Tyr Lys Tyr Ser Lys Leu Arg Glu Lys Ser Val Ser Val Cys Gln
50 55 60
Phe Ser Met Ala Lys Thr Leu Leu Glu Met Glu Thr Thr Lys Gly Val
65 70 75 80
Ile Ile Ala Asp Thr Asn Leu Asn Pro Thr Thr Ile Lys Lys Trp Gln
85 90 95
Glu Leu Ala Tyr Glu Ile Asp Gly Val Lys Trp Glu Ile Lys Arg Phe
100 105 110
Asp Val Pro Trp Thr Glu Leu Val Lys Arg Asn Leu Tyr Arg Gly Ala
115 120 125
Asn Ala Val Pro Ile Glu Val Leu Arg Ser Phe Tyr Ser Lys Met His
130 135 140
Pro Tyr Asp Leu Tyr Ile Pro Asp Glu Ser Leu Pro Lys Ala Val Ile
145 150 155 160
Phe Asp Leu Asp Gly Thr Leu Ala Asp Asn Asn His Arg Ser Pro Tyr
165 170 175
Asp Leu Ala Lys Cys Gly Lys Asp His Pro Lys Glu Met Val Ile Glu
180 185 190
Phe Leu Lys Met Leu Arg Asn Lys Gly Tyr Lys Ile Leu Thr Val Ser
195 200 205
Gly Arg Glu Ser Gly Thr Lys Glu Asp Pro Thr Val Tyr Gln Arg Ile
210 215 220
Thr Lys Lys Trp Leu Leu Asp His Val Gly Glu Thr Gly Glu His Phe
225 230 235 240
Gln Arg Lys Gln Gly Asp Ser Arg Lys Asp Asp Val Val Lys Glu Glu
245 250 255
Ile Phe Trp Asp Arg Ile Ala Asp Arg Tyr Asn Val Lys Leu Ala Val
260 265 270
Asp Asp Arg Ala Gln Val Val Glu Met Trp Arg Arg Ile Gly Val Glu
275 280 285
Cys Trp Gln Val Ala His Gly Asp Phe
290 295

<210> 1032
<211> 94
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 1032

Met Phe Pro Lys Tyr Ser Glu Val Val Lys Val Ser Phe Thr Gln Val
1 5 10 15
Val Ala Asn His Leu Thr Asp Glu Phe Thr Pro Ala Glu Val Ala Lys
20 25 30
Met His Ala Glu Phe Leu Ser Ala Met Asn Ala Leu Ile Pro Asn Gly
35 40 45
Glu Val Val Lys Phe Ser Ile Asp Arg Leu Gly Gly Ser Ser Glu Ile

50 55 60
Lys Ile Ser Cys Gly Glu Gly Glu His Asp Trp Phe Ile Val Gly Ile
65 70 75 80
Ile Ala Asn Phe Glu Thr Gln Gln Val Glu Thr Tyr Val Val
85 90

<210> 1033
<211> 78
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 1033
Met Leu Ser Asp Ala Lys Phe Ser His Asp Glu Phe Ile Ser Lys Val
1 5 10 15
Lys Ile Phe Ala Gln Glu Val Ala Asn Arg Val Pro Gly Ser Lys Val
20 25 30
Thr Leu Arg Arg Glu Ser Ser Phe Asn Tyr Val Asp Ala Tyr Ile Ile
35 40 45
Thr Val Asn Asn Gly Lys Ser Asn Gln His Thr Gln Leu Ala Leu Thr
50 55 60
Gly Thr Gly Gln Val Glu Met Thr Asn Ile Leu Gly His Ile
65 70 75

<210> 1034
<211> 114
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 1034
Met Thr Leu Arg Glu Ala Val Glu Ala Leu Leu Ile Glu His Ala Arg
1 5 10 15
Gly Ile Lys Ala Glu Ile Ser Pro Asn Gly Ile Arg Leu Ile Ser Ala
20 25 30
Val Ile Gly Ser Asp Gln Gly Val Trp Ser Ile Pro Arg Glu Glu Tyr
35 40 45
Asp Ala Ile Leu Tyr Ser Asn Val Asn Val Lys Glu Gly Gln Pro Met
50 55 60
Tyr Gly Tyr Val Phe Ser Asp Ser Leu Glu Arg Gly Asn His Pro Phe
65 70 75 80
Pro Asp Gly Thr Gly Ile Arg Thr Ser Arg Val Glu Ser Phe Ala Ser
85 90 95
Pro Thr Asp Glu Leu Lys Leu Val Lys Thr Asn Asn Thr Thr Tyr Leu
100 105 110
Val Ile

<210> 1035
<211> 189
<212> PRT
<213> Unknown

<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 1035

Met Lys Ala Ser Thr Val Leu Gln Ile Ala Tyr Leu Val Ser Gln Glu
1 5 10 15
Ser Lys Cys Cys Ser Trp Lys Val Gly Ala Val Ile Glu Lys Asn Gly
20 25 30
Arg Ile Ile Ser Thr Gly Tyr Asn Gly Ser Pro Ser Gly Gly Val Asn
35 40 45
Cys Cys Asp His Ala Ala Glu Gln Gly Trp Ile Gly Glu Ile Pro Tyr
50 55 60
Lys Ser Thr Gly Leu Arg Gln Asp Gly Phe Gln Val Lys Lys Val Gly
65 70 75 80
Leu Leu Lys Glu His Arg Ala Ala His Ser Ala Trp Ser Lys Val Asn
85 90 95
Glu Ile His Ala Glu Leu Asn Ala Ile Leu Phe Ala Ala Arg Asn Gly
100 105 110
Ser Ser Ile Asp Gly Ala Thr Met Tyr Val Thr Leu Ser Pro Cys Pro
115 120 125
Asp Cys Ala Lys Ala Ile Ala Gln Ser Gly Ile Lys Lys Leu Val Tyr
130 135 140
Cys Glu Thr Tyr Asp Lys Asn Glu Pro Gly Trp Asp Asp Ile Leu Arg
145 150 155 160
Ser Ala Gly Ile Glu Val Phe Asn Val Pro Lys Arg Asn Leu Asp Lys
165 170 175
Leu Asn Trp Tyr Asn Ile Lys Glu Phe Cys Gly Ile Glu
180 185

<210> 1036
<211> 66
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 1036

Met Lys Leu Arg Ile Val Glu Ile Asn Lys Leu Asn Leu Ser Gly Asp
1 5 10 15
Val Val Ile Ser Tyr Ser Val Glu Arg Arg Tyr Trp Phe Lys Trp Lys
20 25 30
Pro Leu Ala Thr Phe Lys Phe Glu Asp Gln Ala Val Arg Leu Leu Lys
35 40 45
Glu Leu Ser Lys Arg Lys Ser Val Ile Ile Lys Thr Ile Lys Glu Thr
50 55 60
Ser Lys
65

<210> 1037
<211> 102
<212> PRT
<213> Unknown

<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 1037
Met Lys Leu Thr Thr Glu Gln Asn Ile His Ile Arg Glu Thr Leu Lys
1 5 10 15
Ala Val Leu Ser Met Gly Glu Ser Gln Ile Val Phe Glu Lys Ala Asp
20 25 30
Gly Thr Ile Arg Thr Leu Arg Cys Thr Arg Asp Lys Asp Ile Ile Pro
35 40 45
Ser Asp Leu Val Glu Ser Thr Thr Lys Ser Ala Arg Ala Glu Ser Thr
50 55 60
Thr Ser Leu Pro Val Tyr Asp Thr Glu Lys Glu Gly Trp Arg Ser Phe
65 70 75 80
Ala Phe Asp Lys Leu Ile Ser Val Asn Gly Met Lys Val Glu His Leu
85 90 95
Leu Gln Met Ile Gly Lys
100
<210> 1038
<211> 107
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 1038
Met Glu Leu Pro Ile Lys Ala Leu Gly Glu Tyr Val Ile Leu Val Ser
1 5 10 15
Glu Pro Ala Gln Gln Gly Asp Glu Ile Val Ser Pro Ser Gly Ile Ile
20 25 30
Leu Gly Lys Glu Glu Gln Gly Gln Leu Pro Asp Met Cys Glu Ile Tyr
35 40 45
Ser Ile Gly Asp Asp Val Pro Lys Gly Phe Val Glu Val Gly Asp Leu
50 55 60
Thr Pro Leu Pro Val Gly Asn Ile Arg Asn Val Pro His Pro Leu Val
65 70 75 80
Ala Ala Gly Val Lys Lys Pro Lys Glu Ile Arg Gln Lys Phe Val Thr
85 90 95
Cys His Tyr Lys Ser Leu Ala Cys Val Tyr Lys
100 105
<210> 1039
<211> 82
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 1039
Met Asn Lys Gln Leu Thr Lys Ala Leu Glu Leu Gln Arg Asn Ala Trp
1 5 10 15
Asn Ser Gly His Glu Asn Tyr Gly Ala Ser Ile Asp Ile Tyr Ala Glu

20 25 30
Ala Leu Glu Val Leu Lys Gly Phe Lys His Leu Asn Pro Ala Gln Ala
35 40 45
Glu Phe Arg Asp Thr Leu Glu Ala Met Asp Glu Leu Lys Tyr Ala Lys
50 55 60
His Leu Gly Ser Ala Ala Arg Lys Ala Val Arg His Phe Val Val Thr
65 70 75 80
Leu Lys
<210> 1040
<211> 63
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 1040
Met Glu Asp Asp Lys Met Ala Lys Gln Ala Lys Ala Lys Thr Ala Val
1 5 10 15
Lys Glu Val Val Gly Thr Ser Lys Arg Ala Gly Tyr Lys Arg Gly Ser
20 25 30
Asn Lys Arg Ile Asn Gln Thr Val Glu Lys Ile Met Arg Arg Ala Arg
35 40 45
Ala Val Leu Arg Asp Asp Ala Ser Arg Phe Gly Lys Pro Lys Ala
50 55 60
<210> 1041
<211> 119
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 1041
Met Asn Phe Thr Asn Phe Asn Arg Lys Tyr Val Gln Asn Asn Ala Trp
1 5 10 15
Asp Val Ser Thr Thr Leu Leu Trp Glu His Asn Asn Gly Thr Val Ala
20 25 30
Gln Ile Asp Met Tyr Trp Glu Asp Asn Tyr Val Phe Phe Ser Phe Glu
35 40 45
Asn Gly Pro Thr Leu Asp Ile Gln Phe Asn Gly Ser Glu Ile Lys Val
50 55 60
Gly Phe His Asp Glu Val Arg Lys Arg Asp Leu Ser Ser His Pro Ser
65 70 75 80
Trp Asn Thr Asn Arg Gln Leu Leu Val Lys Ile Tyr Leu Arg His Ile
85 90 95
Leu Gly Arg Lys Thr Thr Glu Glu Gln Arg Glu Ala Ile Trp Asp Ile
100 105 110
Val Ser Asn Glu Ile Lys Phe
115
<210> 1042
<211> 160

<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 1042

Met	Glu	Lys	Gly	Lys	Phe	Tyr	Lys	Leu	Lys	Lys	Thr	Pro	Ser	Leu	Ser
1				5				10						15	
Pro	Gly	Ala	Leu	Ile	Lys	Gly	Val	Phe	Glu	Gln	Ile	Gly	Asn	Asn	Pro
			20					25					30		
Ile	Lys	Ile	Thr	Arg	Thr	Phe	Lys	Tyr	Ala	Glu	Asn	Thr	Gly	Leu	Val
		35					40					45			
Glu	Phe	Glu	Ile	Ile	Lys	Pro	Asp	Gly	Glu	Tyr	Lys	Arg	Val	Ser	Ile
	50					55					60				
Asp	Glu	Val	Arg	Phe	Ser	Arg	Met	Trp	Cys	Ile	Ile	Thr	Asn	Gln	Glu
65					70					75					80
Phe	Gln	His	Tyr	Phe	Glu	Glu	Thr	Thr	His	Lys	Glu	Pro	Glu	Pro	Lys
				85					90					95	
Thr	Asp	Asp	Gly	Ser	Asn	Asp	Trp	Gly	Val	Trp	Thr	Ser	Asn	Lys	Gly
			100					105					110		
Asn	Asp	Thr	Tyr	Lys	Gly	Gly	Leu	Thr	Lys	Glu	Glu	Ala	Val	Asn	Leu
		115					120					125			
Ala	Lys	Val	Gln	Arg	Leu	Asn	Ala	Thr	Lys	Asp	Thr	Lys	Val	Val	Ile
	130					135					140				
Met	Gln	Pro	Phe	Ala	Val	Pro	Val	Val	His	Val	Asn	Ile	Arg	Pro	Phe
145					150					155					160

<210> 1043
<211> 92
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 1043

Met	Ile	Val	Ser	Ala	Phe	Tyr	Asp	Ser	Arg	Lys	Lys	Lys	Val	Glu	Thr
1				5				10						15	
Ile	Ile	Ser	Asp	Thr	Arg	Asp	Gly	Thr	Pro	Ala	Asn	Lys	Asn	Gly	Val
			20					25					30		
Lys	Ala	Tyr	Ile	Asp	Lys	Tyr	Cys	Pro	Pro	Glu	Phe	Arg	Met	Ile	Asp
		35					40					45			
Gly	Val	Asp	Ser	Leu	Ser	Ile	Asn	Ile	Ile	Asn	Ala	Lys	Ile	Glu	Phe
	50					55					60				
Ile	Asn	Glu	Thr	Val	Pro	Ile	Gly	Tyr	Ser	Asp	Gly	Asp	Gly	Ser	Asn
65					70					75					80
Ala	Lys	Met	Pro	Lys	Glu	Lys	Phe	Ile	Thr	Lys	Phe				
				85					90						

<210> 1044
<211> 56
<212> PRT
<213> Unknown

<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 1044
Met Ile Val Ser Val Pro Lys Ser Lys Asp Gly Ile Phe Ser Cys Gly
1 5 10 15
Leu Lys Asn His Pro Met Val Asp Ile Met Ser Ala Asn Val Lys Gln
20 25 30
His Thr Val Glu Tyr Glu Ile Asp Ala Pro Asp Phe Phe Glu Leu Pro
35 40 45
Glu Trp Ala Val Arg Leu Asp Ala
50 55
<210> 1045
<211> 66
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 1045
Met Lys Tyr His Ile Phe Asn Thr Val Arg Leu Ala Asn Gly Ile Pro
1 5 10 15
Gly Val Val Cys Asp Thr Ala Pro Ala Ile Lys Ala Tyr Ser Val Glu
20 25 30
Pro Trp Tyr Glu Val Asn Trp Val Asp Gly Asn Arg Ser Ile His Ala
35 40 45
Glu Ser Glu Leu Tyr Pro Ile Thr Gln Leu Arg Ala Ala Asn Asp Asp
50 55 60
Val Tyr
65
<210> 1046
<211> 69
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 1046
Met Ser Ile Asn Pro His Phe Gly His Met Val Ala Arg Arg Ile Thr
1 5 10 15
Arg Glu Met Leu Lys Thr Ala Glu Tyr Tyr Asn Ile Glu Leu Ile Asp
20 25 30
Ile Glu Pro Ser Asp Ala Pro Gly Leu Ile Trp Phe Asn Phe Thr Gly
35 40 45
Ala Ala Asn Ser Val Ala Lys Phe Lys Gln Ala Leu Arg Asn Phe Pro
50 55 60
Glu Cys Gln Asn Gln
65
<210> 1047
<211> 280
<212> PRT

<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 1047

Met Ser Lys Pro Val Ile Ala Thr Asp Val Asp Gly Ile Ile Val Lys
1 5 10 15
Trp Gln Ser Gly Leu Pro Tyr Phe Ala Gln Lys Tyr Asn Leu Pro Val
20 25 30
Glu His Ile Leu Asp Met Met Thr Thr Glu Lys Phe Ile Lys Pro Ala
35 40 45
Glu Leu Phe Asp Cys Glu Glu Asp Leu Ala Val Lys Leu Leu Leu Lys
50 55 60
Tyr Asn Asn Ser Asp Phe Ile Arg Tyr Leu Ala Pro Tyr Ala Asp Ala
65 70 75 80
Leu Ala Thr Val Asn Lys Leu Lys Glu Lys Tyr Asp Phe Val Ala Ile
85 90 95
Thr Ala Leu Gly Asn Ser Val Asp Ala Asn Leu Asn Arg Arg Phe Asn
100 105 110
Leu Asn Ala Leu Phe Pro Asp Ala Phe Thr Glu Ile Met Val Cys Asp
115 120 125
Tyr Asp Glu Ser Lys Asp Ala Leu Leu Glu Lys Ala Lys Val Lys Tyr
130 135 140
Gly Asp Arg Ile Val Cys Tyr Val Asp Asp Leu Pro Lys His Ile Ala
145 150 155 160
Ala Ala Ser Lys Val Phe Glu Asp Thr Glu Thr Arg Val Phe Tyr Met
165 170 175
Pro Arg Gly Glu Arg Glu Gly Ser Val Thr Ala Pro Gly Ile Met Val
180 185 190
Glu Asp Trp His Gln Ile Val Thr Cys Leu Glu Ser Leu Glu Ser Val
195 200 205
Lys Lys Pro Gln Lys Ser Leu Ser Arg Leu Trp Glu Glu Ala Ile Lys
210 215 220
Asp Gln Ile Arg Lys Glu Gln His Pro Phe Asn Trp Pro Pro Arg Gln
225 230 235 240
Val Pro Gly Asp Trp Trp Lys Gln Pro Ile Ile Pro Phe Ser Pro Ser
245 250 255
Pro His Val Pro Pro Gly Asn Asp Trp Trp Asn Asn Gly Arg Ile Thr
260 265 270
Cys Asp Asn His Gln Ile Asn Cys
275 280

<210> 1048
<211> 68
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 1048

Met Phe Val Val His Thr Lys Val Gly Lys Arg Trp Leu Ser Cys Asp

1 5 10 15
Tyr Gly His Val Asn Gln Phe Tyr Arg Trp Asn Pro Ile Trp Arg Glu
20 25 30
Ala Lys Ala Cys Pro Ile Trp Asn Glu Cys Ile Asn Asn Gly Phe Val
35 40 45
Tyr Ile Asp Gly Leu Thr Tyr His Arg Ser Val Ser Glu Leu Ser Lys
50 55 60
Glu Leu Gly Glu
65

<210> 1049
<211> 490
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 1049

Met Ile Phe Asp Ile Ile Lys Ala Ile Glu Asp Ala Lys Gly Ser Lys
1 5 10 15
Ala Lys Thr Gln Ile Leu Ile Asp Asn Lys Asp Asn Val Asp Leu Lys
20 25 30
Arg Ala Tyr Leu Leu Ala Tyr Ser Gly Arg Phe Lys Phe Phe Ile Lys
35 40 45
Lys Val Pro Glu Tyr Thr Pro Val Lys Tyr Pro Asn Val Pro Ser Lys
50 55 60
Thr Phe Ser Asp Gly Leu Asp Tyr Leu Gln Asp Ile Leu Ala Ala Arg
65 70 75 80
Val Leu Thr Gly Asn Met Ala Ile Gln Gly Leu Val Asp Leu Leu Ser
85 90 95
Lys Met Asn Glu Gly Asp Ala Ser Val Leu Val Arg Val Leu Leu Lys
100 105 110
Asp Met Arg Cys Gly Ala Ser Gly Ser Ile Ala Asn Lys Val Trp Lys
115 120 125
Lys Leu Ile Pro Glu Met Pro Gln Met Leu Ala Ser Ala Tyr Ser Glu
130 135 140
Lys Ala Leu Ser Tyr Ile Lys Phe Pro Ala Phe Ala Gln Leu Lys Ala
145 150 155 160
Asp Gly Ala Arg Cys Phe Ala Glu Ile Arg Gly Asp Asp Leu Asp Asp
165 170 175
Val Thr Leu Leu Thr Arg Ser Gly Asn Glu Tyr Leu Gly Leu Asp Lys
180 185 190
Leu Lys Arg Gln Leu Ile Glu Met Thr Lys Glu Ala Arg Glu Arg His
195 200 205
Pro Asn Gly Val Met Ile Asp Gly Glu Leu Val Tyr His Val Glu Val
210 215 220
Lys Glu Glu Glu Asn Asp Leu Phe Asp Met Phe Lys Glu Pro Glu Leu
225 230 235 240
Pro Glu Leu Ser Lys Ala Lys Glu Phe Gln Gln Thr Ala Arg Thr Glu
245 250 255

Ser Asn Gly Leu Ala Asn Lys Ala Ile Lys Gly Thr Ile Ser Ala Glu
260 265 270
Glu Ala Glu Gly Met Arg Phe Gln Val Trp Asp Tyr Val Pro Leu Asp
275 280 285
Val Val Tyr Ser Glu Gly Lys Val Pro Gly Phe Ala Tyr Asp Val Arg
290 295 300
Phe Arg Ala Leu Glu Met Met Ser Lys Gly Tyr Asp Lys Ile Ile Leu
305 310 315 320
Ile Glu Asn His Val Val His Asn Ile His Glu Ala Arg Ala Ile Tyr
325 330 335
Lys Thr Tyr Val Asp Gln Gly Leu Glu Gly Ile Ile Leu Lys Asn Ile
340 345 350
Gly Ala Tyr Trp Glu Asp Lys Arg Ser Lys Asn Leu Val Lys Phe Lys
355 360 365
Glu Val Ile Thr Val Asp Leu Lys Cys Val Gly Ser Tyr Glu His Arg
370 375 380
Lys Gln Pro Gly Lys Met Gly Gly Leu Met Phe Val Ser Glu Cys Gly
385 390 395 400
Arg Ile Arg Val Asn Ala Gly Ser Gly Leu Lys Asp Lys Pro Glu Glu
405 410 415
Leu His Glu Leu Asp Arg Thr His Leu Trp Lys Ile Arg Asp Ser Leu
420 425 430
Pro Gly Thr Ile Trp Glu Leu Glu Cys Asn Gly Trp Val Thr Ala Glu
435 440 445
Gly Arg Asp Asp Gly Thr Val Gly Leu Phe Leu Pro Ile Ile Lys Gln
450 455 460
Arg Arg Tyr Asp Lys Glu Val Ala Asn Thr Phe Glu Ala Ala Phe Gly
465 470 475 480
Val Asn Phe Thr Glu Ala Thr Gly Ile Lys
485 490

<210> 1050
<211> 59
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 1050
Met Lys Val Leu Tyr Glu Val Ile Ala Lys Thr Asp Asp Gly Arg Gly
1 5 10 15
Gly Ile Ser Val His Thr Glu Val Leu Asp Phe Asp Asn Ile Asp Val
20 25 30
Phe Lys Asn Phe Lys Glu Asn Ile Glu Glu Tyr Glu Ser Val Asn Gly
35 40 45
Leu Gln Val Trp Arg Thr Ala Thr Ile Ile Asn
50 55

<210> 1051
<211> 708
<212> PRT

<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 1051

```
Met Glu Leu Leu Asn Glu Val Phe Asp Glu Glu Asn Ser Lys Ile Tyr
1               5                  10                  15
Pro Val Glu Asn Val Lys Pro Lys Leu Lys Val Pro Gln Val Phe Leu
            20                  25                  30
Ile Lys Val Pro Gly Asn Asn Asn Leu Met Ile Arg Leu Val His Gly
        35                  40                  45
Ser Gly Gln Gly Asp Ala Val Lys Asn Ile Lys Met Gly Asp Lys Phe
    50                  55                  60
Ile Gln Val Tyr Val Phe Ser Val Ser Glu Lys Gly Asn Ile Gly Ala
65                  70                  75                  80
Leu Lys Gly Gly Leu Gly Gln Asp Pro Ile Gly Ala Ile Asn Thr Ile
                85                  90                  95
Phe Glu Thr Val Asn Lys Val Val Lys Gln Ile Lys Ala Asp Ala Val
            100                 105                 110
Met Phe Arg Phe Asn Pro Lys Lys Met Gln Gly Gln Asp Lys Ala Ile
        115                 120                 125
Gln Arg Ile Leu Ala Arg Leu Ile Thr Thr Arg Thr Gly Gly Arg Phe
    130                 135                 140
Asn Leu Met Lys Asp Met Ala Tyr Tyr Lys Gly Lys Tyr Ala Tyr Ser
145                 150                 155                 160
Ile Met Val His Lys Gly Lys Lys Leu Glu Glu Ile Glu Gly Ile Pro
                165                 170                 175
Glu Ile Ser Asp Glu Leu Tyr Thr Lys Val Glu Ser Lys Val Gly Glu
            180                 185                 190
Ile Tyr Val Ser Lys Glu Thr Gly Glu Ser Val Thr Lys Ala Glu Ala
        195                 200                 205
Leu Ala Asn Ser Ile Gly Glu Lys Glu Asp Lys Lys Ser Glu Leu Ala
    210                 215                 220
Val Met Ser Lys Met Lys Val Ser Arg Lys Asp Leu Ile Arg Ala Gln
225                 230                 235                 240
Tyr Gly Lys Phe Val Ser Tyr Val Asp Glu Asp Trp Pro Glu Asn Lys
                245                 250                 255
Arg Glu Arg Trp Tyr Glu Leu Thr Thr Asn Thr Pro Val Leu Asn Ala
            260                 265                 270
Glu Gly Asp Thr Val Asp Leu Gln Lys Asp Ile Lys Ala Gly Leu Glu
        275                 280                 285
Lys Ser Ile Pro Phe Tyr Val Asp Asp Ile Lys His Tyr Arg Val Arg
    290                 295                 300
Gly Gly Tyr Gly Ser Asn Phe Gly Asp Ala Val Glu Arg Leu Phe Val
305                 310                 315                 320
Gly Gln Met Ser Arg Met His Asp Asp Trp Lys Val Phe Ile Pro Ser
                325                 330                 335
Gly Ser Asp Lys Met Lys Ile Ala Glu Gln Arg Ile Ser Asp Val Ala
            340                 345                 350
```

Asp Val Ile Ala Gln Ala Lys Asn Pro Ala Ser Met Glu Thr Met Arg
355 360 365
Lys Ile Val Glu Val Ala Thr Arg Gly Phe Asp Met Pro Pro Ala Asp
370 375 380
Asp Phe Gly Ala Leu Arg Gln Tyr Gln Asn Leu Val Asn Tyr Met Ile
385 390 395 400
Ser Ala Tyr Val Ser Ile Val Gly Asp Ser Ile Ser Lys Ala Ile Glu
405 410 415
Tyr Asn Arg Glu Met Gln Ser Arg Leu Ser Glu Glu Glu Arg Asp Ala
420 425 430
Ile His His Tyr Cys Gly Ser Gly Tyr Ser Phe Val Asn Asn Tyr Leu
435 440 445
Ile Gly Met Glu Ser Leu Gly Asp Pro Ile Ile Asp Lys Lys Ile Arg
450 455 460
Pro Leu Asp Ser Ala Phe Glu Lys Gly Leu Arg Leu Glu Pro Gly Thr
465 470 475 480
Leu Leu Tyr Arg Gly Gln Arg Gly Lys Tyr Glu Asp Phe Lys Asp Asn
485 490 495
Ile Glu Ser Lys Met Phe Tyr Phe Gln Asn Tyr Val Ser Thr Ser Leu
500 505 510
Ser Pro Ile Ile Phe Gly Ala Tyr Ser Asn Ala Gly Asp Ser Leu Met
515 520 525
Pro Asp Ala Pro Ser Ser Asp Leu Glu Asn Lys Glu Thr Thr Ala Asn
530 535 540
Ala Val Ser Ser Val Ile Gly Thr Asp Asn Leu Glu Arg Val Asp Arg
545 550 555 560
Gly Glu Glu Val Ala Tyr Gly Asp Glu Phe Lys Phe Gly Phe Val Ile
565 570 575
His Gly Ala Asp Lys Val Lys Val Val Ile Pro Gly Val Leu Ser Ser
580 585 590
Phe Ser Asp Glu Ala Glu Val Ile Leu Pro Arg Gly Leu Ala Met Lys
595 600 605
Val Asn Lys Val Trp Gly Thr Pro Phe Arg Asn Gly Val Gly Val Ala
610 615 620
Asn Asn Lys Thr Phe Met Val Glu Met Thr Val Val Pro Pro Glu Gln
625 630 635 640
Ile Asp Glu Ser Val His Leu Tyr Asp Gly Asp Ile Leu Met Glu Gln
645 650 655
Gly Lys Val Glu Pro Leu Glu Glu Ser Lys Phe Lys Gly Phe Leu Asn
660 665 670
Glu Ile Tyr Phe Ser Pro Asp Arg Ser Thr Asp Lys Val Ser Tyr Thr
675 680 685
Arg Thr Met Glu Leu Leu Ala Gly Ala Ile Asn Leu Asp Gly Ile Pro
690 695 700
Glu Lys Leu Ala
705
<210> 1052
<211> 92

<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 1052

Met Lys His Val Phe Arg Phe Asn Gly Ile Glu Trp Ser Ala Asp Val
1 5 10 15
Lys Asp Ala Glu Lys Phe Asn Glu Glu Val Leu Ile Met Leu Glu Gly
20 25 30
Phe Asn Glu Gly Thr Pro Thr Val Leu Ile Gln Asp Ile Phe Arg Lys
35 40 45
Pro Thr Glu Pro Ser Phe Val Glu Ala Val Leu Asn Gly Lys Ala Glu
50 55 60
Gly Ile Ile Pro Val Lys Val Val Trp Thr Thr Lys Glu Met Lys Leu
65 70 75 80
Leu Arg Thr Glu Pro Gly Phe Ile Gly Cys Ile Ala
85 90

<210> 1053
<211> 308
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 1053

Met Phe Thr Leu Glu Glu Phe Lys Ser Gln Ala Ala Asp Ile Asp Phe
1 5 10 15
Gln Arg Thr Asn Met Phe Ser Val Val Phe Ala Thr Val Pro Ser Ser
20 25 30
Lys Thr Gln Ala Leu Leu Asn Asp Phe Gly Gly Glu Leu Tyr Asn Asn
35 40 45
Met Gly Leu Asp Gly Asn Trp Leu Gly Leu Thr Pro Gly Glu Phe Asn
50 55 60
Gln Gly Ile Thr Thr Ile Val Thr Gln Gly Thr Arg Gln Val Val Arg
65 70 75 80
Lys Ser Gly Val Asn Thr Phe Met Ile Gly Ala Met Thr Gln Arg Val
85 90 95
Val Gln Ser Leu Leu Gly Glu Phe Thr Val Gly Thr Tyr Leu Leu Asp
100 105 110
Phe Phe Asn Met Ala Phe Pro Thr Ala Gly Leu Met Val Tyr Ser Ala
115 120 125
Lys Ile Pro Glu Asn Arg Leu Ser Tyr Glu Met Asp Lys Phe His Asn
130 135 140
Ala Pro Asn Ile Lys Ile Thr Gly Arg Asp Met Glu Pro Leu Val Leu
145 150 155 160
Ser Phe Arg Met Asp Pro Glu Ala Ser Asn Tyr Arg Ala Met Gln Asp
165 170 175
Trp Val Asn Ala Val Glu Asp Pro Val Thr Gly Leu Arg Gly Leu Pro
180 185 190

Gln Asp Val Glu Cys Asp Ile Gln Val Asn Leu His Ala Arg Asn Gly
195 200 205
Leu Pro His Thr Val Cys Leu Phe Ser Gly Ala Met Pro Val Ala Cys
210 215 220
Gly Ala Pro Glu Phe Thr Tyr Asp Gly Glu Asn Thr Ile Ala Val Phe
225 230 235 240
Asp Val Thr Phe Ala Tyr Arg Ser Met Gln Thr Gly Ser Val Gly Lys
245 250 255
Gln Ala Ala Met Asp Trp Leu Glu Asp Lys Thr Ile Gln Lys Ile Glu
260 265 270
Thr Ile Asn Pro Asn Gln Gly Leu Ser Thr Ser Ala Ser Arg Leu Ser
275 280 285
Arg Leu Gly Gly Ala Gly Gly Gly Ile Ser Asn Ile Thr Thr Ser Thr
290 295 300
Ser Arg Ile Ile
305

<210> 1054
<211> 350
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 1054

Met Ile Phe Glu Glu Leu Ala Asp Gly Leu Glu Asn Ile Lys Lys Ser
1 5 10 15
Gly Thr Arg Ile Ser Gln Gly Lys Ser Lys Leu Thr Asn Ala Pro Thr
20 25 30
Thr Lys Val Ala Gln Phe Pro Ala Glu Arg Ser Ala Gly Asn Asp Ser
35 40 45
Ala Gln Asp Met Arg Val His Asp Leu Tyr Arg Asn Gly Leu Leu Phe
50 55 60
Thr Ala Tyr Asp Phe Lys Gly Arg Thr Thr Pro Asp Leu Arg Ser Phe
65 70 75 80
Arg Arg Asp Val Met Leu Ser Ser Val Phe Asp Ser Pro Met Ser Ala
85 90 95
Leu Ala Asn Ser Ser Ser Ser Thr Thr Ser Thr Ala Pro Val Ala Asn
100 105 110
Ile Leu Leu Pro Arg Ser Lys Ser Asp Val Asp Ser Val Ser His Lys
115 120 125
Phe Asn Asp Val Gly Asp Ser Leu Val Thr Arg Gly Ser Gly Thr Ala
130 135 140
Thr Gly Val Leu Ser Asn Val Ala Ser Thr Ala Val Phe Gly Ser Ile
145 150 155 160
Glu Ser Leu Thr Gln Gly Leu Met Ala Asp Asn Gly Glu Gln Ile Tyr
165 170 175
Asn Thr Ala Arg Ser Met Tyr Ala Gly Pro Asp Asn Arg Thr Lys Val
180 185 190
Phe Thr Trp Asp Leu Thr Pro Arg Ser Ala Asp Asp Leu Ile Gln Ile

195 200 205

Ile Arg Ile Tyr Glu Ile Phe Asn Tyr Tyr Ser Tyr Gly Val Thr Gly
210 215 220

Asn Ser Ser Tyr Ala Lys Glu Val Lys Ala Ala Ile Asp Glu Trp Tyr
225 230 235 240

Lys Gly Thr Leu Lys Ser Ala Ala Pro Asp Gly Ala Lys Val Glu Asn
245 250 255

Thr Val Phe Glu Gln Ile Thr Ser Phe Leu Ser Asn Val Ile Val Val
260 265 270

Ser Asn Pro Thr Ile Trp Thr Val Arg Asn Phe Gly Tyr Ser Thr Ser
275 280 285

Met Asp Gly Arg Glu Asp Ile Phe Gly Pro Cys Gln Ile Gln Ser Ile
290 295 300

Arg Phe Asp Lys Thr Pro Asn Gly His Phe Asn Gly Leu Ala Ile Ala
305 310 315 320

Pro Asn Leu Pro Ser Thr Phe Thr Leu Glu Ile Thr Met Arg Glu Ile
325 330 335

Leu Thr Leu Asn Arg Gly Asn Val Tyr Ile Gly Gly Ile Glu
340 345 350

<210> 1055
<211> 577
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 1055

Met Thr Lys Lys Ser Glu Met Asn Ser Met Arg Arg Arg Val Ile Ala
1 5 10 15

Asp Ser Ala Pro Gln Lys Lys Ala Glu Ser Gln Ala Asp Ala Gln Ile
20 25 30

Asn Thr Leu Glu Asp Ile Gly Arg Arg Leu Asp Asp Gln Gln Ala Ser
35 40 45

Thr Asp Leu Ile Ser Asp Val Ile Glu Thr Lys Ser Asn Glu Ile Ile
50 55 60

Lys Ser Val Glu Asp Val Ser Ala Gly Val Glu Leu Thr Ala Glu Ala
65 70 75 80

Ser Glu Arg Thr Thr Asp Ala Val Ser Lys Leu Asn Asp Thr Ala Ser
85 90 95

Leu Ile Asn Asp Lys Leu Thr Lys Leu Ala Asp Leu Leu Ser Lys Lys
100 105 110

His Asp Val Gln Gln Asp Val Gln Lys Thr Gly Thr Gly Thr Ser Leu
115 120 125

Glu Thr Ile Thr Glu Gln Val Pro Asp Ala Pro Val Gln Gln Pro Leu
130 135 140

Glu Glu Leu Leu Glu Arg Leu Ile Pro Pro Gln Asp Asp Arg Arg Pro
145 150 155 160

Asp Ala Asp Phe Phe Pro Asn Thr Glu Glu Gln Glu Glu Arg Lys Glu
165 170 175

Pro Asn Lys Glu Thr Glu Asp Lys Asn Lys Lys Phe Leu Gly Leu Lys
180 185 190
Phe Gly Glu Leu Ile Lys Ser Val Lys Ser Gly Phe Gly Lys Thr Ile
195 200 205
Ser Leu Thr Asp Lys Ile Ser Ser Met Leu Phe Ser Tyr Thr Val Ser
210 215 220
Ala Leu Ala Gln Met Ala Lys Thr Ala Ala Met Val Leu Gly Val Ile
225 230 235 240
Met Leu Ile Asp Leu Ile Lys Val His Phe Asn Tyr Trp Thr Lys Leu
245 250 255
Phe Glu Lys Asn Phe Val Glu Phe Asn Lys Gln Ala Lys Glu Trp Gly
260 265 270
Pro Leu Leu Thr Ala Ile Ser Glu Met Ser Asn Glu Ile Val Lys Ser
275 280 285
Phe Val Lys Gly Asp Trp Gly Gly Leu Ala Lys Ala Ile Gly Ser Gly
290 295 300
Leu Val Asp Val Ile Asp Lys Leu Gly Glu Thr Ile Met Leu Gly Met
305 310 315 320
Ser Lys Leu Leu Ala Gly Met Leu Arg Ala Leu Gly Phe Asn Asp Ser
325 330 335
Ala Asp Asn Ile Glu Gly Ala Ala Leu Asp Arg Phe Gln Thr Val Thr
340 345 350
Gly Ala Glu Leu Asp Glu Glu Asp Ala Lys Met Arg Ala Lys Tyr Val
355 360 365
Asp Arg Gln Glu Arg Glu Tyr Asp Glu Gln Pro Glu Trp Lys Arg Lys
370 375 380
Leu Ser Ala Lys Phe Gln Lys Phe Thr Gly Gln Ile Asp Asp Asp Glu
385 390 395 400
Tyr Asn Lys Leu Leu Ser Gly Glu Lys Lys Gln Ser Ala Tyr Ala Asp
405 410 415
Leu Pro Glu Asp Glu Arg Leu Lys Ile Ile Thr Ala Arg Asn Asn Ala
420 425 430
Glu Ala Glu Leu Lys Arg Thr Lys Ala Tyr Val Glu Lys Thr Asp Ala
435 440 445
Ser Asp Ser Thr Arg Leu Asp Ser Ala Lys Asp Ala Val Gln Ser Thr
450 455 460
Thr Thr Arg Tyr Lys Glu Leu Glu Lys Leu Ser Pro Glu Val Ala Lys
465 470 475 480
Asp Leu Lys Val Glu Leu Asp Gln Leu Gln Lys Leu Leu Asp Ser Lys
485 490 495
Ile Ser Glu Pro Ala Pro Thr Ala Glu Ala Ile Pro Ala Thr Glu Gln
500 505 510
Pro Glu Val Lys Gln Ser Ala Ser Ile Lys Ala Ala Ala Asp Ser Arg
515 520 525
Glu Ala Ala Arg Thr Arg Glu Ser Asn Thr Gln Ser Gln Pro Ile Gln
530 535 540
Val Asn Thr Ala Val Asn Lys Asn Ser Thr Tyr Val Tyr Arg Thr Pro
545 550 555 560

Pro Gln Thr Ser Thr Ala Ala Pro Gly Met Gln Gly Ala Met Lys Thr
565 570 575

Ser

<210> 1056

<211> 175

<212> PRT

<213> Unknown

<220>

<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08

<400> 1056

Met Asn Leu Asn Val Ile Leu Pro Ile Lys Lys Ile Val Ile Asn Glu
1 5 10 15

Lys Thr Ile Ser Ile Pro Lys Leu Gly Leu Lys His His Asn Leu Met
20 25 30

Lys Asp Val Lys Gly Pro Asp Glu Asn Met Asn Leu Leu Leu Asp Ser
35 40 45

Ile Cys Pro Gly Leu Thr Ala Ala Glu Ser Asp Ile Val Val Leu His
50 55 60

Leu Leu Ala Phe Asn Asn Arg Ile Lys Glu Thr Val Val Lys Asp Asp
65 70 75 80

Phe Thr Tyr Asp Leu Asn Lys Val Tyr Ile Cys Gln Arg Leu Thr Gln
85 90 95

Arg Leu Asp Gly Lys Glu Phe Lys Phe Arg Ala Pro Pro Arg Tyr Ser
100 105 110

Lys Leu Gly Ser Val Asp Ser Ile Leu Ser Glu Phe Leu Glu Ser Val
115 120 125

Asp Gly Lys Pro Met Asp Ile Asn Phe Met Lys Leu Pro Ala Phe Val
130 135 140

Thr Lys Trp Ala Asp Asp Leu Val Asn Thr Ile Ala Ile Asp Gly Pro
145 150 155 160

Glu Gly Pro Ile Lys Gly Met Leu Asn Val Met Glu Ile Phe Glu
165 170 175

<210> 1057

<211> 380

<212> PRT

<213> Unknown

<220>

<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08

<400> 1057

Met Thr Ala Gln Arg Leu Gly Tyr Pro Asn Ile Ser Ile Lys Leu Tyr
1 5 10 15

Ser Gly Tyr Asp Ala Trp Leu Ala Asn Arg Phe Val Glu Leu Ala Ala
20 25 30

Thr Phe Ile Thr Leu Thr Met Arg Asp Ser Leu Arg Gly Thr Asn Glu
35 40 45

Gly Leu Leu Gln Phe Tyr Asp Ser Lys Asn Met His Thr Arg Met Asn
50 55 60

Gly Asp Glu Leu Val Gln Ile Ser Val Ala Asn Ser Asn Thr Ser Arg

65 70 75 80
Thr Gln Thr Arg Ile Tyr Gly Ile Lys His Phe Thr Val Gly Val Asp
85 90 95
Asp Lys Gly Asp Ser Ile Ile Thr Leu Gln Leu Gly Thr Leu His Asp
100 105 110
Ile Met Asn Leu Lys Phe Ser Arg Ala Phe Phe Ser Ser Ala Tyr Glu
115 120 125
Thr Ile Lys Glu Met Ile Gly Ala Met Tyr Val Asp Gln Pro Leu Ile
130 135 140
Ala Pro Pro Ile Asn Gly Ile Asn Ala Tyr Val Pro Arg Val Pro Trp
145 150 155 160
Thr Ser Thr Leu Lys Asp Tyr Leu Arg Tyr Val Arg Asn Val Gly Ile
165 170 175
Ser Thr Asp Asn Asp Gln Phe Ile Phe Ala Trp Glu Asp Ile Thr Gly
180 185 190
Ile Asn Met Met Asp Tyr Glu Ser Met Ile Ser Gln Asn Pro Asn Val
195 200 205
Phe Met Phe Gly Ala Pro Gln Thr Ile Gly Gln Phe Ala Ala Gly Leu
210 215 220
Lys Tyr Pro Leu Ala Trp Asp Phe Glu Trp Leu Val Lys Ser Asn Arg
225 230 235 240
Tyr Asn Arg Asn Pro Met Lys Asn Ala Thr Phe Tyr Ala His Ser Phe
245 250 255
Val Asp Lys Asp Val Thr Arg Ile Ile Asn Gly Glu Gly Gln Asn Ser
260 265 270
Val Phe Ile Asn Arg Ser Gly Gly Tyr Ser Asp Met Ile Phe Arg Asn
275 280 285
Gly Tyr Glu Glu Ala Leu Arg Ile Ser Thr Met Ala Gln Tyr Asp Gly
290 295 300
Tyr Ala Gln Thr Lys Cys Tyr Gly Asn Phe Glu Leu Thr Pro Gly Met
305 310 315 320
Lys Ile Asn Phe Val Asp Leu Lys Asp Gln Phe Arg Thr Asp Phe Tyr
325 330 335
Val Asp Glu Val Ile His Glu Ile Ser Asn Asn Thr Ser Ile Thr Asn
340 345 350
Leu Tyr Met Phe Thr Asn Gly Ser Ala Leu Glu Pro Val Asp Leu Ile
355 360 365
Lys Val Lys Asn Glu Leu Lys Arg Asp Ser Ser Tyr
370 375 380

<210> 1058
<211> 252
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 1058
Met Ala Asn Ile Val Arg Cys Glu Leu Pro Asp Gly Val Gln Arg Phe
1 5 10 15

Lys Pro Phe Thr Val Glu Asp Tyr Arg Asp Leu Leu Leu Val Arg Asn
20 25 30
Asp Met Asn Thr Lys Ser Glu Glu Glu Gln Lys Gln Leu Ile Ala Glu
35 40 45
Leu Met Asp Asp Tyr Phe His Asp His Pro Ala Glu Tyr Arg Pro Tyr
50 55 60
Ile Phe Leu Lys Val Phe Leu Ser Ser Ile Gly Lys Thr Lys Ile Pro
65 70 75 80
Val Arg Met Lys Cys Pro Lys Cys Gly Lys Tyr Lys Gln Tyr Leu Phe
85 90 95
Asn Leu Asn Gln Pro Pro Leu Val Asn Pro Lys Val Glu Val Ala Gly
100 105 110
Leu Thr Leu Lys Phe Lys Lys Pro Ile Glu Ile Ile Asp Asp Thr Gly
115 120 125
Lys Met Ile Leu Asp Asn Ile Ile Ser Val Lys Asp Ser Ser Gly Glu
130 135 140
Tyr Ala Trp Asn Glu Leu Ser Asp Ser Asn Lys Leu Thr Val Ile Asp
145 150 155 160
Ala Ile Asp Val Glu Thr Leu Glu Lys Ile Leu Ser Gln Met Lys Pro
165 170 175
Phe Asn Phe Glu Leu Lys Thr Ser Cys Cys Asp Thr Thr Thr Ile Leu
180 185 190
Lys Tyr Asp Asn Ile Val Asp Ile Phe Lys Leu Leu Leu His Pro Asp
195 200 205
Glu Ile Phe Thr Phe Tyr Gln Ile Asn His Arg Leu Val Ser Gln Gly
210 215 220
Lys Tyr Asp Leu Asn Ser Ile Met Lys Met Leu Pro Ile Glu Arg Gly
225 230 235 240
Ile Thr Leu Ser Leu Ile Glu Lys Asp Leu Lys Ser
245 250

<210> 1059
<211> 209
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 1059

Met Asn Ile Thr Tyr Lys Phe Glu Thr Arg Ile Asn Gly Lys Asn Ile
1 5 10 15
Gln Cys Arg Ala Phe Thr Leu Glu Glu Tyr Ala Asn Leu Ile Ala Ala
20 25 30
Lys Lys Asn Gly Thr Ile Asp Glu Cys Ile Lys Ala Leu Leu Arg Glu
35 40 45
Cys Thr Asn Ala Thr Glu Leu Asn Lys Gln Glu Ser Glu Leu Leu Ile
50 55 60
Val Ile Leu Trp Ala His Ser Ile Gly Glu Val Asn His Glu Val Thr
65 70 75 80
Trp Asn Cys Thr Cys Gly Arg Lys Ile Pro Val Pro Leu Asn Tyr Thr

85 90 95
His Ala Gln Ile Asp Pro Pro Glu Asp Leu Trp Tyr Asp Leu Lys Gly
100 105 110
Phe Lys Ile Lys Phe Lys Tyr Pro Ser Leu Phe Asp Asp Ser Asp Ile
115 120 125
Pro Met Met Ile Ser Lys Cys Ile Asp Tyr Ile Val Val Gly Asn Glu
130 135 140
Gln Ile Tyr Phe Asn Asp Leu Asn Asp Ala Glu Ile Asp Asp Leu Tyr
145 150 155 160
Ser Ala Ile Thr Thr Glu Asp Val Val Asn Ile Lys Asn Met Leu Leu
165 170 175
Lys Pro Gln Val Gln Leu Ala Val Pro Ile Thr Cys Glu Cys Gly Ile
180 185 190
Ser His Ile His Val Ile Lys Gly Leu Lys Glu Phe Phe Lys Ile Met
195 200 205
Ser

<210> 1060
<211> 136
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 1060

Met Ser Asn Ile Asp Lys Leu Tyr Ser Asp Leu Asp Pro Glu Met Arg
1 5 10 15
Leu Ala Trp Asp Thr Asp Val Ser Lys Thr Val Gly Ala Arg Ser Val
20 25 30
Lys Asn Ser Leu Leu Gly Ile Ile Thr Thr Arg Lys Gly Ser Arg Pro
35 40 45
Phe Asp Pro Ala Phe Gly Cys Asp Ile Thr Asn Glu Leu Phe Glu Asn
50 55 60
Met Thr Pro Leu Thr Gly Asp Thr Ile Lys Arg Asn Ile Val Ser Ala
65 70 75 80
Val Arg Asn Tyr Glu Pro Arg Ile Asn Arg Leu Ser Val Asp Val Leu
85 90 95
Pro Leu Tyr Asp Asp Asn Ala Ile Ile Val Thr Val Gln Phe Ser Ile
100 105 110
Val Asp Asp Pro Asp Thr Leu Glu Arg Ile Arg Ile Gln Met Arg Ser
115 120 125
Asn Ala Asn Ser Ser Ser Arg Val
130 135

<210> 1061
<211> 138
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 1061

Met Arg Leu Glu Glu Leu Gln Asp Glu Leu Asp Asn Asp Leu Ile Ile
1 5 10 15
Asp Gln Thr Lys Leu Gln Tyr Glu Ala Ala Asn Asn Pro Val Leu Tyr
20 25 30
Gly Lys Trp Val Arg Lys His Ser Thr Cys Arg Lys Glu Met Leu Arg
35 40 45
Leu Asp Ala Leu Lys Lys Gln Asn Leu Lys Ala Arg Leu Asp Tyr Tyr
50 55 60
Thr Gly Arg Gly Glu Val Gly Gly Glu Val Cys Met Asp Val Tyr Glu
65 70 75 80
Lys Ser Glu Met Lys Thr Val Leu Ser Ala Asp Lys Glu Ile Leu Gly
85 90 95
Val Asp Thr Lys Leu Gln Tyr Trp Gly Ile Leu Leu Glu Phe Cys Ser
100 105 110
Asp Ala Met Asp Ala Ile Lys Ser Arg Gly Phe Ser Ile Lys His Ile
115 120 125
Ile Asp Leu Arg Gln Phe Glu Ala Gly Ala
130 135

<210> 1062
<211> 55
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 1062
Met Ser Asn Thr Val Cys Val Val Cys Lys Gly Pro Ile Asp Glu Ala
1 5 10 15
Leu Val Val Gln Thr Asp Lys Gly Pro Val His Pro Gly Ala Cys Tyr
20 25 30
Asn Tyr Ala Ile Glu Leu Pro Val Thr Glu Asp Thr Glu Glu Gln Leu
35 40 45
Gln Glu Thr Gln Leu Leu Ile
50 55

<210> 1063
<211> 80
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 1063
Met Ile Lys Phe Glu Asp Ile Tyr Glu Ala Thr Ile Arg Glu Ala Thr
1 5 10 15
Ile Asp Asn Phe Met Ser Lys Ile Asn Ala Cys Gln Thr Leu Asp Gly
20 25 30
Leu Lys Glu Leu Glu Lys Tyr Tyr Asp Lys Arg Ser Lys Glu Thr Thr
35 40 45
Leu Ala Asp Ser Asp Asp Ile Ile Val Arg Asp Ala Leu Ala Gly Arg
50 55 60

Arg Gln Ala Leu Glu Ala Asp Ser Glu Asp Asp Glu Asp Glu Asp Phe
65 70 75 80

<210> 1064

<211> 500

<212> PRT

<213> Unknown

<220>

<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08

<400> 1064

Val His Asp Ile Gln Val Lys Phe Lys Asp Phe Ser His Val His Ile
1 5 10 15

Glu Cys Asp Asp Ser Ile Phe Tyr Glu Leu Arg Asp Tyr Phe Ser Phe
20 25 30

Glu Ala Asp Gly Tyr Arg Phe Asn Pro Lys Tyr Arg Tyr Gly His Trp
35 40 45

Asp Gly Arg Ile Arg Leu Leu Asp Tyr Asn Arg Leu Leu Pro Phe Gly
50 55 60

Leu Val Gly Gln Ile Arg Lys Phe Ala Asp Gln Phe Gly Tyr Lys Val
65 70 75 80

Tyr Phe Asp Pro Ala Ile Phe Glu Gln Glu Thr Leu Ser Arg Glu Asp
85 90 95

Phe Asp Asn Trp Leu Ser Thr Lys Glu Ile Tyr Ser Gly Leu Thr Lys
100 105 110

Ile Glu Pro His Trp Tyr Gln Lys Asp Ala Val Tyr Glu Gly Leu Val
115 120 125

Asn Arg Arg Arg Ile Leu Asn Leu Pro Thr Ser Ala Gly Lys Ser Leu
130 135 140

Ile Gln Ala Leu Leu Ala Arg Tyr Tyr Val Glu Asn Tyr Glu Gly Lys
145 150 155 160

Val Leu Ile Ile Val Pro Thr Thr Ala Leu Val Asp Gln Met Ile Asp
165 170 175

Asp Phe Cys Asp Tyr Arg Leu Phe Pro Arg Asn Ala Met Leu Gly Ile
180 185 190

Arg Gly Gly Thr Ala Arg Asp Ser Asn Ala Leu Val Tyr Val Ser Thr
195 200 205

Trp Gln Thr Ala Val Lys Gln Pro Lys Glu Trp Phe Ser Gln Phe Gly
210 215 220

Met Met Met Asn Asp Glu Cys His Leu Ala Thr Gly Lys Ser Ile Ser
225 230 235 240

Thr Ile Ile Ala Gly Leu Thr Asn Cys Met Phe Lys Tyr Gly Leu Ser
245 250 255

Gly Ser Leu Lys Asp Gly Lys Ala Asn Ile Met Gln Tyr Val Gly Met
260 265 270

Phe Gly Glu Ile Phe Arg Pro Val Ser Thr Ser Lys Leu Met Glu Asp
275 280 285

Gly Gln Val Thr Glu Leu Lys Ile Asn Thr Ile Phe Leu Arg Tyr Pro
290 295 300

Asp Ala Ala Ala Asn Ala Leu Lys Gly Lys Thr Tyr Gln Glu Glu Ile

305 310 315 320
Lys Phe Ile Thr Asn Val Lys Lys Arg Asn Arg Trp Ile Ala Asn Leu
325 330 335
Ala Thr Lys Leu Ala Ala Arg Asp Glu Asn Ala Phe Val Met Phe Lys
340 345 350
His Val Ala His Gly Lys Glu Leu Phe Glu Met Ile Lys Ala Ala Gly
355 360 365
His Glu His Val Tyr Tyr Val Ser Gly Glu Val Asn Thr Glu Thr Arg
370 375 380
Asn Ala Leu Lys Ala Met Ala Glu Asn Gly Lys Gly Ile Ile Ile Val
385 390 395 400
Ala Ser Tyr Gly Val Phe Ser Thr Gly Ile Ser Val Lys Asn Leu His
405 410 415
His Val Ile Leu Ala His Pro Val Lys Ser Lys Ile Ile Val Leu Gln
420 425 430
Thr Ile Gly Arg Val Leu Arg Lys His Lys Asp Lys Ser Leu Ala Thr
435 440 445
Val Trp Asp Ile Ile Asp Asp Leu Gly Val Lys Pro Lys Ser Ala Asn
450 455 460
Ala Lys Lys Lys Tyr Thr His Leu Asn Tyr Cys Leu Lys His Ala Leu
465 470 475 480
Glu Arg Ile Gln Arg Tyr Ala Asp Glu Lys Phe Asn Tyr Val Met Lys
485 490 495
Thr Val Asn Leu
500

<210> 1065
<211> 264
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 1065

Met Leu Asp Lys Asp Tyr Ile Lys Glu Ile Gln Ala Leu Asp Lys Lys
1 5 10 15
Glu Ala Lys Asp Lys Leu Asp Glu Tyr Ala Gln Thr Phe Gly Ile Lys
20 25 30
Leu Lys Lys Thr Arg Ser Phe Asp Asn Met Val Ala Asp Leu Glu Lys
35 40 45
Glu Leu Ala Lys Leu Ala Asn Glu Pro Met Pro Glu Asp Asn Asp Gly
50 55 60
Leu Ser Ile Ala Asp Leu Ile Gln Ala Asp Asp Glu Ile Glu Gly Lys
65 70 75 80
Ala Val Phe Lys Asp Glu Ala Ser Asp Glu Ala Lys Leu Leu Phe Asp
85 90 95
Ala Pro Val Asn Val Gly Ile Lys Ile His Asp Ile Asp Pro Gly Phe
100 105 110
Tyr Lys Glu Thr Pro Lys Val Asn Asp Pro Gly Phe Glu Val Lys Thr
115 120 125

Pro Ser Ile Asn Asp Lys Gly Phe Tyr Ala Glu Ala Pro Ile Gly Asp
130 135 140
Ser Val Ile His Ile Asp Asp Glu Gly Gln Val Thr Asn Ile Pro Val
145 150 155 160
Ser Ile Thr Asp Pro Glu Glu Phe Ser Lys Ala Met Asp Lys Val Val
165 170 175
Lys Ile Ile Lys Thr Asp Glu Ile Ile Glu Leu Pro Glu Asn Phe Ser
180 185 190
Pro Asn Met Gln Leu Leu Gly Lys Asn Pro Gly Tyr Ile Thr Leu Pro
195 200 205
Trp Trp Ile Tyr Gln Trp Ile Lys Asp Asn Pro Asp Trp Lys Ser Arg
210 215 220
Pro Thr Ser Phe Glu His Pro Ser Ala His Gln Thr Leu Phe Ser Leu
225 230 235 240
Ile Tyr Tyr Ile Lys Arg Asn Gly Ser Val Met Ile Arg Glu Thr Arg
245 250 255
Asn Ser Ser Phe Val Thr Leu Lys
260

<210> 1066
<211> 469
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 1066
Met Ala Tyr Ser Val Ser Ile Ala Pro Leu Ala Ala Ser Ala Val Ile
1 5 10 15
Gly Ala Thr Thr Asn Phe Thr Ala Thr Thr Ser Gly Ala Ala Ala Glu
20 25 30
Gly Thr Glu Thr Phe Val Trp Thr Val Asn Gly Val Lys Gln Ser Ser
35 40 45
Val Thr Ala Ala Met Asn Tyr Val Thr Ala Gly Pro Ala Gly Ser Lys
50 55 60
Thr Val Lys Val Val Ala Thr Val Thr Pro Ala Glu Gly Glu Val Glu
65 70 75 80
Thr Ala Glu Ala Glu Thr Thr Leu Thr Val Lys Asn Lys Thr Met Pro
85 90 95
Ala Ile Thr Leu Thr Leu Ser Pro Thr Ser Val Ser Lys Glu Ile Gly
100 105 110
Gln Ser Gln Val Val Thr Ala Asp Val Thr Gly Ala Pro Ser Gly Ala
115 120 125
Ser Ile Ala Tyr Val Trp Lys Arg Gly Ser Ser Val Ile Ser Gly Gln
130 135 140
Thr Gly Lys Thr Ile Thr Leu Thr Glu Ser Thr Glu Thr Ser Tyr Thr
145 150 155 160
Leu Asn Cys Glu Val Thr Val Ser Ala Pro Asp Tyr Asn Asn Gly Thr
165 170 175
Ala Thr Lys Gly Ile Ala Val Ala Phe Thr Lys Lys Thr Met Ser Gly

180 185 190
Val Ser Val Thr Leu Ser Pro Thr Ser Val Ser Lys Glu Ile Gly Gln
195 200 205
Ser Gln Val Val Thr Ala Asn Val Val Gly Ala Pro Glu Gly Ala Ser
210 215 220
Ile Ala Tyr Val Trp Lys Arg Gly Thr Val Val Ile Glu Gly Gln Thr
225 230 235 240
Ala Lys Thr Ile Thr Ile Thr Glu Ser Ala Glu Ala Asn Tyr Thr Leu
245 250 255
Asn Cys Glu Ala Thr Val Ser Ala Pro Asp Tyr Asn Pro Val Thr Val
260 265 270
Ser Lys Gly Ala Ser Val Thr Ile Thr Lys Lys Thr Met Ser Gly Val
275 280 285
Ser Val Thr Leu Thr Pro Glu Ser Ile Thr Val Glu Gln Gly Ser Asp
290 295 300
Ala Ser Phe Lys Ala Asp Val Ile Gly Ser Pro Glu Gly Ala Ser Gly
305 310 315 320
Thr Tyr Ser Trp Thr Lys Asp Gly Ser Pro Val Glu Gly Ser Thr Ser
325 330 335
Thr Leu Val Ile Asp Thr Ser Asp Ile Gly Ser Gln Val Ile Gly Val
340 345 350
Ser Val Glu Val Ser Ala Glu Asp Tyr Asn Ser Val Thr Val Thr Thr
355 360 365
Thr Gly Asn Val Thr Ile Thr Lys Arg Val Ala Pro Thr Pro Asn Gly
370 375 380
Glu Leu Pro Tyr Ile His Pro Leu Pro Phe Arg Glu Thr Ala Tyr Ile
385 390 395 400
Trp Cys Gly Trp Trp Val Met Asp Glu Ile Gln Arg Met Thr Val Glu
405 410 415
Gly Lys Asp Trp Lys Leu Asp Asp Pro Asp Ser Asp Tyr Tyr Leu His
420 425 430
Arg Tyr Thr Leu Ala Lys Met Leu Asp Asp Tyr Pro Glu Val Asp Val
435 440 445
Gln Glu Ser Arg Asn Gly Tyr Ile Val His Arg Thr Ala Leu Glu Ala
450 455 460
Gly Ile Ile Tyr Pro
465

<210> 1067
<211> 75
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 1067

Met Lys Ala Ile Gln Ala His Leu Met His Glu Ser Gly Lys Asp Phe
1 5 10 15
Gln Glu Ile Ala Arg Ala Leu Asp Ile Thr Pro Ala Glu Ala Ala Lys
20 25 30

Leu Trp Val Ser Val Glu Lys Ala His Glu Arg Phe Lys Gln Lys Glu
35 40 45
Lys Val Val Tyr Arg Lys Arg Leu Thr Asn Val Gly Ile Lys Ser Arg
50 55 60
His Lys Lys Leu Val Lys His Met Arg Thr Leu
65 70 75
<210> 1068
<211> 108
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 1068
Met Met Ser Lys Val Asp Pro Ile Val Val Glu Arg Phe Glu Glu Met
1 5 10 15
Leu Ser Lys Lys Phe Thr Pro Ala Ala Asn Gly Val Asn Val Trp Leu
20 25 30
Phe Ala Ser Lys Phe Val Ser Lys Met Met Ala Val Gln Ser Ser Tyr
35 40 45
Tyr Tyr Lys Ser Gly Ala Arg Lys Ile Thr Asp Leu Ile Asn Glu Arg
50 55 60
Tyr Gly Lys Ile Asp Trp Met Leu Met Asp Lys Asp Ile Pro Leu Val
65 70 75 80
Leu Glu Val Gly Ser Lys Ser Gln Phe Glu Ile Met Leu Thr Lys Ser
85 90 95
Gly Tyr Ile Met Tyr Arg Phe Val Pro Ser Gly Tyr
100 105
<210> 1069
<211> 85
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 1069
Met Asn Leu Ala Asp Arg Met Ala Asn Thr Ala Ile Asn Val Ala Thr
1 5 10 15
Glu Glu Leu Ser Ala Ala Lys Glu Glu Val Leu Thr Gln Ile Glu Lys
20 25 30
Thr Ala Leu Ala Gly Lys Arg Glu Leu Ile Met Tyr Pro Ser Ser Leu
35 40 45
Val Lys Lys His Ile Thr Asn Val Leu Asn Tyr Leu His Asp Glu Gly
50 55 60
Phe Val Thr Asn Tyr Thr Ser Ala Gln Arg Asn Gly Asp Thr Asp Phe
65 70 75 80
Met Lys Ile Thr Phe
85
<210> 1070
<211> 335

<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 1070

```
Met Phe Ala Lys Tyr Ser Ser Leu Glu Asn His Tyr Asn Asn Lys Phe
1               5                  10                  15
Ile Glu Lys Ile Arg Gly Ala Gly Phe Asp Met His Thr Val Glu Trp
            20                  25                  30
Val Ala Arg Glu Lys Ile His Gly Thr Asn Phe Ser Val Ile Ile Thr
        35                  40                  45
Pro Thr Glu Ile Val Pro Ala Lys Arg Thr Gly Pro Ile Leu Glu Gly
    50                  55                  60
Glu Ser Phe Phe Gly His Glu Ile Ile Met Lys Lys Tyr Lys Asp Ser
65                  70                  75                  80
Phe Val Lys Met Gln Asn Met Leu Asn Thr Met Asp Leu Val Ser Val
                85                  90                  95
Gln Ile Phe Gly Glu Phe Ala Gly Gly Gly Ile Gln Lys Gly Val Asp
            100                 105                 110
Tyr Gly Asp Lys Asp Phe Tyr Val Phe Asp Ile Leu Ser Asp Ser Gly
        115                 120                 125
Asn Glu Lys Val Tyr Trp Asp Asp Tyr Val Val Glu Ser Phe Ala Thr
    130                 135                 140
Gly Leu Gly Leu Lys Leu Ala Pro Leu Leu Gly Arg Gly Ser Phe Ala
145                 150                 155                 160
Glu Leu Ser Gln Tyr Val Asn Asp Phe Lys Ser Ile Val Asn Tyr Tyr
                165                 170                 175
Asn Glu Leu Val Asp Thr Thr Asp Leu Glu His Ala Asn Lys His Val
            180                 185                 190
Phe Gly Pro Gln Ala Ser Ser Glu Thr Gly Val Ala Glu Gly Tyr Val
        195                 200                 205
Leu Lys Pro Val Asn Pro Lys Phe Phe Asn Asn Gly Thr Arg Val Ala
    210                 215                 220
Ile Lys Cys Lys Asn Ser Lys Phe Ser Glu Lys Ala Lys Ser Asp Lys
225                 230                 235                 240
Pro Ile Lys Ala Lys Val Glu Leu Thr Asp Thr Asp Lys Arg Val Leu
                245                 250                 255
Glu Ile Phe Ser Glu Tyr Val Thr Trp Asn Arg Val Ser Asn Val Leu
            260                 265                 270
Ser His Ile Gly Thr Val Thr Ala Lys Asp Phe Gly Arg Val Met Gly
        275                 280                 285
Leu Thr Met Lys Asp Ile Ile Asn Glu Ala Ala Arg Glu Gly His Asp
    290                 295                 300
Met Leu Phe Ala Asp Asn Pro Ser Ala Val Lys Lys Glu Leu Thr Thr
305                 310                 315                 320
Leu Ile Gln Asn Thr Ile Arg Ser Lys Trp His Glu Val Leu Glu
                325                 330                 335
```

<210> 1071

<211> 182
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 1071

Met	Arg	Leu	Ala	Leu	Ile	Gly	Ser	Arg	Glu	Ala	Pro	Arg	Arg	Val	Leu
1				5				10						15	
Ser	Leu	Met	Thr	Ile	Ile	Gly	Gln	Arg	Leu	Ser	Glu	Glu	Gly	His	Phe
		20					25					30			
Ser	Tyr	Ser	Gly	Gly	Ala	Pro	Gly	Ser	Asp	Glu	Ala	Trp	Leu	Ala	Lys
	35					40					45				
Tyr	Asp	Arg	Ser	Asn	Ser	Cys	Arg	Ile	Ile	Pro	Tyr	Ser	Gly	Phe	Cys
50					55					60					
Gly	His	Val	Pro	Asp	Thr	Gly	Val	Val	Val	Trp	Ser	Glu	Leu	Ser	Asn
65				70					75					80	
Glu	Ala	Lys	Ile	Lys	Ser	Ile	Ile	Lys	Ala	Arg	Glu	Val	Thr	Ser	Tyr
			85					90					95		
Trp	Asp	Glu	Cys	Ser	Lys	Ile	Val	Gln	Thr	Leu	Phe	Ala	Arg	Asn	Ser
		100					105					110			
Met	Gln	Val	Leu	Gly	Leu	Glu	Cys	Thr	Glu	Pro	Val	Asp	Lys	Val	Leu
	115					120					125				
Tyr	Trp	Ala	Pro	Glu	Lys	Arg	Cys	Gly	Ser	Val	Ser	Gly	Gly	Thr	Arg
130					135					140					
Val	Ala	Val	Asp	Ile	Ala	Arg	Arg	His	Gly	Ile	Glu	Cys	Val	Asn	Leu
145				150					155					160	
Tyr	Asp	Lys	Asn	Val	Phe	Lys	Ser	Leu	Glu	Glu	Glu	Tyr	Ser	Pro	Arg
			165					170					175		
Phe	Asp	Ile	Phe	Ser	Leu										
		180													

<210> 1072
<211> 426
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 1072

Met	Ala	Lys	Ile	Asn	Glu	Leu	Leu	Arg	Glu	Ser	Thr	Thr	Thr	Ser	Ser
1				5				10						15	
Asn	Leu	Ile	Gly	Arg	Pro	Asn	Leu	Val	Ala	Leu	Thr	Arg	Ala	Thr	Thr
		20					25					30			
Lys	Leu	Ile	Tyr	Thr	Asp	Leu	Val	Ala	Thr	Gln	Arg	Thr	Lys	Gln	Pro
	35					40					45				
Val	Ala	Ala	Leu	Tyr	Gly	Ile	Lys	Tyr	Leu	Asn	Pro	Asn	Gly	Asp	Leu
50					55					60					
Thr	Phe	Asn	Thr	Gly	Ala	Thr	Tyr	Ala	Gly	Gln	Ile	Gly	Ala	Pro	Glu
65				70					75					80	
Arg	Glu	Ser	Ile	Glu	Glu	Leu	Thr	Met	Ala	Asn	Lys	Asp	Ser	Phe	Asn

85 90 95

Lys Asp Asp Met Phe Lys Tyr Gln Asn Val Val Phe Lys Val Leu Lys
100 105 110

Asp Ser Pro Phe Thr Asp Thr Ala Glu Thr Asp Glu Phe Gly Ile Val
115 120 125

Ser Glu Ala Val Ala Ala Asn Asn Ile Arg Met Leu Ser Asp Ala Ala
130 135 140

Val Thr Glu Lys Phe Glu Gly Pro Asp Ser Asp Pro Ile Thr Glu Ala
145 150 155 160

Ser Phe Lys Ile Asp Lys Trp Gln Thr Gln Val Lys Ser Arg Lys Leu
165 170 175

Lys Thr Asp Leu Thr Val Glu Leu Ala Gln Asp Leu Glu Ala Asn Gly
180 185 190

Phe Asp Ala Pro Glu Leu Ile Asp Asp Leu Leu Ala Thr Glu Met Ala
195 200 205

Glu Asp Ile Asn Lys Asp Ile Leu Gln Ser Leu Ile Thr Val Ser Ser
210 215 220

Arg Phe Lys Val Ala Gly Val Ser Asp Lys Gly Val Leu Asp Leu Thr
225 230 235 240

Lys Gln Asp Ser Ala Pro Glu Gln Gly Arg Thr Leu Tyr Arg Phe Ile
245 250 255

Cys Glu Met Asn Ser Ala Val Gln Arg Asn Thr Ser Tyr Ser Gly Thr
260 265 270

Tyr Ala Val Ala Ser Thr Arg Cys Ala Ala Val Leu Ala Ala Ser Gly
275 280 285

Trp Leu Thr Gln Lys Asn Asp Gly Ser Ile Pro Glu Asn Ala Tyr Gly
290 295 300

Met Leu Asn Asn Gly Leu Pro Leu Tyr Cys Asp Thr Asn Ser Pro Val
305 310 315 320

Asp Tyr Val Ile Val Gly Val Lys Ala Glu Phe Gly Gly Lys Glu Thr
325 330 335

Val Gly Ser Leu Phe Tyr Ala Pro Tyr Thr Glu Gly Leu Asp Leu Asp
340 345 350

Asp Pro Glu His Val Gly Ala Phe Lys Val Ile Val Asp Pro Ala Ser
355 360 365

Leu Gln Pro Ser Val Ala Leu Leu Val Arg Tyr Ala Leu Ser Val Asn
370 375 380

Pro Tyr Thr Val Gly Leu Asp Glu Asp Glu Ala Arg Val Ile Asn Ala
385 390 395 400

Ala Asp Met Asp Lys Met Ala Gly Arg Ser Lys Met Ser Val Leu Leu
405 410 415

Gly Val Lys Leu Pro Lys Leu Ile Ala Asp
420 425

<210> 1073

<211> 78

<212> PRT

<213> Unknown

<220>

<223> Description of Unknown: Bacteriophage F387/08
<400> 1073

Met Asp Ala Gly Ile Tyr Tyr Ala Pro Tyr Val Ala Leu Thr Pro Leu
1 5 10 15
Arg Gly Ser Asp Pro Lys Asn Phe Gln Pro Val Met Gly Phe Lys Thr
20 25 30
Arg Tyr Gly Ile Gly Ile Asn Pro Phe Ala Asp Ser Ala Ala Gln Gln
35 40 45
Pro Lys Gly Arg Ile Thr Ser Gly Met Pro Ser Ile Val Asn Ser Val
50 55 60
Gly Lys Asn Ala Tyr Phe Arg Arg Val Trp Val Lys Gly Ile
65 70 75

<210> 1074
<211> 144994
<212> DNA
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1074

ctttgttcaa attcctatat ttagtttaat accaatacta aggtataaat tagaagaaca 60
aggtatagga ttaatagaaa cagaagaatc ctacacaagt aaaacgtctt ttattgataa 120
tgaaaaacca atcaaacata atgtttataa aggtaaaaga gtaaaaagag gtctctttaa 180
aacagaagag ggtagaatat taaatgctga tgtaaatggt gcatttcaaa taatgaaaaa 240
agtattccct gatgtagaaa taccaaggga taatgggttt gtgtataacc cattcttaat 300
aaattgttaa aaaaacaaca aaataagaaa aaatttctca aaaagtagca ttatgtgaag 360
agaagtgtta cattattatc gagaattcaa taataaagca tagggaaggc tttttctatg 420
tcttatagaa tgctttaaaa tagattacta aaataaagat tggagattaa gcttatggct 480
aaaaagaatg ttaatgatgt attacaacaa gaatctgtta cagtagcaga taagtattta 540
caagttaaag ttaaccgtga cggttatact cgtacacatg aaggacaata tgcgtacaaa 600
gtagtttcag agggagaaga actattctta taccctgtac aaacagatgg taaaggtaca 660
ttaaatgtaa tgaagaaatc acctattgct tacactgatg gggacaatat ccatttcgta 720
gtaaacacag tagtagaccc ttataatcac tcatttatcc gtactgaaga tatcaaagga 780
ttagataaag gtaaacaact tattcaagct ttcttagctt tcgttgaaga ccgtttcaaa 840
tttggtgttt ataacgtatt tgttgcaaac agcaaagagg atgtattatc tattgtagac 900
cctacagata atgatgcaga tgaagttaaa gatagtttag agcacgcaca tgaagatgta 960
attgcggatt tccctgctag ccctgctcgt aaggacgtta aaggcgtaga ttcaggagaa 1020
ggtcaaggag acacttcaga accatcagca cctaagaacg ttcaagttac tcctaaggaa 1080
gacggagcag acgtatcagc agaataatat atagataagg atggtaaatt tggctaagtt 1140
aaatttatac aaaggtaatg agttactaaa cagcgtagag aaaacagaag gaaaatcaac 1200
aatcacgatt gagaatttag atgctaatac ggattatcct aaaggtactt ttaaagtatc 1260
attctcaaat gattcaggag agtcagagaa ggtcgatgtc cctcagttta agacaaaagc 1320
aattaaagtt atttcagtta cccttgacgt tgatagttta gaccttacag ttggagatac 1380
tcaccaacta tcaacaacta tcacgcctag tgaagcatct aacaaaaatg tgtcatttga 1440
atcagacaaa tcaggtgttg ctagcgtaac atcagaaggc ttaattgaag cagttagtgc 1500
aggaacagct aatgttactg taactactga agatggtagt cacactgata ttgttgctgt 1560
aacagttaag gaacctattc ctgaagcacc tgcagacgta acagttgaac ctggtgaaaa 1620
tagcgcagat attactgcat aggaggacaa taaagaatgg aaaagacatt aaaagtttat 1680
agtaatggtg aagttgtagg ctctcaagta gctaataacg atggagctac tacagtatct 1740

attacgggct tagaagccgg aaaaacttat gctaagggag cttttaaagt agcatttgct 1800
aatgattcag gtgaatcaga aaaagtagat gttcctgaat ttacaactaa aactcctact 1860
gaagaacctt caggagaagc atagtaatta agaccaacta aaaagttggt ctttttttat 1920
tgacaattta taatatctat gatacactat ataagaatta agaaaaggag ggaaagtaat 1980
ggatattcca acaatattat ttagaaatcc atatgattat acgaaagtaa aaaaactaat 2040
ggaaaacaaa gagcagtaca ttgtagtaaa gtttgattct gtttctgttc ataatttaaa 2100
tgttcaaggt atgatgaatg tcatccaaga ttacctacac atctatggtt atagggttaa 2160
agagtacggg caagaaaatg cttctaaaga tgatgaaaga gacgttaaag gttacttata 2220
tgaaagagta ggtgagtagg atatgggaat tatagtaaac tccaaccata ttcaatcaga 2280
cactttatat gagtatgata gctttttga tattgagaaa gtagatacat ttgaagaagg 2340
attgctttca atacaagatg aaccaactgt tttagcagga ttcatctatg atgacatcac 2400
atttaataag gttattaatt ctaattcaga tattgatgat tatattaaga ataatgatat 2460
ttattatgtc tctgatatag ggttactccc tgatactttt atcactgttg attctgataa 2520
aaaatattat tcattattac aacaggtagt tgagttaagt aaagaccctt ttcctaaatg 2580
ggtagaggat gatgcaaaag gcttaactaa gtattataac tttcaagact ttgaagatgt 2640
atttgattta aatagttttt acaaaaaaga agttgacatg gtaagagaaa agtgctataa 2700
taatggtaat gtatatttat tatatgaggt tctgcctgat tataaattac ctctagctta 2760
tagtttactt tcaaacaaag agcatggtat tgttattatc ggttcacaga cacgttctaa 2820
taatgatata ctgacttttt atgttaaagg tatggatgct aaagcaatag ctagtatgtt 2880
caatgtagaa catgattatg attctaatat tttccataca tttgtaaaca gtcacattaa 2940
tattttagga aatcaaataa ctaagtttat aagagagaaa ggaagcagtt atgagtaact 3000
ataaaacaat agaagaagta caagcagtta ttattggggt attatttaaa gatgaaggta 3060
aaattgtaac atctaagttt aataaaatta ctaaagagtt tggtttagat agaatcggta 3120
aagatgacct taaagaaatt gtagaggata ttagacaaga cgcttatcta aatgaactta 3180
aaaacaaagc aattaaaggt aaagtaacgt taggtgattt aaaagatgtt gcagataacc 3240
aagtattcga aggtaataac taccatgaag aagtatctac ttacgtagta gctaaagaaa 3300
aagaattgtc tcacttaaga gaacagcgta agcacaatag gcatactgca taccctcaaa 3360
ttatgtttga tgaacttaaa gaacatatgg ttaaagaatt acaaggggaa acattagtag 3420
aacatcatgg aagtaaagct aatattaatg atacagagct aattgtgtta ttatcagatt 3480
tccatattgg aagtattgta tctgatatga ctaatggtaa atatgatttt gaagttctta 3540
aagcaagatt aaatcatttt attaatacaa cagttaaaga aattgaagat agagaaattt 3600
ctaatgtaac tgtttacttt gttggggact tagtagaaca tattaatatg agagatgtta 3660
accaagcatt tgaaacagag tttactttag cagaacaaat ttctaaaggt actcgattac 3720
ttattgatat tctgaatgta ctatctaatg tagtttcagg agaattaaga tttggtatta 3780
ttggtggtaa ccacgaccgt atgcaaggta acaagaatca gaagatttat aatgataata 3840
ttgcttatgt agtgttagat tctttattat tattccaaga acaaggatta ctaaatggtg 3900
tagatattat tgataaccgt gaagatattt atactattag agataccttt ggcggtaaat 3960
ctattatcat taatcacgga gatgggttaa aaggtaaagg taatcatatc aataaattta 4020
tcctagatag tcatatcgac ttattaatta caggtcatgt acatcatttc tcagtaaaac 4080
aagaagattt taatagaatg catatcgtag cttcatctcc aatgggatat aataactatg 4140
ctaaagagtt acatttatca aaaactaaac cttcacagca gttattattt gtaaataagg 4200
aaaataaaga tattgatatt aaaacagtat ttttagatta aggatggtta ataaatggat 4260
acaatttta ttataggtgt agcgtttata acttttgcaa catttaacat agtctttaga 4320
ctatttgatt tatggactac cgagaaaaaa atggtaagtc aaggacaacc cccgctaagt 4380
aattttgagt actatcatgt gatagtacct tacttagtag gtgttattgt tattacacta 4440
agtattattt ttagagattc cttgtattcc gcacaatcag ggttcggtat tattattaca 4500
agctttattt acatgctagt ttatgttata attggtcttg tagggtcatt tatacttaca 4560
atattccaag ctagaaaagc tagacagtat caaacacagg aggataataa tgaagttcaa 4620

tgatatttat gagcaattaa ttaaaaatga tacagtacaa aacattcatg agtctcaaga 4680
tgacaaagga aatatttata caatccaatt tgataaaggt aatgataagt atttatttaa 4740
tgttattaat gatggattct tgaaagaaat gacaaacggt atggtagacc atcctgaagg 4800
tcagccatac tcagtaagtt taatcaataa agaaacacct agtatgtcag tgaaacaata 4860
tttaacagat gtagaagata ttgtacctac tattagaaaa atggaaaagg atttcttata 4920
gagtcaagtc tttacttgac tctttttact atatatggta tattaatata gaggtgactt 4980
aaaaatggat tttaatttta gtgcttttga taatagctca ttagcaatga gaattagtga 5040
gggtgtatac tatttcaatg atactcctta ttactttatt gagcatgtag aagaagaaat 5100
gtctgagtat gttattgtgt atgacataca tgacagagag gaaaaagaaa atcctcagaa 5160
gaaatataga atagaacctt accaacgtac aatacctggg ggaacacctc ttagtaactt 5220
aattaagagt atgatgcctc aacgtaagta tcctaagaag gttacagaag accctatatt 5280
tgtagctaat gttattcctt taggaacaga tacagtaaca ggtaaaaccg gtaaaggatt 5340
ttttgaaaga gataaggata gaactatcta ttctcaaaag gaaccaacta aagtcgttca 5400
tggtcaatat acaggtgttt ttataggtct aacaagtgtt aagtggaata gaacatatac 5460
ccctctagaa agtgttgttg agtactacaa aagggttaaa ggggataggt taaatgtcta 5520
atgatgtagt taagttttat gaaaaagata ttaaagacct tatcagaact aaaaaacaca 5580
tgttcaaaga cgatgaaata actagtgata taaacgatat acgaatcttt aatgagaaag 5640
tcatttgtca aggtaagtgc agaacagatt gtttagtact agaccgtaat ggtacagtaa 5700
tgggtataga gataaaaaca gaacgagact ctacacagag actaaataac caattaaagt 5760
attatagtct agtatgtaag tatgtatatg taatgtgtca tgataaacat gtacctaaag 5820
tagaacaaat acttaaaagg tataaacata atcatgtagg tataatgagc tacattagtt 5880
ttaaaggcaa acctgttgta ggtaaataca aagatgctac accatcacca catagaagcc 5940
cttatcatac aatgaatata ttatggaaga caaacttaat gacaatactt agattgatta 6000
gagaccctca tacgtataga acagggtata gctataatgc tagtggtaga tatagtggcg 6060
gagaaggtaa tttctcccaa acaactcaaa gtaaaagaat gaaaaaacct gctattatta 6120
atcaaataat tcattatgta ggggtagata atacttataa actctttaca agaggtgtta 6180
tctatggtta taataatagg tgggaagtta tagaagaaga tttctttaat actatgaaga 6240
atggggtaag agtaatcaat gagcaaagac aaaccaaata gacgtaaaga gatacaacat 6300
cagcctgtta actttgcccc tatgaatact ctaacagggg ctaataatag tttctttgct 6360
aaaaagcctt cagagcctaa ggatgcaaca tctgttattg aatatcgtat actatttatt 6420
aaaagatttg ataacgtaac aagtacagat gtgaaattac agaaaaagta tgcactaaat 6480
cttattagtg aagcacttga tgttaaagaa acttacttgt ctcttaagca aaaaggaaaa 6540
aaaacagaat ctattttgca tacagataga gtttattatg ttcatagagg taaaaaactt 6600
attggaaagt gtagtatcag agaacaaaga acatttaaag gtaaacattt gatatttata 6660
ttcaaaacaa gacatagagt taaagcagaa aggaaagata aataatgtta aaaggatttt 6720
cagaacatgt agacaaacct acaactacta agaccttata caagacctta acaagtggta 6780
aagtagaatt actaggtgta tcctacgata gtgattactt cccttcaggt gttacagtac 6840
aatcttacat tgaggatata ggtaatgaag atgagggtct acagtttgtt aataagataa 6900
atgtagtaga atcaatgaaa caggctgtag taggtatgaa taatcagtta ggttcttcag 6960
gtcttggcta tgtgagaact gaacaactta aaaaagagtt agaagagact ggactaatga 7020
cagatttact tgctagaggt actaacttaa cctctactaa gaaagtagat attgtaagta 7080
cttttattga gcctgaggta acataccagg atattactat agctaaagat attaaactac 7140
gtttgtataa attagaagaa gaatcaccat taaatggtta cactcatatt gtatacttac 7200
ttactacaga aaagctatat gatggtcaaa cactattcgg tatgctctct aaaaaagata 7260
agttatctaa aggagatact gataaattat tagcattctt cagaaacaat agcttaataa 7320
gtaaaagtgt attttgtgtt aagttattaa gtaaagacta ctactttaat ttatataaca 7380
cacatgagac agggatattc tttttagaag acacagatgt tattactatt gcttgtggtc 7440
agtcatatgt taaagttaat actaaagata ttaaatctag ttatgttaaa attgaagaca 7500

agactcataa attaactgag ctagtaatta acttaaaagg tgacgacaca ttaactattt 7560
tattctaaga gaatgttata aatatgtgat aattaagtat aaatatacgt tatatgagaa 7620
gttttcataa tgtttttaat acagaaacta gttaagtttt ttctacttgc tctagtttct 7680
gtgaaattat atttatgaaa agttaaaata tcttttaggt aaaggctttg taaatagtta 7740
aaaaatatat taaaatttta tacaaagtag ttaataaaat tatattacat ttatatatta 7800
tgaaataata acagaaattg tgatatatta tatagtgtaa ccttgaaaca gttgatgttg 7860
tagggtttgt ttatgttcgt taaactggtt tcagaacacc agttaccata aataaatgac 7920
agttaaggag agctatataa tggctagaaa aaagaattta cgaaataaaa acagtgatat 7980
aaaagttgtt cctgataaag aaaaagaaag catattatct aagctatatc ataataaatt 8040
actacgctca aaggtagata atgcattaga tgaagatatg agttatgatg atattataga 8100
attatgtaaa gaatatgatt tagaattgtc taagtcagct attacaagat ataaaagtaa 8160
aagaaaagaa gctattgaaa acggttggga tttagaagaa ttaattgata aacgtaaaaa 8220
aacaagtgta aaagatatta aggaaaaaga aactcctata ttagaagagg agcaactttc 8280
tccatttgaa caatcaaaac atcacacaca aacaatttac gatgatattc aagtactaga 8340
tatgattatt tctaaaggtg caaaaggact agaatttgta gaaactttag accctgcgtt 8400
gatgatacgt gcaatggaaa caaaagataa gattaccgga aaccaattaa aaggtatgtc 8460
atttattgga cttagagagt tacaattaaa acaaacagct caagatacag ctatgagtga 8520
agtattatta gaatttatac ctgaagagaa acatgaagag gtattacaac gattagaaga 8580
actacaaaat gaattctaca aaaacctaga tttagatgag gaaagtagaa aattaaaaga 8640
agctcttgat agagtaggct acacaattta gatagtgagg ttagagtaat ggcagatgag 8700
attagtttaa atccaataca agatgctaag ccaattgatg atatagtaga gattatgaca 8760
tatttaaaag acggaagagt actgagagtt aagcaagaca accaagggga tatccttgtt 8820
agaatgagcc cagggaaaca caaatttact gaagtatcta gagacttaga taaagaatca 8880
ttctactata aaagacattg ggttctctat aatgtatctg ttaactctct tataacattt 8940
gatgtttatc tagatgaaga atattcagaa acaactaagg ttaagtatcc taaagatact 9000
attgtagaat atacaagaga agaccaagaa aaagatgttg ctatgattaa agaaatactt 9060
acagataata atggtaatta tttctatgca cttacaggag aaacaatgct ctttgatgaa 9120
aataaattaa ataaagttaa agattagggt tgacagcttc tatagtttat gatatagtat 9180
atgtatacta aaaataaagg agctaacaat tatgtttatt tcattaaatc aagaagagaa 9240
agaattatta actaaagagg aaagtaaata cacaccacta gaaacatcaa gagagtttaa 9300
cacacctaaa gaagaattca ttgtaacaag ttataacgaa ggtaaacctt tagattacat 9360
tgcaaaagaa gctaaggtaa gtatgggatt aatttacaca gttctaaact actataaagt 9420
aggtaagcgt aataagaaat cacctgtaga agaaagaatt gcacatatct taaaagataa 9480
aaacttagtc aaagagatta ttaaggatta ccaatatatg aatttacagg acatttatag 9540
taaatataat cttcataaga atggtttata ttacatctta gatttatacc atgtagaaag 9600
aaaatctgaa cttaaggaca aagcattaga agaggataat attgtcgttg agtaagtaaa 9660
gaggttataa tatgagaaat aaaaaatcat ttcaagagca gttaaatgac atgcgtaata 9720
aagagaaatg ggtatctgaa gaggagttca ctgaagaagt ggctccttct gaagaacctg 9780
aagtagaaga agaaaaacta tatactttaa atgagttaaa agagaactta ctagatgctc 9840
aaggattaaa agatgttgta gctgattttc ctgcatctaa agatttatat gaacctaata 9900
aactatatat ctgtacaata cctaaaggat atcagtctac tgaagtacaa ccaggacaat 9960
atattggtat tagtactgga ttattatcag agtcagaaga cttcagtcat ttaagaggtc 10020
aaatgcctag aaatctttat gaaacttctc atgttttaaa acctttagtc cgtattaata 10080
atacaagtat cgaatatcaa cagcatgagt tacttgaaga tattaaagaa gacaagaatg 10140
tatatgatgt tgaattagaa gacttgagat tagcaacagg agaagaaatt tcttatttag 10200
agattgttga tagtaagttt tttgaaagtc gtattaatga agttcttgat ttttaccatg 10260
aactaacgga ttccgatgat ttgcttgagt attataacaa attacgagag ttagtcggaa 10320
atgatagaat gatttattgt ccgcttttaa ataaatgtgt taaaattata gattaatagt 10380

agtctcctct tatattataa ctgtaagagg agacattttt gtatagaggt gttaattatg 10440
tcaagaaaag caagtatatt ttatatacta gtggttattg ttttggcttt ctctatctca 10500
tcttattata tatcttcttt catgtatcac gacaaagcaa aaaatgaagt ctctactgag 10560
ttatcgaaca caggaaagat taaagaagaa aagaacgtag aatttgttgg tgactacaca 10620
ttgaaaaaag tggaagataa taaagcttat tttatggaaa cattacctac ttacctacca 10680
ggtagaacag gagataacag catagatatg aggtactaca aaacaagtag atttaaggaa 10740
ggggtaaatt tcaagcttat tagggtatat actgaagatg gagaagataa tccaattcat 10800
aagtataggt ttgaagcagt accaaccaaa aagtaataag gaggtgactt aaatgacaac 10860
attaattgtc gtcatcttta ttgctatcat ttattactta tggaacagtg attgagtcaa 10920
gttaattctt gactctcttt ttgttttatg gtatattaat atatagaaag gagagattaa 10980
ttatggaaat ggcagattta gaaagatttg atgcatttgt aagactaatt tcagatgatg 11040
agctttcgga ggaaagaata ctggagttaa gcgtagactt actaaacccg atactagaag 11100
gaggtacagc ttacagagct aaaaaacgta ttaaaagtaa atttggtaag ttagaagcaa 11160
aaaactttaa acgaaactat aaattcttac ttaagtcgat agctcaaata gaccaaagga 11220
gataggacaa tgacagaaag ggaaaaatta attaaagaga ttgaagaggc taacagagac 11280
atacagttac agttaaaaga agtagataat tataaggata gtatacgctc taaaggaaca 11340
agaaattata tctctacaaa ggtattagat tctattacgg ttggtttcat agttagtttt 11400
ttaatactca ttataatgcg tgtacttgaa tactttgtaa caggtaatgc tgtttattca 11460
cctttagcgc ctgcagttat cattatgttt gttttagcac tcggtacatg gaaagtaagt 11520
aagatgaaca aaatagtatc ttatagagga actattaaga tgtactggga gctaagtaat 11580
gctgagcaaa aacaagctaa ggtatttaag tatcctaatg atgaagtaga tattgtatca 11640
aaacataact taaggcaaat aacttttagt gagattaata tacttcatct taaatatatg 11700
agatataata aagcagtaga acagcatact aaattatcta aagaactttt taaaaaagat 11760
aaagaaacgg ttgacaagaa taaataagtg tagtatagta ttactaaagg aggagagata 11820
ttatggttat acctagtatt aaagcacaaa acaaattcaa gaatgaatta gagtattata 11880
aacaaggtca cattagtgaa agtaaaatgt tagaattagc ttttgattac atccaagaat 11940
tagaacaaaa taacgaatac gttactaatt tgctagaaga ggagagatat ggtgagtaaa 12000
tttatcggag tgtacttatt taatttacta gtggtagctc tagtttacac agtaggattt 12060
ttattctttt atggtgtagc tagcttagtt attattttaa ctcatgctac tattgacccg 12120
ttcgtattag ctactttctt aggaatagga ttcttagtta ttagaactgc acacagaatt 12180
atggcacgag taatcaatga cgcagtagcc caagccatta aggataaaga aaatgaataa 12240
aggggaattt attatggata aaacattacc aaagtttagt gtatatgaag ttattgtaaa 12300
gactgtaatt atgacaccaa cagaaggaag ttctgaccta gaatcatttt acttttcaac 12360
tagagagtta gcagaaagat ttgttgaaga gaacacagtg gaaacaaaaa acggtaaacg 12420
tgtatctttt gctgttaaag aacgtaaagt aaatcaacca ggctaacatt aatttgttag 12480
ctttttttta ttgacaaatc attttatata gtgtatagta atattataca gaaaaggagg 12540
aattattatg aaagtttcag aagaagtaaa acagagttac ctagagaata aagctaatac 12600
taaaatggat aagataagtt ggtctgagtt aaaagctagt cctttaggta ttaccttagg 12660
tgatattata ttttatagtg tagttattat agataacatt atagctatta ttttaacttt 12720
aaccttgata ggtactatta ctgactcaat tgagagtact ttagcccaaa taatcgtagg 12780
ggtgttcata atcattacta tatatggaat cctatcagcg ttaataccta ttctaattca 12840
taaagctgta tcaccgggat ggagttatac tgaatggaat gaatcctatt acatcagatt 12900
acctggggaa gagaactaca aatactatag taaatggtat ttagatttat taggagttaa 12960
agaattttac tataaaagag atagtggaga agaagtaaaa gaaaaaaata tatcatgggc 13020
ttttcaagct gaagtgaaaa gacctgaaga tgttaaccac tggaaaaacc agttgcttac 13080
taatagacct ttaacaattt tagaatataa aaaattaaag aaattagata aggaaagtga 13140
aattaggaaa caagaagatt tagaagaata caaacaatac aatagtaatt aaagaggtgg 13200
aaagcaatga taagctcatt tgatagtata ctacttgtca tatacattat tatagctttt 13260

gcagtagcta tggcaattat ctacttagta tttaaaggta tgactatttt actagataaa 13320
ctaatgatgt tattattaag taaaactaca ttagatgtag aagcttgttc tatgataatg 13380
gcagtcatca gtacaattgt gtttggaatt attgtacttt taatatggct agcagtaaac 13440
aatattttac tataaggagt tttattatgg attttaatga ttttataaac agtgaatcgg 13500
atagagtagg taatcctaaa caaaagaaga aggtagagaa taagctacct tcttctattc 13560
ctattgaaga tagagaaaag aaattaaaag agataagaaa gaaatcatta tatattgatt 13620
taaggagaaa aagaaatgac taaagaaaca aatgtacttt acaaagataa gtatagagat 13680
tatactatag ttgtaagact agcaggtaat attattgtta ctgaggtaga taagaaacat 13740
aaaacagcat ttacacctat tatatttgac aatggtgtag aaggcgtaga gcttgtaatg 13800
cgtataggtt ctgtagagct tagcatgaca gatttacgtg agttcacaaa ggaagtatct 13860
acagctcaga aagctttaga atattttaat aaaaaacttt acattaaagg cttgacagat 13920
gaagcatttt aatatatact aaaagtataa ataaaataaa gaaaagagga atgattatta 13980
tgttattagg aattttatgg tttatatggg gatttgtatc gtactttgta ttgatgtttg 14040
gaattgagtt ttgtaaagat agatggatgc caggtgttat cggagcagga gccttactac 14100
tattcttatt ttggattatg aaatctatcc ataatgctat gacagtagta tacttgtatt 14160
aggaggttgt atagatggat atactaatta ttcattataa agaaacaaat aaacgagttt 14220
taaaagaaac aatacaaaca atacaaaatc atttaaatga tgaacatggt ttggttaaga 14280
tgacagcaac aaaacttagc agagagaata tagagaaaag atttaataac tataatatag 14340
tcattgcaga agatgaccct gataattcgt atcattacag tgaagctgta gaagaagcag 14400
attttattat agacatacca atttcatatt tagatataca tgcaggagta gaatgggatg 14460
ttgataatcc tgtagatatg ctagatagga atccggattt tatagaagct gtaaataaat 14520
taaatgaaga cttaatgtta taaggaggaa atagaatgct aaatgaaaaa ctaaaaaacc 14580
tggaagatac aaaagtatac atgattaata gtattgcaag tttactaagc gcaagtacag 14640
gaaaatcaag taaagtattt tttgatgaag gaactattaa aattgtaagt ggtgaaacaa 14700
aagcagtaga agttattgat aacttagttc acccacactc aggacgttta cctattaaaa 14760
caacagaacg tattgcgcta ggtagattaa cagattcttt acagtttgtt atttcagaaa 14820
tagaagtagt taaagaccaa attatagatg aagaaaatga agcttacatt gattttgtga 14880
tggaagactg ggactgggat taatacctat ggacttatta actattgctt ctgttgcttt 14940
tatagctgta gtcattattg atttgattaa tgatgatatg agctatatgc ttactggtac 15000
tgcaatctta ataaatattt gggcaggatt ttatggatgg tttttcttac tacaagcagg 15060
tatgttactt ttcttactat tagctaggaa agttaaagat gataaggagt caatactata 15120
ctctagtgct tcattaatat gtgcactagg aatgataata aatcttcttt cattttctta 15180
aaaataagta ttgacacctt tgtacttttg tattatactt agtatataac aagtacagga 15240
gatgattaat atgagtaaag aaacaatcag aagacaattt tcaaacgcaa ttgagattat 15300
ggcaacaact aaggaatggt ggaattttcc taaaagtttt aatacaagta aagagtttaa 15360
aattaaaact tttaaaaatg acacacttgt atttgaagtt agggaaggta gtagaaattt 15420
aggaagcttt gtaattttta caaacattga ttttgattac gataaactag aaggaacttc 15480
aacacaatat atgattaatt actttgctaa gaaattaact aaagatatgt ttaactatca 15540
taagttacaa ttatagtagg aggtggaaag atgagagaag agttaaaacc ttttaatagg 15600
aaacaagtta atgttaaggg ttacttagat gatgttaagt attcaaagcg tagaagacat 15660
aaaggtaatc aacatgggtg tgttaaaatc acagttactg atgtaaagat taatggtata 15720
cctattgacc acgttaacat tgaagttggt atctctttct acgaaaaact aaaggagctt 15780
caaggaaaga gaattcaatt tgtaggtact gtttataagt atgttaaaca tgctagaggg 15840
cgcaaaggta gaattaaagg attttataaa gaggattata gcgtaacttt agataagaag 15900
ttacaaaagg aggaaaaata atgattaaaa gaagaaaaca tttagaccac tcattacagc 15960
ctgagaaagg atggagaaca gtacctttta atgggtatta tgaagcgcat cctacgggtt 16020
taattagaaa taaagtaacg aaaaagttaa ttaaaggtac acagacaaga aagaaccatc 16080
ctaagtggac tgctcatgag attgtatact taattaaccc taagaaaaca agttattcta 16140

ggggagtagt tattgcacat acattccctg aaatgattag ccaatcaaga ggagacctta 16200
agaacggtca tgtgtgtttt aaagatggtg accgaagtaa ttgtcatgta gacaacatgt 16260
ttattggtaa aggtaatgtt aacaaaaata tctataaatt aaatgattct tatttaacta 16320
gaaaagatat tgaagaggat gttaataatt tagttaatga aagattattc tctcaattag 16380
aattattgat taagaaaaat gaaccggaaa gaattacacc tagtaatcac tttattaaaa 16440
gagataataa tgtgttcagt atcacagatt tatctaaaaa ctcactagta gagtttgagt 16500
tagaaatcaa gaatattaag taaggtggtt atataaatga atgagtggta tgctttatgt 16560
tattacgaca aagtaggtaa aaagaaaata cctaggcaaa ttaaagctca cagggatgta 16620
tctgtattag aggatttaaa agatagatta gaagaacaaa atcctaaaga agaatacaag 16680
attaaaacaa caaaagaatt tgataaggag agataattaa tgttaacacc tcaacaaaag 16740
gattcattaa aagagcaaca aaaaaaatta agtaaaaaga agaaataagt cttgacaatt 16800
gagtatacat aggttatact taagttaaca aataaagagg aggtatgacc tatgttattc 16860
gtaattttta tattggcagt actgtttgta cttggattta tgaatggatg gaactcagaa 16920
gactagataa ggagtggttg taatgaagtt agaagataaa gtgttagaga gaattgattc 16980
tcttggaaat aaagcaggta acttaagtaa tcaagcaatg gagtcattag taaagtatca 17040
aattacgtac ggtattatag atattgttgt aagtatttta gttattgcac taacaatatt 17100
tttaggtaag gtttaccttа aagaatataa gaaggttaaa atggatttaa aagaaagctt 17160
attgtatgat gactacgata ttctctcttt acgcaatagt tgcaggtata ccaactgata 17220
ttatgagatt aattaatccg gaagtttatg cagtaaaaga tttaattgag caagttaaag 17280
gaggaaattg atatgaagca gagagatttt gaatttgaag aggattttgt attaacttac 17340
gagtgtgagg attgtaagca ttttgaagac tggggtcatg atgaagagcc tgaagaatgt 17400
agtgaatgtg gaagtagtga cttaatcaat aatacaagtc atgaagatac tgagtgtgat 17460
atgtgtcgag gatatattga tatgtggcaa gatggatata gatatatggg agataataaa 17520
gagtatattg aaaaagagga atcaggttta atttgtgaag attgttatga gaaattagat 17580
atttaataag gaggaaatta atatgaataa agcagtagaa caagcaagta atgcattagg 17640
tcaaggattt tcagctatgg tatggcatca agtattagca gggttagggt ttattttatt 17700
aggattggta ttatctttac tggtttgggt attagtaaaa aaattccatg tacctttaa 17760
tcacccgaca gcttttgtag tgtactcaat tatgttagtt agtattgttg ctagttttat 17820
ttggggcggt ttacatgtaa ttaaccctga gtattatgct attttagaac ttaaaggttt 17880
tataaagtag gaggaattct atgactaaag aagagttaga gcaaaaagta aaagaacttg 17940
aagcagagaa taaagagctt aaaaaacaaa tagaacgttt tgaagacgaa ggaggaaaaa 18000
caaaagatga acagtagaca aaagaaaatt ttaacattaa cagtaagtaa ctttttaatt 18060
ctagccttag atactgtagc actaattaga tataaaaaag gtaaaattaa acaagagaat 18120
tataacacag ggcaaattac aagaatgata gctacaacag ctaactcatt aggtattctt 18180
tacttagaag agcaagagcg taaagaagtt aaagatatta aagtaggtac ttttgaaatt 18240
ggagccttaa aaagatttac aaataataaa taaaaaaagt ttaagaaacc tattgacatt 18300
aggtttcttt tattatatac taatattata agaaataagg aggttaactt atgaaaggta 18360
ttatcatatt ttacaaggaa gagaccaaag aggatttagg atattttctt gggtttataa 18420
actttaagct agaaggatta tcttacacaa ctgaaggtac tttagtagat aatgatgtag 18480
tagttttaaa ggataaccaa attaatgagg ataatttaga gcagtttagt atgtcaaaca 18540
ataatttagt tattggaata ctaggtcatt catctctttc agtacgcatc tatgaaaaag 18600
gtattagaca agagtttgat agagtagaag aatatttaga ggagttgaga caataatgat 18660
atttatatta atttttggtt tactatttat tttatcttta ctaggtattt ttatttattt 18720
tatagtttta cgaaagaaaa aacaattaat agaagaaaga gaatcatttg gtatttataa 18780
tagaacaaaa gaaaaactgg gtgatgtaac acgtttaggg tatgaggaag atgtatataa 18840
gttaatccat aaccaatcta ataaaacaat catagaggat aaaaagagta aagttgtaga 18900
tacaattaaa aagatgtatg agctagaatt aacgtcagta gatgtttcta aggtagaagg 18960
attatctcca cttgatacag aacctatgac aaatatgaaa ttactttcat ataagctaga 19020

tagagaagga ttatatagtt taagtaaatt tatttaggag tgatacaatg gaatttatag 19080
ataaaaataa tgtaattaaa gcttatgata taccaaatgt ttatttaaaa ggttatgtat 19140
tacaggcatg tgataaaaat ggagatacaa cagcttatga tggttatgac caaatacact 19200
ataaagaagg tagagtatta acattccctt ttgataaacc attaagaaag ataaatgtac 19260
tatcaggata ttacaaacta tttaaaaagg aggacataat atgatttatt ttgttagtga 19320
tttacatttc ggtcatgata atattagaga attcgaagca cctacaagaa gtcactggaa 19380
ctcagtagaa gaaatgaatg aaggtttaat tgagttgtgg aataatacaa ttacaaataa 19440
cgatattgtt tataacattg gagacttctt tttcaatatg aaaccttcta aagtagaaga 19500
tatacttaat agactaaatt ataaagagat gatactgatt gcaggtaacc atgaccataa 19560
gaaacttata aaactatatg aacgtaatgg tattacagta aagtacgcag acatgattaa 19620
aaaggatggt aagagatttt atctaagcca ttatcctaca ctaataggta gaaaaaacat 19680
gtttaatatt catggtcata tacactcaca attaatgggt actgaatatc acatcaatgt 19740
aggttatgat gtagagggta aaattgccta tagttttgat gatattataa gtagagcagg 19800
tgaatataat ggagaaattc aaaggtaaag atttatataa aactagaatt agaaaacaaa 19860
caattaaaaa tttagttata aaaacagaga agctacataa taaacacgga aagtatagac 19920
ctattggtca tgtttattac tatccgaaaa caaaagagtt tactttatct aagcctgaac 19980
aaaagatatt tatagagtat atgaaagaat taggttttaa tgtaaaacac aggagacgta 20040
agaaaacact tattatttat aagaatgcat tcactgaata cattagtatg tatcatgaag 20100
caatagagca gattgaagga gggacataat ggaatattta tttttattta taggtattgg 20160
catgataatt tggggtttca tagcacctta tcttgcattt gtagtttact ataaacatgt 20220
aagagaaaat cataatggat tcagtgatga ggaatctcta gaagaggcta cagtacttgg 20280
tatgggattc atgtttatag catttattcc tataggtata ctagttgtaa ttgaagaaat 20340
taagatttta ttcttttaag tgttgacaac tacaatatag tgtgttacag tataaaaaag 20400
gaggttaact aatgaagcat tttattttaa ttttagggat tgtaatccta gttattgcat 20460
tagggattgt aatcctagtt attgcattag gtattgtttt accggcatgg attttacagc 20520
tagtattatc tgcattcgga gttaaagtaa gtatttgggt atgtatcgga atatttattt 20580
taatcagtgc aataggaagt atgtttagta gaaattaaag gaggaattac aaatggcaaa 20640
atatgaatca aatattaatg gagagaatta tattgcaaca ccgtcacaag ctttaagaga 20700
agcactagca aaattaataa ctgaggaaaa gagctttgca gagtaccaaa ctaaaggtgg 20760
ggaacagtat gaatcacagt tacaactaag acactttgat gcaatgatat ctcagtatga 20820
ggaagctatt agagtactag aagataaata tagacctcag atttttattc cgaaagataa 20880
taaggaggaa aattaattat gaaagcagaa tcaatagcaa gatttttaa tgacaaagta 20940
ttacaaatag aaggttataa agtaagattt ccgcaggcta gttcatctta tattttagat 21000
atagatactg tagatgaatc agtattgttt ttagacgctc aagtatctac actttcaggt 21060
aagcatttat tagatacagc tattacaatt gagagacctg aaacattaag tgctaaagag 21120
ttatatacag aaattagtaa taaactgcaa gctattgtag gagaccaaac taaaacaact 21180
atagaactat caagatattt taaggaggaa aaataagtgt ctaataaaac tattacaaat 21240
catttattaa atttaaaagg aataaacatt gaaacgtata gtattattgc tcgtatcaag 21300
aaacaaacta gttggggtga taaaggagat tcttttgaaa taagcataag ttataaagct 21360
gataaagacc ctagaacagt gagatatatt acaactgaaa ttactattga ttatagtagt 21420
aataatccaa aagaaatttt attacaatta aaagataaga ttttttctat tgttgaggaa 21480
caggtagaga ctgacaatga ttttattgaa tctattaaag aaattaattc aactaaagca 21540
ttagaaaaac taaagcctta tatcaataat gaatattatt caatgtttaa atcttctatt 21600
gaaaaggaaa tacctgtagc tttatcttct gaagtactca atagatgtac aggtaaaaca 21660
agcacattag cttatttagc actagaaaag gatttaccct tagtagtgtc aaatgaacct 21720
atgagaaaaa tgcttaaaaa taaattccct caccttagag tatcttctgc tgaagattat 21780
tcaaattatg atattaaagg tgaaattgta ttaatagatg aagtagatat tgaccagtta 21840
tatagtgctg ataaagtatc tgttgatgca ctattagtag gtatcattaa aaattaaata 21900

aatttataaa tacctgttga caacaggtat tttttatagt atactttaga tataaagaaa 21960
aaggaggtaa tataatgata cctataatag ttatacttat tggactcata ttatttttat 22020
ctagtggtta taagttggta ttaggtaagt actatgatga tgtagattta aaaatactat 22080
ttaccatatt tggtgttggg attgcattac tacttggagg atttatatta taaaggagga 22140
aacaataaat gaattatgaa gaggtactaa gaactattaa ggaaaataaa ccctgtaaag 22200
ttagattcac aggaaatatt ttagcaattg ttaatgagga atttaatgca gatactgata 22260
aaggagtttt acagcttgat gtatcgaata tcaacaaaga gggctatata agattacagc 22320
aatattgttt agaaagagat gactatacgg tagtaggagc tattttattt taaggagagg 22380
taaatatgaa ttatagagat tttattacag attgtattag cggtggttac aacgtacaca 22440
tcagtgttac agaaaaaaga gtgcacatca tttctgagat gacatcagca tcttatccta 22500
aaaaggaaat taacttagat gaactacaag cttatgtgta ctatatgaat aactttggaa 22560
gtcaaattac aacggagggg ttataaatgg aattggttat taatattgta gcagtattgg 22620
tcggtatgta tgctatttat ttctatgtta caaaatttag tactggctta tcaggtattt 22680
taattgtttt agggatggct attggtcttt acttctactt agactattta aatgtcagag 22740
aaaatgttat tcgattagtt tcagtaatgt ttggagcttt cctatttagt attgaaatga 22800
tttataataa aattatgttc gaaattaaaa aaagcaatgt tcagaagact gttagagtgt 22860
atgataaaga gcagtaatga tttttaccat aaagagtatc taaattactt taagtgctct 22920
ctatggtacc ttaaaatagc ttagaattga aattaaggag atgaatattt atgtatcctg 22980
aaatagatgt agaaaaatta gcgtacaagc taaaaagtac gagagaatat ttagaaagca 23040
ttaaaataaa agaagtagaa atttatgaaa tctatcatct taaaacaggt aagttagttt 23100
ttaaaggtga atatattgaa gtaaaagaat tactgaggaa aatgtataaa gagaatttaa 23160
cacttgtaga tgtagataca atgttaagta ttggtaaagg atttattgat gtaattaaga 23220
atatatcagc agaaaatgta ttccaaataa catataaaaa ggagctctca acaaaatgat 23280
taaaatattt tcagaagtag ataaagaata caaacccatt attactgaaa agtttcctaa 23340
tggtgagatt aattttaaat acgatgattt aaagtattta gtagaagaga acttaagatt 23400
tgatgttttc tttaaatggg aaaatgacgc agatttaatg catttgtata tgtttactaa 23460
gtatttagag caactaggta ttaaagataa agctgaattt ttagagattg catatctacc 23520
ttatagcaga atggatagag tagaagaagg gcataataat atgttcagtc ttaaatacat 23580
tacagaattt attaataacc ttaattataa atcggtatgg gtagtagaac ctcatagtcc 23640
tgtaacagaa gaattactta ctaattctgt tgctattgat gttacactta aattattaaa 23700
tcagtatatt gaaatgtccg aagagcctgt aacaatagta ctacctgata aaggggcata 23760
cgatagatat ctatttgatg tagaacgtat cttaatggaa tctaatattg aatcatattc 23820
aattgtatat ggtgagaaga aacgagattt tgaaacaggt aagattaaag gtattaaaat 23880
aattaaagat aaaaatactt tatatgataa ttgtattata ctagatgact taacaagtta 23940
cggcgggaca tttgtaggtt gtaaaaaagc ccttgacaaa cttaaggtaa gtagtgtatc 24000
attaatattg actcatgcag aacgagcttt tgcagaagga gcattactta gctcaggatt 24060
taaagatatt attgtaacag actctatgtt ccctaaaaat aattgggaaa aagctattgc 24120
taaacataga gctagaatca acggaactga attacaaata aaagatatcg aaagatattt 24180
ataaaaggag aaaaacaaat tatgctaaac ccaactttaa tgtgtgactt ctataaacta 24240
agtcacagag aacaatatcc tgaaggtaca gaaattgtat atagtacatt agtacctaga 24300
agtaataaat attatgaaca cagtgataat attgtagtat tcggtattca atcacttgtt 24360
aaaaaatatt ttattgatat gtttaataaa gagttcttta acagacctaa agaggaagtt 24420
attaatgaat acaaacgtac agttaaattt acactaggac aagaaaatcc tgatgctaaa 24480
cacttagaac aattacatga cttaggttat ttacctattg atgtaagagc tttaaaagaa 24540
ggtactgttg ttcatcctaa cacacctgtt atgacaattg aaaatactca ctcagatttc 24600
ttttggttaa ctaattactt agaaacgatt attagtactc aaacatggca agcaatgact 24660
agtgctacac tagcatatga tatgcgtaaa atgctagata aatatgcaat ggaaacagta 24720
ggtaatattg aagcagtgga tttccagggt catgacttca gtatgcgtgg tatgagttct 24780

ttagaaacag ctcaattaag ttcagcaggt catgcaatta gttttaaagg cagtgataca 24840
gtacctgtag tggatttctt agaatcatat tacaatgcag acgtagagaa ggaaatggtt 24900
gttgcttcta tccctgctac tgagcactca gtaatgtgcg caaatggtaa ttatgaaacc 24960
atggatgagt atgaaacata taaacgtatg ttaacagaaa tatatccaac aggaattttc 25020
tctattgtat ctgatacttg ggacttttgg ggtaatatga ctaaaacttt acctagatta 25080
aaggatatta ttatggaacg tgatggtaaa gtagtaatca gacctgatag tggagaccct 25140
gttaaaatta tttgcggaga ccctgatgca gatactgaat atgaacgtaa aggtgcagta 25200
gaagtacttt gggatacctt tggaggtact gaaactgaaa aagggtacaa agtattagat 25260
gaacatgtag gattaattta cggagactct attaactatg aacgtgctca acaaatttgt 25320
gaaggattaa aagaaaaagg ttttgcaagt attaatgttg tattaggtgt aggtagtttc 25380
tcttaccaat ttaatactcg tgatactcac gggtttgcaa tcaaagcaac gtatgctaag 25440
attaaaaatg aagaaaaact tatctataaa aatcctaaaa cagatagtgg taaacgttca 25500
cataaaggtc gagtagctgt atataaagac ggttcatggg aagataactt aaccttacat 25560
caatggctaa acaaacaaaa tgttaatcaa ttagaaagag tatttgaaga tggtaagctt 25620
tatagagacc agtcgttaag tgaaattaga gaaataatta aaaataatta ataaatattt 25680
aaactcccta ttgacaaagg gagtttttta ttatatagta gggttatagt aaataaagga 25740
gtgaaagaaa tgatttataa aatatcaaaa cataattact atagtaggtt tgaatattca 25800
tcttatttac ctgatgaagg atttgcatac atagattatg tagatgtcat tcttataggt 25860
gtagataatc cgaggaagag aaaagttatt actttaaaag cagatgagtt taatcctagt 25920
gattttaagg ttggtcataa atataatatt ataaaaatac tatggtttga gaaatgggaa 25980
tggttacagc catagggagg agaggtatac aatgattata gataaattaa atggagttaa 26040
attagagatt ggcggtcatg ttgtatcatt tagtgtaagc aaatttaaaa cgattaatgg 26100
tgagagacaa ttacttgatt accaccatat caaaagacgt aaacagaaat attttagaac 26160
tactgaagaa ttctataatg agtacaaaga aataaaaccc gataagaatg aaatagatga 26220
aatgtttgaa tctttaggtt atgtagatac taaactagaa gatgtagtaa gaaaccaaga 26280
gaaagtgaca gagatattag gagttagtga acaatactta aaccaattgt cttataaggc 26340
tatagaggaa tatgtagaca aaatagttac cttagaaatt aaagaattaa aaggagaaaa 26400
atagtatgag taatagttgg gaaaaagaag gagttaacta ctgggaaaat gaagattgcc 26460
ctagagaata cttagagaaa gcatttatag aattagttga atacgtagaa ggtgttacag 26520
taccatctag agatgttcag cagttgagag aggataagct tagagaagat attggatttt 26580
atgagtatgt agcagataaa taaatacaca tctacctatt gacttaggta gatacttatt 26640
atataatagt atacaaggag atgaagtatg atgaatggaa aacaaattta tgtattttta 26700
agtgaccagt atagtaaaga tatactcagt ttacaattag gacttattaa ggaatggtct 26760
agaagagaac taacttattc agatgatgtc gggtcagatg cagatgttgt tatttgtact 26820
gatatagtaa gagatgattt cgtaaaaaaa ctaagtaaaa ataatagcaa tgcattattt 26880
gtgtttatta gttcttttta ttggataggt tataaaggcg gagaattttt tgttgcagtt 26940
caagactatg tgaaaggtat gtaagatatg aaaaaattat taatattatt tacattagct 27000
agtactttac tattagcagg atgtacaccg gataatcatg aaggaaaagt tttaggaaca 27060
ggagaatata gagagccaac tacttatatc aagtcaggaa gtgttactgt accagttatt 27120
ggtgaaatga aatactatgt agatttagaa acagataaag gtgaagaccg tgtttatctt 27180
aatagagaag tttatcataa atttgataaa ggtgatgatt tctctaatgt aggtaaaaaa 27240
gtatataaaa atgatgaatt aatatataaa ggggactaat tagtatgaaa caatttatac 27300
atgataaaaa agatagttat aatagtacaa atcgtaattt tgatattcaa tattataaag 27360
gtataccttt acaacaaatt gataggggat atggtcaagc aagagctagg agatttacaa 27420
taaataatac gaaccaaaat atatggatac ctatgacata tttaaaacct aatggtactc 27480
ttaaaaataa cattgatata gattggatac ttgttaaaga aaaatgtagt ttaaagaaag 27540
caggattagt aataaaaata aaaattacag gagatgtatt ataatgtata tattagaaag 27600
aacaattaga ggttttgccg gtcaaacaga agatatttta ccttattact ttaaaagtaa 27660

gaaagaaatt gttaattttt taaaactaat ggagttcctt aaagaagaaa caaattattg 27720
ggttaaaaag aacggtaatt atactattat aatcagggct aaaaggatat tatacattga 27780
agaacatata cagaagttaa aggagtggga gaatgactta tgatgtttat gtattatata 27840
aaagaggaga acctattgca caaggtagta tggaacattg cttagatgtc tattattggg 27900
aaagggtaca cggttatagt aataaaggtt atgaactatt acctatggga tatgaacagg 27960
aggaataact aatgataaat atagaacatg attatacaat aagaactgta gataatagaa 28020
agtatactta ctatagtaaa catgaatctc cagttacttt atataaaaat attataggta 28080
aagattgtat tgaagtaact aaatacggga aagataaaaa agttattata gctactaaat 28140
atattgtatc tattgaacga tggtaaataa ggaggtataa ctaatgaatg ctaggaaagc 28200
acgtaagaac actaaaaact ataaggactc taatgtagta actaaagagc aacacctaac 28260
ttatatttat aataagttaa actacttgat tgcaaataat agtagtcagg gtaaaacata 28320
tgtggtaatg aacctaagaa cagattatcc tgatgagttt tctttatcta aattaaaata 28380
tctaaaagaa attaaacagc actataaaga cctagtattt aatgtgaaaa cgcaagtaag 28440
gaaggcacag tggtcagaga aaagtataat caggtactac tttaacctag gctatataga 28500
cagcgtgtta gtacctatta tacacattag ttggtaatta caaggagagg tagttatgtt 28560
ttttaaaaaa aagaagttaa gcaatgtaga gaaacaaata agacaaaacc gtaataaaga 28620
agacaaagaa agaaaagaac atcaagataa gttagataca gatatgtata aaacatatga 28680
attagataaa attgtagaag aacatttaag aaagttaaac actatatccc ttgaagaatt 28740
ataattaact tcagtgtgtt tagggacaag acttgtttat tattactcaa taggtaagga 28800
ttggaataaa caagtatata gtttaaacga attagaatat atgaagaaga aatttaagaa 28860
attaggattt gaaactcaga taacaaacga agatataggg tttcaacctt atatttattt 28920
aagattatta tgggatgcat aagtaattat tattaaagga gggatagttg gtgctgtacc 28980
tctaatgact attattattg cacagttaat tacagattat catgatagac attaagtatt 29040
gaatactgtt gactaataag gaggatatat taagaagtta aagttacctg gtaatattgt 29100
tgactagcaa gaagaagaaa atattattac tattaagtac ctgggaaaac ttttacctct 29160
ctcactcagc ctattactta ctaccgactt ccctaactac ttattctata gttataatat 29220
tcatttatta tacaatggta aactatagta ttccacctgt aaactatgct gaagcggtag 29280
taatctattg ttattatata ataatcttat ataatggtac gttaatctag tatattacat 29340
tagaatgatt ctaatctagg attttaatct ttagacccta ggaaaagtgg tactaaaata 29400
taaaacccta taggtatggg attcttattt ttaaaattac taaaaagtat taggttttcc 29460
ctagggcaaa gttttaatgt acctaaaata gtaagtagct ccttatcatt tagggttcta 29520
taattgagaa tattgaaagc taatccgctt caattgtaat taattgttga caactatgaa 29580
gtgggtatgt tatacttagt atataaaata ataggaggaa ttaataatga atctgacatt 29640
tgaagataag ttagaagact tactaaaaaa ggtacgtagt ggtgagatag aacctatcga 29700
gtactctcaa gttaatgatg agcaccctaa tggtaaaact acttgtggcg ttacttttaa 29760
gtttgatatc gacacaccaa ctaaatagga atatgaagcg gttaattccg cttctcttac 29820
ttagagtata taagtaactg tatattgtaa gtaggagtaa tcaaatttag gagatgagat 29880
agatgataat attatttacg caggattatg ataaaaccct aatgaaagtg atattagggg 29940
atattaatac tatgagacct aattggaagt acagtgttaa ccatcctgag aaagaagagg 30000
atgttcatat acaagcttat gaaggggaag atatatttga tgatatagag gagttatcag 30060
atagtacaca ggatatagtt ataggtgtta ctgaagatga ttgtatatca gagtctcctt 30120
atgactttaa tggtgggctt agattagtca ctaaacatat taaggaacat atagagaaat 30180
tcttataggg agtgataata tgattgatat atacttagga gaaggttata ataaagaata 30240
cttgtctaag gcactcagat taatcaatga ccatgctcct agggagttaa gttatgattt 30300
taataatgta gaagcggatg ttaatattca cacgatgtta tatgttaaac ctgaagatag 30360
gtatgtctat aaggatatat cttatgactt cccgggtgat ttaattattt gtatagttga 30420
agatgatgct attgtgtatc accaaggtaa acaggtttca ggtattagta ttttaagaat 30480
aatagaagag ctcatttaag aagcagttaa gtaaaaaagg ataaattgta ctagaaaatg 30540

tataccgctt ctgtatggaa ggctgagagg gcttagaatt gaaaggggag atataatgat 30600
agagatatac cttagtgaaa attatgataa ggatttatta aaagcggaat taaaatggat 30660
taaggagacc gcttcaagag aactaactta tgatgttaat aggaatccta acttagatgt 30720
acatgttagc ccatttagat atactaaaga tgaagtaaaa gaaataagtt tacatcctca 30780
atttgaagac gatgtatgtg tatttatagc ggagacgtgg atacatgaat accatagagg 30840
taaatcaata ggcgtagata gtatggaaga atatgtaaag gagatgtaag tatgtttaaa 30900
gtatattaca cagtctacca taaaggtagt atgaaaacaa ttaaagataa gctagataga 30960
agtagtttaa tatacttctt gtatgatact tggtataaag atattagtaa tgtattccct 31020
aatcactata ataaagagtt tggaagtaat agtgatgata tagacataga taaacttatt 31080
gaagcggtta atgaggaggg tatattactt atcaatagag gtaattatgt tacaataaga 31140
gaatggtagg ataggataaa cttaggatag aaaataattt aggatgagtt acgataggat 31200
aggatacgat aggataggat acgataggat aggatacgat aggataggat aggggttaa 31260
gttaggatgg ttactttaac atacactatt attcataaag aatctgatag ggtaatagct 31320
agtggtttag atgagttaga ggttataaac ttagttcaaa ggatggtaaa tactaatcta 31380
gttactgata tatcattaga tgattatata cgcagaccaa gtggagatat agatgtactc 31440
aatttactag tagatattag aagacaaggc gtatttgatt tcaatcacac ttggcacgta 31500
ggataggagg gataggatga tagttatata tacagatgtt tctaaggatt atttaaaaga 31560
cgagttctta ccttggctta atgaaaggga tagatactta gaagactata aagatgaatt 31620
acctgaggat atagattcct cttatattgt atcagttgta tactgtaagg atatggaagg 31680
tctattagaa agaaaagaca ttgttattgg taatagctat aatgaacctg tagctttatt 31740
aggtgttcct gagtttttg gtaattatag taattatttc tactatagag gagaaagtat 31800
tagtaaacat gacctaggag aaattgttag gttaaaagct tggcaacgta tgggcggaga 31860
ttgactaagt agctctccct aatttcacta agtagctccc taggaattgc ctaagtagct 31920
cggtatgatt ttaccctaag tagctccctc tgttttctac tagtttattt taaccgcttc 31980
aggtgtctat atatagacgg ttggaataat agcagaccgc aaaaataaat acactaggat 32040
attattccca gtgtattata taatttttt atttaaatct ttttatattt ctatttattg 32100
ttattctact tacattatac atatttgata attcttcttg tgtaaaacct ttttcagtat 32160
ataatttata aatatttttt ctttcattat ctgttaatga tttaccacgt ttaaaattgt 32220
ttattgtttc atctttatga tgtaaattat tatgttctgt agggctaata cattgtaaat 32280
tatttatatg gttattttgt ttattgccat ctatatggtg tatatgataa tcttgattaa 32340
aatcattgcc aaaatattca tatactaaac gatgtataga atgatgttta taattaattt 32400
taactatttt atagccttgc ttatgattat gaggttttac taacttttca atcatataat 32460
aattaccgtg tctttttatt ctaccatagt tagatactga ataattaaat atattattaa 32520
tattattttc tatgcgtttc catttctcat taggtaaatt attaatacta ttataatctt 32580
ttaaattgta ttgtaataaa gtatcaattt taacttttct tgccttgttt atatcatctg 32640
tcatacgata aaagttattt ttatcttttt ttaattcctt atttgttttc tttgaatata 32700
ctttgttttc ttttatatag tattttgaaa acatttcaat gttatttata ttatgtttca 32760
tcttctcaac tccttaacta tattctacta tataataggt aatttgtcaa gttaaaaaag 32820
tttttaaaaa cctattgact tattactttt tagggtgtaa tatagatact gtaataaata 32880
acacgaaggg aattgatgaa aatggaaatc aaagaaattg ccgatacaat tatgtattta 32940
tttaatatgg atggttacag atgtgcagaa cctccattat atgaaagcac actaaaccac 33000
acacgcacac acacggcgtt aattgtttct attaagggaa actatgacac agtgcagatg 33060
ttccgcaaaa cgcctataat gagcatgaga gggcaaagcc aaccggctag tatgttagta 33120
aatgtaattg atgatgtaat tataatagta tatgaaaatg tagtgtacgg agttcaaaac 33180
aaagaaataa aattcattga agaaatttaa aaataggggt tgcaatcctc aagcatctat 33240
agtaatataa taggtgtagg ggatagcaac acacctcaaa aaaacttttt aaaaaagtta 33300
aagaaaagtg ttgacacctt ataagataca tgttattatt aagataacaa ataagacaag 33360
ccacttagca aataacgaaa ttaaataaaa aaattataga ataggatttg attattatga 33420

caaacaaaaa ttacttatac gaagaaactc acacagtaca agggcaagac attacggctt 33480
tcagaattcc aaacgacaca aacggcaacc cacgttatgt agtgcatttc atggatttaa 33540
atattaaact agcagactat gacaacatca ataaactata cggatttaat aaatatcgtg 33600
ctaaatggtt tggcggtggt gtagtattcc aaagctataa tatagaagat acattaaatt 33660
ttgcactaga taaagttaaa gaaatagaag cggttaagaa ttaaaaccgc ttctgaatta 33720
aataaaaaaa ttatataaaa aggatatgat aatatgatat tagaaataga aactaaacca 33780
gttaaaacat tgaaagcaat taaagacgat acaaaaaata ttaaaaatag tatagcagaa 33840
catttaggat taaatagaga acaatttaaa ttatcaaatg gtttaataac tttaaaaggt 33900
tattcagaag aatttaaatg ttggtataat ttaactagca caattggtaa ttttcctaaa 33960
tatttaaaat cagaattata taatgaatat aaattatatt gtaatgtaga attaaaaact 34020
aaataaatta aataaaaaaa ttatacaatt ccctaggatt agatttctag ggatttttat 34080
ttattttaat ttatataaaa aatttattta ttaaataaat tagtgtaaaa ttgactattg 34140
acaaggttgt attttttatg gtataatgaa gtgaagacct tttttagtat aaaaaaatta 34200
ttatataaaa aatttatatt aaatgatttt agaaccgctc tttctcgtta cctcgtcatt 34260
tatatagcgc aagggatagg caacttagcg ctttgtttta ctttctatat atagtatact 34320
atgaataatg gtaattgtca acacctttca gaaacttttt ttactttctt ttattattat 34380
ataaaaaaat tatacatatt ttatggctcc acttccatta tataataatt cagtcttaat 34440
gtcaatagat aaatgtaaaa aagtttttta aattaatttc attaaatcta ttgacttgtg 34500
tttctttcta tagtaatata taggtatacc aacaagggag gcaatacaaa tgctaaaatt 34560
caaatggaaa aacaaaacaa ttaaatcaac tcaaaaaacg gataacattc tattacttat 34620
tataggtggt ttagttgcaa caatcacacc taaacttgta aactggtttt tactactaca 34680
agataatata aatatttttt taagataact attgacaacc tagaaacaac atgttaatat 34740
taagatacaa ggtaagggaa gcggttgacc gcttccaacc taaataaaaa aagtttaaaa 34800
aaactattga cagtcacttg aaaccatgat attattaaga taacaaaaaa caaacagaaa 34860
aggaattgat gaaaatgttc aaattacaaa ataaagtgga aattatcgta cctaaggaag 34920
ataacaacgg cgttgagatt gcagacaaac gtattaaaga atatgtaaac agtatcacaa 34980
tggaagcggg cggttgcact attacagaaa ttaaggggca atggtattca gaagatgaaa 35040
agcgtatcat ggaagataac aacttaaatc ttgaatggta ctacattcca gaccgtgcaa 35100
aattcatgac agttgaatta aaaggcattg taagacgttt aattgaagtt tacggacaag 35160
aggcaatcag tattaaagtt aatggcacat tgtacattgt agaccaatca gacattgaag 35220
aattacacac aacattatta aatatcatga aataaaaaat ttatataaac cgcttcggat 35280
taaattcttg aagcggtttt tttatgtaaa atttatgctt gacaaatgta ttaaaaaatg 35340
agataataga gtgacgactt tttttagtat aaaaataata ttatataaaa aagttataga 35400
gtttttaagg ctccaagtcc attatatcaa ttttgctact ggttgtcaat actttctttt 35460
tttatataat aatttaatta tcttaaagat accgtccact tccattatct caaattttcc 35520
cccaaagtca agaactttct ttcaaataat ttatttaaaa aagtttacaa aaagggttga 35580
cttattttgt actatagtgt aatatataaa gtgtagtaag gaagcggagg aaataaccta 35640
aaaaaagaat ttaaaaaaac ttttaaaaag gtgttgacaa acttccaaat acatgataat 35700
attaagatag ttaaaaaaac aaaaaaacga aaaggaattg ataattatga acagattaga 35760
aatagtaaaa gatacggcaa tggaatatat ccttatgatg gataacagtg ttatggacgg 35820
agttatgaca caagaggaat acaacgaagc ggttagcttt gaaaaggtgt atgactacac 35880
tctatcagaa gcaaataaag aatgtaaatt cttaggcggt aaagttttaa ctttcctagt 35940
acatgaagca atcgaagaat acgcataaaa aaacttaata aaaggggttg acattcaacc 36000
cctaccatgt taatattaat atataccaaa tgagaggaat tgataattat gagatacgaa 36060
attgtaacgc tagttaatca agaattgttt atgtatgcaa cattcaacaa gcaggaagca 36120
gaagcaaaat atagtgaatg gtgtgaactg tacggtcaag aaaatgtaag catggaaaaa 36180
aattaaaata agctgttgac aaactaaccg cttcatgata atattaaact atactaaaga 36240
aaaggaaatg atacaaatga aattattaaa ccaagaaaac caaatcgtaa ttagcatagc 36300

aacattagag agtgtcaaac aagccctaat ttgggaatac atcgaccaca tagattataa 36360
catctggaac aatgaacttg atgacacaga agcggttgta aaaatttctg gtattcttca 36420
atcaatcaaa tttgcagaca ctatggaaga cctgcaggaa tatattgggg atattggttg 36480
gaaattaatt taaaagaatt tcaaataact gttgacacct tagcagatag atggtaacat 36540
tagggtagtt aaaaaatact aaatgaaaag gatttgattt attatgaaaa aaaatgttaa 36600
agcaagcact attgaatggt tagaattgac tcaagggcat ggggagtttg atggtttcga 36660
tgaagaagat atggacttca gaaaactaga tgatgaagat attaaatggt attttgaaaa 36720
ttggtacttt acagaggaaa aacaagaaca gattatagac gaaataggtc aagaggaatt 36780
tgaagaagcc tattcagatg atattaaaga atacaacaat taatacagga agcacacaga 36840
gacacacaga gaagcttaac cgcttctcta atattaaact attaggagat gtttataatg 36900
acaaaattta aattgattga taaaaatagc ttttacgtaa atgacaatta caataacgaa 36960
acttatttaa cttctcaaat tgttctatca ggtgaagcgg gtagattgtt agatgatatg 37020
atagaagatt gtgaagacga acacgacaaa gacaattaca agaaactaga cactaacaat 37080
attgatgata ttgattatat attggaatgt gctaacgttt atatttaccc ttacaataaa 37140
acggaattta aatattaaaa taggagatgt tgaatatgaa cacaagacgg gcaaataaag 37200
cgttaaacga agcggttaga ttattagata agcaaataga agacacacag aagaccatgc 37260
aggagctaaa caaacaacta gaacaacaaa taaaagctaa acaggaacta atgacactag 37320
ttgacgttat gactggtgat gatgagtaat gaacattaaa gaagctcaca aggtcgttag 37380
gagtgcaaag agcaaactcc tgcaggagca ggagcacata acaaaccata tcatagagga 37440
ctacatcata gaggagcttc acagacgcac acagggaagc ggaacaatac agatgaacaa 37500
taacaccgct tcatatagca atggctcata tggtagctta gaagagctta gagaagctta 37560
tgacctatcg tcattatcta ctggtgagat taaagaattg cttgaaacat ttgtttaaat 37620
ttatttaaaa aagtttagtc aaaactattg caatatcttc agaatactgt ataatagtac 37680
ttgtaagata aataaaacaa agaaaaggaa tgattaatta tgaaagaaca aatcaaacaa 37740
tttgagaaag aattagaaat ggcggtaaat aacttattcg tattacatga ttgtggcgta 37800
tcacaagcaa agattgaaga acaaaaccaa aaagttgtgt accttaaagc tatcgttgag 37860
aacatgaaag cctacgaaga aatcagagtt gagccaaaga gtgaagagca atttttcaaa 37920
gaacttgaag aagaacttga agaagaagaa aaaatttta aaggaattta agaggagggc 37980
aaacgccctt ctttattttt atcctattat ataatttttt tatattatac gggggcaggg 38040
gtaaaatgcc actcaatggg ggtgggtcta tatacccta cggtctaccc aggtacttat 38100
tttttggagg aaattatgaa aataaatatt taaaagtcaa caccctatat gataagtcaa 38160
cattataacc ctaccctgta agtcaacaat ttatagtata aataagaagc ccttaaatat 38220
aaagtcaaca tatctaaaat aaaaaaagag aaagaatatt attcttcctc tgaggtatta 38280
ttaataactt ctaattcatg aatagtaatc atatcttctc taaataatgg tacatcttct 38340
atattatctt tataatagta agtatacccg tcttgaaggt atccgcttat tttttcttca 38400
tagccttctg ctttaatacg tttaattaag ttctccttat ttgtgtaaac tttatcttct 38460
ctgtaagaat agttatcttc atagggttca caattatcgt gttctacttg atatagtttc 38520
atattagtta tcctcccttt cataagacca ttcaccgtat tctgcactaa agtgggctgt 38580
gtctgtaccc tcatcttcat attctacact ataccatgca tcttcttctg tttctgcatc 38640
tatatatctt acttcttctg tagtaataat acgttttacc ttaaatctct ccatttgttt 38700
ttcctccttt atattttcct ctagtatttg ttttaatgtt tggcagtctt tttggtctag 38760
agtatcccaa ctctctagat tttgtaattg ataaagtaac tcatttacaa tttcatcgaa 38820
ggcttctgct tttctatata cttcttctag ttctgtttct gctaattttc tatccccttt 38880
aatttgttct gctttagtta ctaagatatg ggctttattc atttcctcta taataaagtt 38940
tttatagttt tccattatta tttatccctt ctattttcta tccgttgttt tatctcttcc 39000
ctattgcggt ggtgctcctt actcatttct ttacgttcct tatttgttaa ccttattcta 39060
taaacaaggt aattaatgta tagggtgccg gctgaccata gtagcaagaa tgttattaga 39120
taagtccatg agatactaat ttctatcatt gtgattcctc cttatctatt gtaaaggatt 39180

tacctgttct agagaatagt ttaaacattt cttcttcaaa atgcccatca ctcatatctt 39240
tatctttcag catttcacag agtttgtccc atgcttctgc tttattataa attgtttcta 39300
cttctctatc tgtttcatca ctataatttt catatataat ttgtaataca aaatccttct 39360
catcgtaaca tttttcatta atatcatatc tcattataat tcctccttat attctttata 39420
gctcttgatg gctattttac aaatacctct atttacagca acaaatacta taaatgataa 39480
tagtgttata actgctctta catctcctgt aaaaggtaat aattggaaga gcaaatagct 39540
ttctaaaaca ctaatagctg taatggtagt tagatataat atagatagta agtaatcctt 39600
taattttagt ttaacaaatg gtttttttgtg ctcatctgtt cttacaatac cataaagtat 39660
tataaaccac ataacaggta ctaactgtat aataaaatca ttatctatat tcaatgcatg 39720
tagagcgtaa ataataactg caggaatacc tataatgaat gctaggaata cagaaaatat 39780
aattaacatt atagggaggg ctacaagaaa acctagcccc tgttttgaat actctaatgt 39840
gtttttacct aggaacttaa aaaatgtttt attcatcttc ttcctccctg gaattacttt 39900
ctgtaattgt aatttctaac atattattgt aataatcatt cttttgattg atattatagt 39960
tatcattgta ttcattaaag tctacataaa tatattcatt tgcgtcattt tcataaataa 40020
tatctatagc tgtaatatct gaatatgctg taatcatttc ataagcgttc gtattatcag 40080
gataagcaaa accaacttga ggtatttcca taggcttatc aataagaata ccaaaataag 40140
tacagtgacg tgttcggctt atatttgaag tctctttata tgtaccgtag taatctatac 40200
cttctgtaat acctgatata tggaacctgc ttacgtcttt agattctaat cttacaacat 40260
cgcaattttc taatactaaa tcaatatatt tgatattcat tttaactctc cttttatatt 40320
aataattctt tccattcttt atcaaccttt ttaagttctt ttttattata gtctccatct 40380
ttagttacta cagtgttcca ttgaaacttc tgtaataagc taaaattatt tataatccat 40440
atattacttt tactataata catattatct tcaaatctta tatctttttc tataaaatat 40500
ttatatattt tatatcttct ttcatctgca cctgatattt taataatttc attagtattt 40560
aattgagtgg ataactggaa gataacatct tttactttca ataggtcttt aacattacct 40620
ctacctacat ggtcattata ataatcgtac ttaacttttt tcttttgttt tctatcatta 40680
actacaatga atatattata tacgatataa gctttaaaat gggtataggt agtaggtgct 40740
tctgaatcat cacattcttt tcttaggtct gtacattgta tttttaacat aatattattt 40800
gatatgttga ctacggtaga accatcatgt tttttattga gatttatctt atccatttta 40860
taattaccta cttattgtag atacaatgta ctcgaacatc ttccattact ttgcctaata 40920
gattctgacc tttccagtta ctttgctcta atattttagg gtcatttgct ttaagaccta 40980
ctccccatat tttatcataa ggtgaagctt ctacgaaatc tttacgtaca tctgtgtcta 41040
atattctttg ctttaggtgt gtagtcataa atttatcttt aactacttct accataatat 41100
catatcttac tttattccat tgctcttcat taaaattacg aactttacga cctaaacttt 41160
tagcatggtt tggattctta gcatttagta tttcacctgc tatttgaaag tcattaaagt 41220
atcttgcttt acgccacata aaggcttgct ctgagttatt aaatgttctt ccttgatgtt 41280
taaactttat agggtagaag ttagaataaa tatcctcttt accccaaaac ataatatatt 41340
cacttgtttc tctcataata tttctccttt aattccatag tgatggtaat acaattttaa 41400
aattatctaa tattttactt tgtacctgtt caagctcatc atatttatcc atatcaaaat 41460
catccatttc tttatgataa tattttatta agcttaaaat atgttttatc atatctattt 41520
gtgttctttc tttgccgtct acatctacaa aagtatggta ttccatatcc acatggttac 41580
tactctctac aaatgcgttt aagtcagcgt ataactggat aaagaaggac atgtcataat 41640
tccaatactt aggctcattt ctacctagtt ttttcttcat tttcttatat tttttattct 41700
tttttagtcc aaaaacttct ttttcaaagt catttaattt aagaccttta aaatattttt 41760
tcttcatttc ttaacctcca atttaataaa tggaaaatca atgtttctaa atactgcgcc 41820
gacatcacac attaatatgt ctccattaat ttctacttct ccactgtcag ttggtgtatg 41880
accacataca taggtaaaac catcttttct aggttgaaaa tctcttgacc atattaattg 41940
gtcaattgtt tgttcttcta caggcttcca actaacccca cctgaatgag agaatatata 42000
cttgtcttct ttatagtact ttctacaatt aaccataagt attttaaatt ttctatagtc 42060

gtctgattct ttaagtttct ttagttcact tttaataaaa tcataattat ttcttagatt 42120
ttcctctaca ctactatatt ttaaagttac cgtactcaca ccgtaagagt taagtgtttc 42180
tatacaatat cttgagagcc attcaatatc atagatactt aatcggtcta cgttttccat 42240
aatattataa aactcatcat catggttccc taacagagtt actacattat catcattaga 42300
cattaaatca aatatatagt taacaacatc ttttgacctt ttacctctat ctacataatc 42360
tcctaaaaat actattgttt cttcaggttt tctttcatta tttattttat ccataattgt 42420
taataatttt tggtattctc cgtgaatatc gggaacaacg tatatagcca tctaatctcc 42480
tccttattgt atataactat cttaccatac ttagtaaaaa aagtcaataa aaaaacctac 42540
cttagtaggt aggtaattaa aattatttat atgttaattt aatttcaaca tttttatact 42600
ttttacgacc atctgttcct gttgactcta gtgtaagaac agatacaaaa tctttaacct 42660
ccggtgttct gttattagtt gtaccttccg ttgcagtagg tactgttaac cagtaagggg 42720
agttagatgc taagcttgta ttattaacta gtgttttgcc attatattct aacttagtaa 42780
cagacttacc tgttaaatct aacttagttt tatctatatt aatcatgaaa ctttggtctt 42840
ctttccagta tatagctgtt ggtgtgaatg ttgctgtata cgtaccatca ccattactta 42900
caggtgttat agttcctgat gtatctcctg ttggtggtgt actggctgta gtatctttgt 42960
aacctacttg agtatattcc cctacaatat tagtttttgt tttatctaca tagataactt 43020
taatgtaatc tctcataaac tctagtcctt gagcattatc atctatagtt atgaaagcat 43080
ttaagaagtt ttgaacttcg gaaattctat tatatttgtt accatcttca taagcaggta 43140
aagtatacca gtaaggtgaa ttagatgtgt agccttcggg gtttatcaag ctcttaccat 43200
tataagaaac atttaatatc ttattagcag ttaagtctat atcatctgta ctcatgttca 43260
taacaaagct tgtatctttc ttccatctca ttccagttgg tctgattaat ttagaataaa 43320
caccattacc taaatcctta acagaagtgt caatagatgg tgggcttgct atagcaccta 43380
cagtaccttt actttctaag aatgattgta tagtgtatga tataaattca tgacctttag 43440
cattaggatg taagccatcc tccatgcctt ctttccaagc aaagaatgtt ttatttacat 43500
tgttatccca tactctaata ttactctccc tatataagtc taatacagga aatgaaaatt 43560
gttttgctat ttcttttata acatctacca attgtcctaa agtatatcct tgtccgtttt 43620
caacttcttt aaaaggatta ctttcaatcc taggtgttgg tgttagaaca acaataggta 43680
ctgtaggaaa aaccttagat agttgataat aagtataata gattgaacct gctactgtag 43740
tgtaagagtg ttctttagct gttcctaggg gttttgtttt acccccaact aaaccatagt 43800
catttgtacc taacataacg caaattaaat caggtttatc tgtaatagtg taggctacgt 43860
ttttacggtc ttggtagcct gttccacttg tacctttatt aacatttatt aatcctgttc 43920
tgtcagcaat aaattggtgg tagtttttg ttgttcttgc atttacttcc gtaatactat 43980
ctcctatgaa tataactttc ttatctttca aaggtgagat agttgttgta cttggttgtt 44040
gtgttggttt attatcagct ataagcttat ttatttctgc cataaattct tcttttatat 44100
ggtcgttaaa ttgggtatct ataacatcct gtaaacctat aatattttct gcttttatat 44160
tcataggttc tacttcatta taagtaacaa taataagttt gtcctgggat gatgttaagg 44220
taacaaattt tggtatatct acttttattg attcttcacc attaatatcc caacaaattt 44280
taaagtgccc tgcttcgtat gttgtatcag gatttaaatt ctctataact atttgaccta 44340
ttgaatcttc tatgttttca cttgatttta aaagattatt ttcatagtca taaagcttca 44400
atttcttagt catatttact tctcctttta ttgaattttg tacaactata atatatcaaa 44460
aaaaatttaa aaaaacacct atttaactta aataggtgtc cgacagagct cccgtactta 44520
gattacggtt aataatattt tacgacaatt atatgagacc ctctgtcgtt gaaacgctcg 44580
tcactgcgtt atacctcaca agatattttg acagttagct tgtgagaaga agattgtttt 44640
ttattgtact tagtttatac actctcaaaa gtacatgtgt actatatatt tatacaccaa 44700
gcgtttggtg ttagatacgg aatggaggga cactaccatc cggagtctac ggtcagatac 44760
aaagcctctg ccgggcaaca tacggtatct ctcgtacatc aggttgacta aacctttaga 44820
gcttttcact ccttctctta taaccagtaa cttaagagaa ataggtttta cttagtagat 44880
atgaaacaat aaatccacat acaatattaa atcatagtca agtgattgca catatgtcta 44940

ataccctataa gttttctgct agcctggtat atggactctg caggactcga acctacagtc 45000
aaaccgttat gagcggttgg ctttaccttt aagctaagag tcctagaaat atcctgagag 45060
aggactcgaa cctcaacgac taggtagcta catctagcca atgccattac tcaggattgc 45120
tagtaacgct aaatagaatt ataacgttac cgtagacctt ttctacgctt ggtagatagg 45180
taaaatataa tgatttcaaa gtacccatat agttaggctc ttactctcat tatcaggtta 45240
aaaaggctaa ctgtatttag cattatataa gaggctttag ttaactacta tactaataat 45300
ataccataaa ttatacttaa tgtcaagtta atttatcaat tgaatctata atttttgatg 45360
tgctacgtat atccgcttct ctactatgtt taaggagata ttttaatttc attaaaaaag 45420
aatttttttc tttttctata atatcttctt tatcattgta ttctgaaaac ataatgaatt 45480
ctatacctat actatttcta ttatgtgaaa acatatttat agaaaaaggt gaatcaaaat 45540
ttttatcatc tttattaata ctaaagtctt cagtaacatg taattcattt atttcagata 45600
tttcaaagta cccattaact cttttaagtt caagataact attatatcta aaataacgct 45660
gttcttctat taacttctct tttgttagat aaggatactc atttataaat ataggattac 45720
ttgttccata gttatctcta atatattctg cgtcctctaa agaatcagta taacctaaaa 45780
cttcataact tgttgtatac actgtatctt cttcccacaa gtcatagtcc atttcctcta 45840
tttcttcttc taatatataa atttttcca tatattactc ccaaatacca ataagatttt 45900
taagcttagc tataacctct tcttctgttt gataagaaaa taccctgta atatgttcat 45960
agttacctac aatttcataa tcttgtgtac catgtttatc tactaagtat gagttattca 46020
taacatttaa actatcttct gagtaactaa aatttatgtt atagtctact aaaaaattaa 46080
taatattttt catttacata acctctccta tcggatattg tcctagcatt cttgttccat 46140
tttcattata aaaagtatat tctactacaa taatattcat catatctaca tatatagctt 46200
ctatatatgg tgtaatattt tcctcttctt gtatgtgctt acctatgata tcatataata 46260
attctgagtg tattctttta tctctcatta tagacctccg taaggaatgc tacagttttg 46320
tctttcaaag atttttctac taattccata gcatctttat agtgtttgat attagattca 46380
ttatacttaa gtttatcttt tacttcttga attagaggct ctactttatt aaccaaatct 46440
tttttctttt caatacttac attgcttctc ttattgtcta atacttcttt tggcatatat 46500
ttaacttttg caaagtcttt atagctaaca tttaagttat ctaaatcatc taataaatca 46560
ttatagtatt ctaaatgatt atagaatgta taaaacttaa caaggtcttt accagttaat 46620
tctccttttt ttagtatgtt attaatatta ccgataaccg aatatgctat aggcttaaaa 46680
ttagctctaa cataagttaa aaatataaaa tcatcataaa ataaatctaa aacagtttta 46740
ttaaatctag tatttttagc ttgctctaat tgagcacata aattaagaac attatcaaac 46800
ccacttttta gcactaaaga gataaatctt tctactgcat agtatcttga tacttctgta 46860
tgcttacttg ctttttcatt attcctaaat atagtatctg ataaaggttg aacaactaaa 46920
ctcatgtaat ctttatctga atgctcatct gatgttcctt gataagtact tccaaattct 46980
attgttgata ataagaaact tttttctagg ttcattataa catcctcctt ttatttgtta 47040
tttaaataat aacatatatt gataataatg tcaatactta tatatcttct tctgtatcaa 47100
cttcatcttg tttatactta aagtgttcat agactttaaa tagtataatc cctagtgtta 47160
ttaatcctaa aatatatttc atagtaatcc tccttaataa ccatgtttag ttacccatcc 47220
tgctaaagca tccatagcca tatcatattc ttcttcattt ttaattctta taattttctc 47280
tatttcttcc tttgctttct tagaactaat aaaatcaata tcagtatcct ctaggttagt 47340
taattctaaa ttttctctaa taaaattctt ttgacttggt gttatagaat taactcttac 47400
attttcgtga tttagaaatt ggtaaaagtc catattactc atccttttta acgtattctg 47460
ccatatcttt taaaatactt agtacatact ctaaatctct atattggtca tctaatgacc 47520
ctataatagc atatggtgtc atatcccagg catgtgcaca gtcaaaccct aatactctct 47580
taccctcata gtcataatca tcgtaagtga tacctctatg agcacgtctt tctaaggagt 47640
catattcttt ttcattgata tctgaaggta aagttatata tccatttaga tgaccagttt 47700
cagggtgtct cttaacagtt agtttaactc ctttataata aatatcaaga cttaaatctt 47760
ctcctagaat attgttttct ttttctactt tttccataat gtattgaggt gctttttaa 47820

acataatcag tcatctcctt tttatttata tctttactat acactatttt ttctattttg 47880
tcaacaaaaa aaggctacta attaaagtag cctaaatact aattatttag cattgtattt 47940
ccattgccaa taaccatttt tctgtgagaa ctcaaagtga aaaccatcat agtcaaattc 48000
aatattatag tctccatctt gaagtggttt tgaatttagt acaggactat tactctttgc 48060
caattctgct agaaactcat gatttacttt ttccataggg tttactcctc ctaattattc 48120
ttacagtact aatatatcat aggtcttttt ctaagtcatt tttaaaagtt tcctcgtagg 48180
aactagcgta agtaacctca taacccacta cgttagtata tcctacatat aatgacttat 48240
aattagattt tatcttaata tcttctgatt gttctagctt atttaagact tcatttaaat 48300
catctgagga atagtgttca ttatctattg ttattgtttt tccttgggta tagatatcaa 48360
tttcttgtat catcatttca tccttttgat tattcattat ttgattataa gtttctaaat 48420
catcaatgtt atctgtatct gaacctttta ctaaccattc tcctctcttc ttaaggaggt 48480
catcaaactt ctcatgctct ttaattatct tttctacctc acttggtatt aacacagccc 48540
tagcatagtt tatatgccac atagacatat tatcaataag ataattaacc attcttataa 48600
tctctttttc atttgccata taccaacctc cttatatcta ttattaatat aagagaaaag 48660
cagacttatt aaaagtctgc ttctttacct aattctaatc ttctattttt catatgagga 48720
atcgtttttt tatttcctgt taataatgat aattctctag ctttttcttt agataatgtt 48780
agtagtccat tataattatc tactttacta ttatattgtc tgactaagta ctctagttca 48840
tcttctatac ctgctagttc tcctgattta actccaagta actttctata catgtcataa 48900
tcttcagaaa gactttctac tttgttttta gatacagaat cataaactgc ttgtaaatta 48960
ccttcttcaa taagtttaaa attatattca ccaatgatta attctttttc agaagagtca 49020
agggtaacta aaccacttgt attacctgta aagtcacctt tataatctac aacaattcct 49080
tcagttattt tatctcctaa ttcaatagtc ccatcttcat tttctttaaa tttatgagca 49140
tcataaactt ctactttgtc acctaatctc aaatcttgag ttaagttatg tttaccgata 49200
attctatcca ttacttaacc tctcctttat taatagggtc ttgtgttaag aacatttcta 49260
agttctcttt tgtaataggt aaccaaaaat atttactttc cggaattgta actgtataga 49320
agtcttcatc attattaact ttgatgttaa catctgtaaa ctcatcttgc attaaccaat 49380
gagttacagt taagttatat gacccatcac taacataccc taaatcaata tcatgtctaa 49440
aagccaaatc ttctaaatgt tctaataaat cattcttttc attatgtttt tcttcttctg 49500
tattattttt aattgggtta attaactctg tacaaacgat atcgtacaat tcaccatctg 49560
taacctcata gttcttttca attaatacat cttgtatttt attgattgaa tttgtaacta 49620
ctttcccata ttcttcttct gtaaatttac atttatctaa atcaacatct gtaattaatt 49680
ctgcaatcca tttatttaaa attgatactg ccattgttct agaaataata ctatcgtata 49740
ccatatttat ttaatctcct tatttaggtg aatgtggtct tctaatgaaa aatcaaaagg 49800
cgctacacca tttcttttat tatttgtttc ttttttaagt ataacataag ttagtgaaaa 49860
agtcaagata gttactacag ctattgataa aagtttaatc gggtttttca tagttactct 49920
aactccttaa gtttattttt tactttctct ttatcgtact tataatcttt actagagttt 49980
tcatttttt ctttctcttc ttcattaagt tctctatact gagcttcttc tacctcttgt 50040
tctttattat cgttattttc ttctgctttt tgaatttcta cattttttact attaccacca 50100
tttacctttt ttctaaaaag aaaccaaagt attaataaaa tgatgagtaa aataataatg 50160
cttaatacaa cagcccaaat attattagcc attacaacct acctccgaat agttttttta 50220
cagctcttaa attttcagat gaatcgttat ttatatcaat ccctacgcta gaatcaaaaa 50280
ttacagcatt atcaagtata tgctctgtta atttattacc ataactactt ttacttacca 50340
cactaccata accatgatta gttaggtcaa ccatatcagg ttcaacttct agtactctaa 50400
aagatattct acgtaagaat gaaggattta ctaagtaaaa ggaagattta aaaacattta 50460
atctttgata agaatgtttt atattaacaa caaaccctgt taacttatct tcataccctg 50520
aatttgataa tttacctaag taaaggttta tactatatcc ttttgtttct aatgtttgaa 50580
tagcacttaa cattatagca cctctataag caagattttc agggtcttcc ctccaactaa 50640
tactagaatt ataaaataca tcaataactt tcttctctgc tttaactctt tgctgagaca 50700

tcatagaatt aggtaatcct tttatagcat taggtacgtg aggttgatat ccttccggag 50760
ctacgacagg ttttcttttt actgacttat ccattctaaa taatgcatct gtcatttttt 50820
taagtttaac taccatatca tatgactctc tatcaccctt aaccattaag ttataggctt 50880
cttgaaaact atgagtccct gtaaaatcat agctacctgt atcggatgaa ttatctctac 50940
ctgaaactct attctttttt aaagcagaaa agaaatcagg tagaccatca tatttaatta 51000
catttaattc tgagttatct attaatcgtc tacccattga tttgcctcct attctaatcc 51060
taatttatcc ataattgtat caaaatccat tgaatctttt gatgtactat cagattttct 51120
aggttcctgc ttaggctctt gttgcatacc taaaagcttt cttgttgctt ctgtgtatct 51180
gttaccttca ggtaaagagc taataaattg attaatctca tctttcggta cagatttaaa 51240
gataatactt tctacaacaa actcatcttc cattactcca tctaatttac taccattaat 51300
aattgcacgc attgagaata cataaggtaa tccttttca tcattctcat gtcttaattg 51360
ttgtacaaag tttactaggt cttcattgct tgatagttga tgttccacct tagtatcata 51420
gtcaaattca acttgagcaa agcggtctaa tgtagctccg tctaattgtt gtctacctac 51480
ataaatatgg tctgctcctg ttcccatagt attacctgct gacacaactc tgaaatcttc 51540
atgagctgtt acacgtccaa tagggaagtc aaagtattta tttgcaatag ctgaattaag 51600
aattaatagt acttcaggaa tagatgcatc catttcatct aagaagaata acccaccttt 51660
tgtaaatgct ttatagaatt gagtttcatg aaacttacca tttgcatcaa taaatcctgt 51720
taatttaaat tcttgcgtaa ttgcattact aaaatagaaa tctaaatcta gggcttctgc 51780
tacttgttcc aatacatggt tcttacctga acctgctcca ccttttaaaa atactggaat 51840
attttggtta actagcttta gtatatcttg gtatctataa tgaaagattc ctgagatatc 51900
tttaattgtt tttccttctt gttgtaattc aattttaact ggtaaattac taagttgttc 51960
ttctacatat tcttcaattt gtttttttaac gtcagtaata ataatttctc tactctcagt 52020
tcctgctttc tcaacaattg catctacaat tgcttgttcg tacggattag agtttttctc 52080
tcctagtttt tttgctaaat ctgctgttgt ttccatttgt tgctctacca atctctctaa 52140
tctttcaata gtatcttgct ttgccatatt tatcattctc ctttgatttg ttatacattt 52200
attatattac aagtatttga atttgtcaac aactttctaa aacttttttt agttgctaat 52260
aaaaaaatac cttacaccta taacttaaca tagggtaagg taattgtcaa cacttttgtt 52320
aaaaatacat taatttaaaa aaatcatcaa tatctttagt ttcatgtgta tccatatcat 52380
acataaacat acaattatat gtatgattat tcattatttc taacatgtta tgcatagaag 52440
ttgcattatt gaattcctct aaatcaatag ttaccgtaag ttcttgacct tcataaagta 52500
tgtttgctat ataatatttc ttaacacctt ccattgttcc atgagaagtt tcattatgat 52560
taagtacttc tacacctagt gaaggtaaat attctgaaaa gtaatattta cagaaatata 52620
taaaattgtc tgttctttta gacacgagta ctatctccgt actttatatt tctttctaat 52680
cgtacataat atgttttaat tttttgtact tctttatcta ctgcatcctt tcttcctaac 52740
cttgtagtat attttacaat attaaatatc atagaatcaa caaagccatc ataagaaaaa 52800
tgttcttcta gaaaagaaat aacatccttg ctacctttat agtgctcagg taaatgtgca 52860
tctacttgta tattataata attttctaaa agacctatac tctcaccaag actagacaaa 52920
gcgtaaccta aatcatttga atcattagac cattccttag atactgatag tgcatcttct 52980
ataattgtta cttttaattt atctaaataa tcttctactt gagcttgtgt tttcataaat 53040
tcttttgcgt tcatgtaata ccctcctaaa ttatataaaa aaacaccctg cttggctaca 53100
agcaaggtga aaaaggaaag atattatgga agtgtactat ctaagtacac ctcataatat 53160
aacagttttc cttgctagtt attacttatt ttttaaggtc ttcttctttt acaaacactc 53220
cattaataag cttacctttt ctgtctttta tctcatcata agccatatca atacactctt 53280
caatatctat atctaactgt aagcatagta ctgttaatac tacaaaaata tccccaacac 53340
tatctcttgt tacatggtca ttacttttag caatacctga agctaattct cctgcttctt 53400
ctaataattt tagcatttga ccctcgggtt tacctgtttg taagtttcta tcttttgccc 53460
attgtttaat aagttctact ttttccatta ttctatatct cctttaattt ctgtatcttt 53520
gataattagg ctatcagagt cacttgttac atttaaatta tcttcaacta attcatgtaa 53580

attattagta atatcttctt catacctata acctacacga acataagctt taactctgat 53640
atctatatta acataatctt cttggaattt ttccatttct aacttccttt attgtatcat 53700
attattatac tattgtcaat taatctgagt agtttccttt agcaagttga tacttttgt 53760
gtaattcttc atataattct ctcatacctt cgtagtttct catatcatct tccaagaaac 53820
taagataatc taataatact tttacatcct caggttctaa agttataact ggttttacca 53880
ttaggcaacc tccttaaatt cttctttatt tattttctta atatcttttt ctaatgcttc 53940
ttttaattca ttaggtaatt tataggcatc aattgattgt tgttgcccta gtacatatcc 54000
attatctgta atacgtattt caactgtaaa ccatgaatta tctaaatctt cttctagtct 54060
tgctaacaat attaagcaac tgttctttat aattcgatta gcatacccgc caacacaatg 54120
agatagcatt ttaccttcat ttttcagttt acttacggta tctgcaggaa ggaattttac 54180
ttttctacca tcttttaatt tataagtttt atcaattatt ttttctaatt tattttcata 54240
tttagattta agctctgcat catctaattg ttgttgaata gattgtttct cgtctgtaac 54300
tatatcatgt tctaatttta gagagaatgg tgttaagtta acactttcta atgttctata 54360
accttctcgt attaatattg ataaatcatg aagataatct aaatagtagc tatccagtgc 54420
atatcctgtt atacgttgtc tatcttgagc atctacatct aaataatgag tcatttttt 54480
gtaattagca aaagatatag ataatatttc atttacaata ggttttactt ttaaagcatc 54540
tgtaacattt cttacatcct gaaccattaa aaatgtatca tcaaatagtt gatgtagatt 54600
aacttcattg tgtaaatgat tatagtaatt atacaatgta tctgaaaatc ttaaataatt 54660
actctgttca aaattattta atgttagtaa ttttttatac gtttgctttg taagattaaa 54720
tgcttcatgt attttccact taggattttt aggtatatga aatagtaatg aatttctttc 54780
aaataattca aattcctcta agttatttat tttgtcaata tttttaacaa tatctgttaa 54840
gattgttaag taattagaag ttgaattttc tcctttgagt ggtttatatt tgtttcctcc 54900
ataatttaca cgcccatata catcaacctc atcaaggcac caactagaaa gtccaaaacc 54960
atcatttctt aatgtttctt caattatttt aataataaca ttcttactta aattaggtgt 55020
tgaataattt tttaaaataa catttaataa aacagccaaa tttaattcat ttttatattc 55080
acttttacta atatcgtctt tgtatagatt taaagttatt tctttattaa caagactgtc 55140
tgttaagaaa accttaactt ctcctgtttt aacatcaaat gaacttttat tttctaaaac 55200
ccatctattt cccatattat atttatctct aatgtgtcta actttaagac caaaagatga 55260
actattctca gtacttggat gcatgtacca agtactactg tacaatgaat ctgatatttc 55320
cttataatac ttactagagc ctttttctgt atcttcatta agtctggaag taatagatga 55380
ctttattaaa ccgtacttac cttggtataa gatatccata atatcattat tcaaactatc 55440
tactacttcc ttatactcat ctaattgtct agattcatac caccttaaac gggtttcatt 55500
ttctaattct ttaatttttt cttctacata acctttagat tttatttgtg ttatacgttt 55560
actaccatat aaaggaaatt cttttctttc ttctctactg gatgcaatat attctttgta 55620
acttcttcct ttatttttctt caattacacc ttcaactaat ttttcaattg tttcataagg 55680
attacctgta aagtttgtta cttctttatt accacatagt gctaagaata aatgtatttc 55740
tgtagcagta tcaaaactaa atatattatg aatatctcta aatagttcct tagagcctaa 55800
gttaattata ttatttttct tcttcttaag gaatacatct tcttctccta tatagataca 55860
tcctttatta actttaggta aattaataat ttcttgttct gttaatcctt tttgtttata 55920
tgttattgcc atttaaaatc actccttatt tgttatgtac taatcatacc atagtaaata 55980
atatttgtca acaaaaaaag aagaactttt taaagttctt ctaagtgagt ttcgtagata 56040
acctttgaa ttttatttaa tggtttcaaa tctaaattac gaataagttt ttcgtacttt 56100
ctagaatttt taaaattgat agtatttggc atagcaagag cctcatcaat gtctttagta 56160
tagcttataa catctgaata aatatctact tcttttacat atagaccttg agttaaactt 56220
ttaaatacta cctcattatg tgctacaact tcttctttct tttctatgct catttttgta 56280
aacctcctgg tctattctac acaaacaagt acgtactcta aactagttaa tgttactgat 56340
ttaatattat ttaattcttg taatttctta atatctacac catagttttt acttatagtc 56400
cataatgtct ctcctgctct tactttatgg taatacttat tcccttcttt aataaggtca 56460

ttcaatatta cctacctcct tgagtaatag ttagcttgta gataacatat aagtataaga 56520
acaaagttta caaattcagt agctataatg tgaacataag tatgtgataa aaccatactt 56580
aatattaatg aagctaatcc taatccaata ataaggaata gaaatctgtt tgttccttct 56640
gcacttttag ttttatagaa tgttgttatc tgagttacat acgcaaggat aatagtaata 56700
gttgcaatag tttgtgttaa ggctgtaaag tcacttaata aaaatagtaa cactgagaac 56760
acaataataa aaggtataga gaaataatcc ttttttctat acgaagctac taataagcaa 56820
acaataccaa gagttaaatt aacaccaact gatactactt gaaacattgt agcgtcagtt 56880
ataagtaaat tgtaaaagct aatacctact gtagctacaa ttaaatacca aaaataacta 56940
ctaactcctt taacactatc tgatttaact aaagctatta gacctggtat ataacctact 57000
gtaactaata tagcatataa tatacttaag taatgtgata agttatccat cttgtcctcc 57060
taatttctct agtcttttta aaacttcttc ccaagaaata aacccttctc cattagttag 57120
gcttagcaca catccgtaaa taaattggtt cgtactaaat tcagccctat cagggtcatc 57180
ataacctttt ccatgtcctt gacgaatatc agagcaatag attaaaacag gtttatttac 57240
aatattataa gcttctaaaa tatcatattg tgttaagggc tctaagtctc taaagtctat 57300
atcttcatat ttatcaataa ttttttgagc ttggtgtttc attcctaata aaataccaag 57360
ttctgcaatc gttcctagcc cctcattaag aatgtcaaat acaaaaatat ctgattcttg 57420
catagcttta aaatcattgt ttaagatacg ttcagctaat ccagtttgtt ctgcattagc 57480
tttatcgttg attgatttgt cctgatgagg gctataagga gttactccta caataccctc 57540
tacttgttcg tgttgtttag ttctatattc taccatagct tggttaagta gatgacctcc 57600
catgtaacaa accttatctt tagtataatt aaccatctat agtatctcct ttttcttcta 57660
gaatacctct taaaatgtgt ggcatctttt tcttaatttg tttttctata attttcatca 57720
tattttcttt ttcttcttcc atgatatcat caacaaaatt ttgacctact tgtttcataa 57780
ttaaaccaaa attttccaat tctaaatcat ctttagacaa tctgttttct tctatagctc 57840
taaaaatcat tttttccatt cttgattttg tgatagcata atctgctaca gaatcattac 57900
ttctaacttc tgatttcatt ttcttacgac taaactcttt aaattcctta gatactaatt 57960
taaaataatc atcatgttct gatttaccat ctaaatattt aataacaata ccttctcctg 58020
tattaggttt aacagtcata tctgattttc ctactaaatc ttgaatttct tgagggttta 58080
atttattaag ataaaaagat ggttctataa tcattaaagt ttttacagtt ttcaaaccta 58140
atgtttctga taaagaaatg acttctgaat aaggtaaata ggtttcacta tccttatcgt 58200
atacatcgaa tacataaaaa ttattataac actcttcttt ataatttacc ttatgtttaa 58260
ctaaccattc tccaaatata ataatacctt ctaatataga taaatctaat ttatctgtca 58320
tgttttcatg tacccaatta taaaaaccgt ttaatgtttc gttttcattt aatttttttc 58380
tacgagagaa acatactaac tcaccattct ctgtagtaaa acttgcgttg cttccatcta 58440
atttttcttg aactacaaaa cctctatctt taaatttgtc taaagataat cctttatttt 58500
ttactttagt ataagatttc attaattagt tatcctcctt tgaattatgt actattgaaa 58560
ataaaataag acttacactt gccaaaaatg ctaatactac taaaccaggt aaatttagaa 58620
ctgttgataa gaataatgct actgcactta taacataaac tagaccgcct aataataaag 58680
ttaataatac aattgttata agttttacca accagttatt attaataaat actttagcta 58740
aataattcat aaaaaagcct ccttagttat tataatataa gtataccata tctaaggagg 58800
tttgtcaaca tattatttta ccatttgaaa ttatctgcgt attgggctaa cttagaacgg 58860
aaattaactg taaaattatg gaatactgca ccatcatatt ttttaaaata ctccatgtaa 58920
tccccaaaac ctgatttact ttcatttttt aaatctattt gtttaaagtt accttctact 58980
attacagtag aatttttttgt atgaaccctt gtaagaactt ttttaagttc actacgttta 59040
aagttctgtg cttcatttat aattatagta gaatctctta gatttccacc tcttaggaat 59100
agatgtgata tttgagatac ccaacaatct cctagtttat cttctttaac attatcttcc 59160
atcattaaca tttcagttat ttgttgttca ggattcatat taagttcaat aagggcatcg 59220
tgtaatccca tgaaataagc catttctttt tctgtctgat tacctggtct gcttcctaaa 59280
tcctctgata ctggtgaaat tataaatact agctttctat ctttattaag atagtctgcg 59340

taagcacagg ctactgagca cattgtttta cctgtaccgg cttgactctc attccaaagt 59400
atttcaacat tatcattaaa gaaatcctca cagaaatcta actgctcggt tgtagctttt 59460
tcaaggaatt cattaaagac tagatgttct cccatgttgt atcttacatt aggataatct 59520
tttaacttaa agtctaactc ttttagttgt attgccatat tttaaagttc ccctatctat 59580
aaatagtttt actctctttt aatatagtac taatttccga tatattctcc tgttgaagag 59640
caataattac tacattcaca ttcagggtag ttatcacaaa cttcttcgtc ttctacatca 59700
tcataaccaa tatcataatt attataatta aaatctacaa tacaattttc actattacct 59760
ttagataatc ctgtataaat aatatcatcc acagaatccc aatcgttatc tgccaaataa 59820
tttacgctat ctaatactga ttcattatca ggtaaataaa tactaccgtc tgaaaattta 59880
attagaatat caccttgagg taaagtatca ttaattaaat caatctttgt ttcttcttca 59940
atagtgaata cagttccttc taatctttcc ggtgtagtat gcgttaaatg ttttacagta 60000
tctcctgatt cttcatagaa tcctactgca ttcatatctt tattatattt tgcaataaat 60060
ttaccattgt cacttaccaa atattgacta gttgaattat agtcgtttgc gtcatctact 60120
gtcatgcaag ggttataatc tttaacataa taactaattt tcctaacatc tgttgtttgt 60180
actttcttac cttcaccttt aattactgaa ttaatttttt tcataatatt ttctcctttt 60240
tatatatcaa ttgatttttt tgcaagatta tcggcatagt cattccattt atcatttgaa 60300
tggctcttta cttttacaaa atttatatct attacttttt ggtattctct tatcatattg 60360
atatatgttt tacttagaat atttcttgca gaccaagtac cttcatacca atgtattaaa 60420
ccaatataat ctatataaac tattgcctga ttgtatccta gttttatagc ctcttcaata 60480
ccataacaac aagccaatat ttcacctgca acattattat actttattaa tcctggtttg 60540
tcaacacttt tactaatttc cgctattata tttccttctt tacttaccaa gacagcacct 60600
gagcctactt tacctttatt atatgaggag ctaccatctg tgtatatatt tacactatcc 60660
tgcatattta taatcctcca taaattgagg gaattcacaa tctgagtata cttctctaca 60720
aaaagatact gagatataat taaaatcaaa acatttgaaa cagtgttctt gaacttcttt 60780
tttatcttta gcaatcacat taaatttaaa accatcagct attactgtaa atactccttt 60840
tttcataaaa caaatacctc caccaatttt attttaaatt aataactaat tcaataaatg 60900
atttaatagt tttatttttа ccttcatcaa tatctgaaaa gaagttaatt aaactatcat 60960
cctcatcaaa taaatcttca acatcatcaa atttatttaa tatgtctgta acactataac 61020
cttcttctga tatatactca tgcaagtctt ctccatcttc tgacagtgtt gcttctattt 61080
taccattttt actttcaatt aaatataaag tatttaacac tttaacagaa tctacaacta 61140
cactgtagtt actaatagta ggatattctg tataaagtat ttctacatta gtattcatat 61200
aactatcaat tacagagtta actgtatctc tttttagctc agatacatta tgttttcgta 61260
tagtagggaa ttcttcatca tattctacta attcttttct atctgtgttc aataacttgt 61320
ctaaagaaga caacaatact attttatact ggttatcagg gagactatct gtaatttcca 61380
ttattgttaa aaacgtatct tcacctagaa ctttgtttat atcttgtaac tcaaatgaat 61440
ctaccatttc aatagtatca tctatatcat ctgtagtcat taaaaaatta actaaattat 61500
tattctccat catcttcctc caattctttg aataactctt ttcctggagt atttaacgct 61560
ttctctaacc gcattaaatt agcgcttctt ggtttctttt ttccatactc ccaataagat 61620
ataagagagt aatgaacacc tatctcagaa gctaggctcc ttaatgtatg tccttttttct 61680
actctaattt tttgaaggtt tagaggttta ctttcctttt tttcatccat aattatttct 61740
cctctacttt taaaaattta aaatcctcag atgcttttgc atttttttagt atatactcgt 61800
gtgacttatc tcttgcctct gccttgcttt tagcatataa ctctatatga aatacatgag 61860
gtttttttaa agacggtgat tcatatctcc aataaacttt aaaaagtagt gtttcttttt 61920
ttaaaacatt aattcgaaac catcttttaa atttattcat tcattatcct cctttattta 61980
tttgttaaac taattatagc atagttaact tatgaagtca actataatat acaaaaaaga 62040
ctaagaaatt aatcttagtc taaatcgtta ctaatagttt ccgttggcat tatggaagtt 62100
taaagctcct gatgttgaac cgtaacggtc aatcatatat tgttttgcac ctttagtttg 62160
ttctgctata gaaccaccac tccatgattt acctaatcct tggaataacc cttgggctcc 62220

tgatgttgga ttaacagcat tcgggttcaa tgtagattca cgcatagcaa tttcaatcat 62280
tgcttcatct ccgcctgctt gtctaatctg ttctgctaca gaaccacctg tacttttagt 62340
agctgtagtc ttagtttcta ctttaggagc ttctactgac ttaggagctt cttgagtagt 62400
tgtttcttgt ttaggttgtt ctactgcttt attttgtgta tcaaattgtg cttgttgttg 62460
gtctactttt tgttcaggtg tttgctcttc tcctgctaat ctagatactg tattatctac 62520
ttgagttgaa cctgaatgat attcataacc aaagttacca ttataattat agaaatgata 62580
agtaaattca ccatcactaa atgagaaatc ataattacct tcttgaattg gttttgtatt 62640
aacttctact gaatttgatt tagcttgttc tgctaactta ttatagtcaa tttcgtctgc 62700
actagcttcg tttgtagcca tacctccaaa agtaatagct gtacctaatg ctaatgttgc 62760
aaaaattgtt ttcttcataa atttaaaact ccttaaataa ttttttagaa ttgtttattt 62820
gtaaaccgac ataagtaatc ataacatata tctttaaata acgcaagtat aatatagcac 62880
taattagtgt aatattatta aggttttatt acaaacatta cagttatcag ataattaaat 62940
acaaaaaaga gaggtattaa cctatctaat ttattatttt cctgttacat ctacaatagt 63000
tccgtctccg ccaatttgaa taggttgttt tccatcccat ttttcaatta gctgttgttg 63060
taaaacttca tctgttaatg attcacttct gatatcatta gctttcttct caccttttgc 63120
ttctacttct tttttcttag cattttcttc agctatctgt ttatcgactt ttgtacgttc 63180
taattcttga tttgctttta ctctttcgtc aattgctttt tgagtattct tatctgcttt 63240
aggactagat aatgcaatat cttcaattac aaatccttgt ttttctaaat tatcatttaa 63300
gctatctaaa gtatcttttt taatttgtcc tgttttaaca ccaaatgcat caattactga 63360
gtacttagat actgattgac gtacattatc ttgtacacga gaacgtaagt aacctttttc 63420
taattcttca atgtcagcac taccaaaacg attaaataag tctacagctt tagttgcatc 63480
tactttatat gaaacatcaa tatccatttg taaattctta ccgtctgaag ttgccacgtt 63540
taaatcttta tatttatgtg tttgtgtttt agttggatat ttgtttacct tatcaaaagg 63600
tgctgttaag tgccaacctg gtgatttagt atcttcctta acaccattta ctgagtacac 63660
aactccaaca tgaccttgtg gaatctttgt aatacacatt aataaaataa taaatcctat 63720
aattgctaaa aaccctatta ctcctgaaat aactactgac ttcctcattt acatttctcc 63780
tttttctatc tcttttatta aactatttaa agctttttcc tctttgtcta tttcctgttt 63840
gtctgctttg gtaacaagag attgcctacg gtcatttaag aattgttttt tatattttac 63900
atattgttct aaaccgtatt cttctaatgt accttgccta actaattccc tgtattgttt 63960
tcttatgtta cttttcttct ctctcattga aagaaaatca aatacgtaac tcataccaaa 64020
acctacaagg actagaaaaa caataaaaat agcaaagtat gttaaaaata atgccatgta 64080
attcctcctt tatttgatta catatataac tatacactat gtattacgtt ttgtcaacac 64140
ttttttgcaa aaaaaataga cggatttaaa atccgtctaa atttatactt tatttaaata 64200
ttgttatact tttagtttct tcatactctt tcaacattct atctctaaga tttattgctt 64260
cttttatact atctacttga tatgattggt accttatatt atttcttgtt atagaaactc 64320
tatatttacc attagttctt tcttgtatgt tttttaatcc ttctagttta gagggtctat 64380
taactatatt ttcacttcta gtagtccatc tacaattttc cggagaatag ttaccatcat 64440
tatcttttct atctaattgg tatttatcag aaggtctttt acccatatca tataaaaaag 64500
attcgaaaga gtttttccat ctatcacaaa cttcaatacc tcttcctcca taatatggat 64560
aactgtcttg atttttgtta tagcatcttt ctttcatttt tctccatact gtatactcag 64620
gatgtttttt agaaccatta cgtgatttca tacaaccaca acttttataa tagtataatt 64680
gacttttaga taaaactcta tccataccgc aatcacataa gcataaatat aatttacctt 64740
taatcttatc tgaacctaca tattcttcaa caaataattt ttctattttt ttacctataa 64800
tattttccat aaaatctctc ctttgaaaat attataacat atatataagg ggtattgcaa 64860
ccccttttatt tattaacctt tgaatacacc ccaggcaact ccaggtacat gtgaaggtgg 64920
aacaccttga caagttctaa cagggcaata tactctgtta ccattgtaag cattataacc 64980
tatccaaata tgacctgctt ggatacaaac ttcgtcatat acaattgtag cccctgccgg 65040
taagttaccg cctactggag catttaagaa tggagaacct attctagtta ctataggttg 65100

gttaccatta acaaatgttg cattttccgg tttataccaa gttccgtact ggttcttttt 65160
ccaagagcct gtaactggtc tagttgccgg tgtacttgcg ctacttgttt ttccatcttt 65220
aactactgta gaacttgaag tccctttatc catgtagttt ttaatttgtt taatgaaata 65280
atcttttaat ttattcatta ttgcttgtga tggtcttcct tgtgttactg gattaaatcc 65340
tgtatgaaga accatagaac ggtgagggca ggcagttggt acaaattcca tatgcaatct 65400
tacagtttta cggttaggag taagacccca ttctttaaat ttctccgctg taaattggaa 65460
tactgcttgt tcatttttaa ggaattgagc atcactagca ctcattgatt gacagacttc 65520
aatacctgca aatctaaagt tacctgagtt tgctcctgtt ccatctcctg tgtgccaagc 65580
aatttgattc ttagcatcta ttgcttccca tacataacct tcagagccgt agtaatgagc 65640
aataccatta gcgtatctag cataacctgc attagctaat gaattctcgt attgttgtcc 65700
tgaagaacga cctgcatcgt tgtgtattac cattccttca ggtttttac cacgtttatc 65760
cattgtatag ttaatgtgat tcttagaaac ttttagtgtt gctttctttt taggtgcagg 65820
agttttactt gcgcttttct tagctgtttc ttttttaaca gtagttcctg cttttacagg 65880
tatttcaatg aagtgagtta atccgtaata attatctaca cgttttgtag gttttttatt 65940
agcataacca ttccagtttt gctctaaaat agtaaacgta gaagtattac ctccatcata 66000
tacaatacct atgtgacccc actgttcata actaccggat gtaaataccg caatccaacc 66060
ttttttaggt acagtagaag gtttattttc atgtatttta aatccagtac cataactctg 66120
tttaatttgg tctttagcat taccccaagt tctaacttta ttatctgtta accataaaac 66180
atagtctgta ataaggtctt gacactgagc gtgatagtaa ccatctgcgt caatggctcc 66240
tgcttccatt acaccaaatg atgggtcata acttgtagct tttttaactc tgtaagggct 66300
atctactgtt ccttttgcat aagcgtctaa acgtttattt atttctgctt gagtcttagc 66360
cattacttaa cttcctcctc tgcaaatact ttaccatgtt cctcggtatc ttcttcatct 66420
tgagaaggtg ctgaaccacc atcaatttca tcttcaatag caggtacttc atcactatca 66480
tctgtgtcag gttctgcatt gttttcgtag ctgtctatct caaaagtact agcgttattt 66540
gcatttgctt gccattgaac gaattcatta gggtctttac tatcacgagg tttaagatag 66600
tctgtttgaa caatatcact atctttaaga cctttagtat tattatcaac aataatacct 66660
aaacctgcta atagtgttag tatagaacct acaatattta caccttgctc aatttgagct 66720
gagtagtcta aaccgaaagc acctgtaatt tggttagcaa ataatgctac tgctgatata 66780
attgctaccc aaaatgtttt gctcttagtt cttgtgctaa ggtttattcc tccaacaact 66840
ttaggttgtt tagtttcatt agccattaaa aaaccgacct ttctattata tttatttcta 66900
acaataatat aacagtaggt cggtcatgtt tatctatatt aatttaacac ttactcatta 66960
atttggttta gtttttgat aacttcagac atttgtttgt tatctaaatc ttctaattta 67020
gtttcaggaa gtagctctaa cttatcccaa acttcttctt tattagatac tttattatta 67080
ataattgcct taccaactaa actttccgta taatataatt gttttgctga tgccatttgt 67140
atctctcctt ttaaatatgt aaagtatata gctagtatcg tatcctagga acaaacactt 67200
gcgctatata ctcaatgaaa tcctaccctc attcgaggac acagcaaacc ggttcgtcaa 67260
ccgcacatat gaattctcag atttcattta tgtaaaacac accctctttg atttgcacaa 67320
agactaaggg ttttggagac ccttgtacta ctaattatac taagggtgtt tattatggtt 67380
tctattggat ttgaaccaat gacacctaga gcttcaatct agtgctctac catctgagct 67440
aagaaacctt aaaacgaccc atacgagact cgaactcgta ctctctgccg tgacagggca 67500
gtgtgttaac cagttacacc aatgagccaa aattataatg ctataccta accttacctt 67560
aatgtatagc aggtttttat ataagctcga agcaacgatt attaccactc ataacaacta 67620
tatattaagt gaaaggaggt gaaatgaaca aaacgtggta attggtactt atataggaaa 67680
tatgtataat ctacaaggag taagttattg gttcataaag gagtgtgaac aataaataca 67740
tgaaagagtg aaagtttact ccctgtagat tctttttaa ttatcaatca aaggaggaaa 67800
ctgataattg ttaataataa actataaaga ggaaaatatt tatagtcaca ttctgatata 67860
atgcaactaa atatccaagc ataacccgtc tcacgaggaa cctacctata agacctgtta 67920
ttaagtgaat cactacgatt gactctatta aggagctacc ttaagtccat ctcacgcaat 67980

ttaaaaggga cttacaaacc gtaaaacggt aataagttta ttaaataatg tgatattaac 68040
atattagtta ataactttca catggtcgaa gaaaagtaaa tttatttgat taccaaatta 68100
tttttatcaa atatagctct tttgaacctg tagatttatg ctactcatac tgataacctc 68160
tattatctaa cacatttctg tgctccaact acagttagtc gttacagcgt atctttctag 68220
gattccgcta agaccctaga aagaaattaa accctagccg ttatcatact ctacagacct 68280
tataagtaag taccaagtat accaatcgta tttaacaata ctaatgacga cccatcctac 68340
cgatatatct ccgataggtt ttgattcgtt tgattatctt gtaccttatg actaccaaat 68400
cattattcag tcactatgct cagatattta gttgtattat ttatatatta attataacat 68460
aatttttatt acttgtcaag ttaattttaa aaaaaattat agaagtaggg acgtttacct 68520
acttccattt aatttacaca aggatgataa cattgttatt gttttatact ggaaaacaat 68580
gtaataaaaa cagtgatgtg taaggtattt gttttattgt taattacatt atagcatata 68640
ctgatacctt tgtcaagtta atttaatact ttttttaaaa tattagttat cttttgttaa 68700
ttcttcctga atagcatccc atcttctttc tgcttcacta cgattatctt ctatatgctt 68760
tgtagtttta caacatttaa tacaatatat atctttgata tgaccttctt ctcttttatt 68820
tgctcttttt cttggtactt tgaatacatt tccacattct ttacatatta aacttgagta 68880
aaacattttt tgtcttttca taattaatca attccttttc tcttttattt gataatttaa 68940
ctatatacta tactgataaa taagtcaaca gttttctaaa aaataattta aattattttg 69000
aagaatcctt taatatcagt acttacaaga gaaaaagtac gtatttagaa aataaggagt 69060
actcctatta tatataatta tattctgata tacagtaatt aataatatta aatatataat 69120
tataattaat agggttggga aaattgatat aaacataact gatactgttt ataaatactc 69180
agtataaaag taaaatccct tagtatcagt acttacaggc aaaaaagtac gtatttagaa 69240
aataaggagc tctcctatta tagttatata tatatattta ttactattat taattactat 69300
ttaaatatat aattataatt aacaatgtta gaaagtcaac aatagcataa ataaaaaagt 69360
gactacttaa agtcactcaa taattagaat actattttaa aagattctat tctgtttgga 69420
ttaatatata cttgaggtga agttatagca ctttcagtat atacttttat agaggtttca 69480
tccattcctc ttaacatata atctatatct tgcctattgt aactcttttc atcagtagat 69540
actaaaaagt atttagctcc acttgacatt gttatttcaa tatgttttga catctacaat 69600
ctctcctatg caaatttgtt aaagacaaag gataatatag ctcctagaac aagtaaaaga 69660
accttctcag ttgtatcctt tttcttagta tccttagttt ttgtactttc agcaagttct 69720
gaaatctttt catcaagtct ttctaattgg acgtaaattg ctgattgttt ttcactattg 69780
acagctacat ctttatctat actaactatc atttttctta gttcagctac ctcaacttct 69840
aaatctttga aagttcctct atctatataa ttaccttctt gtatcttaga cttaatagtt 69900
tctacttgag aaacaaggtt gtttatctcc ttatccaact agaatcacct ctaaggtcta 69960
accgtttcag attcagaatg gatatcataa ttttctaaga aatcattgat aatctccata 70020
taattatccg taacgacttt tccgtaagat gtttttgtat caatttcgaa tctaagttta 70080
ccgaagtctt ggaggtctaa ctcttttatt acaatattcg ggtcatcaga aggaaggtaa 70140
taatagtcga agtatataat tgagccattt attagtagac ggtctattct atacatatga 70200
aagaatcttc tgtctcgttt gaaatgagct agtgaatctt taaactctaa cttaagtata 70260
tccttatatt tagtcaaagt ggtaacctcc ttactattaa tttttaaatt tacttatttt 70320
gtgttataat agttatgata aaggcagtta ttataattat attaagaata aagataataa 70380
ttatttttc tgagaaaata agccaaatac tacaaacaga taaaacatag atagctgata 70440
gatatactat attaatagtt accttacttt tatcttttct atagatagaa taacctaaag 70500
aagttgtaac accactaagt ataaaataat agaaacaaaa aagaggtata gacagaaaaa 70560
aagatacgat aatcattgtt aaacacctat ttctttttga cctattattt ctagaacttt 70620
tagattatac cactaatata acattaaaag ccagtcataa aagtcaattg ttagattaat 70680
aatataataa aaaaagacaa taggaggtta aagtggttga ataataacat agctatattc 70740
atattcaaaa cattggttat cattatattc ttactgctat ttttgtctgt tgttaattcc 70800
ttatccctta tttactcaat aagaccgagt gtagttatgg catactttac ctttggaggt 70860

attgtttctg atgtcgcact tactatgaca gataagttct tacttaagaa agaagaccct 70920
ctacctgagt atgttcttaa aaaagtagag ataaatgata aagaaataag cataattaag 70980
aaaatcatag aaagtaatta tgatataaca tcagaagaga taaaagttag agctaaagca 71040
caacagagat tagaggaaga tagcaaagag gaagataacg atgaaaacga agaaagaaat 71100
taaagaacaa aggaaagaac ttaaagacgg tgctacaact gtttctttag taaaaaaagg 71160
ggataagaga atagctagcc ctagtagaat ttgtagttta tgtggtcagc agttatcagg 71220
tatgagttac actaaaggaa aagcattatc aaaagttaat cattttcatt tacagtactc 71280
taagtacatt tattttgata tttgtgcaga tattaacaat tgttataaaa atttaagaaa 71340
acgaggtgaa atggattgag tgcagaaaat attagagata taattaataa gaaaaagtta 71400
gaagaagagg atacaagaaa atatatagct gatggattta tgaatggtat cggtaaatta 71460
atgtatgaat tcaataaaaa agtagataat aaagaaatag aagttaaaga ccctaacgat 71520
ttatataaac tatttgtgat attctctcaa atgcagaata tggttaatga aacttctgaa 71580
ggtggagcaa tacctcaact atctagacct caacaagaat tatttgaaga gattacaact 71640
gaagatagta atggggagtc tactgtagac ttacaaaaaa tatcagaaat gtcagcagaa 71700
gatattacag aaatgatttc tgaaaaagag aaagtaatga atgaggaaaa ttcaaaaaca 71760
ttctaagggg aaagatataa catggatgga aaagaactaa ttaaaatagc acaagaaaca 71820
tttcaaacag aaaaaataac aagagagcag atagaccata taatcaatat gttaaaccct 71880
tctacctata tgcttaagta tcacacgcta agaggtcacc ctataacttt cagtattcct 71940
aatagggata gaagtaaagc acaagcacac cgaccttggc aagtccgtaa acatactatg 72000
cggactataa acctttttcta aaattggaaa ctcctaacaa gtgaagttga ggacaatcaa 72060
ttgctaaatc gtaactaaga taaatatttt aattacgtaa atgcctaacg actaaatttc 72120
caagtaagca ataaaatggt attgtgtaga attggaagag agggaaaccg taacgaaaag 72180
gacttttacg cctaactgta aaagtatgat atagtctaat cccctaataa atatcgggaa 72240
accgagggta gtaaatgata gtaaatgaca ctcatccaaa caaagcagtt attaaaagca 72300
gacaattggg gcttagtgag atgggtgtaa tggaaatggt tcattttgca gatatgcata 72360
gctatgccaa tgcaaaatgt ttatatacct ttaattagag aggcttcacg tagcaatgcg 72420
tgttgaaaaa ccttgttaaa cggggaaacc cctaacgtaa agacgagggc aatcccgtgc 72480
taaatgttga ctaacctaat attatatgat atattagtta tagtcagcta aatgccgaac 72540
gactaaattt ctaggtaggt atctaaatgg aggtactgag aactagataa aaaaactact 72600
taaaataatt agacttaaaa aaatactgtt ggaaggagga tatttaatgg gaaaaaaatt 72660
aactaatact gagtttttaa atagagtatt tcagttagtt agtgatgaat actcattttt 72720
agaagagtat aaagggagac ataccaaatt aagatgtaaa cataatttat gtagttacga 72780
gtgggatgta gaacctggag ctttttttagg taataagaac aaagcaggaa gtagatgtcc 72840
tagttgttat ggtaatgtta ctaaaacaac agataaattt aaaaaagaaa tatacaattt 72900
aactaaagat gaatataggt tactttctga gtatattaat gctaaaacaa aagtaaaaat 72960
taaacattct aaatgtggta atacttttttc tatgacacct aatactttta taaatggaag 73020
tagatgtcct gaatgtaacc ctcaaaaacc gtataataca gattctgcta aagataggat 73080
aaataaagaa acgaatggta cttttgaact agttagtgaa tacaaaggtt gttatgagct 73140
tatgaagtta aagcatcatg aatgtggaaa tattgtagaa ataaatatgc agagtattga 73200
tagcaataga ctaaattgtc cttattgtta taataggtct agaggtgaat tactagtatc 73260
ctcatttctt ctttcaaaaa acataccatt cgaagtccaa aaaagatttg atgggtttaa 73320
gaaatatcct tatgattttt atatagctga ttataatacg gttatagaat atcatggaga 73380
acaacattat aaacctatta agttttatgg tggagaagat agattggtaa ggcagaaaaa 73440
tatagattta aagaagaaaa attttgttga gggtaaaggt ataaattact tagaaatacc 73500
ttacacatta aacaatcaaa ataaagtaaa tgagttttta attaattatt ttaagtagaa 73560
gtaaagcaag gaacccttaa ccaaacttaa gggttatgat atagtctaaa ccgtatataa 73620
atactaggaa actagcggta taattgtcct acaaatgaac aaatgaagaa atttgttcag 73680
tctcgtttaa atcctgtatt agaaaaagaa tattttaggg atattgttga ttgggataaa 73740

gactctttag gttttaaaaa gataagaaat tctagtttat tctttagaac aagttctaaa 73800
gcaagtactg tagagggtgt ggatattgac tatttatctt tagatgagta tgacagggta 73860
aacttattag cagaatcgtc tgcactagaa tcaatgtctt catcaccttt taagattgtg 73920
agaagatgga gcacaccttc tgtaccgggg atgggtatac acaaattata ccaacaatca 73980
gaccaatggt attacggtca tagatgtcaa cattgtgatt acttaaatga aatgagttat 74040
aatgattaca accctgataa tcttgaagaa agtggaaata tgttatgtgt taatcctgaa 74100
ggggtagatg agcaagctaa aacagtacaa aatggtagtt accaatttgt ttgccaaaaa 74160
tgtggtaaac cactagatag atggtataat ggtgagtggc attgtaagta ccctgagcgt 74220
acaaaaggta ataaaggggt acgaggatac ctaataacac aaatgaacgc tgtatggatt 74280
tctgctgatg aattaaaaga gaaagaaatg aatacagaat ctaaacaagc attctacaac 74340
tatattttag gttatccttt tgaagatgtt aaacttagag ttaatgaaga agatgtttat 74400
ggtaacaaat cacctattgc agaaacacaa ttaatgaaac gagatagata ttctcatata 74460
gctattggta tagattgggg aaatactcac tggataactg ttcatggtat gttacctaat 74520
ggcaaggtag acttaatacg attattctct gttaaaaaaa tgacaagacc tgatttagtt 74580
gaagcagatt tagaaaaaat aatttgggaa atatctaagt acgaccctga tattataatt 74640
gcagataatg gagactcagg taataacgtt ttaaaactca ttaatcattt tggaaaagat 74700
aaagtatttg gatgtactta taaatcttct cctaaatcta caggacaatt aagacctgaa 74760
tttaatgaga acaataatag ggttacagtg gataaattaa tgcagaataa aagatatgta 74820
caagcactta agacaaagga tataagtgtt tatagtacag tagatgatga tttaaaaact 74880
ttcttaaaac attggcaaaa tgttgttatt atggatgaag aagatgaaaa aactggagaa 74940
atgtaccaag ttatcaaacg taaaggtgac gaccactatg cacaagcaag tgtttacgcc 75000
tatataggat taacaagaat aaaagaactt cttaaagaag gaaacggtac aagctttggt 75060
tctacatttg tttctactga ttacaatcaa gaaggaaata aacaattcta ctttgatgaa 75120
tagaggtgaa atagacttga cagataaatt attttatggt acaattagta atgaagaaat 75180
taataaaagt gtattgaatt tgttattggg tgaggaatta tccttagatt atgtttctaa 75240
aaatagtgat actttagatg ttaaatatga acatgtctat aaatctctag gattcgataa 75300
tttctttgat tgtttttttat atgctaatag agagcctgaa atagtccaca aaggtggaga 75360
taaaaatctt ggtggactaa ataaggttaa acgtactgtt attcgtaatg gtaaagaaat 75420
ggaaatgaca gtttacgaag acggtaataa agagaacgat agtaaagaaa aacaagaagg 75480
aaaagaagaa gttagtagaa gtgcagtagg agcaagagct atttctaatg gtgaagaagg 75540
aaaggtaaac cctaaaaaag tagcaaattc attatctagt ttaagtaaaa agggtgtaga 75600
tgtatcccat attaatacaa acttatcatt gtataaagag tttgttgatg ataacggtga 75660
tacattagga attacatctt ttaaacgaac tgaaaatgat ataatattag aatcttatgc 75720
aagttcacct gattcagatg gtgtaggagc aagagctatt atggaattat tacgtttaag 75780
tattaaggaa aataaaaatg cagttgtgta tgacatagaa ttacctgaag cagtagagta 75840
tttaaaaact ttaggattta aacctaataa agatgggtac atcttaagaa aaaaagatgt 75900
aaaacaattc ttaggtgatt atagtgattt tatttagcac tatagtcatc tattctattg 75960
tatttattct atatattgta ttaaaaacaa tttatataaa gtctaatatg agtagaatag 76020
ataacacaac tgaattatta aaaatattac aggaagatat tgaaggtaag ataaaaaagg 76080
aaggaagaaa taaatgactt tagaagaaaa taaattaaca ttagaagaat caataactcc 76140
acttagtaaa gaggagaaag aagatagtat taaagaattt agtagtttat tatgtgaaat 76200
ggtaaatagg ctatacaagt cttataatgt atttagacaa gaccctatgg atgaaactca 76260
acgtctagat ggctctttaa tggtctttca aagtagatta aatgaccctt taacaggaga 76320
tttacatgat aagatgtata aacttgcttt ttcaaaacgt attgatattt tcgaagctaa 76380
taagcaattt agaaaagatg tagaagcagg taaagcaatt gagttaggtg atgtagctat 76440
tatagataca gcattaagta acatcctttc aggcaatgag ttccaaggaa gtatttcatt 76500
tatgcttaga aaagactttg aagaaaaaga acgaattaga aaagaagaag aagagaaact 76560
taataactta taaaagggaa gaattatgag actatataaa atgaggtatc ataattgaaa 76620

aagaaaccac aaggcaatga ggtaatcata accataataa cggttatgat agcagtattt 76680
gtagtcatta tgaccatatt ttttaataaa tatcaagatg ctaaagaaga taaagataga 76740
tatcaaagat tagtagagat ttataaaaaa gcagatgata atgatggtga gactaaaaag 76800
aaatatgtta aaagattaaa taaggctgaa gaagaactta aaaaagtaaa aaaagaaaca 76860
aattataaag attataataa gaagtcaagt aaagaaagac aaaaagaaga taaagaaact 76920
agagagaaaa tatatgatgt aactggtgat gatgacttaa tattagtaaa aaataatatt 76980
gattttagtg ataaagtaga caagcccgaa atacttatta gtgaagatgg aattggtacg 77040
ataactgttc ctgtagatag tgggtatgaa aaacaaacag taggttctat tattactagt 77100
gtattaggtt ctcctttcct atcacctggt tcaaatagta tagatggttt aagtgttatt 77160
aacgataatg tttatccaaa tacagtagat agcatagtag aagatacaaa accttctatt 77220
aacttaccaa tggataatcc tattataaca aatccggttg aaccaactat accttcagat 77280
actatacctc ctattgataa tccttcagtt ccggtatttc ctgagaatcc agtagataat 77340
aatcaaggaa atacagataa tccaaaccca ccgcctccag gatatacaga tgaagatggt 77400
ggaaggggct ccggtggtgg aggaaattct gaaccaccat caacggaaga accttcggat 77460
aatggtaaca ctggaggagg agattgggaa gaaaaacctg acccaggaga agaaccttca 77520
gataatggta atacaggagg caatggtgga gaagttacgc ctgaacctga ccctacccct 77580
tctgaacctg aacaaccgaa tgaaaattct gatgaaggta atgaagaaaa accatctgaa 77640
ccgtctgaca atcctgatga aaatggagga tgggaaactg aaccaactga acctgagtca 77700
ccttcagagc cggacgataa agtggacgaa gaggataaaa atgaagatac tacagatgat 77760
aaacagccca ctgaacaacc ggacgataac aacatagata atgaagataa aactgaagag 77820
gagtaattac tcctcttttt tgtttgctat attaaataag agttaaatat aaaaaaaatt 77880
gaacattacg gtggtgaaaa ctttgttagg aatgaatatt ataacgtcac tatcagtagt 77940
atttacctgt ttaagtcttt taactttaat gatttttgtt catagtaagt tctctagtaa 78000
aaacgttttt gttttgtatg taatttatgc tataatagga ataggtacat acatagtttt 78060
aactatgttt caaacaacat ctgtacttat taagaatgat gtaatagatt ccatagaaaa 78120
tactgaacat tatattggat tcaatgaccc tataattata tttactataa gttttatagg 78180
tgcaatactt ggaggaattt ggtacaagat gatgaaaatt attaaaaaga gtaactttaa 78240
agataaaaaa taaaaaagac ggtgaatagg ttgatattct ctaaagataa aaaatgggat 78300
gaagcaaaag atttcatcaa aggtcaaggt atgcaagata attggataga gattgtagat 78360
tattatagac agataggtgg aaaacacgta gctgttttta ttgctttaaa caaagtaaaa 78420
tacatgattc tagaagcaac aaaagacaat aaagtaatat tagtagataa agataataat 78480
atactattag aagattatga tattgttatg gaaagtaaga agatgtttta ttacattgaa 78540
gaaccgttcg aggttaaaat aaatatccct caacatatta gagatgtaac ttataataat 78600
actgttgtat taactacagt aagagggagt agaggtgact agtaattggc agatttattt 78660
aagcaattca gattaggtaa agactatggt aataatagta ccattgctca agttcctatt 78720
gatgaaggat tacaagctaa cattaaaaaa atagaacaag acaataaaga gtatcaagat 78780
ttaactaagt ctttatacgg acagcaacag gcttatgcag agccatttat agaaatgatg 78840
gatactaatc ctgaatttag agataagaga agttacatga agaacgaaca taacttacat 78900
gatgttttga aaaagtttgg taataaccct atccttaatg ctatcatact tacacgttca 78960
aatcaagtag ctatgtattg tcaacctgca agatattcag agaaaggttt aggttttgag 79020
gtaagattaa gagacctaga tgcggaacct ggtagaaaag aaaaagaaga aatgaaacgt 79080
atagaagatt ttattgttaa tactggtaaa gataaagatg tagatagaga ttcatttcaa 79140
actttctgta agaaaattgt tagagatact tatatctatg accaagttaa ctttgaaaaa 79200
gtatttaata agaataataa gactagacta gaaaaattca tagcagtaga cccttctact 79260
atttttatg caacagataa aaaaggtaaa attattaagg gtggtaagag atttgttcaa 79320
gtagtagata aaagagtagt agctagtttt acttctagag aattagctat gggtataaga 79380
aaccctagaa ctgaattatc ttcctcagga tatggattat cagaagtaga gatagctatg 79440
aaagagttta ttgcctataa taacactgaa tctttcaatg atagattttt ctcacatggt 79500

ggtactacta gaggtatttt acagatacgt tcagaccaac aacaatcaca acatgcatta 79560
gagaacttta agcgtgaatg gaaatctagt ttatcaggta ttaatggttc atggcaaatt 79620
ccagtagtaa tggcagatga tattaaattt gtcaatatga caccgactgc taatgatatg 79680
caatttgaga aatggttaaa ttaccttatc aatattatat ctgctttata tggtattgac 79740
cctgcagaaa ttggtttccc taatagagga ggagctacag gttctaaagg tggctctact 79800
ttaaatgagg ctgacccagg taaaaaacaa caacaatctc aaaataaagg tttacaacct 79860
ttacttagat ttattgaaga tttagttaat agacatatta tatcagaata tggagataag 79920
tatacattcc aattcgtagg tggagatact aagagtgcta ctgataaact taatattctt 79980
aaactagaga ctcaaatatt taaaacagtt aatgaggcta gagaagagca aggtaagaaa 80040
cctattgaag gtggagacat tattctagat gcttcattct tacaaggaac agcccaatta 80100
caacaagata aacaatataa tgatggtaaa caaaaagaac gtttacaaat gatgatgagt 80160
ttactagaag gagacaatga tgattctgaa gaaggacaat cagcagattc tagtaatgat 80220
gataaaagta accctgaagt aggaactgac tctcaaataa aaggggattc aaacgtttat 80280
agaacagaaa cttctaacaa gggtcaaggt aaaaaagggg aaaagtcttc tgattttaaa 80340
cactaataag gaggtaaaat taaatgtcag ttatatataa agataataat tggattgatt 80400
taactaatgt tccttattta caaaaaggtg atagtggata tcgtaaagat ataccaagga 80460
aaaattggaa aaagtgttta aatacagaag taagtttttc ttataaaggt aaaaagggtc 80520
tattttatgt aacttatcgt aaggaagata aaggaaaagt taaagttgaa tatgataagt 80580
atgttaagat aatagaccct catgatttaa agacactaaa tataaataaa atagttaatc 80640
ctcctaataa agctaagtat cgtgagcagg aagtaattaa tggtgatact gtaagaaata 80700
ttagaaaagt taagaataca ggaattgttt atactatgtt atgttcagag tatgaagaag 80760
aatatgatat aagagaaagt gatttattaa gagggagagg tagcccttat aaatcaggta 80820
gaaaagtatg ttataacaat tcattatatt ctgttgaaaa tttgagagaa tatatctgtg 80880
atttagaata tgctaaaact gtaactaagt tttcacataa agatataaaa tgcaagtgcc 80940
ctatatgtag tgaagagaaa gttatgaagg ttaataaatt agttaataac ggtttttctt 81000
gtcatagatg tagctcaact ataacatatc ctgaacgatt aatgatagga ttactagaat 81060
taaataattt aaactatgaa tatcaaaaag tatttaaaga cctacctaat agaaaatttg 81120
atttttattt acctaaatta aatatggtta ttgaaactca tggattacaa cattataggg 81180
aattaaatgg ttacatgaat catgaaaaaa caaaggaatc ggatttagag aagtataact 81240
attgcaagaa taataatata gattatattg aaatagattg tagttacagt gatttatcct 81300
ttatattaag taatgttgag aatagtaagt taaatagcat acttaaaaat aagaattacg 81360
ataatcttag caattatatt ataagaagta aaaatgatga tgttaagtat aatatatatt 81420
tggattactg caaaggatta agcaagaaag aattgaaaga taaatataat aaaacgagtt 81480
attatataaa caggtctatt gagatattta aacattaatt aataagccta gaataaatct 81540
aggctttgtt tatttttttt gtaatttaat tttgataaat gtaataacta tggtatacta 81600
tatgtaattg atattaatac ataaaaaata ttaatatttc acttacaagt tattattgtt 81660
atattattaa cgtaaaagta aataaaataa caagtggagg tgtagacacc tttggaagaa 81720
ataaaattta atgcttttgt acctatggat ttgaagaaat ctgtatcaac agcttctgat 81780
actaatgagt attctatcgt ttcaggatgg gctagtactc caagtatgga tttacagaat 81840
gatatagtta atcctaaagg aatagatata gagtatttta agtcacaagg gtacattaat 81900
tatgagcatc aaagtgataa ggttgtaggg atacctacag agaattgcta tgtggatata 81960
gaaaaaggtt tatttattga agcaaagcta tggaagaatg acgaaaatgt tgttaagatg 82020
cttgatttag ctgagaaatt agaaaaatca ggtagtggaa gacgtttagg tttttctatt 82080
gaaggtgcag ttaaaaaacg taatataaat gacaatagag ttattgatga agttatgata 82140
accggagttg cattagttaa aaaccctgct aatcctgaag caacatggga aagctttatg 82200
aaatcatttt taactggtca tggtacatca cctgacactc aagttgatgc aggagcttta 82260
agaaaagaag aaatagcatc tagcattaca aatttagctt acgtcactaa gattaaagat 82320
ttaaaagagt ttaatgatgt atggaatggc gttgttgaag atttgagtaa atctaatagt 82380

atgggatatg aggaatcagt ccttacgtta caactagcta aaggtttatc tcgtaaagat 82440
gcagaactag cagtaatgga tataaacaaa caaaaactag aataggtaag gagaatacat 82500
tctatgagta aagaaatgca aaatatttta gaagagtatg ataagttaaa tgctcaagag 82560
gcagtttcga aatctgtaga agatgatgaa aagaatacag tagaatctac cgaagagcaa 82620
gtagcagaaa caactgaaga acctgctaaa gaacctgaaa aagtatctga ggaagatgct 82680
aaagaagcac aagagcaagg tgaaaaagtt gaatctgaag aggtagcaga ggacaatgaa 82740
gatgaggaag ttgaaaaatc agctaaagaa tcaaaagacc ctgtagacca aaaagatact 82800
aagacagaaa ataaagacaa cgagaaacgt aaaaataaaa aagataaaaa agaagattct 82860
gattctgacg atgaagataa agatactgac gatgataaag ataagaaaga agataagaag 82920
gaaaaaactt ctaaatcaat ttctgatgaa gatatcacaa cagtatttaa atctatctta 82980
acatcttttg aaaacttaaa taaagagaaa gaaaactttg ctactaaaga agatttaagt 83040
gaagttagta aatctattaa tgagttatca gcaaaaattt ctgaaatcca agctgaagat 83100
gtttctaaat cagtagacac tgatgaagaa gctgtagaaa aatcagtaac atctacaaat 83160
ggagagcaag aaaaagtaga aggttatgtt tctaaatcag tagacactga agaacaagct 83220
gaaactggtg aagcaaaatc agaagaagct gaagaagtac aagaagataa cacatttaaa 83280
ggattaagtc aagaagaacg aactaagttc atggattctt acaaagcaca agctaaagac 83340
cctagagctt ctaaacatga cttacaatca gcttaccaat cttacttgaa cattaacact 83400
gaccctacta acgcatcaga gaaagatatt aaaactgtaa aagactttgc acaaatttaa 83460
ttaatgcaca aagttgtgtt atattatacg gtgtaactaa agaatataaa tagggtacat 83520
tttactgtac cctacataaa ataaaaagaa cacaaatgaa aggtgataaa tttatatgac 83580
tatcgaaaag aacctgtcag acgttcaaca aaagtacgct gaccaattcc aagaagacgt 83640
agtaaagtca ttccaaactg gttatggaat cactcctgat acacaaattg acgcaggagc 83700
tttacgtaga gaaattttag atgaccaaat cacaatgtta acatggacta atgaagattt 83760
aatcttctat cgtgatatct cacgccgtcc tgctcaatct acagtagtaa aatacgacca 83820
atatttacgt catggtaacg taggtcactc tcgtttcgtt aaagaaatcg gagtagcacc 83880
agtatctgac ccaaatatcc gtcaaaaaac tgtatcaatg aaatacgttt ctgatactaa 83940
aaacatgtca attgcatcag gtttagtaaa taacattgct gacccatcac aaatccttac 84000
agaagatgct atcgcagttg ttgcaaaaac aattgagtgg gcttcattct acggtgacgc 84060
ttcattaact tctgaagttg aaggtgaagg tttagagttt gatggtttag ctaaattgat 84120
tgacaaaaat aacgtaatta acgctaaagg taaccaatta actgagaaac acttaaatga 84180
ggcggcggta cgtatcggta aaggtttcgg tacagctaca gatgcttaca tgcctatcgg 84240
tgtacacgca gacttcgtta actcaatctt aggtcgtcaa atgcaattaa tgcaagacaa 84300
cagcggtaac gttaacactg gttacagcgt aaatggtttc tactcatctc gtggattcat 84360
taaattacat ggttctacag taatggaaaa tgaattaatc ttagatgaat cattacaacc 84420
attaccaaat gctccacaac ctgctaaagt tacagctact gttgaaacta agcaaaaagg 84480
tgcttttgaa aatgaagaag accgtgcagg attatcatat aaagtagtag ttaactcaga 84540
tgacgctcaa tcagctcctt ctgaagaagt aacagctaca gtatctaacg tagacgatgg 84600
tgttaaactt tcaattagtg ttaacgctat gtaccaacaa caaccacaat tcgtttctat 84660
ctaccgtcaa ggtaaagaaa caggtatgta cttcctaata aaacgtgtac cagttaaaga 84720
tgcacaagaa gatggaacaa tcgtattcgt agataagaac gaaacattgc ctgaaacagc 84780
agacgtattt gttggtgaaa tgtcaccaca agtagttcac ttattcgaat tacttccaat 84840
gatgaaatta ccattagctc aaattaatgc ttctattaca tttgcagtat tatggtatgg 84900
tgcattagca ttacgtgctc ctaaaaaatg ggctcgtatt aaaaacgttc gttatatcgc 84960
agtttaatag aataagaaaa actgaataca agagaatagg gataaactta gggtttatcc 85020
ctttttttatt aaaataaact tgaagggatt taataaatat gttatactat aagaaactat 85080
tagataaaaa aatggctact gtttatggta cagtggagat tgacaaagat ggagtagtta 85140
aaggattaac taaagagcaa gaaaaagaat ttgcaaatgt tccaggtttt gaatttgaag 85200
aagaaaagaa aactactaga aaacaatcag cttctactag taaagaagaa gagcctaagg 85260

aagaggaaaa gaaagcctct actagaaaaa ctacaagtac tactagaaaa tctacagcac 85320
gtaaaacaac agccaaaaaa gatgaaaata agtaaagggt gaattaaatg gttaactcaa 85380
tgtttggagg ggacttagac ccttatgaaa aatcattaaa ctatgaatat ccttatcatc 85440
ctagtggtaa tcctaaacat atagacgtaa gtgagataga taatttaaca ttagctgatt 85500
atggatggtc accggatgca gttaaagcat atatgttcgg tatcatagtt caaaatcctg 85560
atacaggaca acctatgggt gatgagtttt ataaccatat attagaaaga gcggtaggta 85620
aagctgaaag agcattagat atatctatac tacctgacac tcaacatgag atgagagatt 85680
atcatgagac agagtttaat agttatatgt ttgtacatgc ttatagaaaa cctatattac 85740
aggtagagaa cttacagcta cagtttaatg gtagaccgat atataaatac cctgctaact 85800
ggtggaaagt agagcatcta gcaggacatg ttcaattatt ccctacagca cttatgcaaa 85860
caggacaatc aatgtcatat gatgcggtat tcaatggata ccctcaatta gcaggtgtat 85920
acccaccatc aggagcaaca tttgcacctc aaatgatacg attagaatat gtatcaggta 85980
tgcttccacg taaaaaagca ggaagaaata aaccttggga aatgcctcct gagttagaac 86040
aattagttat aaaatatgca ttgaaagaaa tataccaagt atggggtaac ttaatcattg 86100
gtgccggtat tgctaataaa acattagaag tagacggtat tacagagaca ataggtacca 86160
ctcaatcagc tatgtatggt ggagctagtg ctcagatact tcaaataaat gaagatataa 86220
aagaactatt agatggttta agagcttact ttggatataa tatgatagga ttataaggag 86280
ggttagaaaa tggaaaaacc gtatatgata ggagccaact ctaaccctaa tgttattaat 86340
aagtcaacaa catatactac tacaacacaa gcagatgaac aagataaacc taagtatact 86400
actagactag agtttgatac gattgacatg attaggttta ttaatgaccg aggtataaaa 86460
gtattatggg aagaagcata tttctgccct tgtcttaatc ctgatacagg acatcctaga 86520
gtcgattgtc ctagatgtca tggtaaaggg attgcatatc tacctcctaa agagactata 86580
atggcaatac agtctcaaga gaaaggaact aaccagttag atataggtat attagacaca 86640
ggtactgcaa taggtaccac tcaattagaa aagaggattt cctatagaga caggtttact 86700
gttcctgagg tattgatgcc tcaacaaatg atttattttg tgaataaaga tagaattaaa 86760
aaaggtatac ctctatacta cgatgtaaaa gaagtaactt atatagccac tcaagatggt 86820
acagtctatg aagaagatta tgaaattaag aataatagat tgtatttaaa tgaaaaatat 86880
gagaatcata cagtaacttt aaagatactt atgactttaa gatatgtagt atcagatata 86940
ctaaaagaaa gtcgttacca atatactaag tttaatcaac ctaaatcaaa atttgaaaac 87000
ttacctcaaa aattacttct taaaagggaa gatgttattg tactacaaga cccttataaa 87060
gttaatgatg gtatagaaga agacctagaa attcaagtag atgaccctaa ggcttcggca 87120
tctaatccta gtaatttagg tggattcttc ggaggtgcat ttaaataatg ccagttcacg 87180
gaaagagacc taatttattt aaaaataaaa actataagca ggtaggtaag agaacaattg 87240
atggtatgcg ttcagaagtt cttgataaat tacaagcaac agcacagcaa gtagagaata 87300
ctagtattaa acgtatgcct acttacctac aaataacaga gaaaaagctt gaaaaagaag 87360
gagtagtaga ccttaaaaaa gcttttgctc actcatctaa aaagaaaact agtaaagatg 87420
gcggatggta tttaactgta ccaatccgca tcaaaactag tagaatgaat aacagtactt 87480
accaagatat gagaacttta aaagtagata aaggtacagg ttcagtctct aagataactg 87540
attacctaga aggacgtaga aagaatgtaa gccacccttc aatgaagcct gagcctatga 87600
ctcataatat gactaaagtt aaaagaggaa agcaatcttc ttactttata tttagaactg 87660
tttctagtaa gtcacctgct agttcttgga tacttaacag agataaagtt aatgaagata 87720
acttctctaa aacaactcta aaaactgtta agcaattaat gaactggaag atgaaaaatt 87780
taaattaaga ggagggatag tattaaatgg caataacatc agttgattca tatttattat 87840
cagaaataaa gcctagactt aacactgtgc tagagaattg ttatattata gatgaagttt 87900
taaaagactt tgattatcaa actagagaga gctttaaaga agctttctgt ggtaagaatg 87960
cacaacatga agtaacggta ggatttaact tcccaaaatt taaaaataac tatgaagctc 88020
attacttgat acaattaggt caaggacaag agacaaaaaa ctctttaggg agtattcagt 88080
catcttactt tgaggcaaca ggagatacct tagtcgaatc ttctacagca ataagagaag 88140

atgataagtt agtttttact gtttctaaac caataggaga gttaataaag gtagaagata 88200
tagagtttgc taaatacgat aatcttcaag ttgaaggtaa taaggtatca tttaagtatc 88260
aaacaaatga agattatgag aactacaatg ctaacattat atttaccgaa aagaaaaatg 88320
attctaaagg tttagtaaaa ggattcacag ttgaagaaca agtaacagtt gtaggtcttt 88380
catttaatgt agacgttgca agatgtttgg atgctgtact gaaaatgatt ttaatatcta 88440
tgagagatag tatagaagag caacaaacat tccaattaca gaatttgtct tttggtgata 88500
ttgcaccaat aatagaagat ggtgactcaa tgatttttgg tagaccaaca attattaagt 88560
acacaagttc tctagatttg gattatacta ttacacaaga tattaataaa ctaactttta 88620
aagaaagaaa ggattggaag taggatggct agaaaaaaga cacctgaaaa taacactcct 88680
aaatttaatg gttatgttca tatagataca ttccttgata ctgcaaaaac ccttttttaat 88740
atgaaggatt cacaagtagc aggatttaaa gcttatatgg aaggtagtca ttatttgttt 88800
agtgagcaag aattcttacc atcattagag aagtatctag gtaggaaatt agatatataa 88860
taacattcag ataaggagaa ttaaatatgg cagtagaacc attcccaaga agacctatta 88920
cccgtcctca tgcatctatt gaagtagata cttcaggtat cggtggctca gcaggttcaa 88980
gtgaaaaagt attttgctta atcggtcagg ctgaaggcgg agaaccaaat acagtttatg 89040
aattacgtaa ctatgcacaa gctaaacgtt tattccgttc aggagaatta cttgatgcaa 89100
tagaattagc atggggttct aaccctaact atacagcagg taagatttta gctatgcgta 89160
tagaagatgc taaacctgct tcagcggaaa tcggtggatt aaaagtaaca tctaaaatct 89220
atggtaatgt tgctaacaac attcaagtag gattagaaaa gaatacatta agtgattcat 89280
tacgtttaag agtaatcttc caagatgacc gtttcaatga ggtttatgat aatatcggta 89340
atatcttcac aatcaagtac aaaggagaag aagctaacgc aactttctct gtagaacatg 89400
atgaagaaac tcaaaaagca agtcgtttag tattaaaagt tggagaccaa gaagttaagt 89460
catatgattt aactggtgga gcttatgact acactaatgc tattattaca gacattaatc 89520
aattacctga tttcgaagct aaattatcac ctttcggaga taagaactta gaatctagta 89580
aattagataa aattgaaaat gcaaatatca aagataaagc tgtatatgta aaagcagttt 89640
ttggtgactt agaaaaacaa acagcttaca acggtatcgt atctttcgag caacttaatg 89700
cagaaggaga agtaccaagt aatgtagagg ttgaagcagg agaagaatca gctacagtaa 89760
ctgctacttc acctattaaa actattgagc cgtttgagtt aactaagtta acgggcggta 89820
ctaatggaga accacctgct acatgggcag acaagttaga taaatttgca catgaaggcg 89880
gatactacat tgtcccatta tcatctaaac aatcagttca tgcagaggta gcttcttttg 89940
ttaaagaacg ttctgatgca ggggaaccaa tgagagctat tgttggtgga ggattcaatg 90000
aatctaaaga acaattgttc ggtagacaag catcattatc taatccacga gtatcattag 90060
tagctaactc aggtactttt gttatggatg atggacgtaa aaaccacgta cctgcttaca 90120
tggtagccgt agctctaggt ggtcttgcaa gtggtttaga aatcggtgaa tcaatcacat 90180
tcaaaccact acgtgtaagt tcattagacc aaatctatga gtcaatagat ttagatgaat 90240
taaatgaaaa tggtattatt agtatcgagt ttgttcgtaa ccgtactaat acattcttca 90300
gaatcgttga tgacgtaact acattcaatg ataaatcaga cccagttaag gctgaaatgg 90360
ctgttgggga agctaatgac ttcttagtaa gtgagcttaa agttcaactt gaagaccaat 90420
ttattggtac tcgtactatc aatacaagtg cttcaatcat taaagacttt atccaatctt 90480
acttgggtcg taagaaacgt gataatgaaa ttcaagactt ccctgctgaa gacgtacaag 90540
ttattgttga aggtaacgaa gcaagaattt caatgacagt ttacccaatc agaagcttca 90600
agaaaatctc tgttagcttg gtttacaagc aacagacatt acaagcctag tctaggtgac 90660
ggagtacctg gattaggtac tcctattaat ataatttgaa tactttagga gagtgaatac 90720
agatggcatc agaagctaaa caaaccgtcc atactggtaa taccgtccta cttatgatta 90780
aaggtaaacc ggtaggaaga gcacaatcag catcaggtca acgtgaatac ggtacaactg 90840
gtgtatacga aatcggttct atcatgcctc aagaacacgt atacttacgt tatgaaggta 90900
caattacagt agaacgttta cgtatgaaaa aagaaaactt tgcagattta ggatatgctt 90960
cacttggtga agaaattctt aagaaagata tcattgatat tttagtggta gataacttaa 91020

cgaaacaagt tattatctca tatcatggtt gctctgcaaa taactacaat gaaacttggc 91080
agacaaatga aattgtaaca gaagaaatcg agttcagtta cctttaacta atagaggcta 91140
tgtttggtga caagcataga aaacacttta aattgcgtga aagtcttaaa gactagataa 91200
ctacaacgta actcgaaagg gtaagcgtga atgttgagaa atcagaaaaa atatctagta 91260
tagtataagg ttaaatccta agtacagtaa aatagatgat acgcaggcaa gcctacaaat 91320
gtgggaagct tcaacgacta taataggtga gtcttagtta cacattaaga ttatggtata 91380
gtctactccc tttaaaatat atcgaaagat agggtacaaa ggacagcatc agataaagct 91440
agaacttaaa tttcttatta agaccaacaa taaaagttgg tcttatattt tatacttgct 91500
ttgtctgagg cagtgtgcta taattaaaat acaaggaggt aataatatgg gaaaaaatca 91560
atatacattt aatattaaag aaaataaaaa taaatggtat gaatggtgta aactacaaaa 91620
cgtaaaacct ttagtagaat atgaaaatgc acaacaaata ttttattttg aatttcttga 91680
aggtaaattt aaaggactaa taggaaaaac atattgggct agtataaata gaggttctaa 91740
tatgcgtatg agttgtttaa catcagaaag taaagataaa tatttaaaaa atttaggaaa 91800
aagaaaaggt atagaggtag tagaagacta taagggtggc agaaaattaa aacataaatt 91860
tatagtttta gaaggtaagt accaaggatg tgaaggatat ataactttaa atgatttaga 91920
gaatttaggt agagtagata atagaagttt atctgaaaaa ggaaggaaac aatactttga 91980
taaacaggca agacttagag attgtattat tctagagtac cctaaagact atagaataaa 92040
aactaaagat aagatagtag taaaagataa agaagggcat gttcataata ttattgttca 92100
ggacttttt gagaaatcat ctttattgga gttatcttgt gctagtgaag gagagaaaat 92160
agttaaagaa atacttacta aaaattctat aaaatttgaa aaagaaaaat catttagaaa 92220
caaagaaggt aaagtacaaa gatttgattt ttatattaat gaaaataata aagaatatgc 92280
aatagagtac aatggtgcac agcactacat agattctaca ggatatctta aagatacttt 92340
ggaaacaacc cagaaaagag ataaactaaa aaaagaatac agtaaagata aaggtataaa 92400
tttattaatt attccttaca caataacaga taagaaagaa atggaaaaaa ttattttaaa 92460
ttttttaaac aaataaccct tgacactccc tcaagggata tgttattata ataacaggtt 92520
aggagtaata agtatgaata ataggcaagc taaaataaaa ggatataacc aatttcatta 92580
ttatgatttt ccaacaacta aaggtaagtt taaagatata atgaaaagaa aatctagaac 92640
agaacttaaa aaagatttac aaaaagaaag gaagtattat cttgacaaat aagagaaaaa 92700
cgataggtaa gatgagtaac acaagagcaa catggaatat taatccggta actaaagtta 92760
aaaaagataa aacaaaatat tctagaaaaa ataaacataa aggtcttgac aattataatt 92820
aactaaggta tattattagt ataacaaaaa aggagatggg tatatgagta cattttggtc 92880
agaaagaaga acaactaata aagataggca agttaaaaaa cattatactc aaatgagtat 92940
gtatgaaaga aagaaatgtg tagagttatt acaagagaca attactgaaa atagaattat 93000
taattttaca cgacatagtg caaagaaagt taaaggtaaa ccaacaacaa atatacctaa 93060
attaataggt tttatttta aaaataagtt tgcctacgaa aatatcatag aatacaataa 93120
cacagattat aatggtaata ttgagaggag aattgttgtt aaacatccta aagttataac 93180
tgtagaagga aaacctagct atcagttttt gacaattagt cttgaagatg ctagagttat 93240
tacagtatgg tacaacagtg tagatgatac acatagaaca ctagatttaa attattatag 93300
taaagacttg acaattcaat aaggaggtat tataatgggt atcacaatag taaatagtta 93360
ttttattctg tctaacatct tcctcatcat attaaccata ttaaatggta agggtactgt 93420
tacaagggaa tcactaacta tgagtaaaat attagtagta ataacatcaa ttcaattttt 93480
agcatgttta attattaatg gtatttattg gtcactaaaa ttttagaata aaagtattga 93540
caaattaaaa ctaataaatt ataataaagg tataacaaat taaaggagaa gatataaaat 93600
gtcacaagat aaattaagag caatttacac agaaatgaaa gtagaattac acaaatttcc 93660
taaagaggta gatataacaa gtaaatcaac tgcaattgca atcaatcaga ttttagataa 93720
attcaaaaca ttaacagaac aagcaggaaa gattactaga aaatatttag aaggtcaaga 93780
aatattaact attgattatg agtattatga ttcattacaa gaatactata tttacctact 93840
tagaaatagt gaaaagattg aacaaagttt acaagaaatt actaagcgca caggtgaata 93900

tgtaaagtaa ttttgattta aaaacaaaat atgatatact atgtttaaag tagtaagcct 93960
acactagtcc gtgttatatt aatattgaat cggataagcg taggctttat taatatttaa 94020
aaaaggaagg tatatcatat tatggcagaa gaaattaaaa aggaacaaga tgtacaagaa 94080
acaactaaag aagaaaaaaa agatgttagt aaaatgacac cggaagaaat agataaatta 94140
aaatatcaag acaaacaaga aaaagaacaa gttattaaca aagttattaa aggtgttaat 94200
gatacttggg aaaaagaata taactttgaa gaattagact taagatttaa agttaaaatt 94260
aaattaccta atgcacgaga acaaggtaat atatttgcgt tacgttctgc ttacttaggt 94320
ggtatggata tgtaccaaac agaccaagta attagagcat atcaaatgtt agctacatta 94380
caggaagtag gtattgaagt tcctaaggaa ttccaagacc ctgacgatat ttataactta 94440
tatcctttaa ctgttatgta tgaagattgg ttaggattct taaactcctt tcgttactaa 94500
tagtatagaa acattagata aagatataga acgattgggc ggtatggaat caattgttaa 94560
acaaccttta tctagaaatc tatgggctat tatgaaagag tttaatgttt tacctactga 94620
gcaaagattt aaggacttag atgattatca gatagagttt attattggga atatgaacag 94680
agatgtttat gaacataaca aacaacttaa acaagctcaa aaaggtggaa aattcgatag 94740
tcaattcgaa gatgatgata gtagttggtg gaatgaatct catgaagact ttgacccagt 94800
acctgatttc ttagatgctg atgatttagc acaacaggtg gaagctaaat tatccgatag 94860
agataaggaa gaaagagcta agagaaacga tgcggagtta aatgatgaaa cagaaggact 94920
tactacacaa catctagcta tgatggaata catcagacag aaacaacaag aattagatga 94980
tgaagtagga aatggtaaga ctagtgaaga ggatgctact atatcacaag atagcgttaa 95040
taaagcacta gaagacctag atgatgactg gtatatgtaa agggtggtag gtgatactac 95100
catccttatt tttttaaaat ggatggtgaa taatgatggc aatgaatgac gattatagat 95160
tggtcttgtc cggtgatagt tcggatttag agaatagtct gaaggcaata gaactttata 95220
tggattcttt agagtctaag aatattgatg ctcctttaga taatttctta aaaaaattaa 95280
aagtaattgc taaagaagtt aaaaatgtac agaacgcaat ggataaacaa gatggtaaat 95340
ctgttatatc ttctaaagac atggatgaat ctattaaatc cactcaatct gctacaaaga 95400
atataaatga attaaagaaa gctttagatg accttcaaaa agagaatata tctaaaggta 95460
ttgcacctga ccctgaagtt gaaaaagcat atgctaagat gggtaaagtt gtagatgaaa 95520
ctcaagaaaa acttgagaaa atgtcttcac aaaaaatagg ttctgatgct agtattcaaa 95580
atagaattaa ggaaatgaaa accttaaatc aagtaactga agaatacaat aaaataagta 95640
aagattctag cgcaactaaa gattatacaa aacgattaag agctaatcgt aatatgacta 95700
gaggttacat ggagcgttca gaaggaacag gacgtttgac atatgaccaa ggtgcacgag 95760
ttagaagtga actaggtaaa ataagttctt atgagagcca aagaaaacaa aaccaacgta 95820
atttaggaca agcaagagag caatatagca actatagaaa ccaacaacaa gacttgacta 95880
aacgtagagc tagcggtcaa attaataagg cacaatatga acaagaatta gcttctatta 95940
aacaggaaat gaaagctaga gaagaactta tatctaacta cgagaaacta ggagcagaac 96000
ttgataaaac agtccagtat tataagggtt cagttcaaaa ggatttccaa tctagagatg 96060
tagaccaaca acgaggaaca tttggtagaa tggttcaaga acgtttgcca tctattggtt 96120
ctcatgctat gatgggtact acagctatgg ctacaggttt atacatgaag ggtgcctcat 96180
taagtgaaac taatagaccg atggttacat cattaggtca aaattccgat aatatggata 96240
tagattctgt aagaaatgca tatggagact tgtcaattga caacaaatta ggttataata 96300
gtactgacat gttaaaaatg gctacttcat atgaagcatc agtagggcat aaaagtgacg 96360
aggacacaat ggcaggaact aaacaacttg ctattggagg acgttcttta ggtattagag 96420
accaagaagc ttatcaagag tctatgggtc aaatcatgca tactggtgga gtaaattctg 96480
ataacatgaa ggaaatgcaa gatgcattcc taggtggtat taaacaatca ggcatggttg 96540
gtcgtcaaga tgaacaactt aaagcactag gttctatagc ggaacaatca ggagaaggaa 96600
gaactctaac taaagaccaa atgagtaatc ttactgccat gcaatctact tttgcagagt 96660
caggaagtaa aggattacaa ggtgaacaag gtgccaatgc tattaacagt atagaccaag 96720
gacttaaaaa tggtatgaat agttcttatg ctcgtatagc aatgggatgg ggaacacaat 96780

accaaggtct tgaaggtgga tatgatttac aaaaacgtat ggatgaaggt atatctaatc 96840
ctgaaaactt gacagatatg gctgatatgg ctactcaaat gggtggcagt gaaaaagaac 96900
aaaaatacct atttaataga agtatgaaag aaataggcgc taacctaact atggagcaat 96960
ctgatgaaat atttaaagat gctcaatccg gaaaactatc taaagaagag ttagctaaga 97020
aagctaagaa aatggaaaaa gaaggtaaaa aagaaggaga agataacgcc actgattata 97080
aagaatctaa atcaggaaaa aatgaccaaa ataaatctaa gactgatgat aaagcagaag 97140
atacttatga tatggctcaa ccattaagag atgctcatag tgctttagca ggtcttcctg 97200
cccctatata tttagctata ggagctatag gagcatttac agcttcacta attgcatctg 97260
caagtcaatt tggagcaggt cacttaattg gtaaaggagc caaaggactt agaaataaat 97320
ttggtagaaa taagggtggt agctccggcg gtaatcctat ggcaggtgga atgcctagtg 97380
gtggtggttc acctaagggc ggaggctcac ctaaaggtgg aggcactcgt tctactggag 97440
gaaaaatact tgatagcgct aaaggtcttg gaggattcct agtaggtggc gcaggatgga 97500
aaggtatgtt tggtggggag tctaaaggta aaggctttaa acaaacatct aaagaagcct 97560
ggtcaggtac tagaaaagta tttaatagag ataatggtag aaaagccatg gataaatcta 97620
aagacatagc taaaggtact ggtagtggtc ttaaagatat ctataatgat agtatatttg 97680
gtaaagaaag aagacaaaac ctaggagaaa aagctaaagg ttttggtggc aaagctaaag 97740
gtctttatgg taaatttgct gataagtttg gtgacggagg taaaaatggt atcctttcac 97800
aatcaccaaa agcaggtgga agtggcatag ggaaacttgg aaaacttgca ggtggacttg 97860
gaaaaggagc cggagtttta ggtgttgcta cgtctgcctt atcattaata cctgctttag 97920
cttccggaga tagtaaagct atcggcggtg gaataggctc tatgggtgga ggaatggcag 97980
gtgcatcagc aggagcttct ataggagctt tatttggtgg tgtaggtgca atacctggag 98040
ctttaatagg tggagctata ggttccttcg gaggaggagc tgttggtgaa aaagtcggag 98100
acatggctaa aaaagctaac actaaagaag gatggaacct aggatggact aatggagata 98160
aagatggtaa gaataaattc caagattctt tattaggaaa acctatatct aaagcatgga 98220
gcggtataac aggtctcttt gataatgacg ctgaagcatc cgaagaagat agtaaagata 98280
agaaaaaagg tgttaaaggc gttaaaggag atactaagaa gaaagaaaaa atgacagcag 98340
aacaacttag agaaaagaat aaccaatctg aaactaagaa tcttaaaatc tatagtgatt 98400
tacttgacag agctcagaaa attattgaga gtgctaaagg tattaatata gatggaggaa 98460
cttctgatag tggttctgat agtggaggct ctgcatctga tgtaggtgga gaaggtgcag 98520
agaagatgta caagttcctt aaaggaaaag gactatctga taatcaggta ggagctgtta 98580
tggggaactt acaacaagaa tctaatcttg accctaatgc taagaatgct tctagtggag 98640
catttggtat tgctcagtgg ttaggagcta gaaaaacagg attagaaaac tttgctaaat 98700
ctaaaggtaa aaaatctagt gacatggatg ttcaattaga ttacctatgg aaagaaatgc 98760
agtctgatta tgaaagcaat aatcttaaaa atgcaggttg gagcaaaggt ggaagcttag 98820
aacagaatac aaaagcattt gctactggat ttgaacgtat gggagcaaac gaggctatga 98880
tgggtactcg tgttaacaat gctaaggaat tcaagaagaa atatggaggc tccggtggcg 98940
gaggtggtgg aggagcttta tcctctactt atcaagaagc tatgagtaat cctgtattaa 99000
ctactggttc taattataga ggctctaatg atgcttctaa tgcttctaca actaacagaa 99060
taacagtcaa tgttaatgtt caaggtggaa ataatcctga agaaactgga gacattatcg 99120
gaggaagaat tagagaagtt ctagatagta atatggatat ctttgcaaat gaacataaga 99180
gaagttatta gtaattttgt attgacacaa gagtagtatc atagtatact actcttatac 99240
atataaaaaa taaaaggaag tatgtgtata tgcgtagaat aagaagacct aaggtaagaa 99300
tagaaatcgt tacagatgat aatacattta cattgagatt tgaagataca cgtgactata 99360
atggtgatga gtttggagct aaacttttag gattccaaac taaaaactct atggaagatg 99420
atagttcagt tttccaaata aatatggcag gagatactta ttgggataag ctagttatgg 99480
ctaatgatat cataagaata tttattacac ctaatgatga ccccaacgat aaagaaggaa 99540
gacaagaacg acttatccag gtaggtatgg tttctcaagt atcaaaagta ggtagttacg 99600
gtaatgacca aactcaattt agaataacag gtcaatcttt tgtaaaacct tttatgaaat 99660

ttggattagg cgttattcag gaagttcaag ctgtattgcc tgaagtaggt tggcttattg 99720
atggtgatgg agataatgaa gtaaaattta ctggtagctc agctcatgaa gtaatgactg 99780
gcattatacg tagatttata ccttatatga aatataacta tactgaaaaa acatataata 99840
caattgataa ctatcttgat tatgatgatt taagtagttg ggatgagttt gaaaaactta 99900
cagaagtttc agcctttact aattttgacg ggtcattaaa acagttaatg gatatggtaa 99960
cagctagacc ttttaatgag ttattcttca aaaattcaga aaaaacacct ggaaaggctc 100020
aacttgtatt aagaaagacc ccttttaatc ctactgagtg gagagcttta gatatgatta 100080
aagtacctac tgaggatttt atagaagagg atgtaggtaa aagtgatgta gagacatatt 100140
ctatatttac agcaacacct gcaggtatgt tgaaagagct taacggtgat gtattttcca 100200
aaccacaatt ccatcctgaa ttaactgata gatacggtta taccaaattt gaagtagaaa 100260
atatttatct tagtacaaaa tcaggttcag ccactgagga ttcagattct tcaggtgatg 100320
ataatggtac agaacgagga acttactcta aaattatgaa agatttaagt aactatggaa 100380
gagataatat atctaaaggt atagataagt atacaagtaa attatcttca aaatataaaa 100440
acttaaaaaa agcccaagct aaaaaaatta tagagaagtt tgtcaaagaa ggaaaagtaa 100500
cagaaaaaga atatgaaaaa ataacaggta ataaggtaga tgatgaatta acatcagata 100560
acagaccgaa gttgacaaaa gataaattaa agagtatact aaaagagaag tttaaaacac 100620
aagatgattt taataattct aagaaaaaga aaaaagctaa gacagatgca cttaaagaat 100680
tgacaactaa atatcgtttt ggtaataaaa cacatgctac aactttgtta gatgaatata 100740
ttaaatacaa aggagaaccg cctaatgatg aggcttttga taaatatctt aaagctattg 100800
aaggtgttag taacgtagct acagacacag gttcagatgc aagtgatagc cctctagtta 100860
tgttttctag aatgttattt aattggtatc atggtaaccc taacttctat gcaggagata 100920
ttattgtttt aggagaccct aagtatgacc taggtaaaag attatttatt gaggataagc 100980
aacgaggaga cacatgggag ttctatattg aatctgtaga acataaattc gattataaac 101040
aagggtatta tacaactgta ggagtaacta gaggtttaaa agacgctatt ctagaagatg 101100
gtaaaggtag tcctcataga tttgcaggat tatggaatca atcatcagac ttcatgggag 101160
gtcttatggg tgaagatact tctaaagaac ttaaagaaaa aggtgtagca gagaaacaaa 101220
gtagtggagg taaagatggt ggttctgata gtggcggagc tcaagatggt ggctctttag 101280
attcacttaa aaaatataac ggcaaacttc ctaaacatga cccaagtttt gttcaacctg 101340
gtaaccgaca ttataagtat cagtgtacat ggtatgctta taatagaaga ggtcaattag 101400
gcattcctgt gcctttatgg ggggacgccg ccgactggat aggcggtgct aaaggagcag 101460
gttatggtgt aggtagaaca cctaaacaag gtgcttgtgt tatatggcaa agaggagttc 101520
aaggaggtag cccacaatat ggtcacgtag cttttgtaga gaaagtatta gatggaggta 101580
aaaaaatatt tatctctgaa cataactatg ctacccctaa tggatatggt actagaacaa 101640
tagatatgag ttcagccata ggtaagaatg ctcaattcat ttacgataag aaataaagga 101700
ggatagtcta tggcaacaga taaagaagct aaagatgtta ttgataaatt tatagacaat 101760
gtatttaatt ttgatgtact tacaaaagaa agaataaaag aaaaagatga agaaattaaa 101820
aaaataacta cagatgatat gtatgaaaag gttgtgtata tacgacccta cgttggagta 101880
atacaaagtc ttaaccctca acatgtgcag tatgaatcat tttctaataa tggttatgat 101940
atagaggcag aattaagttt caggaaagta agttatttag ttgataaagg gtctatacct 102000
acagattctt tatctacttt aacagttcac ttagtagaac gaaatcaaga actattaata 102060
gattactttg atgagataca agatgtgttg tatggagaat atatggaaga agaatatgta 102120
tttgatgaag atgtaccatt aagtacgata ctagcattag acttaaatga taatcttaaa 102180
tccttatcaa atataaagta tatgttcaaa ggtgctccta aagagaatcc atttggaaca 102240
gataaagatg tttatataga tacttataac ttattatact ggttatattt aggtgaagat 102300
gaagagttag cataccctat gaatattaat tacttcttta cagagggaag attctttact 102360
atattcggta aaggacataa gtataaggta gatgttagta aatttatagt tggagatata 102420
ttattctttg gtagaagtga tactaatata ggtatttatg taggagatgg ggagtttata 102480
tctatgatgg gtaaattccc taaagatgaa acacctatag gaaaatataa acttgatgat 102540

tactggaatg aatttaacgg aagagttatg agattcgatg aagaggtgta tatttaatgg 102600
tagtaagatt ccaatcttcc atggggagaa gtttaaaaag agtagattca gatgatttaa 102660
atgtaaaagg attagtttta gctacagtta gtaaaattaa ttataaatat caatcagtag 102720
aagttaaagt taacaactta actctaggaa gccgtatagg tgacgatggt agcttagctg 102780
taccttatcc taaatctttc ataggaagaa cacctgaagg aagcgtattc ggtacaaaac 102840
ctcttattac tgaaggttct gtagtattaa taggatttct aaatgatgat ataaatagtc 102900
ctattatttt aagtgtttat ggtgataatg aacaaaataa aatgattaat accaatcctt 102960
tagatggggg taagtttgat acagaaagtg tctataaata tagtagttca ctatatgaaa 103020
ttttaccatc tttaaattat aaatatgatg atggagaagg aacaagtatt aggacttata 103080
atggtaaatc atttttctct atgacatcag gtgaagaaga gaaacctcag gcaacagatt 103140
tttatactgg aactgagtat caagatttat ttacttctta ttatggtaat aagacattaa 103200
ttgagcctag aatacaaaag gctcctaata tgttatttaa acatcaaggc gtttttttatg 103260
atgatggcac gccggataat catataacta ctttatttat atctgaaaga ggggatataa 103320
gagcctcagt tttaaataca gaaacacaga aaagaaccac acaggaaatg tcaagtgatg 103380
ggtcttatag ggttataaaa caagatgacg atttaatgtt ggatgaagct caagtttgga 103440
ttgagtatgg tattagtgaa gataataaat tctatattaa aaatgacaag cataaatttg 103500
aatttactga tgagggaatt tatatagatg ataagcctat gttagaaaac ttagatgaga 103560
gtatagcaga ggctatgaag aatttgaatg aaatacaaaa agaactcgat gatataaatt 103620
accttctcga gggtgtaggt aaggataact tagaagaatt aatagagtct acaaaagagt 103680
ctatagaagc ttctaaaaaa gcaacttcag atgtcaatag acttacaact cagatagcag 103740
aagttagtgg tagaactgaa ggtattataa cacagttcca aaaatttaga gatgagactt 103800
ttaaagattt ttatgaagat gcttctactg ttattaatga agtaaatcag aatttcccta 103860
ctatgaaaac agatgttaag accttaaaga ctaaagttga taacctagag aaaactgaaa 103920
taccaaatat taaaactaga ttaacagaac tagagaacaa taataacaat gctgataaaa 103980
taatatcaga tagaggagaa catataggtg ctatgataca gttagaggaa aatgtcactg 104040
tacctatgag aaaatatatg ccaataccat ggagcaaagt tacttataat aatgcagagt 104100
tttgggattc taataatcct actcgattag tagtacctaa aggaataaca aaagtaagag 104160
ttgcaggtaa tgttttgtgg gactctaacg ccacaggaca acgtatgttg agaatattga 104220
aaaatggtac ttatagtata ggattacctt atacaagaga tgtagctata tctacagcac 104280
ctcagaatgg tactagtgga gttattcctg ttaaagaagg agattacttt gagtttgaag 104340
ctttccaaga ctcagaaggt gacagacaat tcagagcaga cccttataca tggtttagta 104400
ttgaagctat agaattagaa actgaaacta tggagaaaga ctttatgctt ataggacata 104460
gaggagcaac cggatacaca gatgagcaca cgataaaagg atatcaaatg gctttagata 104520
aaggtgcaga ttatatagaa ttagatttac aattaacaaa agataataag ttattgtgta 104580
tgcatgattc tactatagac agaacaacaa caggaacagg taaggtagga gatatgacct 104640
tatcttatat acaaactaac tttacatccc tcaatggtga gccgatacca tctcttgatg 104700
atgtactaaa tcattttgga acaaaagtta aatattatat agaaactaaa cgtccgtttg 104760
atgctaatat ggataaagaa ttattaactc aattaaaagc aaaaggatta ataggaatag 104820
gttcagagag attccaagta attattcaat catttgctag agaatcgtta attaatattc 104880
ataatcaatt ctctaatata cctttagctt acttaacaag tacattctct gaaagtgaaa 104940
tggatgattg tttaagttat ggttcttatg ctattgcgcc taaatataca actataacta 105000
aagaattagt agatttagct catagtaaag ggcttaaagt ccacgcatgg acggtaaata 105060
caaaagaaga aatgcaaagc ttaatacaaa tgggtgtaga tggattcttt acaaactacc 105120
tagatgaata taaaaagatt taatattaaa gacctattaa tttaggtctt tttttagttg 105180
taatttaaac tagttcgtga tatattagta gtatgagatt tatatacata ctgaaaagga 105240
gaggataaaa tgccacaatc agatggaata agtaatcttc atagaatagc tttacgtttc 105300
cctaaagaag gcggtggtta tgatatgtat agatttaaag ttaaccctga gaactacaca 105360
atagattcac cacaacgtac gacagcaatt aaaacaaaat cagatatcgt aatagaagat 105420

tatggtaaag atatagaagt tattaacttc acaggtacaa ctggttttag acctgttaga 105480
gaagcagatg ggttaaaaac aggtaagcag aaaatggaag agttacaaag tagagttagt 105540
gaatatgcta tgcaaggtgg cagtggtaat gtaagtggtt cttacttaca atttttaac 105600
tttacagatg atagttatta taaagttcat ttagctcctc aggggttaaa gataactagg 105660
tctaaagatg aaccattact ttttagatat gaaataacat tagtagttat tggttcatta 105720
acagaagcag atagaagtgc tgtaactact gaagagtttg gtaatgttaa acctaatgct 105780
tctcaaagag tagatgaagg tataaaagaa ttagataaaa atgctcgtaa aacgagagat 105840
agaaacaatc aagaaatatc tagaagagaa aatacaatac ctaaatccac aggagataat 105900
acgaacgagg gtaatagact taagcaaagc ttccctagta gttctatata taatcctaga 105960
caatctacta atggattaaa aggtaatatt gacaatatgg ctctgataat aggttacggt 106020
gatggaggtg tatctagcta atgaataatt ttataccaca acctcaaggt ctacttagat 106080
ttttaaatgc cctagataca gatttaactt cttctcatat gaatttactg gatgaagagg 106140
tatcatttgt atctaaattt tatacaccac agttacaatt aagtgaatta gcaaaaaaag 106200
tattgacaaa tataaagaca gatgatatac ctgtattaga aagggaattt aatgataata 106260
caattatcca taaagctaac gatacattac taaaagtaca ggctccaaga atgtatatga 106320
ttctacagtc tattgtactt gaagcatatg ctattgttaa ttgctttgta gaaaatccaa 106380
gttctttaaa atacttaact gaagaagatg ttagtataac acgagaaaac ttaaattatg 106440
tagctgacta cttaggtaac tatgatgact acaatagtgt tgtattagac ttaagagatt 106500
tagacttatg ttttagtgct atagaattac aattacctct aattaaaaag gaggctaacg 106560
tataatgaga tttaagaagc acgtagttca acatgaagaa acgatgcaag caatagcaca 106620
gagatactat ggtgatgtta gttattggat agacctagta gagcataata atttaaagta 106680
tccctattta gtagaaactg atgaagaaaa aatgaaagac ccggaacgat tagcttctac 106740
cggtgataca ctgattatac ctatagaatc tgatttaaca gatgtatcag caaaagaaat 106800
taattctaga gataaagatg tactagttga attagcttta ggaagagatt taaatattac 106860
tgcagatgaa aagtatttta atgaacatgg tactagtgat aatatactag cattcagcac 106920
aaatggtaat ggagatttag atactgtaaa aggcatagat aatatgaaac agcaattaca 106980
ggcacgttta ttaactccta gaggttcctt aatgttacat cctaattacg gttcagattt 107040
gcataattta tttggtctta atatacctga acaagctacg cttatagaaa tggaagtatt 107100
gagaacatta acatcagata atagagtaaa atctgctaat ttaattgatt ggaaaataca 107160
aggtaatgtt tattcaggtc aattttcagt ggaaataaaa tctgttgaag aatcaataaa 107220
ttttgtctta ggacaagatg aggaaggaat ttttgcttta tttgaatagg aaaggattaa 107280
attatgaaaa ctagaaaatt aactaacata ctatcaaaat taatagataa gacaatggca 107340
ggtacaagca agataacaga ctttactcct ggttcagctt cccgttcatt attagaagct 107400
gtatcattag agatagagca attctatatt ctaacaaaag aaaatattga ttggggtata 107460
caagaaggta tcattgaagc ttttgatttt caaaaaagac aatctaaaag agcttatggt 107520
gatgttacta ttcaattcta ccaaccctta gatatgagaa tgtatatacc tgcaggaaca 107580
acttttactt caacacgaca agaataccct cagcaatttg aaacattagt tgattattat 107640
gcagagcctg attctactga gattgttgtt gaagtttatt gtaaagaaac aggggttgca 107700
ggtaatgttc ctgaaggaac gattaatact atagcatcag gttctagttt gattagaagt 107760
gttaataatg agtattcttt taatacagga actaaagaag aaagtcagga agactttaaa 107820
cgtagattcc actcttttgt agaatctaga ggtagagcaa ctaataaatc agtaagatat 107880
ggtgcactgc agatacctga tgtagaaggt gtttatgttt atgaagaaac agggcatatt 107940
acagtatttg ctcatgatag aaacggtaat ttatcagata ccttaaaaga agatataatt 108000
gatgctttac aagactatag accaagtggt ataatgttag atgttacagg tgtagaaaaa 108060
gaagaagtta atgtttctgc tacagtaact atatctaata aatctagaat tggtgataca 108120
ttacaaaaac atatcgaaag tgttattaga agctatttaa ataatttaaa aacttctgat 108180
gacctaataa ttacagacct tattcaagct ataatgaata ttgatgacgt attaatatat 108240
gatgtgtcat ttgataactt agatgagaac attatagtac caccacaagg gattattaga 108300

gcgggagaaa taaaagtaga attaaagtaa agagaggtga aacttaagtc gtggctaatt 108360
ttttaaagaa tcttcatcca ttattaagaa gagatagaaa taaaaaagat aatcaagacc 108420
ctaactttgc tctgatagat gcactcaatg aagagatgaa tcaagtggag aaagatgcta 108480
tagaaagtaa attacaatcc tctctaaaga catctacaag tgaatattta gataagtttg 108540
gggattggtt tggagtttat cgtaagaccg atgagaacga tgatgtttat agagcaagaa 108600
ttataaaata tttactcttg aaaagaggaa ctaataatgc tataatagat gctataaaag 108660
attatttagg tagagatgat attgatgtaa gtgtatatga gccctttaca aatatttttt 108720
atacgaacaa atcacattta aatggtgaag accatttaat gggatactat tatagatttg 108780
ctgttattaa tgtatctata ggtgattatt ttcctgtaga gattatagat gtaattaatg 108840
aattcaaacc tgcaggtgta actctatatg tcacttatga tggagcttct actattagag 108900
gtggagcaat tattaagtgg ttagatgggt tacctaaaat agaaacatac caagagtttg 108960
atagatttac aggttatgat gatacattct atggtcatat taatatgaat caaagtaaag 109020
atactgataa cagttcatca gatattttta aaacaaatca tagcttaatt aatagtttag 109080
atgttttaac aggttcatct agtgtaggta gacagtatat taactatgga tatgtaacat 109140
catatgttta taatccaggt atgacatcct ctgtaaacca aataagtgct agtacagaag 109200
gtagaggtca agaagtacct actgattact atatgtatac tagtactaag aataacaata 109260
cagtagaact tagtatgcaa actacttccg gtgtgtctta tttatataat aactttaatt 109320
ttagagatta tatgagtaaa tatagacctc aagtagattt acaatctgat gaggctagaa 109380
gaattgtatc tgattatata aaagaattaa gtattgatta ctatcttagt gctgtgatac 109440
ctcctgatga aagtatagaa attaaactac aagtttatga tttttctatt aatagatggc 109500
ttacagtatc aattaataac ttatctttct atgaaaaaaa tattgggagt aatatagggt 109560
atataaaaga ctatctaaac agtgaattaa atatgtttac taggttagag ataaatgcag 109620
gtaaaagaga ttcagtagat attaaagtta attacttaga tttaatgttt tattactatg 109680
aacgaggtat ttatacaata aaaccttata aagcattaat agaaaattat ttagatatat 109740
ctagagagac ttatgtagaa gcatttaaaa tagcatcatt atctaatgga gatattataa 109800
ctaaaacagg ttttcagcct atagggtatt taaaactagt tggtaattat gaaaatacaa 109860
gacctagcac aataaatata gtagctaaag atacagataa taaccctata gaatctaatg 109920
aattagatgt atataataca gtagagaata gaaatctatt acaatcttat aaaggtgcaa 109980
atacgatagc tagagaaata acttctacaa aagagtttac tgtatcagga tgggctaaag 110040
agatatactc aactaattat ctttctaaag tattaaaacc aggtaaagtg tatacgttat 110100
cttttgatat agaaataaca ggtaatgacc taactcttaa atcttattct gataatcatg 110160
gtatatattt atacagtaat actaagggaa ttgttgttaa tggtgttaaa tctatggaac 110220
gtactatagg taacaaagta tccgtaactc aaacttttac agcccctact attactgacc 110280
atagattatt aatatatact ggaagatata catctgatgg taaagcatca actcctccag 110340
tgttctttaa tacagttaaa attacggaat taaaattgtc tgagggtacc tctaatctag 110400
agtactcacc tgctccggaa gataaaccta acgtaataga aaaaggaatt aaatttaata 110460
atatcctaac taatatacag actttaagta ttaattcgga tactatctta aaaaatgtaa 110520
ctttatatta ttcttactat ggtgataatt gggtagaact aaagactcta ggaaatatta 110580
gtactggaga aacaacagaa accaataact taatagattt atatggatta cagacagtag 110640
attattctaa tataaatcca atgtctaaag tatcattacg ttccatttgg aatgttaaac 110700
taggtgaatt gaacaatcaa gaaggttctt tatctaatat gcctaatgat tactttaatg 110760
ctgtatggca ggatatagat aaattatcag atattgagat aggttctatg agaatggtta 110820
aagacactga gggtggagta ttcgatggag ctacaggtga aattattaag gctactctat 110880
ttaatgtcgg ttcttatact gatttagaca tgttagctta tactttgact aactatactg 110940
aaccgttaac tttaggctct agtcgattaa taagtgagtt aaaagaagaa cttctaacat 111000
cagaatcatt taatgttgat aatagaatta aagtaattga ctcaatatat gaggagttac 111060
caaatacaag cattattaaa aatggatttg ttgaaagaga ggttacaggc tctaaatatt 111120
tagattatgg tttatatgag cctatagaag atggtactag atataaactt attgtcgaag 111180

gagaatttaa agataatata gaatttatat atttatacaa ttctaaccct aactttaatg 111240
aaacatttat atatccatca gagataatta atggagttgc tgaaaaagaa tttattgcaa 111300
aaccatccac cgaagacaaa ccaaggttaa atacagatgt tagaatatat atacgacctt 111360
atgattcaac tatctctaaa gtaagaagag tagaattaag gaaagtttaa taaataagtt 111420
gacagaaagt taataatatg gtatacttat aaagtaatat ttagtgggta taccatgtta 111480
tattaataaa gaaaacaaca gatgaaagga attaaaaaat atggcaattg caacgtataa 111540
ttctcatgtt gagttagcaa aatatctagt tagtaaagct gattcagttt acttaacaat 111600
tggaaagagc acaccgtggt ctaatgaaac aaacccaccg caacctgatg aaaatgcaac 111660
agtattacag gaggttattg gatacaaaaa agctactaaa gttactttag ttagaccttc 111720
taaatcacct gaagatgata ataagaattt aatttcttat ggtaataaat catgggtaga 111780
agtaacacct gaaaatgcta aagctgaagg agctaaatgg gtttacttag aaagtagtat 111840
tgttggtgac gaactgcctc ttggaacata tagacaggta ggatttgtta tggacttagt 111900
agcaaaaagt ggtattagta aatttaactt agtacctagt gaagtagaat caactggaac 111960
attattattc tttgataata aacaattcca aaatagaagt gagcagacaa ctgctaaaga 112020
aagatttatt gtagaagttt aaagaaaggg agataattct aaatggcaat taattttaaa 112080
ggttcacctt atttagatag atttgacccg tctaaagata gaacaaaagt attatttaat 112140
cctgatagac ctctacaaca ggcagaatta aatgaaatgc agtctataga ccaatattat 112200
ttaaaaaatc taggagacgc tatttttaaa gacggagata aacagtcagg acttggattc 112260
acattgtctg aagataatgt attgacagta aatcctggtt atgtatatat caacggtaaa 112320
ataagatatt acgataatga cgattcagtt aaaataactg gcgtaggtaa agaaactatc 112380
ggtattaagt taacagaacg tattgttaca cctgatgaag atgctagtct attagaccaa 112440
actagtggag taccaagtta cttctctaaa ggtgcagata gattagaaga aaagatgtca 112500
ttaacagtta atgaccctac atcagcaact atttatactt tcatggatgg agatttatat 112560
attcaatcaa ctaatgctga aatggataaa atcaataaag tattagctga acgtacttat 112620
gatgagtcag gttcatataa agtaaatggt tttgagttat tctcagaagg taatgctgaa 112680
gatgatgacc acgtttctgt agttgtagat gcaggtaaag cttatgtaaa aggttttaaa 112740
gtagataaac ctgtatcaac aagaattagt gtacctaaat cttatgactt aggaacagca 112800
gaaaatgaaa gtactatctt taataagtct aataattcta ttagtttagc taatagccct 112860
gtaaaagaaa ttagacgtgt tacaggtcaa gtacttattg aaaaagaacg agttacaaga 112920
ggagcccaag gtgatgggca agattttctt tcaaataata cagcatttga aattgtaaaa 112980
gtttggactg aaacaagccc tggtgttact acaaaagagt ataaacaagg agaagacttc 113040
agattaacag acggtcaaac gattgattgg tcacctcaag gtcaagaacc ttcaggaggt 113100
acttcatact acgtttctta taaatataac aaacgtatgg aagccggtaa agattatgaa 113160
gtaacaactc aaggtgaagg tttgagtaag aaatggtaca ttaacttcac accttcaaat 113220
ggtgctaaac ctattgacca aacagtagta ttagtagact atacttacta cttggctcgt 113280
aaagattcag tgtttattaa taaatatggt gatattgcaa tattacctgg tgaacctaat 113340
attatgagat tagttacacc accattaaac acagaccctg agaatttaca attaggtaca 113400
gttacagtat tacctgattc agatgaagca gtatgtattt catttgcaat cactagattg 113460
tctatggaag acttacagaa agttaaaaca agagtagata acttagagta taaccaagca 113520
gtaaatgctc tagatgatgg tgctatggaa ggacagaacc cactaacatt acgttcagta 113580
tttagtgaag ggttcattag tcttgacaaa gcagatatta cacatcctga cttcggaatt 113640
gtatttagtt ttgaagatgc agaagctact ttggcttata cagaagcagt taaccaacct 113700
aagattattc caggagatac aacagctcat atttggggta gattaatttc agcaccattt 113760
actgaggaac gtacaatcta tcaaggtcaa gcatcagaaa cattaaatgt taacccttat 113820
aatattccta acaaacaagg tgtgttaaag ttaacaccta gtgaggataa ctggattgat 113880
actgaaaatg ttacaatcac tgaacaaaaa actaaaaaag taactatgaa acgattttgg 113940
agacataatg agagttacta tggtgagact gagcattact tgtattctaa cttacagtta 114000
gatgcaggac aaaagtggaa aggtgaaact tacgcttatg atagagagca tggacgtact 114060

ggtactttat tagaatcagg aggacaacgt actctagaag aaatgattga attcattaga 114120
atcagagatg tatccttcga agttaaagga ctaaacccta atgataataa cttatattta 114180
ttatttgatg gggtaagatg cgctataaca cctgcaactg gttatagaaa aggctctgaa 114240
gatggtacga taatgacaga tgctaaagga acagctaaag gtaaatttac tattcctgca 114300
ggtattcgtt gtggtaaccg agaagttaca cttaagaatg ctaactctac aagtgctaca 114360
acttacacag cccaaggacg taaaaaaacc gttcaagata ttattatcag aactcgtgta 114420
acagtaaact tagtagaccc attagcacaa tcattccaat atgatgagaa cagaactata 114480
tcatcattag gattatactt tgcttctaaa ggtgataaac aatctaatgt tgttatccaa 114540
attagaggta tgggtgacca aggttatcct aataaaacaa tctatgcaga aacagttatg 114600
aatgctgatg atattaaagt atctaataat gctagtgctg aaactagagt atactttgat 114660
gaccctatga tggctgaagg cggtaaggaa tacgctattg ttattattac tgagaacagt 114720
gattatacaa tgtgggtagg tactagaact aagcctaaga ttgataaacc taatgaggtt 114780
atctcaggta acccatacct tcaaggtgta ttattcagtt catcaaatgc atcaacatgg 114840
actcctcatc aaaactctga ccttaaattt ggtatttata cttctaaatt taatgagaca 114900
gcaacaattg aattcgaacc aattaaagat gtatcggcag atagaatagt tcttatgtct 114960
acgtacttaa ctcctgagag aacaggatgt acatgggaaa tgaaattaat tctagatgat 115020
atggcatctt ctacaacatt cgaccaatta aaatgggagc ctatcggtaa ctaccaagat 115080
ttagatgttt taggtctagc aagacaagtt aagttaagag caactttcga atctaataga 115140
tatatctcac cattaatgag ctctagtgat ttaacattca ctacattctt aacagagtta 115200
acaggttcat atgttggtag agctattgat atgacagagg ctccttacaa tacagtaaga 115260
tttagttatg aagctttctt acctaaaggt actaaagttg ttcctaagta ttctgcggat 115320
gatggaaaaa cttggaaaac atttactaaa tcccctacaa ctactagagc caataatgag 115380
tttacacgct atgtcattga cgagaaagta aaatcatcag gaacaaatac taaactacaa 115440
gttagattag atttatcaac tgaaaatagc tttttacgtc ctcgtgttcg tagacttatg 115500
gttactacta gggatgaata aactagaggg gttgattgac ccctctttat ttaataagga 115560
gagatttata tgcctagaga agttagagac ccttattctc aagctaaatt atttatacct 115620
acagttgaag aaaaatcaat taaggaatta gaaaaaacat acaaagaaaa aattgatgaa 115680
gctactaagt taatcaatga attaaagaaa gagagaggag aaaaatagat ggcatttaac 115740
tacacgcctc ttactgaaac acagaagtta aaagatatgt atcctaaagt taatgatata 115800
ggtaactttt taaaaacaga agttaacctt agtgatgtaa aacaaatatc acaacccgac 115860
tttaataata ttttagcatc tatacctgat agtggtaact actatgtaac taattcaaaa 115920
ggtgctccta gtggagaagc tacggcagga tttgtaagat tggataaacg aaatgtaaat 115980
tattataaaa tttactattc accatatagt agtaataaaa tgtatatcaa gacttatgct 116040
aatggtactg tatatgattg gattagtttt aaattagatg aaggtaactt atacaatgaa 116100
ggtaatactt taaatgtaaa ggaacttact gaatctacaa ctcaatatgc aacactagtt 116160
aatcctccaa aagagaactt aaatacaggt tgggttaatt acaaagaaag taaaaatggt 116220
gtttcttctt tagtagaatt taacccggtt aactccactt caacttttaa gatgataaga 116280
aagttaccag tacaagaaca aaagcctaac ttattgaaag atagtttatt tgtttatcct 116340
gaaactagct attctaatat taaaacagat aactgggata cgcctccatt ttggggatat 116400
tcttctaata gtggtcgttc aggagttaga tttagaggag agaatacagt acagatagat 116460
gatgggtcta atacgtaccc tttagtagtt tctaataggt ttaaaatggg taaagaactt 116520
tctgtaggtg atactgtaac ggtatcagta tatgctaaaa ttaatgaccc tgctttactt 116580
aaagataact tagtttactt tgaattagca ggatacgata ctgtagatga tactagtaaa 116640
aatccttata caggaggacg tagagaaata acagcaagtg agataacaac tgagtggaaa 116700
aaatactctt tcacatttac gatacctgaa aatacaatcg gagcatcagg cgttaaagtt 116760
aattacgtat ctttactact aagaatgaat tgttcatcta gtaaaggtaa tggtgctgta 116820
gtatactatg ccttacctaa attagaaaaa tcacctaaag ttacaccatt tattacacat 116880
gaaaatgatg ttcgtaaata tgatgagatt tggtctaatt ggcaagaagt tattagtaaa 116940

gatgaattaa aaggtcactc tcctgtagat attgaatata atgattattt taaatatcag 117000
tggtggaaat ctgaagttaa tgaaaagagt ttaaaagatt tagctatgac agtacctcaa 117060
ggatatcata cattttattg tcaaggctct attgccggga cgcctaaggg acgttctatt 117120
agaggaacca ttcaggtaga ttatgacaaa ggtgacccct acagagctaa taagtttgtt 117180
aaattattgt ttactgacac agaaggtata ccttatacat tatactacgg agggtataat 117240
caaggttgga aactcttaaa gcaatcagaa acttctactt tactatggga aggtacttta 117300
gattttgggt ctacggaagc tgttaactta aatgactcat tagataatta tgatttaatt 117360
gaggtaactt attggactcg ttcagcagga catttttcta caaaaagatt agatataaaa 117420
aatacatcaa atttactgta tattagagac tttaatattt caaatgatag tacaggttct 117480
agtgtagact tttttgaagg gtattgcact ttccctacta gagcatcagt acaacctggt 117540
atggtaaaat ctataacttt agacgggtct acaaatacaa caaaagtagc atcatggaat 117600
gaaaaggaac gtataaaggt atacaatatt atgggaatta atagaggata aagaaaggtg 117660
gaataaaaaa ctatggctgt taaatatgat ataggtaata atgagatagt attacactta 117720
agagaaggta aatatataac agggtttaca acagtaggag ggtatgacaa ggagttaggg 117780
caagtaaaag ttaatagaga aatcttacct gcttacttct ttgataattt tgcctatgaa 117840
agatatttgt attatagtaa acctgaagag gttatagaaa ataaaaacta tgtaccacca 117900
caaatcaatg atgatgagga atcccaacaa attactgtac ctaaagaaca atatgatagt 117960
ttaaaagaag agctagagct tatgagaaaa caacaagaag ctatgatgga aatgcttcaa 118020
aagctcttag gtcaaaaggg gtaattataa atggcattaa attttactac aataacggaa 118080
aacaatgtta ttagagacct gactactcag gtcaataaca ttggagaaga attaacaaaa 118140
gaaagaaata tatttgacat taccgatgat ttagtttata attttaataa atcacagaaa 118200
attaaactaa ctgatgataa aggattaact aaatcttatg gaaacataac agcccttaga 118260
gatataaaag aacctggtta ttactatata ggtgctagaa cattagcaac attattagat 118320
agacctgata tggaatctct tgatgttgtt ttacatgtag tacctcttga tacttctagt 118380
aaggtagttc aacatttata tacactatct actaacaata accaaattaa aatgttatat 118440
agatttgtct cagggaactc tagttcagaa tggcaattta ttcaaggatt acctagtaat 118500
aaaaatgctg ttatatcggg cactaatatt ctagatatag cttcaccagg tgtttacttt 118560
gttatgggaa tgacaggagg aatgcctagt ggagtaagct ccggattttt agacttaagt 118620
gtagatgcta atgataatag attagctaga ctaactgatg ctgaaactgg taaagaatat 118680
actagcatta agaaacctac aggaacatac acatcttgga aaaaagaatt tgagccaaaa 118740
gatatggaga aatatttact aagtagtatc agagacgatg gtagtgcatc attcccactc 118800
ctagtttata ctagtgataa taaaacgttt caacaagcta ttatagacca tatagataga 118860
acaggtcaaa caacctttac tttctacgtt caaggtggtg tatcaggttc ccctatgtct 118920
aatagttgtc gaggtctatt catgtcagat acacctaaca cttctagttt acatggtgtc 118980
tataatgcta taggtacaga tggtagaaat gtaacaggtt cagtggtagg aggtaattgg 119040
acttcaccaa agacatcacc ttcccataaa gaattatgga cgggagcaca atcattccta 119100
tctgtaggta ctactaagaa tctagcagat gatattagta attactctta tgtagaggtt 119160
tatactaaac ataagacagt agagaagact aaaggtaatg atgactcggg tacaatttgc 119220
cacaagttct acttagatgg tagcggtact tacgtttgct caggaacttt tgtttcagga 119280
gatagaacag atacaaaacc acctgttaca gagttctata gagtaggtgt atctttcaaa 119340
ggttcaacat ggacgcttgt agatagtgca gtacaaaata gtaaaactca atacgttaca 119400
agaattatag gtattaatat gccatagact aggataagtt tcctagtctt tttttcttga 119460
cttgaaaagg attctatggt atactataac tcgtgtaagg atataaggag attaaaatga 119520
gattaagaat taagaactta tatacctatg tagaatttga ggaggatgat aaatacttaa 119580
aagatatatt tttaaagaga gtccatacta ctataggagc aaggcaagaa ggttttcaat 119640
atagccctgc gtacaaaaga ggtagttggg atggttatgt agacttttat gtttatgagg 119700
aagataaatt ccctactgga cttttattta aaattgagtt attattaggt gagttacaat 119760
caaggtataa cttccagttt gaaacaattg atgagcgtga tgaaagtttc ttatctgaag 119820

aagatattga tgatgagata acattgcttg ataataatgt cggtcaaatt accttaagag 119880
attaccaata tgaagcagtg tacaatagct taacatttta caatggtatt gctcacttag 119940
ctactaatgg tggtaaaact gaggttgcta gtggtattat agaccaacta ttacctcaat 120000
tagaaaaagg tgaaagagta gcgttcttca caggctctac ggagatattt catcagtctg 120060
cggatagact acaagaacgt ttaaatattc ctattggtaa agtaggtgca ggtaaatttg 120120
atgttaaaca ggttacagtt gtaatgatac ctactttaaa tgcaaacctt aaagacccaa 120180
cacaaggggt aaaggttaca cctaaacaaa atattagtaa aaagattgct caagagatat 120240
tacctaaatt tgaaggtgga acaaatcaaa agaaattact aaaagtatta cttgataaca 120300
caacacctaa aacaaaagta gaacaaaacg tattaagtgc cttagagata atttaccaaa 120360
atagtaagac agatgcagaa gttttattaa acttaagaaa tcataatgca cattttcaaa 120420
aaattgttag agaaaagaac gaaaagaaat atgataaata tcaagatatg agagattttt 120480
tagactcagt tacagttatg atagttgatg aggcacacca ttctaaatct gattcttggt 120540
acaataatct aatgacatgt gaaaaagctt tatatcgaat tgcattaaca gggtctatag 120600
ataaaaaaga tgaattactt tggatgagat tacaggctct atttggtaat gttattgcac 120660
gaactactaa taagttttta attgatgaag gtcattctgc tagaccaaca ataaatatta 120720
tacctatagc taatcctaat gacatagata gaattgatga ttatagggaa gcttacgata 120780
gaggtataac aaataatgat tttagaaata aacttattgc aaaactaaca gaaaagtggt 120840
ataatcaaga taaaggtaca ttgattattg taaacttcat tgaacatgga gacacgatat 120900
cagaaatgtt aaatgattta gatgtagagc actacttctt acatggagaa atagactctg 120960
aaactaggag agaaaaatta aatgatatga gaagtggtaa gcttaaagta atgatagcta 121020
catcacttat tgatgagggt gtagatatat ccggtattaa tgcactaata ttaggtgcag 121080
gaggtaagtc attaagacaa acattacaac gtattggtcg tgctttacgt aagaaaaaag 121140
acgataatac aacacaaata tttgatttta atgatatgac aaatagattt ttatatactc 121200
atgctaatga gcgtaggaaa atttatgaag aggaagattt tgaaataaaa gacttaggaa 121260
aataggaggg taagagatgg caacaaaaac acaaagaaag ctataccaat atctagagga 121320
aaatgctaca gaaaataaat ttcatatttc tactaagaaa gagctagcag attctctagg 121380
tgtttccatc tctgctttat ccaataacct taaaaagtta gaagaagaaa ataaagtcgt 121440
tactgtttct aaaagaggaa aaaacggcgg agtaataata actttagtta gagagtatga 121500
tacagaagaa ttgaaagaat ttaataattc tacagataat attattactt ccgatttaca 121560
gtatgctaag gcattaagag aaaagcactt cccttcttat agatatgaga gaaaagaaca 121620
acgtagacgt actaaaatag aaatggcaca atacaatgcc attaaggatg agaagagaag 121680
aattatagca gatatgaact tctattcaga aggtcttcct tatccttcta aagatatttt 121740
taatatgtct tatgacccgg aagggtttta taaagcatac atcttatgta agttatacga 121800
ccaatatgct atttctcata tggatgctaa acatacaagt catcttaaag caatgagtaa 121860
ggcaacaact aaagatgaat atgactatca tcaacatatg tctgaatact atagaaataa 121920
aatgattcaa aatttaccta gaaatagcgt tagtgataat ttctttggta gtaaaatgtt 121980
taataccttt tataattttt atttaaaaat aaaagataaa aatattaatg tatttaaata 122040
tatgcaaaac gtatttaaaa atgtaacatt ttattatgag aatggtatgc aacctaatcc 122100
aataccttct cctaacttct ttagttcaga taagtatttt aaaaactata ataattatat 122160
taaaggaata aaaaaaggtg ttaacagtac gaatagacac ctaggtgata cagacagcat 122220
cattaattca tcagactacg tgaaaaaccc tgctgtatta catctacacc aactatatac 122280
tacaggatta aattctactt tacatgatat tgatactatg tttgaacaag ccttagacct 122340
tgaaaatgcc tcctatggac tatttggaga tatgaaacat attattttac tacagtataa 122400
ttctatgatt gaagaagaaa ttaagaattt acctagagaa gaaaaggata ttattaataa 122460
atatgtaaaa caatgcataa ttaatgatta ttcaccaaca agtatttcac catctgcaag 122520
gttatcaatg tttactatgc agaaagagca tatagtttac aataagcagt taaataaggg 122580
aatcaagaga gaggatttat taccattaag tctaggaggt atagtgaata aagattcatt 122640
gagtggtatg gatatacaaa acttagaaca gaatggtaat gaatacctgt atatgagaca 122700

acatacttca acttattata tattaagaat gtttggtgac tatttaggat atgaggtaaa 122760
cttaagagaa gtaaaatata ttgtagagaa atataattta attgataaaa taccattgac 122820
aaaagagggt atgttggatt ataataaact tatacattta gtagaggaag aggttaataa 122880
ctatgagtaa gaagataaag gagcttatcc ttcataaatc aatgaaggat atacattttg 122940
caagagaagt attagataac ttacctaaga atctattttc agcagagtct gaggacatgg 123000
gttacttatt tacagctata aagagaacag cacatatttc cgataagatg tcaaatgaag 123060
cattagcaat taaagtagaa cagcttatgg gtaataataa ggaagatgaa gagaaagtaa 123120
ccaagacatt aacttactta gaagatttat ataaagtaga cgttaatgaa aaagatgaat 123180
ctgttaatta tgaaatagag aagtatatta aaacagaaat gtcaaaagaa gttttagtta 123240
aatttattgc agaaaataaa caagaagact ctgataatct acatgaactt gtagacaaac 123300
taaagcaaat agaagtaagt gacatctcag gaggtaatgg agagtttatt gacttctttg 123360
aagatacaga aaagaaacaa gaactattga gtaatttagc tacaaataaa ttctctactg 123420
gatttacttc tattgacaac catattgaag gtggtatagc aagaggagaa gttggattaa 123480
ttatagctcc tactggtaga ggtaaatcat taatggcttc aaacttagct aagaattatg 123540
ttaaaagtgg attaagtgtt ttatatattg ccttagagga aaaaatggat agaatggttt 123600
tgcgtgctga gcaacaaatg gcaggagcag aaaagagtca aattgtaaat caggatatgt 123660
ctttaaataa taaagtttat gatgcaatac aaaatcatta tcagaagaat agaaagttat 123720
taggtgactt ttatatttct aaacatatgc caggtgaagt tacaccaaac caattagagc 123780
aaattattgt taatacaaca attaagaagg ataaaaatat tgatgttgtt attattgact 123840
atcctcactt aatgagaaat ccttatgcta aatatcattc agaatcagat gcaggaggaa 123900
aattgtttga agatattcgt agattatcac agcaatatgg atttgtttgt tggacgttag 123960
ctcaaactaa ccgtggtgct tatggttcag atgttattac aagtgagcat gtagaaggtt 124020
ctcgtaagat tgtcaatgct gttgaggtgt ctttagcagt aaaccaaaaa gatgaagaat 124080
tcaagagtgg tttcttaaga ttatatttag ataaaattcg taatagctcc aacacaggag 124140
aacgatttgt taatcttaaa gtagaaccaa ctaagatgat tgtaagagat gaaacacctg 124200
aagaaaaaca agagcatata caattgctat cagataatgg aaaagaagac acaagtaaat 124260
ttcaaaataa agataataaa atagaagcta taaataacac attcggagga ttaccgggag 124320
tttaattttt taaaatatac cacttgacat tttatatgtt aggtggtata attattttat 124380
aaagaataaa ggagagatta ataatgaaat ttgtattctt tacagatagt cattttcacc 124440
tatttactaa ctacgctaaa cctgataatg aatttgtgaa tgatagattt aaagaacaga 124500
tagaagcatt acagaaagtt tttgatattg ctaaaaaaga agaagcaaca gttatatttg 124560
gtggagattt atttcataaa cgtaactcgg tagatactag agtatacaac aaagtattta 124620
gtacatttgc caaaaatgat gaggttcctg tattattact tagaggtaat catgatgcta 124680
caactaattc attatatact gattcaagta tagatacatt tgagtatcta cctaatgtaa 124740
gtgtaataaa atcattaaat acaattttaa aagataatgt taatattgtg tttactgctt 124800
atggggatga gacgaaggaa ataaagacat acattaatag taattacgat aaagatatgg 124860
tcaatatact agtaggtcac ttaggtgtag aaggttcatt aactggaaaa ggctctcata 124920
gattagaagg ggcatttgga taccaggatt tattacctga taaatatgat ttcattttac 124980
taggtcatta tcaccgtaga cagtatttcc aaaatccgaa tcatttttat ggtggctcat 125040
taatgcaaca atcattttct gatgaacaag aagctaatgg tgttcattta atagatacag 125100
aaaaaatgac tacagaattc atcccaattc atacacgtag atttattact attcaaggag 125160
aagatattcc tgagaacttt gaacagttaa tcgaggaagg taattttatt agggttatcg 125220
gtacagcaaa tcatgctaag gttttagaaa tggatgacag tatgaaagat aagaatgttg 125280
aagttcaaat taaaaaagaa tatactgtag agaaacgtat tgatagtgat gtatctgatg 125340
acccttttaac aattgctagt acctatgcta aacaatactc acctgaatca gaacaagaaa 125400
tacttgagtg tttgaaggag gttttataat gaaaaaatat agagaatacc taaataagac 125460
agatgcagaa aatttagcag aggattggga gaaagtaacc gaagatttat ggaaagtgtt 125520
taaagatatg aaacctaaaa ttaatacatt agatattagt aatgtagaaa gtaaaaactt 125580

agataaaagt aaacctatac tacaattcca agattcagat ggagtaatag agaatatttg 125640
taatgttgag ggtttagaag atggtttaag taaaatgaaa aaggtttttg atgatagtaa 125700
ctttgaaaag cattattata gtagagtcgt agaccatgat gagtattact ggattgatta 125760
tggttctcat cattgtttct ttagagttac gaaaggggat aagtaatggt tgtatttaaa 125820
caagtagaag ttaataattt tttagcaatt aaagaagcta cgctagagtt agacaataga 125880
ggattaattc taattgaagg tgagaataaa tccaatgagt catttcattc aaacggttca 125940
ggaaaatcaa ctttaatatc tgccattact tacgctttat atggtaaaac tgaaaaagga 126000
ctaaaagcag acgatgtagt aaataatatt gagaagaaaa atacatctgt taaacttaag 126060
tttgatattg gggaagatag ctatttaatt gaacgttatc gtaaggacaa agagaataag 126120
aataaagtaa aattatttgt taatgaaaaa gagattacag gttcaacaaa tgacgttact 126180
gataaacaaa tacaagactt atttggtatt gagtttaata cttacgttaa tgctatcatg 126240
tatggtcaag gagatatccc tatgttctcc caagcaacag ataaaggtaa gaaagaaatt 126300
cttgaatcta ttactaagac agatgtatat aaacaagcgc aagatgtagc aaaagagaaa 126360
gttaaagaag tagaagaaca acaaaataac ataagacagg aaatctataa actaggttat 126420
cagttatcta caaaagatga gtacttccaa agagaaatag aacagtacaa ccagtataaa 126480
gaacaattgg ttcagataga aaacagtaat aaggaaaaag atagattaag agaacaagag 126540
gagaagcaaa tagaagctca aatagagcaa ttagcttcac agataccaac aatacctgaa 126600
gatgaattta agcactcaga ggagtataat aaagcttctc aaagcctaga tttactttct 126660
aataaattaa cggagctaaa tcaagtatac tcagaatata ataccaaaga acaagtacta 126720
aaatctgaaa tagctacatt aagcaatagt ctaaataagt tagatacaaa tgaccattgt 126780
cctgtttgtg gctcccctat agataattct cataaattaa aagaacagga aaatattaat 126840
aatcagattg agaataagaa acaagagatt actagtgtat tagaaatgaa agatacgtat 126900
aaagaagcta ttgataaagt aaaagataaa tcacaagaaa ttaaagataa aatgtcacag 126960
gaagaccaac aagaacggga gcacaataat aagattaaca gtataattca agaggcttct 127020
aggattaaat cagacattag ctcattagag aataataaaa cttatttaaa agtgaaatac 127080
caacatcaat ctgttcaagg attagagaga gaagaaccaa gtaaagaaaa acatgaggaa 127140
gataaaaaag aattacaaga atctattgac aaacatgaag agaatatagt acaattagaa 127200
actaagaaag gtaaatatca acaagctgta gatgctttta gtaataaagg tatacgttca 127260
gtagtgttag actttattac accattctta aatgagaaag caaatgagta ccttcaaact 127320
ttatcaggtt cagatattga aatagagttc caaactcaag tgaagaatgc taaaggagaa 127380
ctaaaagata agtttgatgt tattgttaag aatagcaagg gtggaggctc atacaaatct 127440
aattcagcag gagaacaaaa acgtattgat ttagcaatta gttttgcaat tcaggattta 127500
attatgagta aagatgagat atctacgaac attgcacttt acgatgagtg ttttgatggg 127560
ttagatacta tcggttgtga aaacgtgatt aaattattaa aagatagact taatacagta 127620
ggaacgatat ttgtaattac tcataatacc gaacttaaac cactatttga acaaacaatt 127680
aaaatagtaa aagaaaatgg agtatcaaaa ctggaggaaa aataatgaaa ttaaagattt 127740
tagataaaga taatgcaaca cttaatgtgt ttcatcgtaa taaggagcac aaaacgatag 127800
ataatgtacc aactgctaac ttagttgatt ggtaccctct aagtaatgct tatgaataca 127860
agttaagtag aaatggagaa tatttagaat taaaaagatt acgttctact ttaccttcat 127920
cttatggttt agatgataat aaccaagata ttattagaga taataaccat agatgtaaaa 127980
taggttattg gtacaaccct gcagtacgca aagataattt aaagattata gagaaagcta 128040
aacaatatgg attacctgtt ataacagaag aatatgatgc taatactgta gagcaaggat 128100
ttagagatat tggagttata ttccaaagtc ttaaaactat tgttgttact agatatctag 128160
aaggtaaaac agaggaagaa ttaagaatat ttaacatgaa atcagaggaa tcacaattga 128220
atgaagcact taaagagagt gatttttctg tagacttaac ttatagtgat ttaggacaaa 128280
tttataatat gttgttatta atgaaaaaaa ttagtaaata gtaaggaagg atattatgag 128340
gtttgaagac tttttaaccc aagaattagg agaaccaaaa gaaaatacta taggtgagct 128400
aagatactgt tgtccgtttt gtggagaaaa aagttataag ttctatgtta agcaagccct 128460

agactctagt aatggtcagt atcattgtaa aaaatgtgat gaatcaggta atcctattac 128520
atttatgaag acttattata acattacagg taagcaagct tttgatttat tagagtctaa 128580
gaatatagat atagagagag ccccttttact tacaaccaat aataaggatt taacagaatc 128640
agagaaactt atattaatgc ttagaggtgt gcatcaagat aagggaacta ctagtattaa 128700
acctcctcga ttacctgaag gatataaatt attaaaagat aacttaaata ataaagagat 128760
tatacctttt ttaaaatact taaaaggtag aggtataact ttagaacaaa tcattaataa 128820
caatataggt tatgttatta atgggagctt ttataaagtt gacggggaat ccaaagtatc 128880
attaaggaat agtattatat tttttactta tgataatgat ggaaactacc agtactggaa 128940
tacaagaagt atagagaaga acccttatat taaatctatt aatgctcctg ctaaacaaga 129000
tgaagtaggt agaaaagatg tcatatttaa tttgaatata gcaagaaaga aaaagttctt 129060
agttataact gagggtgtat ttgatgcttt aacctttcat gagtatggag tagcaacatt 129120
aggtaaacaa gtaactgaga atcaaataaa aaaaataatt gattatgtta gtatagatac 129180
atcaatatat attatgttag acactgatgc attagataat aatatagact tagcttataa 129240
gttaaaaaca cattttaaca aagtttactt tgtaccacat ggtgatgaag atgcaaatga 129300
tatgggaaca aggaaagctt ttgagttatt aaaacagaac cgggtgttag taacacctga 129360
aagtatacag agttacaaaa tacaacaaaa acttaaactt taggcttgac cttagagaag 129420
ttttatgtta tactagtaat taagtaatta ataaaggaga aaaaaataat gtcaaataat 129480
aaaaaagata ttttagaatt tgtagatgaa tacattacag ctttaagagt tggtaatgag 129540
caacgacaac atcaattaga agaaatgggt aaagaagaaa cagcaacatt aacagatgta 129600
gctaaagcta ttactaacct tatgttaggt gttaatgagc agatgacaga cttagaatat 129660
aataacgagt taaacttaaa tattttaatt gatgctttat ataaagcaga gcttattaat 129720
gaagatgtat tagactacat tcaagaatca attgataaat cacaagaaga acctaaaaat 129780
gaagaagaaa aaggagaaca agaataatgg aaaaaaatat tagcacacac acaaaaggta 129840
ttagtcaagc agacatggag aaatggattg aagctgtagt acaaggaact gttgatggta 129900
aacaagttga tgagaaaaca gctaaacaat tagatagaat tggttcacga agtgtttctt 129960
tagaagaagc aactcgtatt gctaaagtcc ttaatgctgt aacagctcaa gaggttacag 130020
gagactttaa tgatgcattt aatgcaattg acttaatgat gattatcatg gaagatgagt 130080
taggagtaac tcaagaaaaa gtaggtaaag ctaaagataa actaaatgaa aaacgagaag 130140
cttacctaaa agagaaacaa gaagaattac gtcaaaaaca acaagaagag gcacaaaaag 130200
aaactgaatc tgacagcaat gaaaaagtaa ttcagttgaa gaaaaatgac gaacagtaag 130260
aaaaaagggg atacattcga acgtaaaata gctaaagaat taactgcttg gtggggatac 130320
caattcaata ggtctcctca atcaggtggt gcttcatggg gtaaagataa taatgctgtc 130380
ggagatatag tagtacccca ggaagctaat tttcctttag tagtagaatg taaacataga 130440
gaagaatgga ctatagataa cgttctttta aacaacagag agccacacac atggtgggag 130500
caagtcatta atgatagtag taaggtgaat aagacacctt gcttaatatt tactagaaat 130560
agagctcaga gttatgttgc tttaccttat aatgaaaaag tatatgaaga tttaagaaat 130620
aatgaatacc ctgtcatgag aacagatttt attattgata atattagaaa agataaattt 130680
ttttatgatg tccttataac taccatgaat gggttgacct catttacacc ttcttatatt 130740
atatcttgct acgacaaaaa agatataaaa ccatacaaga aggtcgagtc taatttatct 130800
gaggtaagta agcatgaaga tgaattgatt aatgaccttc ttagtgatat ataaggaagg 130860
taagataagt atgacaagca aagaaagacc attaatcgta tatttttcag gtacaggaca 130920
aacagaaaga ttagtaaaca aaattaatat taataattca tttgaaacat ttagggttaa 130980
gagtggaaaa gaaaaagtaa ataaaccttt tatactaata acacctactt ataagaaagg 131040
tgcaatacct aaacaaatag aaagattcct agaaattaat gggagcccta aagaagttat 131100
tggcacagga aataaacaat ggggctctaa tttctgtgga gcaagtaaaa agatttcaga 131160
gatgtttaag attcctttaa ttgctaaagt agagcaatca ggacacttta acgagataca 131220
accaatatta gaacacttta gtaataaata taaagtagcg taaaggatga gagatatatg 131280
gcaacatatg gaaaatggat tgagttaaat aatgaaataa ctcaattaga tgacaatgga 131340

aaaaataaac tctataaaga ccaagaagct ttagatgagt atttaaaata tattgaagac 131400
aatacaagaa agtttaatag tgaagtagaa agaattagag tattgacaaa agaaggaaca 131460
tatgataaaa tatttgacaa ggttcctgac actattattg atgagatgac taagttagct 131520
tacagtttta attttaaatt ccctagtttc atggcaggac aaaagtttta tgaatcttac 131580
gcatcaaaac agtatgatga aaacaaaaaa cctatttttg ttgaagacta tgaacaacat 131640
aatgttcgag tagctttata tttatttcaa aatgactatg taaaggctag agaattacta 131700
gtacaactta tggagcaaac attccaacca tctacaccta cgtataataa ctcaggtcaa 131760
gctaatagag gtgaactaag ctcatgttat ctatttgtag tagatgattc aattgagtct 131820
ttaaactttg ttgaggatag cgtagctaat gctagttcta atggtggcgg agttgcaatt 131880
gatttaacta gaattagacc taaaggagct ccagtacgta atagacctaa ttcaagtaaa 131940
ggtgttattg cttttgctaa agctattgaa cataaagtta gtatttatga ccagggcggt 132000
gtaagacaag gtagtggtgc tgtttaccta aatatattcc acaatgatat cttggattta 132060
ttaagctcta agaaaatcaa tgccagtgaa tctgttagac tagataaatt atctattggt 132120
gttacaatcc ctaacaaatt tatggagtta gttaaagaag gtagaccttt ctatactttt 132180
gatacttacg acattaataa agtgtatggt aagtatttag atgagctaaa cattgatgaa 132240
tggtatgata agttactaga taatgatagt atcggtaaag taaaacatga tgctagagaa 132300
gttatgacag atattgctaa aacgcaatta gaatcaggat acccttatgt attctatatt 132360
gataatgcta atgataatca tccattgaaa aacctaggta aagttaaaat gagtaactta 132420
tgtacagaaa tttcacaatt acaagaggta tcagaaattt atccgtactc ttacagtaat 132480
aagaatgtta ttaatagaga tgttgtttgt acattaggtt ctcttaactt ggttaatgtg 132540
gttgaaaaag gtttattgaa tgaatctgta gatattggta caagagcatt aacaaaagtt 132600
actgatatta tggatttacc ttacttacct agtgttcaaa aagcaaatga tgatattaga 132660
gctatcggtt taggttcaat gaatttacat ggacttttag ctaagaatat gattagttat 132720
ggttctagag aagcattaga cctagtaaac agtttatata gtgctattaa cttccagtct 132780
attaagacat ctatgttaat ggctaaagaa acaggaaaac catttaaagg atttgagaag 132840
tccgattacg ctacaggtga atactttgta agatatatta gagaatccaa tcaacctaag 132900
acagataaag ctaagaaagt cctagataag gtttatattc caacacaaga tgattgggat 132960
gaattagcta aagcagtaaa agtacatggc ttgtataatg gttatagaaa agcagaagca 133020
cctactcaat ctatatctta tgtacagaat gctacaagtt ctattatgcc agttcctagt 133080
gctatagaga atagacaata tggagatatg gagacatatt acccaatgcc ttacctaagt 133140
cctataactc agttcttcta tgaaggagaa acagcttata agattgacaa taaacgtatt 133200
attaatacaa gcgcagttgt tcagaaacat acagaccaag cagtatctac aatcctttat 133260
gtagagtcag aaatacctac taataaacta gtatcattat actattatgc ttgggaacaa 133320
ggattaaaat cattatacta tacacgttca cgtaaacttt ctgttattga atgtgaaaca 133380
tgttcggttt agaaaggaaa tagatatgga tattacacaa aaagtaaaac aacataataa 133440
aaatgctgta ttaaaagcaa caaactggaa tattgaagat gacgggatgt ctgatattta 133500
ttgggagcaa ggaatttccc aattttggac tcctgaagag tttgatgtat caagagattt 133560
aagttcttgg aatagtttaa ctgaaagtga aaagaacact tataagaaag tccttgcagg 133620
gctcacaggg ctcgatacca agcaaggagg agaaggtatg aacttagtat cctaccacga 133680
accaagacct aaataccaag ctgtatttgc gtttatgggt ggtatggaag agatacatgc 133740
taaatcctat agtcatatct ttacaacatt actaagtaat aaagaaacaa gctatctatt 133800
agatacttgg gtcgaagaaa acgacttttt aaaagtaaaa gctcagttta tcggatatta 133860
ctatgaccaa ctattaaaac ctaaccctac tgtatttgat agatacatgg ctaaagtagc 133920
tagtgccttt ttagaaagtg cactattcta ctcaggattt tattatcctt tacttcttgc 133980
agggagagga cagatgacac aatcaggagc tattatttat aaaattactc aagatgaagc 134040
ttaccatggt tcagcagtag gattaacagc tcaatatgat tataatcttc taacagaaga 134100
agagaaaaaa caagcagata aagaaactta tgaattatta gatattcttt acactaatga 134160
agtagcgtat acacatagtc tatatgaccc attagaatta agtgaagacg taattaacta 134220

cgttcagtat aattttaata gagctcttca aaaccttgga agagaggact attttaatcc 134280
tgaaccttat aaccctattg tagaaaatca aactaatgta gacagattac gaaatgttga 134340
tttctttagt ggtaaagcag actatgaaaa atctacaaat attaaagata ttaaagatga 134400
agatttttca ttcttagata gtaaagaata cagtactgcc aaggaattcc tataaaaagg 134460
agaaaagata ttatggatag aaaagaagca atggatttac taagtaaagc agaaatatta 134520
tttaaaaaac atgatgagtt ttcatgtgta agtgatatca atgaccctat gaagttattc 134580
agtaactcta aggatgctaa agctgatgat acgtctaagt cttttcagtt agagtttatg 134640
catgatatga ccatgtatac tttatcttat ggctcaggac agttaaaact tattgattta 134700
gcagaaggtt atgaagcaca aaaagctaca gtagttaact catttcccga aattattaaa 134760
acattagaaa aggatgattc agaagatgga aaaaatgaat agtttagtag atttaaatac 134820
agcaattaga caaaagaaag atgttattgt catgattaca caagataatt gtggtaagtg 134880
tgagatttta aaaagtgtaa tccctatgtt tcaagagtca ggtgacatta aaaaacctat 134940
cttaacatta aatctagatg ctgaagatgt agatagagaa aaagctgtta agttattcga 135000
tatcatgagt acaccagtat taattggata taaagatggt cagttagtta aaaagtatga 135060
agaccaagtt acacctatgc aattacaaga attagagtca ctttaatttg gaatttccta 135120
ctatctgtgc tatactataa tagtacaagg tagtaggatt ttttaatgga aggaagatga 135180
catatcgcaa agaataaaac attaacgata tataatagtg atagatattt taatatacac 135240
acaaaagata aagataaaat taatgaggct attaaagtca cacatggtaa tgaagaagaa 135300
attgaaaaga atatggatga attaatatct aagtctagac gatatatcat gagagatgaa 135360
aatcattaca tgttatttaa tgaaaagtac aataatgata gacttataga aaaagtatgt 135420
aaacacggtg gcaaagttac atactatact gattcagtat taccctatta tgttttaaaa 135480
gacttatcta gtcaccctga ctcagaagtc gtttatcgta tgcgcaatgg ttttactgca 135540
aaagaagtag ataatatagc tttgtcattt atgggtacaa aagttattat tgatatttct 135600
gtagtatttc cttatgtaaa cccttatgat attattagaa gtttacatga tattaaaaca 135660
aatgtagatg aagttcattt atcatttcca cgaatattag aagtagatga aaaacaagaa 135720
aaatttttatt tctttgatgg tgaagcttat gatttaaaac ctgagtataa agtagatttt 135780
gcggataaaa ttagagtatc tttatcagta tggaaaatgt atatctatat cttaacaagt 135840
agtcgtgatt ttgaggatgt agacaatgta attacgaaac taaaacaaca acgaaagatt 135900
aagatataag gtgattatat gagtacagca aatagaagag atatagcaag aaagatatca 135960
gagaatacag gttactatat ccaggatgta gaggaaatac taagtgcaga gacagatgct 136020
atttctgact tactagaaga aggatatact aaagtaaaga atcataaatt tatgcaaata 136080
gaagttattg aaagaaaagg taaaaaagcg tgggatggtc tgaataaaga atacttccat 136140
ttacctaata gaaaagctat aaaattcaaa ccactaaaag aactagaaga ggttattgat 136200
agacttaatg aagaagagaa ataattctct tctttttta ttgacaaggt ttaaaatata 136260
tggtatagta ttattaagtt aaaaaaggag aggaattaaa tgaaagtatt aatcttattt 136320
gaccacatta gagaagagca tttttctgta agtaaagatg ggagtgtgaa atctaatgta 136380
ctaaatacac ctaatggaaa aacacttaag aaattacttg agaagtgttc taatttaaag 136440
agagataaaa caaacagaga ttatgatatt gattttctct acaatgcagt acctacacct 136500
atcagaaatg actatggtaa aattattaaa tatcaagatg ttaaacaagc agaagtaaag 136560
ccatactatg agagaatgaa taatattatt attgataatt cttatgatat gataattcct 136620
gtaggtaaac taggcgttaa atacttatta aatgttacag ctattggtaa agtaagaggt 136680
gtaccaagta aagtaactat tgaaaatgga acatcttctc atgacgtgtg ggtattacct 136740
acttacagta ttgaatatac taatgtaaat aaaaatagtg aacgtcatgt agtatcagat 136800
ttacaaacag ttggtaagtt tgtagagcaa ggagaagagg catttaaacc taaggaagta 136860
tcttacgagt tggtagataa cattgaaaga gtaagagaaa tattcaataa ggaagtaaag 136920
aatgataatt atgatggcgt agatattacc gcatgggact tagagactaa ctcattaaaa 136980
cctgataaag aaggaagtaa acctttagta ctatctctat catggagaaa tggtcaaggt 137040
gtaactatac ctttatacaa atcagacttt aactgggaaa acggtcaaga tgatattgat 137100

gaagtcttag aattacttaa gaactggtta gctagtaaag aagatattaa agtagcacat 137160
aatggtaagt acgatattaa attcttgatg agtactgaga actttaaaga ttttgagagt 137220
attcaagata ctaaagtagg ttggtaccta gctgttaccc aagaagttaa agaatcttta 137280
agattatctg atttagctta tgaggttaca gatgtcggag gttatgataa accattagaa 137340
gattttaaat tatggtttgt tactaagtta ttaagattct tctcagataa aattaaagag 137400
atacagaaag aaaataaaaa gattgctaag aaggagtatg atgttaaagc tcccgaatat 137460
aaagaatggc tagagaataa actaaatgaa acagtagtag aactagatga tactgagaag 137520
aaatttagag ttagtgaatt agagaaaaag tatattcaac taggtctttc acctgaaatt 137580
gtaaatatga atttagttat gaataacgat gagttcataa gtattgcaga acaatcacct 137640
gagtacatgg ggttatctga ctatgctaag tcttacacat taaatactgc aattaattta 137700
attaatgagt atagagatgt aaaagatgta gttaatgata ttgatggagg taactttaat 137760
tatgattggt tccctattga attaatgcat ccatacgcat caggagatac tgatgtatgt 137820
agaagaattc attgtgatgt agttaagaaa cttaaagaac aagatagacc taaatcaatg 137880
catttattag aagttaatta cccaagactt actaagtctt tagctagaat tgaatcaaat 137940
ggtttatatt gtgacttaga ttatatgaaa gaaaatgatg agtcatacga gtctgagatg 138000
gctaaaaatc atgctacaat gagagagcac tgggctgtta aagaatttga agaataccaa 138060
tacaatcttt accaaatggc gttagaagaa catgagaaaa agccaaaaga tagagataaa 138120
gatatccatc agtatagaga taaatttaaa gatggtaaat ggatgttttc cccaagttcc 138180
ggagaccata aaggtagagt aatttatgat attttaggaa ttcaattacc ttatgataaa 138240
gaatatgtta aggaaaaacc atttaatgct aatgttaaag aagcagacct tacttggcag 138300
gactataaaa cagacaagaa agctattggt tatgcgttag ataatttaga attaaaagat 138360
gatgttagag aacttcttga gttacttaaa tatcatgcta gtatgcagac aaaacgtaat 138420
tcatttacta agaaattacc taatatgatt aataaacaaa aacgaacatt acatggttct 138480
ttttctgaga caggtacaga gacatcaaga ctaagtagta gtaaccctaa cttgcaaaac 138540
ttaccggcac acacatcaga tgtaaacaag tttgattaca aacatccaat taaacgttca 138600
tttgtttcta gatttgaaaa tggagtacta ctgggagccg actatagcgc cctagagatg 138660
cgtattattg gattatttac taaagaccct gatatgctac aatcattctt aaatggggaa 138720
gatattcata aggctactgc aagtattgtt tataataaac cagtagaaga ggtaactaag 138780
gaagaacgac aagcaactaa agcagttaac ttcgggttag ccttcggtga atcacccttc 138840
tcatttgcag gtaaaaataa tatggaagta agtgaagcag aagaaatatt tgaaaagtac 138900
ttccaaacaa aaccaagtgt aaaaacttct attgacaatg tacatgagtt tgtgcaacaa 138960
tatggttatg ttgatacaat gcacggacat agaagattta tccgttcagc ccaatcaaca 139020
gataaaaaga taaaaaatga aggtctaaga cagtcattta acactattat ccaaggttca 139080
ggcagtttct taacaaacat gtctttaact tacttagatg attttatcca atctcgtaac 139140
ttaaaatcaa aagttattgc cacagtacat gatagtatct taattgattg tcctcctgaa 139200
gaagctaaaa ttatggctaa agtgacaatt catattatgg aaaacttacc atttgatttc 139260
ttaaaagcag aaattgatgg aaaagaagta caatatccta ttgaagctga tatggaaatt 139320
gggttaaact ataatgatat ggttgaatat gatgaggaag aaatagatac atttaattct 139380
taccaaggtt atattaagta tatgatgaat ttacagacct tagaagatta taaagagtca 139440
ggtaaactaa cagatgaaca atttgaaaag gctactaatg ttgttaaaag tgaaaaacat 139500
atttaccaag aaatttaata aaagtattga caatacattt aacttatgtt atactatata 139560
ggtaataaat ataaggagga aaacagagtg aatacaggag agattagatt taatcgttct 139620
atggatgaat ggattataac aagtatgtac caggatgagc taggtgagat gaatattgtt 139680
gttacattct ataatagaga agaaaataaa catggttcta cagttttacc aacagagtca 139740
tctactggag aagtagcaga ggaattggca agtcttgaag aagaatatcc tctagcttta 139800
cctttaagta gtatctcagt taatatttaa aaggaggaac tgataaatgg aaatacacat 139860
tgattcccta gattttacaa actttactat taaagataga aatgggaact cacaagagtt 139920
tgatattaca gatgagttaa gaattacaga gtatacaata caagaggact ttatgcaaca 139980

atcagctaaa tatgcttttt gggcttctat attagagaag gtaagagcat attctgaaat 140040
ggaacaaaga aatctagaaa caattggtag taagctaaac cttacaatta gacaagagta 140100
cgaacaacaa ggtaaaaagc ctactaaaga tatgattgaa tctagtgttt atattcatga 140160
ttcttaccaa caacaactta aagttgttga ggcttggaat tataaagtta aacaacttca 140220
atatgttgta aaagcttttg agacaagaag agatatgatg attcaattag gtgcagaatt 140280
acgacaaaca aataaaaatg gtggaattac taatccattt tcacattaaa aaataaagta 140340
aagaatataa ttgacaaata taaaaaacta tgttataata aataagtaaa ttaattaaaa 140400
ggagaaaaga taattatgga tttcaatcaa tttattaaca atgaggcaag caaattagaa 140460
agcaataaca gttcttttaa caataatgta gagagctaca aacctaaaaa ccctgtacta 140520
cgtttaggta atattaaaga tgcaaacgga aataaggttg ttaaagaaaa tgcttttgta 140580
cgagtattac ctcctgcaca aggaacaaat gttttcttta aagaatttag aacaacaggt 140640
attaactatt ctaagaaaga tggttctcaa ggattcacag gattaacatt acctgcagaa 140700
gaaggttcat ctgtccttga cccgtacatt caggactgga taacaaatgg tgttcaattt 140760
agtagattcc ctaataaacc aggagtacgc tattacattc atgtgattga atactttaat 140820
aacaatggtc aaattcaacc aaaaacggat gctcaaggaa atgtaatgat tcaacctatg 140880
gaattatcta acacaggata taaagaatta ttagctaact taaaagatac tatgttaaaa 140940
ccatcaccta atgcacctca tagctttatc tcagcaaatg aagcattctt agttaatatt 141000
gttaaagcta agaaaggtga aatgtcatgg aaagtaagtg tttatcctaa tgctccttta 141060
ggtgcgttac cgcaaggttg ggaacaacaa ttatctgacc tagaccaatt agcaaaacca 141120
acagaagaac aaaatcctaa ttttgttaac ttcttaatca ataatgttaa taacacagag 141180
ttaagtcatg ataactttaa atttaaccgt gaaacaaatg tcttaggtga agaaccttca 141240
gagcctaaac aagcacctac gcaacaagat gtagatagtc aaatgccaag taatatggga 141300
ggacaaccta atcagcctca gcaaggtcaa gtaggtcagt atgcacaaca aggtcaaagt 141360
aatggtcaag gacagcagtt acaaggtaca caacaaccta tcaataacac gcaatttggt 141420
caaggaactc cttcaggaca acaaccaagt aacacaggtt ctgttgattg ggataactta 141480
gcgcaacaac aatcacaacc tgattcaaac ccattcaatg attttgatgt tagcagtgtt 141540
gatgattcac aggtaccttt tgagacacaa cctcaaaata cacaacaagc acctgaacca 141600
caccaaacta cacaagagcc tccaaaacaa aaacaaacac aaagtattga cgatgtatta 141660
ggtggtctag acttagataa cctataagat atagagtgcc ttagagcact cttttattta 141720
agatatataa ttactaggag gatattaaat ggcaagagca aaaaaaggta aagaagtaga 141780
tttaacagat ttaaatacaa ttgatttagg taaagaatta ggattaacat tattatcgga 141840
tagcaataga gcagacatta aaaatattgt acctactatg gttcctcagt atgatagaat 141900
tctaggagga ggcatcccat taggtagatt gacagaggtt tacggattaa caggttcagg 141960
taaatcaagt tttgcagtcc atctctctag aatttcaaca cagttaggtg ttataactat 142020
ttggattgat attgaaggta ctgcggacaa taatcgtatg gaacagcttg gcgtagatgt 142080
ttcaaaacta ttctctattc aggcaggtga aggtagactt aaaaatacag tagagttatc 142140
tgtagagact gtaggtaagg aattagatta ctggatagat actttcaacg agaaagcccc 142200
tggagtacct attttattta tttgggattc attaggagca acaagaactc aagcggagat 142260
tgaagaagga gtagaccata ggaaattagg gacaaaagcc acagctactc aaaaagttat 142320
caacgcagta tctcctaaat taaatgatac aaatacagga ttaattgtta ttaatcaagc 142380
tagagataac ttgaatatgt ctaaccctta tgatgaccct attaagtcca caggagggcg 142440
tgcgttcgag catggagcca gtctaagact taaaattact aaaggtaaag agtccgacct 142500
taaacaatct gattcaatga caggtaaacc tacctataaa ggtcatgtga tgagagtaga 142560
gactaaaaaa tctaaactat ctagaccagg acaaaaagca gaagcagact tactatcagg 142620
atatgaggta ggttctggtt cggatattac ccaactaaat ggaattgacc cttaccatac 142680
tatctataag gaagcagttg aaagaggtct aattacgaaa gggacttgga gaaattatat 142740
cacacttaat ggggaggaaa ttaaacttta tgataaagat tgggttcctc gtttaataga 142800
tgaccatgag ttatacttgg aattatttag tagagtctat ggagaacatt tccctaatgg 142860

ttattcacca ttacttaata ctaaagtaat tgtaactcag ttagaagaat atcaagcatt 142920
agagaattac tatgaagagt gggctaaaga taataaacaa gaagaacaag aggaagaatc 142980
aaaaggagaa tctcaagaaa aggattctga ataatagatg tataatttaa tagataaaaa 143040
catgagacag gtaaaagaat ctttggggaa tgcaaattcc tcagatgttc ttcctttacc 143100
ttataaagac atagcaaaga aatttgaaga agtaaaagaa aaaggtgaat caattatcat 143160
tgaagagggt ggattccctt acacagattc tacagtgatg tatatagaac atgtaacaga 143220
tagatgggca ggaggatact ccctaattag gcatgaaggt gaagaggtta aagtacctaa 143280
aactatccat ttctctgata tatatgttaa ggataaatca cataaagtaa gaataatctt 143340
cgagggggct aatccttatg aagaaggcta aaaatggtaa tagatatgta atagatatag 143400
atggtattcc tgttgatttt gaaagagact tggatagttt acttaacagg tataaaaacc 143460
ttaggtggtc attatatcat aagtacgcag ggattttatc taatgatttt gaaagacaag 143520
aactaagaga atatattgat gagcaattta ttaaattagt taaagaatat aatattagaa 143580
gtaaagtgga ttttcctgga tatattaaag ctaaactaac tttaagagtt caaaatagtt 143640
atgttaagaa gaatgaaaaa tataaacgta ctgaaattat tggtaaaaaa gattatacag 143700
tagagtcctt aacagaagat ttaaatgaag acttcgagga taatcaaatt atgagttacg 143760
tatttgatga tatagaattt acagaagttc aaagtgagtt acttaaagaa ttacttatta 143820
atcctgaaag agaagatgat gcctttatcg tttctcaagt agcggaaaag tttgatatga 143880
aaagaaaaga agtagcaagt gagttgacag aactcagaga ctatgttaga tttaaaataa 143940
atgcatacca tgagtactat gctaagaaag aattaaataa ccatagagtt aatactgaaa 144000
atcatatttg ggaaaactag ttacagtgcc ttccttgtgt tatataagta ctactaataa 144060
tattattagt agtacttttg atatattatt tatgtagaag agaagtgaaa atagtgagaa 144120
tagaaaagca taaaataaag aataataaag taattaatga aatgtctata acagcaaata 144180
acctctataa tcatgctaat tttattttaa gacaaaattt ctttaataat aagactaata 144240
aaggatacag aaagttttta aattataata ctattcatag aatattaaaa aatatgaatg 144300
aagagaatta tattaaactc ccaagacaaa catctcaaca agtattaagg gatttaatta 144360
ataactggtc tagttttaga aaatcagaaa aagattattt taaaaaccct aataaataca 144420
gaaatagacc aaaaccacct aaatataaag ctaaaggcgg taaaggaaca attaagttta 144480
ctaatcaaca atgtagaatt cataaaaaag atggtttaat acatttacct acacctttac 144540
aagatataac tataaaacct tataaagcta agaatataag agaacttgtt tgtattccta 144600
aaagtgatta ttttgaagtt ttagtatgtt ataaagaaga aaatagtaat aaaacactaa 144660
atgataacga aaacatagca agtattgatt taggtttaga taacttgata accatggttt 144720
ctattgtaga taaaccaata attataaatg gtaaaggtct aaaatctaaa aataaatatt 144780
ttaataaaaa aataaggtat tatcaaagtc tattacaaaa caatagttac tcttcgaaaa 144840
gaatattaaa atattgggaa aaaagacaca atattatact agattacttt cataaagcaa 144900
caaacgaagt tgttaaatac tgcgtaaaaa atgatattag taaagtagtt atagggtata 144960
ataaacagca aaagtataaa tctaaattaa aaaa 144994

<210> 1075
<211> 102
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1075

Phe Val Gln Ile Pro Ile Phe Ser Leu Ile Pro Ile Leu Arg Tyr Lys
1 5 10 15
Leu Glu Glu Gln Gly Ile Gly Leu Ile Glu Thr Glu Glu Ser Tyr Thr
20 25 30
Ser Lys Thr Ser Phe Ile Asp Asn Glu Lys Pro Ile Lys His Asn Val

```
        35                  40                  45
Tyr Lys Gly Lys Arg Val Lys Arg Gly Leu Phe Lys Thr Glu Glu Gly
    50                  55                  60
Arg Ile Leu Asn Ala Asp Val Asn Gly Ala Phe Gln Ile Met Lys Lys
65                  70                  75                  80
Val Phe Pro Asp Val Glu Ile Pro Arg Asp Asn Gly Phe Val Tyr Asn
                85                  90                  95
Pro Phe Leu Ile Asn Cys
            100
<210> 1076
<211> 210
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1076
Met Ala Lys Lys Asn Val Asn Asp Val Leu Gln Gln Glu Ser Val Thr
1               5                   10                  15
Val Ala Asp Lys Tyr Leu Gln Val Lys Val Asn Arg Asp Gly Tyr Thr
            20                  25                  30
Arg Thr His Glu Gly Gln Tyr Ala Tyr Lys Val Val Ser Glu Gly Glu
        35                  40                  45
Glu Leu Phe Leu Tyr Pro Val Gln Thr Asp Gly Lys Gly Thr Leu Asn
    50                  55                  60
Val Met Lys Lys Ser Pro Ile Ala Tyr Thr Asp Gly Asp Asn Ile His
65                  70                  75                  80
Phe Val Val Asn Thr Val Val Asp Pro Tyr Asn His Ser Phe Ile Arg
                85                  90                  95
Thr Glu Asp Ile Lys Gly Leu Asp Lys Gly Lys Gln Leu Ile Gln Ala
            100                 105                 110
Phe Leu Ala Phe Val Glu Asp Arg Phe Lys Phe Gly Val Tyr Asn Val
        115                 120                 125
Phe Val Ala Asn Ser Lys Glu Asp Val Leu Ser Ile Val Asp Pro Thr
    130                 135                 140
Asp Asn Asp Ala Asp Glu Val Lys Asp Ser Leu Glu His Ala His Glu
145                 150                 155                 160
Asp Val Ile Ala Asp Phe Pro Ala Ser Pro Ala Arg Lys Asp Val Lys
                165                 170                 175
Gly Val Asp Ser Gly Glu Gly Gln Gly Asp Thr Ser Glu Pro Ser Ala
            180                 185                 190
Pro Lys Asn Val Gln Val Thr Pro Lys Glu Asp Gly Ala Asp Val Ser
        195                 200                 205
Ala Glu
    210
<210> 1077
<211> 173
<212> PRT
<213> Unknown
```

<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1077

```
Met Val Asn Leu Ala Lys Leu Asn Leu Tyr Lys Gly Asn Glu Leu Leu
1               5                  10                  15
Asn Ser Val Glu Lys Thr Glu Gly Lys Ser Thr Ile Thr Ile Glu Asn
            20                  25                  30
Leu Asp Ala Asn Thr Asp Tyr Pro Lys Gly Thr Phe Lys Val Ser Phe
        35                  40                  45
Ser Asn Asp Ser Gly Glu Ser Glu Lys Val Asp Val Pro Gln Phe Lys
    50                  55                  60
Thr Lys Ala Ile Lys Val Ile Ser Val Thr Leu Asp Val Asp Ser Leu
65                  70                  75                  80
Asp Leu Thr Val Gly Asp Thr His Gln Leu Ser Thr Thr Ile Thr Pro
                85                  90                  95
Ser Glu Ala Ser Asn Lys Asn Val Ser Phe Glu Ser Asp Lys Ser Gly
            100                 105                 110
Val Ala Ser Val Thr Ser Glu Gly Leu Ile Glu Ala Val Ser Ala Gly
        115                 120                 125
Thr Ala Asn Val Thr Val Thr Thr Glu Asp Gly Ser His Thr Asp Ile
    130                 135                 140
Val Ala Val Thr Val Lys Glu Pro Ile Pro Glu Ala Pro Ala Asp Val
145                 150                 155                 160
Thr Val Glu Pro Gly Glu Asn Ser Ala Asp Ile Thr Ala
                165                 170
```

<210> 1078
<211> 75
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1078

```
Met Glu Lys Thr Leu Lys Val Tyr Ser Asn Gly Glu Val Val Gly Ser
1               5                  10                  15
Gln Val Ala Asn Asn Asp Gly Ala Thr Thr Val Ser Ile Thr Gly Leu
            20                  25                  30
Glu Ala Gly Lys Thr Tyr Ala Lys Gly Ala Phe Lys Val Ala Phe Ala
        35                  40                  45
Asn Asp Ser Gly Glu Ser Glu Lys Val Asp Val Pro Glu Phe Thr Thr
    50                  55                  60
Lys Thr Pro Thr Glu Glu Pro Ser Gly Glu Ala
65                  70                  75
```

<210> 1079
<211> 86
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10

<400> 1079
Met Asp Ile Pro Thr Ile Leu Phe Arg Asn Pro Tyr Asp Tyr Thr Lys
1 5 10 15
Val Lys Lys Leu Met Glu Asn Lys Glu Gln Tyr Ile Val Val Lys Phe
20 25 30
Asp Ser Val Ser Val His Asn Leu Asn Val Gln Gly Met Met Asn Val
35 40 45
Ile Gln Asp Tyr Leu His Ile Tyr Gly Tyr Arg Val Lys Glu Tyr Gly
50 55 60
Gln Glu Asn Ala Ser Lys Asp Asp Glu Arg Asp Val Lys Gly Tyr Leu
65 70 75 80
Tyr Glu Arg Val Gly Glu
85
<210> 1080
<211> 251
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1080
Met Gly Ile Ile Val Asn Ser Asn His Ile Gln Ser Asp Thr Leu Tyr
1 5 10 15
Glu Tyr Asp Ser Phe Phe Asp Ile Glu Lys Val Asp Thr Phe Glu Glu
20 25 30
Gly Leu Leu Ser Ile Gln Asp Glu Pro Thr Val Leu Ala Gly Phe Ile
35 40 45
Tyr Asp Asp Ile Thr Phe Asn Lys Val Ile Asn Ser Asn Ser Asp Ile
50 55 60
Asp Asp Tyr Ile Lys Asn Asn Asp Ile Tyr Tyr Val Ser Asp Ile Gly
65 70 75 80
Leu Leu Pro Asp Thr Phe Ile Thr Val Asp Ser Asp Lys Lys Tyr Tyr
85 90 95
Ser Leu Leu Gln Gln Val Val Glu Leu Ser Lys Asp Pro Phe Pro Lys
100 105 110
Trp Val Glu Asp Asp Ala Lys Gly Leu Thr Lys Tyr Tyr Asn Phe Gln
115 120 125
Asp Phe Glu Asp Val Phe Asp Leu Asn Ser Phe Tyr Lys Lys Glu Val
130 135 140
Asp Met Val Arg Glu Lys Cys Tyr Asn Asn Gly Asn Val Tyr Leu Leu
145 150 155 160
Tyr Glu Val Leu Pro Asp Tyr Lys Leu Pro Leu Ala Tyr Ser Leu Leu
165 170 175
Ser Asn Lys Glu His Gly Ile Val Ile Ile Gly Ser Gln Thr Arg Ser
180 185 190
Asn Asn Asp Ile Leu Thr Phe Tyr Val Lys Gly Met Asp Ala Lys Ala
195 200 205
Ile Ala Ser Met Phe Asn Val Glu His Asp Tyr Asp Ser Asn Ile Phe
210 215 220

His Thr Phe Val Asn Ser His Ile Asn Ile Leu Gly Asn Gln Ile Thr
225 230 235 240
Lys Phe Ile Arg Glu Lys Gly Ser Ser Tyr Glu
245 250

<210> 1081
<211> 416
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1081
Met Ser Asn Tyr Lys Thr Ile Glu Glu Val Gln Ala Val Ile Ile Gly
1 5 10 15
Val Leu Phe Lys Asp Glu Gly Lys Ile Val Thr Ser Lys Phe Asn Lys
20 25 30
Ile Thr Lys Glu Phe Gly Leu Asp Arg Ile Gly Lys Asp Asp Leu Lys
35 40 45
Glu Ile Val Glu Asp Ile Arg Gln Asp Ala Tyr Leu Asn Glu Leu Lys
50 55 60
Asn Lys Ala Ile Lys Gly Lys Val Thr Leu Gly Asp Leu Lys Asp Val
65 70 75 80
Ala Asp Asn Gln Val Phe Glu Gly Asn Asn Tyr His Glu Glu Val Ser
85 90 95
Thr Tyr Val Val Ala Lys Glu Lys Glu Leu Ser His Leu Arg Glu Gln
100 105 110
Arg Lys His Asn Arg His Thr Ala Tyr Pro Gln Ile Met Phe Asp Glu
115 120 125
Leu Lys Glu His Met Val Lys Glu Leu Gln Gly Glu Thr Leu Val Glu
130 135 140
His His Gly Ser Lys Ala Asn Ile Asn Asp Thr Glu Leu Ile Val Leu
145 150 155 160
Leu Ser Asp Phe His Ile Gly Ser Ile Val Ser Asp Met Thr Asn Gly
165 170 175
Lys Tyr Asp Phe Glu Val Leu Lys Ala Arg Leu Asn His Phe Ile Asn
180 185 190
Thr Thr Val Lys Glu Ile Glu Asp Arg Glu Ile Ser Asn Val Thr Val
195 200 205
Tyr Phe Val Gly Asp Leu Val Glu His Ile Asn Met Arg Asp Val Asn
210 215 220
Gln Ala Phe Glu Thr Glu Phe Thr Leu Ala Glu Gln Ile Ser Lys Gly
225 230 235 240
Thr Arg Leu Leu Ile Asp Ile Leu Asn Val Leu Ser Asn Val Val Ser
245 250 255
Gly Glu Leu Arg Phe Gly Ile Ile Gly Gly Asn His Asp Arg Met Gln
260 265 270
Gly Asn Lys Asn Gln Lys Ile Tyr Asn Asp Asn Ile Ala Tyr Val Val
275 280 285
Leu Asp Ser Leu Leu Leu Phe Gln Glu Gln Gly Leu Leu Asn Gly Val

290 295 300

Asp Ile Ile Asp Asn Arg Glu Asp Ile Tyr Thr Ile Arg Asp Thr Phe
305 310 315 320

Gly Gly Lys Ser Ile Ile Ile Asn His Gly Asp Gly Leu Lys Gly Lys
325 330 335

Gly Asn His Ile Asn Lys Phe Ile Leu Asp Ser His Ile Asp Leu Leu
340 345 350

Ile Thr Gly His Val His His Phe Ser Val Lys Gln Glu Asp Phe Asn
355 360 365

Arg Met His Ile Val Ala Ser Ser Pro Met Gly Tyr Asn Asn Tyr Ala
370 375 380

Lys Glu Leu His Leu Ser Lys Thr Lys Pro Ser Gln Gln Leu Leu Phe
385 390 395 400

Val Asn Lys Glu Asn Lys Asp Ile Asp Ile Lys Thr Val Phe Leu Asp
405 410 415

<210> 1082
<211> 122
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1082

Met Asp Thr Ile Phe Ile Ile Gly Val Ala Phe Ile Thr Phe Ala Thr
1 5 10 15

Phe Asn Ile Val Phe Arg Leu Phe Asp Leu Trp Thr Thr Glu Lys Lys
20 25 30

Met Val Ser Gln Gly Gln Pro Pro Leu Ser Asn Phe Glu Tyr Tyr His
35 40 45

Val Ile Val Pro Tyr Leu Val Gly Val Ile Val Ile Thr Leu Ser Ile
50 55 60

Ile Phe Arg Asp Ser Leu Tyr Ser Ala Gln Ser Gly Phe Gly Ile Ile
65 70 75 80

Ile Thr Ser Phe Ile Tyr Met Leu Val Tyr Val Ile Ile Gly Leu Val
85 90 95

Gly Ser Phe Ile Leu Thr Ile Phe Gln Ala Arg Lys Ala Arg Gln Tyr
100 105 110

Gln Thr Gln Glu Asp Asn Asn Glu Val Gln
115 120

<210> 1083
<211> 103
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1083

Met Lys Phe Asn Asp Ile Tyr Glu Gln Leu Ile Lys Asn Asp Thr Val
1 5 10 15

Gln Asn Ile His Glu Ser Gln Asp Asp Lys Gly Asn Ile Tyr Thr Ile

20 25 30

Gln Phe Asp Lys Gly Asn Asp Lys Tyr Leu Phe Asn Val Ile Asn Asp
35 40 45

Gly Phe Leu Lys Glu Met Thr Asn Gly Met Val Asp His Pro Glu Gly
50 55 60

Gln Pro Tyr Ser Val Ser Leu Ile Asn Lys Glu Thr Pro Ser Met Ser
65 70 75 80

Val Lys Gln Tyr Leu Thr Asp Val Glu Asp Ile Val Pro Thr Ile Arg
85 90 95

Lys Met Glu Lys Asp Phe Leu
100

<210> 1084
<211> 178
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1084

Met Asp Phe Asn Phe Ser Ala Phe Asp Asn Ser Ser Leu Ala Met Arg
1 5 10 15

Ile Ser Glu Gly Val Tyr Tyr Phe Asn Asp Thr Pro Tyr Tyr Phe Ile
20 25 30

Glu His Val Glu Glu Glu Met Ser Glu Tyr Val Ile Val Tyr Asp Ile
35 40 45

His Asp Arg Glu Glu Lys Glu Asn Pro Gln Lys Lys Tyr Arg Ile Glu
50 55 60

Pro Tyr Gln Arg Thr Ile Pro Gly Gly Thr Pro Leu Ser Asn Leu Ile
65 70 75 80

Lys Ser Met Met Pro Gln Arg Lys Tyr Pro Lys Lys Val Thr Glu Asp
85 90 95

Pro Ile Phe Val Ala Asn Val Ile Pro Leu Gly Thr Asp Thr Val Thr
100 105 110

Gly Lys Thr Gly Lys Gly Phe Phe Glu Arg Asp Lys Asp Arg Thr Ile
115 120 125

Tyr Ser Gln Lys Glu Pro Thr Lys Val Val His Gly Gln Tyr Thr Gly
130 135 140

Val Phe Ile Gly Leu Thr Ser Val Lys Trp Asn Arg Thr Tyr Thr Pro
145 150 155 160

Leu Glu Ser Val Val Glu Tyr Tyr Lys Arg Val Lys Gly Asp Arg Leu
165 170 175

Asn Val

<210> 1085
<211> 255
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1085

Met Ser Asn Asp Val Val Lys Phe Tyr Glu Lys Asp Ile Lys Asp Leu
1 5 10 15
Ile Arg Thr Lys Lys His Met Phe Lys Asp Asp Glu Ile Thr Ser Asp
20 25 30
Ile Asn Asp Ile Arg Ile Phe Asn Glu Lys Val Ile Cys Gln Gly Lys
35 40 45
Cys Arg Thr Asp Cys Leu Val Leu Asp Arg Asn Gly Thr Val Met Gly
50 55 60
Ile Glu Ile Lys Thr Glu Arg Asp Ser Thr Gln Arg Leu Asn Asn Gln
65 70 75 80
Leu Lys Tyr Tyr Ser Leu Val Cys Lys Tyr Val Tyr Val Met Cys His
85 90 95
Asp Lys His Val Pro Lys Val Glu Gln Ile Leu Lys Arg Tyr Lys His
100 105 110
Asn His Val Gly Ile Met Ser Tyr Ile Ser Phe Lys Gly Lys Pro Val
115 120 125
Val Gly Lys Tyr Lys Asp Ala Thr Pro Ser Pro His Arg Ser Pro Tyr
130 135 140
His Thr Met Asn Ile Leu Trp Lys Thr Asn Leu Met Thr Ile Leu Arg
145 150 155 160
Leu Ile Arg Asp Pro His Thr Tyr Arg Thr Gly Tyr Ser Tyr Asn Ala
165 170 175
Ser Gly Arg Tyr Ser Gly Gly Glu Gly Asn Phe Ser Gln Thr Thr Gln
180 185 190
Ser Lys Arg Met Lys Lys Pro Ala Ile Ile Asn Gln Ile Ile His Tyr
195 200 205
Val Gly Val Asp Asn Thr Tyr Lys Leu Phe Thr Arg Gly Val Ile Tyr
210 215 220
Gly Tyr Asn Asn Arg Trp Glu Val Ile Glu Glu Asp Phe Phe Asn Thr
225 230 235 240
Met Lys Asn Gly Val Arg Val Ile Asn Glu Gln Arg Gln Thr Lys
245 250 255

<210> 1086
<211> 148
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1086

Met Ser Lys Asp Lys Pro Asn Arg Arg Lys Glu Ile Gln His Gln Pro
1 5 10 15
Val Asn Phe Ala Pro Met Asn Thr Leu Thr Gly Ala Asn Asn Ser Phe
20 25 30
Phe Ala Lys Lys Pro Ser Glu Pro Lys Asp Ala Thr Ser Val Ile Glu
35 40 45
Tyr Arg Ile Leu Phe Ile Lys Arg Phe Asp Asn Val Thr Ser Thr Asp
50 55 60
Val Lys Leu Gln Lys Lys Tyr Ala Leu Asn Leu Ile Ser Glu Ala Leu

65 70 75 80
Asp Val Lys Glu Thr Tyr Leu Ser Leu Lys Gln Lys Gly Lys Lys Thr
85 90 95
Glu Ser Ile Leu His Thr Asp Arg Val Tyr Tyr Val His Arg Gly Lys
100 105 110
Lys Leu Ile Gly Lys Cys Ser Ile Arg Glu Gln Arg Thr Phe Lys Gly
115 120 125
Lys His Leu Ile Phe Ile Phe Lys Thr Arg His Arg Val Lys Ala Glu
130 135 140
Arg Lys Asp Lys
145

<210> 1087
<211> 287
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1087

Met Leu Lys Gly Phe Ser Glu His Val Asp Lys Pro Thr Thr Thr Lys
1 5 10 15
Thr Leu Tyr Lys Thr Leu Thr Ser Gly Lys Val Glu Leu Leu Gly Val
20 25 30
Ser Tyr Asp Ser Asp Tyr Phe Pro Ser Gly Val Thr Val Gln Ser Tyr
35 40 45
Ile Glu Asp Ile Gly Asn Glu Asp Glu Gly Leu Gln Phe Val Asn Lys
50 55 60
Ile Asn Val Val Glu Ser Met Lys Gln Ala Val Val Gly Met Asn Asn
65 70 75 80
Gln Leu Gly Ser Ser Gly Leu Gly Tyr Val Arg Thr Glu Gln Leu Lys
85 90 95
Lys Glu Leu Glu Glu Thr Gly Leu Met Thr Asp Leu Leu Ala Arg Gly
100 105 110
Thr Asn Leu Thr Ser Thr Lys Lys Val Asp Ile Val Ser Thr Phe Ile
115 120 125
Glu Pro Glu Val Thr Tyr Gln Asp Ile Thr Ile Ala Lys Asp Ile Lys
130 135 140
Leu Arg Leu Tyr Lys Leu Glu Glu Glu Ser Pro Leu Asn Gly Tyr Thr
145 150 155 160
His Ile Val Tyr Leu Leu Thr Thr Glu Lys Leu Tyr Asp Gly Gln Thr
165 170 175
Leu Phe Gly Met Leu Ser Lys Lys Asp Lys Leu Ser Lys Gly Asp Thr
180 185 190
Asp Lys Leu Leu Ala Phe Phe Arg Asn Asn Ser Leu Ile Ser Lys Ser
195 200 205
Val Phe Cys Val Lys Leu Leu Ser Lys Asp Tyr Tyr Phe Asn Leu Tyr
210 215 220
Asn Thr His Glu Thr Gly Ile Phe Phe Leu Glu Asp Thr Asp Val Ile
225 230 235 240

Thr Ile Ala Cys Gly Gln Ser Tyr Val Lys Val Asn Thr Lys Asp Ile
245 250 255
Lys Ser Ser Tyr Val Lys Ile Glu Asp Lys Thr His Lys Leu Thr Glu
260 265 270
Leu Val Ile Asn Leu Lys Gly Asp Asp Thr Leu Thr Ile Leu Phe
275 280 285
<210> 1088
<211> 243
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1088
Met Ala Arg Lys Lys Asn Leu Arg Asn Lys Asn Ser Asp Ile Lys Val
1 5 10 15
Val Pro Asp Lys Glu Lys Glu Ser Ile Leu Ser Lys Leu Tyr His Asn
20 25 30
Lys Leu Leu Arg Ser Lys Val Asp Asn Ala Leu Asp Glu Asp Met Ser
35 40 45
Tyr Asp Asp Ile Ile Glu Leu Cys Lys Glu Tyr Asp Leu Glu Leu Ser
50 55 60
Lys Ser Ala Ile Thr Arg Tyr Lys Ser Lys Arg Lys Glu Ala Ile Glu
65 70 75 80
Asn Gly Trp Asp Leu Glu Glu Leu Ile Asp Lys Arg Lys Lys Thr Ser
85 90 95
Val Lys Asp Ile Lys Glu Lys Glu Thr Pro Ile Leu Glu Glu Glu Gln
100 105 110
Leu Ser Pro Phe Glu Gln Ser Lys His His Thr Gln Thr Ile Tyr Asp
115 120 125
Asp Ile Gln Val Leu Asp Met Ile Ile Ser Lys Gly Ala Lys Gly Leu
130 135 140
Glu Phe Val Glu Thr Leu Asp Pro Ala Leu Met Ile Arg Ala Met Glu
145 150 155 160
Thr Lys Asp Lys Ile Thr Gly Asn Gln Leu Lys Gly Met Ser Phe Ile
165 170 175
Gly Leu Arg Glu Leu Gln Leu Lys Gln Thr Ala Gln Asp Thr Ala Met
180 185 190
Ser Glu Val Leu Leu Glu Phe Ile Pro Glu Glu Lys His Glu Glu Val
195 200 205
Leu Gln Arg Leu Glu Glu Leu Gln Asn Glu Phe Tyr Lys Asn Leu Asp
210 215 220
Leu Asp Glu Glu Ser Arg Lys Leu Lys Glu Ala Leu Asp Arg Val Gly
225 230 235 240
Tyr Thr Ile
<210> 1089
<211> 152
<212> PRT
<213> Unknown

<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1089

Met	Ala	Asp	Glu	Ile	Ser	Leu	Asn	Pro	Ile	Gln	Asp	Ala	Lys	Pro	Ile
1				5				10						15	
Asp	Asp	Ile	Val	Glu	Ile	Met	Thr	Tyr	Leu	Lys	Asp	Gly	Arg	Val	Leu
			20					25					30		
Arg	Val	Lys	Gln	Asp	Asn	Gln	Gly	Asp	Ile	Leu	Val	Arg	Met	Ser	Pro
		35					40					45			
Gly	Lys	His	Lys	Phe	Thr	Glu	Val	Ser	Arg	Asp	Leu	Asp	Lys	Glu	Ser
	50					55					60				
Phe	Tyr	Tyr	Lys	Arg	His	Trp	Val	Leu	Tyr	Asn	Val	Ser	Val	Asn	Ser
65					70					75					80
Leu	Ile	Thr	Phe	Asp	Val	Tyr	Leu	Asp	Glu	Glu	Tyr	Ser	Glu	Thr	Thr
			85					90					95		
Lys	Val	Lys	Tyr	Pro	Lys	Asp	Thr	Ile	Val	Glu	Tyr	Thr	Arg	Glu	Asp
		100					105					110			
Gln	Glu	Lys	Asp	Val	Ala	Met	Ile	Lys	Glu	Ile	Leu	Thr	Asp	Asn	Asn
	115					120					125				
Gly	Asn	Tyr	Phe	Tyr	Ala	Leu	Thr	Gly	Glu	Thr	Met	Leu	Phe	Asp	Glu
130					135					140					
Asn	Lys	Leu	Asn	Lys	Val	Lys	Asp								
145				150											

<210> 1090
<211> 147
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1090

Met	Phe	Ile	Ser	Leu	Asn	Gln	Glu	Glu	Lys	Glu	Leu	Leu	Thr	Lys	Glu
1				5				10						15	
Glu	Ser	Lys	Tyr	Thr	Pro	Leu	Glu	Thr	Ser	Arg	Glu	Phe	Asn	Thr	Pro
			20					25					30		
Lys	Glu	Glu	Phe	Ile	Val	Thr	Ser	Tyr	Asn	Glu	Gly	Lys	Pro	Leu	Asp
		35					40					45			
Tyr	Ile	Ala	Lys	Glu	Ala	Lys	Val	Ser	Met	Gly	Leu	Ile	Tyr	Thr	Val
	50					55					60				
Leu	Asn	Tyr	Tyr	Lys	Val	Gly	Lys	Arg	Asn	Lys	Lys	Ser	Pro	Val	Glu
65					70					75					80
Glu	Arg	Ile	Ala	His	Ile	Leu	Lys	Asp	Lys	Asn	Leu	Val	Lys	Glu	Ile
			85					90					95		
Ile	Lys	Asp	Tyr	Gln	Tyr	Met	Asn	Leu	Gln	Asp	Ile	Tyr	Ser	Lys	Tyr
		100					105					110			
Asn	Leu	His	Lys	Asn	Gly	Leu	Tyr	Tyr	Ile	Leu	Asp	Leu	Tyr	His	Val
	115					120					125				
Glu	Arg	Lys	Ser	Glu	Leu	Lys	Asp	Lys	Ala	Leu	Glu	Glu	Asp	Asn	Ile
130					135					140					

Val Val Glu
145
<210> 1091
<211> 234
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1091
Met Arg Asn Lys Lys Ser Phe Gln Glu Gln Leu Asn Asp Met Arg Asn
1 5 10 15
Lys Glu Lys Trp Val Ser Glu Glu Glu Phe Thr Glu Glu Val Ala Pro
20 25 30
Ser Glu Glu Pro Glu Val Glu Glu Glu Lys Leu Tyr Thr Leu Asn Glu
35 40 45
Leu Lys Glu Asn Leu Leu Asp Ala Gln Gly Leu Lys Asp Val Val Ala
50 55 60
Asp Phe Pro Ala Ser Lys Asp Leu Tyr Glu Pro Asn Lys Leu Tyr Ile
65 70 75 80
Cys Thr Ile Pro Lys Gly Tyr Gln Ser Thr Glu Val Gln Pro Gly Gln
85 90 95
Tyr Ile Gly Ile Ser Thr Gly Leu Leu Ser Glu Ser Glu Asp Phe Ser
100 105 110
His Leu Arg Gly Gln Met Pro Arg Asn Leu Tyr Glu Thr Ser His Val
115 120 125
Leu Lys Pro Leu Val Arg Ile Asn Asn Thr Ser Ile Glu Tyr Gln Gln
130 135 140
His Glu Leu Leu Glu Asp Ile Lys Glu Asp Lys Asn Val Tyr Asp Val
145 150 155 160
Glu Leu Glu Asp Leu Arg Leu Ala Thr Gly Glu Glu Ile Ser Tyr Leu
165 170 175
Glu Ile Val Asp Ser Lys Phe Phe Glu Ser Arg Ile Asn Glu Val Leu
180 185 190
Asp Phe Tyr His Glu Leu Thr Asp Ser Asp Asp Leu Leu Glu Tyr Tyr
195 200 205
Asn Lys Leu Arg Glu Leu Val Gly Asn Asp Arg Met Ile Tyr Cys Pro
210 215 220
Leu Leu Asn Lys Cys Val Lys Ile Ile Asp
225 230
<210> 1092
<211> 104
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1092
Met Tyr His Asp Lys Ala Lys Asn Glu Val Ser Thr Glu Leu Ser Asn
1 5 10 15

Thr Gly Lys Ile Lys Glu Glu Lys Asn Val Glu Phe Val Gly Asp Tyr
20 25 30
Thr Leu Lys Lys Val Glu Asp Asn Lys Ala Tyr Phe Met Glu Thr Leu
35 40 45
Pro Thr Tyr Leu Pro Gly Arg Thr Gly Asp Asn Ser Ile Asp Met Arg
50 55 60
Tyr Tyr Lys Thr Ser Arg Phe Lys Glu Gly Val Asn Phe Lys Leu Ile
65 70 75 80
Arg Val Tyr Thr Glu Asp Gly Glu Asp Asn Pro Ile His Lys Tyr Arg
85 90 95
Phe Glu Ala Val Pro Thr Lys Lys
100

<210> 1093
<211> 80
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1093
Met Glu Met Ala Asp Leu Glu Arg Phe Asp Ala Phe Val Arg Leu Ile
1 5 10 15
Ser Asp Asp Glu Leu Ser Glu Glu Arg Ile Leu Glu Leu Ser Val Asp
20 25 30
Leu Leu Asn Pro Ile Leu Glu Gly Gly Thr Ala Tyr Arg Ala Lys Lys
35 40 45
Arg Ile Lys Ser Lys Phe Gly Lys Leu Glu Ala Lys Asn Phe Lys Arg
50 55 60
Asn Tyr Lys Phe Leu Leu Lys Ser Ile Ala Gln Ile Asp Gln Arg Arg
65 70 75 80

<210> 1094
<211> 185
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1094
Met Thr Glu Arg Glu Lys Leu Ile Lys Glu Ile Glu Glu Ala Asn Arg
1 5 10 15
Asp Ile Gln Leu Gln Leu Lys Glu Val Asp Asn Tyr Lys Asp Ser Ile
20 25 30
Arg Ser Lys Gly Thr Arg Asn Tyr Ile Ser Thr Lys Val Leu Asp Ser
35 40 45
Ile Thr Val Gly Phe Ile Val Ser Phe Leu Ile Leu Ile Ile Met Arg
50 55 60
Val Leu Glu Tyr Phe Val Thr Gly Asn Ala Val Tyr Ser Pro Leu Ala
65 70 75 80
Pro Ala Val Ile Ile Met Phe Val Leu Ala Leu Gly Thr Trp Lys Val
85 90 95

Ser Lys Met Asn Lys Ile Val Ser Tyr Arg Gly Thr Ile Lys Met Tyr
100 105 110
Trp Glu Leu Ser Asn Ala Glu Gln Lys Gln Ala Lys Val Phe Lys Tyr
115 120 125
Pro Asn Asp Glu Val Asp Ile Val Ser Lys His Asn Leu Arg Gln Ile
130 135 140
Thr Phe Ser Glu Ile Asn Ile Leu His Leu Lys Tyr Met Arg Tyr Asn
145 150 155 160
Lys Ala Val Glu Gln His Thr Lys Leu Ser Lys Glu Leu Phe Lys Lys
165 170 175
Asp Lys Glu Thr Val Asp Lys Asn Lys
180 185

<210> 1095
<211> 58
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1095
Met Val Ile Pro Ser Ile Lys Ala Gln Asn Lys Phe Lys Asn Glu Leu
1 5 10 15
Glu Tyr Tyr Lys Gln Gly His Ile Ser Glu Ser Lys Met Leu Glu Leu
20 25 30
Ala Phe Asp Tyr Ile Gln Glu Leu Glu Gln Asn Asn Glu Tyr Val Thr
35 40 45
Asn Leu Leu Glu Glu Glu Arg Tyr Gly Glu
50 55

<210> 1096
<211> 83
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1096
Met Val Ser Lys Phe Ile Gly Val Tyr Leu Phe Asn Leu Leu Val Val
1 5 10 15
Ala Leu Val Tyr Thr Val Gly Phe Leu Phe Phe Tyr Gly Val Ala Ser
20 25 30
Leu Val Ile Ile Leu Thr His Ala Thr Ile Asp Pro Phe Val Leu Ala
35 40 45
Thr Phe Leu Gly Ile Gly Phe Leu Val Ile Arg Thr Ala His Arg Ile
50 55 60
Met Ala Arg Val Ile Asn Asp Ala Val Ala Gln Ala Ile Lys Asp Lys
65 70 75 80
Glu Asn Glu

<210> 1097
<211> 77
<212> PRT

<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1097

Met Asn Lys Gly Glu Phe Ile Met Asp Lys Thr Leu Pro Lys Phe Ser
1 5 10 15
Val Tyr Glu Val Ile Val Lys Thr Val Ile Met Thr Pro Thr Glu Gly
20 25 30
Ser Ser Asp Leu Glu Ser Phe Tyr Phe Ser Thr Arg Glu Leu Ala Glu
35 40 45
Arg Phe Val Glu Glu Asn Thr Val Glu Thr Lys Asn Gly Lys Arg Val
50 55 60
Ser Phe Ala Val Lys Glu Arg Lys Val Asn Gln Pro Gly
65 70 75

<210> 1098
<211> 214
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1098

Met Lys Val Ser Glu Glu Val Lys Gln Ser Tyr Leu Glu Asn Lys Ala
1 5 10 15
Asn Thr Lys Met Asp Lys Ile Ser Trp Ser Glu Leu Lys Ala Ser Pro
20 25 30
Leu Gly Ile Thr Leu Gly Asp Ile Ile Phe Tyr Ser Val Val Ile Ile
35 40 45
Asp Asn Ile Ile Ala Ile Ile Leu Thr Leu Thr Leu Ile Gly Thr Ile
50 55 60
Thr Asp Ser Ile Glu Ser Thr Leu Ala Gln Ile Ile Val Gly Val Phe
65 70 75 80
Ile Ile Ile Thr Ile Tyr Gly Ile Leu Ser Ala Leu Ile Pro Ile Leu
85 90 95
Ile His Lys Ala Val Ser Pro Gly Trp Ser Tyr Thr Glu Trp Asn Glu
100 105 110
Ser Tyr Tyr Ile Arg Leu Pro Gly Glu Glu Asn Tyr Lys Tyr Tyr Ser
115 120 125
Lys Trp Tyr Leu Asp Leu Leu Gly Val Lys Glu Phe Tyr Tyr Lys Arg
130 135 140
Asp Ser Gly Glu Glu Val Lys Glu Lys Asn Ile Ser Trp Ala Phe Gln
145 150 155 160
Ala Glu Val Lys Arg Pro Glu Asp Val Asn His Trp Lys Asn Gln Leu
165 170 175
Leu Thr Asn Arg Pro Leu Thr Ile Leu Glu Tyr Lys Lys Leu Lys Lys
180 185 190
Leu Asp Lys Glu Ser Glu Ile Arg Lys Gln Glu Asp Leu Glu Glu Tyr
195 200 205
Lys Gln Tyr Asn Ser Asn

210

<210> 1099
<211> 82
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1099

Met Ile Ser Ser Phe Asp Ser Ile Leu Leu Val Ile Tyr Ile Ile Ile
1 5 10 15
Ala Phe Ala Val Ala Met Ala Ile Ile Tyr Leu Val Phe Lys Gly Met
20 25 30
Thr Ile Leu Leu Asp Lys Leu Met Met Leu Leu Leu Ser Lys Thr Thr
35 40 45
Leu Asp Val Glu Ala Cys Ser Met Ile Met Ala Val Ile Ser Thr Ile
50 55 60
Val Phe Gly Ile Ile Val Leu Leu Ile Trp Leu Ala Val Asn Asn Ile
65 70 75 80
Leu Leu

<210> 1100
<211> 58
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1100

Met Asp Phe Asn Asp Phe Ile Asn Ser Glu Ser Asp Arg Val Gly Asn
1 5 10 15
Pro Lys Gln Lys Lys Lys Val Glu Asn Lys Leu Pro Ser Ser Ile Pro
20 25 30
Ile Glu Asp Arg Glu Lys Lys Leu Lys Glu Ile Arg Lys Lys Ser Leu
35 40 45
Tyr Ile Asp Leu Arg Arg Lys Arg Asn Asp
50 55

<210> 1101
<211> 98
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1101

Met Thr Lys Glu Thr Asn Val Leu Tyr Lys Asp Lys Tyr Arg Asp Tyr
1 5 10 15
Thr Ile Val Val Arg Leu Ala Gly Asn Ile Ile Val Thr Glu Val Asp
20 25 30
Lys Lys His Lys Thr Ala Phe Thr Pro Ile Ile Phe Asp Asn Gly Val
35 40 45
Glu Gly Val Glu Leu Val Met Arg Ile Gly Ser Val Glu Leu Ser Met

50 55 60
Thr Asp Leu Arg Glu Phe Thr Lys Glu Val Ser Thr Ala Gln Lys Ala
65 70 75 80
Leu Glu Tyr Phe Asn Lys Lys Leu Tyr Ile Lys Gly Leu Thr Asp Glu
85 90 95
Ala Phe
<210> 1102
<211> 60
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1102
Met Leu Leu Gly Ile Leu Trp Phe Ile Trp Gly Phe Val Ser Tyr Phe
1 5 10 15
Val Leu Met Phe Gly Ile Glu Phe Cys Lys Asp Arg Trp Met Pro Gly
20 25 30
Val Ile Gly Ala Gly Ala Leu Leu Leu Phe Leu Phe Trp Ile Met Lys
35 40 45
Ser Ile His Asn Ala Met Thr Val Val Tyr Leu Tyr
50 55 60
<210> 1103
<211> 122
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1103
Met Asp Ile Leu Ile Ile His Tyr Lys Glu Thr Asn Lys Arg Val Leu
1 5 10 15
Lys Glu Thr Ile Gln Thr Ile Gln Asn His Leu Asn Asp Glu His Gly
20 25 30
Leu Val Lys Met Thr Ala Thr Lys Leu Ser Arg Glu Asn Ile Glu Lys
35 40 45
Arg Phe Asn Asn Tyr Asn Ile Val Ile Ala Glu Asp Asp Pro Asp Asn
50 55 60
Ser Tyr His Tyr Ser Glu Ala Val Glu Glu Ala Asp Phe Ile Ile Asp
65 70 75 80
Ile Pro Ile Ser Tyr Leu Asp Ile His Ala Gly Val Glu Trp Asp Val
85 90 95
Asp Asn Pro Val Asp Met Leu Asp Arg Asn Pro Asp Phe Ile Glu Ala
100 105 110
Val Asn Lys Leu Asn Glu Asp Leu Met Leu
115 120
<210> 1104
<211> 115
<212> PRT
<213> Unknown

<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1104
Met Leu Asn Glu Lys Leu Lys Asn Leu Glu Asp Thr Lys Val Tyr Met
1 5 10 15
Ile Asn Ser Ile Ala Ser Leu Leu Ser Ala Ser Thr Gly Lys Ser Ser
20 25 30
Lys Val Phe Phe Asp Glu Gly Thr Ile Lys Ile Val Ser Gly Glu Thr
35 40 45
Lys Ala Val Glu Val Ile Asp Asn Leu Val His Pro His Ser Gly Arg
50 55 60
Leu Pro Ile Lys Thr Thr Glu Arg Ile Ala Leu Gly Arg Leu Thr Asp
65 70 75 80
Ser Leu Gln Phe Val Ile Ser Glu Ile Glu Val Val Lys Asp Gln Ile
85 90 95
Ile Asp Glu Glu Asn Glu Ala Tyr Ile Asp Phe Val Met Glu Asp Trp
100 105 110
Asp Trp Asp
115
<210> 1105
<211> 90
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1105
Met Asp Leu Leu Thr Ile Ala Ser Val Ala Phe Ile Ala Val Val Ile
1 5 10 15
Ile Asp Leu Ile Asn Asp Asp Met Ser Tyr Met Leu Thr Gly Thr Ala
20 25 30
Ile Leu Ile Asn Ile Trp Ala Gly Phe Tyr Gly Trp Phe Phe Leu Leu
35 40 45
Gln Ala Gly Met Leu Leu Phe Leu Leu Leu Ala Arg Lys Val Lys Asp
50 55 60
Asp Lys Glu Ser Ile Leu Tyr Ser Ser Ala Ser Leu Ile Cys Ala Leu
65 70 75 80
Gly Met Ile Ile Asn Leu Leu Ser Phe Ser
85 90
<210> 1106
<211> 101
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1106
Met Ser Lys Glu Thr Ile Arg Arg Gln Phe Ser Asn Ala Ile Glu Ile
1 5 10 15
Met Ala Thr Thr Lys Glu Trp Trp Asn Phe Pro Lys Ser Phe Asn Thr

20 25 30
Ser Lys Glu Phe Lys Ile Lys Thr Phe Lys Asn Asp Thr Leu Val Phe
35 40 45
Glu Val Arg Glu Gly Ser Arg Asn Leu Gly Ser Phe Val Ile Phe Thr
50 55 60
Asn Ile Asp Phe Asp Tyr Asp Lys Leu Glu Gly Thr Ser Thr Gln Tyr
65 70 75 80
Met Ile Asn Tyr Phe Ala Lys Lys Leu Thr Lys Asp Met Phe Asn Tyr
85 90 95
His Lys Leu Gln Leu
100

<210> 1107
<211> 116
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1107
Met Arg Glu Glu Leu Lys Pro Phe Asn Arg Lys Gln Val Asn Val Lys
1 5 10 15
Gly Tyr Leu Asp Asp Val Lys Tyr Ser Lys Arg Arg Arg His Lys Gly
20 25 30
Asn Gln His Gly Cys Val Lys Ile Thr Val Thr Asp Val Lys Ile Asn
35 40 45
Gly Ile Pro Ile Asp His Val Asn Ile Glu Val Gly Ile Ser Phe Tyr
50 55 60
Glu Lys Leu Lys Glu Leu Gln Gly Lys Arg Ile Gln Phe Val Gly Thr
65 70 75 80
Val Tyr Lys Tyr Val Lys His Ala Arg Gly Arg Lys Gly Arg Ile Lys
85 90 95
Gly Phe Tyr Lys Glu Asp Tyr Ser Val Thr Leu Asp Lys Lys Leu Gln
100 105 110
Lys Glu Glu Lys
115

<210> 1108
<211> 200
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1108
Met Ile Lys Arg Arg Lys His Leu Asp His Ser Leu Gln Pro Glu Lys
1 5 10 15
Gly Trp Arg Thr Val Pro Phe Asn Gly Tyr Tyr Glu Ala His Pro Thr
20 25 30
Gly Leu Ile Arg Asn Lys Val Thr Lys Lys Leu Ile Lys Gly Thr Gln
35 40 45
Thr Arg Lys Asn His Pro Lys Trp Thr Ala His Glu Ile Val Tyr Leu

50 55 60

Ile Asn Pro Lys Lys Thr Ser Tyr Ser Arg Gly Val Val Ile Ala His
65 70 75 80

Thr Phe Pro Glu Met Ile Ser Gln Ser Arg Gly Asp Leu Lys Asn Gly
85 90 95

His Val Cys Phe Lys Asp Gly Asp Arg Ser Asn Cys His Val Asp Asn
100 105 110

Met Phe Ile Gly Lys Gly Asn Val Asn Lys Asn Ile Tyr Lys Leu Asn
115 120 125

Asp Ser Tyr Leu Thr Arg Lys Asp Ile Glu Glu Asp Val Asn Asn Leu
130 135 140

Val Asn Glu Arg Leu Phe Ser Gln Leu Glu Leu Leu Ile Lys Lys Asn
145 150 155 160

Glu Pro Glu Arg Ile Thr Pro Ser Asn His Phe Ile Lys Arg Asp Asn
165 170 175

Asn Val Phe Ser Ile Thr Asp Leu Ser Lys Asn Ser Leu Val Glu Phe
180 185 190

Glu Leu Glu Ile Lys Asn Ile Lys
195 200

<210> 1109
<211> 59
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1109

Met Asn Glu Trp Tyr Ala Leu Cys Tyr Tyr Asp Lys Val Gly Lys Lys
1 5 10 15

Lys Ile Pro Arg Gln Ile Lys Ala His Arg Asp Val Ser Val Leu Glu
20 25 30

Asp Leu Lys Asp Arg Leu Glu Glu Gln Asn Pro Lys Glu Glu Tyr Lys
35 40 45

Ile Lys Thr Thr Lys Glu Phe Asp Lys Glu Arg
50 55

<210> 1110
<211> 91
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1110

Met Lys Leu Glu Asp Lys Val Leu Glu Arg Ile Asp Ser Leu Gly Asn
1 5 10 15

Lys Ala Gly Asn Leu Ser Asn Gln Ala Met Glu Ser Leu Val Lys Tyr
20 25 30

Gln Ile Thr Tyr Gly Ile Ile Asp Ile Val Val Ser Ile Leu Val Ile
35 40 45

Ala Leu Thr Ile Phe Leu Gly Lys Val Tyr Leu Lys Glu Tyr Lys Lys

50 55 60
Val Lys Met Asp Leu Lys Glu Ser Leu Leu Tyr Asp Asp Tyr Asp Ile
65 70 75 80
Leu Ser Leu Arg Asn Ser Cys Arg Tyr Thr Asn
85 90

<210> 1111
<211> 22
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1111
Met Arg Leu Ile Asn Pro Glu Val Tyr Ala Val Lys Asp Leu Ile Glu
1 5 10 15
Gln Val Lys Gly Gly Asn
20

<210> 1112
<211> 97
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1112
Met Lys Gln Arg Asp Phe Glu Phe Glu Glu Asp Phe Val Leu Thr Tyr
1 5 10 15
Glu Cys Glu Asp Cys Lys His Phe Glu Asp Trp Gly His Asp Glu Glu
20 25 30
Pro Glu Glu Cys Ser Glu Cys Gly Ser Ser Asp Leu Ile Asn Asn Thr
35 40 45
Ser His Glu Asp Thr Glu Cys Asp Met Cys Arg Gly Tyr Ile Asp Met
50 55 60
Trp Gln Asp Gly Tyr Arg Tyr Met Gly Asp Asn Lys Glu Tyr Ile Glu
65 70 75 80
Lys Glu Glu Ser Gly Leu Ile Cys Glu Asp Cys Tyr Glu Lys Leu Asp
85 90 95
Ile

<210> 1113
<211> 95
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1113
Met Asn Lys Ala Val Glu Gln Ala Ser Asn Ala Leu Gly Gln Gly Phe
1 5 10 15
Ser Ala Met Val Trp His Gln Val Leu Ala Gly Leu Gly Phe Ile Leu
20 25 30
Leu Gly Leu Val Leu Ser Leu Leu Val Trp Val Leu Val Lys Lys Phe

35 40 45
His Val Pro Phe Asn His Pro Thr Ala Phe Val Val Tyr Ser Ile Met
50 55 60
Leu Val Ser Ile Val Ala Ser Phe Ile Trp Gly Gly Leu His Val Ile
65 70 75 80
Asn Pro Glu Tyr Tyr Ala Ile Leu Glu Leu Lys Gly Phe Ile Lys
85 90 95
<210> 1114
<211> 38
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1114
Met Thr Lys Glu Glu Leu Glu Gln Lys Val Lys Glu Leu Glu Ala Glu
1 5 10 15
Asn Lys Glu Leu Lys Lys Gln Ile Glu Arg Phe Glu Asp Glu Gly Gly
20 25 30
Lys Thr Lys Asp Glu Gln
35
<210> 1115
<211> 88
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1115
Met Asn Ser Arg Gln Lys Lys Ile Leu Thr Leu Thr Val Ser Asn Phe
1 5 10 15
Leu Ile Leu Ala Leu Asp Thr Val Ala Leu Ile Arg Tyr Lys Lys Gly
20 25 30
Lys Ile Lys Gln Glu Asn Tyr Asn Thr Gly Gln Ile Thr Arg Met Ile
35 40 45
Ala Thr Thr Ala Asn Ser Leu Gly Ile Leu Tyr Leu Glu Glu Gln Glu
50 55 60
Arg Lys Glu Val Lys Asp Ile Lys Val Gly Thr Phe Glu Ile Gly Ala
65 70 75 80
Leu Lys Arg Phe Thr Asn Asn Lys
85
<210> 1116
<211> 101
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1116
Met Lys Gly Ile Ile Ile Phe Tyr Lys Glu Glu Thr Lys Glu Asp Leu
1 5 10 15

Gly Tyr Phe Leu Gly Phe Ile Asn Phe Lys Leu Glu Gly Leu Ser Tyr
20 25 30
Thr Thr Glu Gly Thr Leu Val Asp Asn Asp Val Val Val Leu Lys Asp
35 40 45
Asn Gln Ile Asn Glu Asp Asn Leu Glu Gln Phe Ser Met Ser Asn Asn
50 55 60
Asn Leu Val Ile Gly Ile Leu Gly His Ser Ser Leu Ser Val Arg Ile
65 70 75 80
Tyr Glu Lys Gly Ile Arg Gln Glu Phe Asp Arg Val Glu Glu Tyr Leu
85 90 95
Glu Glu Leu Arg Gln
100

<210> 1117
<211> 133
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1117

Met Ile Phe Ile Leu Ile Phe Gly Leu Leu Phe Ile Leu Ser Leu Leu
1 5 10 15
Gly Ile Phe Ile Tyr Phe Ile Val Leu Arg Lys Lys Lys Gln Leu Ile
20 25 30
Glu Glu Arg Glu Ser Phe Gly Ile Tyr Asn Arg Thr Lys Glu Lys Leu
35 40 45
Gly Asp Val Thr Arg Leu Gly Tyr Glu Glu Asp Val Tyr Lys Leu Ile
50 55 60
His Asn Gln Ser Asn Lys Thr Ile Ile Glu Asp Lys Lys Ser Lys Val
65 70 75 80
Val Asp Thr Ile Lys Lys Met Tyr Glu Leu Glu Leu Thr Ser Val Asp
85 90 95
Val Ser Lys Val Glu Gly Leu Ser Pro Leu Asp Thr Glu Pro Met Thr
100 105 110
Asn Met Lys Leu Leu Ser Tyr Lys Leu Asp Arg Glu Gly Leu Tyr Ser
115 120 125
Leu Ser Lys Phe Ile
130

<210> 1118
<211> 78
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1118

Met Glu Phe Ile Asp Lys Asn Asn Val Ile Lys Ala Tyr Asp Ile Pro
1 5 10 15
Asn Val Tyr Leu Lys Gly Tyr Val Leu Gln Ala Cys Asp Lys Asn Gly
20 25 30

Asp Thr Thr Ala Tyr Asp Gly Tyr Asp Gln Ile His Tyr Lys Glu Gly
35 40 45
Arg Val Leu Thr Phe Pro Phe Asp Lys Pro Leu Arg Lys Ile Asn Val
50 55 60
Leu Ser Gly Tyr Tyr Lys Leu Phe Lys Lys Glu Asp Ile Ile
65 70 75

<210> 1119
<211> 175
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1119

Met Ile Tyr Phe Val Ser Asp Leu His Phe Gly His Asp Asn Ile Arg
1 5 10 15
Glu Phe Glu Ala Pro Thr Arg Ser His Trp Asn Ser Val Glu Glu Met
20 25 30
Asn Glu Gly Leu Ile Glu Leu Trp Asn Asn Thr Ile Thr Asn Asn Asp
35 40 45
Ile Val Tyr Asn Ile Gly Asp Phe Phe Phe Asn Met Lys Pro Ser Lys
50 55 60
Val Glu Asp Ile Leu Asn Arg Leu Asn Tyr Lys Glu Met Ile Leu Ile
65 70 75 80
Ala Gly Asn His Asp His Lys Lys Leu Ile Lys Leu Tyr Glu Arg Asn
85 90 95
Gly Ile Thr Val Lys Tyr Ala Asp Met Ile Lys Lys Asp Gly Lys Arg
100 105 110
Phe Tyr Leu Ser His Tyr Pro Thr Leu Ile Gly Arg Lys Asn Met Phe
115 120 125
Asn Ile His Gly His Ile His Ser Gln Leu Met Gly Thr Glu Tyr His
130 135 140
Ile Asn Val Gly Tyr Asp Val Glu Gly Lys Ile Ala Tyr Ser Phe Asp
145 150 155 160
Asp Ile Ile Ser Arg Ala Gly Glu Tyr Asn Gly Glu Ile Gln Arg
165 170 175

<210> 1120
<211> 106
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1120

Met Glu Lys Phe Lys Gly Lys Asp Leu Tyr Lys Thr Arg Ile Arg Lys
1 5 10 15
Gln Thr Ile Lys Asn Leu Val Ile Lys Thr Glu Lys Leu His Asn Lys
20 25 30
His Gly Lys Tyr Arg Pro Ile Gly His Val Tyr Tyr Tyr Pro Lys Thr
35 40 45

Lys Glu Phe Thr Leu Ser Lys Pro Glu Gln Lys Ile Phe Ile Glu Tyr
50 55 60
Met Lys Glu Leu Gly Phe Asn Val Lys His Arg Arg Arg Lys Lys Thr
65 70 75 80
Leu Ile Ile Tyr Lys Asn Ala Phe Thr Glu Tyr Ile Ser Met Tyr His
85 90 95
Glu Ala Ile Glu Gln Ile Glu Gly Gly Thr
100 105

<210> 1121
<211> 76
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1121
Met Glu Tyr Leu Phe Leu Phe Ile Gly Ile Gly Met Ile Ile Trp Gly
1 5 10 15
Phe Ile Ala Pro Tyr Leu Ala Phe Val Val Tyr Tyr Lys His Val Arg
20 25 30
Glu Asn His Asn Gly Phe Ser Asp Glu Glu Ser Leu Glu Glu Ala Thr
35 40 45
Val Leu Gly Met Gly Phe Met Phe Ile Ala Phe Ile Pro Ile Gly Ile
50 55 60
Leu Val Val Ile Glu Glu Ile Lys Ile Leu Phe Phe
65 70 75

<210> 1122
<211> 68
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1122
Met Lys His Phe Ile Leu Ile Leu Gly Ile Val Ile Leu Val Ile Ala
1 5 10 15
Leu Gly Ile Val Ile Leu Val Ile Ala Leu Gly Ile Val Leu Pro Ala
20 25 30
Trp Ile Leu Gln Leu Val Leu Ser Ala Phe Gly Val Lys Val Ser Ile
35 40 45
Trp Val Cys Ile Gly Ile Phe Ile Leu Ile Ser Ala Ile Gly Ser Met
50 55 60
Phe Ser Arg Asn
65

<210> 1123
<211> 87
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10

<400> 1123
Met Ala Lys Tyr Glu Ser Asn Ile Asn Gly Glu Asn Tyr Ile Ala Thr
1 5 10 15
Pro Ser Gln Ala Leu Arg Glu Ala Leu Ala Lys Leu Ile Thr Glu Glu
20 25 30
Lys Ser Phe Ala Glu Tyr Gln Thr Lys Gly Gly Glu Gln Tyr Glu Ser
35 40 45
Gln Leu Gln Leu Arg His Phe Asp Ala Met Ile Ser Gln Tyr Glu Glu
50 55 60
Ala Ile Arg Val Leu Glu Asp Lys Tyr Arg Pro Gln Ile Phe Ile Pro
65 70 75 80
Lys Asp Asn Lys Glu Glu Asn
85
<210> 1124
<211> 105
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1124
Met Lys Ala Glu Ser Ile Ala Arg Phe Phe Asn Asp Lys Val Leu Gln
1 5 10 15
Ile Glu Gly Tyr Lys Val Arg Phe Pro Gln Ala Ser Ser Ser Tyr Ile
20 25 30
Leu Asp Ile Asp Thr Val Asp Glu Ser Val Leu Phe Leu Asp Ala Gln
35 40 45
Val Ser Thr Leu Ser Gly Lys His Leu Leu Asp Thr Ala Ile Thr Ile
50 55 60
Glu Arg Pro Glu Thr Leu Ser Ala Lys Glu Leu Tyr Thr Glu Ile Ser
65 70 75 80
Asn Lys Leu Gln Ala Ile Val Gly Asp Gln Thr Lys Thr Thr Ile Glu
85 90 95
Leu Ser Arg Tyr Phe Lys Glu Glu Lys
100 105
<210> 1125
<211> 226
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1125
Val Ser Asn Lys Thr Ile Thr Asn His Leu Leu Asn Leu Lys Gly Ile
1 5 10 15
Asn Ile Glu Thr Tyr Ser Ile Ile Ala Arg Ile Lys Lys Gln Thr Ser
20 25 30
Trp Gly Asp Lys Gly Asp Ser Phe Glu Ile Ser Ile Ser Tyr Lys Ala
35 40 45
Asp Lys Asp Pro Arg Thr Val Arg Tyr Ile Thr Thr Glu Ile Thr Ile

50 55 60

Asp Tyr Ser Ser Asn Asn Pro Lys Glu Ile Leu Leu Gln Leu Lys Asp
65 70 75 80
Lys Ile Phe Ser Ile Val Glu Glu Gln Val Glu Thr Asp Asn Asp Phe
85 90 95
Ile Glu Ser Ile Lys Glu Ile Asn Ser Thr Lys Ala Leu Glu Lys Leu
100 105 110
Lys Pro Tyr Ile Asn Asn Glu Tyr Tyr Ser Met Phe Lys Ser Ser Ile
115 120 125
Glu Lys Glu Ile Pro Val Ala Leu Ser Ser Glu Val Leu Asn Arg Cys
130 135 140
Thr Gly Lys Thr Ser Thr Leu Ala Tyr Leu Ala Leu Glu Lys Asp Leu
145 150 155 160
Pro Leu Val Val Ser Asn Glu Pro Met Arg Lys Met Leu Lys Asn Lys
165 170 175
Phe Pro His Leu Arg Val Ser Ser Ala Glu Asp Tyr Ser Asn Tyr Asp
180 185 190
Ile Lys Gly Glu Ile Val Leu Ile Asp Glu Val Asp Ile Asp Gln Leu
195 200 205
Tyr Ser Ala Asp Lys Val Ser Val Asp Ala Leu Leu Val Gly Ile Ile
210 215 220
Lys Asn
225

<210> 1126
<211> 52
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1126

Met Ile Pro Ile Ile Val Ile Leu Ile Gly Leu Ile Leu Phe Leu Ser
1 5 10 15
Ser Gly Tyr Lys Leu Val Leu Gly Lys Tyr Tyr Asp Asp Val Asp Leu
20 25 30
Lys Ile Leu Phe Thr Ile Phe Gly Val Gly Ile Ala Leu Leu Leu Gly
35 40 45
Gly Phe Ile Leu
50

<210> 1127
<211> 74
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1127

Met Asn Tyr Glu Glu Val Leu Arg Thr Ile Lys Glu Asn Lys Pro Cys
1 5 10 15
Lys Val Arg Phe Thr Gly Asn Ile Leu Ala Ile Val Asn Glu Glu Phe

20 25 30
Asn Ala Asp Thr Asp Lys Gly Val Leu Gln Leu Asp Val Ser Asn Ile
35 40 45
Asn Lys Glu Gly Tyr Ile Arg Leu Gln Gln Tyr Cys Leu Glu Arg Asp
50 55 60
Asp Tyr Thr Val Val Gly Ala Ile Leu Phe
65 70
<210> 1128
<211> 66
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1128
Met Asn Tyr Arg Asp Phe Ile Thr Asp Cys Ile Ser Gly Gly Tyr Asn
1 5 10 15
Val His Ile Ser Val Thr Glu Lys Arg Val His Ile Ile Ser Glu Met
20 25 30
Thr Ser Ala Ser Tyr Pro Lys Lys Glu Ile Asn Leu Asp Glu Leu Gln
35 40 45
Ala Tyr Val Tyr Tyr Met Asn Asn Phe Gly Ser Gln Ile Thr Thr Glu
50 55 60
Gly Leu
65
<210> 1129
<211> 96
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1129
Met Glu Leu Val Ile Asn Ile Val Ala Val Leu Val Gly Met Tyr Ala
1 5 10 15
Ile Tyr Phe Tyr Val Thr Lys Phe Ser Thr Gly Leu Ser Gly Ile Leu
20 25 30
Ile Val Leu Gly Met Ala Ile Gly Leu Tyr Phe Tyr Leu Asp Tyr Leu
35 40 45
Asn Val Arg Glu Asn Val Ile Arg Leu Val Ser Val Met Phe Gly Ala
50 55 60
Phe Leu Phe Ser Ile Glu Met Ile Tyr Asn Lys Ile Met Phe Glu Ile
65 70 75 80
Lys Lys Ser Asn Val Gln Lys Thr Val Arg Val Tyr Asp Lys Glu Gln
85 90 95
<210> 1130
<211> 102
<212> PRT
<213> Unknown
<220>

<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1130
Met Tyr Pro Glu Ile Asp Val Glu Lys Leu Ala Tyr Lys Leu Lys Ser
1 5 10 15
Thr Arg Glu Tyr Leu Glu Ser Ile Lys Ile Lys Glu Val Glu Ile Tyr
20 25 30
Glu Ile Tyr His Leu Lys Thr Gly Lys Leu Val Phe Lys Gly Glu Tyr
35 40 45
Ile Glu Val Lys Glu Leu Leu Arg Lys Met Tyr Lys Glu Asn Leu Thr
50 55 60
Leu Val Asp Val Asp Thr Met Leu Ser Ile Gly Lys Gly Phe Ile Asp
65 70 75 80
Val Ile Lys Asn Ile Ser Ala Glu Asn Val Phe Gln Ile Thr Tyr Lys
85 90 95
Lys Glu Leu Ser Thr Lys
100
<210> 1131
<211> 302
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1131
Met Ile Lys Ile Phe Ser Glu Val Asp Lys Glu Tyr Lys Pro Ile Ile
1 5 10 15
Thr Glu Lys Phe Pro Asn Gly Glu Ile Asn Phe Lys Tyr Asp Asp Leu
20 25 30
Lys Tyr Leu Val Glu Glu Asn Leu Arg Phe Asp Val Phe Phe Lys Trp
35 40 45
Glu Asn Asp Ala Asp Leu Met His Leu Tyr Met Phe Thr Lys Tyr Leu
50 55 60
Glu Gln Leu Gly Ile Lys Asp Lys Ala Glu Phe Leu Glu Ile Ala Tyr
65 70 75 80
Leu Pro Tyr Ser Arg Met Asp Arg Val Glu Glu Gly His Asn Asn Met
85 90 95
Phe Ser Leu Lys Tyr Ile Thr Glu Phe Ile Asn Asn Leu Asn Tyr Lys
100 105 110
Ser Val Trp Val Val Glu Pro His Ser Pro Val Thr Glu Glu Leu Leu
115 120 125
Thr Asn Ser Val Ala Ile Asp Val Thr Leu Lys Leu Leu Asn Gln Tyr
130 135 140
Ile Glu Met Ser Glu Glu Pro Val Thr Ile Val Leu Pro Asp Lys Gly
145 150 155 160
Ala Tyr Asp Arg Tyr Leu Phe Asp Val Glu Arg Ile Leu Met Glu Ser
165 170 175
Asn Ile Glu Ser Tyr Ser Ile Val Tyr Gly Glu Lys Lys Arg Asp Phe
180 185 190
Glu Thr Gly Lys Ile Lys Gly Ile Lys Ile Ile Lys Asp Lys Asn Thr

195 200 205

Leu Tyr Asp Asn Cys Ile Ile Leu Asp Asp Leu Thr Ser Tyr Gly Gly
210 215 220

Thr Phe Val Gly Cys Lys Lys Ala Leu Asp Lys Leu Lys Val Ser Ser
225 230 235 240

Val Ser Leu Ile Leu Thr His Ala Glu Arg Ala Phe Ala Glu Gly Ala
245 250 255

Leu Leu Ser Ser Gly Phe Lys Asp Ile Ile Val Thr Asp Ser Met Phe
260 265 270

Pro Lys Asn Asn Trp Glu Lys Ala Ile Ala Lys His Arg Ala Arg Ile
275 280 285

Asn Gly Thr Glu Leu Gln Ile Lys Asp Ile Glu Arg Tyr Leu
290 295 300

<210> 1132

<211> 489

<212> PRT

<213> Unknown

<220>

<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10

<400> 1132

Met Leu Asn Pro Thr Leu Met Cys Asp Phe Tyr Lys Leu Ser His Arg
1 5 10 15

Glu Gln Tyr Pro Glu Gly Thr Glu Ile Val Tyr Ser Thr Leu Val Pro
20 25 30

Arg Ser Asn Lys Tyr Tyr Glu His Ser Asp Asn Ile Val Val Phe Gly
35 40 45

Ile Gln Ser Leu Val Lys Lys Tyr Phe Ile Asp Met Phe Asn Lys Glu
50 55 60

Phe Phe Asn Arg Pro Lys Glu Glu Val Ile Asn Glu Tyr Lys Arg Thr
65 70 75 80

Val Lys Phe Thr Leu Gly Gln Glu Asn Pro Asp Ala Lys His Leu Glu
85 90 95

Gln Leu His Asp Leu Gly Tyr Leu Pro Ile Asp Val Arg Ala Leu Lys
100 105 110

Glu Gly Thr Val Val His Pro Asn Thr Pro Val Met Thr Ile Glu Asn
115 120 125

Thr His Ser Asp Phe Phe Trp Leu Thr Asn Tyr Leu Glu Thr Ile Ile
130 135 140

Ser Thr Gln Thr Trp Gln Ala Met Thr Ser Ala Thr Leu Ala Tyr Asp
145 150 155 160

Met Arg Lys Met Leu Asp Lys Tyr Ala Met Glu Thr Val Gly Asn Ile
165 170 175

Glu Ala Val Asp Phe Gln Gly His Asp Phe Ser Met Arg Gly Met Ser
180 185 190

Ser Leu Glu Thr Ala Gln Leu Ser Ser Ala Gly His Ala Ile Ser Phe
195 200 205

Lys Gly Ser Asp Thr Val Pro Val Val Asp Phe Leu Glu Ser Tyr Tyr
210 215 220

Asn Ala Asp Val Glu Lys Glu Met Val Val Ala Ser Ile Pro Ala Thr
225 230 235 240
Glu His Ser Val Met Cys Ala Asn Gly Asn Tyr Glu Thr Met Asp Glu
245 250 255
Tyr Glu Thr Tyr Lys Arg Met Leu Thr Glu Ile Tyr Pro Thr Gly Ile
260 265 270
Phe Ser Ile Val Ser Asp Thr Trp Asp Phe Trp Gly Asn Met Thr Lys
275 280 285
Thr Leu Pro Arg Leu Lys Asp Ile Ile Met Glu Arg Asp Gly Lys Val
290 295 300
Val Ile Arg Pro Asp Ser Gly Asp Pro Val Lys Ile Ile Cys Gly Asp
305 310 315 320
Pro Asp Ala Asp Thr Glu Tyr Glu Arg Lys Gly Ala Val Glu Val Leu
325 330 335
Trp Asp Thr Phe Gly Gly Thr Glu Thr Glu Lys Gly Tyr Lys Val Leu
340 345 350
Asp Glu His Val Gly Leu Ile Tyr Gly Asp Ser Ile Asn Tyr Glu Arg
355 360 365
Ala Gln Gln Ile Cys Glu Gly Leu Lys Glu Lys Gly Phe Ala Ser Ile
370 375 380
Asn Val Val Leu Gly Val Gly Ser Phe Ser Tyr Gln Phe Asn Thr Arg
385 390 395 400
Asp Thr His Gly Phe Ala Ile Lys Ala Thr Tyr Ala Lys Ile Lys Asn
405 410 415
Glu Glu Lys Leu Ile Tyr Lys Asn Pro Lys Thr Asp Ser Gly Lys Arg
420 425 430
Ser His Lys Gly Arg Val Ala Val Tyr Lys Asp Gly Ser Trp Glu Asp
435 440 445
Asn Leu Thr Leu His Gln Trp Leu Asn Lys Gln Asn Val Asn Gln Leu
450 455 460
Glu Arg Val Phe Glu Asp Gly Lys Leu Tyr Arg Asp Gln Ser Leu Ser
465 470 475 480
Glu Ile Arg Glu Ile Ile Lys Asn Asn
485

<210> 1133
<211> 81
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1133
Met Ile Tyr Lys Ile Ser Lys His Asn Tyr Tyr Ser Arg Phe Glu Tyr
1 5 10 15
Ser Ser Tyr Leu Pro Asp Glu Gly Phe Ala Tyr Ile Asp Tyr Val Asp
20 25 30
Val Ile Leu Ile Gly Val Asp Asn Pro Arg Lys Arg Lys Val Ile Thr
35 40 45
Leu Lys Ala Asp Glu Phe Asn Pro Ser Asp Phe Lys Val Gly His Lys

50 55 60
Tyr Asn Ile Ile Lys Ile Leu Trp Phe Glu Lys Trp Glu Trp Leu Gln
65 70 75 80
Pro
<210> 1134
<211> 130
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1134
Met Ile Ile Asp Lys Leu Asn Gly Val Lys Leu Glu Ile Gly Gly His
1 5 10 15
Val Val Ser Phe Ser Val Ser Lys Phe Lys Thr Ile Asn Gly Glu Arg
20 25 30
Gln Leu Leu Asp Tyr His His Ile Lys Arg Arg Lys Gln Lys Tyr Phe
35 40 45
Arg Thr Thr Glu Glu Phe Tyr Asn Glu Tyr Lys Glu Ile Lys Pro Asp
50 55 60
Lys Asn Glu Ile Asp Glu Met Phe Glu Ser Leu Gly Tyr Val Asp Thr
65 70 75 80
Lys Leu Glu Asp Val Val Arg Asn Gln Glu Lys Val Thr Glu Ile Leu
85 90 95
Gly Val Ser Glu Gln Tyr Leu Asn Gln Leu Ser Tyr Lys Ala Ile Glu
100 105 110
Glu Tyr Val Asp Lys Ile Val Thr Leu Glu Ile Lys Glu Leu Lys Gly
115 120 125
Glu Lys
130
<210> 1135
<211> 65
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1135
Met Ser Asn Ser Trp Glu Lys Glu Gly Val Asn Tyr Trp Glu Asn Glu
1 5 10 15
Asp Cys Pro Arg Glu Tyr Leu Glu Lys Ala Phe Ile Glu Leu Val Glu
20 25 30
Tyr Val Glu Gly Val Thr Val Pro Ser Arg Asp Val Gln Gln Leu Arg
35 40 45
Glu Asp Lys Leu Arg Glu Asp Ile Gly Phe Tyr Glu Tyr Val Ala Asp
50 55 60
Lys
65
<210> 1136
<211> 98

<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1136

```
Met Met Asn Gly Lys Gln Ile Tyr Val Phe Leu Ser Asp Gln Tyr Ser
1               5                  10                  15
Lys Asp Ile Leu Ser Leu Gln Leu Gly Leu Ile Lys Glu Trp Ser Arg
            20                  25                  30
Arg Glu Leu Thr Tyr Ser Asp Asp Val Gly Ser Asp Ala Asp Val Val
        35                  40                  45
Ile Cys Thr Asp Ile Val Arg Asp Asp Phe Val Lys Lys Leu Ser Lys
    50                  55                  60
Asn Asn Ser Asn Ala Leu Phe Val Phe Ile Ser Ser Phe Tyr Trp Ile
65                  70                  75                  80
Gly Tyr Lys Gly Gly Glu Phe Phe Val Ala Val Gln Asp Tyr Val Lys
                85                  90                  95
Gly Met
```

<210> 1137
<211> 103
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1137

```
Met Lys Lys Leu Leu Ile Leu Phe Thr Leu Ala Ser Thr Leu Leu Leu
1               5                  10                  15
Ala Gly Cys Thr Pro Asp Asn His Glu Gly Lys Val Leu Gly Thr Gly
            20                  25                  30
Glu Tyr Arg Glu Pro Thr Thr Tyr Ile Lys Ser Gly Ser Val Thr Val
        35                  40                  45
Pro Val Ile Gly Glu Met Lys Tyr Tyr Val Asp Leu Glu Thr Asp Lys
    50                  55                  60
Gly Glu Asp Arg Val Tyr Leu Asn Arg Glu Val Tyr His Lys Phe Asp
65                  70                  75                  80
Lys Gly Asp Asp Phe Ser Asn Val Gly Lys Lys Val Tyr Lys Asn Asp
                85                  90                  95
Glu Leu Ile Tyr Lys Gly Asp
            100
```

<210> 1138
<211> 99
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1138

```
Met Lys Gln Phe Ile His Asp Lys Lys Asp Ser Tyr Asn Ser Thr Asn
1               5                  10                  15
```

Arg Asn Phe Asp Ile Gln Tyr Tyr Lys Gly Ile Pro Leu Gln Gln Ile
20 25 30
Asp Arg Gly Tyr Gly Gln Ala Arg Ala Arg Arg Phe Thr Ile Asn Asn
35 40 45
Thr Asn Gln Asn Ile Trp Ile Pro Met Thr Tyr Leu Lys Pro Asn Gly
50 55 60
Thr Leu Lys Asn Asn Ile Asp Ile Asp Trp Ile Leu Val Lys Glu Lys
65 70 75 80
Cys Ser Leu Lys Lys Ala Gly Leu Val Ile Lys Ile Lys Ile Thr Gly
85 90 95
Asp Val Leu

<210> 1139
<211> 79
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1139
Met Tyr Ile Leu Glu Arg Thr Ile Arg Gly Phe Ala Gly Gln Thr Glu
1 5 10 15
Asp Ile Leu Pro Tyr Tyr Phe Lys Ser Lys Lys Glu Ile Val Asn Phe
20 25 30
Leu Lys Leu Met Glu Phe Leu Lys Glu Glu Thr Asn Tyr Trp Val Lys
35 40 45
Lys Asn Gly Asn Tyr Thr Ile Ile Ile Arg Ala Lys Arg Ile Leu Tyr
50 55 60
Ile Glu Glu His Ile Gln Lys Leu Lys Glu Trp Glu Asn Asp Leu
65 70 75

<210> 1140
<211> 51
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1140
Met Thr Tyr Asp Val Tyr Val Leu Tyr Lys Arg Gly Glu Pro Ile Ala
1 5 10 15
Gln Gly Ser Met Glu His Cys Leu Asp Val Tyr Tyr Trp Glu Arg Val
20 25 30
His Gly Tyr Ser Asn Lys Gly Tyr Glu Leu Leu Pro Met Gly Tyr Glu
35 40 45
Gln Glu Glu
50

<210> 1141
<211> 64
<212> PRT
<213> Unknown
<220>

<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1141

Met	Ile	Asn	Ile	Glu	His	Asp	Tyr	Thr	Ile	Arg	Thr	Val	Asp	Asn	Arg
1				5				10						15	
Lys	Tyr	Thr	Tyr	Tyr	Ser	Lys	His	Glu	Ser	Pro	Val	Thr	Leu	Tyr	Lys
			20					25					30		
Asn	Ile	Ile	Gly	Lys	Asp	Cys	Ile	Glu	Val	Thr	Lys	Tyr	Gly	Lys	Asp
		35					40					45			
Lys	Lys	Val	Ile	Ile	Ala	Thr	Lys	Tyr	Ile	Val	Ser	Ile	Glu	Arg	Trp
	50					55					60				

<210> 1142
<211> 117
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1142

Met	Asn	Ala	Arg	Lys	Ala	Arg	Lys	Asn	Thr	Lys	Asn	Tyr	Lys	Asp	Ser
1				5				10						15	
Asn	Val	Val	Thr	Lys	Glu	Gln	His	Leu	Thr	Tyr	Ile	Tyr	Asn	Lys	Leu
			20					25					30		
Asn	Tyr	Leu	Ile	Ala	Asn	Asn	Ser	Ser	Gln	Gly	Lys	Thr	Tyr	Val	Val
		35					40					45			
Met	Asn	Leu	Arg	Thr	Asp	Tyr	Pro	Asp	Glu	Phe	Ser	Leu	Ser	Lys	Leu
	50					55					60				
Lys	Tyr	Leu	Lys	Glu	Ile	Lys	Gln	His	Tyr	Lys	Asp	Leu	Val	Phe	Asn
65				70					75						80
Val	Lys	Thr	Gln	Val	Arg	Lys	Ala	Gln	Trp	Ser	Glu	Lys	Ser	Ile	Ile
				85					90					95	
Arg	Tyr	Tyr	Phe	Asn	Leu	Gly	Tyr	Ile	Asp	Ser	Val	Leu	Val	Pro	Ile
			100					105					110		
Ile	His	Ile	Ser	Trp											
		115													

<210> 1143
<211> 62
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1143

Met	Phe	Phe	Lys	Lys	Lys	Lys	Leu	Ser	Asn	Val	Glu	Lys	Gln	Ile	Arg
1				5				10						15	
Gln	Asn	Arg	Asn	Lys	Glu	Asp	Lys	Glu	Arg	Lys	Glu	His	Gln	Asp	Lys
			20					25					30		
Leu	Asp	Thr	Asp	Met	Tyr	Lys	Thr	Tyr	Glu	Leu	Asp	Lys	Ile	Val	Glu
		35					40					45			
Glu	His	Leu	Arg	Lys	Leu	Asn	Thr	Ile	Ser	Leu	Glu	Glu	Leu		
	50					55					60				

<210> 1144
<211> 62
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1144
Val Cys Leu Gly Thr Arg Leu Val Tyr Tyr Tyr Ser Ile Gly Lys Asp
1 5 10 15
Trp Asn Lys Gln Val Tyr Ser Leu Asn Glu Leu Glu Tyr Met Lys Lys
20 25 30
Lys Phe Lys Lys Leu Gly Phe Glu Thr Gln Ile Thr Asn Glu Asp Ile
35 40 45
Gly Phe Gln Pro Tyr Ile Tyr Leu Arg Leu Leu Trp Asp Ala
50 55 60
<210> 1145
<211> 53
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1145
Met Asn Leu Thr Phe Glu Asp Lys Leu Glu Asp Leu Leu Lys Lys Val
1 5 10 15
Arg Ser Gly Glu Ile Glu Pro Ile Glu Tyr Ser Gln Val Asn Asp Glu
20 25 30
His Pro Asn Gly Lys Thr Thr Cys Gly Val Thr Phe Lys Phe Asp Ile
35 40 45
Asp Thr Pro Thr Lys
50
<210> 1146
<211> 101
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1146
Met Ile Ile Leu Phe Thr Gln Asp Tyr Asp Lys Thr Leu Met Lys Val
1 5 10 15
Ile Leu Gly Asp Ile Asn Thr Met Arg Pro Asn Trp Lys Tyr Ser Val
20 25 30
Asn His Pro Glu Lys Glu Glu Asp Val His Ile Gln Ala Tyr Glu Gly
35 40 45
Glu Asp Ile Phe Asp Asp Ile Glu Glu Leu Ser Asp Ser Thr Gln Asp
50 55 60
Ile Val Ile Gly Val Thr Glu Asp Asp Cys Ile Ser Glu Ser Pro Tyr
65 70 75 80
Asp Phe Asn Gly Gly Leu Arg Leu Val Thr Lys His Ile Lys Glu His

85 90 95
Ile Glu Lys Phe Leu
100
<210> 1147
<211> 99
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1147
Met Ile Asp Ile Tyr Leu Gly Glu Gly Tyr Asn Lys Glu Tyr Leu Ser
1 5 10 15
Lys Ala Leu Arg Leu Ile Asn Asp His Ala Pro Arg Glu Leu Ser Tyr
20 25 30
Asp Phe Asn Asn Val Glu Ala Asp Val Asn Ile His Thr Met Leu Tyr
35 40 45
Val Lys Pro Glu Asp Arg Tyr Val Tyr Lys Asp Ile Ser Tyr Asp Phe
50 55 60
Pro Gly Asp Leu Ile Ile Cys Ile Val Glu Asp Asp Ala Ile Val Tyr
65 70 75 80
His Gln Gly Lys Gln Val Ser Gly Ile Ser Ile Leu Arg Ile Ile Glu
85 90 95
Glu Leu Ile
<210> 1148
<211> 97
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1148
Met Ile Glu Ile Tyr Leu Ser Glu Asn Tyr Asp Lys Asp Leu Leu Lys
1 5 10 15
Ala Glu Leu Lys Trp Ile Lys Glu Thr Ala Ser Arg Glu Leu Thr Tyr
20 25 30
Asp Val Asn Arg Asn Pro Asn Leu Asp Val His Val Ser Pro Phe Arg
35 40 45
Tyr Thr Lys Asp Glu Val Lys Glu Ile Ser Leu His Pro Gln Phe Glu
50 55 60
Asp Asp Val Cys Val Phe Ile Ala Glu Thr Trp Ile His Glu Tyr His
65 70 75 80
Arg Gly Lys Ser Ile Gly Val Asp Ser Met Glu Glu Tyr Val Lys Glu
85 90 95
Met
<210> 1149
<211> 85
<212> PRT
<213> Unknown
<220>

<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1149
Met Phe Lys Val Tyr Tyr Thr Val Tyr His Lys Gly Ser Met Lys Thr
1 5 10 15
Ile Lys Asp Lys Leu Asp Arg Ser Ser Leu Ile Tyr Phe Leu Tyr Asp
20 25 30
Thr Trp Tyr Lys Asp Ile Ser Asn Val Phe Pro Asn His Tyr Asn Lys
35 40 45
Glu Phe Gly Ser Asn Ser Asp Asp Ile Asp Ile Asp Lys Leu Ile Glu
50 55 60
Ala Val Asn Glu Glu Gly Ile Leu Leu Ile Asn Arg Gly Asn Tyr Val
65 70 75 80
Thr Ile Arg Glu Trp
85
<210> 1150
<211> 79
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1150
Met Val Thr Leu Thr Tyr Thr Ile Ile His Lys Glu Ser Asp Arg Val
1 5 10 15
Ile Ala Ser Gly Leu Asp Glu Leu Glu Val Ile Asn Leu Val Gln Arg
20 25 30
Met Val Asn Thr Asn Leu Val Thr Asp Ile Ser Leu Asp Asp Tyr Ile
35 40 45
Arg Arg Pro Ser Gly Asp Ile Asp Val Leu Asn Leu Leu Val Asp Ile
50 55 60
Arg Arg Gln Gly Val Phe Asp Phe Asn His Thr Trp His Val Gly
65 70 75
<210> 1151
<211> 115
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1151
Met Ile Val Ile Tyr Thr Asp Val Ser Lys Asp Tyr Leu Lys Asp Glu
1 5 10 15
Phe Leu Pro Trp Leu Asn Glu Arg Asp Arg Tyr Leu Glu Asp Tyr Lys
20 25 30
Asp Glu Leu Pro Glu Asp Ile Asp Ser Ser Tyr Ile Val Ser Val Val
35 40 45
Tyr Cys Lys Asp Met Glu Gly Leu Leu Glu Arg Lys Asp Ile Val Ile
50 55 60
Gly Asn Ser Tyr Asn Glu Pro Val Ala Leu Leu Gly Val Pro Glu Phe
65 70 75 80

Phe Gly Asn Tyr Ser Asn Tyr Phe Tyr Tyr Arg Gly Glu Ser Ile Ser
85 90 95
Lys His Asp Leu Gly Glu Ile Val Arg Leu Lys Ala Trp Gln Arg Met
100 105 110
Gly Gly Asp
115

<210> 1152
<211> 230
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1152

Met Lys His Asn Ile Asn Asn Ile Glu Met Phe Ser Lys Tyr Tyr Ile
1 5 10 15
Lys Glu Asn Lys Val Tyr Ser Lys Lys Thr Asn Lys Glu Leu Lys Lys
20 25 30
Asp Lys Asn Asn Phe Tyr Arg Met Thr Asp Asp Ile Asn Lys Ala Arg
35 40 45
Lys Val Lys Ile Asp Thr Leu Leu Gln Tyr Asn Leu Lys Asp Tyr Asn
50 55 60
Ser Ile Asn Asn Leu Pro Asn Glu Lys Trp Lys Arg Ile Glu Asn Asn
65 70 75 80
Ile Asn Asn Ile Phe Asn Tyr Ser Val Ser Asn Tyr Gly Arg Ile Lys
85 90 95
Arg His Gly Asn Tyr Tyr Met Ile Glu Lys Leu Val Lys Pro His Asn
100 105 110
His Lys Gln Gly Tyr Lys Ile Val Lys Ile Asn Tyr Lys His His Ser
115 120 125
Ile His Arg Leu Val Tyr Glu Tyr Phe Gly Asn Asp Phe Asn Gln Asp
130 135 140
Tyr His Ile His His Ile Asp Gly Asn Lys Gln Asn Asn His Ile Asn
145 150 155 160
Asn Leu Gln Cys Ile Ser Pro Thr Glu His Asn Asn Leu His His Lys
165 170 175
Asp Glu Thr Ile Asn Asn Phe Lys Arg Gly Lys Ser Leu Thr Asp Asn
180 185 190
Glu Arg Lys Asn Ile Tyr Lys Leu Tyr Thr Glu Lys Gly Phe Thr Gln
195 200 205
Glu Glu Leu Ser Asn Met Tyr Asn Val Ser Arg Ile Thr Ile Asn Arg
210 215 220
Asn Ile Lys Arg Phe Lys
225 230

<210> 1153
<211> 102
<212> PRT
<213> Unknown
<220>

<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1153

```
Met Glu Ile Lys Glu Ile Ala Asp Thr Ile Met Tyr Leu Phe Asn Met
1               5                  10                  15
Asp Gly Tyr Arg Cys Ala Glu Pro Pro Leu Tyr Glu Ser Thr Leu Asn
            20                  25                  30
His Thr Arg Thr His Thr Ala Leu Ile Val Ser Ile Lys Gly Asn Tyr
        35                  40                  45
Asp Thr Val Gln Met Phe Arg Lys Thr Pro Ile Met Ser Met Arg Gly
    50                  55                  60
Gln Ser Gln Pro Ala Ser Met Leu Val Asn Val Ile Asp Asp Val Ile
65                  70                  75                  80
Ile Ile Val Tyr Glu Asn Val Val Tyr Gly Val Gln Asn Lys Glu Ile
                85                  90                  95
Lys Phe Ile Glu Glu Ile
            100
```

<210> 1154
<211> 95
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1154

```
Met Thr Asn Lys Asn Tyr Leu Tyr Glu Glu Thr His Thr Val Gln Gly
1               5                  10                  15
Gln Asp Ile Thr Ala Phe Arg Ile Pro Asn Asp Thr Asn Gly Asn Pro
            20                  25                  30
Arg Tyr Val Val His Phe Met Asp Leu Asn Ile Lys Leu Ala Asp Tyr
        35                  40                  45
Asp Asn Ile Asn Lys Leu Tyr Gly Phe Asn Lys Tyr Arg Ala Lys Trp
    50                  55                  60
Phe Gly Gly Gly Val Val Phe Gln Ser Tyr Asn Ile Glu Asp Thr Leu
65                  70                  75                  80
Asn Phe Ala Leu Asp Lys Val Lys Glu Ile Glu Ala Val Lys Asn
                85                  90                  95
```

<210> 1155
<211> 90
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1155

```
Met Ile Leu Glu Ile Glu Thr Lys Pro Val Lys Thr Leu Lys Ala Ile
1               5                  10                  15
Lys Asp Asp Thr Lys Asn Ile Lys Asn Ser Ile Ala Glu His Leu Gly
            20                  25                  30
Leu Asn Arg Glu Gln Phe Lys Leu Ser Asn Gly Leu Ile Thr Leu Lys
        35                  40                  45
```

Gly Tyr Ser Glu Glu Phe Lys Cys Trp Tyr Asn Leu Thr Ser Thr Ile
50 55 60
Gly Asn Phe Pro Lys Tyr Leu Lys Ser Glu Leu Tyr Asn Glu Tyr Lys
65 70 75 80
Leu Tyr Cys Asn Val Glu Leu Lys Thr Lys
85 90

<210> 1156
<211> 52
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1156
Met Leu Lys Phe Lys Trp Lys Asn Lys Thr Ile Lys Ser Thr Gln Lys
1 5 10 15
Thr Asp Asn Ile Leu Leu Leu Ile Ile Gly Gly Leu Val Ala Thr Ile
20 25 30
Thr Pro Lys Leu Val Asn Trp Phe Leu Leu Leu Gln Asp Asn Ile Asn
35 40 45
Ile Phe Leu Arg
50

<210> 1157
<211> 126
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1157
Met Phe Lys Leu Gln Asn Lys Val Glu Ile Ile Val Pro Lys Glu Asp
1 5 10 15
Asn Asn Gly Val Glu Ile Ala Asp Lys Arg Ile Lys Glu Tyr Val Asn
20 25 30
Ser Ile Thr Met Glu Ala Gly Gly Cys Thr Ile Thr Glu Ile Lys Gly
35 40 45
Gln Trp Tyr Ser Glu Asp Glu Lys Arg Ile Met Glu Asp Asn Asn Leu
50 55 60
Asn Leu Glu Trp Tyr Tyr Ile Pro Asp Arg Ala Lys Phe Met Thr Val
65 70 75 80
Glu Leu Lys Gly Ile Val Arg Arg Leu Ile Glu Val Tyr Gly Gln Glu
85 90 95
Ala Ile Ser Ile Lys Val Asn Gly Thr Leu Tyr Ile Val Asp Gln Ser
100 105 110
Asp Ile Glu Glu Leu His Thr Thr Leu Leu Asn Ile Met Lys
115 120 125

<210> 1158
<211> 73
<212> PRT
<213> Unknown

<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1158
Met Asn Arg Leu Glu Ile Val Lys Asp Thr Ala Met Glu Tyr Ile Leu
1 5 10 15
Met Met Asp Asn Ser Val Met Asp Gly Val Met Thr Gln Glu Glu Tyr
20 25 30
Asn Glu Ala Val Ser Phe Glu Lys Val Tyr Asp Tyr Thr Leu Ser Glu
35 40 45
Ala Asn Lys Glu Cys Lys Phe Leu Gly Gly Lys Val Leu Thr Phe Leu
50 55 60
Val His Glu Ala Ile Glu Glu Tyr Ala
65 70
<210> 1159
<211> 45
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown:
Bacteriophage F125/10
<400> 1159
Met Arg Tyr Glu Ile Val Thr Leu Val Asn Gln Glu Leu Phe Met Tyr
1 5 10 15
Ala Thr Phe Asn Lys Gln Glu Ala Glu Ala Lys Tyr Ser Glu Trp Cys
20 25 30
Glu Leu Tyr Gly Gln Glu Asn Val Ser Met Glu Lys Asn
35 40 45
<210> 1160
<211> 92
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1160
Met Ile Ile Leu Asn Tyr Thr Lys Glu Lys Glu Met Ile Gln Met Lys
1 5 10 15
Leu Leu Asn Gln Glu Asn Gln Ile Val Ile Ser Ile Ala Thr Leu Glu
20 25 30
Ser Val Lys Gln Ala Leu Ile Trp Glu Tyr Ile Asp His Ile Asp Tyr
35 40 45
Asn Ile Trp Asn Asn Glu Leu Asp Asp Thr Glu Ala Val Val Lys Ile
50 55 60
Ser Gly Ile Leu Gln Ser Ile Lys Phe Ala Asp Thr Met Glu Asp Leu
65 70 75 80
Gln Glu Tyr Ile Gly Asp Ile Gly Trp Lys Leu Ile
85 90
<210> 1161
<211> 79

<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1161

```
Met Lys Lys Asn Val Lys Ala Ser Thr Ile Glu Trp Leu Glu Leu Thr
1               5                  10                  15
Gln Gly His Gly Glu Phe Asp Gly Phe Asp Glu Glu Asp Met Asp Phe
            20                  25                  30
Arg Lys Leu Asp Asp Glu Asp Ile Lys Trp Tyr Phe Glu Asn Trp Tyr
        35                  40                  45
Phe Thr Glu Glu Lys Gln Glu Gln Ile Ile Asp Glu Ile Gly Gln Glu
    50                  55                  60
Glu Phe Glu Glu Ala Tyr Ser Asp Asp Ile Lys Glu Tyr Asn Asn
65                  70                  75
```

<210> 1162
<211> 86
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1162

```
Met Thr Lys Phe Lys Leu Ile Asp Lys Asn Ser Phe Tyr Val Asn Asp
1               5                  10                  15
Asn Tyr Asn Asn Glu Thr Tyr Leu Thr Ser Gln Ile Val Leu Ser Gly
            20                  25                  30
Glu Ala Gly Arg Leu Leu Asp Asp Met Ile Glu Asp Cys Glu Asp Glu
        35                  40                  45
His Asp Lys Asp Asn Tyr Lys Lys Leu Asp Thr Asn Asn Ile Asp Asp
    50                  55                  60
Ile Asp Tyr Ile Leu Glu Cys Ala Asn Val Tyr Ile Tyr Pro Tyr Asn
65                  70                  75                  80
Lys Thr Glu Phe Lys Tyr
                85
```

<210> 1163
<211> 57
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1163

```
Met Asn Thr Arg Arg Ala Asn Lys Ala Leu Asn Glu Ala Val Arg Leu
1               5                  10                  15
Leu Asp Lys Gln Ile Glu Asp Thr Gln Lys Thr Met Gln Glu Leu Asn
            20                  25                  30
Lys Gln Leu Glu Gln Gln Ile Lys Ala Lys Gln Glu Leu Met Thr Leu
        35                  40                  45
Val Asp Val Met Thr Gly Asp Asp Glu
```

50 55

<210> 1164
<211> 89
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1164

Met Asn Ile Lys Glu Ala His Lys Val Val Arg Ser Ala Lys Ser Lys
1 5 10 15
Leu Leu Gln Glu Gln Glu His Ile Thr Asn His Ile Ile Glu Asp Tyr
20 25 30
Ile Ile Glu Glu Leu His Arg Arg Thr Gln Gly Ser Gly Thr Ile Gln
35 40 45
Met Asn Asn Asn Thr Ala Ser Tyr Ser Asn Gly Ser Tyr Gly Ser Leu
50 55 60
Glu Glu Leu Arg Glu Ala Tyr Asp Leu Ser Ser Leu Ser Thr Gly Glu
65 70 75 80
Ile Lys Glu Leu Leu Glu Thr Phe Val
85

<210> 1165
<211> 83
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1165

Met Lys Glu Gln Ile Lys Gln Phe Glu Lys Glu Leu Glu Met Ala Val
1 5 10 15
Asn Asn Leu Phe Val Leu His Asp Cys Gly Val Ser Gln Ala Lys Ile
20 25 30
Glu Glu Gln Asn Gln Lys Val Val Tyr Leu Lys Ala Ile Val Glu Asn
35 40 45
Met Lys Ala Tyr Glu Glu Ile Arg Val Glu Pro Lys Ser Glu Glu Gln
50 55 60
Phe Phe Lys Glu Leu Glu Glu Glu Leu Glu Glu Glu Glu Lys Ile Leu
65 70 75 80
Lys Gly Ile

<210> 1166
<211> 87
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1166

Met Lys Leu Tyr Gln Val Glu His Asp Asn Cys Glu Pro Tyr Glu Asp
1 5 10 15
Asn Tyr Ser Tyr Arg Glu Asp Lys Val Tyr Thr Asn Lys Glu Asn Leu

20 25 30
Ile Lys Arg Ile Lys Ala Glu Gly Tyr Glu Glu Lys Ile Ser Gly Tyr
35 40 45
Leu Gln Asp Gly Tyr Thr Tyr Tyr Tyr Lys Asp Asn Ile Glu Asp Val
50 55 60
Pro Leu Phe Arg Glu Asp Met Ile Thr Ile His Glu Leu Glu Val Ile
65 70 75 80
Asn Asn Thr Ser Glu Glu Glu
85

<210> 1167
<211> 143
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1167
Met Glu Asn Tyr Lys Asn Phe Ile Ile Glu Glu Met Asn Lys Ala His
1 5 10 15
Ile Leu Val Thr Lys Ala Glu Gln Ile Lys Gly Asp Arg Lys Leu Ala
20 25 30
Glu Thr Glu Leu Glu Glu Val Tyr Arg Lys Ala Glu Ala Phe Asp Glu
35 40 45
Ile Val Asn Glu Leu Leu Tyr Gln Leu Gln Asn Leu Glu Ser Trp Asp
50 55 60
Thr Leu Asp Gln Lys Asp Cys Gln Thr Leu Lys Gln Ile Leu Glu Glu
65 70 75 80
Asn Ile Lys Glu Glu Lys Gln Met Glu Arg Phe Lys Val Lys Arg Ile
85 90 95
Ile Thr Thr Glu Glu Val Arg Tyr Ile Asp Ala Glu Thr Glu Glu Asp
100 105 110
Ala Trp Tyr Ser Val Glu Tyr Glu Asp Glu Gly Thr Asp Thr Ala His
115 120 125
Phe Ser Ala Glu Tyr Gly Glu Trp Ser Tyr Glu Arg Glu Asp Asn
130 135 140

<210> 1168
<211> 63
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1168
Met Ile Glu Ile Ser Ile Ser Trp Thr Tyr Leu Ile Thr Phe Leu Leu
1 5 10 15
Leu Trp Ser Ala Gly Thr Leu Tyr Ile Asn Tyr Leu Val Tyr Arg Ile
20 25 30
Arg Leu Thr Asn Lys Glu Arg Lys Glu Met Ser Lys Glu His His Arg
35 40 45
Asn Arg Glu Glu Ile Lys Gln Arg Ile Glu Asn Arg Arg Asp Lys

50 55 60

<210> 1169
<211> 82
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1169

Met Arg Tyr Asp Ile Asn Glu Lys Cys Tyr Asp Glu Lys Asp Phe Val
1 5 10 15
Leu Gln Ile Ile Tyr Glu Asn Tyr Ser Asp Glu Thr Asp Arg Glu Val
20 25 30
Glu Thr Ile Tyr Asn Lys Ala Glu Ala Trp Asp Lys Leu Cys Glu Met
35 40 45
Leu Lys Asp Lys Asp Met Ser Asp Gly His Phe Glu Glu Glu Met Phe
50 55 60
Lys Leu Phe Ser Arg Thr Gly Lys Ser Phe Thr Ile Asp Lys Glu Glu
65 70 75 80
Ser Gln

<210> 1170
<211> 160
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1170

Met Asn Lys Thr Phe Phe Lys Phe Leu Gly Lys Asn Thr Leu Glu Tyr
1 5 10 15
Ser Lys Gln Gly Leu Gly Phe Leu Val Ala Leu Pro Ile Met Leu Ile
20 25 30
Ile Phe Ser Val Phe Leu Ala Phe Ile Ile Gly Ile Pro Ala Val Ile
35 40 45
Ile Tyr Ala Leu His Ala Leu Asn Ile Asp Asn Asp Phe Ile Ile Gln
50 55 60
Leu Val Pro Val Met Trp Phe Ile Ile Leu Tyr Gly Ile Val Arg Thr
65 70 75 80
Asp Glu His Lys Lys Pro Phe Val Lys Leu Lys Leu Lys Asp Tyr Leu
85 90 95
Leu Ser Ile Leu Tyr Leu Thr Thr Ile Thr Ala Ile Ser Val Leu Glu
100 105 110
Ser Tyr Leu Leu Phe Gln Leu Leu Pro Phe Thr Gly Asp Val Arg Ala
115 120 125
Val Ile Thr Leu Leu Ser Phe Ile Val Phe Val Ala Val Asn Arg Gly
130 135 140
Ile Cys Lys Ile Ala Ile Lys Ser Tyr Lys Glu Tyr Lys Glu Glu Leu
145 150 155 160

<210> 1171
<211> 143

<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1171

```
Met Asn Ile Lys Tyr Ile Asp Leu Val Leu Glu Asn Cys Asp Val Val
1               5                  10                  15
Arg Leu Glu Ser Lys Asp Val Ser Arg Phe His Ile Ser Gly Ile Thr
            20                  25                  30
Glu Gly Ile Asp Tyr Tyr Gly Thr Tyr Lys Glu Thr Ser Asn Ile Ser
        35                  40                  45
Arg Thr Arg His Cys Thr Tyr Phe Gly Ile Leu Ile Asp Lys Pro Met
    50                  55                  60
Glu Ile Pro Gln Val Gly Phe Ala Tyr Pro Asp Asn Thr Asn Ala Tyr
65                  70                  75                  80
Glu Met Ile Thr Ala Tyr Ser Asp Ile Thr Ala Ile Asp Ile Ile Tyr
                85                  90                  95
Glu Asn Asp Ala Asn Glu Tyr Ile Tyr Val Asp Phe Asn Glu Tyr Asn
            100                 105                 110
Asp Asn Tyr Asn Ile Asn Gln Lys Asn Asp Tyr Tyr Asn Asn Met Leu
        115                 120                 125
Glu Ile Thr Ile Thr Glu Ser Asn Ser Arg Glu Glu Glu Asp Glu
    130                 135                 140
```

<210> 1172
<211> 180
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1172

```
Met Asp Lys Ile Asn Leu Asn Lys Lys His Asp Gly Ser Thr Val Val
1               5                  10                  15
Asn Ile Ser Asn Asn Ile Met Leu Lys Ile Gln Cys Thr Asp Leu Arg
            20                  25                  30
Lys Glu Cys Asp Asp Ser Glu Ala Pro Thr Thr Tyr Thr His Phe Lys
        35                  40                  45
Ala Tyr Ile Val Tyr Asn Ile Phe Ile Val Val Asn Asp Arg Lys Gln
    50                  55                  60
Lys Lys Lys Val Lys Tyr Asp Tyr Tyr Asn Asp His Val Gly Arg Gly
65                  70                  75                  80
Asn Val Lys Asp Leu Leu Lys Val Lys Asp Val Ile Phe Gln Leu Ser
                85                  90                  95
Thr Gln Leu Asn Thr Asn Glu Ile Ile Lys Ile Ser Gly Ala Asp Glu
            100                 105                 110
Arg Arg Tyr Lys Ile Tyr Lys Tyr Phe Ile Glu Lys Asp Ile Arg Phe
        115                 120                 125
Glu Asp Asn Met Tyr Tyr Ser Lys Ser Asn Ile Trp Ile Ile Asn Asn
    130                 135                 140
```

Phe Ser Leu Leu Gln Lys Phe Gln Trp Asn Thr Val Val Thr Lys Asp
145 150 155 160
Gly Asp Tyr Asn Lys Lys Glu Leu Lys Lys Val Asp Lys Glu Trp Lys
165 170 175
Glu Leu Leu Ile
180

<210> 1173
<211> 162
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1173

Met Arg Glu Thr Ser Glu Tyr Ile Met Phe Trp Gly Lys Glu Asp Ile
1 5 10 15
Tyr Ser Asn Phe Tyr Pro Ile Lys Phe Lys His Gln Gly Arg Thr Phe
20 25 30
Asn Asn Ser Glu Gln Ala Phe Met Trp Arg Lys Ala Arg Tyr Phe Asn
35 40 45
Asp Phe Gln Ile Ala Gly Glu Ile Leu Asn Ala Lys Asn Pro Asn His
50 55 60
Ala Lys Ser Leu Gly Arg Lys Val Arg Asn Phe Asn Glu Glu Gln Trp
65 70 75 80
Asn Lys Val Arg Tyr Asp Ile Met Val Glu Val Val Lys Asp Lys Phe
85 90 95
Met Thr Thr His Leu Lys Gln Arg Ile Leu Asp Thr Asp Val Arg Lys
100 105 110
Asp Phe Val Glu Ala Ser Pro Tyr Asp Lys Ile Trp Gly Val Gly Leu
115 120 125
Lys Ala Asn Asp Pro Lys Ile Leu Glu Gln Ser Asn Trp Lys Gly Gln
130 135 140
Asn Leu Leu Gly Lys Val Met Glu Asp Val Arg Val His Cys Ile Tyr
145 150 155 160
Asn Lys

<210> 1174
<211> 132
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1174

Met Lys Lys Lys Tyr Phe Lys Gly Leu Lys Leu Asn Asp Phe Glu Lys
1 5 10 15
Glu Val Phe Gly Leu Lys Lys Asn Lys Lys Tyr Lys Lys Met Lys Lys
20 25 30
Lys Leu Gly Arg Asn Glu Pro Lys Tyr Trp Asn Tyr Asp Met Ser Phe
35 40 45
Phe Ile Gln Leu Tyr Ala Asp Leu Asn Ala Phe Val Glu Ser Ser Asn

50 55 60

His Val Asp Met Glu Tyr His Thr Phe Val Asp Val Asp Gly Lys Glu
65 70 75 80

Arg Thr Gln Ile Asp Met Ile Lys His Ile Leu Ser Leu Ile Lys Tyr
85 90 95

Tyr His Lys Glu Met Asp Asp Phe Asp Met Asp Lys Tyr Asp Glu Leu
100 105 110

Glu Gln Val Gln Ser Lys Ile Leu Asp Asn Phe Lys Ile Val Leu Pro
115 120 125

Ser Leu Trp Asn
130

<210> 1175
<211> 235
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1175

Met Ala Ile Tyr Val Val Pro Asp Ile His Gly Glu Tyr Gln Lys Leu
1 5 10 15

Leu Thr Ile Met Asp Lys Ile Asn Asn Glu Arg Lys Pro Glu Glu Thr
20 25 30

Ile Val Phe Leu Gly Asp Tyr Val Asp Arg Gly Lys Arg Ser Lys Asp
35 40 45

Val Val Asn Tyr Ile Phe Asp Leu Met Ser Asn Asp Asp Asn Val Val
50 55 60

Thr Leu Leu Gly Asn His Asp Asp Glu Phe Tyr Asn Ile Met Glu Asn
65 70 75 80

Val Asp Arg Leu Ser Ile Tyr Asp Ile Glu Trp Leu Ser Arg Tyr Cys
85 90 95

Ile Glu Thr Leu Asn Ser Tyr Gly Val Ser Thr Val Thr Leu Lys Tyr
100 105 110

Ser Ser Val Glu Glu Asn Leu Arg Asn Asn Tyr Asp Phe Ile Lys Ser
115 120 125

Glu Leu Lys Lys Leu Lys Glu Ser Asp Asp Tyr Arg Lys Phe Lys Ile
130 135 140

Leu Met Val Asn Cys Arg Lys Tyr Tyr Lys Glu Asp Lys Tyr Ile Phe
145 150 155 160

Ser His Ser Gly Gly Val Ser Trp Lys Pro Val Glu Glu Gln Thr Ile
165 170 175

Asp Gln Leu Ile Trp Ser Arg Asp Phe Gln Pro Arg Lys Asp Gly Phe
180 185 190

Thr Tyr Val Cys Gly His Thr Pro Thr Asp Ser Gly Glu Val Glu Ile
195 200 205

Asn Gly Asp Ile Leu Met Cys Asp Val Gly Ala Val Phe Arg Asn Ile
210 215 220

Asp Phe Pro Phe Ile Lys Leu Glu Val Lys Lys
225 230 235

<210> 1176
<211> 616
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1176

```
Met Thr Lys Lys Leu Lys Leu Tyr Asp Tyr Glu Asn Asn Leu Leu Lys
1               5                  10                  15
Ser Ser Glu Asn Ile Glu Asp Ser Ile Gly Gln Ile Val Ile Glu Asn
            20                  25                  30
Leu Asn Pro Asp Thr Thr Tyr Glu Ala Gly His Phe Lys Ile Cys Trp
        35                  40                  45
Asp Ile Asn Gly Glu Glu Ser Ile Lys Val Asp Ile Pro Lys Phe Val
    50                  55                  60
Thr Leu Thr Ser Ser Gln Asp Lys Leu Ile Ile Val Thr Tyr Asn Glu
65                  70                  75                  80
Val Glu Pro Met Asn Ile Lys Ala Glu Asn Ile Ile Gly Leu Gln Asp
                85                  90                  95
Val Ile Asp Thr Gln Phe Asn Asp His Ile Lys Glu Glu Phe Met Ala
            100                 105                 110
Glu Ile Asn Lys Leu Ile Ala Asp Asn Lys Pro Thr Gln Gln Pro Ser
        115                 120                 125
Thr Thr Thr Ile Ser Pro Leu Lys Asp Lys Lys Val Ile Phe Ile Gly
    130                 135                 140
Asp Ser Ile Thr Glu Val Asn Ala Arg Thr Thr Lys Asn Tyr His Gln
145                 150                 155                 160
Phe Ile Ala Asp Arg Thr Gly Leu Ile Asn Val Asn Lys Gly Thr Ser
                165                 170                 175
Gly Thr Gly Tyr Gln Asp Arg Lys Asn Val Ala Tyr Thr Ile Thr Asp
            180                 185                 190
Lys Pro Asp Leu Ile Cys Val Met Leu Gly Thr Asn Asp Tyr Gly Leu
        195                 200                 205
Val Gly Gly Lys Thr Lys Pro Leu Gly Thr Ala Lys Glu His Ser Tyr
    210                 215                 220
Thr Thr Val Ala Gly Ser Ile Tyr Tyr Thr Tyr Tyr Gln Leu Ser Lys
225                 230                 235                 240
Val Phe Pro Thr Val Pro Ile Val Val Leu Thr Pro Thr Pro Arg Ile
                245                 250                 255
Glu Ser Asn Pro Phe Lys Glu Val Glu Asn Gly Gln Gly Tyr Thr Leu
            260                 265                 270
Gly Gln Leu Val Asp Val Ile Lys Glu Ile Ala Lys Gln Phe Ser Phe
        275                 280                 285
Pro Val Leu Asp Leu Tyr Arg Glu Ser Asn Ile Arg Val Trp Asp Asn
    290                 295                 300
Asn Val Asn Lys Thr Phe Phe Ala Trp Lys Glu Gly Met Glu Asp Gly
305                 310                 315                 320
Leu His Pro Asn Ala Lys Gly His Glu Phe Ile Ser Tyr Thr Ile Gln
```

325 330 335
Ser Phe Leu Glu Ser Lys Gly Thr Val Gly Ala Ile Ala Ser Pro Pro
340 345 350
Ser Ile Asp Thr Ser Val Lys Asp Leu Gly Asn Gly Val Tyr Ser Lys
355 360 365
Leu Ile Arg Pro Thr Gly Met Arg Trp Lys Lys Asp Thr Ser Phe Val
370 375 380
Met Asn Met Ser Thr Asp Asp Ile Asp Leu Thr Ala Asn Lys Ile Leu
385 390 395 400
Asn Val Ser Tyr Asn Gly Lys Ser Leu Ile Asn Pro Glu Gly Tyr Thr
405 410 415
Ser Asn Ser Pro Tyr Trp Tyr Thr Leu Pro Ala Tyr Glu Asp Gly Asn
420 425 430
Lys Tyr Asn Arg Ile Ser Glu Val Gln Asn Phe Leu Asn Ala Phe Ile
435 440 445
Thr Ile Asp Asp Asn Ala Gln Gly Leu Glu Phe Met Arg Asp Tyr Ile
450 455 460
Lys Val Ile Tyr Val Asp Lys Thr Lys Thr Asn Ile Val Gly Glu Tyr
465 470 475 480
Thr Gln Val Gly Tyr Lys Asp Thr Thr Ala Ser Thr Pro Pro Thr Gly
485 490 495
Asp Thr Ser Gly Thr Ile Thr Pro Val Ser Asn Gly Asp Gly Thr Tyr
500 505 510
Thr Ala Thr Phe Thr Pro Thr Ala Ile Tyr Trp Lys Glu Asp Gln Ser
515 520 525
Phe Met Ile Asn Ile Asp Lys Thr Lys Leu Asp Leu Thr Gly Lys Ser
530 535 540
Val Thr Lys Leu Glu Tyr Asn Gly Lys Thr Leu Val Asn Asn Thr Ser
545 550 555 560
Leu Ala Ser Asn Ser Pro Tyr Trp Leu Thr Val Pro Thr Ala Thr Glu
565 570 575
Gly Thr Thr Asn Asn Arg Thr Pro Glu Val Lys Asp Phe Val Ser Val
580 585 590
Leu Thr Leu Glu Ser Thr Gly Thr Asp Gly Arg Lys Lys Tyr Lys Asn
595 600 605
Val Glu Ile Lys Leu Thr Tyr Lys
610 615

<210> 1177
<211> 72
<212> RNA
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1177
ggacucuuag cuuaaaggua aagccaaccg cucauaacgg uuugacugua gguucgaguc 60
cugcagaguc ca 72
<210> 1178
<211> 182

<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1178

Met	Glu	Lys	Ile	Tyr	Ile	Leu	Glu	Glu	Glu	Ile	Glu	Glu	Met	Asp	Tyr
1				5				10						15	
Asp	Leu	Trp	Glu	Glu	Asp	Thr	Val	Tyr	Thr	Thr	Ser	Tyr	Glu	Val	Leu
			20				25					30			
Gly	Tyr	Thr	Asp	Ser	Leu	Glu	Asp	Ala	Glu	Tyr	Ile	Arg	Asp	Asn	Tyr
		35					40					45			
Gly	Thr	Ser	Asn	Pro	Ile	Phe	Ile	Asn	Glu	Tyr	Pro	Tyr	Leu	Thr	Lys
	50					55					60				
Glu	Lys	Leu	Ile	Glu	Glu	Gln	Arg	Tyr	Phe	Arg	Tyr	Asn	Ser	Tyr	Leu
65					70					75					80
Glu	Leu	Lys	Arg	Val	Asn	Gly	Tyr	Phe	Glu	Ile	Ser	Glu	Ile	Asn	Glu
				85					90					95	
Leu	His	Val	Thr	Glu	Asp	Phe	Ser	Ile	Asn	Lys	Asp	Asp	Lys	Asn	Phe
			100					105					110		
Asp	Ser	Pro	Phe	Ser	Ile	Asn	Met	Phe	Ser	His	Asn	Arg	Asn	Ser	Ile
		115					120					125			
Gly	Ile	Glu	Phe	Ile	Met	Phe	Ser	Glu	Tyr	Asn	Asp	Lys	Glu	Asp	Ile
	130					135					140				
Ile	Glu	Lys	Glu	Lys	Asn	Ser	Phe	Leu	Met	Lys	Leu	Lys	Tyr	Leu	Leu
145					150					155					160
Lys	His	Ser	Arg	Glu	Ala	Asp	Ile	Arg	Ser	Thr	Ser	Lys	Ile	Ile	Asp
				165					170					175	
Ser	Ile	Asp	Lys	Leu	Thr										
			180												

<210> 1179
<211> 72
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1179

Met	Lys	Asn	Ile	Ile	Asn	Phe	Leu	Val	Asp	Tyr	Asn	Ile	Asn	Phe	Ser
1				5				10						15	
Tyr	Ser	Glu	Asp	Ser	Leu	Asn	Val	Met	Asn	Asn	Ser	Tyr	Leu	Val	Asp
			20				25					30			
Lys	His	Gly	Thr	Gln	Asp	Tyr	Glu	Ile	Val	Gly	Asn	Tyr	Glu	His	Ile
		35					40					45			
Thr	Gly	Val	Phe	Ser	Tyr	Gln	Thr	Glu	Glu	Glu	Val	Ile	Ala	Lys	Leu
	50					55					60				
Lys	Asn	Leu	Ile	Gly	Ile	Trp	Glu								
65					70										

<210> 1180
<211> 64

<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1180

```
Met Arg Asp Lys Arg Ile His Ser Glu Leu Leu Tyr Asp Ile Ile Gly
1               5                  10                  15
Lys His Ile Gln Glu Glu Glu Asn Ile Thr Pro Tyr Ile Glu Ala Ile
            20                  25                  30
Tyr Val Asp Met Met Asn Ile Ile Val Val Glu Tyr Thr Phe Tyr Asn
        35                  40                  45
Glu Asn Gly Thr Arg Met Leu Gly Gln Tyr Pro Ile Gly Glu Val Met
    50                  55                  60
```

<210> 1181
<211> 245
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1181

```
Met Asn Leu Glu Lys Ser Phe Leu Leu Ser Thr Ile Glu Phe Gly Ser
1               5                  10                  15
Thr Tyr Gln Gly Thr Ser Asp Glu His Ser Asp Lys Asp Tyr Met Ser
            20                  25                  30
Leu Val Val Gln Pro Leu Ser Asp Thr Ile Phe Arg Asn Asn Glu Lys
        35                  40                  45
Ala Ser Lys His Thr Glu Val Ser Arg Tyr Tyr Ala Val Glu Arg Phe
    50                  55                  60
Ile Ser Leu Val Leu Lys Ser Gly Phe Asp Asn Val Leu Asn Leu Cys
65                  70                  75                  80
Ala Gln Leu Glu Gln Ala Lys Asn Thr Arg Phe Asn Lys Thr Val Leu
                85                  90                  95
Asp Leu Phe Tyr Asp Asp Phe Ile Phe Leu Thr Tyr Val Arg Ala Asn
            100                 105                 110
Phe Lys Pro Ile Ala Tyr Ser Val Ile Gly Asn Ile Asn Asn Ile Leu
        115                 120                 125
Lys Lys Gly Glu Leu Thr Gly Lys Asp Leu Val Lys Phe Tyr Thr Phe
    130                 135                 140
Tyr Asn His Leu Glu Tyr Tyr Asn Asp Leu Leu Asp Asp Leu Asp Asn
145                 150                 155                 160
Leu Asn Val Ser Tyr Lys Asp Phe Ala Lys Val Lys Tyr Met Pro Lys
                165                 170                 175
Glu Val Leu Asp Asn Lys Arg Ser Asn Val Ser Ile Glu Lys Lys Lys
            180                 185                 190
Asp Leu Val Asn Lys Val Glu Pro Leu Ile Gln Glu Val Lys Asp Lys
        195                 200                 205
Leu Lys Tyr Asn Glu Ser Asn Ile Lys His Tyr Lys Asp Ala Met Glu
    210                 215                 220
```

Leu Val Glu Lys Ser Leu Lys Asp Lys Thr Val Ala Phe Leu Thr Glu
225 230 235 240
Val Tyr Asn Glu Arg
245

<210> 1182
<211> 34
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1182
Met Lys Tyr Ile Leu Gly Leu Ile Thr Leu Gly Ile Ile Leu Phe Lys
1 5 10 15
Val Tyr Glu His Phe Lys Tyr Lys Gln Asp Glu Val Asp Thr Glu Glu
20 25 30
Asp Ile

<210> 1183
<211> 82
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1183
Met Ser Asn Met Asp Phe Tyr Gln Phe Leu Asn His Glu Asn Val Arg
1 5 10 15
Val Asn Ser Ile Thr Pro Ser Gln Lys Asn Phe Ile Arg Glu Asn Leu
20 25 30
Glu Leu Thr Asn Leu Glu Asp Thr Asp Ile Asp Phe Ile Ser Ser Lys
35 40 45
Lys Ala Lys Glu Glu Ile Glu Lys Ile Ile Arg Ile Lys Asn Glu Glu
50 55 60
Glu Tyr Asp Met Ala Met Asp Ala Leu Ala Gly Trp Val Thr Lys His
65 70 75 80
Gly Tyr

<210> 1184
<211> 129
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1184
Met Phe Lys Lys Ala Pro Gln Tyr Ile Met Glu Lys Val Glu Lys Glu
1 5 10 15
Asn Asn Ile Leu Gly Glu Asp Leu Ser Leu Asp Ile Tyr Tyr Lys Gly
20 25 30
Val Lys Leu Thr Val Lys Arg His Pro Glu Thr Gly His Leu Asn Gly
35 40 45
Tyr Ile Thr Leu Pro Ser Asp Ile Asn Glu Lys Glu Tyr Asp Ser Leu

50 55 60

Glu Arg Arg Ala His Arg Gly Ile Thr Tyr Asp Asp Tyr Asp Tyr Glu
65 70 75 80
Gly Lys Arg Val Leu Gly Phe Asp Cys Ala His Ala Trp Asp Met Thr
85 90 95
Pro Tyr Ala Ile Ile Gly Ser Leu Asp Asp Gln Tyr Arg Asp Leu Glu
100 105 110
Tyr Val Leu Ser Ile Leu Lys Asp Met Ala Glu Tyr Val Lys Lys Asp
115 120 125
Glu

<210> 1185
<211> 57
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1185
Met Glu Lys Val Asn His Glu Phe Leu Ala Glu Leu Ala Lys Ser Asn
1 5 10 15
Ser Pro Val Leu Asn Ser Lys Pro Leu Gln Asp Gly Asp Tyr Asn Ile
20 25 30
Glu Phe Asp Tyr Asp Gly Phe His Phe Glu Phe Ser Gln Lys Asn Gly
35 40 45
Tyr Trp Gln Trp Lys Tyr Asn Ala Lys
50 55

<210> 1186
<211> 160
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1186
Met Ala Asn Glu Lys Glu Ile Ile Arg Met Val Asn Tyr Leu Ile Asp
1 5 10 15
Asn Met Ser Met Trp His Ile Asn Tyr Ala Arg Ala Val Leu Ile Pro
20 25 30
Ser Glu Val Glu Lys Ile Ile Lys Glu His Glu Lys Phe Asp Asp Leu
35 40 45
Leu Lys Lys Arg Gly Glu Trp Leu Val Lys Gly Ser Asp Thr Asp Asn
50 55 60
Ile Asp Asp Leu Glu Thr Tyr Asn Gln Ile Met Asn Asn Gln Lys Asp
65 70 75 80
Glu Met Met Ile Gln Glu Ile Asp Ile Tyr Thr Gln Gly Lys Thr Ile
85 90 95
Thr Ile Asp Asn Glu His Tyr Ser Ser Asp Asp Leu Asn Glu Val Leu
100 105 110
Asn Lys Leu Glu Gln Ser Glu Asp Ile Lys Ile Lys Ser Asn Tyr Lys
115 120 125

Ser Leu Tyr Val Gly Tyr Thr Asn Val Val Gly Tyr Glu Val Thr Tyr
130 135 140
Ala Ser Ser Tyr Glu Glu Thr Phe Lys Asn Asp Leu Glu Lys Asp Leu
145 150 155 160

<210> 1187
<211> 180
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1187

Met Asp Arg Ile Ile Gly Lys His Asn Leu Thr Gln Asp Leu Arg Leu
1 5 10 15
Gly Asp Lys Val Glu Val Tyr Asp Ala His Lys Phe Lys Glu Asn Glu
20 25 30
Asp Gly Thr Ile Glu Leu Gly Asp Lys Ile Thr Glu Gly Ile Val Val
35 40 45
Asp Tyr Lys Gly Asp Phe Thr Gly Asn Thr Ser Gly Leu Val Thr Leu
50 55 60
Asp Ser Ser Glu Lys Glu Leu Ile Ile Gly Glu Tyr Asn Phe Lys Leu
65 70 75 80
Ile Glu Glu Gly Asn Leu Gln Ala Val Tyr Asp Ser Val Ser Lys Asn
85 90 95
Lys Val Glu Ser Leu Ser Glu Asp Tyr Asp Met Tyr Arg Lys Leu Leu
100 105 110
Gly Val Lys Ser Gly Glu Leu Ala Gly Ile Glu Asp Glu Leu Glu Tyr
115 120 125
Leu Val Arg Gln Tyr Asn Ser Lys Val Asp Asn Tyr Asn Gly Leu Leu
130 135 140
Thr Leu Ser Lys Glu Lys Ala Arg Glu Leu Ser Leu Leu Thr Gly Asn
145 150 155 160
Lys Lys Thr Ile Pro His Met Lys Asn Arg Arg Leu Glu Leu Gly Lys
165 170 175
Glu Ala Asp Phe
180

<210> 1188
<211> 177
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1188

Met Val Tyr Asp Ser Ile Ile Ser Arg Thr Met Ala Val Ser Ile Leu
1 5 10 15
Asn Lys Trp Ile Ala Glu Leu Ile Thr Asp Val Asp Leu Asp Lys Cys
20 25 30
Lys Phe Thr Glu Glu Glu Tyr Gly Lys Val Val Thr Asn Ser Ile Asn
35 40 45

Lys Ile Gln Asp Val Leu Ile Glu Lys Asn Tyr Glu Val Thr Asp Gly
50 55 60
Glu Leu Tyr Asp Ile Val Cys Thr Glu Leu Ile Asn Pro Ile Lys Asn
65 70 75 80
Asn Thr Glu Glu Glu Lys His Asn Glu Lys Asn Asp Leu Leu Glu His
85 90 95
Leu Glu Asp Leu Ala Phe Arg His Asp Ile Asp Leu Gly Tyr Val Ser
100 105 110
Asp Gly Ser Tyr Asn Leu Thr Val Thr His Trp Leu Met Gln Asp Glu
115 120 125
Phe Thr Asp Val Asn Ile Lys Val Asn Asn Asp Glu Asp Phe Tyr Thr
130 135 140
Val Thr Ile Pro Glu Ser Lys Tyr Phe Trp Leu Pro Ile Thr Lys Glu
145 150 155 160
Asn Leu Glu Met Phe Leu Thr Gln Asp Pro Ile Asn Lys Gly Glu Val
165 170 175
Lys

<210> 1189
<211> 54
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1189

Met Lys Asn Pro Ile Lys Leu Leu Ser Ile Ala Val Val Thr Ile Leu
1 5 10 15
Thr Phe Ser Leu Thr Tyr Val Ile Leu Lys Lys Glu Thr Asn Asn Lys
20 25 30
Arg Asn Gly Val Ala Pro Phe Asp Phe Ser Leu Glu Asp His Ile His
35 40 45
Leu Asn Lys Glu Ile Lys
50

<210> 1190
<211> 92
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1190

Met Ala Asn Asn Ile Trp Ala Val Val Leu Ser Ile Ile Ile Leu Leu
1 5 10 15
Ile Ile Leu Leu Ile Leu Trp Phe Leu Phe Arg Lys Lys Val Asn Gly
20 25 30
Gly Asn Ser Lys Asn Val Glu Ile Gln Lys Ala Glu Glu Asn Asn Asp
35 40 45
Asn Lys Glu Gln Glu Val Glu Glu Ala Gln Tyr Arg Glu Leu Asn Glu
50 55 60
Glu Glu Lys Glu Lys Asn Glu Asn Ser Ser Lys Asp Tyr Lys Tyr Asp

65 70 75 80
Lys Glu Lys Val Lys Asn Lys Leu Lys Glu Leu Glu
85 90

<210> 1191
<211> 281
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1191

Met Gly Arg Arg Leu Ile Asp Asn Ser Glu Leu Asn Val Ile Lys Tyr
1 5 10 15
Asp Gly Leu Pro Asp Phe Phe Ser Ala Leu Lys Lys Asn Arg Val Ser
20 25 30
Gly Arg Asp Asn Ser Ser Asp Thr Gly Ser Tyr Asp Phe Thr Gly Thr
35 40 45
His Ser Phe Gln Glu Ala Tyr Asn Leu Met Val Lys Gly Asp Arg Glu
50 55 60
Ser Tyr Asp Met Val Val Lys Leu Lys Lys Met Thr Asp Ala Leu Phe
65 70 75 80
Arg Met Asp Lys Ser Val Lys Arg Lys Pro Val Val Ala Pro Glu Gly
85 90 95
Tyr Gln Pro His Val Pro Asn Ala Ile Lys Gly Leu Pro Asn Ser Met
100 105 110
Met Ser Gln Gln Arg Val Lys Ala Glu Lys Lys Val Ile Asp Val Phe
115 120 125
Tyr Asn Ser Ser Ile Ser Trp Arg Glu Asp Pro Glu Asn Leu Ala Tyr
130 135 140
Arg Gly Ala Ile Met Leu Ser Ala Ile Gln Thr Leu Glu Thr Lys Gly
145 150 155 160
Tyr Ser Ile Asn Leu Tyr Leu Gly Lys Leu Ser Asn Ser Gly Tyr Glu
165 170 175
Asp Lys Leu Thr Gly Phe Val Val Asn Ile Lys His Ser Tyr Gln Arg
180 185 190
Leu Asn Val Phe Lys Ser Ser Phe Tyr Leu Val Asn Pro Ser Phe Leu
195 200 205
Arg Arg Ile Ser Phe Arg Val Leu Glu Val Glu Pro Asp Met Val Asp
210 215 220
Leu Thr Asn His Gly Tyr Gly Ser Val Val Ser Lys Ser Ser Tyr Gly
225 230 235 240
Asn Lys Leu Thr Glu His Ile Leu Asp Asn Ala Val Ile Phe Asp Ser
245 250 255
Ser Val Gly Ile Asp Ile Asn Asn Asp Ser Ser Glu Asn Leu Arg Ala
260 265 270
Val Lys Lys Leu Phe Gly Gly Arg Leu
275 280

<210> 1192
<211> 372

<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1192

```
Met Ala Lys Gln Asp Thr Ile Glu Arg Leu Glu Arg Leu Val Glu Gln
1               5                  10                  15
Gln Met Glu Thr Thr Ala Asp Leu Ala Lys Lys Leu Gly Glu Lys Asn
            20                  25                  30
Ser Asn Pro Tyr Glu Gln Ala Ile Val Asp Ala Ile Val Glu Lys Ala
        35                  40                  45
Gly Thr Glu Ser Arg Glu Ile Ile Ile Thr Asp Val Lys Lys Gln Ile
    50                  55                  60
Glu Glu Tyr Val Glu Glu Gln Leu Ser Asn Leu Pro Val Lys Ile Glu
65                  70                  75                  80
Leu Gln Gln Glu Gly Lys Thr Ile Lys Asp Ile Ser Gly Ile Phe His
                85                  90                  95
Tyr Arg Tyr Gln Asp Ile Leu Lys Leu Val Asn Gln Asn Ile Pro Val
            100                 105                 110
Phe Leu Lys Gly Gly Ala Gly Ser Gly Lys Asn His Val Leu Glu Gln
        115                 120                 125
Val Ala Glu Ala Leu Asp Leu Asp Phe Tyr Phe Ser Asn Ala Ile Thr
    130                 135                 140
Gln Glu Phe Lys Leu Thr Gly Phe Ile Asp Ala Asn Gly Lys Phe His
145                 150                 155                 160
Glu Thr Gln Phe Tyr Lys Ala Phe Thr Lys Gly Gly Leu Phe Phe Leu
                165                 170                 175
Asp Glu Met Asp Ala Ser Ile Pro Glu Val Leu Leu Ile Leu Asn Ser
            180                 185                 190
Ala Ile Ala Asn Lys Tyr Phe Asp Phe Pro Ile Gly Arg Val Thr Ala
        195                 200                 205
His Glu Asp Phe Arg Val Val Ser Ala Gly Asn Thr Met Gly Thr Gly
    210                 215                 220
Ala Asp His Ile Tyr Val Gly Arg Gln Gln Leu Asp Gly Ala Thr Leu
225                 230                 235                 240
Asp Arg Phe Ala Gln Val Glu Phe Asp Tyr Asp Thr Lys Val Glu His
                245                 250                 255
Gln Leu Ser Ser Asn Glu Asp Leu Val Asn Phe Val Gln Gln Leu Arg
            260                 265                 270
His Glu Asn Asp Glu Lys Gly Leu Pro Tyr Val Phe Ser Met Arg Ala
        275                 280                 285
Ile Ile Asn Gly Ser Lys Leu Asp Gly Val Met Glu Asp Glu Phe Val
    290                 295                 300
Val Glu Ser Ile Ile Phe Lys Ser Val Pro Lys Asp Glu Ile Asn Gln
305                 310                 315                 320
Phe Ile Ser Ser Leu Pro Glu Gly Asn Arg Tyr Thr Glu Ala Thr Arg
                325                 330                 335
Lys Leu Leu Gly Met Gln Gln Glu Pro Lys Gln Glu Pro Arg Lys Ser
```

340 345 350
Asp Ser Thr Ser Lys Asp Ser Met Asp Phe Asp Thr Ile Met Asp Lys
355 360 365
Leu Gly Leu Glu
370
<210> 1193
<211> 108
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1193
Val Ser Lys Arg Thr Asp Asn Phe Ile Tyr Phe Cys Lys Tyr Tyr Phe
1 5 10 15
Ser Glu Tyr Leu Pro Ser Leu Gly Val Glu Val Leu Asn His Asn Glu
20 25 30
Thr Ser His Gly Thr Met Glu Gly Val Lys Lys Tyr Tyr Ile Ala Asn
35 40 45
Ile Leu Tyr Glu Gly Gln Glu Leu Thr Val Thr Ile Asp Leu Glu Glu
50 55 60
Phe Asn Asn Ala Thr Ser Met His Asn Met Leu Glu Ile Met Asn Asn
65 70 75 80
His Thr Tyr Asn Cys Met Phe Met Tyr Asp Met Asp Thr His Glu Thr
85 90 95
Lys Asp Ile Asp Asp Phe Phe Lys Leu Met Tyr Phe
100 105
<210> 1194
<211> 138
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1194
Met Asn Ala Lys Glu Phe Met Lys Thr Gln Ala Gln Val Glu Asp Tyr
1 5 10 15
Leu Asp Lys Leu Lys Val Thr Ile Ile Glu Asp Ala Leu Ser Val Ser
20 25 30
Lys Glu Trp Ser Asn Asp Ser Asn Asp Leu Gly Tyr Ala Leu Ser Ser
35 40 45
Leu Gly Glu Ser Ile Gly Leu Leu Glu Asn Tyr Tyr Asn Ile Gln Val
50 55 60
Asp Ala His Leu Pro Glu His Tyr Lys Gly Ser Lys Asp Val Ile Ser
65 70 75 80
Phe Leu Glu Glu His Phe Ser Tyr Asp Gly Phe Val Asp Ser Met Ile
85 90 95
Phe Asn Ile Val Lys Tyr Thr Thr Arg Leu Gly Arg Lys Asp Ala Val
100 105 110
Asp Lys Glu Val Gln Lys Ile Lys Thr Tyr Tyr Val Arg Leu Glu Arg

115 120 125
Asn Ile Lys Tyr Gly Asp Ser Thr Arg Val
130 135
<210> 1195
<211> 100
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1195
Met Glu Lys Val Glu Leu Ile Lys Gln Trp Ala Lys Asp Arg Asn Leu
1 5 10 15
Gln Thr Gly Lys Pro Glu Gly Gln Met Leu Lys Leu Leu Glu Glu Ala
20 25 30
Gly Glu Leu Ala Ser Gly Ile Ala Lys Ser Asn Asp His Val Thr Arg
35 40 45
Asp Ser Val Gly Asp Ile Phe Val Val Leu Thr Val Leu Cys Leu Gln
50 55 60
Leu Asp Ile Asp Ile Glu Glu Cys Ile Asp Met Ala Tyr Asp Glu Ile
65 70 75 80
Lys Asp Arg Lys Gly Lys Leu Ile Asn Gly Val Phe Val Lys Glu Glu
85 90 95
Asp Leu Lys Lys
100
<210> 1196
<211> 62
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1196
Met Glu Lys Phe Gln Glu Asp Tyr Val Asn Ile Asp Ile Arg Val Lys
1 5 10 15
Ala Tyr Val Arg Val Gly Tyr Arg Tyr Glu Glu Asp Ile Thr Asn Asn
20 25 30
Leu His Glu Leu Val Glu Asp Asn Leu Asn Val Thr Ser Asp Ser Asp
35 40 45
Ser Leu Ile Ile Lys Asp Thr Glu Ile Lys Gly Asp Ile Glu
50 55 60
<210> 1197
<211> 53
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1197
Met Val Lys Pro Val Ile Thr Leu Glu Pro Glu Asp Val Lys Val Leu
1 5 10 15

Leu Asp Tyr Leu Ser Phe Leu Glu Asp Asp Met Arg Asn Tyr Glu Gly
20 25 30
Met Arg Glu Leu Tyr Glu Glu Leu His Lys Lys Tyr Gln Leu Ala Lys
35 40 45
Gly Asn Tyr Ser Asp
50
<210> 1198
<211> 683
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1198
Met Ala Ile Thr Tyr Lys Gln Lys Gly Leu Thr Glu Gln Glu Ile Ile
1 5 10 15
Asn Leu Pro Lys Val Asn Lys Gly Cys Ile Tyr Ile Gly Glu Glu Asp
20 25 30
Val Phe Leu Lys Lys Lys Lys Asn Asn Ile Ile Asn Leu Gly Ser Lys
35 40 45
Glu Leu Phe Arg Asp Ile His Asn Ile Phe Ser Phe Asp Thr Ala Thr
50 55 60
Glu Ile His Leu Phe Leu Ala Leu Cys Gly Asn Lys Glu Val Thr Asn
65 70 75 80
Phe Thr Gly Asn Pro Tyr Glu Thr Ile Glu Lys Leu Val Glu Gly Val
85 90 95
Ile Glu Glu Asn Lys Gly Arg Ser Tyr Lys Glu Tyr Ile Ala Ser Ser
100 105 110
Arg Glu Glu Arg Lys Glu Phe Pro Leu Tyr Gly Ser Lys Arg Ile Thr
115 120 125
Gln Ile Lys Ser Lys Gly Tyr Val Glu Glu Lys Ile Lys Glu Leu Glu
130 135 140
Asn Glu Thr Arg Leu Arg Trp Tyr Glu Ser Arg Gln Leu Asp Glu Tyr
145 150 155 160
Lys Glu Val Val Asp Ser Leu Asn Asn Asp Ile Met Asp Ile Leu Tyr
165 170 175
Gln Gly Lys Tyr Gly Leu Ile Lys Ser Ser Ile Thr Ser Arg Leu Asn
180 185 190
Glu Asp Thr Glu Lys Gly Ser Ser Lys Tyr Tyr Lys Glu Ile Ser Asp
195 200 205
Ser Leu Tyr Ser Ser Thr Trp Tyr Met His Pro Ser Thr Glu Asn Ser
210 215 220
Ser Ser Phe Gly Leu Lys Val Arg His Ile Arg Asp Lys Tyr Asn Met
225 230 235 240
Gly Asn Arg Trp Val Leu Glu Asn Lys Ser Ser Phe Asp Val Lys Thr
245 250 255
Gly Glu Val Lys Val Phe Leu Thr Asp Ser Leu Val Asn Lys Glu Ile
260 265 270
Thr Leu Asn Leu Tyr Lys Asp Asp Ile Ser Lys Ser Glu Tyr Lys Asn

275 280 285

Glu Leu Asn Leu Ala Val Leu Leu Asn Val Ile Leu Lys Asn Tyr Ser

290 295 300

Thr Pro Asn Leu Ser Lys Asn Val Ile Ile Lys Ile Ile Glu Glu Thr

305 310 315 320

Leu Arg Asn Asp Gly Phe Gly Leu Ser Ser Trp Cys Leu Asp Glu Val

325 330 335

Asp Val Tyr Gly Arg Val Asn Tyr Gly Gly Asn Lys Tyr Lys Pro Leu

340 345 350

Lys Gly Glu Asn Ser Thr Ser Asn Tyr Leu Thr Ile Leu Thr Asp Ile

355 360 365

Val Lys Asn Ile Asp Lys Ile Asn Asn Leu Glu Glu Phe Glu Leu Phe

370 375 380

Glu Arg Asn Ser Leu Leu Phe His Ile Pro Lys Asn Pro Lys Trp Lys

385 390 395 400

Ile His Glu Ala Phe Asn Leu Thr Lys Gln Thr Tyr Lys Lys Leu Leu

405 410 415

Thr Leu Asn Asn Phe Glu Gln Ser Asn Tyr Leu Arg Phe Ser Asp Thr

420 425 430

Leu Tyr Asn Tyr Tyr Asn His Leu His Asn Glu Val Asn Leu His Gln

435 440 445

Leu Phe Asp Asp Thr Phe Leu Met Val Gln Asp Val Arg Asn Val Thr

450 455 460

Asp Ala Leu Lys Val Lys Pro Ile Val Asn Glu Ile Leu Ser Ile Ser

465 470 475 480

Phe Ala Asn Tyr Lys Lys Met Thr His Tyr Leu Asp Val Asp Ala Gln

485 490 495

Asp Arg Gln Arg Ile Thr Gly Tyr Ala Leu Asp Ser Tyr Tyr Leu Asp

500 505 510

Tyr Leu His Asp Leu Ser Ile Leu Ile Arg Glu Gly Tyr Arg Thr Leu

515 520 525

Glu Ser Val Asn Leu Thr Pro Phe Ser Leu Lys Leu Glu His Asp Ile

530 535 540

Val Thr Asp Glu Lys Gln Ser Ile Gln Gln Gln Leu Asp Asp Ala Glu

545 550 555 560

Leu Lys Ser Lys Tyr Glu Asn Lys Leu Glu Lys Ile Ile Asp Lys Thr

565 570 575

Tyr Lys Leu Lys Asp Gly Arg Lys Val Lys Phe Leu Pro Ala Asp Thr

580 585 590

Val Ser Lys Leu Lys Asn Glu Gly Lys Met Leu Ser His Cys Val Gly

595 600 605

Gly Tyr Ala Asn Arg Ile Ile Lys Asn Ser Cys Leu Ile Leu Leu Ala

610 615 620

Arg Leu Glu Glu Asp Leu Asp Asn Ser Trp Phe Thr Val Glu Ile Arg

625 630 635 640

Ile Thr Asp Asn Gly Tyr Val Leu Gly Gln Gln Gln Ser Ile Asp Ala

645 650 655

Tyr Lys Leu Pro Asn Glu Leu Lys Glu Ala Leu Glu Lys Asp Ile Lys

660 665 670
Lys Ile Asn Lys Glu Glu Phe Lys Glu Val Ala
675 680
<210> 1199
<211> 87
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1199
Met Ser Ile Glu Lys Lys Glu Glu Val Val Ala His Asn Glu Val Val
1 5 10 15
Phe Lys Ser Leu Thr Gln Gly Leu Tyr Val Lys Glu Val Asp Ile Tyr
20 25 30
Ser Asp Val Ile Ser Tyr Thr Lys Asp Ile Asp Glu Ala Leu Ala Met
35 40 45
Pro Asn Thr Ile Asn Phe Lys Asn Ser Arg Lys Tyr Glu Lys Leu Ile
50 55 60
Arg Asn Leu Asp Leu Lys Pro Leu Asn Lys Ile Gln Lys Val Ile Tyr
65 70 75 80
Glu Thr His Leu Glu Glu Leu
85
<210> 1200
<211> 57
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1200
Leu Asn Asp Leu Ile Lys Glu Gly Asn Lys Tyr Tyr His Lys Val Arg
1 5 10 15
Ala Gly Glu Thr Leu Trp Thr Ile Ser Lys Asn Tyr Gly Val Asp Ile
20 25 30
Lys Lys Leu Gln Glu Leu Asn Asn Ile Lys Ser Val Thr Leu Thr Ser
35 40 45
Leu Glu Tyr Val Leu Val Cys Val Glu
50 55
<210> 1201
<211> 192
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1201
Met Asp Asn Leu Ser His Tyr Leu Ser Ile Leu Tyr Ala Ile Leu Val
1 5 10 15
Thr Val Gly Tyr Ile Pro Gly Leu Ile Ala Leu Val Lys Ser Asp Ser
20 25 30

Val Lys Gly Val Ser Ser Tyr Phe Trp Tyr Leu Ile Val Ala Thr Val
35 40 45
Gly Ile Ser Phe Tyr Asn Leu Leu Ile Thr Asp Ala Thr Met Phe Gln
50 55 60
Val Val Ser Val Gly Val Asn Leu Thr Leu Gly Ile Val Cys Leu Leu
65 70 75 80
Val Ala Ser Tyr Arg Lys Lys Asp Tyr Phe Ser Ile Pro Phe Ile Ile
85 90 95
Val Phe Ser Val Leu Leu Phe Leu Leu Ser Asp Phe Thr Ala Leu Thr
100 105 110
Gln Thr Ile Ala Thr Ile Thr Ile Ile Leu Ala Tyr Val Thr Gln Ile
115 120 125
Thr Thr Phe Tyr Lys Thr Lys Ser Ala Glu Gly Thr Asn Arg Phe Leu
130 135 140
Phe Leu Ile Ile Gly Leu Gly Leu Ala Ser Leu Ile Leu Ser Met Val
145 150 155 160
Leu Ser His Thr Tyr Val His Ile Ile Ala Thr Glu Phe Val Asn Phe
165 170 175
Val Leu Ile Leu Ile Cys Tyr Leu Gln Ala Asn Tyr Tyr Ser Arg Arg
180 185 190

<210> 1202
<211> 197
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1202

Met Val Asn Tyr Thr Lys Asp Lys Val Cys Tyr Met Gly Gly His Leu
1 5 10 15
Leu Asn Gln Ala Met Val Glu Tyr Arg Thr Lys Gln His Glu Gln Val
20 25 30
Glu Gly Ile Val Gly Val Thr Pro Tyr Ser Pro His Gln Asp Lys Ser
35 40 45
Ile Asn Asp Lys Ala Asn Ala Glu Gln Thr Gly Leu Ala Glu Arg Ile
50 55 60
Leu Asn Asn Asp Phe Lys Ala Met Gln Glu Ser Asp Ile Phe Val Phe
65 70 75 80
Asp Ile Leu Asn Glu Gly Leu Gly Thr Ile Ala Glu Leu Gly Ile Leu
85 90 95
Leu Gly Met Lys His Gln Ala Gln Lys Ile Ile Asp Lys Tyr Glu Asp
100 105 110
Ile Asp Phe Arg Asp Leu Glu Pro Leu Thr Gln Tyr Asp Ile Leu Glu
115 120 125
Ala Tyr Asn Ile Val Asn Lys Pro Val Leu Ile Tyr Cys Ser Asp Ile
130 135 140
Arg Gln Gly His Gly Lys Gly Tyr Asp Asp Pro Asp Arg Ala Glu Phe
145 150 155 160
Ser Thr Asn Gln Phe Ile Tyr Gly Cys Val Leu Ser Leu Thr Asn Gly

165 170 175
Glu Gly Phe Ile Ser Trp Glu Glu Val Leu Lys Arg Leu Glu Lys Leu
180 185 190
Gly Gly Gln Asp Gly
195

<210> 1203
<211> 297
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1203

Met Lys Ser Tyr Thr Lys Val Lys Asn Lys Gly Leu Ser Leu Asp Lys
1 5 10 15
Phe Lys Asp Arg Gly Phe Val Val Gln Glu Lys Leu Asp Gly Ser Asn
20 25 30
Ala Ser Phe Thr Thr Glu Asn Gly Glu Leu Val Cys Phe Ser Arg Arg
35 40 45
Lys Lys Leu Asn Glu Asn Glu Thr Leu Asn Gly Phe Tyr Asn Trp Val
50 55 60
His Glu Asn Met Thr Asp Lys Leu Asp Leu Ser Ile Leu Glu Gly Ile
65 70 75 80
Ile Ile Phe Gly Glu Trp Leu Val Lys His Lys Val Asn Tyr Lys Glu
85 90 95
Glu Cys Tyr Asn Asn Phe Tyr Val Phe Asp Val Tyr Asp Lys Asp Ser
100 105 110
Glu Thr Tyr Leu Pro Tyr Ser Glu Val Ile Ser Leu Ser Glu Thr Leu
115 120 125
Gly Leu Lys Thr Val Lys Thr Leu Met Ile Ile Glu Pro Ser Phe Tyr
130 135 140
Leu Asn Lys Leu Asn Pro Gln Glu Ile Gln Asp Leu Val Gly Lys Ser
145 150 155 160
Asp Met Thr Val Lys Pro Asn Thr Gly Glu Gly Ile Val Ile Lys Tyr
165 170 175
Leu Asp Gly Lys Ser Glu His Asp Asp Tyr Phe Lys Leu Val Ser Lys
180 185 190
Glu Phe Lys Glu Phe Ser Arg Lys Lys Met Lys Ser Glu Val Arg Ser
195 200 205
Asn Asp Ser Val Ala Asp Tyr Ala Ile Thr Lys Ser Arg Met Glu Lys
210 215 220
Met Ile Phe Arg Ala Ile Glu Glu Asn Arg Leu Ser Lys Asp Asp Leu
225 230 235 240
Glu Leu Glu Asn Phe Gly Leu Ile Met Lys Gln Val Gly Gln Asn Phe
245 250 255
Val Asp Asp Ile Met Glu Glu Glu Lys Glu Asn Met Met Lys Ile Ile
260 265 270
Glu Lys Gln Ile Lys Lys Lys Met Pro His Ile Leu Arg Gly Ile Leu
275 280 285

Glu Glu Lys Gly Asp Thr Ile Asp Gly
290 295

<210> 1204
<211> 74
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1204

Met Asn Tyr Leu Ala Lys Val Phe Ile Asn Asn Asn Trp Leu Val Lys
1 5 10 15
Leu Ile Thr Ile Val Leu Leu Thr Leu Leu Leu Gly Gly Leu Val Tyr
20 25 30
Val Ile Ser Ala Val Ala Leu Phe Leu Ser Thr Val Leu Asn Leu Pro
35 40 45
Gly Leu Val Val Leu Ala Phe Leu Ala Ser Val Ser Leu Ile Leu Phe
50 55 60
Ser Ile Val His Asn Ser Lys Glu Asp Asn
65 70

<210> 1205
<211> 246
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1205

Met Ala Ile Gln Leu Lys Glu Leu Asp Phe Lys Leu Lys Asp Tyr Pro
1 5 10 15
Asn Val Arg Tyr Asn Met Gly Glu His Leu Val Phe Asn Glu Phe Leu
20 25 30
Glu Lys Ala Thr Thr Glu Gln Leu Asp Phe Cys Glu Asp Phe Phe Asn
35 40 45
Asp Asn Val Glu Ile Leu Trp Asn Glu Ser Gln Ala Gly Thr Gly Lys
50 55 60
Thr Met Cys Ser Val Ala Cys Ala Tyr Ala Asp Tyr Leu Asn Lys Asp
65 70 75 80
Arg Lys Leu Val Phe Ile Ile Ser Pro Val Ser Glu Asp Leu Gly Ser
85 90 95
Arg Pro Gly Asn Gln Thr Glu Lys Glu Met Ala Tyr Phe Met Gly Leu
100 105 110
His Asp Ala Leu Ile Glu Leu Asn Met Asn Pro Glu Gln Gln Ile Thr
115 120 125
Glu Met Leu Met Met Glu Asp Asn Val Lys Glu Asp Lys Leu Gly Asp
130 135 140
Cys Trp Val Ser Gln Ile Ser His Leu Phe Leu Arg Gly Gly Asn Leu
145 150 155 160
Arg Asp Ser Thr Ile Ile Ile Asn Glu Ala Gln Asn Phe Lys Arg Ser
165 170 175

Glu Leu Lys Lys Val Leu Thr Arg Val His Thr Lys Asn Ser Thr Val
180 185 190
Ile Val Glu Gly Asn Phe Lys Gln Ile Asp Leu Lys Asn Glu Ser Lys
195 200 205
Ser Gly Phe Gly Asp Tyr Met Glu Tyr Phe Lys Lys Tyr Asp Gly Ala
210 215 220
Val Phe His Asn Phe Thr Val Asn Phe Arg Ser Lys Leu Ala Gln Tyr
225 230 235 240
Ala Asp Asn Phe Lys Trp
245

<210> 1206
<211> 204
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1206

Met Lys Lys Ile Asn Ser Val Ile Lys Gly Glu Gly Lys Lys Val Gln
1 5 10 15
Thr Thr Asp Val Arg Lys Ile Ser Tyr Tyr Val Lys Asp Tyr Asn Pro
20 25 30
Cys Met Thr Val Asp Asp Ala Asn Asp Tyr Asn Ser Thr Ser Gln Tyr
35 40 45
Leu Val Ser Asp Asn Gly Lys Phe Ile Ala Lys Tyr Asn Lys Asp Met
50 55 60
Asn Ala Val Gly Phe Tyr Glu Glu Ser Gly Asp Thr Val Lys His Leu
65 70 75 80
Thr His Thr Thr Pro Glu Arg Leu Glu Gly Thr Val Phe Thr Ile Glu
85 90 95
Glu Glu Thr Lys Ile Asp Leu Ile Asn Asp Thr Leu Pro Gln Gly Asp
100 105 110
Ile Leu Ile Lys Phe Ser Asp Gly Ser Ile Tyr Leu Pro Asp Asn Glu
115 120 125
Ser Val Leu Asp Ser Val Asn Tyr Leu Ala Asp Asn Asp Trp Asp Ser
130 135 140
Val Asp Asp Ile Ile Tyr Thr Gly Leu Ser Lys Gly Asn Ser Glu Asn
145 150 155 160
Cys Ile Val Asp Phe Asn Tyr Asn Asn Tyr Asp Ile Gly Tyr Asp Asp
165 170 175
Val Glu Asp Glu Glu Val Cys Asp Asn Tyr Pro Glu Cys Glu Cys Ser
180 185 190
Asn Tyr Cys Ser Ser Thr Gly Glu Tyr Ile Gly Asn
195 200

<210> 1207
<211> 141
<212> PRT
<213> Unknown
<220>

<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1207
Met Gln Asp Ser Val Asn Ile Tyr Thr Asp Gly Ser Ser Ser Tyr Asn
1 5 10 15
Lys Gly Lys Val Gly Ser Gly Ala Val Leu Val Ser Lys Glu Gly Asn
20 25 30
Ile Ile Ala Glu Ile Ser Lys Ser Val Asp Lys Pro Gly Leu Ile Lys
35 40 45
Tyr Asn Asn Val Ala Gly Glu Ile Leu Ala Cys Cys Tyr Gly Ile Glu
50 55 60
Glu Ala Ile Lys Leu Gly Tyr Asn Gln Ala Ile Val Tyr Ile Asp Tyr
65 70 75 80
Ile Gly Leu Ile His Trp Tyr Glu Gly Thr Trp Ser Ala Arg Asn Ile
85 90 95
Leu Ser Lys Thr Tyr Ile Asn Met Ile Arg Glu Tyr Gln Lys Val Ile
100 105 110
Asp Ile Asn Phe Val Lys Val Lys Ser His Ser Asn Asp Lys Trp Asn
115 120 125
Asp Tyr Ala Asp Asn Leu Ala Lys Lys Ser Ile Asp Ile
130 135 140
<210> 1208
<211> 63
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1208
Met Lys Lys Gly Val Phe Thr Val Ile Ala Asp Gly Phe Lys Phe Asn
1 5 10 15
Val Ile Ala Lys Asp Lys Lys Glu Val Gln Glu His Cys Phe Lys Cys
20 25 30
Phe Asp Phe Asn Tyr Ile Ser Val Ser Phe Cys Arg Glu Val Tyr Ser
35 40 45
Asp Cys Glu Phe Pro Gln Phe Met Glu Asp Tyr Lys Tyr Ala Gly
50 55 60
<210> 1209
<211> 213
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1209
Met Glu Asn Asn Asn Leu Val Asn Phe Leu Met Thr Thr Asp Asp Ile
1 5 10 15
Asp Asp Thr Ile Glu Met Val Asp Ser Phe Glu Leu Gln Asp Ile Asn
20 25 30
Lys Val Leu Gly Glu Asp Thr Phe Leu Thr Ile Met Glu Ile Thr Asp
35 40 45

Ser Leu Pro Asp Asn Gln Tyr Lys Ile Val Leu Leu Ser Ser Leu Asp
50 55 60
Lys Leu Leu Asn Thr Asp Arg Lys Glu Leu Val Glu Tyr Asp Glu Glu
65 70 75 80
Phe Pro Thr Ile Arg Lys His Asn Val Ser Glu Leu Lys Arg Asp Thr
85 90 95
Val Asn Ser Val Ile Asp Ser Tyr Met Asn Thr Asn Val Glu Ile Leu
100 105 110
Tyr Thr Glu Tyr Pro Thr Ile Ser Asn Tyr Ser Val Val Val Asp Ser
115 120 125
Val Lys Val Leu Asn Thr Leu Tyr Leu Ile Glu Ser Lys Asn Gly Lys
130 135 140
Ile Glu Ala Thr Leu Ser Glu Asp Gly Glu Asp Leu His Glu Tyr Ile
145 150 155 160
Ser Glu Glu Gly Tyr Ser Val Thr Asp Ile Leu Asn Lys Phe Asp Asp
165 170 175
Val Glu Asp Leu Phe Asp Glu Asp Asp Ser Leu Ile Asn Phe Phe Ser
180 185 190
Asp Ile Asp Glu Gly Lys Asn Lys Thr Ile Lys Ser Phe Ile Glu Leu
195 200 205
Val Ile Asn Leu Lys
210

<210> 1210
<211> 76
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1210

Met Asp Glu Lys Lys Glu Ser Lys Pro Leu Asn Leu Gln Lys Ile Arg
1 5 10 15
Val Glu Lys Gly His Thr Leu Arg Ser Leu Ala Ser Glu Ile Gly Val
20 25 30
His Tyr Ser Leu Ile Ser Tyr Trp Glu Tyr Gly Lys Lys Lys Pro Arg
35 40 45
Ser Ala Asn Leu Met Arg Leu Glu Lys Ala Leu Asn Thr Pro Gly Lys
50 55 60
Glu Leu Phe Lys Glu Leu Glu Glu Asp Asp Gly Glu
65 70 75

<210> 1211
<211> 75
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1211

Met Asn Lys Phe Lys Arg Trp Phe Arg Ile Asn Val Leu Lys Lys Glu
1 5 10 15

Thr Leu Leu Phe Lys Val Tyr Trp Arg Tyr Glu Ser Pro Ser Leu Lys
20 25 30
Lys Pro His Val Phe His Ile Glu Leu Tyr Ala Lys Ser Lys Ala Glu
35 40 45
Ala Arg Asp Lys Ser His Glu Tyr Ile Leu Lys Asn Ala Lys Ala Ser
50 55 60
Glu Asp Phe Lys Phe Leu Lys Val Glu Glu Lys
65 70 75

<210> 1212
<211> 235
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1212

Met Lys Lys Thr Ile Phe Ala Thr Leu Ala Leu Gly Thr Ala Ile Thr
1 5 10 15
Phe Gly Gly Met Ala Thr Asn Glu Ala Ser Ala Asp Glu Ile Asp Tyr
20 25 30
Asn Lys Leu Ala Glu Gln Ala Lys Ser Asn Ser Val Glu Val Asn Thr
35 40 45
Lys Pro Ile Gln Glu Gly Asn Tyr Asp Phe Ser Phe Ser Asp Gly Glu
50 55 60
Phe Thr Tyr His Phe Tyr Asn Tyr Asn Gly Asn Phe Gly Tyr Glu Tyr
65 70 75 80
His Ser Gly Ser Thr Gln Val Asp Asn Thr Val Ser Arg Leu Ala Gly
85 90 95
Glu Glu Gln Thr Pro Glu Gln Lys Val Asp Gln Gln Gln Ala Gln Phe
100 105 110
Asp Thr Gln Asn Lys Ala Val Glu Gln Pro Lys Gln Glu Thr Thr Thr
115 120 125
Gln Glu Ala Pro Lys Ser Val Glu Ala Pro Lys Val Glu Thr Lys Thr
130 135 140
Thr Ala Thr Lys Ser Thr Gly Gly Ser Val Ala Glu Gln Ile Arg Gln
145 150 155 160
Ala Gly Gly Asp Glu Ala Met Ile Glu Ile Ala Met Arg Glu Ser Thr
165 170 175
Leu Asn Pro Asn Ala Val Asn Pro Thr Ser Gly Ala Gln Gly Leu Phe
180 185 190
Gln Gly Leu Gly Lys Ser Trp Ser Gly Gly Ser Ile Ala Glu Gln Thr
195 200 205
Lys Gly Ala Lys Gln Tyr Met Ile Asp Arg Tyr Gly Ser Thr Ser Gly
210 215 220
Ala Leu Asn Phe His Asn Ala Asn Gly Asn Tyr
225 230 235

<210> 1213
<211> 264
<212> PRT

<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1213

```
Met Arg Lys Ser Val Val Ile Ser Gly Val Ile Gly Phe Leu Ala Ile
1               5                  10                  15
Ile Gly Phe Ile Ile Leu Leu Met Cys Ile Thr Lys Ile Pro Gln Gly
            20                  25                  30
His Val Gly Val Val Tyr Ser Val Asn Gly Val Lys Glu Asp Thr Lys
        35                  40                  45
Ser Pro Gly Trp His Leu Thr Ala Pro Phe Asp Lys Val Asn Lys Tyr
    50                  55                  60
Pro Thr Lys Thr Gln Thr His Lys Tyr Lys Asp Leu Asn Val Ala Thr
65                  70                  75                  80
Ser Asp Gly Lys Asn Leu Gln Met Asp Ile Asp Val Ser Tyr Lys Val
                85                  90                  95
Asp Ala Thr Lys Ala Val Asp Leu Phe Asn Arg Phe Gly Ser Ala Asp
            100                 105                 110
Ile Glu Glu Leu Glu Lys Gly Tyr Leu Arg Ser Arg Val Gln Asp Asn
        115                 120                 125
Val Arg Gln Ser Val Ser Lys Tyr Ser Val Ile Asp Ala Phe Gly Val
    130                 135                 140
Lys Thr Gly Gln Ile Lys Lys Asp Thr Leu Asp Ser Leu Asn Asp Asn
145                 150                 155                 160
Leu Glu Lys Gln Gly Phe Val Ile Glu Asp Ile Ala Leu Ser Ser Pro
                165                 170                 175
Lys Ala Asp Lys Asn Thr Gln Lys Ala Ile Asp Glu Arg Val Lys Ala
            180                 185                 190
Asn Gln Glu Leu Glu Arg Thr Lys Val Asp Lys Gln Ile Ala Glu Glu
        195                 200                 205
Asn Ala Lys Lys Lys Glu Val Glu Ala Lys Gly Glu Lys Lys Ala Asn
    210                 215                 220
Asp Ile Arg Ser Glu Ser Leu Thr Asp Glu Val Leu Gln Gln Gln Leu
225                 230                 235                 240
Ile Glu Lys Trp Asp Gly Lys Gln Pro Ile Gln Ile Gly Gly Asp Gly
                245                 250                 255
Thr Ile Val Asp Val Thr Gly Lys
            260
```

<210> 1214
<211> 102
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1214

```
Met Ala Leu Phe Leu Thr Tyr Phe Ala Ile Phe Ile Val Phe Leu Val
1               5                  10                  15
Leu Val Gly Phe Gly Met Ser Tyr Val Phe Asp Phe Leu Ser Met Arg
```

20 25 30

Glu Lys Lys Ser Asn Ile Arg Lys Gln Tyr Arg Glu Leu Val Arg Gln
35 40 45

Gly Thr Leu Glu Glu Tyr Gly Leu Glu Gln Tyr Val Lys Tyr Lys Lys
50 55 60

Gln Phe Leu Asn Asp Arg Arg Gln Ser Leu Val Thr Lys Ala Asp Lys
65 70 75 80

Gln Glu Ile Asp Lys Glu Glu Lys Ala Leu Asn Ser Leu Ile Lys Glu
85 90 95

Ile Glu Lys Gly Glu Met
100

<210> 1215
<211> 206
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1215

Met Glu Asn Ile Ile Gly Lys Lys Ile Glu Lys Leu Phe Val Glu Glu
1 5 10 15

Tyr Val Gly Ser Asp Lys Ile Lys Gly Lys Leu Tyr Leu Cys Leu Cys
20 25 30

Asp Cys Gly Met Asp Arg Val Leu Ser Lys Ser Gln Leu Tyr Tyr Tyr
35 40 45

Lys Ser Cys Gly Cys Met Lys Ser Arg Asn Gly Ser Lys Lys His Pro
50 55 60

Glu Tyr Thr Val Trp Arg Lys Met Lys Glu Arg Cys Tyr Asn Lys Asn
65 70 75 80

Gln Asp Ser Tyr Pro Tyr Tyr Gly Gly Arg Gly Ile Glu Val Cys Asp
85 90 95

Arg Trp Lys Asn Ser Phe Glu Ser Phe Leu Tyr Asp Met Gly Lys Arg
100 105 110

Pro Ser Asp Lys Tyr Gln Leu Asp Arg Lys Asp Asn Asp Gly Asn Tyr
115 120 125

Ser Pro Glu Asn Cys Arg Trp Thr Thr Arg Ser Glu Asn Ile Val Asn
130 135 140

Arg Pro Ser Lys Leu Glu Gly Leu Lys Asn Ile Gln Glu Arg Thr Asn
145 150 155 160

Gly Lys Tyr Arg Val Ser Ile Thr Arg Asn Asn Ile Arg Tyr Gln Ser
165 170 175

Tyr Gln Val Asp Ser Ile Lys Glu Ala Ile Asn Leu Arg Asp Arg Met
180 185 190

Leu Lys Glu Tyr Glu Glu Thr Lys Ser Ile Thr Ile Phe Lys
195 200 205

<210> 1216
<211> 496
<212> PRT
<213> Unknown

<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1216

```
Met Ala Lys Thr Gln Ala Glu Ile Asn Lys Arg Leu Asp Ala Tyr Ala
1               5                  10                  15
Lys Gly Thr Val Asp Ser Pro Tyr Arg Val Lys Lys Ala Thr Ser Tyr
            20                  25                  30
Asp Pro Ser Phe Gly Val Met Glu Ala Gly Ala Ile Asp Ala Asp Gly
        35                  40                  45
Tyr Tyr His Ala Gln Cys Gln Asp Leu Ile Thr Asp Tyr Val Leu Trp
    50                  55                  60
Leu Thr Asp Asn Lys Val Arg Thr Trp Gly Asn Ala Lys Asp Gln Ile
65                  70                  75                  80
Lys Gln Ser Tyr Gly Thr Gly Phe Lys Ile His Glu Asn Lys Pro Ser
                85                  90                  95
Thr Val Pro Lys Lys Gly Trp Ile Ala Val Phe Thr Ser Gly Ser Tyr
            100                 105                 110
Glu Gln Trp Gly His Ile Gly Ile Val Tyr Asp Gly Gly Asn Thr Ser
        115                 120                 125
Thr Phe Thr Ile Leu Glu Gln Asn Trp Asn Gly Tyr Ala Asn Lys Lys
    130                 135                 140
Pro Thr Lys Arg Val Asp Asn Tyr Tyr Gly Leu Thr His Phe Ile Glu
145                 150                 155                 160
Ile Pro Val Lys Ala Gly Thr Thr Val Lys Lys Glu Thr Ala Lys Lys
                165                 170                 175
Ser Ala Ser Lys Thr Pro Ala Pro Lys Lys Lys Ala Thr Leu Lys Val
            180                 185                 190
Ser Lys Asn His Ile Asn Tyr Thr Met Asp Lys Arg Gly Lys Lys Pro
        195                 200                 205
Glu Gly Met Val Ile His Asn Asp Ala Gly Arg Ser Ser Gly Gln Gln
    210                 215                 220
Tyr Glu Asn Ser Leu Ala Asn Ala Gly Tyr Ala Arg Tyr Ala Asn Gly
225                 230                 235                 240
Ile Ala His Tyr Tyr Gly Ser Glu Gly Tyr Val Trp Glu Ala Ile Asp
                245                 250                 255
Ala Lys Asn Gln Ile Ala Trp His Thr Gly Asp Gly Thr Gly Ala Asn
            260                 265                 270
Ser Gly Asn Phe Arg Phe Ala Gly Ile Glu Val Cys Gln Ser Met Ser
        275                 280                 285
Ala Ser Asp Ala Gln Phe Leu Lys Asn Glu Gln Ala Val Phe Gln Phe
    290                 295                 300
Thr Ala Glu Lys Phe Lys Glu Trp Gly Leu Thr Pro Asn Arg Lys Thr
305                 310                 315                 320
Val Arg Leu His Met Glu Phe Val Pro Thr Ala Cys Pro His Arg Ser
                325                 330                 335
Met Val Leu His Thr Gly Phe Asn Pro Val Thr Gln Gly Arg Pro Ser
            340                 345                 350
Gln Ala Ile Met Asn Lys Leu Lys Asp Tyr Phe Ile Lys Gln Ile Lys
```

```
        355                 360                 365
Asn Tyr Met Asp Lys Gly Thr Ser Ser Ser Thr Val Val Lys Asp Gly
    370                 375                 380
Lys Thr Ser Ser Ala Ser Thr Pro Ala Thr Arg Pro Val Thr Gly Ser
385                 390                 395                 400
Trp Lys Lys Asn Gln Tyr Gly Thr Trp Tyr Lys Pro Glu Asn Ala Thr
                405                 410                 415
Phe Val Asn Gly Asn Gln Pro Ile Val Thr Arg Ile Gly Ser Pro Phe
            420                 425                 430
Leu Asn Ala Pro Val Gly Gly Asn Leu Pro Ala Gly Ala Thr Ile Val
        435                 440                 445
Tyr Asp Glu Val Cys Ile Gln Ala Gly His Ile Trp Ile Gly Tyr Asn
    450                 455                 460
Ala Tyr Asn Gly Asn Arg Val Tyr Cys Pro Val Arg Thr Cys Gln Gly
465                 470                 475                 480
Val Pro Pro Ser His Val Pro Gly Val Ala Trp Gly Val Phe Lys Gly
                485                 490                 495
<210> 1217
<211> 167
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1217
Met Ala Asn Glu Thr Lys Gln Pro Lys Val Val Gly Gly Ile Asn Leu
1               5                   10                  15
Ser Thr Arg Thr Lys Ser Lys Thr Phe Trp Val Ala Ile Ile Ser Ala
            20                  25                  30
Val Ala Leu Phe Ala Asn Gln Ile Thr Gly Ala Phe Gly Leu Asp Tyr
        35                  40                  45
Ser Ala Gln Ile Glu Gln Gly Val Asn Ile Val Gly Ser Ile Leu Thr
    50                  55                  60
Leu Leu Ala Gly Leu Gly Ile Ile Val Asp Asn Asn Thr Lys Gly Leu
65                  70                  75                  80
Lys Asp Ser Asp Ile Val Gln Thr Asp Tyr Leu Lys Pro Arg Asp Ser
                85                  90                  95
Lys Asp Pro Asn Glu Phe Val Gln Trp Gln Ala Asn Ala Asn Asn Ala
            100                 105                 110
Ser Thr Phe Glu Ile Asp Ser Tyr Glu Asn Asn Ala Glu Pro Asp Thr
        115                 120                 125
Asp Asp Ser Asp Glu Val Pro Ala Ile Glu Asp Glu Ile Asp Gly Gly
    130                 135                 140
Ser Ala Pro Ser Gln Asp Glu Glu Asp Thr Glu Glu His Gly Lys Val
145                 150                 155                 160
Phe Ala Glu Glu Glu Val Lys
                165
<210> 1218
<211> 61
```

<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1218

Met	Ala	Ser	Ala	Lys	Gln	Leu	Tyr	Tyr	Thr	Glu	Ser	Leu	Val	Gly	Lys
1				5				10						15	
Ala	Ile	Ile	Asn	Asn	Lys	Val	Ser	Asn	Lys	Glu	Glu	Val	Trp	Asp	Lys
			20					25				30			
Leu	Glu	Leu	Leu	Pro	Glu	Thr	Lys	Leu	Glu	Asp	Leu	Asp	Asn	Lys	Gln
		35					40				45				
Met	Ser	Glu	Val	Ile	Lys	Lys	Leu	Asn	Gln	Ile	Asn	Glu			
	50					55					60				

<210> 1219
<211> 72
<212> RNA
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1219
acacccuuag uauaauuagu aguacaaggg ucuccaaaac ccuuagucuu ugugcaaauc 60
aaagagggug ug 72
<210> 1220
<211> 73
<212> RNA
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1220
gguuucuuag cucagauggu agagcacuag auugaagcuc uaggugucau ugguucaaau 60
ccaauagaaa cca 73
<210> 1221
<211> 74
<212> RNA
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1221
ggcucauugg uguaacuggu uaacacacug cccugucacg gcagagagua cgaguucgag 60
ucucguaugg gucg 74
<210> 1222
<211> 72
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1222

Met	Lys	Arg	Gln	Lys	Met	Phe	Tyr	Ser	Ser	Leu	Ile	Cys	Lys	Glu	Cys

1 5 10 15
Gly Asn Val Phe Lys Val Pro Arg Lys Arg Ala Asn Lys Arg Glu Glu
20 25 30
Gly His Ile Lys Asp Ile Tyr Cys Ile Lys Cys Cys Lys Thr Thr Lys
35 40 45
His Ile Glu Asp Asn Arg Ser Glu Ala Glu Arg Arg Trp Asp Ala Ile
50 55 60
Gln Glu Glu Leu Thr Lys Asp Asn
65 70

<210> 1223
<211> 69
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1223
Met Ser Lys His Ile Glu Ile Thr Met Ser Ser Gly Ala Lys Tyr Phe
1 5 10 15
Leu Val Ser Thr Asp Glu Lys Ser Tyr Asn Arg Gln Asp Ile Asp Tyr
20 25 30
Met Leu Arg Gly Met Asp Glu Thr Ser Ile Lys Val Tyr Thr Glu Ser
35 40 45
Ala Ile Thr Ser Pro Gln Val Tyr Ile Asn Pro Asn Arg Ile Glu Ser
50 55 60
Phe Lys Ile Val Phe
65

<210> 1224
<211> 110
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1224
Leu Asp Lys Glu Ile Asn Asn Leu Val Ser Gln Val Glu Thr Ile Lys
1 5 10 15
Ser Lys Ile Gln Glu Gly Asn Tyr Ile Asp Arg Gly Thr Phe Lys Asp
20 25 30
Leu Glu Val Glu Val Ala Glu Leu Arg Lys Met Ile Val Ser Ile Asp
35 40 45
Lys Asp Val Ala Val Asn Ser Glu Lys Gln Ser Ala Ile Tyr Val Gln
50 55 60
Leu Glu Arg Leu Asp Glu Lys Ile Ser Glu Leu Ala Glu Ser Thr Lys
65 70 75 80
Thr Lys Asp Thr Lys Lys Lys Asp Thr Thr Glu Lys Val Leu Leu Leu
85 90 95
Val Leu Gly Ala Ile Leu Ser Phe Val Phe Asn Lys Phe Ala
100 105 110

<210> 1225

<211> 108
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1225

```
Leu Thr Lys Tyr Lys Asp Ile Leu Lys Leu Glu Phe Lys Asp Ser Leu
1               5                  10                  15
Ala His Phe Lys Arg Asp Arg Arg Phe Phe His Met Tyr Arg Ile Asp
            20                  25                  30
Arg Leu Leu Ile Asn Gly Ser Ile Ile Tyr Phe Asp Tyr Tyr Tyr Leu
        35                  40                  45
Pro Ser Asp Asp Pro Asn Ile Val Ile Lys Glu Leu Asp Leu Gln Asp
    50                  55                  60
Phe Gly Lys Leu Arg Phe Glu Ile Asp Thr Lys Thr Ser Tyr Gly Lys
65                  70                  75                  80
Val Val Thr Asp Asn Tyr Met Glu Ile Ile Asn Asp Phe Leu Glu Asn
                85                  90                  95
Tyr Asp Ile His Ser Glu Ser Glu Thr Val Arg Pro
            100                 105
```

<210> 1226
<211> 128
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1226

```
Leu Asn Asn Asn Ile Ala Ile Phe Ile Phe Lys Thr Leu Val Ile Ile
1               5                  10                  15
Ile Phe Leu Leu Leu Phe Leu Ser Val Val Asn Ser Leu Ser Leu Ile
            20                  25                  30
Tyr Ser Ile Arg Pro Ser Val Val Met Ala Tyr Phe Thr Phe Gly Gly
        35                  40                  45
Ile Val Ser Asp Val Ala Leu Thr Met Thr Asp Lys Phe Leu Leu Lys
    50                  55                  60
Lys Glu Asp Pro Leu Pro Glu Tyr Val Leu Lys Lys Val Glu Ile Asn
65                  70                  75                  80
Asp Lys Glu Ile Ser Ile Ile Lys Lys Ile Ile Glu Ser Asn Tyr Asp
                85                  90                  95
Ile Thr Ser Glu Glu Ile Lys Val Arg Ala Lys Ala Gln Gln Arg Leu
            100                 105                 110
Glu Glu Asp Ser Lys Glu Glu Asp Asn Asp Glu Asn Glu Glu Arg Asn
        115                 120                 125
```

<210> 1227
<211> 92
<212> PRT
<213> Unknown
<220>

<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1227

Met	Lys	Thr	Lys	Lys	Glu	Ile	Lys	Glu	Gln	Arg	Lys	Glu	Leu	Lys	Asp
1				5				10						15	
Gly	Ala	Thr	Thr	Val	Ser	Leu	Val	Lys	Lys	Gly	Asp	Lys	Arg	Ile	Ala
			20					25					30		
Ser	Pro	Ser	Arg	Ile	Cys	Ser	Leu	Cys	Gly	Gln	Gln	Leu	Ser	Gly	Met
		35					40					45			
Ser	Tyr	Thr	Lys	Gly	Lys	Ala	Leu	Ser	Lys	Val	Asn	His	Phe	His	Leu
	50					55					60				
Gln	Tyr	Ser	Lys	Tyr	Ile	Tyr	Phe	Asp	Ile	Cys	Ala	Asp	Ile	Asn	Asn
65					70					75					80
Cys	Tyr	Lys	Asn	Leu	Arg	Lys	Arg	Gly	Glu	Met	Asp				
				85					90						

<210> 1228
<211> 136
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1228

Leu	Ser	Ala	Glu	Asn	Ile	Arg	Asp	Ile	Ile	Asn	Lys	Lys	Lys	Leu	Glu
1				5				10						15	
Glu	Glu	Asp	Thr	Arg	Lys	Tyr	Ile	Ala	Asp	Gly	Phe	Met	Asn	Gly	Ile
			20					25					30		
Gly	Lys	Leu	Met	Tyr	Glu	Phe	Asn	Lys	Lys	Val	Asp	Asn	Lys	Glu	Ile
		35					40					45			
Glu	Val	Lys	Asp	Pro	Asn	Asp	Leu	Tyr	Lys	Leu	Phe	Val	Ile	Phe	Ser
	50					55					60				
Gln	Met	Gln	Asn	Met	Val	Asn	Glu	Thr	Ser	Glu	Gly	Gly	Ala	Ile	Pro
65					70					75					80
Gln	Leu	Ser	Arg	Pro	Gln	Gln	Glu	Leu	Phe	Glu	Glu	Ile	Thr	Thr	Glu
				85					90					95	
Asp	Ser	Asn	Gly	Glu	Ser	Thr	Val	Asp	Leu	Gln	Lys	Ile	Ser	Glu	Met
			100					105					110		
Ser	Ala	Glu	Asp	Ile	Thr	Glu	Met	Ile	Ser	Glu	Lys	Glu	Lys	Val	Met
		115					120					125			
Asn	Glu	Glu	Asn	Ser	Lys	Thr	Phe								
	130					135									

<210> 1229
<211> 79
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1229

Met	Asp	Gly	Lys	Glu	Leu	Ile	Lys	Ile	Ala	Gln	Glu	Thr	Phe	Gln	Thr
1				5				10						15	

Glu Lys Ile Thr Arg Glu Gln Ile Asp His Ile Ile Asn Met Leu Asn
20 25 30
Pro Ser Thr Tyr Met Leu Lys Tyr His Thr Leu Arg Gly His Pro Ile
35 40 45
Thr Phe Ser Ile Pro Asn Arg Asp Arg Ser Lys Ala Gln Ala His Arg
50 55 60
Pro Trp Gln Val Arg Lys His Thr Met Arg Thr Ile Asn Leu Phe
65 70 75

<210> 1230
<211> 47
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1230

Met Ile Val Asn Asp Thr His Pro Asn Lys Ala Val Ile Lys Ser Arg
1 5 10 15
Gln Leu Gly Leu Ser Glu Met Gly Val Met Glu Met Val His Phe Ala
20 25 30
Asp Met His Ser Tyr Ala Asn Ala Lys Cys Leu Tyr Thr Phe Asn
35 40 45

<210> 1231
<211> 303
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1231

Met Gly Lys Lys Leu Thr Asn Thr Glu Phe Leu Asn Arg Val Phe Gln
1 5 10 15
Leu Val Ser Asp Glu Tyr Ser Phe Leu Glu Glu Tyr Lys Gly Arg His
20 25 30
Thr Lys Leu Arg Cys Lys His Asn Leu Cys Ser Tyr Glu Trp Asp Val
35 40 45
Glu Pro Gly Ala Phe Leu Gly Asn Lys Asn Lys Ala Gly Ser Arg Cys
50 55 60
Pro Ser Cys Tyr Gly Asn Val Thr Lys Thr Thr Asp Lys Phe Lys Lys
65 70 75 80
Glu Ile Tyr Asn Leu Thr Lys Asp Glu Tyr Arg Leu Leu Ser Glu Tyr
85 90 95
Ile Asn Ala Lys Thr Lys Val Lys Ile Lys His Ser Lys Cys Gly Asn
100 105 110
Thr Phe Ser Met Thr Pro Asn Thr Phe Ile Asn Gly Ser Arg Cys Pro
115 120 125
Glu Cys Asn Pro Gln Lys Pro Tyr Asn Thr Asp Ser Ala Lys Asp Arg
130 135 140
Ile Asn Lys Glu Thr Asn Gly Thr Phe Glu Leu Val Ser Glu Tyr Lys
145 150 155 160

Gly Cys Tyr Glu Leu Met Lys Leu Lys His His Glu Cys Gly Asn Ile
165 170 175
Val Glu Ile Asn Met Gln Ser Ile Asp Ser Asn Arg Leu Asn Cys Pro
180 185 190
Tyr Cys Tyr Asn Arg Ser Arg Gly Glu Leu Leu Val Ser Ser Phe Leu
195 200 205
Leu Ser Lys Asn Ile Pro Phe Glu Val Gln Lys Arg Phe Asp Gly Phe
210 215 220
Lys Lys Tyr Pro Tyr Asp Phe Tyr Ile Ala Asp Tyr Asn Thr Val Ile
225 230 235 240
Glu Tyr His Gly Glu Gln His Tyr Lys Pro Ile Lys Phe Tyr Gly Gly
245 250 255
Glu Asp Arg Leu Val Arg Gln Lys Asn Ile Asp Leu Lys Lys Lys Asn
260 265 270
Phe Val Glu Gly Lys Gly Ile Asn Tyr Leu Glu Ile Pro Tyr Thr Leu
275 280 285
Asn Asn Gln Asn Lys Val Asn Glu Phe Leu Ile Asn Tyr Phe Lys
290 295 300

<210> 1232
<211> 486
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1232

Met Lys Lys Phe Val Gln Ser Arg Leu Asn Pro Val Leu Glu Lys Glu
1 5 10 15
Tyr Phe Arg Asp Ile Val Asp Trp Asp Lys Asp Ser Leu Gly Phe Lys
20 25 30
Lys Ile Arg Asn Ser Ser Leu Phe Phe Arg Thr Ser Ser Lys Ala Ser
35 40 45
Thr Val Glu Gly Val Asp Ile Asp Tyr Leu Ser Leu Asp Glu Tyr Asp
50 55 60
Arg Val Asn Leu Leu Ala Glu Ser Ser Ala Leu Glu Ser Met Ser Ser
65 70 75 80
Ser Pro Phe Lys Ile Val Arg Arg Trp Ser Thr Pro Ser Val Pro Gly
85 90 95
Met Gly Ile His Lys Leu Tyr Gln Gln Ser Asp Gln Trp Tyr Tyr Gly
100 105 110
His Arg Cys Gln His Cys Asp Tyr Leu Asn Glu Met Ser Tyr Asn Asp
115 120 125
Tyr Asn Pro Asp Asn Leu Glu Glu Ser Gly Asn Met Leu Cys Val Asn
130 135 140
Pro Glu Gly Val Asp Glu Gln Ala Lys Thr Val Gln Asn Gly Ser Tyr
145 150 155 160
Gln Phe Val Cys Gln Lys Cys Gly Lys Pro Leu Asp Arg Trp Tyr Asn
165 170 175
Gly Glu Trp His Cys Lys Tyr Pro Glu Arg Thr Lys Gly Asn Lys Gly

180 185 190

Val Arg Gly Tyr Leu Ile Thr Gln Met Asn Ala Val Trp Ile Ser Ala
195 200 205

Asp Glu Leu Lys Glu Lys Glu Met Asn Thr Glu Ser Lys Gln Ala Phe
210 215 220

Tyr Asn Tyr Ile Leu Gly Tyr Pro Phe Glu Asp Val Lys Leu Arg Val
225 230 235 240

Asn Glu Glu Asp Val Tyr Gly Asn Lys Ser Pro Ile Ala Glu Thr Gln
245 250 255

Leu Met Lys Arg Asp Arg Tyr Ser His Ile Ala Ile Gly Ile Asp Trp
260 265 270

Gly Asn Thr His Trp Ile Thr Val His Gly Met Leu Pro Asn Gly Lys
275 280 285

Val Asp Leu Ile Arg Leu Phe Ser Val Lys Lys Met Thr Arg Pro Asp
290 295 300

Leu Val Glu Ala Asp Leu Glu Lys Ile Ile Trp Glu Ile Ser Lys Tyr
305 310 315 320

Asp Pro Asp Ile Ile Ile Ala Asp Asn Gly Asp Ser Gly Asn Asn Val
325 330 335

Leu Lys Leu Ile Asn His Phe Gly Lys Asp Lys Val Phe Gly Cys Thr
340 345 350

Tyr Lys Ser Ser Pro Lys Ser Thr Gly Gln Leu Arg Pro Glu Phe Asn
355 360 365

Glu Asn Asn Asn Arg Val Thr Val Asp Lys Leu Met Gln Asn Lys Arg
370 375 380

Tyr Val Gln Ala Leu Lys Thr Lys Asp Ile Ser Val Tyr Ser Thr Val
385 390 395 400

Asp Asp Asp Leu Lys Thr Phe Leu Lys His Trp Gln Asn Val Val Ile
405 410 415

Met Asp Glu Glu Asp Glu Lys Thr Gly Glu Met Tyr Gln Val Ile Lys
420 425 430

Arg Lys Gly Asp Asp His Tyr Ala Gln Ala Ser Val Tyr Ala Tyr Ile
435 440 445

Gly Leu Thr Arg Ile Lys Glu Leu Leu Lys Glu Gly Asn Gly Thr Ser
450 455 460

Phe Gly Ser Thr Phe Val Ser Thr Asp Tyr Asn Gln Glu Gly Asn Lys
465 470 475 480

Gln Phe Tyr Phe Asp Glu
485

<210> 1233
<211> 273
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1233

Met Asn Arg Gly Glu Ile Asp Leu Thr Asp Lys Leu Phe Tyr Gly Thr
1 5 10 15

Ile Ser Asn Glu Glu Ile Asn Lys Ser Val Leu Asn Leu Leu Leu Gly
20 25 30
Glu Glu Leu Ser Leu Asp Tyr Val Ser Lys Asn Ser Asp Thr Leu Asp
35 40 45
Val Lys Tyr Glu His Val Tyr Lys Ser Leu Gly Phe Asp Asn Phe Phe
50 55 60
Asp Cys Phe Leu Tyr Ala Asn Arg Glu Pro Glu Ile Val His Lys Gly
65 70 75 80
Gly Asp Lys Asn Leu Gly Gly Leu Asn Lys Val Lys Arg Thr Val Ile
85 90 95
Arg Asn Gly Lys Glu Met Glu Met Thr Val Tyr Glu Asp Gly Asn Lys
100 105 110
Glu Asn Asp Ser Lys Glu Lys Gln Glu Gly Lys Glu Glu Val Ser Arg
115 120 125
Ser Ala Val Gly Ala Arg Ala Ile Ser Asn Gly Glu Glu Gly Lys Val
130 135 140
Asn Pro Lys Lys Val Ala Asn Ser Leu Ser Ser Leu Ser Lys Lys Gly
145 150 155 160
Val Asp Val Ser His Ile Asn Thr Asn Leu Ser Leu Tyr Lys Glu Phe
165 170 175
Val Asp Asp Asn Gly Asp Thr Leu Gly Ile Thr Ser Phe Lys Arg Thr
180 185 190
Glu Asn Asp Ile Ile Leu Glu Ser Tyr Ala Ser Ser Pro Asp Ser Asp
195 200 205
Gly Val Gly Ala Arg Ala Ile Met Glu Leu Leu Arg Leu Ser Ile Lys
210 215 220
Glu Asn Lys Asn Ala Val Val Tyr Asp Ile Glu Leu Pro Glu Ala Val
225 230 235 240
Glu Tyr Leu Lys Thr Leu Gly Phe Lys Pro Asn Lys Asp Gly Tyr Ile
245 250 255
Leu Arg Lys Lys Asp Val Lys Gln Phe Leu Gly Asp Tyr Ser Asp Phe
260 265 270
Ile

<210> 1234

<211> 60

<212> PRT

<213> Unknown

<220>

<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10

<400> 1234

Val Ile Ile Val Ile Leu Phe Ser Thr Ile Val Ile Tyr Ser Ile Val
1 5 10 15
Phe Ile Leu Tyr Ile Val Leu Lys Thr Ile Tyr Ile Lys Ser Asn Met
20 25 30
Ser Arg Ile Asp Asn Thr Thr Glu Leu Leu Lys Ile Leu Gln Glu Asp
35 40 45
Ile Glu Gly Lys Ile Lys Lys Glu Gly Arg Asn Lys
50 55 60

<210> 1235
<211> 159
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1235

Met Thr Leu Glu Glu Asn Lys Leu Thr Leu Glu Glu Ser Ile Thr Pro
1 5 10 15
Leu Ser Lys Glu Glu Lys Glu Asp Ser Ile Lys Glu Phe Ser Ser Leu
20 25 30
Leu Cys Glu Met Val Asn Arg Leu Tyr Lys Ser Tyr Asn Val Phe Arg
35 40 45
Gln Asp Pro Met Asp Glu Thr Gln Arg Leu Asp Gly Ser Leu Met Val
50 55 60
Phe Gln Ser Arg Leu Asn Asp Pro Leu Thr Gly Asp Leu His Asp Lys
65 70 75 80
Met Tyr Lys Leu Ala Phe Ser Lys Arg Ile Asp Ile Phe Glu Ala Asn
85 90 95
Lys Gln Phe Arg Lys Asp Val Glu Ala Gly Lys Ala Ile Glu Leu Gly
100 105 110
Asp Val Ala Ile Ile Asp Thr Ala Leu Ser Asn Ile Leu Ser Gly Asn
115 120 125
Glu Phe Gln Gly Ser Ile Ser Phe Met Leu Arg Lys Asp Phe Glu Glu
130 135 140
Lys Glu Arg Ile Arg Lys Glu Glu Glu Glu Lys Leu Asn Asn Leu
145 150 155

<210> 1236
<211> 403
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1236

Leu Lys Lys Lys Pro Gln Gly Asn Glu Val Ile Ile Thr Ile Ile Thr
1 5 10 15
Val Met Ile Ala Val Phe Val Val Ile Met Thr Ile Phe Phe Asn Lys
20 25 30
Tyr Gln Asp Ala Lys Glu Asp Lys Asp Arg Tyr Gln Arg Leu Val Glu
35 40 45
Ile Tyr Lys Lys Ala Asp Asp Asn Asp Gly Glu Thr Lys Lys Lys Tyr
50 55 60
Val Lys Arg Leu Asn Lys Ala Glu Glu Glu Leu Lys Lys Val Lys Lys
65 70 75 80
Glu Thr Asn Tyr Lys Asp Tyr Asn Lys Lys Ser Ser Lys Glu Arg Gln
85 90 95
Lys Glu Asp Lys Glu Thr Arg Glu Lys Ile Tyr Asp Val Thr Gly Asp
100 105 110

Asp Asp Leu Ile Leu Val Lys Asn Asn Ile Asp Phe Ser Asp Lys Val
115 120 125
Asp Lys Pro Glu Ile Leu Ile Ser Glu Asp Gly Ile Gly Thr Ile Thr
130 135 140
Val Pro Val Asp Ser Gly Tyr Glu Lys Gln Thr Val Gly Ser Ile Ile
145 150 155 160
Thr Ser Val Leu Gly Ser Pro Phe Leu Ser Pro Gly Ser Asn Ser Ile
165 170 175
Asp Gly Leu Ser Val Ile Asn Asp Asn Val Tyr Pro Asn Thr Val Asp
180 185 190
Ser Ile Val Glu Asp Thr Lys Pro Ser Ile Asn Leu Pro Met Asp Asn
195 200 205
Pro Ile Ile Thr Asn Pro Val Glu Pro Thr Ile Pro Ser Asp Thr Ile
210 215 220
Pro Pro Ile Asp Asn Pro Ser Val Pro Val Phe Pro Glu Asn Pro Val
225 230 235 240
Asp Asn Asn Gln Gly Asn Thr Asp Asn Pro Asn Pro Pro Pro Pro Gly
245 250 255
Tyr Thr Asp Glu Asp Gly Gly Arg Gly Ser Gly Gly Gly Gly Asn Ser
260 265 270
Glu Pro Pro Ser Thr Glu Glu Pro Ser Asp Asn Gly Asn Thr Gly Gly
275 280 285
Gly Asp Trp Glu Glu Lys Pro Asp Pro Gly Glu Glu Pro Ser Asp Asn
290 295 300
Gly Asn Thr Gly Gly Asn Gly Gly Glu Val Thr Pro Glu Pro Asp Pro
305 310 315 320
Thr Pro Ser Glu Pro Glu Gln Pro Asn Glu Asn Ser Asp Glu Gly Asn
325 330 335
Glu Glu Lys Pro Ser Glu Pro Ser Asp Asn Pro Asp Glu Asn Gly Gly
340 345 350
Trp Glu Thr Glu Pro Thr Glu Pro Glu Ser Pro Ser Glu Pro Asp Asp
355 360 365
Lys Val Asp Glu Glu Asp Lys Asn Glu Asp Thr Thr Asp Asp Lys Gln
370 375 380
Pro Thr Glu Gln Pro Asp Asp Asn Asn Ile Asp Asn Glu Asp Lys Thr
385 390 395 400
Glu Glu Glu

<210> 1237
<211> 94
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1237

Met Ile Phe Val His Ser Lys Phe Ser Ser Lys Asn Val Phe Val Leu
1 5 10 15
Tyr Val Ile Tyr Ala Ile Ile Gly Ile Gly Thr Tyr Ile Val Leu Thr
20 25 30

Met Phe Gln Thr Thr Ser Val Leu Ile Lys Asn Asp Val Ile Asp Ser
35 40 45
Ile Glu Asn Thr Glu His Tyr Ile Gly Phe Asn Asp Pro Ile Ile Ile
50 55 60
Phe Thr Ile Ser Phe Ile Gly Ala Ile Leu Gly Gly Ile Trp Tyr Lys
65 70 75 80
Met Met Lys Ile Ile Lys Lys Ser Asn Phe Lys Asp Lys Lys
85 90

<210> 1238
<211> 126
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1238
Val Asn Arg Leu Ile Phe Ser Lys Asp Lys Lys Trp Asp Glu Ala Lys
1 5 10 15
Asp Phe Ile Lys Gly Gln Gly Met Gln Asp Asn Trp Ile Glu Ile Val
20 25 30
Asp Tyr Tyr Arg Gln Ile Gly Gly Lys His Val Ala Val Phe Ile Ala
35 40 45
Leu Asn Lys Val Lys Tyr Met Ile Leu Glu Ala Thr Lys Asp Asn Lys
50 55 60
Val Ile Leu Val Asp Lys Asp Asn Asn Ile Leu Leu Glu Asp Tyr Asp
65 70 75 80
Ile Val Met Glu Ser Lys Lys Met Phe Tyr Tyr Ile Glu Glu Pro Phe
85 90 95
Glu Val Lys Ile Asn Ile Pro Gln His Ile Arg Asp Val Thr Tyr Asn
100 105 110
Asn Thr Val Val Leu Thr Thr Val Arg Gly Ser Arg Gly Asp
115 120 125

<210> 1239
<211> 566
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1239
Leu Ala Asp Leu Phe Lys Gln Phe Arg Leu Gly Lys Asp Tyr Gly Asn
1 5 10 15
Asn Ser Thr Ile Ala Gln Val Pro Ile Asp Glu Gly Leu Gln Ala Asn
20 25 30
Ile Lys Lys Ile Glu Gln Asp Asn Lys Glu Tyr Gln Asp Leu Thr Lys
35 40 45
Ser Leu Tyr Gly Gln Gln Gln Ala Tyr Ala Glu Pro Phe Ile Glu Met
50 55 60
Met Asp Thr Asn Pro Glu Phe Arg Asp Lys Arg Ser Tyr Met Lys Asn
65 70 75 80

```
Glu His Asn Leu His Asp Val Leu Lys Lys Phe Gly Asn Asn Pro Ile
                85                  90                  95
Leu Asn Ala Ile Ile Leu Thr Arg Ser Asn Gln Val Ala Met Tyr Cys
            100                 105                 110
Gln Pro Ala Arg Tyr Ser Glu Lys Gly Leu Gly Phe Glu Val Arg Leu
        115                 120                 125
Arg Asp Leu Asp Ala Glu Pro Gly Arg Lys Glu Lys Glu Glu Met Lys
    130                 135                 140
Arg Ile Glu Asp Phe Ile Val Asn Thr Gly Lys Asp Lys Asp Val Asp
145                 150                 155                 160
Arg Asp Ser Phe Gln Thr Phe Cys Lys Lys Ile Val Arg Asp Thr Tyr
                165                 170                 175
Ile Tyr Asp Gln Val Asn Phe Glu Lys Val Phe Asn Lys Asn Asn Lys
            180                 185                 190
Thr Arg Leu Glu Lys Phe Ile Ala Val Asp Pro Ser Thr Ile Phe Tyr
        195                 200                 205
Ala Thr Asp Lys Lys Gly Lys Ile Ile Lys Gly Gly Lys Arg Phe Val
    210                 215                 220
Gln Val Val Asp Lys Arg Val Val Ala Ser Phe Thr Ser Arg Glu Leu
225                 230                 235                 240
Ala Met Gly Ile Arg Asn Pro Arg Thr Glu Leu Ser Ser Ser Gly Tyr
                245                 250                 255
Gly Leu Ser Glu Val Glu Ile Ala Met Lys Glu Phe Ile Ala Tyr Asn
            260                 265                 270
Asn Thr Glu Ser Phe Asn Asp Arg Phe Phe Ser His Gly Gly Thr Thr
        275                 280                 285
Arg Gly Ile Leu Gln Ile Arg Ser Asp Gln Gln Gln Ser Gln His Ala
    290                 295                 300
Leu Glu Asn Phe Lys Arg Glu Trp Lys Ser Ser Leu Ser Gly Ile Asn
305                 310                 315                 320
Gly Ser Trp Gln Ile Pro Val Val Met Ala Asp Asp Ile Lys Phe Val
                325                 330                 335
Asn Met Thr Pro Thr Ala Asn Asp Met Gln Phe Glu Lys Trp Leu Asn
            340                 345                 350
Tyr Leu Ile Asn Ile Ile Ser Ala Leu Tyr Gly Ile Asp Pro Ala Glu
        355                 360                 365
Ile Gly Phe Pro Asn Arg Gly Gly Ala Thr Gly Ser Lys Gly Gly Ser
    370                 375                 380
Thr Leu Asn Glu Ala Asp Pro Gly Lys Lys Gln Gln Gln Ser Gln Asn
385                 390                 395                 400
Lys Gly Leu Gln Pro Leu Leu Arg Phe Ile Glu Asp Leu Val Asn Arg
                405                 410                 415
His Ile Ile Ser Glu Tyr Gly Asp Lys Tyr Thr Phe Gln Phe Val Gly
            420                 425                 430
Gly Asp Thr Lys Ser Ala Thr Asp Lys Leu Asn Ile Leu Lys Leu Glu
        435                 440                 445
Thr Gln Ile Phe Lys Thr Val Asn Glu Ala Arg Glu Glu Gln Gly Lys
    450                 455                 460
```

Lys Pro Ile Glu Gly Gly Asp Ile Ile Leu Asp Ala Ser Phe Leu Gln
465 470 475 480
Gly Thr Ala Gln Leu Gln Gln Asp Lys Gln Tyr Asn Asp Gly Lys Gln
485 490 495
Lys Glu Arg Leu Gln Met Met Met Ser Leu Leu Glu Gly Asp Asn Asp
500 505 510
Asp Ser Glu Glu Gly Gln Ser Ala Asp Ser Ser Asn Asp Asp Lys Ser
515 520 525
Asn Pro Glu Val Gly Thr Asp Ser Gln Ile Lys Gly Asp Ser Asn Val
530 535 540
Tyr Arg Thr Glu Thr Ser Asn Lys Gly Gln Gly Lys Lys Gly Glu Lys
545 550 555 560
Ser Ser Asp Phe Lys His
565

<210> 1240
<211> 384
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1240
Met Ser Val Ile Tyr Lys Asp Asn Asn Trp Ile Asp Leu Thr Asn Val
1 5 10 15
Pro Tyr Leu Gln Lys Gly Asp Ser Gly Tyr Arg Lys Asp Ile Pro Arg
20 25 30
Lys Asn Trp Lys Lys Cys Leu Asn Thr Glu Val Ser Phe Ser Tyr Lys
35 40 45
Gly Lys Lys Gly Leu Phe Tyr Val Thr Tyr Arg Lys Glu Asp Lys Gly
50 55 60
Lys Val Lys Val Glu Tyr Asp Lys Tyr Val Lys Ile Ile Asp Pro His
65 70 75 80
Asp Leu Lys Thr Leu Asn Ile Asn Lys Ile Val Asn Pro Pro Asn Lys
85 90 95
Ala Lys Tyr Arg Glu Gln Glu Val Ile Asn Gly Asp Thr Val Arg Asn
100 105 110
Ile Arg Lys Val Lys Asn Thr Gly Ile Val Tyr Thr Met Leu Cys Ser
115 120 125
Glu Tyr Glu Glu Glu Tyr Asp Ile Arg Glu Ser Asp Leu Leu Arg Gly
130 135 140
Arg Gly Ser Pro Tyr Lys Ser Gly Arg Lys Val Cys Tyr Asn Asn Ser
145 150 155 160
Leu Tyr Ser Val Glu Asn Leu Arg Glu Tyr Ile Cys Asp Leu Glu Tyr
165 170 175
Ala Lys Thr Val Thr Lys Phe Ser His Lys Asp Ile Lys Cys Lys Cys
180 185 190
Pro Ile Cys Ser Glu Glu Lys Val Met Lys Val Asn Lys Leu Val Asn
195 200 205
Asn Gly Phe Ser Cys His Arg Cys Ser Ser Thr Ile Thr Tyr Pro Glu

210 215 220
Arg Leu Met Ile Gly Leu Leu Glu Leu Asn Asn Leu Asn Tyr Glu Tyr
225 230 235 240
Gln Lys Val Phe Lys Asp Leu Pro Asn Arg Lys Phe Asp Phe Tyr Leu
245 250 255
Pro Lys Leu Asn Met Val Ile Glu Thr His Gly Leu Gln His Tyr Arg
260 265 270
Glu Leu Asn Gly Tyr Met Asn His Glu Lys Thr Lys Glu Ser Asp Leu
275 280 285
Glu Lys Tyr Asn Tyr Cys Lys Asn Asn Asn Ile Asp Tyr Ile Glu Ile
290 295 300
Asp Cys Ser Tyr Ser Asp Leu Ser Phe Ile Leu Ser Asn Val Glu Asn
305 310 315 320
Ser Lys Leu Asn Ser Ile Leu Lys Asn Lys Asn Tyr Asp Asn Leu Ser
325 330 335
Asn Tyr Ile Ile Arg Ser Lys Asn Asp Asp Val Lys Tyr Asn Ile Tyr
340 345 350
Leu Asp Tyr Cys Lys Gly Leu Ser Lys Lys Glu Leu Lys Asp Lys Tyr
355 360 365
Asn Lys Thr Ser Tyr Tyr Ile Asn Arg Ser Ile Glu Ile Phe Lys His
370 375 380
<210> 1241
<211> 257
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1241
Leu Glu Glu Ile Lys Phe Asn Ala Phe Val Pro Met Asp Leu Lys Lys
1 5 10 15
Ser Val Ser Thr Ala Ser Asp Thr Asn Glu Tyr Ser Ile Val Ser Gly
20 25 30
Trp Ala Ser Thr Pro Ser Met Asp Leu Gln Asn Asp Ile Val Asn Pro
35 40 45
Lys Gly Ile Asp Ile Glu Tyr Phe Lys Ser Gln Gly Tyr Ile Asn Tyr
50 55 60
Glu His Gln Ser Asp Lys Val Val Gly Ile Pro Thr Glu Asn Cys Tyr
65 70 75 80
Val Asp Ile Glu Lys Gly Leu Phe Ile Glu Ala Lys Leu Trp Lys Asn
85 90 95
Asp Glu Asn Val Val Lys Met Leu Asp Leu Ala Glu Lys Leu Glu Lys
100 105 110
Ser Gly Ser Gly Arg Arg Leu Gly Phe Ser Ile Glu Gly Ala Val Lys
115 120 125
Lys Arg Asn Ile Asn Asp Asn Arg Val Ile Asp Glu Val Met Ile Thr
130 135 140
Gly Val Ala Leu Val Lys Asn Pro Ala Asn Pro Glu Ala Thr Trp Glu
145 150 155 160

Ser Phe Met Lys Ser Phe Leu Thr Gly His Gly Thr Ser Pro Asp Thr
165 170 175
Gln Val Asp Ala Gly Ala Leu Arg Lys Glu Glu Ile Ala Ser Ser Ile
180 185 190
Thr Asn Leu Ala Tyr Val Thr Lys Ile Lys Asp Leu Lys Glu Phe Asn
195 200 205
Asp Val Trp Asn Gly Val Val Glu Asp Leu Ser Lys Ser Asn Ser Met
210 215 220
Gly Tyr Glu Glu Ser Val Leu Thr Leu Gln Leu Ala Lys Gly Leu Ser
225 230 235 240
Arg Lys Asp Ala Glu Leu Ala Val Met Asp Ile Asn Lys Gln Lys Leu
245 250 255
Glu

<210> 1242
<211> 318
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1242

Met Ser Lys Glu Met Gln Asn Ile Leu Glu Glu Tyr Asp Lys Leu Asn
1 5 10 15
Ala Gln Glu Ala Val Ser Lys Ser Val Glu Asp Asp Glu Lys Asn Thr
20 25 30
Val Glu Ser Thr Glu Glu Gln Val Ala Glu Thr Thr Glu Glu Pro Ala
35 40 45
Lys Glu Pro Glu Lys Val Ser Glu Glu Asp Ala Lys Glu Ala Gln Glu
50 55 60
Gln Gly Glu Lys Val Glu Ser Glu Glu Val Ala Glu Asp Asn Glu Asp
65 70 75 80
Glu Glu Val Glu Lys Ser Ala Lys Glu Ser Lys Asp Pro Val Asp Gln
85 90 95
Lys Asp Thr Lys Thr Glu Asn Lys Asp Asn Glu Lys Arg Lys Asn Lys
100 105 110
Lys Asp Lys Lys Glu Asp Ser Asp Ser Asp Asp Glu Asp Lys Asp Thr
115 120 125
Asp Asp Asp Lys Asp Lys Lys Glu Asp Lys Lys Glu Lys Thr Ser Lys
130 135 140
Ser Ile Ser Asp Glu Asp Ile Thr Thr Val Phe Lys Ser Ile Leu Thr
145 150 155 160
Ser Phe Glu Asn Leu Asn Lys Glu Lys Glu Asn Phe Ala Thr Lys Glu
165 170 175
Asp Leu Ser Glu Val Ser Lys Ser Ile Asn Glu Leu Ser Ala Lys Ile
180 185 190
Ser Glu Ile Gln Ala Glu Asp Val Ser Lys Ser Val Asp Thr Asp Glu
195 200 205
Glu Ala Val Glu Lys Ser Val Thr Ser Thr Asn Gly Glu Gln Glu Lys
210 215 220

Val Glu Gly Tyr Val Ser Lys Ser Val Asp Thr Glu Glu Gln Ala Glu
225 230 235 240
Thr Gly Glu Ala Lys Ser Glu Glu Ala Glu Glu Val Gln Glu Asp Asn
245 250 255
Thr Phe Lys Gly Leu Ser Gln Glu Glu Arg Thr Lys Phe Met Asp Ser
260 265 270
Tyr Lys Ala Gln Ala Lys Asp Pro Arg Ala Ser Lys His Asp Leu Gln
275 280 285
Ser Ala Tyr Gln Ser Tyr Leu Asn Ile Asn Thr Asp Pro Thr Asn Ala
290 295 300
Ser Glu Lys Asp Ile Lys Thr Val Lys Asp Phe Ala Gln Ile
305 310 315

<210> 1243
<211> 463
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1243

Met Thr Ile Glu Lys Asn Leu Ser Asp Val Gln Gln Lys Tyr Ala Asp
1 5 10 15
Gln Phe Gln Glu Asp Val Val Lys Ser Phe Gln Thr Gly Tyr Gly Ile
20 25 30
Thr Pro Asp Thr Gln Ile Asp Ala Gly Ala Leu Arg Arg Glu Ile Leu
35 40 45
Asp Asp Gln Ile Thr Met Leu Thr Trp Thr Asn Glu Asp Leu Ile Phe
50 55 60
Tyr Arg Asp Ile Ser Arg Arg Pro Ala Gln Ser Thr Val Val Lys Tyr
65 70 75 80
Asp Gln Tyr Leu Arg His Gly Asn Val Gly His Ser Arg Phe Val Lys
85 90 95
Glu Ile Gly Val Ala Pro Val Ser Asp Pro Asn Ile Arg Gln Lys Thr
100 105 110
Val Ser Met Lys Tyr Val Ser Asp Thr Lys Asn Met Ser Ile Ala Ser
115 120 125
Gly Leu Val Asn Asn Ile Ala Asp Pro Ser Gln Ile Leu Thr Glu Asp
130 135 140
Ala Ile Ala Val Val Ala Lys Thr Ile Glu Trp Ala Ser Phe Tyr Gly
145 150 155 160
Asp Ala Ser Leu Thr Ser Glu Val Glu Gly Glu Gly Leu Glu Phe Asp
165 170 175
Gly Leu Ala Lys Leu Ile Asp Lys Asn Asn Val Ile Asn Ala Lys Gly
180 185 190
Asn Gln Leu Thr Glu Lys His Leu Asn Glu Ala Ala Val Arg Ile Gly
195 200 205
Lys Gly Phe Gly Thr Ala Thr Asp Ala Tyr Met Pro Ile Gly Val His
210 215 220
Ala Asp Phe Val Asn Ser Ile Leu Gly Arg Gln Met Gln Leu Met Gln

225 230 235 240
Asp Asn Ser Gly Asn Val Asn Thr Gly Tyr Ser Val Asn Gly Phe Tyr
245 250 255
Ser Ser Arg Gly Phe Ile Lys Leu His Gly Ser Thr Val Met Glu Asn
260 265 270
Glu Leu Ile Leu Asp Glu Ser Leu Gln Pro Leu Pro Asn Ala Pro Gln
275 280 285
Pro Ala Lys Val Thr Ala Thr Val Glu Thr Lys Gln Lys Gly Ala Phe
290 295 300
Glu Asn Glu Glu Asp Arg Ala Gly Leu Ser Tyr Lys Val Val Val Asn
305 310 315 320
Ser Asp Asp Ala Gln Ser Ala Pro Ser Glu Glu Val Thr Ala Thr Val
325 330 335
Ser Asn Val Asp Asp Gly Val Lys Leu Ser Ile Ser Val Asn Ala Met
340 345 350
Tyr Gln Gln Gln Pro Gln Phe Val Ser Ile Tyr Arg Gln Gly Lys Glu
355 360 365
Thr Gly Met Tyr Phe Leu Ile Lys Arg Val Pro Val Lys Asp Ala Gln
370 375 380
Glu Asp Gly Thr Ile Val Phe Val Asp Lys Asn Glu Thr Leu Pro Glu
385 390 395 400
Thr Ala Asp Val Phe Val Gly Glu Met Ser Pro Gln Val Val His Leu
405 410 415
Phe Glu Leu Leu Pro Met Met Lys Leu Pro Leu Ala Gln Ile Asn Ala
420 425 430
Ser Ile Thr Phe Ala Val Leu Trp Tyr Gly Ala Leu Ala Leu Arg Ala
435 440 445
Pro Lys Lys Trp Ala Arg Ile Lys Asn Val Arg Tyr Ile Ala Val
450 455 460

<210> 1244
<211> 98
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1244

Met Leu Tyr Tyr Lys Lys Leu Leu Asp Lys Lys Met Ala Thr Val Tyr
1 5 10 15
Gly Thr Val Glu Ile Asp Lys Asp Gly Val Val Lys Gly Leu Thr Lys
20 25 30
Glu Gln Glu Lys Glu Phe Ala Asn Val Pro Gly Phe Glu Phe Glu Glu
35 40 45
Glu Lys Lys Thr Thr Arg Lys Gln Ser Ala Ser Thr Ser Lys Glu Glu
50 55 60
Glu Pro Lys Glu Glu Glu Lys Lys Ala Ser Thr Arg Lys Thr Thr Ser
65 70 75 80
Thr Thr Arg Lys Ser Thr Ala Arg Lys Thr Thr Ala Lys Lys Asp Glu
85 90 95

Asn Lys
<210> 1245
<211> 302
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1245

```
Met Val Asn Ser Met Phe Gly Gly Asp Leu Asp Pro Tyr Glu Lys Ser
1               5                  10                  15
Leu Asn Tyr Glu Tyr Pro Tyr His Pro Ser Gly Asn Pro Lys His Ile
            20                  25                  30
Asp Val Ser Glu Ile Asp Asn Leu Thr Leu Ala Asp Tyr Gly Trp Ser
        35                  40                  45
Pro Asp Ala Val Lys Ala Tyr Met Phe Gly Ile Ile Val Gln Asn Pro
    50                  55                  60
Asp Thr Gly Gln Pro Met Gly Asp Glu Phe Tyr Asn His Ile Leu Glu
65                  70                  75                  80
Arg Ala Val Gly Lys Ala Glu Arg Ala Leu Asp Ile Ser Ile Leu Pro
                85                  90                  95
Asp Thr Gln His Glu Met Arg Asp Tyr His Glu Thr Glu Phe Asn Ser
            100                 105                 110
Tyr Met Phe Val His Ala Tyr Arg Lys Pro Ile Leu Gln Val Glu Asn
        115                 120                 125
Leu Gln Leu Gln Phe Asn Gly Arg Pro Ile Tyr Lys Tyr Pro Ala Asn
    130                 135                 140
Trp Trp Lys Val Glu His Leu Ala Gly His Val Gln Leu Phe Pro Thr
145                 150                 155                 160
Ala Leu Met Gln Thr Gly Gln Ser Met Ser Tyr Asp Ala Val Phe Asn
                165                 170                 175
Gly Tyr Pro Gln Leu Ala Gly Val Tyr Pro Pro Ser Gly Ala Thr Phe
            180                 185                 190
Ala Pro Gln Met Ile Arg Leu Glu Tyr Val Ser Gly Met Leu Pro Arg
        195                 200                 205
Lys Lys Ala Gly Arg Asn Lys Pro Trp Glu Met Pro Pro Glu Leu Glu
    210                 215                 220
Gln Leu Val Ile Lys Tyr Ala Leu Lys Glu Ile Tyr Gln Val Trp Gly
225                 230                 235                 240
Asn Leu Ile Ile Gly Ala Gly Ile Ala Asn Lys Thr Leu Glu Val Asp
                245                 250                 255
Gly Ile Thr Glu Thr Ile Gly Thr Thr Gln Ser Ala Met Tyr Gly Gly
            260                 265                 270
Ala Ser Ala Gln Ile Leu Gln Ile Asn Glu Asp Ile Lys Glu Leu Leu
        275                 280                 285
Asp Gly Leu Arg Ala Tyr Phe Gly Tyr Asn Met Ile Gly Leu
    290                 295                 300
```

<210> 1246
<211> 292

<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1246

```
Met Glu Lys Pro Tyr Met Ile Gly Ala Asn Ser Asn Pro Asn Val Ile
1               5                  10                  15
Asn Lys Ser Thr Thr Tyr Thr Thr Thr Thr Gln Ala Asp Glu Gln Asp
            20                  25                  30
Lys Pro Lys Tyr Thr Thr Arg Leu Glu Phe Asp Thr Ile Asp Met Ile
        35                  40                  45
Arg Phe Ile Asn Asp Arg Gly Ile Lys Val Leu Trp Glu Glu Ala Tyr
    50                  55                  60
Phe Cys Pro Cys Leu Asn Pro Asp Thr Gly His Pro Arg Val Asp Cys
65                  70                  75                  80
Pro Arg Cys His Gly Lys Gly Ile Ala Tyr Leu Pro Pro Lys Glu Thr
                85                  90                  95
Ile Met Ala Ile Gln Ser Gln Glu Lys Gly Thr Asn Gln Leu Asp Ile
            100                 105                 110
Gly Ile Leu Asp Thr Gly Thr Ala Ile Gly Thr Thr Gln Leu Glu Lys
        115                 120                 125
Arg Ile Ser Tyr Arg Asp Arg Phe Thr Val Pro Glu Val Leu Met Pro
    130                 135                 140
Gln Gln Met Ile Tyr Phe Val Asn Lys Asp Arg Ile Lys Lys Gly Ile
145                 150                 155                 160
Pro Leu Tyr Tyr Asp Val Lys Glu Val Thr Tyr Ile Ala Thr Gln Asp
                165                 170                 175
Gly Thr Val Tyr Glu Glu Asp Tyr Glu Ile Lys Asn Asn Arg Leu Tyr
            180                 185                 190
Leu Asn Glu Lys Tyr Glu Asn His Thr Val Thr Leu Lys Ile Leu Met
        195                 200                 205
Thr Leu Arg Tyr Val Val Ser Asp Ile Leu Lys Glu Ser Arg Tyr Gln
    210                 215                 220
Tyr Thr Lys Phe Asn Gln Pro Lys Ser Lys Phe Glu Asn Leu Pro Gln
225                 230                 235                 240
Lys Leu Leu Leu Lys Arg Glu Asp Val Ile Val Leu Gln Asp Pro Tyr
                245                 250                 255
Lys Val Asn Asp Gly Ile Glu Glu Asp Leu Glu Ile Gln Val Asp Asp
            260                 265                 270
Pro Lys Ala Ser Ala Ser Asn Pro Ser Asn Leu Gly Gly Phe Phe Gly
        275                 280                 285
Gly Ala Phe Lys
    290
```

<210> 1247
<211> 206
<212> PRT
<213> Unknown
<220>

<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1247

Met Pro Val His Gly Lys Arg Pro Asn Leu Phe Lys Asn Lys Asn Tyr
1 5 10 15
Lys Gln Val Gly Lys Arg Thr Ile Asp Gly Met Arg Ser Glu Val Leu
20 25 30
Asp Lys Leu Gln Ala Thr Ala Gln Gln Val Glu Asn Thr Ser Ile Lys
35 40 45
Arg Met Pro Thr Tyr Leu Gln Ile Thr Glu Lys Lys Leu Glu Lys Glu
50 55 60
Gly Val Val Asp Leu Lys Lys Ala Phe Ala His Ser Ser Lys Lys Lys
65 70 75 80
Thr Ser Lys Asp Gly Gly Trp Tyr Leu Thr Val Pro Ile Arg Ile Lys
85 90 95
Thr Ser Arg Met Asn Asn Ser Thr Tyr Gln Asp Met Arg Thr Leu Lys
100 105 110
Val Asp Lys Gly Thr Gly Ser Val Ser Lys Ile Thr Asp Tyr Leu Glu
115 120 125
Gly Arg Arg Lys Asn Val Ser His Pro Ser Met Lys Pro Glu Pro Met
130 135 140
Thr His Asn Met Thr Lys Val Lys Arg Gly Lys Gln Ser Ser Tyr Phe
145 150 155 160
Ile Phe Arg Thr Val Ser Ser Lys Ser Pro Ala Ser Ser Trp Ile Leu
165 170 175
Asn Arg Asp Lys Val Asn Glu Asp Asn Phe Ser Lys Thr Thr Leu Lys
180 185 190
Thr Val Lys Gln Leu Met Asn Trp Lys Met Lys Asn Leu Asn
195 200 205

<210> 1248
<211> 278
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1248

Met Ala Ile Thr Ser Val Asp Ser Tyr Leu Leu Ser Glu Ile Lys Pro
1 5 10 15
Arg Leu Asn Thr Val Leu Glu Asn Cys Tyr Ile Ile Asp Glu Val Leu
20 25 30
Lys Asp Phe Asp Tyr Gln Thr Arg Glu Ser Phe Lys Glu Ala Phe Cys
35 40 45
Gly Lys Asn Ala Gln His Glu Val Thr Val Gly Phe Asn Phe Pro Lys
50 55 60
Phe Lys Asn Asn Tyr Glu Ala His Tyr Leu Ile Gln Leu Gly Gln Gly
65 70 75 80
Gln Glu Thr Lys Asn Ser Leu Gly Ser Ile Gln Ser Ser Tyr Phe Glu
85 90 95
Ala Thr Gly Asp Thr Leu Val Glu Ser Ser Thr Ala Ile Arg Glu Asp

100 105 110
Asp Lys Leu Val Phe Thr Val Ser Lys Pro Ile Gly Glu Leu Ile Lys
115 120 125
Val Glu Asp Ile Glu Phe Ala Lys Tyr Asp Asn Leu Gln Val Glu Gly
130 135 140
Asn Lys Val Ser Phe Lys Tyr Gln Thr Asn Glu Asp Tyr Glu Asn Tyr
145 150 155 160
Asn Ala Asn Ile Ile Phe Thr Glu Lys Lys Asn Asp Ser Lys Gly Leu
165 170 175
Val Lys Gly Phe Thr Val Glu Glu Gln Val Thr Val Val Gly Leu Ser
180 185 190
Phe Asn Val Asp Val Ala Arg Cys Leu Asp Ala Val Leu Lys Met Ile
195 200 205
Leu Ile Ser Met Arg Asp Ser Ile Glu Glu Gln Gln Thr Phe Gln Leu
210 215 220
Gln Asn Leu Ser Phe Gly Asp Ile Ala Pro Ile Ile Glu Asp Gly Asp
225 230 235 240
Ser Met Ile Phe Gly Arg Pro Thr Ile Ile Lys Tyr Thr Ser Ser Leu
245 250 255
Asp Leu Asp Tyr Thr Ile Thr Gln Asp Ile Asn Lys Leu Thr Phe Lys
260 265 270
Glu Arg Lys Asp Trp Lys
275

<210> 1249
<211> 71
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1249
Met Ala Arg Lys Lys Thr Pro Glu Asn Asn Thr Pro Lys Phe Asn Gly
1 5 10 15
Tyr Val His Ile Asp Thr Phe Leu Asp Thr Ala Lys Thr Leu Phe Asn
20 25 30
Met Lys Asp Ser Gln Val Ala Gly Phe Lys Ala Tyr Met Glu Gly Ser
35 40 45
His Tyr Leu Phe Ser Glu Gln Glu Phe Leu Pro Ser Leu Glu Lys Tyr
50 55 60
Leu Gly Arg Lys Leu Asp Ile
65 70

<210> 1250
<211> 587
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1250
Met Ala Val Glu Pro Phe Pro Arg Arg Pro Ile Thr Arg Pro His Ala

1 5 10 15
Ser Ile Glu Val Asp Thr Ser Gly Ile Gly Gly Ser Ala Gly Ser Ser
20 25 30
Glu Lys Val Phe Cys Leu Ile Gly Gln Ala Glu Gly Gly Glu Pro Asn
35 40 45
Thr Val Tyr Glu Leu Arg Asn Tyr Ala Gln Ala Lys Arg Leu Phe Arg
50 55 60
Ser Gly Glu Leu Leu Asp Ala Ile Glu Leu Ala Trp Gly Ser Asn Pro
65 70 75 80
Asn Tyr Thr Ala Gly Lys Ile Leu Ala Met Arg Ile Glu Asp Ala Lys
85 90 95
Pro Ala Ser Ala Glu Ile Gly Gly Leu Lys Val Thr Ser Lys Ile Tyr
100 105 110
Gly Asn Val Ala Asn Asn Ile Gln Val Gly Leu Glu Lys Asn Thr Leu
115 120 125
Ser Asp Ser Leu Arg Leu Arg Val Ile Phe Gln Asp Asp Arg Phe Asn
130 135 140
Glu Val Tyr Asp Asn Ile Gly Asn Ile Phe Thr Ile Lys Tyr Lys Gly
145 150 155 160
Glu Glu Ala Asn Ala Thr Phe Ser Val Glu His Asp Glu Glu Thr Gln
165 170 175
Lys Ala Ser Arg Leu Val Leu Lys Val Gly Asp Gln Glu Val Lys Ser
180 185 190
Tyr Asp Leu Thr Gly Gly Ala Tyr Asp Tyr Thr Asn Ala Ile Ile Thr
195 200 205
Asp Ile Asn Gln Leu Pro Asp Phe Glu Ala Lys Leu Ser Pro Phe Gly
210 215 220
Asp Lys Asn Leu Glu Ser Ser Lys Leu Asp Lys Ile Glu Asn Ala Asn
225 230 235 240
Ile Lys Asp Lys Ala Val Tyr Val Lys Ala Val Phe Gly Asp Leu Glu
245 250 255
Lys Gln Thr Ala Tyr Asn Gly Ile Val Ser Phe Glu Gln Leu Asn Ala
260 265 270
Glu Gly Glu Val Pro Ser Asn Val Glu Val Glu Ala Gly Glu Glu Ser
275 280 285
Ala Thr Val Thr Ala Thr Ser Pro Ile Lys Thr Ile Glu Pro Phe Glu
290 295 300
Leu Thr Lys Leu Thr Gly Gly Thr Asn Gly Glu Pro Pro Ala Thr Trp
305 310 315 320
Ala Asp Lys Leu Asp Lys Phe Ala His Glu Gly Gly Tyr Tyr Ile Val
325 330 335
Pro Leu Ser Ser Lys Gln Ser Val His Ala Glu Val Ala Ser Phe Val
340 345 350
Lys Glu Arg Ser Asp Ala Gly Glu Pro Met Arg Ala Ile Val Gly Gly
355 360 365
Gly Phe Asn Glu Ser Lys Glu Gln Leu Phe Gly Arg Gln Ala Ser Leu
370 375 380
Ser Asn Pro Arg Val Ser Leu Val Ala Asn Ser Gly Thr Phe Val Met

385 390 395 400
Asp Asp Gly Arg Lys Asn His Val Pro Ala Tyr Met Val Ala Val Ala
405 410 415
Leu Gly Gly Leu Ala Ser Gly Leu Glu Ile Gly Glu Ser Ile Thr Phe
420 425 430
Lys Pro Leu Arg Val Ser Ser Leu Asp Gln Ile Tyr Glu Ser Ile Asp
435 440 445
Leu Asp Glu Leu Asn Glu Asn Gly Ile Ile Ser Ile Glu Phe Val Arg
450 455 460
Asn Arg Thr Asn Thr Phe Phe Arg Ile Val Asp Asp Val Thr Thr Phe
465 470 475 480
Asn Asp Lys Ser Asp Pro Val Lys Ala Glu Met Ala Val Gly Glu Ala
485 490 495
Asn Asp Phe Leu Val Ser Glu Leu Lys Val Gln Leu Glu Asp Gln Phe
500 505 510
Ile Gly Thr Arg Thr Ile Asn Thr Ser Ala Ser Ile Ile Lys Asp Phe
515 520 525
Ile Gln Ser Tyr Leu Gly Arg Lys Lys Arg Asp Asn Glu Ile Gln Asp
530 535 540
Phe Pro Ala Glu Asp Val Gln Val Ile Val Glu Gly Asn Glu Ala Arg
545 550 555 560
Ile Ser Met Thr Val Tyr Pro Ile Arg Ser Phe Lys Lys Ile Ser Val
565 570 575
Ser Leu Val Tyr Lys Gln Gln Thr Leu Gln Ala
580 585

<210> 1251
<211> 134
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1251
Met Ala Ser Glu Ala Lys Gln Thr Val His Thr Gly Asn Thr Val Leu
1 5 10 15
Leu Met Ile Lys Gly Lys Pro Val Gly Arg Ala Gln Ser Ala Ser Gly
20 25 30
Gln Arg Glu Tyr Gly Thr Thr Gly Val Tyr Glu Ile Gly Ser Ile Met
35 40 45
Pro Gln Glu His Val Tyr Leu Arg Tyr Glu Gly Thr Ile Thr Val Glu
50 55 60
Arg Leu Arg Met Lys Lys Glu Asn Phe Ala Asp Leu Gly Tyr Ala Ser
65 70 75 80
Leu Gly Glu Glu Ile Leu Lys Lys Asp Ile Ile Asp Ile Leu Val Val
85 90 95
Asp Asn Leu Thr Lys Gln Val Ile Ile Ser Tyr His Gly Cys Ser Ala
100 105 110
Asn Asn Tyr Asn Glu Thr Trp Gln Thr Asn Glu Ile Val Thr Glu Glu
115 120 125

Ile Glu Phe Ser Tyr Leu
130

<210> 1252
<211> 309
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1252

Met Gly Lys Asn Gln Tyr Thr Phe Asn Ile Lys Glu Asn Lys Asn Lys
1 5 10 15
Trp Tyr Glu Trp Cys Lys Leu Gln Asn Val Lys Pro Leu Val Glu Tyr
20 25 30
Glu Asn Ala Gln Gln Ile Phe Tyr Phe Glu Phe Leu Glu Gly Lys Phe
35 40 45
Lys Gly Leu Ile Gly Lys Thr Tyr Trp Ala Ser Ile Asn Arg Gly Ser
50 55 60
Asn Met Arg Met Ser Cys Leu Thr Ser Glu Ser Lys Asp Lys Tyr Leu
65 70 75 80
Lys Asn Leu Gly Lys Arg Lys Gly Ile Glu Val Val Glu Asp Tyr Lys
85 90 95
Gly Gly Arg Lys Leu Lys His Lys Phe Ile Val Leu Glu Gly Lys Tyr
100 105 110
Gln Gly Cys Glu Gly Tyr Ile Thr Leu Asn Asp Leu Glu Asn Leu Gly
115 120 125
Arg Val Asp Asn Arg Ser Leu Ser Glu Lys Gly Arg Lys Gln Tyr Phe
130 135 140
Asp Lys Gln Ala Arg Leu Arg Asp Cys Ile Ile Leu Glu Tyr Pro Lys
145 150 155 160
Asp Tyr Arg Ile Lys Thr Lys Asp Lys Ile Val Val Lys Asp Lys Glu
165 170 175
Gly His Val His Asn Ile Ile Val Gln Asp Phe Phe Glu Lys Ser Ser
180 185 190
Leu Leu Glu Leu Ser Cys Ala Ser Glu Gly Glu Lys Ile Val Lys Glu
195 200 205
Ile Leu Thr Lys Asn Ser Ile Lys Phe Glu Lys Glu Lys Ser Phe Arg
210 215 220
Asn Lys Glu Gly Lys Val Gln Arg Phe Asp Phe Tyr Ile Asn Glu Asn
225 230 235 240
Asn Lys Glu Tyr Ala Ile Glu Tyr Asn Gly Ala Gln His Tyr Ile Asp
245 250 255
Ser Thr Gly Tyr Leu Lys Asp Thr Leu Glu Thr Thr Gln Lys Arg Asp
260 265 270
Lys Leu Lys Lys Glu Tyr Ser Lys Asp Lys Gly Ile Asn Leu Leu Ile
275 280 285
Ile Pro Tyr Thr Ile Thr Asp Lys Lys Glu Met Glu Lys Ile Ile Leu
290 295 300
Asn Phe Leu Asn Lys

305
<210> 1253
<211> 52
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1253
Met Asn Asn Arg Gln Ala Lys Ile Lys Gly Tyr Asn Gln Phe His Tyr
1 5 10 15
Tyr Asp Phe Pro Thr Thr Lys Gly Lys Phe Lys Asp Ile Met Lys Arg
20 25 30
Lys Ser Arg Thr Glu Leu Lys Lys Asp Leu Gln Lys Glu Arg Lys Tyr
35 40 45
Tyr Leu Asp Lys
50
<210> 1254
<211> 46
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1254
Leu Thr Asn Lys Arg Lys Thr Ile Gly Lys Met Ser Asn Thr Arg Ala
1 5 10 15
Thr Trp Asn Ile Asn Pro Val Thr Lys Val Lys Lys Asp Lys Thr Lys
20 25 30
Tyr Ser Arg Lys Asn Lys His Lys Gly Leu Asp Asn Tyr Asn
35 40 45
<210> 1255
<211> 152
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1255
Met Ser Thr Phe Trp Ser Glu Arg Arg Thr Thr Asn Lys Asp Arg Gln
1 5 10 15
Val Lys Lys His Tyr Thr Gln Met Ser Met Tyr Glu Arg Lys Lys Cys
20 25 30
Val Glu Leu Leu Gln Glu Thr Ile Thr Glu Asn Arg Ile Ile Asn Phe
35 40 45
Thr Arg His Ser Ala Lys Lys Val Lys Gly Lys Pro Thr Thr Asn Ile
50 55 60
Pro Lys Leu Ile Gly Phe Ile Phe Lys Asn Lys Phe Ala Tyr Glu Asn
65 70 75 80
Ile Ile Glu Tyr Asn Asn Thr Asp Tyr Asn Gly Asn Ile Glu Arg Arg
85 90 95

Ile Val Val Lys His Pro Lys Val Ile Thr Val Glu Gly Lys Pro Ser
100 105 110
Tyr Gln Phe Leu Thr Ile Ser Leu Glu Asp Ala Arg Val Ile Thr Val
115 120 125
Trp Tyr Asn Ser Val Asp Asp Thr His Arg Thr Leu Asp Leu Asn Tyr
130 135 140
Tyr Ser Lys Asp Leu Thr Ile Gln
145 150

<210> 1256
<211> 63
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1256
Met Gly Ile Thr Ile Val Asn Ser Tyr Phe Ile Leu Ser Asn Ile Phe
1 5 10 15
Leu Ile Ile Leu Thr Ile Leu Asn Gly Lys Gly Thr Val Thr Arg Glu
20 25 30
Ser Leu Thr Met Ser Lys Ile Leu Val Val Ile Thr Ser Ile Gln Phe
35 40 45
Leu Ala Cys Leu Ile Ile Asn Gly Ile Tyr Trp Ser Leu Lys Phe
50 55 60

<210> 1257
<211> 103
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1257
Met Ser Gln Asp Lys Leu Arg Ala Ile Tyr Thr Glu Met Lys Val Glu
1 5 10 15
Leu His Lys Phe Pro Lys Glu Val Asp Ile Thr Ser Lys Ser Thr Ala
20 25 30
Ile Ala Ile Asn Gln Ile Leu Asp Lys Phe Lys Thr Leu Thr Glu Gln
35 40 45
Ala Gly Lys Ile Thr Arg Lys Tyr Leu Glu Gly Gln Glu Ile Leu Thr
50 55 60
Ile Asp Tyr Glu Tyr Tyr Asp Ser Leu Gln Glu Tyr Tyr Ile Tyr Leu
65 70 75 80
Leu Arg Asn Ser Glu Lys Ile Glu Gln Ser Leu Gln Glu Ile Thr Lys
85 90 95
Arg Thr Gly Glu Tyr Val Lys
100

<210> 1258
<211> 152
<212> PRT
<213> Unknown

<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1258

```
Met Ala Glu Glu Ile Lys Lys Glu Gln Asp Val Gln Glu Thr Thr Lys
1               5                  10                  15
Glu Glu Lys Lys Asp Val Ser Lys Met Thr Pro Glu Glu Ile Asp Lys
            20                  25                  30
Leu Lys Tyr Gln Asp Lys Gln Glu Lys Glu Gln Val Ile Asn Lys Val
        35                  40                  45
Ile Lys Gly Val Asn Asp Thr Trp Glu Lys Glu Tyr Asn Phe Glu Glu
    50                  55                  60
Leu Asp Leu Arg Phe Lys Val Lys Ile Lys Leu Pro Asn Ala Arg Glu
65                  70                  75                  80
Gln Gly Asn Ile Phe Ala Leu Arg Ser Ala Tyr Leu Gly Gly Met Asp
                85                  90                  95
Met Tyr Gln Thr Asp Gln Val Ile Arg Ala Tyr Gln Met Leu Ala Thr
            100                 105                 110
Leu Gln Glu Val Gly Ile Glu Val Pro Lys Glu Phe Gln Asp Pro Asp
        115                 120                 125
Asp Ile Tyr Asn Leu Tyr Pro Leu Thr Val Met Tyr Glu Asp Trp Leu
    130                 135                 140
Gly Phe Leu Asn Ser Phe Arg Tyr
145                 150
```

<210> 1259
<211> 178
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1259

```
Met Glu Ser Ile Val Lys Gln Pro Leu Ser Arg Asn Leu Trp Ala Ile
1               5                  10                  15
Met Lys Glu Phe Asn Val Leu Pro Thr Glu Gln Arg Phe Lys Asp Leu
            20                  25                  30
Asp Asp Tyr Gln Ile Glu Phe Ile Ile Gly Asn Met Asn Arg Asp Val
        35                  40                  45
Tyr Glu His Asn Lys Gln Leu Lys Gln Ala Gln Lys Gly Gly Lys Phe
    50                  55                  60
Asp Ser Gln Phe Glu Asp Asp Asp Ser Ser Trp Trp Asn Glu Ser His
65                  70                  75                  80
Glu Asp Phe Asp Pro Val Pro Asp Phe Leu Asp Ala Asp Asp Leu Ala
                85                  90                  95
Gln Gln Val Glu Ala Lys Leu Ser Asp Arg Asp Lys Glu Glu Arg Ala
            100                 105                 110
Lys Arg Asn Asp Ala Glu Leu Asn Asp Glu Thr Glu Gly Leu Thr Thr
        115                 120                 125
Gln His Leu Ala Met Met Glu Tyr Ile Arg Gln Lys Gln Gln Glu Leu
    130                 135                 140
```

Asp Asp Glu Val Gly Asn Gly Lys Thr Ser Glu Glu Asp Ala Thr Ile
145 150 155 160
Ser Gln Asp Ser Val Asn Lys Ala Leu Glu Asp Leu Asp Asp Asp Trp
165 170 175
Tyr Met
<210> 1260
<211> 1351
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1260
Met Ala Met Asn Asp Asp Tyr Arg Leu Val Leu Ser Gly Asp Ser Ser
1 5 10 15
Asp Leu Glu Asn Ser Leu Lys Ala Ile Glu Leu Tyr Met Asp Ser Leu
20 25 30
Glu Ser Lys Asn Ile Asp Ala Pro Leu Asp Asn Phe Leu Lys Lys Leu
35 40 45
Lys Val Ile Ala Lys Glu Val Lys Asn Val Gln Asn Ala Met Asp Lys
50 55 60
Gln Asp Gly Lys Ser Val Ile Ser Ser Lys Asp Met Asp Glu Ser Ile
65 70 75 80
Lys Ser Thr Gln Ser Ala Thr Lys Asn Ile Asn Glu Leu Lys Lys Ala
85 90 95
Leu Asp Asp Leu Gln Lys Glu Asn Ile Ser Lys Gly Ile Ala Pro Asp
100 105 110
Pro Glu Val Glu Lys Ala Tyr Ala Lys Met Gly Lys Val Val Asp Glu
115 120 125
Thr Gln Glu Lys Leu Glu Lys Met Ser Ser Gln Lys Ile Gly Ser Asp
130 135 140
Ala Ser Ile Gln Asn Arg Ile Lys Glu Met Lys Thr Leu Asn Gln Val
145 150 155 160
Thr Glu Glu Tyr Asn Lys Ile Ser Lys Asp Ser Ser Ala Thr Lys Asp
165 170 175
Tyr Thr Lys Arg Leu Arg Ala Asn Arg Asn Met Thr Arg Gly Tyr Met
180 185 190
Glu Arg Ser Glu Gly Thr Gly Arg Leu Thr Tyr Asp Gln Gly Ala Arg
195 200 205
Val Arg Ser Glu Leu Gly Lys Ile Ser Ser Tyr Glu Ser Gln Arg Lys
210 215 220
Gln Asn Gln Arg Asn Leu Gly Gln Ala Arg Glu Gln Tyr Ser Asn Tyr
225 230 235 240
Arg Asn Gln Gln Gln Asp Leu Thr Lys Arg Arg Ala Ser Gly Gln Ile
245 250 255
Asn Lys Ala Gln Tyr Glu Gln Glu Leu Ala Ser Ile Lys Gln Glu Met
260 265 270
Lys Ala Arg Glu Glu Leu Ile Ser Asn Tyr Glu Lys Leu Gly Ala Glu
275 280 285

Leu Asp Lys Thr Val Gln Tyr Tyr Lys Gly Ser Val Gln Lys Asp Phe
290 295 300
Gln Ser Arg Asp Val Asp Gln Gln Arg Gly Thr Phe Gly Arg Met Val
305 310 315 320
Gln Glu Arg Leu Pro Ser Ile Gly Ser His Ala Met Met Gly Thr Thr
325 330 335
Ala Met Ala Thr Gly Leu Tyr Met Lys Gly Ala Ser Leu Ser Glu Thr
340 345 350
Asn Arg Pro Met Val Thr Ser Leu Gly Gln Asn Ser Asp Asn Met Asp
355 360 365
Ile Asp Ser Val Arg Asn Ala Tyr Gly Asp Leu Ser Ile Asp Asn Lys
370 375 380
Leu Gly Tyr Asn Ser Thr Asp Met Leu Lys Met Ala Thr Ser Tyr Glu
385 390 395 400
Ala Ser Val Gly His Lys Ser Asp Glu Asp Thr Met Ala Gly Thr Lys
405 410 415
Gln Leu Ala Ile Gly Gly Arg Ser Leu Gly Ile Arg Asp Gln Glu Ala
420 425 430
Tyr Gln Glu Ser Met Gly Gln Ile Met His Thr Gly Gly Val Asn Ser
435 440 445
Asp Asn Met Lys Glu Met Gln Asp Ala Phe Leu Gly Gly Ile Lys Gln
450 455 460
Ser Gly Met Val Gly Arg Gln Asp Glu Gln Leu Lys Ala Leu Gly Ser
465 470 475 480
Ile Ala Glu Gln Ser Gly Glu Gly Arg Thr Leu Thr Lys Asp Gln Met
485 490 495
Ser Asn Leu Thr Ala Met Gln Ser Thr Phe Ala Glu Ser Gly Ser Lys
500 505 510
Gly Leu Gln Gly Glu Gln Gly Ala Asn Ala Ile Asn Ser Ile Asp Gln
515 520 525
Gly Leu Lys Asn Gly Met Asn Ser Ser Tyr Ala Arg Ile Ala Met Gly
530 535 540
Trp Gly Thr Gln Tyr Gln Gly Leu Glu Gly Gly Tyr Asp Leu Gln Lys
545 550 555 560
Arg Met Asp Glu Gly Ile Ser Asn Pro Glu Asn Leu Thr Asp Met Ala
565 570 575
Asp Met Ala Thr Gln Met Gly Gly Ser Glu Lys Glu Gln Lys Tyr Leu
580 585 590
Phe Asn Arg Ser Met Lys Glu Ile Gly Ala Asn Leu Thr Met Glu Gln
595 600 605
Ser Asp Glu Ile Phe Lys Asp Ala Gln Ser Gly Lys Leu Ser Lys Glu
610 615 620
Glu Leu Ala Lys Lys Ala Lys Lys Met Glu Lys Glu Gly Lys Lys Glu
625 630 635 640
Gly Glu Asp Asn Ala Thr Asp Tyr Lys Glu Ser Lys Ser Gly Lys Asn
645 650 655
Asp Gln Asn Lys Ser Lys Thr Asp Asp Lys Ala Glu Asp Thr Tyr Asp
660 665 670

```
Met Ala Gln Pro Leu Arg Asp Ala His Ser Ala Leu Ala Gly Leu Pro
        675                 680                 685
Ala Pro Ile Tyr Leu Ala Ile Gly Ala Ile Gly Ala Phe Thr Ala Ser
    690                 695                 700
Leu Ile Ala Ser Ala Ser Gln Phe Gly Ala Gly His Leu Ile Gly Lys
705                 710                 715                 720
Gly Ala Lys Gly Leu Arg Asn Lys Phe Gly Arg Asn Lys Gly Gly Ser
                725                 730                 735
Ser Gly Gly Asn Pro Met Ala Gly Gly Met Pro Ser Gly Gly Gly Ser
            740                 745                 750
Pro Lys Gly Gly Gly Ser Pro Lys Gly Gly Gly Thr Arg Ser Thr Gly
        755                 760                 765
Gly Lys Ile Leu Asp Ser Ala Lys Gly Leu Gly Gly Phe Leu Val Gly
    770                 775                 780
Gly Ala Gly Trp Lys Gly Met Phe Gly Gly Glu Ser Lys Gly Lys Gly
785                 790                 795                 800
Phe Lys Gln Thr Ser Lys Glu Ala Trp Ser Gly Thr Arg Lys Val Phe
                805                 810                 815
Asn Arg Asp Asn Gly Arg Lys Ala Met Asp Lys Ser Lys Asp Ile Ala
            820                 825                 830
Lys Gly Thr Gly Ser Gly Leu Lys Asp Ile Tyr Asn Asp Ser Ile Phe
        835                 840                 845
Gly Lys Glu Arg Arg Gln Asn Leu Gly Glu Lys Ala Lys Gly Phe Gly
    850                 855                 860
Gly Lys Ala Lys Gly Leu Tyr Gly Lys Phe Ala Asp Lys Phe Gly Asp
865                 870                 875                 880
Gly Gly Lys Asn Gly Ile Leu Ser Gln Ser Pro Lys Ala Gly Gly Ser
                885                 890                 895
Gly Ile Gly Lys Leu Gly Lys Leu Ala Gly Gly Leu Gly Lys Gly Ala
            900                 905                 910
Gly Val Leu Gly Val Ala Thr Ser Ala Leu Ser Leu Ile Pro Ala Leu
        915                 920                 925
Ala Ser Gly Asp Ser Lys Ala Ile Gly Gly Gly Ile Gly Ser Met Gly
    930                 935                 940
Gly Gly Met Ala Gly Ala Ser Ala Gly Ala Ser Ile Gly Ala Leu Phe
945                 950                 955                 960
Gly Gly Val Gly Ala Ile Pro Gly Ala Leu Ile Gly Gly Ala Ile Gly
                965                 970                 975
Ser Phe Gly Gly Gly Ala Val Gly Glu Lys Val Gly Asp Met Ala Lys
            980                 985                 990
Lys Ala Asn Thr Lys Glu Gly Trp  Asn Leu Gly Trp Thr  Asn Gly Asp
        995                 1000                1005
Lys Asp  Gly Lys Asn Lys Phe  Gln Asp Ser Leu Leu  Gly Lys Pro
    1010                1015                1020
Ile Ser  Lys Ala Trp Ser Gly  Ile Thr Gly Leu Phe  Asp Asn Asp
    1025                1030                1035
Ala Glu  Ala Ser Glu Glu Asp  Ser Lys Asp Lys Lys  Lys Gly Val
    1040                1045                1050
```

Lys Gly Val Lys Gly Asp Thr Lys Lys Lys Glu Lys Met Thr Ala
1055 1060 1065
Glu Gln Leu Arg Glu Lys Asn Asn Gln Ser Glu Thr Lys Asn Leu
1070 1075 1080
Lys Ile Tyr Ser Asp Leu Leu Asp Arg Ala Gln Lys Ile Ile Glu
1085 1090 1095
Ser Ala Lys Gly Ile Asn Ile Asp Gly Gly Thr Ser Asp Ser Gly
1100 1105 1110
Ser Asp Ser Gly Gly Ser Ala Ser Asp Val Gly Gly Glu Gly Ala
1115 1120 1125
Glu Lys Met Tyr Lys Phe Leu Lys Gly Lys Gly Leu Ser Asp Asn
1130 1135 1140
Gln Val Gly Ala Val Met Gly Asn Leu Gln Gln Glu Ser Asn Leu
1145 1150 1155
Asp Pro Asn Ala Lys Asn Ala Ser Ser Gly Ala Phe Gly Ile Ala
1160 1165 1170
Gln Trp Leu Gly Ala Arg Lys Thr Gly Leu Glu Asn Phe Ala Lys
1175 1180 1185
Ser Lys Gly Lys Lys Ser Ser Asp Met Asp Val Gln Leu Asp Tyr
1190 1195 1200
Leu Trp Lys Glu Met Gln Ser Asp Tyr Glu Ser Asn Asn Leu Lys
1205 1210 1215
Asn Ala Gly Trp Ser Lys Gly Gly Ser Leu Glu Gln Asn Thr Lys
1220 1225 1230
Ala Phe Ala Thr Gly Phe Glu Arg Met Gly Ala Asn Glu Ala Met
1235 1240 1245
Met Gly Thr Arg Val Asn Asn Ala Lys Glu Phe Lys Lys Lys Tyr
1250 1255 1260
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Ala Leu Ser Ser Thr
1265 1270 1275
Tyr Gln Glu Ala Met Ser Asn Pro Val Leu Thr Thr Gly Ser Asn
1280 1285 1290
Tyr Arg Gly Ser Asn Asp Ala Ser Asn Ala Ser Thr Thr Asn Arg
1295 1300 1305
Ile Thr Val Asn Val Asn Val Gln Gly Gly Asn Asn Pro Glu Glu
1310 1315 1320
Thr Gly Asp Ile Ile Gly Gly Arg Ile Arg Glu Val Leu Asp Ser
1325 1330 1335
Asn Met Asp Ile Phe Ala Asn Glu His Lys Arg Ser Tyr
1340 1345 1350

<210> 1261
<211> 808
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1261
Met Arg Arg Ile Arg Arg Pro Lys Val Arg Ile Glu Ile Val Thr Asp

```
1               5                   10                  15
Asp Asn Thr Phe Thr Leu Arg Phe Glu Asp Thr Arg Asp Tyr Asn Gly
            20                  25                  30
Asp Glu Phe Gly Ala Lys Leu Leu Gly Phe Gln Thr Lys Asn Ser Met
        35                  40                  45
Glu Asp Asp Ser Ser Val Phe Gln Ile Asn Met Ala Gly Asp Thr Tyr
    50                  55                  60
Trp Asp Lys Leu Val Met Ala Asn Asp Ile Ile Arg Ile Phe Ile Thr
65                  70                  75                  80
Pro Asn Asp Asp Pro Asn Asp Lys Glu Gly Arg Gln Glu Arg Leu Ile
                85                  90                  95
Gln Val Gly Met Val Ser Gln Val Ser Lys Val Gly Ser Tyr Gly Asn
            100                 105                 110
Asp Gln Thr Gln Phe Arg Ile Thr Gly Gln Ser Phe Val Lys Pro Phe
        115                 120                 125
Met Lys Phe Gly Leu Gly Val Ile Gln Glu Val Gln Ala Val Leu Pro
    130                 135                 140
Glu Val Gly Trp Leu Ile Asp Gly Asp Gly Asp Asn Glu Val Lys Phe
145                 150                 155                 160
Thr Gly Ser Ser Ala His Glu Val Met Thr Gly Ile Ile Arg Arg Phe
                165                 170                 175
Ile Pro Tyr Met Lys Tyr Asn Tyr Thr Glu Lys Thr Tyr Asn Thr Ile
            180                 185                 190
Asp Asn Tyr Leu Asp Tyr Asp Asp Leu Ser Ser Trp Asp Glu Phe Glu
        195                 200                 205
Lys Leu Thr Glu Val Ser Ala Phe Thr Asn Phe Asp Gly Ser Leu Lys
    210                 215                 220
Gln Leu Met Asp Met Val Thr Ala Arg Pro Phe Asn Glu Leu Phe Phe
225                 230                 235                 240
Lys Asn Ser Glu Lys Thr Pro Gly Lys Ala Gln Leu Val Leu Arg Lys
                245                 250                 255
Thr Pro Phe Asn Pro Thr Glu Trp Arg Ala Leu Asp Met Ile Lys Val
            260                 265                 270
Pro Thr Glu Asp Phe Ile Glu Glu Asp Val Gly Lys Ser Asp Val Glu
        275                 280                 285
Thr Tyr Ser Ile Phe Thr Ala Thr Pro Ala Gly Met Leu Lys Glu Leu
    290                 295                 300
Asn Gly Asp Val Phe Ser Lys Pro Gln Phe His Pro Glu Leu Thr Asp
305                 310                 315                 320
Arg Tyr Gly Tyr Thr Lys Phe Glu Val Glu Asn Ile Tyr Leu Ser Thr
                325                 330                 335
Lys Ser Gly Ser Ala Thr Glu Asp Ser Asp Ser Ser Gly Asp Asp Asn
            340                 345                 350
Gly Thr Glu Arg Gly Thr Tyr Ser Lys Ile Met Lys Asp Leu Ser Asn
        355                 360                 365
Tyr Gly Arg Asp Asn Ile Ser Lys Gly Ile Asp Lys Tyr Thr Ser Lys
    370                 375                 380
Leu Ser Ser Lys Tyr Lys Asn Leu Lys Lys Ala Gln Ala Lys Lys Ile
```

385 390 395 400
Ile Glu Lys Phe Val Lys Glu Gly Lys Val Thr Glu Lys Glu Tyr Glu
405 410 415
Lys Ile Thr Gly Asn Lys Val Asp Asp Glu Leu Thr Ser Asp Asn Arg
420 425 430
Pro Lys Leu Thr Lys Asp Lys Leu Lys Ser Ile Leu Lys Glu Lys Phe
435 440 445
Lys Thr Gln Asp Asp Phe Asn Asn Ser Lys Lys Lys Lys Lys Ala Lys
450 455 460
Thr Asp Ala Leu Lys Glu Leu Thr Thr Lys Tyr Arg Phe Gly Asn Lys
465 470 475 480
Thr His Ala Thr Thr Leu Leu Asp Glu Tyr Ile Lys Tyr Lys Gly Glu
485 490 495
Pro Pro Asn Asp Glu Ala Phe Asp Lys Tyr Leu Lys Ala Ile Glu Gly
500 505 510
Val Ser Asn Val Ala Thr Asp Thr Gly Ser Asp Ala Ser Asp Ser Pro
515 520 525
Leu Val Met Phe Ser Arg Met Leu Phe Asn Trp Tyr His Gly Asn Pro
530 535 540
Asn Phe Tyr Ala Gly Asp Ile Ile Val Leu Gly Asp Pro Lys Tyr Asp
545 550 555 560
Leu Gly Lys Arg Leu Phe Ile Glu Asp Lys Gln Arg Gly Asp Thr Trp
565 570 575
Glu Phe Tyr Ile Glu Ser Val Glu His Lys Phe Asp Tyr Lys Gln Gly
580 585 590
Tyr Tyr Thr Thr Val Gly Val Thr Arg Gly Leu Lys Asp Ala Ile Leu
595 600 605
Glu Asp Gly Lys Gly Ser Pro His Arg Phe Ala Gly Leu Trp Asn Gln
610 615 620
Ser Ser Asp Phe Met Gly Gly Leu Met Gly Glu Asp Thr Ser Lys Glu
625 630 635 640
Leu Lys Glu Lys Gly Val Ala Glu Lys Gln Ser Ser Gly Gly Lys Asp
645 650 655
Gly Gly Ser Asp Ser Gly Gly Ala Gln Asp Gly Gly Ser Leu Asp Ser
660 665 670
Leu Lys Lys Tyr Asn Gly Lys Leu Pro Lys His Asp Pro Ser Phe Val
675 680 685
Gln Pro Gly Asn Arg His Tyr Lys Tyr Gln Cys Thr Trp Tyr Ala Tyr
690 695 700
Asn Arg Arg Gly Gln Leu Gly Ile Pro Val Pro Leu Trp Gly Asp Ala
705 710 715 720
Ala Asp Trp Ile Gly Gly Ala Lys Gly Ala Gly Tyr Gly Val Gly Arg
725 730 735
Thr Pro Lys Gln Gly Ala Cys Val Ile Trp Gln Arg Gly Val Gln Gly
740 745 750
Gly Ser Pro Gln Tyr Gly His Val Ala Phe Val Glu Lys Val Leu Asp
755 760 765
Gly Gly Lys Lys Ile Phe Ile Ser Glu His Asn Tyr Ala Thr Pro Asn

770 775 780

Gly Tyr Gly Thr Arg Thr Ile Asp Met Ser Ser Ala Ile Gly Lys Asn
785 790 795 800

Ala Gln Phe Ile Tyr Asp Lys Lys
805

<210> 1262
<211> 295
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1262

Met Ala Thr Asp Lys Glu Ala Lys Asp Val Ile Asp Lys Phe Ile Asp
1 5 10 15

Asn Val Phe Asn Phe Asp Val Leu Thr Lys Glu Arg Ile Lys Glu Lys
20 25 30

Asp Glu Glu Ile Lys Lys Ile Thr Thr Asp Asp Met Tyr Glu Lys Val
35 40 45

Val Tyr Ile Arg Pro Tyr Val Gly Val Ile Gln Ser Leu Asn Pro Gln
50 55 60

His Val Gln Tyr Glu Ser Phe Ser Asn Asn Gly Tyr Asp Ile Glu Ala
65 70 75 80

Glu Leu Ser Phe Arg Lys Val Ser Tyr Leu Val Asp Lys Gly Ser Ile
85 90 95

Pro Thr Asp Ser Leu Ser Thr Leu Thr Val His Leu Val Glu Arg Asn
100 105 110

Gln Glu Leu Leu Ile Asp Tyr Phe Asp Glu Ile Gln Asp Val Leu Tyr
115 120 125

Gly Glu Tyr Met Glu Glu Glu Tyr Val Phe Asp Glu Asp Val Pro Leu
130 135 140

Ser Thr Ile Leu Ala Leu Asp Leu Asn Asp Asn Leu Lys Ser Leu Ser
145 150 155 160

Asn Ile Lys Tyr Met Phe Lys Gly Ala Pro Lys Glu Asn Pro Phe Gly
165 170 175

Thr Asp Lys Asp Val Tyr Ile Asp Thr Tyr Asn Leu Leu Tyr Trp Leu
180 185 190

Tyr Leu Gly Glu Asp Glu Glu Leu Ala Tyr Pro Met Asn Ile Asn Tyr
195 200 205

Phe Phe Thr Glu Gly Arg Phe Phe Thr Ile Phe Gly Lys Gly His Lys
210 215 220

Tyr Lys Val Asp Val Ser Lys Phe Ile Val Gly Asp Ile Leu Phe Phe
225 230 235 240

Gly Arg Ser Asp Thr Asn Ile Gly Ile Tyr Val Gly Asp Gly Glu Phe
245 250 255

Ile Ser Met Met Gly Lys Phe Pro Lys Asp Glu Thr Pro Ile Gly Lys
260 265 270

Tyr Lys Leu Asp Asp Tyr Trp Asn Glu Phe Asn Gly Arg Val Met Arg
275 280 285

Phe Asp Glu Glu Val Tyr Ile
290 295

<210> 1263
<211> 848
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1263

Met Val Val Arg Phe Gln Ser Ser Met Gly Arg Ser Leu Lys Arg Val
1 5 10 15
Asp Ser Asp Asp Leu Asn Val Lys Gly Leu Val Leu Ala Thr Val Ser
20 25 30
Lys Ile Asn Tyr Lys Tyr Gln Ser Val Glu Val Lys Val Asn Asn Leu
35 40 45
Thr Leu Gly Ser Arg Ile Gly Asp Asp Gly Ser Leu Ala Val Pro Tyr
50 55 60
Pro Lys Ser Phe Ile Gly Arg Thr Pro Glu Gly Ser Val Phe Gly Thr
65 70 75 80
Lys Pro Leu Ile Thr Glu Gly Ser Val Val Leu Ile Gly Phe Leu Asn
85 90 95
Asp Asp Ile Asn Ser Pro Ile Ile Leu Ser Val Tyr Gly Asp Asn Glu
100 105 110
Gln Asn Lys Met Ile Asn Thr Asn Pro Leu Asp Gly Gly Lys Phe Asp
115 120 125
Thr Glu Ser Val Tyr Lys Tyr Ser Ser Ser Leu Tyr Glu Ile Leu Pro
130 135 140
Ser Leu Asn Tyr Lys Tyr Asp Asp Gly Glu Gly Thr Ser Ile Arg Thr
145 150 155 160
Tyr Asn Gly Lys Ser Phe Phe Ser Met Thr Ser Gly Glu Glu Glu Lys
165 170 175
Pro Gln Ala Thr Asp Phe Tyr Thr Gly Thr Glu Tyr Gln Asp Leu Phe
180 185 190
Thr Ser Tyr Tyr Gly Asn Lys Thr Leu Ile Glu Pro Arg Ile Gln Lys
195 200 205
Ala Pro Asn Met Leu Phe Lys His Gln Gly Val Phe Tyr Asp Asp Gly
210 215 220
Thr Pro Asp Asn His Ile Thr Thr Leu Phe Ile Ser Glu Arg Gly Asp
225 230 235 240
Ile Arg Ala Ser Val Leu Asn Thr Glu Thr Gln Lys Arg Thr Thr Gln
245 250 255
Glu Met Ser Ser Asp Gly Ser Tyr Arg Val Ile Lys Gln Asp Asp Asp
260 265 270
Leu Met Leu Asp Glu Ala Gln Val Trp Ile Glu Tyr Gly Ile Ser Glu
275 280 285
Asp Asn Lys Phe Tyr Ile Lys Asn Asp Lys His Lys Phe Glu Phe Thr
290 295 300
Asp Glu Gly Ile Tyr Ile Asp Asp Lys Pro Met Leu Glu Asn Leu Asp

305 310 315 320
Glu Ser Ile Ala Glu Ala Met Lys Asn Leu Asn Glu Ile Gln Lys Glu
325 330 335
Leu Asp Asp Ile Asn Tyr Leu Leu Glu Gly Val Gly Lys Asp Asn Leu
340 345 350
Glu Glu Leu Ile Glu Ser Thr Lys Glu Ser Ile Glu Ala Ser Lys Lys
355 360 365
Ala Thr Ser Asp Val Asn Arg Leu Thr Thr Gln Ile Ala Glu Val Ser
370 375 380
Gly Arg Thr Glu Gly Ile Ile Thr Gln Phe Gln Lys Phe Arg Asp Glu
385 390 395 400
Thr Phe Lys Asp Phe Tyr Glu Asp Ala Ser Thr Val Ile Asn Glu Val
405 410 415
Asn Gln Asn Phe Pro Thr Met Lys Thr Asp Val Lys Thr Leu Lys Thr
420 425 430
Lys Val Asp Asn Leu Glu Lys Thr Glu Ile Pro Asn Ile Lys Thr Arg
435 440 445
Leu Thr Glu Leu Glu Asn Asn Asn Asn Asn Ala Asp Lys Ile Ile Ser
450 455 460
Asp Arg Gly Glu His Ile Gly Ala Met Ile Gln Leu Glu Glu Asn Val
465 470 475 480
Thr Val Pro Met Arg Lys Tyr Met Pro Ile Pro Trp Ser Lys Val Thr
485 490 495
Tyr Asn Asn Ala Glu Phe Trp Asp Ser Asn Asn Pro Thr Arg Leu Val
500 505 510
Val Pro Lys Gly Ile Thr Lys Val Arg Val Ala Gly Asn Val Leu Trp
515 520 525
Asp Ser Asn Ala Thr Gly Gln Arg Met Leu Arg Ile Leu Lys Asn Gly
530 535 540
Thr Tyr Ser Ile Gly Leu Pro Tyr Thr Arg Asp Val Ala Ile Ser Thr
545 550 555 560
Ala Pro Gln Asn Gly Thr Ser Gly Val Ile Pro Val Lys Glu Gly Asp
565 570 575
Tyr Phe Glu Phe Glu Ala Phe Gln Asp Ser Glu Gly Asp Arg Gln Phe
580 585 590
Arg Ala Asp Pro Tyr Thr Trp Phe Ser Ile Glu Ala Ile Glu Leu Glu
595 600 605
Thr Glu Thr Met Glu Lys Asp Phe Met Leu Ile Gly His Arg Gly Ala
610 615 620
Thr Gly Tyr Thr Asp Glu His Thr Ile Lys Gly Tyr Gln Met Ala Leu
625 630 635 640
Asp Lys Gly Ala Asp Tyr Ile Glu Leu Asp Leu Gln Leu Thr Lys Asp
645 650 655
Asn Lys Leu Leu Cys Met His Asp Ser Thr Ile Asp Arg Thr Thr Thr
660 665 670
Gly Thr Gly Lys Val Gly Asp Met Thr Leu Ser Tyr Ile Gln Thr Asn
675 680 685
Phe Thr Ser Leu Asn Gly Glu Pro Ile Pro Ser Leu Asp Asp Val Leu

690 695 700

Asn His Phe Gly Thr Lys Val Lys Tyr Tyr Ile Glu Thr Lys Arg Pro
705 710 715 720
Phe Asp Ala Asn Met Asp Lys Glu Leu Leu Thr Gln Leu Lys Ala Lys
725 730 735
Gly Leu Ile Gly Ile Gly Ser Glu Arg Phe Gln Val Ile Ile Gln Ser
740 745 750
Phe Ala Arg Glu Ser Leu Ile Asn Ile His Asn Gln Phe Ser Asn Ile
755 760 765
Pro Leu Ala Tyr Leu Thr Ser Thr Phe Ser Glu Ser Glu Met Asp Asp
770 775 780
Cys Leu Ser Tyr Gly Ser Tyr Ala Ile Ala Pro Lys Tyr Thr Thr Ile
785 790 795 800
Thr Lys Glu Leu Val Asp Leu Ala His Ser Lys Gly Leu Lys Val His
805 810 815
Ala Trp Thr Val Asn Thr Lys Glu Glu Met Gln Ser Leu Ile Gln Met
820 825 830
Gly Val Asp Gly Phe Phe Thr Asn Tyr Leu Asp Glu Tyr Lys Lys Ile
835 840 845

<210> 1264
<211> 263
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1264

Met Pro Gln Ser Asp Gly Ile Ser Asn Leu His Arg Ile Ala Leu Arg
1 5 10 15
Phe Pro Lys Glu Gly Gly Gly Tyr Asp Met Tyr Arg Phe Lys Val Asn
20 25 30
Pro Glu Asn Tyr Thr Ile Asp Ser Pro Gln Arg Thr Thr Ala Ile Lys
35 40 45
Thr Lys Ser Asp Ile Val Ile Glu Asp Tyr Gly Lys Asp Ile Glu Val
50 55 60
Ile Asn Phe Thr Gly Thr Thr Gly Phe Arg Pro Val Arg Glu Ala Asp
65 70 75 80
Gly Leu Lys Thr Gly Lys Gln Lys Met Glu Glu Leu Gln Ser Arg Val
85 90 95
Ser Glu Tyr Ala Met Gln Gly Gly Ser Gly Asn Val Ser Gly Ser Tyr
100 105 110
Leu Gln Phe Phe Asn Phe Thr Asp Asp Ser Tyr Tyr Lys Val His Leu
115 120 125
Ala Pro Gln Gly Leu Lys Ile Thr Arg Ser Lys Asp Glu Pro Leu Leu
130 135 140
Phe Arg Tyr Glu Ile Thr Leu Val Val Ile Gly Ser Leu Thr Glu Ala
145 150 155 160
Asp Arg Ser Ala Val Thr Thr Glu Glu Phe Gly Asn Val Lys Pro Asn
165 170 175

Ala Ser Gln Arg Val Asp Glu Gly Ile Lys Glu Leu Asp Lys Asn Ala
180 185 190
Arg Lys Thr Arg Asp Arg Asn Asn Gln Glu Ile Ser Arg Arg Glu Asn
195 200 205
Thr Ile Pro Lys Ser Thr Gly Asp Asn Thr Asn Glu Gly Asn Arg Leu
210 215 220
Lys Gln Ser Phe Pro Ser Ser Ser Ile Tyr Asn Pro Arg Gln Ser Thr
225 230 235 240
Asn Gly Leu Lys Gly Asn Ile Asp Asn Met Ala Leu Ile Ile Gly Tyr
245 250 255
Gly Asp Gly Gly Val Ser Ser
260

<210> 1265
<211> 174
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1265

Met Asn Asn Phe Ile Pro Gln Pro Gln Gly Leu Leu Arg Phe Leu Asn
1 5 10 15
Ala Leu Asp Thr Asp Leu Thr Ser Ser His Met Asn Leu Leu Asp Glu
20 25 30
Glu Val Ser Phe Val Ser Lys Phe Tyr Thr Pro Gln Leu Gln Leu Ser
35 40 45
Glu Leu Ala Lys Lys Val Leu Thr Asn Ile Lys Thr Asp Asp Ile Pro
50 55 60
Val Leu Glu Arg Glu Phe Asn Asp Asn Thr Ile Ile His Lys Ala Asn
65 70 75 80
Asp Thr Leu Leu Lys Val Gln Ala Pro Arg Met Tyr Met Ile Leu Gln
85 90 95
Ser Ile Val Leu Glu Ala Tyr Ala Ile Val Asn Cys Phe Val Glu Asn
100 105 110
Pro Ser Ser Leu Lys Tyr Leu Thr Glu Glu Asp Val Ser Ile Thr Arg
115 120 125
Glu Asn Leu Asn Tyr Val Ala Asp Tyr Leu Gly Asn Tyr Asp Asp Tyr
130 135 140
Asn Ser Val Val Leu Asp Leu Arg Asp Leu Asp Leu Cys Phe Ser Ala
145 150 155 160
Ile Glu Leu Gln Leu Pro Leu Ile Lys Lys Glu Ala Asn Val
165 170

<210> 1266
<211> 234
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1266

Met Arg Phe Lys Lys His Val Val Gln His Glu Glu Thr Met Gln Ala
1 5 10 15
Ile Ala Gln Arg Tyr Tyr Gly Asp Val Ser Tyr Trp Ile Asp Leu Val
20 25 30
Glu His Asn Asn Leu Lys Tyr Pro Tyr Leu Val Glu Thr Asp Glu Glu
35 40 45
Lys Met Lys Asp Pro Glu Arg Leu Ala Ser Thr Gly Asp Thr Leu Ile
50 55 60
Ile Pro Ile Glu Ser Asp Leu Thr Asp Val Ser Ala Lys Glu Ile Asn
65 70 75 80
Ser Arg Asp Lys Asp Val Leu Val Glu Leu Ala Leu Gly Arg Asp Leu
85 90 95
Asn Ile Thr Ala Asp Glu Lys Tyr Phe Asn Glu His Gly Thr Ser Asp
100 105 110
Asn Ile Leu Ala Phe Ser Thr Asn Gly Asn Gly Asp Leu Asp Thr Val
115 120 125
Lys Gly Ile Asp Asn Met Lys Gln Gln Leu Gln Ala Arg Leu Leu Thr
130 135 140
Pro Arg Gly Ser Leu Met Leu His Pro Asn Tyr Gly Ser Asp Leu His
145 150 155 160
Asn Leu Phe Gly Leu Asn Ile Pro Glu Gln Ala Thr Leu Ile Glu Met
165 170 175
Glu Val Leu Arg Thr Leu Thr Ser Asp Asn Arg Val Lys Ser Ala Asn
180 185 190
Leu Ile Asp Trp Lys Ile Gln Gly Asn Val Tyr Ser Gly Gln Phe Ser
195 200 205
Val Glu Ile Lys Ser Val Glu Glu Ser Ile Asn Phe Val Leu Gly Gln
210 215 220
Asp Glu Glu Gly Ile Phe Ala Leu Phe Glu
225 230

<210> 1267
<211> 348
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1267

Met Lys Thr Arg Lys Leu Thr Asn Ile Leu Ser Lys Leu Ile Asp Lys
1 5 10 15
Thr Met Ala Gly Thr Ser Lys Ile Thr Asp Phe Thr Pro Gly Ser Ala
20 25 30
Ser Arg Ser Leu Leu Glu Ala Val Ser Leu Glu Ile Glu Gln Phe Tyr
35 40 45
Ile Leu Thr Lys Glu Asn Ile Asp Trp Gly Ile Gln Glu Gly Ile Ile
50 55 60
Glu Ala Phe Asp Phe Gln Lys Arg Gln Ser Lys Arg Ala Tyr Gly Asp
65 70 75 80
Val Thr Ile Gln Phe Tyr Gln Pro Leu Asp Met Arg Met Tyr Ile Pro

85 90 95
Ala Gly Thr Thr Phe Thr Ser Thr Arg Gln Glu Tyr Pro Gln Gln Phe
100 105 110
Glu Thr Leu Val Asp Tyr Tyr Ala Glu Pro Asp Ser Thr Glu Ile Val
115 120 125
Val Glu Val Tyr Cys Lys Glu Thr Gly Val Ala Gly Asn Val Pro Glu
130 135 140
Gly Thr Ile Asn Thr Ile Ala Ser Gly Ser Ser Leu Ile Arg Ser Val
145 150 155 160
Asn Asn Glu Tyr Ser Phe Asn Thr Gly Thr Lys Glu Glu Ser Gln Glu
165 170 175
Asp Phe Lys Arg Arg Phe His Ser Phe Val Glu Ser Arg Gly Arg Ala
180 185 190
Thr Asn Lys Ser Val Arg Tyr Gly Ala Leu Gln Ile Pro Asp Val Glu
195 200 205
Gly Val Tyr Val Tyr Glu Glu Thr Gly His Ile Thr Val Phe Ala His
210 215 220
Asp Arg Asn Gly Asn Leu Ser Asp Thr Leu Lys Glu Asp Ile Ile Asp
225 230 235 240
Ala Leu Gln Asp Tyr Arg Pro Ser Gly Ile Met Leu Asp Val Thr Gly
245 250 255
Val Glu Lys Glu Glu Val Asn Val Ser Ala Thr Val Thr Ile Ser Asn
260 265 270
Lys Ser Arg Ile Gly Asp Thr Leu Gln Lys His Ile Glu Ser Val Ile
275 280 285
Arg Ser Tyr Leu Asn Asn Leu Lys Thr Ser Asp Asp Leu Ile Ile Thr
290 295 300
Asp Leu Ile Gln Ala Ile Met Asn Ile Asp Asp Val Leu Ile Tyr Asp
305 310 315 320
Val Ser Phe Asp Asn Leu Asp Glu Asn Ile Ile Val Pro Pro Gln Gly
325 330 335
Ile Ile Arg Ala Gly Glu Ile Lys Val Glu Leu Lys
340 345

<210> 1268
<211> 1019
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1268
Val Ala Asn Phe Leu Lys Asn Leu His Pro Leu Leu Arg Arg Asp Arg
1 5 10 15
Asn Lys Lys Asp Asn Gln Asp Pro Asn Phe Ala Leu Ile Asp Ala Leu
20 25 30
Asn Glu Glu Met Asn Gln Val Glu Lys Asp Ala Ile Glu Ser Lys Leu
35 40 45
Gln Ser Ser Leu Lys Thr Ser Thr Ser Glu Tyr Leu Asp Lys Phe Gly
50 55 60

```
Asp Trp Phe Gly Val Tyr Arg Lys Thr Asp Glu Asn Asp Asp Val Tyr
65                  70                  75                  80
Arg Ala Arg Ile Ile Lys Tyr Leu Leu Leu Lys Arg Gly Thr Asn Asn
                85                  90                  95
Ala Ile Ile Asp Ala Ile Lys Asp Tyr Leu Gly Arg Asp Asp Ile Asp
            100                 105                 110
Val Ser Val Tyr Glu Pro Phe Thr Asn Ile Phe Tyr Thr Asn Lys Ser
        115                 120                 125
His Leu Asn Gly Glu Asp His Leu Met Gly Tyr Tyr Tyr Arg Phe Ala
    130                 135                 140
Val Ile Asn Val Ser Ile Gly Asp Tyr Phe Pro Val Glu Ile Ile Asp
145                 150                 155                 160
Val Ile Asn Glu Phe Lys Pro Ala Gly Val Thr Leu Tyr Val Thr Tyr
                165                 170                 175
Asp Gly Ala Ser Thr Ile Arg Gly Gly Ala Ile Ile Lys Trp Leu Asp
            180                 185                 190
Gly Leu Pro Lys Ile Glu Thr Tyr Gln Glu Phe Asp Arg Phe Thr Gly
        195                 200                 205
Tyr Asp Asp Thr Phe Tyr Gly His Ile Asn Met Asn Gln Ser Lys Asp
    210                 215                 220
Thr Asp Asn Ser Ser Ser Asp Ile Phe Lys Thr Asn His Ser Leu Ile
225                 230                 235                 240
Asn Ser Leu Asp Val Leu Thr Gly Ser Ser Ser Val Gly Arg Gln Tyr
                245                 250                 255
Ile Asn Tyr Gly Tyr Val Thr Ser Tyr Val Tyr Asn Pro Gly Met Thr
            260                 265                 270
Ser Ser Val Asn Gln Ile Ser Ala Ser Thr Glu Gly Arg Gly Gln Glu
        275                 280                 285
Val Pro Thr Asp Tyr Tyr Met Tyr Thr Ser Thr Lys Asn Asn Asn Thr
    290                 295                 300
Val Glu Leu Ser Met Gln Thr Thr Ser Gly Val Ser Tyr Leu Tyr Asn
305                 310                 315                 320
Asn Phe Asn Phe Arg Asp Tyr Met Ser Lys Tyr Arg Pro Gln Val Asp
                325                 330                 335
Leu Gln Ser Asp Glu Ala Arg Arg Ile Val Ser Asp Tyr Ile Lys Glu
            340                 345                 350
Leu Ser Ile Asp Tyr Tyr Leu Ser Ala Val Ile Pro Pro Asp Glu Ser
        355                 360                 365
Ile Glu Ile Lys Leu Gln Val Tyr Asp Phe Ser Ile Asn Arg Trp Leu
    370                 375                 380
Thr Val Ser Ile Asn Asn Leu Ser Phe Tyr Glu Lys Asn Ile Gly Ser
385                 390                 395                 400
Asn Ile Gly Tyr Ile Lys Asp Tyr Leu Asn Ser Glu Leu Asn Met Phe
                405                 410                 415
Thr Arg Leu Glu Ile Asn Ala Gly Lys Arg Asp Ser Val Asp Ile Lys
            420                 425                 430
Val Asn Tyr Leu Asp Leu Met Phe Tyr Tyr Tyr Glu Arg Gly Ile Tyr
        435                 440                 445
```

Thr Ile Lys Pro Tyr Lys Ala Leu Ile Glu Asn Tyr Leu Asp Ile Ser
450 455 460
Arg Glu Thr Tyr Val Glu Ala Phe Lys Ile Ala Ser Leu Ser Asn Gly
465 470 475 480
Asp Ile Ile Thr Lys Thr Gly Phe Gln Pro Ile Gly Tyr Leu Lys Leu
485 490 495
Val Gly Asn Tyr Glu Asn Thr Arg Pro Ser Thr Ile Asn Ile Val Ala
500 505 510
Lys Asp Thr Asp Asn Asn Pro Ile Glu Ser Asn Glu Leu Asp Val Tyr
515 520 525
Asn Thr Val Glu Asn Arg Asn Leu Leu Gln Ser Tyr Lys Gly Ala Asn
530 535 540
Thr Ile Ala Arg Glu Ile Thr Ser Thr Lys Glu Phe Thr Val Ser Gly
545 550 555 560
Trp Ala Lys Glu Ile Tyr Ser Thr Asn Tyr Leu Ser Lys Val Leu Lys
565 570 575
Pro Gly Lys Val Tyr Thr Leu Ser Phe Asp Ile Glu Ile Thr Gly Asn
580 585 590
Asp Leu Thr Leu Lys Ser Tyr Ser Asp Asn His Gly Ile Tyr Leu Tyr
595 600 605
Ser Asn Thr Lys Gly Ile Val Val Asn Gly Val Lys Ser Met Glu Arg
610 615 620
Thr Ile Gly Asn Lys Val Ser Val Thr Gln Thr Phe Thr Ala Pro Thr
625 630 635 640
Ile Thr Asp His Arg Leu Leu Ile Tyr Thr Gly Arg Tyr Thr Ser Asp
645 650 655
Gly Lys Ala Ser Thr Pro Pro Val Phe Phe Asn Thr Val Lys Ile Thr
660 665 670
Glu Leu Lys Leu Ser Glu Gly Thr Ser Asn Leu Glu Tyr Ser Pro Ala
675 680 685
Pro Glu Asp Lys Pro Asn Val Ile Glu Lys Gly Ile Lys Phe Asn Asn
690 695 700
Ile Leu Thr Asn Ile Gln Thr Leu Ser Ile Asn Ser Asp Thr Ile Leu
705 710 715 720
Lys Asn Val Thr Leu Tyr Tyr Ser Tyr Tyr Gly Asp Asn Trp Val Glu
725 730 735
Leu Lys Thr Leu Gly Asn Ile Ser Thr Gly Glu Thr Thr Glu Thr Asn
740 745 750
Asn Leu Ile Asp Leu Tyr Gly Leu Gln Thr Val Asp Tyr Ser Asn Ile
755 760 765
Asn Pro Met Ser Lys Val Ser Leu Arg Ser Ile Trp Asn Val Lys Leu
770 775 780
Gly Glu Leu Asn Asn Gln Glu Gly Ser Leu Ser Asn Met Pro Asn Asp
785 790 795 800
Tyr Phe Asn Ala Val Trp Gln Asp Ile Asp Lys Leu Ser Asp Ile Glu
805 810 815
Ile Gly Ser Met Arg Met Val Lys Asp Thr Glu Gly Gly Val Phe Asp
820 825 830

Gly Ala Thr Gly Glu Ile Ile Lys Ala Thr Leu Phe Asn Val Gly Ser
835 840 845
Tyr Thr Asp Leu Asp Met Leu Ala Tyr Thr Leu Thr Asn Tyr Thr Glu
850 855 860
Pro Leu Thr Leu Gly Ser Ser Arg Leu Ile Ser Glu Leu Lys Glu Glu
865 870 875 880
Leu Leu Thr Ser Glu Ser Phe Asn Val Asp Asn Arg Ile Lys Val Ile
885 890 895
Asp Ser Ile Tyr Glu Glu Leu Pro Asn Thr Ser Ile Ile Lys Asn Gly
900 905 910
Phe Val Glu Arg Glu Val Thr Gly Ser Lys Tyr Leu Asp Tyr Gly Leu
915 920 925
Tyr Glu Pro Ile Glu Asp Gly Thr Arg Tyr Lys Leu Ile Val Glu Gly
930 935 940
Glu Phe Lys Asp Asn Ile Glu Phe Ile Tyr Leu Tyr Asn Ser Asn Pro
945 950 955 960
Asn Phe Asn Glu Thr Phe Ile Tyr Pro Ser Glu Ile Ile Asn Gly Val
965 970 975
Ala Glu Lys Glu Phe Ile Ala Lys Pro Ser Thr Glu Asp Lys Pro Arg
980 985 990
Leu Asn Thr Asp Val Arg Ile Tyr Ile Arg Pro Tyr Asp Ser Thr Ile
995 1000 1005
Ser Lys Val Arg Arg Val Glu Leu Arg Lys Val
1010 1015

<210> 1269
<211> 173
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1269
Met Ala Ile Ala Thr Tyr Asn Ser His Val Glu Leu Ala Lys Tyr Leu
1 5 10 15
Val Ser Lys Ala Asp Ser Val Tyr Leu Thr Ile Gly Lys Ser Thr Pro
20 25 30
Trp Ser Asn Glu Thr Asn Pro Pro Gln Pro Asp Glu Asn Ala Thr Val
35 40 45
Leu Gln Glu Val Ile Gly Tyr Lys Lys Ala Thr Lys Val Thr Leu Val
50 55 60
Arg Pro Ser Lys Ser Pro Glu Asp Asp Asn Lys Asn Leu Ile Ser Tyr
65 70 75 80
Gly Asn Lys Ser Trp Val Glu Val Thr Pro Glu Asn Ala Lys Ala Glu
85 90 95
Gly Ala Lys Trp Val Tyr Leu Glu Ser Ser Ile Val Gly Asp Glu Leu
100 105 110
Pro Leu Gly Thr Tyr Arg Gln Val Gly Phe Val Met Asp Leu Val Ala
115 120 125
Lys Ser Gly Ile Ser Lys Phe Asn Leu Val Pro Ser Glu Val Glu Ser

130 135 140
Thr Gly Thr Leu Leu Phe Phe Asp Asn Lys Gln Phe Gln Asn Arg Ser
145 150 155 160
Glu Gln Thr Thr Ala Lys Glu Arg Phe Ile Val Glu Val
165 170

<210> 1270
<211> 1152
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1270
Met Ala Ile Asn Phe Lys Gly Ser Pro Tyr Leu Asp Arg Phe Asp Pro
1 5 10 15
Ser Lys Asp Arg Thr Lys Val Leu Phe Asn Pro Asp Arg Pro Leu Gln
20 25 30
Gln Ala Glu Leu Asn Glu Met Gln Ser Ile Asp Gln Tyr Tyr Leu Lys
35 40 45
Asn Leu Gly Asp Ala Ile Phe Lys Asp Gly Asp Lys Gln Ser Gly Leu
50 55 60
Gly Phe Thr Leu Ser Glu Asp Asn Val Leu Thr Val Asn Pro Gly Tyr
65 70 75 80
Val Tyr Ile Asn Gly Lys Ile Arg Tyr Tyr Asp Asn Asp Asp Ser Val
85 90 95
Lys Ile Thr Gly Val Gly Lys Glu Thr Ile Gly Ile Lys Leu Thr Glu
100 105 110
Arg Ile Val Thr Pro Asp Glu Asp Ala Ser Leu Leu Asp Gln Thr Ser
115 120 125
Gly Val Pro Ser Tyr Phe Ser Lys Gly Ala Asp Arg Leu Glu Glu Lys
130 135 140
Met Ser Leu Thr Val Asn Asp Pro Thr Ser Ala Thr Ile Tyr Thr Phe
145 150 155 160
Met Asp Gly Asp Leu Tyr Ile Gln Ser Thr Asn Ala Glu Met Asp Lys
165 170 175
Ile Asn Lys Val Leu Ala Glu Arg Thr Tyr Asp Glu Ser Gly Ser Tyr
180 185 190
Lys Val Asn Gly Phe Glu Leu Phe Ser Glu Gly Asn Ala Glu Asp Asp
195 200 205
Asp His Val Ser Val Val Val Asp Ala Gly Lys Ala Tyr Val Lys Gly
210 215 220
Phe Lys Val Asp Lys Pro Val Ser Thr Arg Ile Ser Val Pro Lys Ser
225 230 235 240
Tyr Asp Leu Gly Thr Ala Glu Asn Glu Ser Thr Ile Phe Asn Lys Ser
245 250 255
Asn Asn Ser Ile Ser Leu Ala Asn Ser Pro Val Lys Glu Ile Arg Arg
260 265 270
Val Thr Gly Gln Val Leu Ile Glu Lys Glu Arg Val Thr Arg Gly Ala
275 280 285

Gln Gly Asp Gly Gln Asp Phe Leu Ser Asn Asn Thr Ala Phe Glu Ile
290 295 300
Val Lys Val Trp Thr Glu Thr Ser Pro Gly Val Thr Thr Lys Glu Tyr
305 310 315 320
Lys Gln Gly Glu Asp Phe Arg Leu Thr Asp Gly Gln Thr Ile Asp Trp
325 330 335
Ser Pro Gln Gly Gln Glu Pro Ser Gly Gly Thr Ser Tyr Tyr Val Ser
340 345 350
Tyr Lys Tyr Asn Lys Arg Met Glu Ala Gly Lys Asp Tyr Glu Val Thr
355 360 365
Thr Gln Gly Glu Gly Leu Ser Lys Lys Trp Tyr Ile Asn Phe Thr Pro
370 375 380
Ser Asn Gly Ala Lys Pro Ile Asp Gln Thr Val Val Leu Val Asp Tyr
385 390 395 400
Thr Tyr Tyr Leu Ala Arg Lys Asp Ser Val Phe Ile Asn Lys Tyr Gly
405 410 415
Asp Ile Ala Ile Leu Pro Gly Glu Pro Asn Ile Met Arg Leu Val Thr
420 425 430
Pro Pro Leu Asn Thr Asp Pro Glu Asn Leu Gln Leu Gly Thr Val Thr
435 440 445
Val Leu Pro Asp Ser Asp Glu Ala Val Cys Ile Ser Phe Ala Ile Thr
450 455 460
Arg Leu Ser Met Glu Asp Leu Gln Lys Val Lys Thr Arg Val Asp Asn
465 470 475 480
Leu Glu Tyr Asn Gln Ala Val Asn Ala Leu Asp Asp Gly Ala Met Glu
485 490 495
Gly Gln Asn Pro Leu Thr Leu Arg Ser Val Phe Ser Glu Gly Phe Ile
500 505 510
Ser Leu Asp Lys Ala Asp Ile Thr His Pro Asp Phe Gly Ile Val Phe
515 520 525
Ser Phe Glu Asp Ala Glu Ala Thr Leu Ala Tyr Thr Glu Ala Val Asn
530 535 540
Gln Pro Lys Ile Ile Pro Gly Asp Thr Thr Ala His Ile Trp Gly Arg
545 550 555 560
Leu Ile Ser Ala Pro Phe Thr Glu Glu Arg Thr Ile Tyr Gln Gly Gln
565 570 575
Ala Ser Glu Thr Leu Asn Val Asn Pro Tyr Asn Ile Pro Asn Lys Gln
580 585 590
Gly Val Leu Lys Leu Thr Pro Ser Glu Asp Asn Trp Ile Asp Thr Glu
595 600 605
Asn Val Thr Ile Thr Glu Gln Lys Thr Lys Lys Val Thr Met Lys Arg
610 615 620
Phe Trp Arg His Asn Glu Ser Tyr Tyr Gly Glu Thr Glu His Tyr Leu
625 630 635 640
Tyr Ser Asn Leu Gln Leu Asp Ala Gly Gln Lys Trp Lys Gly Glu Thr
645 650 655
Tyr Ala Tyr Asp Arg Glu His Gly Arg Thr Gly Thr Leu Leu Glu Ser
660 665 670

```
Gly Gly Gln Arg Thr Leu Glu Glu Met Ile Glu Phe Ile Arg Ile Arg
        675                 680                 685
Asp Val Ser Phe Glu Val Lys Gly Leu Asn Pro Asn Asp Asn Asn Leu
    690                 695                 700
Tyr Leu Leu Phe Asp Gly Val Arg Cys Ala Ile Thr Pro Ala Thr Gly
705                 710                 715                 720
Tyr Arg Lys Gly Ser Glu Asp Gly Thr Ile Met Thr Asp Ala Lys Gly
                725                 730                 735
Thr Ala Lys Gly Lys Phe Thr Ile Pro Ala Gly Ile Arg Cys Gly Asn
            740                 745                 750
Arg Glu Val Thr Leu Lys Asn Ala Asn Ser Thr Ser Ala Thr Thr Tyr
        755                 760                 765
Thr Ala Gln Gly Arg Lys Lys Thr Val Gln Asp Ile Ile Ile Arg Thr
    770                 775                 780
Arg Val Thr Val Asn Leu Val Asp Pro Leu Ala Gln Ser Phe Gln Tyr
785                 790                 795                 800
Asp Glu Asn Arg Thr Ile Ser Ser Leu Gly Leu Tyr Phe Ala Ser Lys
                805                 810                 815
Gly Asp Lys Gln Ser Asn Val Val Ile Gln Ile Arg Gly Met Gly Asp
            820                 825                 830
Gln Gly Tyr Pro Asn Lys Thr Ile Tyr Ala Glu Thr Val Met Asn Ala
        835                 840                 845
Asp Asp Ile Lys Val Ser Asn Asn Ala Ser Ala Glu Thr Arg Val Tyr
    850                 855                 860
Phe Asp Asp Pro Met Met Ala Glu Gly Gly Lys Glu Tyr Ala Ile Val
865                 870                 875                 880
Ile Ile Thr Glu Asn Ser Asp Tyr Thr Met Trp Val Gly Thr Arg Thr
                885                 890                 895
Lys Pro Lys Ile Asp Lys Pro Asn Glu Val Ile Ser Gly Asn Pro Tyr
            900                 905                 910
Leu Gln Gly Val Leu Phe Ser Ser Ser Asn Ala Ser Thr Trp Thr Pro
        915                 920                 925
His Gln Asn Ser Asp Leu Lys Phe Gly Ile Tyr Thr Ser Lys Phe Asn
    930                 935                 940
Glu Thr Ala Thr Ile Glu Phe Glu Pro Ile Lys Asp Val Ser Ala Asp
945                 950                 955                 960
Arg Ile Val Leu Met Ser Thr Tyr Leu Thr Pro Glu Arg Thr Gly Cys
                965                 970                 975
Thr Trp Glu Met Lys Leu Ile Leu Asp Asp Met Ala Ser Ser Thr Thr
            980                 985                 990
Phe Asp Gln Leu Lys Trp Glu Pro  Ile Gly Asn Tyr Gln  Asp Leu Asp
        995                 1000                1005
Val Leu  Gly Leu Ala Arg Gln  Val Lys Leu Arg Ala  Thr Phe Glu
    1010                1015                1020
Ser Asn  Arg Tyr Ile Ser Pro  Leu Met Ser Ser Ser  Asp Leu Thr
    1025                1030                1035
Phe Thr  Thr Phe Leu Thr Glu  Leu Thr Gly Ser Tyr  Val Gly Arg
    1040                1045                1050
```

Ala Ile Asp Met Thr Glu Ala Pro Tyr Asn Thr Val Arg Phe Ser
1055 1060 1065
Tyr Glu Ala Phe Leu Pro Lys Gly Thr Lys Val Val Pro Lys Tyr
1070 1075 1080
Ser Ala Asp Asp Gly Lys Thr Trp Lys Thr Phe Thr Lys Ser Pro
1085 1090 1095
Thr Thr Thr Arg Ala Asn Asn Glu Phe Thr Arg Tyr Val Ile Asp
1100 1105 1110
Glu Lys Val Lys Ser Ser Gly Thr Asn Thr Lys Leu Gln Val Arg
1115 1120 1125
Leu Asp Leu Ser Thr Glu Asn Ser Phe Leu Arg Pro Arg Val Arg
1130 1135 1140
Arg Leu Met Val Thr Thr Arg Asp Glu
1145 1150

<210> 1271
<211> 52
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1271
Met Pro Arg Glu Val Arg Asp Pro Tyr Ser Gln Ala Lys Leu Phe Ile
1 5 10 15
Pro Thr Val Glu Glu Lys Ser Ile Lys Glu Leu Glu Lys Thr Tyr Lys
20 25 30
Glu Lys Ile Asp Glu Ala Thr Lys Leu Ile Asn Glu Leu Lys Lys Glu
35 40 45
Arg Gly Glu Lys
50

<210> 1272
<211> 640
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1272
Met Ala Phe Asn Tyr Thr Pro Leu Thr Glu Thr Gln Lys Leu Lys Asp
1 5 10 15
Met Tyr Pro Lys Val Asn Asp Ile Gly Asn Phe Leu Lys Thr Glu Val
20 25 30
Asn Leu Ser Asp Val Lys Gln Ile Ser Gln Pro Asp Phe Asn Asn Ile
35 40 45
Leu Ala Ser Ile Pro Asp Ser Gly Asn Tyr Tyr Val Thr Asn Ser Lys
50 55 60
Gly Ala Pro Ser Gly Glu Ala Thr Ala Gly Phe Val Arg Leu Asp Lys
65 70 75 80
Arg Asn Val Asn Tyr Tyr Lys Ile Tyr Tyr Ser Pro Tyr Ser Ser Asn
85 90 95

Lys Met Tyr Ile Lys Thr Tyr Ala Asn Gly Thr Val Tyr Asp Trp Ile
100 105 110
Ser Phe Lys Leu Asp Glu Gly Asn Leu Tyr Asn Glu Gly Asn Thr Leu
115 120 125
Asn Val Lys Glu Leu Thr Glu Ser Thr Thr Gln Tyr Ala Thr Leu Val
130 135 140
Asn Pro Pro Lys Glu Asn Leu Asn Thr Gly Trp Val Asn Tyr Lys Glu
145 150 155 160
Ser Lys Asn Gly Val Ser Ser Leu Val Glu Phe Asn Pro Val Asn Ser
165 170 175
Thr Ser Thr Phe Lys Met Ile Arg Lys Leu Pro Val Gln Glu Gln Lys
180 185 190
Pro Asn Leu Leu Lys Asp Ser Leu Phe Val Tyr Pro Glu Thr Ser Tyr
195 200 205
Ser Asn Ile Lys Thr Asp Asn Trp Asp Thr Pro Pro Phe Trp Gly Tyr
210 215 220
Ser Ser Asn Ser Gly Arg Ser Gly Val Arg Phe Arg Gly Glu Asn Thr
225 230 235 240
Val Gln Ile Asp Asp Gly Ser Asn Thr Tyr Pro Leu Val Val Ser Asn
245 250 255
Arg Phe Lys Met Gly Lys Glu Leu Ser Val Gly Asp Thr Val Thr Val
260 265 270
Ser Val Tyr Ala Lys Ile Asn Asp Pro Ala Leu Leu Lys Asp Asn Leu
275 280 285
Val Tyr Phe Glu Leu Ala Gly Tyr Asp Thr Val Asp Asp Thr Ser Lys
290 295 300
Asn Pro Tyr Thr Gly Gly Arg Arg Glu Ile Thr Ala Ser Glu Ile Thr
305 310 315 320
Thr Glu Trp Lys Lys Tyr Ser Phe Thr Phe Thr Ile Pro Glu Asn Thr
325 330 335
Ile Gly Ala Ser Gly Val Lys Val Asn Tyr Val Ser Leu Leu Leu Arg
340 345 350
Met Asn Cys Ser Ser Ser Lys Gly Asn Gly Ala Val Val Tyr Tyr Ala
355 360 365
Leu Pro Lys Leu Glu Lys Ser Pro Lys Val Thr Pro Phe Ile Thr His
370 375 380
Glu Asn Asp Val Arg Lys Tyr Asp Glu Ile Trp Ser Asn Trp Gln Glu
385 390 395 400
Val Ile Ser Lys Asp Glu Leu Lys Gly His Ser Pro Val Asp Ile Glu
405 410 415
Tyr Asn Asp Tyr Phe Lys Tyr Gln Trp Trp Lys Ser Glu Val Asn Glu
420 425 430
Lys Ser Leu Lys Asp Leu Ala Met Thr Val Pro Gln Gly Tyr His Thr
435 440 445
Phe Tyr Cys Gln Gly Ser Ile Ala Gly Thr Pro Lys Gly Arg Ser Ile
450 455 460
Arg Gly Thr Ile Gln Val Asp Tyr Asp Lys Gly Asp Pro Tyr Arg Ala
465 470 475 480

Asn Lys Phe Val Lys Leu Leu Phe Thr Asp Thr Glu Gly Ile Pro Tyr
485 490 495
Thr Leu Tyr Tyr Gly Gly Tyr Asn Gln Gly Trp Lys Leu Leu Lys Gln
500 505 510
Ser Glu Thr Ser Thr Leu Leu Trp Glu Gly Thr Leu Asp Phe Gly Ser
515 520 525
Thr Glu Ala Val Asn Leu Asn Asp Ser Leu Asp Asn Tyr Asp Leu Ile
530 535 540
Glu Val Thr Tyr Trp Thr Arg Ser Ala Gly His Phe Ser Thr Lys Arg
545 550 555 560
Leu Asp Ile Lys Asn Thr Ser Asn Leu Leu Tyr Ile Arg Asp Phe Asn
565 570 575
Ile Ser Asn Asp Ser Thr Gly Ser Ser Val Asp Phe Phe Glu Gly Tyr
580 585 590
Cys Thr Phe Pro Thr Arg Ala Ser Val Gln Pro Gly Met Val Lys Ser
595 600 605
Ile Thr Leu Asp Gly Ser Thr Asn Thr Thr Lys Val Ala Ser Trp Asn
610 615 620
Glu Lys Glu Arg Ile Lys Val Tyr Asn Ile Met Gly Ile Asn Arg Gly
625 630 635 640

<210> 1273
<211> 123
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1273

Met Ala Val Lys Tyr Asp Ile Gly Asn Asn Glu Ile Val Leu His Leu
1 5 10 15
Arg Glu Gly Lys Tyr Ile Thr Gly Phe Thr Thr Val Gly Gly Tyr Asp
20 25 30
Lys Glu Leu Gly Gln Val Lys Val Asn Arg Glu Ile Leu Pro Ala Tyr
35 40 45
Phe Phe Asp Asn Phe Ala Tyr Glu Arg Tyr Leu Tyr Tyr Ser Lys Pro
50 55 60
Glu Glu Val Ile Glu Asn Lys Asn Tyr Val Pro Pro Gln Ile Asn Asp
65 70 75 80
Asp Glu Glu Ser Gln Gln Ile Thr Val Pro Lys Glu Gln Tyr Asp Ser
85 90 95
Leu Lys Glu Glu Leu Glu Leu Met Arg Lys Gln Gln Glu Ala Met Met
100 105 110
Glu Met Leu Gln Lys Leu Leu Gly Gln Lys Gly
115 120

<210> 1274
<211> 458
<212> PRT
<213> Unknown
<220>

<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1274

```
Met Ala Leu Asn Phe Thr Thr Ile Thr Glu Asn Asn Val Ile Arg Asp
1               5                  10                  15
Leu Thr Thr Gln Val Asn Asn Ile Gly Glu Glu Leu Thr Lys Glu Arg
            20                  25                  30
Asn Ile Phe Asp Ile Thr Asp Asp Leu Val Tyr Asn Phe Asn Lys Ser
        35                  40                  45
Gln Lys Ile Lys Leu Thr Asp Asp Lys Gly Leu Thr Lys Ser Tyr Gly
    50                  55                  60
Asn Ile Thr Ala Leu Arg Asp Ile Lys Glu Pro Gly Tyr Tyr Tyr Ile
65                  70                  75                  80
Gly Ala Arg Thr Leu Ala Thr Leu Leu Asp Arg Pro Asp Met Glu Ser
                85                  90                  95
Leu Asp Val Val Leu His Val Val Pro Leu Asp Thr Ser Ser Lys Val
            100                 105                 110
Val Gln His Leu Tyr Thr Leu Ser Thr Asn Asn Asn Gln Ile Lys Met
        115                 120                 125
Leu Tyr Arg Phe Val Ser Gly Asn Ser Ser Ser Glu Trp Gln Phe Ile
    130                 135                 140
Gln Gly Leu Pro Ser Asn Lys Asn Ala Val Ile Ser Gly Thr Asn Ile
145                 150                 155                 160
Leu Asp Ile Ala Ser Pro Gly Val Tyr Phe Val Met Gly Met Thr Gly
                165                 170                 175
Gly Met Pro Ser Gly Val Ser Ser Gly Phe Leu Asp Leu Ser Val Asp
            180                 185                 190
Ala Asn Asp Asn Arg Leu Ala Arg Leu Thr Asp Ala Glu Thr Gly Lys
        195                 200                 205
Glu Tyr Thr Ser Ile Lys Lys Pro Thr Gly Thr Tyr Thr Ser Trp Lys
    210                 215                 220
Lys Glu Phe Glu Pro Lys Asp Met Glu Lys Tyr Leu Leu Ser Ser Ile
225                 230                 235                 240
Arg Asp Asp Gly Ser Ala Ser Phe Pro Leu Leu Val Tyr Thr Ser Asp
                245                 250                 255
Asn Lys Thr Phe Gln Gln Ala Ile Ile Asp His Ile Asp Arg Thr Gly
            260                 265                 270
Gln Thr Thr Phe Thr Phe Tyr Val Gln Gly Gly Val Ser Gly Ser Pro
        275                 280                 285
Met Ser Asn Ser Cys Arg Gly Leu Phe Met Ser Asp Thr Pro Asn Thr
    290                 295                 300
Ser Ser Leu His Gly Val Tyr Asn Ala Ile Gly Thr Asp Gly Arg Asn
305                 310                 315                 320
Val Thr Gly Ser Val Val Gly Gly Asn Trp Thr Ser Pro Lys Thr Ser
                325                 330                 335
Pro Ser His Lys Glu Leu Trp Thr Gly Ala Gln Ser Phe Leu Ser Val
            340                 345                 350
Gly Thr Thr Lys Asn Leu Ala Asp Asp Ile Ser Asn Tyr Ser Tyr Val
        355                 360                 365
```

Glu Val Tyr Thr Lys His Lys Thr Val Glu Lys Thr Lys Gly Asn Asp
370 375 380
Asp Ser Gly Thr Ile Cys His Lys Phe Tyr Leu Asp Gly Ser Gly Thr
385 390 395 400
Tyr Val Cys Ser Gly Thr Phe Val Ser Gly Asp Arg Thr Asp Thr Lys
405 410 415
Pro Pro Val Thr Glu Phe Tyr Arg Val Gly Val Ser Phe Lys Gly Ser
420 425 430
Thr Trp Thr Leu Val Asp Ser Ala Val Gln Asn Ser Lys Thr Gln Tyr
435 440 445
Val Thr Arg Ile Ile Gly Ile Asn Met Pro
450 455

<210> 1275
<211> 582
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1275

Met Arg Leu Arg Ile Lys Asn Leu Tyr Thr Tyr Val Glu Phe Glu Glu
1 5 10 15
Asp Asp Lys Tyr Leu Lys Asp Ile Phe Leu Lys Arg Val His Thr Thr
20 25 30
Ile Gly Ala Arg Gln Glu Gly Phe Gln Tyr Ser Pro Ala Tyr Lys Arg
35 40 45
Gly Ser Trp Asp Gly Tyr Val Asp Phe Tyr Val Tyr Glu Glu Asp Lys
50 55 60
Phe Pro Thr Gly Leu Leu Phe Lys Ile Glu Leu Leu Leu Gly Glu Leu
65 70 75 80
Gln Ser Arg Tyr Asn Phe Gln Phe Glu Thr Ile Asp Glu Arg Asp Glu
85 90 95
Ser Phe Leu Ser Glu Glu Asp Ile Asp Asp Glu Ile Thr Leu Leu Asp
100 105 110
Asn Asn Val Gly Gln Ile Thr Leu Arg Asp Tyr Gln Tyr Glu Ala Val
115 120 125
Tyr Asn Ser Leu Thr Phe Tyr Asn Gly Ile Ala His Leu Ala Thr Asn
130 135 140
Gly Gly Lys Thr Glu Val Ala Ser Gly Ile Ile Asp Gln Leu Leu Pro
145 150 155 160
Gln Leu Glu Lys Gly Glu Arg Val Ala Phe Phe Thr Gly Ser Thr Glu
165 170 175
Ile Phe His Gln Ser Ala Asp Arg Leu Gln Glu Arg Leu Asn Ile Pro
180 185 190
Ile Gly Lys Val Gly Ala Gly Lys Phe Asp Val Lys Gln Val Thr Val
195 200 205
Val Met Ile Pro Thr Leu Asn Ala Asn Leu Lys Asp Pro Thr Gln Gly
210 215 220
Val Lys Val Thr Pro Lys Gln Asn Ile Ser Lys Lys Ile Ala Gln Glu

225 230 235 240
Ile Leu Pro Lys Phe Glu Gly Gly Thr Asn Gln Lys Lys Leu Leu Lys
245 250 255
Val Leu Leu Asp Asn Thr Thr Pro Lys Thr Lys Val Glu Gln Asn Val
260 265 270
Leu Ser Ala Leu Glu Ile Ile Tyr Gln Asn Ser Lys Thr Asp Ala Glu
275 280 285
Val Leu Leu Asn Leu Arg Asn His Asn Ala His Phe Gln Lys Ile Val
290 295 300
Arg Glu Lys Asn Glu Lys Lys Tyr Asp Lys Tyr Gln Asp Met Arg Asp
305 310 315 320
Phe Leu Asp Ser Val Thr Val Met Ile Val Asp Glu Ala His His Ser
325 330 335
Lys Ser Asp Ser Trp Tyr Asn Asn Leu Met Thr Cys Glu Lys Ala Leu
340 345 350
Tyr Arg Ile Ala Leu Thr Gly Ser Ile Asp Lys Lys Asp Glu Leu Leu
355 360 365
Trp Met Arg Leu Gln Ala Leu Phe Gly Asn Val Ile Ala Arg Thr Thr
370 375 380
Asn Lys Phe Leu Ile Asp Glu Gly His Ser Ala Arg Pro Thr Ile Asn
385 390 395 400
Ile Ile Pro Ile Ala Asn Pro Asn Asp Ile Asp Arg Ile Asp Asp Tyr
405 410 415
Arg Glu Ala Tyr Asp Arg Gly Ile Thr Asn Asn Asp Phe Arg Asn Lys
420 425 430
Leu Ile Ala Lys Leu Thr Glu Lys Trp Tyr Asn Gln Asp Lys Gly Thr
435 440 445
Leu Ile Ile Val Asn Phe Ile Glu His Gly Asp Thr Ile Ser Glu Met
450 455 460
Leu Asn Asp Leu Asp Val Glu His Tyr Phe Leu His Gly Glu Ile Asp
465 470 475 480
Ser Glu Thr Arg Arg Glu Lys Leu Asn Asp Met Arg Ser Gly Lys Leu
485 490 495
Lys Val Met Ile Ala Thr Ser Leu Ile Asp Glu Gly Val Asp Ile Ser
500 505 510
Gly Ile Asn Ala Leu Ile Leu Gly Ala Gly Gly Lys Ser Leu Arg Gln
515 520 525
Thr Leu Gln Arg Ile Gly Arg Ala Leu Arg Lys Lys Lys Asp Asp Asn
530 535 540
Thr Thr Gln Ile Phe Asp Phe Asn Asp Met Thr Asn Arg Phe Leu Tyr
545 550 555 560
Thr His Ala Asn Glu Arg Arg Lys Ile Tyr Glu Glu Glu Asp Phe Glu
565 570 575
Ile Lys Asp Leu Gly Lys
580

<210> 1276
<211> 537
<212> PRT

<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1276

```
Met Ala Thr Lys Thr Gln Arg Lys Leu Tyr Gln Tyr Leu Glu Glu Asn
1               5                  10                  15
Ala Thr Glu Asn Lys Phe His Ile Ser Thr Lys Lys Glu Leu Ala Asp
            20                  25                  30
Ser Leu Gly Val Ser Ile Ser Ala Leu Ser Asn Asn Leu Lys Lys Leu
        35                  40                  45
Glu Glu Glu Asn Lys Val Val Thr Val Ser Lys Arg Gly Lys Asn Gly
    50                  55                  60
Gly Val Ile Ile Thr Leu Val Arg Glu Tyr Asp Thr Glu Glu Leu Lys
65                  70                  75                  80
Glu Phe Asn Asn Ser Thr Asp Asn Ile Ile Thr Ser Asp Leu Gln Tyr
                85                  90                  95
Ala Lys Ala Leu Arg Glu Lys His Phe Pro Ser Tyr Arg Tyr Glu Arg
            100                 105                 110
Lys Glu Gln Arg Arg Arg Thr Lys Ile Glu Met Ala Gln Tyr Asn Ala
        115                 120                 125
Ile Lys Asp Glu Lys Arg Arg Ile Ile Ala Asp Met Asn Phe Tyr Ser
    130                 135                 140
Glu Gly Leu Pro Tyr Pro Ser Lys Asp Ile Phe Asn Met Ser Tyr Asp
145                 150                 155                 160
Pro Glu Gly Phe Tyr Lys Ala Tyr Ile Leu Cys Lys Leu Tyr Asp Gln
                165                 170                 175
Tyr Ala Ile Ser His Met Asp Ala Lys His Thr Ser His Leu Lys Ala
            180                 185                 190
Met Ser Lys Ala Thr Thr Lys Asp Glu Tyr Asp Tyr His Gln His Met
        195                 200                 205
Ser Glu Tyr Tyr Arg Asn Lys Met Ile Gln Asn Leu Pro Arg Asn Ser
    210                 215                 220
Val Ser Asp Asn Phe Phe Gly Ser Lys Met Phe Asn Thr Phe Tyr Asn
225                 230                 235                 240
Phe Tyr Leu Lys Ile Lys Asp Lys Asn Ile Asn Val Phe Lys Tyr Met
                245                 250                 255
Gln Asn Val Phe Lys Asn Val Thr Phe Tyr Tyr Glu Asn Gly Met Gln
            260                 265                 270
Pro Asn Pro Ile Pro Ser Pro Asn Phe Phe Ser Ser Asp Lys Tyr Phe
        275                 280                 285
Lys Asn Tyr Asn Asn Tyr Ile Lys Gly Ile Lys Lys Gly Val Asn Ser
    290                 295                 300
Thr Asn Arg His Leu Gly Asp Thr Asp Ser Ile Ile Asn Ser Ser Asp
305                 310                 315                 320
Tyr Val Lys Asn Pro Ala Val Leu His Leu His Gln Leu Tyr Thr Thr
                325                 330                 335
Gly Leu Asn Ser Thr Leu His Asp Ile Asp Thr Met Phe Glu Gln Ala
            340                 345                 350
```

Leu Asp Leu Glu Asn Ala Ser Tyr Gly Leu Phe Gly Asp Met Lys His
355 360 365
Ile Ile Leu Leu Gln Tyr Asn Ser Met Ile Glu Glu Glu Ile Lys Asn
370 375 380
Leu Pro Arg Glu Glu Lys Asp Ile Ile Asn Lys Tyr Val Lys Gln Cys
385 390 395 400
Ile Ile Asn Asp Tyr Ser Pro Thr Ser Ile Ser Pro Ser Ala Arg Leu
405 410 415
Ser Met Phe Thr Met Gln Lys Glu His Ile Val Tyr Asn Lys Gln Leu
420 425 430
Asn Lys Gly Ile Lys Arg Glu Asp Leu Leu Pro Leu Ser Leu Gly Gly
435 440 445
Ile Val Asn Lys Asp Ser Leu Ser Gly Met Asp Ile Gln Asn Leu Glu
450 455 460
Gln Asn Gly Asn Glu Tyr Leu Tyr Met Arg Gln His Thr Ser Thr Tyr
465 470 475 480
Tyr Ile Leu Arg Met Phe Gly Asp Tyr Leu Gly Tyr Glu Val Asn Leu
485 490 495
Arg Glu Val Lys Tyr Ile Val Glu Lys Tyr Asn Leu Ile Asp Lys Ile
500 505 510
Pro Leu Thr Lys Glu Gly Met Leu Asp Tyr Asn Lys Leu Ile His Leu
515 520 525
Val Glu Glu Glu Val Asn Asn Tyr Glu
530 535

<210> 1277
<211> 480
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1277

Met Ser Lys Lys Ile Lys Glu Leu Ile Leu His Lys Ser Met Lys Asp
1 5 10 15
Ile His Phe Ala Arg Glu Val Leu Asp Asn Leu Pro Lys Asn Leu Phe
20 25 30
Ser Ala Glu Ser Glu Asp Met Gly Tyr Leu Phe Thr Ala Ile Lys Arg
35 40 45
Thr Ala His Ile Ser Asp Lys Met Ser Asn Glu Ala Leu Ala Ile Lys
50 55 60
Val Glu Gln Leu Met Gly Asn Asn Lys Glu Asp Glu Glu Lys Val Thr
65 70 75 80
Lys Thr Leu Thr Tyr Leu Glu Asp Leu Tyr Lys Val Asp Val Asn Glu
85 90 95
Lys Asp Glu Ser Val Asn Tyr Glu Ile Glu Lys Tyr Ile Lys Thr Glu
100 105 110
Met Ser Lys Glu Val Leu Val Lys Phe Ile Ala Glu Asn Lys Gln Glu
115 120 125
Asp Ser Asp Asn Leu His Glu Leu Val Asp Lys Leu Lys Gln Ile Glu

130 135 140

Val Ser Asp Ile Ser Gly Gly Asn Gly Glu Phe Ile Asp Phe Phe Glu
145 150 155 160
Asp Thr Glu Lys Lys Gln Glu Leu Leu Ser Asn Leu Ala Thr Asn Lys
165 170 175
Phe Ser Thr Gly Phe Thr Ser Ile Asp Asn His Ile Glu Gly Gly Ile
180 185 190
Ala Arg Gly Glu Val Gly Leu Ile Ile Ala Pro Thr Gly Arg Gly Lys
195 200 205
Ser Leu Met Ala Ser Asn Leu Ala Lys Asn Tyr Val Lys Ser Gly Leu
210 215 220
Ser Val Leu Tyr Ile Ala Leu Glu Glu Lys Met Asp Arg Met Val Leu
225 230 235 240
Arg Ala Glu Gln Gln Met Ala Gly Ala Glu Lys Ser Gln Ile Val Asn
245 250 255
Gln Asp Met Ser Leu Asn Asn Lys Val Tyr Asp Ala Ile Gln Asn His
260 265 270
Tyr Gln Lys Asn Arg Lys Leu Leu Gly Asp Phe Tyr Ile Ser Lys His
275 280 285
Met Pro Gly Glu Val Thr Pro Asn Gln Leu Glu Gln Ile Ile Val Asn
290 295 300
Thr Thr Ile Lys Lys Asp Lys Asn Ile Asp Val Val Ile Ile Asp Tyr
305 310 315 320
Pro His Leu Met Arg Asn Pro Tyr Ala Lys Tyr His Ser Glu Ser Asp
325 330 335
Ala Gly Gly Lys Leu Phe Glu Asp Ile Arg Arg Leu Ser Gln Gln Tyr
340 345 350
Gly Phe Val Cys Trp Thr Leu Ala Gln Thr Asn Arg Gly Ala Tyr Gly
355 360 365
Ser Asp Val Ile Thr Ser Glu His Val Glu Gly Ser Arg Lys Ile Val
370 375 380
Asn Ala Val Glu Val Ser Leu Ala Val Asn Gln Lys Asp Glu Glu Phe
385 390 395 400
Lys Ser Gly Phe Leu Arg Leu Tyr Leu Asp Lys Ile Arg Asn Ser Ser
405 410 415
Asn Thr Gly Glu Arg Phe Val Asn Leu Lys Val Glu Pro Thr Lys Met
420 425 430
Ile Val Arg Asp Glu Thr Pro Glu Glu Lys Gln Glu His Ile Gln Leu
435 440 445
Leu Ser Asp Asn Gly Lys Glu Asp Thr Ser Lys Phe Gln Asn Lys Asp
450 455 460
Asn Lys Ile Glu Ala Ile Asn Asn Thr Phe Gly Gly Leu Pro Gly Val
465 470 475 480

<210> 1278
<211> 341
<212> PRT
<213> Unknown
<220>

<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1278

```
Met Lys Phe Val Phe Phe Thr Asp Ser His Phe His Leu Phe Thr Asn
1               5                  10                  15
Tyr Ala Lys Pro Asp Asn Glu Phe Val Asn Asp Arg Phe Lys Glu Gln
            20                  25                  30
Ile Glu Ala Leu Gln Lys Val Phe Asp Ile Ala Lys Lys Glu Glu Ala
        35                  40                  45
Thr Val Ile Phe Gly Gly Asp Leu Phe His Lys Arg Asn Ser Val Asp
    50                  55                  60
Thr Arg Val Tyr Asn Lys Val Phe Ser Thr Phe Ala Lys Asn Asp Glu
65                  70                  75                  80
Val Pro Val Leu Leu Leu Arg Gly Asn His Asp Ala Thr Thr Asn Ser
                85                  90                  95
Leu Tyr Thr Asp Ser Ser Ile Asp Thr Phe Glu Tyr Leu Pro Asn Val
            100                 105                 110
Ser Val Ile Lys Ser Leu Asn Thr Ile Leu Lys Asp Asn Val Asn Ile
        115                 120                 125
Val Phe Thr Ala Tyr Gly Asp Glu Thr Lys Glu Ile Lys Thr Tyr Ile
    130                 135                 140
Asn Ser Asn Tyr Asp Lys Asp Met Val Asn Ile Leu Val Gly His Leu
145                 150                 155                 160
Gly Val Glu Gly Ser Leu Thr Gly Lys Gly Ser His Arg Leu Glu Gly
                165                 170                 175
Ala Phe Gly Tyr Gln Asp Leu Leu Pro Asp Lys Tyr Asp Phe Ile Leu
            180                 185                 190
Leu Gly His Tyr His Arg Arg Gln Tyr Phe Gln Asn Pro Asn His Phe
        195                 200                 205
Tyr Gly Gly Ser Leu Met Gln Gln Ser Phe Ser Asp Glu Gln Glu Ala
    210                 215                 220
Asn Gly Val His Leu Ile Asp Thr Glu Lys Met Thr Thr Glu Phe Ile
225                 230                 235                 240
Pro Ile His Thr Arg Arg Phe Ile Thr Ile Gln Gly Glu Asp Ile Pro
                245                 250                 255
Glu Asn Phe Glu Gln Leu Ile Glu Glu Gly Asn Phe Ile Arg Val Ile
            260                 265                 270
Gly Thr Ala Asn His Ala Lys Val Leu Glu Met Asp Asp Ser Met Lys
        275                 280                 285
Asp Lys Asn Val Glu Val Gln Ile Lys Lys Glu Tyr Thr Val Glu Lys
    290                 295                 300
Arg Ile Asp Ser Asp Val Ser Asp Asp Pro Leu Thr Ile Ala Ser Thr
305                 310                 315                 320
Tyr Ala Lys Gln Tyr Ser Pro Glu Ser Glu Gln Glu Ile Leu Glu Cys
                325                 330                 335
Leu Lys Glu Val Leu
            340
```

<210> 1279
<211> 125

<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1279

Met	Lys	Lys	Tyr	Arg	Glu	Tyr	Leu	Asn	Lys	Thr	Asp	Ala	Glu	Asn	Leu
1				5				10						15	
Ala	Glu	Asp	Trp	Glu	Lys	Val	Thr	Glu	Asp	Leu	Trp	Lys	Val	Phe	Lys
			20					25					30		
Asp	Met	Lys	Pro	Lys	Ile	Asn	Thr	Leu	Asp	Ile	Ser	Asn	Val	Glu	Ser
		35					40					45			
Lys	Asn	Leu	Asp	Lys	Ser	Lys	Pro	Ile	Leu	Gln	Phe	Gln	Asp	Ser	Asp
	50					55					60				
Gly	Val	Ile	Glu	Asn	Ile	Cys	Asn	Val	Glu	Gly	Leu	Glu	Asp	Gly	Leu
65					70					75					80
Ser	Lys	Met	Lys	Lys	Val	Phe	Asp	Asp	Ser	Asn	Phe	Glu	Lys	His	Tyr
				85					90					95	
Tyr	Ser	Arg	Val	Val	Asp	His	Asp	Glu	Tyr	Tyr	Trp	Ile	Asp	Tyr	Gly
			100					105					110		
Ser	His	His	Cys	Phe	Phe	Arg	Val	Thr	Lys	Gly	Asp	Lys			
		115					120					125			

<210> 1280
<211> 639
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1280

Met	Val	Val	Phe	Lys	Gln	Val	Glu	Val	Asn	Asn	Phe	Leu	Ala	Ile	Lys
1				5				10						15	
Glu	Ala	Thr	Leu	Glu	Leu	Asp	Asn	Arg	Gly	Leu	Ile	Leu	Ile	Glu	Gly
			20					25					30		
Glu	Asn	Lys	Ser	Asn	Glu	Ser	Phe	His	Ser	Asn	Gly	Ser	Gly	Lys	Ser
		35					40					45			
Thr	Leu	Ile	Ser	Ala	Ile	Thr	Tyr	Ala	Leu	Tyr	Gly	Lys	Thr	Glu	Lys
	50					55					60				
Gly	Leu	Lys	Ala	Asp	Asp	Val	Val	Asn	Asn	Ile	Glu	Lys	Lys	Asn	Thr
65					70					75					80
Ser	Val	Lys	Leu	Lys	Phe	Asp	Ile	Gly	Glu	Asp	Ser	Tyr	Leu	Ile	Glu
				85					90					95	
Arg	Tyr	Arg	Lys	Asp	Lys	Glu	Asn	Lys	Asn	Lys	Val	Lys	Leu	Phe	Val
			100					105					110		
Asn	Glu	Lys	Glu	Ile	Thr	Gly	Ser	Thr	Asn	Asp	Val	Thr	Asp	Lys	Gln
		115					120					125			
Ile	Gln	Asp	Leu	Phe	Gly	Ile	Glu	Phe	Asn	Thr	Tyr	Val	Asn	Ala	Ile
	130					135					140				
Met	Tyr	Gly	Gln	Gly	Asp	Ile	Pro	Met	Phe	Ser	Gln	Ala	Thr	Asp	Lys
145					150					155					160

Gly Lys Lys Glu Ile Leu Glu Ser Ile Thr Lys Thr Asp Val Tyr Lys
165 170 175
Gln Ala Gln Asp Val Ala Lys Glu Lys Val Lys Glu Val Glu Glu Gln
180 185 190
Gln Asn Asn Ile Arg Gln Glu Ile Tyr Lys Leu Gly Tyr Gln Leu Ser
195 200 205
Thr Lys Asp Glu Tyr Phe Gln Arg Glu Ile Glu Gln Tyr Asn Gln Tyr
210 215 220
Lys Glu Gln Leu Val Gln Ile Glu Asn Ser Asn Lys Glu Lys Asp Arg
225 230 235 240
Leu Arg Glu Gln Glu Glu Lys Gln Ile Glu Ala Gln Ile Glu Gln Leu
245 250 255
Ala Ser Gln Ile Pro Thr Ile Pro Glu Asp Glu Phe Lys His Ser Glu
260 265 270
Glu Tyr Asn Lys Ala Ser Gln Ser Leu Asp Leu Leu Ser Asn Lys Leu
275 280 285
Thr Glu Leu Asn Gln Val Tyr Ser Glu Tyr Asn Thr Lys Glu Gln Val
290 295 300
Leu Lys Ser Glu Ile Ala Thr Leu Ser Asn Ser Leu Asn Lys Leu Asp
305 310 315 320
Thr Asn Asp His Cys Pro Val Cys Gly Ser Pro Ile Asp Asn Ser His
325 330 335
Lys Leu Lys Glu Gln Glu Asn Ile Asn Asn Gln Ile Glu Asn Lys Lys
340 345 350
Gln Glu Ile Thr Ser Val Leu Glu Met Lys Asp Thr Tyr Lys Glu Ala
355 360 365
Ile Asp Lys Val Lys Asp Lys Ser Gln Glu Ile Lys Asp Lys Met Ser
370 375 380
Gln Glu Asp Gln Gln Glu Arg Glu His Asn Asn Lys Ile Asn Ser Ile
385 390 395 400
Ile Gln Glu Ala Ser Arg Ile Lys Ser Asp Ile Ser Ser Leu Glu Asn
405 410 415
Asn Lys Thr Tyr Leu Lys Val Lys Tyr Gln His Gln Ser Val Gln Gly
420 425 430
Leu Glu Arg Glu Glu Pro Ser Lys Glu Lys His Glu Glu Asp Lys Lys
435 440 445
Glu Leu Gln Glu Ser Ile Asp Lys His Glu Glu Asn Ile Val Gln Leu
450 455 460
Glu Thr Lys Lys Gly Lys Tyr Gln Gln Ala Val Asp Ala Phe Ser Asn
465 470 475 480
Lys Gly Ile Arg Ser Val Val Leu Asp Phe Ile Thr Pro Phe Leu Asn
485 490 495
Glu Lys Ala Asn Glu Tyr Leu Gln Thr Leu Ser Gly Ser Asp Ile Glu
500 505 510
Ile Glu Phe Gln Thr Gln Val Lys Asn Ala Lys Gly Glu Leu Lys Asp
515 520 525
Lys Phe Asp Val Ile Val Lys Asn Ser Lys Gly Gly Gly Ser Tyr Lys
530 535 540

Ser Asn Ser Ala Gly Glu Gln Lys Arg Ile Asp Leu Ala Ile Ser Phe
545 550 555 560
Ala Ile Gln Asp Leu Ile Met Ser Lys Asp Glu Ile Ser Thr Asn Ile
565 570 575
Ala Leu Tyr Asp Glu Cys Phe Asp Gly Leu Asp Thr Ile Gly Cys Glu
580 585 590
Asn Val Ile Lys Leu Leu Lys Asp Arg Leu Asn Thr Val Gly Thr Ile
595 600 605
Phe Val Ile Thr His Asn Thr Glu Leu Lys Pro Leu Phe Glu Gln Thr
610 615 620
Ile Lys Ile Val Lys Glu Asn Gly Val Ser Lys Leu Glu Glu Lys
625 630 635

<210> 1281
<211> 198
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1281

Met Lys Leu Lys Ile Leu Asp Lys Asp Asn Ala Thr Leu Asn Val Phe
1 5 10 15
His Arg Asn Lys Glu His Lys Thr Ile Asp Asn Val Pro Thr Ala Asn
20 25 30
Leu Val Asp Trp Tyr Pro Leu Ser Asn Ala Tyr Glu Tyr Lys Leu Ser
35 40 45
Arg Asn Gly Glu Tyr Leu Glu Leu Lys Arg Leu Arg Ser Thr Leu Pro
50 55 60
Ser Ser Tyr Gly Leu Asp Asp Asn Asn Gln Asp Ile Ile Arg Asp Asn
65 70 75 80
Asn His Arg Cys Lys Ile Gly Tyr Trp Tyr Asn Pro Ala Val Arg Lys
85 90 95
Asp Asn Leu Lys Ile Ile Glu Lys Ala Lys Gln Tyr Gly Leu Pro Val
100 105 110
Ile Thr Glu Glu Tyr Asp Ala Asn Thr Val Glu Gln Gly Phe Arg Asp
115 120 125
Ile Gly Val Ile Phe Gln Ser Leu Lys Thr Ile Val Val Thr Arg Tyr
130 135 140
Leu Glu Gly Lys Thr Glu Glu Glu Leu Arg Ile Phe Asn Met Lys Ser
145 150 155 160
Glu Glu Ser Gln Leu Asn Glu Ala Leu Lys Glu Ser Asp Phe Ser Val
165 170 175
Asp Leu Thr Tyr Ser Asp Leu Gly Gln Ile Tyr Asn Met Leu Leu Leu
180 185 190
Met Lys Lys Ile Ser Lys
195

<210> 1282
<211> 355
<212> PRT

<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1282

```
Met Arg Phe Glu Asp Phe Leu Thr Gln Glu Leu Gly Glu Pro Lys Glu
1               5                  10                  15
Asn Thr Ile Gly Glu Leu Arg Tyr Cys Cys Pro Phe Cys Gly Glu Lys
            20                  25                  30
Ser Tyr Lys Phe Tyr Val Lys Gln Ala Leu Asp Ser Ser Asn Gly Gln
        35                  40                  45
Tyr His Cys Lys Lys Cys Asp Glu Ser Gly Asn Pro Ile Thr Phe Met
    50                  55                  60
Lys Thr Tyr Tyr Asn Ile Thr Gly Lys Gln Ala Phe Asp Leu Leu Glu
65                  70                  75                  80
Ser Lys Asn Ile Asp Ile Glu Arg Ala Pro Leu Leu Thr Thr Asn Asn
                85                  90                  95
Lys Asp Leu Thr Glu Ser Glu Lys Leu Ile Leu Met Leu Arg Gly Val
            100                 105                 110
His Gln Asp Lys Gly Thr Thr Ser Ile Lys Pro Pro Arg Leu Pro Glu
        115                 120                 125
Gly Tyr Lys Leu Leu Lys Asp Asn Leu Asn Asn Lys Glu Ile Ile Pro
    130                 135                 140
Phe Leu Lys Tyr Leu Lys Gly Arg Gly Ile Thr Leu Glu Gln Ile Ile
145                 150                 155                 160
Asn Asn Asn Ile Gly Tyr Val Ile Asn Gly Ser Phe Tyr Lys Val Asp
                165                 170                 175
Gly Glu Ser Lys Val Ser Leu Arg Asn Ser Ile Ile Phe Phe Thr Tyr
            180                 185                 190
Asp Asn Asp Gly Asn Tyr Gln Tyr Trp Asn Thr Arg Ser Ile Glu Lys
        195                 200                 205
Asn Pro Tyr Ile Lys Ser Ile Asn Ala Pro Ala Lys Gln Asp Glu Val
    210                 215                 220
Gly Arg Lys Asp Val Ile Phe Asn Leu Asn Ile Ala Arg Lys Lys Lys
225                 230                 235                 240
Phe Leu Val Ile Thr Glu Gly Val Phe Asp Ala Leu Thr Phe His Glu
                245                 250                 255
Tyr Gly Val Ala Thr Leu Gly Lys Gln Val Thr Glu Asn Gln Ile Lys
            260                 265                 270
Lys Ile Ile Asp Tyr Val Ser Ile Asp Thr Ser Ile Tyr Ile Met Leu
        275                 280                 285
Asp Thr Asp Ala Leu Asp Asn Asn Ile Asp Leu Ala Tyr Lys Leu Lys
    290                 295                 300
Thr His Phe Asn Lys Val Tyr Phe Val Pro His Gly Asp Glu Asp Ala
305                 310                 315                 320
Asn Asp Met Gly Thr Arg Lys Ala Phe Glu Leu Leu Lys Gln Asn Arg
                325                 330                 335
Val Leu Val Thr Pro Glu Ser Ile Gln Ser Tyr Lys Ile Gln Gln Lys
            340                 345                 350
```

Leu Lys Leu
355

<210> 1283
<211> 112
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1283

Met Ser Asn Asn Lys Lys Asp Ile Leu Glu Phe Val Asp Glu Tyr Ile
1 5 10 15
Thr Ala Leu Arg Val Gly Asn Glu Gln Arg Gln His Gln Leu Glu Glu
20 25 30
Met Gly Lys Glu Glu Thr Ala Thr Leu Thr Asp Val Ala Lys Ala Ile
35 40 45
Thr Asn Leu Met Leu Gly Val Asn Glu Gln Met Thr Asp Leu Glu Tyr
50 55 60
Asn Asn Glu Leu Asn Leu Asn Ile Leu Ile Asp Ala Leu Tyr Lys Ala
65 70 75 80
Glu Leu Ile Asn Glu Asp Val Leu Asp Tyr Ile Gln Glu Ser Ile Asp
85 90 95
Lys Ser Gln Glu Glu Pro Lys Asn Glu Glu Glu Lys Gly Glu Gln Glu
100 105 110

<210> 1284
<211> 150
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1284

Met Glu Lys Asn Ile Ser Thr His Thr Lys Gly Ile Ser Gln Ala Asp
1 5 10 15
Met Glu Lys Trp Ile Glu Ala Val Val Gln Gly Thr Val Asp Gly Lys
20 25 30
Gln Val Asp Glu Lys Thr Ala Lys Gln Leu Asp Arg Ile Gly Ser Arg
35 40 45
Ser Val Ser Leu Glu Glu Ala Thr Arg Ile Ala Lys Val Leu Asn Ala
50 55 60
Val Thr Ala Gln Glu Val Thr Gly Asp Phe Asn Asp Ala Phe Asn Ala
65 70 75 80
Ile Asp Leu Met Met Ile Ile Met Glu Asp Glu Leu Gly Val Thr Gln
85 90 95
Glu Lys Val Gly Lys Ala Lys Asp Lys Leu Asn Glu Lys Arg Glu Ala
100 105 110
Tyr Leu Lys Glu Lys Gln Glu Glu Leu Arg Gln Lys Gln Gln Glu Glu
115 120 125
Ala Gln Lys Glu Thr Glu Ser Asp Ser Asn Glu Lys Val Ile Gln Leu
130 135 140

Lys Lys Asn Asp Glu Gln
145 150

<210> 1285
<211> 202
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1285

Met Thr Asn Ser Lys Lys Lys Gly Asp Thr Phe Glu Arg Lys Ile Ala
1 5 10 15
Lys Glu Leu Thr Ala Trp Trp Gly Tyr Gln Phe Asn Arg Ser Pro Gln
20 25 30
Ser Gly Gly Ala Ser Trp Gly Lys Asp Asn Asn Ala Val Gly Asp Ile
35 40 45
Val Val Pro Gln Glu Ala Asn Phe Pro Leu Val Val Glu Cys Lys His
50 55 60
Arg Glu Glu Trp Thr Ile Asp Asn Val Leu Leu Asn Asn Arg Glu Pro
65 70 75 80
His Thr Trp Trp Glu Gln Val Ile Asn Asp Ser Ser Lys Val Asn Lys
85 90 95
Thr Pro Cys Leu Ile Phe Thr Arg Asn Arg Ala Gln Ser Tyr Val Ala
100 105 110
Leu Pro Tyr Asn Glu Lys Val Tyr Glu Asp Leu Arg Asn Asn Glu Tyr
115 120 125
Pro Val Met Arg Thr Asp Phe Ile Ile Asp Asn Ile Arg Lys Asp Lys
130 135 140
Phe Phe Tyr Asp Val Leu Ile Thr Thr Met Asn Gly Leu Thr Ser Phe
145 150 155 160
Thr Pro Ser Tyr Ile Ile Ser Cys Tyr Asp Lys Lys Asp Ile Lys Pro
165 170 175
Tyr Lys Lys Val Glu Ser Asn Leu Ser Glu Val Ser Lys His Glu Asp
180 185 190
Glu Leu Ile Asn Asp Leu Leu Ser Asp Ile
195 200

<210> 1286
<211> 139
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1286

Val Ile Tyr Lys Glu Gly Lys Ile Ser Met Thr Ser Lys Glu Arg Pro
1 5 10 15
Leu Ile Val Tyr Phe Ser Gly Thr Gly Gln Thr Glu Arg Leu Val Asn
20 25 30
Lys Ile Asn Ile Asn Asn Ser Phe Glu Thr Phe Arg Val Lys Ser Gly
35 40 45

Lys Glu Lys Val Asn Lys Pro Phe Ile Leu Ile Thr Pro Thr Tyr Lys
50 55 60
Lys Gly Ala Ile Pro Lys Gln Ile Glu Arg Phe Leu Glu Ile Asn Gly
65 70 75 80
Ser Pro Lys Glu Val Ile Gly Thr Gly Asn Lys Gln Trp Gly Ser Asn
85 90 95
Phe Cys Gly Ala Ser Lys Lys Ile Ser Glu Met Phe Lys Ile Pro Leu
100 105 110
Ile Ala Lys Val Glu Gln Ser Gly His Phe Asn Glu Ile Gln Pro Ile
115 120 125
Leu Glu His Phe Ser Asn Lys Tyr Lys Val Ala
130 135

<210> 1287
<211> 704
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1287

Met Ala Thr Tyr Gly Lys Trp Ile Glu Leu Asn Asn Glu Ile Thr Gln
1 5 10 15
Leu Asp Asp Asn Gly Lys Asn Lys Leu Tyr Lys Asp Gln Glu Ala Leu
20 25 30
Asp Glu Tyr Leu Lys Tyr Ile Glu Asp Asn Thr Arg Lys Phe Asn Ser
35 40 45
Glu Val Glu Arg Ile Arg Val Leu Thr Lys Glu Gly Thr Tyr Asp Lys
50 55 60
Ile Phe Asp Lys Val Pro Asp Thr Ile Ile Asp Glu Met Thr Lys Leu
65 70 75 80
Ala Tyr Ser Phe Asn Phe Lys Phe Pro Ser Phe Met Ala Gly Gln Lys
85 90 95
Phe Tyr Glu Ser Tyr Ala Ser Lys Gln Tyr Asp Glu Asn Lys Lys Pro
100 105 110
Ile Phe Val Glu Asp Tyr Glu Gln His Asn Val Arg Val Ala Leu Tyr
115 120 125
Leu Phe Gln Asn Asp Tyr Val Lys Ala Arg Glu Leu Leu Val Gln Leu
130 135 140
Met Glu Gln Thr Phe Gln Pro Ser Thr Pro Thr Tyr Asn Asn Ser Gly
145 150 155 160
Gln Ala Asn Arg Gly Glu Leu Ser Ser Cys Tyr Leu Phe Val Val Asp
165 170 175
Asp Ser Ile Glu Ser Leu Asn Phe Val Glu Asp Ser Val Ala Asn Ala
180 185 190
Ser Ser Asn Gly Gly Gly Val Ala Ile Asp Leu Thr Arg Ile Arg Pro
195 200 205
Lys Gly Ala Pro Val Arg Asn Arg Pro Asn Ser Ser Lys Gly Val Ile
210 215 220
Ala Phe Ala Lys Ala Ile Glu His Lys Val Ser Ile Tyr Asp Gln Gly

225 230 235 240
Gly Val Arg Gln Gly Ser Gly Ala Val Tyr Leu Asn Ile Phe His Asn
245 250 255
Asp Ile Leu Asp Leu Leu Ser Ser Lys Lys Ile Asn Ala Ser Glu Ser
260 265 270
Val Arg Leu Asp Lys Leu Ser Ile Gly Val Thr Ile Pro Asn Lys Phe
275 280 285
Met Glu Leu Val Lys Glu Gly Arg Pro Phe Tyr Thr Phe Asp Thr Tyr
290 295 300
Asp Ile Asn Lys Val Tyr Gly Lys Tyr Leu Asp Glu Leu Asn Ile Asp
305 310 315 320
Glu Trp Tyr Asp Lys Leu Leu Asp Asn Asp Ser Ile Gly Lys Val Lys
325 330 335
His Asp Ala Arg Glu Val Met Thr Asp Ile Ala Lys Thr Gln Leu Glu
340 345 350
Ser Gly Tyr Pro Tyr Val Phe Tyr Ile Asp Asn Ala Asn Asp Asn His
355 360 365
Pro Leu Lys Asn Leu Gly Lys Val Lys Met Ser Asn Leu Cys Thr Glu
370 375 380
Ile Ser Gln Leu Gln Glu Val Ser Glu Ile Tyr Pro Tyr Ser Tyr Ser
385 390 395 400
Asn Lys Asn Val Ile Asn Arg Asp Val Val Cys Thr Leu Gly Ser Leu
405 410 415
Asn Leu Val Asn Val Val Glu Lys Gly Leu Leu Asn Glu Ser Val Asp
420 425 430
Ile Gly Thr Arg Ala Leu Thr Lys Val Thr Asp Ile Met Asp Leu Pro
435 440 445
Tyr Leu Pro Ser Val Gln Lys Ala Asn Asp Asp Ile Arg Ala Ile Gly
450 455 460
Leu Gly Ser Met Asn Leu His Gly Leu Leu Ala Lys Asn Met Ile Ser
465 470 475 480
Tyr Gly Ser Arg Glu Ala Leu Asp Leu Val Asn Ser Leu Tyr Ser Ala
485 490 495
Ile Asn Phe Gln Ser Ile Lys Thr Ser Met Leu Met Ala Lys Glu Thr
500 505 510
Gly Lys Pro Phe Lys Gly Phe Glu Lys Ser Asp Tyr Ala Thr Gly Glu
515 520 525
Tyr Phe Val Arg Tyr Ile Arg Glu Ser Asn Gln Pro Lys Thr Asp Lys
530 535 540
Ala Lys Lys Val Leu Asp Lys Val Tyr Ile Pro Thr Gln Asp Asp Trp
545 550 555 560
Asp Glu Leu Ala Lys Ala Val Lys Val His Gly Leu Tyr Asn Gly Tyr
565 570 575
Arg Lys Ala Glu Ala Pro Thr Gln Ser Ile Ser Tyr Val Gln Asn Ala
580 585 590
Thr Ser Ser Ile Met Pro Val Pro Ser Ala Ile Glu Asn Arg Gln Tyr
595 600 605
Gly Asp Met Glu Thr Tyr Tyr Pro Met Pro Tyr Leu Ser Pro Ile Thr

610 615 620
Gln Phe Phe Tyr Glu Gly Glu Thr Ala Tyr Lys Ile Asp Asn Lys Arg
625 630 635 640
Ile Ile Asn Thr Ser Ala Val Val Gln Lys His Thr Asp Gln Ala Val
645 650 655
Ser Thr Ile Leu Tyr Val Glu Ser Glu Ile Pro Thr Asn Lys Leu Val
660 665 670
Ser Leu Tyr Tyr Tyr Ala Trp Glu Gln Gly Leu Lys Ser Leu Tyr Tyr
675 680 685
Thr Arg Ser Arg Lys Leu Ser Val Ile Glu Cys Glu Thr Cys Ser Val
690 695 700

<210> 1288
<211> 349
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1288

Met Asp Ile Thr Gln Lys Val Lys Gln His Asn Lys Asn Ala Val Leu
1 5 10 15
Lys Ala Thr Asn Trp Asn Ile Glu Asp Asp Gly Met Ser Asp Ile Tyr
20 25 30
Trp Glu Gln Gly Ile Ser Gln Phe Trp Thr Pro Glu Glu Phe Asp Val
35 40 45
Ser Arg Asp Leu Ser Ser Trp Asn Ser Leu Thr Glu Ser Glu Lys Asn
50 55 60
Thr Tyr Lys Lys Val Leu Ala Gly Leu Thr Gly Leu Asp Thr Lys Gln
65 70 75 80
Gly Gly Glu Gly Met Asn Leu Val Ser Tyr His Glu Pro Arg Pro Lys
85 90 95
Tyr Gln Ala Val Phe Ala Phe Met Gly Gly Met Glu Glu Ile His Ala
100 105 110
Lys Ser Tyr Ser His Ile Phe Thr Thr Leu Leu Ser Asn Lys Glu Thr
115 120 125
Ser Tyr Leu Leu Asp Thr Trp Val Glu Glu Asn Asp Phe Leu Lys Val
130 135 140
Lys Ala Gln Phe Ile Gly Tyr Tyr Tyr Asp Gln Leu Leu Lys Pro Asn
145 150 155 160
Pro Thr Val Phe Asp Arg Tyr Met Ala Lys Val Ala Ser Ala Phe Leu
165 170 175
Glu Ser Ala Leu Phe Tyr Ser Gly Phe Tyr Tyr Pro Leu Leu Leu Ala
180 185 190
Gly Arg Gly Gln Met Thr Gln Ser Gly Ala Ile Ile Tyr Lys Ile Thr
195 200 205
Gln Asp Glu Ala Tyr His Gly Ser Ala Val Gly Leu Thr Ala Gln Tyr
210 215 220
Asp Tyr Asn Leu Leu Thr Glu Glu Glu Lys Lys Gln Ala Asp Lys Glu
225 230 235 240

Thr Tyr Glu Leu Leu Asp Ile Leu Tyr Thr Asn Glu Val Ala Tyr Thr
245 250 255
His Ser Leu Tyr Asp Pro Leu Glu Leu Ser Glu Asp Val Ile Asn Tyr
260 265 270
Val Gln Tyr Asn Phe Asn Arg Ala Leu Gln Asn Leu Gly Arg Glu Asp
275 280 285
Tyr Phe Asn Pro Glu Pro Tyr Asn Pro Ile Val Glu Asn Gln Thr Asn
290 295 300
Val Asp Arg Leu Arg Asn Val Asp Phe Phe Ser Gly Lys Ala Asp Tyr
305 310 315 320
Glu Lys Ser Thr Asn Ile Lys Asp Ile Lys Asp Glu Asp Phe Ser Phe
325 330 335
Leu Asp Ser Lys Glu Tyr Ser Thr Ala Lys Glu Phe Leu
340 345

<210> 1289
<211> 109
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1289
Met Asp Arg Lys Glu Ala Met Asp Leu Leu Ser Lys Ala Glu Ile Leu
1 5 10 15
Phe Lys Lys His Asp Glu Phe Ser Cys Val Ser Asp Ile Asn Asp Pro
20 25 30
Met Lys Leu Phe Ser Asn Ser Lys Asp Ala Lys Ala Asp Asp Thr Ser
35 40 45
Lys Ser Phe Gln Leu Glu Phe Met His Asp Met Thr Met Tyr Thr Leu
50 55 60
Ser Tyr Gly Ser Gly Gln Leu Lys Leu Ile Asp Leu Ala Glu Gly Tyr
65 70 75 80
Glu Ala Gln Lys Ala Thr Val Val Asn Ser Phe Pro Glu Ile Ile Lys
85 90 95
Thr Leu Glu Lys Asp Asp Ser Glu Asp Gly Lys Asn Glu
100 105

<210> 1290
<211> 106
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1290
Met Glu Lys Met Asn Ser Leu Val Asp Leu Asn Thr Ala Ile Arg Gln
1 5 10 15
Lys Lys Asp Val Ile Val Met Ile Thr Gln Asp Asn Cys Gly Lys Cys
20 25 30
Glu Ile Leu Lys Ser Val Ile Pro Met Phe Gln Glu Ser Gly Asp Ile
35 40 45

Lys Lys Pro Ile Leu Thr Leu Asn Leu Asp Ala Glu Asp Val Asp Arg
50 55 60
Glu Lys Ala Val Lys Leu Phe Asp Ile Met Ser Thr Pro Val Leu Ile
65 70 75 80
Gly Tyr Lys Asp Gly Gln Leu Val Lys Lys Tyr Glu Asp Gln Val Thr
85 90 95
Pro Met Gln Leu Gln Glu Leu Glu Ser Leu
100 105

<210> 1291
<211> 198
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1291

Met Asp Glu Leu Ile Ser Lys Ser Arg Arg Tyr Ile Met Arg Asp Glu
1 5 10 15
Asn His Tyr Met Leu Phe Asn Glu Lys Tyr Asn Asn Asp Arg Leu Ile
20 25 30
Glu Lys Val Cys Lys His Gly Gly Lys Val Thr Tyr Tyr Thr Asp Ser
35 40 45
Val Leu Pro Tyr Tyr Val Leu Lys Asp Leu Ser Ser His Pro Asp Ser
50 55 60
Glu Val Val Tyr Arg Met Arg Asn Gly Phe Thr Ala Lys Glu Val Asp
65 70 75 80
Asn Ile Ala Leu Ser Phe Met Gly Thr Lys Val Ile Ile Asp Ile Ser
85 90 95
Val Val Phe Pro Tyr Val Asn Pro Tyr Asp Ile Ile Arg Ser Leu His
100 105 110
Asp Ile Lys Thr Asn Val Asp Glu Val His Leu Ser Phe Pro Arg Ile
115 120 125
Leu Glu Val Asp Glu Lys Gln Glu Lys Phe Tyr Phe Phe Asp Gly Glu
130 135 140
Ala Tyr Asp Leu Lys Pro Glu Tyr Lys Val Asp Phe Ala Asp Lys Ile
145 150 155 160
Arg Val Ser Leu Ser Val Trp Lys Met Tyr Ile Tyr Ile Leu Thr Ser
165 170 175
Ser Arg Asp Phe Glu Asp Val Asp Asn Val Ile Thr Lys Leu Lys Gln
180 185 190
Gln Arg Lys Ile Lys Ile
195

<210> 1292
<211> 101
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1292

Met Ser Thr Ala Asn Arg Arg Asp Ile Ala Arg Lys Ile Ser Glu Asn
1 5 10 15
Thr Gly Tyr Tyr Ile Gln Asp Val Glu Glu Ile Leu Ser Ala Glu Thr
20 25 30
Asp Ala Ile Ser Asp Leu Leu Glu Glu Gly Tyr Thr Lys Val Lys Asn
35 40 45
His Lys Phe Met Gln Ile Glu Val Ile Glu Arg Lys Gly Lys Lys Ala
50 55 60
Trp Asp Gly Leu Asn Lys Glu Tyr Phe His Leu Pro Asn Arg Lys Ala
65 70 75 80
Ile Lys Phe Lys Pro Leu Lys Glu Leu Glu Glu Val Ile Asp Arg Leu
85 90 95
Asn Glu Glu Glu Lys
100

<210> 1293
<211> 1072
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1293

Met Lys Val Leu Ile Leu Phe Asp His Ile Arg Glu Glu His Phe Ser
1 5 10 15
Val Ser Lys Asp Gly Ser Val Lys Ser Asn Val Leu Asn Thr Pro Asn
20 25 30
Gly Lys Thr Leu Lys Lys Leu Leu Glu Lys Cys Ser Asn Leu Lys Arg
35 40 45
Asp Lys Thr Asn Arg Asp Tyr Asp Ile Asp Phe Leu Tyr Asn Ala Val
50 55 60
Pro Thr Pro Ile Arg Asn Asp Tyr Gly Lys Ile Ile Lys Tyr Gln Asp
65 70 75 80
Val Lys Gln Ala Glu Val Lys Pro Tyr Tyr Glu Arg Met Asn Asn Ile
85 90 95
Ile Ile Asp Asn Ser Tyr Asp Met Ile Ile Pro Val Gly Lys Leu Gly
100 105 110
Val Lys Tyr Leu Leu Asn Val Thr Ala Ile Gly Lys Val Arg Gly Val
115 120 125
Pro Ser Lys Val Thr Ile Glu Asn Gly Thr Ser Ser His Asp Val Trp
130 135 140
Val Leu Pro Thr Tyr Ser Ile Glu Tyr Thr Asn Val Asn Lys Asn Ser
145 150 155 160
Glu Arg His Val Val Ser Asp Leu Gln Thr Val Gly Lys Phe Val Glu
165 170 175
Gln Gly Glu Glu Ala Phe Lys Pro Lys Glu Val Ser Tyr Glu Leu Val
180 185 190
Asp Asn Ile Glu Arg Val Arg Glu Ile Phe Asn Lys Glu Val Lys Asn
195 200 205
Asp Asn Tyr Asp Gly Val Asp Ile Thr Ala Trp Asp Leu Glu Thr Asn

```
          210                 215                 220
Ser Leu Lys Pro Asp Lys Glu Gly Ser Lys Pro Leu Val Leu Ser Leu
225                 230                 235                 240
Ser Trp Arg Asn Gly Gln Gly Val Thr Ile Pro Leu Tyr Lys Ser Asp
                245                 250                 255
Phe Asn Trp Glu Asn Gly Gln Asp Asp Ile Asp Glu Val Leu Glu Leu
            260                 265                 270
Leu Lys Asn Trp Leu Ala Ser Lys Glu Asp Ile Lys Val Ala His Asn
        275                 280                 285
Gly Lys Tyr Asp Ile Lys Phe Leu Met Ser Thr Glu Asn Phe Lys Asp
    290                 295                 300
Phe Glu Ser Ile Gln Asp Thr Lys Val Gly Trp Tyr Leu Ala Val Thr
305                 310                 315                 320
Gln Glu Val Lys Glu Ser Leu Arg Leu Ser Asp Leu Ala Tyr Glu Val
                325                 330                 335
Thr Asp Val Gly Gly Tyr Asp Lys Pro Leu Glu Asp Phe Lys Leu Trp
            340                 345                 350
Phe Val Thr Lys Leu Leu Arg Phe Phe Ser Asp Lys Ile Lys Glu Ile
        355                 360                 365
Gln Lys Glu Asn Lys Lys Ile Ala Lys Lys Glu Tyr Asp Val Lys Ala
    370                 375                 380
Pro Glu Tyr Lys Glu Trp Leu Glu Asn Lys Leu Asn Glu Thr Val Val
385                 390                 395                 400
Glu Leu Asp Asp Thr Glu Lys Lys Phe Arg Val Ser Glu Leu Glu Lys
                405                 410                 415
Lys Tyr Ile Gln Leu Gly Leu Ser Pro Glu Ile Val Asn Met Asn Leu
            420                 425                 430
Val Met Asn Asn Asp Glu Phe Ile Ser Ile Ala Glu Gln Ser Pro Glu
        435                 440                 445
Tyr Met Gly Leu Ser Asp Tyr Ala Lys Ser Tyr Thr Leu Asn Thr Ala
    450                 455                 460
Ile Asn Leu Ile Asn Glu Tyr Arg Asp Val Lys Asp Val Val Asn Asp
465                 470                 475                 480
Ile Asp Gly Gly Asn Phe Asn Tyr Asp Trp Phe Pro Ile Glu Leu Met
                485                 490                 495
His Pro Tyr Ala Ser Gly Asp Thr Asp Val Cys Arg Arg Ile His Cys
            500                 505                 510
Asp Val Val Lys Lys Leu Lys Glu Gln Asp Arg Pro Lys Ser Met His
        515                 520                 525
Leu Leu Glu Val Asn Tyr Pro Arg Leu Thr Lys Ser Leu Ala Arg Ile
    530                 535                 540
Glu Ser Asn Gly Leu Tyr Cys Asp Leu Asp Tyr Met Lys Glu Asn Asp
545                 550                 555                 560
Glu Ser Tyr Glu Ser Glu Met Ala Lys Asn His Ala Thr Met Arg Glu
                565                 570                 575
His Trp Ala Val Lys Glu Phe Glu Glu Tyr Gln Tyr Asn Leu Tyr Gln
            580                 585                 590
Met Ala Leu Glu Glu His Glu Lys Lys Pro Lys Asp Arg Asp Lys Asp
```

595 600 605

Ile His Gln Tyr Arg Asp Lys Phe Lys Asp Gly Lys Trp Met Phe Ser
610 615 620

Pro Ser Ser Gly Asp His Lys Gly Arg Val Ile Tyr Asp Ile Leu Gly
625 630 635 640

Ile Gln Leu Pro Tyr Asp Lys Glu Tyr Val Lys Glu Lys Pro Phe Asn
645 650 655

Ala Asn Val Lys Glu Ala Asp Leu Thr Trp Gln Asp Tyr Lys Thr Asp
660 665 670

Lys Lys Ala Ile Gly Tyr Ala Leu Asp Asn Leu Glu Leu Lys Asp Asp
675 680 685

Val Arg Glu Leu Leu Glu Leu Leu Lys Tyr His Ala Ser Met Gln Thr
690 695 700

Lys Arg Asn Ser Phe Thr Lys Lys Leu Pro Asn Met Ile Asn Lys Gln
705 710 715 720

Lys Arg Thr Leu His Gly Ser Phe Ser Glu Thr Gly Thr Glu Thr Ser
725 730 735

Arg Leu Ser Ser Ser Asn Pro Asn Leu Gln Asn Leu Pro Ala His Thr
740 745 750

Ser Asp Val Asn Lys Phe Asp Tyr Lys His Pro Ile Lys Arg Ser Phe
755 760 765

Val Ser Arg Phe Glu Asn Gly Val Leu Leu Gly Ala Asp Tyr Ser Ala
770 775 780

Leu Glu Met Arg Ile Ile Gly Leu Phe Thr Lys Asp Pro Asp Met Leu
785 790 795 800

Gln Ser Phe Leu Asn Gly Glu Asp Ile His Lys Ala Thr Ala Ser Ile
805 810 815

Val Tyr Asn Lys Pro Val Glu Glu Val Thr Lys Glu Glu Arg Gln Ala
820 825 830

Thr Lys Ala Val Asn Phe Gly Leu Ala Phe Gly Glu Ser Pro Phe Ser
835 840 845

Phe Ala Gly Lys Asn Asn Met Glu Val Ser Glu Ala Glu Glu Ile Phe
850 855 860

Glu Lys Tyr Phe Gln Thr Lys Pro Ser Val Lys Thr Ser Ile Asp Asn
865 870 875 880

Val His Glu Phe Val Gln Gln Tyr Gly Tyr Val Asp Thr Met His Gly
885 890 895

His Arg Arg Phe Ile Arg Ser Ala Gln Ser Thr Asp Lys Lys Ile Lys
900 905 910

Asn Glu Gly Leu Arg Gln Ser Phe Asn Thr Ile Ile Gln Gly Ser Gly
915 920 925

Ser Phe Leu Thr Asn Met Ser Leu Thr Tyr Leu Asp Asp Phe Ile Gln
930 935 940

Ser Arg Asn Leu Lys Ser Lys Val Ile Ala Thr Val His Asp Ser Ile
945 950 955 960

Leu Ile Asp Cys Pro Pro Glu Glu Ala Lys Ile Met Ala Lys Val Thr
965 970 975

Ile His Ile Met Glu Asn Leu Pro Phe Asp Phe Leu Lys Ala Glu Ile

980 985 990
Asp Gly Lys Glu Val Gln Tyr Pro Ile Glu Ala Asp Met Glu Ile Gly
995 1000 1005
Leu Asn Tyr Asn Asp Met Val Glu Tyr Asp Glu Glu Glu Ile Asp
1010 1015 1020
Thr Phe Asn Ser Tyr Gln Gly Tyr Ile Lys Tyr Met Met Asn Leu
1025 1030 1035
Gln Thr Leu Glu Asp Tyr Lys Glu Ser Gly Lys Leu Thr Asp Glu
1040 1045 1050
Gln Phe Glu Lys Ala Thr Asn Val Val Lys Ser Glu Lys His Ile
1055 1060 1065
Tyr Gln Glu Ile
1070

<210> 1294
<211> 80
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1294
Val Asn Thr Gly Glu Ile Arg Phe Asn Arg Ser Met Asp Glu Trp Ile
1 5 10 15
Ile Thr Ser Met Tyr Gln Asp Glu Leu Gly Glu Met Asn Ile Val Val
20 25 30
Thr Phe Tyr Asn Arg Glu Glu Asn Lys His Gly Ser Thr Val Leu Pro
35 40 45
Thr Glu Ser Ser Thr Gly Glu Val Ala Glu Glu Leu Ala Ser Leu Glu
50 55 60
Glu Glu Tyr Pro Leu Ala Leu Pro Leu Ser Ser Ile Ser Val Asn Ile
65 70 75 80

<210> 1295
<211> 160
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1295
Met Glu Ile His Ile Asp Ser Leu Asp Phe Thr Asn Phe Thr Ile Lys
1 5 10 15
Asp Arg Asn Gly Asn Ser Gln Glu Phe Asp Ile Thr Asp Glu Leu Arg
20 25 30
Ile Thr Glu Tyr Thr Ile Gln Glu Asp Phe Met Gln Gln Ser Ala Lys
35 40 45
Tyr Ala Phe Trp Ala Ser Ile Leu Glu Lys Val Arg Ala Tyr Ser Glu
50 55 60
Met Glu Gln Arg Asn Leu Glu Thr Ile Gly Ser Lys Leu Asn Leu Thr
65 70 75 80
Ile Arg Gln Glu Tyr Glu Gln Gln Gly Lys Lys Pro Thr Lys Asp Met

85 90 95
Ile Glu Ser Ser Val Tyr Ile His Asp Ser Tyr Gln Gln Gln Leu Lys
100 105 110
Val Val Glu Ala Trp Asn Tyr Lys Val Lys Gln Leu Gln Tyr Val Val
115 120 125
Lys Ala Phe Glu Thr Arg Arg Asp Met Met Ile Gln Leu Gly Ala Glu
130 135 140
Leu Arg Gln Thr Asn Lys Asn Gly Gly Ile Thr Asn Pro Phe Ser His
145 150 155 160

<210> 1296
<211> 423
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1296

Met Asp Phe Asn Gln Phe Ile Asn Asn Glu Ala Ser Lys Leu Glu Ser
1 5 10 15
Asn Asn Ser Ser Phe Asn Asn Asn Val Glu Ser Tyr Lys Pro Lys Asn
20 25 30
Pro Val Leu Arg Leu Gly Asn Ile Lys Asp Ala Asn Gly Asn Lys Val
35 40 45
Val Lys Glu Asn Ala Phe Val Arg Val Leu Pro Pro Ala Gln Gly Thr
50 55 60
Asn Val Phe Phe Lys Glu Phe Arg Thr Thr Gly Ile Asn Tyr Ser Lys
65 70 75 80
Lys Asp Gly Ser Gln Gly Phe Thr Gly Leu Thr Leu Pro Ala Glu Glu
85 90 95
Gly Ser Ser Val Leu Asp Pro Tyr Ile Gln Asp Trp Ile Thr Asn Gly
100 105 110
Val Gln Phe Ser Arg Phe Pro Asn Lys Pro Gly Val Arg Tyr Tyr Ile
115 120 125
His Val Ile Glu Tyr Phe Asn Asn Asn Gly Gln Ile Gln Pro Lys Thr
130 135 140
Asp Ala Gln Gly Asn Val Met Ile Gln Pro Met Glu Leu Ser Asn Thr
145 150 155 160
Gly Tyr Lys Glu Leu Leu Ala Asn Leu Lys Asp Thr Met Leu Lys Pro
165 170 175
Ser Pro Asn Ala Pro His Ser Phe Ile Ser Ala Asn Glu Ala Phe Leu
180 185 190
Val Asn Ile Val Lys Ala Lys Lys Gly Glu Met Ser Trp Lys Val Ser
195 200 205
Val Tyr Pro Asn Ala Pro Leu Gly Ala Leu Pro Gln Gly Trp Glu Gln
210 215 220
Gln Leu Ser Asp Leu Asp Gln Leu Ala Lys Pro Thr Glu Glu Gln Asn
225 230 235 240
Pro Asn Phe Val Asn Phe Leu Ile Asn Asn Val Asn Asn Thr Glu Leu
245 250 255

Ser His Asp Asn Phe Lys Phe Asn Arg Glu Thr Asn Val Leu Gly Glu
260 265 270
Glu Pro Ser Glu Pro Lys Gln Ala Pro Thr Gln Gln Asp Val Asp Ser
275 280 285
Gln Met Pro Ser Asn Met Gly Gly Gln Pro Asn Gln Pro Gln Gln Gly
290 295 300
Gln Val Gly Gln Tyr Ala Gln Gln Gly Gln Ser Asn Gly Gln Gly Gln
305 310 315 320
Gln Leu Gln Gly Thr Gln Gln Pro Ile Asn Asn Thr Gln Phe Gly Gln
325 330 335
Gly Thr Pro Ser Gly Gln Gln Pro Ser Asn Thr Gly Ser Val Asp Trp
340 345 350
Asp Asn Leu Ala Gln Gln Gln Ser Gln Pro Asp Ser Asn Pro Phe Asn
355 360 365
Asp Phe Asp Val Ser Ser Val Asp Asp Ser Gln Val Pro Phe Glu Thr
370 375 380
Gln Pro Gln Asn Thr Gln Gln Ala Pro Glu Pro His Gln Thr Thr Gln
385 390 395 400
Glu Pro Pro Lys Gln Lys Gln Thr Gln Ser Ile Asp Asp Val Leu Gly
405 410 415
Gly Leu Asp Leu Asp Asn Leu
420

<210> 1297
<211> 421
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1297

Met Ala Arg Ala Lys Lys Gly Lys Glu Val Asp Leu Thr Asp Leu Asn
1 5 10 15
Thr Ile Asp Leu Gly Lys Glu Leu Gly Leu Thr Leu Leu Ser Asp Ser
20 25 30
Asn Arg Ala Asp Ile Lys Asn Ile Val Pro Thr Met Val Pro Gln Tyr
35 40 45
Asp Arg Ile Leu Gly Gly Gly Ile Pro Leu Gly Arg Leu Thr Glu Val
50 55 60
Tyr Gly Leu Thr Gly Ser Gly Lys Ser Ser Phe Ala Val His Leu Ser
65 70 75 80
Arg Ile Ser Thr Gln Leu Gly Val Ile Thr Ile Trp Ile Asp Ile Glu
85 90 95
Gly Thr Ala Asp Asn Asn Arg Met Glu Gln Leu Gly Val Asp Val Ser
100 105 110
Lys Leu Phe Ser Ile Gln Ala Gly Glu Gly Arg Leu Lys Asn Thr Val
115 120 125
Glu Leu Ser Val Glu Thr Val Gly Lys Glu Leu Asp Tyr Trp Ile Asp
130 135 140
Thr Phe Asn Glu Lys Ala Pro Gly Val Pro Ile Leu Phe Ile Trp Asp

145 150 155 160
Ser Leu Gly Ala Thr Arg Thr Gln Ala Glu Ile Glu Glu Gly Val Asp
165 170 175
His Arg Lys Leu Gly Thr Lys Ala Thr Ala Thr Gln Lys Val Ile Asn
180 185 190
Ala Val Ser Pro Lys Leu Asn Asp Thr Asn Thr Gly Leu Ile Val Ile
195 200 205
Asn Gln Ala Arg Asp Asn Leu Asn Met Ser Asn Pro Tyr Asp Asp Pro
210 215 220
Ile Lys Ser Thr Gly Gly Arg Ala Phe Glu His Gly Ala Ser Leu Arg
225 230 235 240
Leu Lys Ile Thr Lys Gly Lys Glu Ser Asp Leu Lys Gln Ser Asp Ser
245 250 255
Met Thr Gly Lys Pro Thr Tyr Lys Gly His Val Met Arg Val Glu Thr
260 265 270
Lys Lys Ser Lys Leu Ser Arg Pro Gly Gln Lys Ala Glu Ala Asp Leu
275 280 285
Leu Ser Gly Tyr Glu Val Gly Ser Gly Ser Asp Ile Thr Gln Leu Asn
290 295 300
Gly Ile Asp Pro Tyr His Thr Ile Tyr Lys Glu Ala Val Glu Arg Gly
305 310 315 320
Leu Ile Thr Lys Gly Thr Trp Arg Asn Tyr Ile Thr Leu Asn Gly Glu
325 330 335
Glu Ile Lys Leu Tyr Asp Lys Asp Trp Val Pro Arg Leu Ile Asp Asp
340 345 350
His Glu Leu Tyr Leu Glu Leu Phe Ser Arg Val Tyr Gly Glu His Phe
355 360 365
Pro Asn Gly Tyr Ser Pro Leu Leu Asn Thr Lys Val Ile Val Thr Gln
370 375 380
Leu Glu Glu Tyr Gln Ala Leu Glu Asn Tyr Tyr Glu Glu Trp Ala Lys
385 390 395 400
Asp Asn Lys Gln Glu Glu Gln Glu Glu Glu Ser Lys Gly Glu Ser Gln
405 410 415
Glu Lys Asp Ser Glu
420

<210> 1298
<211> 117
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1298

Met Tyr Asn Leu Ile Asp Lys Asn Met Arg Gln Val Lys Glu Ser Leu
1 5 10 15
Gly Asn Ala Asn Ser Ser Asp Val Leu Pro Leu Pro Tyr Lys Asp Ile
20 25 30
Ala Lys Lys Phe Glu Glu Val Lys Glu Lys Gly Glu Ser Ile Ile Ile
35 40 45

Glu Glu Gly Gly Phe Pro Tyr Thr Asp Ser Thr Val Met Tyr Ile Glu
50 55 60
His Val Thr Asp Arg Trp Ala Gly Gly Tyr Ser Leu Ile Arg His Glu
65 70 75 80
Gly Glu Glu Val Lys Val Pro Lys Thr Ile His Phe Ser Asp Ile Tyr
85 90 95
Val Lys Asp Lys Ser His Lys Val Arg Ile Ile Phe Glu Gly Ala Asn
100 105 110
Pro Tyr Glu Glu Gly
115

<210> 1299
<211> 220
<212> PRT
<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1299

Met Lys Lys Ala Lys Asn Gly Asn Arg Tyr Val Ile Asp Ile Asp Gly
1 5 10 15
Ile Pro Val Asp Phe Glu Arg Asp Leu Asp Ser Leu Leu Asn Arg Tyr
20 25 30
Lys Asn Leu Arg Trp Ser Leu Tyr His Lys Tyr Ala Gly Ile Leu Ser
35 40 45
Asn Asp Phe Glu Arg Gln Glu Leu Arg Glu Tyr Ile Asp Glu Gln Phe
50 55 60
Ile Lys Leu Val Lys Glu Tyr Asn Ile Arg Ser Lys Val Asp Phe Pro
65 70 75 80
Gly Tyr Ile Lys Ala Lys Leu Thr Leu Arg Val Gln Asn Ser Tyr Val
85 90 95
Lys Lys Asn Glu Lys Tyr Lys Arg Thr Glu Ile Ile Gly Lys Lys Asp
100 105 110
Tyr Thr Val Glu Ser Leu Thr Glu Asp Leu Asn Glu Asp Phe Glu Asp
115 120 125
Asn Gln Ile Met Ser Tyr Val Phe Asp Asp Ile Glu Phe Thr Glu Val
130 135 140
Gln Ser Glu Leu Leu Lys Glu Leu Leu Ile Asn Pro Glu Arg Glu Asp
145 150 155 160
Asp Ala Phe Ile Val Ser Gln Val Ala Glu Lys Phe Asp Met Lys Arg
165 170 175
Lys Glu Val Ala Ser Glu Leu Thr Glu Leu Arg Asp Tyr Val Arg Phe
180 185 190
Lys Ile Asn Ala Tyr His Glu Tyr Tyr Ala Lys Lys Glu Leu Asn Asn
195 200 205
His Arg Val Asn Thr Glu Asn His Ile Trp Glu Asn
210 215 220

<210> 1300
<211> 293
<212> PRT

<213> Unknown
<220>
<223> Description of Unknown: Bacteriophage F125/10
<400> 1300

```
Val Arg Ile Glu Lys His Lys Ile Lys Asn Asn Lys Val Ile Asn Glu
1               5                  10                  15
Met Ser Ile Thr Ala Asn Asn Leu Tyr Asn His Ala Asn Phe Ile Leu
            20                  25                  30
Arg Gln Asn Phe Phe Asn Asn Lys Thr Asn Lys Gly Tyr Arg Lys Phe
        35                  40                  45
Leu Asn Tyr Asn Thr Ile His Arg Ile Leu Lys Asn Met Asn Glu Glu
    50                  55                  60
Asn Tyr Ile Lys Leu Pro Arg Gln Thr Ser Gln Gln Val Leu Arg Asp
65                  70                  75                  80
Leu Ile Asn Asn Trp Ser Ser Phe Arg Lys Ser Glu Lys Asp Tyr Phe
                85                  90                  95
Lys Asn Pro Asn Lys Tyr Arg Asn Arg Pro Lys Pro Pro Lys Tyr Lys
            100                 105                 110
Ala Lys Gly Gly Lys Gly Thr Ile Lys Phe Thr Asn Gln Gln Cys Arg
        115                 120                 125
Ile His Lys Lys Asp Gly Leu Ile His Leu Pro Thr Pro Leu Gln Asp
    130                 135                 140
Ile Thr Ile Lys Pro Tyr Lys Ala Lys Asn Ile Arg Glu Leu Val Cys
145                 150                 155                 160
Ile Pro Lys Ser Asp Tyr Phe Glu Val Leu Val Cys Tyr Lys Glu Glu
                165                 170                 175
Asn Ser Asn Lys Thr Leu Asn Asp Asn Glu Asn Ile Ala Ser Ile Asp
            180                 185                 190
Leu Gly Leu Asp Asn Leu Ile Thr Met Val Ser Ile Val Asp Lys Pro
        195                 200                 205
Ile Ile Ile Asn Gly Lys Gly Leu Lys Ser Lys Asn Lys Tyr Phe Asn
    210                 215                 220
Lys Lys Ile Arg Tyr Tyr Gln Ser Leu Leu Gln Asn Asn Ser Tyr Ser
225                 230                 235                 240
Ser Lys Arg Ile Leu Lys Tyr Trp Glu Lys Arg His Asn Ile Ile Leu
                245                 250                 255
Asp Tyr Phe His Lys Ala Thr Asn Glu Val Val Lys Tyr Cys Val Lys
            260                 265                 270
Asn Asp Ile Ser Lys Val Val Ile Gly Tyr Asn Lys Gln Gln Lys Tyr
        275                 280                 285
Lys Ser Lys Leu Lys
    290
```

(57) Формула изобретения

1. Выделенный бактериофаг, имеющий геном, содержащий последовательность, которая по меньшей мере на 99% идентична нуклеотидной последовательности SEQ ID NO: 560, причем указанный бактериофаг обладает активностью в отношении Staphylococcus aureus.

2. Фармацевтическая композиция, обладающая активностью в отношении Staphylococcus aureus и содержащая эффективное количество бактериофага по п. 1 и фармацевтически приемлемый носитель.

3. Фармацевтическая композиция по п. 2, которая дополнительно содержит один или более дополнительных штаммов бактериофага, эффективных в отношении Staphylococcus aureus.

4. Фармацевтическая композиция по п. 2, которая дополнительно содержит один или более дополнительных штаммов бактериофага, эффективных в отношении бактерий, отличных от Staphylococcus aureus.

5. Фармацевтическая композиция по любому из пп. 2-4, дополнительно содержащая по меньшей мере четыре дополнительных выделенных фага, причем указанные четыре дополнительных фага выбраны из группы, состоящей из F391/08, F394/08, F488/08, F510/08, F387/08, F170/08, F168/08, F770/05, F125/10 и F1245/05; причем

указанный F391/08 имеет геном, содержащий последовательность, которая по меньшей мере на 99% идентична нуклеотидной последовательности SEQ ID NO: 1;

указанный F394/08 имеет геном, содержащий последовательность, которая по меньшей мере на 99% идентична нуклеотидной последовательности SEQ ID NO: 2;

указанный F488/08 имеет геном, содержащий последовательность, которая по меньшей мере на 99% идентична нуклеотидной последовательности SEQ ID NO: 3;

указанный F510/08 имеет геном, содержащий последовательность, которая по меньшей мере на 99% идентична нуклеотидной последовательности SEQ ID NO: 4;

указанный F387/08 имеет геном, содержащий последовательность, которая по меньшей мере на 99% идентична нуклеотидной последовательности SEQ ID NO: 781; и

указанный F125/10 имеет геном, содержащий последовательность, которая по меньшей мере на 99% идентична нуклеотидной последовательности SEQ ID NO: 1074.

6. Фармацевтическая композиция по п. 5, в которой указанные по меньшей мере четыре других фага представляют собой F510/08, F125/10, F1245/05 и/или F770/05.

7. Фармацевтическая композиция по любому из пп. 2-4, которая дополнительно содержит F770/05 и/или F1245/05.

8. Фармацевтическая композиция по любому из пп. 2-4, причем указанная композиция составлена для топического нанесения.

9. Применение терапевтически эффективного количества фармацевтической композиции по любому из пп. 2-4 в производстве лекарственного препарата для лечения или уменьшения частоты возникновения бактериальной инфекции, ассоциированной по меньшей мере с одним из Staphylococcus aureus, у субъекта, нуждающегося в этом.

10. Применение по п. 9, причем инфекция является нозокомиальной.

11. Применение по п. 9, причем инфекция является кожной инфекцией.

12. Применение по п. 11, причем кожная инфекция ассоциирована с язвой диабетической стопы, токсическим некрозом эпидермиса, сыпью или карбункулами.

13. Применение по любому из пп. 9-12, причем композиция вводится топическим путем.

14. Применение по п. 9, причем инфекция представляет собой пневмонию или другую инфекцию дыхательных путей.

15. Применение по п. 14, причем указанный лекарственный препарат вводится путем ингаляции.

16. Применение по п. 15, причем введение путем ингаляции производится с помощью насоса, распылителя или небулайзера.

17. Применение по п. 15 или 16, причем указанный лекарственный препарат для

введения с помощью ингаляции включает сухой порошок или аэрозольный спрей.

18. Применение по п. 9, причем инфекция ассоциирована по меньшей мере с одним состоянием, выбранным из группы, состоящей из гастроэнтерита, остеомиелита, эндокардита и перитонита.

19. Применение по п. 18, причем указанный лекарственный препарат вводится орально или парентерально.

20. Применение по п. 9, причем инфекция ассоциирована по меньшей мере с одним состоянием, выбранным из группы, состоящей из менингита или другой инфекции спинномозговой жидкости, синдрома токсического шока, бактериемии и сепсиса.

21. Применение по п. 20, причем указанный лекарственный препарат вводится внутривенно.

22. Применение по п. 9, причем инфекция представляет собой инфекцию мочевого тракта.

23. Применение по п. 22, причем указанный лекарственный препарат вводится с помощью катетера.

24. Применение по п. 9, причем субъектом является млекопитающее, предпочтительно человек.

25. Применение по любому из пп. 9-24, причем указанный лекарственный препарат дополнительно содержит по меньшей мере одно из:

(i) антибиотика для лечения указанной бактериальной инфекции Staphylococcus aureus;

(ii) одного или более дополнительных бактериофагов, обладающих активностью в отношении Staphylococcus aureus; и

(iii) одного или более дополнительных бактериофагов, обладающих активностью в отношении бактерий, отличных от Staphylococcus aureus.

26. Применение по п. 9, причем указанная инфекция представляет собой инфекцию Staphylococcus aureus, вызванную резистентным к метициллину штаммом Staphylococcus aureus (MRSA).

27. Применение по п. 26, причем указанный лекарственный препарат дополнительно содержит антибиотик, известный как обладающий антибактериальной активностью против MRSA.

28. Применение по п. 27, причем указанный антибиотик выбран из группы, состоящей из ванкомицина, тейкопланина, клиндамицина и сульфаметоксазола.

29. Способ диагностики возбудителя бактериальной инфекции, включающий:

(i) культивирование образца ткани, отобранного у пациента;

(ii) приведение в контакт культуры со стадии (i) с бактериофагом по п. 1, обладающим активностью в отношении Staphylococcus aureus; и

(iii) мониторинг наличия роста или лизиса культуры,

при этом наличие лизиса культуры показывает, что культура содержит по меньшей мере один из Staphylococcus aureus.

30. Способ по п. 29, в котором образец ткани представляет собой образец крови, мочи, слюны, спинномозговой жидкости, биоптат ткани или мазок, отобранный у указанного пациента.

31. Способ уменьшения или ингибирования колонизации или роста видов бактерий Staphylococcus aureus на твердой поверхности, включающий приведение в контакт указанной поверхности с бактериофагом по п. 1, обладающим активностью в отношении указанных бактерий.

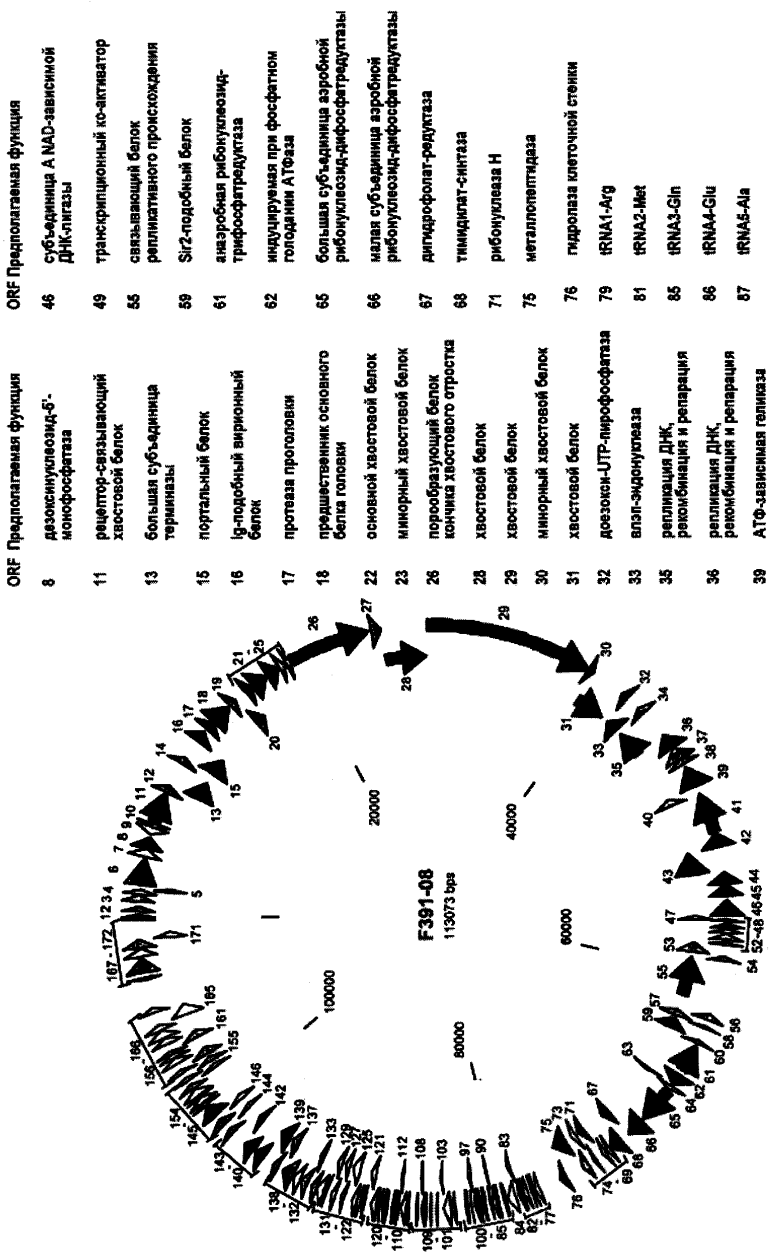
32. Способ по п. 31, в котором указанная поверхность представляет собой поверхность больничного инструмента или предмета больничного оборудования,

предпочтительно хирургического инструмента или предмета хирургического оборудования.

33. Применение бактериофага по п. 1, обладающего активностью в отношении Staphylococcus aureus, в производстве лекарственного препарата для уменьшения или ингибирования инфекции, ассоциированной с колонизацией или ростом бактерий Staphylococcus aureus, на биологической поверхности, с которой его приводят в контакт.

34. Применение по п. 33, причем биологическая поверхность представляет собой кожу или мембрану слизистой оболочки млекопитающего, предпочтительно кожу или мембрану слизистой оболочки человека.

1



ORF	Предполагаемая функция
8	дезоксинуклеозид-5'-монофосфатаза
11	рецептор-связывающий хвостовой белок
13	большая субъединица терминазы
15	портальный белок
16	Ig-подобный вирионный белок
17	протеаза проголовки
18	предшественник основного белка головки
22	основной хвостовой белок
23	минорный хвостовой белок
26	порообразующий белок кончика хвостового отростка
28	хвостовой белок
29	хвостовой белок
30	минорный хвостовой белок
31	хвостовой белок
32	дезоксон-UTP-пирофосфатаза
33	вэлп-эндонуклеаза
35	репликация ДНК, рекомбинация и репарация
36	репликация ДНК, рекомбинация и репарация
39	АТФ-зависимая геликаза
41	ДНК-полимераза
42	репликативная ДНК-примаза
43	репликативная ДНК-геликаза
44	транскрипционный фактор
45	субъединица B NAD-зависимой ДНК-лигазы
46	субъединица A NAD-зависимой ДНК-лигазы
49	транскрипционный ко-активатор
55	связывающий белок репликативного происхождения
59	Sir2-подобный белок
61	анаэробная рибонуклеозид-трифосфатредуктаза
62	индуцируемая при фосфатном голодании АТФаза
65	большая суб-единица аэробной рибонуклеозид-дифосфатредуктазы
66	малая суб-единица аэробной рибонуклеозид-дифосфатредуктазы
67	дигидрофолат-редуктаза
68	тимидилат-синтаза
71	рибонуклеаза H
75	металлопептидаза
76	гидролаза клеточной стенки
79	tRNA1-Arg
81	tRNA2-Met
85	tRNA3-Gln
86	tRNA4-Glu
87	tRNA5-Ala
88	tRNA6-Leu
90	tRNA7-Ser
91	tRNA-ser
92	tRNA9-His

ФИГУРА 1

1

2

ФИГУРА 1B

ORF	Предполагаемая функция
93	tRNA10-Arg
94	tRNA11-Gln
95	tRNA12-Met
98	tRNA13-Ile
99	tRNA14-Met
100	tRNA15-Val
104	tRNA16-Asp
105	tRNA17-Asn
106	tRNA18-Cys
108	tRNA19-Lys
109	tRNA20-Phe
113	tRNA21-Leu
114	tRNA22-Pro
115	tRNA23-Thr
116	tRNA24-Gly
119	tRNA25-Trp
139	дезоксинуклеозид-5'-монофосфат-киназа
140	АТФ-зависимая протеаза
141	холин
142	лизоцим
144	тиоредоксин
147	серин/треонин-протеинфосфатаза

2

3

Таблица 1. Характеристика генных продуктов фага F391/08 и их предполагаемые функции

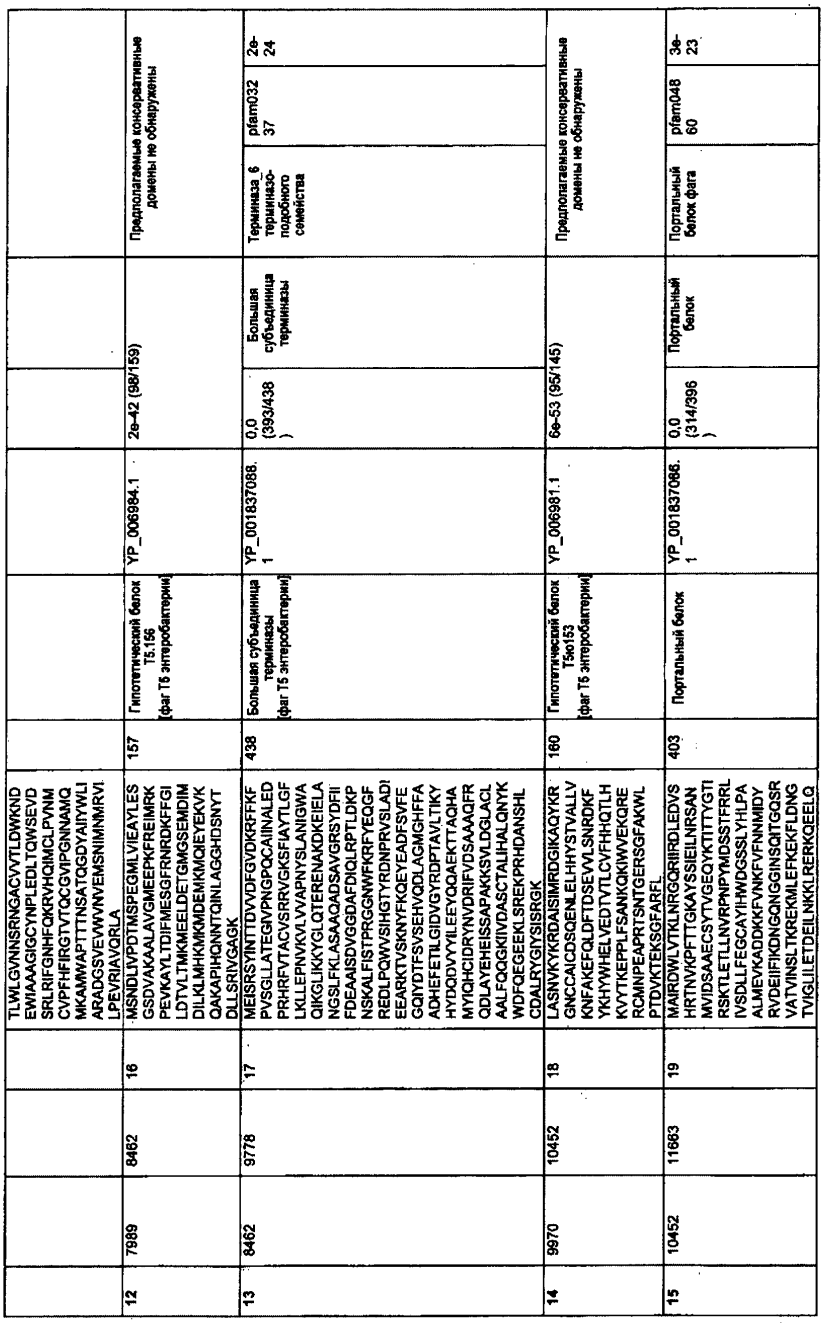
Orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.:	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
1	52	240	5	MKRFVISSKPAAKLNKMASSELVK MQRDMARRYRSYQRGGQQGLPMI WDNMMRYLKSLQNNV	62	Гипотетический белок T5.008 [фаг T5 энтеробактерии]	YP_006836.1	4e-04 (23/54)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
2	408	668	6	MQNVKTPMIGDSVFIPFVTGDVSKP GENEKIGYIKGAAMIPFDKINAVYAE TEKAKNSDAKIYSVRVDSGDVVKVI RKDDKWLAVA	86	Гипотетический белок AGC_0006 [фаг EPS7 энтеробактерии]	YP_001836929.1	8e-18 (53/87)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
3	1007	1411	7	MTATKTEKFAWNETNAATAVEMYE KIIASDGLEVANSQGLIDIAKAVGAE SHVKVRSKLVSAKVYQKSDKPRKV GGGSSLRKAHYVRVLTQHAIADGLI DDADGLASLEQMKLDQLDVIARMV GVQDEVKESAE	134	A2 [фаг T5 энтеробактерии]	YP_006834.1	8e-44 (88/133)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
4	1479	1748	8	MALIKGSVIKLTGTVVDELIQTGYQD NKVMTPPSVKVPEYIVLWVNPDAD TFGMAINREVFKPEMLELSSREIYLL NYAFSVEEKEVVK	89	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
5	1745	1972	9	MIFFPTESLILIAGFFAAACLYGYYN FMEIGSEQTDLLRRDFWFKKASICR RWSIIFIILAVTFGISASIIPAIV	75							
6	2056	3732	10	MIIAIEKQKAILTAANNLNFWGKRLR AKKLEICDELSKEHYGTAKHSSEIC DWLDSNKPVKPAAEKRAQRVAVE DSRPVAAGQLNSSVESWKVIPGRR FLLTSIQNNTFPHANFWKTLQEAAK YLGATLLVSKYAYNKKGFQNGQGN DELKYDDAFSDFICDENVFLGNRET GFAFMAEINILPTADFPLSGFGETAT AYGLKGLAIGHAKITAESVPAMKGD TVRRMYSTGTATLKNYIQQKAGQK AEALHNYGALLVEIDDNGNFFARQI ETMDESGMFYDLNHKFTVNGGEE VTGHVAALQYGDIHAEKLDHAVAFA SWGPCDDSLVNVLRPRYQIVHDVH DFTSRNHHNRASGVFLAKQYAAGR DKVIDDLIDTGRVLEAMEREFSQTVI VESNHDLALSRWLDDSKANIQQDP ANAHLYYRLNAAIYEAIENKDDTFN VLDYALRNVAGCDFAAIFLTTDESM KIAGIECGSHGHNGINGARGNPKG FRKLGKMNTGHTHTPSIYGGVYTA GVAGSLDMGYNIGASSWSQTHLIT	558	A1 [фаг T5 энтеробактерии]	YP_006832.1	0,0 (402/559)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

ФИГУРА 2А

				YENGQRTLIDFKDGVFFA							
7	3801	4253	11	MKLTFIYNNRKSFTASNVVENSLVIS RDSEGRPHVSYQKVNTVDGDTVLK ALAAILPRPAEFKESGIVSQLVAADS ILYEADICEIVEIDAAAAGLMFIVVSE NDYDDTYLLGDVMDYSSSEYTPPL AIVPVMATRIKPAELADALTLFF	150	Значительного подобия не обнаружено					Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
8	4327	5043	12	MAFNKLAIKAIKLWDLDGTVINSFAR VFPCMDDKGNLDLNMYREKACVH DAIMTDTLLPLVEYMRASLNDPTVL NIIVTARYMGKSDYYFLRKQRIRAG RGGNIQILSRDVLHRYIGDADYKEV YYSKDGIYKTHYFEMLKAEYPNATI TMIDDNRGVLAAAAAAGLQTMDAT AINDILSIGVRLAGESFIDEALDDDN DYQYLCERLAHCWEGMTEEERSD YGIKPQQFIQSLAIAS	238	дезоксинуклеозид-5'-монофосфатаза [фаг T5 энтеробактерии]	YP_006829.1	2e-81 (142/231)	дезоксинуклеозид-5'-монофосфатаза	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
9	5660	5199	13	MTIVLIFTTFFFLAAVWFGVRAHDLR NAVVAADLRNKSLHQEILQTRAER QVAISKHQRVMNDLRNDPSNPYYI PPVTPQVAKRKQKRAGSDNSRKVS GSPSSNSGSSSRSDDGSTAAIIATTA AVATYSGYDSGSSSYCDSGSSSSSF DSGCSF	153	Значительного подобия не обнаружено					Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
10	5888	5664	14	MEVVIGALVLLSIVLFVITVKQGKAIK QLERTNGVLQKSYDNQTRLLHKAQ LNLSECKAELESANKIYITKGMV	74	Значительного подобия не обнаружено					Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
11	6002	7978	15	MGFYAGRIGDKKVLSLTSGNNKDV NNHTNPGWDTIFHSDMPHVVVLET HERDLWDGGDWYRCTRMPDRIIQ VLSADYDRVVLTEVEFEDGTRRFIY GTSLGVGAKAYNAYFSNTVGSQAS AGTMASMKTNVCASADLHMDISFY FEETPGTINEKLRDGTGCMYTWGV NSEWGDRGPGPPVGAPIRPNFETII KAGWVLYRGAFSGNIAGSVSPPNR PLTIGVDAMRHPWMRTTGVNSICL RGETLNRNMYGHMGPRYGQSSNP VGGPYAHNIQTESYQEVQYKAGFF RGPPNNFMGWENTDNNNAGSGW GNNAIYRDNNFRVPKRVRWYITNM KYNGQGFYAENVFGSRNQEIKISP REFIVNGINLMNTGWKFINQNDINY SPGNRPDIRVIATNVARFSGNPTVG NNGYVHFNQPLTRPDNGAEFGQG NVSEMHVTTVGVYNFRSDAQWYV KSNPPEIGNQWGPVWSESTRPLRL VGGTGSADIGGNLRTSGNASHHLA	658	рецептор-связывающий хвостовой белок Pb5 [фаг T5 энтеробактерии]	YP_006985.1	1e-127 (269/674)	рецептор-связывающий хвостовой белок	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены

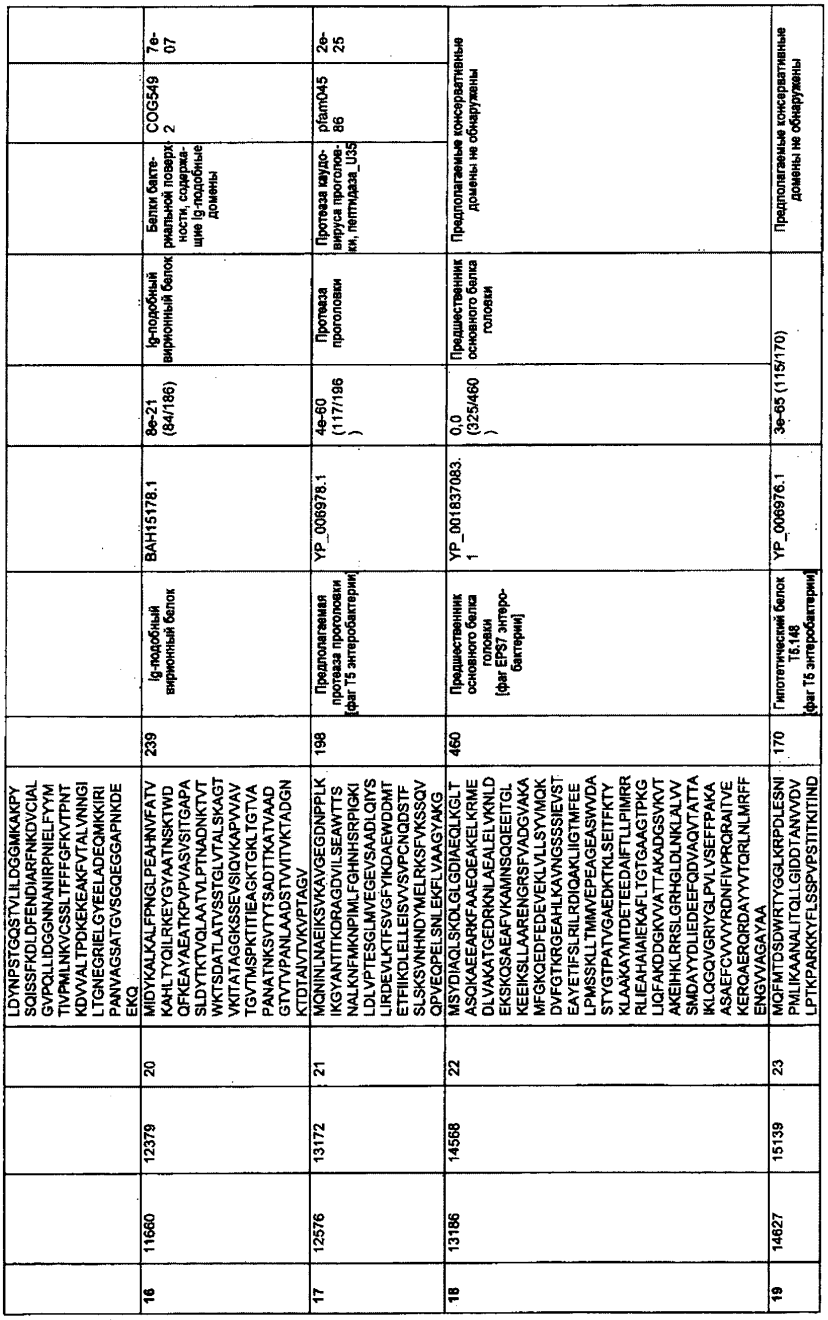
ФИГУРА 2В

5



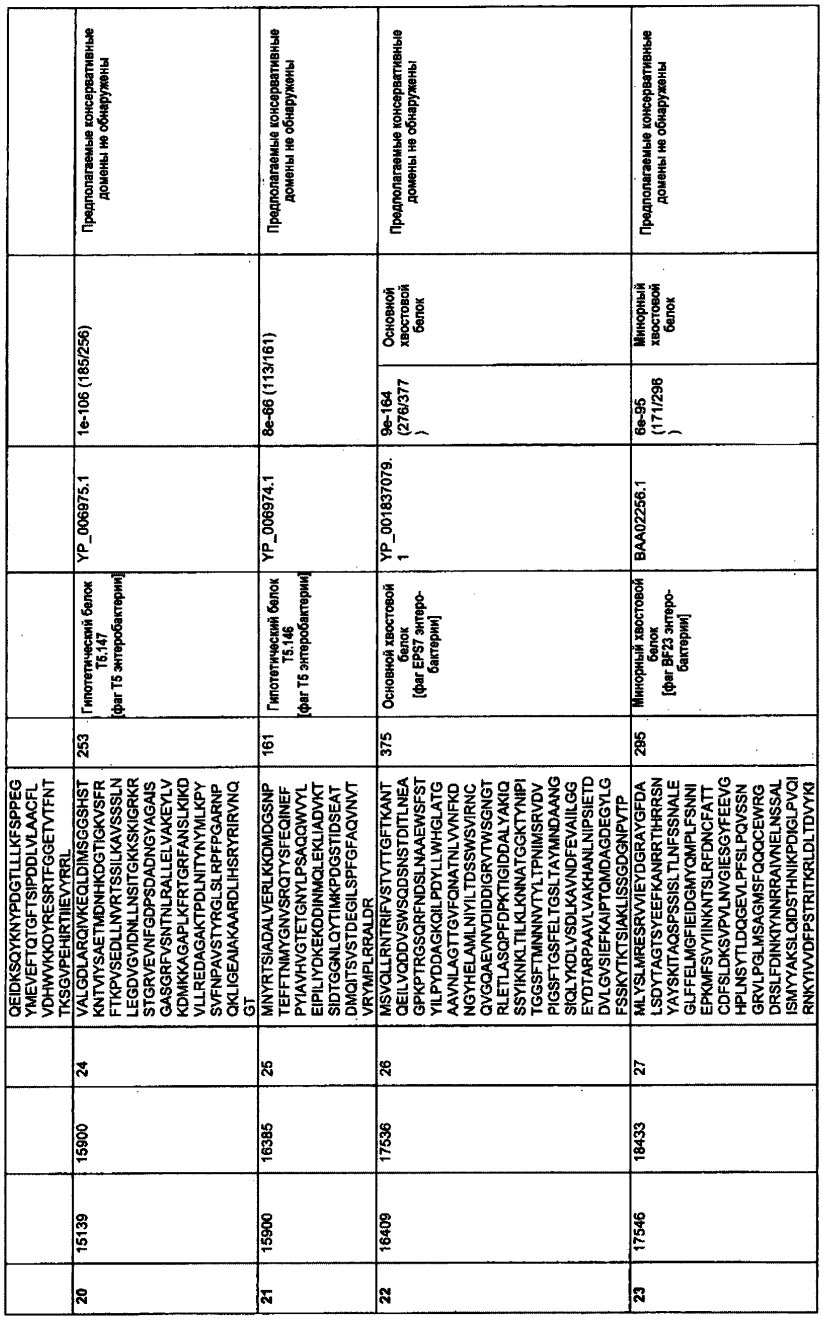
				TLWLGVNNSRNGACVVTLDWKND EWIAAAGIGCYNPLEDLTQWSEVD SRLRIFGNHFQKRVHQIMCLPVNM CVPFHFIRGTVTQCGVIPGNVAAMQ MKAMWAPTTTNSATQGDYAIIYWLI ARADGSVEVWVNVEMSNIIMNMRVI LPEVRIAVQRLA										
12	7989	8462	16	MSNDLIVPDTIMSPEGMLVIEAYLES GSDVAKAALAVGMEEPKFREIMRK PEVKAYLTDIFMESGFRNRDKPFGI LDTVLTMKMEELDETGMGSEMDIM DILKLMHKMKMDEMKMQIEYEKVK QAKAPIHQNNTQINLAGGHDSNYT DLLSRIVGAGK	157	Гипотетический белок T5.156 [фаг T5 энтеробактерий]	YP_006984.1	2e-42 (98/159)				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены			
13	8462	9778	17	MEISRSYINTTDVVDFGVDKKRFKF PVSGLLATEGIVPNGPQCAIINALED PRHRFVTACVSRRVGKSFIAYTLGF LKLLEPNVKVLVVAPNYSLANIGWA QIKGLIKKYGLQTERENAKDKEIELA NGSLFKLASAAQADSAVGRSYDFII FDEAASDVGGDAFDIQLRPTLDKP NSKALFISTPRGGNWFKRFYEQGF REDLPQWVSIHGTYRDNPRVSLADI EEARKTVSKNYFKQEYEADFSVFE GQIYDTFSVSEHVQDLAGMGHFFA ADHEFETLGIDVGYRDPTAVLTIKY HYDQDVYYLEEYQQAEKTTAQHA MYIQHCIDRYNVDRIFVDSAAAQFR QDLAYEHEISSAPAKKSVLDGLACL AALFQQGKIIVDASCTALIHALQNYK WDFQEGEEKLSREKPRHDANSHL CDALRYGIYSISRGK	438	Большая субъединица терминазы [фаг T5 энтеробактерий]	YP_001837088.1	0,0 (393/438)	Большая субъединица терминазы	Терминаза 6 терминазо-подобного семейства	pfam032 37	2e-24
14	9970	10452	18	LASNVKYKRDAISIMRDGIKAQYKR GNCCAICDSQENLELHHYSTVALLV KNFAKEFQLDFTDSEVVLSNRDKF YKHYWHELVEDTVTLCVFHHQTLH KVYTKEPPLFSAANKQKIWVEKQRE RCMNPEAPRTSNTGERSGFAKWL PTDVKTEKSGFARFL	160	Гипотетический белок T5o153 [фаг T5 энтеробактерий]	YP_006981.1	6e-53 (95/145)				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены			
15	10452	11663	19	MAIRDWLVTKLNRGQRIIRDLEDVS HRTNVKPFTTGKAYSSIEILNRSAN MVIDSAAECSYTVGEQYKTITTYGTI RSKTLETLLNVRPNPYMDSSTFRRL IVSDLLFEGCAYIHWDGSSLYHLPA ALMEVKADDKKFVNKFVFNNMIDY RVDEIIFIKDNGQNGGINSQITGQSR VATVINSLTKREKMLEFKEKFLDNG TVIGLILETDELNKKLRERKQEELQ	403	Портальный белок	YP_001837086.1	0,0 (314/396)	Портальный белок	Портальный белок фага	pfam048 60	3e-23

ФИГУРА 2С



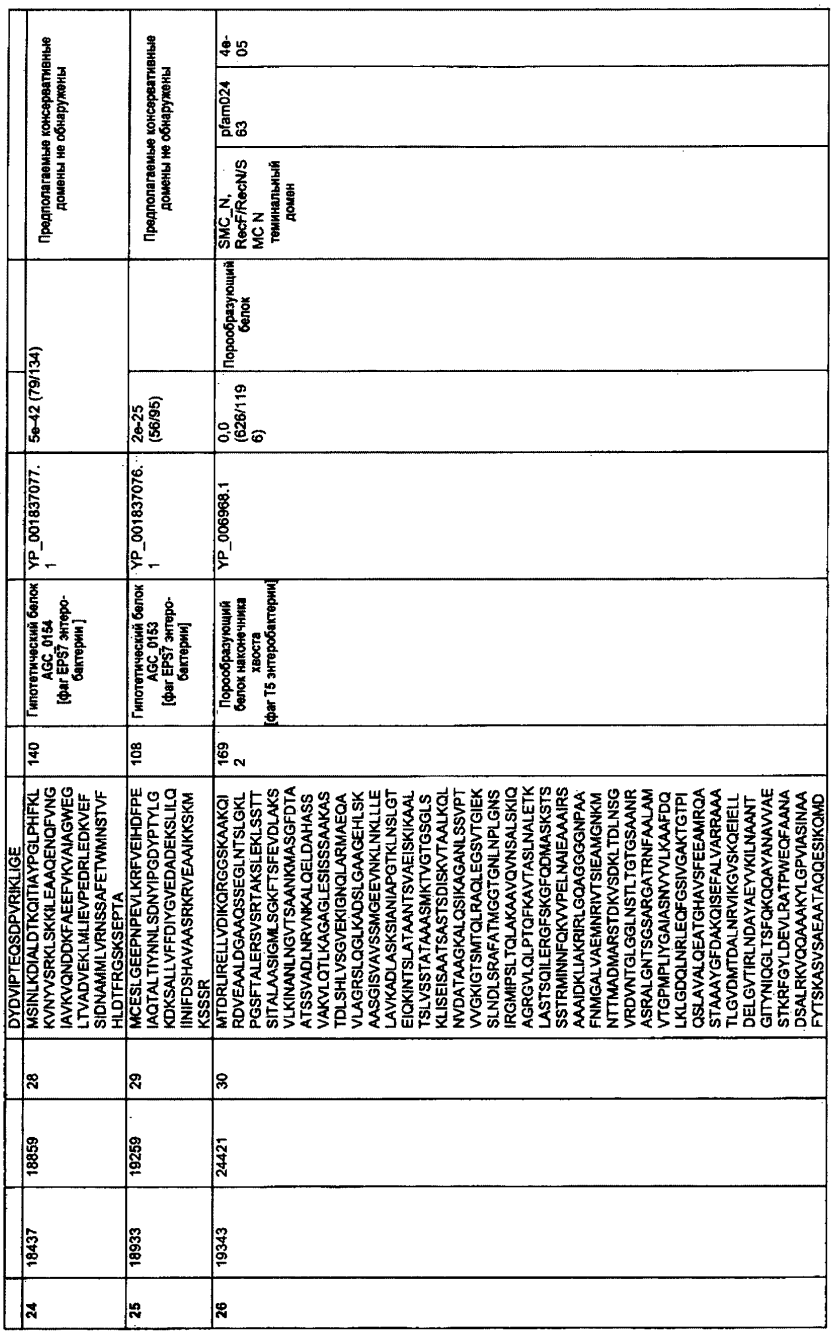
				LDYNPSTGQSTVLILDGGMKAKPY SQISSFKDLDFENDIARPNKDVCIAL GVPQLLIDGGNNANIRPNIELFYYM TIVPMLNKVCSSLTFFFGFKVTPNT KDVVALTPDKEKEAKFVTALVNNGI LTGNEGRIELGYEELADEQMKKIRI PANVAGSATGVSGQEGGAPNKDE EKQ										
16	11660	12379	20	MIDYKALKALFPNGLPEAHNVFATV KAHLTYQILRKEYGYAATNSKTWD QFKEAYAEATKPVPVASVSITGAPA SLDYTKTVQLAATVLPTNADNKTVT WKTSDATLATVSSTGLVTALSKAGT VKITATAGGKSSEVSIQVKAPVVAV TGVTMSPKTITEAGKTGKLTGTVA PANATNKSVTYTSADTTKATVAAD GTVTVPANLAADSTVVTVKTADGN KTDTAIVTVKVPTAGV	239	Ig-подобный вирионный белок	BAH15178.1	8e-21 (84/186)	Ig-подобный вирионный белок	Белки бактериальной поверхности, содержащие Ig-подобные домены	COG549 2	7e-07
17	12576	13172	21	MQNINLNAEIKSVKAVGEGDNPPLK IKGYANTITKDRAGDVILSEAWTTS NALKNFMKNPIMLFGHNHSRPGKI LDLVPTESGLMVEGEVSAADLQIYS LIRDEVLKTFSVGFYIKDAEWDDMT ETFIIKDLELLEISVVSVPCNQDSTF SLSKSVNHNDYMELRKSFVKSSQV QPVEQPELSNLEKFLVAAGYAKG	198	Предполагаемая протеаза прополиси [фаг T5 эшерихия]	YP_006978.1	4e-60 (117/195)	Протеаза прополиси	Протеаза каудовируса прополиса, пептидаза_U35	pfam045 86	2e-25
18	13186	14568	22	MSYDIAQLSKDLGLGDIAEQLKGLT ASQKAEEARKFAAEQEAKELKRME DLVAKATGEDRKNLAEALELVKNLD EKSKQSAEAFVKAMNSQQEEITGL KEEIKSLLAARENGRSFVADGVAKA MFGKQEDFEDEVEKLVLLSYVMQK DVFGTKRGEAHLKAVNGSSSIEVST EAYETFSLRLRDIQAKLIIGTMFEE LPMSSKLLTMAVEPEAGEASWVDA STYGTPATVGAEDKTKLSEITFKTY KLAAKAYMTDETEEDAIFTLLPIMRR RLIEAHAIAEKAFLTGTGAAGTPKG LIQFAKDDGKVVATTAKADGSVKVT AKEIHKLRRSLGRHGLDLNKLALVV SMDAYYDLIEDEEFQDVAQVTATTA IKLQGQVGRIYGLPVLVSEFFPAKA ASAEFCVVVVRDNFIVPRQRAITVE KERQAERQRDAYYVTQRLNLMRFF ENGVVAGAYAA	460	Предшественник основного белка головки [фаг EPS7 энтеробактерии]	YP_001837083.1	0,0 (325/460)	Предшественник основного белка головки	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
19	14627	15139	23	MQFMTDSDWRTYGGLKRPDLESNI PMLIKAANALITQLLGIDDTANVVDV LPTKPARKKYFLSSPVPSTITKITIND	170	Гипотетический белок T5.148 [фаг T5 эшерихия]	YP_006976.1	3e-65 (115/170)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены				

ФИГУРА 2D



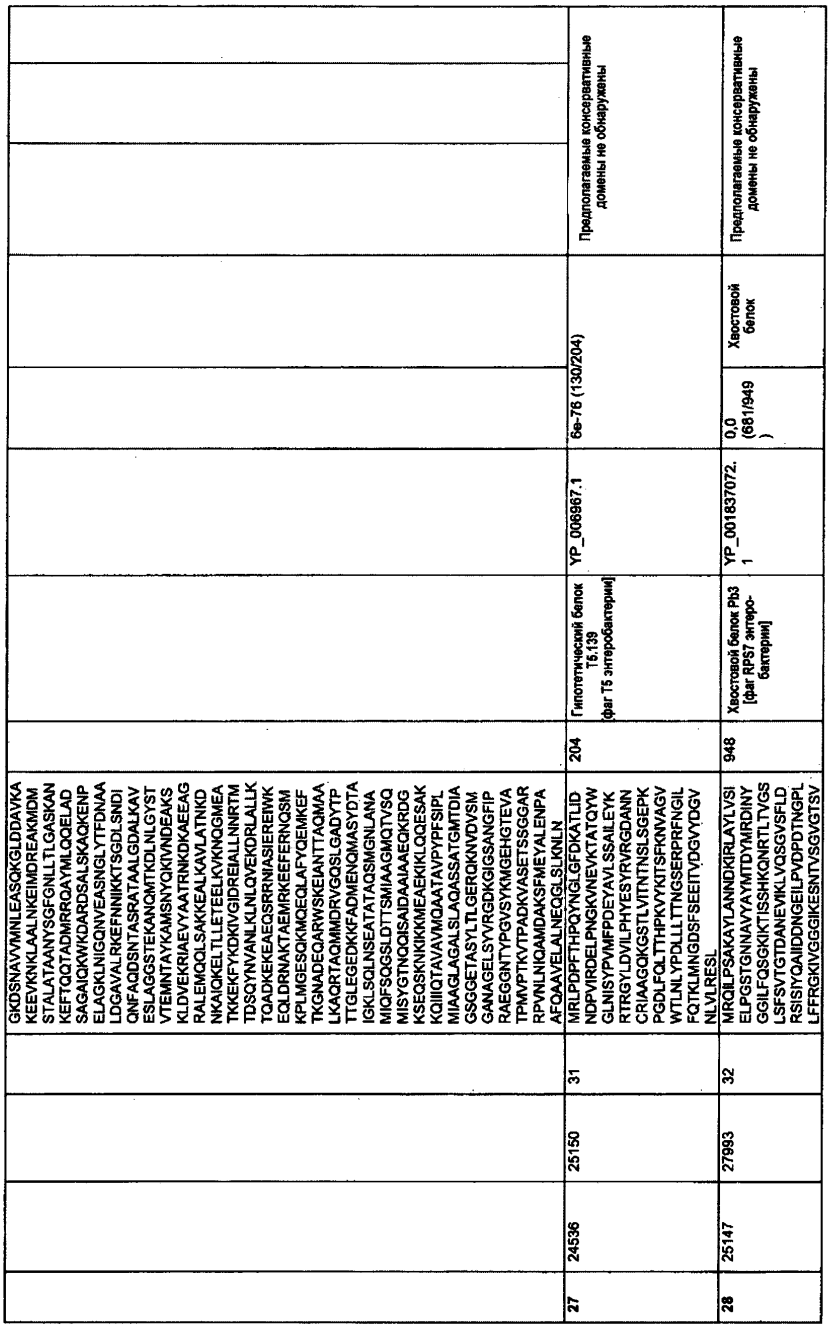
				QEIDKSQYKNYPDGTLLKFSPPEG YMEVEFTQTGFTSIPDDLVLAACFL VDHWVKKDYRESRTFGGETVTFNT TKSGVPEHIRTIIEVYRRL							
20	15139	15900	24	VALGDLARQIVKEQLDIMSGGSHST KNTVIYSAETMDNHKDGTGKVSFR FTKPVSEDLLNVRTSSILKAVSSSLN LEGDVGVIDNLLNSITGKKSKIGRKR STGRVEVNFGDPSDADNGYAGAIS GASGRFVSNTNLRALLELVAKEYLV KDMKKAGAPLKFRTGRFANSLKIKD VLLREDAGAKTPDLNITYAYMLKPY SVFNPAVSTYRGLSLRPFPGARNP QKLIGEAAKAARDLIHSRYRIRVNQ GT	253	Гипотетический белок T5.147 [фаг T5 энтеробактерии]	YP_006975.1	1e-106 (185/256)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
21	15900	16385	25	MNYRTSIADALVERLKKDMDSNP TEFFTNMYGNVSRQTYSFEQINEF PYIAVHVGTETGNYLPSAQQWVYL EIPILIYDKEKDDINMQLEKLIADVKT SIDTGGNLQYTIMKPDDSTIDSEAT DMQITSVSTDEGILSPFGFAQVNVT VRYMPLRRALDR	161	Гипотетический белок T5.146 [фаг T5 энтеробактерии]	YP_006974.1	8e-66 (113/161)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
22	16409	17536	26	MSVQLLRNTRIFVSTVTTGFTKANT QEILVQDDVSWSQDSNSTDITLNEA GPKPTRGSQRFNDSLNAAEWSFST YILPYDDAGKQILPDYLLWHGLATG AAVNLAGTTGVFQNATNLVVNFKD NGYHELAMLNIYLTDSSWSVIRNC QVGQAEVNVDIDIGRVTWSGNGT RLETLASQPFDPKTIGIDDALYAKIQ SSYIKNKLTILKLKNNATGGKTYNIPI TGGSFTMNNVTYLTPNIMSRVDV PIGSFTGSFELTGSLTAYMNDAANG SIQLYKDLVSDLKAVNDFEVAILGG EYDTARPAAVLVAKHANLNIPSIETD DVLGVSIEFKAIPTQMDAGDEGYLG FSSKYTKTSIAKLISSGDGNPVTP	375	Основной хвостовой белок [фаг EPS7 энтеробактерии]	YP_001837079.1	9e-164 (276/377)	Основной хвостовой белок	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
23	17546	18433	27	MLYSLMRESRVVIEYDGRAYGFDA LSDYTAGTSYEEFKANRRTHRRSN YAYSKITAQSPSSISLTLNFSSNALE GLFFELMGFIEIDGMYQMPLFSNNI EPKMFSVYIINKNTSLRFDNCFATT CDFSLDKSVPVLNVGIESGYFEEVG HPLNSYTLDQGEVLPFSLPQVSSN GRVLPGLMSAGMSFQQQCEWRG DRSLFDINKIYNNRRAIVNELNSSAL ISMYYAKSLQIDSTHNIKPDIGLPVQI RNKYIVVDFPSTRITKRLDLTDVYKI	295	Минорный хвостовой белок [фаг BF23 энтеробактерии]	BAA02256.1	6e-95 (171/296)	Минорный хвостовой белок	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены

ФИГУРА 2Е

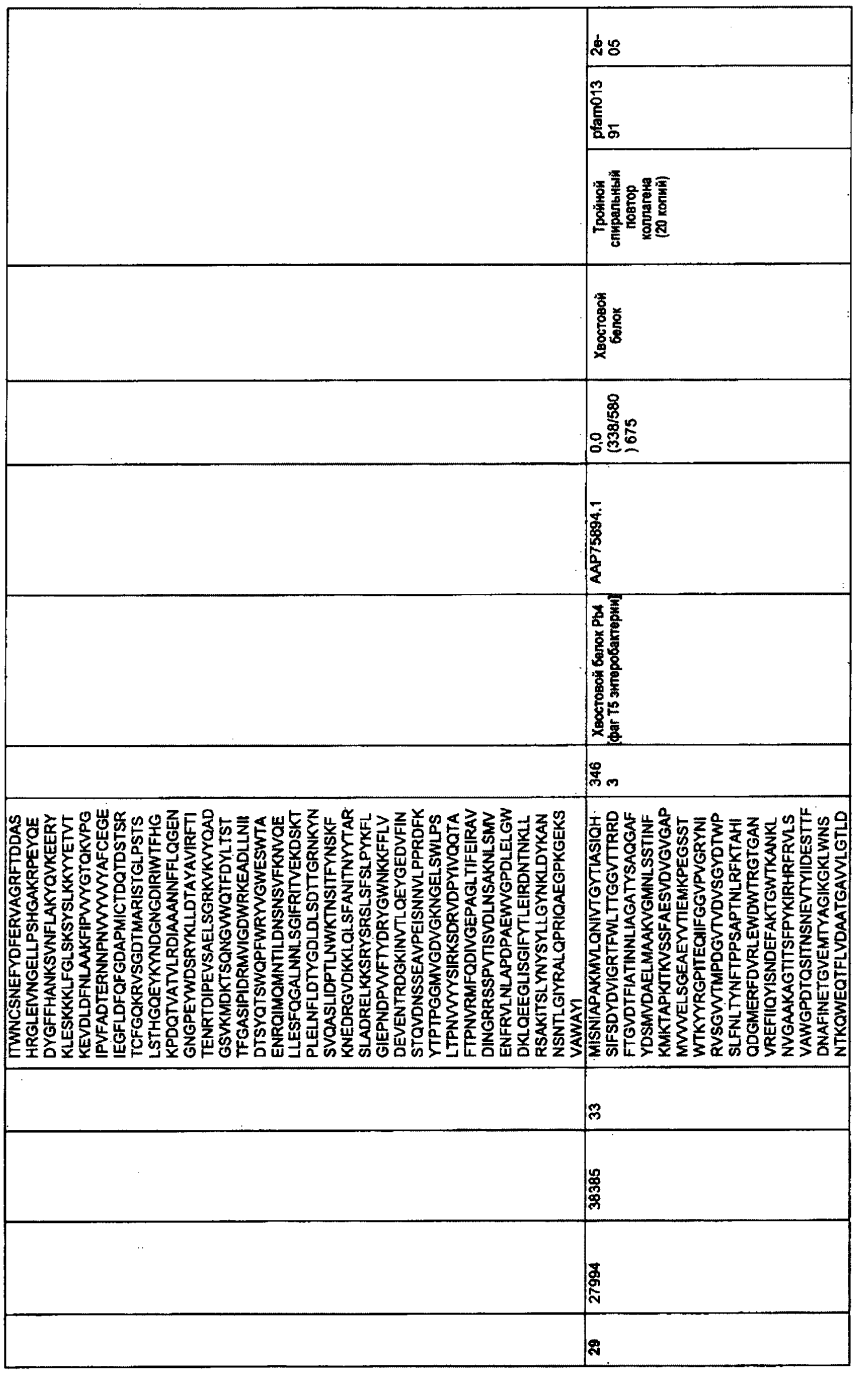


24	18437	18859	28	MSINLKDIALDTKQITIAYPGLPHFKL KVNYVSRKLSKKILEAAQENQFVNG IAVKVQNDDKFAEEFVKVAIAGWEG LTVADVEKLMLIEVPEDRLEDKVEF SIDNAMMLVRNSSAFETWMNSTVF HLDTFRGSKSEPTA	140	Гипотетический белок AGC_0154 [фаг EPS7 энтеробактерии]	YP_001837077.1	5e-42 (79/134)			Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
25	18933	19259	29	MCESLGEEPNPEVLKRFVEHDFPE IAQTALTIYNNLSDNYIPGDYPTYLG KDKSALLVFFDIYGVEDADEKSLILQ IINIFDSHAVAASRKRVEAAIKKSKM KSSSR	108	Гипотетический белок AGC_0153 [фаг EPS7 энтеробактерии]	YP_001837076.1	2e-25 (56/95)			Предполагаемые консервативные домены не обнаружены	
26	19343	24421	30	MTDRLIRELLVDIKQRGGSKAAKQI RDVEAALDGAAQSSEGLNTSLGKL PGSFTALERSVSRTAKSLEKLSSTT SITALAASIGMLSGKFTSFEVDLAKS VLKINANLNGVTSAANKMASGFDTA ATSSVADLNRVNKALQELDAHASS VAKVLQTLKAGAGLESISSSAAKAS TDLSHLVSGVEKIGNQLARMAEQA VLAGRSLQGLKADSLGAAQEHLSK AASGISVAVSSMGEEVNKLNKLLLE LAVKADLASKSIANIAPGTKLNSLGT EIQKINTSLATAANTSVAEISKIKAAL TSLVSSTATAAASMKTVGTGSGLS KLISEISAATSASTSDISKVTAALKQL NVDATAAGKALQSIKAGANLSSVPT VVGKIGTSMTQLRAQLEGSVTGIEK SLNDLSRAFATMGGTGNLNPLGNS IRGMIPSLTQLAKAAVQVNSALSKIQ AGRGVLQLPTQFKAVTASLNAALETK LASTSQILERGFSKGFQDMASKSTS SSTRMNNFQKVVPELNAIEAAAIRS AAAIDKLIAKRIRLGQAGGGGNPAA FNMGALVAEMNRIVTSIEAMGNKM NTTMADMARSTDKVSDKLTDLNSG VRDVNTGLGGLNSTLTGTGSAANR ASRALGNTSGSARGATRNFAALAM VTGPMPLIYGAASNVYYLKAAFDQ LKLGDQLNRLEQFGSIVGAKTGTPI QSLAVALQEATGHAVSFEEAMRQA STAAAYGFDAKQISEFALVARRAAA TLGVDMTDALNRVIKGVSKQEIELL DELGVTIRLNDAYAEYVKILNAANT GITYNIQGLTSFQPKQQAYANVVAE STKRFGYLDEVLRATPWEQFAANA DSALRKVQQAAAKYLGPVIASINAA FYTSKASVSAEAATAQQESIKQMD	169 2	Порообразующий белок наконечника хвоста [фаг T5 энтеробактерии]	YP_006968.1	0,0 (628/1196)	Порообразующий белок		SMC_N, RecF/RecN/SMC N терминальный домен	pfam02463	4e-05

ФИГУРА 2F



| | | |

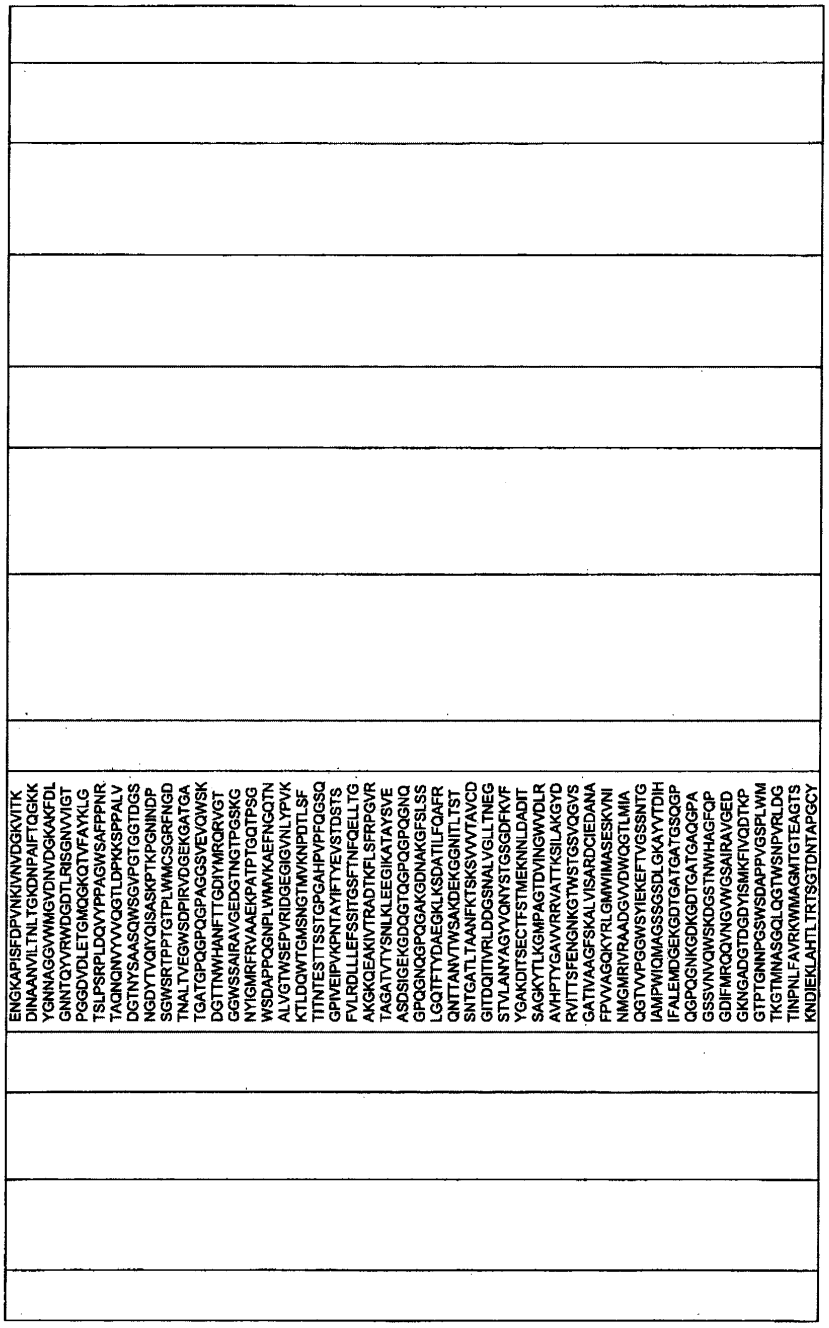


												Тройной спиральный повтор коллагена (20 копий)	pfam01391	2e-05
											Хвостовой белок			
										0,0 (338/580) 675				
									AAP75894.1					
								Хвостовой белок Rtv4 фаг T5 энтеробактерии						
						346 3								
							ITWNCSNEFYDFERVAGRFTDDAS							
							HRGLEIVNGELLPSHGAKRPEYQE							
							DYGFFHANKSVNFLAKYQVKEERY							
							KLESKKKLFGLSKSYSLKKYYETVT							
							KEVDLDFNLAAKFIPVVYGTQKVPG							
							IPVFADTERNNPNVVYVYYAFCEGE							
							IEGFLDFQFGDAPMICTDQTDSTSR							
							TCFGQKRVSGDTMARISTGLPSTS							
							LSTHGQEYKYNDGNGDIRIWTFHG							
							KPDQTVATVLRDIAAANNFFLQGEN							
							GNGPEYWDSRYKLLDTAYAVIRFTI							
							TENRTDIPEVSAELSGRKVKVYQAD							
							GSVKMDKTSQNGVWQTFDYLTST							
							TFGASIPHDRMVIGDWRKEADLLNI							
							DTSYQTSWQPFWRYVGWESWTA							
							ENRQIMQMNTILDNSNSVFKNVQE							
							LLESFQGALNNLSGIFRITVEKDSKT							
							PLELNFLDTYGDLDLSDTTGRNKYN							
							SVQASLIDPTLNWKTNSITFYNSKF							
							KNEDRGVDKKLQLSFANITNYYTAR							
							SLADRELKKSRYSRSLSFSLPYKFL							
							GIEPNDPVVFTYDRYGWNKKFFLV							
							DEVENTRDGKINVTLQEYGEDVFIN							
							STQVDNSSEAVPEISNNVLPPRDFK							
							YTPTPGGMVGDVGKNGELSWLPS							
							LTPNVVYYSIRKSDRVDPYIVQQTA							
							FTPNVRMFQDIVGEPAGLTIFEIRAV							
							DINGRRSSPVTISVDLNSAKNLSMV							
							ENFRVLNLAPDPAEWVGPDLELGW							
							DKLQEEGLISIGIFYTLEIRDNTNKLL							
							RSAKITSLYNYSYLLGYNKLDYKAN							
							NSNTLGIYRALQPRIQAEGPKGEKS							
							VAWAYI							
29	27994	38385	33				MISNIAPAKMVLQNIVTGYTIASIQH							
							SIFSDYDVIGRTFWLTTGGVTTRRD							
							FTGVDTFIATINNLIAGATYSAQGAF							
							YDSMVDAELMAAKVGMNLSSTINF							
							KMKTAPKITKVSSFAESVDVGVGAP							
							MVVVELSGEAEYVTIEMKPEGSST							
							WTKYYRGPITEQIIFGGVPVGRYNI							
							RVSGVVTMPDGVTVDVSGYDTWP							
							SLFNLTYNFTPPSAPTNLRFKTAHI							
							QDGMERFDVRLEWDWTRGTGAN							
							VREFIIQYISNDEFAKTGWTKANKL							
							NVGAAKAGTITSFPYKIRHRFRVLS							
							VAWGPDTQSITNSNEVTYIIDESTTF							
							DNAFINETGVEMTYAGIKGKLWNS							
							NTKQWEQTFLVDAATGAVVLGTLD							

ФИГУРА 2Н

10

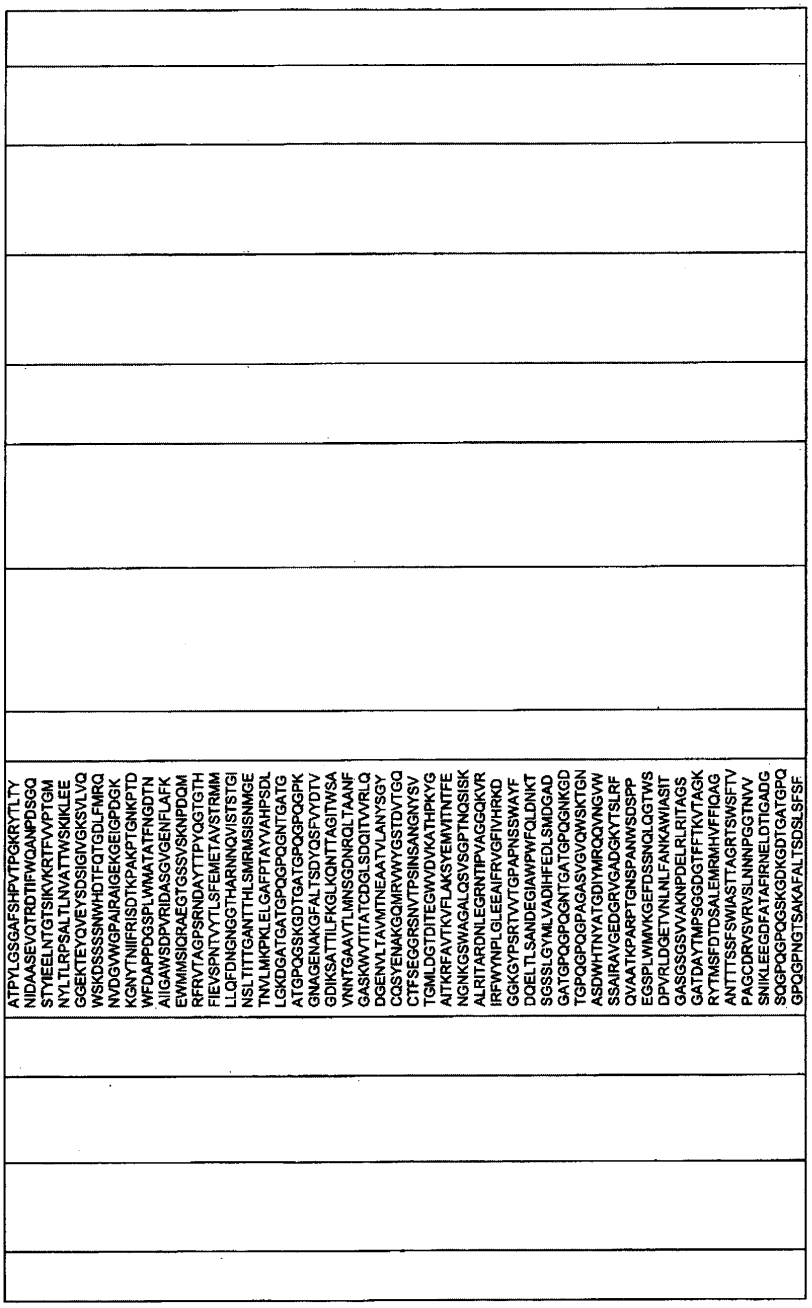
11



ФИГУРА 21

11

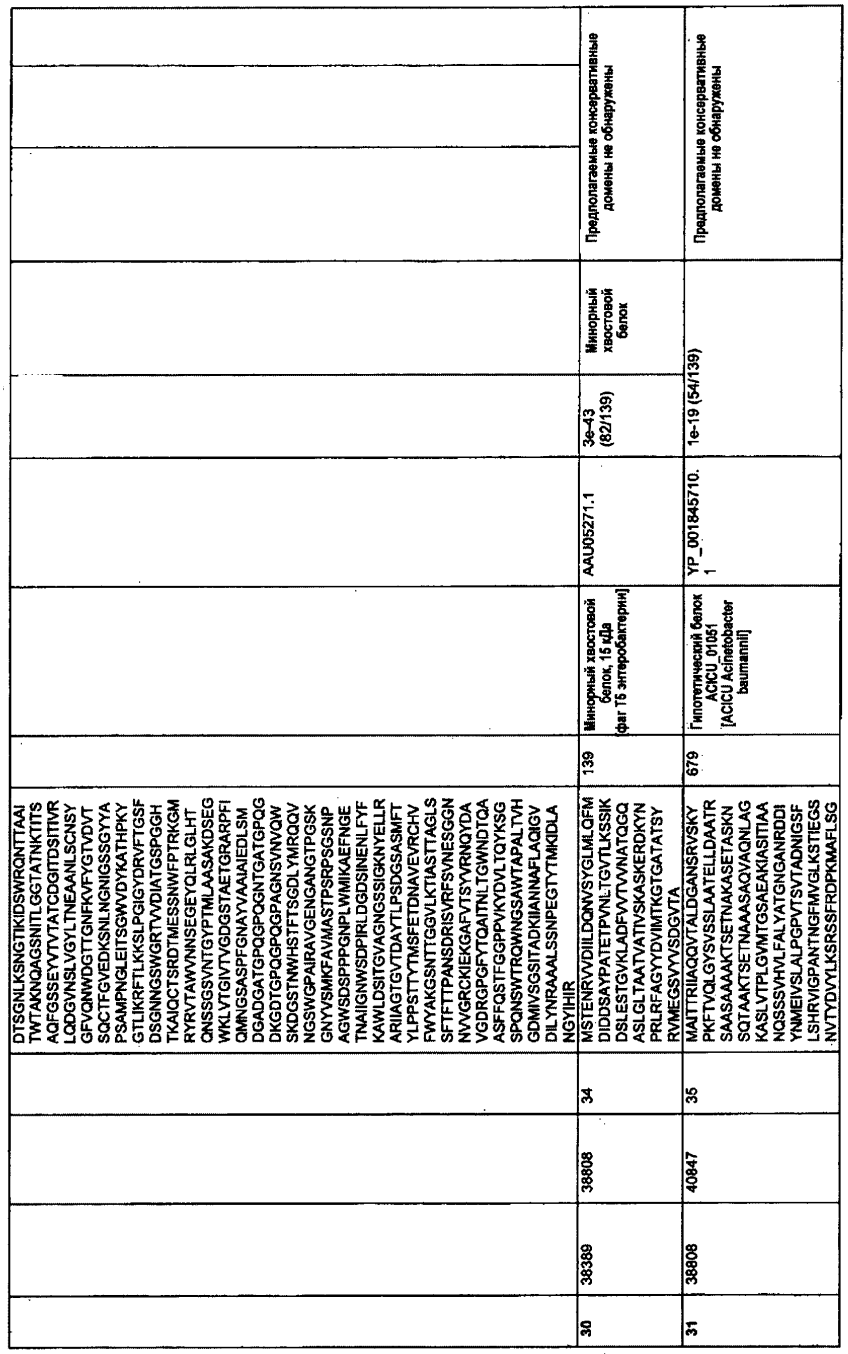
12



ФИГУРА 2J

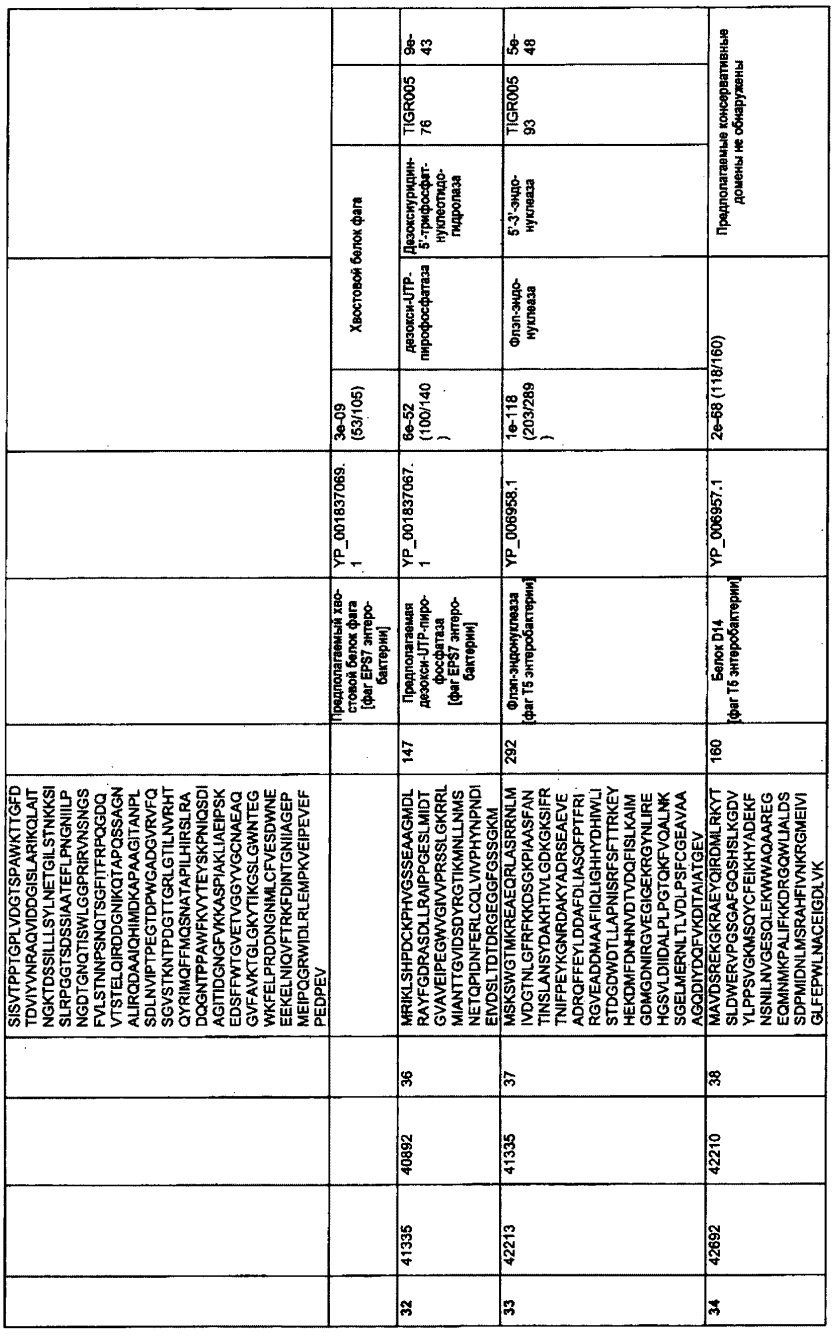
12

13

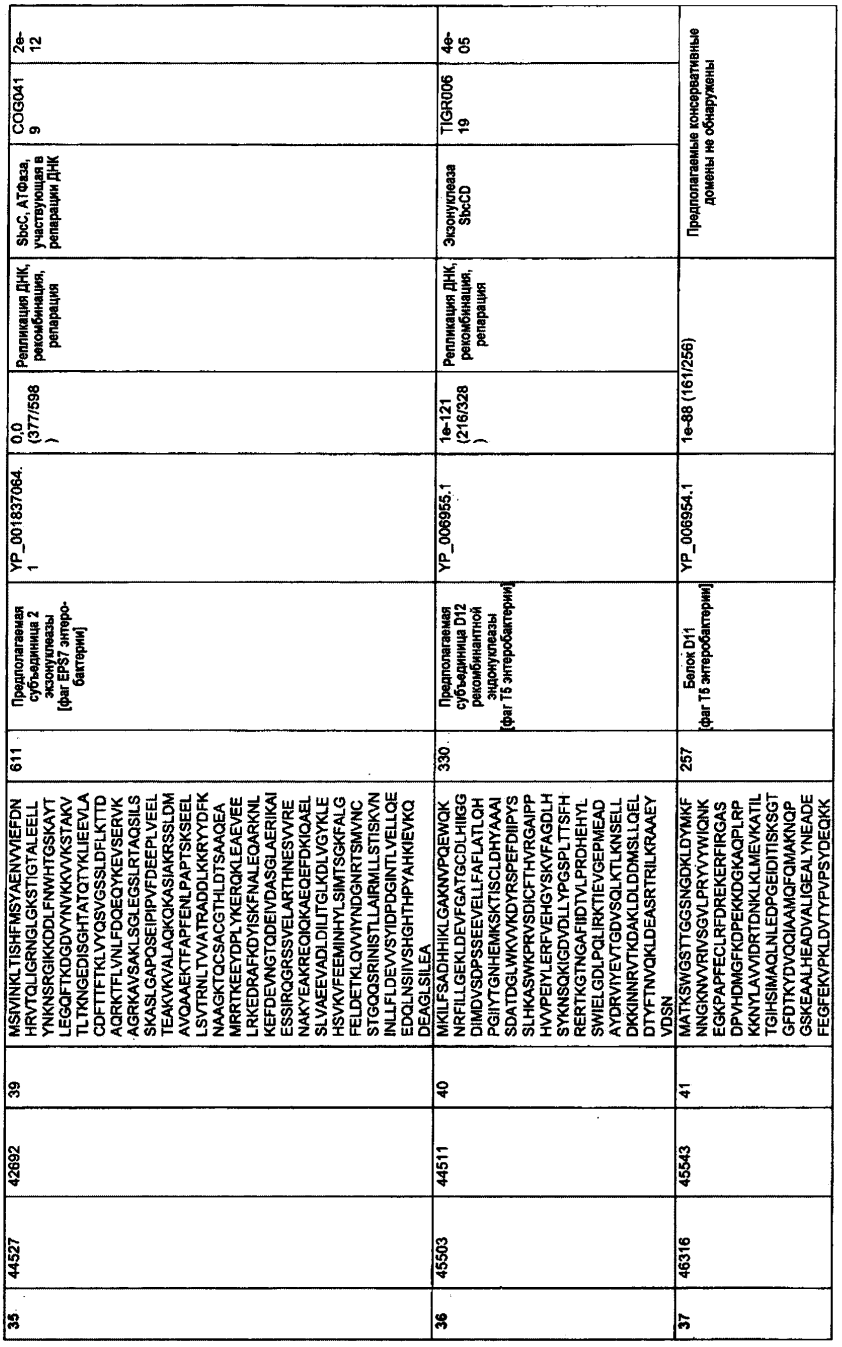


			DTSGNLKSNGTIKIDSWRQNTTAAI TWTAKNQAGSNITLGGTATNKTITS AQFGSSEYVTVTATCDGITDSITTVR LQDGVNSLVGYLTNEAANLSCNSY GFVQNWDGTTGNFKVFYGTVDVT SQCTFGVEDKSNLNGNIGSSGYYA PSAMPNGLEITSGWVDYKATHPKY GTLIKRFTLKKSLPGIGYDRVFTGSF DSGNNGSWGRTVVDIATGSPGGH TKAIQCTSRDTMESSNWFPTRKGM RYRVTAWVNNSEGEYQLRLGLHT QNSSGSVNTGYPTMLAASAKDSEG WKLVTGIVTVGDGSTAETGRARPFI QMNGSASPFGNAYVAAAIEDLSM DGADGATGPQGPQGNTGATGPQG DKGDTGPQGPQGPAGNSVNVQW SKDGSTNWHSTFTSGDLYMRQQV NGSWGPAIRAVGENGANGTPGSK GNYVSMKFAVMASTPSRPSGSNP AGWSDSPPPGNPLWMIKAEFNGE TNAIIGNWSDPIRLDGDSINENLFYF KAWLDSITGVAGNGSSIGKNYELLR ARIIAGTGVTDAYTLPSDGSASMFT YLPPSTTYTMSFETDNAVEVRCHV FWYAKGSNTTGGVLKTIASTTAGLS SFTFTTPANSDRISVRFSVNESGGN NVVGRCKIEKGAFVTSYVRNQYDA VGDRGPGFYTQAITNLTGWNDTQA ASFFQSTFGGPPVKYDVLTQYKSG SPQNSWTRQWNGSAWTAPALTVH GDMVSGSITADKIIANNAFLAQIGV DILYNRAAALSSNPEGTYTMKIDLA NGYIHIR	139	Минорный хвостовой белок, 15 кДа (фаг T5 энтеробактерии)	AAU05271.1	3e-43 (82/139)	Минорный хвостовой белок	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
30	38389	38808	34	MSTENRVVDILDQNVSYGLMLQFM DIDDSAYPATETPVNLTGVTLKSSIK DSLESTGVKLADFVVTVVNATQGQ ASLGLTAATVATIVSKASKERDKYN PRLRFAGYYDVIMTKGTGATATSY RVMEGSVYVSDGVTA	679	Гипотетический белок ACICU_01051 [ACICU Acinetobacter baumannii]	YP_001845710.1	1e-19 (54/139)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
31	38808	40847	35	MATTRIAQQVTALDGANSRVSKY PKFTVQLGYSVSSLAATELLDAATR SAASAAAAKTSETNAKASETASKN SQTAAKTSETNAAASAQVAQNLAG KASLVTPLGYMTGSAEAAIASITIAA NQSSSVHYLFALYATGNGANRDDI YNMEIVSLALPGPVTSVTADNIGSF LSHRVIGPANTNGFMVGLKSTTIEGS NVTYDVYLKSRSSFRDPKMAFLSG									

ФИГУРА 2К

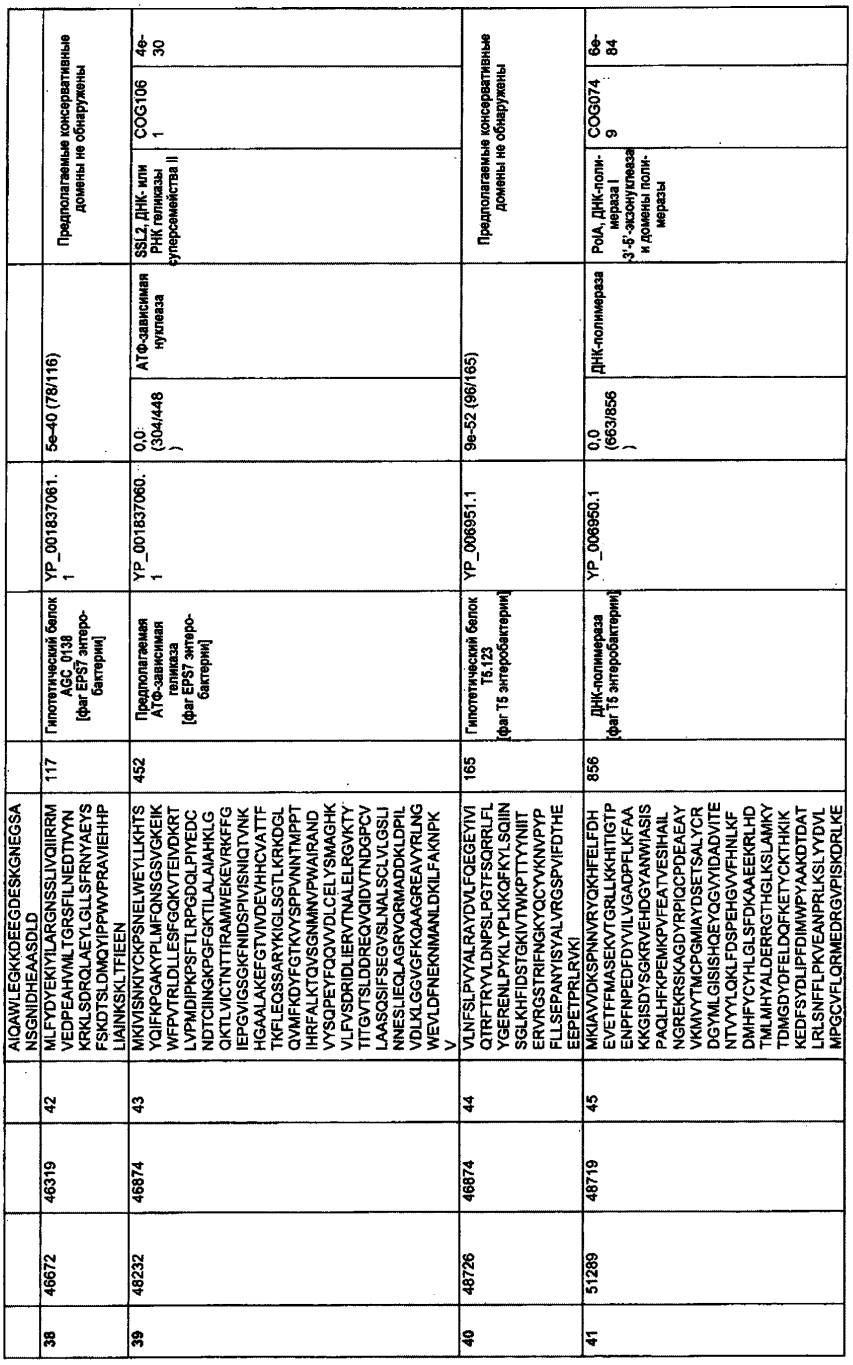


| | | |



35	44527	42892	39	MSIVINKLTISHFMSYAENVVEFDN HRVTQLIGRNGLGKSTIGTALEELL YNKNSRGIKKDDLFNWHTGSKAYT LEGQFTKDGDVYNVKKVVKSTAKV TLTKNGEDISGHTATQTYKLIEEVLA CDFTTFTKLVYQSVGSSLDFLKTTD AQRKTFLVNLFDQEQYKEVSERVK AGRKAVSAKLSGLEGSLRTAQSILS SKASLGAPQSEIPIPVFDEEPLVEEL TEAKVKVALAQKQKASIAKRSSLDM AVQAAEKTFAPFENLPAPTSKSEEL LSVTRNLTVVATRADDLKKRYYDFK NAAGKTQCSACGTHLDTSAAQEA MRRTKEEYDPLYKERQKLEAEVEE LRKEDRAFKDYISKFNALEQARKNL KEFDEVNGTQDEIVDASGLAERIKAI ESSIRQGRSSVELARTHNESVVRE NAKYEAKREQIQKAEQEFDKIQAEL SLVAEEVADLDILITGLKDLVGYKLE HSVKVFEEMINHYLSIMTSGKFALG FELDETKLQVVYNDGNRTSMVNC STGQQSRINISTLLAIRMLLSTISKVN INLLFLDEVVSYIDPDGINTLVELLQE EDQLNSIIVSHGHTHPYAHKIEVKQ DEAGLSILEA	611	Предполагаемая субъединица 2 экзонуклеазы [фаг EPS7 энтеробактерии]	YP_001837064.1	0,0 (377/598)	Репликация ДНК, рекомбинация, репарация	SbcC, АТФаза, участвующая в репарации ДНК	COG0419	2e-12
36	45503	44511	40	MKILFSADHHIKLGAKNVPQEWQK NRFILLGEKLDEVFGATGCDLHIIGG DIMDVSDPSSEEVELLFAFLATLQH PGIIYTGNHEIMKSKTISCLDHYAAAI SDATDGLWKVVKDYRSPEFDIIPYS SLHKASWKPRVSDICFTHVRGAIPP HVVPEIYLERFVEHGVSKVFAGDLH SYKNSQKIGDVDLLYPGSPLTTSFH RERTKGTNGAFTIDTVLPRDHEHYL SWIELGDLPQLIRKTIEVGEPMEAD AYDRVIYEVTGDVSQLKTLKNSELL DKKINNRVTKDAKLDLDDMSLLQEL DTYFTNVQKLDEASRTRILKRAAEY VDSN	330	Предполагаемая субъединица D12 рекомбинантной эндонуклеазы [фаг T5 энтеробактерии]	YP_006955.1	1e-121 (216/328)	Репликация ДНК, рекомбинация, репарация	Экзонуклеаза SbcCD	TIGR00619	4e-05
37	46316	45543	41	MATKSWGSTTGGSNGDKLDYMKF NNGKNVVRIVSGVLPRYVYWIQNK EGKPAPFECLRFDREKERFIRGAS DPVHDMGFKDPEKKDGKAQPLRP KKNYLAVVIDRTDNKLKLMEVKATIL TGIHSIMAQLNLEDPGEIDITISKSGT GFDTKYDVQQIAAMQFQMAKNQP GSKEAALHEADVALIGEALYNEADE FEGFEKVPKLDVTYPVPSYDEQKK	257	Белок D11 [фаг T5 энтеробактерии]	YP_006954.1	1e-88 (161/256)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

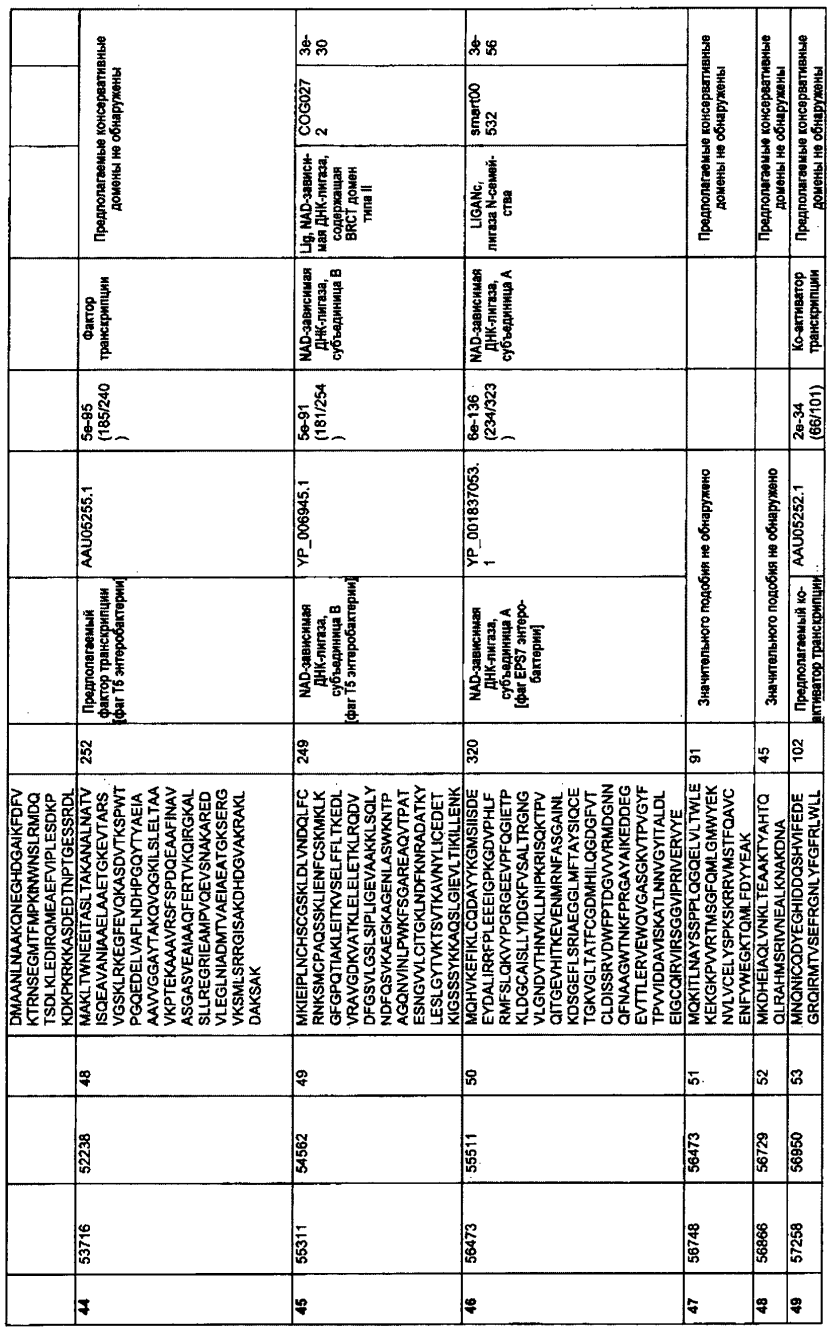
ФИГУРА 2М



| | | |

				AQVQLMTALQLAKAKLYEYPEVRK LEEDQGSVFNAASVVQLRKLLFDY VGLTPTGIMTDTGADSTGADALKEL SDQHPIAKTLLEIRKISKLLSTYIEKM LISIDADGCIRTGFHIHMTTSGRLSS SGKLNLQQLPRDESVIKGCIVAPVG YRIIAWDLTTAEIYYAAVLSGDINMQ QVFINMQNDPENYSDFHGSIAHMV FALPCKPTEVKKLYPALRQAKAIS FGILYGSGPAKVAASVNEALLEEHM KTGKPYTECTTGDAKEYIETYFGRF PQLKKWIDKSHAQIQTNGFIYSHFG RKRRLHNINSEDRGVQGEELRSGF NAIIQSASSDSLLLGAIDTDNEIRSL GLQDEMKIIMLVHDSVVAIVREDLV DQYNEMLIRNIQVDRGISIPGCPIGI DSDSEAGGSRDYSCGKIKKQRPSV ACIEDKEFEEKVRSIIGMEDFDYAAI AANDENHPDHDKYANIKFLPEISKDI VNVRRVLGA	294	Предполагаемая ДНК-праймаза репликативной вилки [фаг EPS7 энтеробактерии]	YP_001837057.1	8e-130 (215/293)	Репликативная ДНК-праймаза	DnaG, ДНК-праймаза (бактериального типа)	COG0358	5e-15
42	52241	51357	46	MSRITELLDLKGIEYRDTGGDILIRC LNPDHEDAHPSLRVDPDSGVFHCL SCGFGRGIPSIFHYFNEEQYRTSPR LLRVRRMISDLRTEGRSLEIPESAMI FDQDFRGIKAETFKKYFAFDQTED WEGRVVFPITDAVGRNLFFLGRNM DSSAPPKYMIRPKKVSPPIFPVRYN TPALILVEGIFDMLNLEDKGCHNVS CCFGTHQFSLDNIADKFMPFQIAGT THVVILDNDKSGNEAAKKLAKLIRD KTRIIPIGNFLLPEGKDPGDLDAEE VDQLIRNVEILIAEHVKI	492	Предполагаемая репликативная ДНК-геликаза [фаг EPS7 энтеробактерии]	YP_001837056.1	0,0 (381/492)	Репликативная ДНК-геликаза	DnaB, репликативная ДНК-геликаза	COG0305	3e-08
43	53716	52238	47	MYNVQAVVLKMLLASDQKQVALET FSRLRKDHFNDAFTAIYQAVQNYYK KHNGMPSLDALMLESNRNARLSQA LTVLANTQIPDVDISHAIHVLSEYT QDLFLNLLETDVLQDITILDQGELLD RVAAALHMKLEERVTTTGKVFNADT MRVFKRKEDSMLNLISLGISNEFDA QLGGIARKETLLLGGWRGTGKSIIC SNIQVAQYYNGDIAPYFSIEMPENE VFRRNLAIMAGVSAKAMRNDSLQG IELNKLAKTRAKMFEGGLEVYNDFV SRYTLNEMSDFHDMETMLMQERP LHTPMIIVYDPELSTATIDVELTKLTS KYGDKVTIALLDYINQVRLPDTKTLD MYDWKQQMVVSSTFKSTCQKHNV AGVAPYQIDQQGNARMARGILDSC	492	Предполагаемая репликативная ДНК-геликаза [фаг EPS7 энтеробактерии]	YP_001837056.1	0,0 (381/492)	Репликативная ДНК-геликаза	DnaB, репликативная ДНК-геликаза	COG0305	3e-08

ФИГУРА 20

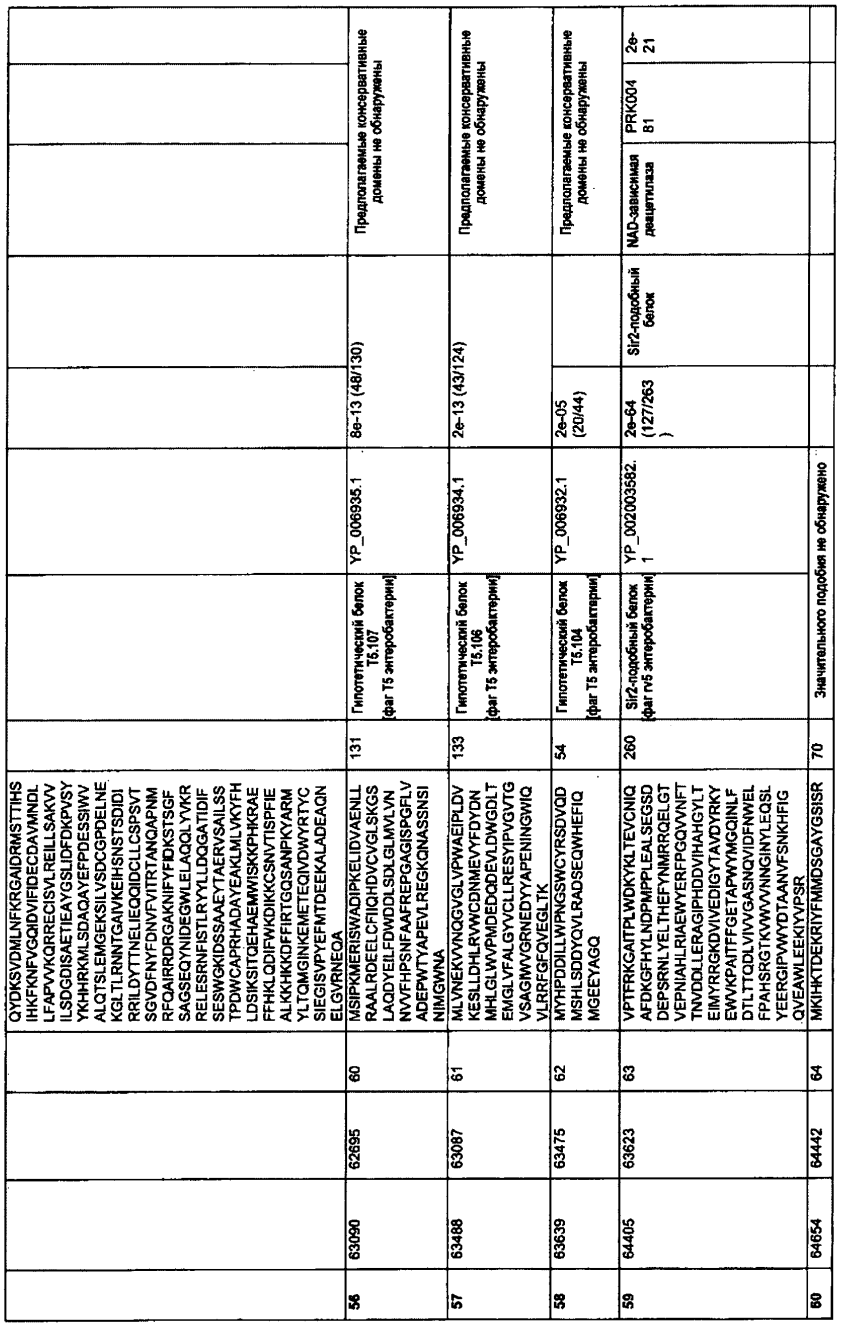


				DMAANLNAAKQNEGHDGAIKFDFV KTRNSEGMTFMPKRNWNSLRMDQ TSDLKLEDIRQMEAEFVIPLESDKP KDKPKRKKASDEDTNPTGESSRDL	252								
44	53716	52238	48	MAKLTWNEEITASLTAKANALNATV ISQEAVANIAAELAAETGKEVTARS VGSKLRKEGFEVCQKASDVTKSPWT PGQEDELVAFLNDHPGQYTYAEIA AAVVGGAYTAKQVQGKILSLELTAA VKPTEKAAAVRSFSPDQEAAFNAV ASGASVEAIAAQFERTVKQIRGKAL SLLREGRIEAMPVQEVSNAKARED VLEGLNIADMTVAEIAEATGKSERG VKSMLSRRGISAKDHDGVAKRAKL DAKSAK	Предполагаемый фактор транскрипции [фаг T5 энтеробактерии]	AAU06255.1	5e-85 (185/240)	Фактор транскрипции	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены			
45	55311	54562	49	MKIEIPLNCHSCGSKLDLVNDQLFC RNKSMCPAQSSKLIENFCSKMKLK GFGPQTIAKLEITKVSELFFLTKEDL VRAVGDKVATKLELELETKLRQDV DFGSVLGSLSIPLIGEVAAKKLSQLY NDFQSVKAEGKAGENLASWKNTP AGQNVINLPWKFSGAREAQVTPAT ESNGVVLCITGKLNDFKNRADATKY LESLGYTVKTSVTKAVNYLICEDET KIGSSSYKKAQSLGIEVLTIKILLENK	NAD-зависимая ДНК-лигаза, субъединица B [фаг T5 энтеробактерии]	YP_006945.1	5e-91 (181/254)	NAD-зависимая ДНК-лигаза, субъединица B	Lig, NAD-зависимая ДНК-лигаза, содержащая BRCT домен типа II	COG0272	3e-30
46	56473	55511	50	MQHVKEFIKLCQDAYYKGMSIISDE EYDALIRRFPLEEEIGPKGDVPHLF RMFSLQKVYPGRGEEVPFQGIETP KLDGCAISLLYIDGKFVSALTRGNG VLGNDVTHNVKLLNIPKRISQKTPV QITGEVHITKEVENMRNFASGAINL KDSGEFLSRIAEGGLMFTAYSIQCE TGKVGLTATFCGDMHILQGDGFVT CLDISSRVDWFPTDGVVVRMDGNN QFNAAGWTNKFPRGAYAIKEDDEG EVTTLERVEWQVGASGKVTPVGYF TPVVIDDAVISKATLNNVGYITALDL EIGCQIRVIRSGGVIPRIVEVVYE	NAD-зависимая ДНК-лигаза, субъединица A [фаг EPS7 энтеробактерии]	YP_001837053.1	6e-136 (234/323)	NAD-зависимая ДНК-лигаза, субъединица A	LIGANc, лигаза N-самой-ства	smart00532	3e-56
47	58748	56473	51	MQKITLNAYSSPPLQGQELVLTWLE KEKGKPVVRTMSGFQMLGMWYEK NVLVCELYSPKSKRRVMSTFQAVC ENFYWEGKTQMLFDYYEAK	91	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
48	56866	56729	52	MKDHEIAQLVNKLTEAAKTYAHTQ QLRAHMSRIVNEALKNAKDNA	45	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
49	57258	56850	53	MNQNICQDYEGHIDDQSHVIFEDE GRQIRMTVSEFRGNLYFGFRLWLL	102	Предполагаемый ко-активатор транскрипции	AAU05252.1	2e-34 (66/101)	Ко-активатор транскрипции	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

ФИГУРА 2Р

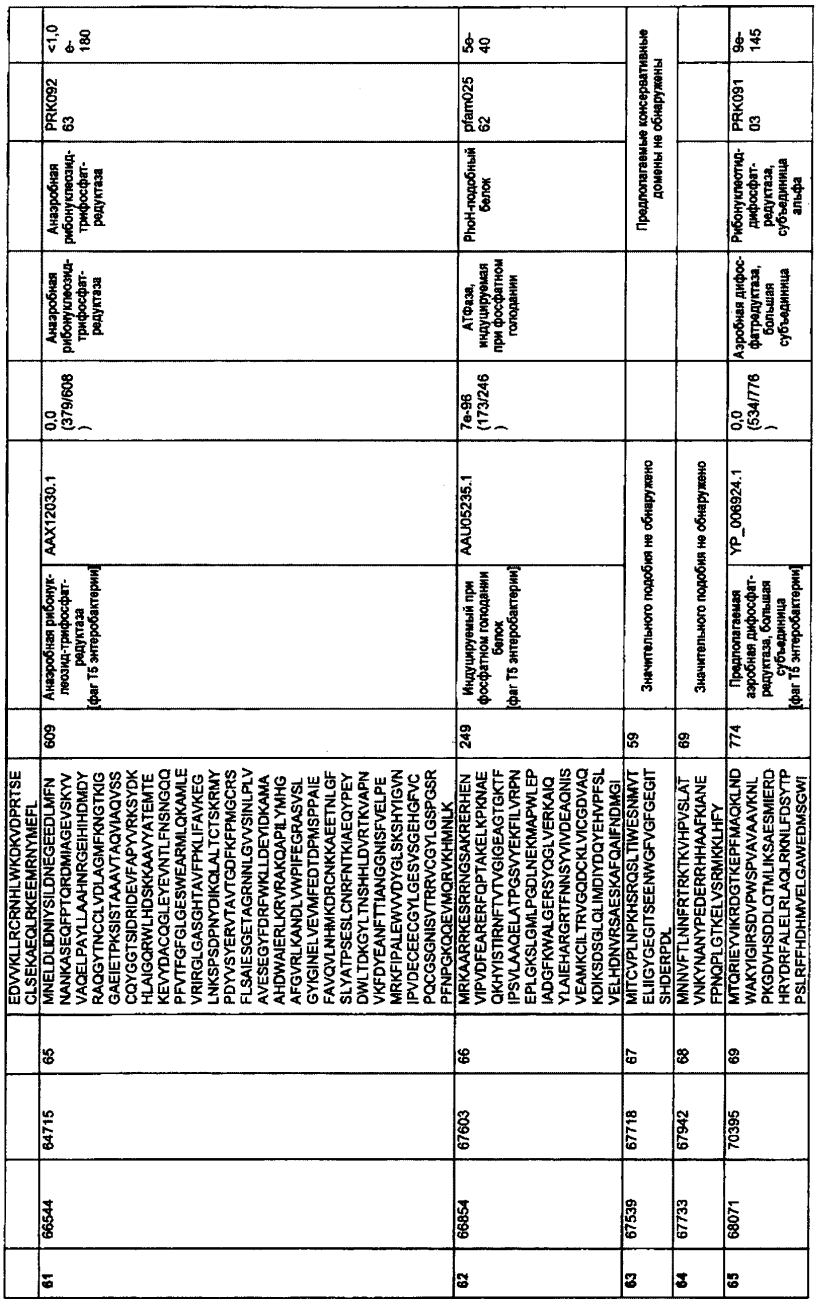
				DIEDNWFPTKSGFSFPYTLEMTSTL FRAFTKILSNSEVLHEVYRESQKTQ ASDD										
50	57605	57309	54	MNKAQVVAICEKHGEFCMQYTKLR TKGVTVLYGTTEFDPKQDKYLAERI VREGLEPADKDHILVFSRSSDKFRY	98	Гипотетический белок AGC_0128 [фаг EPS7 энтеробактерии]	YP_001837051.1	5e-31 (62/68)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены				
51	58022	57618	55	IPIANIKRITSLNQELDRATPVGR MSTPTQWSPELEAELTSAYVAKIEL FPEDERPGVSMEIVAEIAKEHGVSP NGLRMKLSKAGVYVKKEAGKSTAK TGGDAPKAGGRTSKSDAQAELRAA FNDAGLEDGFLDESIVDKLTGKAAS HLAEAIRKITK	134	Белок D3 [фаг T5 энтеробактерии]	YP_006941.1	5e-45 (92/137)		Аргинин-де-карбоксилаза	PRK053 54	0,008		
52	58315	58097	56	VSKYQLLNLFQIYSEGATAIRDLHYA LPMDEAEDNGWLTKYDRGLLKMY RLSPNGLVAVNQILENSVCFAAQ	72	Значительного подобия не обнаружено								
53	59003	58308	57	MAIRKKLHANSIPDEKFKEAIQWLE EGKTKKGACEILGVASNSTMERLIE EWKDNQRVSAEMRKKKKRGTKIEG AELANVIDSYLSGDSFEAIAERFYR SANMIRMVLSAHGALLRVNGEVDP LFPPAIPEESMKEVFEVGEHVWVP GYQCGEVKKALDNPVGAYRVYLL SEARQQYVNYMYWDLASVEHLVAL GVDIKSLGFKVWGKEDVAELVNNAV KAALKLEKRGKGE	231	Белок D2 [фаг EPS7 энтеробактерии]	YP_001837048.1	6e-82 (152/223)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены				
54	59320	59036	58	MSKRDARWETRKFPKRDTKARKA KEIELCRVIPIRLAQMPNIYDWLEAQ RKTRLSIRINMELNMGYKSLSEFMH VTFDPTFYENRDCLEAKSVL	94	Гипотетический белок AGC_0124 [фаг EPS7 энтеробактерии]	YP_001837047.1	1e-10 (34/74)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены				
55	62096	59307	59	MFSILEGHAGFSRDPASGNWKEVK TTDYLFAKEFSNEHPEGKPASMPY KFNVVDTVDPKNLNEAYELMVQLT QDPHLVAVRGTCLVAEKAVRRKGRT NFKIDHKSNIIAMDVDGISDTGGCD RFDIVGMGRHVIKLLNSISEDMFPL NAGFIAHASSSAGIKPGIRMHMLLE SNIPVTQGQLKFLFTSLNDSSRQKY GFDIADLAYYSSVQLHYFADPIFRD QFTDPFKAEGKPRLVKVNGARIELP NTMPDYEATRGEFKEEFLSLLNQIK GKRVASEKVEQTIAELEEAEDGVYL RIIPKLYHRALEDGVDFAWLEKEITS ALSDYINTKDNSRSLQDYFNNGRK QALKAFVNNSMRDIPESNVKGVPV HKLTSDSPDGMNYLKINRPPPEGH LTFIKASLGTGKTTAVTKWLERDQL KGNFLAVTNTRALVSSNAKKFEAG	929	Предполагаемый связывающий белок репликативного происхождения [фаг T5 энтеробактерии]	YP_006936.1	0,0 (731/929)	Связывающий белок репликативного происхождения - геликаза	DEXDc, суперсемейство DEAD-подобных геликаз	smart00 487	3e-05		

ФИГУРА 2Q



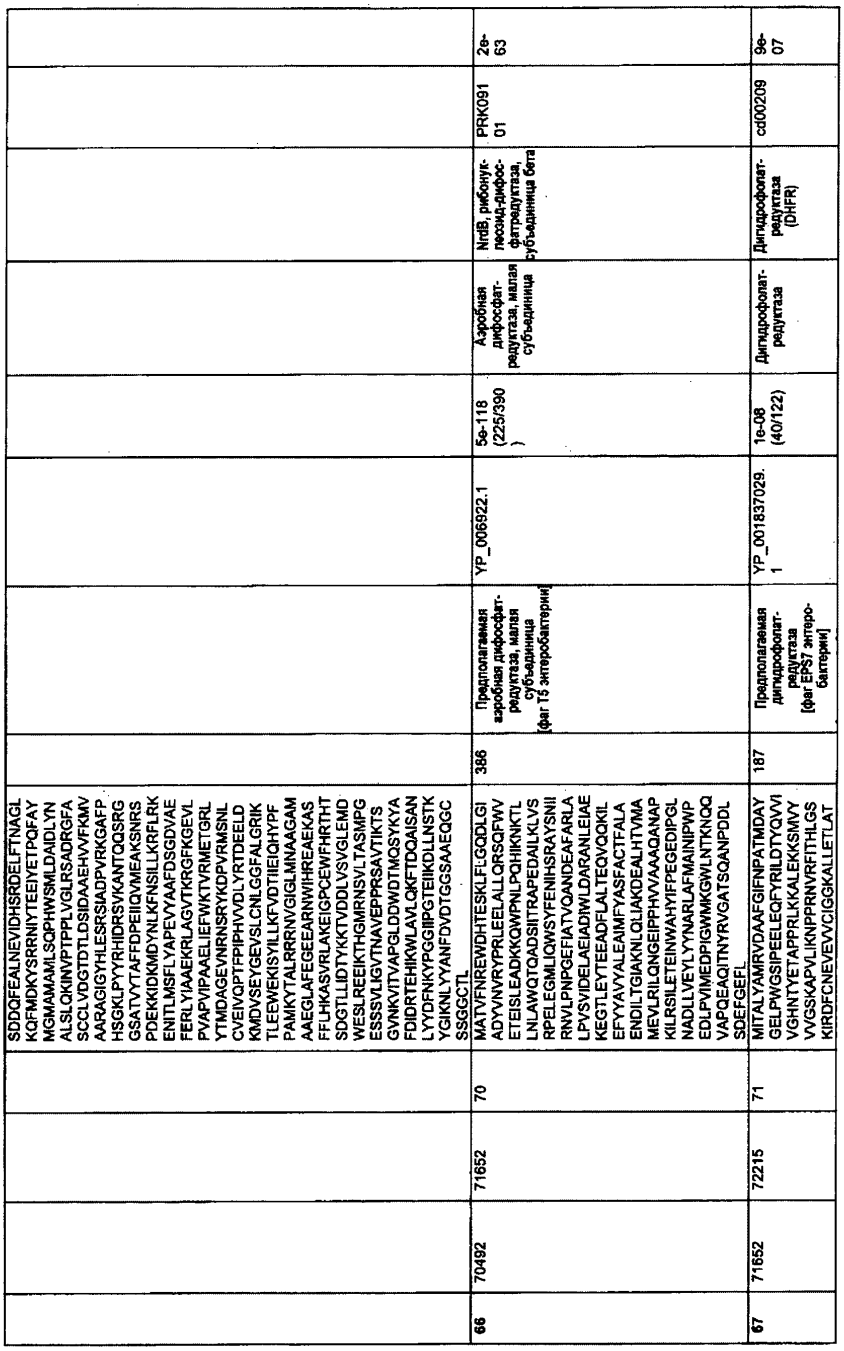
				QYDKSVDMLNFKRGAIDRMSTTIHS IHKFKNFVGQIDVIFIDECDAVMNDL LFAPVVKQRRECISVLREILLSAKVV ILSDGDISAETIEAYGSLIDFDKPVSY YKHHRKMLSDAQAYEFPDESSIWV ALQTSLEMGEKSILVSDCGPDELNE KGLTLRNNTGAIVKEIHSNSTSDIDI RRILDYTTNELIEQQIDCLLCSPSVT SGVDFNYFDNVFVITRTANQAPNM RFQAIRDRGAKNIFYFDIKSTSGF SAGSEQYNIDEGWLELAQQLYKKR RELESRNFISTLRYYLLDQGATIDIF SESWGKIDSSAAEYTAERVSAILSS TPDWCAPRHADAYEAKLMLVKYFH LDSIKSITQIEHAEMWISKKPHKRAE FFHKLQDIFWKDIKKCSNVTISPFIE ALKKHKKDFFIRTGQSANPKYARM YLTQMGINKEMETEQIVDWYRTYC SIEGISVPYEFMTDEEKALADEAQN ELGVRNEQA	131	Гипотетический белок T5.107 [фаг T5 энтеробактерии]	YP_006935.1	8e-13 (48/130)				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены	
56	63090	62695	60										
				MSIPKMERISWADIPKELIDVAENLL RAALRDEELCFIQHDVCVGLSKGS LAQDYEILFDWDDLSDLGLMVLVN NVVFHPSNFAAFREPGAGISPGFLV ADEPWTYAPEVLREGKQNASSNSI NIMGWNA	133	Гипотетический белок T5.106 [фаг T5 энтеробактерии]	YP_006934.1	2e-13 (43/124)				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены	
57	63488	63087	61										
				MLVNEKVVNQGVGLVPWAEIPLDV KESLLDHLRVWCDNMEVYFDYDN MHLGLWVPMDEQDEVLDWGDLT EMGLVFALGYVCLLRESYIPVGVTG VSAGMVGRNEDYYAPENINGWIQ VLRRFGFQVEGLTK	54	Гипотетический белок T5.104 [фаг T5 энтеробактерии]	YP_006932.1	2e-05 (20/44)				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены	
58	63639	63475	62										
				MYHPDDILLWPNGSWCYRSDVQID MSHLSDDYQVLRADSEQWHEFIQ MGEEYAGQ	260	SIr2-подобный белок [фаг ry5 энтеробактерии]	YP_002003582.1	2e-64 (127/263)	SIr2-подобный белок	NAD-зависимая деацетилаза	PRK004 81	2e-21
59	64405	63823	63										
				VPTFRKGAITPLWDKYKLTEVCNIQ AFDKGFHYLNDPMPPLEALSEGSD DEPSRNLYELTHEFYNMRRQELGT VEPNIAHLRIAEWYERFPGQVVNFT TNVDDLLERAGIPHDDVIHAHGYLT EIMYRRGKDVIVEDIGYTAVDYRKY EWVKPAITFFGETAPWYMGQINLF DTLTTQDLVIVVGASNQVIDFNWEL FPAHSRGTKVWVVVNIGINYLEQSL YEERGIPVWYDTAANVFSNKHFIG QVEAWLEEKIYVPSR	260	SIr2-подобный белок [фаг ry5 энтеробактерии]	YP_002003582.1	2e-64 (127/263)	SIr2-подобный белок	NAD-зависимая деацетилаза	PRK004 81	2e-21
60	64654	64442	64	MKIHKTDEKRIYFMMDSGAYGSISR	70	Значительного подобия не обнаружено							

ФИГУРА 2R

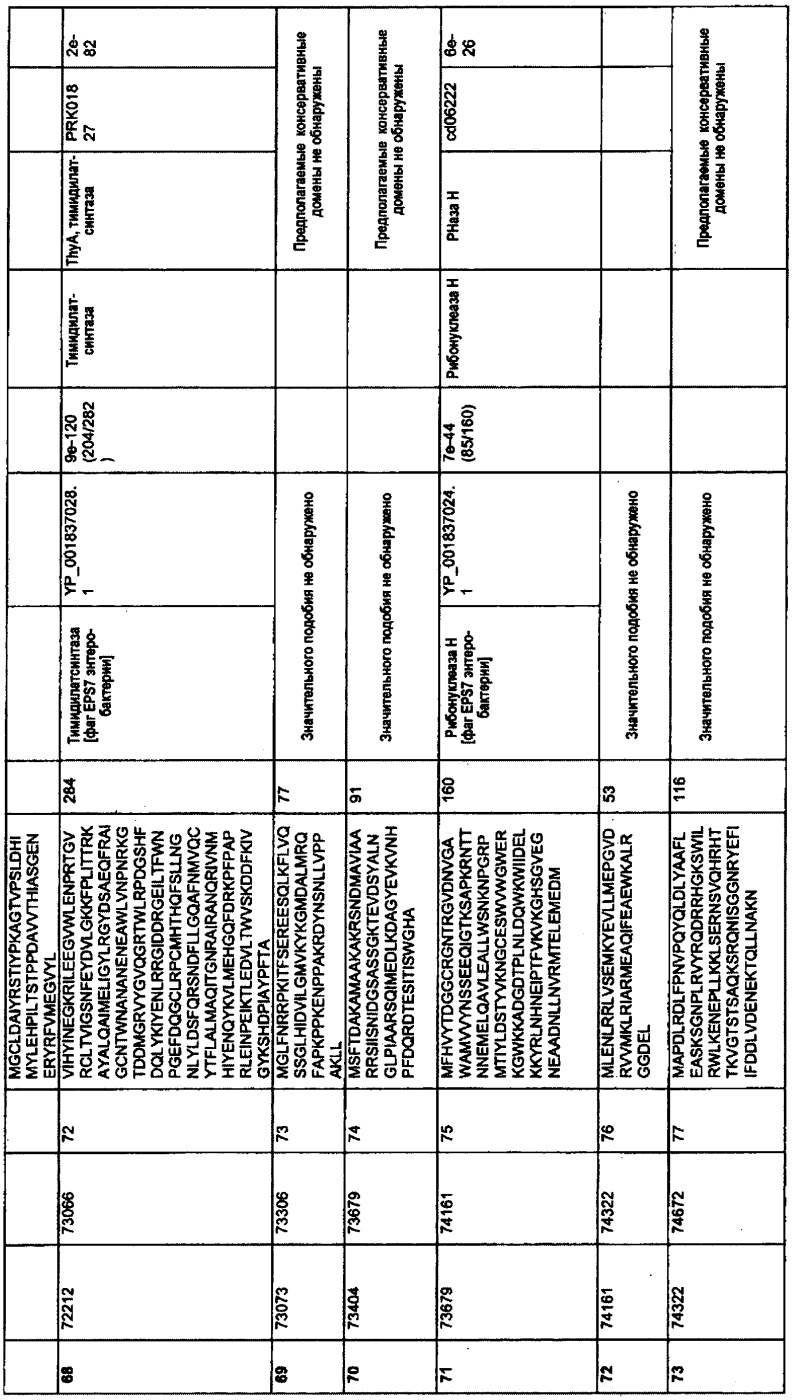


				EDVVKLLRCRNHLWKDKVDPRTSE CLSEKAEQLRKEEMRNYMEFL									
61	66544	64715	65	MNELDLIDNIYSILDNEGEEDLMFN NANKASEQPPTQRDMIAGEVSKYV VAQELPAYLLAAHNRGEIHIHDMDY RAQGYTNCCLVDLAGMFKNGTKIG GAEIETPKSISTAAAVTAQVIAQVSS CQYGGTSIDRIDEVFAPVVRKSYDK HLAIGQRWLLHDSKKAAVYATEMTE KEVYDACQGLEYEVNTLFNSNGQQ PFVTFGFGLGESWEARMLQKAMLE VRIRGLGASGHTAVFPKLIFAVKEG LNKSPSDPNYDIIKQLALTCTSKRNY PDYVSYERVTAVTGDFKFPMGCRS FLSAIESGETAGRNNLGVVSINLPLV AVESSEGYFDRFWKLLDEYIDKAMA AHDWAIERLKRVRAKQAPILTYMHG AFGVRLKANDLVWPIFEGRASVSL GYIGINELVEVMFEDTDPMSPPAIE FAVQVLNHMKDRCNKKAAETNLGF SLYATPSESLCNRFNTKIAEQYPEY DWLTDKGYLTNSHHLDVRTKVAPN VKFDYEANFTTIANGGNISFVELPE MRKFIPALEWVVDYGLSKSHYIGVN IPVDEQEECGYLGESVSGEHGFVC PQCGSGNISVTRRVCGYLGSPGSR PFNPGKQQEVMQRVKHMNLK	609	Анаэробная рибонуклеозид-трифосфат-редуктаза (фаг T5 энтеробактерии)	AAX12030.1	0,0 (379/608)	Анаэробная рибонуклеозид-трифосфат-редуктаза	Анаэробная рибонуклеозид-трифосфат-редуктаза		PRK09263	<1,0e-180
62	66854	67603	66	MRKAARRKESRRNGSAKRERHEN VIPVDFEAARERFQPTAKELKPKNAE QKHYISTRNFTVTGIGEAGTGKTF IPSVLAAQELATPGSVYEKFILVRPN EPLGKSLGMLPGDLNEKMAPWLEP IADGFKWALGERSYQGLVERKAIQ YLAIEHARGRTFNNSYYVDEAQNIS VEAMKCILTRVGQDCKLVICGDVAQ KDIKSDSGLQLIMDIYDQYEHVPFSL VELHDNVRSAESKAFQAIFNDMGI	249	Индуцируемый при фосфатном голодании белок (фаг T5 энтеробактерии)	AAU05235.1	7e-86 (173/246)	АТФаза, индуцируемая при фосфатном голодании	PhoH-подобный белок	pfam025 62	5e-40
63	67539	67718	67	MITCVPLNPKHHSRQSLTIWESNMVT ELIIGYGEGITSEENWGFVGFGEGIT SHDERPDL	59	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены			
64	67733	67942	68	MNNVFTLNNFRTRKTKVHPVSLAT VNKYNANYPEDERRIHHAAFKIANE FPNQPLGTKELVSRMKKLHFY	69	Значительного подобия не обнаружено							
65	68071	70395	69	MTQRIEYVKRDGTKEPFMACKLND WAKYIGIRSDVPWSPVAVAAVKNL PKGDVHSDDLQTMLIKSAESMIERD HRYDRFALELRLAQLRKNLFDSYTP PSLRFFHDHMVELGAWEDMSGWI	774	Предполагаемая аэробная дифосфат-редуктаза, большая субъединица (фаг T5 энтеробактерии)	YP_006924.1	0,0 (534/778)	Аэробная дифосфат-редуктаза, большая субъединица	Рибонуклеотид-дифосфат-редуктаза, субъединица альфа	PRK09103	9e-145

ФИГУРА 2S

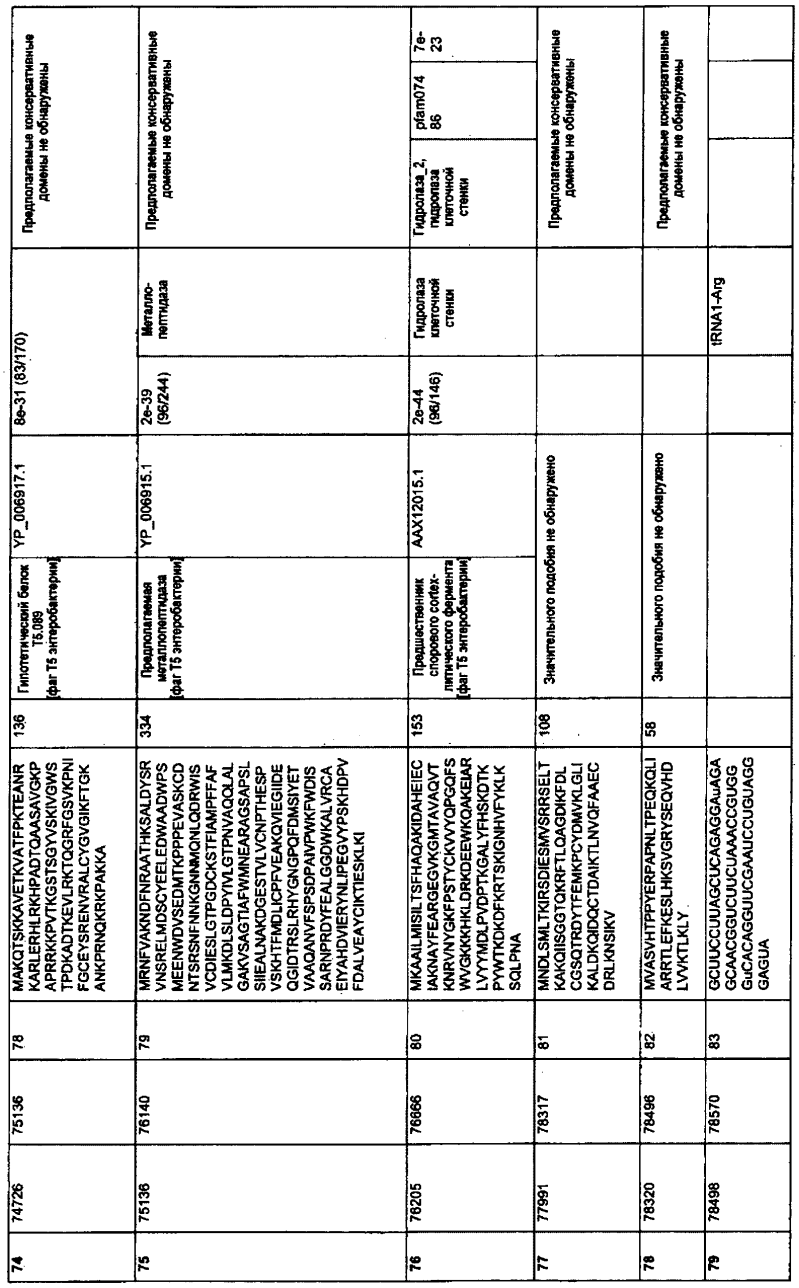


| | | |



				MGCLDAIYRSTIYPKAGTVPSLDHI MYLEHPILTSTPPDAVVTHIASGEN ERYRFVMEGVYL											
68	72212	73066	72	VIHYINEGKRILEEGVWLENPRTGV RCLTVIGSNFEYDVLGKKFPLITTRK AYALQAIMELIGYLRGYDSAEQFRAI GCNTWNANENEAWLVNPNRKG TDDMGRVYGVQGRTWLRPDGSHF DQLYKIYENLRRGIDDRGEILTFWN PGEFDQGCLRPCMHTHQFSLLNG NLYLDSFQRSNDFLLGQAFNMVQC YTFLALMAQITGNRAIRANQRIVNM HIYENQYKVLMEHGQFDRKPFPAP RLEINPEIKTLEDVLTWVSKDDFKIV GYKSHDPIAYPFTA											
69	73073	73306	73	MGLFNRRPKITFSEREESQLKFLVQ SSGLHIDVILGMVKYKGMDALMRQ FAPKPPKENPPAAKRDYNSNLLVPP AKLL	77	Значительного подобия не обнаружено						Предполагаемые консервативные домены не обнаружены				
70	73404	73679	74	MSFTDAKAMAAKAKRSNDMAVIAA RRSIISNIDGSASSGKTEVDSYALN GLPIAARSQIMEDLKDAGYEVKVNH PFDQRDTESITISWGHA	91	Значительного подобия не обнаружено						Предполагаемые консервативные домены не обнаружены				
71	73679	74161	75	MFHVYTDGGCRGNTRGVDNVGA WAAMVVYNSSEEQIGTKSAPKRNTT NNEMELQAVLEALLWSNKNPGRP MTIYLDSTYVKNGCESWVWGWER KGWKKADGDTPLNLDQWKWIIDEL KKYRLNHNEIPTFVKVKGHSGVEG NEAADNLLNVRMTELEMEDM	160	Рибонуклеаза H [фаг EPS7 энтеробактерии]	YP_001837024.1	7e-44 (85/160)	Рибонуклеаза H	PHaза H	cd06222	6e-26		
72	74161	74322	76	MLENLRRLVSEMKYEVLLMEPGVD RVVMKLRIARMEAQIFEAEWKALR GGDEL	53	Значительного подобия не обнаружено									
73	74322	74672	77	MAPDLRDLFPNVPQYQLDLYAAFL EASKSGNPLRVYRQDRRHGKSWIL RWLKENEPLLKKLSERNSVQHRHT TKVGTSTSAQKSRQNISGGNRYEFI IFDDLVDENEKTQLLNAKN	116	Значительного подобия не обнаружено						Предполагаемые консервативные домены не обнаружены				

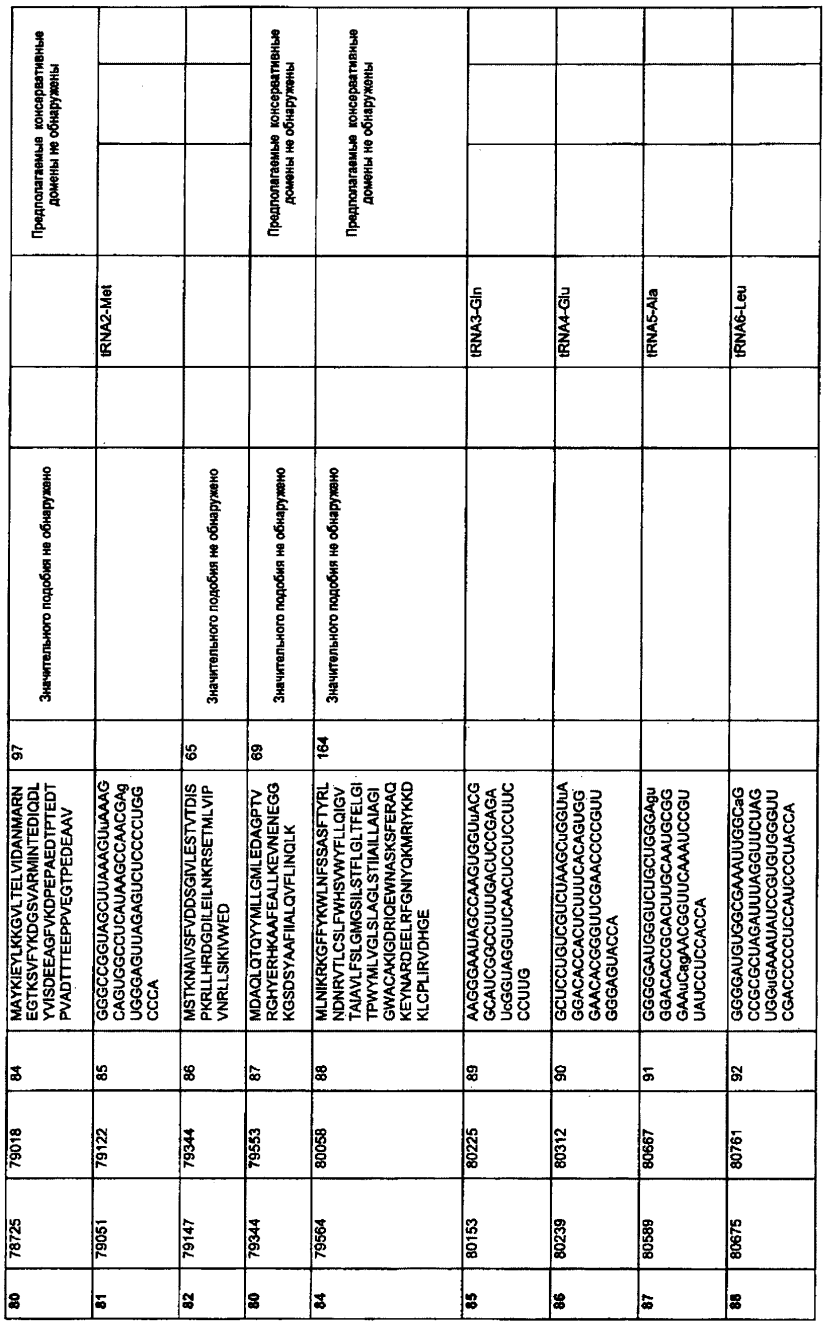
ФИГУРА 2U



74	74726	75136	78	MAKQTSKKAVETKVATFPKTEANR KARLERHLRKHPADTQAASAVGKP APRRKKPVTKGSTSGYVSKIVGWS TPDKADTKEVLRKTQGRFGSVKPNI FGCEYSRENVRALCYGVGIKFTGK ANKPRNQKRKPAKKA	136	Гипотетический белок T5.089 [фаг T5 энтеробактерии]	YP_006917.1	8e-31 (83/170)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены					
75	75136	76140	79	MRNFVAKNDFNRAATHKSALDYSR VNSRELMDSCYEELEDWAADWFS MEENWDVSEDMTKPPPEVASKCD NTSRSNFNNKGNNMQNLQDRWIS VCDIESLGTPGDCKSTFIAMPFFAF VLMKDLSLDPYIVLGTPNVAQQLAL GAKVSAGTIAFWMNEARAGSAPSL SIIEALNAKDGESTVLVCNPTHESP VSKHTFMDLICPFVEAKQVIEGIIDE QGIDTRSLRHYGNGPQFDMSIYET VAAQANVFSPSDPAIVPWKFWDIS SARNPRDYFEALGGDWKALVRCA EIYAHDVIERYNLIPEGVYPSKHDPV FDALVEAYCIKTIESKLKI	334	Предполагаемая металлопептидаза [фаг T5 энтеробактерии]	YP_006915.1	2e-39 (96/244)	Металло-пептидаза	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены					
76	76205	76866	80	MKAAILMISILTSFHAQAKIDAHEIEC IAKNAYFEARGEGVKGMTAVAQVT KNRVNYGKFPSTYCKVVYQPGQFS WVGKKKHKLDRKDEEWKQAKEIAR LVYYMDLPVDPTKGALYFHSKDTK PYWTKDKDFKRTSKIGNHVFYKLK SQLPNA	153	Предшественник спорового софак-литического фермента [фаг T5 энтеробактерии]	AAX12015.1	2e-44 (96/146)	Гидролаза клеточной стенки	Гидролаза_2, гидролаза клеточной стенки	pfam074 86	7e-23		
77	77991	78317	81	MNDLSMLTKIRSDIESMVSRRSELT KAKQIISGGTQKRFTLQAGDKFDL CGSQTRDYTFEMKPCYDMVKLGLI KALDKQIDQCTDAIKTLNVQFAAEC DRLKNSIKV	108	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены					
78	78320	78496	82	MVASVHTPPYERPAPNLTPEQKQLI ARRTLEFKESLHKSVGRYSEQVHD LVVKTLKLY	58	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены					
79	78498	78570	83	GCUUCCUUAGCUCAGAGGAuAGA GCAACGGUCUUCUAAACCGUGG GuCACAGGUUCGAAUCCUGUAGG GAGUA					tRNA1-Arg					

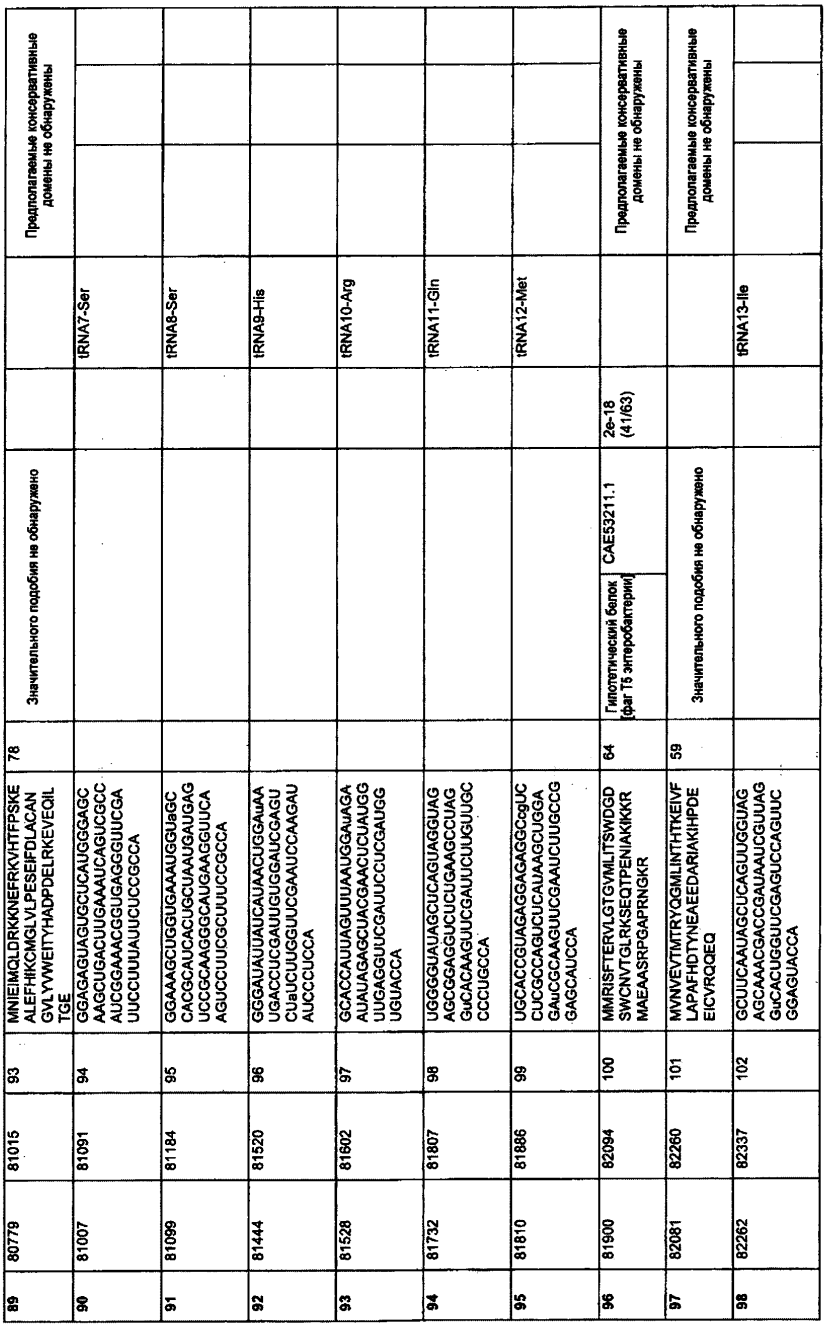
ФИГУРА 2V

25



80	78725	79018	84	MAYKIEYLKKGVLTELVIDANMARN EGTKSVFYKDGSVARMINTEDIQDL YVISDEEAGFVKDPEPAEDTPTEDT PVADTTTEEPPVEGTPEDEAAV	97	Значительного подобия не обнаружено			Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
81	79051	79122	85	GGGCCGGUAGCUUAAAGUuAAAG CAGUGGCCUCAUAAGCCAACGAg UGGGAGUUUAGAGUCUCCCCUGG CCCA				tRNA2-Met	
82	79147	79344	86	MSTKNAIVSFVDDSGIVLESTVTDIS PKRLLHRDGDILELLNKRSETMLVIP VNRLLSIKIVWED	65	Значительного подобия не обнаружено			Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
80	79344	79553	87	MDAQLQTQYYMLLGMLEDAGPTV RGHYERHKAAFEALLKEVNENEGG KGSDSYAAFIIALQVFLINQLK	69	Значительного подобия не обнаружено			Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
84	79564	80058	88	MLNIKRKGFFYKWLNFSSASFTYRL NDNRVTLCSLFWHSVWYFLLQIGV TAIAVLFSLGMGSILSTFLGLTFELGI TPWYMLVGLSLAGLSTIIAILLAIAGI GWACAKIGDRIQEWNASKSFERAQ KEYNARDEELRFGNIYQKMRIYKKD KLCPLIRVDHGE	164	Значительного подобия не обнаружено			Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
85	80153	80225	89	AAGGGAAUAGCCAACUGGUuACG GCAUCGGCCUUUGACUCCGAGA UcGGUAGGUUCAACUCCUCCUUC CCUUG				tRNA3-Gln	
86	80239	80312	90	GCUCCUGUCGUCUUAAGCuGGUuA GGACACCACUCUUUCACAGUGG GAACACGGGUUCGAACCCCGUU GGGAGUACCA				tRNA4-Glu	
87	80589	80667	91	GGGGGAUGGGUCUGCUGGGAgu GGACACCGCACUUGCAAUGCGG GAAuCagAACGGUUCAAAUCCGU UAUCCUCCACCA				tRNA5-Ala	
88	80675	80761	92	GGGGAUGUGGCGAAAUUGGCaG CCGCGCUAGAUUUAGGUUCUAG UGGuGAAAUAUCCGUGUGGGUU CGACCCCCUCCAUCCCUACCA				tRNA6-Leu	

ФИГУРА 2W

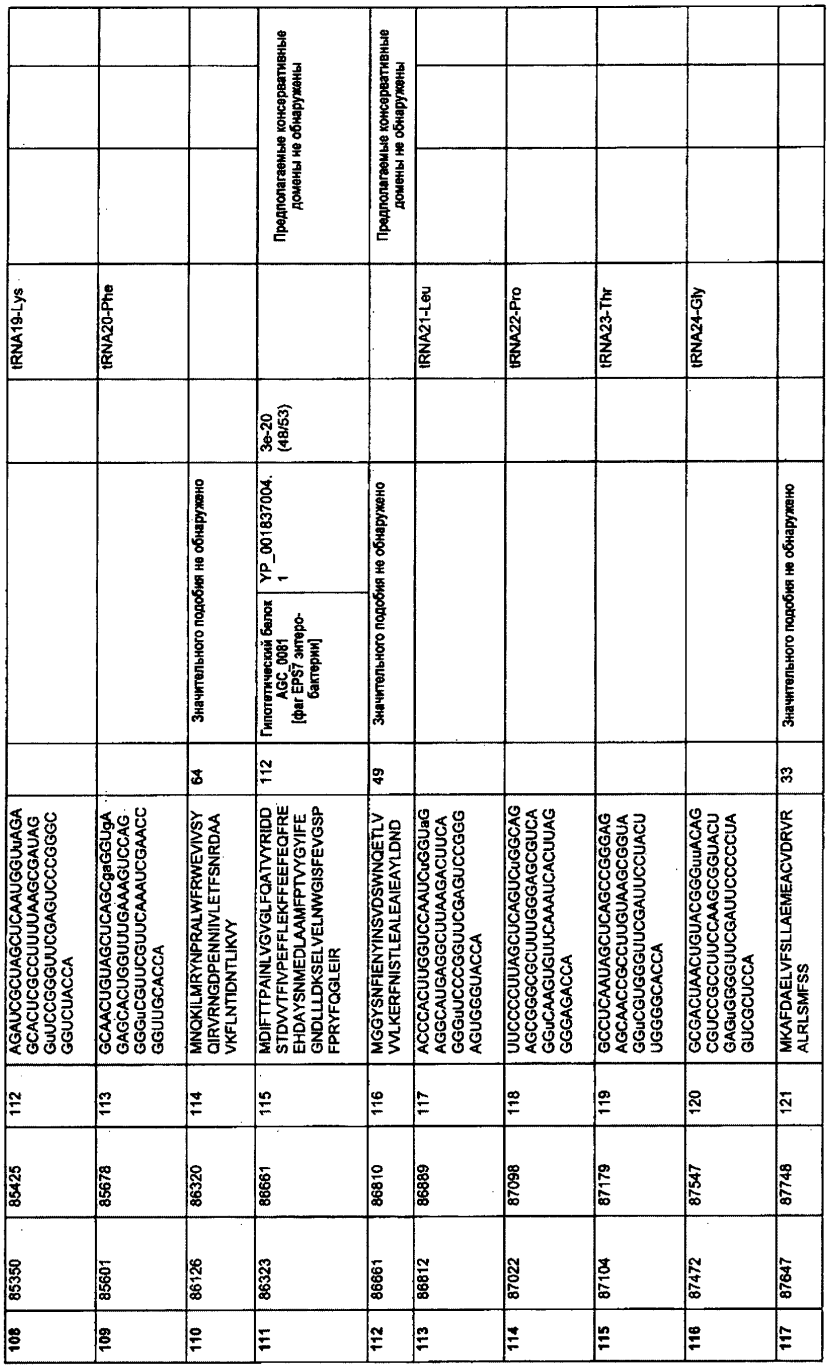


89	80779	81015	93	MNIEIMQLDRKKNEFRKVHTFPSKE ALEFHKCMGLVLPESEIFDLACAN GVLYVWEITYHADPDELRKEVEQIL TGE	78	Значительного подобия не обнаружено			tRNA7-Ser	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены	
90	81007	81091	94	GGAGAGUAGUGCUCAUGGGAGC AAGCUGACUUGAAAUCAGUCGCC AUCGGAAACGGUGAGGGUUCGA UUCCUUUAUUCUCCGCCA							
91	81099	81184	95	GGAAAGCUGGUGAAAUGGUaGC CACGCAUCACUGCUAAUGAUGAG UCCGCAAGGCAUGAAGGUUCA AGUCCUUCGCUUUCCGCCA					tRNA8-Ser		
92	81444	81520	96	GGGAUAUUAUCAUAACUGGAuAA UGACCUCGAUUGUGGAUCGAGU CUaUCUUGGUUCGAAUCCAAGAU AUCCCUCCA					tRNA9-His		
93	81528	81602	97	GCACCAUUAGUUUAAUGGAuAGA AUAUAGAGCUACGAACUCUAUGG UUGAGGUUCGAUUCCUCGAUGG UGUACCA					tRNA10-Arg		
94	81732	81807	98	UGGGGUAUAGCUCAGUAGGUAG AGCGGAGGUCUCUGAAGCCUAG GuCACAAGUUCGAUUCUUGUUGC CCCUGCCA					tRNA11-Gln		
95	81810	81886	99	UGCACCGUAGAGGAGAGGCcgUC CUCGCCAGUCUCAUAAGCUGGA GAuCGCAAGUUCGAAUCUUGCCG GAGCAUCCA					tRNA12-Met		
96	81900	82094	100	MMRISFTERVLGTGYMLITSWDGD SWCNVTGLRKSEQTPENIAKKKR MAEAASRPGAPRNGKR	64	Гипотетический белок фаг T6 энтеробактерий	CAE53211.1	2e-18 (41/63)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены	
97	82081	82260	101	MVNVEVTMTRYQGMLINTHTKEIVF LAPAFHDTYNEAEEDARIAKIHPDE EICVRQQEQ	59	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены	
98	82262	82337	102	GCUUCAAUAGCUCAGUUGGUAG AGCAAACGACCGAUAAUCGUUAG GuCACUGGUUCGAGUCCAGUUC GGAGUACCA					tRNA13-Ile		

ФИГУРА 2X

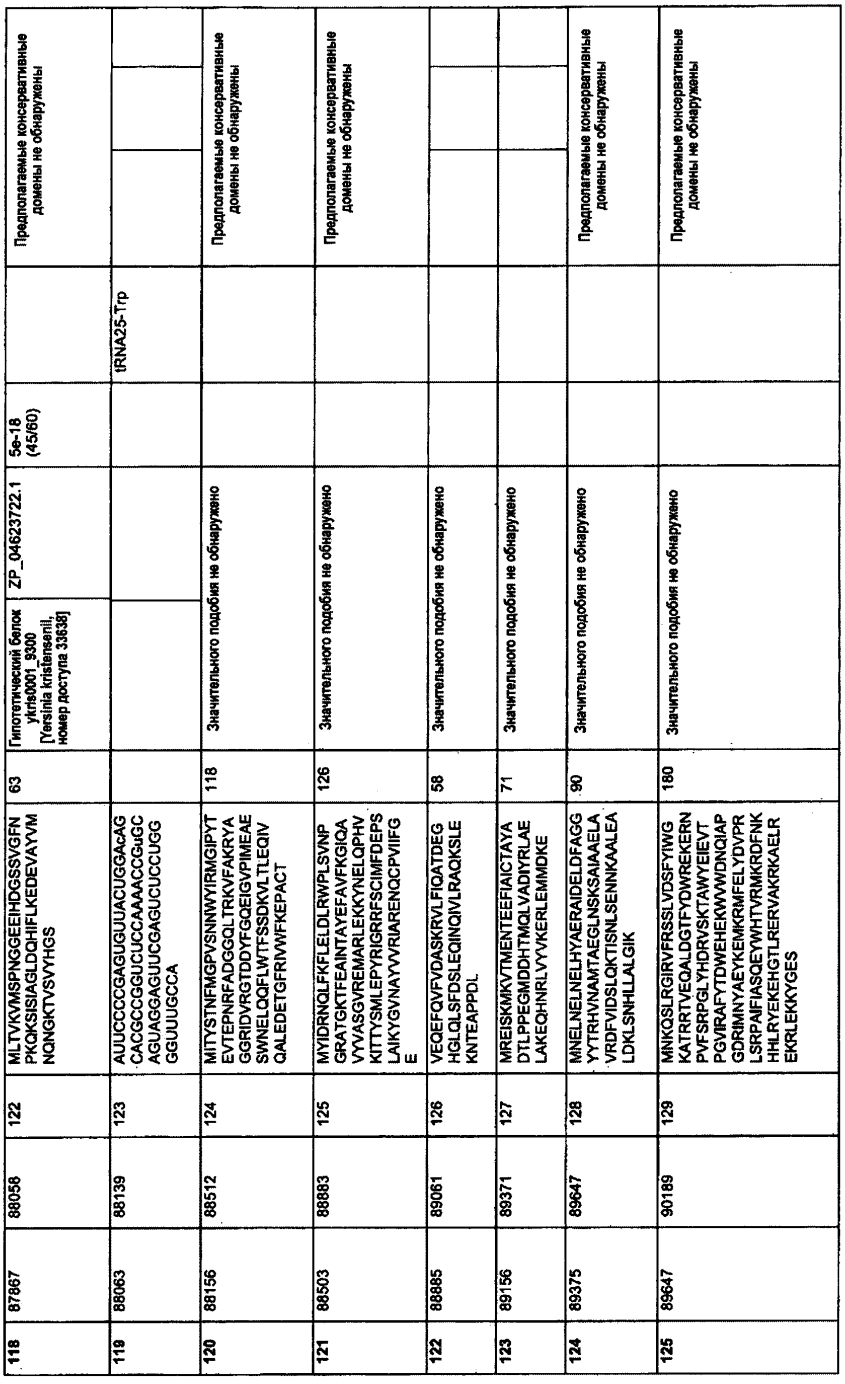
99	82495	82571	103	GGUCAGUUGGCAGAGAUGGUuU AUGCACUCGCUUCAUACGUGAGA CUaCAGUGGUUCGAGUCCACUAU UGACCACCA					tRNA14-Met				
100	82575	82650	104	ACUUGCUUAGCUCAAUCGGGAG AGCAUCGUCUUUACACGCGAG GGuAGCUGGUUCGAAACCAGCAG CAAGUACCA					tRNA15-Val				
101	83285	83566	105	MEKITATGIESALVVDWAGWDGDH EWMVFYSCTLQPELWTRLTDEHA MPYGIIDVEIEINKLVGTIMVHRAEG DHKEIFRKSIKLVVSTGDFI	93	Гипотетический белок AGC_0078 [фаг EPS7_энтеробактерии]	YP_001837001.1	3e-09 (31/87)			Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
102	83587	83964	106	MYTRPTNGNSAVVRLMIVQDNLSN NIESLDRRIEEVYRTEMLSLMREREA KIEEQLEVCEADRLVDGTAVFMAE APAEPTFTPVAPADMQYAILPFHLE EEDGEGPSLEDVVRFLLASGFPNG GR	125	Значительного подобия не обнаружено					Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
103	83964	84179	107	MDFIVVCGANTDCFELLNDALDKVD EHMQEGRTPTFIDLSQGKTVFYPSL DVEPTVLPIFMHSLSWDEEDD	71	Значительного подобия не обнаружено					Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
104	84374	84450	108	GCGGCUAUGGUGUGUcAGCGGUcA ACAUACCGGCCUGUCACGUCGG AGcCACGGGUUCGAAUCCCGUUA GCCGCGCCA					tRNA16-Asp				
105	84784	84861	109	GGGAGAGAAGCagUAAGUGGUAU AgGCGGUCGCCUGUUAAGCGAAU GAcAGUGAGUUCGAAUCUCACCU CUCCCGCCA					tRNA17-Asn				
106	85090	85163	110	GCAUCAUUGGCCCGAGUGACUAG GCAGAGGCUUGCAAACCCUCGAA GCAUGGUUAAAAUCCAUGAUGGU GCUCCA					tRNA18-Cys				
107	85180	85359	111	MIKYKAFVTRESQTGDSSIKFEGTT LHDTFEAALTEAETHVSKSCYAHV WEVNTILDR	59	Значительного подобия не обнаружено							

ФИГУРА 2Y



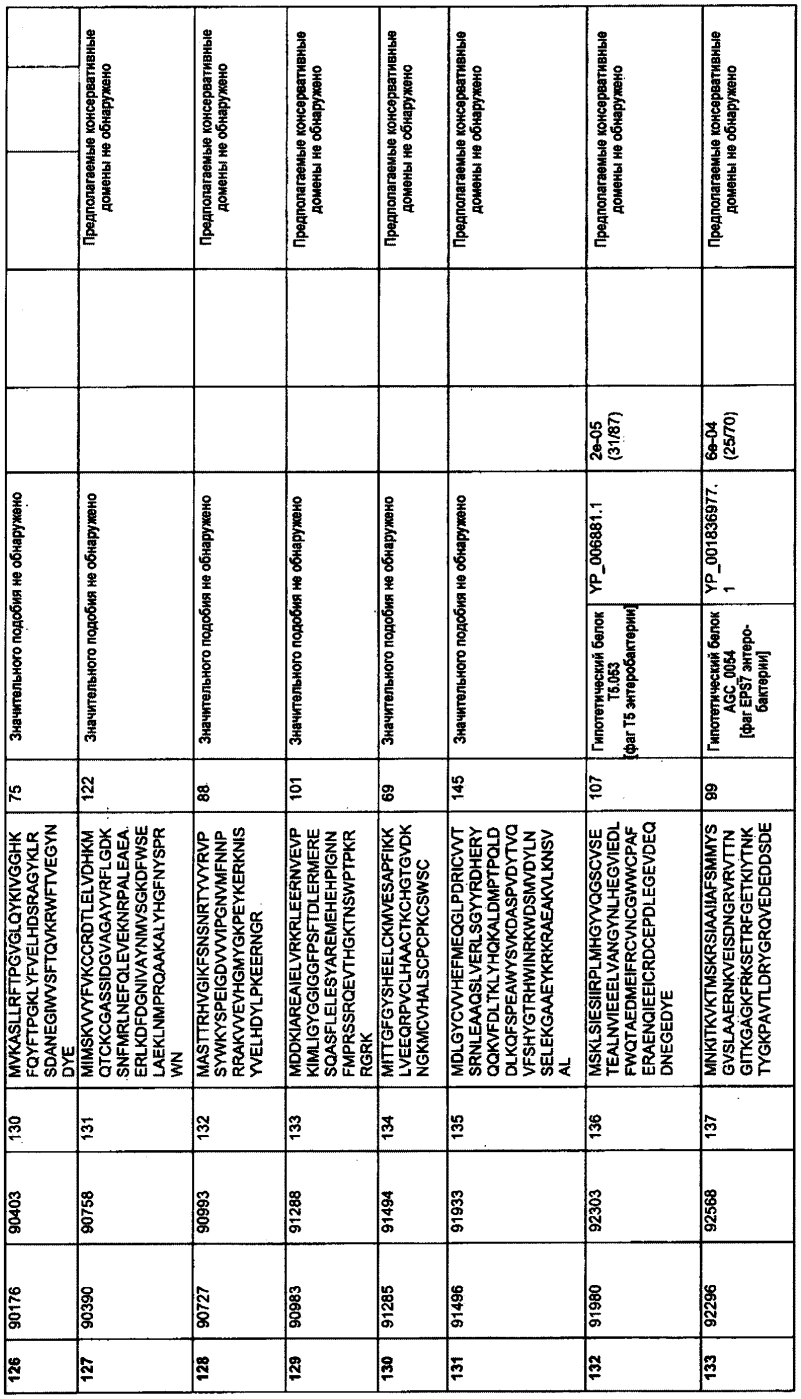
108	85350	85425	112	AGAUCGCUAGCUCAAUGGUuAGA GCACUCGCCUUUUAAGCGAUAG GuUCCGGGUUCGAGUCCCCGGGC GGUCUACCA					tRNA19-Lys			
109	85601	85678	113	GCAACUGUAGCUCAGCgaGGUgA GAGCACUGGUUUGAAAGUCCAG GGGuCGUUCGUUCAAAUCGAACC GGUUGCACCA					tRNA20-Phe			
110	86126	86320	114	MNQKILMRYNPRALWFRWEVIVSY QIRVRNGDPENNIIVLETFSNRDAA VKFLNTIDNTLIKVY	64	Значительного подобия не обнаружено						
111	86323	86661	115	MDIFTTPAINLVGVGLFQATVYRIDD STDVVTFIVPEFFLEKFFEEFEQFRE EHDAYSNMEDLAAMFPTVYGYIFE GNDLLLDKSELVELNWGISFEVGSP FPRVFQGLEIR	112	Гипотетический белок AGC_0081 [фаг EP57 энтеробактерии]	YP_001837004.1	3e-20 (48/53)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
112	86661	86810	116	MGGYSNFIENYINSVDSWNQETLV VVLKERFNISTLEALEAIEAYLDND	49	Значительного подобия не обнаружено						
113	86812	86889	117	ACCCACUUGGUCCAAUCuGGUaG AGGCAUGAGGCUUAAGACUUCA GGGuUCCCGGUUUCGAGUCCGGG AGUGGGUACCA					tRNA21-Leu			
114	87022	87098	118	UUCCCCUUAGCUCAGUCuGGCAG AGCGGGCGCUUUGGGAGCGUCA GGuCAAGUGUUCAAAUCACUUAG GGGAGACCA					tRNA22-Pro			
115	87104	87179	119	GCCUCAAUAGCUCAGCCGGGAG AGCAACCGCCUUGUAAGCGGUA GGuCGUGGGGUUCGAUUCCUACU UGGGGCACCA					tRNA23-Thr			
116	87472	87547	120	GCGACUAACUGUACGGGuuACAG CGUCCGCCUUCCAAGCGGUACU GAGuGGGGUUCGAUUCCCCCUA GUCGCUCCA					tRNA24-Gly			
117	87647	87748	121	MKAFDAELVFSLLAEMEACVDRVR ALRLSMFSS	33	Значительного подобия не обнаружено						

ФИГУРА 22



118	87867	88056	122	MLTVKVMSPNGGEEIHDGSSVGFN PKQKSISIAGLDQHIFLKEDEVAYVM NQNGKTVSVYHGS	63	Гипотетический белок ykris0001_9300 [Yarrowia lipolytica strain CLIB122, номер доступа 33638]	ZP_04623722.1	5e-18 (45/60)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
119	88063	88139	123	AUUCCCCGAGUGUUACUGGAcAG CACGCCGGUCUCCAAAACCGuGC AGUAGGAGUUCGAGUCUCCUGG GGUUUGCCA					tRNA25-Trp	
120	88156	88512	124	MITYSTNFMGPVSNNWYIRMGIPYT EVTEPNRFADGGQLTRKVFAKRYA GGRIDVRGTDDYFGQEIGVPIMEAE SWNELQQFLWTFSSDKVLTLEQIV QALEDETGFRIVWFKEPACT	118	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
121	88503	88883	125	MYIDRNQLFKFLELDLRWPLSVNP GRATGKTFEAINTAYEFAVFKGIQA VYVASGVREMARLEKKYNELQPHV KITTYSMLEPYRIGRRFSCIMFDEPS LAIKYGVNAYVVRIARENQCPVIIFG E	126	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
122	88885	89061	126	VEQEFQVFVDASKRVLFIQATDEG HGLQLSFDSLEQINQIVLRAQKSLE KNTEAPPDL	58	Значительного подобия не обнаружено				
123	89156	89371	127	MREISKMKVTMENTEEFIAICTAYA DTLPPEGMDDHTMQLVADIYRLAE LAKEQHNRLVYYKERLEMMDKE	71	Значительного подобия не обнаружено				
124	89375	89647	128	MNELNELNELHYAERAIDELDFAGG YYTRHVNAMTAEGLNSKSAIAAELA VRDFVIDSLQKTISNLSENNKAALEA LDKLSNHLLALGIK	90	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
125	89647	90189	129	MNKQSLRGIRVFRSSLVDSFYIWG KATRRTVEQALDGTFYDWREKERN PVFSRPGLYHDRVSKTAWYEIEVT PGVIRAFYTDWEHEKWVWDNQIAP GDRIMNYAEYKEMKRMFELYDVPR LSRPAIFIASQEYWHTVRMKRDFNK HHLRYEKEHGTLRERVAKRKAELR EKRLEKKYGES	180	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены

ФИГУРА 2АА



126	90176	90403	130	MVKASLLRFTPGVGLQYKIVGGHK FQYFTPGKLYFVELHDSRAGYKLR SDANEGIWVSFTQVKRWFTVEGYN DYE	75	Значительного подобия не обнаружено						
127	90390	90758	131	MIMSKVVYFVKCCRDTLELVDHKM QTCKCGASSIDGVAGAYYRFLGDK SNFMRLNEFQLEVEKNRPALEAEA. ERLKDFDGNIVAYNIMVSGKDFWSE LAEKLNMPRQAAKALYHGFNYSPR WN	122	Значительного подобия не обнаружено						Предполагаемые консервативные домены не обнаружено
128	90727	90993	132	MASTTRHVGIKFSNSNRTYYRVP SYWKYSPEIGDVVVIPGNVMFNNP RRAKVVEVHGMYGKPEYKERKNIS YVELHDYLPKEERNGR	88	Значительного подобия не обнаружено						Предполагаемые консервативные домены не обнаружено
129	90983	91288	133	MDDKIAREAIELVRKRLEERNVEVP KIMLIGYGGIGGFPSFTDLERMERE SQASFLELESYAREMEHEHPIGNN FMPRSSRQEVTHGKTNSWPTPKR RGRK	101	Значительного подобия не обнаружено						Предполагаемые консервативные домены не обнаружено
130	91285	91494	134	MITTGFGYSHEELCKMVESAPFIKK LVEEQRPVCLHAACTKCHGTGVDK NGKMCVHALSCPCPKCSWSC	69	Значительного подобия не обнаружено						Предполагаемые консервативные домены не обнаружено
131	91496	91933	135	MDLGYCVVHEFMEQGLPDRICVVT SRNLEAAQSLVERLSGYYRDHERY QQKVFDLTKLYHQKALDMPTPQLD DLKQFSPEAWYSVKDASPVDYTVQ VFSHYGTRHWINRKWDSMVDYLN SELEKGAAEYKRKRAEAKVLKNSV AL	145	Значительного подобия не обнаружено						Предполагаемые консервативные домены не обнаружено
132	91980	92303	136	MSKLSIESIIRPLMHGYYVQGSCVSE TEALNVIEEELVANGYNLHEGVIEDL FWQTAEDMEIFRCVNCGWWCPAF ERAENQIEEICRDCEPDLEGEVDEQ DNEGEDYE	107	Гипотетический белок T5.053 [фаг T5 энтеробактерии]	YP_006881.1	2e-05 (31/87)				Предполагаемые консервативные домены не обнаружено
133	92296	92568	137	MNKITKVKTMSKRSIAAIIAFSMMYS GVSLAAERNKVEISDNGRVRVTTN GITKGAGKFRKSETRFGETKIYTNK TYGKPAVTLDRYGRQVEDEDDSDE	89	Гипотетический белок AGC_0054 [фаг EPS7 энтеробактерии]	YP_001836977.1	6e-04 (25/70)				Предполагаемые консервативные домены не обнаружено

ФИГУРА 2BB

134	92561	92995	138	MSNLHPKLQETLDWINEECAFEEA PYCVWARAGAAPSEWCTVFDNRY RITVELSLKEDKVYAKASMTALGLS GFVEMQELCMPNTHLRVQIEQLATI RLMLPEDNINDHFHKVIENEYKLRR QRRKARREVEKTRMMCNMNPHV	144	Гипотетический белок AGC_0053 [фаг EPS7 энтеробактерии]	YP_001836976.1	1e-14 (43/115)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
135	93115	93507	139	MFTLFILAVSAWMAVGINHGLDSAK LLSAKAFEFLAKFATRKDIEAIIAKG GAKDASSVLKSFDKILELRNGKHAA ELRCMSRKTIGRLCKAIFIVQGALK GPFAKYKPDSIKRAKIFNDYCVEHH PLNR	130	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
136	93616	94314	140	MRIISKLKDVYDLQGTMYDAERAW YREEVKEVVNVSADFEQIIFYAEILR NRTSSGYGGVNMGTLEVRPVLICG TLRWLYGYHTGLGADAVHQTFDP VKVKEVLEEQGYYLRMGWDMNTIE KIDAHVRNATATASAFLETFNKPIA MAWDAAKSKTDPTVNITVKTDFNF HAEDFPWQEIDPNLYRWHQTLESY IFGVLGQGEPKTESTSIDRDRLIAKG FDAKVSFRNMER	232	Гипотетический белок AGC_0049 [фаг EPS7 энтеробактерии]	YP_001836972.1	1e-34 (92/237)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
137	94280	94741	141	MLKFLSGIWSGKTGAILFLAIAAGTF GGAYYITNKLTDMSSSLQSLSNRN EQLEKTVGNLQTEIRNRDRNTTYI TNLAKNQEDLDGRINKLDAARAKE GVVAAKPKLATKVAKDKVNEFQER LSCVTGNMDSCSRLQLSHPGVQN GQTQVAQ	153	Гипотетический белок AGC_0048 [фаг EPS7 энтеробактерии]	YP_001836971.1	2e-20 (56/143)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
138	94654	94983	142	MRNWKYGLLLSAAIIASGCAERPDP SSTVTGVEPQHLPWPASLQTCPFN FEFINEEGKVYVRIPYQDWITMGKC NEQVYTYIANLTALTCTYRVSLNEY RCKPFNKETK	109	Гипотетический белок AGC_0047 [фаг EPS7 энтеробактерии]	YP_001836970.1	1e-19 (50/108)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены

ФИГУРА 2CC

139	94980	95741	143	MKYVLGLIGDAGAGKDTFADMAKV WAWEVLGPEYSISKFSFAAPVYEL AAVILGVTPEKLAERRTKEIKQWFW VTQEALERTANVWKRPGIDKYADF SYVWPQFEASALYPLIAKTAPDFYQ GRETPLYPLYTSPRKMLEFVGTEL GRALVDENLWLNIVVDRITATKADIS IISDVRFDNEAALVRNFPGAQNSSIL KVHAPNNIHAIQSTHASARGVAPEF IDDVVTNNFDGLENFRKNVNAFCD ERILFI	253	Дезоксинуклеозид-5'-монофосфатказа фаг T5 энтеробактерий	YP_006871.1	9e-54 (117/250)	Дезоксинуклеозид-5'-монофосфатказа				
140	95751	96362	144	MGQINNVEQKGGNKTPNYFASLVA TKAEYNIYHYHLDGPIVDVDYYRDL SVTLATMQEGDTLNLYINSPGGYV DTAVQLCNLIMNCQGTVIGHLVGPS ASAACSIFLACHGWLVHPYVMLMG HTYRGAHYGKGKNEIQHYADQFNS FFEDMMLDLYYPFFSLEEITEMIEG GKDIWLTSKEINERVDRMAAHREQ EARKAAGQ	203	Предполагаемая АТФ-зависимая Clp-протеаза [фаг T5 энтеробактерий]	YP_006870.1	7e-51 (96/181)	АТФ-зависимая Clp-протеаза	S14_Clp-1, казеинолитическая протеаза (ClpP)	cd07016		5e-19
141	96520	97182	145	MDKFIQLISLLLQEAKDPASLLKRLL TLLVGLVIYLFIANTSEVMSYLKTFS TSAVLQDVKVQRTLEFPNVAREKA MILFSQTRADAVFVVKYKPEAINDY QTIIAWESNVQLDKSDVSDKAVDKT SMLYRAHLDGLNFAIDAREKRGLSK WSGTGLPPFKSANFEVVYTCPYFN LNNIYSGYVAVAWEKYPLQDEDMG MFNDYMAKICASPQRSLGRSI	220	Предполагаемый холин [фаг T5 энтеробактерий]	YP_006869.1	1e-82 (144/220)	Холин	Холин бактериофага с Т	pfam110 31		8e-47
142	97179	97592	146	MSFRFGNRSLQQLDTVDPKLKALAI RALELSPHDFTIIQGKRTVQQSAQN IANGTSFLKDPSKSKHVTGKAIDFA PYINGKIDWNDLEAFWAVGAFKKA ANEMNIAVRFGADWNNSGDYRDEI QRGTYDGGHVELL	137	Лизоцим [фаг T5 энтеробактерий]	YP_006868.1	8e-57 (104/137)	Лизоцим	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены			

ФИГУРА 2DD

32

33

143	98142	98546	147	MSDRFYTQMCEHFKVSPYELNIAL WDRESPEFKKIAAKKSEGVMSNGKK MTRIDLNNALTKLLGVNIEGQKLSM PTLTTILEKVKAGDVKKVAVPEGRL KKPYQEAIIEAFGEKLDLDTATVKT MKALLESINNV	134	Гипотетический белок T5.038 [фаг T5 энтеробактерии]	YP_006866.1	1e-37 (86/141)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены			
144	98539	98823	148	MSKKIVFLKGSSCVPCKQIFEPVFDK LTAEFNLPVEKRTDDVDSLRKFGLR TVPAVVLVDVENGREEAHHILSGAT LRSAVVSKAIQDFIDYVEE	94	Предполагаемый тиоредоксин [фаг T5 энтеробактерии]	YP_006865.1	6e-21 (48/91)	Тиоредоксин	TRX_family	cd02947	8e-04
145	98925	99329	149	MTKQAYLILNNGFAVGTTFVDLGYT KEEWQALDAAQKNQLVNEAAWEY AEAYVEAVDDELVVVSLGAVGCDA HVHTDFQSEEEWDELDLTHQNALI NEAFWEVVDCYVAFCKDDDEANT CTNYGYEHDDVECA	134	Гипотетический белок AGC_0039 [фаг EPS7 энтеробактерии]	YP_001836862.1	3e-21 (49/103)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
146	99329	99691	150	MQKFSRDWSSDMARKNRAAAYYN KKIQLDKLIKGITYNVERGFSGIKVD ARSLDYSCILWAKQNGYAFKRIGNE ILIAWEPEGLVQYVIYDPYRGEYVR DHRQQPTDFSLPKRYYLETRY	120	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
147	99691	100521	151	MNVHETVTVPDNANIFFIGDIHGEY DMMMGALKLAGYEEGRDYVFCVG DLIDRGPKNLQVLAKFLYNPKFRSV RGNHDEFMIQDDYANWMYNGGS WTTTEGFDTDTMKGIAEDMDSKMP YIMTVEHRGKRYGVVHAGIPLRYQ AQGMGVTVPVWDDIVHEHESTPDL RRLGVLLWDRDVIQEVGFNLYRSG EKHPYFDRYASFSEECAVDVPEIVG VDYTFHGHTGVPPPIRWKNRVYLD TGGTFNGRMTVASPVLGQLYTFTT DRDDPCGSADII	276	Предполагаемая серин/треонинновая протеинфосфатаза [фаг EPS7 энтеробактерии]	YP_001836961.1	3e-98 (176/283)	Серин/треонинновая протеинфосфатаза	PP2Ac, гомологи протеинфосфатазы, каталитический домен	cd00144	2e-08
148	100532	100765	152	MKLFKDLEEGEVFVVAGGFELQKC VAMLDNGNSVFTDDANISVTIAPDT ETWKPKEFWEIHKDRPLDDLLDDIL FTA	77	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

ФИГУРА 2EE

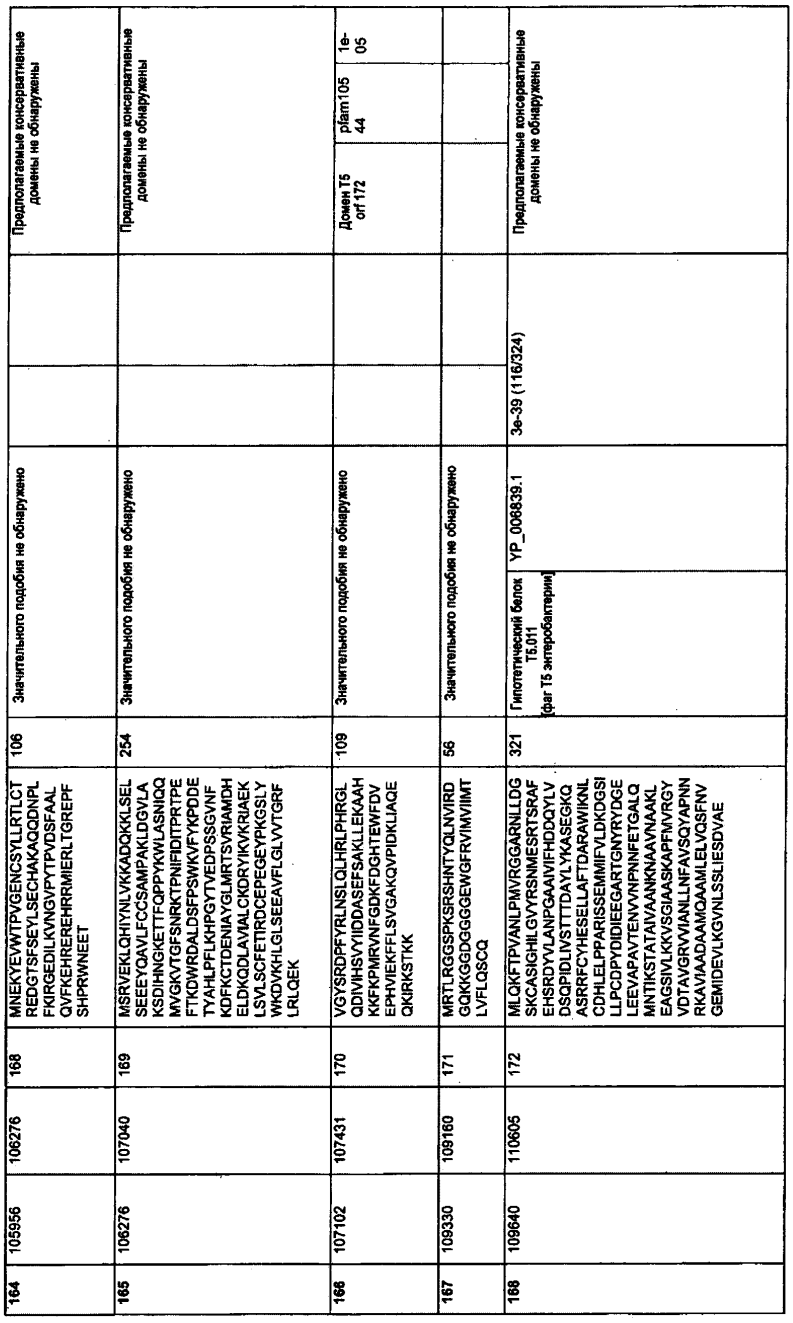
149	100774	101142	153	MKLESRYIVFKQSDAAKYLTSTAIR EINDSLSLIYKGREADGKVGFPNYIV LEEDWPEYPIAKEALEGRIVLEEFN KRAEKKRGAKAAEDHYKQHQSTEL LRGISPFCAGWNDYMRRLVIEE	122	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
150	101145	101264	154	MYTGMGNDMAKMFIGLLILAALVGA AIVGGIWALVAFVF	39	Значительного подобия не обнаружено						
151	101328	101756	155	MKNAMIELNANMESLRHAVNTARA SFNLLMRDESIPLSARVKAFEEFAD ELLHMGDYLSDSPFNEDRRDYQHA YCNRGEIVYLTDVLESVLEYANSFM RTPDEWEDASNDYYLDEIQKNWPE IKKLVEEHIHSEVYAYRIDW	142	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
152	101838	102143	156	MAKNTISYTTGKTADEQANTLTKDE MVAVLVILLDMSGFEGQLAKLSLPA LRALYEGTNKNAAAYNLAKNEARW AKEHQQVAERRAESFERDLKREKA KKK	101	Гипотетический белок T5.032 [фаг T5 энтеробактерии]	YP_006860.1	2e-23 (52/81)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
153	102143	102424	157	MVLEILSGLLIAALVTGTGLAVWVSI LRENNRRMRLTNNGLHEKLMDQV QDADEFSAAAERLLVRLAKIEEIIGQ DSTMSKTTKMRLITEIKK	93	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
154	102421	102669	158	MISPIVAALYLVVVGYLSGKYHGFG LKGTIKAAMLVPLYPLAILLTGYYAC VLRIFGRGKVNYDNCTALLDDIENTI KKEEK	82	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
155	102666	103007	159	MNLNSKERQVLVDALRQVVDHDLL CDEDIVESIALIAKIELAEKDSWRPL SELPPLGLAIVVQRADGAPFNTVMV RRDLAKSYSPDIITLHTKITNEPFEF NTRHYYWRLTNA	113	Гипотетический белок AGC_0028 [фаг T5 энтеробактерии]	YP_006856.1	7e-08 (40/111)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
156	103000	103227	160	MLNQLRIYNFLDCNFQVWRELPSR FLGWALFLSMVVSVFHNVPATFYM EAIQPVTVFIYEMYLVAINGWKDGRI N	75	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

ФИГУРА 2FF

35

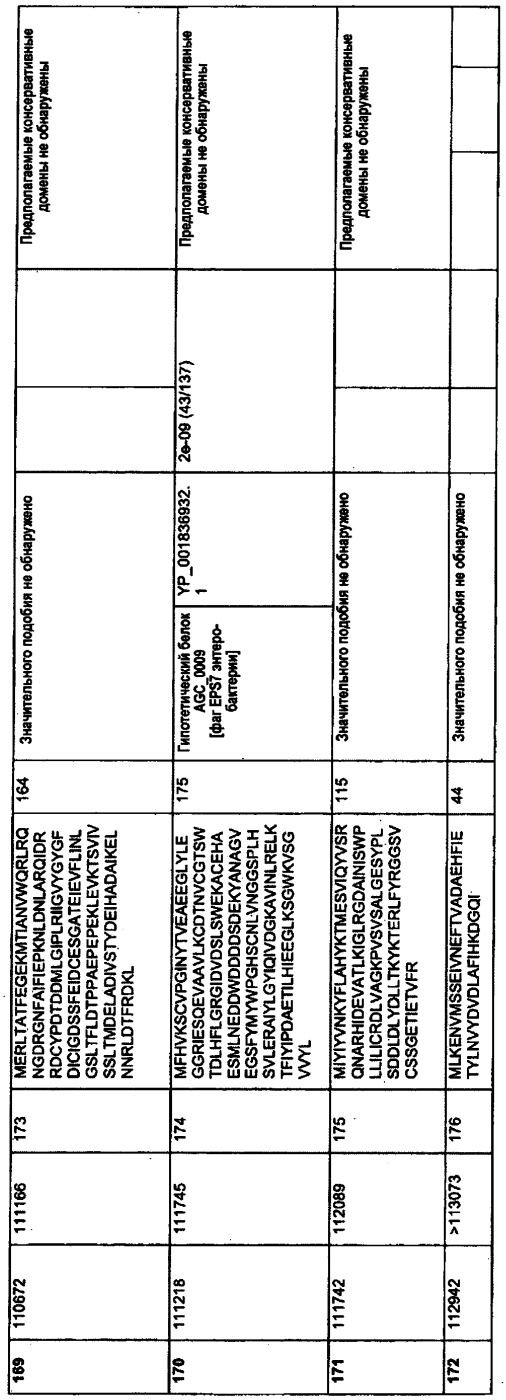
157	103211	103678	161	MAASTEVLNQYFNREHQEFSDLFI QMFVNANNALDYRFFNEFHETTFS HQDINSALKELIGSKVIPFRQTANAE TLELSVVWGLFKKAYEFGKYQNAR HWIYEVYLNTEVILPRQMMLGWIAK QRPERNAKSFAPINDGNLYHASEK FDAPKSVA	155	Гипотетический белок AGC_0027 [фаг T5 энтеробактерий]	YP_001836950.1	7e-32 (65/147)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
158	103701	104027	162	MLLVEGLTEEDICLNSFYNCKTHVM QALDEERVELSKFMVNIATAQVHW QTQGLSADDILKHTLNAAEYGKAR GEALLASKKEFDKSESMLKMAIDIH MEGIDGTIH	108	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
159	104039	104326	163	MAKKRVVVNFLEEDSGDCEYGCW NTGYGVEVMVDGKCVHRQEAWAS CTNNSSVDFDVLAHYLQGIKTKEGY PVKADHIDFGDPSDYPEEFLDLFT	95	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
160	104378	104566	164	MKSIDNYLRGENPVDQAAVTVEKV RKECFILTQRGGGNRPNRVYLNWT QSKDLYERLKREFE	62	Значительного подобия не обнаружено				
161	104566	105042	165	VEELRQKINQELVWEAKSFPINQFL KRDGSINHNKIKQLRPDFRQDAKNL IFINRALDAHGVFFGYEKLVFHSLN QLVEIMCPDHQDYFMQTARSHLEG NGCQKCRHRMVTRVTDYGSYTVP AYYHKFSIDGDSIIIWYNNSSKLIKPL EVKDEIRFPE	158	ORF 022 [фаг T5 энтеробактерий]	AAX11959.1	2e-50 (91/153)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
162	105020	105421	166	MKYDSLNNPSTNYLTDQSVSEIKFH PNYSPDSSKPSVAAISFRFRNLRFT FVGEEDKMISIIDKVKAVSELSGSDT VKFEALTSLLLTSGATVGKFELIQPH VSALTNTRNFWDQANVESLIKWDS ATEFYNK	133	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
163	105434	105943	167	MLFCTVDFEEANETYIVYGMSESKV RILWNQFQLEVPDDISKTPKDFFHLI DIKAVKARKKLTPYVFPGAVFVHEL TAYTNVVLKKSRQHPGYLTMLTYK VGAIHDGELVVRVDARLQQEVEEMI RQCQNKAELKQRARLFDMAAPSEA VAAYHGFYKEIAESDEDFFM	169	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены

ФИГУРА 2GG



164	105956	106276	168	MNEKYEVWTPVGENCSYLLRTLCT REDGTSFSEYLSECHAKAQQDNPL FKIRGEDILKVNGVPYTPVDSFAAL QVFKEHRERERHRRIMERLTGREPF SHPRWNEET	106	Значительного подобия не обнаружено			Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
165	106276	107040	169	MSRVEKLQHIYNLVKKADQKKLSEL SEEEYQAVLFCCSAMPAKLDGVLA KSDIHNGKETTFQPPYKWLASNIQQ MVGKVTGFSNRKTPNIFIDITPRTPE FTKDWRDALDSFPSWKVFYKPDDE TYAHLPFLKHPGYTVEDPSSGVNF KDFKCTDENIAYGLMRTSVRIAMDH ELDKQDLAVIALCKDRYIKVKRIAEK LSVLSCFETIRDCEPEGEYPKGSLY WKDVKHLGLSEEAVFLGLVVTGRF LRLQEK	254	Значительного подобия не обнаружено			Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
166	107102	107431	170	VGYSRDPFYRLNSLQLHRLPHRGL QDIVIHSVYIIDDASEFSAKLLEKAAH KKFKPMRVNFGDKFDGHTEWFDV EPHVIEKFFLSVGAKQVPIDKLIAQE QKIRKSTKK	109	Значительного подобия не обнаружено			Домен T5 orf172	pfam10544	1e-05
167	109330	109160	171	MRTLRGGSPKSRSHNTYQLNVIRD GQKKGGDGGGGEWGFRVIMVIIMT LVFLQSCQ	56	Значительного подобия не обнаружено					
168	109640	110605	172	MLQKFTPVANLPMVRGGARNLLDG SKCASIGHILGVYRSNMESRTSRAF EHSRDYVLANPGAAVIFHDDQYLV DSQPIDLIVSTTTDAYLYKASEGKQ ASRRFCYHESELLAFTDARAWIKNL CDHLELPPARISSEMMIFVLDKDGSI LLPCDPYDIDIEEGARTGNYRYDGE LEEVAPAVTENVVPNPNFETGALQ MNTIKSTATAIVAANKNAAVNAAKL EAGSIVLKKVSGIAASKAPFMVRGY VDTAVGRVVIANLLNFAVSQYAPNN RKAVIAADAAMQAAMLELVQSFNV GEMIDEVLKGVNLSSLIESDVAE	321	Гипотетический белок T5.011 [фаг T5 энтеробактерии]	YP_008839.1	3e-39 (116/324)	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

ФИГУРА 2НН

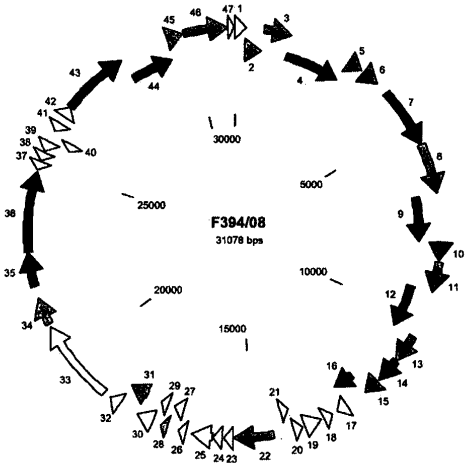


169	110672	111166	173	MERLTATFEGEKMTIANVWQRLRQ NGDRGNFAIFIEPKNLDNLARQIDR RDCYPDTDDMLGIPLRIIGVYGYGF DICGDSSFEIDCESGATEIEVFLINL GSLTFLDTPPAEPEPEKLEVKTSVIV SSLTMDELADIVSTYDEIHADAIKEL NNRLDTFRDKL						Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
170	111218	111745	174	MFHVKSCVPGINYTVEAEEGLYLE GGRIESQEVAAVLKCDTNVCGTSW TDLHFLGRGIDVDSLSWEKACEHA ESMLNEDDWDDDDSDEKYANAGV EGSFYMYWPGHSCNLVNGGSPLH SVLERAIYLGYIQIVDGKAVINLRELK TFIYIPDAETILHIEEGLKSGWKVSG VVYL	175	Гипотетический белок AGC_0009 [фаг EPS7 энтеробактерии]	YP_001836932.1	Значительного подобия не обнаружено	2e-09 (43/137)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
171	111742	112089	175	MIYIYVNKYFLAHYKTMESVIQYVSR QNARHIDEVATLKIGLRGDAINISWP LLILICRDLVAGKPVSVSALGESYPL SDDLDLYDLLTKYKTERLFYRGGSV CSSGETIETVFR	115	Значительного подобия не обнаружено					Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
172	112942	>113073	176	MLKENVMSSEIVNEFTVADAEHFIE TYLNVYDVDLAFIHKDGQI	44	Значительного подобия не обнаружено					

ФИГУРА 2I

37

38



Orf (ORC)	Предполагаемая функция
4	Белок хвостового чехла
7	Белок рулетки хвостового отростка
9	Хвостовой белок
12	Белок базальной пластинки
14	Фибриллярный хвостовой белок
16	N-ацетилмурамил-L-аланинамидаза
35	Малая субъединица терминазы
36	Большая субъединица терминазы
43	Портальный белок
44	cip-протеаза

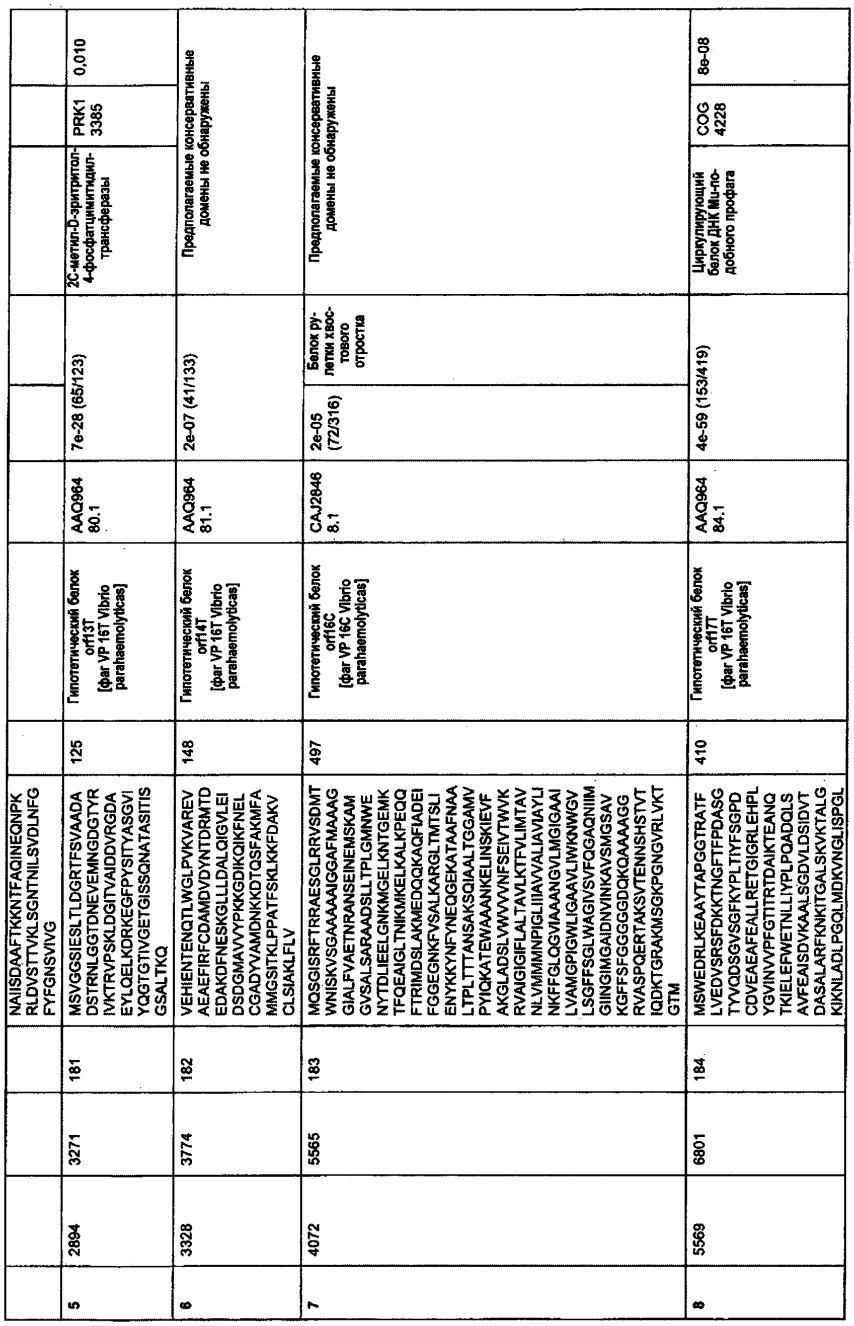
ФИГУРА 3

Таблица 3. Характеристика генных продуктов фага F394/08 и их предполагаемые функции

Orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.:	Аминокислотная последовательность	Размер (аа)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены			
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
1	<2	268	177	NPEQGQAAAAESTPADPAANVS RETKPEDLIKNDVAPAELTPAFYV VAEGRAITSKRGILAAGEAVEARD FVGGEETLNSLLERGLVE	88	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
2	265	720	178	MNIRDLAAQDFLNIVNDKNSGFG VPVVLIAPDGNAQPLSGLTTDISS YIDPETGVLVAGRVASVTFANKAI RAAGFAEMPVAVADSNKRPWVV CFRDPEGIPYLFKVVKAMPDRAIS GIVLELEVYKRSIYFNGAYKFDGT TLYDGVLDLL	151	Гипотетический белок orf10T [фаг VP 16T Vibrio parahaemolyticus]	AAQ964 77.1	4e-17 (51/129)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
3	717	1394	179	MNIEGFKKLQSPINKLDSFEIVRD QIAAILFLELENQKAIAGRAQIDPA RFDMKVYKERSNPWDLFDDGEN KPIINVWFSNSDFDYTNSSTVDK QKTTAIFNIDCIATAISQETATGQT LGDEMASLEVQRVAKVRNILMS DTNTYLQLRGLVWSRRTVLSLNIF QPSAENGMMQNLCAARLVLQAT FSEFSPQYEPQELEILSVTVHNCD GQILFNKEIAKNGN	225	Гипотетический белок orf11C [фаг VP 16C Vibrio parahaemolyticus]	AAQ965 42.1	3e-35 (87/218)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
4	1384	2886	180	MAISTAVDISAVARVLGIKTNFKNL RDGRVVILPQRIALIGQGSTGMVF ATSKRQVTSANEVGSLYGYGSPL HLAAKQLFPNNGDGVGTIPVTVY PLSDADGSQAATGSIELLGTQLE SGAYRVVVNGIRSEQFSILINEAG QTVLNRVAAAINSVLDMPVRATA DSELQKVTLVSKWKGLSANAISV QVDGDLGQGIEFAVTQPAGGLIN PSVSGALSQFGNVWETMVLNCL NIQDTEALSAYSDFGEGRWGALV RKPLIVFTGNTEADVNSAVSVPD ARKRDRTNVQLVAPDSIDLPFVV ASRQLARIVKIANENPACDYGSQ VADGINPGEDGKQWLTNVRDMA VKKGSSTIEIRDNQVFIGDVVTFY HPEGEENPPYRYVCDIVKLQNIIF NLNLIFAVPEWDGAPLIPNDQPTT NPRAKKPSMAVAAIASLVDSLGL	500	Гипотетический хвостовой белок orf12C [фаг VP 16C Vibrio parahaemolyticus]	AAQ965 43.1	4e-120 (228/501)	Белок хвостового чехла	Mu-подобный GpL, белок хвостового чехла бактериофага Mu	pfam 06274	3e-26

ФИГУРА 4А

40

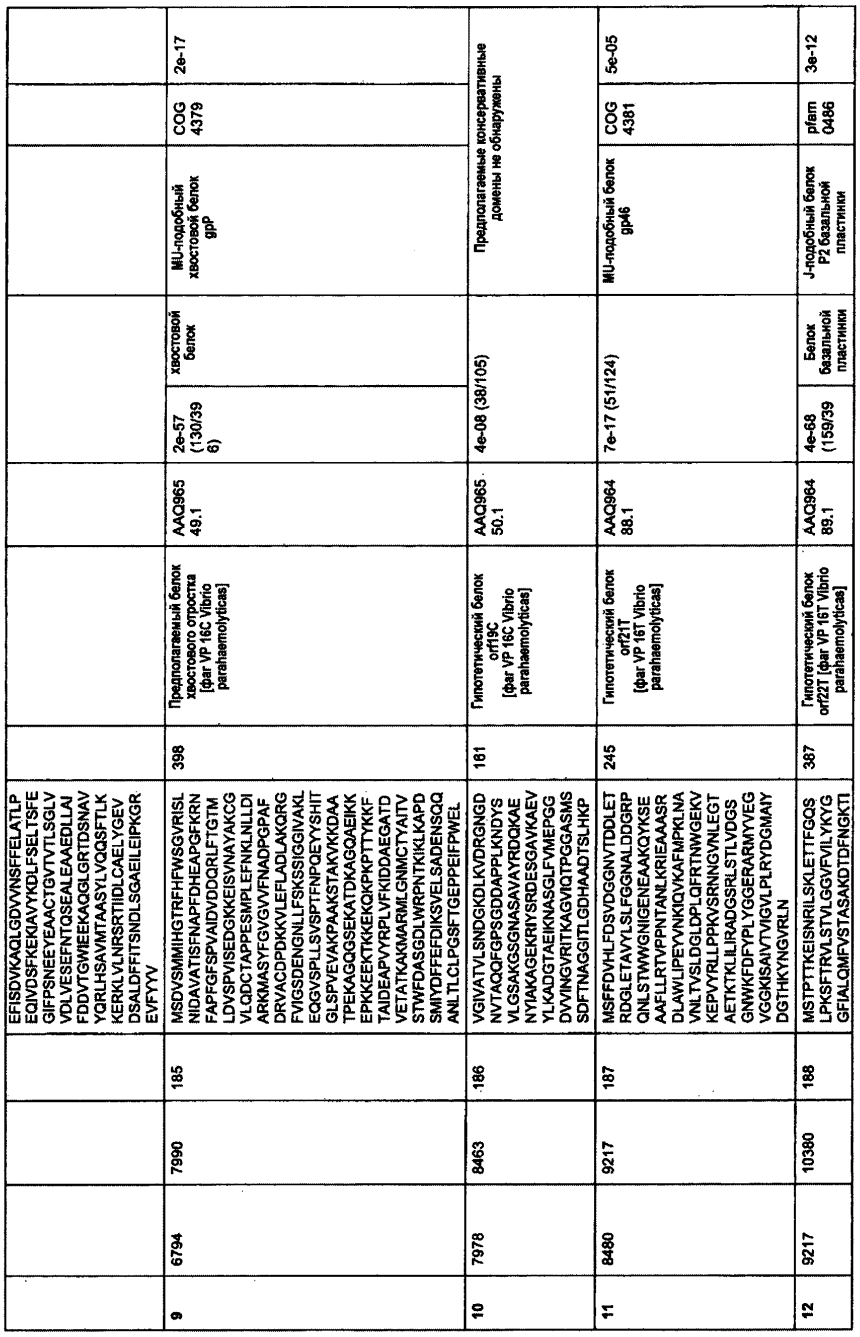


				NAIISDAAFTKKNTFAQINEQNPK RLDVSTTVKLSGNTNILSVDLNFG FYFGNSVIVG										
5	2894	3271	181	MSVGGSIESLTLDGRTFSVAADA DSTRNLGGTDNEVEMNGDGTYR IVKTRVPSKLDGITVAIDDVRGDA EYLQELKDRKEGFPYSITYASGVI YQGTGTIVGETGISSQNATASITIS GSALTKQ	125	Гипотетический белок orf13T [фаг VP 16T Vibrio parahaemolyticus]	AAQ964 80.1	7e-28 (65/123)			2С-метил-D-эритритол-4-фосфатцитидилтрансферазы	PRK1 3385	0,010
6	3328	3774	182	VEHIENTENQTLWGLPVKVAREV AEAEFIRFCDAMDVDYNTDRMTD EDAKDFNESKGLLLDALQIGVLEI DSDGMAVVYPKKGDIKQIKFNEL CGADYVAMDNKKDTQSFAKMFA MMGSITKLPPATFSKLKKFDAKV CLSIAKLFLV	148	Гипотетический белок orf14T [фаг VP 16T Vibrio parahaemolyticus]	AAQ964 81.1	2e-07 (41/133)			Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
7	4072	5565	183	MQSGISRFTRRAESGLRRVSDMT WNISKVSGAAAAAIGGAFMAAAG GIALFVAETNRANSEINEMSKAM GVSALSARAADSLLTPLGMNWE NYTDLIEELGNKMGELKNTGEMK TFQEAIGLTNIKMKELKALKPEQQ FTRIMDSLAKQMEDQQKAQFIADEI FGGEGNKFVSALKARGLTMTSLI ENYKKYNFYNEQGEKATAAFNAA LTPLTTTANSAKSQIAALTGGAMV PYIQKATEWAAANKELINSKIEVF AKGLADSLVWVVVNFSEIVTWVK RVAIGIGIFLALTAVLKTFVLIMTAV NLVMMMNPIGLIIIAVVVALIAVIAYLI NKFFGLQGVIAAANGVLMGIGAAI LVAMGPIGWLIGAAVLIWKNWGV LSGFFSGLWAGIVSVFQGAQNIIM GIINGIMGAIDNVINKAVSMGSAV KGFFSFGGGGGGDQKQAAAAGG RVASPQERTAKSVTENNSHSTVT IQDKTGRAKIMSGKPGNGVRLVKT GTM	497	Гипотетический белок orf16C [фаг VP 16C Vibrio parahaemolyticus]	CAJ2846 8.1	2e-05 (72/316)	Белок рулетки хвостового отростка		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
8	5569	6801	184	MSWEDRLKEAAVTAPGGTRATF LVEDVSRSFDKKTNGFTFPDASG TYVQDSGVSGFKYPLTIYFSGPD CDVEAEAFEALLRETGIGRLEHPL YGVINVVPFGTITRTDAIKTEANQ TKIELEFWETNLLIYPLPQADQLS AVFEAISDVKAALSGDVLDSIDVT DASALARFKNKITGALSKVKTALG KIKNLADLPGQLMDKVNGLISPGL	410	Гипотетический белок orf17T [фаг VP 16T Vibrio parahaemolyticus]	AAQ964 84.1	4e-59 (153/419)			Циркулирующий белок ДНК Mu-подобного профага	COG 4228	8e-08

ФИГУРА 4В

40

41



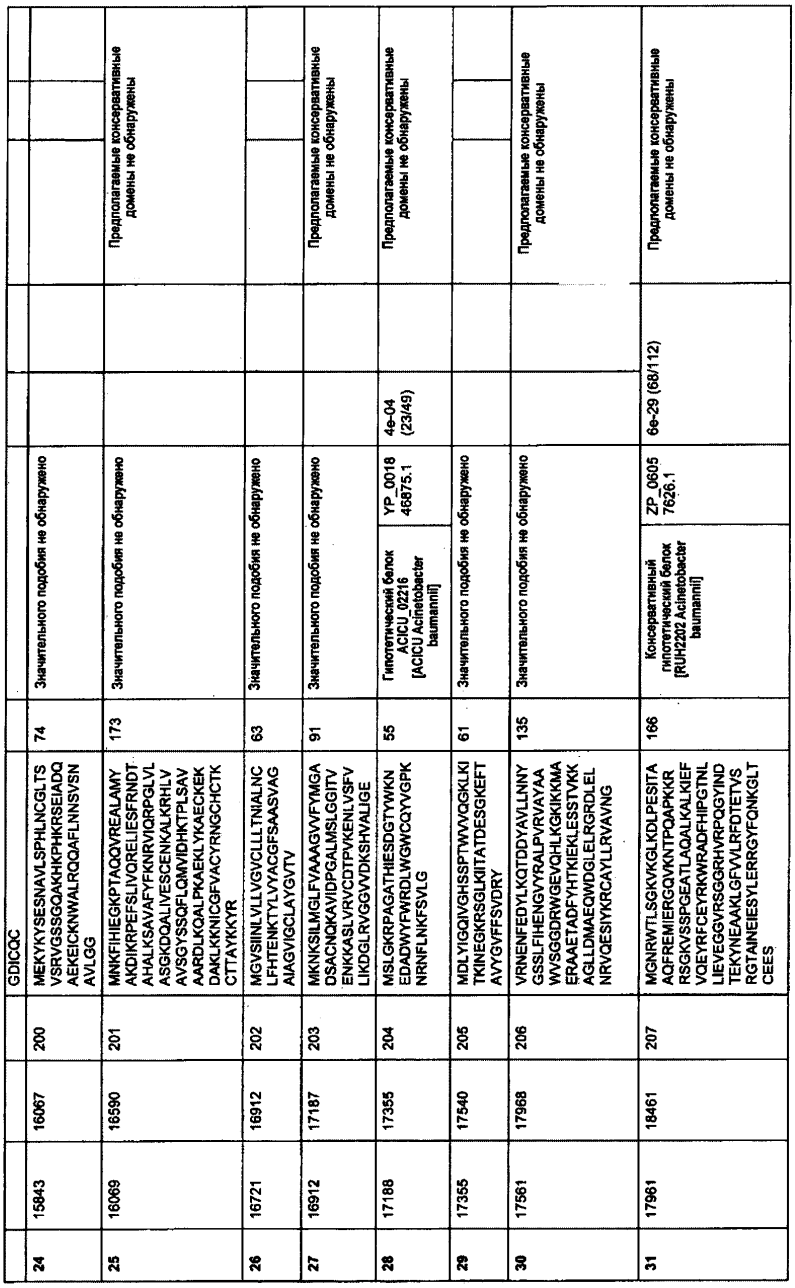
				EFISDVKAQLGDVVNSFFELATLP EQIVDSFKEKIAVYKDLFSELTSFE GIFPSNEEYEAACTGVTVTLSGLV VDLVESEFNTQSEALEAAEDLLAI FDDVTGWEEKAQGLGRTDSNAV YQRLHSAVMTAASYLVQQSFTLK KERKLVLNRSRTIIDLCAELYGEV DSALDPFITSNDLSGAEILEIPKGR EVFYYV								
9	6794	7990	185	MSDVSMMIHGTRFHFWSGVRISL NIDAVATISFNAPFDHEAPGFKRN FAPFGFSPVAIDVDDQRLFTGTM LDVSPVISEDGKKEISVNAYAKCG VLQDCTAPPESMPLEFNKLNLLDI ARKMASYFGVGVVFNADPGPAF DRVACDPDKKVLEFLADLAKQRG FVIGSDENGNLLFSKSSIGGIVAKL EQGVSPLLSVSPTFNPQEYYSHIT GLSPVEVAKPAAKSTAKVKKDAA TPEKAGQGSEKATDKAGQAEIKK EPKKEEKTKKEKQKPKPTTYKKF TAIDEAPVYRPLVFKIDDAEGATD VETATKAKMARMLGNMCTYAITV STWFDASGDLWRPNTKIKLKAPD SMIYDFFEFDIKSVELSADENSQQ ANLTLCLPGSFTGEPPEIFPWEL	398	Предполагаемый белок хвостового отростка [фаг VP 16C Vibrio parahaemolyticus]	AAQ965 49.1	2e-57 (130/39 6)	хвостовой белок	MU-подобный хвостовой белок gpP		COG 4379	2e-17
10	7978	8463	186	VGIVATVLSNDGKDLKVDRGNGD NVTACQQFGPSGDDAPPLKNDYS VLGSAKGSGNASAVAYRDQKAE NYIAKAGEKRYSRDESGAVKAEV YLKADGTAEIKNASGLFVMEPGG DVVINGVRITKAGVMQTPGGASMS SDFTNAGGITLGDHAADTSLHKP	181	Гипотетический белок orf19C [фаг VP 16C Vibrio parahaemolyticus]	AAQ965 50.1	4e-08 (38/105)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены				
11	8480	9217	187	MSFFDVHLFDSVDGGNVTDDLET RDGLETAVYLSLFGGNALDDGRP QNLSTWWGNIGENEAAKQYKSE AAFLLRTVPPNTANLKRIEAAASR DLAWLIPEVVNKIQVKAFMPKLNA VNLTVSLDGLDPLQFRTNWGEKV KEPVYRLLPPKVSRNNGVNLEGT AETKTKLILRADGSRLSTLVDGS GNWKFDFVPLYGGERARMYVEG VGGKNSAIVTVGVLPLRYDGMAIY DGTHKYNGVRLN	245	Гипотетический белок orf21T [фаг VP 16T Vibrio parahaemolyticus]	AAQ964 88.1	7e-17 (51/124)		MU-подобный белок gp46		COG 4381	5e-05
12	9217	10380	188	MSTPTTKEISNRILSKLETTFGQS LPKSFTRVLSTVLGGVFVILYKYG GFIALQMFVSTASAKDTDFNGKTI	387	Гипотетический белок orf22T [фаг VP 16T Vibrio parahaemolyticus]	AAQ964 89.1	4e-68 (159/39	Белок базальной пластинки	J-подобный белок P2 базальной пластинки		pfam 0486	3e-12

ФИГУРА 4С

| | | |

				KNKALAKQIAAKINGVLNIPLRGE SGWKSEGSGQHSRLGFISSGGG LIVELFFISNDDDLAKWDAKKWLV AKEVAAVLIEQVKKAEAA		PlyB064 [gar 054 Listeria]	YP_0014 68737.1	5e-07 (46/171)	Эндолизин			
17	12697	12954	193	MAALTIFNAISEVTSFAGVAREIFD TAANAMDAAQNEKKGGGNKKV WVMAYTMESFINDLGENWERWAK AIFSFIDFAKSIFNSKR	85	Значительного подобия не обнаружено					Предполагаемые консервативные домены не обнаружены	
18	13318	13079	194	MRNTADKSTIDFIEETTGDAYKPV KGCGTVRGYKAGCACNNCHKAQ IGRMADKIVKAALRTRIKSSEPTH QPKEQAWNF	79	Значительного подобия не обнаружено					Предполагаемые консервативные домены не обнаружены	
19	13809	13393	195	MTKTELKTAIIEFSALTTLQVAGQF SIEELTGLKTHLNGQREALLMDKA PAHIKGEKEAKINAQLSDVNNLIK KANKAIGLIQVNQAELKQSKVKQ DTHFLSTFHDVAQSYLTNELYAD LKQKALNVMRIAKANGKND	138	Значительного подобия не обнаружено					Предполагаемые консервативные домены не обнаружены	
20	14092	13865	196	MSETTNLFNPDALDANFFYENSG QALAAALDPIEKCVLEKALKYSKY NIAEVSRILGINRLTVIKKKMKKHGL TEI	75	Значительного подобия не обнаружено					Предполагаемые консервативные домены не обнаружены	
21	14306	14076	197	MKQPVIQRQQLSNFSQETANHG AKIKEILSTLFFCFMLAALSYMFIIK QADEIDKQAEFVAEYNAQFKEYP NERNH	76	Значительного подобия не обнаружено						
22	14582	15553	198	VKKFNTKFKQNLDDANNNAFIPN SFQITNAFVDNIMDKISDAAVKIYLI TVRKTTGWGKQIDSILSQYEAY SGKSRPTVVKCLKELVKVGLLVE HTGTRYGNSYSVALVNSIGFELLS ASKKILLVKSFNYTSKKSLLPLVKI FNTQKQLSKNTNQKQINKRDWFS LKTLKDELFKTGLQIEAEDLTAAK WFDREKTAFENYAPNQNLSDPQ KMYYFVDWLLKAKRKYDAAERQ QAAKAKAEGKKNQQNQNPEDTKTE NDPFKLSTKQISFFASQLAHLPSF AKYCTGNKGFKEFEMWIASMLN NPENVKKWNKYLNELGYLIG	323	Гипотетический белок ACICU_02768 [ACICU Acinetobacter baumanii]	YP_0018 47417.1	9e-48 (136/365)			Предполагаемые консервативные домены не обнаружены	
23	15572	15802	199	MKISNFHFQMQILLLISKNTVLDFE GLKEKLAPSITDNALTECLEELLM WGWVQVQKGLYMYSGVAYQIM	76	Значительного подобия не обнаружено						

ФИГУРА 4Е



				GDICQC							
24	15843	16067	200	MEKYKYSESNAVLSPHLNCGLTS VSRVGSSGQAKHKPHKRSEIADQ AEKEICKNWALRQQAFLNNSVSN AVLGG	74	Значительного подобия не обнаружено					
25	16069	16590	201	MNKFIHEGKPTAQQVREALAMY AKDIKRPEFSLIVQRELIESFRNDT AHALKSAVAFYFKNRVIQRPGLVL ASGKDQALIVESCENKALKRHLV AVSGYSSQFLQMVIDHKTPLSAV AARDLKQALPKAEKLYKAECKEK DAKLKKNICGFVACYRNGCHCTK CTTAYKKYR	173	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены	
26	16721	16912	202	MGVSIINLVLLVGVCLLLTNIALNC LFHTENMKTYLVYACGFSAASVAG AIAGVIGCLAYGVTV	63	Значительного подобия не обнаружено					
27	16912	17187	203	MKNKSILMGLFVAAAGVVFYMGA DSACNQKAVIDPGALMSLGGITV ENKKASLVRVCDTPVKENLVSFV LIKDGLRVGGVVDKSHVALIGE	91	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены	
28	17188	17355	204	MSLGKRPAGATHIESDGTYWKN EDADWYFWRDLWGWCQYVVGPK NRNFLNKFSVLG	55	Гипотетический белок ACICU_02216 [ACICU Acinetobacter baumannii]	YP_0018 46875.1	4e-04 (23/49)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены	
29	17355	17540	205	MDLYIGQIVGHSSPTWVVQGKLKI TKINEGKRSGLKIITATDESGKEFT AVYGVFFSVDRY	61	Значительного подобия не обнаружено					
30	17561	17968	206	VRNENFEDYLKQTDDYAVLLNNY GSSLFIHENGVYRALPVRVAYAA WVSGGDRWGEVQHLKGKIKKMA ERAAETADFYHTKIEKLESSTVKK AGLLDMAEQWDGLELRGRDLEL NRVQESIYKRCAYLLRVAVNG	135	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены	
31	17961	18461	207	MGNRWTLSGKVKGLKDLPESITA AQFREMIERGQVKNTPQAPKKR RSGKVSSPGEATLAQALKLKIEF VQEYRFCEYRKWRADFHIPGTNL LIEVEGGVRSGGRHVRPQGYIND TEKYNEAAKLGFVVLRFDTETVS RGTAINEIESYLERRGYFQNKGLT CEES	166	Консервативный гипотетический белок [RUH2202 Acinetobacter baumannii]	ZP_0605 7626.1	6e-29 (68/112)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены	

ФИГУРА 4F

45

32	18448	18720	208	VKKVKKFKYDWRAVPDHINWLAT YEGGEMAWGYVNKPYRKENAGI WYETGGEWRHRVPVAPYRGHW TQSLEKRPSKAQLVEWVLNGAVV V	90	Значительного подобия не обнаружено		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
33	18896	20953	209	MAENSFIQPIARKDAIALIGRDELV EGGPEGAANKQAIALANNIKYLM GLIPENWGVEKTEYGLDEVVRLS NGDVVKSVIDENINNPNENLSGW SFVTSNSVNTISDLLSIKNPKNGM KVYVLGYHKPDNFALLSPYEGGG LFIYSGNKAAENDGGVVLNGWIR QYVGDVDISWFGAKQGQDASPFI EAALKVKMSIVIRGEYKLETICGIP RQNNYAAKVIRIKGENQASLTVN CPDGAVFTSLDAKANPTSLSNIFT AKIDVFGINFVGTTVANSVLFNGD RLYNINIHHNNFKTNITIVKAYLKR EASRQYTQSVSINHNHLAEIHRVI ESDKSYNFDFAYNMCEACKGGM YIGVDAPYDPSGISITIHRNLIWEA SGVLLKTNGGIIAGSVSKNYFEAN VYQDAAIDKCLIYINRSGTGAGYS GGLTFENNLFSGTSSIPDYVDVR VLGQSTETSGNSKSATTRPPVFI GNWSNSYMLTNMAQAILIGNKCS NREKMLNAYSPQEARVTYYSGY FTKQLANILTDKKLNLLKVNTSAV HAIGSSQANFKTTLDVFFKTSG AVGTAMATFKLDLFVYESVGLGA GNVPKANLKAVMYNFMQSTADD KITPTVNMFSAISDPLINVVDNSD GTYSIELSSFTNKSSPNWGFVSE LHIEYTAQATLIASHTSSYSAANLL TIS	685	Значительного подобия не обнаружено		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены

ФИГУРА 4G

34	21027	21707	210	MFDIDTKQLHGLERRLERLNRRRG LPYATRQTMNDLAFESRAVARAE LPTRMVLRNKHAINSICVTKATSL NISQQAAHVGSTADYMATQETG GIKTKQGGAAVSIPTTTAAGQGR NAKPRTRLPRAALKMGAIHLKRIA ASRNAKNRKQRNAIAMATSDKYV FLDLGRRKGIFRKDKGGGVTMLH DLTRASVQIPKNEWLKPATEAAE RKLPGFYGRALEFQLRRF	226	Гипотетический белок orf62C [phar VP 16C Vibrio parahaemolyticas]	AAQ965 93.1	7e-29 (86/232)		Ftsk-gamma направляет ориентированную транслокацию ДНК и образует «крылатую» структуру спирали	smart 00843	0,005
35	21993	22844	211	MVKKLISRSDFAAKAGVSGAAISK ACKGPLLDAVEGKFIDLNHKSAIA YLESKKNGKTTPALEGIDSLYEEA LEVCREAGRCSQTLLRDKLMIGS DRARKLVALIQNANIQDFEKPAAE KVKREEKARPHTRGTAAKKQQAI QEDDEELFELLLDRNVAQYADMTL RDIVRKFGTATRFAEYLRAMKEIS MIEDREIKIAQTKGELVHRDLVSQ LIEPIDSAHVKLMRDGSKTIAVRM AAMHGSGADINEMQLVTSELIAS FIKPVKAKVNKIATELKRGAEA	283	Гипотетический белок orf2T [phar VP 16T Vibrio parahaemolyticas], вероятно, малая суб-единица терминазы	AAQ964 69.1	2e-07 (35/121)	малая субъединица терминазы			

ФИГУРА 4Н

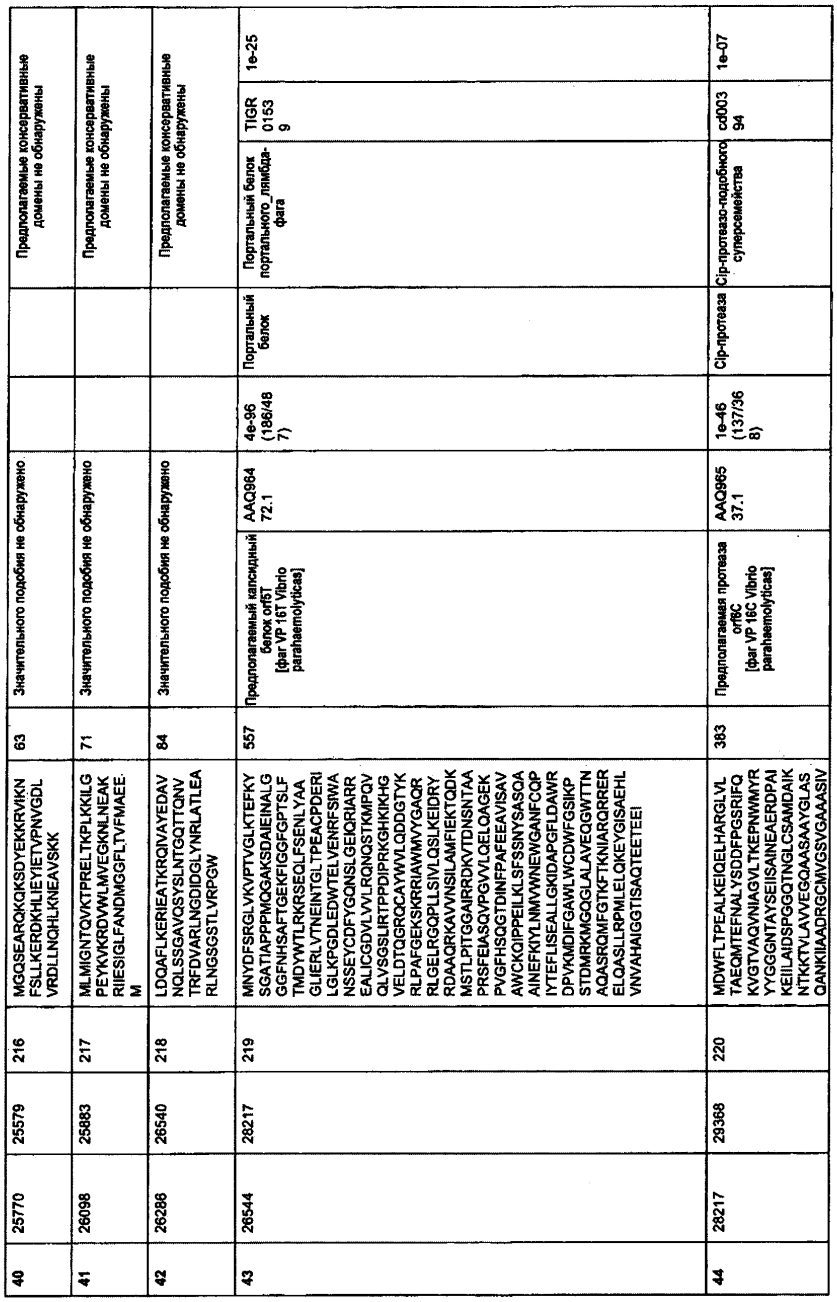
47

36	22847	24826	212	MNFIGMDWLCDKVENLTEYIKHV TPSQFNEENRYLPESVTSIPFGFIR YDVNPFMREIVDCFDINSPVREV NLKKGVQITYSTVLESGALYYMG HVKTLPIMYMTADKELAKARIENN FIPMLAQSDMAHIVRSSDEGNSR KTGKTDNHIQFEGGGYLVPFGAI NANKMRSFSIAVMLKDEIDAWPD RVGKDGDPDKLSDDRCSAYWER RKIFRGSTPLIKGSSKIEKAYLRG DQRKYHVLCKKCSFPQELRWST PDGVGGFKWDTDEDGILKLDSVR YCCQQCGEPHFEHDKERLFSEK FGAKWIPTARPVEPGIRSYHLPAL YSPFGMQPWYKCVIAYLDAFDPV ERKVKDIELYQVFYNNVLAEPFEI QGAKVRFETVSHHRRTVYRLGHI PNRYAVQYAGSPILFLTCQVDVH KSFLAVSVMGWAKDAKCFVIDYL RIEGEDFSDSAEPGWGKLRELIE EKQYIADDGKKYRVALTFIDSGYA NDTVVKFCSEYSSSVYPILGRDR PSKNQAIKEFADFKTQEGTTGFRI IVDHYKDRLAPVLRREWDEMGG GLQPVYHFNAPVDLSDKSLKELT VETRKEKTDASGNTSYFWHRPG NARNELWDLLCYGHAAVEIFAWS LCVKNMEQKEVDWAWFWEFLET EAPYFEQGEPVASE	659	Предполагаемая большая субъединица orf3T терминазы [фаг VP 161 Vibrio parahaemolyticus]	AAQ964 70.1	4e-127 (252/656)	Большая субъединица терминазы	Большая субъединица терминазы фага (GpA)	pfam 05876	1e-69
37	25079	24870	213	MQYENNLEKLKGNKPEGATIVAV KGDRIAYFKEAEQKGRLLTFNRIM WVKTWFTPDHLNLKHFDFIAVL	69	Значительного подобия не обнаружено						
38	25316	25092	214	MNNQSFNNWRGHKIEIVQAGATI QQHGYPVQITDQNTIAFDGKIYMT QNTYNSIAKNMPQCQTPNFNNQ GLNIF	74	Значительного подобия не обнаружено						
39	25582	25334	215	MIDKKYLVFGGWVRSKHDKQSH YVAPRMVAYLYNVNPHECIFITDK TELNPRTHLPYGLNENHNLIKLGP QTNGKYNLPATN	82	Значительного подобия не обнаружено			Предполагаемые консервативные домены не обнаружены			

ФИГУРА 4I

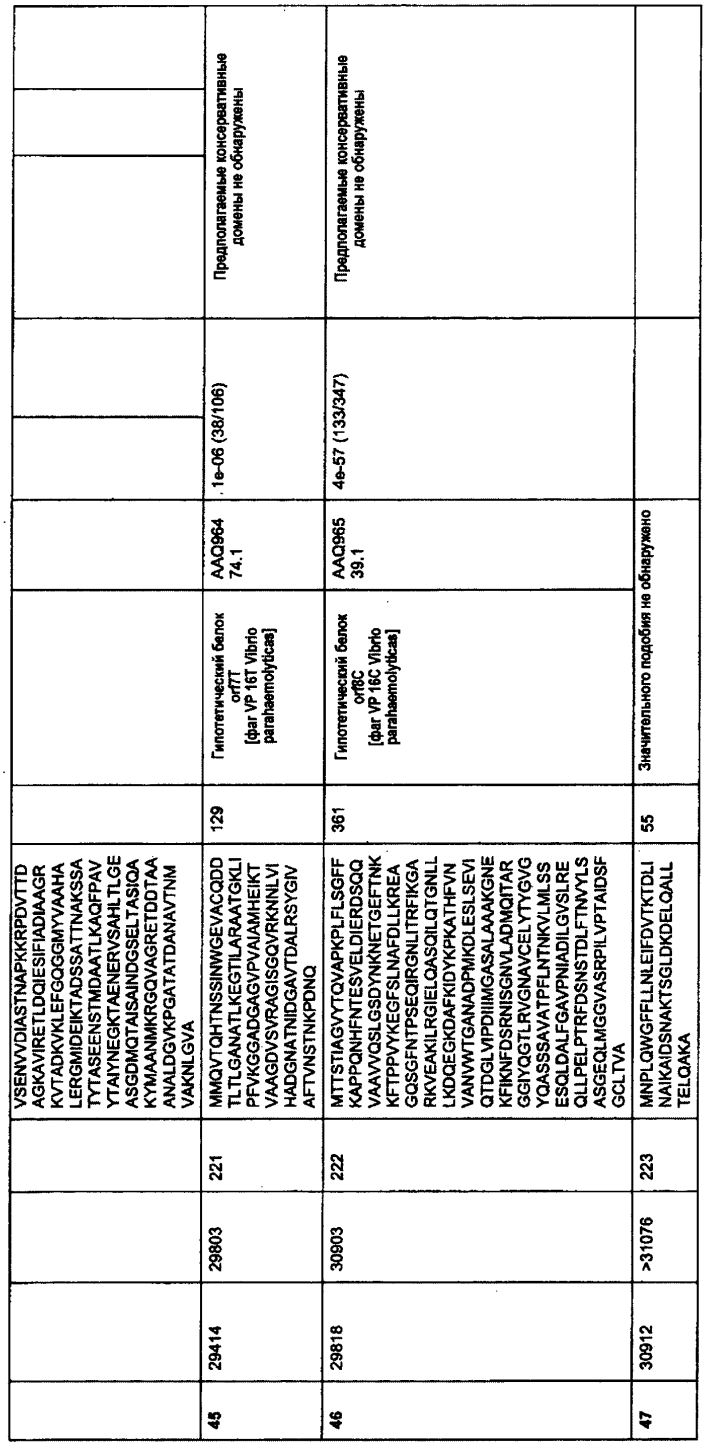
47

48



40	25770	25579	216	MGQSEARQKQKSDYEKKRVIKN FSLLKERDKHLIEYIETVPNVGDL VRDLLNQHLKNEAVSKK	63	Значительного подобия не обнаружено					Предполагаемые консервативные домены не обнаружены					
41	26098	25883	217	MLMIGNTQVKTPRELTKPLKKILG PEYKVKRDVWLMVEGKNLNEAK RIIESIGLFANDMGGFLTVFMAEE M	71	Значительного подобия не обнаружено					Предполагаемые консервативные домены не обнаружены					
42	26286	26540	218	LDQAFLKERIEATKRQIVAYEDAV NQLSSGAVQSYSLNTGQTTQNV TRFDVARLNGDIDGLYNRLATLEA RLNGSGSTLVRPGW	84	Значительного подобия не обнаружено					Предполагаемые консервативные домены не обнаружены					
43	26544	26217	219	MNYDFSRGLVKVPTVGLKTEFKY SGATIAPPPMQGAKSDAIEINALG GGFNHSAFTGEKFIGGPGPTSLF TMDYWTLRKRSEQLFSENLYAA GLIERLVTNEINTGLTPEACPDERI LGLKPGDLEDWTELVENRFSIWA NSSEYCDFYGQNSLGEMQRIARR EALICGDVLVVLRQNQSTKMPQV QLVSGSLIRTPPDIPRKGHKIKHG VELDTQGRQCAYWVLQDDGTYK RLPAFGEKSKRRIAWMVYGAQR RLGELRGQPLLSIVLQSLKEIDRY RDAAQRKAVVNSILAMFIEKTQDK MSTLPITGGAIRRDKVTDNSNTAA PRSFEIASQVPGVVLQELQAGEK PVGFHSQGTDINFPAFEEAVISAV AWCKQIPPEILKLSFSSNYSASQA AINEFKYTLNMVWNEWGANFCQP IYTEFLISEALLGKIDAPGFLDAWR DPVKMDIFGAWLWCDWFGSIKP STDMRKMGQGLALAVEQGWTTN AQASRQMFGTKFTKNIARQRRER ELQASLLRPMLELQKEYGISAEHL VNVAHAIGGTISAQTEETEEI	557	Предполагаемый капсидный белок orf67 [фаг VP 16T Vibrio parahaemolyticus]	AAQ964 72.1	4e-96 (186/48 7)	Портальный белок	Clp-протеаза	Портальный белок портального_лямбда-фага	TIGR 0153 9	1e-25		
44	28217	29368	220	MDWFLTPEALKEIQELHARGLVL TAEQMTEFNALYSDDFPGSRIFQ KVGTVAQVNIAGVLTKEPNWMYR YYGGGNTAYSEIISAINEAERDPAI KEIILAIDSPGGQTNGLCSAMDAIK NTKKTVLAVVEGQAASAAYGLAS QANKIIAADRGCMVGSVGAAASIV	383	Предполагаемая протеаза orf6C [фаг VP 16C Vibrio parahaemolyticus]	AAQ965 37.1	1e-46 (137/36 8)	Clp-протеаза	Clp-протеазо-подобного суперсемейства	cd003 94	1e-07		

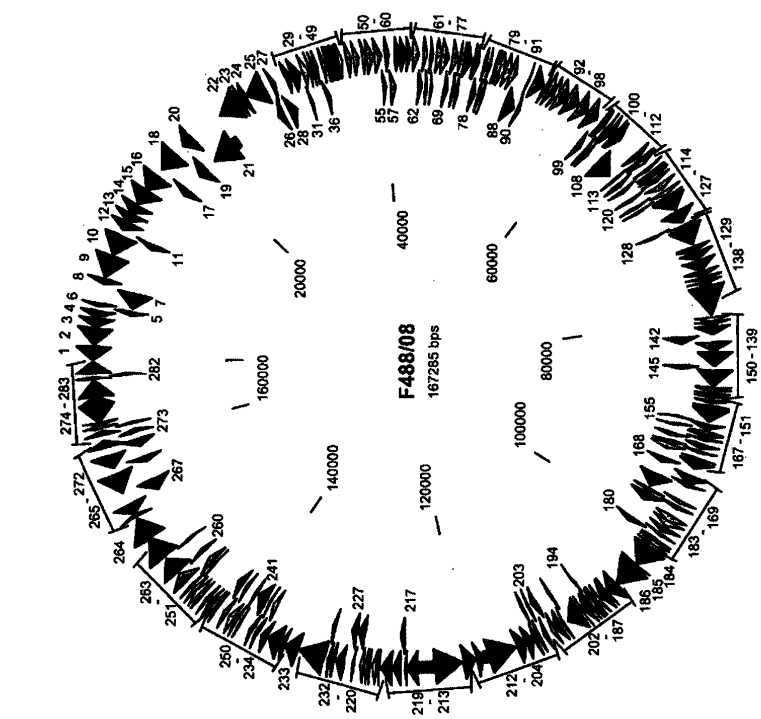
ФИГУРА 4J



				VSENVVDIASTNAPKKRPDVTTD AGKAVIRETLDQESIFIADIAAGR KVTADKVKLEFGQGGMVYAAHA LERGMIDEIKTADSSATTNAKSSA TYTASEENSTMDAATLKAQFPAV YTAIYNEGKTAENERVSAHLTLGE ASGDMQTAISAINDGSELTASIQA KYMAANMKRGQVAGRETDDTAA ANALDGVKPGATATDANAVTNM VAKNLGVA						
45	29414	29803	221	MMQVTQHTNSSINWGEVACQDD TLTLGANATLKEGTILARAATGKLI PFVKGGADGAGVPVAIAMHEIKT VAAGDVSVRAGISGQVRKNNLVI HADGNATNIDGAVTDALRSYGIV AFTVNSTNKPDNQ	129	Гипотетический белок orf7T [фаг VP 16T Vibrio parahaemolyticus]	AAQ964 74.1	1e-06 (38/106)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены	
46	29818	30903	222	MTTSTIAGVYTQVAPKPLFLSGFF KAPPQNHFNTESVELDIERDSQQ VAAVVQSLGSDYNKNETGEFTNK KFTPPVYKEGFSLNAFDLLKREA GQSGFNTPSEQIRGNLITRFIKGA RKVEAKILRGIELQASQILQTGNLL LKDQEGKDAFKIDYKPKATHFVN VANVWTGANADPMKDLESLSEVI QTDGLVIPDIIIMGASALAAAKGNE KFIKNFDSRNISGNVLADMQITAR GGIYQGTLRVGNAVCELYTYGVG YQASSSAVATPFLNTNKVLMLSS ESQLDALFGAVPNIADILGVSLRE QLLPELPTRFDSNSTDLFTNVYLS ASGEQLMGGVASRPILVPTAIDSF GCLTVA	361	Гипотетический белок orf8C [фаг VP 16C Vibrio parahaemolyticus]	AAQ965 39.1	4e-57 (133/347)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены	
47	30912	>31076	223	MNPLQWGFFLLNLEIFDVTKTDLI NAIKAIDSNAKTSGLDKDELQALL TELQAKA	55	Значительного подобия не обнаружено					

ФИГУРА 4К

50



Orf	Предполагаемая функция
1	субъединица предшественника вершины головки
2	основной капсидный белок
3	каркас сердцевинного белка проголовки
4	протеаза сердцевинного белка проголовки
5	сердцевинный белок проголовки
6	сердцевинный белок проголовки
7	портальный белок вершины головки
8	белок трубки хвостового отростка
9	мономер чехла хвостового отростка
10	субъединица терминазы
11	малая субъединица ДНК-терминазы
12	стабилизирующий и завершающий белок хвостового отростка
13	завершающий белок головки
14	белок шейки фага
15	фибриллиновые нити шейки
16	короткие хвостовые волокна
17	завершение хвостового наконечника конусовидной базальной пластинки
18	завершение хвостового наконечника конусовидной базальной пластинки
19	завершение хвостового волокна конусовидной базальной пластинки
20	субъединица конусовидной базальной пластинки
21	инициатор конусовидной базальной пластинки
22	конусовидная базальная пластинка
25	субъединица хаба базальной пластинки и хвостовой лизоцим, кончик, прокалывающий клетку
26	завершение конусовидной базальной пластинки
27	завершение головки
28	защитный белок ДНК-конца
29	стабилизирующий белок завершения и чехла хвостового отростка
30	dNMP-киназа
31	сборка шапероновых длинных и коротких волокон
38	tRNA1-Gln
39	tRNA2-Leu
40	tRNA3-Gly
41	tRNA4-Pro
42	tRNA5-Ser
43	tRNA6-Thr
44	tRNA7-Met
45	tRNA8-Tyr
46	tRNA9-Asn
47	tRNA10-His
48	tRNA11-Arg
58	Nudix гидролаза
59	растворимый лизоцим
60	эндонуклеаза V
69	модификатор валил-тРНК-синтетазы
75	тимидин-киназа
77	регулятор торможения лизиса, мембранный белок
101	NrdC-тиоредоксин

ФИГУРА 5А

50

51

ФИГУРА 6B

Orf	Предполагаемая функция
105	Ингибитор протеазы
107	EndoVII-упаковывающая и рекомбинантная эндонуклеаза
108	суб-единица анаэробной рибонуклеотид-редуктазы
109	суб-единица анаэробной нуклеотид-редуктазы
113	глутаредоксин
126	альфа-глюкозид-трансфераза
127	суб-единица рекомбинантной эндонуклеазы
130	суб-единица рекомбинантной эндонуклеазы
132	белок, связывающий РНК-полимеразу
133	ДНК передвижного "зажима"
134	суб-единица погрузчика зажима, вспомогательный белок ДНК-полимеразы
135	суб-единица погрузчика зажима
136	ген RegA трансляционного репрессорного белка
138	ДНК-полимераза
140	иммунитет к мембранному белку при суперинфекции
141	dCMP-гидроксиметилаза
142	эндодезоксирибонуклеаза
144	RecA-подобный рекомбинантный белок
145	сборка шаперонов вершины головки
146	суб-единица ДНК-примазы-геликазы
147	определитель разложения мРНК
151	периплазматический белок, регуляция лизиса
154	примаза
156	dCTP-пирофосфатаза
159	малая молекула внешнего капсидного белка
162	влияет на фосфорилирование хозяйского гена-сигма 32
163	предполагаемая "ловушка" хозяйского гена-сигма 32
167	аденилприболизирующий фермент
168	аденилприболизирующий фермент

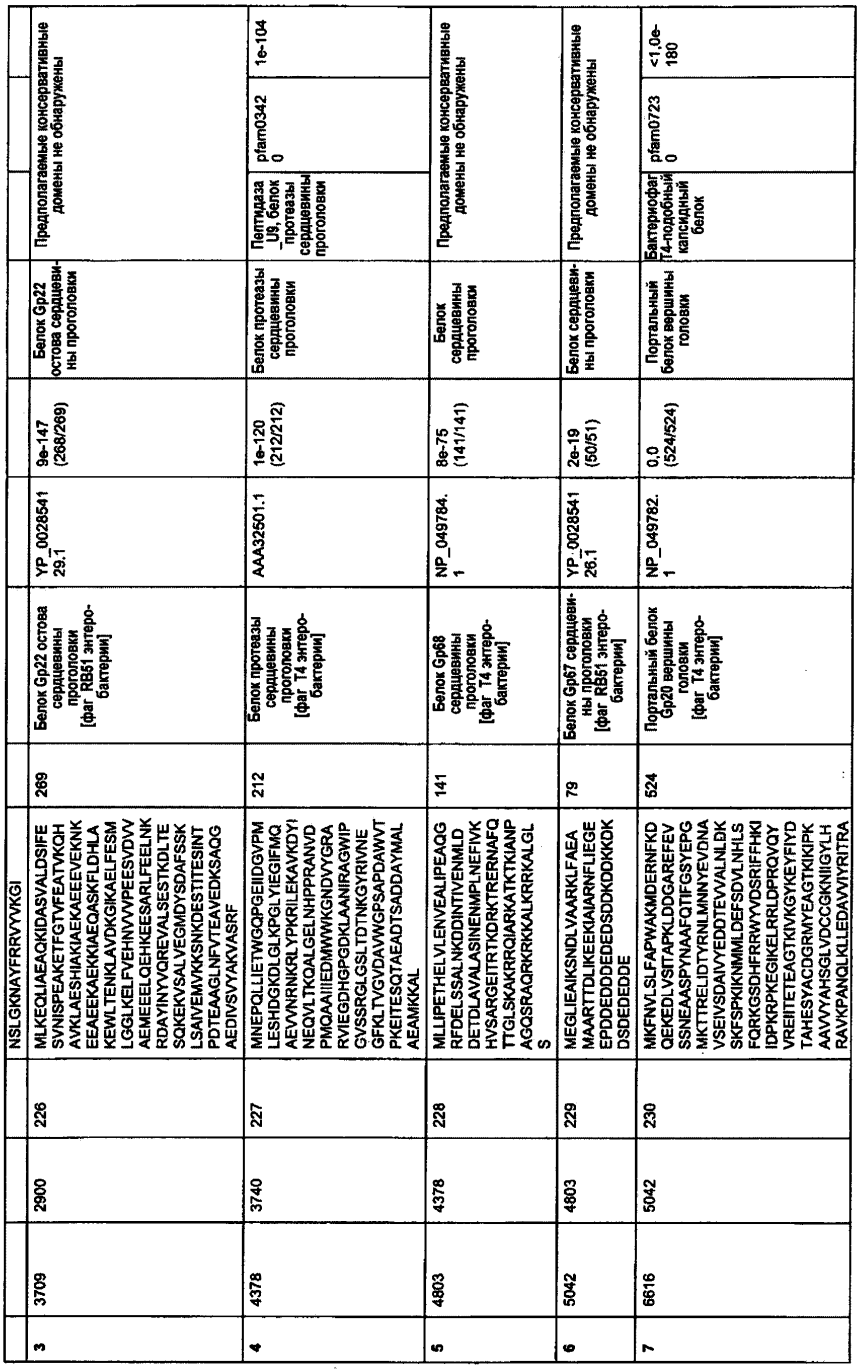
Orf	Предполагаемая функция
169	предполагаемая "ловушка" хозяйского гена-сигма 32 или сигма S
171	ДНК-геликаза
175	DexA-экзонуклеаза A
178	модификатор транскрипции MotB
179	модификатор супрессора T4 тРНК
180	модификатор метаболизма РНК
184	суб-единица ДНК-топоизомеразы
186	мембранно-связанные функции влияют на АТФазу мембраны хозяина
187	rIIB протектор раннего лизиса, индуцированного профагом
189	эндонуклеаза IV
196	белок нуклеотидного расщепления
197	белок резистентности к акридину
198	суб-единица ДНК-топоизомеразы
201	промежуточный промотор активатора
206	ингибитор MotBc рестрикционной нуклеазы
208	белок анти-сигма 70 Asia
209	холин
210	хвостовой фибриллярный белок
211	хвостовой фибриллярный белок
212	длинное хвостовое волокно шарнирного соединения
213	фибриллярный шарнир хвостового отростка
214	проксимальная суб-единица хвостовой нити
215	рибонуклеаза H
216	белок, связывающий dsРНК
217	транскрипционный вспомогательный белок позднего промотора
218	погрузчик orf146 ДНК геликазы
219	ssДНК-связывание, репарация ДНК, рекомбинация и процессинг
225	дигидрофолатредуктаза
227	тимидилатсинтаза

Orf	Предполагаемая функция
228	I-TevI хоминг эндонуклеаза
229	тимидилатсинтаза
232	суб-единица рибонуклеотид-редуктазы A
233	суб-единица рибонуклеотид-редуктазы B
234	эндонуклеаза H
235	РНК-лигаза
236	ингибитор хозяйской транскрипции
241	dN 3'-фосфатаза
248	dCMP-деаминаза
251	кошаперон сборки головки
252	вспомогательный белок rIII подавления лизиса
261	ДНК-лигаза
263	упаковка белка аденозилрибозил-трансферазы
264	РНК-полимераза-АДФ-рибозилаза Alt-пути
266	инициатор базальной пластинки-трубки хвостового отростка
267	базальная пластинка
268	суб-единица хаба базальной пластинки, определитель длины хвостового отростка
269	суб-единица дистального хаба базальной пластинки
270	суб-единица хаба базальной пластинки
271	катализатор сборки хабов базальной пластинки
272	суб-единица хаба базальной пластинки
273	суб-единица конусовидной базальной пластинки
274	рекомбинация, репарация и белок, связывающий ssДНК
277	РНК-ДНК- и ДНК-ДНК-геликаза, АТФаза
278	РНК-ДНК- и ДНК-ДНК-геликаза
279	минорный капсидный белок
280	внешний капсидный белок Hoc
283	РНК-лигаза 2 RnlB

Таблица 5. Характеристика генных продуктов фага F391/08 и их предполагаемые функции

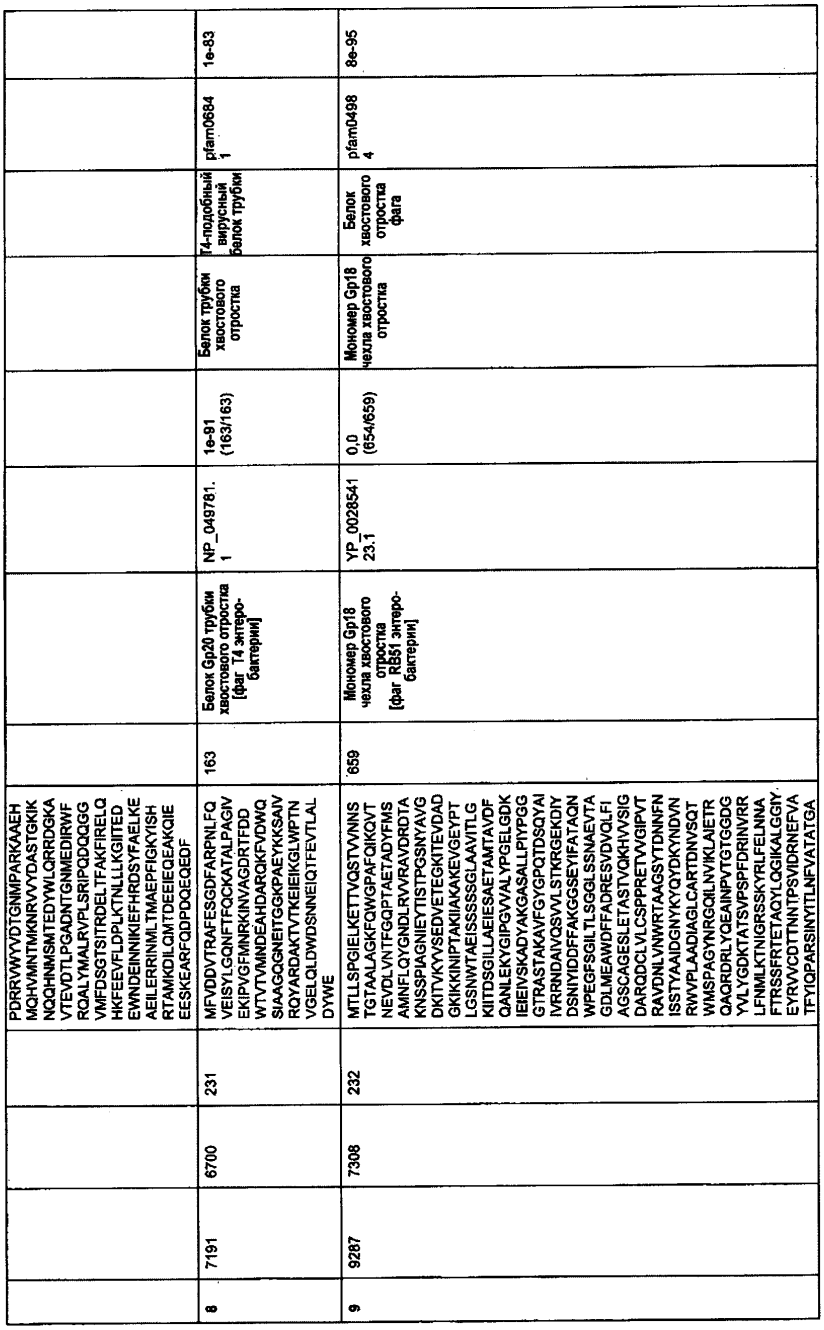
Orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.:	Аминокислотная последовательность	Размер (аа)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
1	1232	<3	224	MAKINELLRESTTTNSNSIGRPNL VALTRATTKLIYSDIVATQRTNQP VAAFYGIKYLNPDNEFTFKTGAT YAGEAGYVDREQITELTEESKLT LNKGDLFKYNNIVYKVLEDTPFA DIEESDLELALQIAIVLLKVRLFSD AASTSKFESSDSEIADARFQIINK WQTAVKSRKLKTGITVELAQDLE ANGFDAPNFLEDLLATEMADEIN KDILQSLITVSKRYKVTGITDTGFI DLSYASAPEAGRSLYRMVCEMV SHIQKESTYTATFCVASARAAAIL AASGWLKHKPEDDKYLSQNAYG FLANGLPLYCDTNSPLDYVIVGV VENIGEKEIVGSIFTAPYTEGLDL DDPEHVGAFKVVDPESLQPSIG LLVRYALSANPYTVAKDEKEARII DGGDMDKMAGRS	410	Предшественник Gp24 суб-единицы вершины головки [фаг RB14 энтеробактерии]	YP_002854509.1	0,0 (410/410)	Предшественник суб-единицы вершины головки	Основной капсидный белок Gp23	pfam07068	5e-13
2	2881	1316	225	MTIKTKAELLNKWKPLLEGEGLP EIANSKQAIIAKIFENQEKDFQTA PEYKDEKIADAFGSFLTEAEIGG DHGYNATNIAAGQTSGAVTQIGP AVMGMVRRAIPNLIAFDICGVQP MNSPTGQVFALRAVYGKDPIAS GAKEAFHPMYGPDAMFSGQGA AKKFAALKASDTLEVGTIYTHFFQ ETGTVYLQATAAKQIDSGASDAD KLDAEIKKQMEAGVLVEIAEGMA TSIAELQEGFNGSTDNPWNEMG FRIDKQVIEAKSRQLKAAYSIELA QDLRAVHGMDADAELSGILATEI MLEINREVVDWINYSAQVGKSG MTLTPGSKAGVFDFQDPIDIRGA RWAGESFKALLFQIDKEAVEIAR QTGRGEGNFIIASRNVVNVLASV DTGISYAAQGLATGFNTDTTKSV FAGVLGGKYRVYIDQYAKQDYFT VGYKGPNEMDAGIYYAPYVALTP LRGSDPKNFQPVMGFKTRYGIGI NPFAESAAQAPASRIQSGMPSIL	521	Основной капсидный белок Gp22 (g23) [фаг T4 энтеробактерии]	AAA32503.1	0,0 (503/521)	Основной капсидный белок	Основной капсидный белок Gp23	pfam07068	<1,0e-180

ФИГУРА 6А



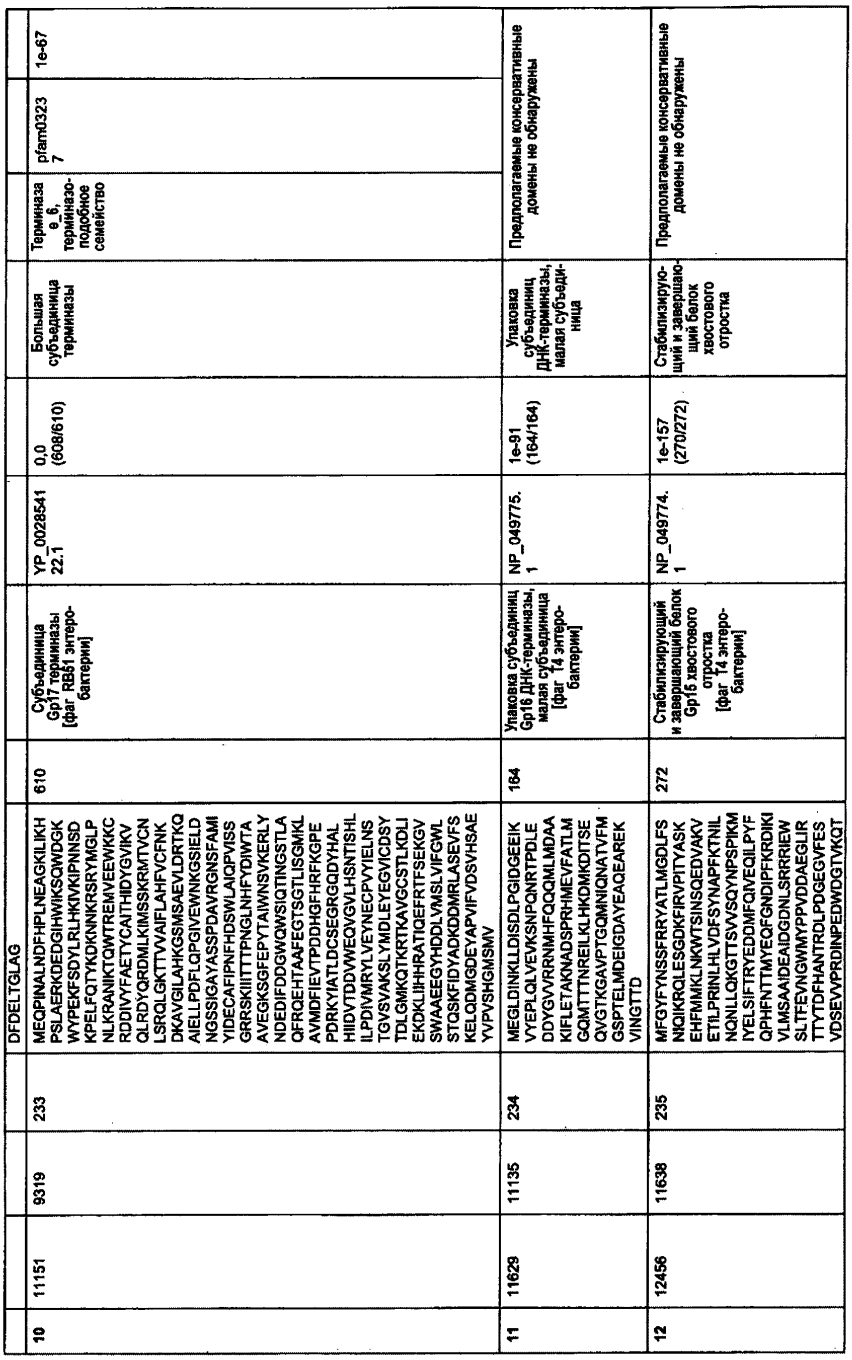
				NSLGKNAYFRRVYVKGI							
3	3709	2900	226	MLKEQLIAEAQKIDASVALDSIFE SVNISPEAKETFGTVFEATVKQH AVKLAESHIAKIAEKAEEEVEKNK EEAEEKAEKKIAEQASKFLDHLA KEWLTENKLAVDKGIKAELFESM LGGLKELFVEHNVVVPEESVDVV AEMEEELQEHKEESARLFEELNK RDAYINYVQREVALSESTKDLTE SQKEKVSALVEGMDYSDAFSSK LSAIVEMVKKSNKDESTITESINT PDTEAAGLNFVTEAVEDKSAQG AEDIVSVYAKVASRF	269	Белок Gp22 остова сердцевины протоловки [фаг RB51 энтеробактерии]	YP_0028541 29.1	9e-147 (268/269)	Белок Gp22 остова сердцевины протоловки		
4	4378	3740	227	MNEPQLLIETWGQPGEIIDGVPM LESHDGKDLGLKPGLYIEGIFMQ AEVVNRNKRLYPKRILEKAVKDYI NEQVLTKQALGELNHPPRANVD PMQAAIIIEDMWWKGNDVYGRA RVIEGDHGPGDKLAANIRAGWIP GVSSRGLGSLTDTNKGYRIVNE GFKLTVGVDAVWGPSAPDAWVT PKEITESQTAEADTSADDAYMAL AEAMKKAL	212	Белок протеазы сердцевины протоловки [фаг T4 энтеробактерии]	AAA32501.1	1e-120 (212/212)	Белок протеазы сердцевины протоловки	Пептидаза_U9, белок протеазы сердцевины проголовки	pfam03420 1e-104
5	4803	4378	228	MLLIPETHELVLENVEALIPEAQG RFDELSSALNKDDINTIVENMLD DETDLAVALASINENMPLNEFIVK HVSARGEITRTKDRKTRERNAFQ TTGLSKAKRRQIARKATKTKIANP AGQSRAQRKRKKALKRRIKALGL S	141	Белок Gp68 сердцевины протоловки [фаг T4 энтеробактерии]	NP_049784.1	8e-75 (141/141)	Белок сердцевины протоловки	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены	
6	5042	4803	229	MEGLIEAIKSNDLVAARKLFAEA MAARTTDLIKEEKIAIARNFLIEGE EPDDEDDDEDEDSDDKDDKKDK DSDEDEDDE	79	Белок Gp67 сердцевины проголовки [фаг RB51 энтеробактерии]	YP_0028541 28.1	2e-19 (50/51)	Белок сердцевины проголовки	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены	
7	6616	5042	230	MKFNVLSLFAPWAKMDERNFKD QEKEDLVSITAPKLDDGAREFEV SSNEAASPYNAAFQTIFGSYEPG MKTTRELIDTYRNLIMNYEVDNA VSEIVSDAIVYEDDTEVVALNLDK SKFSPKIKNMMLDEFSDVLNHLS FQRKGSDHFRRWYVDSRIFFHKI IDPKRPKEGIKELRRLDPRQVQY VREIITETEAGTKIVKGYKEYFIYD TAHESYACDGRMYEAGTKIKIPK AAVVYAHSGLVDCCGKNIIGYLH RAVKPANQLKLLEDAVVIYRITRA	524	Портальный белок Gp20 вершины головки [фаг T4 энтеробактерии]	NP_049782.1	0.0 (524/524)	Портальный белок вершины головки	Бактериофаг T4-подобный капсидный белок	pfam07230 <1.0e-180

ФИГУРА 6В



				PDRRVWYVDTGNMPARKAAEH MQHVMNTMKNRVVYDASTGKIK NQQHNMSMTEDYWLQRRDGKA VTEVDTLPGADNTGNMEDIRWF RQALYMALRVPLSRIPQDQQGG VMFDSGTSITRDELTFAKFIRELQ HKFEEVFLDPLKTNLLLKGITED EWNDEINNIKIEFHRDSYFAELKE AEILERRINMLTMAEPFIGKYISH RTAMKDILQMTDEEIEQIEAKQIE EESKEARFQDPDQEQEDF	163	Белок Gp20 трубки хвостового отростка [фаг T4 энтеробактерии]	NP_049781.1	1e-91 (163/163)	Белок трубки хвостового отростка	T4-подобный вирусный белок трубки	pfam0684 1	1e-83
8	7191	6700	231	MFVDDVTRAFESGDFARPNLFQ VEISYLGQNFTFQCKATALPAGIV EKIPVGFMNRKINVAGDRTFDD WTVTVMNDEAHDARQKFVDWQ SIAAGQGNEITGGKPAEYKKKSAIV RQYARDAKTVTKEIEIKGLWPTN VGELQLDWDSNNEIQTFEVTLAL DYWE									
					659	Мономер Gp18 чехла хвостового отростка [фаг RB51 энтеробактерии]	YP_0028541 23.1	0,0 (854/659)	Мономер Gp18 чехла хвостового отростка	Белок хвостового отростка фага	pfam0498 4	8e-95
9	9287	7308	232	MTLLSPGIELKETTVQSTVVNNS TGTAALAGKFQWGPAFQIKQVT NEVDLVNTFGQPTAETADYFMS AMNFLQYGNDLRVVRAVDRDTA KNSSPIAGNIEYTISTPGSNYAVG DKITVKYVSEDVETEGKITEVDAD GKIKKINIPTAKIIAKAKEVGEYPT LGSNWTAEISSSSSGLAAVTLG KITDSGILLAEIESAETAMTAVDF QANLEKYGIPGVVALYPGELGDK IEIEIVSKADYAKGASALLPIYPGG GTRASTAKAVFGYGPQTDSQYAI IVRRNDAIVQSVVLSTKRGEKDIY DSNIYIDDFFAKGGSEYIFATAQN WPEGPSGILTLSGGLSSNAEVTA GDLMEAWDFFADRESVDVQLFI AGSCAGESLETASTVQKHVVSIG DARQDCLVLCSPPRETVVGIPVT RAVDNLVNWRTAAGSYTDNNFN ISSTYAAIDGNYKYQYDKYNDVN RWVPLAADIAGLCARTDNVSQT WMSPAGYNRGQILNVKLAIETR QAQRDRLYQEAINPVTGTGGDG YVLYGDKTATSVPSPFDRINVRR LFNMLKTNIGRSSKYRLFELNNA FTRSSFRTETAQYLQGIKALGGNY EYRVVCDTTNNTPSVIDRNEFVA TFYIQPARSINYTTLNFVATATGA									

ФИГУРА 6С

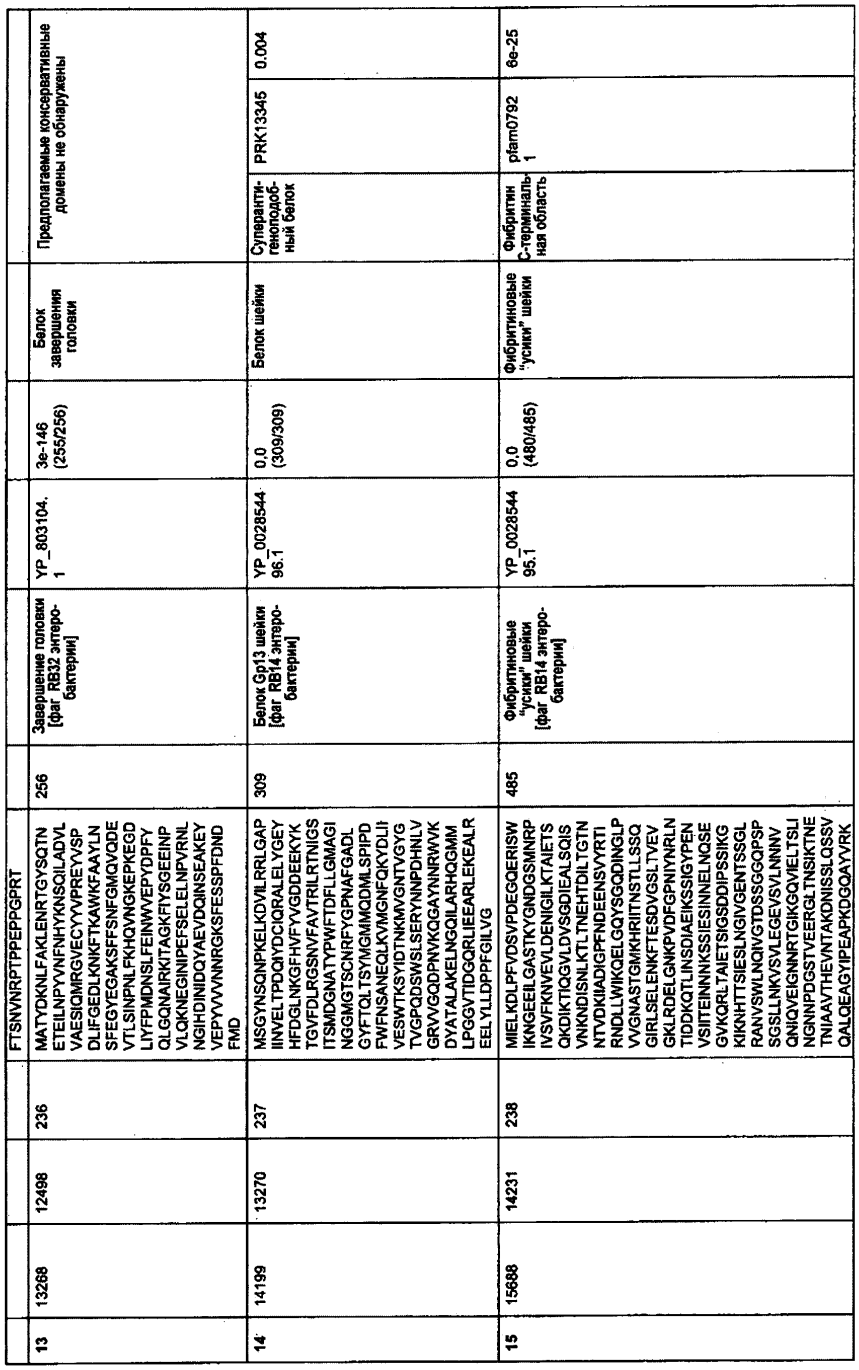


				DFDELTGLAG								
10	11151	9319	233	MEQPINALNDFHPLNEAGKILIKH PSLAERKDEDGIHWIKSQWDGK WYPEKFSDYLRLHKIVKIPNNSD KPELFQTYKDKNNKRSRYMGLP NLKRANIKTQWTREMVEEWKKKC RDDIVYFAETYCAITHIDYGVIKV QLRDYQRDMLKIMSSKRMTVCN LSRQLGKTTVVAIFLAHFVCFNK DKAVGILAHKGSMSAEVLDRTKQ AIELLPDFLQPGIVEWNKGSIELD NGSSIGAYASSPDAVRGNSFAMI YIDECAFIPNFHDSWLAIQPVISS GRRSKIIITTPNGLNHFYDIWTA AVEGKSGFEPYTAIWNSVKERLY NDEDIFDDGWQWSIQTINGSTLA QFRQEHTAAFEGTSGTLISGMKL AVMDFIEVTPDDHGFHRFKGPE PDRKYIATLDCSEGRGQDYHAL HIIDVTDDVWEQVGVLHSNTISHL ILPDIVMRYLVEYNECPVYIELNS TGVSVAKSLYMDLEYEGVICDSY TDLGMKQTKRTKAVGCSTLKDLI EKDKLIHHRATIQEFRTFSEKGV SWAAEEGYHDDLYMSLVIFGWL STQSKFIDYADKDDMRLASEVFS KELQDMGDEYAPVIFVDSVHSAE YVPVSHGMSMV	610	Суб-единица Gp17 терминазы [фаг RB51 энтеробактерии]	YP_0028541 22.1	0.0 (608/610)	Большая суб-единица терминазы	Терминаза в_6, терминазоподобное семейство	pfam0323 7	1e-67
11	11629	11135	234	MEGLDINKLLDISDLPGIDGEEIK VYEPLQLVEVKSNPQNRTPDLE DDYGVVRRNMHFQQQMLMDAA KIFLETAKNADSPRHMEVFATLM GQMTTTNREILKLHKDMKDITSE QVGTKGAVPTGQMNIQNATVFM GSPTELMDEIGDAYEAQEAREK VINGTTD	164	Упаковка суб-единиц Gp16 ДНК-терминазы, малая суб-единица [фаг T4 энтеробактерии]	NP_049775. 1	1e-91 (164/164)	Упаковка суб-единиц, ДНК-терминазы, малая суб-единица	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
12	12456	11638	235	MFGYFYNSSFRRYATLMGDLFS NKQIKRQLESGDKFIRVPITYASK EHFMMKLNKWTSINSQEDVAKV ETILPRINLHLVDFSYNAPFKTNIL NQNLLQKGTTSVVSQYNPSPIKM IYELSIFTRYEDDMFQIVEQILPYF QPHFNTTMYEQFGNDIPFKRDIKI VLMSAAIDEAIDGDNLSRRRIEW SLTFEVNGWMYPPVDDAEGLIR TTYTDFHANTRDLPDGEGVFES VDSEVVPRDINPEDWDGTVKQT	272	Стабилизирующий и завершающий белок Gp15 хвостового отростка [фаг T4 энтеробактерии]	NP_049774. 1	1e-157 (270/272)	Стабилизирующий и завершающий белок хвостового отростка	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

ФИГУРА 6D

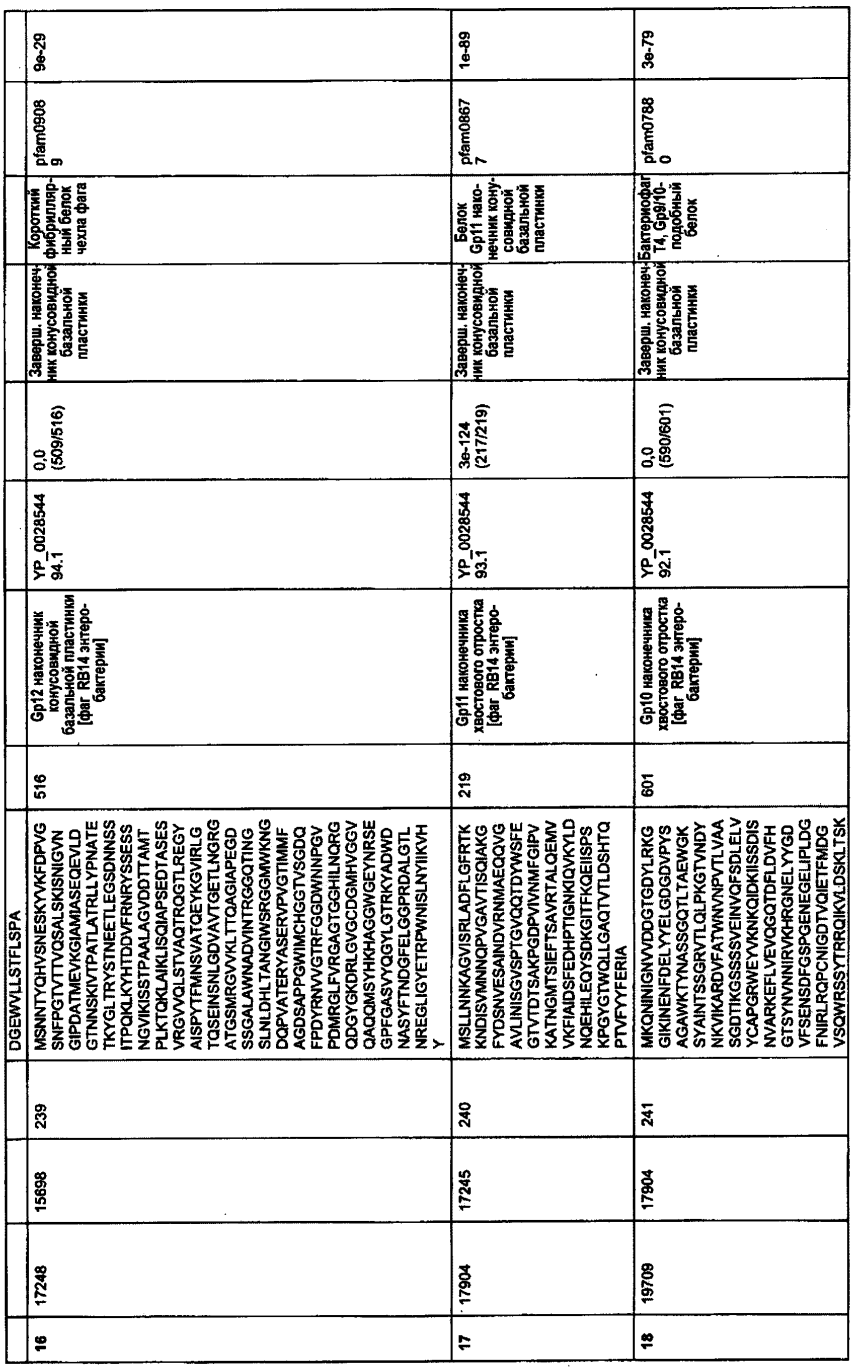
55

56



				FTSNVNRPTPPEPPGPRT						
13	13268	12498	236	MATYDKNLFAKLENRTGYSQTN ETEILNPYVNFNHYKNSQILADVL VAESIQMRGVECYVPREYVSP DLIFGEDLKNKFTKAWKFAAYLN SFEGYEGAKSFFSNFGMQVQDE VTLSINPNLFKHQVNGKEPKEGD LIYFPMDNSLFEINWVEPYDPFY QLGQNAIRKITAGKFIYSGEEINP VLQKNEGINIPEFSELELNPVRNL NGIHDINIDQYAEVDQINSEAKEY VEPYVVVNNRGKSFESSPFDND FMD	256	Завершение головки [фаг RB32 энтеробактерии]	YP_803104.1	3e-146 (255/256)	Белок завершения головки	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены	
14	14199	13270	237	MSGYNSQNPKELKDVILRRLGAP IINVELTPDQIYDCIQRALELYGEY HFDGLNKGFHVFYVGDDEEKYK TGVFDLRGSNVFAVTRILRTNIGS ITSMDGNATYPWFTDFLLGMAGI NGGMGTSCNRFYGPNAFGADL GYFTQLTSYMGMMQDMLSPIPD FWFNSANEQLKVMGNFQKYDLII VESWTKSYIDTNKMVGNTVGYG TVGPQDSWSLSERYNNPDHNLV GRVVGQDPNVKQGAYNNRWVK DYATALAKELNGQILARHQGMM LPGGVTIDGQRLIEEARLEKEALR EELYLLDPPFGILVG	309	Белок Gp13 шейки [фаг RB14 энтеробактерии]	YP_0028544 96.1	0.0 (309/309)	Белок шейки	Суперантигеноподобный белок	PRK13345	0.004
15	15688	14231	238	MIELKDLPFVDSVPDEGQERISW IKNGEEILGASTKYGNDGSMNRP IVSVFKNVEVLDENIGILKTAIETS QKDIKTIQGVLDVSGDIEALSQIS VNKNDISNLKTLTNEHTDILTGTN NTVDKIIADIGPFNDEENSVYRTI RNDLLWIKQELGQYSGQDINGLP VVGNASTGMKHRIITNSTLLSSQ GIRLSELENKFTESDVGSLTVEV GKLRDELGNKPVDFGPNIYNRLN TIDDKQTLINSDIAEIKSSIGYPEN VSIITEINNIKSSIESINNELNQSE GVKQRLTAIETSIGSDDIPSSIKG KIKNHTTSIESLNGIVGENTSSGL RANVSWLNQIVGTDSSGGQPSP SGSLLNKVSVLEGEVSVLNNNV QNIQVEIGNNRTGIKGQVIELTSLI NGNNPDGSTVEERGLTNSIKTNE TNIAAVTHEVNTAKDNISSLQSSV QALQEAGYIPEAPKDGQAYVRK	485	Фибритиновые "усики" шейки [фаг RB14 энтеробактерии]	YP_0028544 95.1	0.0 (480/485)	Фибритиновые "усики" шейки	Фибритин С-терминальная область	pfam07921	6e-25

ФИГУРА 6E

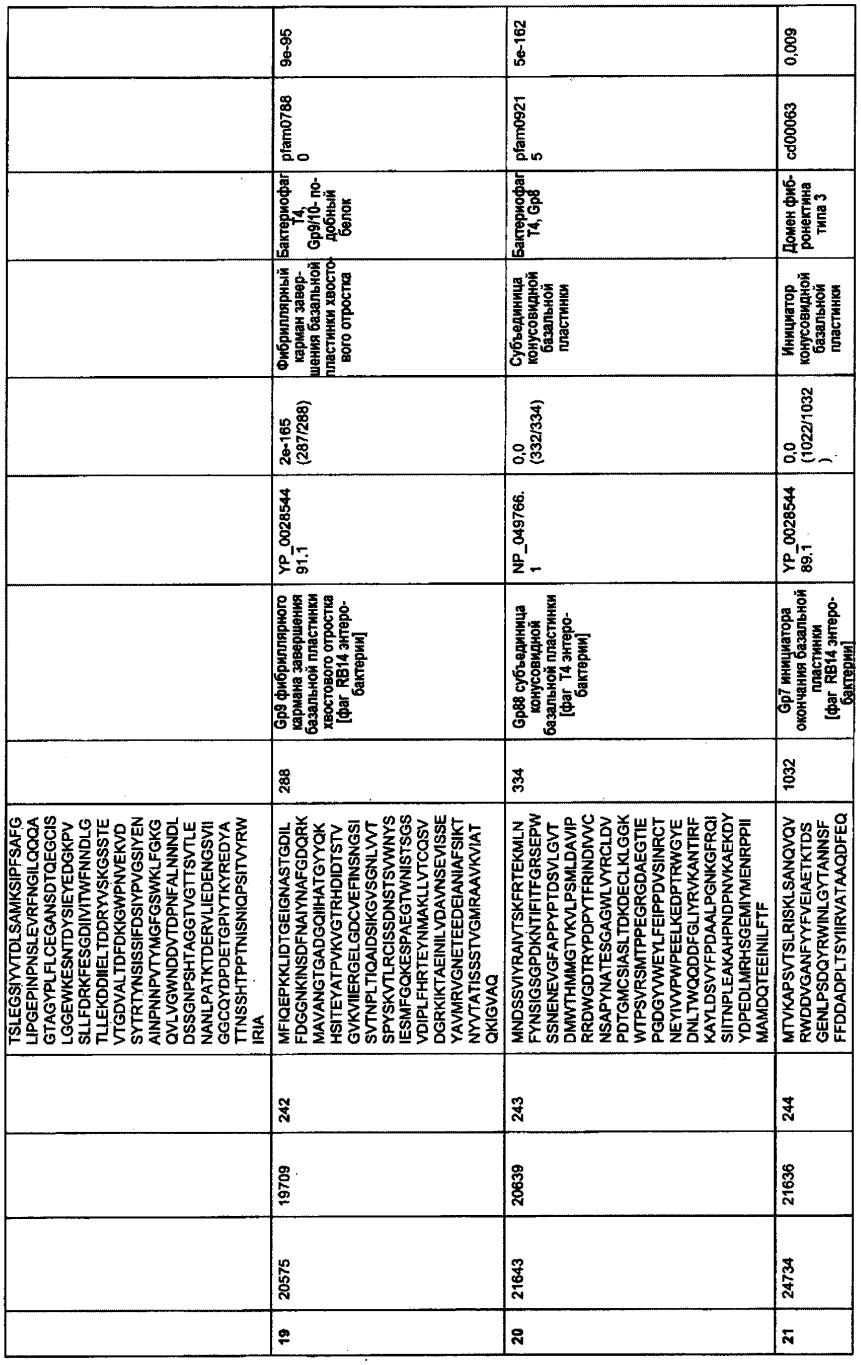


				DGEWVLLSTFLSPA									
16	17248	15898	239	MSNNTYQHVSNESKYVKFDPVG SNFPGTVTTVDSALSKISNIGVN GIPDATMEVKGIAMIASEQEVLD GTNNSKIVTPATLATRLLYPNATE TKYGLTRYSTNEETLEGSDNNSS ITPQKLKYHTDDVFRNRYSSESS NGVIKISSTPAALAGVDDTTAMT PLKTQKLAIKLISQIAPSEDTASES VRGVVQLSTVAQTRQGTLREGY AISPYTFMNSVATQEYKGVIRLG TQSEINSNLGDVAVTGETLNGRG ATGSMRGVVKLTTQAGIAPEGD SSGALAWNADVINTRGGQTING SLNLDHLTANGIWSRGGMWKNG DQPVATERYASERVPVGTIMMF AGDSAPPGWIMCHGGTVSGDQ FPDYRNVVGTRFGGDWNNPGV PDMRGLFVRGAGTGGHILNQRG QDGYGKDRLGVGCDGMHVGGV QAQQMSYHKHAGGWGEYNRSE GPFGASVYQGYLGTRKYADWD NASYFTNDGFELGGPRDALGTL NREGLIGYETRPWNISLNYIIKVH Y	516	Gp12 наконечник конусовидной базальной пластинки [фаг RB14 энтеробактерии]	YP_0028544 94.1	0,0 (509/516)	Заверш. наконечник конусовидной базальной пластинки	Короткий фибриллярный белок чехла фага	pfam0908 9	9e-29
17	17904	17245	240	MSLLNNKAGVISRLADFLGFRTK KNDISVMNNQPVGAVTISQIAKG FYDSNVESAINDVRNMAEQQVG AVLINISGVSPTGVQQTDYWSFE GTVTDTSAKPGDPVIVNMFGIPV KATNGMTSIEFTSAVRTALQEMV VKFIAIDSFEDHPTIGNKIQVKYLD NQEHILEQYSDKGITFKQEIISPS KPGYGTWQLLGAQTVTLDSHTQ PTVFYYFERIA	219	Gp11 наконечника хвостового отростка [фаг RB14 энтеробактерии]	YP_0028544 93.1	3e-124 (217/219)	Заверш. наконечник конусовидной базальной пластинки	Белок Gp11 наконечник конусовидной базальной пластинки	pfam0867 7	1e-89
18	19709	17904	241	MKQNINIGNVVDDGTGDYLRKG GIKINENFDELYYELGDGDVPYS AGAWKTYNASSGQTLTAEWGK SYAINTSSGRVTLQLPKGTVNDY NKVIKARDVFATWNVNPVTLVAA SGDTIKGSSSSVEINVQFSDLELV YCAPGRWEYVKNKQIDKIISSDIS NVARKEFLVEVQGQTDFLDVFH GTSYNVNNIRVKHRGNELYYGD VFSENSDFGSPGENEGELIPLDG FNIRLRQPCNIGDTVQIETFMDG VSQWRSSYTRRQIIKVLDSKLTSK	601	Gp10 наконечника хвостового отростка [фаг RB14 энтеробактерии]	YP_0028544 92.1	0,0 (590/601)	Заверш. наконечник конусовидной базальной пластинки	Бактериофаг T4, Gp9/10-подобный белок	pfam0788 0	3e-79

ФИГУРА 6F

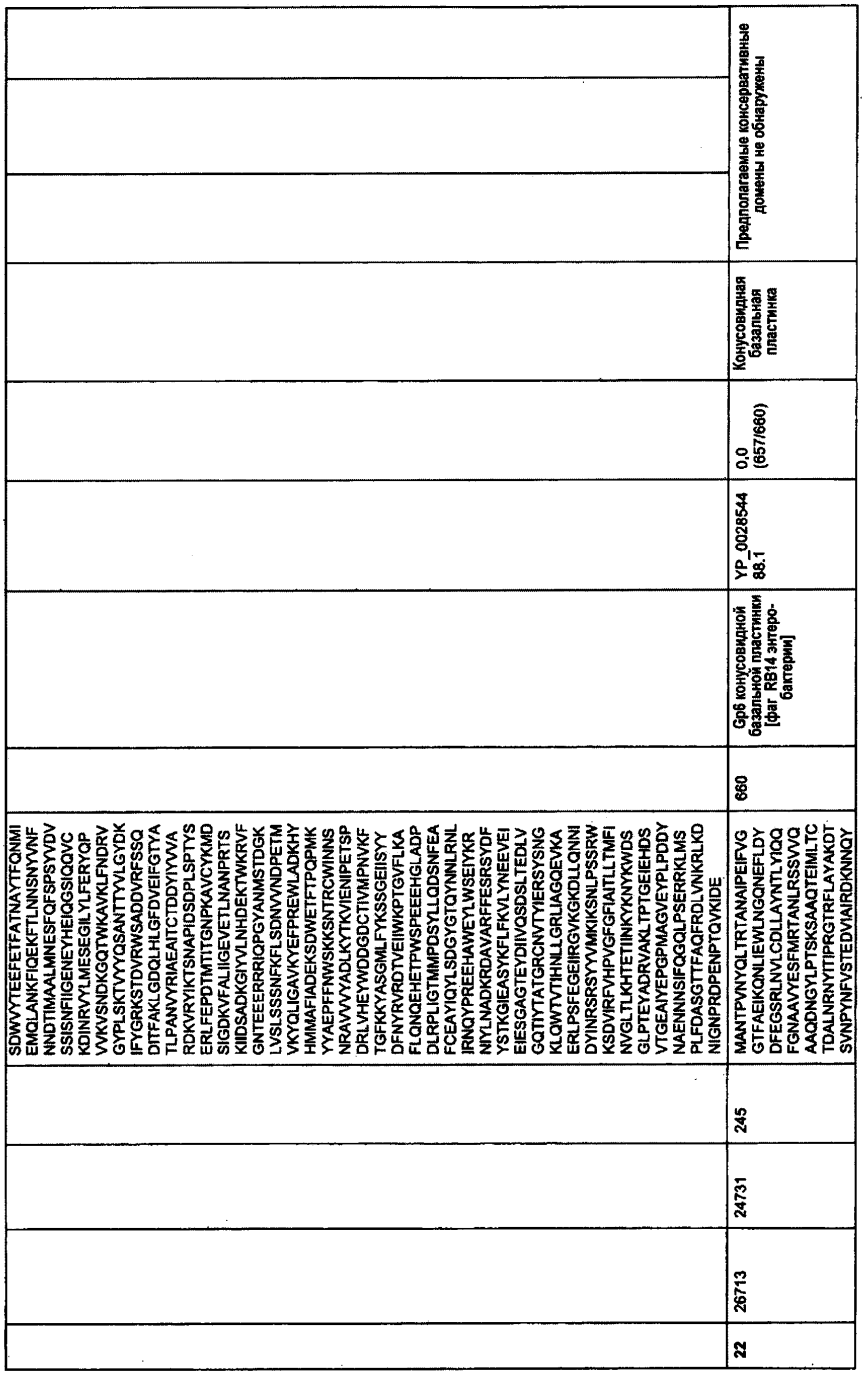
57

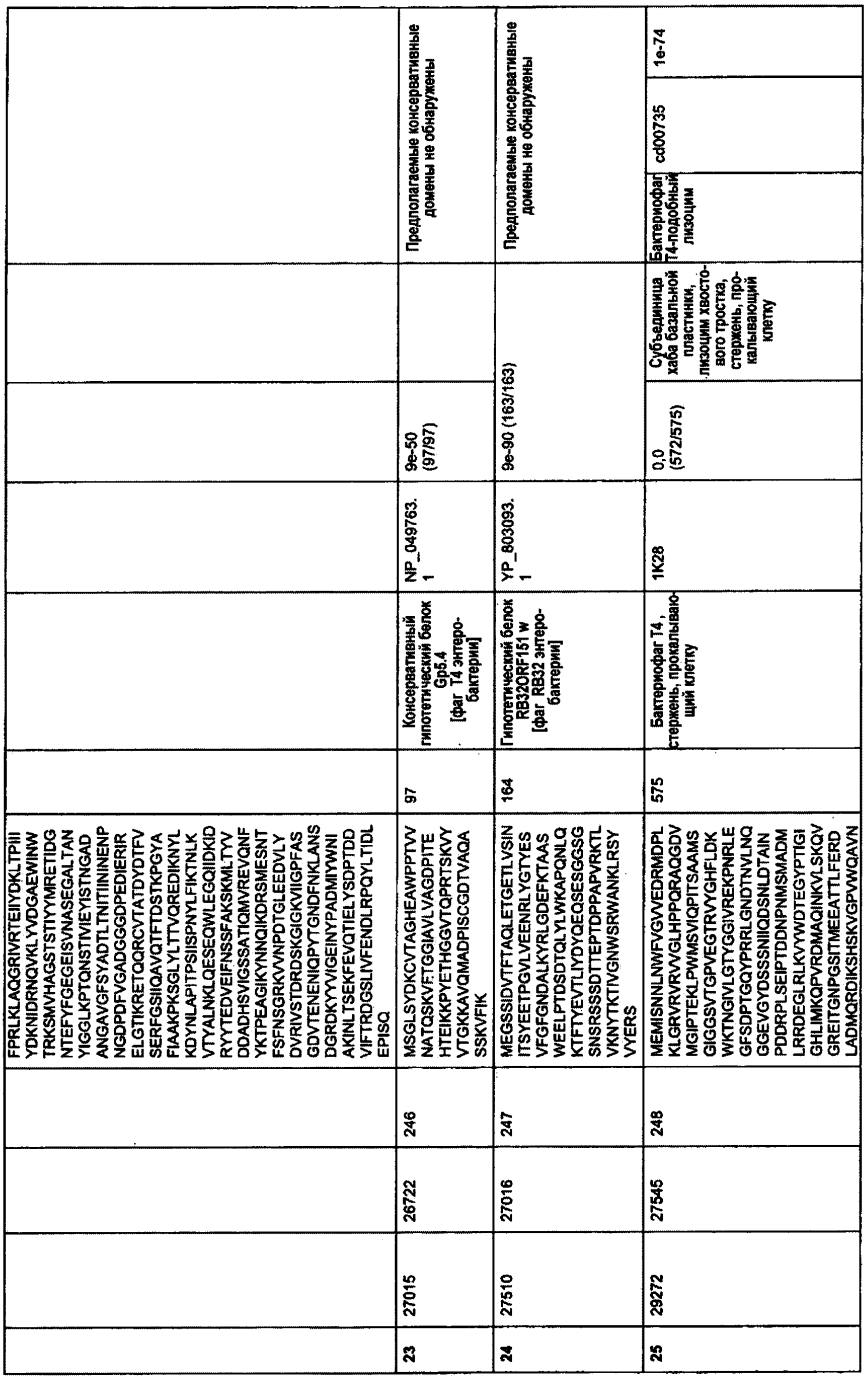
58



			TSLEGSIYVTDLSAMKSIPFSAFG LIPGEPINPNSLEVRFNGILQQQA GTAGYPLFLCEGANSDTQEGCIS LGGEWKESNTDYSIEYEDGKPV SLLFDRKFESGDIIVITWFPNNDLG TLLEKDDIIELTDDRYVSKGSSTE VTGDVALTDFDKIGWPNVEKVD SYTRTYNSISSIFDSIYPVGSIYEN AINPNINPVTYMGFGSWKLFGKG QVLVGWNDDVTDPNFALNNNDL DSSGNPSHTAGGTVGTTSVTLE NANLPATKTDERVLIEDENGSVII GGCQYDPDETGPIYTKYREDYA TTNSSHTPPTNISNIQPSITVYRW IRIA									
19	20575	19709	242	MFIQEPKKLIDTGEIGNASTGDIL FDGGNKINSDFNAIYNAFGDQRK MAVANGTGADGQIIHATGYYQK HSITEYATPVKVGTRHDIDTSTV GVKVIIERGELGDCVEFINSNGSI SVTNPLTIQAIDSIKGVSGNLVVT SPYSKVTLRCISSDNSTSVWNYS IESMFGQKESPAEGTWNISTSGS VDIPLFHRTEYNMAKLLVTCQSV DGRKIKTAEINILVDAVNSEVISSE YAVMRVGNETEEDEIANIAFSIKT NYVTATISSSTVGMRAAVKVIAT QKIGVAQ	288	Gp9 фибриллярного кармана завершения базальной пластинки хвостового отростка [фаг RB14 энтеробактерии]	YP_0028544 91.1	2e-165 (287/288)	Фибриллярный карман завершения базальной пластинки хвостового отростка	Бактериофаг 14, Gp9/10-подобный белок	pfam0788 0	9e-95
20	21643	20639	243	MNDSSVIYRAIVTSKFRTEKMLN FYNSIGSGPDKNTIFITFGRSEPW SSNENEVGFAPPYPTDSVLGVT DMWTHMMGTVKVLPSMLDAVIP RRDWGDTRYPDPYTFRINDIVVC NSAPYNATESGAGWLVYRCLDV PDTGMCSIASLTDKDECLKLGGK WTPSVRSMTPPEGRGDAEGTIE PGDGYVWEYLFEIPPDVSINRCT NEYIVVPWPEELKEDPTRWGYE DNLTWQQDDFGLIYRVKANTIRF KAYLDSVYFPDAALPGNKGFRQI SITNPLEAKAHPNDPNVKAEKDY YDPEDLMRHSGEMIYMENRPPII MAMDQTEEINILFTF	334	Gp88 субъединица конусовидной базальной пластинки [фаг T4 энтеробактерии]	NP_049766. 1	0,0 (332/334)	Субъединица конусовидной базальной пластинки	Бактериофаг 14, Gp8	pfam0921 5	5e-162
21	24734	21636	244	MTVKAPSVTSLRISKLSANQVQV RWDDVGANFYYFVEIAETKTDS GENLPSDQYRWINLGYTANNSF FFDDADPLTSYIIRVATAAQDFEQ	1032	Gp7 инициатора окончания базальной пластинки [фаг RB14 энтеробактерии]	YP_0028544 89.1	0,0 (1022/1032)	Инициатор конусовидной базальной пластинки	Домен фибронектина типа 3	cd00063	0,009

ФИГУРА 6G



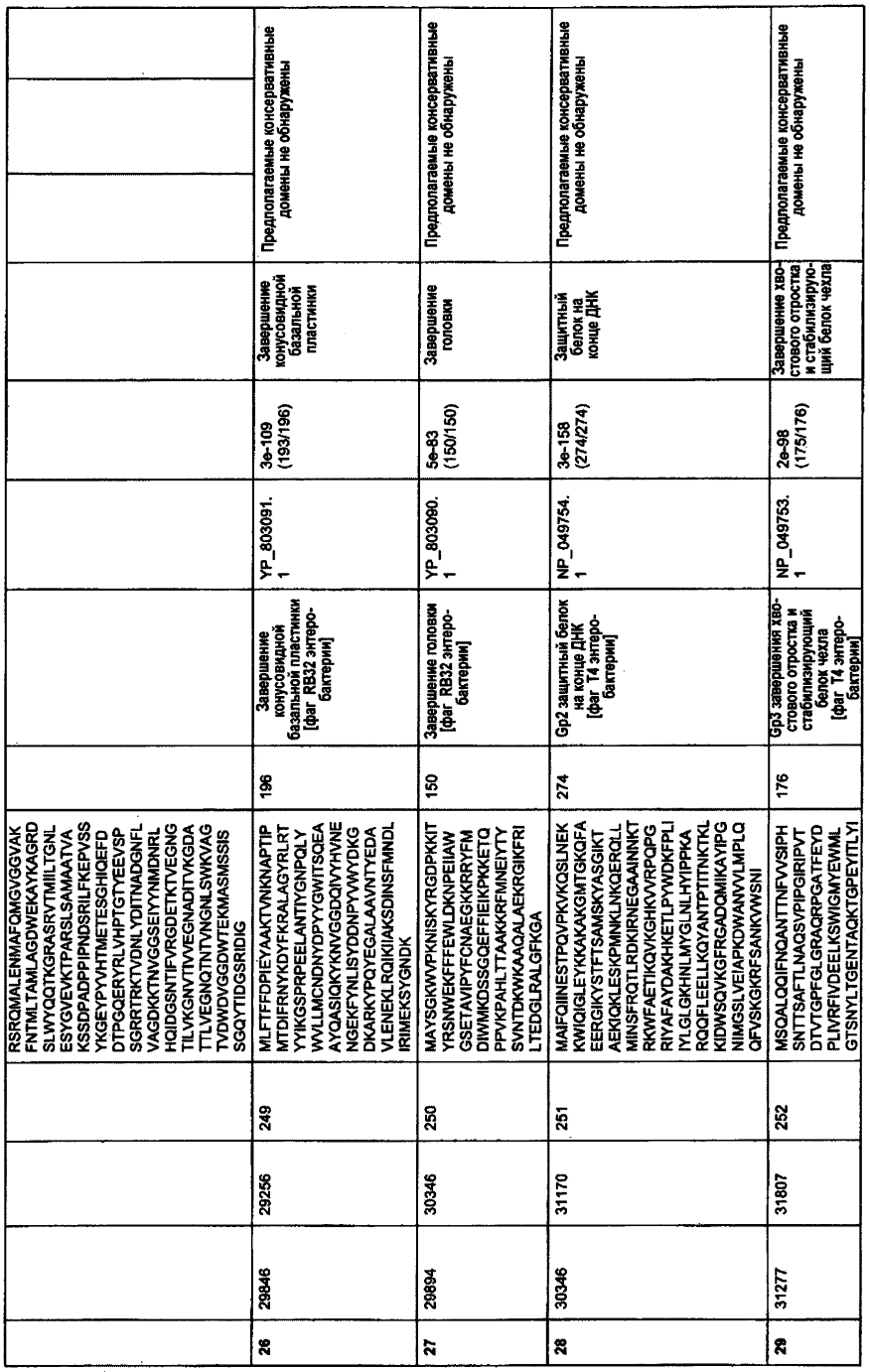


			FPRLKLAQGRIVRTEIIYDKLTPIII YDKNIDRNQVKLYVDGAEWINW TRKSMVHAGSTSTIYYMRETIDG NTEFYFGEGEISVNASEGALTAN YIGGLKPTQNSTIVEIYISTNGAD ANGAVGFSYADTLTNITIINENP NGDPDFVGADGGGDPEDIERIR ELGTIKRETQQRCVTATDYDTFV SERFGSIIQAVQTFTDSTKPGYA FIAAKPKSGLYLTTVQREDIKNYL KDYNLAPITPSIISPNYLFIKTNLK VTYALNKLQESEQWLEGQIIDKID RYYTEDVEIFNSSFAKSKMLTYV DDADHSVIGSSATIQMVREVQNF YKTPEAGIKYNNQIKDRSMESNT FSFNSGRKVVNPDTGLEEDVLY DVRIVSTDRDSKGIGKVIIGPFAS GDVTENENIQPYTGNDFNKLANS DGRDKYYVIGEINYPADMIYWNI AKINLTSEKFEVQTIELYSDPTDD VIFTRDGSLIVFENDLRPQYLTIDL EPISQ	97	Консервативный гипотетический белок Gp5.4 [фаг T4 энтеробактерии]	NP_049763.1	9e-50 (97/97)			Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
23	27015	26722	246	MSGLSYDKCVTAGHEAWPPTVV NATQSKVETGGIAVLVAGDPITE HTEIKKPYETHGGVTQPRTSKVY VTGKKAVQMADPISCGDTVAQA SSKVFIK	164	Гипотетический белок RB320RF151 w [фаг RB32 энтеробактерии]	YP_803093.1	9e-90 (163/163)			Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
24	27510	27016	247	MEGSSIDVTFTAQLETGETLVSIN ITSYEETPGVLVEENRLYGTYES VFGFGNDALKYRLGDEPKTAAS WEELPTDSDTQLYLWKAPQNLQ KTFTYEVTLIYDYDQESESGGSG SNSRSSSDTTEPTDPPAPVRKTL VKNYTKTIVGNWSRWANKLRSY VYERS	575	Бактериофаг T4, стержень, прокалывающий клетку	1K28	0,0 (572/575)	Субъединица хаба базальной пластинки, лизоцим хвостового тростка, стержень, прокалывающий клетку	Бактериофаг T4-подобный лизоцим	cd00735	1e-74	
25	29272	27545	248	MEMISNNLNWFVGVVEDRMDPL KLGRVRVRVVGLHPPQRAQGDV MGIPTEKLPWMSVIQPITSAAMS GIGGSVTGPVEGTRVYGHFLDK WKTNGIVLGTYGGIVREKPNRLE GFSDPTGQYPRRLGNDTNVLNQ GGEVGYDSSSNIIQDSNLDTAIN PDDRPLSEIPTDDNPNMSMADM LRRDEGLRLKVYWDTEGYPTIGI GHLIMKQPVRDMAQINKVLSKQV GREITGNPGSITMEEATTLFERD LADMQRDIKSHSKVGPVWQAVN								

ФИГУРА 6I

60

61

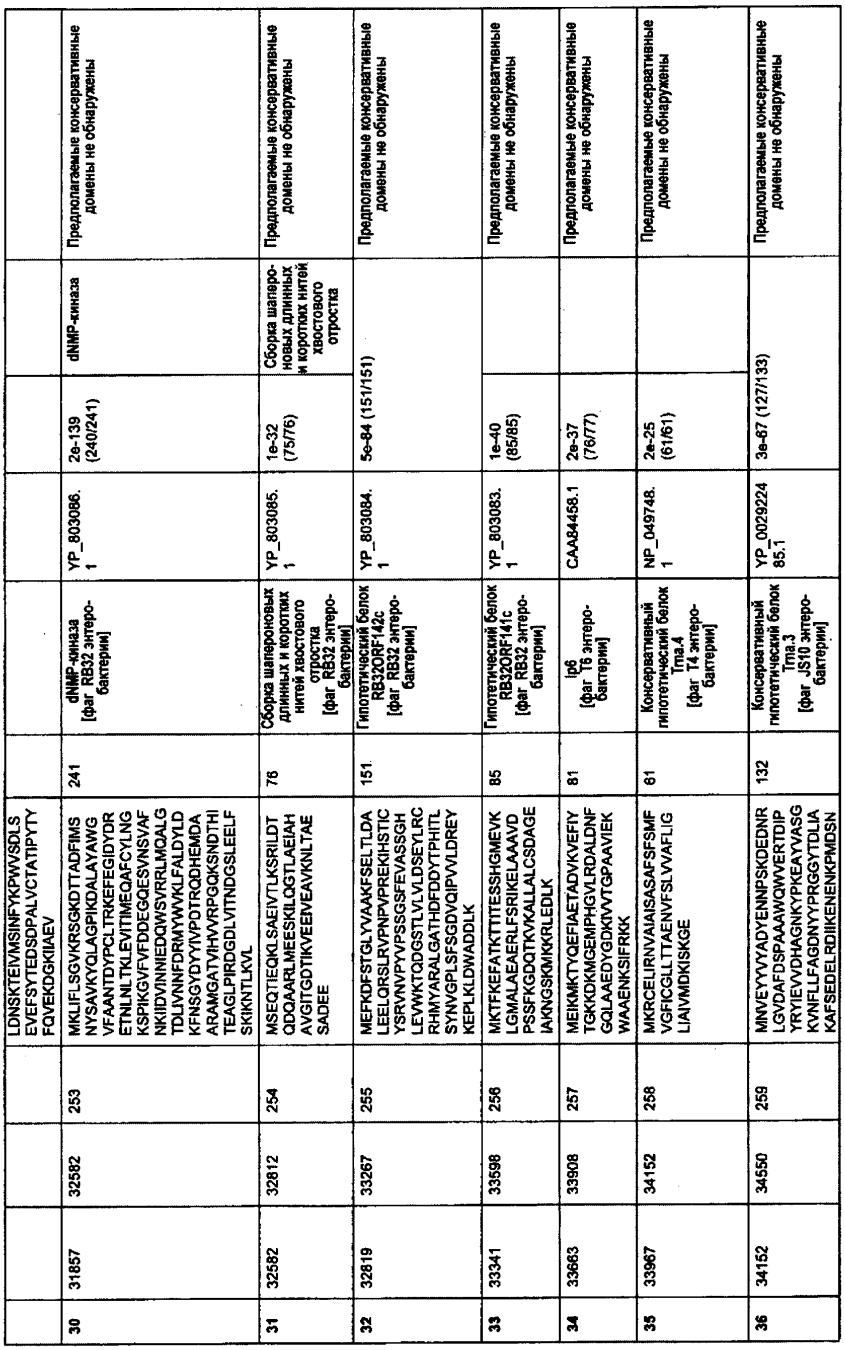


				RSRQMALENMAFQMGVGGVAK FNTMLTAMLAGDWEKAYKAGRD SLWYQQTKGRASRVTMILTGNL ESYGVEVKTPARSLSAMAATVA KSSDPADPPIPNDSRILFKEPVSS YKGEYPYVHTMETESGHIQEFD DTPGQERYRLVHPTGTYEEVSP SGRRTRKTVDNLTYDITNADGNFL VAGDKKTNVGGSEIYYNMDNRL HQIDGSNTIFVRGDETKTVEGNG TILVKGNVTIVVEGNADITVKGDA TVDWDVGGDWTEKMASMSSIS SGQYTIDGSRIDIG	196	Завершение конусовидной базальной пластинки [фаг RB32 энтеробактерии]	YP_803091.1	3e-109 (193/196)	Завершение конусовидной базальной пластинки	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
26	29846	29256	249	MLFTFFDPIEYAAKTVNKNAPTIP MTDIFRNYKDYFKRALAGYRLRT YYIKGSPRPEELANTIYGNPQLY WVLLMCNDNYDPYYGWITSQEA AYQASIQKYKNVGGDQIVYHVNE NGEKFYNLISYDDNPVVWYDKG DKARKYPQYEGALAAVNTYEDA VLENEKLRQIKIAKSDINSFMNDL IRIMEKSYGNDK								
27	29894	30346	250	MAYSGKVVVPKNISKYRGDPKKIT YRSNWEKFFFEWLDKNPEIIAW GSETAVIPYFCNAEGKKRRYFM DIWMKDSSGQEFFIEIKPKKETQ PPVKPAHLTTAAKKRFMNEIYTY SVNTDKWKAAQALAEKRGIKFRI LTEDGLRALGFKGA	150	Завершение головки [фаг RB32 энтеробактерии]	YP_803090.1	5e-83 (150/150)	Завершение головки	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
28	30346	31170	251	MAIFQIINESTPQVPKVKQSLNEK KWIQIGLEYKKAKAKGMTGKQFA EERGIKYSTFTSAMSKYASGIKT AEKQAKLESKPMNKLNKQERQLL MINSFRQTLRDKIRNEGAAINNKT RKWFAETIKQVKGHKVVRPQPG RIYAFAYDAKHKETLPYWDKFPLI IYLGLGKHNLMYGLNLHYIPPKA RQQFLEELLKQYAANTPTTNKTKL KIDWSQVKGFRGADQMIKAYIPG NIMGSLVEIAPKDWANVVLMPLQ QFVSKGKRFSANKVWSNI	274	Gp2 защитный белок на конце ДНК [фаг T4 энтеробактерии]	NP_049754.1	3e-158 (274/274)	Защитный белок на конце ДНК	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
29	31277	31807	252	MSQALQQIFNQANTTNFVVSIPH SNTTSAFTLNAQSVPIPGIRIPVT DTVTGPFGLGRAQRPGATFEYD PLIVRFIVDEELKSWIGMYEWML GTSNYLTGENTAQKTGPEYITLYI	176	Gp3 завершения хвостового отростка и стабилизирующий белок чехла [фаг T4 энтеробактерии]	NP_049753.1	2e-98 (175/176)	Завершение хвостового отростка и стабилизирующий белок чехла	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

ФИГУРА 6J

61

62

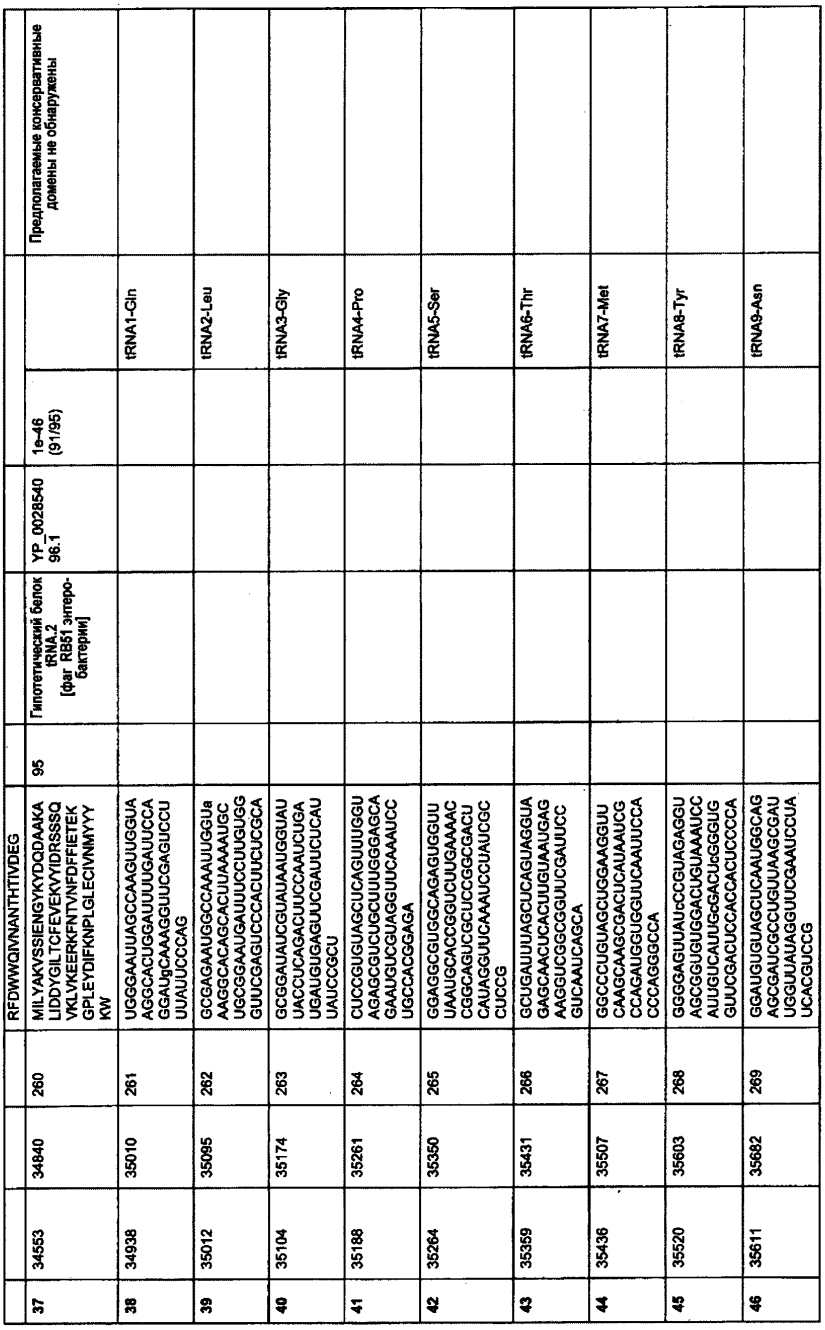


				LDNSKTEIVMSINFYKPWVSDLS EVEFSYTEDSDPALVCTATIPYTY FQVEKDGKIIAEV							
30	31857	32582	253	MKLIFLSGVKRSGKDTTADFIMS NYSAVKYQLAGPIKDALAYAWG VFAANTDYPCLTRKEFEGIDYDR ETNLNLTKLEVITIMEQAFCYLNG KSPIKGVFVFDDEGQESVNSVAF NKIIDVINNIEDQWSVRRLMQALG TDLVNNFDRMYWVKLFALDYLD KFNSGYDYYIVPDTRQDHEMDA ARAMGATVIHVVRPGQKSNDTHI TEAGLPIRDGDLVITNDGSLEELF SKIKNTLKVL	dNMP-киназа [фаг RB32 энтеро-бактерии]	YP_803086.1	2e-139 (240/241)	dNMP-киназа	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
31	32582	32812	254	MSEQTIEQKLSAEIVTLKSRILDT QDQAARLMEESKILQGTLAEIAH AVGITGDTIKVEEIVEAVKNLTAE SADEE	Сборка шаперонных длинных и коротких нитей хвостового отростка [фаг RB32 энтеро-бактерии]	YP_803085.1	1e-32 (75/76)	Сборка шаперо-новых длинных и коротких нитей хвостового отростка	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
32	32819	33267	255	MEFKDFSTGLYVAAKFSELTLDA LEELQRSLRVPNPVPREKIHSTIC YSRVNVPYVPSSGSFEVASSGH LEVWKTQDGSTLVLVLDSEYLRC RHMYARALGATHDFDDYTPHITL SYNVGPLSFSGDVQIPVVLDREY KEPLKLDWADDLK	Гипотетический белок RB32ORF142c [фаг RB32 энтеро-бактерии]	YP_803084.1	5e-84 (151/151)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
33	33341	33598	256	MKTFKEFATKTTTESSHGMEVK LGMALAEAERLFSRIKELAAAVD PSSFKGDQTKVKALLALCSDAGE IAKNGSKMKKRLEDLK	Гипотетический белок RB32ORF141c [фаг RB32 энтеро-бактерии]	YP_803083.1	1e-40 (85/85)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
34	33663	33908	257	MEIKMKTYQEFIAETADVKVEFIY TGKKDKMGEMPHGVLRDALDNF GQLAAEDYGDKIVVTGPAAVIEK WAAENKSIFRKK	Ip6 [фаг T6 энтеро-бактерии]	CAA84458.1	2e-37 (76/77)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
35	33967	34152	258	MKRCELIRNVAIAISASAFSFSMF VGFICGLLTTAENVFSLVVAFLIG LIAIVMDKISKGE	Консервативный гипотетический белок Tma.4 [фаг T4 энтеро-бактерии]	NP_049748.1	2e-25 (61/61)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
36	34152	34550	259	MNVEYYYYADYENNPSKDEDNR LGVDAFDSPAAAWQWVERTDIP YRYIEVVDHAGNKYPKEAYVASG KVNFLLFAGDNYYPRGGYTDLIA KAFSEDELRDIIKENENIKPMDSN	Консервативный гипотетический белок Tma.3 [фаг JS10 энтеро-бактерии]	YP_0029224 85.1	3e-67 (127/133)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

ФИГУРА 6К

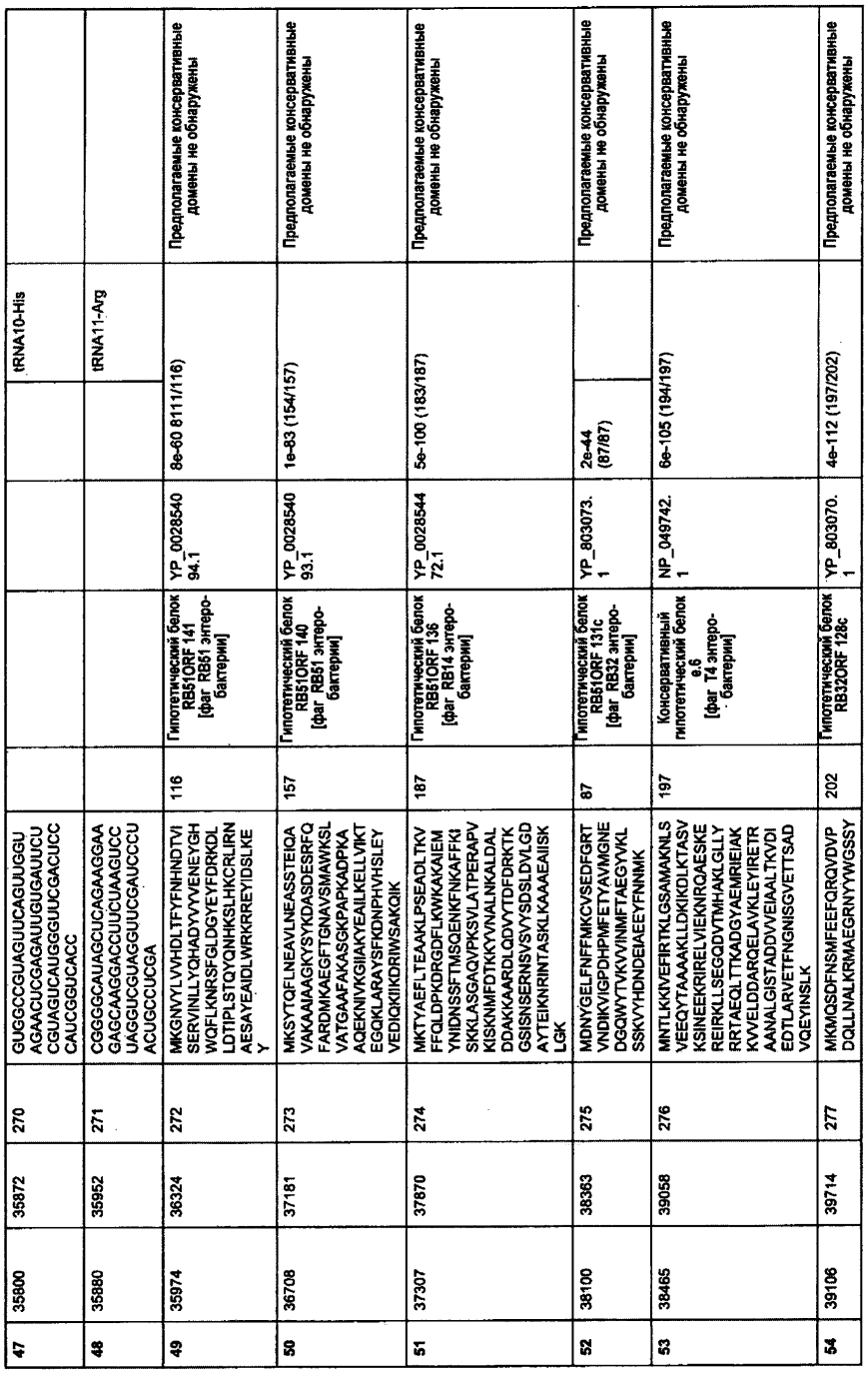
62

63



				RFDWWQIVNANTHTIVDEG						Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
37	34553	34840	260	MILYAKVSSIENGYKYDQDAAKA LIDDYGILTCFEVEKVYIDRSSSQ VKLVKEERKFNTVNFDFFIETEK GPLEYDIFKNPLGLECIVNMYYY KW	95	Типотетический белок tRNA_2 [фаг RB51 энтеробактерии]	YP_0028540 96.1	1e-46 (91/95)	tRNA1-Gln	
38	34938	35010	261	UGGGAAUUAGCCAAGUUGGUA AGGCACUGGAUUUUGAUCCA GGAUgCAAAGGUUCGAGUCCU UUAUUCCCAG						
39	35012	35095	262	GCGAGAAUGGCCAAAUUGGUa AAGGCACAGCACUUAAAAUGC UGCGGAAUGAUUUCCUUGUGG GUUCGAGUCCCACUUCUCGCA					tRNA2-Leu	
40	35104	35174	263	GCGGAUAUCGUAUAAUGGUAU UACCUCAGACUUCCAAUCUGA UGAUGUGAGUUCGAUUCUCAU UAUCCGCU					tRNA3-Gly	
41	35188	35261	264	CUCCGUGUAGCUCAGUUUGGU AGAGCGUCUGCUUUGGGAGCA GAAUGUCGUAGGUUCAAAUCC UGCCACGGAGA					tRNA4-Pro	
42	35264	35350	265	GGAGGCGUGGCAGAGUGGUU UAAUGCACGGUCUUGAAAAC CGGCAGUCGCUCCGGCGACU CAUAGGUUCAAAUCCUAUCGC CUCCG					tRNA5-Ser	
43	35359	35431	266	GCUGAUUUAGCUCAGUAGGUA GAGCAACUCACUUGUAAUGAG AAGGUCGGCGGUUCGAUUCC GUCAAUCAGCA					tRNA6-Thr	
44	35436	35507	267	GGCCCUGUAGCUGGAAGGUU CAAGCAAGCGACUCAUAAUCG CCAGAUGGUGGUUCAAUUCCA CCCAGGGCCA					tRNA7-Met	
45	35520	35603	268	GGGGAGUUAUcCCGUAGAGGU AGCGGUGUGGACUGUAAAUCC AUUGUCAUUGcGACUcGGGUG GUUCGACUCCCACCACUCCCCA					tRNA8-Tyr	
46	35611	35682	269	GGAUGUGUAGCUCAAUGGCAG AGCGAUCGCCUGUUAAGCGAU UGGUUAUAGGUUCGAAUCCUA UCACGUCCG					tRNA9-Asn	

ФИГУРА 6L

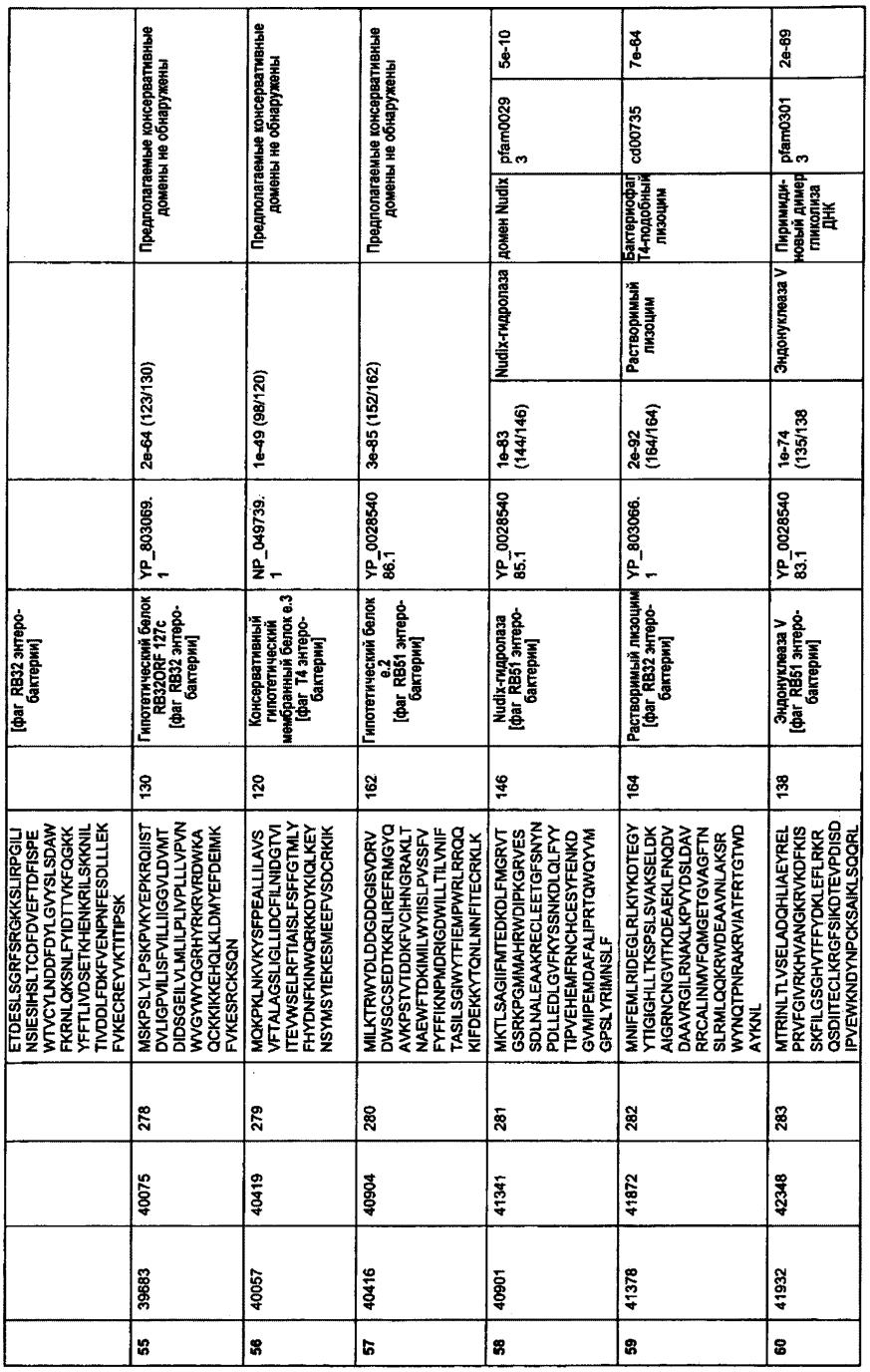


47	35800	35872	270	GUGGCCGUAGUUCAGUUGGU AGAACUCGAGAUUGUGAUUCU CGUAGUCAUGGGUUCGACUCC CAUCGGUCACC					tRNA10-His	
48	35880	35952	271	CGGGGCAUAGCUCAGAAGGAA GAGCAAGGACCUUCUAAGUCC UAGGUCGUAGGUUCGAUCCCU ACUGCCUCGA					tRNA11-Arg	
49	35974	36324	272	MKGNVYLVVHDLTFYNHNDTVI SERVINLLYQHADYVYVENEYGH WQFLKNRSFGLDGYEYFDRKDL LDTIPLSTQYQNHKSLHKCRLIRN AESAYEAIDLWRKRREYIDSLKE Y	116	Гипотетический белок RB51ORF 141 [фаг RB51 энтеробактерии]	YP_0028540 94.1	8e-60 8111/116)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
50	36708	37181	273	MKSYTQFLNEAVLNEASSTEIQA VAKAAIAAGKSYSYKDASDESRFQ FARDMKAEGFTGNAVSMAWKSL VATGAAFAKASGKPAPKADPKA AQEKNIVKGIIAKYEAILKELLVIKT EGQKLARAYSFKDNPHVHSLEY VEDIQKIIKDRIWSAKQIK	157	Гипотетический белок RB51ORF 140 [фаг RB51 энтеробактерии]	YP_0028540 93.1	1e-83 (154/157)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
51	37307	37870	274	MKTYAEFLTEAAKLPSEADLTKV FFQLDPKDRGDFLKWKAKAIEM YNIDNSSFTMSQENKFNKAFFKI SKKLASGAQVPKSVLATPERAPV KISKNMFDTKKYVNALNKALDAL DDAKKAARDLQDVYTDFDRKTK GSISNSERNSVSVSYSDSLDVLGD AYTEIKNRINTASKLKAAAEAIISK LGK	187	Гипотетический белок RB51ORF 136 [фаг RB14 энтеробактерии]	YP_0028544 72.1	5e-100 (183/187)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
52	38100	38363	275	MDNYGELFNFMKCVSEDFGRT VNDIKVIGPDHPMFETYAVMGNE DGQWYTVKVVINMFTAEGYVKL SSKVYHDNDEIAEEYFNNMK	87	Гипотетический белок RB51ORF 131c [фаг RB32 энтеробактерии]	YP_803073. 1	2e-44 (87/87)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
53	38465	39058	276	MNTLKKIVEFIRTKLGSAMAKNLS VEEQYTAAAKLLDKIKDLKTASV KSINEEKRIRELVIEKNRQAESKE REIRKLLSEGQDVTMHAKLGLLY RRTAEQLTTKADGYAEMRIEIAK KVVELDDARQELAVKLEYIRETR AANALGISTADDVVEIAALTKVDI EDTLARVETFNGNISGVETTSAD VQEYINSLK	197	Консервативный гипотетический белок 8.6 [фаг T4 энтеробактерии]	NP_049742. 1	6e-105 (194/197)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
54	39106	39714	277	MKMQSDFNSMFEEFQRQVDVP DQLLNALKRMAEGRNYYWGSSY	202	Гипотетический белок RB320RF 128c	YP_803070. 1	4e-112 (197/202)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены

ФИГУРА 6М

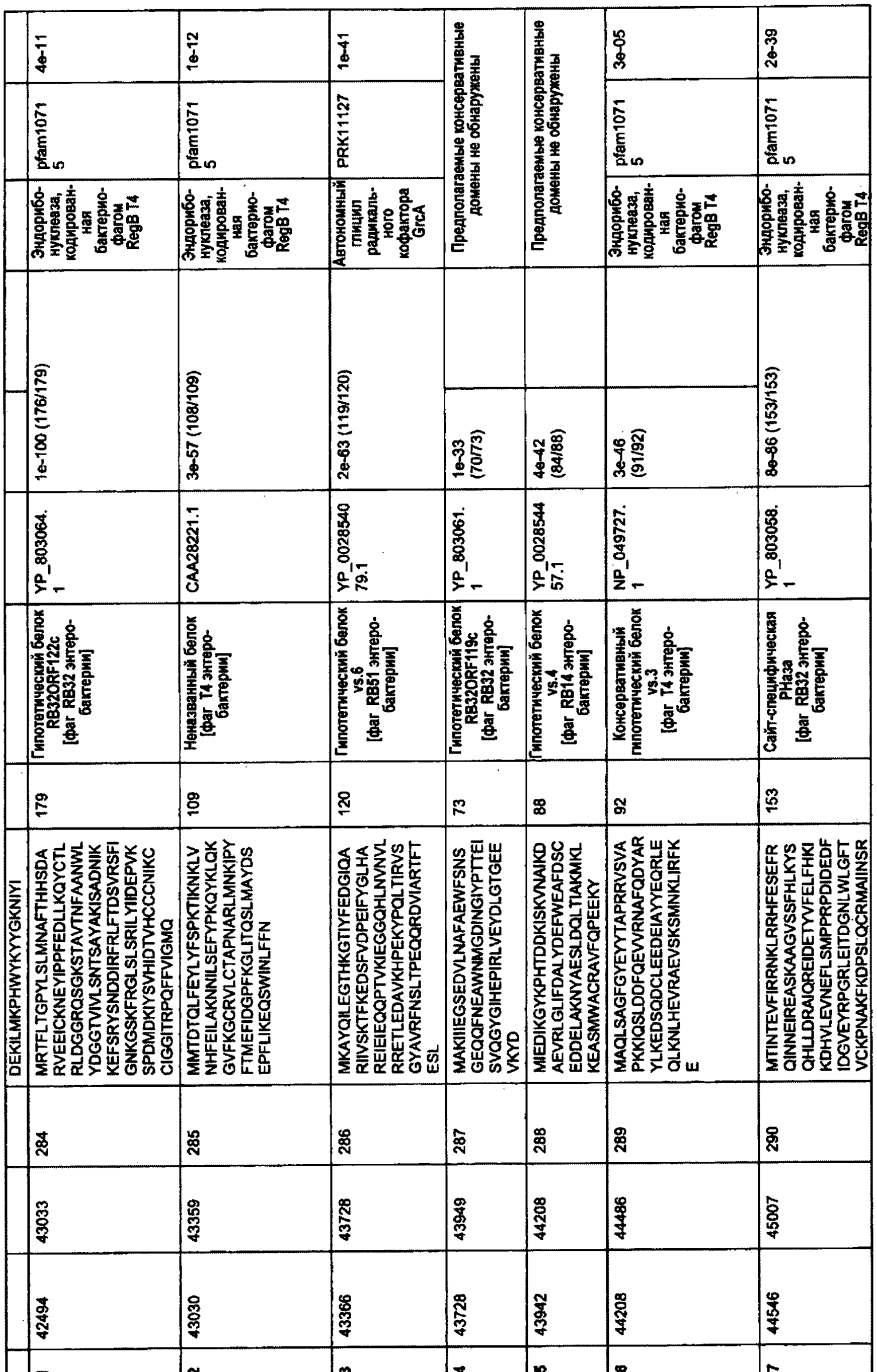
64

65



						[фаг RB32 энтеробактерии]				
				ETDESLSGRFSRGKKSLIRPGILI NSIESIHSLTCDFDVEFTDFISPE WTVCYLNDDFDYLGVYSLSDAW FKRNLQKSNLFYIDTTVKFQGKK YFFTLIVDSETKHENKRILSKKNIL TIVDDLFDKFVENPNFESDLLLEK FVKECREYVKTITIPSK					
55	39683	40075	278	MSKPSLYLPSKPVKYEPKRQIIST DVLIGPVILISFVILLIIGGVLDVMT DIDSGEILVLMLILPLIVPLLLVPVN WVGYWYQGRHYRKRVRDWKA QCKKIKKEHQLKLDMYEFDEIMK FVKESRCKSQN	130	Гипотетический белок RB32ORF 127c [фаг RB32 энтеробактерии]	YP_803069.1	2e-64 (123/130)	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены	
56	40057	40419	279	MQKPKLNKVKYSFPEALLILAVS VFTALAGSLIGLLIDCFILNIDGTVI ITEVWSELRFTIAISLFSFFGTMLY FHYDNFKINWQRKKDYKIQLKEY NSYMSYIEKESMEEFVSDCRKIK	120	Консервативный гипотетический мембранный белок e.3 [фаг T4 энтеробактерии]	NP_049739.1	1e-49 (98/120)	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены	
57	40416	40904	280	MILKTRWYDLDDGDDGISVDRV DWSGCSEDTKKRLIREFRMGYQ AVKPSTVTDDKFVCIHNGRAKLT NAEWFTDKIIMILWYIISLPVSSFV FYFFIKNPMDRIGDWILLTILVNIF TASILSGIWYTFIEMPPWRLRRQQ KIFDEKKYTQNLNNFITECRKLK	162	Гипотетический белок e.2 [фаг RB51 энтеробактерии]	YP_0026540 86.1	3e-85 (152/162)	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены	
58	40901	41341	281	MKTLSAGIIFMTEDKDLFMGRVT GSRKPGMMAHRWDIPKGRVES SDLNALEAAKREGLEETGFSNYN PDLLEDLGVFKYSSNKDLQLFYY TIPVEHEMFRNCHCESYFENKD GVMIPEMDAFALIPRTQWQYVM GPSLYRIMNSLF	146	Nudix-гидролаза [фаг RB51 энтеробактерии]	YP_0026540 85.1	1e-83 (144/146)	Nudix-гидролаза	домен Nudix	pfam00293	5e-10
59	41378	41872	282	MNIFEMLRIDEGLRLKIYKDTEGY YTIGIGHLLTKSPSLSVAKSELDK AIGRNCNGVITKDEAEKLFNQDV DAAVRGILRNAKLKPVYDSLDAV RRCALINMVFQMGETGVAGFTN SLRMLQQKRWDEAAVNLAKSR WYNQTPNRAKRVIATFRTGTWD AYKNL	164	Растворимый лизоцим [фаг RB32 энтеробактерии]	YP_803066.1	2e-92 (164/164)	Растворимый лизоцим	Бактериофаг T4-подобный лизоцим	cd00735	7e-64
60	41932	42348	283	MTRINLTLVSELADQHLIAEYREL PRVFGIVRKHVANGKRVKDFKIS SKFILGSGHVTFFYDKLEFLRKR QSDIITECLKRGFSIKDTEVPDISD IPVEWKNDTNPCKSAIKLSQQRL	138	Эндонуклеаза V [фаг RB51 энтеробактерии]	YP_0026540 83.1	1e-74 (135/138	Эндонуклеаза V	Пиримидиновый димер гликолиза ДНК	pfam03013	2e-89

ФИГУРА 6N

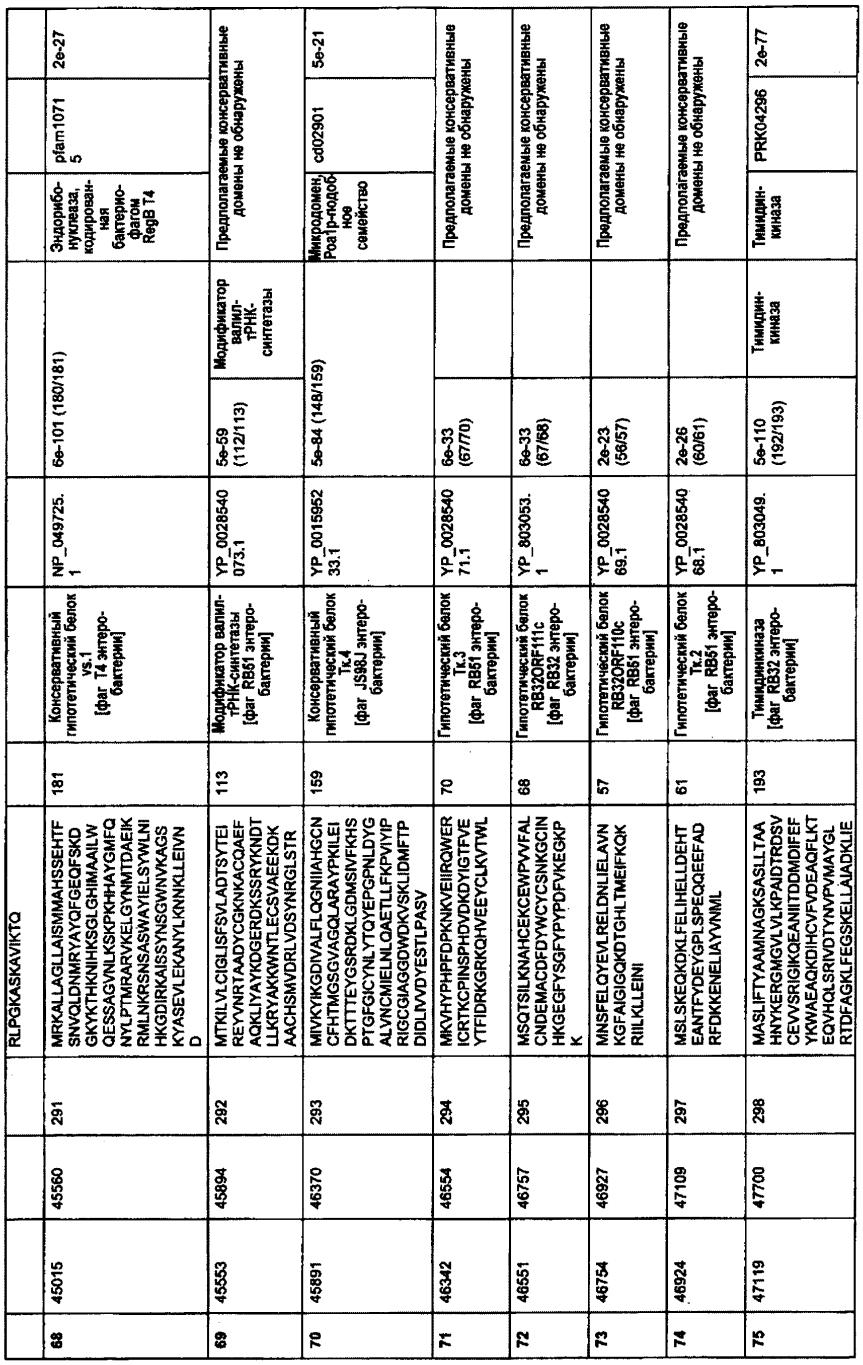


				DEKILMKPHWYKYYGKNIYI	179	Гипотетический белок RB32ORF122c [фаг RB32 энтеробактерии]	YP_803064.1	1e-100 (176/179)		Эндорибонуклеаза, кодированная бактериофагом RegB T4	pfam10715	4e-11
61	42494	43033	284	MRTFLTGPYLSLMNAFTHHSDA RVEEICKNEYIPPFEDLLKQYCTL RLDGGRQSGKSTAVTNFAANWL YDGGTVIVLSNTSAYAKISADNIK KEFSRYSNDDIRFRLFTDSVRSFI GNKGSKFRGLSLSRILYIIDEPVK SPDMDKIYSVHIDTVHCCCNIKC CIGGITRPQFFVIGMQ								
62	43030	43359	285	MMTDTQLFEYLYFSPKTIKNKLV NHFEILAKNNILSEFYPKQYKLQK GVFKGCRVLCTAPNARLMNKIPY FTMEFIDGPFKGLITQSLMAYDS EPFLIKEQSWINLFFN	109	Неназванный белок [фаг T4 энтеробактерии]	CAA28221.1	3e-57 (108/109)		Эндорибонуклеаза, кодированная бактериофагом RegB T4	pfam10715	1e-12
63	43366	43728	286	MKAYQILEGTHKGTIYFEDGIQA RIIVSKTFKEDSFVDPEIFYGLHA REIEIEGQPTVKIEGGQHLNVNVL RRETLEDAVKHPEKYPQLTIRVS GYAVRFNSLTPEQQRDVIARTFT ESL	120	Гипотетический белок vs.6 [фаг RB51 энтеробактерии]	YP_0028540 79.1	2e-63 (119/120)		Автономный гликил радикального кофактора GrcA	PRK11127	1e-41
64	43728	43949	287	MAKIIIEGSEDVLNAFAEWFSNS GEQQFNEAWNMGDINGIYPTTEI SVQGYGIHEPIRLVEYDLGTGEE VKYD	73	Гипотетический белок RB32ORF119c [фаг RB32 энтеробактерии]	YP_803061.1	1e-33 (70/73)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
65	43942	44208	288	MIEDIKGYKPHTDDKISKVNAIKD AEVRLGLIFDALYDEFWEAFDSC EDDELAKNYAESLDQLTIAKMKL KEASMWACRAVFQPEEKY	88	Гипотетический белок vs.4 [фаг RB14 энтеробактерии]	YP_0028544 57.1	4e-42 (84/88)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
66	44208	44486	289	MAQLSAGFGYEYYTAPRRVSVA PKKIQSLDDFQEVVRNAFQDYAR YLKEDSQDCLEEDEIAYYEQRLE QLKNLHEVRAEVSKSMNKLIRFK E	92	Консервативный гипотетический белок vs.3 [фаг T4 энтеробактерии]	NP_049727.1	3e-46 (91/92)		Эндорибонуклеаза, кодированная бактериофагом RegB T4	pfam10715	3e-05
67	44546	45007	290	MTINTEVFIRRNKLRRHFESEFR QINNEIREASKAAGVSSFHLKYS QHLLDRAIQREIDETYVFELFHKI KDHVLEVNEFLSMPPRPDIDEDF IDGVEYRPGRLEITDGNLWLGFT VCKPNAKFKDPSLQCRMAIINSR	153	Сайт-специфическая РНаза [фаг RB32 энтеробактерии]	YP_803058.1	8e-86 (153/153)		Эндорибонуклеаза, кодированная бактериофагом RegB T4	pfam10715	2e-39

ФИГУРА 6D

66

67

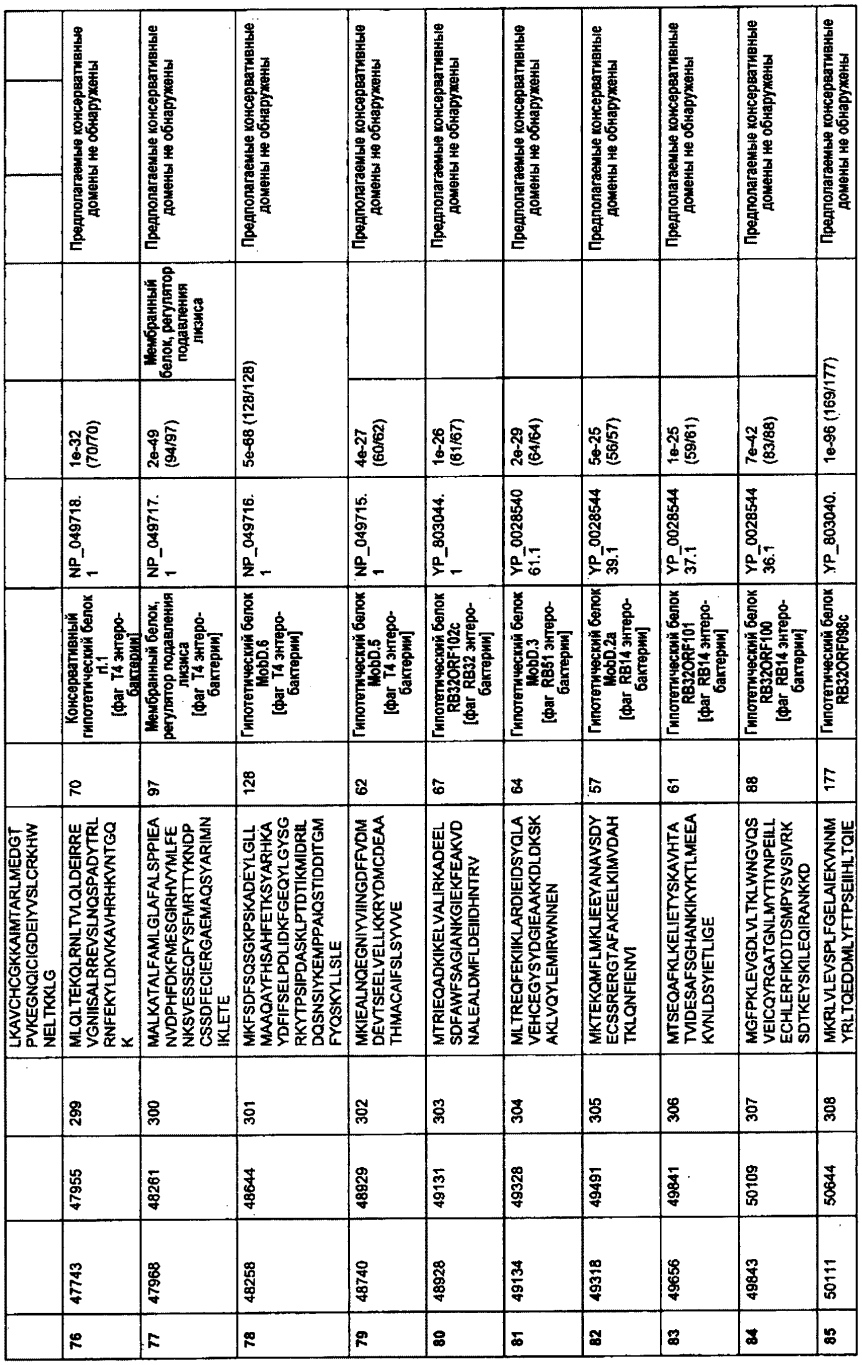


				RLPGKASKAVIKTQ									
68	45015	45560	291	MRKALLAGLLAISMMAHSSEHTF SNVQLDNMRYAYQFGEQFSKD GKYKTHKNIHKSGLGHIMAAILW QESSAGVNLKSKPKHHAYGMFQ NYLPTMRARVKELGYNMTDAEIK RMLNKRSNSASWAYIELSYWLNI HKGDIRKAISSYNSGWNVKAGS KYASEVLEKANYLKNNKLLEIVN D	181	Консервативный гипотетический белок ys.1 [фаг T4 энтеро-бактерии]	NP_049725.1	6e-101 (180/181)		Эндорибонуклеаза, кодированная бактериофагом RegB T4	pfam10715	2e-27
69	45553	45894	292	MTKILVLCIGLISFSVLADTSYTEI REYVNRTAADYCGKNKACQAEF AQKLIYAYKDGERDKSSRYKNDT LLKRYAKKWNTLECSVAEEKDK AACHSMVDRLVDSYNRGLSTR	113	Модификатор валин-тРНК-синтетазы [фаг RB51 энтеро-бактерии]	YP_0028540073.1	5e-59 (112/113)	Модификатор валил-тРНК-синтетазы	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены			
70	45891	46370	293	MIVKYIKGDIVALFLQGNIIAHGCN CFHTMGSGVAGQLARAYPKILEI DKTTTEYGSRDKLGDMSIVFKHS PTGFGICYNLYTQYEPGPNLDYG ALVNCMIELNLQAETLLFKPVIYIP RIGCGIAGGDWDKVSKLIDMFTP DIDLIVVDYESTLPASV	159	Консервативный гипотетический белок Tk.4 [фаг JS98J энтеро-бактерии]	YP_0015952 33.1	5e-84 (148/159)		Микродомен, Ros1p-подобное семейство	cd02901	5e-21
71	46342	46554	294	MKVHYPHPFDPKNKVEIIRQWER ICRTKCPINSPHDVDKDYIGTFVE YTFIDRKGRKQHVEEYCLKVTWL	70	Гипотетический белок Tk.3 [фаг RB51 энтеро-бактерии]	YP_0028540 71.1	6e-33 (67/70)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены			
72	46551	46757	295	MSQTSILKKNAHCEKCEWPVVFAL CNDEMACDFDYWCYCSNKGCIN HKGEGFYSGFVPYPDFVKEGKP K	68	Гипотетический белок RB32ORF111c [фаг RB32 энтеро-бактерии]	YP_803053.1	6e-33 (67/68)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены			
73	46754	46927	296	MNSFELQYEVLRELDNLIELAVN KGFAIGIGQKDTGHLTMEIFKQK RIILKLLEINI	57	Гипотетический белок RB32ORF110c [фаг RB51 энтеро-бактерии]	YP_0028540 69.1	2e-23 (56/57)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены			
74	46924	47109	297	MSLSKEQKDKLFELIHELLDEHT EANTFYDEYGPLSPEQQEEFAD RFDKKENELIAYVNML	61	Гипотетический белок Tk.2 [фаг RB51 энтеро-бактерии]	YP_0028540 68.1	2e-26 (60/61)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены			
75	47119	47700	298	MASLIFTYAAMNAGKSASLLTAA HNYKERGMGVLVLKPAIDTRDSV CEVVSRIGIKQEANITTDDMDIFEF YKWAEAQKDIHCVFVDEAQFLKT EQVHQLSRIVDTYNVPVMAYGL RTDFAGKLFEGSKELLAIADKLIE	193	Тимидинкиназа [фаг RB32 энтеро-бактерии]	YP_803049.1	5e-110 (192/193)	Тимидин-киназа	Тимидин-киназа	PRK04296	2e-77

ФИГУРА 6Р

67

68

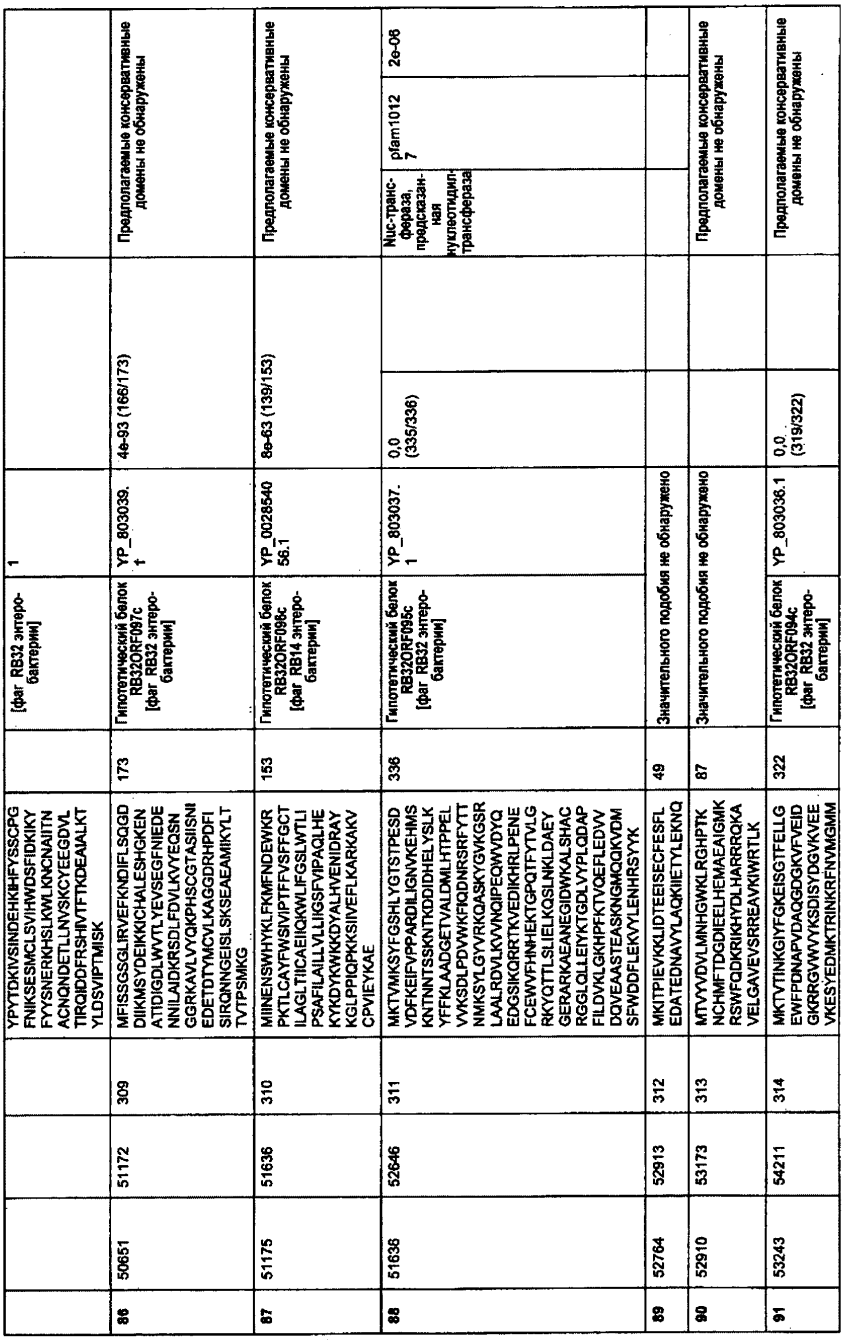


				LKAVCHCGKKAIMTARLMEDGT PVKEGNQICIGDEIYYSLCRKHW NELTKKLG								
76	47743	47955	299	MLQLTEKQLRNLTVLQLDEIRRE VGNIISALRREVSLNQSPADYTRL RNFEKYLDKVKAVHRHKVNTGQ K	70	Консервативный гипотетический белок n1.1 [фаг T4 энтеробактерии]	NP_049718.1	1e-32 (70/70)			Предполагаемые консервативные домены не обнаружены	
77	47968	48261	300	MALKATALFAMLGLAFALSPPIEA NVDPHFDKFMESGIRHVYMLFE NKSVESSEQFYSFMRTTYKNDP CSSDFECIERGAEMAQSYARIMN IKLETE	97	Мембранный белок, регулятор подавления лизиса [фаг T4 энтеробактерии]	NP_049717.1	2e-49 (94/97)	Мембранный белок, регулятор подавления лизиса		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены	
78	48258	48644	301	MKFSDFSQSGKPSKADEYLGLL MAAQAYFHSAHFETKSYARHKA YDFIFSELPDLIDKFGEQYLGYSG RKYTPSIPDASKLPTDTIKMIDRL DQSNSIYKEMPPAIQSTIDDITGM FYQSKYLLSLE	128	Гипотетический белок MobD.6 [фаг T4 энтеробактерии]	NP_049716.1	5e-68 (128/128)			Предполагаемые консервативные домены не обнаружены	
79	48740	48829	302	MKIEALNQEGNIYVIINGDFFVDM DEVTSEELVELLKKRYDMCDEAA THMACAIFSLSYVVE	62	Гипотетический белок MobD.5 [фаг T4 энтеробактерии]	NP_049715.1	4e-27 (60/62)			Предполагаемые консервативные домены не обнаружены	
80	48928	49131	303	MTRIEQADKIKELVALIRKADEEL SDFAWFSAGIANKGIEKFEAKVD NALEALDMFLDEIIDHNTRV	67	Гипотетический белок RB32ORF102c [фаг RB32 энтеробактерии]	YP_803044.1	1e-26 (81/67)			Предполагаемые консервативные домены не обнаружены	
81	49134	49328	304	MLTREQFEKIKLARDIEIDSYQLA VEHCEGYSYDGIEAAKKDLDKSK AKLVQYLEMIRWNNNEN	64	Гипотетический белок MobD.3 [фаг RB51 энтеробактерии]	YP_0028540 61.1	2e-29 (64/64)			Предполагаемые консервативные домены не обнаружены	
82	49318	49491	305	MKTEKQMFLMKLIEEYANAVSDY ECSSRERGTAFAKEELKIMVDAH TKLQNFIENVI	57	Гипотетический белок MobD.2a [фаг RB14 энтеробактерии]	YP_0028544 39.1	5e-25 (56/57)			Предполагаемые консервативные домены не обнаружены	
83	49656	49841	306	MTSEQAFKLKELIETYSKAVHTA TVIDESAFSGHANKIKYKTLMEEA KVNLDSYIETLIGE	61	Гипотетический белок RB32ORF101 [фаг RB14 энтеробактерии]	YP_0028544 37.1	1e-25 (59/61)			Предполагаемые консервативные домены не обнаружены	
84	49843	50109	307	MGFPKLEVGDLVLTKLWNGVQS VEICQYRGATGNLMYTIYNPEILL ECHLERFIKDTDSMPYSVSIVRK SDTKEYSKILEQIRANKKKD	88	Гипотетический белок RB32ORF100 [фаг RB14 энтеробактерии]	YP_0028544 36.1	7e-42 (83/88)			Предполагаемые консервативные домены не обнаружены	
85	50111	50644	308	MKRLVLEVSPLFGELAIEKVNNM YRLTQEDDMLYFTPSEIIHLTQIE	177	Гипотетический белок RB32ORF098c	YP_803040.	1e-96 (169/177)			Предполагаемые консервативные домены не обнаружены	

ФИГУРА 6Q

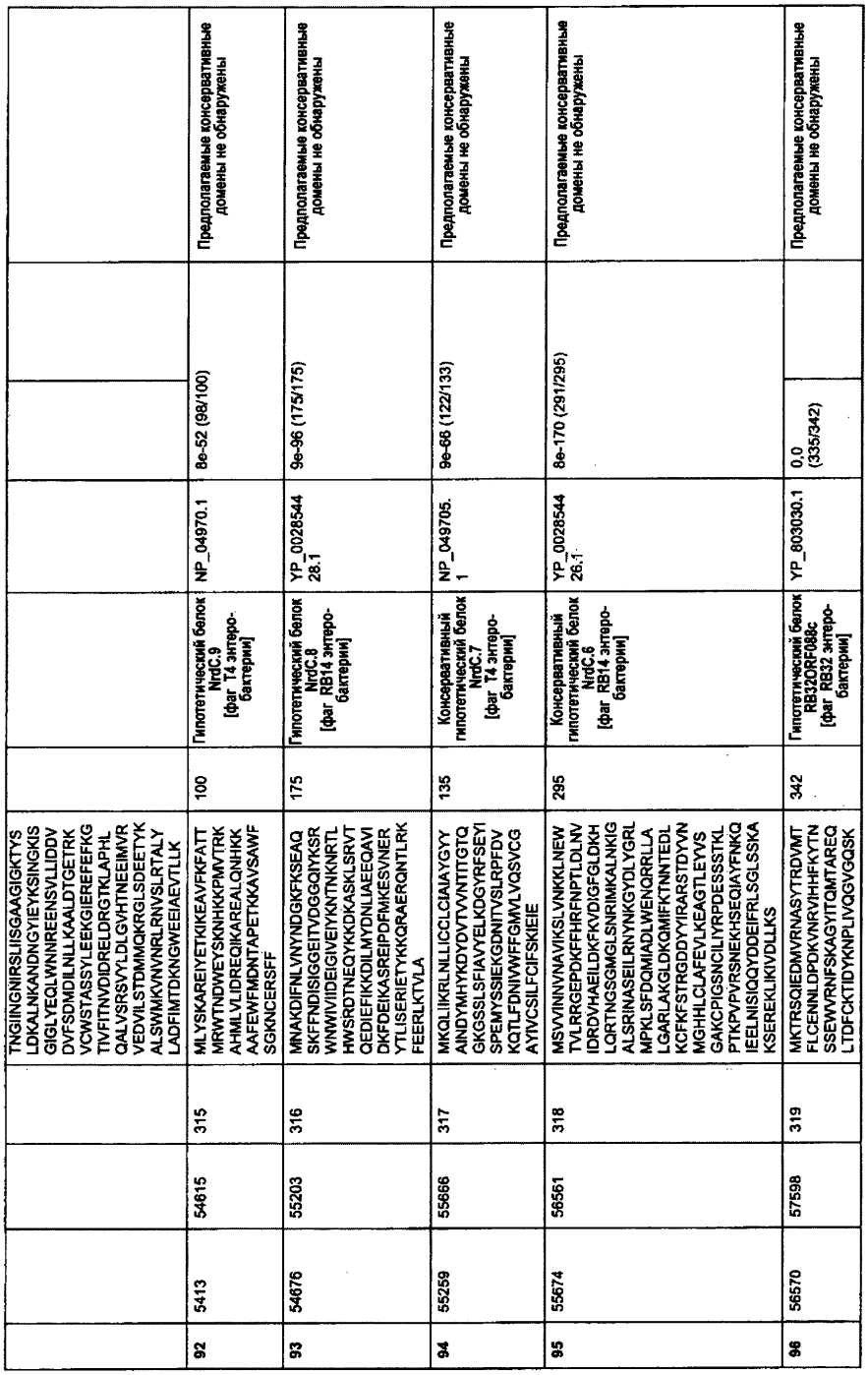
68

69



						[фаг RB32 энтеробактерии]	1			
86	50651	51172	309	YPYTDKIVSINDEHKHHFYSSCPG FNIKSESMCLSVIHWDSFIDKIKY FYYSNERKHSLKWLKNCNAIITN ACNQNDETLLNVSKCYEEGDVL TIRQIDDFRSHIVTFTKDEAIALKT YLDSVIPTMISK	173	Гипотетический белок RB32ORF097c [фаг RB32 энтеробактерии]	YP_803039.1	4e-93 (166/173)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
87	51175	51636	310	MFISSGSGLIRVEFKNDIFLSQGD DIIKMSYDEIKKICHALESHGKEN ATIDIGDLWVTLYEVSEGFNIEDE NNILAIDKRSDLFDVLKVYEQSN GGRKAVLVYQKPHSCGTASIISNI EDETDTYMCVLKAGGDRHPDFI SIRQNNGEISLSKSEAEAMIKYLT TVTPSMKG	153	Гипотетический белок RB32ORF098c [фаг RB14 энтеробактерии]	YP_0028540 56.1	8e-63 (139/153)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
88	51636	52646	311	MIINENSWHYKLFKMFNDEWKR PKTLCAYFWSIVIPTFFVSFFGCT ILAGLTIICAEIHQKWLIFGSLWTLI PSAFILAILLVLLIIGSFVIPAQLHE KYKDYKWKKDYALHVENIDRAY KGLPPIQPKKSIIVEFLKARKAKV CPVIEYKAE	336	Гипотетический белок RB32ORF095c [фаг RB32 энтеробактерии]	YP_803037.1	0,0 (335/336)	Nuc-трансфераза, предсказанная нуклеотидилтрансфераза	pfam1012 7	2e-08
89	52764	52913	312	MKITPIEVKKLIDTEEISECFESFL EDATEDNAVYLAQKIIETYLEKNQ	49	Значительного подобия не обнаружено				
90	52910	53173	313	MTVYVDVLMNHGWKLRGHPTK NCHMFTDGDIEELHEMAEAIGMK RSWFQDKRIKHYDLHARRRQKA VELGAVEVSRREAVKIWRTLK	87	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
91	53243	54211	314	MKTVTINKGIYFGKEISGTFELLG EWFPDNAPVDAQGDGIKVFVEID GKRRGVWVYKSDISYDGVKVEE VKESYEDMKTRINKRFNVMGMM	322	Гипотетический белок RB32ORF094c [фаг RB32 энтеробактерии]	YP_803036.1	0,0 (319/322)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены

ФИГУРА 6R

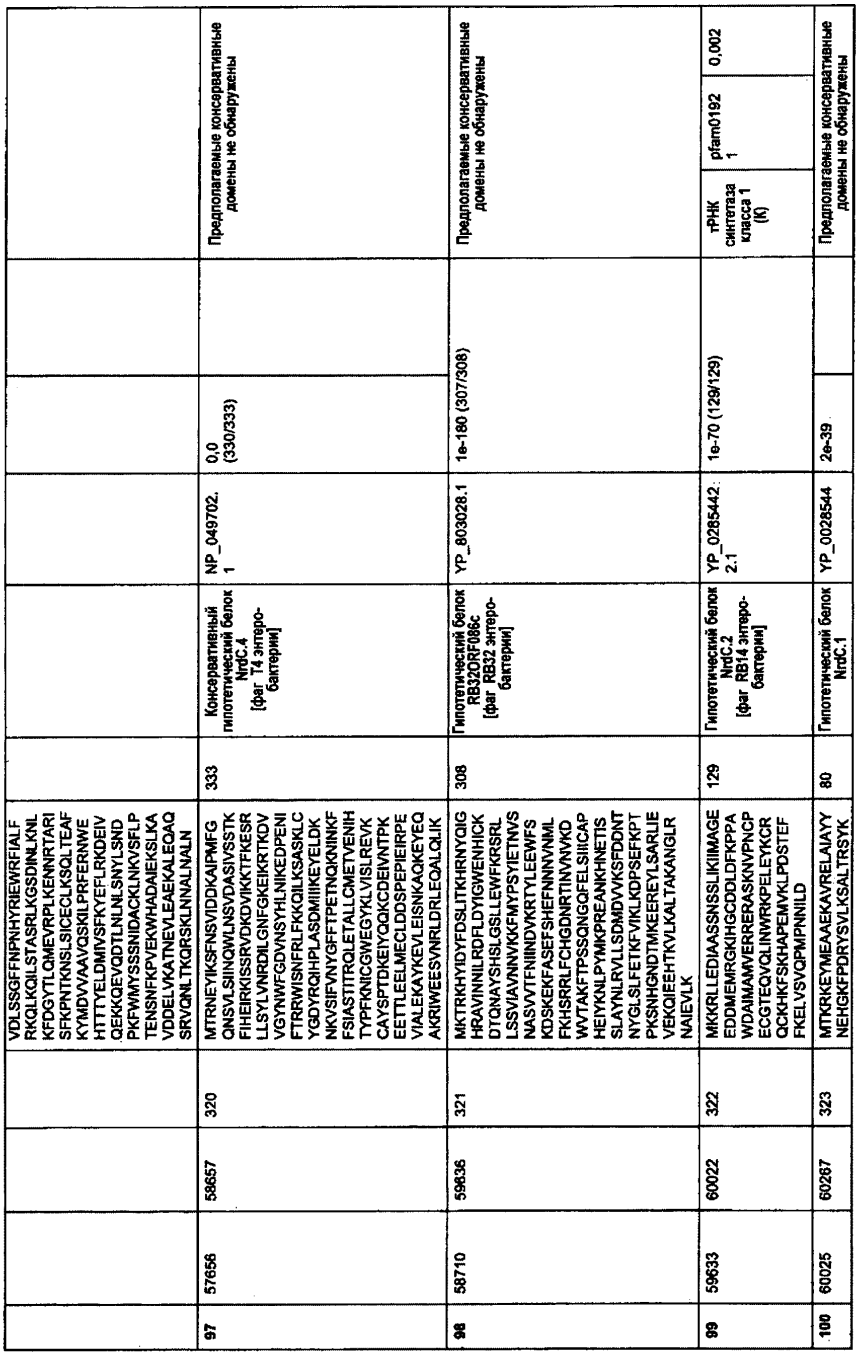


				TNGIINGNIRSLIISGAAGIGKTYS LDKALNKANDNGYIEYKSINGKIS GIGLYEQLWNNREENSVLLIDDV DVFSDMDILNLLKAALDTGETRK VCWSTASSYLEEKGIERFEFEFKG TIVFITNVDIDRELDRGTKLAPHL QALVSRSVYLDLGVHTNEEIMVR VEDVILSTDMMQKRGLSDEETYK ALSWMKVNVNRLRNVSLRTALY LADFIMTDKNGWEEIAEVTLLK						
92	5413	54615	315	MLYSKAREIYETKIKEAVFKFATT MRWTNDWEYSKNHKKPMVTRK AHMLVLIDREQIKAREALQNHKK AAFEWFMDNTAPETKKAVSAWF SGKNCERSFF	100	Гипотетический белок NrdC.9 [фаг T4 энтеробактерии]	NP_04970.1	8e-52 (98/100)			Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
93	54676	55203	316	MNAKDIFNLVNYNDGKFKSEAQ SKFFNDISIGGEITVDGGQIYKSR WNWVIIDEIGIVEIYKNTNKNRTL HWSRDTNEQYKKDKASKLSRVT QEDIEFIKKDILMYDNLIAEEQAVI DKFDEIKASREIPDFMKESVNER YTLISERIETYKKQRAERQNTLRK FEERLKTVLA	175	Гипотетический белок NrdC.8 [фаг RB14 энтеробактерии]	YP_0028544 28.1	9e-96 (175/175)			Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
94	55259	55666	317	MKQLIKRLNLLICCLCIAIAYGYY AINDYMHYKDYDVTVVNTITGTQ GKGSSLSFIAVYELKDGYRFSEYI SPEMYSSIEKGDNITVSLRPFDV KQTLFDNIVWFFGMVLVQSVCG AYIVCSILFCIFSKIEIE	135	Консервативный гипотетический белок NrdC.7 [фаг T4 энтеробактерии]	NP_049705. 1	9e-66 (122/133)			Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
95	55674	56561	318	MSVVINNVNAVIKSLVNKKLNEW TVLRRGEPDKFFHRFNPTLDLNV IDRDVHAEILDKFKVDIGFGLDKH LQRTNGSGMGLSNRIMKALNKIG ALSRINASEILRNYNKGYDLYGRL MPKLSFDQMIADLWENQRRLLA LGARLAKGLDKQMIFKTNNTEDL KCFKFSTRGDDYYIRARSTDYVN MGHHLCLAFEVLKEAGTLEYVS GAKCPIGSNCILIYRPDESSSTKL PTKPVPVRSNEKHSEQIAYFNKQ IEELNISIQQYDDEIFRLSGLSSKA KSEREKLIKIVDLLKS	295	Консервативный гипотетический белок NrdC.6 [фаг RB14 энтеробактерии]	YP_0028544 26.1	8e-170 (291/295)			Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
96	56570	57598	319	MKTRSQIEDMVRNASYTRDVMT FLCENNLDPDKVNRVIHHFKYTN SSEWVRNFSKAGYITQMTAREQ LTDFCKTIDYKNPLIVQGVGQSK	342	Гипотетический белок RB32ORF088c [фаг RB32 энтеробактерии]	YP_803030.1	0,0 (335/342)			Предполагаемые консервативные домены не обнаружены

ФИГУРА 6S

70

71

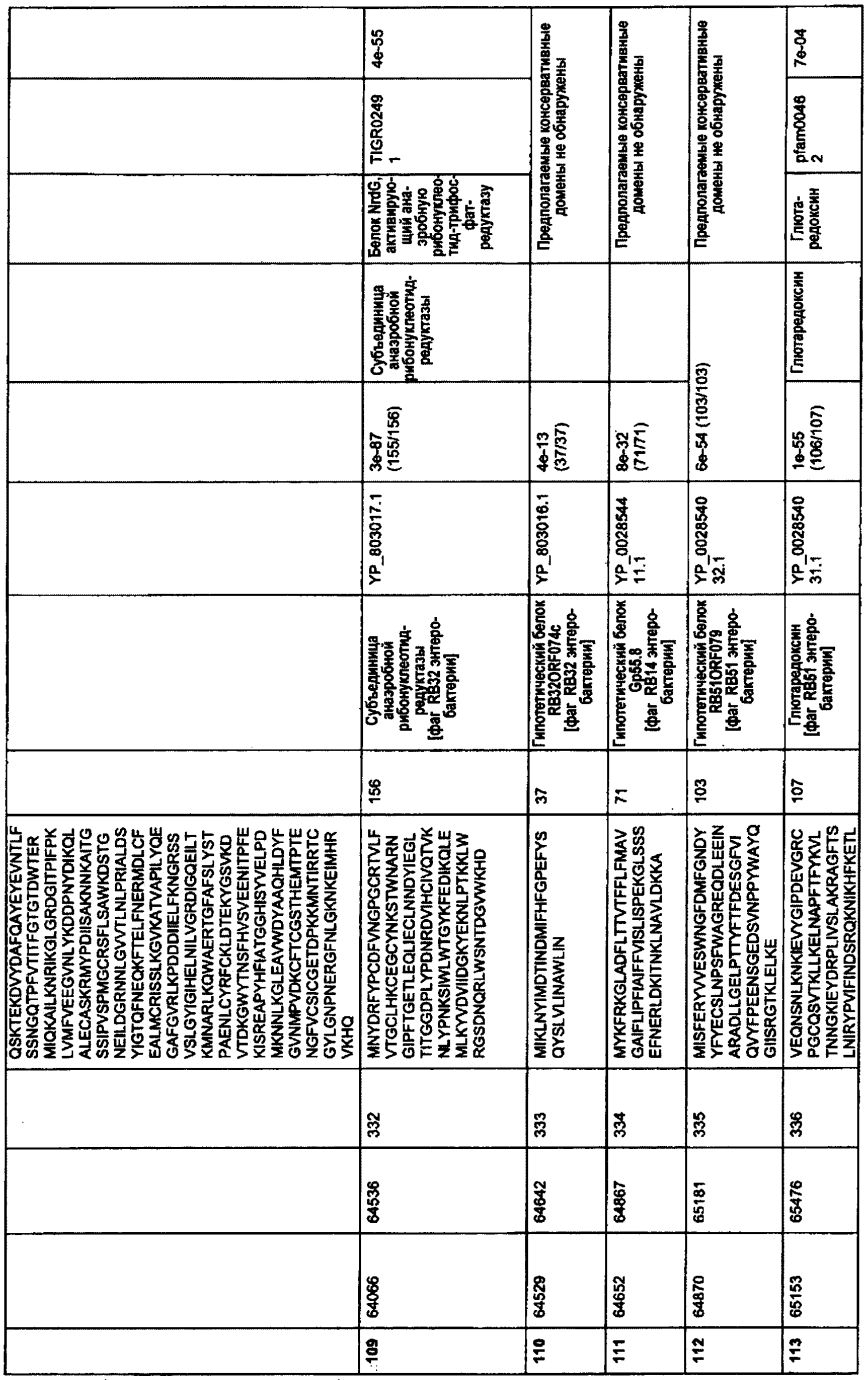


				VDLSSGFFNPNHYRIEWRFIALF RKQILKQILSTASRLKGSDINLKNL KFDGYTLQMEVRPLKENNRTARI SFKPNTKNSLSICECLKSQLTEAF KYMDVVAAVQSKILPRFERNWE HTTTYELDMIVSFKYEFLRKDEIV QEKKQEVQDTLNLLSNYLSND PKFWMYSSSNIDACKLNKVSFLP TENSNFKPVEKWHADAEKSLKA VDDELVKATNEVLEAEKALEQAQ SRVQNLTKQRSKLNNALNALN							
97	57656	58657	320	MTRNEYIKSFNSVIDDKAIPMFG QNSVLSIINQWLNSVDASIVSSTK FIHEIRKISSRVDKDVIKKTFKESR LLSYLVNRDILGNFGKEIKRTKDV VGYNWFGDVNSYHLNIKEDPENI FTRRWISNFRLFKKQILKSASKLC YGDYRQIHPLASDMIIIKEYELDK NKVSIIFVNYGFFTPETNQKNINKF FSIASTITRQLETALLCMETVENIH TYPFKNICGWEGYKLVISLREVK CAYSPTDKEIYQQKCDEIVNTPK EETTLEELMECLDDSPEPIEIRPE VIALEKAYKEVLEISNKAQKEYEQ AKRIWEESVNRLDRLEQALQLIK	333	Консервативный гипотетический белок NrdC.4 [фаг T4 энтеробактерии]	NP_049702.1	0,0 (330/333)			Предполагаемые консервативные домены не обнаружены	
98	58710	59636	321	MKTRKHYIDYFDSLITKHRNYQIG HRAVINNILRDFLDYIGWENHICK DTQNAYSHSLGSLLEWFKRSRL LSSVIAVNNVKKFMYPSYIETNVS NASVVTFNIINDVKRTYLEEWFS KDSKEKFASEFSHEFNNNVNML FKHSRRLFCHGDNRTINVNVKD WVTAKFTPSSQNGQFELSIIICAP HEIYKNLPYMKPREANKHNETIS SLAYNLRVLLSDMDVVKSFDDNT NYGLSLFETKFVIKLKDPSEFKPT PKSNHGNDTMKEEREYLSARLIE VEKQIEEHTKVLKALTAKANGLR NAIEVLK	308	Гипотетический белок RB32DRF086c [фаг RB32 энтеробактерии]	YP_803028.1	1e-180 (307/308)			Предполагаемые консервативные домены не обнаружены	
99	59633	60022	322	MKKRLLEDIAASSNSSLIKIIMAGE EDDMEMRGKIHGCDDLDFKPPA WDAIMAMVERRERASIKNVPNCP ECGTEQVQLINWRKPELEYKCR QCKHKFSKHAPEMVKLPDSTEF FKELVSVQPMPNNILD	129	Гипотетический белок NrdC.2 [фаг RB14 энтеробактерии]	YP_0285442.1	1e-70 (129/129)			тРНК синтетаза класса 1 (K)	pfam0192 1	0,002
100	60025	60267	323	MTKRKEYMEAAEKAVRELAIAYY NEHGKFPDRYSVLKSALTRSYK	80	Гипотетический белок NrdC.1	YP_0028544	2e-39			Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

ФИГУРА 6Т

				NMLSEVSDIIYKHKEQTGQSLDY DETFKQVLGIKE		[фаг RB14 энтеробактерии]	21.1	(80/80)						
101	60269	60532	324	MFKVYGYDSNIHKCVYCDNAKR LLTVKKQPFEFINIMPEKGVFDDE KIAELLTKLGRDTQIGLTMPQVFA PDGSHIGGFDQLREYFK	87	NrdC тиоредоксина [фаг T4 энтеробактерии]	NP_049698.1	8e-45 (87/87)	NrdC тиоредоксина	GRX_GRXb_1_3_like, Glutaredoxin (GRX) family	cd03418	2e-07		
102	60529	60744	325	MMLEGTDYIHDYRGSAVYVGDE VAVYYGYGTLMTAKVIQIKNNRA KLEVYYSNGEKSISKWKYGDCM VKLG	71	Гипотетический белок RB32ORF082c [фаг RB51 энтеробактерии]	YP_0028540 42.1	2e-33 (71/71)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены				
103	60747	60917	326	MIYDINVSRTPSMVTIPAEELDRL QKIEELLWEIESDLPSGLESWIDY EELNKLRG	56	Гипотетический белок RB32ORF081c [фаг RB32 энтеробактерии]	YP_803023.1	6e-23 (55/56)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены				
104	60883	61056	327	LIMKNLISFGVKPWWAARWETV EPEPEEPVYIDEETVYNEPTINDL IDMEMGHDYSR	57	Гипотетический белок RB32ORF080c [фаг RB32 энтеробактерии]	YP_803022.1	6e-24 (54/55)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены				
105	61040	61525	328	MITVDKWFRINRVDTGLCNYWP ELSAGTVFKVRELAKECEDDIEP DTGIIEIELSDGKIINYDKPITYWC LWNTESVENGEIEEVVERTSQD VQKPKAAFQGERISYALAKLAAQ ENNDGYEGNLMQAAAEYIEWLE TQISFSDQKIRQYKRLHQMFYNT	161	Ингибитор Lon-протеазы [фаг RB51 энтеробактерии]	YP_0028540 38.1	4e-86 (155/161)	Ингибитор протеазы	Ингибитор Pin A-нептидазы	pfam1046 5	3e-66		
106	61562	61738	329	MKTELVYTEKLNGGKVWKLFIKG HSTDPHMTTCVGTYSRPTKKMI RQYKRLHRMFYNT	58	Гипотетический белок RB32ORF078c [фаг RB32 энтеробактерии]	YP_803020.1	9e-27 (58/58)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены				
107	61782	62265	330	MLLTGKLYKEEKQKFYDAQNGK CLICQRELNPDVQANHLDHDHEL NGPKAGKVRGLLCNLCNAAEGQ MKHKFNRSGLKGQGVDYLEWLE NLLTYLKSDYTQNNIHPNFVGDK SKEFSRLGKEEMMAEMLQRGFE YNESDTKTQLIASFKKKQLRKSLK	157	Упаковка Gp49 и рекомбинация эндонуклеазы VII [фаг T4 энтеробактерии]	NP_049692.1	1e-87 (157/157)	Упаковка Gp49 и рекомбинация эндонуклеазы VII	Рекомбинация эндонуклеазы VII	pfam0294 5	3e-20		
108	62252	64069	331	MTIEKEIEGLIHKTNKDLLNENAN KDSRVFPTQRDLMAGIVSKHAK NMVPSFIMKAHESGIIHFHDIDYS PALPFTNCCLVDLKGMLENGFKL GNAQIETPKSIGVATAMAQITAQ VASHQYGGTTFANVDKVLSPYV KRTYAKHIEDAEKWQIADALNYA	605	Субъединица анаэробной рибонуклеотидредуктазы [фаг RB14 энтеробактерии]	YP_0028544 13.1	0.0 (599/605)	Субъединица анаэробной рибонуклеотидредуктазы	RNR, класс III рибонуклеотидредуктаза (RNR) катализирует восстановительный синтез	cd01675	2e-159		

ФИГУРА 8U



				QSKTEKDVYDAFQAYEYEVNTLF SSNGQTPVTITFGTGTDWTER MIQKAILKNRIKGLGRDGITPIFPK LVMFVEEGVNLYKDDPNYDIKQL ALECASKRMYPDIISAKNNKAITG SSIPVSPMGCRSFLSAWKDSTG NEILDGRNNLGVVTLNLPRIALDS YIGTQFNEQKFTELFNERMDLCF EALMCRISSLKGVKATVAPILYQE GAFGVRLKPDDDIELFKNGRSS VSLGYIGIHELNILVGRDIGQEILT KMNARLKQWAERTGFAFSLYST PAENLCYRFCKLDTEKYGSVKD VTDKGWYTNSFHVSVEENITPFE KISREAPYHFIATGGHISYVELPD MKNNLKGLEAVWDYAAQHLDYF GVNIMPVDKCFTCGSTHEMTPTE NGFVCSICGETDPKKMNTIRRTC GYLGNPNERGFNLGKNKEIMHR VKHQ									
109	64066	64536	332	MNYDRFYPCDFVNGPGCRTVLF VTGCLHKCEGCYNKSTWNARN GIPFTGETLEQLIECLNNDYIEGL TITGGDPLYPDNRDVIHCIVQTVK NLYPNKSIWLWTGYKFEDIKQLE MLKYVDVIDGKYEKNLPTKKLW RGSDNQRLWSNTDGVWKHD	156	Субъединица анаэробной рибонуклеотид-редуктазы [фаг RB32 энтеробактерии]	YP_803017.1	3e-87 (155/156)	Субъединица анаэробной рибонуклеотид-редуктазы	Белок NrdG, активирующий анаэробную рибонуглеводтид-трифосфат-редуктазу	TIGR0249 1	4e-55
110	64529	64642	333	MIKLNYIMDTINDMIFHFGPEFYS QYSLYLINAWLIN	37	Гипотетический белок RB32ORF074c [фаг RB32 энтеробактерии]	YP_803016.1	4e-13 (37/37)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены					
111	64652	64867	334	MYKFRKGLADFLTTVTFFLFMAV GAIFLIPFIAIFFVISLISPEKGLSSS EFNERLDKITNKLNAVLDKKA	71	Гипотетический белок Gp55.8 [фаг RB14 энтеробактерии]	YP_0028544 11.1	8e-32 (71/71)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены					
112	64870	65181	335	MISFERYVVESWNGFDMFGNDY YFYECSLNPSFWAGREQDLEEIN ARADLLGELPTTYFTFDESGFVI QVYFPEENSGEDSVNPPYWAYQ GIISRGTKLELKE	103	Гипотетический белок RB51ORF079 [фаг RB51 энтеробактерии]	YP_0028540 32.1	6e-54 (103/103)	Глютаредоксин	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены					
113	65153	65476	336	VEQNSNLKNKIEVYGIPDEVGRC PGCQSVTKLLKELNAPFTFYKVL TNNGKIETYDRPLIVSLAKRAGFTS LNIRYPVIFINDSRQKNIKHFKETL	107	Глютаредоксин [фаг RB51 энтеробактерии]	YP_0028540 31.1	1e-55 (106/107)	Глютаредоксин	Глюта-редоксин	pfam0046 2	7e-04			

ФИГУРА 6 V

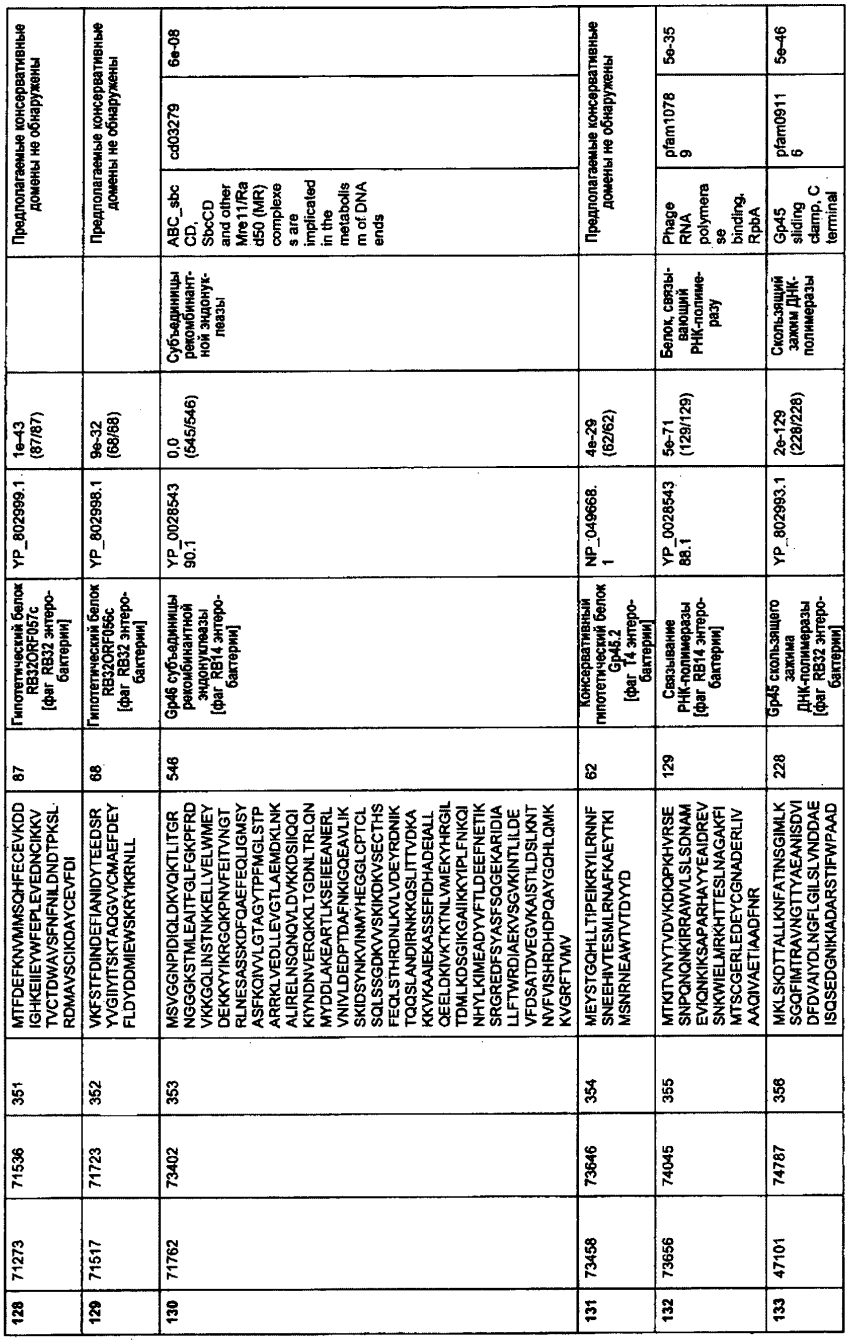
				ISLGYDRDIIED							
114	65634	65816	337	MVVVDKEIKKGQYYFINGNVVRV TYVNGFEVYYLILKLHKQMICDR AVFSSVAKEIKLHG	60	Гипотетический белок Gp55.6 [фаг RB14 энтеробактерии]	YP_0028544 07.1	2e-26 (60/60)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены	
115	65809	66102	338	MGKTYRRKDLKVRDYDYFGKRK APDGVSHKDMVENIFRSDKWRR MKGIDSEVKDELNRQLRSEVRKL KKSVYIDDDFDYNTSQRVAKRKS NECYRYS	97	Консервативный белок Gp55.5 с неизвестной функцией [фаг T4 энтеробактерии]	NP_049684. 1	6e-48 (96/97)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены	
116	66110	66241	339	MNIKRMLFKQGLYTLNATPKGDT TKWSVNDWIKFIDENGNWEI	43	Консервативный гипотетический белок Gp55.4 [фаг T4 энтеробактерии]	NP_049683. 1	2e-16 (42/43)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены	
117	66242	66442	340	MNPESKLSQRIAEEERAKFFQNM KHNGIEDEVFLNWFWNNKYAAC EGALSLSVAMMYEGWKGAKKFS	66	Гипотетический белок Gp55.3 [фаг T4 энтеробактерии]	NP_049682. 1	1e-31 (66/66)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены	
118	66495	66821	341	MTIQIKNAINSYAYDKVVSLLEKG DIVTPQILDKWEKELHQTMKQND QKIGRNTVRELLVQYILSEFDVKA FGVESKAYQKHEISDKTIRRMKN QRKKKFADLKITKV	108	Гипотетический белок Gp55.2 [фаг T4 энтеробактерии]	NP_049681. 1	6e-56 (108/108)	Гипотетический белок	PHA02100	0.003
119	66824	67039	342	MNEALINDLRLAGYEVNTNGIGL TQIEGNGFILEYEYFSQWWLYANY GELIEYVDQFDSLDAALEAAKLM NV	71	Гипотетический белок Gp55.1 [фаг RB14 энтеробактерии]	YP_0028544 02.1	2e-32 (71/71)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены	
120	67036	67305	343	MKLINISIAIENFGIFYVDQYMKIS FFPNKTGVGYWESHVSELNESE YVSTHKKFLDFLYRADINDHYDI HEFKKMMEKVFQAYCLLR	89	Гипотетический белок RB14QRF065 [фаг RB14 энтеробактерии]	YP_0028544 01.1	2e-41 (81/89)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены	
121	67384	67941	344	MSETKPKYNYVNNKELLQAIIDW KTELANNKDPNKVVRQNDTIGLA IMLIAEGLSKRFNFSGYTQSWKQ EMIADGIEASIKGLHNFDETKYKN PHAYITQACFNAFVQRIKKERKE VAKKYSYFVHNVYDSRDDDMVA LVDETFIQDIYDKMTHYEESTYRT PGAEKKSVVDDSPSLDFLYEAN D	185	Gp55 сигма-фактора для поздней транскрипции T4 [фаг T4 энтеробактерии]	NP_049679. 1	7e-106 (185/185)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены	
122	67925	68143	345	MRLTINLSGFLEEIPEVEAIPYLLK MYLREVLALDIDIPENPYDTAFK SNGVELNYRYHLTDDDFYFILEK	72	Гипотетический белок A-gt.5 [фаг T4 энтеробактерии]	NP_049678	2e-33 (72/72)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены	

ФИГУРА 6W

75

123	68145	68462	346	MTDKPEINDEVEKLISSIEEKNRL EAERKANKLLSKNKRELNRLYKH AQIAAENNNFAQYEYAIKKSRDIL KQPYNDELISILWKTTRSQIEDMI DAYTRKIQAS	105	Консервативный гипотетический белок A-gt.4 [фаг T4 энтеробактерии]	NP_049677.1	8e-53 (105/105)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
124	68431	68634	347	MLTHVKFKRLKINAGFTESLNGH LCVKISEKEYHDSSIKEVNPPIVR ADPNMKVWVDSYQVKKWWQL	67	Гипотетический белок RB32ORF062c [фаг RB32 энтеробактерии]	YP_803004.1	2e-32 (67/67)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
125	68638	68811	348	MNTQTSEIDYNKIRSSKEEMMRR FKESHDKAKAEGTIKYKRIKFKSS NEPLYGVLCG	57	Гипотетический белок A-gt.2 [фаг RB51 энтеробактерии]	YP_0028540 19.1	2e-24 (55/57)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
126	68878	70080	349	MKVCIFMARGLEGCGVTKFSLE QRDWFIKNGHEVTLVYAKDKSFT RNCAHDYKSFSIPVLLAKEYDKT LKLVNDCDILIINSVPATSVEEDTI NNYKKIIDNIKPSVRVVVYQHDHS SLSLRRNLGLEETIRRADVIFSHS DNGDFNKVLMKEWYPETVSLFD DIEEAPTVYNFQPPMDIAKVRST YWKDVSEINMNINRWIGRTTTW KGFYQMFDFHEKHLKPAGLSTIM EGLERSPAFIPIKEKGIPYEYYRL HQVDQIKIAPNLPTQILDRYVNSE MLERMSKSGFGYQLSKLDKKYL QRSLEYTHLELGACGTIPVFWKS TGENLKFRVDNTPLTSHDSGIIW FDENDMESTFERIKELSSDRTLY DRERIKAYEFLYQHQDSSFCFK EQFDIITK	400	Альфа-глюкозилтрансфераза [фаг RB51 энтеробактерии]	YP_0028540 18.1	0.0 (399/400)	Альфа-глюкозилтрансфераза	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
127	70257	71276	350	MKILNLGDWHLGVKADDEWVQS IQLDGIKQAIEYSKKNGITTWIQY GDIFDVRKAITHKTMEFAREIVQ MLDDAGITLHTIVGNHDMHFKNT LTPNASTELLAKYPNVKVYDKPT TVDFDGCLIDLIPWMCEENTGEIL EHIKTSSASFCVGHWELNGFYFY KGMKSHGLEPDFLKTYKEVWSG HFHTISEAAIVRYIGTPWTLTAG DENDPRGFMWMFDTETERMEFIP NNTTWHRRIHYPFKGKIDYKDFT NLSVRVIVTEVDKNLTKFESELEK VVHSLRVVSKIDNSVESDDSEEV EVQSLQTLMEEYINAIPDITDSDR EALIQYANQLYVEATQ	339	Gp47 субъединицы рекомбинантной эндонуклеазы [фаг RB51 энтеробактерии]	YP_0028540 16.1	0.0 (337/339)	Субъединица рекомбинантной эндонуклеазы	Экзонуклеаза SbcD	TIGR00619	5e-05

ФИГУРА 6X

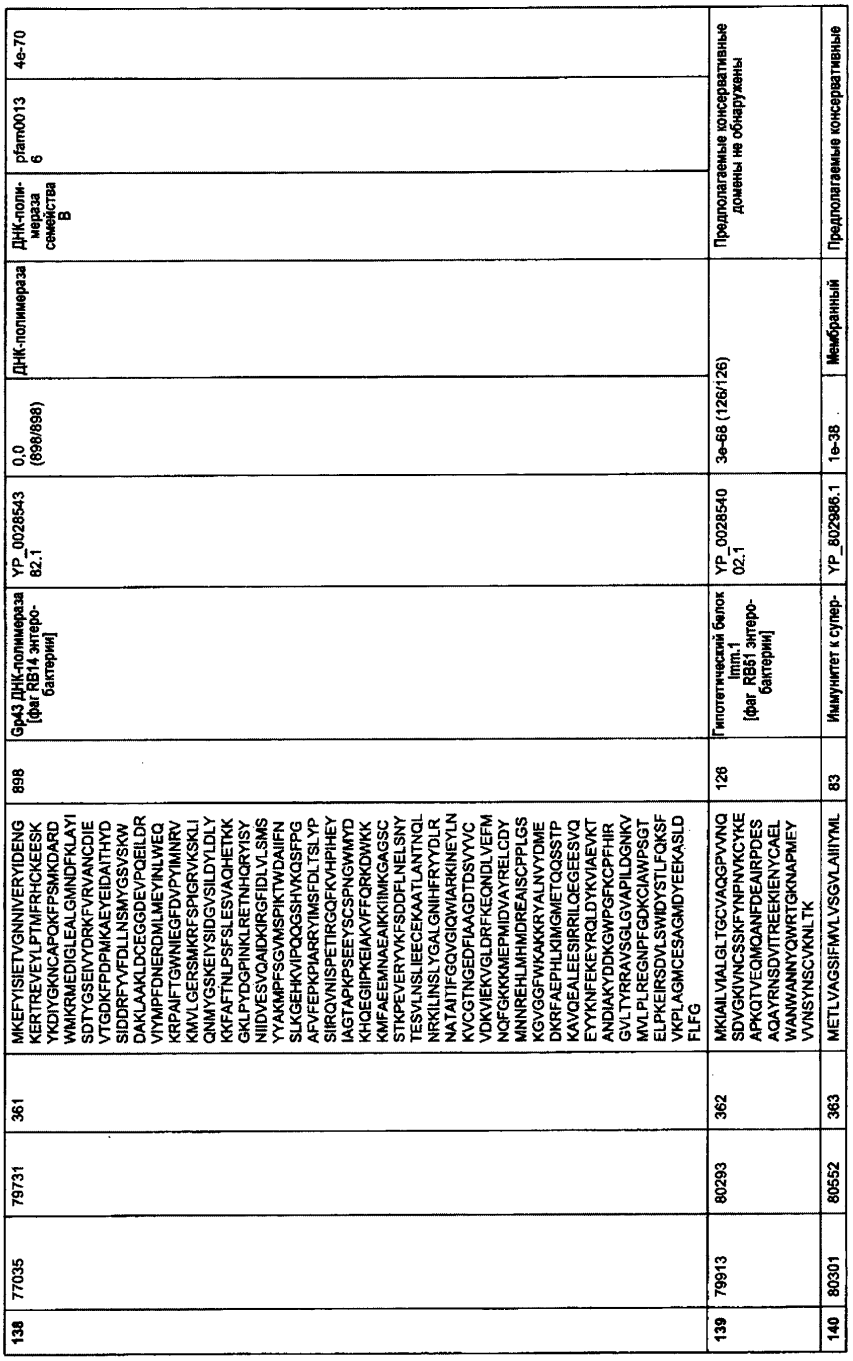


128	71273	71536	351	MTFDEFKNVMMSQHFECEVKDD IGHKEIIEYWFEPLEVEDNCIKKV TVCTDWAVSFNFNLDNDTPKSL RDMAVSCIKDAYCEVFDI	87	Гипотетический белок RB32ORF057c [фаг RB32 энтеробактерии]	YP_802999.1	1e-43 (87/87)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены				
129	71517	71723	352	VKFSTFDINDEFIANIDYTEEDSR YVGIIYITSKTAQGVVCMAEFDEY FLDYDDMIEWSKRYIKRNLL	68	Гипотетический белок RB32ORF056c [фаг RB32 энтеробактерии]	YP_802998.1	9e-32 (68/88)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены				
130	71762	73402	353	MSVGGNPIDIQLDKVQKTLITGR NGGGKSTMLEAITFGLFGKPFRD VKKGQLINSTNKKELLVELWMEY DEKKYIKRGQKPNVFEITVNGT RLNESASSKQFQAEFEQLIGMSY ASFKQIVVLGTAGYTPFMGLSTP ARRKLVEDLLEVGTLAEMDKLNK ALIRELNSQNQVLDVKKDSIIQQI KIYNDNVERQKKLTGDNLTRLQN MYDDLAKEARTLKSEIEEANERL VNIVLDEDPTDAFNKIGQEAVLIK SKIDSYNKVINMYHEGGLCPTCL SQLSSGDKVVSKIKDKVSECTHS FEQLSTHRDNLKVLVDEYRDNIK TQQSLANDIRNKKQSLITTVDKA KKVKAAIEKASSEFIDHADEIALL QEELDKIVKTKTNLVMEKYHRGIL TDMLKDSGIKGAIIKKYIPLFNKQI NHYLKIMEADYVFTLDEEFNETIK SRGREDFSYASFSQGEKARIDIA LLFTWRDIAEKVSGVKINTLILDE VFDSATDVEGVKAISTILDSLKNT KVGRFTVMV	546	Gp46 субъединицы рекомбинантной эндонуклеазы [фаг RB14 энтеробактерии]	YP_0028543 90.1	0.0 (545/546)	Субъединицы рекомбинантной эндонуклеазы	ABC_sbcCD, SbcCD and other Mre11/Rad50 (MR) complexes are implicated in the metabolism of DNA ends	cd03279	6e-08
131	73458	73646	354	MEYSTGQHLLTIPEIKRYILRNNF SNEEHVTESMLRNAFKAEYTKI MSNRNEAWTVTDYYD	62	Консервативный гипотетический белок Gp46.2 [фаг T4 энтеробактерии]	NP_049668.1	4e-29 (62/62)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены				
132	73656	74045	355	MTKTVNYTVDVKDHQPKHVRSE SNPQNQNKIRRAWVLSLSDNAM EVIQNKIKSAPARHAYYEAIDREV SNKWIELMRKHTTESLNAGAKFI MTSCGERLEDEYCGNADERLIV AAQIVAETIAADFNR	129	Связывание РНК-полимеразы [фаг RB14 энтеробактерии]	YP_0028543 88.1	5e-71 (129/129)	Белок, связывающий РНК-полимеразу	Phage RNA polymerase binding, RpbA	pfam1078 9	5e-35		
133	47101	74787	356	MKLSKDTTALLKNFATINSGIMLK SGQFIMTRAVNGTTYAEANISDVI DFDVAIYDLNGFLGILSLVNDDAE ISQSEDGNIKADARSTIFWPAAD	228	Gp45 скользящего зажима ДНК-полимеразы [фаг RB32 энтеробактерии]	YP_802993.1	2e-129 (228/228)	Скользящий зажим ДНК-полимеразы	Gp45 sliding clamp, C terminal	pfam0911 6	5e-46		

ФИГУРА 6Y

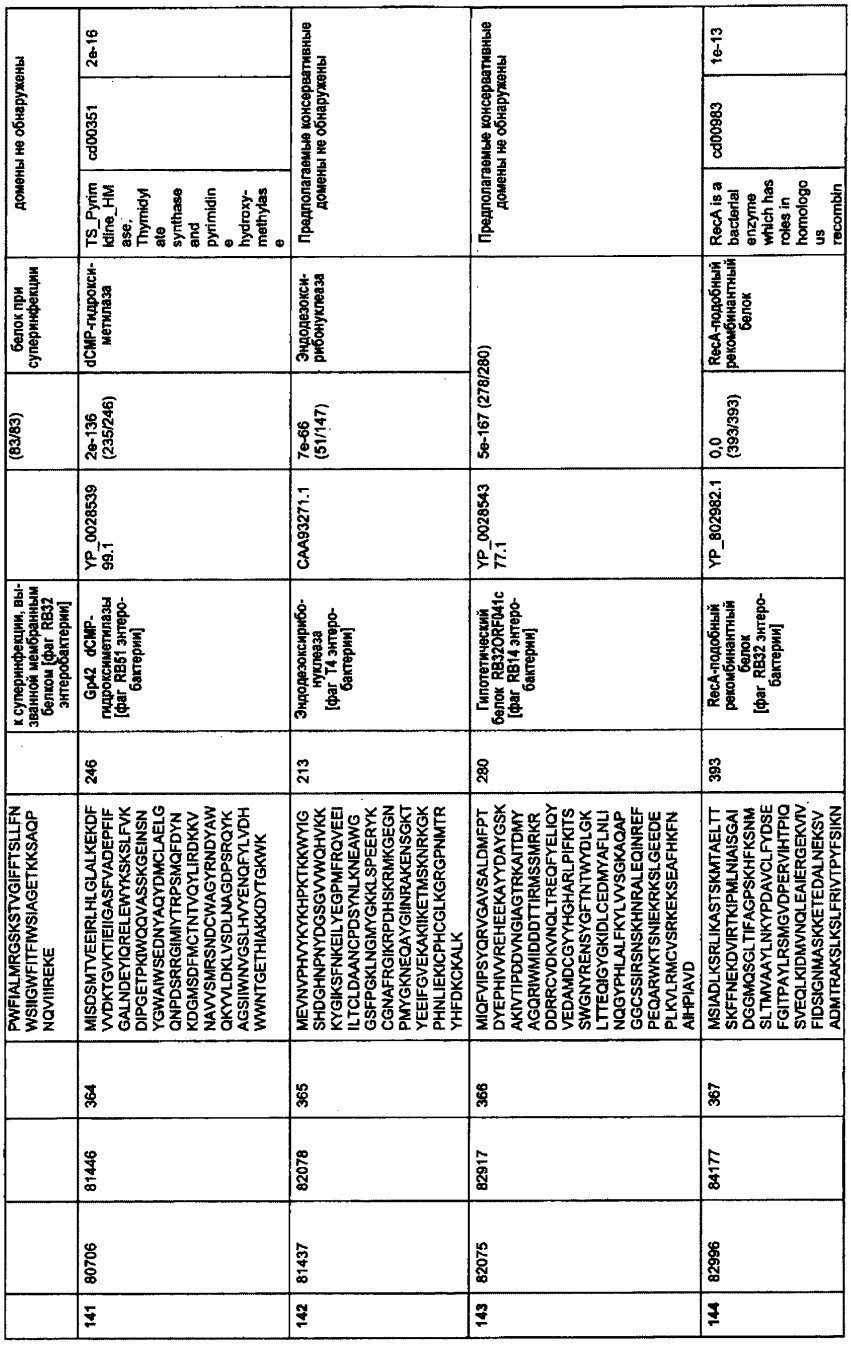
				PSTVVAPNKPIPFPVASVVTEIKA EDLQQLLRVSRGLQIDTIATVKE GKIVINGFNKVEDSALTRVKYSLT LGDYDGENTFNFIINMANIMKMQ PGNYKLLIWAKGKQGAAKFEGE HANYVVALEADSTHDF								
134	74839	75798	357	MITVNEKEHILEQKYRPSTIDECIL PAFDKETFKSITSKGKIPHILHSP SPGTGKTTVAKALCHDVNADMM FVNGSDCKIDFVRGPLTNFASAA SFDGRQKVIVIDEFDRSGLAESQ RHLRSFMEAYSSNCSIIITANNID GIIKPLQSRCRVITFGQPTDEDKI EMMKQMIRRLTEICKHEGIAIAD MKVVAALVKKNFPDFRKTIGELD SYSSKGVLDAGILSLVTNDRGAI DDVLESLKNKDVKQLRALAPKYA ADYSWFVGKLAEEIYSRVTPQSII RMYEIVGENNQYHGIAAANTELHL AYLFIQLACEMQWK	319	Gp46 субъединицы погрузчика зажима, вспомогательный белок ДНК-полимеразы [фаг T4 энтеробактерии]	NP_049665.1	0.0 (319/319)	Субъединица погрузчика зажима, вспомогательный белок ДНК-полимеразы	The AAA+ (ATPases Associated with a wide variety of cellular Activities) superfamily	cd00009	5e-06
											Rfc, replication factor C small subunit	PRK00440	1e-24
135	75800	76363	358	MSLFEDDIQLNEHQVAWYSKDW TAVQSAADSFKEKAENEFFEIIGA INNKTKCSIAQKDYSKFMVENAL SQFPECMPAVYAMNLIGSGLSD EAHFNYLMAAVPRGKRYGKWAK LVEDSTEVLIIKLLAKRYQVNTND AINYKSILTKNGKLPLVLKELKGL VTDDFLKEVTKNVKEQKQILKKLA LEW	187	Gp62 субъединицы погрузчика зажима [фаг RB51 энтеробактерии]	YP_0028540 07.1	2e-105 (187/187)	Субъединица погрузчика зажима	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
136	76365	76733	359	MIEITLKKPEDFLKVKETLTRMGI ANNKDKVLYQSCHILQKKGLYYI VHFKEMLRMDGRQVEMTEEDE VRRDSIAWLLEDWGLIEIVPGQR TFMKDLTNNFRVISFKQIKHEWKL VPKYTIGN	122	Трансляционный репрессорный белок Reg A [фаг T4 энтеробактерии]	NP_049663.1	5e-66 (122/122)	Трансляционный репрессорный белок Reg A	Translat_reg, bacteriophage translational regulator	pfam01818	6e-46
137	76735	76956	360	MTAITPQEYMASLKEEKYNLSATE TLFDLPENLQLKFQVEFQKLVHP EQKHFTAVVKSINADGMIIFTRQI VLI	73	Гипотетический белок RB32ORF047c [фаг RB14 энтеробактерии]	YP_0028543 83.1	5e-34 (71/73)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

ФИГУРА 6Z



138	77035	79731	361	MKEFYISIETVGNNIVERYIDENG KERTREVEYLPTMFRHCKEESK YKDIYGKNCAPQKFPSMKDARD WMKRMEDIGLEALGMNDFKLAYI SDTYGSEIVYDRKFVRVANCDIE VTGDKFPDPMKAEYEIDAITHYD SIDDRFYVFDLLNSMYGSVSKW DAKLAAKLDCEGGDEVPQEILDR VIYMPFDNERDMLMEYINLWEQ KRPAIFTGWNIEGFDVPYIMNRV KMVLGERSMKRFSPIGRVKSKLI QNMYGSKEIYSIDGVSILDYLDLY KKFAFTNLPSFSLESVAQHETKK GKLPYDGPINKLRETNHQRYISY NIIDVESVQAIDKIRGFIDLVLSMS YYAKMPFSGVMSPIKTWDAIIFN SLKGEHKVIPQQGSHVKQSFPG APVFEPKPIARRYIMSFDLTSLYP SIIRQVNISPETIRGQFKVHPIHEY IAGTAPKPSEEYSCSPNGWMYD KHQEGIIPKEIAKVFFQRKDWKK KMFAEEMNAEAIKKIIMKGAGSC STKPEVERYVKFSDDFLNELSNY TESVLNSLIEECEKAATLANTNQL NRKILINSLYGALGNIHFRYYDLR NATAITIFGQVGIQWIARKINEYLN KVCGTNGEDFIAAGDTDSVYVC VDKVIEKVGLDRFKEQNDLVEFM NQFGKKKMEPMIDVAYRELCDY MNNREHLMHMDREAISCPPLGS KGVGGFWKAKKRYALNVYDME DKRFAEPHLKIMGMETQQSSTP KAVQEALEESIRRILQEGEESVQ EYYKNFEKEYRQLDYKVIAEVKT ANDIAKYDDKGWPGFKCPFHIR GVLTYRRAVSGLGVAPILDGNKV MVLPLREGNPFGDKCIAWPSGT ELPKEIRSDVLSWIDYSTLFQKSF VKPLAGMCESAGMDYEEKASLD FLFG	898	Gp43 ДНК-полимераза [фаг RB14 энтеробактерии]	YP_0028543 82.1	0.0 (898/898)	ДНК-полимераза	ДНК-полимераза семейства B	pfam00136	4e-70
139	79913	80293	362	MKIAILVIALGLTGCVAQGPVVNQ SDVGKIVNCSSKFYNPNVKCYKE APKQTVEQMQANFDEAIRPDES AQAYRNSDVTREEKIENYCAEL WANWANNYQWRTGKNAPMEY VVNSYNSCVKNLTK	126	Гипотетический белок I(nn.1 [фаг RB51 энтеробактерии]	YP_0028540 02.1	3e-88 (126/126)			Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
140	80301	80552	363	METLVAGSIFMVLVSGVLAIIIYML	83	Иммунитет к супер-	YP_802986.1	1e-38	Мембранный		Предполагаемые консервативные		

ФИГУРА 6АА



							к суперинфекции, вызванной мембранным белком [фаг RB32 энтеробактерии]		(83/83)	белок при суперинфекции	домены не обнаружены		
141	80706	81446	364	PWFIALMRGSKSTVGIFFTSLLFN WSIIGWFITFWSIAGETKKSAQP NQVIIIREKE	MISDSMTVEEIRLHLGLALKEKDF VVDKTGVKTIEIIGASFVADEPFIF GALNDEYIQRELEWYKSKSLFVK DIPGETPKWQQVASSKGEINSN YGWAIWSEDNTAQYDMCLAELG QNPDSRRGIMYTRPSMQFDYN KDGMSDFMCTNTVQYLIRDKKV NAVVSMRSNDCWAGYRNDYAAW QKYVLDKLVSDLNAGDPSRQYK AGSIIWNVGSLHVYENQFLVDH WWNTGETHIAKKDYTGKWK	246	Gp42 dCMP-гидроксиметилазы [фаг RB51 энтеробактерии]	YP_0028539 99.1	2e-136 (235/246)	dCMP-гидроксиметилаза	TS_Pyrimidine_HMase_Thymidylate synthase and pyrimidine hydroxymethylase	cd00351	2e-16
142	81437	82078	365	MEVNVPHVYKYKHPKTKKWYIG SHDGHNPNYDGSGVVWQHVKK KYGIKSFNKEILYEGPMFRQVEEI ILTCLDAANCPDSYNLKNEAWG GSFPGKLNGMYGKKLSPEERYK CGNAFRGIKRPDHSKRMKGEGN PMYGKNEQAYGIINRAKENSGKT YEEIFGVEKAKIIKETMSKNRKGK PHNLIEKICPHCGLKGRGPNMTR YHFDKCKALK	213	Эндодезоксирибонуклеаза [фаг T4 энтеробактерии]	CAA93271.1	7e-66 (51/147)	Эндодезоксирибонуклеаза	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
143	82075	82917	366	MIQFVIPSYQRVGAVSALDMFPT DYEPHIVVREHEEKAYYDAYGSK AKIVTIPDDVNGIAGTRKAITDMY AGQRIWMIDDDTTIRMSSIMRKR DDRRCVDKVNQLTREQFYELIQY VEDAMDCGYYHGHARLPIFKITS SWGNYRENSYGFTNTWYDLGK LTTEQIGYGSKIDLCEDMYAFLNLI NQGYPHLALFKYLVVSGKAQAP GGCSSIRSNSKHNRALEQINREF PEQARWKTSNIEKRKSLGEEDE PLKVLRMCVSRKEKSEAFHKFN AHPIAVD	280	Гипотетический белок RB32ORF041c [фаг RB14 энтеробактерии]	YP_0028543 77.1	5e-167 (278/280)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
144	82996	84177	367	MSIADLKSRLIKASTSKMTAELTT SKFFNEKDVIRTKIPMLNIAISGAI DGGMQSSGLTIFAGPSKHFKSNM SLTMVAAYLNKYPDAVCLFYDSE FGITPAYLRSMGVDPERVIHTPIQ SVEQLKIDMVNQLEAIERGEKVIV FIDSIGNMASKKETEDALNEKSV ADMTRAKSLKSLFRIVTPYFSIKN	393	RecA-подобный рекомбинантный белок [фаг RB32 энтеробактерии]	YP_802982.1	0.0 (393/393)	RecA-подобный рекомбинантный белок	RecA is a bacterial enzyme which has roles in homologous recombin	cd00983	1e-13

ФИГУРА 68В

79

80

				IPCVAVNHTIETIEMFSKTVMTGG TGVMYSADTVFIIGKRQIIKDGSDL QGYQFVLNVEKSRTVKEKSKFFI DVKFDGGIDPYSGLLDMALELGF VVKPKNGWYAREFLDEETGEMI REEKSWRAKDTNCTTFWGPLFK HQPFRDAIKRAYQLGAIDSNEIVE AEVDELINSKVEKFKSPESKSKS AADLETDILEQLSDMEEFNE	112	Gp40 шаперонового аппарата сборки вершины головки [фаг T4 энтеро-бактерии]	NP_049655.1	7e-45 (104/107)	Шапероны сборки вершины головки	ation, DNA repair, and the induction of the SOS response.	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
145	84170	84508	368	MSKDDLDLEIIDESPSSEGEEER KERLFNESLKIIKSAMENVIQEIVI KLEDGSTHIVYVTKLDWVDGKVV MDFAVLDQERKAELAPHVEKCIT MQLQDAFNKRSKKKFKFF										
146	84518	85945	369	VVEIILSHLIFDQAYFSKVWPYMD SEYFESGPAKNTFKLIKSHVNEY HSVPSINALNVALENSSFTETEY SGVKTLISKLADSPEDHSWLVKE TEKYVQQRAMFNATSKIIEIQTNA ELPPEKRNKKMPDVGAIPDIMRQ ALSISFDSYVGHDWMDDYEARW LSYMNKARKVPFKLIKLNKITKGG AETGTLNVLMAGVNVGKSLGLC SLAADYLQLGHNVLYISMEMAEE VCAKRIDANMLDVSLDDIDDGHI SYAEYKGKMEKWREKSTLGRLI VKQYPTGGADANTFRSLLNELKL KKNFVPTIIVDYLGICKSCRIRVY SENSYTTVKAIAEELRALAVETET VLWTAAQVGKQAWDSSDVNMS DIAESAGLPATADFMLAVIETEEL AAAEQQLIKQIKSRYGDKNKWNK FLMGVQKGNQKWVEIEQDSTPT EVNEVAGSQQIQAEQNRYQRNE STRAQLDALANELKF	475	Gp42 субъединицы ДНК-примаза-геликазы [фаг T4 энтеро-бактерии]	NP_049654.1	0.0 (473/475)	Суб-единица ДНК-примаза-геликазы	DnaB, replicative DNA helicase [DNA replicatio n, recombin ation, and repair]	COG0305	6e-13
147	86004	86186	370	MELVKVVFMGWFKNESMFTKEI TMMKDDVDWATTQYAEVNKALV KAFIDDKKVCEVDCRG	60	Dmd определителя расщепления мРНК [фаг T4 энтеро-бактерии]	NP_049653.1	7e-27 (60/60)	Определитель расщепления мРНК	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены			
148	86188	86430	371	MHIVLFKPTPYNVRKNTQFKALIA DTWELVLDIPAEESPPFGRVEFIK FAVRPTKRQIRQCKRYFRKIVKL EKQLLMLVK	80	Гипотетический белок Gp61.4 [фаг RB14 энтеро-бактерии]	YP_0028543 72.1	4e-36 (74/76)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены			
149	86494	86748	372	MMLVNREYQFKSEEDLEKFASG CELNRRTAKVIGLKPFTVLDCEV	84	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены			

ФИГУРА 6СС

				SKFRRGCSISGHALVDGNTFFFV FSVRELLLINELEEIK									
150	86813	86995	373	MSKVSGYQLLTQEQRSEMDSLQ ERCQHRNNALDSFLLVEYENLC SRLEKEYVHQHEGGEE	60	Значительного подобия не обнаружено							
151	87099	87392	374	MKKFIFAAIFALSSCAAQPAMAG YDKDLCEWSMTADQTEVETQIE ADIMNIVERDRPEMKAEVQKQLK SGGVMQYNYYYLYCDKNFNNKNII AEVVGE	97	Периплазматический белок Sp [фаг T4 энтеробактерии]	NP_049651.1	2e-49 (94/97)	Периплазматический белок, регуляция лизиса	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены			
152	87661	87762	375	MLSDEINDLLNDAEKVAIPSIDDQ IFNAFMNRG	33	Гипотетический белок RB32ORF033c [фаг RB51 энтеробактерии]	YP_0028539 90.1	1e-10 (33/33)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены			
153	87764	87928	376	MKTFKEFIKEDMVAGDSGGNPE NISTGTTSGAVVNKGPEQIPKKK KEESKEKEE	55	Orf 61.1 [фаг T4 энтеробактерии]	AAB25712.1	2e-21 (54/54)		Основной капсидный белок Gp23	pfam07068	3e-04	
154	87931	88959	377	MSSIPWIDNEFAYRALAHLPKFT QVNNSSTFKLRFRCPVCGDSKT DQNKARGWYYGDNNEGNIHCY NCNYHAPIGYLKEFEPDLYREYI FEIRKEKGKSRPVEKPKELPKQP EKKIIKSLPSCIRLDKLAEDHPIIKY VKARCIPKDKWKYLWFTTEWPK LVNSIAPGTYKKEIPERRLVIPIYN ANGKAESFQGRALKKDAPQKYIT IKAYPEATKIYGVERVKDGDVYV LEGPIDSLFIENGIATGGQLDLEI VPFKDRRVWVLDNEPRHPDTIK RMTKLVDAGERVMFWDKSPWVK SKDVNDMIRKEGATPEQIMEYM KNNIAQGLMAKMRLSKYAKI	342	Примаза [фаг RB32 энтеробактерии]	YP_802973.1	0,0 (340/342)	Примаза	Toprim_N, каталитическое ядро примазы, N-концевая область	pfam08275	4e-05	
155	89156	88956	378	MVQKLMALVNAIKGNKKRIAFTIS AMIGILLWNFVLSPVAIAHGVSIP VITLDTFVDLAFALVGLI	66	Гипотетический белок RB32ORF030w [фаг RB14 энтеробактерии]	YP_0028539 87.1	3e-27 (61/66)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены			
156	89228	89746	379	MAYFNECAHLIEGVDKANRAYAE NIMHNIDPLQVMLDMQRHLQIRL ANIDKPETNRHPDSLETAGEVLA WLRNQDDYIADETRELYTSLGG MSNGEKEASAVWKPWKKRYSE MQSKKIQDLSPEDQLEIKFELIDQ FHFFMNKFIALGMSAEEIFKLYYL KNAENFARQDRGY	172	dCTPase [фаг LZ5 энтеробактерии]	AF374621_1.	6e-98 (171/172)	Дезоксицитидин-трифосфат-пирофосфатаза	dUTPase_2	pfam08761	2e-18	

ФИГУРА 6DD

157	89746	89946	380	MARLNKRQLKKAHKKRIDQLFKN YDKELVCELLSNQLRAVDWVVE EGPDEIFVSEEALKLIIEHSK	66	Гипотетический белок RB14QRF029 [фаг RB14 энтеробактерии]	YP_0028543 65.1	1e-26 (61/66)				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены	
158	89943	90116	381	MKISKEEFIRRQKALINLHEWYAY QLKVDSSNINAVMALYKQIQDEH EFLAQVFIED	57	Значительного подобия не обнаружено							
159	90156	90392	382	MGGFVNIKTFTHPAGEGKEVKG MEVSVPFEIYSNEHRIADSHYQIF PSEKAAYSTVVSDAADWKTKNA AMFTPTQIGG	78	Малый внешний капсидный белок [фаг RB14 энтеробактерии]	YP_0028543 64.1	6e-38(76/78)	Малый внешний капсидный белок			Предполагаемые консервативные домены не обнаружены	
160	90491	90697	383	MLNRWIKPNEDLDIISRHVMKKY ELQPWSTEVVVHSFMMYADGSV EFNAEIRYDYGEKQVEFKRGFL	88	Гипотетический белок Nrh_2 [фаг RB14 энтеробактерии]	YP_0028543 63.1	4e-33 (68/68)				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены	
161	90697	91038	384	MFIFNWFKSFFTDFFSTTPGEGV VPISNDYLPLTVVEVYVMGDGTV EAVTMTYEEAQEYYKNPWRWS TPITSSNTQNTQSSSDSYDTNVP VHVWTGDSCGSSCDSSCSSTS CD	113	Гипотетический белок RB32ORF026c [фаг RB32 энтеробактерии]	YP_802968.1	1e-58 (112/113)				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены	
162	91047	91532	385	MEAILFEMYISSNSMSFAKDVPIT VAVMIDKGYCDPMYLVENFVSM PVPEDAEIKLKKIGIIETVPNIPFR AIEAFTKSEYINVSAEQYNDKPIS FYSYDSVYSWKIDKGNKFIIVSED ALSYFISSIWNSLHPNLLKIHEFD DAPTVVLGKTNESSEENV	161	Mrh [фаг RB32 энтеробактерии]	YP_802967.1	2e-86 (157/161)	Влияет на разложение сигма-фактора хозяина,			Предполагаемые консервативные домены не обнаружены	
163	91507	91710	386	MKVLKKMFEWFSRPNSMYIDDG WVEQANKEMQNESEEWMKSMI SVEKEKKLERSALKLMRDIYGDK S	67	Предполагаемое разложение сигма-фактора хозяина	YP_802965.1	2e-29 (65/67)	Предполагаемое разложение сигма-фактора хозяина			Предполагаемые консервативные домены не обнаружены	
164	91707	91871	387	VNRDMTLEEAKAKANEALDLLLK IGSKMMEENEKYIQENKIPDGPL VGKRKSHD	54	Гипотетический белок ModA.4 [фаг T4 энтеробактерии]	NP_049639.1	1e-21 (51/54)				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены	
165	91864	92346	388	MIEVAKHYSIEFMSKEGKSVNTL DKKCSLIIPLAENPDILIKDIKERKY PENVILIIKHTEDILQNTDSPFSSS EALTIKGYKRAHEYGLFDLFEDD KVKLALNLAGQSSKSKTFIIEDIK DINAFVKMVWAHFDVGLRWRMS EEERKIIEANRYFGFYR	160	Гипотетический белок ModA.3 [фаг RB51 энтеробактерии]	YP_0028539 79.1	7e-86 (156/160)				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены	
166	92355	92537	389	MDLFEMLEDNHSTNIQNDSSDY	60	Гипотетический белок	YP_0028539	2e-27				Предполагаемые консервативные	

ФИГУРА 6ЕЕ

				KKEYRIVLQNYGIEAPDALLEELA SYHLDPPPWAPWAK		ModA.2 [фаг RB51 энтеробактерии]	78.1	(60/60)		домены не обнаружены					
167	92605	93228	390	MIINLADVEQLSIKAESVDFQYDM YKKVCEKFTDFEQSVLWQCMEA KKNKALHRQLNKIIKKHLTKSPYQ LYRGISKSTKELIKDLQVGEVFST NRVDSFTTSLHTACGFSYVEYFT EIIFRLKTDKAFNYSDHISDIILSSP NTEFKYTYEDTDGLDSERTDNL MMIVREQEWMIPIGKYKITSISKE KLHDSFGTFKVYDIEVVE	207	Аденилрибозилирующий фермент [фаг RB14 энтеробактерии]	YP_0028543 56.1	2e-117 (205/207)	Аденилрибозилирующий фермент	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены					
168	93225	93827	391	MKYSAMQLKDFKIKSMDASVRA SIREELLSEGFNLSEIELLIHCITN KPDDHSWLNEIIKSRLVPNDKPL WRGVPVETKQVLNQGIDIITFDK VVSASYDKNVELHFASGLEYNT QVIFEFKAPMVFNFQEYAIKALR CKEYSPSFKFPDSHRYRNMELV SDEQEVMIPAGSVFRIADRYEYK KHSTYITYTLDFEGFNL	200	Аденилрибозилирующий фермент [фаг RB51 энтеробактерии]	YP_0028539 76.1	3e-112 (194/200)	Аденилрибозилирующий фермент	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены					
169	93943	94689	392	MKLSKNQIRKITRRLEHTQASAK RRSKDFNLDFNYIKNILDQKVCA YSGEPFDNRIEGEKLSLERFDNN VGYIKGNVIAVKKKYNTFRSDYTL EELIEKRDLFALRIGRSSAKKVHK LNLDEKKWAKIKKTYNQIKAIQKK RENRIEHISQLSKSKQTSDVKLTII ALKARIDGSRIAEGAEVVKLNVLL KGSDWKTVKKLSEAEMQYDMIC DKIIQGVERYQNLSFIDKLKLKRG YPLNCSIFKLIRG	248	Предполагаемое разложение сигма-фактора хозяина или фактора сигма S [фаг RB32 энтеробактерии]	YP_802959.1	9e-137 (243/248)	Предполагаемое разложение сигма-фактора хозяина или фактора сигма S	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены					
170	94691	95002	393	MFVYYAIVYRDKDGFAVPVPLDE HRPAVFFEREIADKVFTTLKEQY QLALGMGIPRLVETPRKFWFNKI EVKHVKPDVDTQRLYRRILDTGR IVSIPIAGNLR	103	Гипотетический белок RB32ORF0116c [фаг RB32 энтеробактерии]	YP_802958.1	5e-49 (96/103)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены					
171	94999	96318	394	MTFDDLTEGQKNAFNIVMRAIKE KKHHVTINGPAGTGKTTLTKFIIE ALISTGETGILAAPTHAAKKILSK LSGKEAATIHSILKINPVTYEENVL FEQKEVPDLAKCRVLICDEVSMY DRKLFKILLSTIPPWCTIIGIGDNK QIRPVDPGENTAYISPFFTHKDF YCQELTEVKRSNAPIIDVATDVR NGKWIYDKVVDGHGVRGFTGDT	439	ДНК-геликаза [фаг RB14 энтеробактерии]	YP_0028543 52.1	0,0 (438/439)	ДНК-геликаза	RecD_rel, recD/Tra A family	TIGR0144 8	3e-24			

ФИГУРА 6FF

				ALRDFMVNYFSIVKSLDDLFENR VMAFTNKSVDKLNSIIRKKIFETD KDFIVGEIIVMQEPLIKTYKIDGKP VSEIIFNNGQLVRIIEAEYTSTFVK ARGVPGEYLIRHWDLTVETYGD DEYYREKQKIISSDEELYKFNLFLG KTAETYKNWNKGGKAPWSDFW DAKSQFSKVKALPASTFHKAQG MSVDRAFIYTPCIHYADAELAQQ LLYVGVTRGRYDVFYV								
172	96325	96585	395	MININSKYLNRLIDGIRKHTNKQD NLDVMVTGAELLHKLYLISDTILAI KRIEKQSYHSNTDTVITLDESVCK LLIKFEEAIRGNN	86	Гипотетический белок RB512ORF017 [фаг RB51 энтеробактерии]	YP_0028539 72.1	7e-42 (86/86)					Предполагаемые консервативные домены не обнаружены	
173	96572	96817	396	VEITKDQFYLLQDKVSEIYEIAYS KNRETVKIESSKLMLQLEEIERDL IALEFFCGEVKTVTISDYVLGEISY LYKAIIND	81	Гипотетический белок DexA.2 [фаг RB14 энтеробактерии]	YP_0028543 50.1	2e-36 (77/81)					Предполагаемые консервативные домены не обнаружены	
174	96810	97052	397	MIELSWCQFKSLMTNVKAVIEKN SGPENITIREKALKIIYSLEEMQKD IESMAKFIDEPINKVYIQDYTVGQI RDLARKI	80	Гипотетический белок RB32ORF013c [фаг RB32 энтеробактерии]	YP_802955.1	5e-39 (80/80)					Предполагаемые консервативные домены не обнаружены	
175	97052	97735	398	MFDFIIDFETMGSGEKAAVIDLAV IAFDPNPEVVETFDELVSRGIKIK FDLKSQKGHRLFTKSTIEWWKN QSPEARKNIAPSDEDVSTIDGIAK FNDYINAHNIDPWKSQGWCRGIM SFDFPILVDLIRDIQRLNGVSENE LDTFKLEPCKFWNQRDIRTRIEA LLLVRDMTTCPLPKGTLDGFVAH DSIHDCAKDILMMKYALRYAMGL EDAPSEEDCDPLSLPTKR	227	DexA-экзонуклеаза A [фаг T4 энтеробактерии]	NP_049629. 1	1e-130 (226/227)	DexA-экзонуклеаза A	DEDDh-экзонуклеаза, часть суперсемейства DnaQ-подобной (или DEDD) экзонуклеазы	cd06127	0,001	
176	97799	98299	399	MKIYRVESSFSILDYEDAITIRRNL CVQITPYRSIIDSWSEEWLLHVG YDRPNFMHHSDNNKRIPLPHED KLLVKNANIVINTKFKKDYVGVEY HIPGWFIALYHFAFASEYDMMR WFTREEREELASKGFYLAVYEV PDDQVIVGGHQVMFRKSHAELV DFIEMR	166	Гипотетический белок RB32ORF011c [фаг RB32 энтеробактерии]	YP_802953.1	4e-93 (163/166)					Предполагаемые консервативные домены не обнаружены	
177	98302	98847	400	MKFNYNPEYTPNPAAKLIDFDVV STYVCPVKPLEIKEPTMTTAIEIG KTYKLVEPKIKTNALISGHKTLTD VFGEGEFIVEEFAKSEWFDKSYV IHGRRLDNNKIKKNLVYEDEFILF	181	Гипотетический белок MotB.1 [фаг JS10 энтеробактерии]	YP_0029223 58.1	8e-94 (168/182)					Предполагаемые консервативные домены не обнаружены	

ФИГУРА 6GG

				QEVEEQDPTDLLCAAVSIRRPFD NPICGWVTDQWIEDGVELLNVV HAGDFSVVPRSAVVAILN									
178	98924	99412	401	MIINIGEIARVSDKSRSKAAGKLV EVVSIQLKHGVKDEDSEVKVRIIA KDGMSKPQFGYVRWKFLEPAFL KAVPAKGIETIDTSHVGVDFKWK LGQAIKFIAPCEFKFIKDDGKAVY TRAMCGYITDQWVEDGVKLYNV VFLGTYKVIPESWIKHYSNALYA	MolB модификатора трансляции [фаг T4 энтеробактерии]	162	NP_049626.1	2e-84 (154/162)	MolB модификатора трансляции	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
179	99587	99802	402	MKRKIVQNCTNDEFEDVLFDPDL VVVQKEHTIKFTHLTSVYYYEKV GDKQPIYGVFREITEDGTTYWKE IY	Модификатор-супрессор тРНК фага T4 [фаг RB14 энтеробактерии]	71	YP_0028543 44.1	5e-34 (71/71)	Модификатор-супрессор тРНК фага T4	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены			
180	99802	100215	403	MAIKFEVNKVVYQFKNKQAQENFI KDHTDNGIYARRLGMHPFKILDV DALGRPIKIMSFAGNLVLSSGKDI LDEDFIWLSSNEAEFFNEVENPY QAAEEQEESAPITDQSKFPVMKV TIENDEQAWSLYQMLKAHFKE	Модератор метаболизма РНК [фаг RB32 энтеробактерии]	137	YP_802949.1	7e-61 (112/137)	Модератор метаболизма РНК	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены			
181	100218	100394	404	MPLYDYKCQSKDCAKEYEKIKKI SERDTDVCPDCHRIAIRLVSAPK HVNGGFYDLLKG	Гипотетический белок RB32ORF008c [фаг RB32 энтеробактерии]	58	YP_802948.1	2e-26 (58/58)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены			
182	100397	100768	405	MFKIGKKYRIREGEEKKYLFSAIY RNGSINAVISTSEFIVEDMKGNN VTMISTASGNDGKILHSFQSNVLI YDEEFDFFEEVPEGFAFECTITM KSGDPLSFTVKDEGSRLRIISLLQ AIKFK	Гипотетический белок RB32ORF005c [фаг RB32 энтеробактерии]	123	YP_802947.1	2e-58 (114/123)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены			
183	100774	101034	406	MKYINRSIAALVLAVSLVGCTDAD NATKVLSSSGFTNIEITGYNWFG CSENDFQHTGFRAIGPTGGKVE GTVCSGLFFKDSTIRFK	Гипотетический белок Gp39.1 [фаг RB14 энтеробактерии]	86	YP_0028543 40.1	2e-43 (85/86)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены			
184	101104	102921	407	MIKNEIKILSDIEHIKKRSGMYIGS SANEMHERFLFGKWESVQYVPG LVKLIDEIIDNSVDEGIRTKFKFAN KINVTIKNNQVTVEDNGRGIPQA MVKTPTGEEIPGPVAAWTIPKAG GNFGDDKERVTGGMNGVGSSL TNIFSVMFVGETGDGQNNIVVRC SNGMENKSWETIPGKWKGTRVT FIPDFMSFETNELSQVYYLDITLDR LQTLAVVYPDIQFTFNGKKVQGN	Gp60 плюс 39 субъединицы ДНК-топоизомеразы [фаг RB5 энтеробактерии]	605	YP_0028539 58.1	0,0 (603/605)	Субъединица ДНК-топоизомеразы	GyrB-топоизомераза типа IIA (ДНК-гираза/pol, топоизомераза IV, субъединица	COG0187	8e-81

ФИГУРА 6НН

			FKKYARQYDEHAIVQEQENCSIA VGRSPDGFRQLTYVNNHTKNG GHHIIDCVMDDICEDLIPQIKRKFK IDVTKARVKECLTIVMFVRDMKN MRFDSQTKERLTSPFGEIRSHQ LDAKKISRAILNNEAILMPIIEAALA RKLAAEKAAETKAAKKASKAKVH KHIKANLCGKDADTTLFLTEGDS AIGYLIDVRNKELHGGYPLRGKV LNSWGMSYADMLKNKELFDICAI TGLVLGEKAENLNYHNIAIMTDA DHDGLGSIYPSLLGFFSNWPELF EQGRIRFVKTPVIIAQVGKKQEW FYTVAEYESAKDALPKHSIRYIKG LGSLEKSEYREMIQNPVYDVVKL PEMWKELFEMLMGSDNADLRKE WMSQ												TOPRIM_ TopoIIA_li ke: topoisom erase- primase (TOPRIM) nucleotidy l transferas e/hydrola se domain	cd01030	8e-24
													Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
185	102976	103179	408	MKSYKVNLELFDKAVHREYRIIQ RFFDMGEAEEFKNRFKDIRDKKQ SDTATKDELLEVAEVIKRNMN	67	Гипотетический белок RB32ORF002c [фаг RB32 энтеробактерии]	YP_802944.1	1e-30 (67/67)	Влияние АТФазы на мембрану хозяина	HipG, молекула шаперона HSP90 (пост-трансляционная модификация белкового обмена, шаперон	COG0326	6e-05
186	103190	105367	409	MITTEKETILGNGSKSKAFSITAS PKVFKILSSDLYTNKIRAVVRELIT NMIDAHALNGNPEKFIQVPGRL DPRFVCRDFGPGMSDFDIQGDD NSPGLYNSYFSSSKAESNDFIGG FGLGSKSPFSYTDTFSITSTHKG EIRGYVAYMDGDGPQIKPTFVKE MGPDDKTGIEIVVPVEEKDFRNF AYEVSYMMRPFKDLAIINGLDREI DYFPDFDDYYGINPERYWPDRG GLYAIYGGIVYPIDGVIKDRNWLS IRNEVNYIKFPMGSLDIAPSREAL	725	Влияние АТФазы на мембрану хозяина [фаг RB32 энтеробактерии]	YP_802943.1	0,0 (717/725)	Влияние АТФазы на мембрану хозяина			

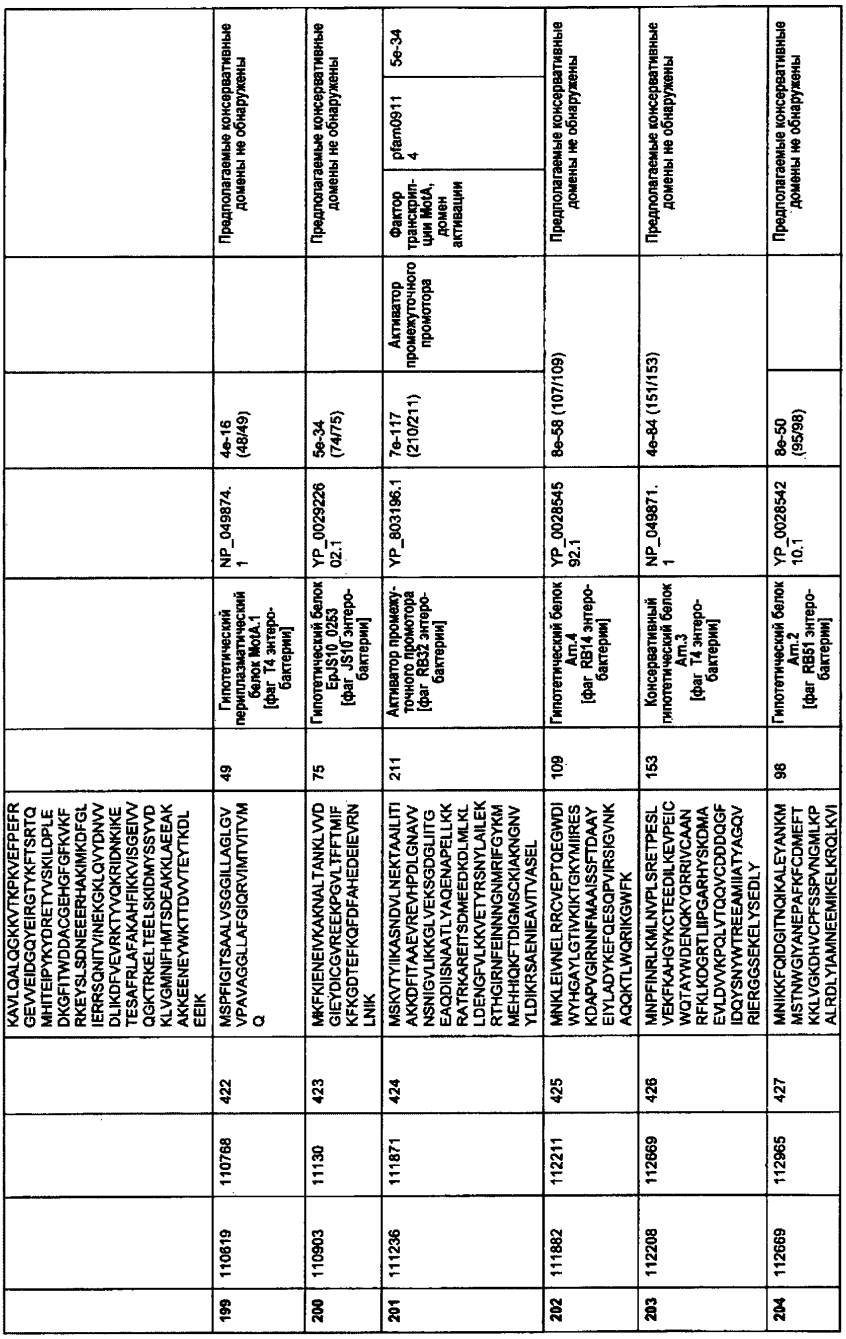
ФИГУРА 6II

				SLDDRTRKNIIERVKELSEKAFNE DVKRFKESTSPRHTYRELMKMG YSARDYMISNSVKFTTKNLSYKK MQSMFEPDNKLCNAGVVYEVNL DPRLKRIKQSHETSAVASSYRLF GINTTKINIVIDNIKNRVNIVRGLA RALDDSEFNNTLNIIHHNERLLFIN PEVESQIDLLPDIMAMFESDEVNI HYLSEIEALVKSYIPKVVKSKAPR PKAATAFKFEIKDGRWEKEELFT LTSEADEITGYVAYMHRSDIFSM DGTTSLCHPSMNILIRMANLIGIN EFYVIRPLLQKKVKELGQCQCIFE TLRDLYVDAFDDVDYDKYVGYS SSAKRYIDKIIKYPELDFMMKYFS VDEVSEEYTRLANMVSSLQGVY FNGGKDTIGHDIWTVTNLFDELS RNASKNSDKGMVAEFTKKFRIVSD FIGYRNSLSDDEVSQIAKTMKAL AA	312	Протектор rIIB от раннего лизиса, вызванного профагом [фаг T4 энтеробактерии]	NP_049889.1	0,0 (310/312)	Протектор rIIB от раннего лизиса, вызванного профагом	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены	
187	105379	106317	410	MYNIKCLTKNEQAEIVKLYSSGN YTQQELADWQGVSVDTIRRVLK NAEEAERSKVTISGDITVKVNSD AVIAPVAKSDIIWNASKKFISITVD GVTYNATPNTHSNFQEILNLLVA DKLEEAAQKINVRRAVEKYISGD VRIEGGSLFYQNELRSGLVDRIL DSMEKGENFEFYFPFLENLLENP SQKAVSRLFDFLVANDIEITEDGY FYAWKVVRSNYFDCHSNTFDNS PGKVVKMPRTRVNDDDTQTCSR GLHVCSKSYIRHFGSSTSRVVKV KVHPRDVVSIPIDYNDAKMRTCQ YEVVEDVTEQFK	64	Гипотетический белок RB32ORF269c [фаг RB32 энтеробактерии]	YP_803211.1	3e-27 (62/64)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены	
188	106346	106540	411	MLGYQARVKEEYDQLMLKINALS NFLESTKFLTVSAVEQELLLSQFI SMKSYADCLEKRIAQFK									
189	106604	107161	412	MQKTNPGLQRLFQIPSFTLSNSD LTSEMKVKIADTARYSLKQNPNQ DKAEVIERCRIAVYAEFFVADWL RGYVNKGQEDVNDPYTYAWDV LAHPKYCGLRVEVKTHQTDSRW ISVTTGCSGEYPYGSGINLGPILN HQVADCIIMFNTKEIHPGVIQYTPK FIGDREDLRKVVVRKSNYNGWYL SI	185	Эндонуклеаза IV [фаг RB14 энтеробактерии]	YP_0028546 07	4e-106 (183/185)	Эндонуклеаза IV	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены	

ФИГУРА 6JJ

190	107235	107498	413	MKFKFYYAKHKITGEFIAFTTSTT DEGDIFTAVFLSKWESDQPYLSS REDLQRLVNGEYNDSWSYLVHD CVKKAIKQKHLEIVEIEL	87	Гипотетический белок RB51ORF272 [фаг RB51 энтеробактерии]	YP_0028542 25.1	9e-22 (49/87)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
191	107578	107676	414	MKILNSVLIACAWVVAQVSAVVV GIHIYYEYF	32	Гипотетический белок внешней мембраны Ndd.5 [фаг T4 энтеробактерии]	NP_049885.1	2e-09 (32/32)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
192	107742	107855	415	MKKIVKAIWNVVIILIVLSIFPIVLMI DVLNAYFGFM	37	Гипотетический белок внешней мембраны Ndd.4 [фаг RB14 энтеробактерии]	YP_0028546 03.1	1e-10 (37/37)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
193	107863	108060	416	MKRKRSAFTFIEWFFDNIFPALFI FMLIFALGSVVVGIYLMTVVGIDIH QNGLKSVVETIWNGVK	65	Гипотетический белок Ndd.2a [фаг RB51 энтеробактерии]	YP_0028542 22.1	3e-29 (65/65)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
194	108057	108167	417	MMNLLSGWFYILMFYIGANFPY WMGWSTTAFGFYTP	36	Гипотетический белок RB51ORF262c [фаг RB32 энтеробактерии]	YP_803204.1	6e-12 (36/36)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
195	108176	108391	418	MKIFKDVKVGEIFCLDNGDQLIRI SPLKSTSEKPTVNATLANNSNER FCIENDTETYTVEEFWELSVDCD D	71	Гипотетический белок Ndd.1 [фаг RB14 энтеробактерии]	YP_0028546 00.1	4e-33 (70/71)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
196	108452	108910	419	MKYMTVTDLNNAGATVIGTIKNG EWFLGVPHKDILSKPGFYFLVSK LDGRPFSNPCVSARFVVGNQRS KQGFSAVLSHIRQRRSQLARTIA NNNVPYTVFYLPASKMKPLTTGF GKGQLAFIRNHHSEYQTLEEM NRMLADNFKFVLQAY	152	Белок, разрушающий нуклеотид хозяина [фаг RB32 энтеробактерии]	YP_803202.1	3e-84 (149/152)	Белок, разрушающий нуклеотид хозяина	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
197	108998	109156	420	MNIAKLLGVISFICWIVACVLTICID VSSVFSQALAQGMCAYLTFVLLS TND	52	Белок, резистентный к акридину [фаг RB14 энтеробактерии]	YP_0028545 97.1	3e-20 (51/52)	Белок, резистентный к акридину	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
198	109294	110622	421	MQLNNRDLKSIIDNEALAYAMYT VENRAIPNMIDGFKPVQRFVIAR ALDLARGNKDKFHKLASIAGGVA DLGYHHGENSAQDAGALMANT WNNNFPLLDGQGNFGSRTVQK AAASRYIFARVSKNFYNVYKDTE YAPVHQDKEHPPAFYLPIIPTVLL NGVSGIATGYATYILPHSVSVK	442	Белок Gp52 субъединицы ДНК-топоизомеразы [фаг RB51 энтеробактерии]	YP_0028542 15.1	0,0 (442/442)	Субъединица ДНК-топоизомеразы	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены

ФИГУРА 6КК



				KAVLQALQGKKVTKPKVEFPEFR GEVVEIDGQYEIRGTYKFTSRTQ MHITEIPYKYDRETYVSKILDPLE DKGFITWDDACGEHGFGFKVKF RKEYSLSDNEEERHAKIMKDFGL IERRSQNITYINEKGKLQVYDNVV DLIKDFVEVRKTYVQKRIDNKIKE TESAFRLAFAKAHFIKKVISGEIVV QGKTRKELTEELSKIDMYSSTYD KLVGMNIFHMTSDEAKKLAEEAK AKKEENEYYWKTTDVVTEYTKDL EEIK								
199	110619	110768	422	MSPFIGITSAALVSGGILLAGLGV VPAVAGGLLAFGIQRVIMTVITVM Q	49	Гипотетический периплазматический белок MotA.1 [фаг T4 энтеробактерии]	NP_049874.1	4e-16 (48/49)			Предполагаемые консервативные домены не обнаружены			
200	110903	11130	423	MKFKIENEIVKAKNALTANKLVVD GIEYDICGVREEKPGVLTFFTMIF KFKGDTEFKQFDFAHEDEIEVRN LNIK	75	Гипотетический белок EpJS10_0253 [фаг JS10 энтеробактерии]	YP_0029226 02.1	5e-34 (74/75)			Предполагаемые консервативные домены не обнаружены			
201	111236	111871	424	MSKVTYIIKASNDVLNEKTAAILITI AKKDFITAAEVREVHPDLGNAVV NSNIIGVLIKKGLVEKSGDGLIITG EAQDIISNAATLYAQENAPELLKK RATRKARERTSDMEEDKDLMLKL LDENGFVLKKVETYRSNYLAILEK RTHGIRNFEINNNGNMRIFGYKM MEHHIQKFTDIGMSCKIAKNGNV YLDIKRSAENIEAVITVASEL	211	Активатор промежуточного промотора [фаг RB32 энтеробактерии]	YP_803196.1	7e-117 (210/211)	Активатор промежуточного промотора	Фактор транскрипции MotA, домен активации	pfam09114	5e-34	
202	111882	112211	425	MNKLEIVNELRRCVEPTQEGWDI WYHGAYLGTIVKIKTGKYMIIRES KDAPVGIRNNFMAAISSFTDAAY EIYLADYKEFQESQPVIRSIGVNK AQQKTLWQRIKGWFK	109	Гипотетический белок Am.4 [фаг RB14 энтеробактерии]	YP_0028545 92.1	8e-58 (107/109)			Предполагаемые консервативные домены не обнаружены			
203	112208	112669	426	MNPFINRLKMLNVPLSRETPESL VEKFKAHGYKCTEEDLKEVPEIC WQTAYWDENQKYQRRIVCAAN RFKLKDGRTLIIPGARHYSKDMA EVLDVVKPQLVTQQVCDDDQGF IDQYSNYWTREEAMIIATYAGQV RIERGGSEKELYSEDLY	153	Консервативный гипотетический белок Am.3 [фаг T4 энтеробактерии]	NP_049871.1	4e-84 (151/153)			Предполагаемые консервативные домены не обнаружены			
204	112669	112965	427	MNIKKFQIDGITNQIKALEYANKM MSTNWGIYANEPAFKFCDMEFT KKLVGKDHVCPFSSPVNGMLKP ALRDLYIAMNEEMIKELKRQLKVI	98	Гипотетический белок Am.2 [фаг RB51 энтеробактерии]	YP_0028542 10.1	8e-50 (95/98)			Предполагаемые консервативные домены не обнаружены			

ФИГУРА 8LL

89

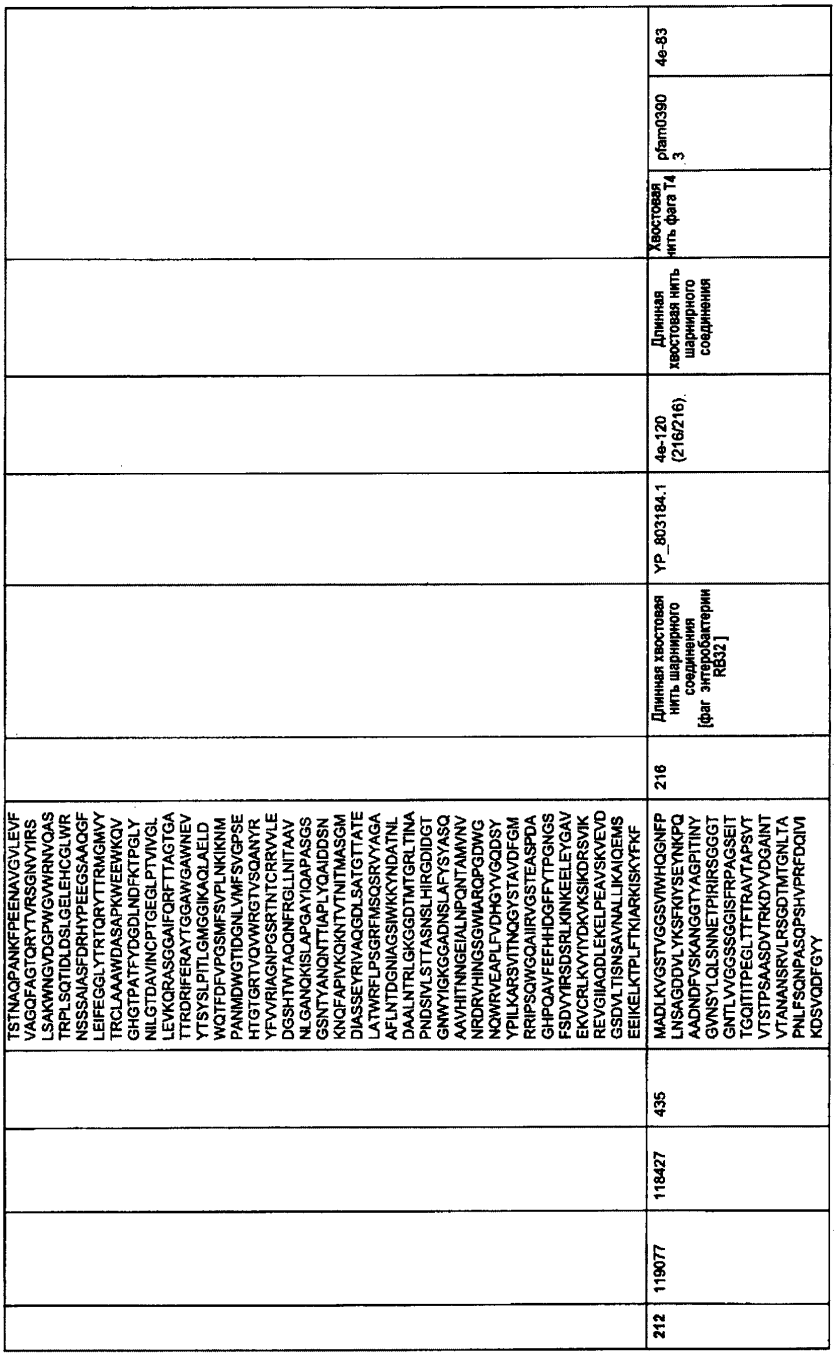
90

				QFGQGN									
205	112949	113167	428	LAREINSKSDYFNSLNDKDKNLIR HFIVEMGYTDTHDLREHIFECGV AKKFSFTCKCLREVIQHYEQFSR KT	72	Консервативный гипотетический белок Atu.1 [фаг энтеробактерии RB69]	NP_861950.1	1e-22 (52/72)				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены	
206	113251	113529	429	MIIDSQSVVQYTIKIDILEKLYKFL PNLYHSIVNELVEELHLGNNDFLI GTYKDLSKAGYFYIIPAPGKSIDD VLKTIMYVHDYEIEDYFE	92	Нуклеаза рестрикции ингибитора MrcBC [фаг RB51 энтеробактерии]	YP_0028542 08.1	8e-44 (90/92)	Нуклеаза рестрикции ингибитора MrcBC			Предполагаемые консервативные домены не обнаружены	
207	113526	113678	430	MSHNLEKVIEHNVAQERKSFKEF VEKIFEENTTDQFTNQASDDIITK STN	50	Гипотетический белок AsiA.1 [фаг энтеробактерии T4]	NP_049867.1	9e-19 (48/50)				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены	
208	113691	113963	431	MNKNIDTVREIITVASILIKFSREDI VENRANFIAFLNEIGVTHEGRKL NQNSFRKIVSELTQEDKKTLIDEF NEGFEGVYRYLEMYTNK	90	Белок анти-сигма 70-антитела AsiA [фаг энтеробактерии T4]	NP_049866.1	5e-44 (90/90)	Белок анти-сигма 70-антитела AsiA	Фактор А анти-сигма 70-антитела AsiA	pfam09010	3e-30
209	114620	113964	432	MAAPRISFSPSDILFGVLDRLFKD NATGKVLASRVAVVILFMMAIV WYRGDSFFEYYKQSKYETYSEII EKERNARFESVALEQLQIVHISSE ADFSAVYSFRPKNLNYFVDIIAYE GKLPSTISEKSLGGYPVDKTMDE YTVHLNGRHYYSDSKFAFLPTKK PTPEINYMYSCPYFNLDNIYAGTI TMYWYRNDHISNDRLESICAQAA RILGRAK	218	Холин [фаг энтеробактерии RB32]	YP_803187.1	7e-125 (216/218)	Холин			Предполагаемые консервативные домены не обнаружены	
210	115433	114651	433	MAVVGVPGWKGSSAANETGQR WMSQAAGQLRLGVPCWMSQFA GRSREIIHTVGANHNFNGQWFR DRCFEAGGAPIVFNIVGDIVSYSK DVPLFFMYGDTPNEYVQLNIHGV TMYGRGGNGGSNSPGSAGGHC IQNDIGGRLRINNGGAIAGGGGG GGGGYYSPFSQMRLTFGGGGG RPFGAPGGSIDMQSGATGGTIS APGSGSVNGIYNGGNGGEVGSA GGRCNIRGQGSEYNGGAAGYA VIGSAPTWQNVGAIYGPRV	260	Хвостовой фибриллярный белок [фаг энтеробактерии KEP 10]	BAF95751.1	2e-107 (254/260)	Хвостовой фибриллярный белок	Фаг хвостового фибриллярного адгезина Gp38	pfam05268	2e-76
211	118418	115470	434	MATLKQIQFKRSKTAGQRPAASV LAEGELAINLKDKTIFTKDDSGSV IELGLKYGGTINGSLEVTENITGT LIGNSSTATKLQTPRKINGISFDG SKDITLTPSDINVNSTTFIKNNGE LPTDANLDTYGPIEEYLGVWSKS	982	Хвостовой фибриллярный белок [фаг энтеробактерии KEP 10]	BAF95750.1	0.0 (921/982)	Хвостовой фибриллярный белок			Предполагаемые консервативные домены не обнаружены	

ФИГУРА 6ММ

90

91



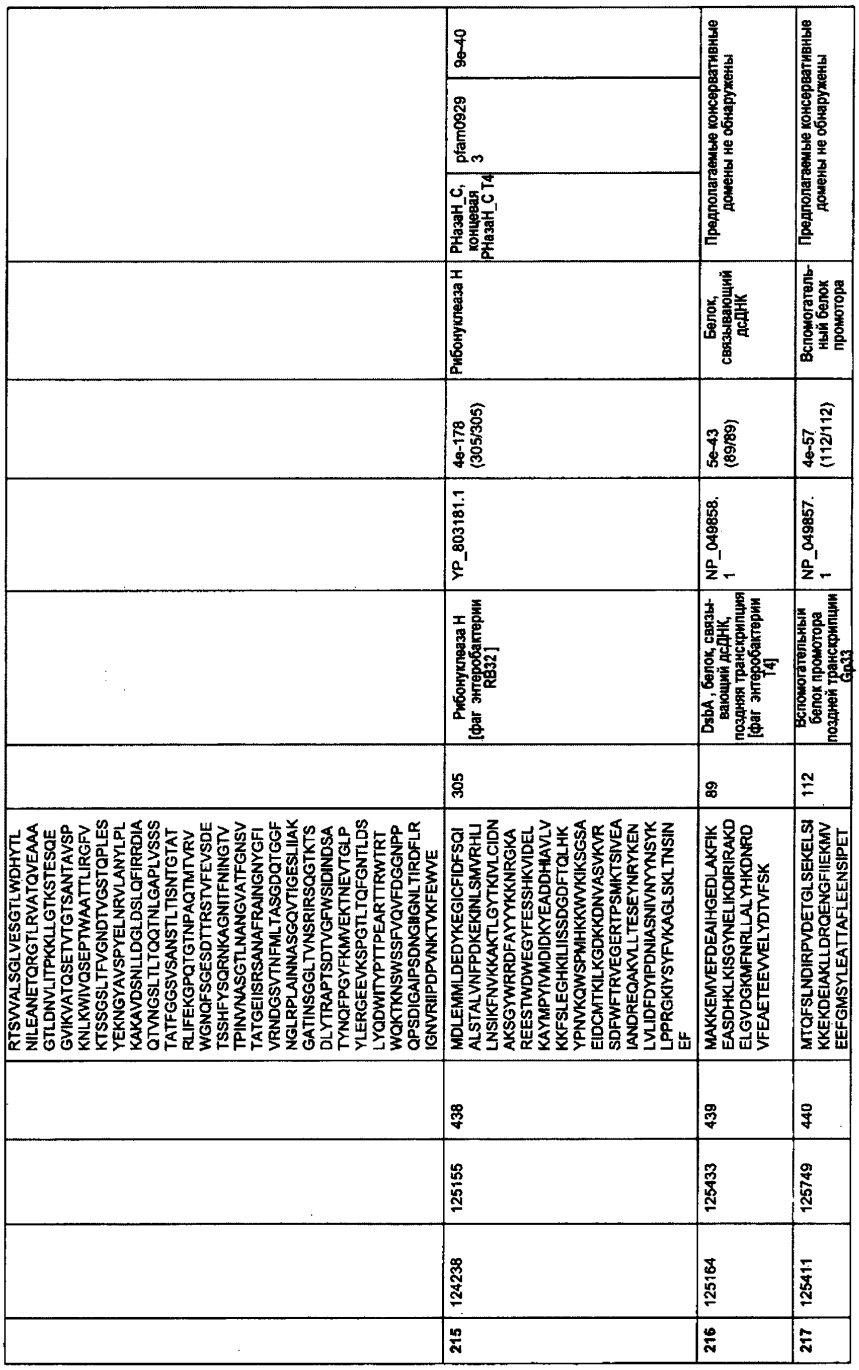
| | | |

213	120255	119140	436	MEKFMAEFGQGYVQTPFLSESN SVRYKISIAGSCPLSTAGPYVKF QDNPVGNQTFSAGLHLRVFDPS TGALVDSKSYAFSASNNTTSAAF VSFMNSLSNNRLVAILTSGKVNF PPEVVSWLRGAGTSVFPSDSVL SRFDVSYAAFYTSSKRAIALEHV KLSNRKSTDDYQTILDVVFDSLE DVGATGFPKRTYESVEQFMSAV GGTNNEIARLPTSAAISKLSDYNL IPGDVLYLKAQLYADADLLDLGTT NISIRFYDASNGYISSTQAEFTGQ AGSWELKEDYVVPENAVGFTIY AQRTAQAGQGGMRNLSFSEVS RNGGISKPAEFGVNGIRVNYVCE SASPPDIMVLPTQASSKTGKVFG QEFREV	371	Шарнирная хвостовая нить [фаг энтеробактерии RB32]	YP_803183.1	0,0 (365/371)	Шарнирная хвостовая нить	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
214	124133	120264	437	MAEIKRKFRAEDGLDAGGIDKIIN VALADRTVGTDGVNVDYLIQENT VQQYDPTRGYLKDFVIIYNNRFW AATDNIPKPAGNFNRIRWKALRT DAVTTVSSGPYQLKSGEAISVD TSVGNDIEFTLPPSPLDGETVIIQ DIGGKPGINQVKINSSNQSIVNFR GEQVRSVLMTHPKSQMIFIFNNR LWQMYVADYSREAAIVTPSTAY QAQSNDFIVRRFTSAAPINVKLP RFANHGDIINFVDLDKLNPLYHTI VTTYDETTSVQEVGTHSIEGRTSI DGFLMFDDNEKLWRLFDGDSKA RLRIITTNSNIRPNEEVMVFGANN GTTQTIELQLPTDISVGDTVKISM NYMRKGQTVKIKAAGEDKIASSV QLLQFPKRSEYPPEAEWVTVQE LVFNGETNYVPVLQLAYIEDSDG KYWVVQQNVPTVERVDSLNAST RARLGVIALATQAQANADLENSP QKELAITPETLANRTATETRRGIA RIATTAQVNQNTTFSFADDLIITP KKLNERTATETRRGVAEIATQQE TNTGTDDTTIITPKKLQARQGSE SLSGNVTFVSTAGATPASSRELN GTNVYNKNTNNLVVSPKALDQY KATPTQQGAVILAVESEVIAGQS QEGWANAVVTPETLHKKTSTDG RIGLIEIATQSEVNTGTDYTRAVT PKTLNDRRATESLSGIAEIATQVE FDAGVDDTRISTPLKIKTRFNSTD	1269	Gp34 проксимальной субъединицы хвостовой нити [фаг энтеробактерии RB14]	YP_0026545 78.1	0,0 (1280/1289)	Проксимальная субъединица хвостовой нити	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены

ФИГУРА 600

92

93



			RTSVVALSGLVESGTLWDHYTL NILEANETQRGTLRVATQVEAAA GTLDNVLITPKKLLGTKSTESQE GVIKVATQSETVTGTSANTAVSP KNLKWIVQSEPTWAATTLIRGFV KTSSGSLTFVGNDTVGSTQPLES YEKNGYAVSPYELNRVLANYLPL KAKAVDSNLLDGLDSLQFIRRDIA QTVNGSLTLTQQTNLGAPLVSSS TATFGGSVSANSTLTISNTGTAT RLIFEKGPQTGTNPAQTMTVRV WGNQFSGESDTTRSTVFEVSDE TSSHFYSQRNKAGNITFNINGTV TPINVNASGTLNANGVATFGNSV TATGEIISRSANAFRAINGNYGFI VRNDGSVTNFMLTASGDQTGGF NGLRPLAINNASGQVTIGESLIIAK GATINSGGLTVNSRIRSQGTKTS DLYTRAPTSDTVGFWSIDNDSA TYNQFPGYFKMVEKTNEVTGLP YLERGEEVKSPGTLTQFGNTLDS LYQDWITYPTTPEARTTRWTRT WQKTKNSWSSFVQVFDGGNPP QPSDIGAIPSDNGIGNLTIRDFLR IGNVRIIPDPVNKTVKFEWVE	305	Рибонуклеаза H [фаг энтеробактерии RB32]	YP_803181.1	4e-178 (305/305)	Рибонуклеаза H	PHasaH_C, концевая PHasaH_C T4	pfam09293	9e-40	
215	124238	125155	438	MDLEMMLDEDYKEGICFIDFSQI ALSTALVNFPDKEKGNLSMVRHLI LNSIKFNVKKAKTLGYTKIVLCIDN AKSGYWRRDFAYYYKKNRGKA REESTWDWEGYFESSHKVIDEL KAYMPYIVMDIDKYEADDHAVLV KKFSLEGHKILIISSDGDFTQLHK YPNVKQWSPMHKKWVKIKSGSA EIDCMTKILKGDKKDNVASVKVR SDFWFTRVEGERTPSMKTSIVEA IANDREQAKVLLTESEYNRYKEN LVLIDFDYIPDNIASNIVNYYNSYK LPPRGKIYSYFVKAGLSKLTNSIN EF	89	DsbA, белок, связывающий ДДНК, поздняя транскрипция [фаг энтеробактерии T4]	NP_049858.1	5e-43 (89/89)	Белок, связывающий дсДНК	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены			
216	125184	125433	439	MAKKEMVEFDEAIHGEDLAKFIK EASDHKLKISGYNELIKDIRIRAKD ELGVDGKMFNRLLALYHKDNRD VFEAETEEVVELYDTVFSK											
217	125411	125749	440	MTQFSLNDIRPVDETGLSEKELSI KKEKDEIAKLLDRQENGFIIEKMV EEFGMSYLEATTAFLEENSIPET	112	Вспомогательный белок промотора поздней транскрипции Gp33	NP_049857.1	4e-57 (112/112)	Вспомогательный белок промотора	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены			

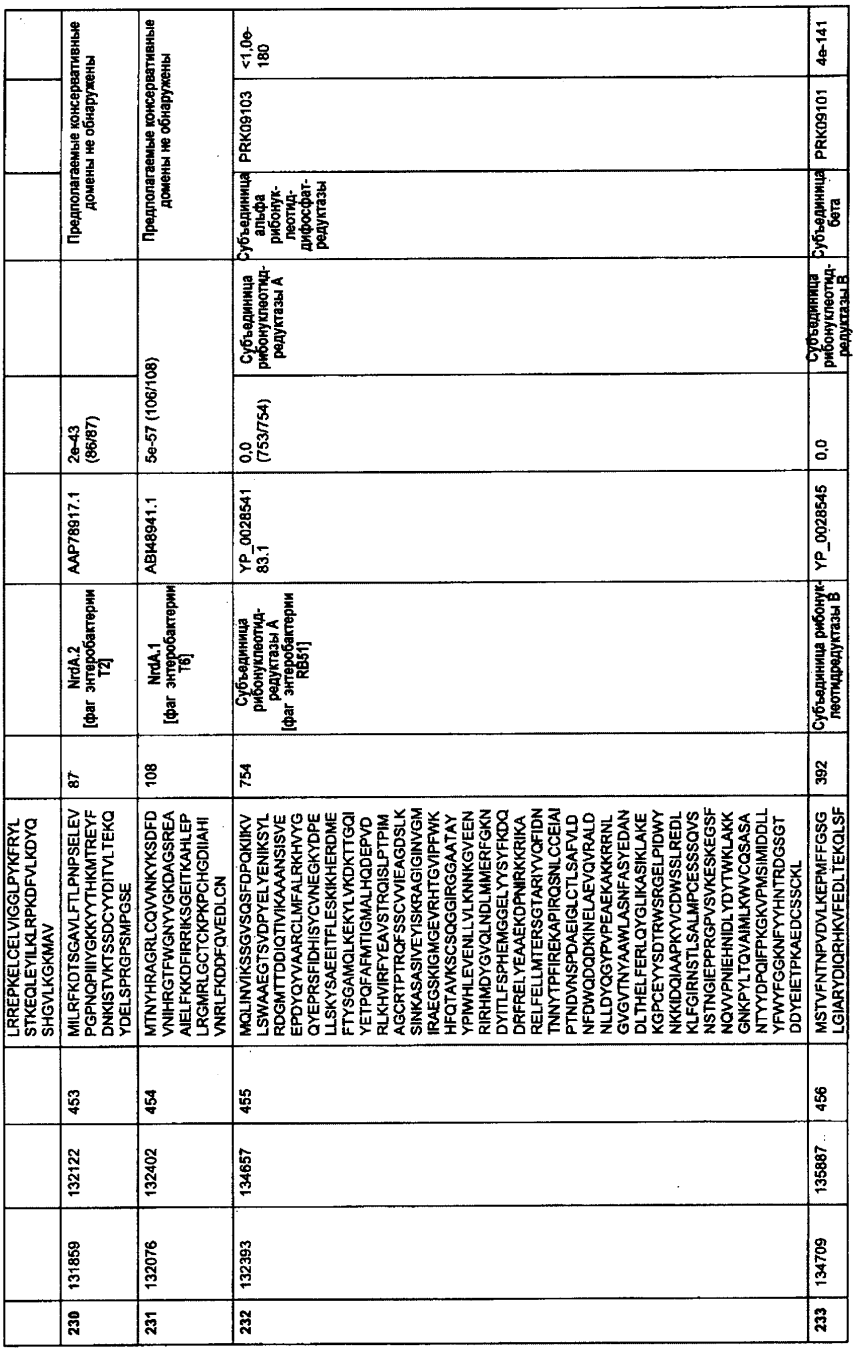
ФИГУРА 6РР

				QFAKFIPSGIIEKIQSEAIDENLLR PSVVRCEKTNTLDFLL		[фаг энтеробактерии T4]			поздней транскрипции				
218	125746	126399	441	MIKLRMPAGGERYIDGKSVYKLY LMIKQHMNGKYDVIKYNWCMRV SDAAYQKRRDKYFFQKLSEKYK LKELALIFISNLVANQDAWGDISD ADALVFYRETGRLKQIKFKFEED IRNIYYFSKKVEVSAFKEIFEYNP KVQSSYIFKLLQSNIISFETFILLD SFLNIIDKHDEQTDNLVWNNYSIK LKAYRKILNIDSQKAKNVFIETVK SCKY	217	Gp59 погрузчика gp41 ДНК-геликазы [фаг энтеробактерии T4]	NP_049856.1	4e-121 (217/217)	Погрузчик OLF146 ДНК-геликазы	T4-геликаза_C, ген 59 на конце геликазы	pfam0899 4	3e-35
										T4-геликаза_N, ген 59 на конце геликазы	pfam0899 3	3e-34	
219	126500	127406	442	MFKRKSTAELAAQMAKLAGNKG GFSSEDKGEWKLKLDNAGNGQ AVIRFLPSKNDEQAPFALLVNHG FKKNGKWYIETCSSTYGDYDSC PVCQYISKNDLYNTDNKEYSLVK RKTSYWANILVVKDPAAPENEGK VFKYTRFGKKIWDKINAMIAVDVE MGETPVDVTCPWEGANFVLKVK QVSGFSNYDESKFLNQSAIPNID DESFQKELFEQMVDLSEMTSKD KFKSFEELSTKFSQVMGTAAMG GAAATAAKKADKVADDLDAFNV DDFKTKTEDDFMSSSSSGSSSSA DDTDLDDLLNDL	302	онДНК-связывание, репарация, рекомбинация и пресинтез ДНК [фаг энтеробактерии RB32]	YP_803177.1	4e-172 (296/302)	онДНК-связывание, репарация, рекомбинация и пресинтез ДНК	Gp32 ДНК-подобный связывающий белок	pfam0880 4	6e-41
220	127553	127783	443	MAKVDIDIVDFEYIEEIIRNRYPEL SITSIHDDPNYCNFSIVIEGPLEDL TRFMANEYCDGMDSEDAEFYM GLIEQ	76	Гипотетический белок Frd.3 [фаг энтеробактерии RB51	YP_0028541 94.1	1e-36 (76/76)		Белок бактериофага FRD3	pfam0579 8	3e-33	
221	127829	128194	444	MYGKKYELVPRLIDTFINYRPRS NSSIVKIIQENGGWFEVKEAFFV DGFRVIKHIECANGKHFYFNVCE DEFHCFREYKEPTSEEDGAEDIV SGVTKIHCIVDENNVDEIIELLRKT FKK	121	Гипотетический белок Frd.2	YP_0028545 71.1	6e-62 (118/121)		Белок бактериофага FRD2	pfam0319 7	2e-36	
222	128333	128575	445	MRLQRQSIKDSEVRGKWYFNIIG KDSELVEKAEHLLRDMGWEDEC DGCPLYEDGESAGFWIYHSDVD	80	Консервативный гипотетический белок Frd.1	NP_049851.1	3e-39 (79/80)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены			

ФИГУРА 6QQ

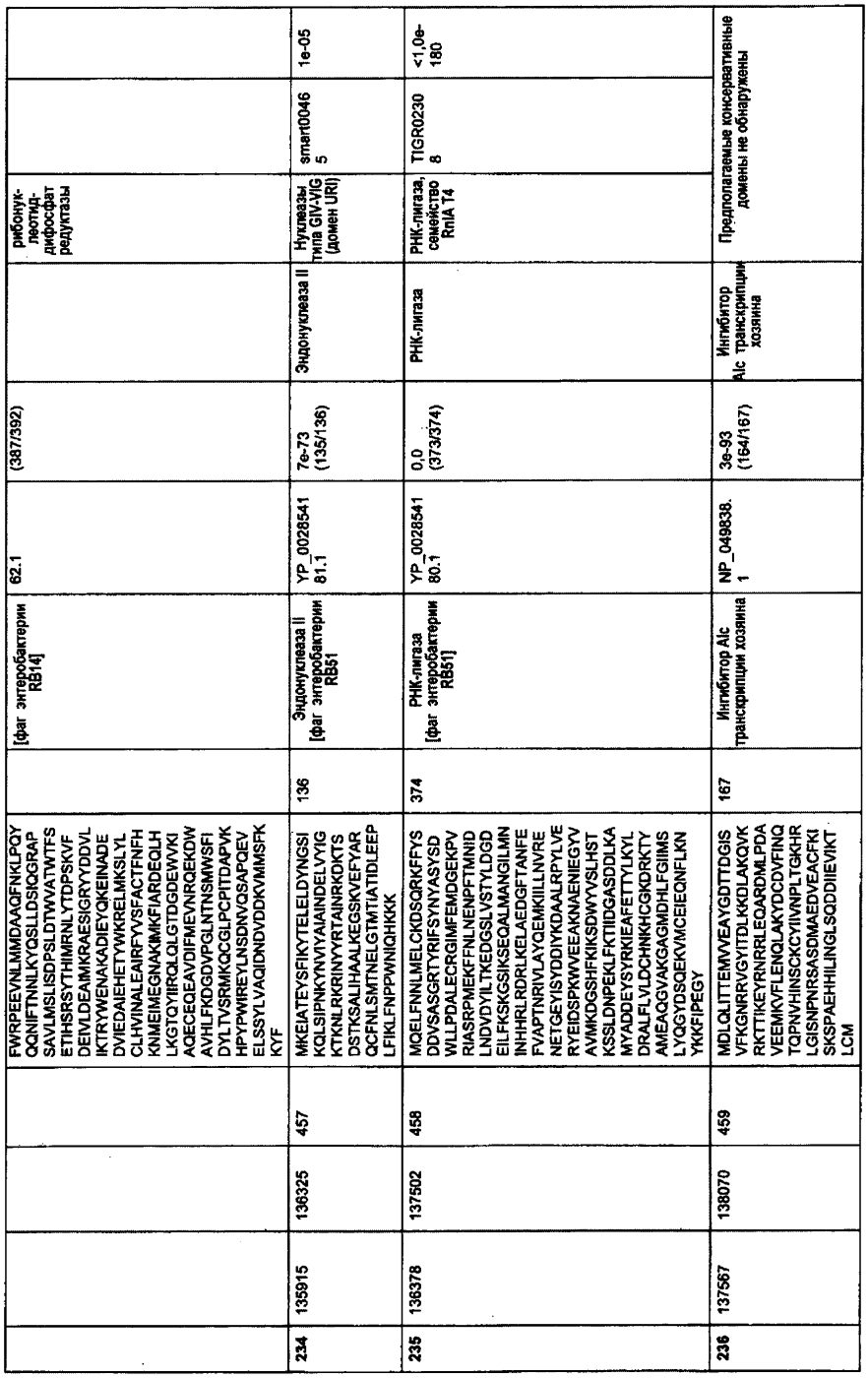
				QFKADWKIVKKSV		фаг энтеробактерии T4]							
223	128586	128918	446	MSGIHVTGIAQVNIRCQFKTVPG VTHITLSHDPYSRGRQLTGVIKFF GGIGGSEFTIGDDEIVGCKLKVQ KGVLELFSDEVFDEISRAVNKGM LTLIKMIKASGYVTDPF	110	Гипотетический белок RB510RF237 [фаг энтеробактерии RB51]	YP_0028541 90.1	2e-34 (78/116)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены			
224	128930	129175	447	MIFVFEFMNDEFDYAIFNALHNP DLSEFNEMFSDALSMSEEYCGE CQRVCVTVFENKEKTYEELFFDA NKATEWFVERGFA	81	Гипотетический белок RB32ORF231c [фаг энтеробактерии RB3]	YP_803173.1	7e-39 (79/80)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены			
225	129175	129756	448	MIKLVFAYSPTKTVEGFNELAFG LGDGLPWGRIKKDLQNFKARTE GTILIMGAKTFQSLSTLLPGRSHI VVCDLARDYPVTKDGDLAHFYIT WEQYITYISGGEIQVSSPNAPFE TMLGQNSKVSVIGGPALLYAALP YADEVVVSRIVKKRHRVNSTVQLD ASFLDDISKREMVETHWYKIDEV TTLTESVYK	193	Дигидрофолат-редуктаза [фаг энтеробактерии RB14]	YP_0028545 68.1	9e-109 (190/193)	Дигидрофолат-редуктаза	DHFR_1, дигидрофо-латредук-таза	pfam0018 6	2e-30
226	129753	129959	449	MSNKLKVKDVPNAMALFICRQM HQGPMITPKQYLKGERSLGFTRK AKQMVKLGYKPNFAKYPSTYSW MN	68	Значительного подобия не обнаружено							
227	129959	130510	450	MKQYQFLIKDILENGYETDDRTG TGTIALFGTKLRWDLTKGFPAVT TKKLAWNACISELLWFLSGSTNV NDLRLIQHNSLIQGKTVWDENYE NQAKDLGYHSGELGPIYGKQWR DFGGVDQIIEVIDRIKKLPNDRRQ IVSAWNPAELKQMALPPCHMFY QFNVRNGYLDLQWYQRSVDVFL G	183	Тимидилатсинтаза [фаг энтеробактерии RB32]	AAP86753.1	2e-101 (177/183)	Тимидилатсин-таза	Тимидилат-синтаза thyA	PRK01827	6e-67
228	130639	131376	451	MKSGIYQIKNTLNNKVYVGSAKD FEKRWKRHFKDLEKGCHSSIKL QRSFNKHGNVFECSILEEIPYEK DLIIERENFWIKELNSKINGYNIAD ATFGDTCSTHPLKEEIIKKRSETV KAKKMLKLGPDGRKALYSKPGSK NGRWNPETHKFCKCGGVRIQTSA YTCSKCRNRSGENNSFFNHKHS DITKSKISEKMKGKKPSNIKKISC DGVIFDCAADAARHFKISSGLVT YRVKSDKWNWFYINA	245	I-TevI хоминг-эндонуклеаза [фаг энтеробактерии T4]	NP_049849. 3	3e-141 (245/245)	I-TevI хоминг-эндонуклеаза	Интрон grpI эндонуклеазы группы I	TIGR0145 3	5e-39
229	131521	131835	452	MLPFNIASYATLVHIVAKMCNLIP GDLIFSGGNTHIYMNHVEQCKEI	104	Тимидилатсинтаза [фаг энтеробактерии RB49]	AAP86755.1	7e-55 (103/103)	Тимидилат-синтаза	Тимидилат	PRK01827	8e-26

ФИГУРА 6RR



				LRREPKELCELVIGGLPYKFRYL STKEQLEYILKLRPKDFVLKDYQ SHGVLKGKMAV											
230	131859	132122	453	MILRFKDTSGAVLFTLPNPSELEV PGPNQPIIIYGKKYYTHKMTREYF DNKISTVKTSSDCYYDITVLTEKQ YDELSPRGPSMPGSE	87	NrdA_2 [фаг энтеробактерии T2]	AAP78917.1	2e-43 (86/87)			Предполагаемые консервативные домены не обнаружены				
231	132076	132402	454	MTNYHRAGRLCQVVNKYKSDFD VNIHRGTFWGNYVGKDAGSREA AIELFKKDFIRRIKSGEITKAHLEP LRGMRLGCTCKPKPCHCDIIAHI VNRLFKDDFQVEDLCN	108	NrdA.1 [фаг энтеробактерии T6]	ABI48941.1	5e-57 (106/108)			Предполагаемые консервативные домены не обнаружены				
232	132393	134657	455	MQLINVIKSSGVSQSFDPQKIKV LSWAAEGTSVDPYELYENIKSYL RDGMTTDDIQTVIKAAANSISVE EPDYQYVAARCLMFALRKHVYG QYEPRRSFIDHISYCVNEGKYDPE LLSKYSAEEITFLESKIKHERDME FTYSGAIMQLKEKYLVKDKTTGQI YETPQFAFMTIGMALHQDEPVD RLKHVIRFYEAVSTRQISLPTPIM AGCRTPTRQFSSCVVIEAGDSLK SINKASASIVEYISKRAGIGINVGM IRAEGSKIGMGEVRHTGVIPFWK HFQTAVKSCSQGGIRGGAATAY YPIWHLEVENLLLVLKNNKGVEEN RIRHMDYGVQLNDLMMERFGKN DYTILFSPHEMGGELYYSYFKDQ DRFREILYEAAEKDPNIRKKRIKA RELFELLMTERSGTARIYVQFIDN TNNYTPFIREKAPIRQSNLCCEIAI PTNDVNSPDAEIGLCTLSAFVLD NFDWQDQDKINELAEVQVRALD NLLDYQGYPVPEAEKAKKRRNL GVGVTNYAAWLASNFASYEDAN DLTHELFERLQYGLIKASIKLAKE KGPCEYYSDTRWSRGELPIDWY NKKIDQIAAPKYVCDWSSLREDL KLFGIRNSTLSALMPCESSSQVS NSTNGIEPPRGPVSVKESKEGSF NQVVPNIEHNIDLYDYTWKLAKK GNKPYLTQVAIMLKWVCQSASA NTYYDPQIFPKGKVPMSIMIDDLL YFWYFGGKNFYYHNTRDGSGT DDYEIETPKAEDCSSCKL	754	Субъединица рибонуклеотид-редуктазы A [фаг энтеробактерии RB51]	YP_0028541 83.1	0,0 (753/754)	Субъединица рибонуклеотид-редуктазы A	Субъединица альфа рибонуклеотид-дифосфат-редуктазы	PRK09103	<1,0e-180		
233	134709	135887	456	MSTVFNTNPVDVLKEPMFFGSG LGIARYDIQRHKVFEDLTEKQLSF	392	Субъединица рибонуклеотид-редуктазы B	YP_0028545	0,0	Субъединица рибонуклеотид-редуктазы B	Субъединица бета	PRK09101	4e-141		

ФИГУРА 6SS



						[фаг энтеробактерии RB14]	62.1	(387/392)		рибонук-леотид-дифосфат редуктазы		
				FWRPEEVNLMMDAAQFNKLPQY QQNIFTNNLKYQSLLDSIQGRAP SAVLMSLISDPSLDTWVATWTFS ETIHSRSYTHIMRNLYTDPSKVF DEIVLDEAIMKRAESIGRYYDDVL IKTRYWENAKADIEYQKEINADE DVIEDAIEHETYWKRELMKSLYL CLHVINALEAIRFYVSFACTFNFH KNIMEIMEGNAKQMKFIARDEQLH LKGTQYIIRQLQLGTDGDEWYKI AQECEQEAVDIFMEVNRQEKDW AVHLFKDGDVPGLNTNSMWSFI DYLTVSRMKQCGLPCPITDAPVK HPYPWIREYLNSDNVQSAPQEV ELSSYLVAQIDNDVDDKVMMSFK KYF	234	135915	136325	457	MKEIATEYSFIKYTELELDYNGSI KQLSIPNKYNVIYAIAINDELVYIG KTKKNLRKRINYYRTAINRKDKTS DSTKSALIHAALKEGSKVEFYAR QCFNLSMTNELGTMTIATIDLEEP LFIKLFNPPWNIQHKKK	136	Эндонуклеаза II [фаг энтеробактерии RB51	YP_0028541 81.1	7e-73 (135/136)	Эндонуклеаза II	Нуклеазы типа GIV-VIG (домен URI)	smart0046 5	1e-05
				MQELFNNLMELCKDSQRKFFYS DDVSASGRTYRIFSYNYASYSD WLLPDALECRGIMFEMDGEKPV RIASRPMEKFFNLNENPFTMNID LNDVDYILTKEDGSLVSTYLDGD EILFKSKGSIKSEQALMANGILMN INHHRLIRDRLKELAEDGFTANFE FVAPTNRIVLAYQEMKIILNVRE NETGEYISYDDIYKDAALRPYLVE RYEIDSPKWVEEAKNAENIEGYV AVMKDGSHFKIKSDWYYSLHST KSSLDNPEKLFKTIIDGASDDLKA MYADDEYSYRKIEAFETTYLKYL DRALFLVLDCHNKHCGKDRKTY AMEAQGVAKGAGMDHLFGIIMS LYQGYDSQEKVMCEIEQNFLKN YKKFIPEGY	235	136378	137502	458	PHK-лигаза [фаг энтеробактерии RB51]	YP_0028541 80.1	0,0 (373/374)	PHK-лигаза	PHK-лигаза, семейство RnlA T4	TIGR0230 8	<1,0e-180
				MDLQLITTEMVVEAYGDTTDGIS VFKGNRRVGYITDLKKDLAKQVK RKTTIKEYRNRRLEQARDMLPDA VEEMKVFLENQLAKYDCDVFINQ TQPNVHINSCKCYIIVNPLTGKHR LGISNPNRSASDMAEDVEACFKI SKSPAEHHLINGLSQDDIIEVIKT LCM	236	137567	138070	459	Ингибитор Alc транскрипции хозяина	NP_049838. 1	3e-93 (164/167)	Ингибитор Alc транскрипции хозяина	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

ФИГУРА 6TT

97

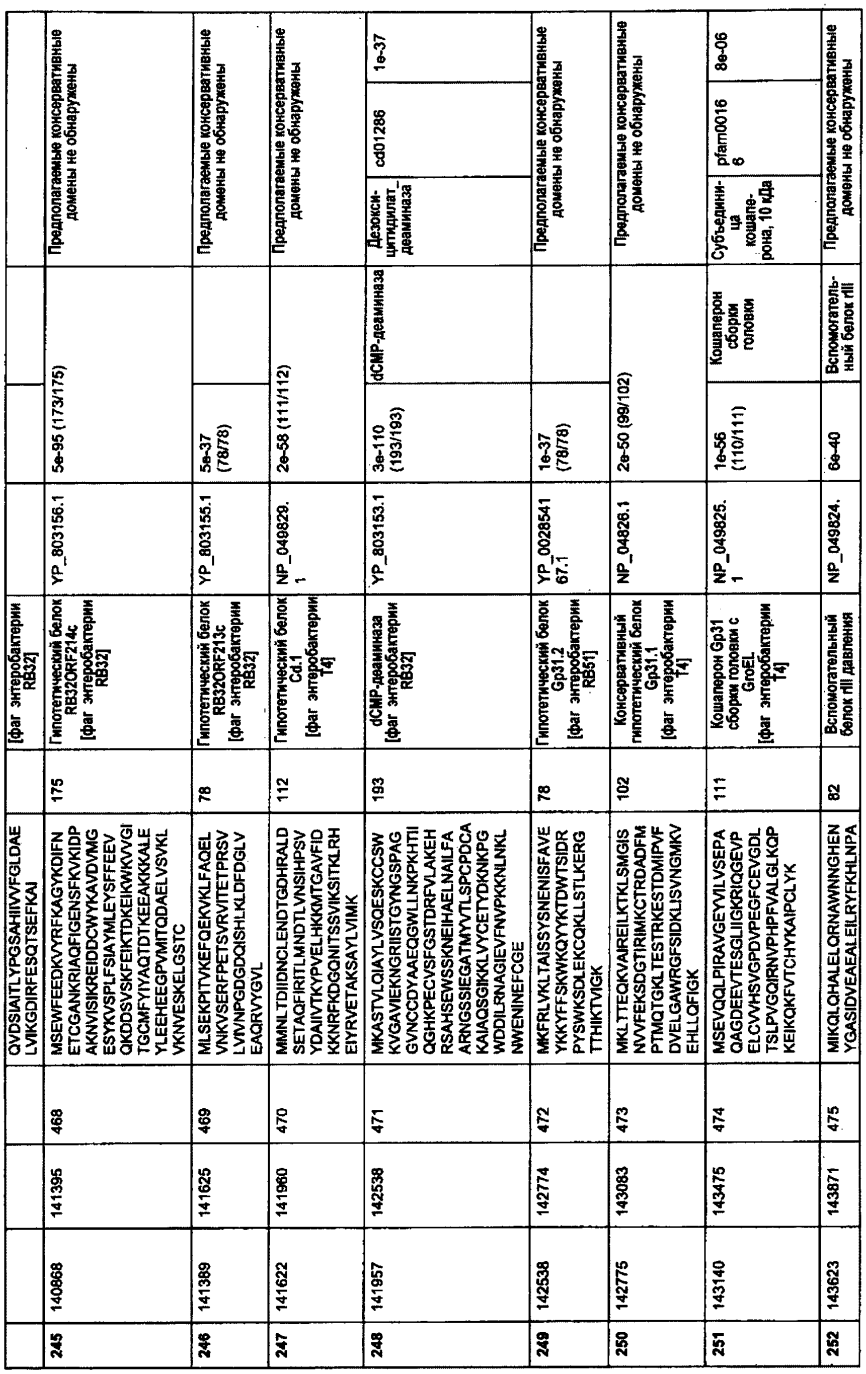
98

237	138061	138414	460	MHVSNFTAGLLLLVIAFGGTSIILK NKVERLETSVTEITKTANENALAL NNLRIQYNYIDAMNKNREAIAAI ERENEKLRKDAKKADYVAHKPG LVEKQINNSFNKFAEDIQDLSK	117	Консервативный гипотетический мембранный белок PscT3 [фаг энтеробактерии T4]	NP_049837.1	2e-59 (116/117)			Предполагаемые консервативные домены не обнаружены			
238	138411	138710	461	MIKLSAVILSIGLLVGCSTKPLEVK KETVHPNWPVQIKSYDEAKLSW QVKVIDGKAWVGMPFEDSQEFR IWLNDVKRYVHDQKTMICYYRQ ELKEDKCK	99	Гипотетический белок RB32ORF218c [фаг энтеробактерии RB32]	YP_803161.1	1e-51 (99/99)			Липопротеин Yfio сборки наружной мембраны	TIGR03302	0,002	
239	138707	138937	462	MISWYQFEHLKGLIYESEMAAMI YGRQIQRLESLPPTNDVLLAQSR ANLKNEYQNKWGKASKDLHDYI QSLVEKNK	76	Гипотетический белок PscT.1 [фаг энтеробактерии RB51]	YP_0028541 76.1	2e-37 (76/76)			Предполагаемые консервативные домены не обнаружены			
240	138934	139236	463	MKTLLERYIECSDRYIDVCHDNA SSISEDIEHAKALDDAGKALRKEA KARGFDMYQLKNHMIKFISSNVQ SKSVNQSTAELYKGRREHNIRIL EVFLGIK	100	Гипотетический белок RB32ORF217c [фаг энтеробактерии RB14]	YP_0028545 55.1	3e-49 (96/100)			Предполагаемые консервативные домены не обнаружены			
241	139233	140138	464	MMKKILTIGCPGSGKSTWAREFI AKNPGFYNINRDDYRQSIMAHEE RDEYKYTKNKEGIVTYMQHDVA NMILCQDATKGVIVSDTNLNPER RKVWEEFAKELGHQIEYKVFDVP WTELVKRNSKRGTKAVPIDVLRS MYKSMREYLGLPVYKGTPGKPK AVIFDVDGTLAKMNGRGPYDLEK CDIDINPMVVELSKMYALMGYQI VVVSGRESGTEEDPTKYYRMTR KWVEDIAGVPLVMQCQREQGDT RKDDVVKEEIFWKHIAPHFDVKL AIDDRTQVVEMWRRIGVECWQV ASGDF	301	dN 3'-фосфатазы [фаг энтеробактерии RB51]	YP_0028541 74.1	1e-170 (290/300)	dN 3'-фосфатазы	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены	Предполагаемая 3'-5' экзонуклеаза	COG4639	8e-12
242	140158	140334	465	LGFVIVNSGLVGTSNGQFCVFTS ENRAWEECLKLREKNPDVELVV KKTKLPLPWKTYE	58	Гипотетический белок Cd.6 [фаг энтеробактерии T4]	NP_049833.1	2e-24 (55/57)			Предполагаемые консервативные домены не обнаружены			
243	140327	140527	466	MNNLEKIYRLCDKIEKEKKYLFCL WPIVDGRVGLDVLDYETEDKVD GATFDNALDVIDWLEENYVR	66	Гипотетический белок RB51ORF219 [фаг энтеробактерии RB51]	YP_0028541 72.1	2e-29 (64/66)			Предполагаемые консервативные домены не обнаружены			
244	140530	140805	467	MFPTYSKIVEVVFSQIIANNMFEK LDNAAELRIHAQVTHVLNALLPD	91	Гипотетический белок RB32ORF215c	YP_803157.1	2e-45 (91/91)			Предполагаемые консервативные домены не обнаружены			

ФИГУРА 8UU

98

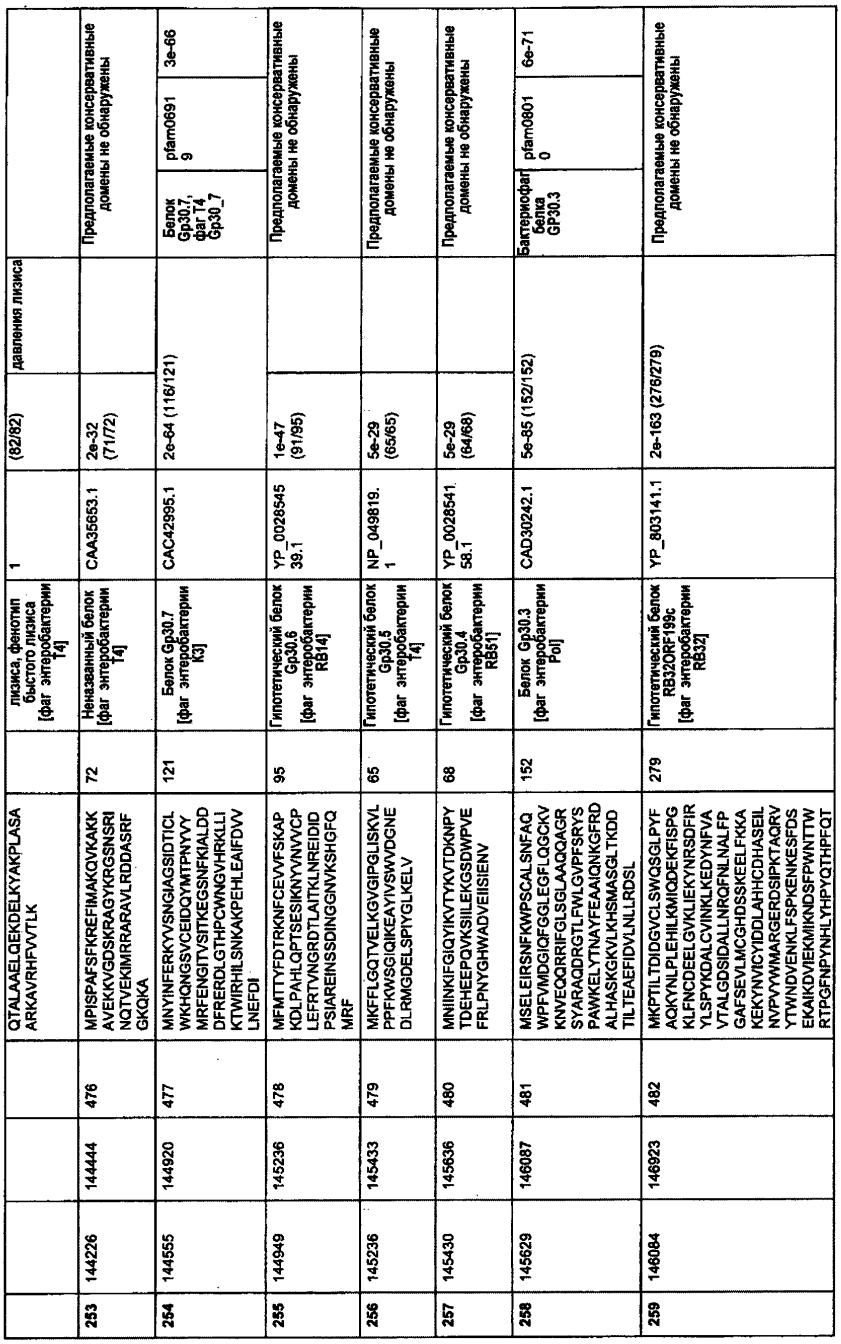
99



				QVDSIAITLYPGSAHIIVVFGLDAE LVIKGDIRFESQTSEFKAI		[фаг энтеробактерии RB32]								
245	140868	141395	468	MSEWFEEDKVYRFKAGYKDIFN ETCGANKRIAQFIGENSFKVKIDP AKNVISIKREIDDCWYKAVDVMG ESYKVSPLFSIAYMLEYSFFEEV QKDDSVSKFEIKTDKEIKWKVVGI TGCMFYIYAQTDTKEEAKKKALE YLEEHEEGPVMITQDAELVSVKL VKNVESKELGSTC	175	Гипотетический белок RB32ORF214c [фаг энтеробактерии RB32]	YP_803156.1	5e-95 (173/175)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены				
246	141389	141625	469	MLSEKPITVKEFQEKVKLFAQEL VNKVSERFPETSVRVITETPRSV LVVNPGDGDQISHLKLDFDGLV EAQRVYGVL	78	Гипотетический белок RB32ORF213c [фаг энтеробактерии RB32]	YP_803155.1	5e-37 (78/78)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены				
247	141622	141960	470	MMNLTDIIDNCLENDTGDHRALD SETAQFIRITLMNDTLVNSIHPSV YDAIVTKYPVELHKKMTGAVFID KKNRFKDGQNITSSVIKSITKLRH EIYRVETAKSAYLVIMK	112	Гипотетический белок Cd.1 [фаг энтеробактерии T4]	NP_049829.1	2e-58 (111/112)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены				
248	141957	142538	471	MKASTVLQIAYLVSQESKCCSW KVGAVIEKNGRIISTGYNGSPAG GVNCCDYAAEQGWLLNKPKHTII QGHKPECVSFGSTDRFVLAKEH RSAHSEWSSKNEIHAELNAILFA ARNGSSIEGATMYVTLSPCPDCA KAIAQSGIKKLVYCETYDKNKPG WDDILRNAGIEVFNVPKKNLNKL NWENINEFCGE	193	dCMP-деаминаза [фаг энтеробактерии RB32]	YP_803153.1	3e-110 (193/193)	dCMP-деаминаза	Дезокси-цитидилат деаминаза	cd01286	1e-37		
249	142538	142774	472	MKFRLVKLTAISSYSNENISFAVE YKKYFFSKWKQYYKTDWTSIDR PYSWKSDLEKCQKLLSTLKERG TTHIKTVIGK	78	Гипотетический белок Gp31.2 [фаг энтеробактерии RB51]	YP_0028541 67.1	1e-37 (78/78)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены				
250	142775	143083	473	MKLTTEQKVAIREILKTKLSMGIS NVVFEKSDGTIRIMKCTRDADFM PTMQTGKLTESTRKESTDMIPVF DVELGAWRGFSIDKLISVNGMKV EHLLQFIGK	102	Консервативный гипотетический белок Gp31.1 [фаг энтеробактерии T4]	NP_04826.1	2e-50 (99/102)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены				
251	143140	143475	474	MSEVQQLPIRAVGEYVILVSEPA QAGDEEVTESGLIICGKRIQGEVP ELCVVHSVGPDVPEGFCEVGDL TSLPVGQIRNVPHPFVALGLKQP KEIKQKFVTCHYKAIPCLYK	111	Кошаперон Gp31 сборки головки с GroEL [фаг энтеробактерии T4]	NP_049825.1	1e-56 (110/111)	Кошаперон сборки головки	Суб-единица кошаперона, 10 кДа	pfam00166	8e-06		
252	143623	143871	475	MIKQLQHALELQRNAWNNGHEN YGASIDVEAEALEILRYFKHLNPA	82	Вспомогательный белок rIII давления	NP_049824.1	6e-40	Вспомогательный белок rIII	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены				

ФИГУРА 6VV

100

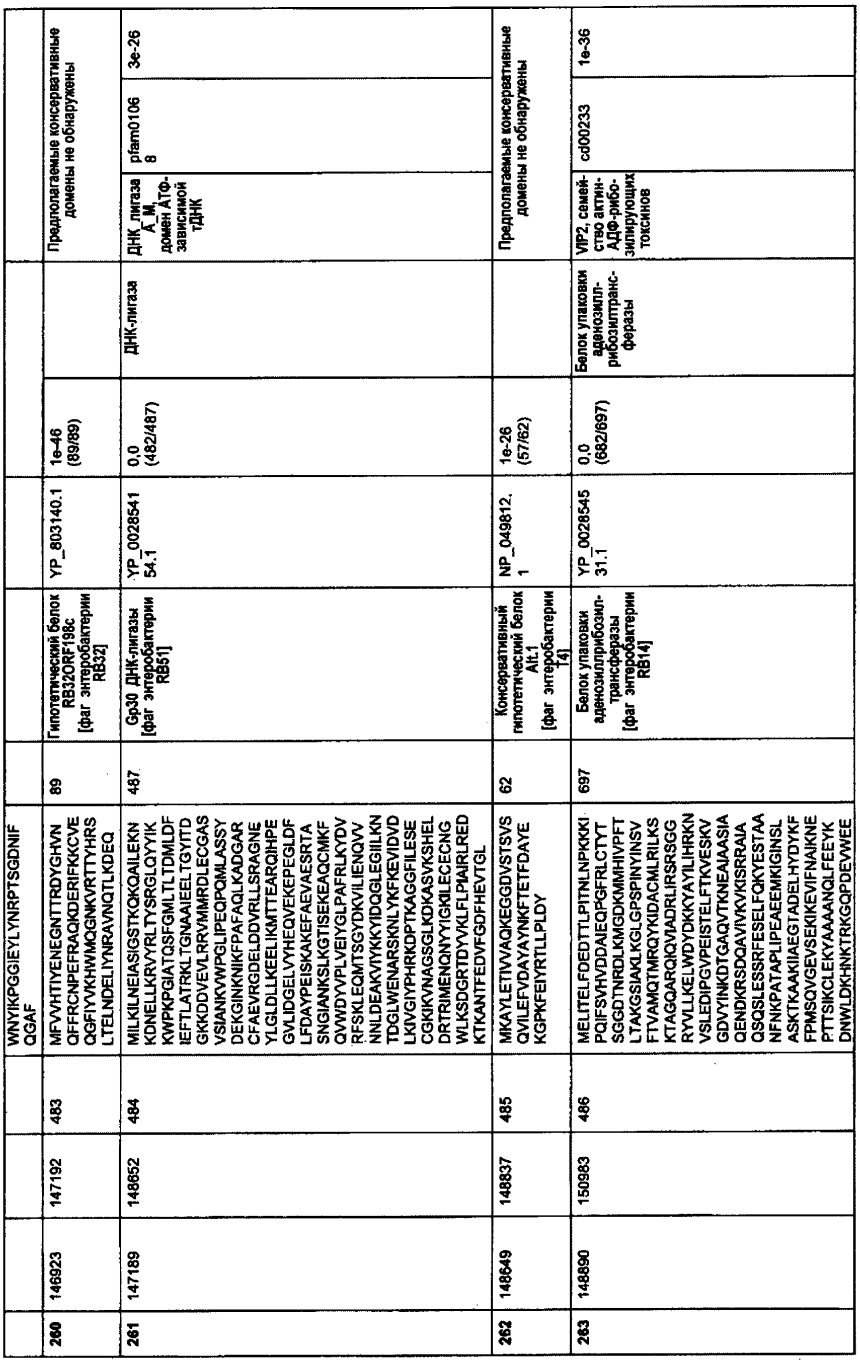


						лизиса, фенотип быстро лизиса [фаг энтеробактерии T4]		1	(82/82)	давления лизиса			
253	144226	144444	476	MPISPAFSFKREFIMAKQVKAKK AVEKKVGDSKRAGYKRGSNSRI NQTVEKIMRRARAVLRDDASRF GKQKA	72	Неизвестный белок [фаг энтеробактерии T4]	CAA35653.1	2e-32 (71/72)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены			
254	144555	144920	477	MNYINFERKYVSNGIAGSIDTICL WKHQNGSVCEIDQYMTPNYVY MRFENGITVSITKEGSNFKIALDD DFRERDLGTHPCWNGVHRKLLI KTWIRHILSNKAKPEHLEAIFDVV LNEFDI	121	Белок Gp30.7 [фаг энтеробактерии K3]	CAC42995.1	2e-64 (116/121)		Белок Gp30.7, фаг T4, Gp30_7	pfam0691 9	3e-66	
255	144949	145236	478	MFMTTYFDTRKNFCEVVFSKAP KDLPAHLQPTSESIKNYVNVVCP LEFRTVNGRDTLAITKLNREIDID PSIAREINSSDINGGNVKSHGFQ MRF	95	Гипотетический белок Gp30.6 [фаг энтеробактерии RB14]	YP_0028545 39.1	1e-47 (91/95)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены			
256	145236	145433	479	MKFFLGQTVELKGVGIPGLISKVL PPFKWSGIQIKEAYIVSWVDGNE DLRMGDELSPIYGLKELV	65	Гипотетический белок Gp30.5 [фаг энтеробактерии T4]	NP_049819. 1	5e-29 (65/65)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены			
257	145430	145636	480	MNIINKIFGIQYIKVTYKVTDKNPY TDEHEEPQVKSIILEKGSDWPVE FRLPNYGHWADVEIISIENV	68	Гипотетический белок Gp30.4 [фаг энтеробактерии RB51]	YP_0028541 58.1	5e-29 (64/68)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены			
258	145629	146087	481	MSELEIRSNFKWPSCALSNFAQ WPFVMDGIQFGGLEGFLQGCKV KNVEQQRRIFGLSGLAAQQAGR SYARAQDRGTLFWLGVPFSRYS PAWKELYTNAYFEAAIQNKGFRD ALHASKGKVLKHSMASGLTKDD TILTEAEFIDVLNLLRDSL	152	Белок Gp30.3 [фаг энтеробактерии Pol]	CAD30242.1	5e-85 (152/152)		Бактериофаг белка GP30.3	pfam0801 0	6e-71	
259	146084	146923	482	MKPTILTDIDGVCLSWQSGLPYF AQKYNLPLEHILKMIQDEKFISPG KLFNCDEELGVKLIEKYNRSDFIR YLSPYKDALCVINKLKEDYNFVA VTALGDSIDALLNRQFNLNALFP GAFSEVLMCGHDSSKEELFKKA KEKYNVICYIDDLAHHCDHASEIL NVPVYWMARGERDSIPKTAQRV YTWNDVENKLFSPKENKESFDS EKAIKDVIEKMIKNDSFPWNTTW RTPGFNPYNHLYHPYQTHPFQT	279	Гипотетический белок RB32ORF199c [фаг энтеробактерии RB32]	YP_803141.1	2e-163 (276/279)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены			

ФИГУРА 6WW

100

101

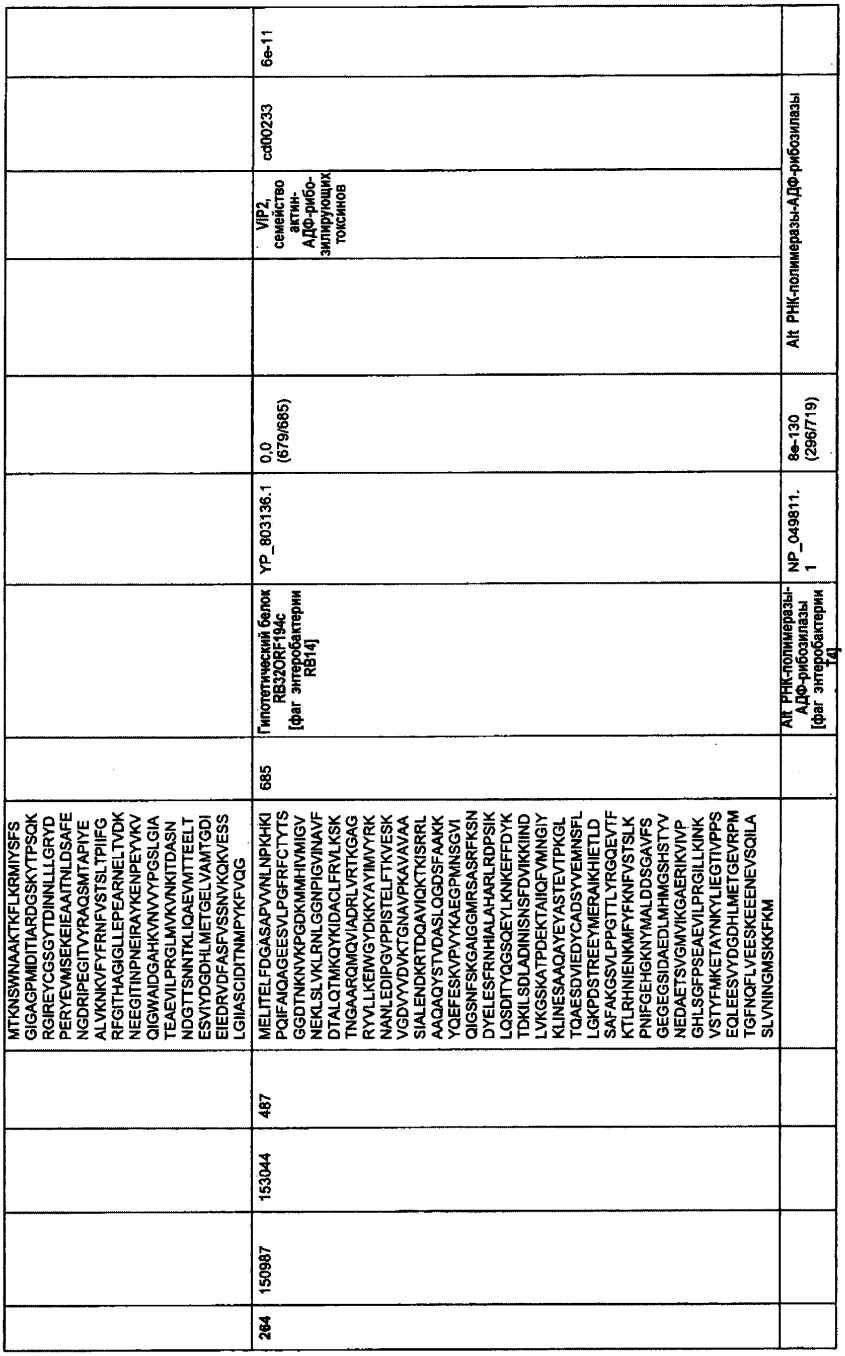


				WNYIKPGGIEYLYNRPTSGDNIF QGAF										
260	146923	147192	483	MFVVHTIYENEGNTTRDYGHVN QFFRCNPEFRAQKDERIFKKCVE QGFIYVKHWMQGNKVRTTYHRS LTELNDELIYNRAVNQTLKDEQ	89	Гипотетический белок RB32ORF198c [фаг энтеробактерии RB32]	YP_803140.1	1e-46 (89/89)	ДНК-лигаза	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены				
261	147189	148652	484	MILKILNEIASIGSTKQKQAILEKN KDNELLKRVYRLTYSRGLQYYIK KWPKPGIATQSFGMLTLTDMLDF IEFTLATRKLTGNAAIEELTGYITD GKKQDVEVLRRVMMRDLECGAS VSIANKVWPGLIPEQPQMLASSY DEKGINKNIKFPAFAQLKADGAR CFAEVRGDELDDVRLLSRAGNE YLGLDLLKEELIKMTTEARQIHPE GVLIDGELVYHEQVEKEPEGLDF LFDAYPEISKAKEFAEVAESRTA SNGIANKSLKGTISEKEAQCMKF QVWIDYVPLVEIYGLPAFRLKYDV RFSKLEQMTSGYDKVILENQVV NNLDEAKVIYKKYIDQGLEGIILKN TDGLWENARSKNLYKFKEVIDVD LKVGIYPHRKDPTKAGGFILESE CGKIKVNAGSGLKQKASVKSHEL DRTRIMENQNYYIGKILECECNG WLKSDGRTDYVKLFLPIAIRLRED KTKANTFEDVFGDFHEVTGL	487	Gp30 ДНК-лигазы [фаг энтеробактерии RB51]	YP_0028541 54.1	0,0 (482/487)	ДНК-лигаза	ДНК_лигаза_А_М, домен АТФ-зависимой тДНК	pfam0106 8	3e-26
262	148649	148837	485	MKAYLETIVVAQKEGGDVSTSVS QVILEFVDAYAYNKFTETFDAYE KGPKFEIYRTLLPLDY	62	Консервативный гипотетический белок Alt.1 [фаг энтеробактерии T4]	NP_049812.1	1e-26 (57/62)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены				
263	148890	150983	486	MELITELFDEDTTLPITNLNPKKKI PQIFSVHVDDAIEQPGFRLCTYT SGGDTNRDLKMGDKMMHIVPFT LTAKGSIAKLKGLGPSPIYYINSV FTVAMQTMRQYKIDACMLRILKS KTAGQARQIQVIADRLIRSRSGG RYVLLKELWDYDKKYAYLIHRKN VSLEDIPGVPEISTELFTKVESKV GDVYINKDTGAQVTKNEAIAASIA QENDKRSDQAVIVKVKISRRAJA QSQSLESSRFESELFQKYESTAA NFNKPATAPLIPEAEEMKGIGINSL ASKTKAAKIIAEGTADELHYDYKF FPMSQVGEVSEKIKEVIFNAIKNE PTTSIKCLEKYAAAANQLFEEYK DNWLDKHNKTRKGQPDEVWEE	697	Белок упаковки аденозилрибозилтрансферазы [фаг энтеробактерии RB14]	YP_0028545 31.1	0,0 (682/697)	Белок упаковки аденозилрибозилтрансферазы	VIP2, семейство актин-АДФ-рибозилирующих токсинов	cd00233	1e-36

ФИГУРА 6XX

101

102

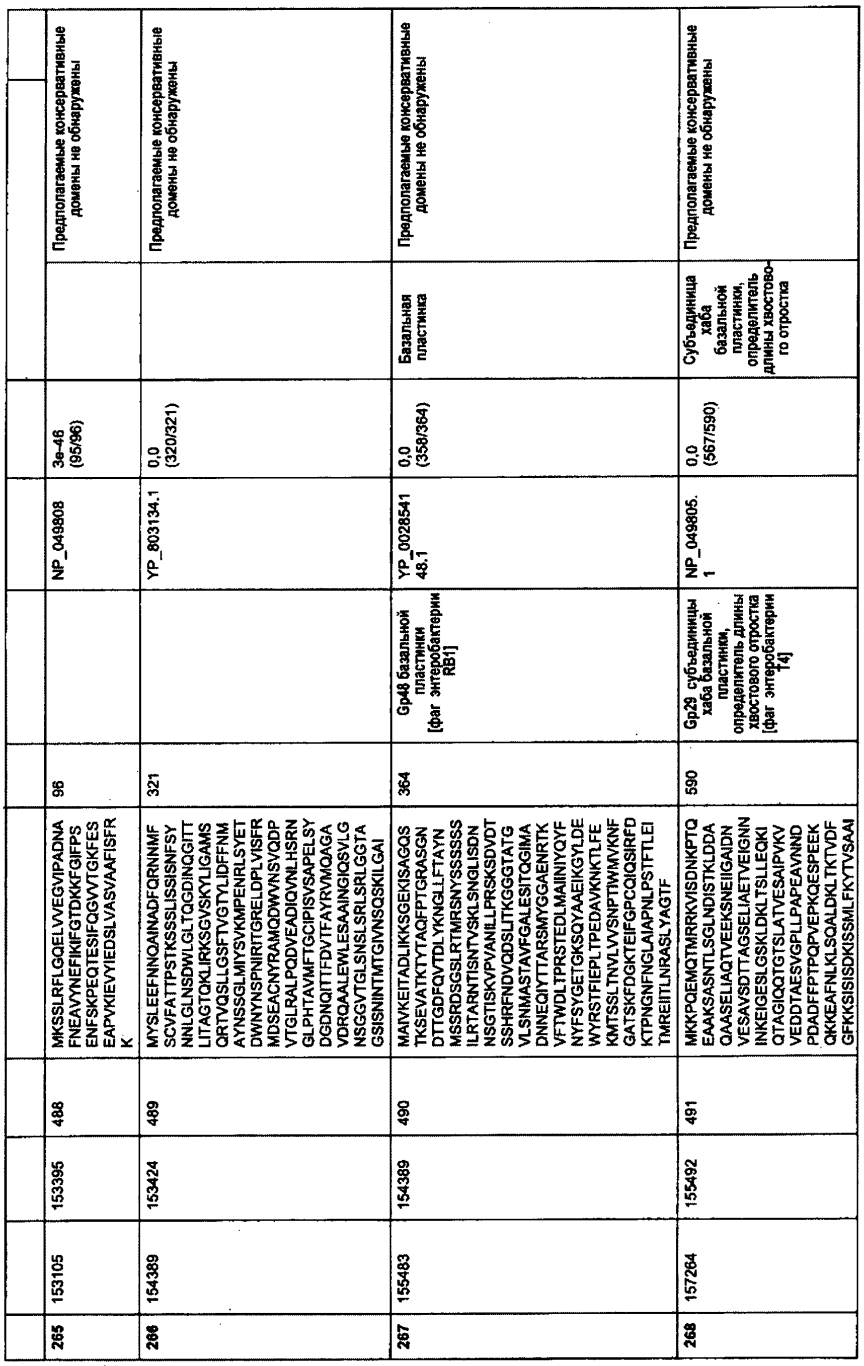


264	150987	153044	487	MTKNSWNAAKTKFLKRMIYSFS GIGAGPMIDITIARDGSKYTPSQK RGIREYCGSGYTDINNLLLGRYD PERYEVMSEKEIEAAITNLDSAFE NGDRIPEGITVYRAQSMTAPIYE ALVKNKVFYFRNFVSTSLTPIIFG RFGITHAGIGLLEPEARNELTVDK NEEGITINPNEIRAYKENPEYVKV QIGWAIDGAHKVNVVYPGSLGIA TEAEVILPRGLMVKVNKITDASN NDGTTSNNTKLIQAEVMTTEELT ESVIYDGDHLMETGELVAMTGDI EIEDRVDFASFVSSNVKQKVESS LGIIASCIDITNMIPYKFVQG	MELITELFDGASAPVVNLNPKHKI PQIFAIQAGEESVLPGFRFCTYTS GGDTNKNVKPGDKMIMHIVMIGV NEKLSLVKLRNLGGNPIGVINAVF DTALQTMKQYKIDACLFRVLKSK TNGAARQMQVIADRLVRTKGAG RYVLLKEIWGYDKKYAYIMVYRK NANLEDIPGVPPISTELFTKVESK VGDVYVDVKTGNAVPKAVAVAA SIALENDKRTDQAVIQKTKISRRL AAQAQYSTVDASLQGDSFAAKK YQEFESKVPVYKAEGPMNSGVI QIGSNFSKGAIGGMRSASRFKSN DYELESFRNHALAHARLRDPSIK LQSDITYQGSQEYLKNKEFFDYK TDKILSDLADNISNSFDVIKKIIND LVKGSKATPDEKTAIIQFVMNGIY KLINESAAQAYEYASTEVTPKGL TQAESDVIEDYCADSYYEMNSFL LGKPDSTREEYMERAIKHIETLD SAFAKGSVLPPGTTLYRGQEVTF KTLRHNIENKMFYFKNFVSTSLK PNIFGEHGKNYMALDDSGAVFS GEGEGSIDAEDLMHMGSHSTYV NEDAETSVGMVIKGAERIKVVP GHLSGFPSEAEVILPRGILLKINK VSTYFMKETAYNKYLIEGTIVPPS EQLEESVYDGDHLMETGEVRPM TGFNQFLVEESKEEENEVSQILA SLVNINGMSKKFKM	685	Гипотетический белок RB32ORF194c [фаг энтеробактерии RB14]	YP_803136.1	0,0 (679/685)					6e-11
						Alt РНК-полимеразы-АДФ-рибозилазы [фаг энтеробактерии T4]	NP_049811.1	8e-130 (296/719)	Alt РНК-полимеразы-АДФ-рибозилазы		ViP2, семейство актин-АДФ-рибозилирующих токсинов	cd00233	

ФИГУРА 6УУ

102

103



265	153105	153395	488	MKSSLRFLGQELVVEGVIPADNA FNEAVYNEFIKKFGTDKKFGIFPS ENFSKPEQTESIFQGVVTGKFES EAPVKIEVYIEDSLVASVAAFISFR K	96		NP_049808	3e-46 (95/96)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
266	154389	153424	489	MYSLEEFNNQAINADFQRNNMF SCVFATTPSTKSSSLISSIISNFSY NNLGLNSDWLGLTQGDINQGITT LITAGTQKLIRKSGVSKYLIGAMS QRTVQSLLGSFTVGTYLIDFFNM AYNSSGLMIYSVKMPENRLSYET DWNYNSPNIRITGRELDPLVISFR MDSEACNYRAMQDWVNSVQDP VTGLRALPQDVEADIQVNLHSRN GLPHTAVMFTGCIPISVSAPELSY DGDNQITTFDVTFAYRVMQAGA VDRQAALEWLESAAINGIQSVLG NSGGVTGLSNSLSRLSRLGGTA GSISNINTMTGIVNSQSKILGAI	321		YP_803134.1	0,0 (320/321)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
267	155483	154389	490	MAIVKEITADLIKKSGEKISAGQS TKSEVATKTYTAQFPTGRASGN DTTGDFQVTDLYKNGLLFTAYN MSSRDSGSLRTMRSNYSSSSSSS ILRTARNTISNTVSKLSNGLISDN NSGTISKVPVANILLPRSKSDVDT SSHRFNDVQDSLITKGGGTATG VLSNMASTAVFGALESITQGIMA DNNEQIYTTARSMYGGAENRTK VFTWDLTPRSTEDLMAIINIYQYF NYFSYGETGKSQYAAEIKGYLDE WYRSTFIEPLTPEDAVKNKTLFE KMTSSLTNVLVVSNPTIWMVKNF GATSKFDGKTEIFGPCQIQSIRFD KTPNGNFNGLAIAPNLPSTFTLEI TMREIITLNRASLYAGTF	364	Gp48 базальной пластинки [фаг энтеробактерии RB1]	YP_0028541 48.1	0,0 (358/364)	Базальная пластинка	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
268	157264	155492	491	MKKPQEMQTMRRKVISDNKPTQ EAAKSASNTLSGLNDISTKLDDA QAASELIAQTVEEKSNEIIGAIDN VESAVSDTTAGSELIAETVEIGNN INKEIGESLGSKLDKLTSLLEQKI QTAGIQQQTGTSLATVESAIPVKV VEDDTAESVGPLLPAPEAVNND PDADFFPTPQPVEPKQESPEEK QKKEAFNLKLSQALDKLTKTVDF GFKKSISISDKISSMLFKYTVSAAI	590	Gp29 субъединицы хаба базальной пластинки, определитель длины хвостового отростка [фаг энтеробактерии T4]	NP_049805. 1	0,0 (567/590)	Субъединица хаба базальной пластинки, определитель длины хвостового отростка	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены

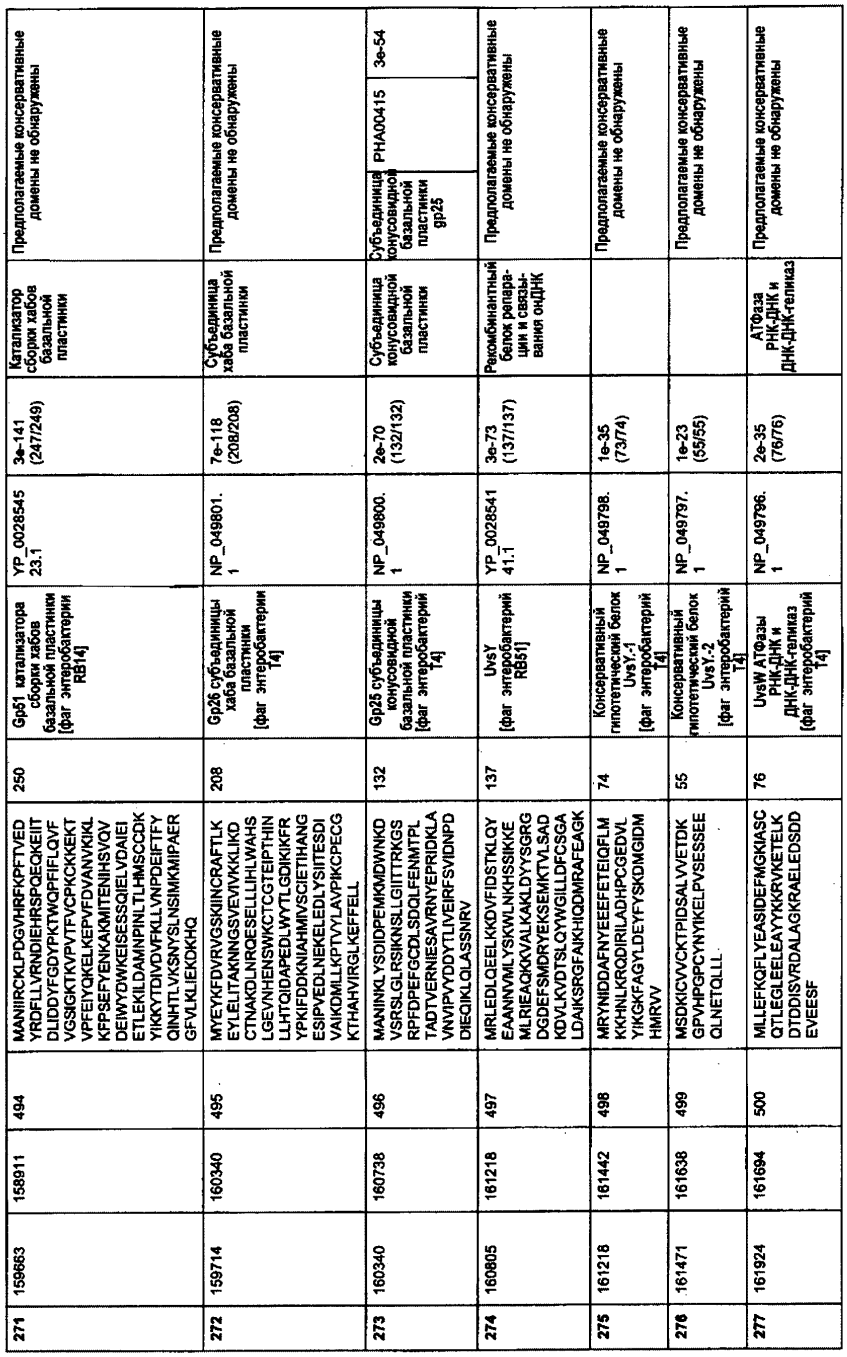
ФИГУРА 6ZZ

				EAAKMTAMILAVVVGIDLLMVHF KYWSDKFSQAWDLFSTNFTKFS SETGTWGPLLQSIFGSIDKIKKLW EAGDWGGLTVAIVEGLGKVLFNL GELIQLGMAKLSAAILRVIPGMKD TADEVEGRALENFQNTTNASLSK EDQEKVAIYQYKRMNDDLGPIA KGLDKIANWKTRASNWIRGVDN KEALTTDEERAEEEEKLKQLSPE EAKIALMKANEARAAMNRFDEYA NSADMSKDSTVKSVEAAYEDLK KRMDDPDLNNSPAVKKELAARF SKIDATYQELKKNQPNAKPQTSA KSPEAKQVQVIEKNKAQQAPIQQ ASPSINNTNNVIKKNTVVHNMTP VTSTTAPGVFDATGVN									
269	157794	157261	492	MNLKLILPLKKVVLPISNKEVSIPK MGLKHYNILKDVKGPDENLKLLID SICPNLSPAEVDFVSIHLLEFNGK IKSRKEIDGYTYDINDVYVCQRLE FQYQGNTFYFRPPGKFEQFLTV SDMLSKCLLKVNDEVKEINFLEM PAFVLKWANDIFTTLAIPGPNGPI TGIGNIIGLFE	177	Субъединица дистального хвоста базальной пластинки [фаг энтеробактерии RB32]	YP_803131.1	9e-97 (176/177)	Субъединица дистального хвоста базальной пластинки	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены				
270	158914	157742	493	MSMLQRPGYPNLSVKLFESYDA WSNNRFVELAATTITLTMRDSLY GRNEGMLQFYDSKNIHTKMDGN EIIQISVAANANDINNVKTRIYGCKH FSVSVDSKGDNIIAIELGTIHSIEN LKFGRPFFPDAGESIKEMLGVIY QDRTLLTPAINAINAYYPDIPWTS TFENYLSYVREVALAVGSDKFVF VWQDIMGVNMMDYDMMINQEP YPMIVGEPTLIGQFVQELKYPLAY DFVWLTKSNPHKRDPMKNATIY AHSFLDSSLPMITTGKGENSIVVS RSGAYSEMTYRNGYEEAIRLQT MAQYDGYAKCSTVGNFNLTPGV KIIFNDSKNQFKTEPYVDEVIHEL SNNNSVTHLYMFTNATKLETIDP VKVKNEFKTDTTTEESSSSDK	390	Gp27 субъединицы хвоста базальной пластинки [фаг энтеробактерии RB51]	YP_0028541 45.1	0.0 (390/390)	Субъединица хвоста базальной пластинки	Хвостовой отросток фага_1, домен 1 структурн. белка базальной пластинки	pfam0909 7	2e-98		
											Хвостовой отросток фага_2, домен 2 структурн. белка базальной пластинки	pfam0909 6	9e-86	

ФИГУРА 6ААА

104

105

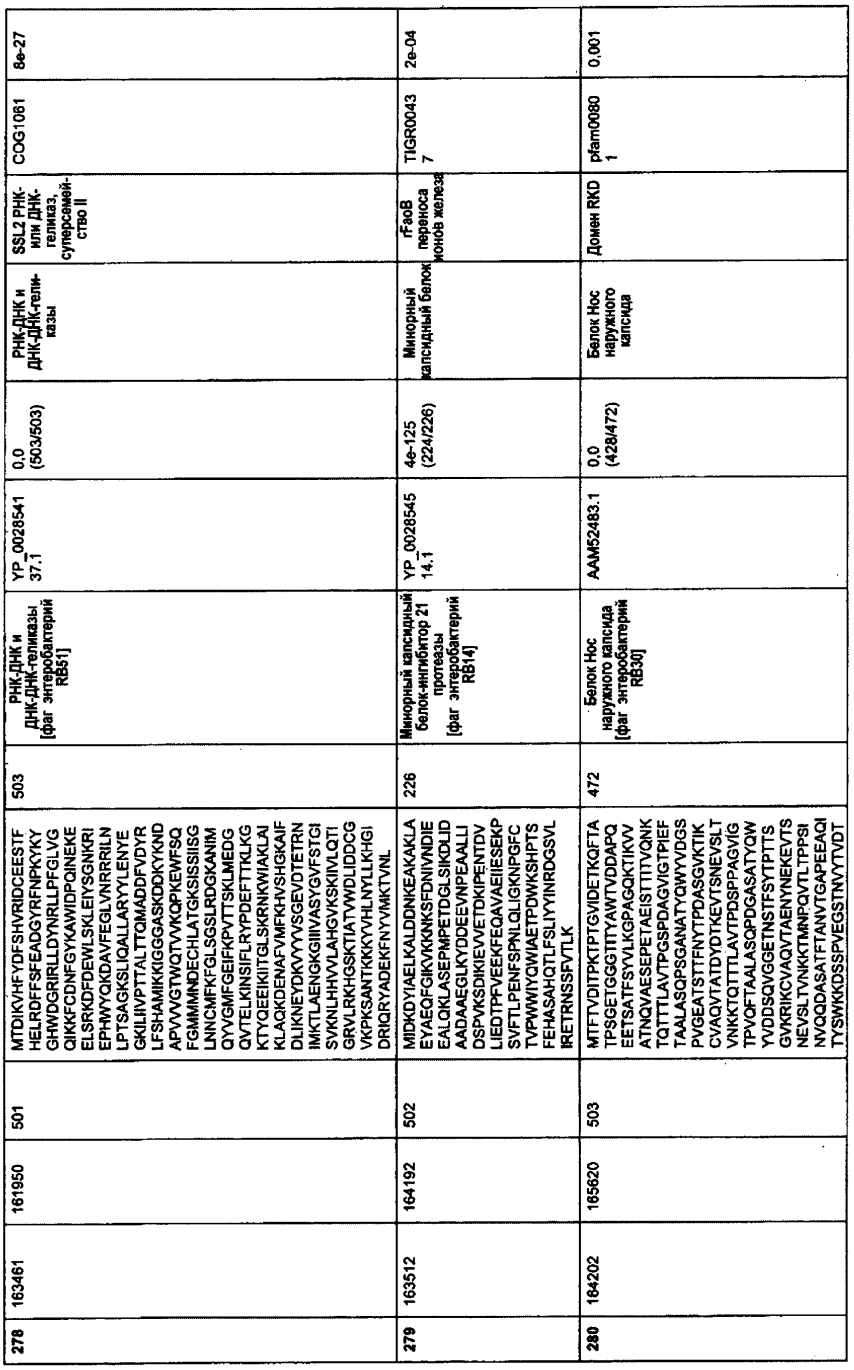


271	159663	158911	494	MANIIRCKLPDGVHRFKPFTVED YRDFLLVRNDIEHRSPQECKEITT DLIDDYFGDYPKTWQPFIFLQVF VGSIGKTKVPVTFVCPKCKKKEKT VPFEIYQKELKEPVFDVAANVKIKL KFPSEFYENKAKMITENIHSVQV DEIWYDWKEISESSQIELVDAIEI ETLEKILDAMNPINLTLHMSCCDK YIKKYTDIVDVFKLLVNPDEIFTFY QINHTLVKSNYSLNSIMKMIPAER GFVLKLIEKDKHQ	250	Gp51 катализатора сборки хвоста базальной пластинки [фаг энтеробактерии RB14]	YP_0028545 23.1	3e-141 (247/249)	Катализатор сборки хвоста базальной пластинки	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены	
272	159714	160340	495	MYEYKFDVRVGSKIINCRAFTLK EYLIELITAKNNGSVEVIVKKLIKD CTNAKDLNRQESELLLIHLWAHS LGEVNHENSWKCTCGTEIPTHIN LLHTQIDAPEDLWYTLGDIKIKFR YPKIFDDKNIAHMIVSCIETIHANG ESIPVEDLNEKELEDLYSIITESDI VAIKDMLLKPTVYLAVPIKCPECG KTHAHVIRGLKEFFELL	208	Gp26 суб-единицы хаба базальной пластинки [фаг энтеробактерии T4]	NP_049801. 1	7e-118 (208/208)	Суб-единица хаба базальной пластинки	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены	
273	160340	160738	496	MANINKLYSDIDPEMKDWNKD VSRSLGLRSIKNSLLGIITTRKGS RPFDPEFGCDLSDQLFENMTPL TADTVERNIESAVRNYEPRIDKLA VNVIPVYDDYTLIVEIRFSVIDNPD DIEQIKLQLASSNRV	132	Gp25 суб-единицы конусовидной базальной пластинки [фаг энтеробактерий T4]	NP_049800. 1	2e-70 (132/132)	Суб-единица конусовидной базальной пластинки	Суб-единица конусовидной базальной пластинки gp25	PHA00415	3e-54
274	160805	161218	497	MRLEDLQEELKKDVFIDSTKLQY EAANNVMLYSKWLNKHSSIKKE MLRIEAQKKVALKAKLDYYSGRG DGDEFSMDRYEKSEMKTVLSAD KDVLKVDTSLQYWGILLDFCSGA LDAKSRGFAIKHIQDMRAFEAGK	137	UvsY [фаг энтеробактерий RB51]	YP_0028541 41.1	3e-73 (137/137)	Рекомбинантный белок репарации и связывания онДНК	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
275	161218	161442	498	MRYNIDDAFNYEEEFETEIQFLM KKHNLKRQDIRILADHPCGEDVL YIKGKFAGYLDEYFYSKDMGIDM HMRVV	74	Консервативный гипотетический белок UvsY-1 [фаг энтеробактерий T4]	NP_049798. 1	1e-35 (73/74)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены	
276	161471	161638	499	MSDKICVVCKTPIDSALVVETDK GPVHPGPCYNYIKELPVSESSEE QLNETQLLL	55	Консервативный гипотетический белок Uvs1-2 [фаг энтеробактерий T4]	NP_049797. 1	1e-23 (55/55)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены	
277	161924	161694	500	MLLEFKQFLYEASIDEFMGKIASC QTLEGLEELEAYYKKRVKETELK DTDDISVRDALAGKRAELEDSDD EVEESF	76	UvsW АТФазы РНК-ДНК и ДНК-ДНК-геликаз [фаг энтеробактерий T4]	NP_049796. 1	2e-35 (76/76)	АТФаза РНК-ДНК и ДНК-ДНК-геликаз	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены	

ФИГУРА 6BBB

105

106



278	163461	161950	501	MTDIKVHFYDFSHVRIDCEESTF HELRDFFSFEADGYRFNPKYKY GHWDGRIRLLDYNRLLPFGLVG QIKKFCDNFGYKAWIDPQINEKE ELSRKDFDEWLSKLEIYSGNKRI EPHWYQKDAVFEGLVNRRRILN LPTSAGKSLIQALLARYYLENYE GKILIVPTTALTTQMADDFVDYR LFSHAMIKKIGGGASKDDKYKND APVVVGTWQTVVKQPKEWFSQ FGMMMNDECHLATGKSISSIISG LNNCMFKFGLSGSLRDGKANIM QYVGMFGEIFKPVTTSKLMEDG QVTELKINSIFLRYPDEFTTKLKG KTYQEEIKIITGLSKRNKWIAKLAI KLAQKDENAFVMFKHVSHGKAIF DLIKNEYDKVYVSGEVDTETRN IMKTLAENGKGIIIVASYGVFSTGI SVKNLHHVVLAHGVKSKIIVLQTI GRVLRKHGSKTIATVWDLIDDCG VKPKSAATKKKVVHLNYLLKHGI DRIQRYADEKFNYVMKTVNL	503	РНК-ДНК и ДНК-ДНК-геликазы [фаг энтеробактерий RB51]	YP_0028541 37.1	0.0 (503/503)	РНК-ДНК и ДНК-ДНК-геликазы	SSL2 РНК- или ДНК-геликаза, суперсемейство II	COG1061	8e-27
279	163512	164192	502	MIDKDYIAELKALDDNKEAKALA EYAEQFGIKVKKNKSFDNIVNDIE EALQKLASEPMPETDGLSIKDLID AADAAEGLKYDDEEVNPEAALLI DSPVKSDIKIEVVETDKIPENTDV LIEDTPVEEKFEQAVAEIIESEKP SVFTLPENFSPNLQLIGKNPGFC TVPWWIYQWIAETPDWKSHPTS FEHASAHQTLFSLIYYINRDGSVL IRETRNSSPVTLK	226	Минорный капсидный белок-ингибитор 21 протеазы [фаг энтеробактерий RB14]	YP_0028545 14.1	4e-125 (224/226)	Минорный капсидный белок	гFaoB переноса ионов железа	TIGR00437	2e-04
280	164202	165620	503	MTFTVDITPKTPTGVIDETKQFTA TPSGETGGGTITYAWTVDDAPQ EETSATFSYVLKGPAGQKTIKVV ATNQVAESEPETAEISTTITVQNK TQTTTLAVTPGSPDAGVIGTPIEF TAALASQPSGANATYQIWYVDGS PVGEATSTTFNYTPDASGVKTIK CVAQVTATDYDTKEVTSNEVSLT VNKKTQTTTLAVTPDSPPAGVIG TPVQFTAALASQPDGASATYQW YVDDSQVGGETNSTFSYTPTTS GVKRIKCVAQVTAENYNEKEVTS NEVSLTVNKKTMNPQVTLTPPSI NVQQDASATFTANVTGAPEEAQI TYSWKKDSSPVEGSTNVYTVDT	472	Белок Hoc наружного капсида [фаг энтеробактерий RB30]	AAM52483.1	0.0 (428/472)	Белок Hoc наружного капсида	Домен RKD	pfam0080 1	0.001

ФИГУРА 6ССС

106

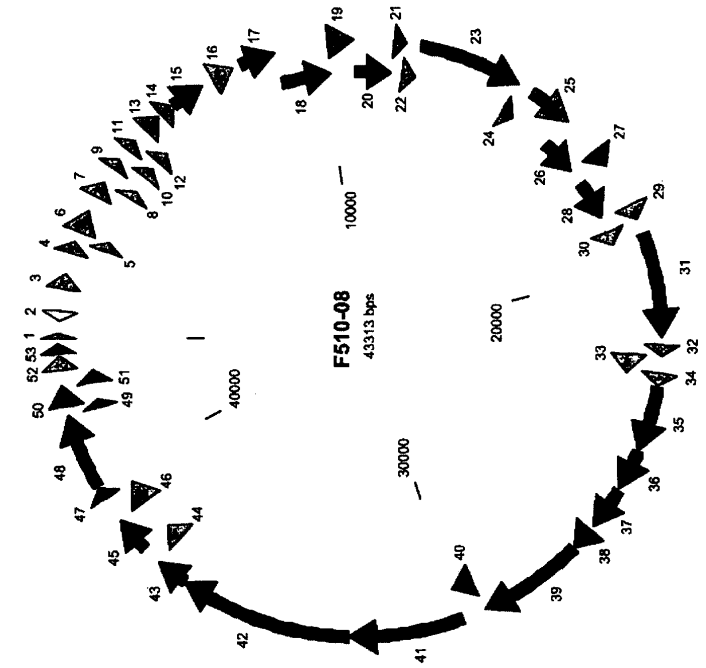
107

				SSVGSQTIEVTAVVTATDYDSKTI TAEGQVQVTDKVAPEPEGELPY VHPLPHRTSAYIWCGWWVMDEI QKMTEEGKDWKTDDPDSKYYLH RYTLQKMMKDYPEVDVQESRN GYIIHKTALETGIIYTYP								
281	165722	165925	504	MRTEVVVFTLHESGKSFIEIAREL NLQAKEVAVLWARAMTAKNKFE TREKVVYRKRHINKKVKNGTV	67	Гипотетический белок RB32ORF177c [фаг энтеробактерий RB32]	YP_803119.1	4e-30 (67/67)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены			
282	165912	166190	505	MEQYDLYENESFANQLREKALK SKQFKLECFIKDFSELANKAAEQ GKTHFSYYCIARDKLITEEIGDWL RKEGFSFKVNSDQRDGDWLEIT F	92	Консервативный гипотетический белок Gp24.2 [фаг энтеробактерий T4]	NP_049791.1	3e-46 (91/92)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены			
283	166200	167204	506	MFKKYSSLENHYNSKFIEKLYSL GLTGGEWVAREKIHGTNFSLIIER DKVTCAKRTGPILPAEDFFGYEII LKNYEDSIKAVQDIMETSAVVSY QVFGEFAGPGIQKNVDYGDKDF YVFDIIVTTESGDVTYVDDYMME SFCNTFKFKMAPLLGRGKFEELI KLPNDLDSVVQDYNFTVDHAGL VDANKCVWKAEAKGEVFTAEGY VLKPCYPSWLHNGNRVAIKCKN SKFSEKKKSDKPIKAKVELSEAD NKLVGILACYVTLNRVVNNVSKIG EIGPKDFGKVVMGLTVQDILEETS REGITLTQADNPSLVKKELVKMV QDVLRPAWIELVS	334	RnlB РНК-лигазы 2 [фаг энтеробактерий T4]	NP_049790.1	0,0 (329/334)	RnlB РНК-лигазы 2	РНК-лигаза	pfam09414	4e-132	

ФИГУРА 6DDD

107

108



orf	Предполагаемая функция
15	ДНК-полимераза
17	Примаза
18	ДНК_В-геликаза
20	АТФ-зависимая ДНК-лигаза
23	ДНК-полимераза
26	5'-3'-экзонуклеаза
27	ДНК-эндонуклеаза VII
28	Активность 3-5-экзонуклеазы
31	РНК-полимераза
35	Белок, соединяющий головку и хвостовой отросток
36	Поддерживающий белок
37	Основной капсидный белок
38	Белок А трубки хвостового отростка
39	Белок В трубки хвостового отростка
40	Внутренний капсидный белок
41	Т4-подобный лизоцим внутреннего вирионного белка
42	Внутренний вирионный белок
43	Белок хвостовых нитей
45	Белок хвостовых нитей
47	Малая субъединица терминазы
48	ДНК-метураза В
49	Холин
50	Эндолизин
51	Rz1-подобный лямбда-белок
53	Белок частицы фага

ФИГУРА 7

108

109

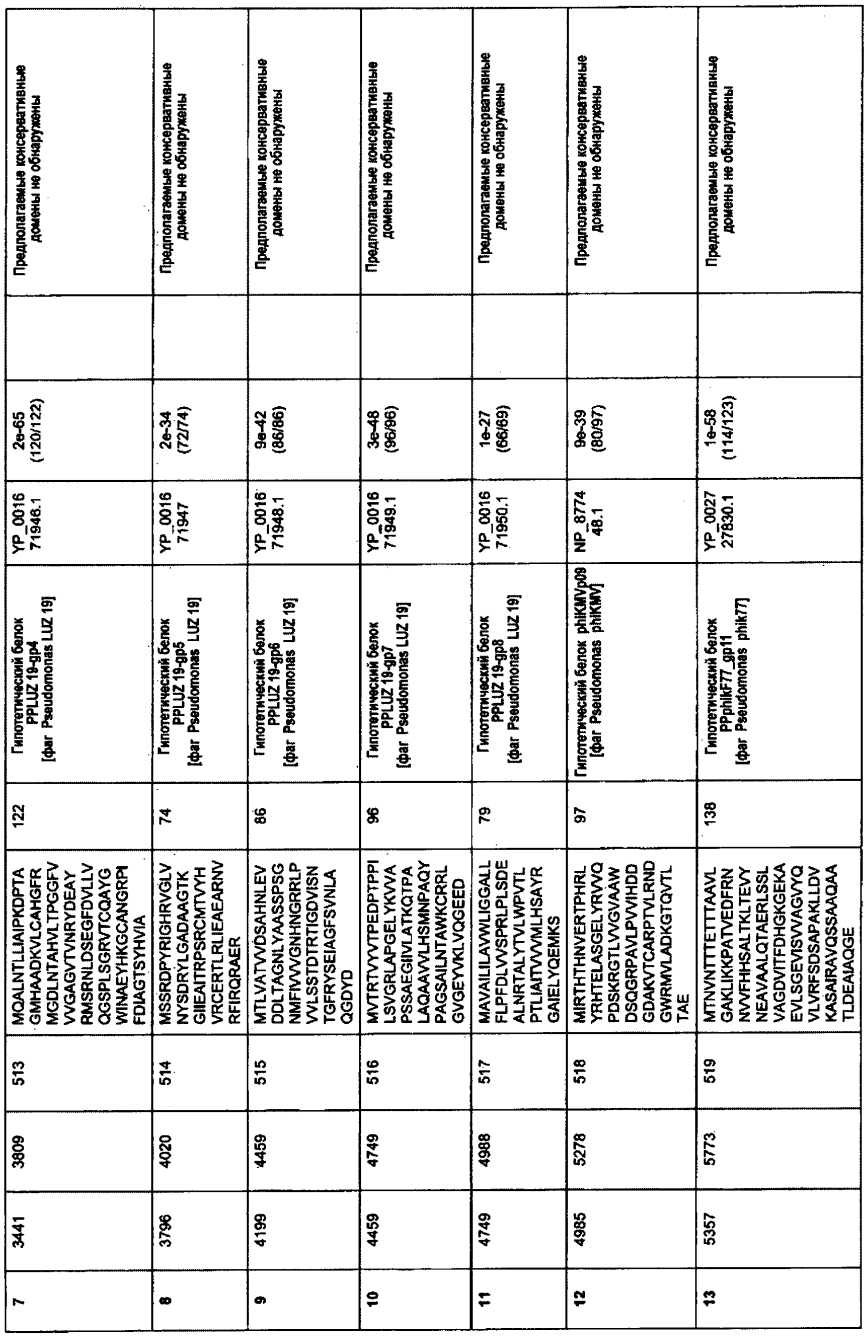
Таблица 7. Характеристика генных продуктов фага F510/08 и их предполагаемые функции

Orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.:	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
1	1	124	507	LLNEAVASKVLNSRLG WSAVGEYVELFNRTQ SRVAGLIPE	40	Гипотетический белок PPLUZ 19-gp49 [фаг Pseudomonas LUZ 19]	YP_0016 71995.1	1e-14 (40/40)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
2	641	432	508	MLSRQDRGERAWHQ QDAAWQRQIATWAAQ DHRHYAADPWRKRQAS QEYAVALTKHREALER SRHYGQPKG	69	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
3	1175	1528	509	VGSRSVEFALSSRNNA STGSLETGLTHCQGIG RVRSQNDGRLQPSKR GTSHRRKGHGKLLGQ EPQCVRPAGITEGIDTV QDTRYSSHHLMATQQ KGLCQRTGRTNPRQRI DKTSASL	117	Гипотетический белок PT2- gp01 [фаг Pseudomonas PT2]	YP_0021 17780.1	4e-31 (68/73)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
4	2012	2296	510	MAHFKAKAPKSPFAAQ VAYWRDWEAKRTKLIA QDNVEGRKELRKMRD VRYATDPEPAPGRYHN PEQKAFVKGSEGKAR NILKGWNAKKSQGKGL	94	Гипотетический белок PPLUZ 19-gp1 [фаг Pseudomonas LUZ 19]	YP_0016 71943.1	5e-48 (94/94)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
5	2296	2523	511	MPRVNELTPRQRKAAK ARRDKARRIDLAHRMP KGADCPIFRKAEQAQA KQPRVDTLTTPRSAGY LAAAAYLNKSI	75	Гипотетический белок PPLUZ 19-gp2 [фаг Pseudomonas LUZ 19]	YP_6016 71944.1	3e-35 (75/75)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
6	2534	3073	512	MTNAISKTVIAFRGTEEI NRAIDAIRVRGKELDEA IQLTGLSIIHHIDQCGDV TVVKALYEAMPKGSRR NALVEWLVLHGKVQVN TDKKSNKDLPFLYNKF GKTDLVGATNSPWYSF KPEKALDQEFNLAAAL ATIKKQVLQAQTKGKVI VGMELLGDLEALAAKA APIAEQSKRAAAH	179	Гипотетический белок PT2- gp04 [фаг Pseudomonas PT2]	YP_0021 17783.1	3e-100 (179/179)		Гипотетический белок	PHA017 82	3e-72

ФИГУРА 8А

109

110

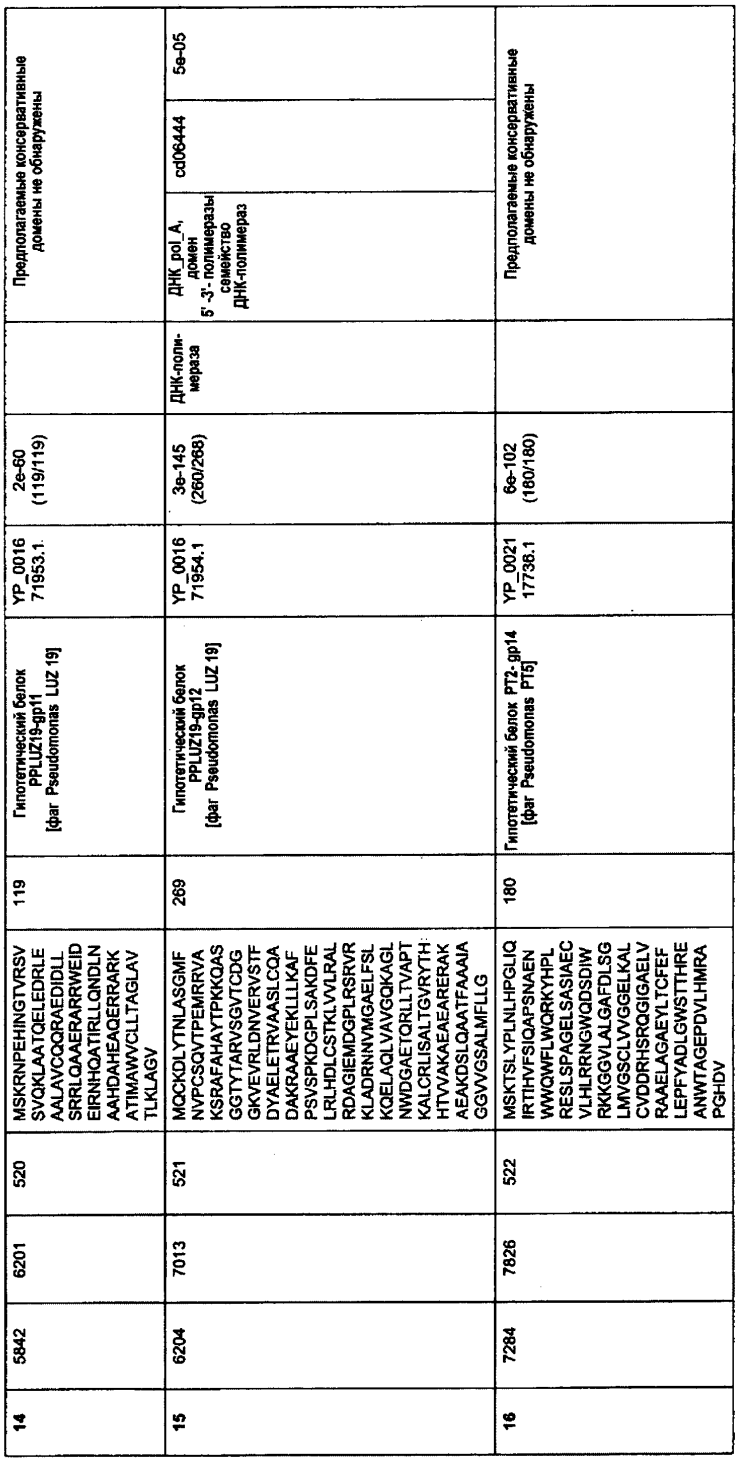


7	3441	3809	513	MQALNTLLKAIPKDPTA GMHAADKVLCAHGFR MGDLNTAHVLTPGGFV VVGAGVTVNRYDEAY RMSRNLDSEGFDVLLV QGSPLSGRVTCQAYG WINAEYHKGCANGRPI FDIAGTSYHVIA	122	Гипотетический белок PPLUZ 19-gp4 [фаг Pseudomonas LUZ 19]	YP_0016 71946.1	2e-65 (120/122)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
8	3796	4020	514	MSSRDPYRIGHRVGLV NYSDRYLGADAAGTK GIIEAITRPSRCMTVYH VRCERTLRLIEAERNV RFIRQRAER	74	Гипотетический белок PPLUZ 19-gp5 [фаг Pseudomonas LUZ 19]	YP_0016 71947	2e-34 (72/74)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
9	4199	4459	515	MTLVATVVDSAHNLEV DDLTAGNLYAASSPSG NMFIVVVGNHHNGRRLP VVLSSTDTRTIGDVISN TGFRYSEIAGFSVNLA QGDYD	86	Гипотетический белок PPLUZ 19-gp6 [фаг Pseudomonas LUZ 19]	YP_0016 71948.1	9e-42 (86/86)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
10	4459	4749	516	MVTRTVYVTPEDPTPPI LSVGRLAPGELYKVVA PSSAEGIVLATKQTPA LAQAAVVLHSMNPAQY PAGSAILNTAWKCRRL GVGEYVKLVQGEED	96	Гипотетический белок PPLUZ 19-gp7 [фаг Pseudomonas LUZ 19]	YP_0016 71949.1	3e-48 (96/96)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
11	4749	4988	517	MAVAIILAVWLIGGALL FLPFDLVVSPRLPLSDE ALNRTALYTVLWPVTL PTLIAITVVMLHSAYR GAIELYQEMKS	79	Гипотетический белок PPLUZ 19-gp8 [фаг Pseudomonas LUZ 19]	YP_0016 71950.1	1e-27 (66/69)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
12	4985	5278	518	MIRTHTHNVERTPHRL YRHTELASGELYRVVQ PDSKRGTLVVGVAAW DSQGRPAVLPVVIHDD GDAKVTCARPTVLRND GWRMVLADKGTQVTL TAE	97	Гипотетический белок phiKMVp09 [фаг Pseudomonas phiKMV]	NP_8774 48.1	9e-39 (80/97)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
13	5357	5773	519	MTNVNTTTETTTAAVL GAKLIKKPATVEDFRN NVVFHHSALTKLTEVY NEAVAALQTAERLSSL VAGDVITFDHGKGEKA EVLSGEVISVVAGVYQ VLVRFSDSAPAKLLDV KASAIRAVQSSAAQAA TLDEAIAQGE	138	Гипотетический белок PPphiKF77_gp11 [фаг Pseudomonas phiKF77]	YP_0027 27830.1	1e-58 (114/123)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены

ФИГУРА 8В

110

111



14	5842	6201	520	MSKRNPEHINGTVRSV SVQKLAATQELEDRLE AALAVCQQRAEDIDLL SRRLQAAERARRWEID EIRNHQATIRLLQNDLN AAHDAHEAQERRARK ATIMAWVCLLTAGLAV TLKLAGV	119	Гипотетический белок PPLUZ19-gp11 [фаг Pseudomonas LUZ 19]	YP_0016 71953.1.	2e-60 (119/119)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
15	6204	7013	521	MQCKDLYTNLASGMF NVPCSQVTPEMRRVA KSRAFAHAYTPKKQAS GGTYTARVSGVTCDG GKVEVRLDNVERVSTF DYAELETRVAASLCQA DAKRAAEYEKLLLKAF PSVSPKDGPLSAKDFE LRLHDLCSTKLVVLRAL RDAGIEMDGPLRSRVR KLADRNIVMGAELFSL KQELAQILVAVGQKAGL NWDGAETQRLLTVAPT KALCRLISALTGVRYTH HTVVAKAEAEARERAK AEAKDSLQAATFAAAIA GGVVGSALMFLLG	269	Гипотетический белок PPLUZ19-gp12 [фаг Pseudomonas LUZ 19]	YP_0016 71954.1	3e-145 (260/268)	ДНК-полимераза	ДНК_pol_A, домен 5'-3'- полимеразы семейство ДНК-полимераз	cd06444	5e-05
16	7284	7826	522	MSKTSLYPLNLHPGLIQ IRTIHVFSIQAPSNAEN WWQWFLWQRKYHPL RESLSPAGELSASIAEC VLHLRRNGWQDSDIW RKKGGVLALGAFDLSG LMVGSCLVVGGELKAL CVDDRHSRQGIGAELV RAAELAGAEYLTCFEF LEPFYADLGWSTTHRE ANWTAGEPDVLHMRA PGHDV	180	Гипотетический белок PT2-gp14 [фаг Pseudomonas PT5]	YP_0021 17738.1	6e-102 (180/180)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

ФИГУРА 8С

111

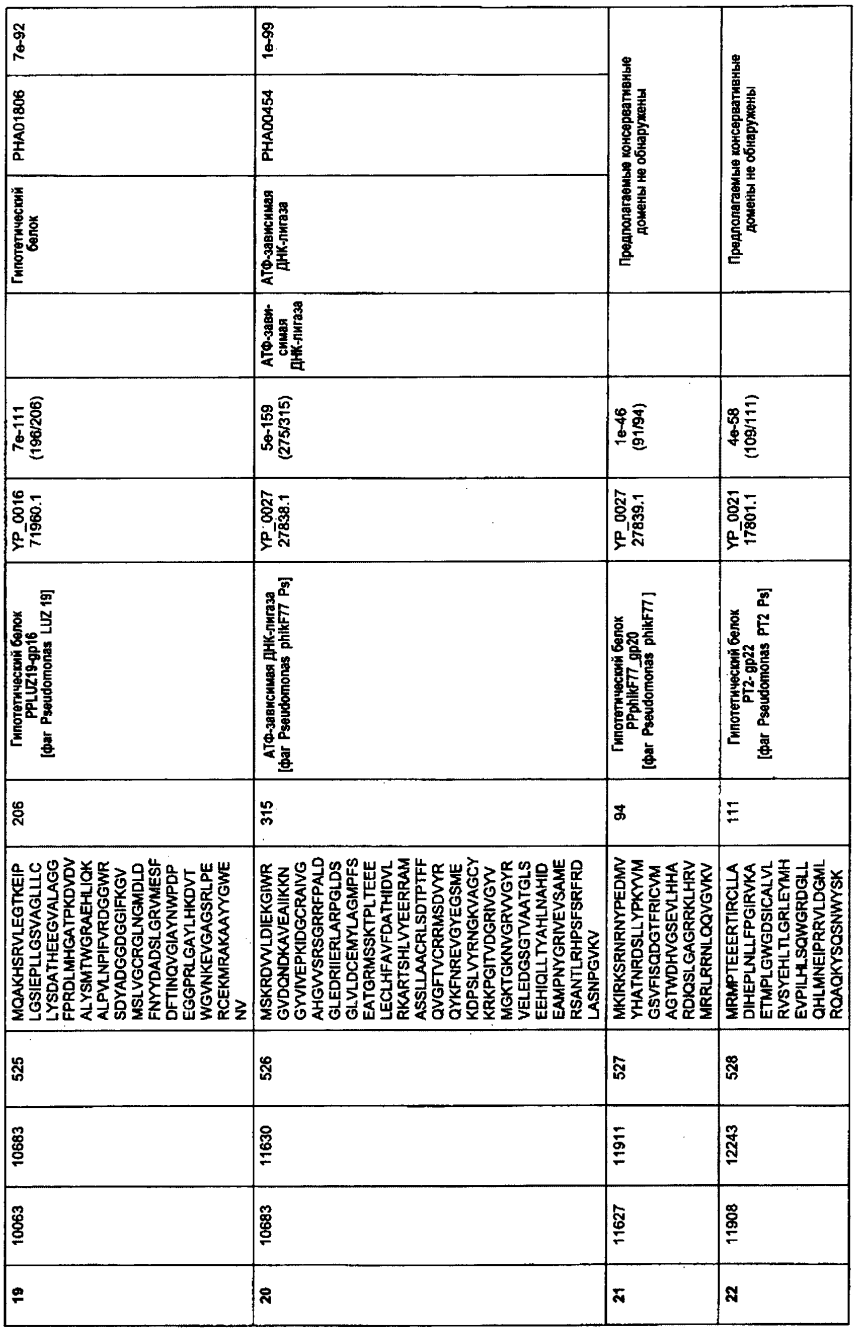
112

17	8012	8836	523	MALRRDSWLKQAQSL AVGQAGRFRHVLGCQ SMSRGGTNMTCKNLP DRWVAYCYSCQEGGV VEKTHVRRVQCADQE RFMPWPEDASDWTQA DCYQSLYGLLLSKGIDY NVMTPGLPLLYSERQH RLIFPTDAGWIGRATAD QNPKWVGYGYPAPDY HGWPQELSMGRPWVL TEDYLSALKVRWACPE VFAVGLNGTRLRDRLA AIMLQQTCKRAFIFLDG DRAGVRGSAGVMRRL RSLLEGQVIPTPDGFD PKDLTREQIRSLVIGRI DASRTE	274	Примаза [фаг Pseudomonas LUZ19]	YP_0016 71958.1	2e-158 (271/274)	Примаза	Предполагаемая DnaG-подобная примаза	PHA02031	6e-148
18	8805	10073	524	LDVLTLHALSDRDRFR TLRSVVPEGMMGPET CFVIDWIEQYWKVYPA HQKVDPQALRELIKLR GGYQPEQLAVVLNLVN QLDKPVDPDSLQGVVS QLNELDFSGRVDALLA QYNQGEDIDLAYELRR LSDEALRRGGVSTPTD YVTDDVFDILAEEQGD HGIKLPGLVLPAYMKG LHAGASVLVAAPPDAG KTSFMAWIAVHIAPQLK RYFDPGRPILWLNNEG KGRRIKPRLYSAALGM TVGEILALDPEEVRRM YAEKIGGDSELIRIKDF HGGSLAQAEQVIDAMK PSVVFWDMMAHVKGG QRKDQNRTDEMEYKV AEVREMAVRHDFISFM TWQISNDGHDQLFPPQ SCLKDSKTAVQGAVDV QIHLGRLNGADQQVM RGLSLPKNKFQIMDGIK PSNVEAMINFDAARCR FFESVDHAS	422	ДНК_В-геликаза [фаг Pseudomonas LUZ19]	YP_0016 71959.1	0,0 (395/397)	ДНК_В-геликаза	С-концевой домен DnaB-геликазы	cd00984	2e-06

ФИГУРА 8D

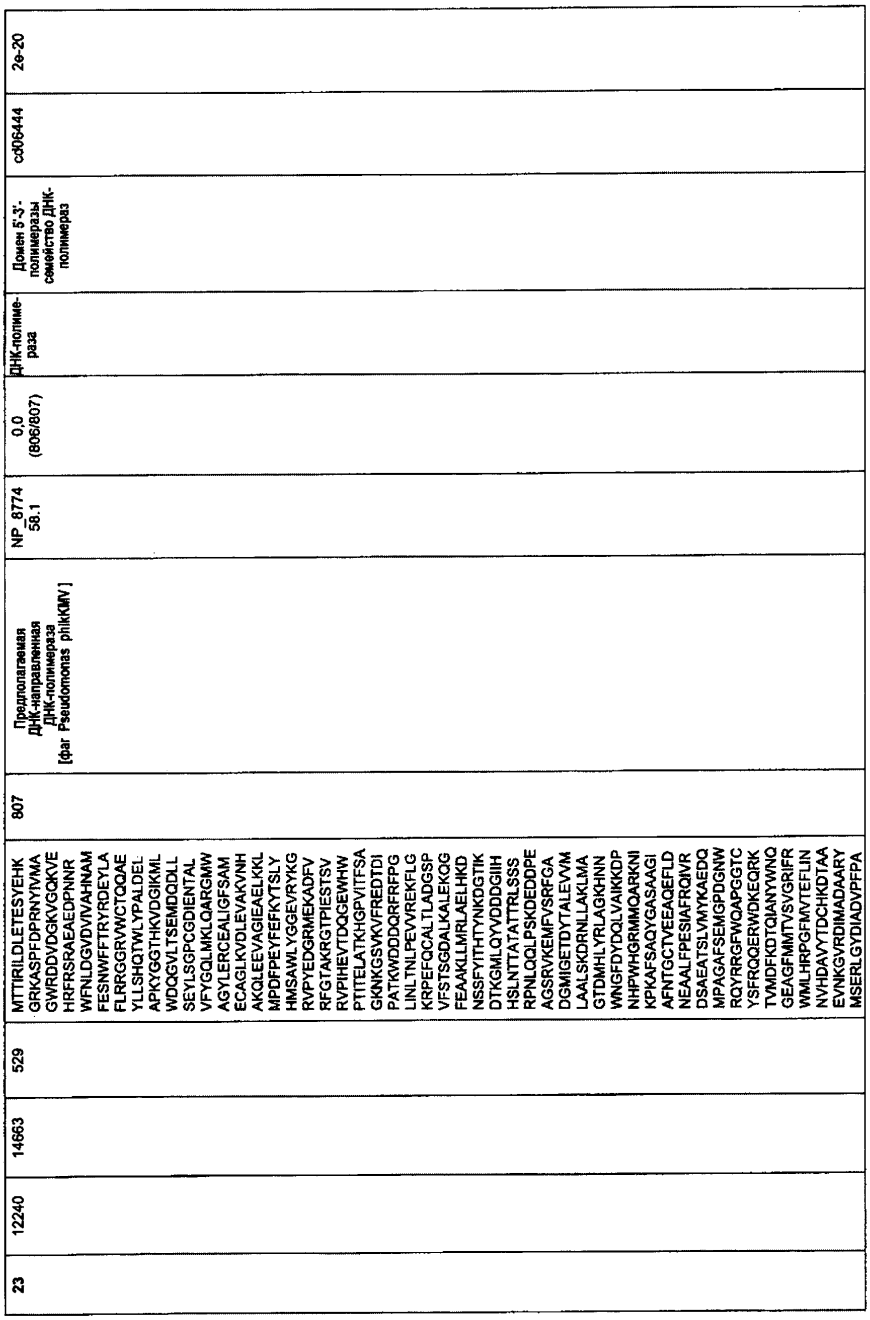
112

113



19	10063	10683	525	MQAKHSRVLEGTKEIP LGSIEPLLGSVAGLLLC LYSDATHEEGVALAGG FPRDLMHGATPKDVDV ALYSMTWGRAEHLIQK ALPVLNPIFVRDGGWR SDYADGGDGGIFKGV MSLVGCRGLNGMDLD FNYYDADSLGRVMESF DFTINQVGIAYNWPDP EGGPRLGAYLHKDVT WGVNKEVGAGSRLPE RCEKMRAKAAYYGWE NV	206	Гипотетический белок PPLUZ19-gp16 [фаг Pseudomonas LUZ 19]	YP_0016 71960.1	7e-111 (196/206)		Гипотетический белок	PHA01806	7e-92
20	10683	11630	526	MSKRDVVLDIEKGIWR GVDQNDKAVEAIIKKN GYVIVEPKIDGCRAIVG AHGVVSRSGRRFPALD GLEDRIIERLARPGLDS GLVLDCEMYLAGMPFS EATGRMSSKTPLTEEE LECLHFAVFDATHIDVL RKARTSHLVYEERRAM ASSLLAACRLSDTPTFF QVGFTVCRRMSDVYR QYKFNREVGYEGSMIE KDPSLVYRNGKVAGCY KRKPGITVDGRIVGYV MGKTGKNVGRVVGYR VELEDGSGTVAATGLS EEHIQLLTYAHLNAHID EAMPNYGRIVEVSAME RSANTLRHPSFSRFRD LASNPGVKV	315	АТФ-зависимая ДНК-лигаза [фаг Pseudomonas phiKF77 Ps]	YP_0027 27838.1	5e-159 (275/315)	АТФ-зависимая ДНК-лигаза	АТФ-зависимая ДНК-лигаза	PHA00454	1e-99
21	11627	11911	527	MKIRKSRNRNYPEDMV YHATNRDSLLYPKYVM GSVFISQDGTFRICVM AGTWDHVGSEVLHHA RDISLGAGRRKLHRV MRRLRRNLQQVGVKV	94	Гипотетический белок PPphiKF77_gp20 [фаг Pseudomonas phiKF77]	YP_0027 27839.1	1e-46 (91/94)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
22	11908	12243	528	MRMPTEEERTIRCLLA DIHEPLNLLFPGIRVKA ETMPLGWGDSICALYL RVSYEHLTLGRLEYMH EVPILHLSQWGRDGLL QHLMNEIPRRVLDGML RQAQIKYSQSNWYSK	111	Гипотетический белок PT2- gp22 [фаг Pseudomonas PT2 Ps]	YP_0021 17801.1	4e-58 (109/111)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

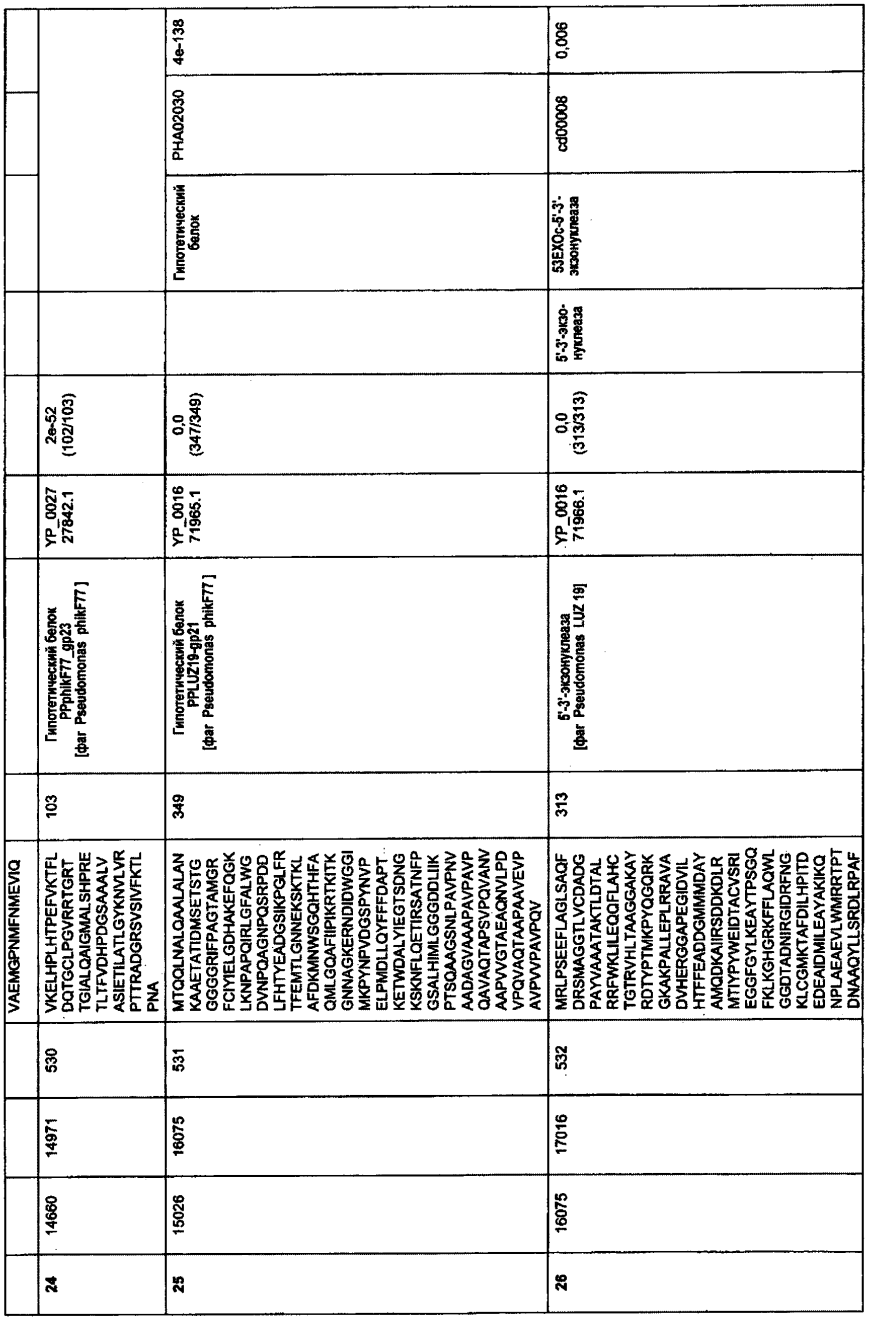
ФИГУРА 8E



ФИГУРА 8F

114

115

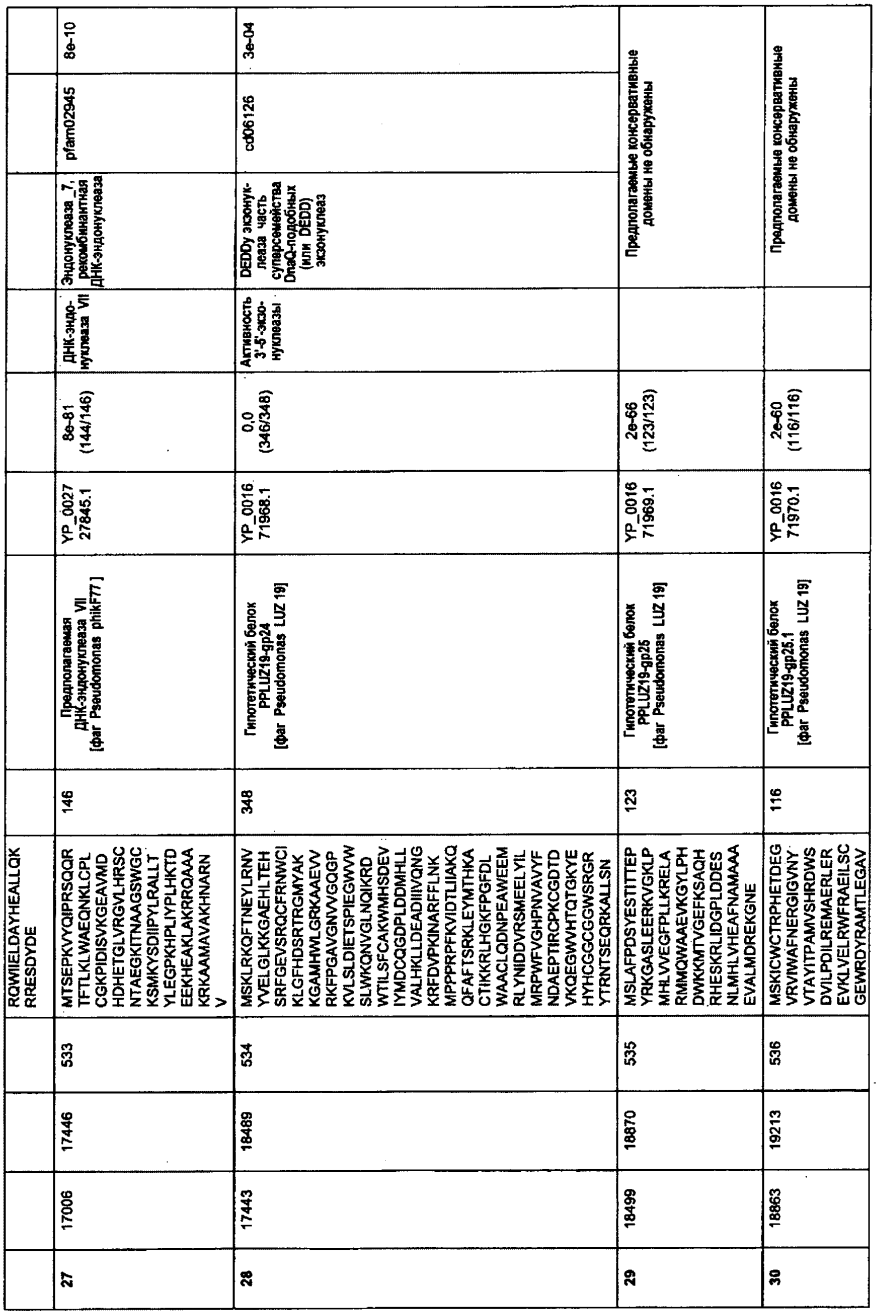


				VAEMGPNMFNMEVIQ								
24	14660	14971	530	VKELHPLHTPEFVKTFL DQTGCLPGVRRTGRT TGIALQAIGMALSHPRE TLTFVDHPDGSAAALV ASIETILATLGYKNVLVR PTTRADGRSVSIVFKTL PNA	103	Гипотетический белок PPphikF77_gp23 [phar Pseudomonas phikF77]	YP_0027 27842.1	2e-52 (102/103)				
25	15026	16075	531	MTQQLNALQAALALAN KAAETATIDMSETSTG GGGGRIFPAGTAMGR FCIYIELGDHAKEFQGK LKNPAPQIRLGFALWG DVNPQAGNPQSRPDD LFHTYEADGSIKPGLFR TFEMTLGNNEKSKTKL AFDKMNWSGQHTHFA QMLGQAFIIPIKRTKITK GNNAGKERNDIDWGGI MKPYNPVDGSPYNVP ELPMDLLQYFFFDAPT KETWDALYIEGTSDNG KSKNFLQETIRSATNFP GSALHIMLGGGDDLIIK PTSQAAGSNLPAVPNV AADAGVAAAPAVPAVP QAVAQTAPSVPQVANV AAPVVGTAEAQNVLPD VPQVAQTAAPAAVEVP AVPVVPAVPQV	349	Гипотетический белок PPLUZ19-gp21 [phar Pseudomonas phikF77]	YP_0016 71965.1	0,0 (347/349)		Гипотетический белок	PHA02030	4e-138
26	16075	17016	532	MRLPSEEFLAGLSAQF DRSMAGGTLVCDADG PAYVAAATAKTLDTAL RRFWKGLILEQQFLAHC TGTRVHLTAAGGAKAY RDTYPTMKPYQGQRK GKAKPALLEPLRRAVA DVHERGGAPEGIDVIL HTFFEADGMMMDAY AMQDKAIIRSDDKDLR MTIYPYWEIDTACVSRI EGGFGYLKEAYTPSGQ FKLKGHGRKFFLAQWL GGDTADNIRGIDRFNG KLCGMKTAFDILHPITD EDEAIDMILEAYAKIKQ NPLAEAEVLWMRRTPT DNAAQYLLSRDLRPAF	313	5'-3'-экзонуклеаза [phar Pseudomonas LUZ 19]	YP_0016 71966.1	0,0 (313/313)	5'-3'-экзо-нуклеаза	53EXOc-5'-3'-экзонуклеаза	cd00008	0,006

ФИГУРА 8G

115

116

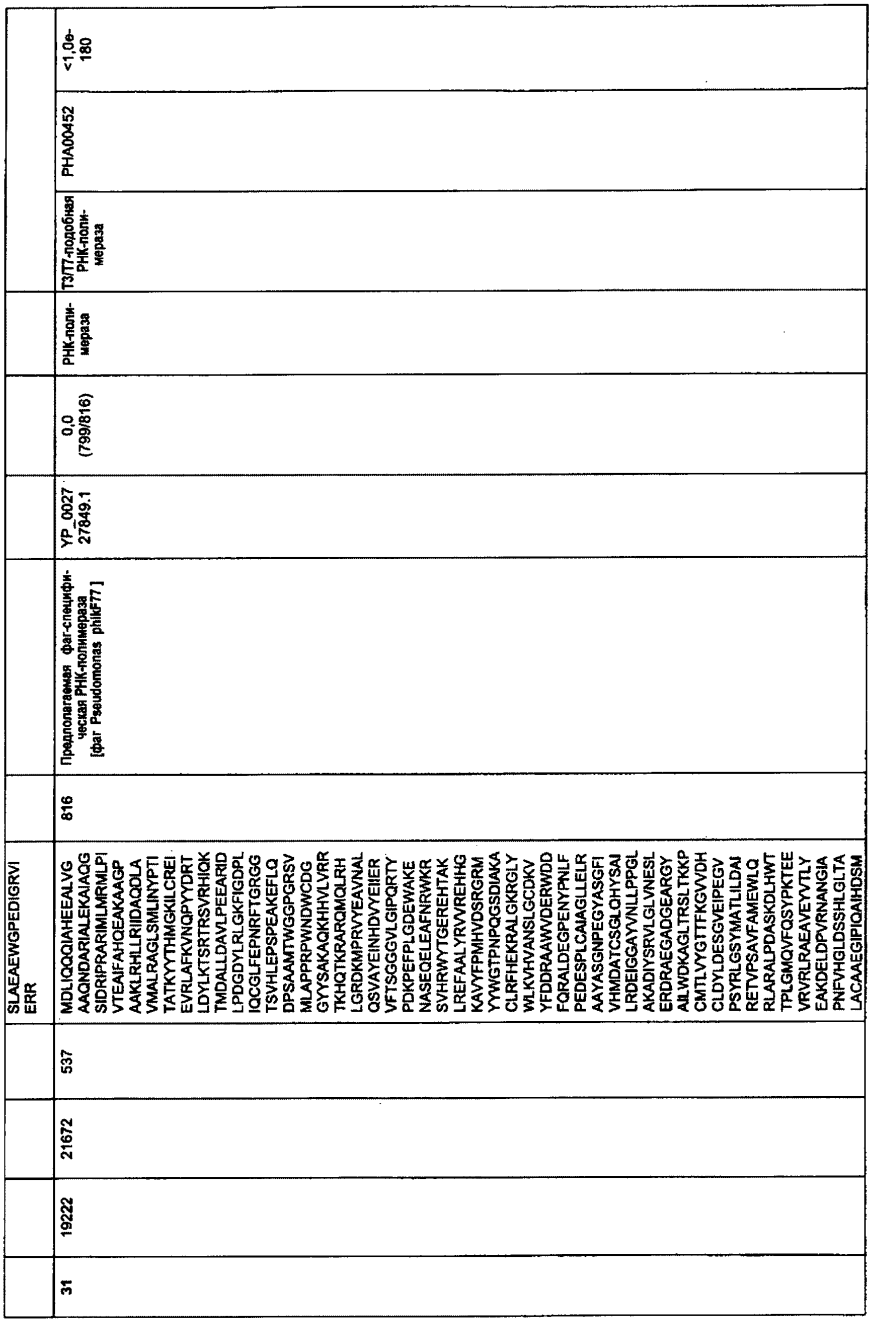


				ROWIELDAYHEALLQK RRESDYDE								
27	17006	17446	533	MTSEPKVYQIPRSQQR TFTLKLWAEQNKLCPL CGKPIDISVKGEAVMD HDHETGLVRGVLHRSC NTAEGKITNAAGSWGC KSMKYSDIIPYLRALLT YLEGPKHPLIYPLHKTD EEKHEAKLAKRRQAAA KRKAAMVAKHNARN V	146	Предполагаемая ДНК-эндонуклеаза VII [фаг Pseudomonas phiKF77]	YP_0027 27845.1	8e-81 (144/146)	ДНК-эндонуклеаза VII	Эндонуклеаза_7, рекомбинантная ДНК-эндонуклеаза	pfam02945	8e-10
28	17443	18489	534	MSKLRKQFTNEYLRNV YVELGLKKGAEHLTEH SRFGEVSRQCFRNWCI KLGFHDSRTRGMYAK KGAMHWLGRKAAEVV RKFPGAVGNVVGQGP KVLSLDIETSPIEGWVW SLWKQNVGLNQIKRD WTLSFCAKWMHSDEV IYMDCQGDPLDDMHLL VALHKLLDEADIIIVQNG KRFDVPKINARFFLNK MPPPRFFKVIDTLIIAKQ QFAFTSRKLEYMTHKA CTIKKRLHGKFPGFDL WAACLQDNPEAWEEM RLYNIDDVRSMEELYIL MRPWFVGHPNVAVYF NDAEPTIRQPKCGDTD VKQEGWVHTQTGKYE HYHCGGCGGWSRGR YTRNTSEQRKALLSN	348	Гипотетический белок PPLUZ19-gp24 [фаг Pseudomonas LUZ 19]	YP_0016 71968.1	0,0 (346/348)	Активность 3'-5'-экзонуклеазы	DEDDy экзонуклеаза часть суперсемейства DnaQ-подобных (или DEDD) экзонуклеаз	cd06126	3e-04
29	18499	18870	535	MSLAFPDSYESTITTEP YRKGASLEERKVGKLP MHLVVEGFPLLKKRELA RMMQWAAEVKGYLPH DWKKMTVGEFKSAQH RHESKRLIDGPLDDES NLMHLVHEAFNAMAAA EVALMDREKGNE	123	Гипотетический белок PPLUZ19-gp25 [фаг Pseudomonas LUZ 19]	YP_0016 71969.1	2e-66 (123/123)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
30	18863	19213	536	MSKICWCTRPHETDEG VRVIWAFNERGIGVNY VTAYITPAMVSHRDWS DVILPDILREMAERLER EVKLVELRWFRAEILSC GEWRDYRAMTLEGAV	116	Гипотетический белок PPLUZ19-gp26.1 [фаг Pseudomonas LUZ 19]	YP_0016 71970.1	2e-60 (116/116)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

ФИГУРА 8Н

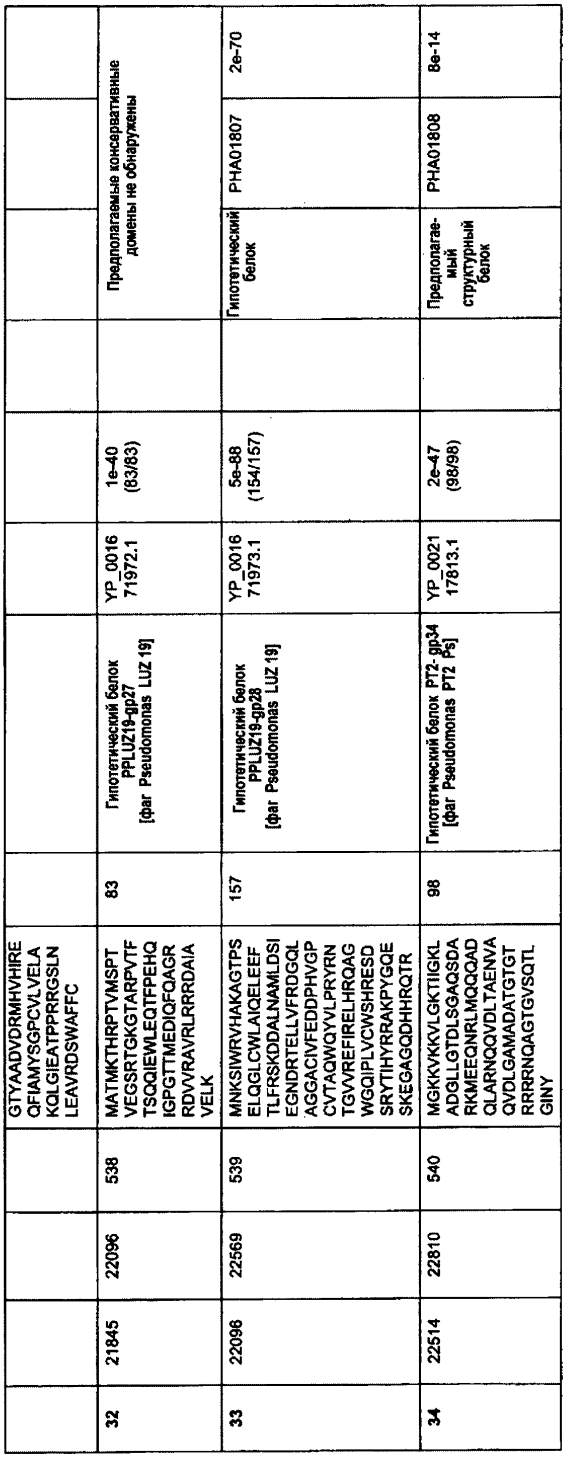
116

117



				SLAEAEWGPEDIGRVI ERR	816	Предполагаемая фаг-специфическая РНК-полимераза [фаг Pseudomonas philiF77]	YP_0027 27849.1	0,0 (799/816)	РНК-полимераза	T3/T7-подобная РНК-полимераза	PHA00452	<1,0e-180
31	19222	21672	537	MDLIQQQIAHEEALVG AAQNDARIALEKAIAQG SIDRIPRARIMLMRVMLPI VTEAIFAHQEAKAAGP AAKLRHLLRIIDAQDLA VMALRAGLSMLINYPTI TATKYYTHMGKILCREI EVRLAFKVNQPYYDRT LDYLKTSRTRSVRHIQK TMDALLDAVLPEEARID LPDGDYLRLGKFIGDPL IQCGLFEPNRFTGRGG TSVHLEPSPEAKEFLQ DPSAAMTWGGPGRSV MLAPPRPWNDWCDG GYYSAKAQKHHVLVRR TKHQTIKRARQMQLRH LGRDKMPRVYEAVNAL QSVAYEINHDVYEIER VFTSGGGVLGIPQRTY PDKPEFPLGDEWAKE NASEQELEAFNRWKR SVHRWYTGEREHTAK LREFAALYRVVREHHG KAVYFPMHVDSRGRM YYWGTPNPQGSDIAKA CLRFHEKRALGKRGLY WLKVHVANSLGCDKV YFDDRAAWVDERWDD FQRALDEGPENYPNLF PEDESPLCAIAGLLELR AAYASGNPEGYASGFI VHMDATCSGLQHYSAI LRDEIGGAYVNLLPPGL AKADIYSRVLGLVNESL ERDRAEGADGEARGY AILWDKAGLTRSLTKKP CMTLVYGTTFKGVVDH CLDYLDESGVEIPEGV PSYRLGSYMATLILDAI RETVPSAVFAMEWLQ RLARALPDASKDLHWT TPLGMQVFQSYPKTEE VRVRLRAEAVETVTLY EAKDELDPVRNANGIA PNFVHGLDSSHLGLTA LACAAEGIPIQAIHDSM							

ФИГУРА 8I

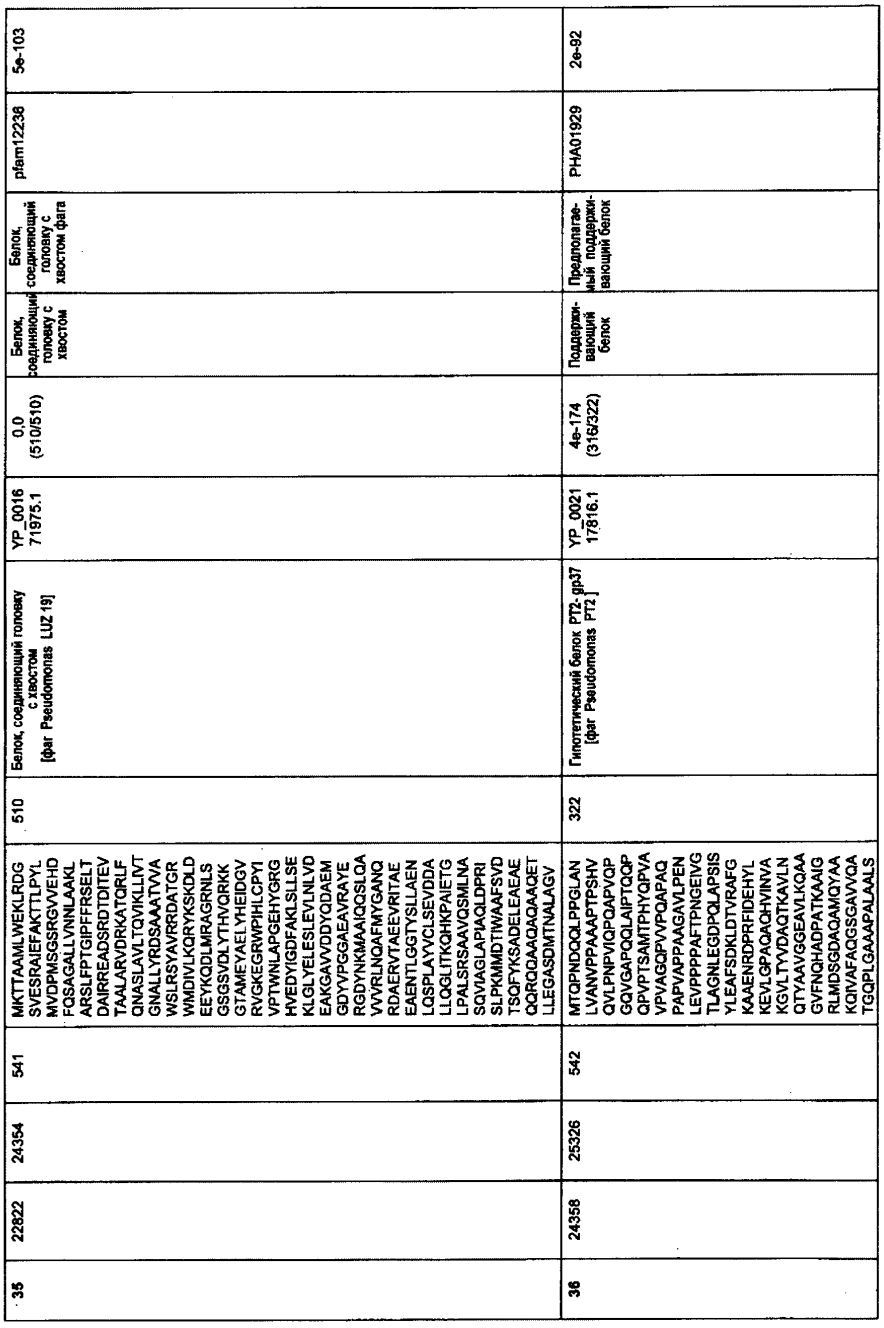


				GTYAADVDRMHVHIRE QFIAMYSGPCVLVELA KQLGIEATPPRRGSLN LEAVRDSWAFFC								
32	21845	22096	538	MATMKTHRPTVMSPT VEGSRTGKGTARPVTF TSQQIEWLEQTFPEHQ IGPGTTMEDIQFQAGR RDVVRAVRLRRRDAIA VELK	83	Гипотетический белок PPLUZ19-gp27 [фаг Pseudomonas LUZ 19]	YP_0016 71972.1	1e-40 (83/83)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
33	22096	22569	539	MNKSIWRVHAKAGTPS ELQGLCWLAIQELEEF TLFRSKDDALNAAMLDSI EGNDRTELLVFRDGQL AGGACIVFEDDPHVGP CVTAQWQYVLPRYRN TGVVREFIRELHRQAG WGQIPLVCWSHRESD SRYTIHYRRAKPYGQE SKEGAGQDHHRQTR	157	Гипотетический белок PPLUZ19-gp28 [фаг Pseudomonas LUZ 19]	YP_0016 71973.1	5e-88 (154/157)		Гипотетический белок	PHA01807	2e-70
34	22514	22810	540	MGKKVKKVLGKTIIGKL ADGLLGTDLSGAQSDA RKMEEQNRLMQQQAD QLARNQQVDLTAENVA QVDLGAMADATGTGT RRRRNQAGTGVSQTL GINY	98	Гипотетический белок PT2-gp34 [фаг Pseudomonas PT2 Ps]	YP_0021 17813.1	2e-47 (98/98)		Предполагаемый структурный белок	PHA01808	8e-14

ФИГУРА 8J

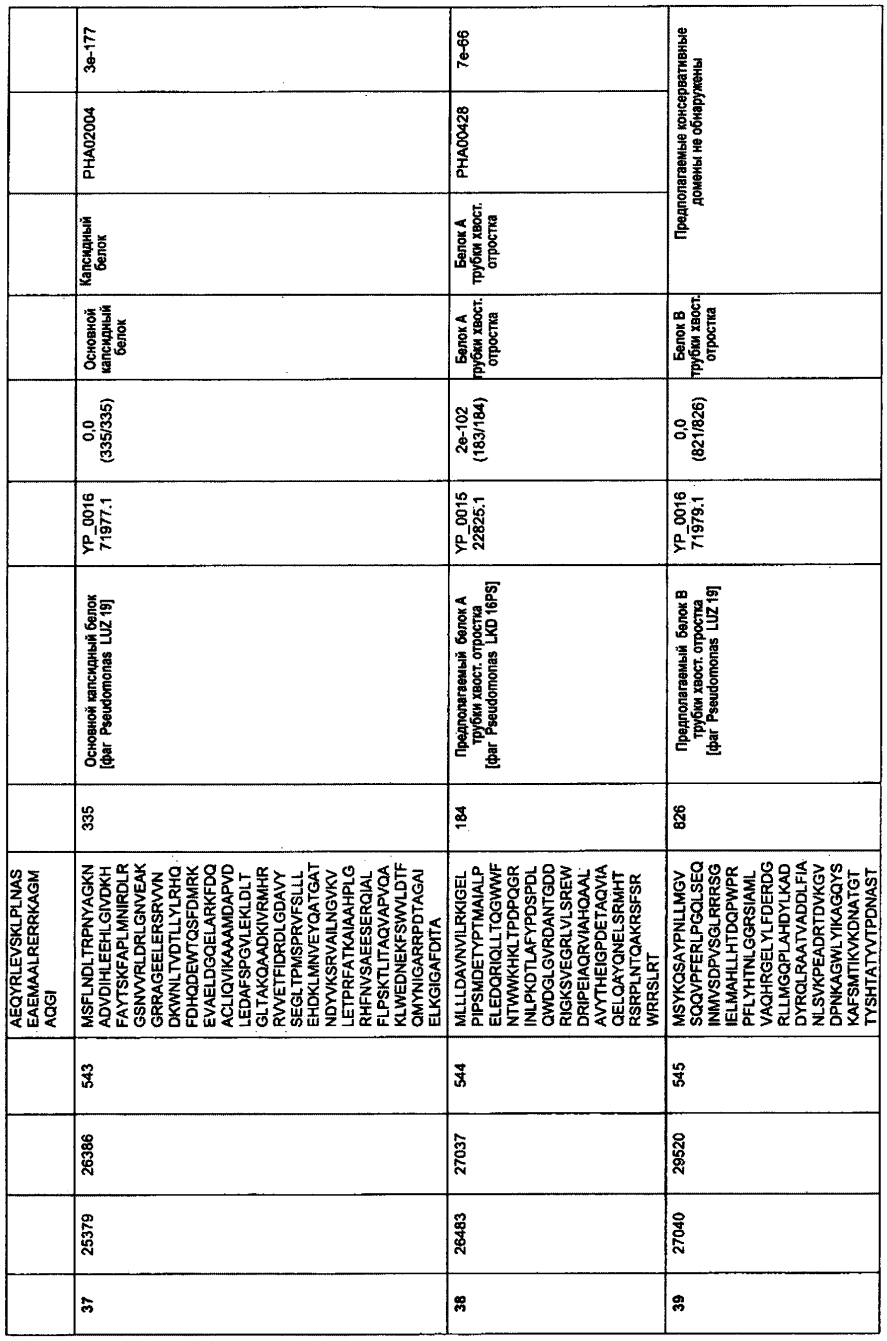
118

119



	35	22822	24354	541	MKTTAAMLWEKLRDG SVESRAIEFAKTTLPYL MVDPMSGSRGVVEHD FQSAGALLVNNLAAKL ARSLFPTGIPFFRSELT DAIRREADSRDTDITEV TAALARVDRKATQRLF QNASLAVLTQVIKLLIVT GNALLYRDSAAATVVA WSLRSYAVRRDATGR WMDIVLKQRYKSKDLD EEYKQDLMRAGRNLS GSGSVDLYTHVQRKK GTAMEYAELYHEIDGV RVGKEGRWPIHLCPY1 VPTWNLAPGEHYGRG HVEDYIGDFAKLSLLSE KLGLYELESLEVLNLVD EAKGAVVDDYQDAEM GDYVPGGAEAVRAYE RGDYNKMAAIQQSLQA VVVRLNQAFMYGANQ RDAERVTAEEVRITAE EAENTLGGTYSLLAEN LQSPLAYVCLSEVDDA LLQGLITKQHKPAIETG LPALSRSAAVQSMLNA SQVIAGLAPIAQLDPRI SLPKMMDTIWAAAFSVD TSQFYKSADELEAEAE QQRQQAAQAQAAQET LLEGASDMTNALAGV	510	Белок, соединяющий головку с хвостом [фаг Pseudomonas LUZ 19]	YP_0016 71975.1	0.0 (510/510)	Белок, соединяющий головку с хвостом	Белок, соединяющий головку с хвостом фага	pfam12236	5e-103
	36	24358	25326	542	MTQPNDQQLPPGLAN LVANVPPAAAPTPSHV QVLPNPVIQPQAPVQP GQVGAPQQLAIPTQQP QPVPTSAMTPHYQPVA VPVAGQPVVPQAPAQ PAPVAPPAAGAVLPEN LEVPPPPAFTPNGEIVG TLAGNLEGDPQLAPSIS YLEAFSDKLDTVRAFG KAAENRDPRFIDEHYL KEVLGPAQAQHVINVA KGVLTYVDAQTKAVLN QTYAAVGGEAVLKQAA GVFNQHADPATKAAIG RLMDSGDAQAMQYAA KQIVAFAQGSGAVVQA TGQPLGAAAPALAALS	322	Гипотетический белок PT2_gp37 [фаг Pseudomonas PT2]	YP_0021 17816.1	4e-174 (316/322)	Поддерживающий белок	Предполагаемый поддерживающий белок	PHA01929	2e-92

ФИГУРА 8К

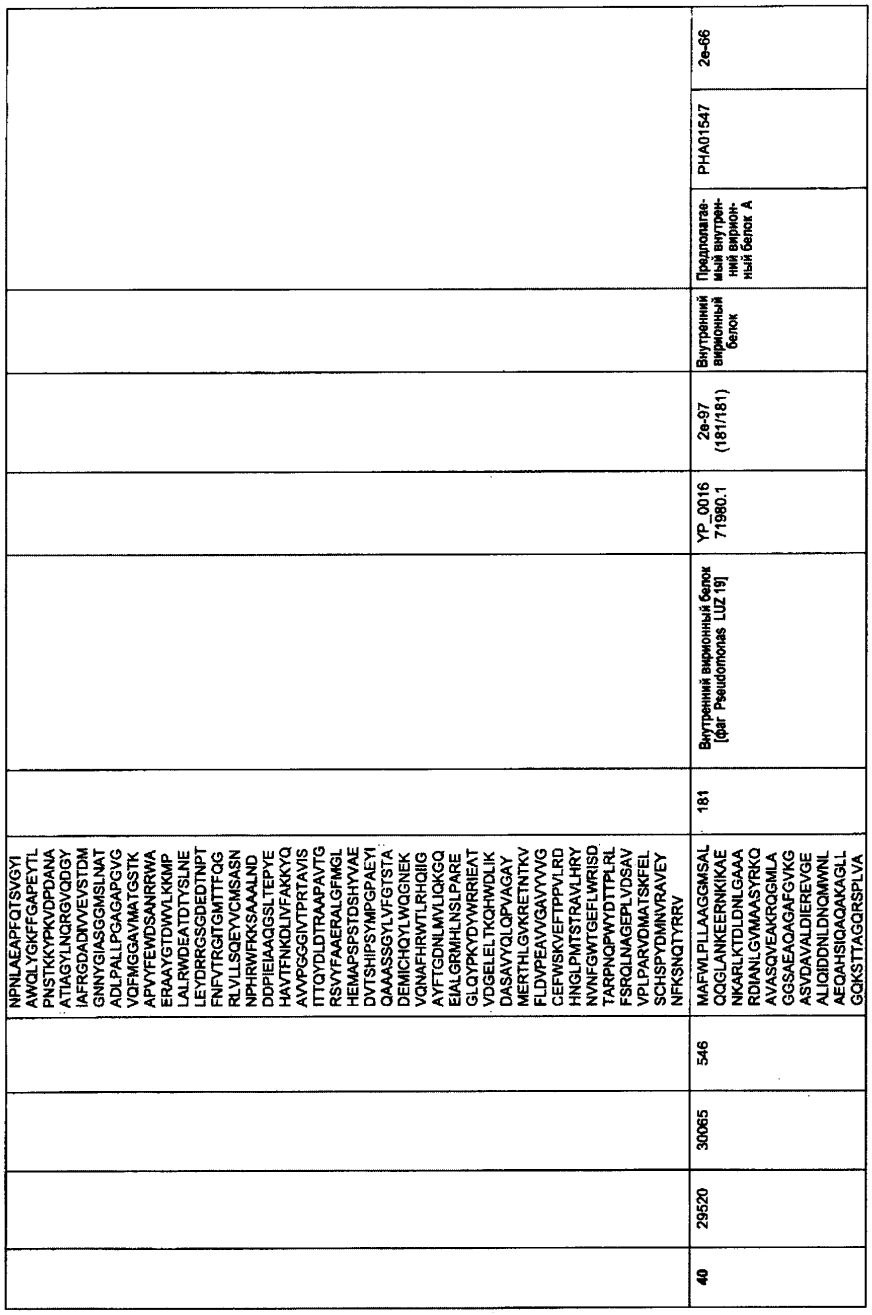


				AEQYRLEVSKLPLNAS EAEMAALRERRKAGM AQGI									
37	25379	26386	543	MSFLNDLTRPNYAGKN ADVDIHLEEHLGVDKH FAYTSKFAPLMNIRDLR GSNVVRLDRLGNVEAK GRRAGEELERSRVVN DKWNLTVDTLLYLRHQ FDHQDEWTQSFDMRK EVAELDGQELARKFDQ ACLIQVIKAAAMDAPVD LEDAFSPGVLEKLDLT GLTAKQAADKIVRMHR RVVETFIDRDLGDAVY SEGLTPMSPRVFSLLL EHDKLMNVEYQATGAT NDYVKSRVAILNGVKV LETPRFATKAIAAHPLG RHFNVSAEESERQIAL FLPSKTLITAQVAPVQA KLWEDNEKFSWVLDTF QMYNIGARRPDTAGAI ELKGIGAFDITA	335	Основной капсидный белок [фаг Pseudomonas LUZ 19]	YP_0016 71977.1	0,0 (335/335)	Основной капсидный белок	Капсидный белок	PHA02004	3e-177
38	26483	27037	544	MLLLDAVNVILRKIGEL PIPSMDETYPTMAIALP ELEDQRIQLLTQGWWF NTWWKHKLTPDPQGR INLPKDTLAFYPDSPDL QWDGLGVRDANTGDD RIGKSVEGRLVLSREW DRIPEIAQRVIAHQAAL AVYTHEIGPDETAQVIA QELQAYQNELSRMHT RSRPLNTQAKRSFSR WRRSLRT	184	Предполагаемый белок А трубки хвост. отростка [фаг Pseudomonas LKD 16PS]	YP_0015 22825.1	2e-102 (183/184)	Белок А трубки хвост. отростка	Белок А трубки хвост. отростка	PHA00428	7e-66
39	27040	29520	545	MSYKQSAYPNLLMGV SQQVPFERLPGQLSEQ INMVSDPVSGLRRRSG IELMAHLLHTDQPWPR PFLYHTNLGGRSIAML VAQHRGELYLFDERDG RLLMGQPLAHDYLKAD DYRQLRAATVADDLFIA NLSVKPEADRTDVKGV DPNKAGWILYIKAGQYS KAFSMTIKVKDNATGT TYSHTATYVTPDNAST	826	Предполагаемый белок В трубки хвост. отростка [фаг Pseudomonas LUZ 19]	YP_0016 71979.1	0,0 (821/826)	Белок В трубки хвост. отростка	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

ФИГУРА 8L

120

121



ФИГУРА 8М

121

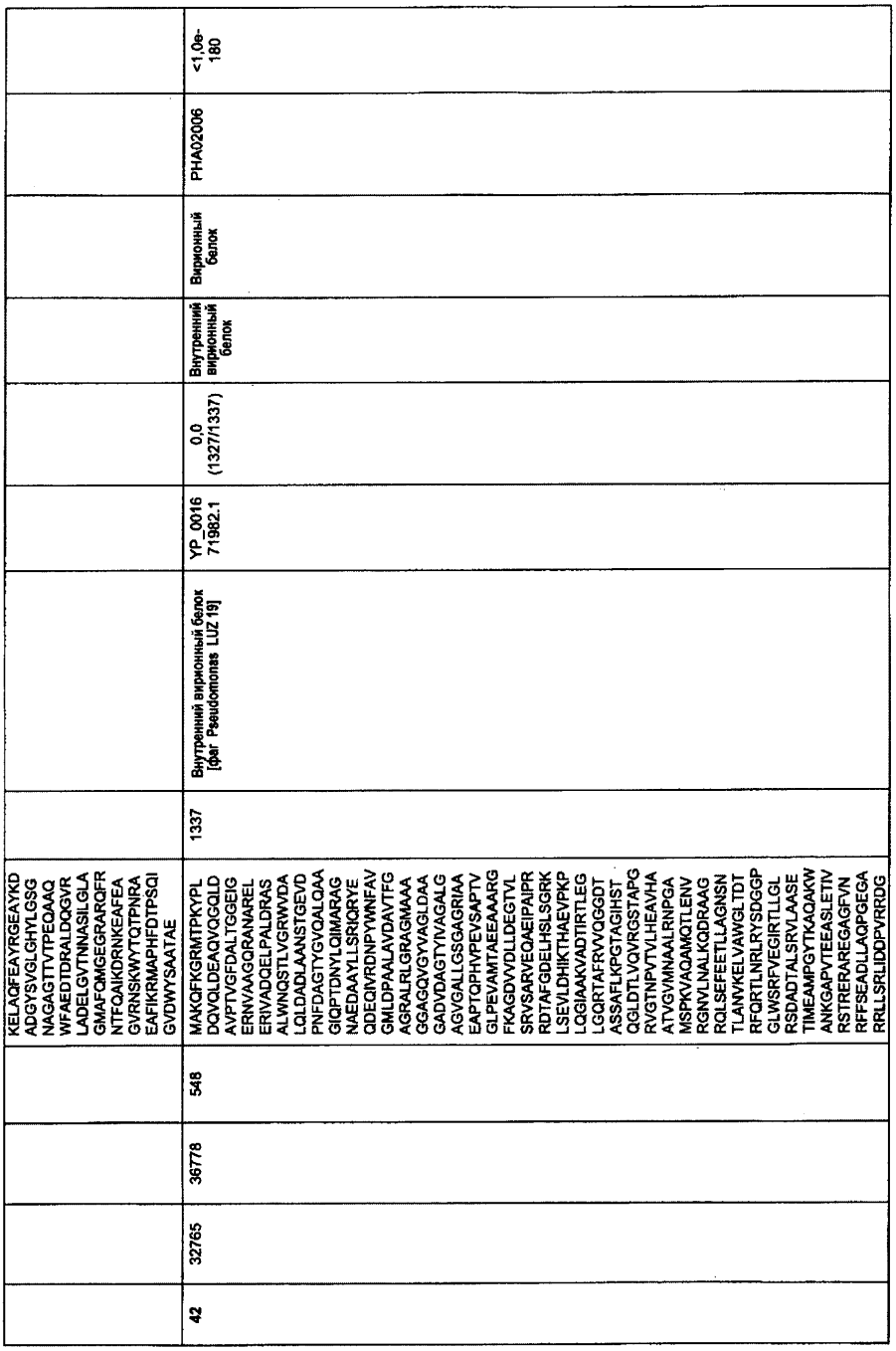
122

				GLMSAGSLTYASQYFKF GATPKGGN		Внутренний вирионный белок [фаг Pseudomonas LUZ 19]	YP_0016 71981.1	0.0 (895/898)	T4-подобный внутренний вирионный белок	Бактериофаг T4-подобный лидоцин		
41	30065	32761	547	MAESQRASQELGINVG	898						cd00735	2e-10
				QTQLQPGQSARRGVR								
				DSEVNYSGPSVGSQIL								
				DGILGAGQQIAGKWFE								
				HNVQQEVLRGERARM								
				AGEAEEAVDSNVLAKP								
				FVKGGWRKQDYRIAQ								
				ADFSLKMQRFIANKGR								
				EMTPEEFRKYLSQEAT								
				HVLDSTEGMNPNDAL								
				QALAQQQKAEEQLFG								
				MQAKAYMDWSIDQAA								
				RQFRTQGNSILAKAVQ								
				AQATGQELSRQLSLEE								
				AGLFYTNIMTSEDIPLE								
				VRDKVGMQFLAASLD								
				MNQRGIYEGLRDAGFL								
				DSMSFDDRRALNGLYE								
				KSKAQTRAKESMATLR								
				ADADFQQRVANGAITD								
				LAEVEAYSRGMVEEG								
				RWSDAQAISFMTKAMT								
				GLGNAQRMQGIMAAL								
				EAGDINALHTLGTNVTE								
				ALEQWDKMQAANGSS								
				LTDRLVQGTQLGLRLG								
				TFPKTYGESVGSAVRM								
				IQAAKEGEANPELVNTL								
				NSIFEQVASAQEINPSA								
				GNVMLSGIPEAEQGAV								
				AWALKQMKMGIAPAQ								
				ALREFSANAEVVKQMD								
				EFEKGQNTKAFKDNLG								
				KQVNDKFVNNIFGRAW								
				NMLTGESDLSNNEAVL								
				SMYRRATIDEANWLAS								
				DRKHAGLLTSDTGREA								
				LLEIAAANVRNRTIQVG								
				EGRNLKEGDLFSRRDS								
				APLILPRGTTAEQLFGT								
				NDTETIGTVLAEQHKP								
				HVEGLLGYKSVVAFEY								
				DRTRGSLLAVEYDENG								
				VALDRTRVDPQAVGNE								
				VLKRNADKLNAMRGAE								
				YGANVKVSGTDIRMNG								
				GNSAGMLKQDVFNWR								

ФИГУРА 8N

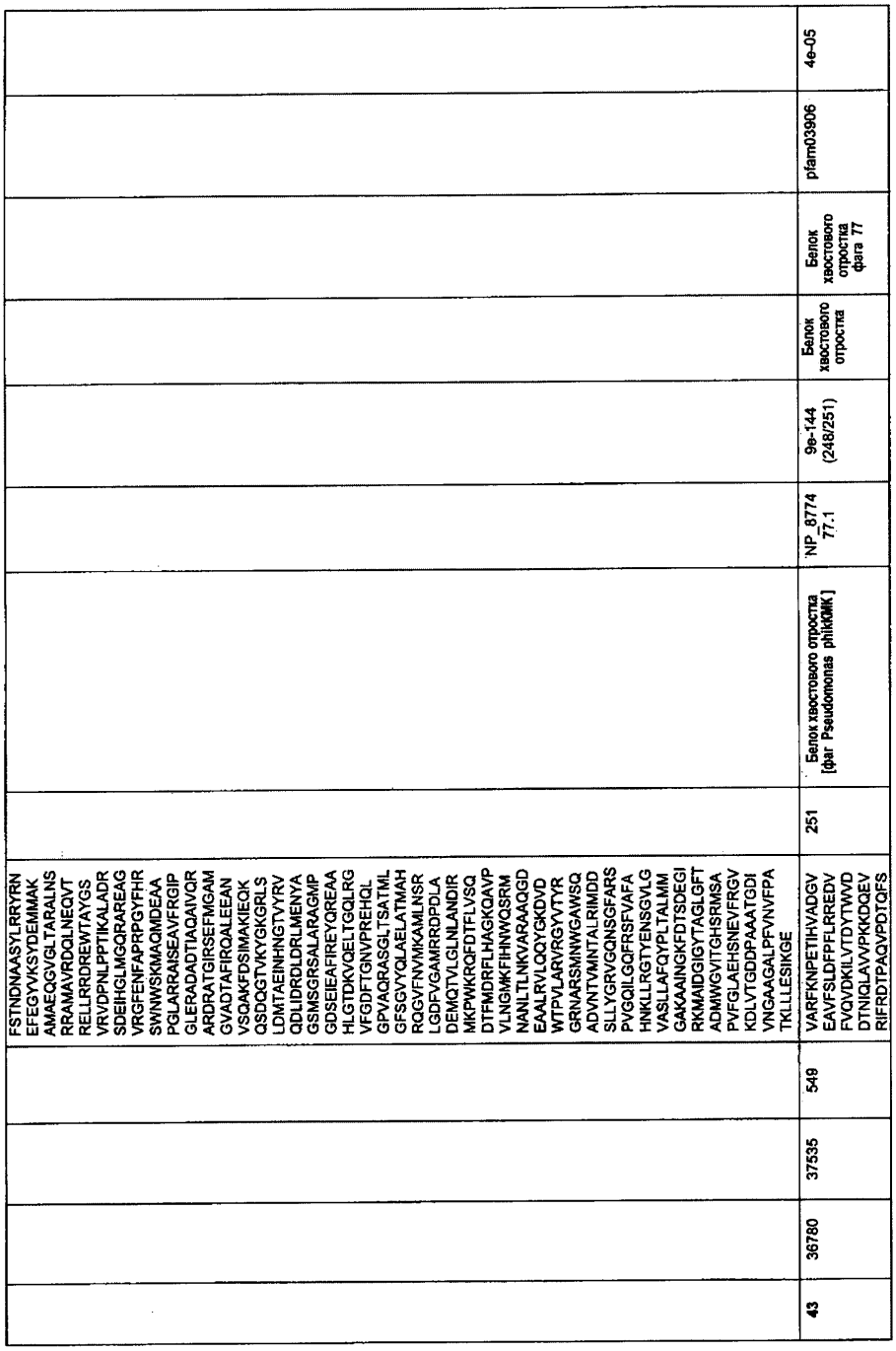
122

123



42	32765	36778	548	KELAQFEAYRGEAYKD ADGYSVGLGHYLGSG NAGAGTTVTPEQAAQ WFAEDTDRALDQQGVR LADELGVTNNASILGLA GMAFQMGEGRARQFR NTFQAIKDRNKEAFEA GVRNSKWYTQTPNRA EAFIKRMAPHFDTPSQI GVDWYSAATAE	1337	Внутренний вирионный белок [phr Pseudomonas LUZ 19]	YP_0016 71982.1	0,0 (1327/1337)	Внутренний вирионный белок	Вирионный белок	PHA02006	<1,0e-180

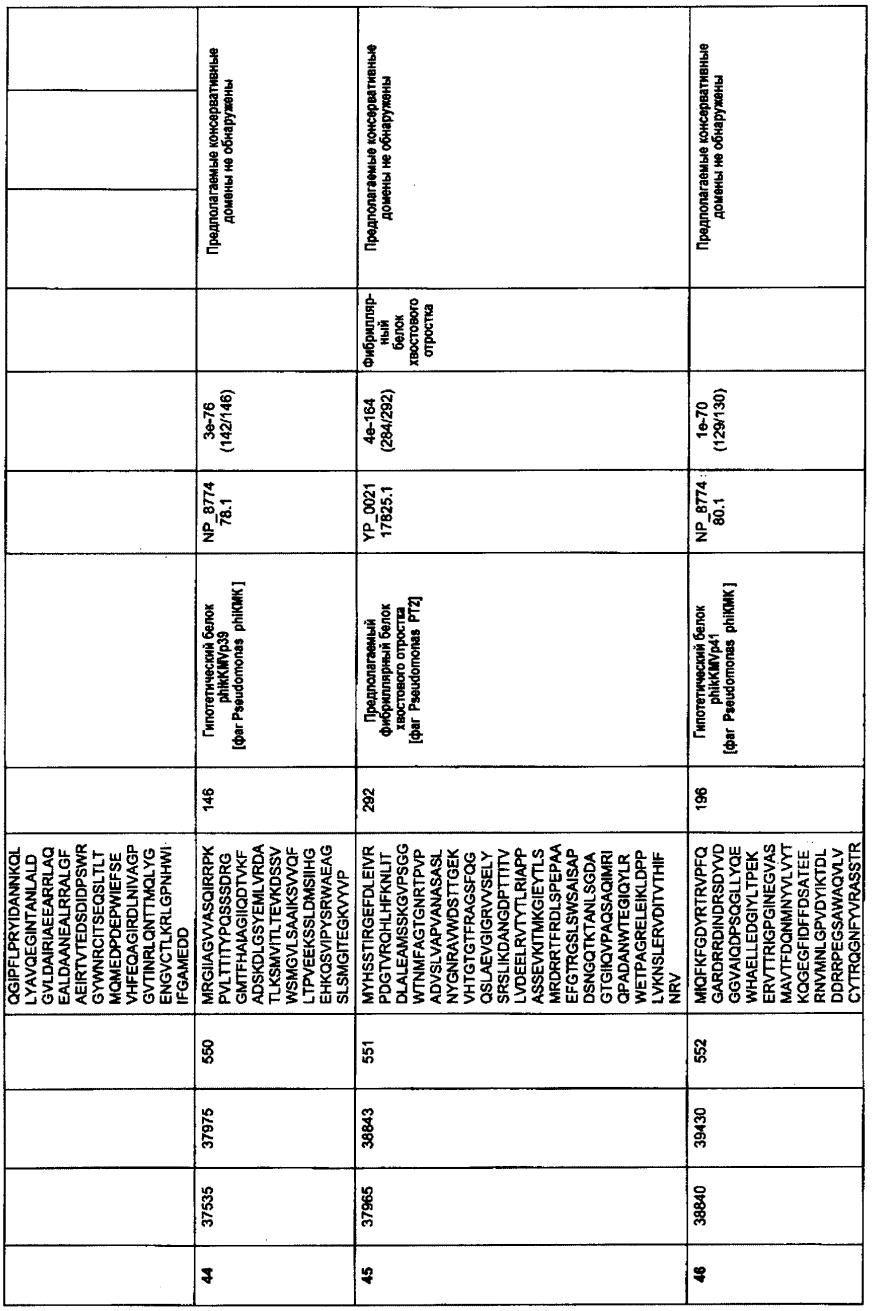
ФИГУРА 8 Q



ФИГУРА 8Р

124

125

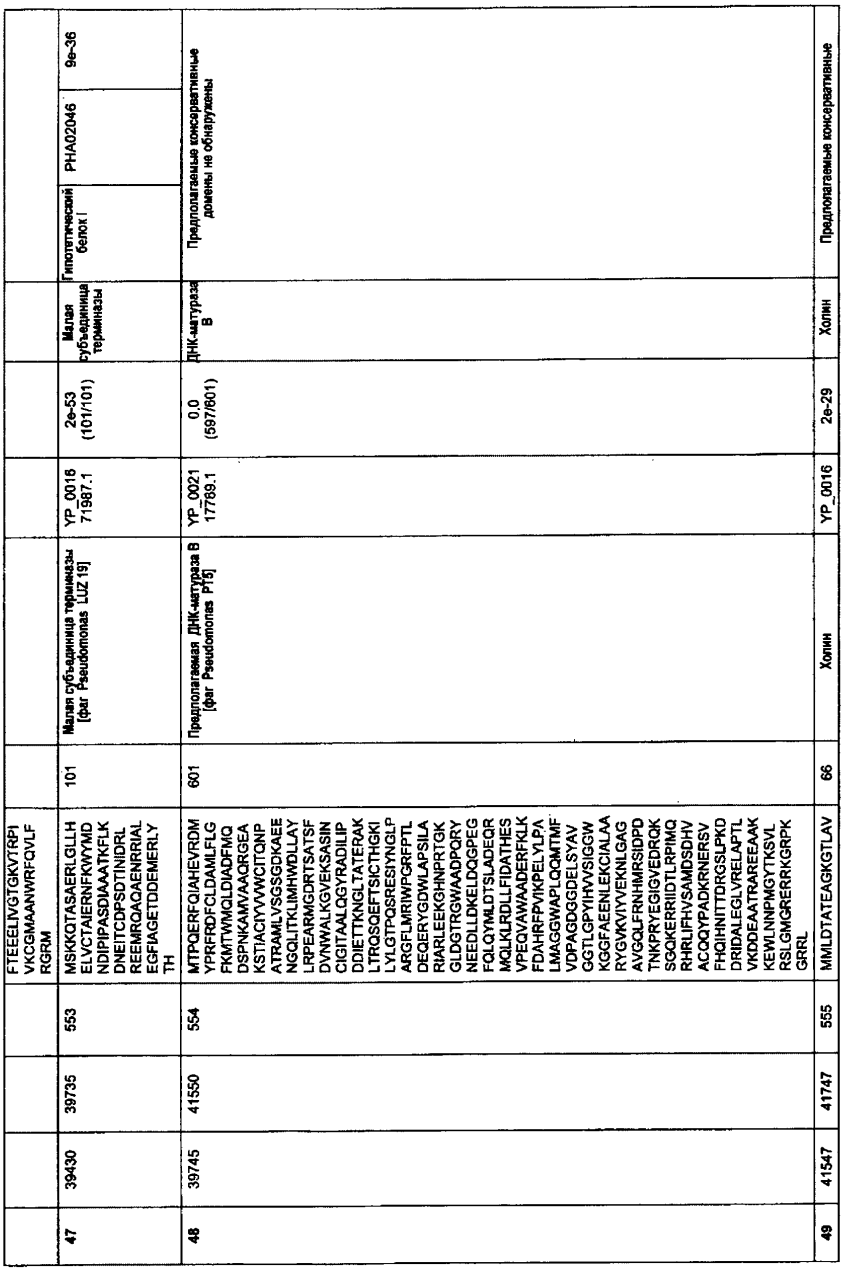


				QGIPFLPRYIDANNKQL LYAVQEGINTANLALD GVLDAIRIAEEARRLAQ EALDAANEALRRALGF AEIRTVTEDSDIDPSWR GYWNRCITSEQSLTLT MQMEDPDPEPWIEFSE VHFEQAGIRDLNIVAGP GVTINRLQNTTMQLTG ENGVCTLKRLGPNHWI IFGAMEDD							
44	37535	37975	550	MRGIIAGVVASQIRRPK PVLTTITYPQSSSDRG GMTFHAAGIIQDTVKF ADSKDLGSYEMLVRDA TLKSMVITLTEVKDSSV WSMGVLSAAIKSVVQF LTPVEEKSSLDMSIIHG EHKQSVIPYSRWAEAG SLSMGITEGKVYVP	146	Гипотетический белок phikKMVp39 [фаг Pseudomonas phiKMK]	NP_8774 78.1	3e-76 (142/146)			Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
45	37965	38843	551	MYHSSTIRGEFDLEIVR PDGTVRQHLHFKNLIT DLALEAMSSKGVPSGG WTNMFAGTGNRTPVP ADVSLVAPVANASASL NYGNRAVWDSTTGEK VHTGTGTFRAGSFQG QSLAEVGIGRVVSELY SRSLIKDANGDPTTTV LVDEELRVTYTLRIAPP ASSEVKITMKGIEYTLS MRDRRTFRDLSPEPAA EFGTRGSLSWSAISAP DSNGQTKTANLSGDA GTGIKQVPAQSAQIMRI QPADANWTEGIQYLR WETPAGRELEIKLDPP LVKNSLERVDITVTHIF NRV	292	Предполагаемый фибриллярный белок хвостового отростка [фаг Pseudomonas P72]	YP_0021 17825.1	4e-164 (284/292)	Фибриллярный белок хвостового отростка	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены	
46	38840	39430	552	MKQFKFGDYRTRVPFQ GARDRRDINDRSDYVD GGVAIQDPSQGLLYQE WHAELLEDGIYLTPEK ERVTTRIGPGINEGVAS MAVTFDQNMNYVLVYT KQGEGFIDFFDSATEE RNYMINLGPVDYTKTDL DDRRPEGSAWAQVLV CYTRQGNFYVRASSTR	196	Гипотетический белок phikKMVp41 [фаг Pseudomonas phiKMK]	NP_8774 80.1	1e-70 (129/130)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены	

ФИГУРА 8 Q

125

126

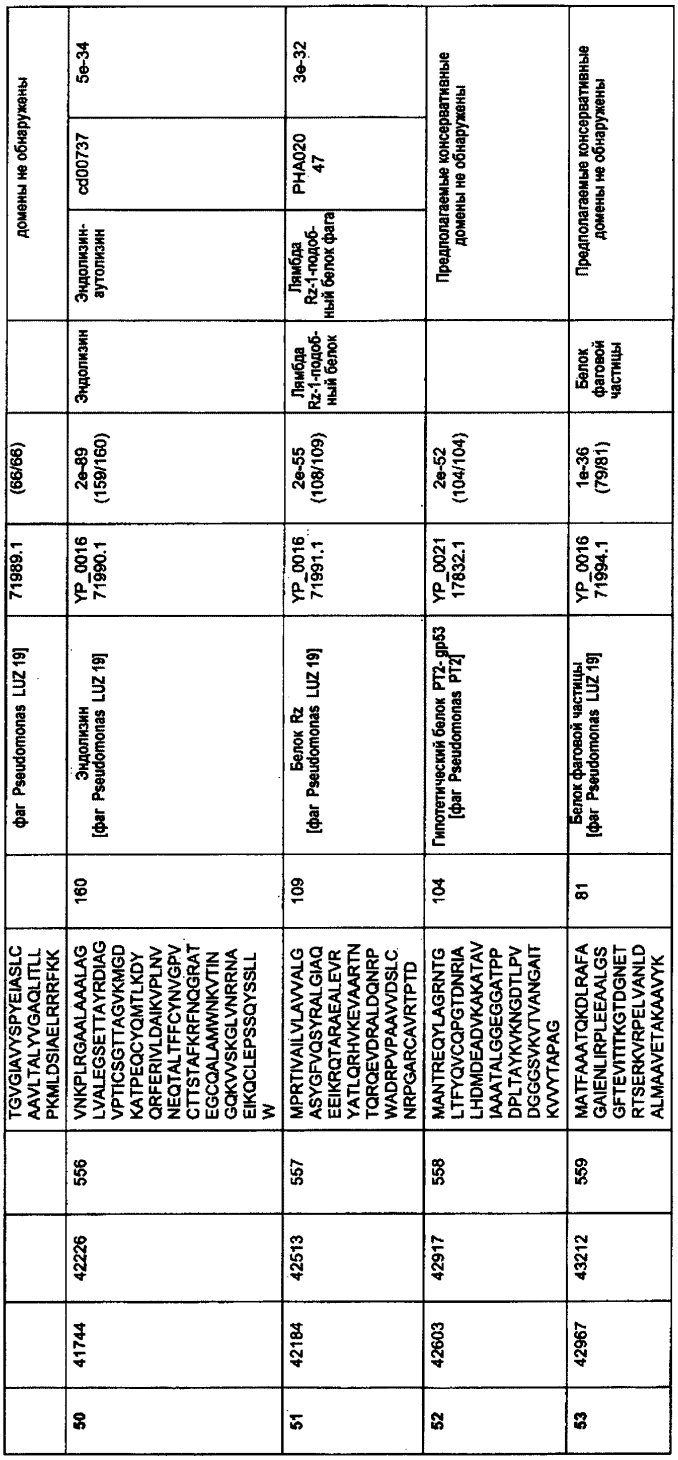


				FTEEELIVGTGKVTRPI VKCGMAAANWRFQVLF RGRM									
47	39430	39735	553	MSKKQTASAERLGLLH ELVCTAIERNFKWYYMD NDIPIPASDIAAATKFLK DNEITCDPSDTINIDRL REEMRQACAENRRIAL EGFIAGETDDEMERLY TH	101	Малая суб-единица терминазы [фаг Pseudomonas LUZ 19]	YP_0016 71987.1	2e-53 (101/101)	Малая суб-единица терминазы	Гипотетический белок I	PHA02046	9e-36	
48	39745	41550	554	MTPQERFQIAHEVRDM YPRFRDFCLDAMILFLG FKMTWMQLDIADFMQ DSPNKAMVAAQRGEA KSTIACIYVVWCITQNP ATRAMLVSGSGDKAEE NGQLITKLIMHWDLLAY LRPEARMGDRTSATSF DVNWALKGVEKSASIN CIGITAALQGYRADILIP DDIETTKNGLTATERAK LTRQSQEFTSKCTHGKI LYLGTPQSRESIYNGLP ARGFLMRIWPGRFPTL DEQERYGDWLAPSILA RIARLEEKGHNPRTGK GLDGTRGWAADPQRY NEEDLLDKELDQGPEG FQLQYMLDTSLADEQR MQLKLRDLLFIDATHES VPEQVAWAADERFKLK FDAHRFPVIKPELYLPA LMAGGWAPLCQMTMF VDPAGDGGDELSYAV GGTLGPYIHVVSIGGW KGGFAEENLEKCIALAA RYGVKVIYVEKNLGAG AVGQLFRNHMRSIDPD TNKPRYEGIGVEDRQK SGQKERRIDTLRPIMQ RHRLIPHVSAMDSDHV ACQQYPADKRNERSV FHQIHNITTDRGSLPKD DRIDALEGLVRELAPTL VKDDEAATRAREEAAK KEWLNNPMGYTKSVL RSLGMGRERRKGRPK GRRL	601	Предполагаемая ДНК-матураза В [фаг Pseudomonas phi6]	YP_0021 17769.1	0.0 (597/601)	ДНК-матураза В				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
49	41547	41747	555	MMLDTATEAGKGTLAV	66	Холин	YP_0016	2e-29	Холин				Предполагаемые консервативные

ФИГУРА 8R

126

127

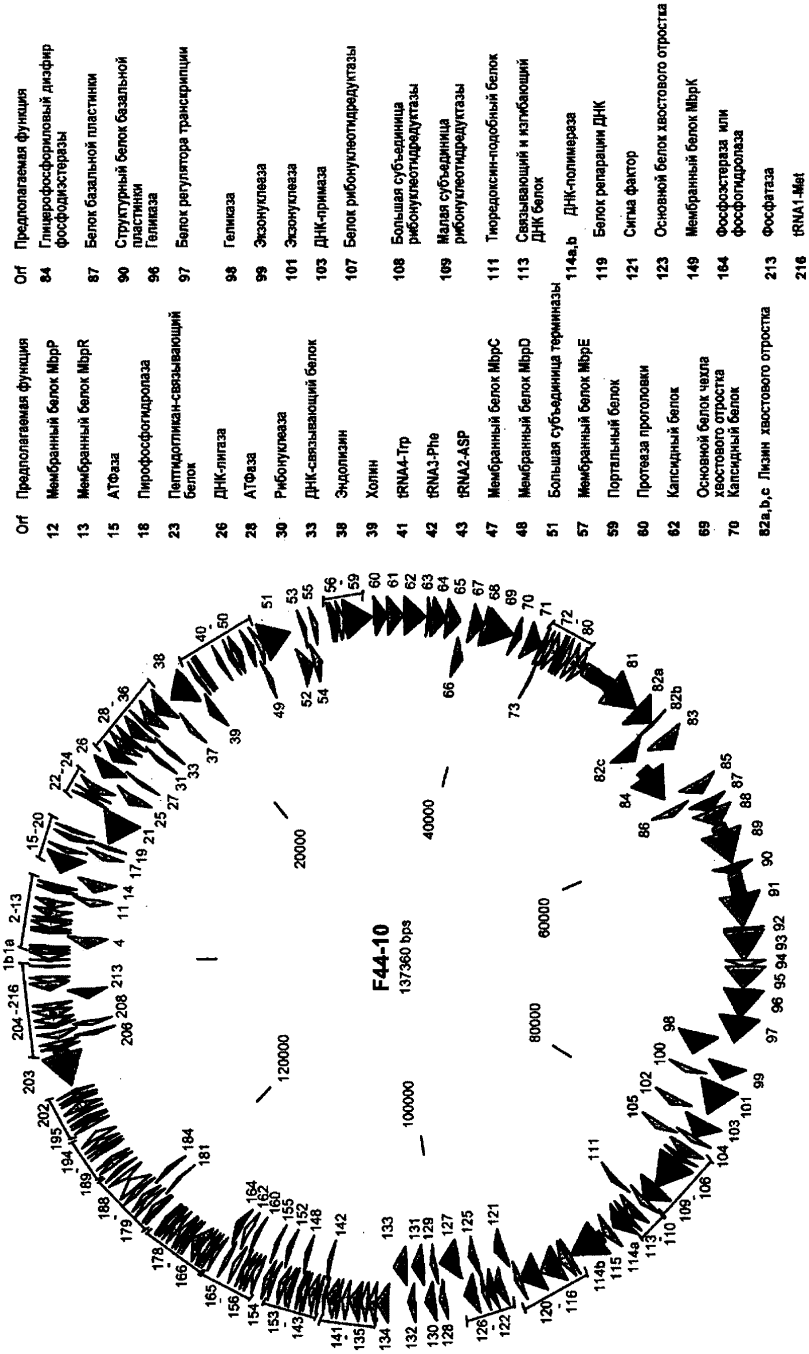


				TGVGIAVYSPYEIASLC AAVLTALYYGAQLITLL PKMLDSIAELRRRFKK		фаг Pseudomonas LUZ 19]	71989.1	(66/66)		домены не обнаружены			
50	41744	42226	556	VNKPLRGAALAAALAG LVALEGSETTAYRDIAG VPTICSGTTAGVKMGD KATPEQCYQMTLKDY QRFERIVLDAIKVPLNV NEQTALTFFCYNVGPV CTTSTAFKRFNQGRAT EGCQALAMWNKVTIN GQKVVSKGLVNRRNA EIKQCLEPSSQYSSLL W	160	Эндолизин [фаг Pseudomonas LUZ 19]	YP_0016 71990.1	2e-89 (159/160)	Эндолизин	Эндолизин-аутолизин	cd00737	5e-34	
51	42184	42513	557	MPRTIVAILVLAVVALG ASYGFVQSYRALGIAQ EEIKRQTARAEALEVR YATLQRHVKEVAARTN TQRQEVDRALDQNRP WADRPVPAAVVDSLC NRPGARCAVRTPTD	109	Белок Rz [фаг Pseudomonas LUZ 19]	YP_0016 71991.1	2e-55 (108/109)	Лямбда Rz-1-подобный белок	Лямбда Rz-1-подобный белок фага	PHA020 47	3e-32		
52	42603	42917	558	MANTREQYLAGRNTG LTFYQVCQPGTDNRIA LHDMDEADVKAKATAV IAAATALGGEGGATPP DPLTAYKVKNGDTLPV DGGGSVKVTVANGAIT KVVYTAPAG	104	Гипотетический белок PT2-gp53 [фаг Pseudomonas PT2]	YP_0021 17832.1	2e-52 (104/104)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены				
53	42967	43212	559	MATFAAATQKDLRAFA GAIENLIRPLEEAALGS GFTEVITTKGTDGNET RTSERKVRPELVANLD ALMAAVETAKAAVYK	81	Белок фаговой частицы [фаг Pseudomonas LUZ 19]	YP_0016 71994.1	1e-36 (79/81)	Белок фаговой частицы	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены				

ФИГУРА 8S

127

128



ФИГУРА 9

128

129

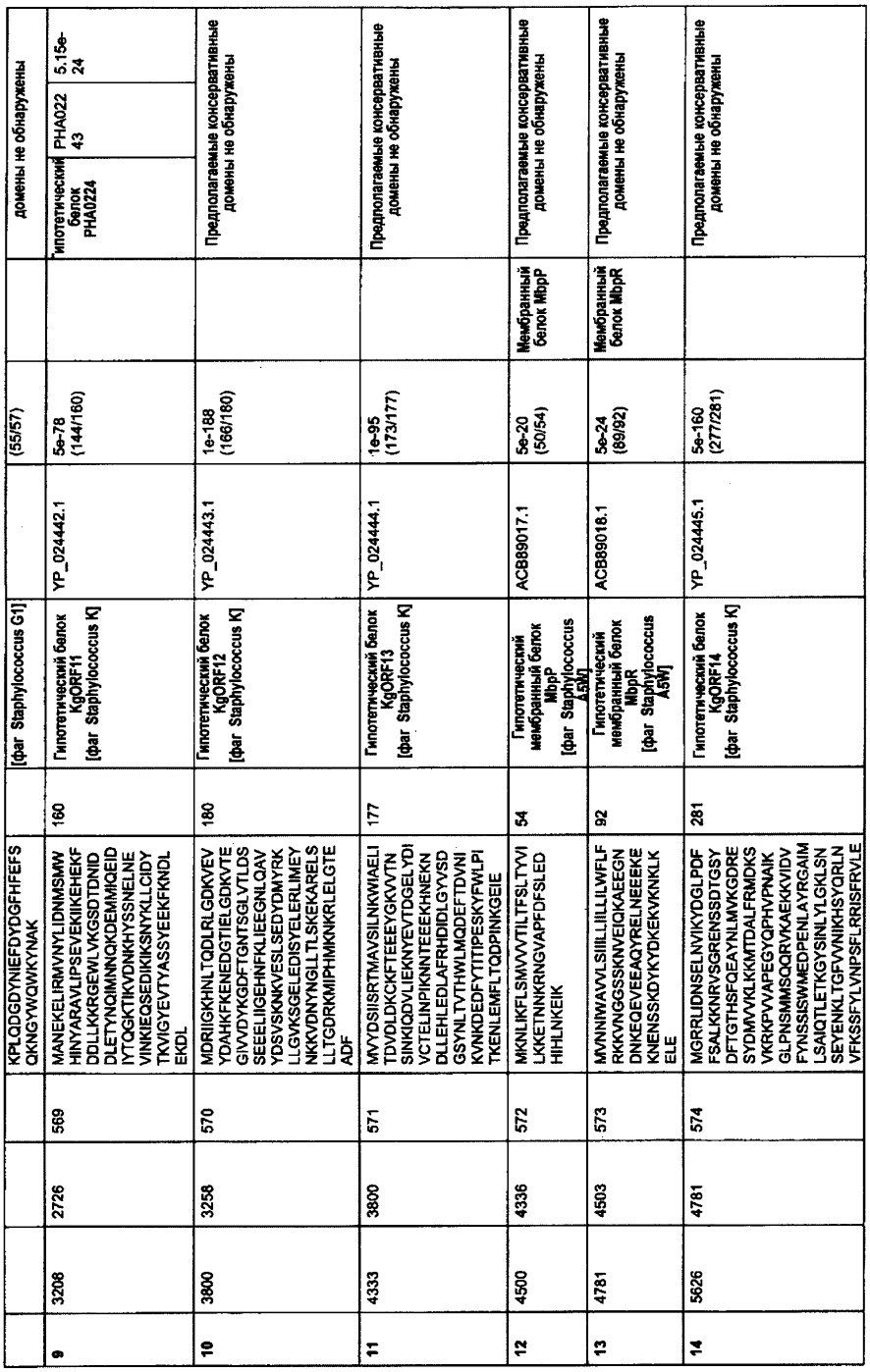
Таблица 9. Характеристика генных продуктов фага F44/10 и их предполагаемые функции

Orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.:	Аминокислотная последовательность	Размер (аа)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
1a	467	1	561	MKKIYILEEEIEEMDYDLWEEDT VYTTSYEVLGYTDSLEDAEYIK NNYGTSNPIFINEYPYLTKDKLI EEQRYYRYNSAIELKRVDGYFE VYEINDLNVTECFSINKDDISFD CPFSIDMFSSDRNSIFIEFMMY SEYDNKKDTIEKEKNSFLMK	155	Гипотетический белок KgORF8 [фаг Staphylococcus K]	YP_024439.1	2e-62 (131/155)		Гипотетический белок PHA02241	PHA022 41	8.06e-17
2	689	471	562	MKKIINFLVDYNINFSYSEDSLN VMGNSYLVDKHGTQDYEIIGNY GHITGVFSYQTEEEVIAKLKNLI GVWE	72	ORF 201 [фаг Staphylococcus G1]	YP_241058.1	3e-31 (68/72)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
3	884	690	563	MRDKRIHSELLYNIIGKHQEEE NITPYIEAIYVDIMNIIYVEYTFYN ENGTRMLGQYPIGEVM	64	ORF 216 [фаг Staphylococcus G1]	YP_241059.1	7e-28 (62/64)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
4	1611	874	564	MNLEKSFLLSTIEFGSTYQGTS DEYSDKDYMSLVVQPLSDTIFR NSEKASKHTEVSRYYAVERFIS LYLKSGFDNVLNLCAQLEQAKN TRFNKTVLDLFYDDFIFLTYYRA NFKPIAYSVIGNINNILKKEELAG KDLVKFYTFYNHLEYYNDLLDD LDNLNVSYKDFAKVKYMPKEVL DNKRSNVSIENKKDLVTKVEPLI QEWKDKLKSNESNIKHYKDAM ELVEKSLKDKTVSFLTEVYNER	245	Гипотетический белок KgORF9 [фаг Staphylococcus K]	YP_024440.1	1e-124 (238/245)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
5	1778	1674	565	MKYILGLITLGVILFKIYEYFKYIQ DEVDTTEDI	34	ORF 437 [фаг Staphylococcus G1]	YP_241061.1	9e-08 (29/34)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
6	2027	1800	566	MDFYQFLNHENVRVNSITPSQ KNFIRENIDYTNLDTVDIDFMNS KQAKKEIEKIIRTKNEEEYDMA MDALSGWEG	75	gp ORF20 [фаг Staphylococcus A5W]	ACB89011.1	4e-29 (61/73)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
7	2415	2029	567	MFGKAPEHIMEIIDKEDNILGED LTLNIDYKGINLTVKRHPHSGHL NGYINVPTNITKEQFNSIEDCSH GGITYDEHEGDYRVLGFDCAH YSDMTPYAVISFSDSYYRDLKY VLNTLKDMADCLKEGE	128	gp ORF21 [фаг Staphylococcus A5W]	ACB89012.1	4e-39 (79/130)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
8	2685	2512	568	MEKVNHEFLAELAKSNSPVLNS	57	ORF245	YP_241064.1	3e-26		Предполагаемые консервативные		

ФИГУРА 10A

129

130

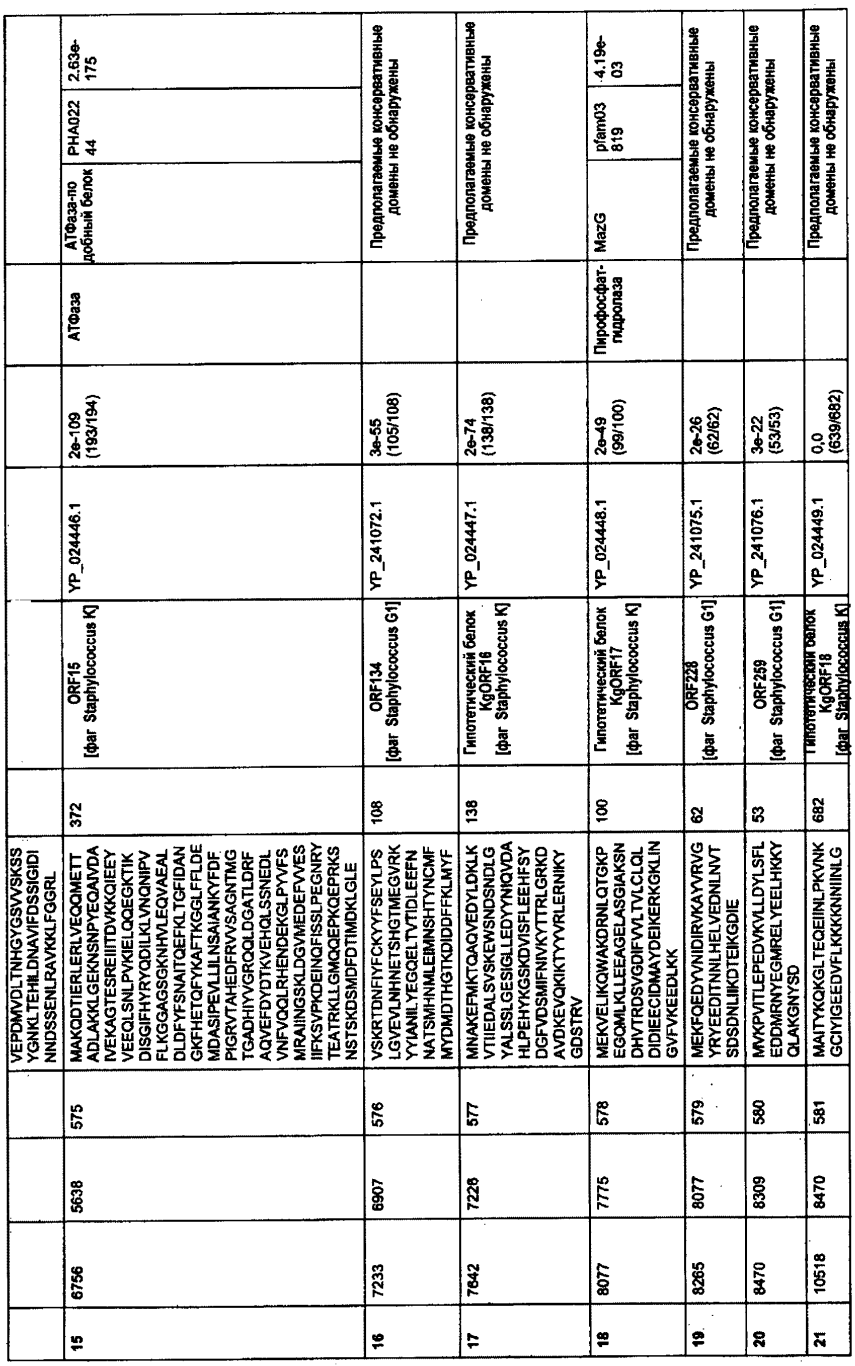


				KPLQDGDYNIEFDYDGFHFEFS QKNGYYWQWKYNAK		[фаг Staphylococcus G1]		(55/57)		домены не обнаружены		
9	3208	2726	569	MANEKELIRMVNYLIDNMSMW HINYARAVLIPSEVEKIIKEHEKF DDLLKKRGEWLVKGSDTDNID DLETYNQIMNNQKDEMMIQEID IYTQGKTIKVDNKHYSSNELNE VINKIEQSEDIKIKSNYKLLCIDY TKVIGYEVTYASSYEEKFKNDL EKDL	160	Гипотетический белок KgORF11 [фаг Staphylococcus K]	YP_024442.1	5e-78 (144/160)		Гипотетический белок PHA0224	PHA0243	5.15e-24
10	3800	3258	570	MDRIIGKHNLTQDLRLGDKVEV YDAHKFKENEDGTIELGDKVTE GIVVDYKGDFTGNTSGLVTLDS SEEELIIGEHNFKLIEEGNLQAV YDSVSKNKVESLSEDYDMYRK LLGVKSGELEDISYELERLIMEY NKKVDNYNGLLTLSKEKARELS LLTGDRKMIPHMKNKRLELGTE ADF	180	Гипотетический белок KgORF12 [фаг Staphylococcus K]	YP_024443.1	1e-188 (166/180)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
11	4333	3800	571	MVYDSIISRTMAVSILNKWIAELI TDVDLDKCKFTEEEYGKVVTN SINKIQDVLIEKNYEVTDGELYDI VCTELINPIKNNTEEEKHNEKN DLLEHLEDLAFRHDIDLGYVSD GSYNLTVTHWLMQDEFTDVNI KVNKDEDFYTITIPESKYFWLPI TKENLEMFLTQDPINKGEIE	177	Гипотетический белок KgORF13 [фаг Staphylococcus K]	YP_024444.1	1e-95 (173/177)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
12	4500	4336	572	MKNLIKFLSMVVVTILTFSLTYVI LKKETNNKRNGVAPFDFSLED HIHLNKEIK	54	Гипотетический мембранный белок MbpP [фаг Staphylococcus ASM]	ACB89017.1	5e-20 (50/54)	Мембранный белок MbpP	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
13	4781	4503	573	MVNNIWAVVLSIIILLILLWFLF RKKVNGGSSKNVEIQKAEEGN DNKEQEVEEAQQYRELNEEEKE KNENSSKDYKYDIKEKVKNKLK ELE	92	Гипотетический мембранный белок MbpR [фаг Staphylococcus ASM]	ACB89018.1	5e-24 (89/92)	Мембранный белок MbpR	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
14	5626	4781	574	MGRRLIDNSELNVIKYDGLPDF FSALKKNRVSGRENYSSDTGSY DFTGTHSFQEAYNLMVKGDRE SYDMVVKLKKMTDALFRMDKS VKRKPVVAPEGYQPHVPNAIK GLPNSMMSQQRVKAEKKVIDV FYNSSISWMEDPENLAYRGAIM LSAIQTLETKGYSINLYLGKLSN SEYENKLTGFVVNIKHSYQRLN VFKSSFYLVNPSFLRRISFRVLE	281	Гипотетический белок KgORF14 [фаг Staphylococcus K]	YP_024445.1	5e-160 (277/281)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

ФИГУРА 10В

130

131

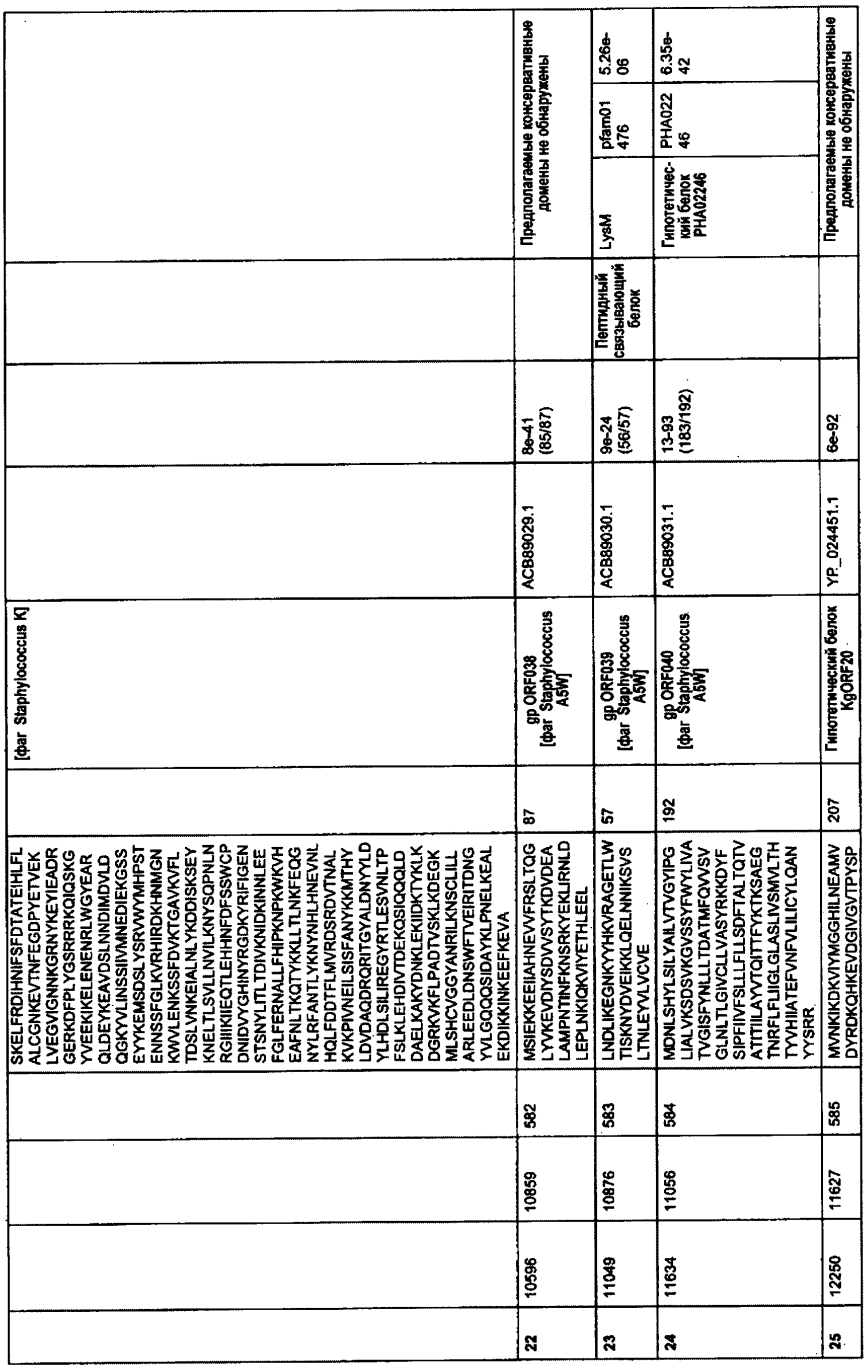


				VEPDMVDLTNHGYGSVVSKSS YGNKLTEHILDNAVIFDSSIGIDI NNDSSENLRAVKKLFGGRL											
15	6756	5638	575	MAKQDTIERLERLVEQQMETT ADLAKKLGEKNSNPYEQAIYDA IVEKAGTESREIIITDVKKQIEEY VEEQLSNLPVKQELDQEGKTIK DISGIFHYRYQDILKLVNQNIPV FLKGGAGSGKNHVLEQVAEAL DLDFYFSNAITQEFKLTGFIDAN GKFHETQFYKAFTKGGLFFLDE MDASIPEVLLILNSAHANKYFDF PIGRVTAHEDFRVVSAGNTMG TGADHIYVGRQQLDGATLDRF AQVEFDYDTKVEHQLSSNEDL VNFVQQLRHENDEKGLPYVFS MRAIINGSKLDGVMEDEFVVES IIFKSYPKDEINQFISSLPEGNRY TEATRKLLGMQQQEPKQEPRKS NSTSKDSMDFDTIMDKLGLE	575										
16	7233	6907	576	VSKRTDNFIYFCKYYFSEYLPS LGVEVLNHNETSHGTMEGVRK YYIANILYEGQELTVTIDLEEFN NATSMHNMLEIMNSHTYNCMF MYDMDTHGTKDIDDFFKLMYF	108	ORF134 [фаг Staphylococcus G1]	YP_241072.1	3e-55 (105/108)			Предполагаемые консервативные домены не обнаружены				
17	7642	7226	577	MNAKEFMKTQAQVEDYLDKLK VTIIEDALSVSKEWSNDSNDLG YALSSLGESIGLLEDYYNQVDA HLPEHYKGSKDVISFLEEHFSY DGFVDSMIFNIVKYTTRLGRKD AVDKEVQKIKTYYVRLERNIKY GDSTRV	138	Гипотетический белок KgORF16 [фаг Staphylococcus K]	YP_024447.1	2e-74 (138/138)			Предполагаемые консервативные домены не обнаружены				
18	8077	7775	578	MEKVELIKQWAKDRNLQTGKP EGQMLKLLEEAGELASGIAKSN DHVTRDSVGDIFVVLTVLCLQL DIDIEECIDMAYDEIKERKGKLIN GVFVKEEDLKK	100	Гипотетический белок KgORF17 [фаг Staphylococcus K]	YP_024448.1	2e-49 (99/100)	Пирофосфат-гидролаза	MazG	pfam03 8119	4.19e-03			
19	8265	8077	579	MEKFQEDYVNIDIRVKAYVRVG YRYEEDITNNLHELVEDNLNVT SDSDNLIIKDTEIKGDIE	62	ORF228 [фаг Staphylococcus G1]	YP_241075.1	2e-26 (62/62)			Предполагаемые консервативные домены не обнаружены				
20	8470	8309	580	MVKPVTLEPEDVKVLLDYLSFL EDDMRNYEGMRELYEELHKKY QLAKGNYSD	53	ORF259 [фаг Staphylococcus G1]	YP_241076.1	3e-22 (53/53)			Предполагаемые консервативные домены не обнаружены				
21	10518	8470	581	MAITYKQKGLTEQEIINLPKVNK GCIYIGEEDVFLKKKKNNIINLG	682	Гипотетический белок KgORF18 [фаг Staphylococcus K]	YP_024449.1	0,0 (639/682)			Предполагаемые консервативные домены не обнаружены				

ФИГУРА 10С

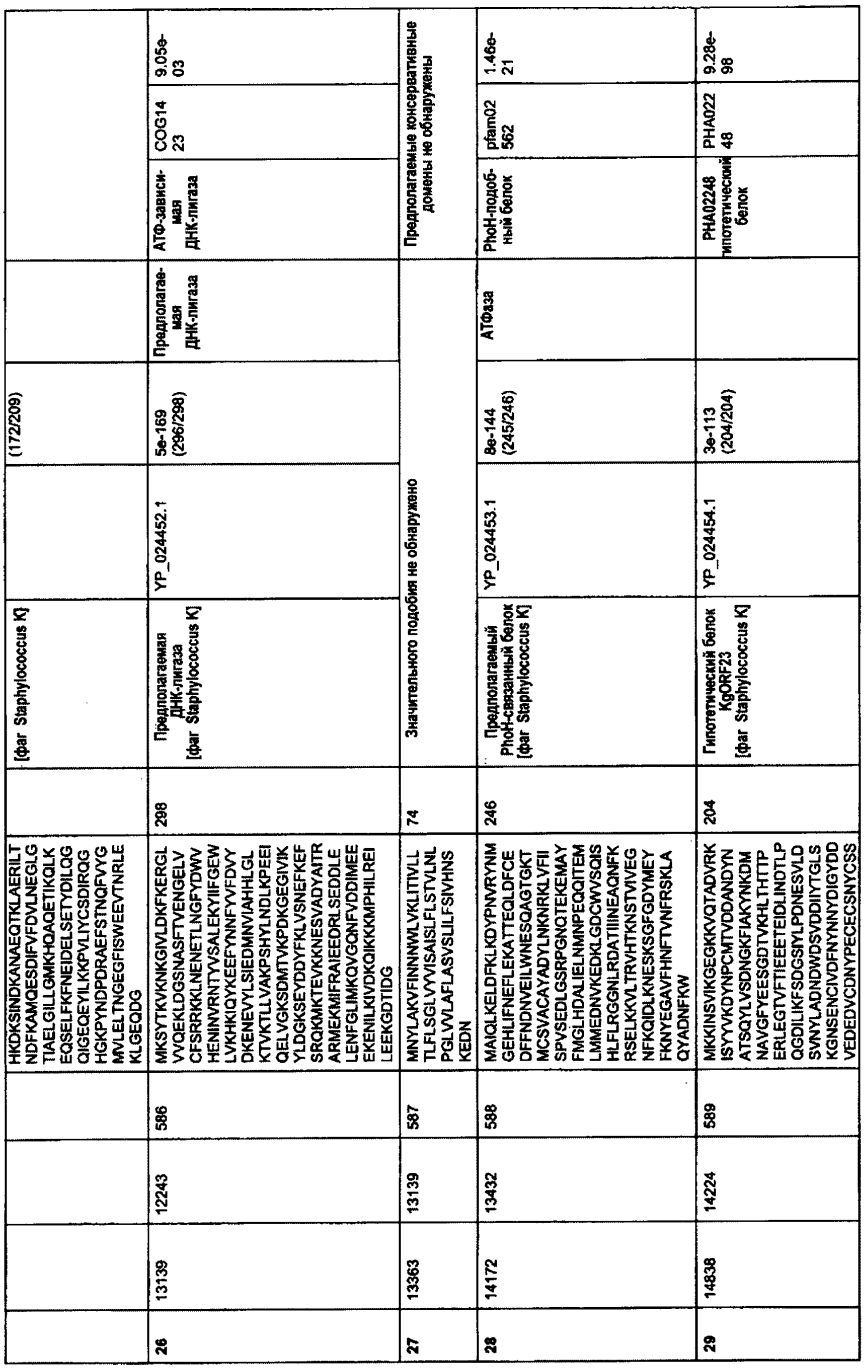
131

132



					[phar Staphylococcus K]								
				SKELFRDIHNIFSFDTATEIHLFL ALCGNKEVTNFEGDPYETVEK LVEGVIGNNKGRNYKEYIEADR GERKDFPLYGSRRRKQIQSKG YVEEKIKELENENRLWGYEAR QLDEYKEAVDSLNNDIMDVLD QGKYVLINSSIIVMNEDIEKGSS EYYKEMSDSLYSRVWYMHPST ENNSSFGLKVRHIIRDKHNMGN KWVLENKSSFDVKTGAVKVFL TDSLVNKEIALNLYKDDISKSEY KNELTLSVLLNVILKNYSQPNLN RGIIIKIIEQTLEHHNFDFSSWCP DNIDVYGHINYRGDKYRIFIGEN STSNYLTLTDIVKNIDKINNLEE FGLFERNALLFHIPKNPKWKVH EAFNLTKQTYKKLLTLNKFEQG NYLRFANTLYKNYNHLHNEVNL HQLFDDTFLMVRDSRDVTNAL KVKPIVNEILSISFANYKKMTHY LDVDAQDRQRITGYALDNYYLD YLHDLSILIREGYRTLESVNLTP FSLKLEHDIVTDEKQSIQQQLD DAELKAKYDNKLEKIIDKTYKLK DGRKVKFLPADTVSKLKDEGK MLSHCVGGYANRILKNSCLILL ARLEEDLDNSWFTVEIRITDNG YVLGQQQSIDAYKLPNELKEAL EKDIKKINKEEFKEYA							
22	10596	10859	582	MSIEKKEEIIAHNEVVFRSLTQG LYVKEVDTYSDVVSYTKDVDEA LAMPNTNFKNSRKYEKLIRNLD LEPLNKIQKVIYETHLEEL	87	gp ORF038 [phar Staphylococcus A5W]	ACB89029.1	8e-41 (85/87)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены			
23	11049	10876	583	LNDLIKEGNKYYHKVRAGETLW TISKNYDVEIKKLQELNNIKSVS LTNLEYVLVCVE	57	gp ORF039 [phar Staphylococcus A5W]	ACB89030.1	9e-24 (56/57)	Пептидный связывающий белок	LysM	pfam01476	5.26e-06	
24	11634	11056	584	MDNLSHYLSILYAILVTVGYIPG LIALVKSDSVKGVSSYFWYLIVA TVGISFYNLLLTDATMFQVVSV GLNLTLGIVCLLVASYRKKKDYF SIPFIIVFSLLLFLLSDFTALTQTV ATITTILAYYTQITTFYKTKSAEG TNRFLFLIIGLGLASLIVSMVLTH TYYHIIATEFVNFVLLICYLQAN YYSRR	192	gp ORF040 [phar Staphylococcus A5W]	ACB89031.1	13-93 (183/192)		Гипотетический белок PHA02246	PHA022 46	6.35e-42	
25	12250	11627	585	MVNKIKDKVIYMGGHILNEAMV DYRDKQHKEVDGIVGVTPYSP	207	Гипотетический белок KgORF20	YP_024451.1	6e-92		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены			

ФИГУРА 10D

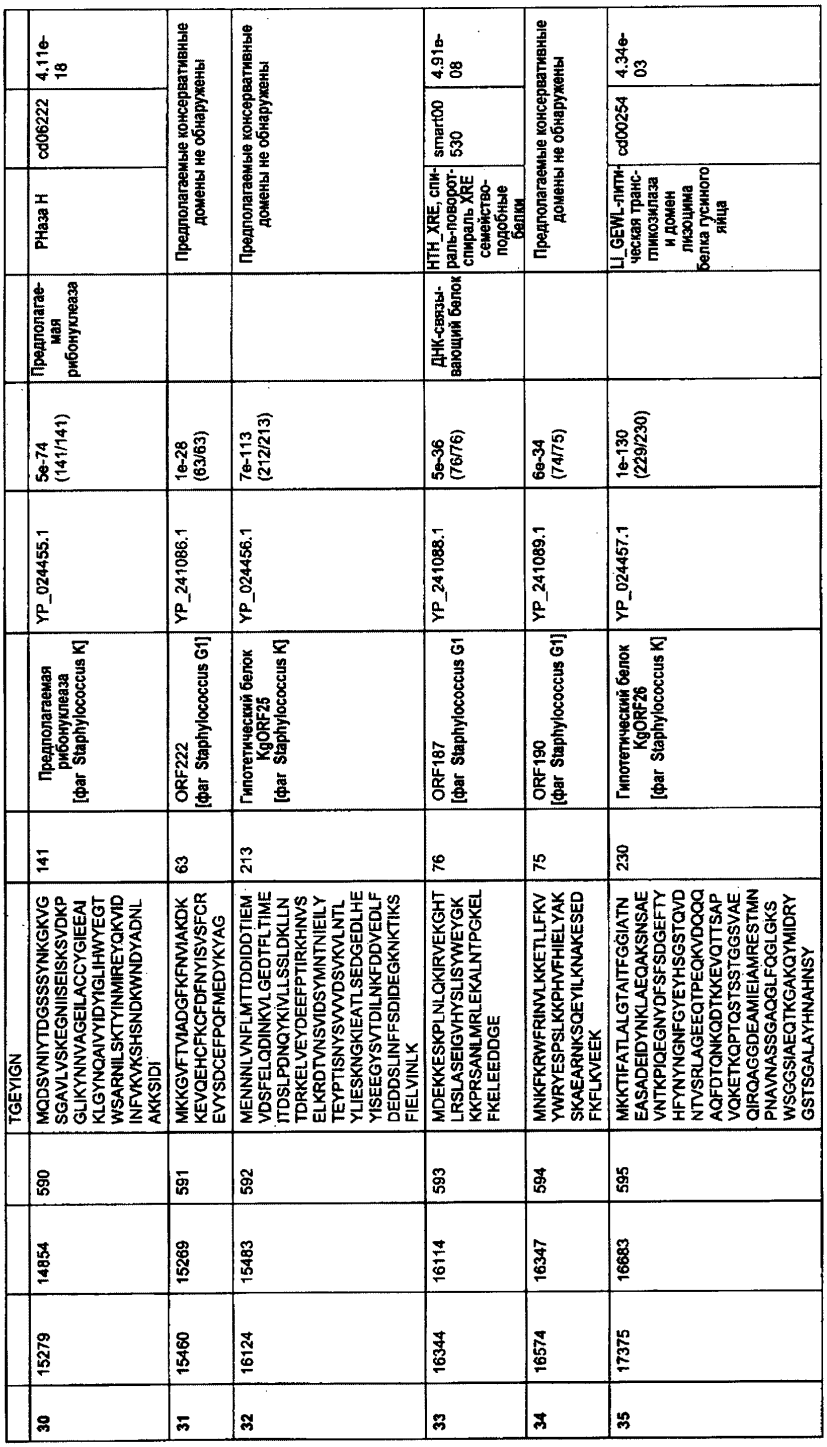


							[фаг Staphylococcus K]		(172/209)					
				HKDKSINDKANAEQTKLAERILT NDFKAMQESDIFVFDVLNEGLG TIAELGILLGMKHQAQETIKQLK EQSELFKFNEIDELSETYDILQG QIGEQEQYILKKPVLIYCSDIRQG HGKPYNDPDRAEFSTNQFVYG MVLELTNGEGFISWEEVTNRLE KLGEQDG									
26	13139	12243	586	MKSYTKVKNKGIVLDKFKERGL VVQEKLDGSNASFTVENGELV CFSRRKKLNENETLNGPYDWV HENINVRNTYVSALEKYIIFGEW LVKHKIQYKEEFYNNFYVFDVY DKENEVYLSIEDMNVIAHHLGL KTVKTLLVAKPSHYLNDLKPEEI QELVGKSDMTVKPDKGEGIVIK YLDGKSEYDDYFKLVSNEFKEF SRQKMKTEVKKNESVADYAITR ARMEKMIFRAIEEDRLSEDDLE LENFGLIMKQVGQNFVDDIMEE EKENILKIVDKQIKKKKMPHILREI LEEKGDTIDG	298	Предполагаемая ДНК-лигаза [фаг Staphylococcus K]	YP_024452.1	5e-169 (296/298)	Предполагаемая ДНК-лигаза	АТФ-зависимая ДНК-лигаза	COG1423		9.05e-03
27	13363	13139	587	MNYLAKVFINNNWLVKLITIVLL TLFLSGLVYVSAISLFLSTVLNL PGLVVLAFLASVSLILFSIVHNS KEDN	74	Значительного подобия не обнаружено						Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
28	14172	13432	588	MAIQLKELDFKLKDYPNVRYNM GEHLIFNEFLEKATTEQLDFCE DFFNDNVEILWNESQAGTGKT MCSVACAYADYLNKNRKLVFII SPVSEDLGSRPGNQTEKEMAY FMGLHDALIELNMNPEQQITEM LMMEDNVKEDKLGDCWVSQIS HLFLRGGNLRDATIIINEAQNFK RSELKKVLTRVHTKNSTVIVEG NFKQIDLKNESKSGFGDYMEY FKNYEGAVFHNFTVNFRSKLA QYADNFKW	246	Предполагаемый PhoH-связанный белок [фаг Staphylococcus K]	YP_024453.1	8e-144 (245/246)	АТФаза	PhoH-подобный белок	pfam02562		1.46e-21
29	14838	14224	589	MKKINSVIKGEGKKVQTADVRK ISYYVKDYNPCMTVDDANDYN ATSQYLVSDNGKFIAKYNKDM NAVGFYEESGDTVKHLTHTTP ERLEGTVFTIEEETEIDLINDTLP QGDILIKFSDGSIYLPDNESVLD SVNYLADNDWDSVDDIIYTGLS KGNSENCIVDFNYNNYDIGYDD VEDEDVCDNYPECECSNYCSS	204	Гипотетический белок KgORF23 [фаг Staphylococcus K]	YP_024454.1	3e-113 (204/204)		PHA02248 гипотетический белок	PHA022248		9.28e-98

ФИГУРА 10E

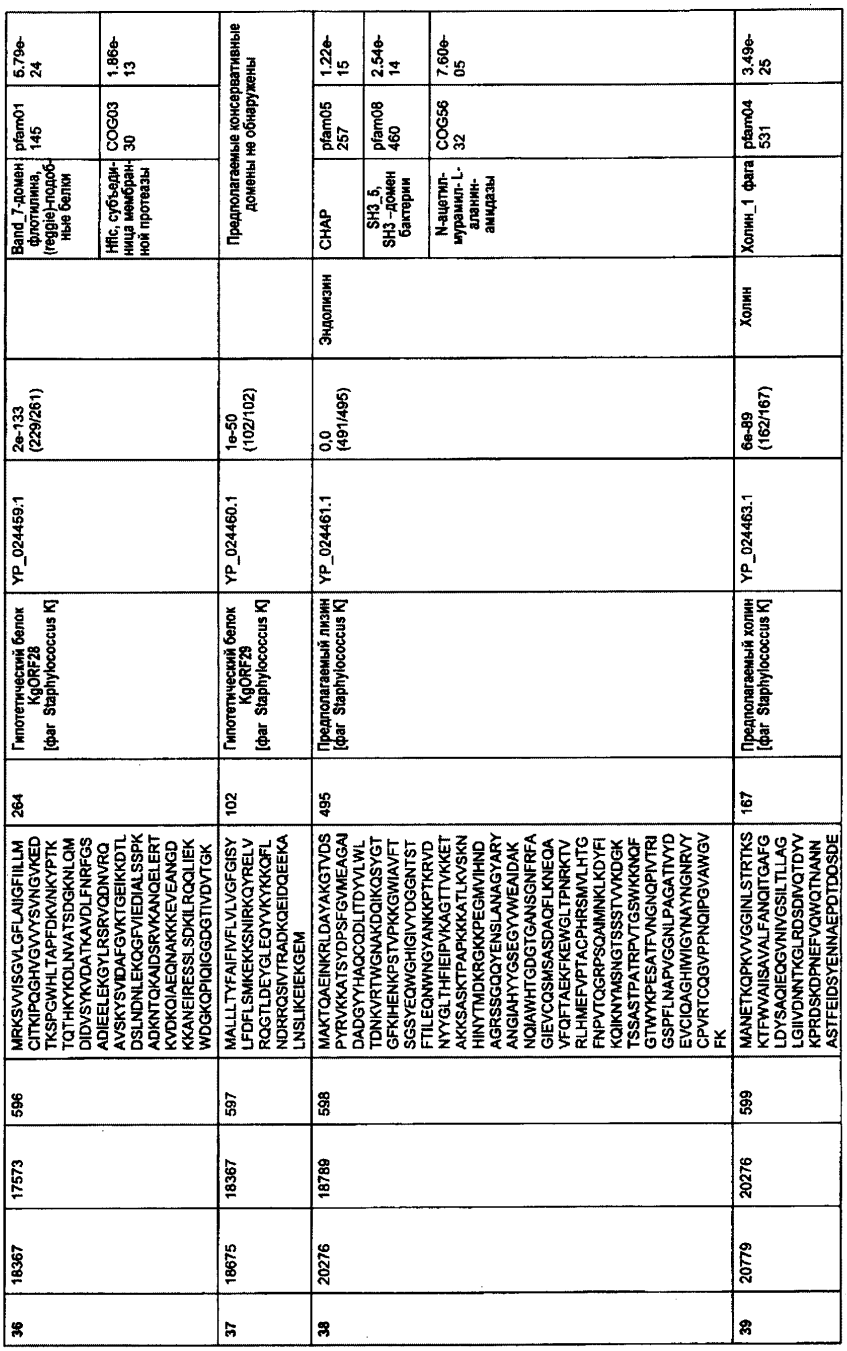
133

134



				TGEVIGN										
30	15279	14854	590	MQDSVNIYTDGSSSYNKGKVG SGAVLVSKEGNIISEISKSVDKP GLIKYNNVAGEILACCYGIEEAI KLGYNQAIVYIDYIGLIHWYEGT WSARNILSKTYINMIREYQIKVID INFVKVKSHSNDKWNDYADNL AKKSIDI	141	Предполагаемая рибонуклеаза [фаг Staphylococcus K]	YP_024455.1	5e-74 (141/141)	Предполагаемая рибонуклеаза	РНаза H	cd06222	4.11e-18		
31	15460	15269	591	MKKGVFTVIADGFKFNVIAKDK KEVQEHCFKCFDFNYISVSFCR EVYSDCEFPQFMEDYKYAG	63	ORF222 [фаг Staphylococcus G1]	YP_241086.1	1e-28 (63/63)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены				
32	16124	15483	592	MENNNLVNFLMTTDDIDDTIEM VDSFELQDINKVLGEDTFLTIME ITDSLPDNQYKIVLLSSLDKLLN TDRKELVEYDEEFPTIRKHNVS ELKRDTVNSVIDSYMNTNIEILY TEYPTISNYSVVVDSVKVLNTL YLIESKNGKIEATLSEDGEDLHE YISEEGYSVTDILNKFDDVEDLF DEDDSLINFFSDIDEGKNKTIKS FIELVINLK	213	Гипотетический белок KgORF25 [фаг Staphylococcus K]	YP_024456.1	7e-113 (212/213)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены				
33	16344	16114	593	MDEKKESKPLNLQKIRVEKGHT LRSLASEIGVHYSLISYWEYGK KKPRSANLMRLEKALNTPGKEL FKELEEDDGE	76	ORF187 [фаг Staphylococcus G1	YP_241088.1	5e-36 (76/76)	ДНК-связывающий белок	HTH_XRE, спираль-поворот-спираль XRE семейство-подобные белки	smart00530	4.91e-08		
34	16574	16347	594	MNKFKRWFRINVLKKETLLFKV YWRYESPSLKKPHVFHIELYAK SKAEARNKSQEYILKNAKESED FKFLKVEEEK	75	ORF190 [фаг Staphylococcus G1]	YP_241089.1	6e-34 (74/75)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены				
35	17375	16683	595	MKKTIFATLALGTAITFGGIATN EASADEIDYNKLAEQAKSNSAE VNTKPIQEGNYDFSFSDGEFTY HFYNYNGNFGYEYHSGSTQVD NTVSRLAGEEQTPEQKVDQQQ AQFDTQNKQDTKKEVQTTSAP VQKETKQPTQSTSSTGGSVAE QIRQAGGDEAMIEIAMRESTMN PNAVNASSGAQGLFQGLGKS WSGGSIAEQTKGAKQYMIDRY GSTSGALAYHNAHNSY	230	Гипотетический белок KgORF26 [фаг Staphylococcus K]	YP_024457.1	1e-130 (229/230)		LI_GEWL-литическая трансгликозилаза и домен лизоцима белка гусиного яйца	cd00254	4.34e-03		

ФИГУРА 10F

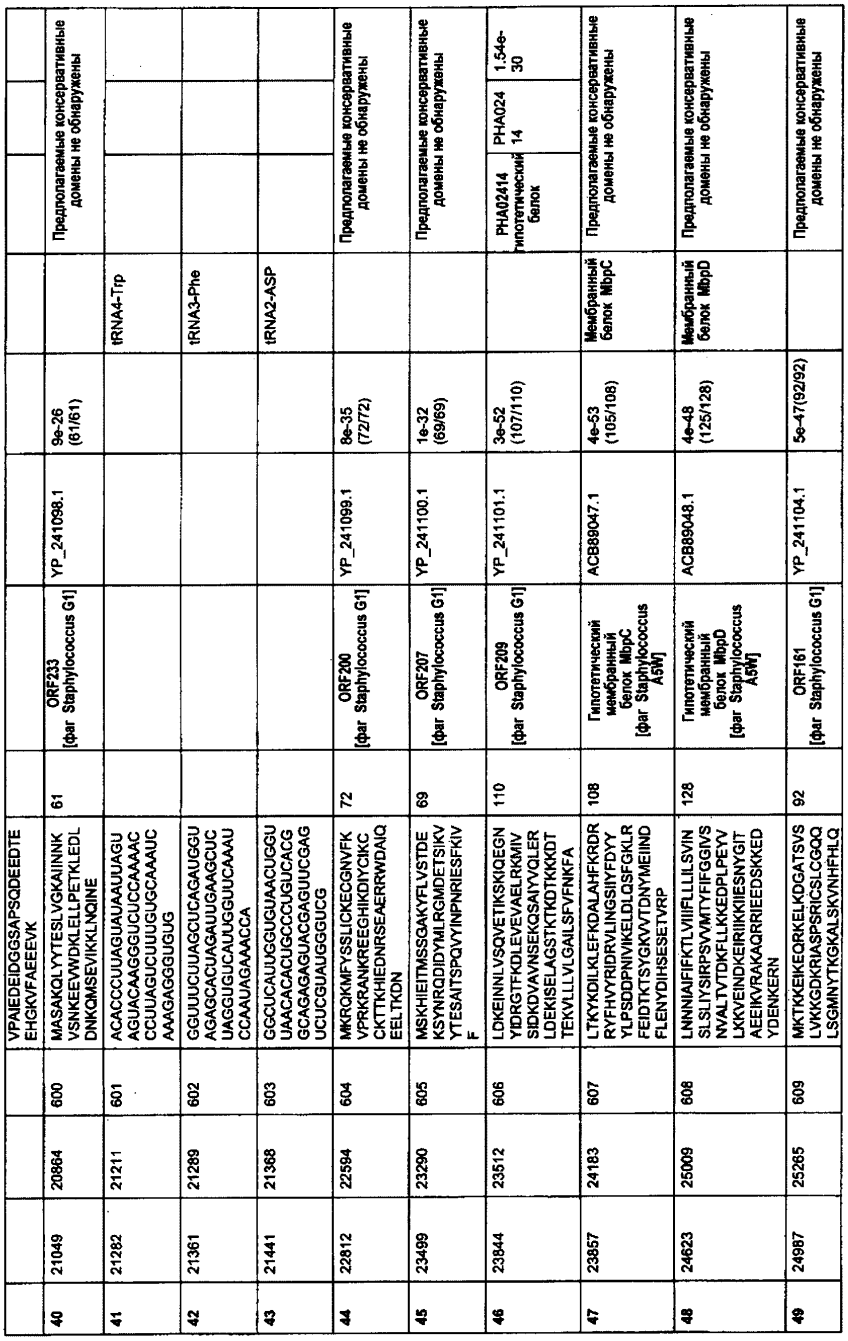


36	18367	17573	596	MRKSVVISGVLGFLAIGFILLM CITKIPQGHVGVVYSVNGVKED TKSPGWHLTAPFDKVNKYPTK TQTHKYKDLNVATSDGKNLQM DIDVSYKVDATKAVDLFNRFGS ADIEELEKGYLRSRVGQDNVRQ ADKNTQKANDSRVKANQELERT KVDKQIAEQNAKKKEVEANGD KKANEIRESSLSDKILRQQLIEK WDGKQPIQIGGDGTIVDVTGK	264	Гипотетический белок KgORF28 [фаг Staphylococcus K]	YP_024459.1	2e-133 (229/261)		Band_7-домен флотилина, (reggie)-подобные белки	pfam01 145	5.79e-24
										Hfq, субъединица мембранной протеазы	COG03 30	1.86e-13
37	18675	18367	597	MALLLTYFAIFIVFLVLVGFGISY LFDFLSMKEKKSNIRKQYRELV RQGTLDEYGLEQYVKYKKQDFL NDRRQSIVTRADKQEIDQEEKA LNSLIKEIEKGEM	102	Гипотетический белок KgORF29 [фаг Staphylococcus K]	YP_024460.1	1e-50 (102/102)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены					
38	20276	18789	598	MAKTQAEINKRLDAYAKGTVDS PYRVKKATSYDPSFGVMEAGAI DADGYYHAQCQDLITDYYLWL TDNKVRTWGNAKDQIKQSYGT GFKIHENKPSTVPKKGWIAVFT SGSYEQWGHIGIVYDGGNTST FTILEQNWNGYANKKPTKRVD NYYGLTHFIEIPVKAGTTVKKET AKKSASKTPAPKKKATLKVSKN HINYTMDKRGKKPEGMVIHND AGRSSGQQYENSLANAGYARY ANGIAHYYGSEGYVWEAIDAK NQAWHTGDTGANSGNFRFA GIEVCQSMSASDAQFLKNEQA YFQFTAEKFKEWGLTPNRKTV RLHMEFVPTACPHRSMVLHTG FNPVTQGRPSQAIMNKLKDYFI KQIKNYMSNGTSSSTTVVKDGK TSSASTPATRPVTGSWKKNQF GTWYKPESATFVNGNQPIVTRI GSPFLNAPVGGNLPAGATIVYD EVCIQAGHIMIGYNAYNGNRVY CPVRTCQGVPPNQIPGVAWGV FK	495	Предполагаемый лизин [фаг Staphylococcus K]	YP_024461.1	0,0 (491/495)	Эндолизин	CHAP	pfam05 257	1.22e-15
										SH3_5, SH3 -домен бактерии	pfam08 460	2.54e-14
										N-ацетилмурамоил-L-аланин-амидазы	COG56 32	7.60e-05
39	20779	20276	599	MANETKQPKVVGGINLSTRTKS KTFWVAIISAVALFANQITQAFG LDYSAQIEQGVNIVGSILTLAG LGIIVDNNTKGLRDSDIVQTDYV KPRDSKDPNEFVQWQTNANN ASTFEIDSYENNAEPDTDQSDE	167	Предполагаемый холин [фаг Staphylococcus K]	YP_024463.1	6e-89 (162/167)	Холин	Холин_1 фага	pfam04 531	3.49e-25

ФИГУРА 10G

135

136

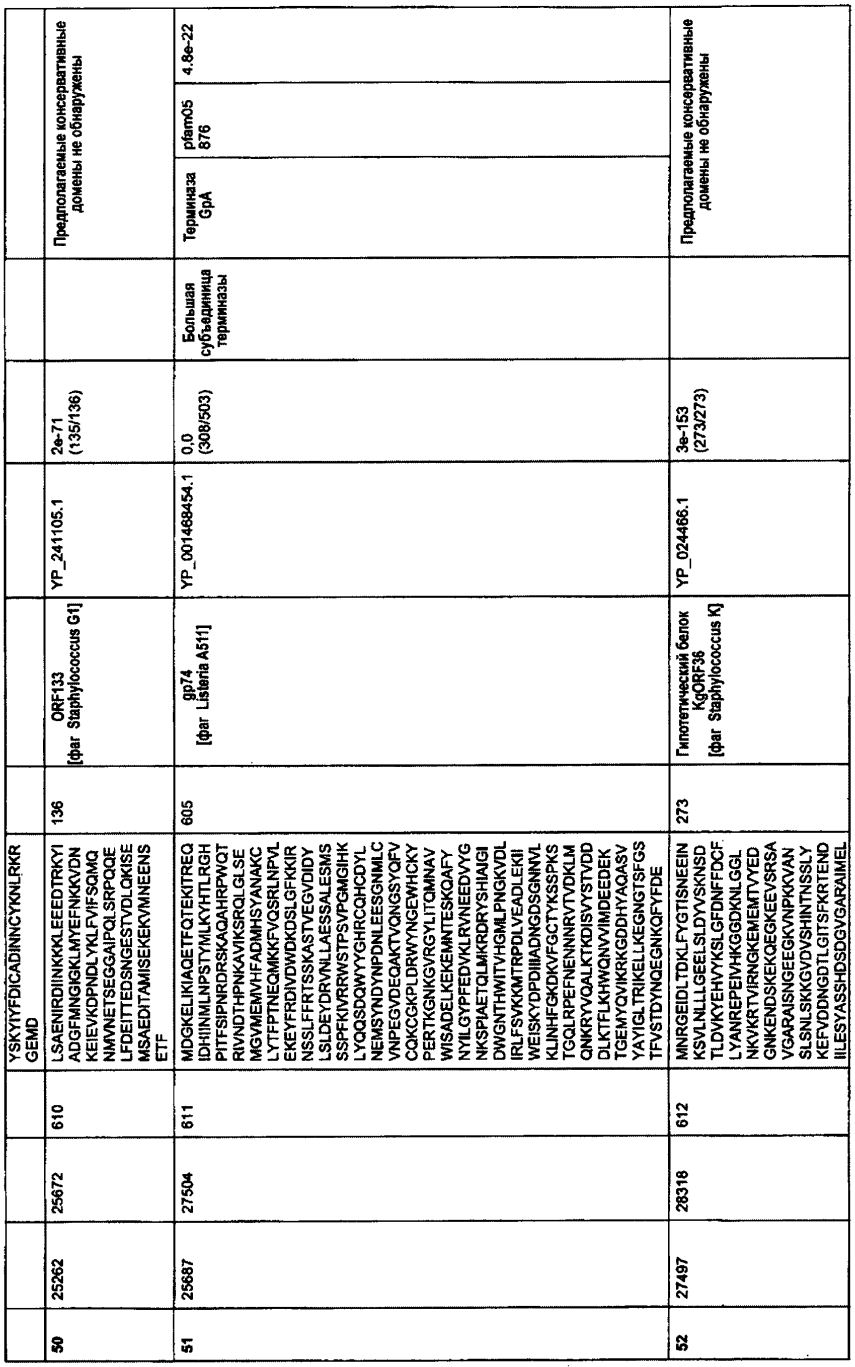


				VPAIEDEIDGGSAPSQDEEDTE EHGKVFAEEEVK									
40	21049	20864	600	MASAKQLYYTESLVGKAIINNK VSNKEEVWDKLELLPETKLEDL DNKQMSEVIKKLNQINE	61	ORF233 [фаг Staphylococcus G1]	YP_241098.1	9e-26 (61/61)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены			
41	21282	21211	601	ACACCCUUAGUAUAAUUAGU AGUACAAGGGUCUCCAAAAC CCUUAGUCUUUGUGUGCAAAUC AAAGAGGGGUGUG					tRNA4-Trp				
42	21361	21289	602	GGUUUCUUAGCUCACGAUGGU AGAGCACUAGAUUGAAGCUC UAGGUGUCAUUGGUUCAAAU CCAAUAGAAACCA					tRNA3-Phe				
43	21441	21368	603	GGCUCAUUGGUGUAACUGGU UAACACACUGCCCUGUCACG GCAGAGAGUACGAGUUCGAG UCUCGUAUGGGUCG					tRNA2-ASP				
44	22812	22594	604	MKRQKMFYSSLICKECGNVFK VPRKRANKREEGHIKDIYCIKC CKTTKHIEDNRSEAERRWDAIQ EELTKDN	72	ORF200 [фаг Staphylococcus G1]	YP_241099.1	8e-35 (72/72)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены			
45	23499	23290	605	MSKHIEITMSSGAKYFLVSTDE KSYNRQDIDYMILRGMDETSIKV YTESAITSPQVYINPNRIESFKIV F	69	ORF207 [фаг Staphylococcus G1]	YP_241100.1	1e-32 (69/69)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены			
46	23844	23512	606	LDKEINNLVSQVETIKSKIQEGN YDRGTFKDLEVEVAELRKMIV SIDKDVAVNSEKQSAIYVQLER LDEKISELAGSTKTKDTKKKDT TEKVLLLVLGAILSFVFNKFA	110	ORF209 [фаг Staphylococcus G1]	YP_241101.1	3e-52 (107/110)		PHA02414 гипотетический белок	PHA024 14	1.54e-30	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
47	23857	24183	607	LTKYKDILKLEFKDALAHFKRDR RYFHYYRIDRVLINGSIIYFDYY YLPSDDPNIVIKELDLQSFGKLR FEIDTKTSYGKVVTDNYMEIIND FLENYDIHSESETVRP	108	Гипотетический мембранный белок MbpC [фаг Staphylococcus A5W]	ACB88047.1	4e-53 (105/108)	Мембранный белок MbpC				
48	24623	25009	608	LNNNIAIFIFKTLVIIIFLLLILSVIN SLSLIYSIRPSVVMTYFIFGGIVS NVALTVTDKFLLKKEDPLPEYV LKKVEINDKEIRIIKKIIESNYGIT AEEIKVRAKAQRRIEEDSKKED YDENKERN	128	Гипотетический мембранный белок MbpD [фаг Staphylococcus A5W]	ACB88048.1	4e-48 (125/128)	Мембранный белок MbpD	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены			
49	24987	25265	609	MKTKKEIKEQRKELKDGATSVS LVKKGDKRIASPSRICSLCGQQ LSGMNYTKGKALSKVNHFHLQ	92	ORF161 [фаг Staphylococcus G1]	YP_241104.1	5e-47(92/92)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены			

ФИГУРА 10H

136

137

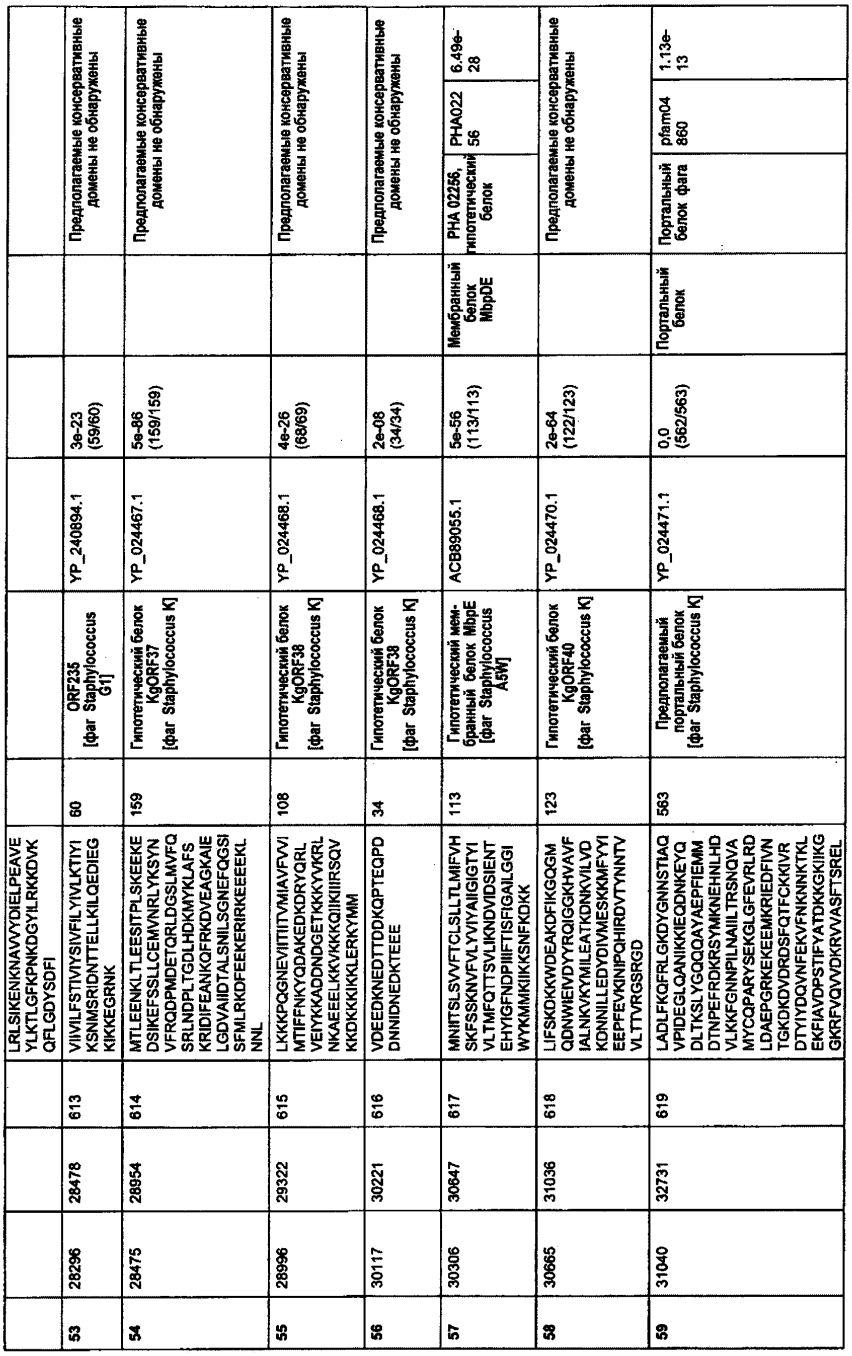


				YSKYIYFDICADINNCYKNLRKR GEMD							Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
50	25262	25672	610	LSAENIRDIINKKKLEEEDTRKYI ADGFMNGIGKLMYEFNKKVDN KEIEVKDPNDLYKLFVIFSQMQ NMVNETSEGGAIPQLSRPQQE LFDEITTEDSNGESTVDLQKISE MSAEDITAMISEKEKVMNEENS ETF	136	ORF133 [phar Staphylococcus G1]	YP_241105.1	2e-71 (135/136)		Терминаза GpA	pfam05 876	
51	25687	27504	611	MDGKELIKIAQETFQTEKITREQ IDHIINMLNPSTYMLKYHTLRGH PITFSIPNRDRSKAQAHRPWQT RIVNIDTHPNKAVIKSRQLGLSE MGVMEMVHFADMHSTYANAKC LYTFPTNEQMKKFVQSRLNPVL EKEYFRDIVDWDKDSLGFKKIR NSSLFRRTSSKASTVEGVDIDY LSLDEYDRVNLLAESSALESMS SSPFKIVRRWSTPSVPGMGIHK LYQQSDQWYYGHRCQHCDYL NEMSYNDYNPDNLEESGNMLC YNPEGVDEQAKTVQNGSYQFV CQKCGKPLDRWYNGEWHCKY PERTKGNKGVRGYLITQMNAV WISADELKEKEMNTESKQAFY NYILGYPFEDVKLRVNEEDVYG NKSPIAETQLMKRDRYSHIAIGI DWGNTHWITVHGMLPNGKVDL IRLFSVKKMTRPDLVEADLEKII WEISKYDPDIIIADNGDSGNMVL KLINHFGKDKVFGCTYKSSPKS TGQLRPEFNENNNRVTVDKLM QNKRYVQALKTKDISVYSTVDD DLKTFLKHWQNVVIMDEEDEK TGEMYQVIKRKGDDHYAQASV YAYIGLTRIKELLKEGNGTSFGS TFVSTDYNQEGNKQFYFDE	605	gp74 [phar Listeria A511]	YP_001468454.1	0.0 (308/503)	Большая субъединица терминазы			4.8e-22
52	27497	28318	612	MNRGEIDLTDKLFYGTISNEEIN KSVLNLLLGEELSLDYVSKNSD TLDVKYEHVYKSLGFDNFFDCF LYANREPEIVHKGGDKNLGGL NKVKRTVIRNGKEMEMTVYED GNKENDSKEKQEGKEEVSRSA VGARAISNGEEGKVNPKKVAN SLSNLSKKGVDVSHINTNSSLY KEFVDDNGDTLGITSFKRTEND IILESYASSHDSDGVGARAIMEL	273	Гипотетический белок KgORF36 [phar Staphylococcus K]	YP_024466.1	3e-153 (273/273)			Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

ФИГУРА 101

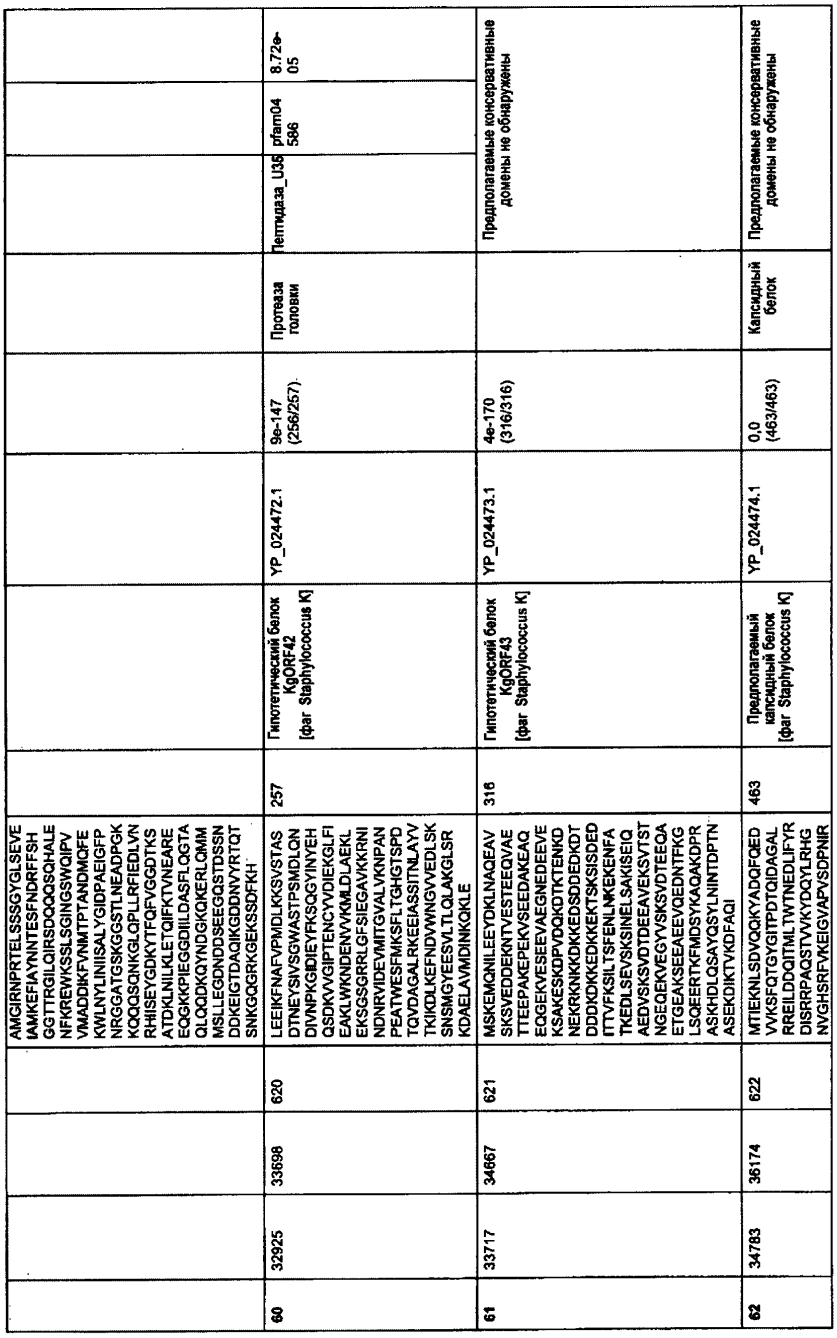
137

138



				LRLSIKENKNAVVYDIELPEAVE YLKTLGFKPNKDGYILRKKDVK QFLGDYSDFI								
53	28296	28478	613	VIIVILFSTIVIYSIVFILYIVLKTIY1 KSNMSRIDNTTELLKILQEDIEG KIKKEGRNK	60	ORF235 [фаг Staphylococcus G1]	YP_240894.1	3e-23 (59/60)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
54	28475	28954	614	MTLEENKLTLEESITPLSIKEEKE DSIKEFSSLLCEMVNRLYKSYN VFRQDPMDETQRLDGSLMVFQ SRLNDPLTGDLHDKMYKLAFS KRIDIFEANKQFRKDVEAGKAIE LGDVAIIDTALSNILSGNEFQGSI SFMLRKDFEEKERIRKEEEEKL NNL	159	Гипотетический белок KgORF37 [фаг Staphylococcus K]	YP_024467.1	5e-86 (159/159)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
55	28996	29322	615	LKKKPQGNEVIITITVMIAVFVVI MTIFFNKYQDAKEDKDRYQRL VEIYKKADDNDGETKKKYVKRL NKAEEELKKVKKKKQIIKIIRSQV KKDKKKKIKKLERKYMM	108	Гипотетический белок KgORF38 [фаг Staphylococcus K]	YP_024468.1	4e-26 (68/69)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
56	30117	30221	616	VDEEDKNEDTTDDKQPTEQPD DNNIDNEDKTEEE	34	Гипотетический белок KgORF38 [фаг Staphylococcus K]	YP_024468.1	2e-08 (34/34)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
57	30306	30647	617	MNITSLSVVFTCLSLLTLMIFVH SKFSSKNVFVLYVIYAIIGIGTY1 VLTMFQTTSVLIKNDVIDSIENT EHYIGFNDPIIIFTISFIGAILGGI WYKMMKIIKKSNFKDKK	113	Гипотетический мембранный белок MbpE [фаг Staphylococcus A5W]	ACB89055.1	5e-56 (113/113)	Мембранный белок MbpDE	PHA 02256, гипотетический белок	PHA022 56	6.49e-28
58	30665	31036	618	LIFSKDKKWDEAKDFIKGQGGM QDNWEIVDYYRQIGGKHVAVF IALNKVKYMILEATKDNKVILVD KDNNILLEDYDIVMESKKMFYYI EEPFEVKNIPQHIRDVTYNNTV VLTTVRGSRGD	123	Гипотетический белок KgORF40 [фаг Staphylococcus K]	YP_024470.1	2e-64 (122/123)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
59	31040	32731	619	LADLFKQFRLGKDYGNNSTIAQ VPIDEGLQANIKKIEQDNKEYQ DLTKSLYGQQQAYAEPFIEMM DTNPEFRDKRSYMKNEHNLHD VLKKFGNNPILNAIILTRSNQVA MYCQPARYSEKGLGFEVRLRD LDAEPGRKEKEEMKRIEDFIVN TGKDKDVDRDSFQTFCKKIVR DTYIYDQVNFEKVFNKNNKTKL EKFIAVDPSTIFYATDKKGKIIKG GKRFVQVVDKRVVASFTSREL	563	Предполагаемый портальный белок [фаг Staphylococcus K]	YP_024471.1	0,0 (562/563)	Портальный белок	Портальный белок фага	pfam04 860	1.13e-13

ФИГУРА 10J



				AMGIRNPRTELSSSGYGLSEVE IAMKEFIAYNNTESFNDRFFSH GGTTRGILQIRSDGQQQSQHALE NFKREWKSSLSGINGSWQIPV VMADDIKFVNMTPTANDMQFE KWLNYLINIISALYGIDPAEIGFP NRGGATGSKGGSTLNEADPGK KQQQSQNKGLQPLLRFIEDLVN RHIISEYGDKYTFQFVGGDTKS ATDKLNILKLETQIFKTVNEARE EQGKKPIEGGDIILDASFLQGTA QLQQDKQYNDGKQIKERLQMM MSLLEGDNDDSEEGQSTDSSN DDKEIGTDAQIKGDDNVYRTQT SNKGQGRKGEKSSDFKH								
60	32925	33698	620	LEEIKFNAFVPMDLKKSVSTAS DTNEYSIVSGWASTPSMDLQN DIVNPKGIDIEYFKSQGYINYEH QSDKVVGIPTENCYVDIEKGLFI EAKLWKNDENVVKMLDLAEKL EKSGSGRRLGFSIEGAVKKRNI NDNRVIDEVMITGVALVKNPAN PEATWESFMKSFLTGHGTSPD TQVDAGALRKEEIASSITNLAYV TKIKDLKEFNDVWNGVVEDLSK SNSMGYEESVLTLQLAKGLSR KDAELAVMDINKQKLE	257	Гипотетический белок KgORF42 [фаг Staphylococcus K]	YP_024472.1	9e-147 (256/257)	Протеаза головки	Пептидаза_U35	pfam04586	8.72e-05	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
61	33717	34667	621	MSKEMQNILEEVDKLNAQEAV SKSVEDDEKNTVESTEEQVAE TTEEPAKEPEKVSEEDAKEAQ EQGEKVESEEVAEGNEDEEVE KSAKESKDPVDQKDTKTENKD NEKRKNKKDKKEDSDDEDKDT DDDKDKKEDKKEKTSKSISDED ITTVFKSILTSPENLNKEKENFA TKEDLSEVSKSINELSAKISEIQ AEDVSKSVDTDEEAVEKSVTST NGEQEKVEGYVSKSVDTEEQA ETGEAKSEEAEEVQEDNTFKG LSQEERTKFMDSYKAQAKDPR ASKHDLQSAYQSYLNINTDPTN ASEKDIKTVKDFAQI	316	Гипотетический белок KgORF43 [фаг Staphylococcus K]	YP_024473.1	4e-170 (316/316)					Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
62	34783	36174	622	MTIEKNLSDVQQKYADQFQED VVKSFQTGYGITPDTQIDAGAL RREILDDQITMLTWTNEDLIFYR DISRRPAQSTVVKYDQYLRHG NVGHSRFVKEIGVAPVSDPNIR	463	Предполагаемый капсидный белок [фаг Staphylococcus K]	YP_024474.1	0,0 (463/463)	Капсидный белок				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены

ФИГУРА 10К

				QKTVSMKYVSDTKNMSIASQL VNNADPSQILTEDAIAVVAKTIE WASFYGDASLTSEVEGEGLEF DGLAKLIDKNNVINAKGNQLTE KHLNEAAVRIGKGFGTATDAY MPKGVHADFVNSILGRQMQLM QDNSGNVNTGYSVNGFYSSR GFIKLHGSTVMENELLDESLQP LPNAPQPAKVTATVETKQKGA FENEEDRAGLSYKVVVNSDDA QSAPSEEVTATVSNVDDGVKL SINVNAMYQQQPQFVSIYRQG KETGMYFLIKRVPVKDAQEDGT IVFVDKNETLPETADVFVGEMS PGVVHLFELLPMMKLPLAQMNA SITFAVLWYGALALRAPKKWAR IKNVRYIAV						
63	36266	36562	823	MLYYIKLLDKKMATVVGTVEID KDGVVKGLTKEQEKEFANVPG FEFEEEKKTTRKQSASTSKEEE PKEEEKKASTRKTTSTTRKSTA RKTTAKKDENK	98	ORF151 [фаг Staphylococcus G1]	YP_240904.1	7e-46 (97/98)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
64	36575	37483	624	MVNSMFGGDLDPYEKSLNYEY PYHPSGNPKHIDVSEIDNLTLA DYGWSPDAVKAYMFGIVVQNP DTGQPMGDEFYNKILERAVGK AERALDISLPDTQHEMRDYHE TEFNSYMFVHAYRKPILGVENL QLQFNGRPIYKYPANWWKVEH LAGHVQLFPTALMQTGQSMSY DAVFNGYPQLAGVYPPSGATF APQMRLEYVSGMLPRKKAGR NKPWEMPPELEQLVIKYALKEI YQVWGNLIKGAGIAAKTLEVDGI TETGTTQSAMYGGASAQILQI NEDIKELLDGLRAYFGYNMGL	302	Гипотетический белок KgORF45 [фаг Staphylococcus K]	YP_024475.1	2e-177 (302/302)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
65	37497	38375	625	MEKPYMIGANSNPNVINKSTTY TTTTQADEQDKPKYTTRLEFOT IDMIRFINDRGIKVLWEEAYFCP CLNPDTGHPRVDCPRCHGKGI AYLPPKETIMAIQSQEKGTNQL DIGILDTGTAIGTTQLEKRISYR DRFTVPEVLMPQQMIYFVNKD RIPKGIPLYYDVKEVTYIATQDG TVYEEDYEIKNNRLYLNEKYEN HTVTLKILMTLRYVVSDILKESR YQYTKFNQPKSKFENLPQKLLL	292	Гипотетический белок KgORF46 [фаг Staphylococcus K]	YP_024476.1	2e-170 (290/292)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены

ФИГУРА 10L

140

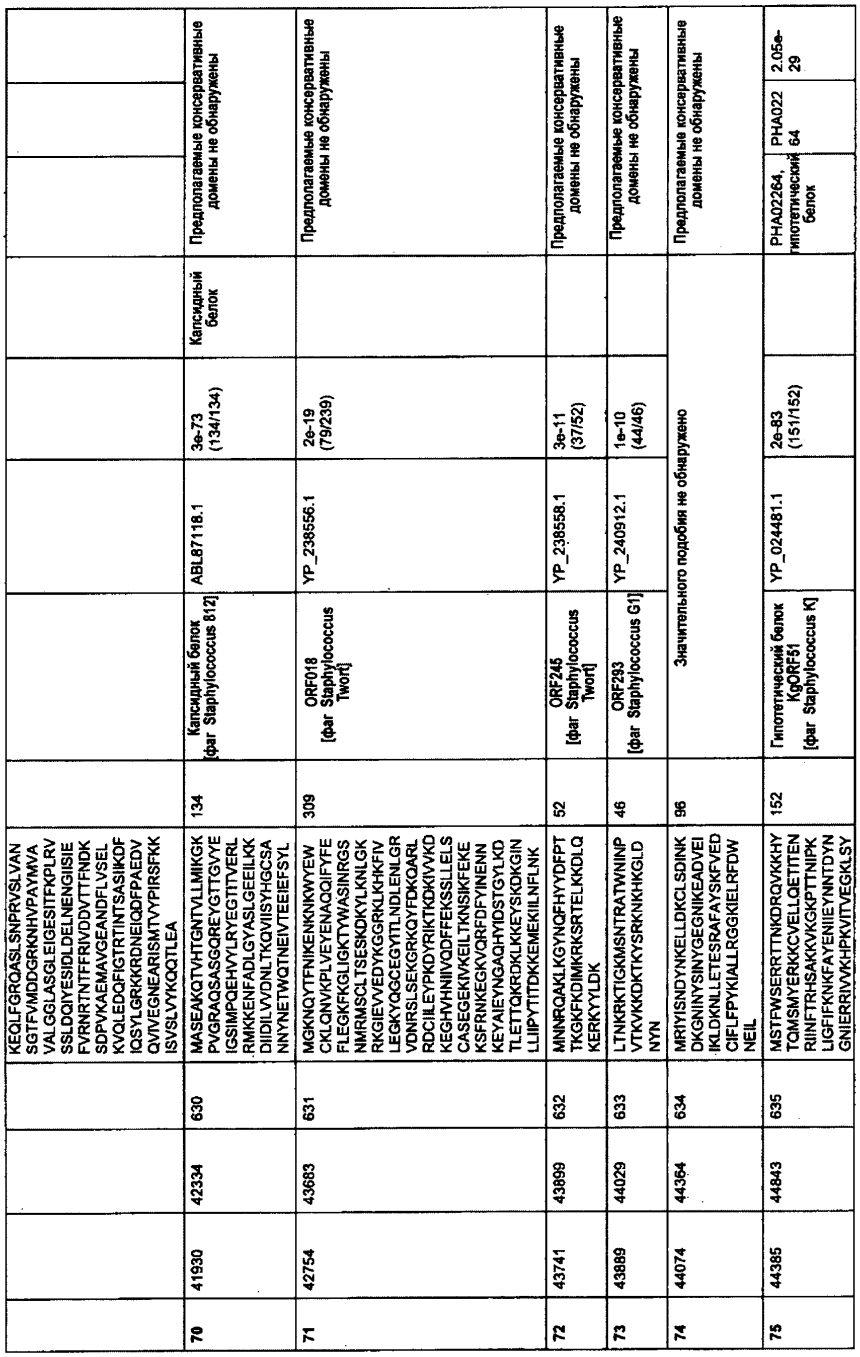
141

				KREDVIVLQDPYKVNDGIEEDL EIQVDDPKASASNPSNLGGFF GGAFK								
66	38375	38995	626	MPVHGKRPNLFKNKNYKQVGK RTIDGMRSEVLDKLQATAQQV ENTSIKRMPTYLQITEKKLEKEG VVDLKKAFAHSSKKKTSKDGG WYLTVPIRIKTSRMNNSTYQDM RTLKVDKGTGSVSKITDYLEGR RKNVSHPSMKPEPMTHNMTKV KRGKQSSYFIFRTVSSKSPASS WILNRDKVNEDNFSKTTLKTVK QLMNWKMKNLN	206	Гипотетический белок KgORF47 [фаг Staphylococcus K]	YP_024477.1	1e-116 (206/206)			Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
67	39014	39850	627	MAITSVDSYLLSEIKPRLNTVLE NCYIIDEVLKDFDYQTRESFKE AFCGKNAQHEVTVGFNFPKGFK NNYEAHYLIQLGQGQETKNSL GSIQSSYFEATGDTLVESSTAIR EDDKLVFTVSKPIGELIKVEDIE FAKYDNLQVEGNKVSFKYQTN EDYENYNANIIFTEKKNDSKGL VKGFTVEEQVTVVGLSFNVDV ARCLDAVLKMILISMRDSIEEQQ TFQLQNLSFGDIAPIIEDGDSMI FGRPTIIKYTSSLDLDYTITQDIN KLTFKERKDWK	278	Гипотетический белок KgORF48 [фаг Staphylococcus K]	YP_024478.1	3e-160 (278/278)			Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
68	39852	40067	628	MARKKTPENNTPKFNGYVHIDT FLDTAKTLFNMKDSQVAGFKA YMEGSHYLFSEQEFLPSLEKYL GRKLDI	71	ORF202 [фаг Staphylococcus G1]	YP_240909.1	2e-34 (70/71)			Предполагаемые консервативные домены не обнаружены	
69	40094	41857	629	MAVEPFPRRPITRPHASIEVDT SGIGGSAGSSEKVFCLIGQAEG GEPNTVYELRNYAQAKRLFRS GELLDAIELAWGSNPNYTAGKI LAMRIEDAKPASAEIGGLKVTS KIYGNVANNIQVGLEKNTLSDS LRLRVIFQDDRFNEVYDNIGNIF TIKYKGEEAANATFSVEHDEETQ KASRLVLKVGDQEVKSYDLTG GAYDYTNAIITDINQLPDFEAKL SPFGDKNLESSKKLDKIENANIK DKAVYVKAVFGDLEKQTAYNGI VSFEQLNAEGEVPSNVEVEAG EESATVTATSPIKTIEPFELTKLT GGTNGEPPATWADKLDKFAHE GGYYIVPLSSKQSVHAEVASFV KERSDAGEPMRAIVGGGFNES	587	Основной белок чехла хвостового отростка [фаг Staphylococcus 812]	ABL87117.1	0.0 (583/587)	Основной белок чехла хвостового отростка	фаг_чехол 1	pfam04984	6.04e-09

ФИГУРА 10М

141

142

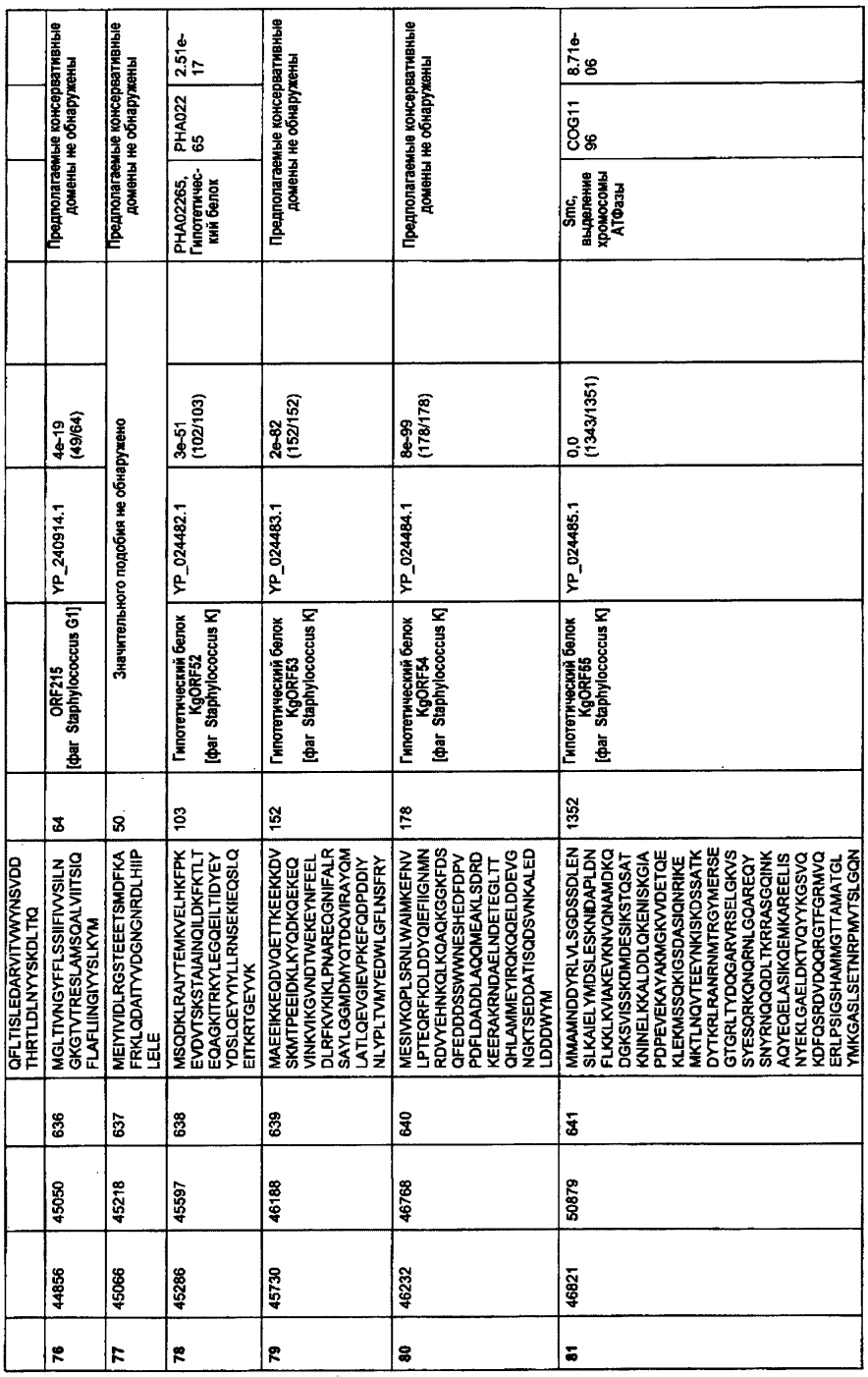


				KEQLFGRQASLSNPRVSLVAN SGTFVMDDGRKNHVPAYMVA VALGGLASGLEIGSESITFKPLRV SSLDQIYESIDLDELNENGIISIE FVRNRTNTFFRIVDDVTTFNDK SDPVKAEMAVGEANDFLVSEL KVQLEDQFIGTRTINTSASIKDF IQSYLGRKKRDNEIQDFPAEDV QVIVEGNEARISMTVYPIRSFKK ISVSLVYKQQTLEA							
70	41930	42334	630	MASEAKQTVHTGNTVLLMIKGK PVGRAQSASGQREYGTTGVYE IGSIMPQEHVYLRYEGTITVERL RMKKENFADLGYASLGEEILKK DIIDILVVDNLTKQVIISYHGCSA NNYNETWQTNEIVTEEIEFSYL	134	Капсидный белок [фаг Staphylococcus 812]	ABL87118.1	3e-73 (134/134)	Капсидный белок	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены	
71	42754	43683	631	MGKNQYTFNIKENKNKWYEW CKLQNVKPLVEYENAQQIFYFE FLEGKFKGLIGKTYWASINRGS NMRMSCLTSESKDKYLKNLGK RKGIEVVEDYKGGRKLKKHKFIV LEGKYQGCEGYTLNDLENLGR VDNRSLSEKGRKQYFDKQARL RDCILEYPKDYRIKTKDKIVVKD KEGHVHNIIVQDFFEKSSLLELS CASEGEKIVKEILTKNSIKFEKE KSFRNKEGKVQRFDFYINENN KEYAIEYNGAQHYIDSTGYLKD TLETTQKRDKLKKEYSIKDKGIN LLIIPYTITDKKEMEKIILNFLNK	309	ORF018 [фаг Staphylococcus Twort]	YP_238556.1	2e-19 (79/239)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены	
72	43741	43899	632	MNNRQAKLKGYNQFHYYDFPT TKGKFKDIMKRKSRTELKKDLQ KERKYYLDK	52	ORF245 [фаг Staphylococcus Twort]	YP_238558.1	3e-11 (37/52)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
73	43889	44029	633	LTNKRKTIGKMSNTRATWNINP VTKVKKKDKTKYSRKNKHKGLD NYN	46	ORF293 [фаг Staphylococcus G1]	YP_240912.1	1e-10 (44/46)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
74	44074	44364	634	MRHYISNDYNKELLDKCLSDINK DKGNINYSINYGEGNIKEADVEI IKLDKNLLETESRAFAYSKFVED CIFLFPYKIALLRGGKIELRFDW NEIL	96	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
75	44385	44843	635	MSTFWSERRTTNKDRQVKKHY TQMSMYERKKCVELLQETITEN RIINFTRHSAKKVKGKPTTNIPK LIGFIFKNKFAYENIIEYNNTDYN GNIERRIVVKHPKVITVEGKLSY	152	Гипотетический белок KpORF51 [фаг Staphylococcus K]	YP_024481.1	2e-83 (151/152)		PHA02264, гипотетический белок	PHA022 64	2.05e-29

ФИГУРА 10N

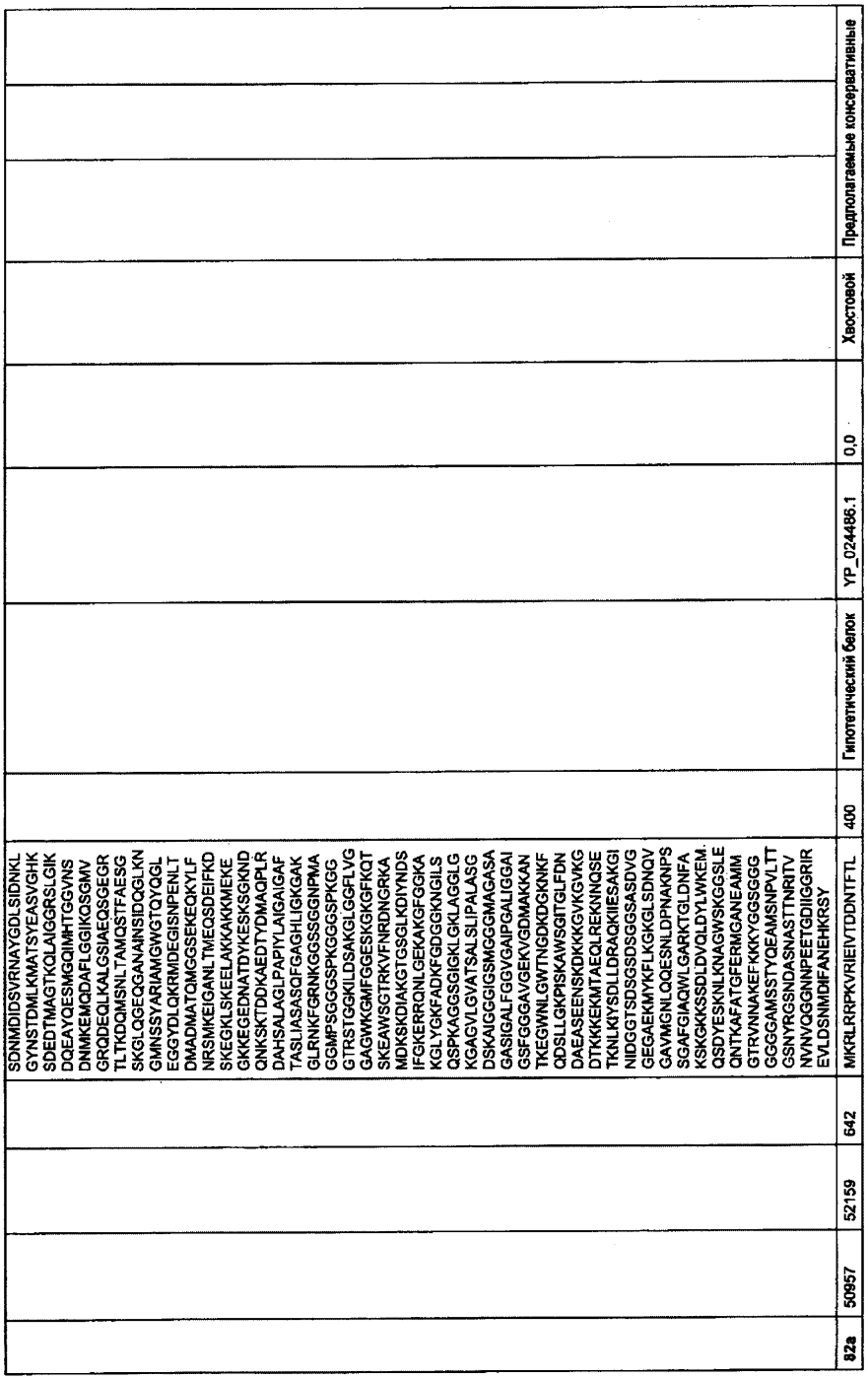
142

143



				QFLTISLEDARVITVWYNSVDD THRTLDLNYYSKDLTIQ		ORF215 [фаг Staphylococcus G1]	YP_240914.1	4e-19 (49/64)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
76	44856	45050	636	MGLTIVNGYFFLSSIIFIVVSILN GKGTVTRSLAMSQALVIITSIQ FLAFLIINGIYYSLKYM	64							
77	45066	45218	637	MEIYIVDLRGSTEEETSMDFKA FRKLQDAITYVDGNGNRDLHIIP LELE	50	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
78	45286	45597	638	MSQDKLRAJYTEMKVELHKFPK EVDVTSKSTAIAINQILDKFKTLT EQAGKITRKYLEGQEILTIDYEY YDSLQEVYIYLLRNSEKIEQSLQ EITKRTGEYVK	103	Гипотетический белок KgORF52 [фаг Staphylococcus K]	YP_024482.1	3e-51 (102/103)		PHA02265, Гипотетический белок	PHA022 65	2.51e-17
79	45730	46188	639	MAEEIKKEQDVQETTKEEKKDV SKMTPEEIDKLKYQDKQEKEQ VINKVIKGVNDTWEKEYNFEEL DLRFKVKIKLPNAREQGNIFALR SAYLGGMDMYQTDQVIRAYQM LATLQEVGIEVPKEFQDPDDIY NLYPLTVMYEDWLGFLNSFRY	152	Гипотетический белок KgORF53 [фаг Staphylococcus K]	YP_024483.1	2e-82 (152/152)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
80	46232	46768	640	MESIVKQPLSRNLWAIMKEFNV LPTEQRFKDLDDYQIEFIIGNMN RDVYEHNKQLKQAQKGGKFDS QFEDDDSSWWNESHEDFDPV PDFLDADDLAQQMEAKLSDRD KEERAKRNDAELNDETEGLTT QHLAMMEYIRQKQQELDDEVG NGKTSEDDATISQDSVNKALED LDDDWYM	178	Гипотетический белок KgORF54 [фаг Staphylococcus K]	YP_024484.1	8e-99 (178/178)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
81	46821	50879	641	MMAMNDDYRLVLSGDSSDLEN SLKAIELYMDSLESKNEDAPLDN FLKKLKVIAKEVKNVQNAMDKQ DGKSVISSKDMDESIKSTQSAT KNINELKKALDDLQKENISKGIA PDPEVEKAYAKMGKVVDETQE KLEKMSSQKIGSDASIQNRIKE MKTLNQVTEEYNKISKDSSATK DYTKRLRAANRNMTRGYMERSE GTGRLTYDQGARVRSELGKVS SYESQRKQNQRNLGQAREQY SNYRNQGQDLTKRRASGQINK AQYEQELASIKQEMKAREELIS NYEKLGAELDKTVQYYKGSVQ KDFQSRDVDQQRGTFGRMVQ ERLPSIGSHAMMGTTAMATGL YMKGASLSETNRPMVTSLGQN	1352	Гипотетический белок KgORF55 [фаг Staphylococcus K]	YP_024485.1	0.0 (1343/1351)		Smc, выделение хромосомы АТФазы	COG11 96	8.71e-06

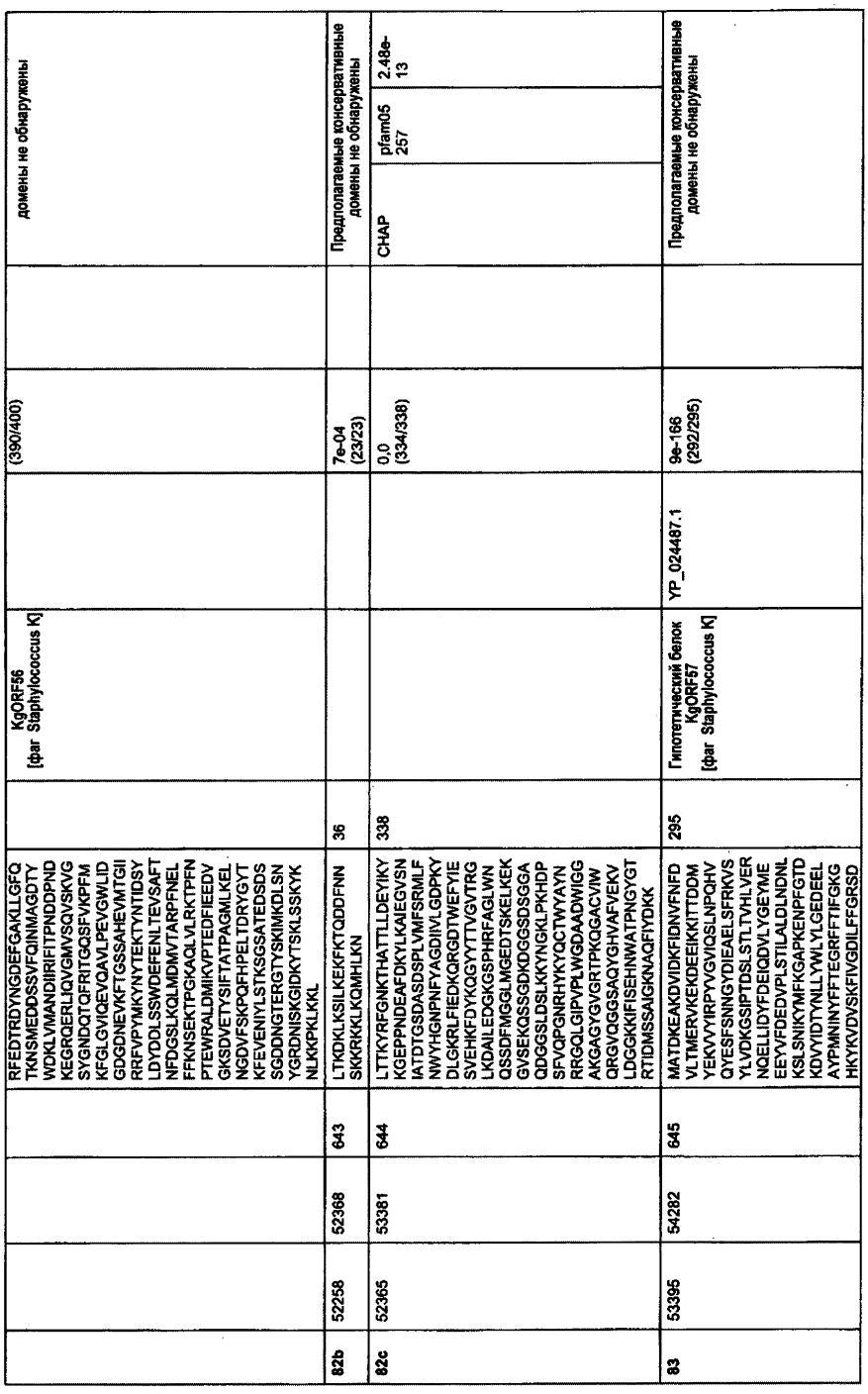
ФИГУРА 10О



ФИГУРА 10P

144

145

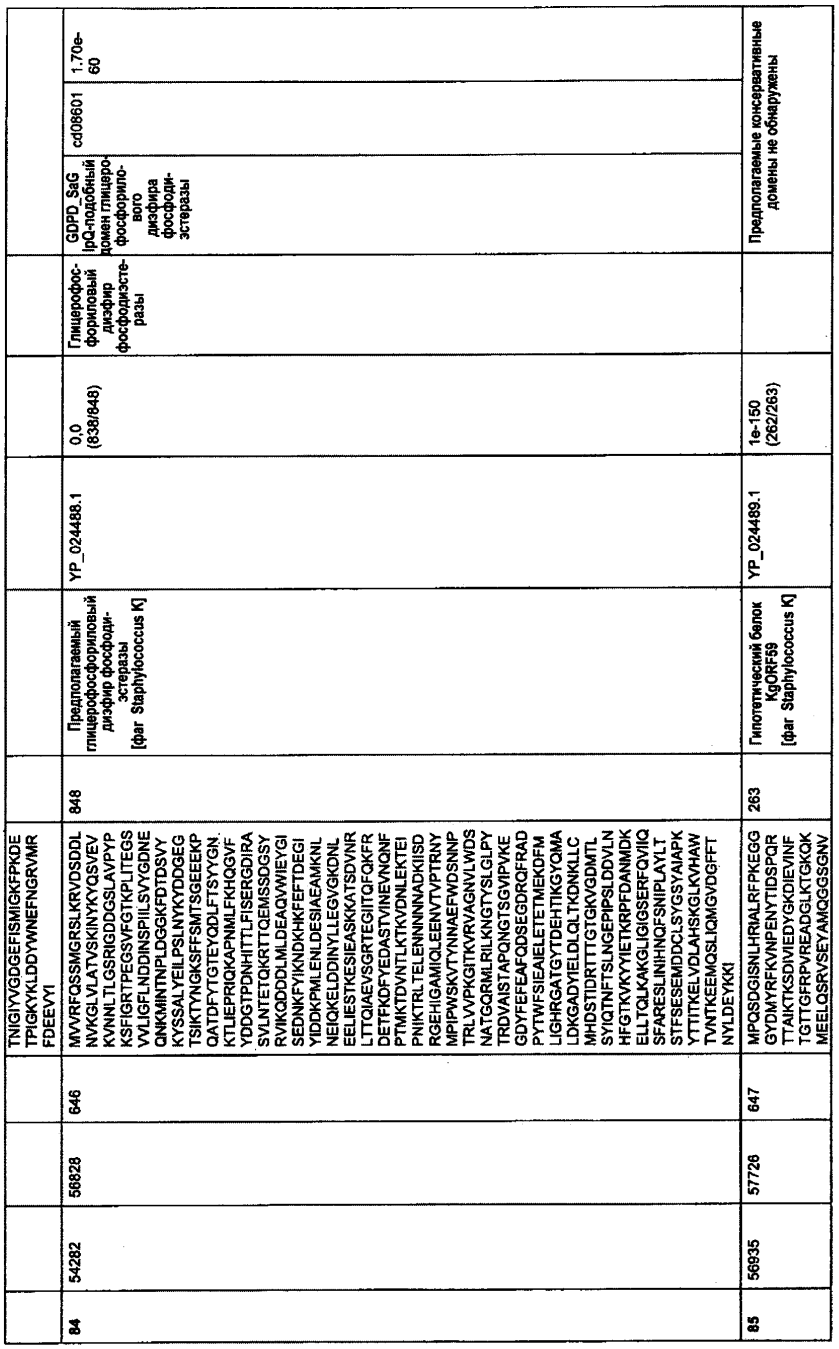


						KgORF56 [фаг Staphylococcus K]		(390/400)		домены не обнаружены		
				RFEDTRDYNGDEFGAKLLGFQ TKNSMEDDSSVFQINMAGDTY WDKLVMANDIIRIFITPNDDPND KEGRQERLIQVGMVSQVSKVG SYGNDQTQFRITGQSFVKPFM KFGLGVIQEVQAVLPEVGWLID GDGDNEVKFTGSSAHEVMTGII RRFVPYMKYNYTEKTYNTIDSY LDYDDLSSWDEFENLTEVSAFT NFDGSLKQLMDMVTARPFNEL FFKNSEKTPGKAQLVLRKTPFN PTEWRALDMIKVPTEDFIEEDV GKSDVETYSIFTATPAGMLKEL NGDVFSKPQFHPELTDRYGYT KFEVENIYLSTKSGSATEDSDS SGDDNGTERGTYSKIMKDLSN YGRDNISKGIDKYTSKLSSKYK NLKKPKLKKL					Предполагаемые консервативные домены не обнаружены	
82b	52258	52368	643	LTKDKLKSILKEKFKTQDDFNN SKKRKKLKQMHLKN	36		7e-04 (23/23)		CHAP	pfam05257	2.48e-13
82c	52365	53381	644	LTTKYRFGNKTHATTLLDEYIKY KGEPPNDEAFDKYLKAIEGVSN IATDTGSDASDSPLVMFSRMLF NWYHGNPNFYAGDIIVLGDPKY DLGKRLFIEDKQRGDTWEFYIE SVEHKFDYKQGYYTTVGVTRG LKDAILEDGKGSPHRFAGLWN QSSDFMGGLMGEDTSKELKEK GVSEKQSSGDKDGGSDSGGA QDGGSLDSLKKYNGKLPKHDP SFVQPGNRHYKYQCTWYAYN RRGQLGIPVPLWGDAADWIGG AKGAGYGVGRTPKQGACVIW QRGVQGGSAQYGHVAFVEKV LDGGKKIFSEHNWATPNGYGT RTIDMSSAIGKNAQFIYDKK	338			0,0 (334/338)			
83	53395	54282	645	MATDKEAKDVIDKFIDNVFNFD VLTMERVKEKDEEIKKITTDDM YEKVVYIRPYVGVIQSLNPQHV QYESFSNNGYDIEAELSFRKVS YLVDKGSIPTDSLSTLTVHLVER NQELLIDYFDEIQDVLYGEYME EEYVFDEDVPLSTILALDLNDNL KSLSNIKYMFKGAPKENPFGTD KDVYIDTYNLLYWLYLGEDEEL AYPMNNYFFTEGRFFTIFGKG HKYKVDVSKFIVGDILFFGRSD	295	Гипотетический белок KgORF57 [фаг Staphylococcus K]	YP_024487.1	9e-166 (292/295)	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

ФИГУРА 10Q

145

146



				TNIGIYVGDGEFISMIGKFPKDE TPIGKYKLDDYWNEFNGRVMR FDEEVYI								
84	54282	56828	646	MVVRFQSSMGRSLKRVDSDDL NVKGLVLATVSKINYKYQSVEV KVNNLTLGSRIGDDGSLAVPYP KSFIGRTPEGSVFGTKPLITEGS VVLIGFLNDDINSPIILSVYGDNE QNKMINTNPLDGGKFDTDSVY KYSSALYEILPSLNYKYDDGEG TSIKTYNGKSFFSMTSGEEEKP QATDFYTGTEYQDLFTSYYGN KTLIEPRIQKAPNMLFKHQGVF YDDGTPDNHITTLFISERGDIRA SVLNTETQKRTTQEMSSDGSY RVIKQDDLMLDEAQVWIEYGI SEDNKFYIKNDKHKFEFTDEGI YIDDKPMLENLDESIAEAMKNL NEIQKELDDINYLLEGVGKDNL EELIESTKESIEASKKATSDVNR LTTQIAEVSGRTEGIITQFQKFR DETFKDFYEDASTVINEVNQNF PTMKTDVNTLKTKVDNLEKTEI PNIKTRLTELENNNNNADKIISD RGEHIGAMIQLEENVTVPTRNY MPIPWSKVTYNNAEFWDSNNP TRLVVPKGITKVRVAGNVLWDS NATGQRMLRILKNGTYSLGLPY TRDVAISTAPQNGTSGVIPVKE GDYFEFEAFQDSEGDRQFRAD PYTWFSIEAIELETETMEKDFM LIGHRGATGYTDEHTIKGYQMA LDKGADYIELDLQLTKDNKLLC MHDSTIDRTTTGTGKVGDMTL SYIQTNFTSLNGEPIPSLDDVLN HFGTKVKYYIETKRPFDANMDK ELLTQLKAKGLIGIGSSERFQVIIQ SFARESLINIHNQFSNIPLAYLT STFSESEMDDCLSYGSYAIAPK YTTITKELVDLAHSKGLKVHAW TVNTKEEMQSLIQMGVDGFFT NYLDEYKKI	848	Предполагаемый глицерофосфорильный диэфир фосфодиэстеразы [фаг Staphylococcus K]	YP_024488.1	0,0 (838/848)	Глицерофосфорильный диэфир фосфодиэстеразы					
85	56935	57726	647	MPQSDGISNLHRIALRFPKEGG GYDMYRFKVNPENYTIDSPQIR TTAIKTKSDIVIEDYGKDIEVINF TGTTGFRPVREADGLKTGKQIK MEELQSRVSEYAMQGGSGNV	263	Гипотетический белок KgORF59 [фаг Staphylococcus K]	YP_024489.1	1e-150 (262/263)		GDPD_SaG IpQ-подобный домен глицерофосфорильного диэфира фосфодиэстеразы	cd08601	1.70e-60	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены

ФИГУРА 10R

146

147

				SGSYLQFFNFTDDSYYKVHLAP QGLKITRSKDEPLLFRYEITLVVI GSLTEADRSAVTTEEFGNVKP NASQRVDEGIKELDKNARKTR DRNNQEISKRENTIPKSTGDNT NEGNRLKQSFPSSSIYNPRQST NGLKGNIDNMALIIGYGDGGVS S										Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
86	57726	58250	648	MNNFIPQPQGLLRFLNALDADL TSSHMNLLDEEVSFVSKFYTPQ LQLSELAKKVLTNIKTDDIPVLE REFNDNTIIHKANDTLLKVQAP RMYMILQSIVLEAYAIVNCFVEN PSSLKYLTEEDVSITRENLNYV ADYLGNYDDYNSVVLDLRDLD LCFSAIELQLPLIKKEANV	174	ORF078 [phar Staphylococcus G1]	YP_240925.1	8e-95 (173/174)	Базальная пластинка	DUF1371, белок неизвестной функции	pfam07115	7.96e-04		
87	58250	58954	649	MRFKKHVVQHEETMQAIAQRY YGDVSYWIDLVEHNNLKYPYLV ETDEEKMKDPERLASTGDTLIIP IESDLTDVSAKEINSRDKDVLVE LALGRDLNITADEKYFNEHGTS DNILAFSTNGNGDLDTVKGIDN MKQQLQAARLLTPRGSLMLHPN YGSDLHNLFGLNIPEQATLIEM EVLRTLTSDNRVKSANLIDWKI QGNVYSGQFSVEIKSVEESINF VLGQDEEGIFALFE	234	Предполагаемый белок базальной пластинки фага [phar Staphylococcus K]	YP_024491.1	2e-134 (234/234)							
88	58969	60015	650	MKTRKLTNILSKLIDKTMAGTSK ITDFTPGSASRSLLEAVSLEIEQ FYILTKENIDWGIQEGIIEAFDFQ KRQSKRAYGDVTIQFYQPLDM RMYIPAGTTFTSTRQEYPQQFE TLVDYYAEPDSTEIVVEVYCKE TGVAGNVPEGTINTIASGSSLIR SVNNEYSFNTGTKEESQEDFK RRFHSFVESRGRATNKSVRYG ALQIPDVEGVYVYEETGHITVF AHDRNGNLSDTLKEDIIDALQD YRPSGIMLDVTGVEKEEVNVSA TVTSNIKSRIGDTLQKHIEGVIR SYLNNLKTSDDLIITDLIQAIMNI DDVLIYDVSFDNLDENIIVPPQG IIRAGEIKVELK	348	Гипотетический белок KgORF62 [phar Staphylococcus K]	YP_024492.1	0,0 (347/348)		XkdT, неохарактеризованный гомолог MU-белка фага	COG3299	3.44e-05		
89	60036	62600	651	VANFLKNLHPLLRRDRNKKDN QDPNFALIDALNEEMNQVEKD AIESKLQSSLKTSTSEYLDKFG DWFGVYRKTDENDDVYRARIIK	854	Гипотетический белок KgORF63 [phar Staphylococcus K]	YP_024493.1	0,0 (498/545)						Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

ФИГУРА 10S

147

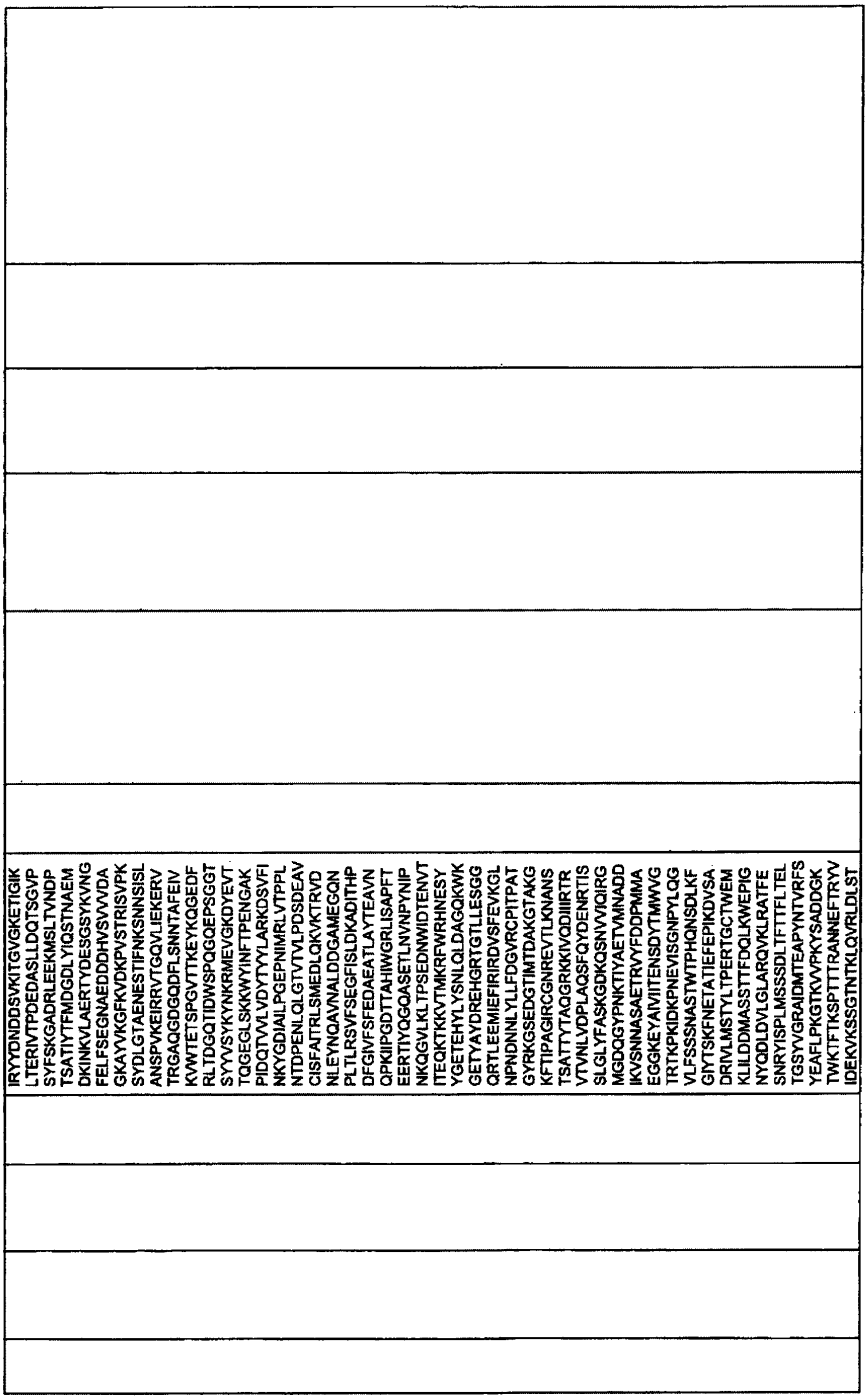
148

				YLLLKRGTNNAIIDAIKDYLGRD DIDVSVYEPFTNIFYTNKSHLNG EDHLMGYYRFAVINWSIGDYF PVEIIDVINEFKPAGVTLYVTYD GASTIRGGAIIKWLDGLPKIETY QEFDRFTGYDDTFYGHINMNQ SKDTDNSTSDIFKTNHSLINSLD VLTGSSSVGRQYVNYGYITSYV YNPGMTSSVNQISASTEGRGQ EVPTDYYMYTSTKNNNTVELS MQTTSGVSYLYNNFNFRDYMS KYRPQVNLQSDEARRIVSDYIK ELSIDYYLSAVIPPDIESIEIKLQV YDFSINRWLTVSINNLSFYEKNI GSNIGYIKDYLNSELNMFTRLEI NAGKRDSVDIKVNYLDLMPYYY ERGIYTIKPYKALVENYLDISRE TVVEAFKISSLSNGDITKTGYL PIGYLRVSGDIDNLSNHIEIITID NNTNSITSTLLEDDSNSLILSYG NVKTNIHSFELNSDASISNIKFE YSYYGDAWEELTYLTEISEGET IVPNILIDLYGLQTVDYSNINPM SKVSLRSIMNVKLGELNNKEGS LSNIMPNDYFNAVWQDIDKLSDI DLGSMRMIKDTEGGVFDGATG EIIKATLFNVGVVTDLDMLAYTL TNYTEPITLGSSRLISELKEELLT SESFNVDNRIKVIDSISEQLPNN NILSNSYQTQTTQNGFAKYNL KEPIEQRKQYNLRIHGDFKEGL ERLAIGNSNGSFNEVFVYPENI KDGIVDITYTSRDDNYAEGKQR LNNDYRVYAQPYDSEVVTIYSL ELIKV	173	Гипотетический белок KgORF64 [фаг Staphylococcus K]	YP_024494.1	3e-95 (172/173)	Базальная пластинка структурного белка	Фаг Gp8, базальная пластинка структурного белка	pfam09 215	6.79e-04
90	62711	63232	652	MAIATYNSHVELAKYLVSKADS VYLTIGKSTPWSNETNPPQPDE NATVLQEVIGYKKKATIKVTLVRP SKSPEDDNKNLISYGNKSWVE VTPENAKDEGAKWVYLESSIV GDELPLGTYRQVGFVMDLVAK SGISKFNLVPSEVESTGTLLFFD NKQFQNRSEQTTAKERFIVEV	1152	Гипотетический белок KgORF65 [фаг Staphylococcus K]	YP_024495.1	0,0 (1147/1152)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
91	63253	66711	653	MAINFKGSPYLDRFDPSKDRTK VLFNPDRPLQQAELNEMQSID QYYLKNLGDAIFKDGDKQSGL GFTLSEDNVLTVNPGYVYINGK										

ФИГУРА 10Т

148

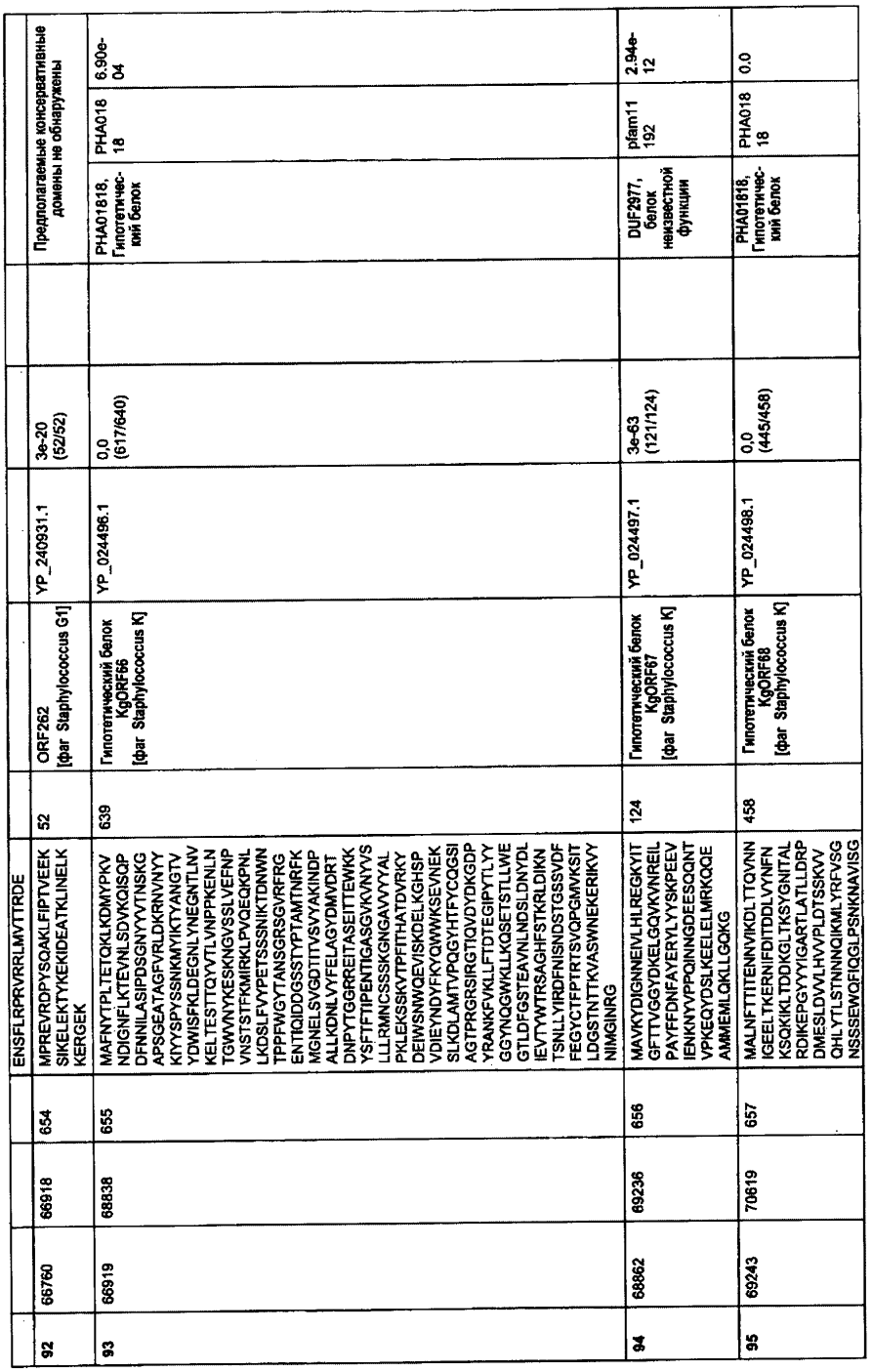
149



ФИГУРА 10U

149

150



				ENSFLRPRVRRLMVTTRDE							
92	66760	66918	654	MPREVRDPYSQAKLFIPTVEEK SIKELEKTYKEKIDEATKLINELK KERGEK	52	ORF262 [фаг Staphylococcus G1]	YP_240931.1	3e-20 (52/52)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены	
93	66919	68838	655	MAFNYTPLTETQKLKDMYPKV NDIGNFLKTEVNLSDVKQISQP DFNNILASIPDSGNYYVTNSKG APSGEATAGFVRLDKRNVNYY KIYYSPYSSNKMYIKTYANGTV YDWISFKLDEGNLYNEGNTLNV KELTESTTQYVTLVNPPKENLN TGWVNYKESKNGVSSLVEFNP VNSTSTFKMIRKLPVQEQKPNL LKDSLFVYPETSSSNIKTDNWN TPPFWGYTANSGRSGVRFRG ENTRQIDDGSSTYPTAMTNRFK MGNELSVGDTITVSVYAKINDP ALLKDNLVYFELAGYDMVDRT DNPYTGGRREITASEIITEWKK YSFTFTIPENTIGASGVKVNYVS LLLRMNCSSSKGNGAVVYYAL PKLEKSSKVTPFITHATDVRKY DEIWSNWQEVISKDELKGHSP VDIEYNDYFKYQWWKSEVNEK SLKDLAMTVPQGYHTFYCQGSI AGTPRGRSIRGTIQVDYDKGDP YRANKFVKLLFTDTEGIPYTLYY GGYNQGWKLLKQSETSTLLWE GTLDFGSTEAVNLNDSLDNYDL IEVTYWTRSAGHFSTKRLDIKN TSNLLYIRDFNISNDSTGSSVDF FEGYCTFPTRTSVQPGMVKSIT LDGSTNTTKVASWNEKERIKVY NIMGINRG	639	Гипотетический белок KgORF66 [фаг Staphylococcus K]	YP_024496.1	0,0 (617/640)		PHA01818, Гипотетический белок	PHA018 18	6.90e-04
94	68862	69236	656	MAVKYDIGNNEIVLHLRECKYIT GFTTVGGYDKELGQVKVNREIL PAYFFDNFAYERYLYYSKPEEV IENKNYVPPQINNGDEESQQNT VPKEQYDSLKEELELMRKQQE AMMEMLQKLLGQKG	124	Гипотетический белок KgORF67 [фаг Staphylococcus K]	YP_024497.1	3e-63 (121/124)		DUF2977, белок неизвестной функции	pfam11 192	2.94e-12
95	69243	70619	657	MALNFTTITENNVIKDLTTQVNN IGEELTKERNIFDITDDLVYNFN KSQKIKLTDDKGLTKSYGNITAL RDIKEPGYYYIGARTLATLLDRP DMESLDVVLHVVPLDTSSKVV QHLYTLSTNNNQIKMLYRFVSG NSSSEWQFIQGLPSNKNAVISG	458	Гипотетический белок KgORF68 [фаг Staphylococcus K]	YP_024498.1	0,0 (445/458)		PHA01816, Гипотетический белок	PHA018 18	0.0

ФИГУРА 10V

150

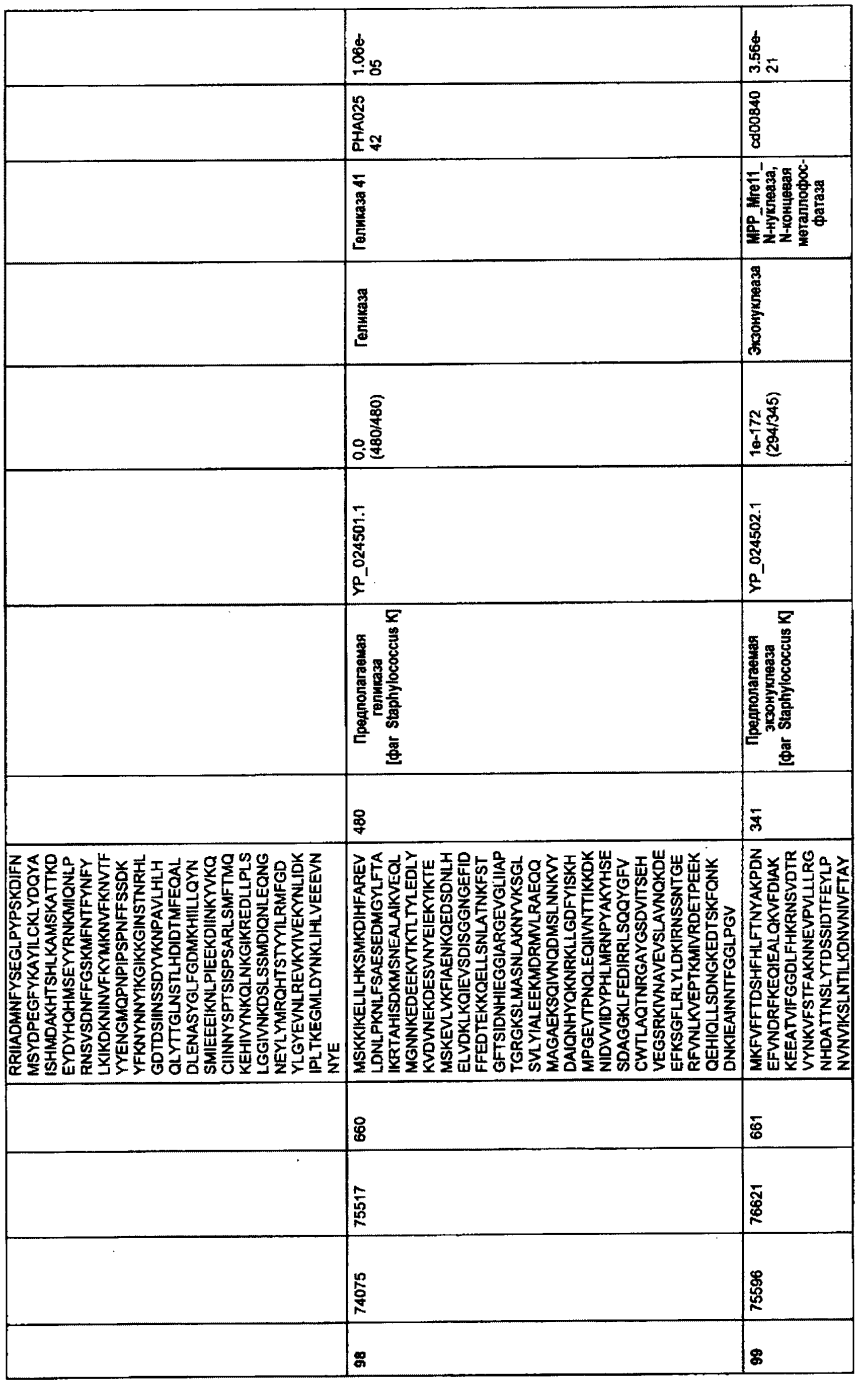
151

				TNILDIASPGVYFVMGMTGGMP SGVDSGFLDLSVDANDNRLAR LTDAETGKEYTSIKKPTEVYTA WKKEFEPKDMEKYLLSSIRDD GSASFPLLVYTSDNKTFQQAIID HIDRTGQTTFTFVVQGGVSGS PMSNSCRGLFMSDTPNTSSLH GVYNAIGTDGRNVTGSVVGGN WTSPKTSPSHKELWTGAQSFL SVGTTKNLADDISNYSYVEVYT KHKTVEKTKGNDDSGTICHKFY LDGSGTYVCSGTFVSGDRTDT KPPVTEFYRVGVSFKGSTWTL VDSAVQNSKTQYVTRIIGINMP									
96	70709	72457	658	MRLRIKNLYTYVEFEEDDKYLK DIFLKRVHTTIGARQEGFQYSP AYKRGSWDDGYVDFYVYEEDKF PTGLLFKIELLGELQSRYNFQF ETIDERDESFLSEEDIDDEITLL DNNVGQITLRDYQYEAVYNSLT FYNGIAHLATNGGKTEVASGIID QLLPQLEKGERVAFFTGSTEIF HQSADRLQERLNIPIGKVGAGK FDVKQVTVVMIPTLNANLKDPT QGVKVTPKQNISKKIAQEILPKF EGGTNQKKLLKVLLDNTTPKTK VEQNVLSALEIIYQNSKTDAEVL LNLRNHNAHFQKIVREKNEKKY DKYQDMRDFLDSVTVMIVDEA HHSKSDSWYNNLMTCEKALYR IALTGSIDKKDELLWMRLQALF GNVIARTTNKFLIDEGHSARPTI NIIPVANPNDIDRIDDYREAYDK GITNNDFRNKLIAKLTEKWYNQ DKGTLIVNFIEHGDTISEMLNDL DVEHYFLHGEIDSETRREKLND MRSGKLKVMIATSLIDEGVDIS GINALILGAGGKSLRQTLQRIGR ALRKKKDDNTTQIFDFNDMTNR FLYTHANERRKIYEEEDFEIKDL GK	582	Предполагаемая геликаза [фаг Staphylococcus K]	YP_024499.1	0.0 (582/582)	Геликаза	HELICc: С-концевой домен супер-семейства геликаз	cd00079	1.80e-12
97	72469	74082	659	MATKTQRKLYQYLEENATENK FHISTKKELADSLGVSISALSNN LKKLEEENKVVTVSKRGKNGG VIITLVREYDTEELKEFNNNSTDN IITSDLQYAKALREKHFPSYRYE RKEQRRRTKIEMAQYNAIKDEK	537	Предполагаемый белок Rep [фаг Staphylococcus K]	YP_024500.1	0.0 (531/537)	Белок, регулирующий транскрипцию	HTH_ARSR: суперсемейство бактериальной транскрипции спиральный поворот-спираль	cd00090	4.28e-03

ФИГУРА 10W

151

152



				RRIIADMNFYSEGLPYPSKDIFN MSYDPEGFYKAYILCKLYDQYA ISHMDAKHTSHLKAMSKATTKD EYDYHQHMSEYYRNKMIQNLP RNSVSDNFFGSKMFNTFYNFY LKIKDKNINVFKYMKNVFKNVTF YYENGMQPNPIPSPNFFSSDK YFKNYNNYIKGIKKGINSTNRHL GDTDSIINSSDYVKNPAVLHLH QLYTTGLNSTLHDIDTMFEQAL DLENASYGLFGDMKHILLQYN SMIEEEIKNLPIEEKDIINKYVKQ CIINNYSPTSISPSARLSMFTMQ KEHIVYNKQLNKGIKREDLLPLS LGGIVNKDSLSSMDIQNLEQNG NEYLYMRQHTSTYYILRMFGD YLGYEVNLREVKYIVEKYNLIDK IPLTKEGMLDYNIKLIHLVEEEVN NYE									
98	74075	75517	660	MSKKIKEILILHKSMKDIHFAREV LDNLPKNLFSAESEDMGYLFTA IKRTAHISDKMSNEALAIKVEQL MGNNKEDEEKVTKTLTYLEDLY KVDVNEKDESVNYEIEKYIKTE MSKEVLVKFIAENKQEDSDNLIH ELVDKLKQIEVSDISGGNGEFID FFEDTEKKQELLSNLATNKFST GFTSIDNHIEGGIARGEVGLIIAP TGRGKSLMASNLAKNYVKSGL SVLYIALEEKMDRMVLRAEQQ MAGAEKSQIVNQDMSLNNKVY DAIQNHYQKNRKLLGDFYISKH MPGEVTPNQLEQIIVNTTIKKDK NIDVVIDYPHLMRNPYAKYHSE SDAGGKLFEDIRRLSQQYGFV CWTLAQTNRGAAYGSDVITSEH VEGSRKIVNAVEVSLAVNQKDE EFKSGFLRLYLDKIRNSSNTGE RFVNLKVEPTKMIVRDETPEEK QEHIQLLSDNGKEDTSKFQNK DNKIEAINNTFGGLPGV	480	Предполагаемая геликаза [фаг Staphylococcus K]	YP_024501.1	0,0 (480/480)	Геликаза	Геликаза 41		PHA025 42	cd00840	1.06e-05
99	75596	76621	661	MKFVFFTDSHFHLFTNYAKPDN EFVNDRFKEQIEALQKVFDIAK KEEATVIFGGDLFHKRNSVDTR VYNKVFSTFAKNNEVPVLLLRG NHDATTNSLYTDSSIDTFEYLP NVNVIKSLNTILKDNVNIVFTAY	341	Предполагаемая экзонуклеаза [фаг Staphylococcus K]	YP_024502.1	1e-172 (294/345)	Экзонуклеаза	MPP_Mre11_ N-нуклеаза, N-концевая металлофос-фатаза	cd00840	3.56e-21

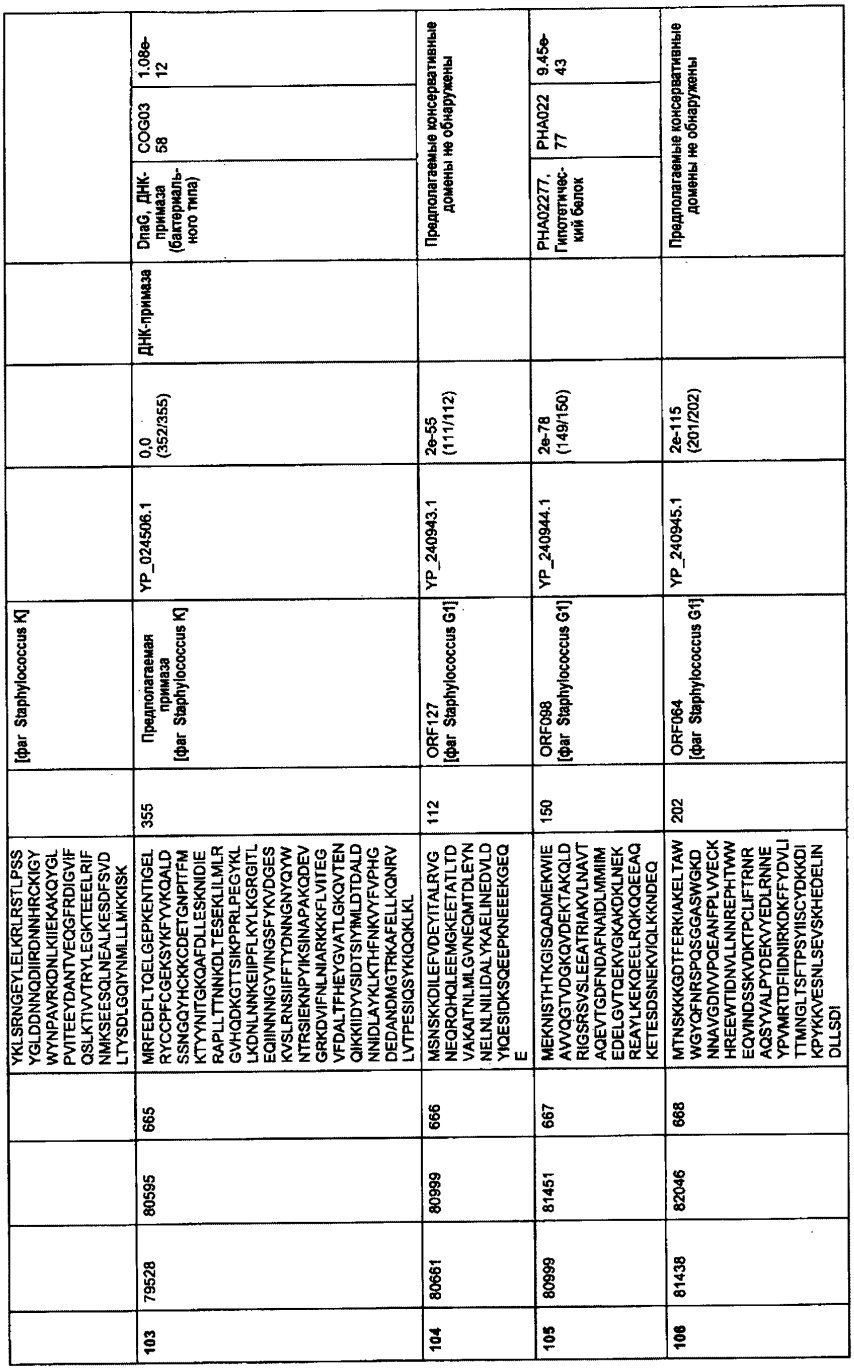
ФИГУРА 10Х

152

153

				GDETKEIKTYINSNYDKDMVNIL VGHLGVEGSLTGKGSHRLEGA FGYQDLLPDKYDFILLGHYHRR QYFQNPNHFYGGSLMQQSFS DEQEANGVHLIDTDKMTTEFIPI HTRRFITIQGEDIPDNFEQLIEE DNFIRVIGTANHAKVLEMDDSM KDKNVEVQIKKEYTVEKRIDSD VSDDPLTIASTYAKQYSPESEQ EILECLKEVL								
100	76621	76998	662	MKKYREYLNKTDAENLAEDWE KVTEDLWKVFKDMKPKINTLDI SNVCSKDLDKSKPILQFQDSD GVIENICNVEGLEDGLSKMKKIF DDSNFEKHYYNRVVDHDGYY WIDYGSHHCFFRVTKGDK	125	Гипотетический белок KgORF73 [фаг Staphylococcus K]	YP_024503.1	3e-65 (123/125)			PHA02275, гипотетический белок	PHA022 75	2.14e-21
101	76998	78917	663	MVVFKQVEVNNFLAIKEATLEL DNRGLILEGENKSNESFHSNG SGKSTLISAITYALYGKTEKGLK ADDVVNNIEKKNTSVKLKFDIG EDSYLIERYRKDKENKNKVKLF VNEKEITGSTNDVTDKQIQDLF GIEFNTYVNAIMYGQGDIPMFS QATDKGKKEILESITKTDVYKQ AQDVAKEKVKEVEEQQNNIRQ EIYKLGYQLSTKDEYFQREIEQ YNQYKEQLVQIENSNKEKDRL REQEEKQIEAQIEQLASQIPTIP EDEFKHSEEYNKASQSLDLLSN KLTELNQVYSEYNTKEQVLKSE IATLSNSLNQLDINDHCPVCGS PIDNSHKLKEQENISNQIENKK QEITSVLEMKDTYKEAIDKVKD KSQEIKDKMSQEDQQEREHNN KINSIIQEASRIKSDISSLENNKT YLKVKYQHQSVQGLEREEPSK EKHEEDKKELQESIDKHEENIV QLETKKGKYQQAVDAFSNKGI RSVVLDFITPFLNEKANEYLQTL SGSDIEIEFQTQVKNAKGELKD KFDVIVKNNKGGGSYKSNSAG EQKRIDLAISFAIQDLIMSKDEIS TNIALYDECFDGLDTIGCENVIK LLKDRLNTVGTIFVITHNTELKP LFEQTIKIVKENGVSKLEEK	639	Предполагаемая экзонуклеаза [фаг Staphylococcus K]	YP_024504.1	0.0 (636/639)	Экзонуклеаза	Суб-единица 46 эндонуклеазы	PHA025 62	1.68e-26
102	78917	79513	664	MKLKILDKDNATLNVFHRNKEH KTIDNVPTANLVDWYPLSNAYE	198	Гипотетический белок KgORF75	YP_024505.1	2e-111 (197/198)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены			

ФИГУРА 10Y

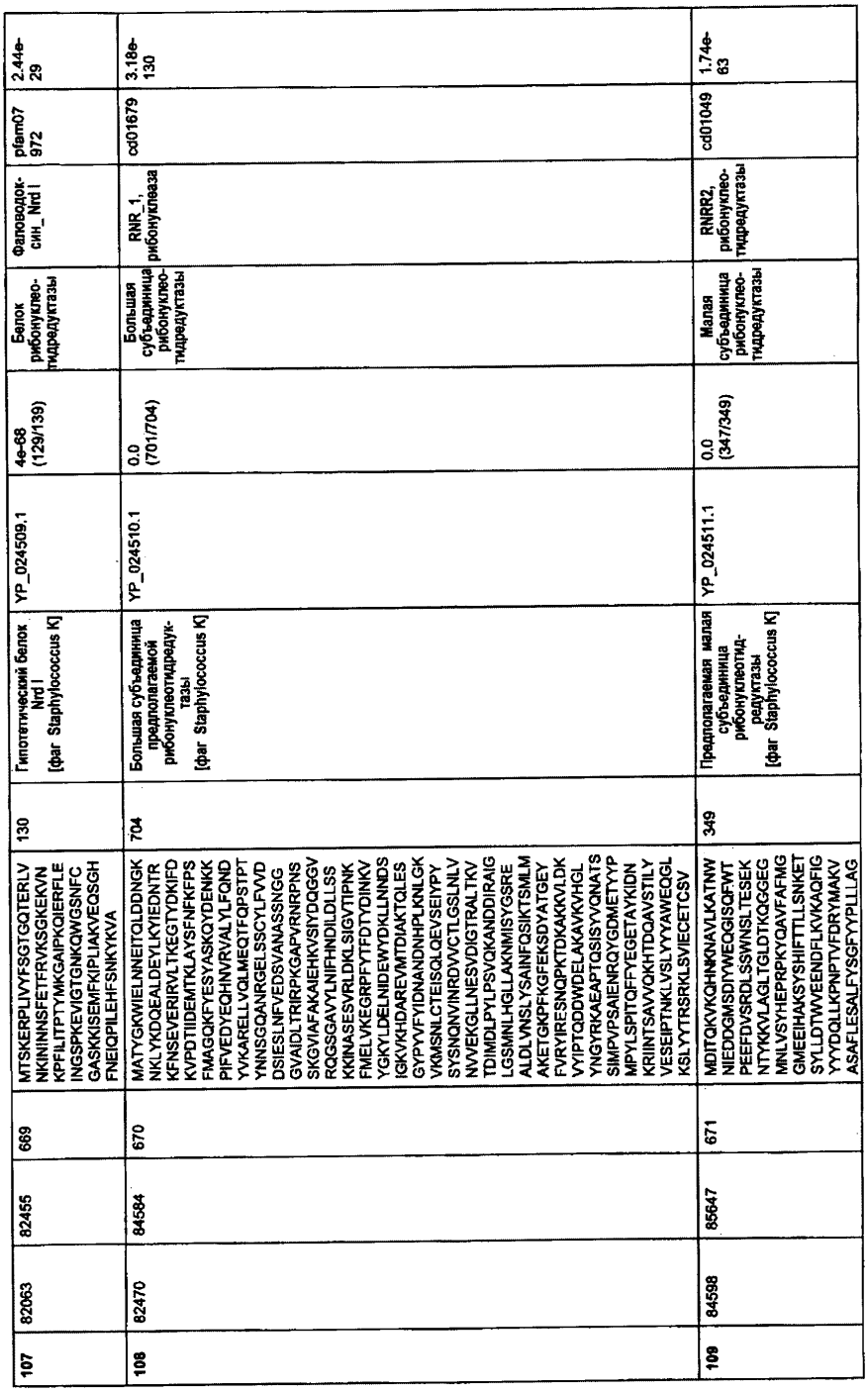


				YKLSRNGEYLELKRLRSTLPSS YGLDDNNQDIIRDNNHRCKIGY WYNPAVRKDNLKIIEKAKQYGL PVITEEYDANTVEQGFRDIGVIF QSLKTIVVTRYLEGKTEEELRIF NMKSEESQLNEALKESDFSVD LTYSDLGQIYNMLLLMKKISK		[фаг Staphylococcus K]						
103	79528	80595	665	MRFEDFLTQELGEPKENTIGEL RYCCPFCGEKSYKFYVKQALD SSNGQYHCKKCDETGNPITFM KTYYNITGKQAFDLLESKNIDIE RAPLLTTNNKDLTESEKLILMLR GVHQDKGTTSIKPPRLPEGYKL LKDNLNNKEIIPFLKYLKGRGITL EQIINNNIGYVINGSFYKVDGES KVSLRNSIIFFTYDNNGNYQYW NTRSIEKNPYIKSINAPAKQDEV GRKDVIFNLNIARKKKFLVITEG VFDALTFHEYGVATLGKQVTEN QIKKIIDYVSIDTSIYMLDTDALD NNIDLAYKLKTHFNKVYFVPHG DEDANDMGTRKAFELLKQNRV LVTPESIQSYKIQQKLKL	355	Предполагаемая примаза [фаг Staphylococcus K]	YP_024506.1	0.0 (352/355)	ДНК-примаза	DnaG_ДНК-примаза (бактериального типа)	COG03 58	1.08e-12
104	80661	80999	666	MSNSKKDILEFVDEYITALRVVG NEQRQHQLEEMGKEETATLTD VAKAITNLMLGVNEQMTDLEYN NELNLNILIDALYKAELINEDVLD YIQESIDKSQEEPKNEEEKGEQ E	112	ORF127 [фаг Staphylococcus G1]	YP_240943.1	2e-55 (111/112)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены			
105	80999	81451	667	MEKNISTHTKGISQADMEKWIE AVVQGTVDGKQVDEKTAKQLD RIGSRSVSLEEATRIAKVLNAVT AQEVTGDFNDAFNAIDLMMIFM EDELGVTQEKVGKAKDKLNEK REAYLKEKQEELRQKQQEEAQ KETESDSNEKVIQLKKNDEQ	150	ORF098 [фаг Staphylococcus G1]	YP_240944.1	2e-78 (149/150)		PHA02277, Гипотетический белок	PHA022 77	9.45e-43
106	81438	82046	668	MTNSKKKGDTFERKIAKELTAW WGYQFNRSPQSGGASWGKD NNAVGDIVVPQEANFPLVVECK HREEWTIDNVLLNNREPHTWW EQVINDSSKVDKTPCLIFTRNR AQSYVALPYDEKVYEDLRNNE YPVMRTDFIIDNIRKDKFFYDVLI TTMNGLTSFTPSYIISCYDKKDI KPYKKAESNLSEVSKHEDELIN DLLSDI	202	ORF064 [фаг Staphylococcus G1]	YP_240945.1	2e-115 (201/202)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

ФИГУРА 10Z

154

155



107	82063	82455	669	MTSKERPLIVYFSGTGQTERLV NIKINNNSFETFRVKSGKEKVN KPFILITPTYMKGAIPKQIERFLE INGSPKEVIGTGNKQWGSNFC GASKKISEMFKIPLIAKVEQSGH FNEIQPILEHFSNRYKVA	130	Гипотетический белок Nrd I [phar Staphylococcus K]	YP_024509.1	4e-68 (129/139)	Белок рибонуклео-тидредуктазы	Фаговодок-син_Nrd I	pfam07 972	2.44e-29	
108	82470	84584	670	MATYGKWIELNNEITQLDDNGK NKLYKDQEALDEYLKYIEDNTR KFNSEVERIRVLTKEGTYDKIFD KVPDTIIDEMTKLAYSFNFKFPS FMAGQKFYESYASKQYDENKK PIFVEDYEQHNVRVALYLFQND YVKARELLVQLMEQTFQPSTPT YNNSGQANRGELSSCYLFVVD DSIESLNFVEDSVANASSNGG GVAIDLTRIRPKGAPVRNRPNS SKGVIAFAKAIEHKVSIYDQGGV RQGSGAVYLNIFHNDILDLLSS KKINASESVRLDKLSIGVTIPNK FMELVKEGRPFYTFDTYDINKV YGKYLDELNIDEWYDKLLNNDS IGKVKHDARELVMTDIAKTQLES GYPYVFYIDNANDNHPLKNLGK VKMSNLCTEISQLQEVSEIYPY SYSNQNVINRDVVCTLGSLNLV NVVEKGLLNESVDIGTRALTKV TDIMDLPYLPSVQKANDDIRAIG LGSMNLHGLLAKNMISYGSRE ALDLVNSLYSAINFQSIKTSMLM AKETGKPFKGFEKSDYATGEY FVRYIRESNQPKTDKAKKVLDK VYIPTQDDWDELAKAVKVHGL YNGYRKAEAPTGSISYVQNATS SIMPVPSAIENRQYGDMETYYP MPYLSPITQFFYEGETAYKIDN KRIINTSAVVQKHTDQAVSTILY VESEIPTNKLVSLYYYAWEQGL KSLYYTRSRKLSVIECETCSV	704	Большая субъединица предполагаемой рибонуклеотидредук-тазы [phar Staphylococcus K]	YP_024510.1	0.0 (701/704)	Большая субъединица рибонуклео-тидредуктазы	RNR_1, рибонуклеаза	cd01679	3.18e-130	
109	84598	85647	671	MDITQKVKQHNKNAVLKATNW NIEDDGMSDIYWEQGISQFWT PEEFDVSRDLSSWNSLTESEK NTYKKVLAGLTGLDTKQGEEG MNLVSYHEPRPKYQAVFAFMG GMEEIHAKSYSHIFTTLSNKET SYLLDTWEENDFLKVKAQFIG YYYDQLLKPNPTVFDRYMAKV ASAFLESALFYSGFYYPLLLAG	349	Предполагаемая малая субъединица рибонуклеотид-редуктазы [phar Staphylococcus K]	YP_024511.1	0.0 (347/349)	Малая субъединица рибонуклео-тидредуктазы	RNRR2, рибонуклео-тидредуктазы	cd01049	1.74e-63	

ФИГУРА 10АА

155

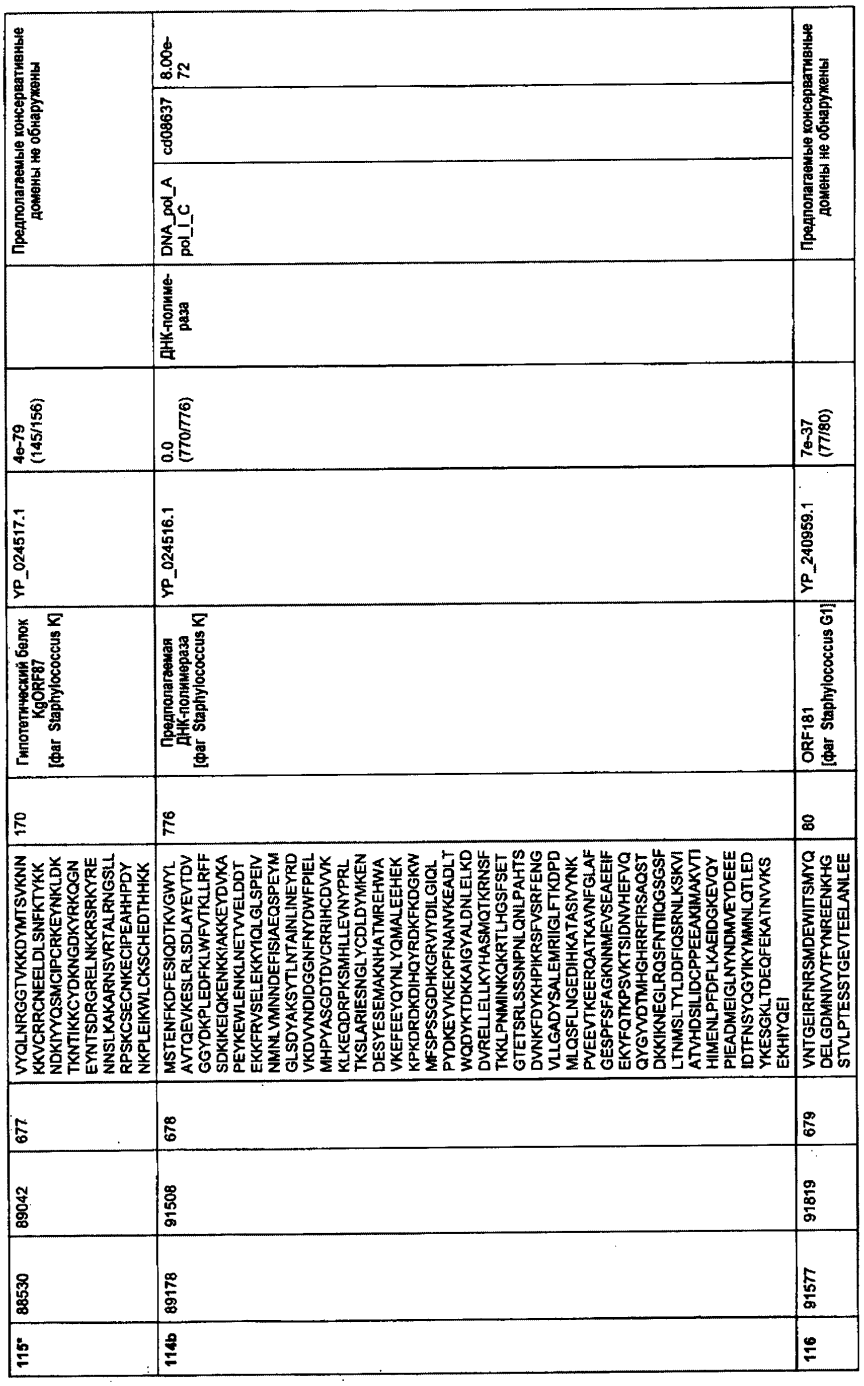
156

				RGQMTQSGAIIYKITQDEAYHG SAVGLTAQYDYNLLTEEEKKQA DKETYELLDILYTNEVAYTHSLY DPLELSEDVINYVQYNFNRALQ NLGREDYFNPEPYNPIVENQTN VDRLRNVDFFSGKADYEKSTNI KDIKDEDFSFLDSKEYNTAKEF L												
110	85665	85994	672	MDRKEAMDLLSKAEILFKKHDE FSCVSDINDPMKLFSSSKDAKA DDTSKSFQLEFMHDMTMYTLS YGSGQLKLIDLAEGYEAQKATV VNSFPEIIKTLEKDDSEDGKNE	109	Гипотетический белок KgORF82 [фаг Staphylococcus K]	YP_024512.1	4e-55 (106/109)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены						
111	85978	86298	673	MEKMNSLVDLNTAIRQKKDVIV MITQDNCGKCEILKSVIPMFQE SGDIKKPILTLNLDAEDVDREKA VKLFDIMSTPVLIGYKDGGQLVK KYEDQVTPMQLQELESL	106	Тиоредоксин-подобный белок [фаг Staphylococcus K]	YP_024513.1	8e-54 (106/106)	Тиоредоксин-подобный белок	PHA02278, тиоредоксин-подобный белок	PHA022 78	1.12e-45				
112	86505	87101	674	MDELISKSRRYIMRDENHYMLF NEKYNNDRLIEKVCKHGGKVT YYTDSVLPYYYLKDLSSHPDSE VVYRMRNGFTAKEVDNIALSF MGTKVIIDISVVFPYVNPYDIIRS LHDIKTNVDEVHLSFPRILEVDE KQEKFYFFDGEAYDLKPEYKV DFADKIRVSLSVWKMYYILTSS RDFEDVDNVITKLKQQRKIKI	198	Гипотетический белок KgORF84 [фаг Staphylococcus K]	YP_024514.1	5e-109 (196/198)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены						
113	87111	87416	675	MSTANRRDIARKISENTGYYIQ DVEEILSAETDAISDLLEEGYTK VKNHKFMQIEVIERKGKKAWID GLNKEYFHLPNRKAIKFKPLKE LEEVIDRLNEEEK	101	Предполагаемый фактор интеграции хозяина [фаг Staphylococcus K]	YP_024515.1	2e-51 (101/101)	ДНК-связывающий /кэгиблающий белок	Bac_ДНК-связывание	pfam00 216	4.22e-12				
114a	87492	88364	876	MKVLILFDHIREEEHFSVSKDGS VKSNVLNTPNGKTLKKLLEKCS NLKRDKTNRDYDIDFLYNAVPT PIRNDYGKIIKYQDVKQAEVKP YYERMNNIIIDNSYDMMPVGKL GVKYLLNVTAIGKVRGVPSKVTI ENETSSHDVWVLPTYSIEYTNV NKNSERHVVSDLQTVGKFVEQ GEEAFKPKEVSYELVDNIERVR EIFNKEVKNDNYDGVDITAWDL ETNSLKPDIKEGSKPLVLSLSW RNGQGVTIPLYKSDFNWENGQ DDIDEVLELLKNWLASKEDIKVA HNGK	290	Предполагаемая ДНК-полимераза [фаг Staphylococcus K]	YP_024516.1	6e-167 (289/290)	ДНК-полимераза	ДНК_polA_I E.coli-подобная экзонуклеаза	cd06139	3.30e-09				

ФИГУРА 10ВВ

156

157

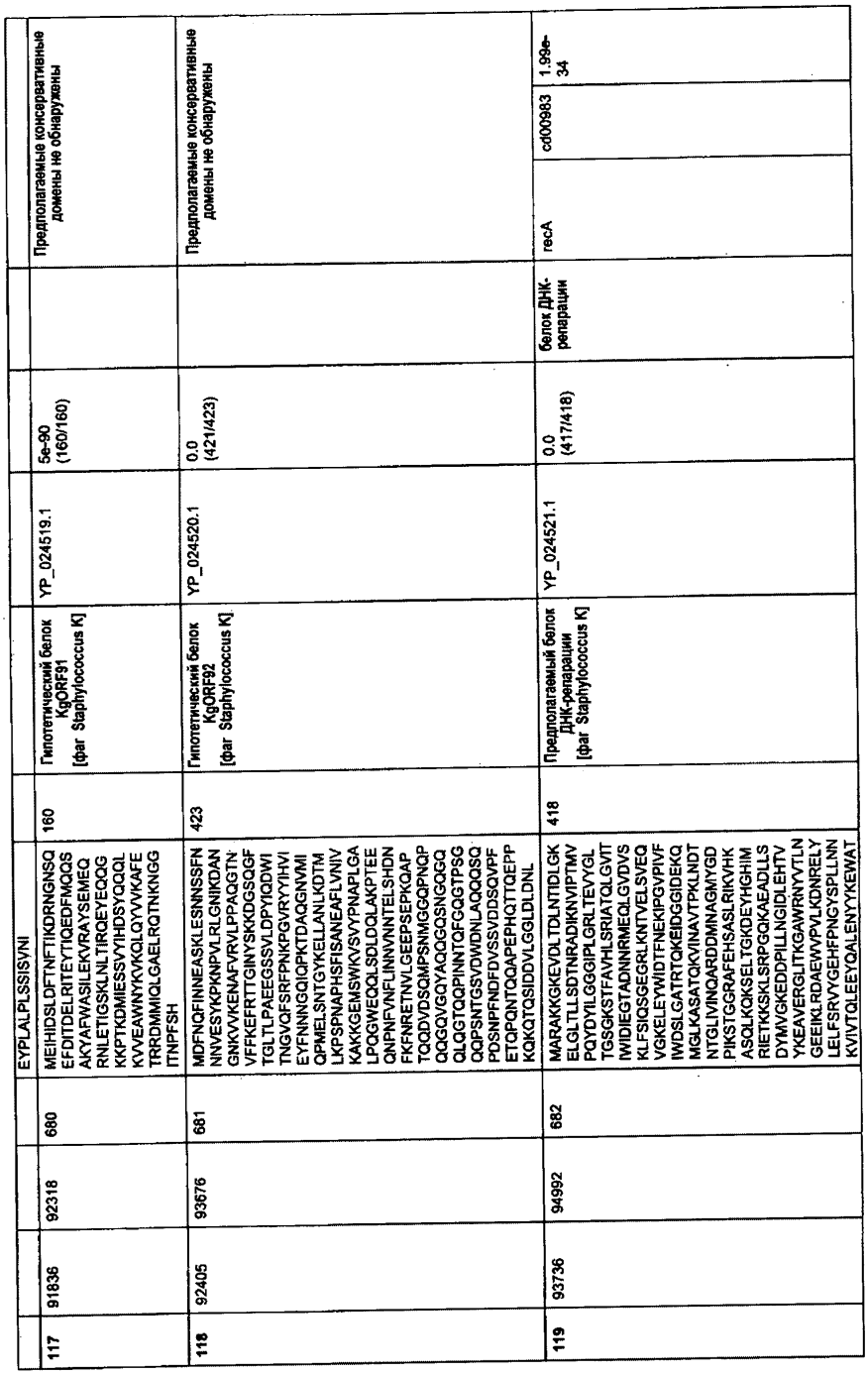


115*	88530	89042	677	VYQLNRGGTVKKDYMTSVKNN KKVCRRCNEELDLSNFKTYKK NDKIYYQSMCIPCRKEYNKLDK TKNTIKKCYDKNGDKYRKQGN EYNTSDRGRELNKKRSRKYRE NNSLKAKARNSVRTALRNGSLL RPSKCSECNKECIPEAHHPDY NKPLEIKWLCKSCHEDTHHKK	170	Гипотетический белок KgORF87 [фаг Staphylococcus K]	YP_024517.1	4e-79 (145/156)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
114b	89178	91508	678	MSTENFKDFESIQDTKVGWYL AVTQEVKESLRLSDLAYEVTDV GGYDKPLEDFKLWFVTKLLRFF SDKIKEIQKENKKIAKKEYDVKA PEYKEWLENKLNETVVELDDT EKKFRVSELEKKYIQLGLSPEIV NMNLVMNNDEFISIAEQSPEYM GLSDYAKSYTLNTAINLINEYRD VKDVVNDIDGGNFNYDWFPIEL MHPYASGDTDVCRRIHCDVVK KLKEQDRPKSMHLLEVNYPRL TKSLARIESNGLYCDLDYMKEN DESYESEMAKNHATMREHWA VKEFEEYQYNLYQMALEEHEK KPKDRDKDIHQYRDKFKDGKW MFSPSSGDHKGRVIYDILGIQL PYDKEYVKEKPFNANVKEADLT WQDYKTDKKAIGYALDNLELKD DVRELLELLKYHASMQTKRNSF TKKLPNMINKQKRTLHGSFSET GTETSRLSSSNPNLQNLPAHTS DVNKFDYKHPIKRSFVSRFENG VLLGADYSALEMRIIGLFTKDPD MLQSFLNGEDIHKATASIVYNK PVEEVTKEERQATKAVNFGLAF GESPFSFAGKNNMEVSEAEEIF EKYFQTKPSVKTSIDNVHEFVQ QYGYVDTMHGHRRFIRSAQST DKKIKNEGLRQSFNTIIQGSGSF LTNMSLTYLDDFIQSRNLKSKVI ATVHDSILIDCPPEEAKIMAKVTI HIMENLPFDFLKAEIDGKEVQY PIEADMEIGLNYYNDMVEYDEEE IDTFNSYQGYIKYMMNLQTLED YKESGKLTDEQFEKATNVVKS EKHIYQEI	776	Предполагаемая ДНК-полимераза [фаг Staphylococcus K]	YP_024516.1	0.0 (770/776)	ДНК-полимераза	DNA_pol_A pol_I_C	cd08637	8.00e-72
116	91577	91819	679	VNTGEIRFNRSMDEWITSMYQ DELGDMNIVVTFYNREENKHG STVLPTESSTGEVTEELANLEE	80	ORF181 [фаг Staphylococcus G1]	YP_240959.1	7e-37 (77/80)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

ФИГУРА 10СС

157

158



				EYPLALPLSSISVNI							
117	91836	92318	680	MEIHDSLDPTNFTIKDRNGNSQ EFDITDELRITEYTIQEDFMQQS AKYAPWASILEKVRAYSEMEQ RNLETIGSKLNLTIRQEYEQQG KKPTKDMIESSVYIIHDSYQQQL KVVEAWNMYKVKQLQYVVKAFE TRRDMMIQLGAELRQTNKNGG ITNPFSH	160	Гипотетический белок KgORF91 [фаг Staphylococcus K]	YP_024519.1	5e-90 (160/160)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
118	92405	93676	681	MDFNQFINMEASKLESNNSSFN NNVESYKPKNPVLRLGNIKDAN GNKVVKENAFVRVLPPAQGTN VFFKEFRTTGINYSKKDGSQGF TGLTLPAEEGSSVLDPYIQDWI TNGVQFSRFPNIKPGVRYYIHVI EYFNNNGQIQPKTDAQGNVMI QPMELSNTGYKELLANLKDTM LKPSPNAPHSFISANEAFLVNIV KAKKGEMSWKVSVYPNAPLGA LPQGWEQQLSDLDQLAKPTEE QNFNFVNFLINNVNNTELSHDN FKFNRETNVLGEEPSEPKQAP TQQDVDSQMPSNMGGQPNQP QQGQVGQYAQQGQSNGQGQ QLQGTQQPINNTQFGQGTPSG QQPSNTGSVDWDNLAQQQSQ PDSNPFNDFDVSSVDDSQVPF ETQPQNTQQAPEPHQTTQEPP KQKQTQSIDDVLGGLDILDNL	423	Гипотетический белок KgORF92 [фаг Staphylococcus K]	YP_024520.1	0.0 (421/423)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
119	93736	94992	682	MARAKKGKEVDLTDLNTIDLGK ELGLTLLSDTNRADIKNVIPTMV PQYDYILGGGIPLGRLTEVYGL TGSGKSTFAVHLSRIATQLGVIT IWIDIEGTADNNRMEQLGVDVS KLFSIQSGEGRLKNTVELSVEQ VGKELEYWIDTFNEKIPGVPIVF IWDSLGATRTQKEIDGGIDEKQ MGLKASATQKVINAVTPKLNDT NTGLIVINQARDDMNAGMYGD PIKSTGGRAFEHSASLRIKVHK ASQLKQKSELTGKDEYHGHIM RIETKKSKLSRPGQKAEADLLS DYMVGKEDDPILLNGIDLEHTV YKEAVERGLITKGAWRNYVTLN GEEIKLRDAEWVPVLKDNRELY LELFSRVYGEHFPNGYSPLLNN KVIVTQLEEYQALENYYKEWAT	418	Предполагаемый белок ДНК-репарации [фаг Staphylococcus K]	YP_024521.1	0.0 (417/418)	белок ДНК-репарации	recA	cd00983	1.99e-34

ФИГУРА 10DD

158

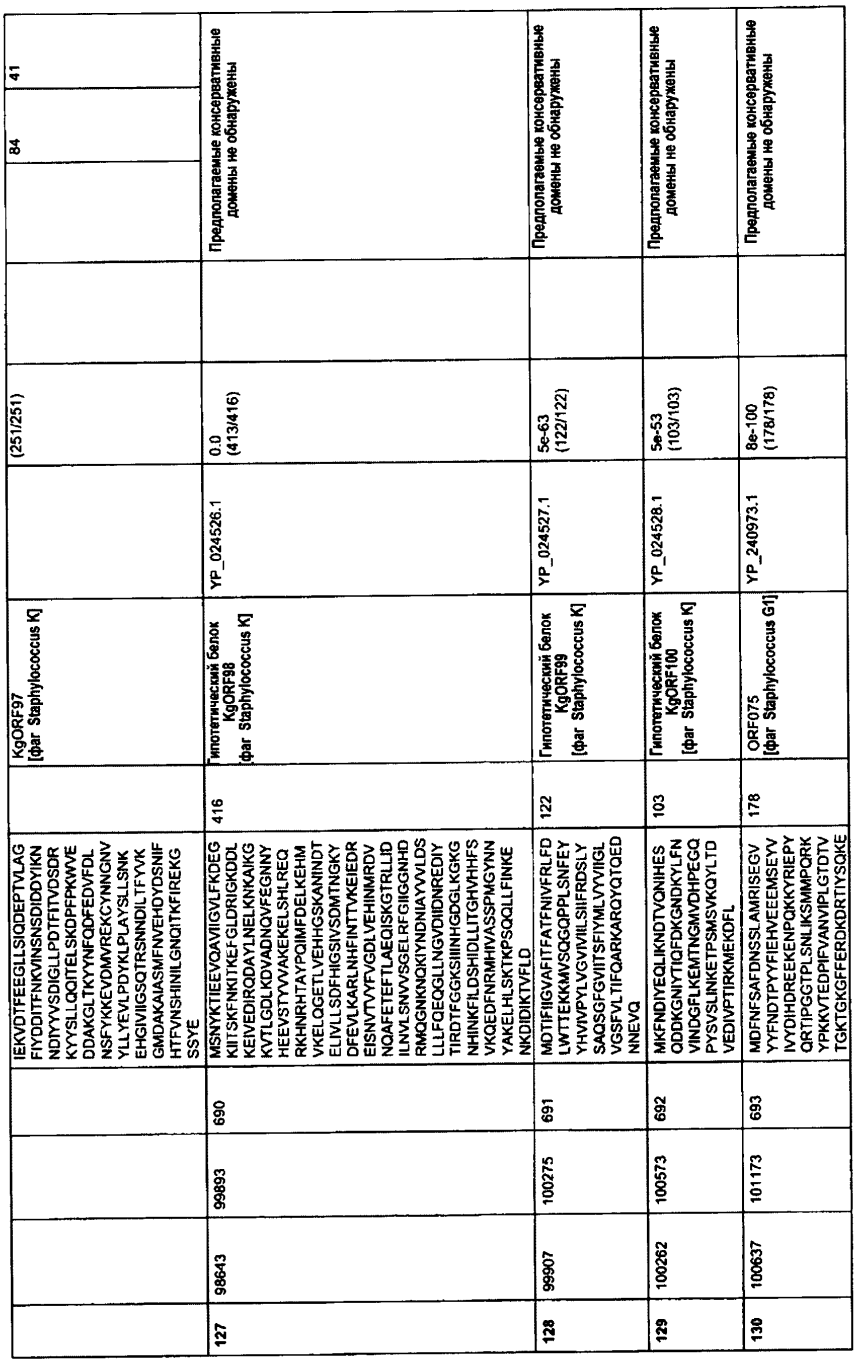
159

				DNKQEEQEEELKGESQEKDSE									
120	94996	95349	683	MDNLIDKNMSQVKESLGNANS SDVLPLPYKDIAKKFEEVKEKG ESIIIEEGGFPYTDSTVMYIEHV TDRWAGGYSLIRHEGEEVKVP KTIHFSDIYVKDKSHKVRIIFEGA NPYEES	117	ORF121 [фаг Staphylococcus G1]	YP_240963.1	3e-61 (116/117)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
121	95336	95898	684	MKKANNGNRYVIDIDGIPVDFE RDLDSLLNRYKNLRWSLYHRY AGILSNDFERQELREYIDEQFIK LVKEYNIRSKVDFPGYIKAKLTL RVQNSYVKKNEKYKRTEIIGKK DYTVESLTEDLNEDFEDNQIMS YVFDDIEFTEVQSELLKELLINP ERELDDAFIVSQVAEKFDMKRK EVASELTELRDYVRFKINAYHE YYAKKELNNHRVNTENHIWEN	220	Предполагаемый сигма фактор [фаг Staphylococcus K]	YP_024522.1	1e-122 (220/220)	Сигма фактор	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
122	96126	96758	685	MAKKNVNDVLQQESVTVADKY LQVKVNRDGYTRTHEGQYAYK VVSEGEELFLYPVQTDGKGTL NVMKKSPIAYTDGDNIHFVVNT VVDPYNHSFIRTEDIKGLDKGK QLIQAFLAFVEDRFKFGVYNVF VANNKEDVLSIVDPTDNDADEV KDSLEHAHEDVIADFPASPARK DVKGVDSGEGQGDTSEPSAPK NVQVTPKEDGADVSAE	210	Гипотетический белок KpQRF35 [фаг Staphylococcus K]	YP_024523.1	1e-117 (210/210)		PHA02283, гипотетический белок	PHA022 83	5.30e-71
123	96781	97293	686	LAKLNLYKGNELLNSVEKTEGK STITIENLDANTDYPKGTFKVSF SNDSGESEKVDVPQFKTKAIKV ISVTLDVDSLDLTVGDTHQLST TITPSEASNKNVSFESDKSGVA SVTSEDLIEAVSAGTANVTVTT EDGSHTDIVAVTVKEPIPEAPA DVTVEPGENSADITV	170	Предполагаемый основной белок хвостового отростка [фаг Staphylococcus K]	YP_024524.1	3e-88 (168/170)	Основной белок хвостового отростка	Big_2 поверхностные белки бактерий, содержащие Ig-подобные домены	pfam02 368	1.61e-03
124	97308	97535	687	MEKTLKVYSNGEVVGSQVANN DGATTVSITGLEAGKTYAKGDF KVAFANDSGESEKVDVPEFTT KTPTEEPSGDA	75	ORF189 [фаг Staphylococcus G1]	YP_240967.1	1e-34 (75/75)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
125	97631	97891	688	MDIPTILFRNPYDYTKVKKLME NKEQYIVVKFDSVSVHNLNVQ GMMNVIQDYLHIYGYRVKEYG QENSSKDDERDVKGYLYERVG E	86	ORF174 [фаг Staphylococcus G1]	YP_240968.1	2e-42 (86/86)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
126	97895	98650	689	MGIIVNSNHIQSDTLYEYDSPFD	251	Гипотетический белок	YP_024525.1	1e-141		PHA02284,	PHA022	1.74e-

ФИГУРА 10EE

159

160

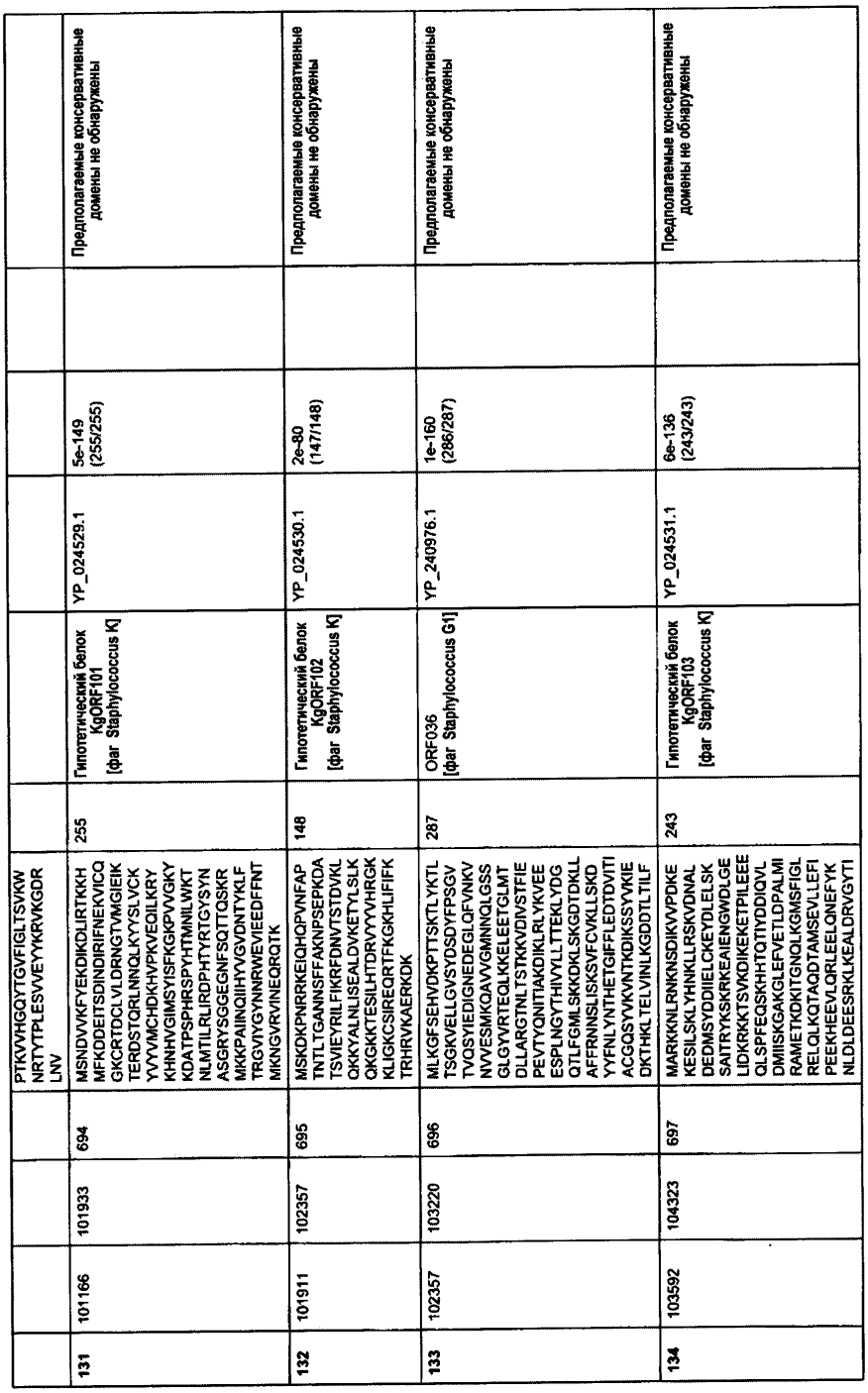


						KgORF97 [фаг Staphylococcus K]		(251/251)			84	41	
				IEKVDTFEEGLLSIQDEPTVLAG FIYDDITFNKVINSNSDIDDYIKN NDTYVSDIGLLPDTFITVDSDR KYYSLLQQITELSKDPFPKWVE DDAKGLTKYYNFQDFEDVFDL NSFYKKEVDMVREKCYNNGNV YLLYEVLPDYKLPLAYSLLSNK EHGIVIIGSQTRSNNDILTFYK GMDAKAIASMFNVEHDYDSNIF HTFVNSHINILGNQITKFIREKG SSYE							
127	98643	99893	690	MSNYKTIEEVQAVIIGVLFKDEG KIITSKFNKITKEFGLDRIGKDDL KEIVEDIRQDAYLNELKNKAIKG KVTLGDLKDVADNQVFEGNNY HEEVSTYVVAKEKELSHLREQ RKHNRHTAYPQIMFDELKEHM VKELQGETLVEHHGSKANINDT ELIVLLSDFHIGSIVSDMTNGKY DFEVLKARLNHFINTTVKEIEDR EISNVTVVFVGDLVEHINMRDV NQAFETEFTLAEQISKGTRLLID ILNVLSNVVSGELRFGIIGGNHD RMQGNKNQKTYNDNIAYVVLDS LLLFQEQGLLNGVDIIDNREDIY TIRDTFGGKSIIINHGDGLKGKG NHINKFILDSHIDLLITGHVHHFS VKQEDFNRMHIVASSPMCYNN YAKELHLSKTKPSQQLLFINKE NKDIDIKTVFLD	416	Гипотетический белок KgORF98 [фаг Staphylococcus K]	YP_024526.1	0.0 (413/416)			Предполагаемые консервативные домены не обнаружены	
128	99907	100275	691	MDTIFIIGVAFITFATFNIVFRLFD LWTTEKKMVSQGQPPLSNFEY YHVIVPYLVGVIVILSIIFRDSLY SAQSGFGVIITSFIYMLVYVYIGL VGSFVLTIFQARKARQYQTQED NNEVQ	122	Гипотетический белок KgORF99 [фаг Staphylococcus K]	YP_024527.1	5e-63 (122/122)			Предполагаемые консервативные домены не обнаружены	
129	100262	100573	692	MKFNDIYEQLIKNDTVQNIHES QDDKGNIYTIQFDKGNDKYLFN VINDGFLKEMTNGMVDHPEGQ PYSVSLINKETPSMSVKQYLTD VEDIVPTIRKMEKDFL	103	Гипотетический белок KgORF100 [фаг Staphylococcus K]	YP_024528.1	5e-53 (103/103)			Предполагаемые консервативные домены не обнаружены	
130	100637	101173	693	MDFNFSAFDNSSLAMRISEGV YYFNDTPYYFIEHVEEEMSEYV IVYDIHDREEKENPQKKYRIEPY QRTIPGGTPLSNLIKSMMPQRK YPKKVTEDPIFVANVIPLGTDTV TGKTGKGFFERDKDRTTYSQKE	178	ORF075 [фаг Staphylococcus G1]	YP_240973.1	8e-100 (178/178)			Предполагаемые консервативные домены не обнаружены	

ФИГУРА 10 FF

160

161



				PTKVVHGQYTGVFIGLTSVKW NRTYTPLESVVEYYKRVKGDR LNV						
131	101166	101933	694	MSNDVVKFYEKDIKDLIRTKKH MFKDDEITSDIDIRIFNEKVICQ GKCRTDCLVLDRNGTVMGIEIK TERDSTQRLNNQLKYYSLVCK YVYYMCHDKHVPKVEQILKRY KHNHVGIMSYISFKGKPVVGKY KDATPSPHRSPYHTMNILWKT NLMTILRLIRDPHTYRTGYSYN ASGRYSGGEGNFSQTTQSKR MKKPAIINQIIHYYGVDNTYKLF TRGVIYGYNNRWEVIEEDFFNT MKNGVRVINEQRQTIK	255	Гипотетический белок KgORF101 [фаг Staphylococcus K]	YP_024529.1	5e-149 (255/255)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
132	101911	102357	695	MSKDKPNRRKEIQHQPVNFAP TNTLTGANNSFFAKNPSEPKDA TSVIEYRILFIKRFDNVTSTDVKL QKKYALNLISEALDVKETYLSLK QKGKKTESILHTDRVYYVHRGK KLIGKCSIREQRTFKGKHLIFIFK TRHRYKAERKDK	148	Гипотетический белок KgORF102 [фаг Staphylococcus K]	YP_024530.1	2e-80 (147/148)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
133	102357	103220	696	MLKGFSEHVDKPTTSKTLYKTL TSGKVELLGVSYDSDYFPSGV TVQSYIEDIGNEDEGLQFVNKV NVVESMKQAVVGMNNQLGSS GLGYVRTEQLKKELEETGLMT DLLARGTNLTSTKKVDIVSTFIE PEVTYQNITIAKDIKLRLYKVEE ESPLNGYTHIVYLLTTEKLYDG QTLFGMLSKKDKLSKGDTDKLL AFFRNNSLISKSVFCVKLLSKD YYFNLYNTHETGIFFLEDTDVITI ACGQSYYKVNTKDIKSSYYKIE DKTHKLTELVINLKGDDTLTILF	287	ORF036 [фаг Staphylococcus G1]	YP_240976.1	1e-160 (286/287)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
134	103592	104323	697	MARKKNLRNKNSDIKVVPDKE KESILSKLYHNKLLRSKVDNAL DEDMSYDDIIELCKEYDLELSK SAITRYKSKRKEAIENGWDLGE LIDKRKKTSVKDIKEKETPILEEE QLSPFEQSKHHTQTIYDDIQVL DMIISKGAKGLEFVETLDPALMI RAMETKDKITGNQLKGMSFIGL RELQLKQTAQDTAMSEVLLEFI PEEKHEEVLQRLEELQNEFYK NLDLDEESRKLKEALDRVGYTI	243	Гипотетический белок KgORF103 [фаг Staphylococcus K]	YP_024531.1	6e-136 (243/243)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены

ФИГУРА 10GG

161

162

135	104341	104799	698	MADEISLNPIQDAKPIDDIVDIMT YLKNGKVLRVKQDNQGDILVR MSPGKHKFTEVSRDLDKESFY YKRHWVLYNVSVNSLITFDVYL DEEYSETTKVKYPKDTIVEYTR EDQEKDVAMIKEILTDNNGNYF YALTGETMLFDENKLNKVKD	152	ORF094 [фаг Staphylococcus G1]	YP_240978.1	3e-82 (151/152)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены				
136	104864	105307	699	MFISLNQEEKELLTKEESKYTPL ETSREFNTPKEEFIVTSYNEGK PLDYIAKEAKVSMGLIYTVLNYY KVGKRNKKSPVEERIAHILKDK NLVKEIIKDYQYMNLQDIYSKYN LHKNGLYYILDLYHVERKSELK DKALEEDNIVVE	147	Гипотетический белок KgORF103 [фаг Staphylococcus K]	YP_024533.1	2e-77 (147/147)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены				
137	105324	106028	700	MRNKKSFQEQLNDMRNKEKW VSEEEFTEEVAPSEEPEVEEEK LYTLNELKENLLDAQGLKDVVA DFPASKDLYEPNKLYICTIPKGY RSTEVQPGQYIGISTGLLSESE DFSHLRGQMPRNLYETSHVLK PLVRINNTNLEYQQHELLEDIKD DKKYDVELEDLRLVTGEEISHL EIVDSKFFESRINEILDRYTELT DSDDLLIYYSKLRELVGSDKMIY CSLLDKCVKIID	234	ORF106 [фаг Staphylococcus K]	YP_024534.1	3e-118 (223/234)		PHA02290, гипотетический белок	PHA02290	4.62e-30		
138	106091	106489	701	MSRKASIFYILVVIVLAFSISSYYI SSFMYHDKAKNEVSTELSNTG KIKEEKNVEFVGDYTLKKVENN KAYFMETLPTYLPGRTGDNSID MRYYKTSRFKEGVNFKLIRVYT EDGEDNPIHKYRFEAVPTKK	132	Гипотетический белок KgORF107 [фаг Staphylococcus K]	YP_024535.1	5e-70 (131/132)		PHA02291, гипотетический белок	PHA02291	7.32e-18		
139	106636	106878	702	MEMADLERFDTFVRLVSDDEL SEERALELSVDLLNPILEGGTA YQAKKRIRSKFGKIEAKNFKRN YKFLLKSIAQIDQRR	80	ORF182 [фаг Staphylococcus G1]	YP_240982.1	2e-35 (74/80)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены				
140	106883	107440	703	MIEREKLVKEIEDANRDIQLRLK EVDDYKDSIRSKGTRNYVSTKV LDSVMVGLIISFFILVMLRVLEYF VTGNAVYSPLAPAVIIMFVLALG TWKVSKMNKIVSYRGTIKMYW ELSNAEQNQAKVFKYPNDEVDI VSKHNLRQITFSEINILHLKYMR YNKAVEQHTKLSKELFKKDKET VDKNK	185	Гипотетический белок KgORF108 [фаг Staphylococcus K]	YP_024536.1	1e-66 (120/135)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены				
141	107476	107652	704	MVIPSIKAQNKFKNELEYYKQG	58	ORF240	YP_240984.1	8e-25		Предполагаемые консервативные				

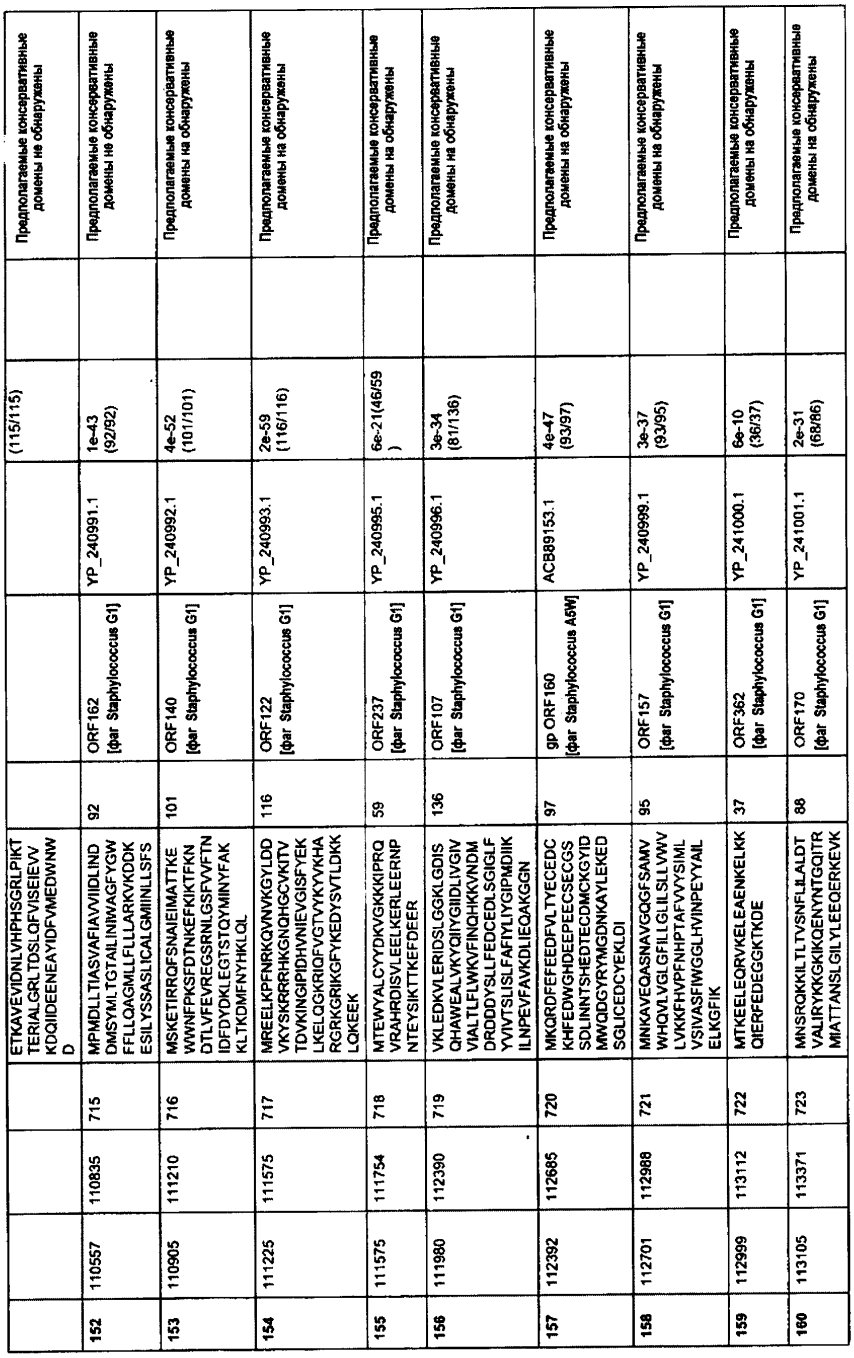
ФИГУРА 10НН

162

163

142	107645	107893	705	HISESKMLELAFDYIQELEQNN EYVTNLLEEERYGE	82	Значительного подобия не обнаружено			(58/58)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
143	107886	108119	706	VSKFIGVYLFNLLVVALIYTVGF LFFYGVASLVIILTHATIDPFVLA TFLGIGFLVIRTAHRIMARVIND AVAKAIKDKENE	77	Значительного подобия не обнаружено					Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
144	108200	108688	707	MNKGEFIMDKTLPKFSVYYEVN KTVIMTPTEGSSDLESFYFSTR ELAERFVEENTVETKNGKRVSF AVKERKVNQPG	162	ORF076 [фаг Staphylococcus G1]	YP_240985.1	2e-52 (104/112)			Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
145	108724	108843	708	MKVSEEVKQSYLENRANTKMD KISWSELRSSPLGITLGDIIFYSV VIIDNIIAILTLTLIGTITDSIESTL AQIIVGMFIIITTYGILSALIPILVHK AVSPGWSYTEWNESYYIRLPG EENYKYYSKWYLDLLGVKEFY YKRDNGEEVKEKIYHGLFKLK	39	ORF076 [фаг Staphylococcus G1]	YP_240985.1	5e-13 (39/39)			Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
146	108858	109106	709	LLTNRPLTILEYKKLKKLDKESEI RKQEDLEEYKQYNSN	82	Значительного подобия не обнаружено					Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
147	109118	109294	710	MISSFDSILLVIYIIIAFAVAMAIIY LVFKGMTILLDKLMMLLSKTTL DVEACSMIMAVISTIVFGIIIVLLI WLAVNNILL	58	ORF241 [фаг Staphylococcus G1]	YP_240986.1	1e-23 (58/58)			Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
148	109287	109583	711	MDFNDFINSESDRVGKPKQKK KVENKLPSSTPIEDKEKKLKEIR KKSLYIDLRRKRND	98	ORF152 [фаг Staphylococcus G1]	YP_240987.1	1e-48 (97/98)			Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
149	109631	109813	712	MTKETNVLYKDKYRDYTIVVRL AGNIIVTEVDKKHKTAFTPIIFDN GVEGVELVMRIGSVELSMTDL REFTKEVSTAQKALEYFNKKLY IKGLTDEAF	60	Гипотетический мембранный белок MbpK [фаг Staphylococcus A5W]	ACB89144.1	3e-25 (60/60)	Мембранный белок MbpK		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
150	109826	110197	713	MLLGILWFTWGFVSYFVLMFGI EFWKDRWMPGVIGAGALLLFL FWIMKSHHNAMTVVYLY	123	ORF119 [фаг Staphylococcus G1]	YP_240989.1	9e-63 (119/122)			Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
151	110210	110557	714	MIDILVIHYEETNKRVLKETIQTI QNHLNDEHGLVKMTATKLSRE NIEKRFNNYNVIAEDDPDNSYH YGEAVEDADFIIDIPSYLDIHAGI EWDVDNPVDMLDRNPDFIEAV NKLNEDLML	115	ORF124 [фаг Staphylococcus G1]	YP_240990.1	9e-60			Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
				MLNEKLKKNLEDTKVYMINSIASL LSASTGKSSKVFFDEGTIKIVSG							

ФИГУРА 10II

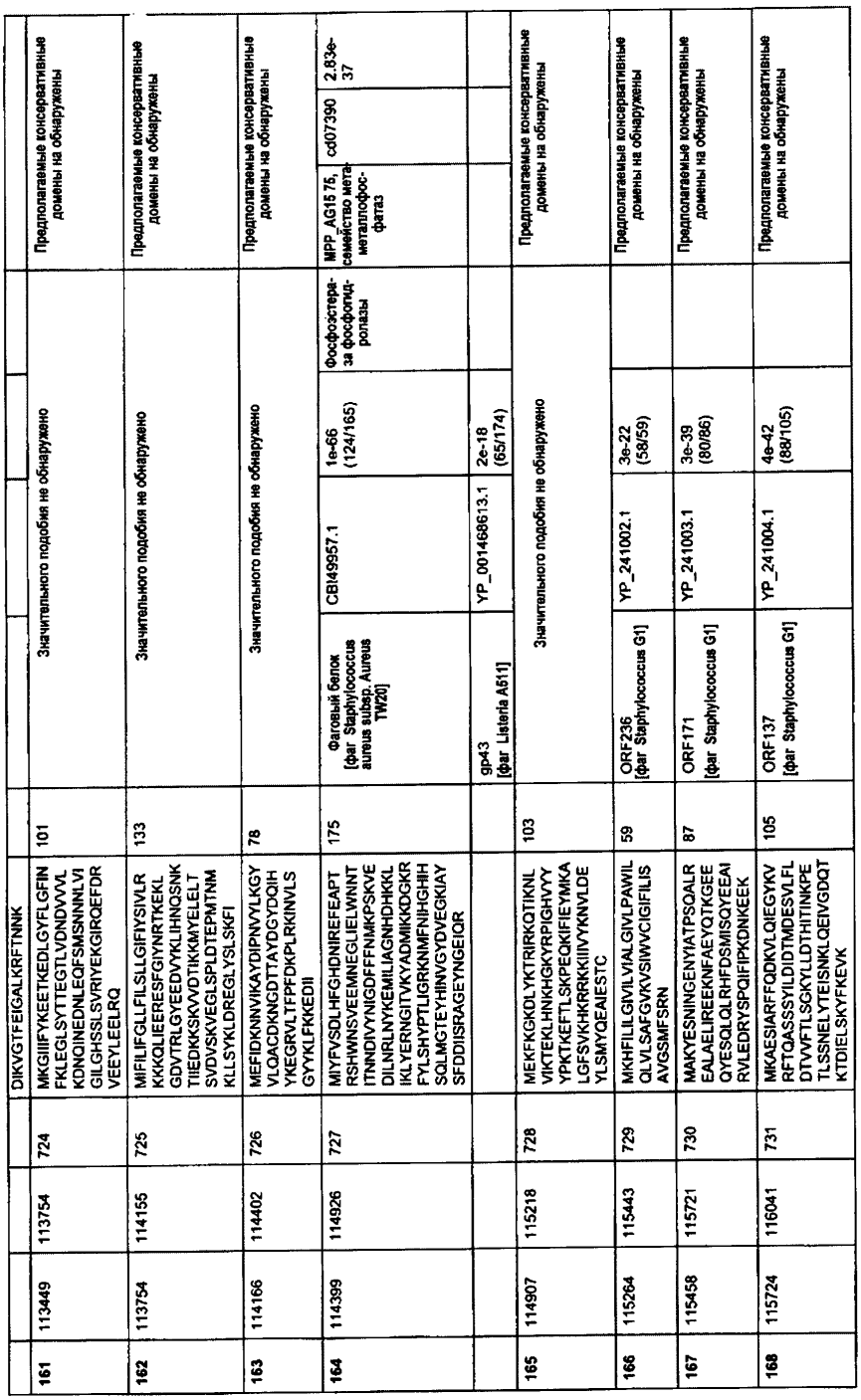


				ETKAVEVIDNLVHPHSGRLPIKT TERIALGRLTDSLQFVISEIEVV KDQIIDEENEAYIDFVMEDWNW D					(115/115)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
152	110557	110835	715	MPMDLLTIASVAFIAVVIIDLIND DMSYMLTGTAILINIWAGFYGW FFLLQAGMLLFLLIARKVKDDK ESILYSSASLICALGMIINLLSFS	92	ORF162 [фаг Staphylococcus G1]	YP_240991.1	1e-43 (92/92)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
153	110905	111210	716	MSKETIRRQFSNAEIMATTKE WWNFPKSFDTNKEFKIKTFKN DTLVFEVREGSRNLGSFVVFTN IDFDYDKLEGTSTQYMINYFAK KLTKDMFNYHKLQL	101	ORF140 [фаг Staphylococcus G1]	YP_240992.1	4e-52 (101/101)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
154	111225	111575	717	MREELKPFNRKQVNVKGYLDD VKYSKRRRHKGNQHGCVKITV TDVKINGIPIDHVNIEVGISFYEK LKELQGKRIQFVGTVYKYVKHA RGRKGRIKGFYKEDYSVTLDKK LQKEEK	116	ORF122 [фаг Staphylococcus G1]	YP_240993.1	2e-59 (116/116)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
155	111575	111754	718	MTEWYALCYYDKVGKKKIPRQ VRAHRDISVLEELKERLEERNP NTEYSIKTTKEFDEER	59	ORF237 [фаг Staphylococcus G1]	YP_240995.1	6e-21(46/59)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
156	111980	112390	719	VKLEDKVLERIDSLGGKLGDIS QHAWEALVKYQIIYGIIDLIVGIV VIALTLFLWKVFINQHKKVNDM DRDDDYSLLFEDCEDLSGIGLF YVVTSLISLFAFIYLIYGIPMDIIK ILNPEVFAVKDLIEQAKGGN	136	ORF107 [фаг Staphylococcus G1]	YP_240996.1	3e-34 (81/136)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
157	112392	112685	720	MKQRDFEEEDFVLTYECEDC KHFEDWGHDEEPEECSECGGS SDLINNTSHEDTECDMCKGYID MWQDGYRYMGDNKAYLEKED SGLICEDCYEKLDI	97	gp ORF160 [фаг Staphylococcus A5W]	ACB89153.1	4e-47 (93/97)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
158	112701	112988	721	MNKAVEQASNAVGQGFSAMV WHQVLVGLGFILLGLILSLLVWV LVKKFHVPFNHPTAFVVYSIML VSIVASFIWGGLHVINPEYYAIL ELKGFIK	95	ORF157 [фаг Staphylococcus G1]	YP_240999.1	3e-37 (93/95)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
159	112999	113112	722	MTKEELEQRVKELEAENKELKK QIERFEDEGGKTKDE	37	ORF362 [фаг Staphylococcus G1]	YP_241000.1	6e-10 (36/37)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
160	113105	113371	723	MNSRQKKILTLTVSNFLILALDT VALIRYKKGKIIKQENYNTGQITR MIATTANSLGILYLEEQERKEVK	88	ORF170 [фаг Staphylococcus G1]	YP_241001.1	2e-31 (68/86)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены

ФИГУРА 10J

164

165



				DIKVGTFEIGALKRFTNNK								
161	113449	113754	724	MKGIIIFYKEETKEDLGYFLGFIN FKLEGLSYTTEGTLVDNDVVVL KDNQIINEDNLEQFSMSNNNLVI GILGHSSLSVRIYEKGIROEFDR VEEYLEELRQ	101	Значительного подобия не обнаружено						Предполагаемые консервативные домены на обнаружены
162	113754	114155	725	MIFILIFGLLFILSLLGIFIYSIVLR KKKQLIEERESFGIYNRTKEKL GDVTRLGYEEDVYKLIHNQSNK TIIEDKKSKVVDTIKKMYELELT SVDVSKVEGLSPLDTEPMTNM KLLSYKLDREGLYSLSKFI	133	Значительного подобия не обнаружено						Предполагаемые консервативные домены на обнаружены
163	114166	114402	726	MEFIDKNNVIKAYDIPNVYLKGY VLQACDKNGDTTAYDGYDQIH YKEGRVLTFPFDKPLRKINVLS GYYKLFKKEDII	78	Значительного подобия не обнаружено						Предполагаемые консервативные домены на обнаружены
164	114399	114926	727	MIYFVSDLHFGHDNIREFEAPT RSHWNSVEEMNEGLIELWNNT ITNNDIVYNIGDFFFNMKPSKVE DILNRLNYKEMILIAGNHDHKKL IKLYERNGITVKYAQMIKKDGKR FYLSHYPTLIGRKNMFNIHGHIH SQLMGTEYHINVGYDVEGKIAY SFDDIISRAGEYNGEIQR	175	Фаговый белок [фаг Staphylococcus aureus subsp. Aureus TW20]	CBI49957.1	1e-66 (124/165)	Фосфоэстераза фосфолипролазы	MPP_AG1575, семейство металлофосфатаз	cd07390	2.83e-37
						gp43 [фаг Listeria A511]	YP_001468613.1	2e-18 (65/174)				
165	114907	115218	728	MEKFKGKDLYKTRIRKQTIKNL VIKTEKLHNKHGKYRPIGHVYY YPKTKEFTLSKPEQKIFIEYMKA LGFSVKHKRRKKIIIVYKNVLDE YLSMYQEAIESTC	103	Значительного подобия не обнаружено						Предполагаемые консервативные домены на обнаружены
166	115264	115443	729	MKHFILILGIVILVIALGIVLPAWIL QLVLSAFGVKVSIWVCIGIFILIS AVGSMFSRN	59	ORF236 [фаг Staphylococcus G1]	YP_241002.1	3e-22 (58/59)				Предполагаемые консервативные домены на обнаружены
167	115458	115721	730	MAKYESNINGENYIATPSQALR EALAELIREEKNFAEYQTKGEE QYESQLQLRHFDSMISQYEEAI RVLEDRYSPQIFIPKDNKEEK	87	ORF171 [фаг Staphylococcus G1]	YP_241003.1	3e-39 (80/86)				Предполагаемые консервативные домены на обнаружены
168	115724	116041	731	MKAESIARFFQDKVLQIEGYKV RFTQASSSYILDIDTMDESVLFL DTVVFTLSGKYLLDTHITINKPE TLSSNELYTEISNKLQEIVGDQT KTDIELSKYFKEVK	105	ORF137 [фаг Staphylococcus G1]	YP_241004.1	4e-42 (88/105)				Предполагаемые консервативные домены на обнаружены

ФИГУРА 10КК

165

166

169	116042	116722	732	MSSEAITNHLLNLNQIKIKEYNIH AYIKKSVCSGIENADFEVRINYYI ADKQPNYIRTINSIIFVDYSNRN PKEILLQFKEKILSIVKEQVEIDN DFIEAIKDINTNHELEKLEPFINK EYYSMFKSSIEKEVPVALSSEV LNRCTGKTSTLAYLAIEKDLPLI VSNNSMMKMLKKDYPSVKVSS VEDFSNYNIKGFIVLIIDFVDVDQ LYSADRVSVDALLVGIIKN	226	ORF055 [фаг Staphylococcus G1]	YP_241006.1	4e-84 (158/226)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
170	116800	116958	733	MVGIIILIVGLILFLASCGYKLVLGK YYDDIDLKMLFTIFGIGAILLLTG FIL	52	ORF263 [фаг Staphylococcus G1]	YP_241007.1	4e-12 (38/52)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
171	116974	117198	734	MNYKEVLEVIKKNKPCKVRFTG SILAIVNKEFNADTDKGILQIDVS NINKNDYIKLQQYCLERDDYTV AGAILF	74	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
172	117211	117411	735	MNYRDKIIDCISCGYKVHISVTE KRVHIISEMTSASYPKKEINLDE LQAYYYYMNNFGSQITTEGL	66	ORF211 [фаг Staphylococcus G1]	YP_241008.1	5e-30 (64/66)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
173	117412	117702	736	MELVINIIAVLIGMYGIYFYVTKF STGLSGILIVLGMAVGLYFYLDY LNVRENVIRLVSVMFGAFLFSIE MIYNKIMFEIKKSKYDKTVRTYR GDQ	96	Гипотетический мембранный белок MbpO [фаг Staphylococcus A5W]	YP_241009.1	3e-40 (85/96)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
174	117853	118206	737	MNARKARKNTKNHKDSSVVTK EQHLTYIYNKINYLIANSSSQGK TYVVMNLRTGYPDEFSLSKLKY LKEIKQHYKDLGFTVQTQVRKS RWSEKSIIRYYFNLGYIDSVLVP IIHISW	117	Гипотетический белок KgORF116 [фаг Staphylococcus K]	YP_024543.1	4e-57 (107/117)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
175	118225	118398	738	MDNPNLNKKTLRAVIREMDKDI EERAEALRREETRLSIARDNRK RLYIELESILEEE	57	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
176	118401	118625	739	MDFNLKDYAVRPITDKEGNMV VRTVYVCLKREYSDWVVDKVY GRQESSETWLKFMQEIRNIERA KLRVEKWQVN	74	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
177	118652	118810	740	MSLSELLEYHKNSGKERAEYIS DNGNCRVAIMHYDKWAVVGDL ENAVFTIEK	52	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
178	118816	118917	741	MYLFAKIIIISIDVIPLMSIIVVQLIT DYNDRH	33	ORF445 [фаг Staphylococcus G1]	YP_241021.1	2e-04 (24/33)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены

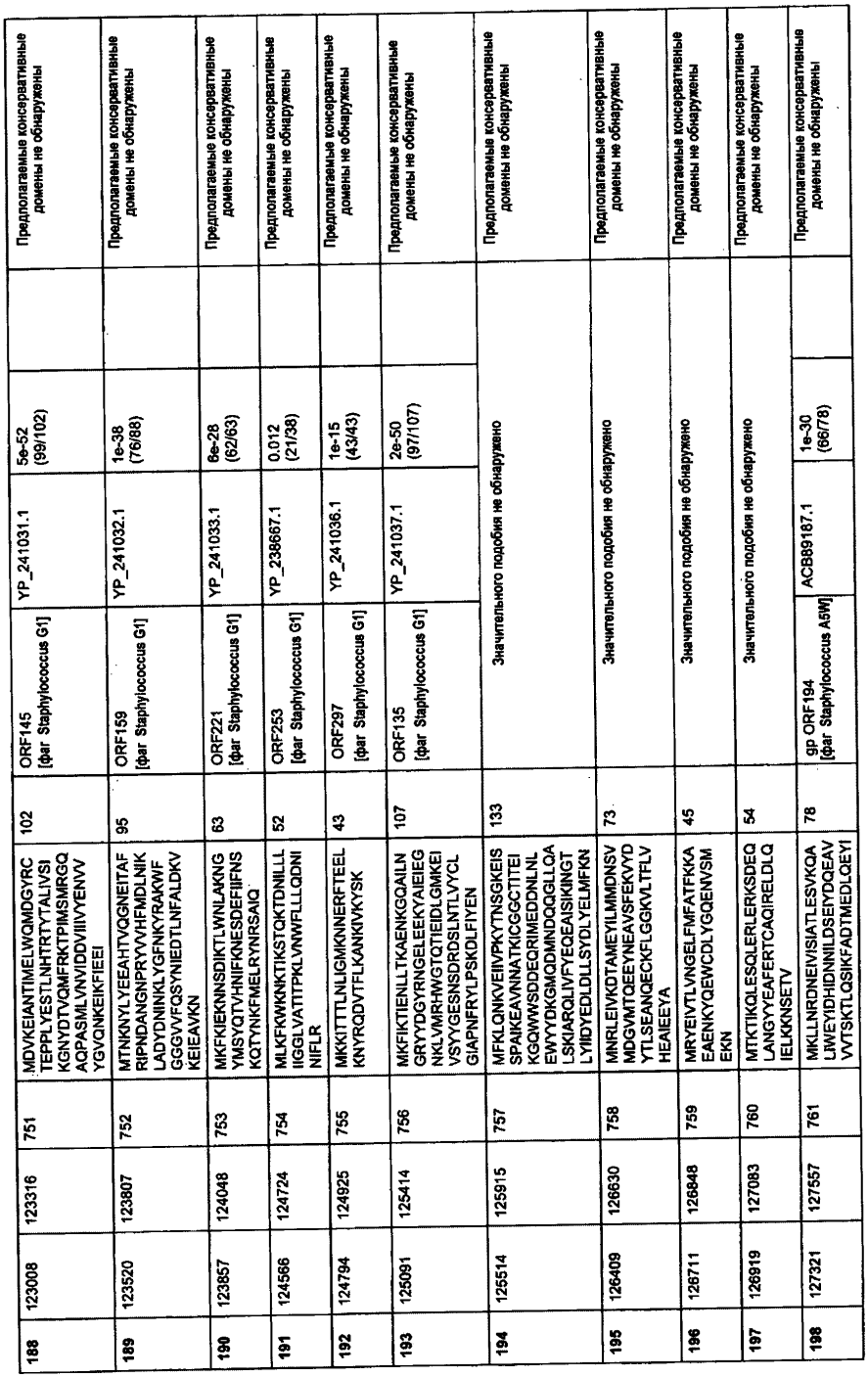
ФИГУРА 10LL

166

167

179	119523	119693	742	MIIPLIILMMTFGTFAFSYVAHDA YRVDEKGIMYAMVVGIVVVINVIG LEMIIVECL	56	Значительного подобия не обнаружено					Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
180	119709	120002	743	MIDIYLHSEYDKDKLKFILKAIRD FSPRELTYDFRNPKADVSIQEL LGDDIDFESIALDYPNDINILVG DSGYSIVYQNDFLTISGLSTAM KEVIG	97	gp ORF182 [фаг Staphylococcus A5W]	ACB89175.1	2e-08 (38/92)			Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
181	119999	120184	744	MIGFTILSTIMVILVIAMYTQVLV DMIQSIRYDRFDKVLNIVTFIVM TVVLVSGILIMFDI	61	ORF231 [фаг Staphylococcus G1]	YP_2410231	7e-11 (37/61)			Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
182	120293	120607	745	MKAIVYCAKRYSKHTLKHILEEL EAENSDLTFSTEISDLGEVDIVV QHTKLPFSELMDLCSKVSKGS DRFVVFVGNHSGYYINGDLYIN EIGKFITSRETNVMM	104	Значительного подобия не обнаружено					Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
183	120621	120938	746	MIEIRLVEGYDKSQLKFMLKKIK RVAPRELTYDIEAGIDSVDVNIE DVLPHKSPQEYERYSMILLEED LWIVILESGYIAYWDGKKYGGE ALDDIIYNMFKGRGRL	105	Гипотетический белок KgORF117 [фаг Staphylococcus K]	YP_024545.1	1e-22 (56/99)			Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
184	120938	121234	747	MIEVFLSKDYDKDLLKAYLEYIR KSASRELKYNTNHTKGTDVNIE NIISYTNQEVHHFSSYGMYRDD LCVFIDNTRVSEYLNGEPVGVD TIYKYIKEM	98	gp ORF185 [фаг Staphylococcus A5W]	ACB89178.1	6e-19 (48/98)			Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
185	121238	121495	748	MFKVYYTVYHRQSMKTIKDKLD RSGLIYFLYETWYKDINNVCPS NYNPEFGSLNKDIDIDRLIEAVN EEGILLINHGNYVTVEEW	85	ORF175 [фаг Staphylococcus G1]	YP_2410227.1	2e-33 (70/85)			Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
186	121593	122201	749	MIDIEIKIWDETLRMQVEEEDVL SFLSKFKNKTTGDKEESYGVGL DESKWKVHPFYTRYEVHPEGY VRLKDTKTPVIFTKYRKELHHK PQFISSNIMDDEGKHTVALHKL VADTFIPIPWYLQGYNYTDLSV GLKDGDYENKEAVKAYNLAWY VGRIRGNAPMIKLMDLEDDRVL YFASIPQIENFIRDNKLDPKRFN YKTE	202	Значительного подобия не обнаружено					Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
187	122667	122413	750	MEFKFEGTKEELNKEVHNLLKK VNYYQVNIFENELRNLIDYKE KDYLFSLSVDYNWLMEEKQKD GYNDLASAIYEEYIETYLN	84	Значительного подобия не обнаружено					Предполагаемые консервативные домены не обнаружены

ФИГУРА 10ММ



188	123008	123316	751	MDVKEIANTIMELWQMDGYRC TEPPLYESTLNHTRTYTALIVSI KGNYDTVQMFRKTPIMSMRGQ AQPASMLVNVIDDVIIIVYENVV YGVQNKEIKFIEEI	102	ORF145 [phar Staphylococcus G1]	YP_241031.1	5e-52 (99/102)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
189	123520	123807	752	MTNKNYLYEEAHTVQGNEITAF RIPNDANGNPRYVVHFMDLNIK LADYDNINKLYGFNKYRAKWF GGGVVFQSYNIEDTLNFALDKV KEIEAVKN	95	ORF159 [phar Staphylococcus G1]	YP_241032.1	1e-38 (76/88)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
190	123857	124048	753	MKFKIEKNNSDIKTLWNLAKNG YMSYQTVHNIFKNESDEFIIFNS KQTYNIKFMELRYNRSAIQ	63	ORF221 [phar Staphylococcus G1]	YP_241033.1	8e-28 (62/63)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
191	124566	124724	754	MLKFKWKNKTIKSTQKTDNILLL IIGGLVATITPKLVNWFLLLQDNI NIFLR	52	ORF253 [phar Staphylococcus G1]	YP_238667.1	0.012 (21/38)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
192	124794	124925	755	MKKITTTLNLIGMKNNERFTEEL KNYRQDVTFLKANKIVKYSK	43	ORF297 [phar Staphylococcus G1]	YP_241036.1	1e-15 (43/43)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
193	125091	125414	756	MKFIKTIENLLTKAENKGQAILN GRYYDGYRNGELEEKYAIEIEG NKLVMRHWGTQTIEIDLGMKEI VSYYGESNSDRDSLNTLVYCL GIAPNFRYLPSKDLFIYEN	107	ORF135 [phar Staphylococcus G1]	YP_241037.1	2e-50 (97/107)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
194	125514	125915	757	MFKLQNKVEIIVPKYTNSGKEIS SPAIKEAVNNATKICGGCTITEI KGQWWSDDEQRIMEDDNLNL EWYYDKGMQDMNDQQGLLQA LSKIARQLIVFYEQEAISKINGT LYIIDYEDLDLLSYDLYELMFKN	133	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
195	126409	126630	758	MNRLEIVKDTAMEYILMMDNSV MDGVMTQEEYNEAVSFEKVYD YTLSEANQECKFLGGKVLTFLV HEAEEYA	73	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
196	126711	126848	759	MRYEIVTLVNGELFMFATFKKA EAENKYQEWCDLYGQENVSM EKN	45	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
197	126919	127083	760	MTKTIKQLESQLERLERKSDEQ LANGYYEAFERTCAQIRELDLQ IELKKNSETV	54	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
198	127321	127557	761	MKLLNRDNEIVSIATLESVKQA LIWEYIDHIDNNILDSEIYDQEAV VVTSKTLQSIKFADTMEDLQEYI	78	gp ORF194 [phar Staphylococcus A5M]	ACB89187.1	1e-30 (86/78)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены

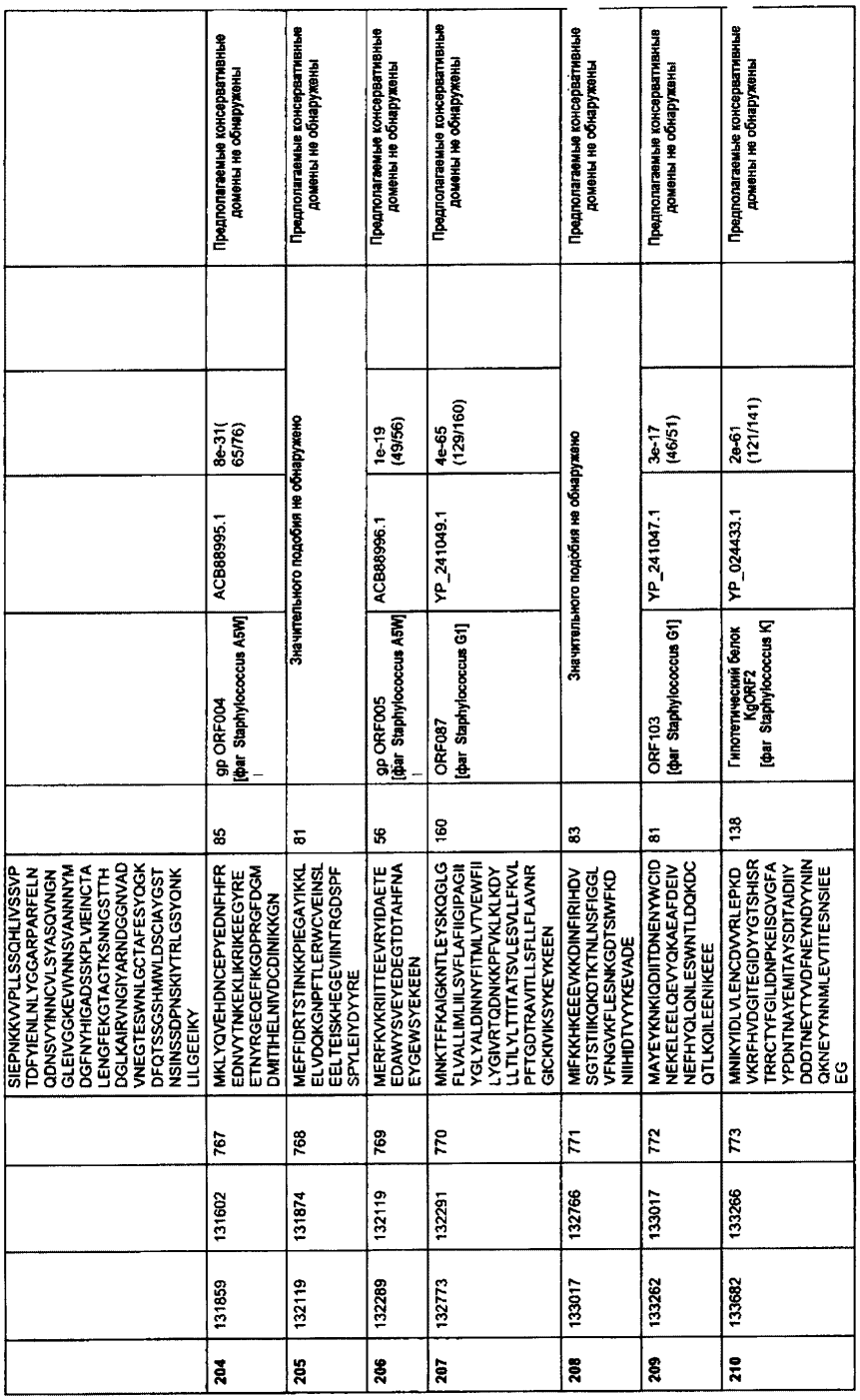
ФИГУРА 10NN

168

169

				ADINWKLV			YP_241038.1	3e-63 (120/154)		
199	127649	128122	762	MTNTIKGFLQTEEASTVKDVAT HGVQSGAIGRLIYTSDVAKFFD RHYSDIEAVVLDFLEGFTGQRY YDLLDYDLMRELEEHANVEFE DEDEYNNIQFDLAENASDEIEG FEDMDEAEQADAVIEAMDDVE LEILDTDKVQFVNLAVEIVAQQ MQEA	157	ORF092 [фаг Staphylococcus G1]				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
200	128202	128366	763	MTIKEIINQLQAVENKELELFVC DKEGNNISIKDITLFDSEAEHTE NNPLGINY	54	Гипотетический белок EFP_gp130 [фаг Enterococcus phiEF24C]	YP_001504239.1	0,001 (23/55)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
201	128378	128647	764	LNIREVHNVVKSAKSKLLQEQN NINNVMIDDYITEELHRRTQRS GTIQMNNNTASYSNGSYGGSLE EIREAYDLSSLSTNEIKELLETF V	89	ORF166 [фаг Staphylococcus G1]	YP_241041.1	7e-33 (70/89)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
202	128732	128953	765	MRDLQERKRELKTLLFNLAIEK NRATDETLRSVLEEAHQEVGN QLRKVRKEIEILVEEKEREFWN DFDFNGLD	73	gp ORF003 [фаг Staphylococcus A5W]	ACB88994.1	2e-28 (64/73)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
203	131537	129258	766	MPHLKAYDKEGNILAIGYNVYT EQGSVIIPNLKPHTKYPQGEFY VSWEGDNYESEKTVVPEFTTL ESSYKEITFYAKDILTVKPKTAY DIAVDNGFTGTEEEWVKSIKGE PGEPGKPGEPGKPGEPGKTG EPGKDFTFDRFTEEQLDSLRVF VNPSDSNLQEVNKTMEDSLIVY PDNGEDIRLYPSTVDKTYFSNIT IRNSIPENTMNPDGSFTLNSNG WLFYTVKAVEKLAPGKTFSAKII TDDVPDPKASFEYSIQDSDGSY IQTITQLNKINDTTFAINNINPEN SSKKSLRIDTRQVTSPVNIKQFL LFDGSSTKKIQTVANEEFIKGLI KEIDNMKISMKKETSYKIPVFTP VDYLIKDHPLVNNIFTDGLGKFS TSLNMENFKLRGGKSYYVDGE NGNDTNDGLSQSTPFKTFKKA QGIINNGDTLYVSDGDYFRVGG TLLPPISNKSINIGLGSNVNLFM ADEPTWTKTSGRDSTYEFTRS AVRRVVDFNNDREFTNVTSLD KVDTTLFSWYSDGTKVYVNNG	759	ORF002 [фаг Staphylococcus 37]	YP_240100.1	4e-105 (251/690)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены

ФИГУРА 1000

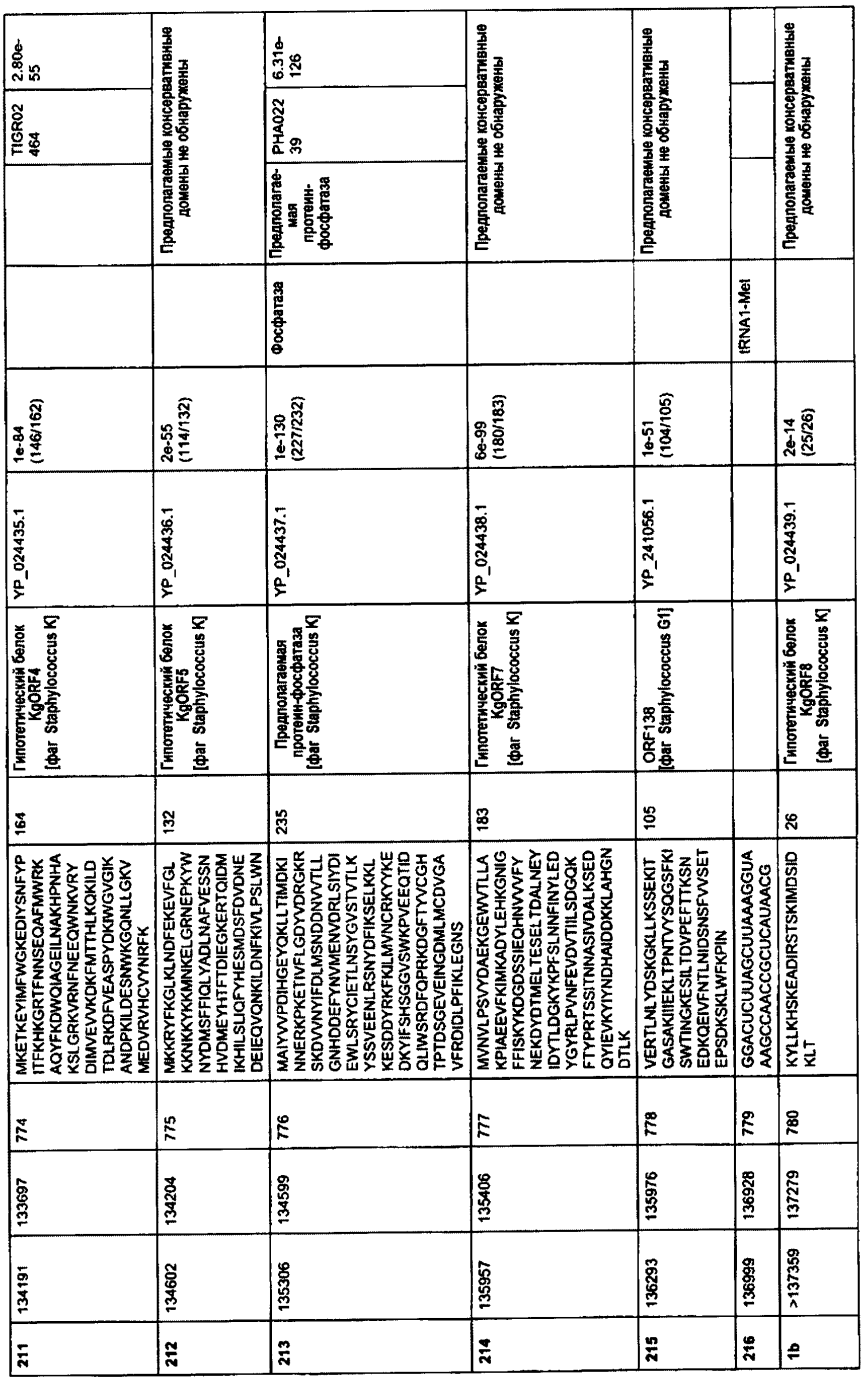


				SIEPNKKVVPLLSSQHLIVSSVP TDFYIENLNLYGGARPARFELN QDNSVYINNCVLSYASQVNGN GLEIVGGKEVIVNNSVANNNYM DGFNYHIGADSSKPLVIEINCTA LENGFEKGTAGTKSNNGSTTH DGLKAIRVNGIYARNDGGNVAD VNEGTESWNLGCTAFESYQGK DFQTSSGSHMWLDSCIAYGST NSINSSDPNSKIYTRLGSYQNK LILGEEIKY						
204	131859	131602	767	MKLYQVEHDNCEPYEDNFHFR EDNVYTNKEKLIKRIKEEGYRE ETNYRGEQEFIKGDPRGFDGM DMITIHELNIVDCDINIKKGN	85	gp ORF004 [phar Staphylococcus A5W]	ACB88995.1	8e-31(65/76)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
205	132119	131874	768	MEFFIDRTSTINKKPIEGAYIKKL ELVDQKGNPFTLERWCVEINSL EELTEISKHEGEVIINTRGDSPF SPYLEIYDYYRE	81	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
206	132289	132119	769	MERFKVKRIITTEEVRYIDAETE EDAWYSVEYEDEGTDTAHFNA EYGEWSYEKEEN	56	gp ORF005 [phar Staphylococcus A5W]	ACB88996.1	1e-19 (49/56)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
207	132773	132291	770	MNKTFFKAIGKNTLEYSKQGLG FLVALLIMLIILSVFLAFIIGIPAGII YGLYALDINNYFITMLVTVEWFII LYGIVRTQDNKKPFVKLKLKDY LLTILYLTTITATSVLESVLLFKVL PFTGDTRAVITLLSFLLFLAVNR GKCKIVIKSYKEYKEEN	160	ORF087 [phar Staphylococcus G1]	YP_241049.1	4e-65 (129/160)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
208	133017	132766	771	MIFKKHKEEEVKKDINFIFIRIHDV SGTSTTIIKQKDTKTNLNSFIGGL VFNGVKFLESNKGDTSNWFKD NIIHIDTVYYKEVADE	83	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
209	133262	133017	772	MAYEYKNKIQDIITDNENYWCID NEKELELQEVYQKAEAFDEIV NEFHYQLQNLESWNTLDQKDC QTLKQILEENIKEEE	81	ORF103 [phar Staphylococcus G1]	YP_241047.1	3e-17 (46/51)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены
210	133682	133266	773	MNIKYIDLVLENCDVVRLEPKD VKRFHVDGITEGIDYYGTSHISR TRRCTYFGILIDNPKEISGVGFA YPDNTNAYEMITAYSDITAIDIY DDDTNEYTYVDFNEYNDYYNIN QKNEYYNNMLEVTITESNSIEE EG	138	Гипотетический белок KgORF2 [phar Staphylococcus K]	YP_024433.1	2e-61 (121/141)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены

ФИГУРА 10РР

170

171

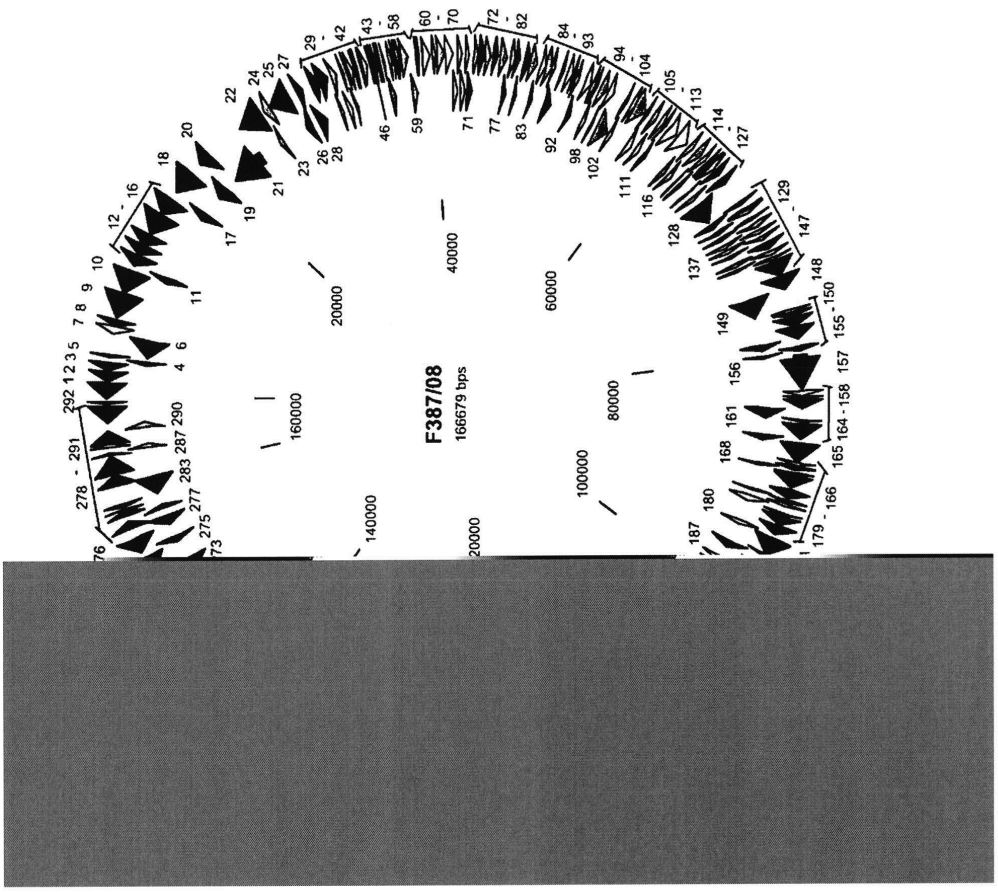


211	134191	133697	774	MKETKEYIMFWGKEDIYSNFYP ITFKHKGRTFNNSEQAFMWRK AQYFKDWQIAGEILNAKHPNHA KSLGRKVRNFNEEQWNKVRY DIMVEVVKDKFMTTHLKQKILD TDLRKDFVEASPYDKHWGVGIK ANDPKILDESNWKGQNLLGKV MEDVRVHCVYNRFK	164	Гипотетический белок KgORF4 [фаг Staphylococcus K]	YP_024435.1	1e-84 (146/162)			Предполагаемые консервативные домены не обнаружены	TIGR02 464	2.80e-55
212	134602	134204	775	MKKRYFKGLKLNDFEKEVFGL KKNNKYKKMNKELGRNEPKYW NYDMSFFIQLYADLNAFVESSN HVDMEYHTFTDIEGKERTQIDM IKHILSLIQFYHESMDSFDVDNE DEIEQVQNKILDNFKIVLPSLWN	132	Гипотетический белок KgORF5 [фаг Staphylococcus K]	YP_024436.1	2e-55 (114/132)			Предполагаемые консервативные домены не обнаружены			
213	135306	134599	776	MAIYVVPDIHGEYQKLLTIMDKI NNERKPKETIVFLGDYVDRGKR SKDVVNYIFDLMSNDDNVVTLL GNHDDEFYNVMENVDRLSIYDI EWLSRYCIETLNSYGVSTVTLK YSSVEENLRSNYDFIKSELKKL KESDDYRKFKILMVNCRKYYKE DKYIFSHSGGVSWKPVEEQTID QLIWSRDFQPRKDGFTYVCGH TPTDSGEVEINGDMLMCDVGA VFRDIDLPFIKLEGNS	235	Предполагаемая протеин-фосфатаза [фаг Staphylococcus K]	YP_024437.1	1e-130 (227/232)	Фосфатаза	Предполагае-мая протеин-фосфатаза	PHA022 39	6.31e-126
214	135957	135406	777	MVNVLPSVYDAEKGEWVTLLA KPIAEEVFKIMKADYLEHKGNIG FFISKYKDGDSSIEQHNVVVFY NEKDYDTMELTESELTDALNEY IDYTLDGKYKPFSLNNFINYLED YGYRLPVNFEVDVTIILSDGQK FTYPRTSSITNNASIVDALKSED QYIEVKYIYNDHAIDDKKLAHGN DTLK	183	Гипотетический белок KgORF7 [фаг Staphylococcus K]	YP_024438.1	6e-99 (180/183)			Предполагаемые консервативные домены не обнаружены			
215	136293	135976	778	VERTLNLYDSKGKLLKSSEKIT GASAKIIIEKLTPNTVYSQGSFKI SWTINGKESILTDVPEFTTKSN EDKQEIVFNTLNIDSNSFVVSET EPSDKSKLWFKPIN	105	ORF138 [фаг Staphylococcus G1]	YP_241056.1	1e-51 (104/105)			Предполагаемые консервативные домены не обнаружены			
216	136999	136928	779	GGACUCUUAGCUUAAAGGUA AAGCCAACCGCUCAUAACG						tRNA1-Met				
1b	>137359	137279	780	KYLLKHSKEADIRSTSKIMDSID KLT	26	Гипотетический белок KgORF8 [фаг Staphylococcus K]	YP_024439.1	2e-14 (25/26)			Предполагаемые консервативные домены не обнаружены			

ФИГУРА 10QQ

171

172


F387/08
166679 bps
0
20000
40000
60000
80000
100000
120000
140000
160000
orf Предполагаемая функция
1 Основной белок головки
2 Поддерживающий белок сердцевины проголовки
3 Поддерживающий белок сердцевины проголовки и протеазы
4 Белок сердцевины проголовки
5 Белок сердцевины проголовки
6 Портальный белок вершины головки
8 Белок трубки хвостового отростка
9 Белок чехла хвостового отростка
10 Фермент ДНК-терминаза, большая субъединица
11 Фермент ДНК-терминаза, малая субъединица
12 Стабилизирующий и завершающий белок чехла хвостового отростка
13 Белок шейки
14 Белок шейки
15 Фибритин
16 Короткие нити хвостового отростка
17 Завершение конусовидной базальной пластинки хвостового отростка
18 Завершение конусовидной базальной пластинки хвостового отростка
19 Фибриллярное соединение базальной пластинки хвостового отростка
20 Субъединица конусовидной базальной пластинки
21 Инициатор конусовидной базальной пластинки
22 Субъединица конусовидной базальной пластинки
25 Субъединица хаба базальной пластинки и лизоцим
26 Субъединица конусовидной базальной пластинки
27 Завершающий белок головки
28 Протекторный белок на конце ДНК

172

173

orf	Предполагаемая функция
29	Завершающий белок хвостового отростка и стабилизатор чехла
30	Дезоксинуклеозид-монофосфат-киназа
38	tRNA1-Tyr
39	tRNA2-Lys
40	tRNA3-Asn
41	tRNA4-Asp
43	tRNA5-Met
44	tRNA6-Gln
46	tRNA7-His
47	tRNA8-Ser
48	tRNA9-Ile
49	tRNA10-Trp
50	tRNA11-Gly
51	tRNA12-Pro
56	tRNA13-Met
60	tRNA14-Leu
61	tRNA15-Arg
62	tRNA16-Thr
71	Nudix-гидролаза
73	Лизоцим
75	Внутренний белок головки
79	Автономный кофактор глицильных радикалов
81	RegB сайт-специфической РНК-эндонуклеазы
83	Модификатор валил-тРНК-синтетазы
87	Тимидин-киназа
90	Предполагаемый регулятор подавления лизиса
92	Предполагаемый регулятор подавления лизиса
120	Тиоредоксин
125	Ингибитор протеазы
127	Endo VII упаковки и рекомбинации эндонуклеазы VII
128	Большая субъединица анаэробной NTP-редуктазы
130	Малая субъединица анаэробной NTP-редуктазы
133	Глутаредоксин
142	Сигма фактор
147	Альфа-глюкозил-трансфераза
148	Суб-единица рекомбинантной эндонуклеазы
149	Суб-единица рекомбинантной эндонуклеазы
151	Связывание РНК-полимеразы
152	ДНК-полимераза, скользящий зажим
153	Суб-единица зажима-погрузчика
154	Суб-единица зажима-погрузчика
155	Репрессорный белок трансляции
157	ДНК-полимераза
159	Иммунитет к мембранному белку при суперинфекции
160	Тимидилат-синтаза и пиримидин-гидроксиметилаза
161	Бета-глюкозил-HMC-альфа-глюкозил-трансфераза
163	RecA-подобный рекомбинантный белок
164	Шаперон сборки вертекса головки
165	АТФ ДНК-примазы-геликазы
167	Предшественник белка
170	Суб-единица ДНК-примазы
172	dCTPaza-пирофосфатаза
174	Малая молекула наружного капсидного белка
178	ADP-рибозилаза
179	Srd антитела к сигма фактору
181	ДНК-геликаза
183	Экзонуклеаза
186	cel модификатор супрессорных тРНК
192	Суб-единица ДНК-топоизомеразы
196	rIIA протектор от профаг-индуцированного раннего лизиса
197	rIIB протектор от профаг-индуцированного раннего лизиса
199	Эндонуклеаза IV
202	Белок нуклеазного расщепления
205	Промежуточная суб-единица топоизомеразы II
207	Промежуточный промотор активатора
217	Asia антитело против сигма 70
218	Холин
219	Катализатор сборки дистальных хвостовых нитей
220	L-образный белок хвостовых нитей
221	Шарнирный соединитель соединителя дистальных хвостовых нитей
222	Шарнирный соединитель соединителя проксимальных хвостовых нитей
223	Проксимальная суб-единица длинных хвостовых нитей
224	RNaseH-рибонуклеаза
225	Белок, связывающий оцДНК
226	Вспомогательный белок позднего промотора транскрипции
227	Погрузчик ДНК-геликазы
228	Белок, связывающий оцДНК
235	Дигидрофолатредуктаза
237	Тимидилат-синтетаза
240	Большая суб-единица аэробной NDP-редуктазы
241	Хоминг эндонуклеазы
242	Малая суб-единица аэробной NDP-редуктазы
243	Эндонуклеаза II
244	РНК-лигаза A
245	Ингибитор транскрипции хозяйских генов
250	Полинуклеотид-5'-киназа-3'-фосфатаза
254	dCMP-деаминаза

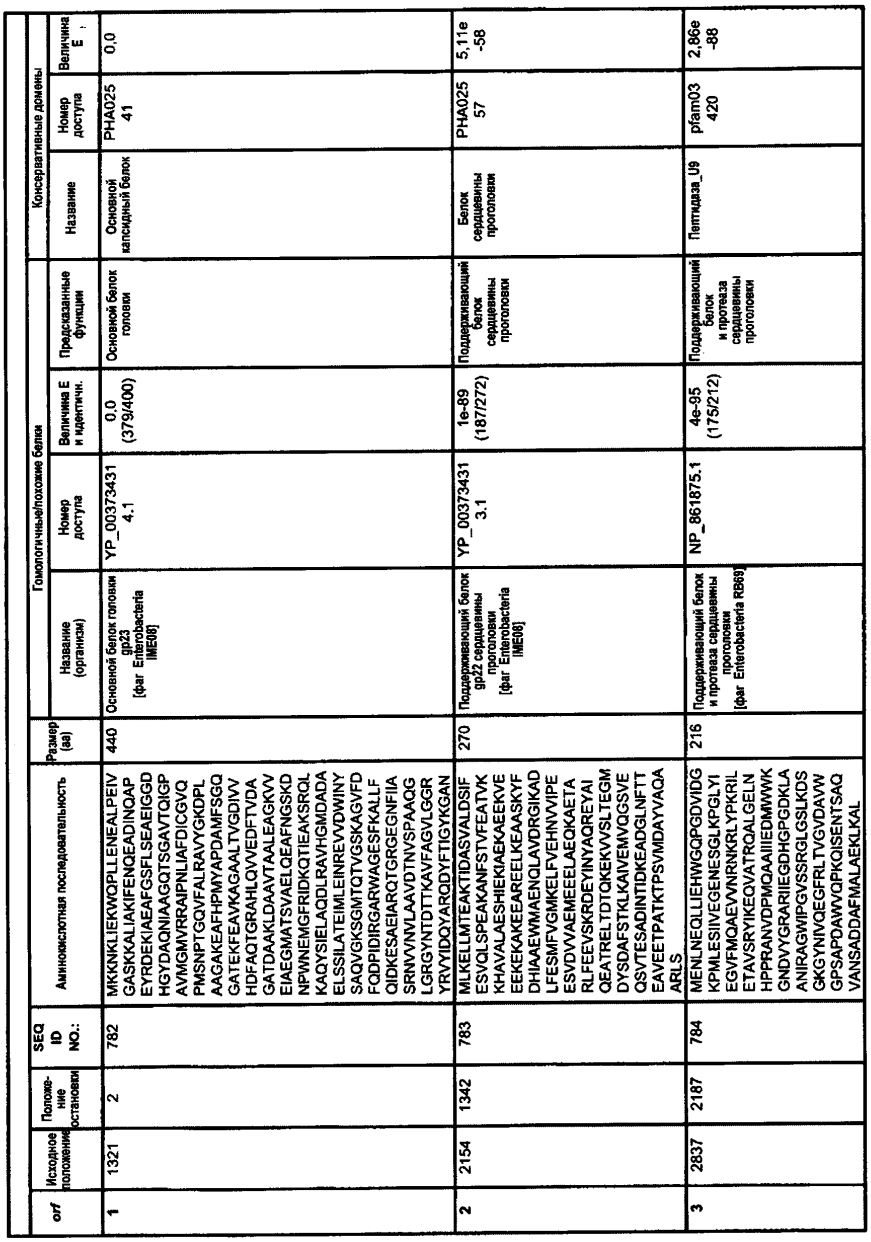
ФИГУРА 11B

orf	Предполагаемая функция
257	Кошаперон сборки головки с GroEL
258	Вспомогательный белок подавления лизиса
268	ДНК-лигаза
270	АДФ-рибозил- РНК-полимераза
272	Инициатор базальной пластинки хвостового отростка
273	Верхний колпачок базальной пластинки
274	Субъединица хаба базальной пластинки, детерминатор длины хвостового отростка
275	Субъединица дистального хаба базальной пластинки
276	Субъединица хаба базальной пластинки
277	Сборный катализатор хаба базальной пластинки
278	Субъединица хаба базальной пластинки
279	Субъединица конусовидной базальной пластинки
280	Белок связывания, рекомбинации и репарации онДНК
282	РНК-ДНК- и ДНК-ДНК-геликазы АТФаза
283	РНК-ДНК- и ДНК-ДНК-геликазы АТФаза
284	Минорный капсидный белок
285	Наружный капсидный белок
286	Субъединица ДНК-примазы-геликазы
289	РНК-лигаза
291	Предшественник субъединицы вершины головки
292	Предшественник основной субъединицы головки

ФИГУРА 11С

174

175

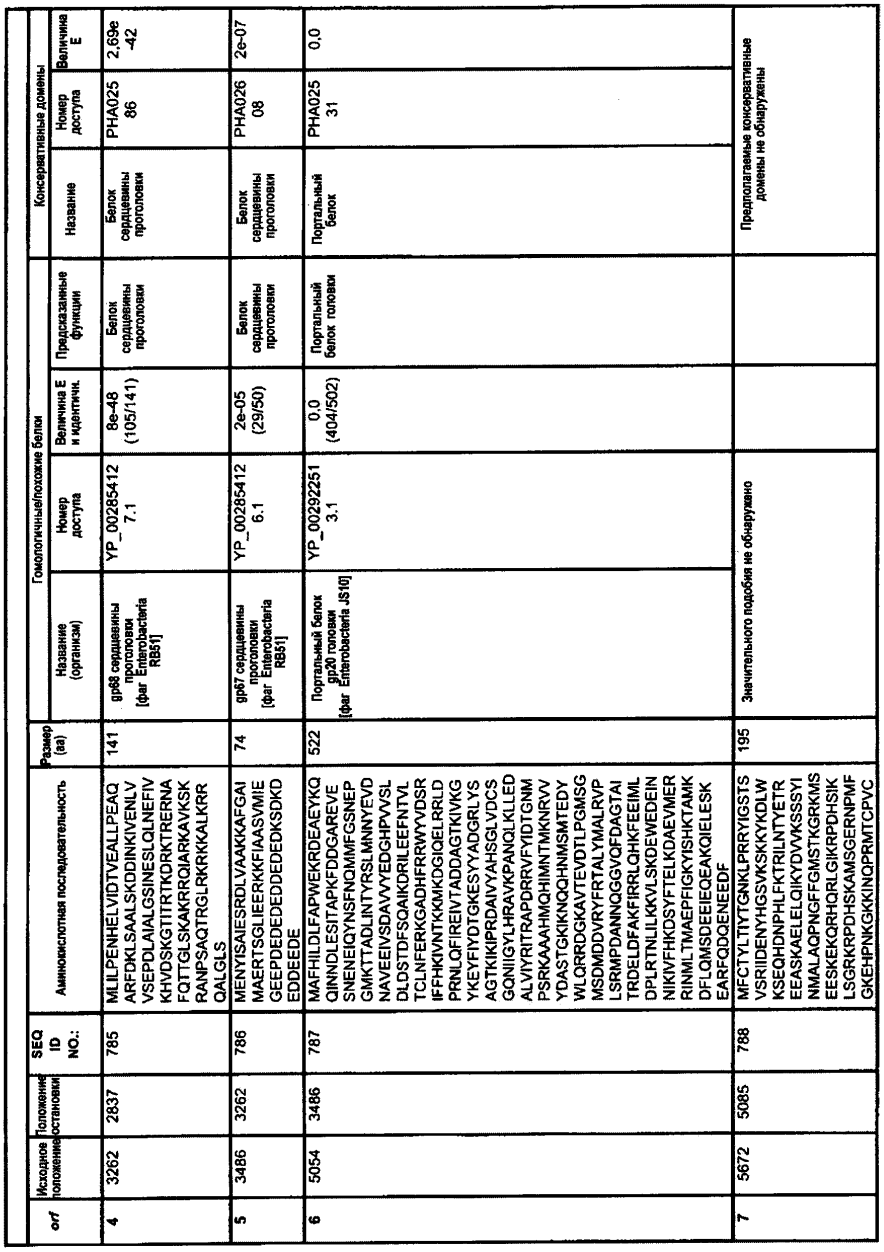


orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.:	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
1	1321	2	782	MKKNKLIEKWQPLLENEALPEIV GASKKALIAKIFENQEADINQAP EYRDEKIAEAFGSFLSEAEIGGD HGYDAQNIAAGQTSGAVTQIGP AVMGMVRRAIPNLIAFDICGVQ PMSNPTGQVFALRAVYGKDPL AAGAKEAFHPMYAPDAMFSGQ GATEKFEAVKAGAALTVGDIVV HDFAQTGRAHLQVVEDFTVDA GATDAAKLDAAVTAALEAGKVV EIAEGMATSVAELQEAFNGSKD NPWNEMGFRIDKQTIEAKSRQL KAQYSIELAQDLRAVHGMDADA ELSSILATEIMLEINREVVDWNY SAQVGKSGMTQTVGSKAGVFD FQDPIDIRGARVWAGESFKALLF QIDKESAEIARQTGRGEGNFIIA SRNVVNVLAAVDTNVSPAAQG LGRGYNTDTTKAVFAGVLGGR YRVYIDQYARQDYFTIGYKGAN	440	Основной белок головки gp23 [фаг Enterobacteria IME08]	YP_00373431 4.1	0.0 (379/400)	Основной белок головки	Основной капсидный белок	PHA025 41	0,0
2	2154	1342	783	MLKELLMTEAKTIDASVALDSIF ESVQLSPEAKANFSTVFEATVK KHAVALAESHIEKIAEKAEEKVE EEKEKAKEEAREELKEAASKYF DHIAAEWMAENQLAVDRGIKAD LFESMFVGMKELFVEHNVVIPE ESVDVVAEMEEELAEQKAETA RLFEEVSKRDEYINYAQREYAI QEATRELTDTQKEKVVSLTEGM DYSDAFSTKLKAIVEMVQGSVE QSVTESADINTIDKEADGLNFTT EAVEETPATKTPSVMIDAYVAQA ARLS	270	Поддерживающий белок gp22 сердцевины проголовки [фаг Enterobacteria IME08]	YP_00373431 3.1	1e-89 (187/272)	Поддерживающий белок сердцевины проголовки	Белок сердцевины проголовки	PHA025 57	5,11e -58
3	2837	2187	784	MENLNEQLLIEHWGQPGDVIDG KPMLESIIVEGENESGLKPGLYI EGVFMQAEVVNRNKRLYPKRIL ETAVSRYIKEQVATRQALGELN HPPRANVDPMQAAIIEDMWWK GNDVYGRARIIEGDHGPGDKLA ANIRAGWIPGVSSRGLGSLKDS GKGYNVQEGFRLTVGVDAVW GPSAPDAWVQPKQISENTSAQ VANSADDAFMALAEKLKAL	216	Поддерживающий белок и протеаза сердцевины проголовки [фаг Enterobacteria RB69]	NP_861875.1	4e-95 (175/212)	Поддерживающий белок и протеаза сердцевины проголовки	Пептидаза_U9	pfam03 420	2,86e -88

ФИГУРА 12А

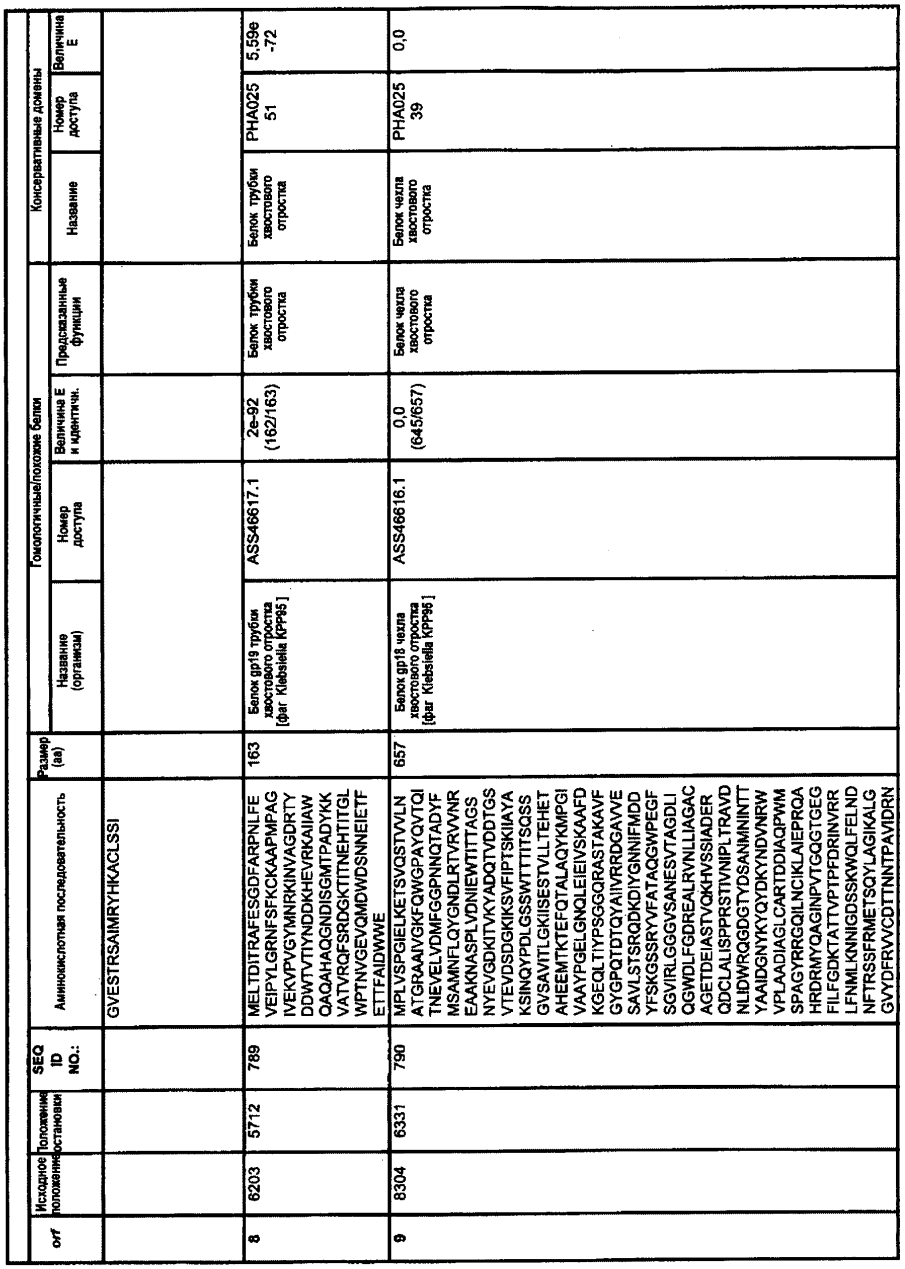
175

176



orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.:	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки			Предсказанные функции	Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.		Название	Номер доступа	Величина E
4	3262	2837	785	MLILPENHELVIDTVEALLPEAQ ARFDKLSAALSKDDINKIVENLV VSEPDLAIALGSINESLQLNEFIV KHVDSKGTITRTKQRKTRERNA FQTTGLSKAKRRQIARKAVKSK RANPSAQTRGLRKRKKALKRR QALGLS	141	gp68 сердцевины проголовки [фаг Enterobacteria RB51]	YP_00285412 7.1	8e-48 (105/141)	Белок сердцевины проголовки	Белок сердцевины проголовки	PHA025 86	2.69e -42
5	3486	3262	786	MENYISAIESRDLVAAKKAFGAI MAERTSGLIEERKKFIAASVMIE GEEPDEDEDEDDEDEDKSDKD EDDEEDE	74	gp67 сердцевины проголовки [фаг Enterobacteria RB51]	YP_00285412 6.1	2e-05 (29/50)	Белок сердцевины проголовки	Белок сердцевины проголовки	PHA026 08	2e-07
6	5054	3486	787	MAFHILDLFAPWEKRDEAEYKQ QINNDLESITAPKFDDGAREVE SNENEIQYNSFNQMMFGSNEP GMKTTADLINTYRSLMNNYEVD NAVEEIVSDAVVYEDGHPVVSL DLDSTDFSQAIKDRILEEFNTVL TCLNFERKGADHFRRWYVDSR IFFHKIVNTKKMKDGIQELRRLD PRNLQFIREIVTADDAGTKIVKG YKEYFIYDTGKESYYADGRLYS AGTKIKIPRDAIVYAHSGLVDCS GQNIIGYLHRAVKPANQLKLLED ALVIYRITRAPDRRVFYIDTGNM PSRKAAAHMQHIMNTMKNRVV YDASTGKIKNQQHNMSMTEDY WLQRRDGKAVTEVDTLPGMSG MSDMDDVRYFRTALYMALRVP LSRMPDANNQGGVQFDAGTAI TRDELDFAKFIRRLQHKFEEIML DPLRTNLILKKVLSKDEWEDEIN NIKIVFHKDSYFTELKDAEVMER RINMLTMAEPFIGKYISHKTAMK DFLQMSDEEIEQEAKQIELESK EARFQDQENEEDF	522	Портальный белок gp20 головки [фаг Enterobacteria JS10]	YP_00292251 3.1	0.0 (404/502)	Портальный белок головки	Портальный белок	PHA025 31	0.0
7	5672	5085	788	MFCTYLTIYTGNKLPRRYIGSTS VSRIIDENYHGSVKSKKYKDLW KSEQHDNPHLFKTRILNTYETR EEASKAELELQIIKYDVVKSSSYI NMALAQPNGFFGMSTKGRKMS EESKEKQRHQRLGIKRPDHSIK LSGRKRPDHSKAMSGERNPMF GKEHPNKGKKINQPRMTCPVC	195	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

ФИГУРА 12В

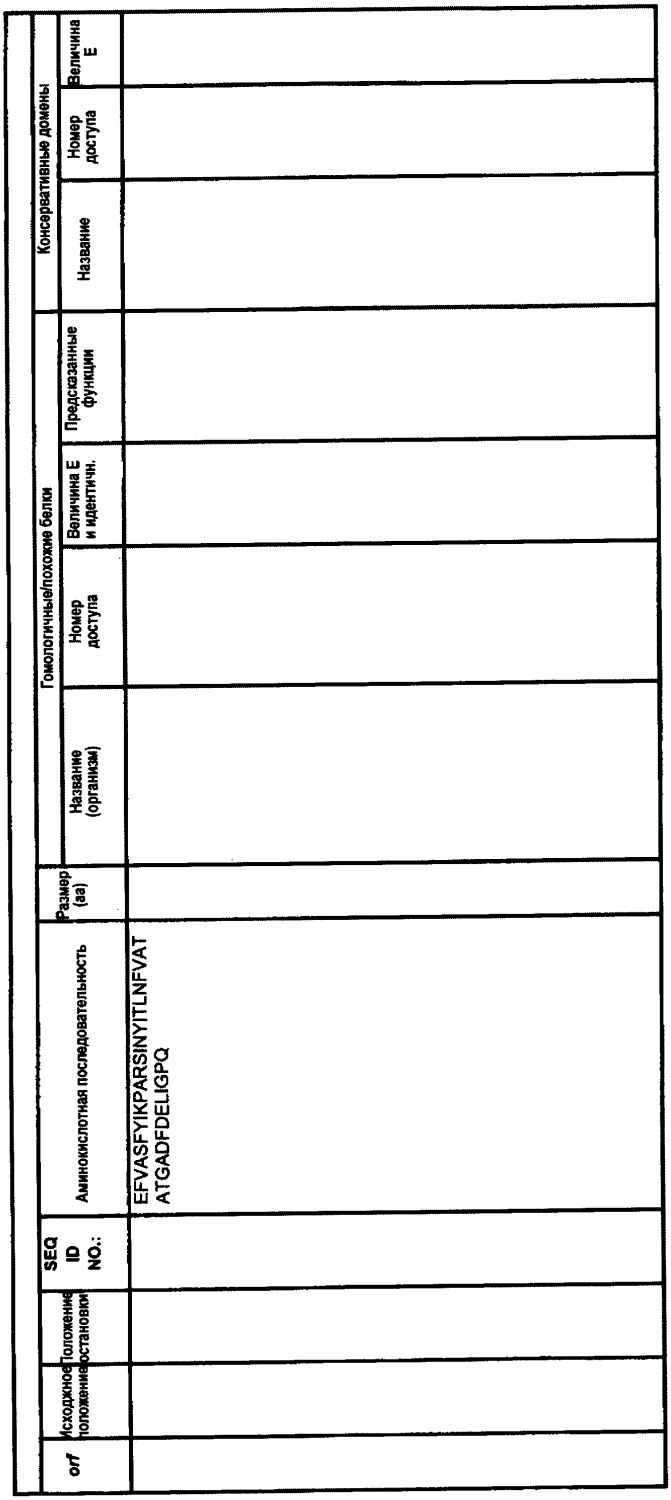


orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.:	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
				GVESTRSAIMRYHKACLSSI								
8	6203	5712	789	MELTDITRAFESGDFARPNLFE VEIPYLGRNFSFKCKAAPMPAG IVEKVPVGYMNRKINVAGDRTY DDWTVTIYNDDKHEVRKAIIAW QAQAHAQGNDISGMTPADYKK VATVRQFSRDGKTITNEHTITGL WPTNVGEVQMDWDSNNEIETF ETTFAIDWWE	163	Белок gp19 трубки хвостового отростка [фаг Klebsiella KPP95]	ASS46617.1	2e-92 (162/163)	Белок трубки хвостового отростка	Белок трубки хвостового отростка	PHA025 51	5.59e -72
9	8304	6331	790	MPLVSPGIELKETSVQSTVVLN ATGRAAIVGKFQWGPAYQVTQI TNEVELVDMFGGPNNQTADYF MSAMNFLQYGNDLRTVRVVNR EAAKNASPLVDNIEWTITTAGS NYEVGDKITVKYADQTVDDTGS VTEVDSDGKIKSVFIPTSKIIAYA KSINQYPDLGSSWTTITSQSS GVSAVITLGKIISESTVLLTEHET AHEEMTKTEFQTALAQYKMPGI VAAYPGELGNQLEEIVSKAAFD KGEQLTIYPSGGQRASTAKAVF GYGPQTDTQYAIIVRRDGAVVE SAVLSTSRQDKDIYGNNIFMDD YFSKGSSRYVFATAQGWPEGF SGVIRLGGGVSANESVTAGDLI QGWDLFGDREALRVNLLIAGAC AGETDEIASTVQKHVSSIADER QDCLALISPPRSTIVNIPLTRAVD NLIDWRQGDGTYDSANMNINTT YAAIDGNYKYQYDKYNDVNRW VPLAADIAGLCARTDDIAQPWM SPAGYRRGQILNCIKLAIEPRQA HRDRMYQAGINPVTGQGTGEG FILFGDKTATTVPTPFDRINVRR LFNMLKNNIGDSSKWQLFELND NFTRSSFRMETSQYLAGIKALG GVYDFRVVCDTTNNTPAVIDRN	657	Белок gp18 чехла хвостового отростка [фаг Klebsiella KPP95]	ASS46616.1	0,0 (645/657)	Белок чехла хвостового отростка	Белок чехла хвостового отростка	PHA025 39	0,0

ФИГУРА 12С

177

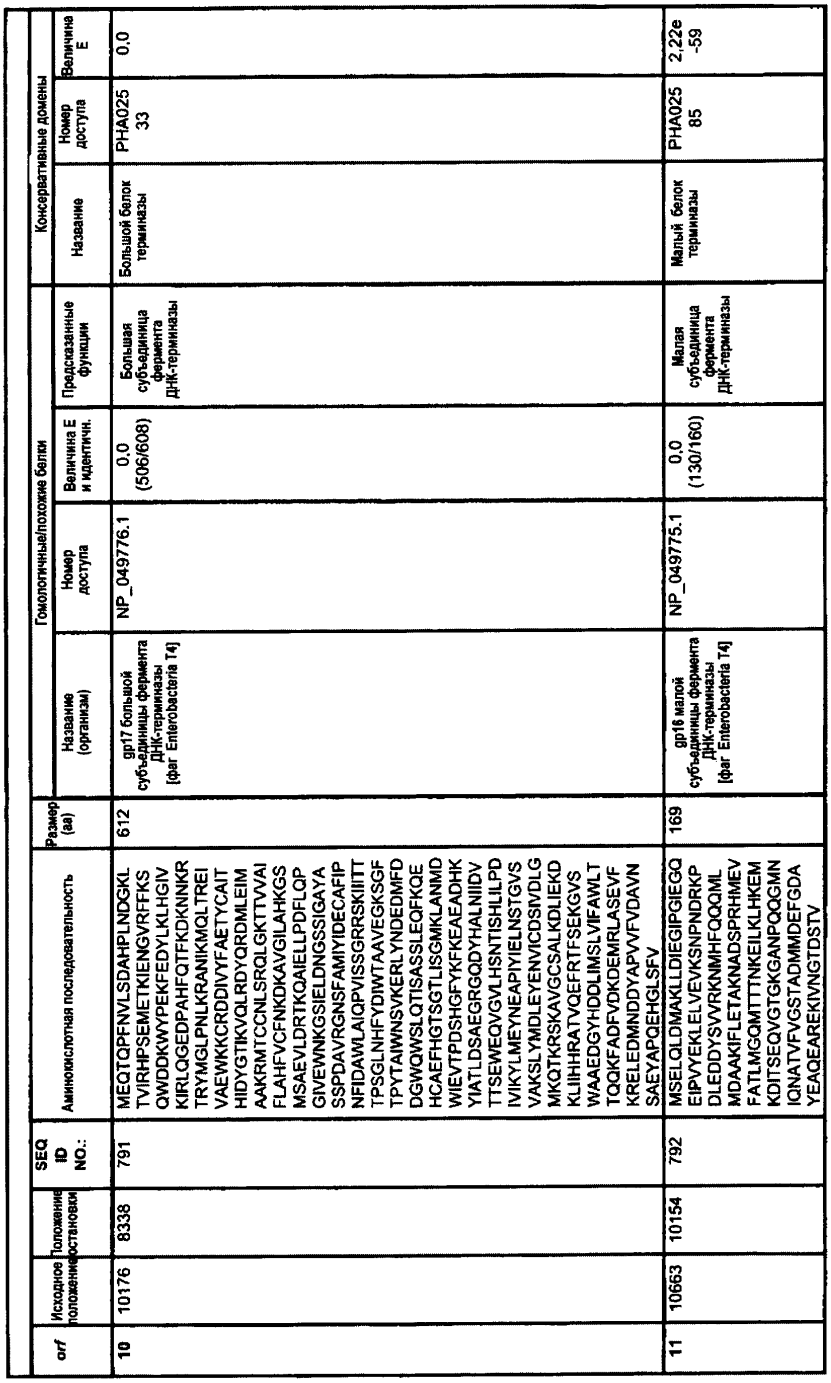
178



ФИГУРА 12D

178

179

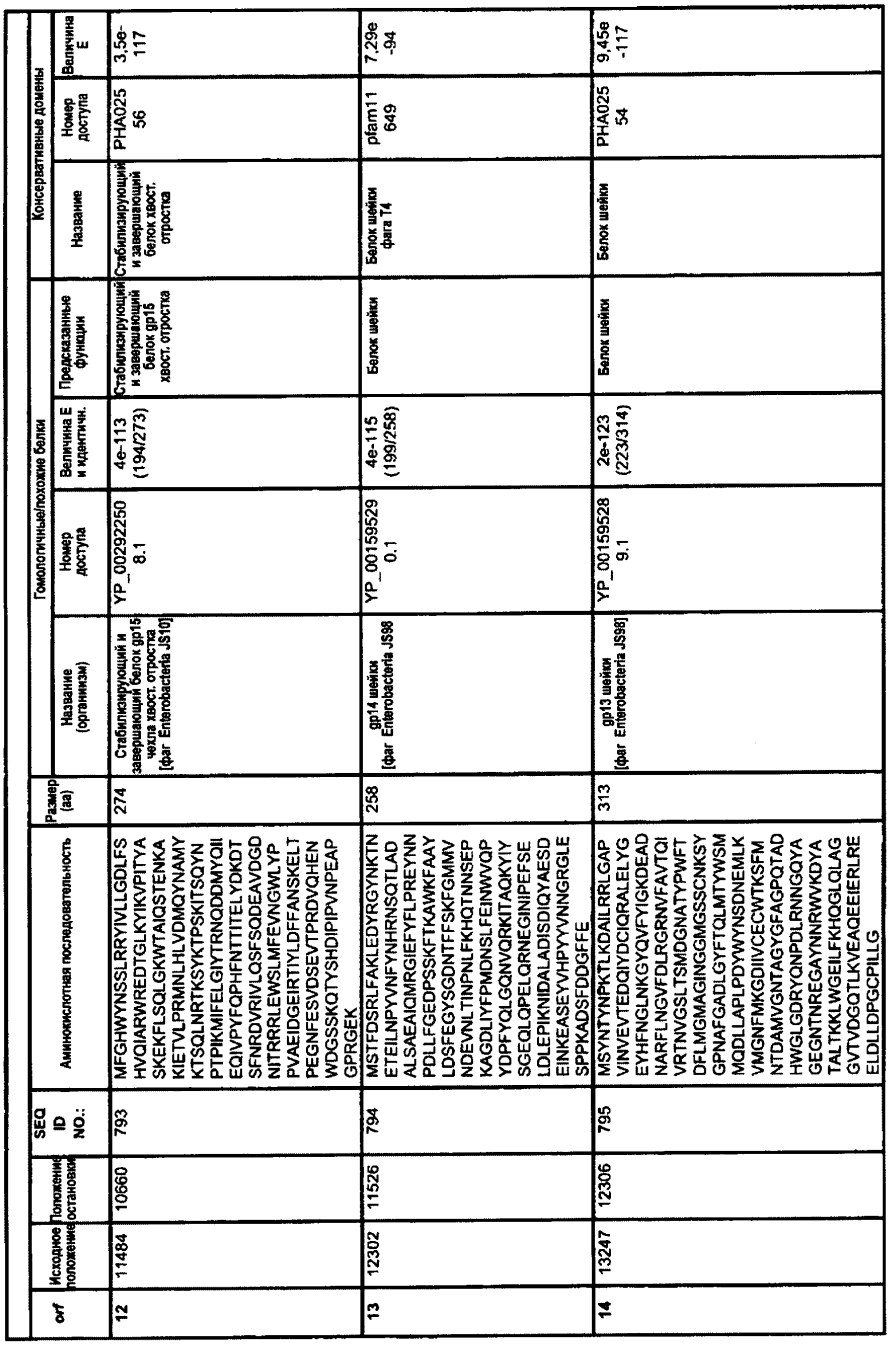


orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.:	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
10	10176	8338	791	MEQTQPFNVLSDAHPLNDGKL TVIRHPSEMETKIENGVRFFKS QWDDKWYPEKFEDYLKLHGIV KIRLQGEDPAHFQTFKDKNNKR TRYMGLPNLKRANIKMQLTREI VAEWKKCRDDIVYFAETYCAIT HIDYGTIKVQLRDYQRDMLEIM AAKRMTCCNLSRQLGKTTVVAI FLAHFVCFNKDKAVGILAHKGS MSAEVLDRTKQAIELLPDFLQP GIVEWNKGSIELDNGSSIGAYA SSPDAVRGNSFAMIYIDECAFIP NFIDAWLAIQPVISSGRRSKIITT TPSGLNHFYDIWTAAVEGKSGF TPYTAIWNSVKERLYNDEDMFD DGWQWSLQTISASSLEQFKQE HCAEFHGTSGTLISGMKLANMD WIEVTPDSHGFYKFKEAEADHK YIATLDSAEGRGQDYHALNIIDV TTSEWEQVGVLHSNTISHLILPD IVIKYLMEYNEAPIYIELNSTGVS VAKSLYMDLEYENVICDSIVDLG MKQTKRSKAVGCSALKDLIEKD KLIIHHRATVQEFRTFSEKGVS WAAEDGYHDDLIMSLVIFAWLT TQQKFADFVDKDEMRLASEVF KRELEDMNDDYAPVVFVDAVN SAEYAPQEHGLSFV	612	gp17 большой субъединицы фермента ДНК-терминазы [фаг Enterobacteria T4]	NP_049776.1	0,0 (506/608)	Большая субъединица фермента ДНК-терминазы	Большой белок терминазы	PHA025 33	0,0
11	10663	10154	792	MSELQLDMAKLLDIEGIPGIEGQ EIPVYEKLELVEVKSNPNDRKP DLEDDYSVVRKNMHFQQQML MDAAKIFLETAKNADSPRHMEV FATLMGQMTTTNKEILKLHKEM KDITSEQVGTGKGANPQQQGMN IQNATVFVGSTADMMDEFGDA YEAQEAREKIVNGTDSTV	169	gp18 малой субъединицы фермента ДНК-терминазы [фаг Enterobacteria T4]	NP_049775.1	0,0 (130/160)	Малая субъединица фермента ДНК-терминазы	Малый белок терминазы	PHA025 85	2,22e -59

ФИГУРА 12E

179

180

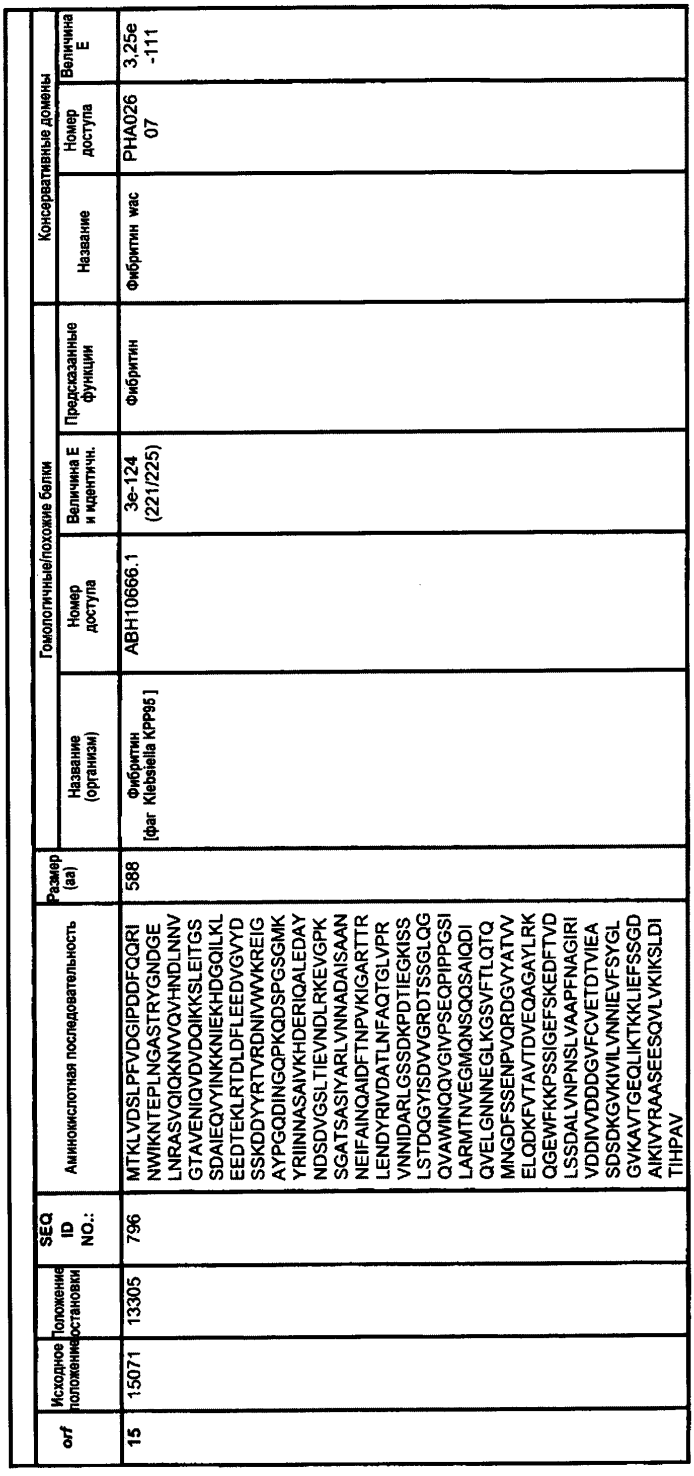


orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.:	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены			
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
12	11484	10660	793	MFGHWYNSSLRRYIVLLGDLFS HVQIARWREDTGLKYIKVPITYA SKEKFLSQLGKWTAIQSTENKA KIETVLPRMNLHLVDMQYNAMY KTSQLNRTKSYKTPSKITSQYN PTPIKMIFELGIYTRNQDDMYQII EQIVPYFQPHFNTTITELYDKDT SFNRDVRIVLQSFSQDEAVDGD NITRRRLEWSLMFEVNGWLYP PVAEIDGEIRTIYLDFFANSKELT PEGNFESVDSEVTPRDVQHEN WDGSSKQTYSHDIPIPVNPEAP GPRGEK	274	Стабилизирующий и завершающий белок хвост. отростка [фаг Enterobacteria JS10]	YP_002922508.1	4e-113 (194/273)	Стабилизирующий и завершающий белок gp15 хвост. отростка	Стабилизирующий и завершающий белок хвост. отростка	PHA02556	3.5e-117
13	12302	11526	794	MSTFDSRLFAKLEDYRGYNKTN ETEILNPYVNFYNHRNSQTLAD ALSAEAIQMRGIEFYFLPREYNN PDLLFGEDPSSKFTKAWKFAAY LDSFEGYSGDNTFFSKFGMMV NDEVNLTINPNLFKHQTNNSEP KAGDLIYFPMDNSLFEINWVQP YDPPYQLGQNVQRKITAQKYIY SGEQLQPELQRNEGINIPEFSE LDLEPIKNIDALADISDIQYAESD EINKEASEYVHPYYVNNGRGLE SPPKADSFDDGFFE	258	gp14 шейки [фаг Enterobacteria JS98	YP_001595290.1	4e-115 (199/258)	Белок шейки	Белок шейки фага T4	pfam11649	7.29e-94
14	13247	12306	795	MSYNTYNPKTLKDAILRRLGAP VINVEVTEDQIYDCIQRALELYG EYHFNGLNKGYQVFYIGKDEAD NARFLNGVFDLRGRNVFAVTQI VRTNVGSLTSMDGNATYPWFT DFLMGMAGINGGMGSSCNKSY GPNAFGADLGYFTQLMTYWSM MQDLLAPLPDYWYNSDNEMLK VMGNFMKGDIIVCECWTKSFM NTDAMVGNTAGYGFAGPQTAD HWGLGDRYQNPDLRNNGQYA GEGNTNREGAYNNRWVKDYA TALTKKLWGEILFKHQGLQLAG GVTVDGQTLKVEAQEEIERLRE ELDLLDPGCPILLG	313	gp13 шейки [фаг Enterobacteria JS98]	YP_001595285.1	2e-123 (223/314)	Белок шейки	Белок шейки	PHA02554	9,45e-117

ФИГУРА 12F

180

181

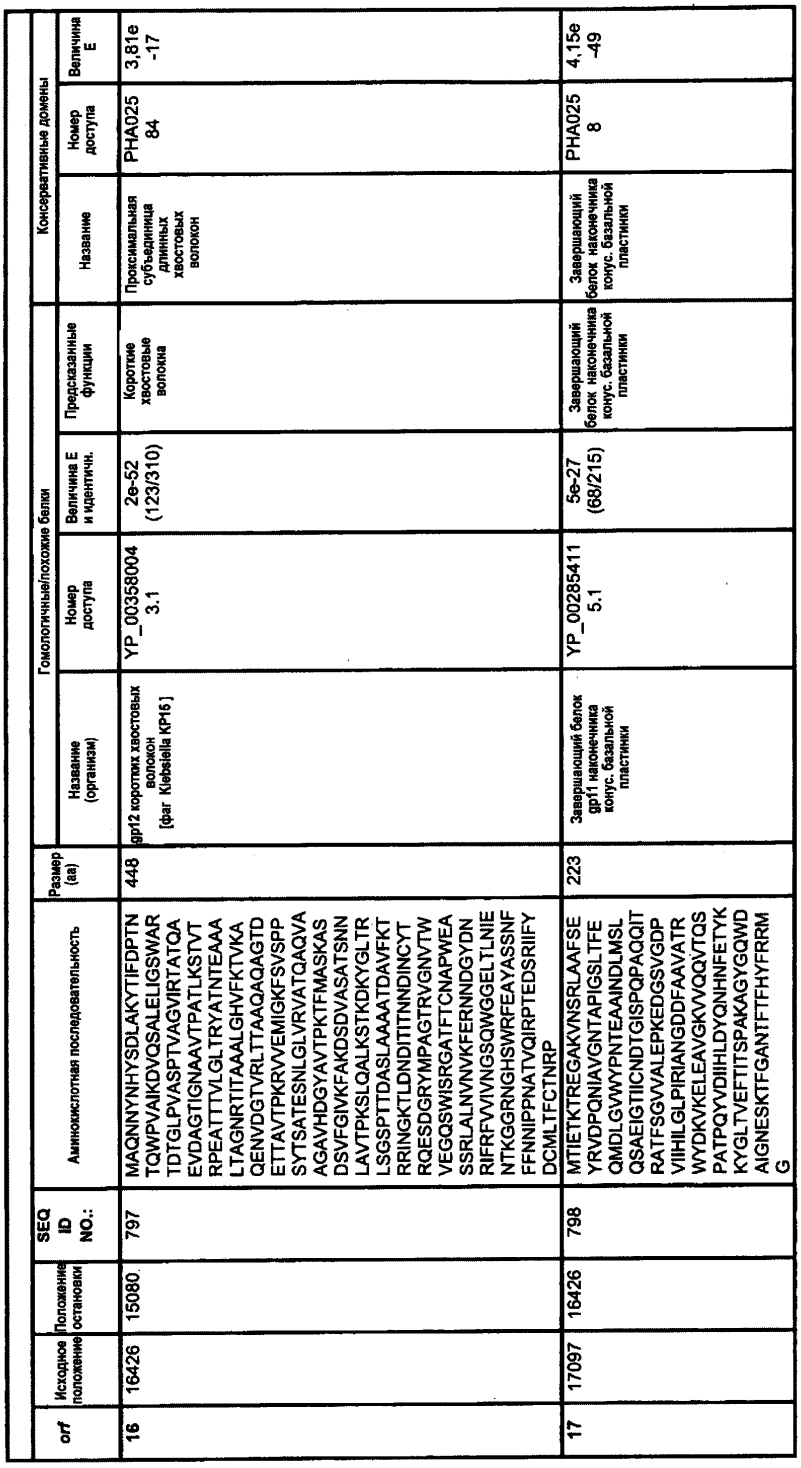


orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.:	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
15	15071	13305	796	MTKLVDSLPFVDGIPDDFQQRI NWIKNTEPLNGASTRYGNDGE LNRASVQIQKNVVQVHNDLNNV GTAVENIQVDVDQIKKSLEITGS SDAIEQVYINKKNIEKHDGQILKL EEDTEKLRTDLDFLEEDVGVYD SSKDDYYRTVRDNIVWVKREIG AYPGQDINGQPKQDSPGSGMK YRIINNASAIVKHDERIQALEDAY NDSDVGSLTIEVNDLRKEVGPK SGATSASIYARLVNNADAISAAN NEIFAINQAIDFTNPVKIGARTTR LENDYRIVDATLNFAQTGLVPR VNNIDARLGSSDKPDTIEGKISS LSTDQGYISDVVGRDTSSGLQG QVAWINQQVGIVPSEQPIPPGSI LARMTNVEGMQNSQQSAIQDI QVELGNNNEGLKGSVFTLQTQ MNGDFSSENPVQRDGVYATVV ELQDKFVTAVTDVEQAGAYLRK QGEWFKKPSSIGEFSKEDFTVD LSSDALVNPNSLVAAPFNAGIRI VDDIVVDDDGVFCVETDTVIEA SDSDKGVKIVILVNNIEVFSYGL GVKAVTGEQLIKTKKLIEFSSGD AIKIVYRAASEESQVLVKIKSLDI TIHPAV	588	Фибритин [фаг Klebsiella KPP95]	ABH10666.1	3e-124 (221/225)	Фибритин	Фибритин wac	PHA02607	3.25e-111

ФИГУРА 12G

181

182

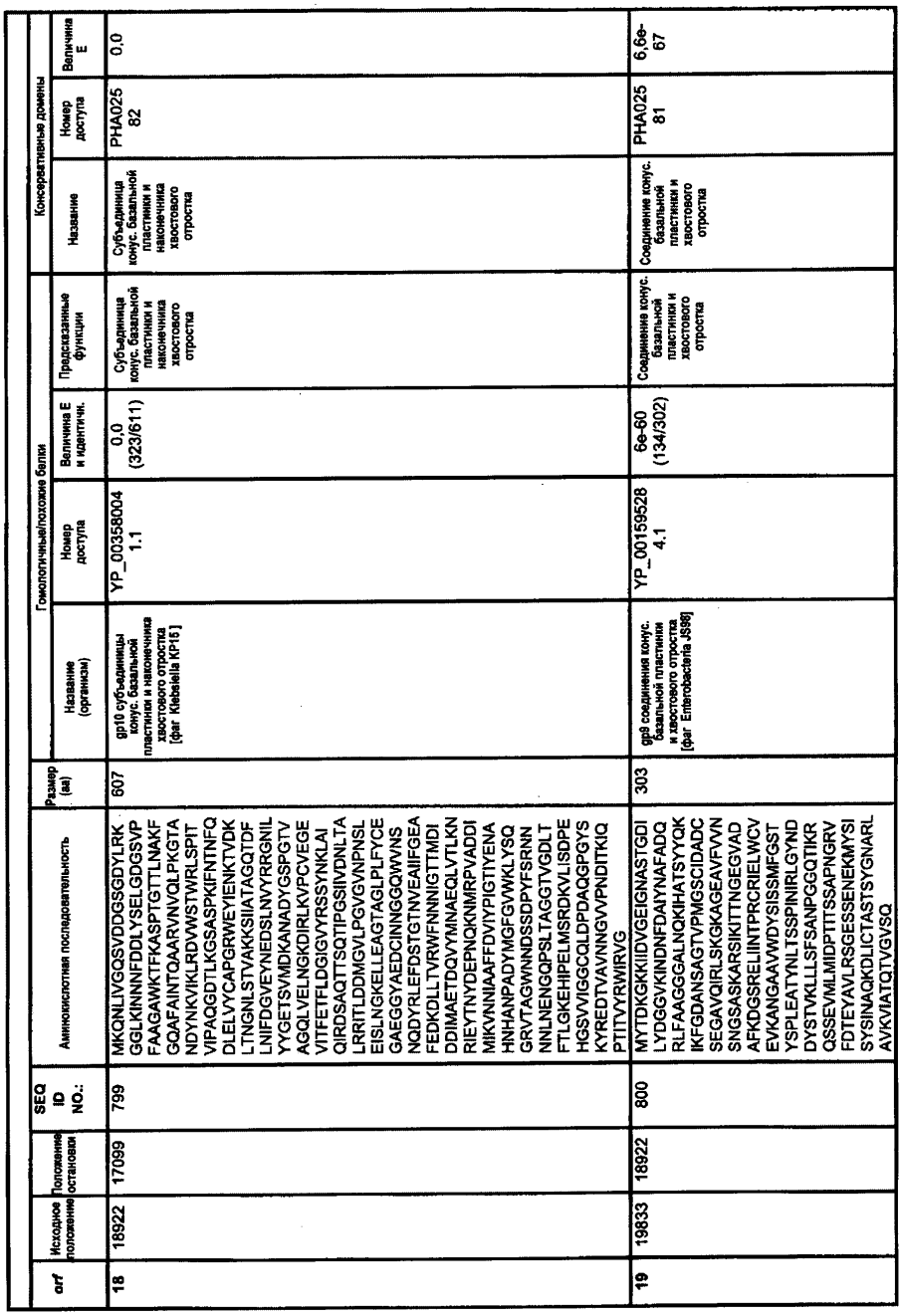


orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.:	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
16	16426	15080	797	MAQNNYNHYSDLAKYTIFDPTN TQWPVAIKDVQSALELIGSWAR TDTGILPVASPTVAGVIRTATQA EVDAGTIGNAAVTPATLKSTVT RPEATTTVLGLTRYATNTEAAA LTAGNRTITAAALGHVFKTVKA QENVDGTVRLTTAAQAAGTD ETTAVTPKRVVEMIGKFSVSPP SYTSATESNLGLVRVATQAQVA AGAVHDGYAVTPKTFMASKAS DSVFGIVKFAKDSDVASATSNN LAVTPKSLQALKSTKDKYGLTR LSGSPTTDASLAAAATDAVFKT RRINGKTLDNDITITNNDINCYT RQESDGRYMPAGTRVGNVTW VEGQSWISRGATFTCNAPWEA SSRLALNVNVKFERNNDGYDN RIFRFVVIVNGSQWGGELTLNIE NTKGGRNGHSWRFEAYASSNF FFNNIPPNATVQIRPTEDSRIIFY DCMLTFCTNRP	448	gp12 коротких хвостовых волокон [фаг Klebsiella KP16]	YP_00358004 3.1	2e-52 (123/310)	Короткие хвостовые волокна	Проксимальная субъединица длинных хвостовых волокон	PHA025 84	3,81e -17
17	17097	16426	798	MTIETKTREGAKVNSRLAAFSE YRVDPQNIAVGNTAPIGSLTFE QMDLGVWYPNTEAAINDLMSL QSAEIGTTICNDTGISPQPAQQIT RATFSGVVALEPKEDGSVGDP VIIHILGLPIRIANGDDFAAVATR WYDKVKELEAVGKVVQQVTQS PATPQYVDIIHLDYQNHNFETYK KYGLTVEFTITSPAKAGYGQWD AIGNESKTFGANTFTFHYFRRM G	223	Завершающий белок gp11 наконечника конус. базальной пластинки	YP_00285411 5.1	5e-27 (68/215)	Завершающий белок наконечника конус. базальной пластинки	Завершающий белок наконечника конус. базальной пластинки	PHA025 8	4,15e -49

ФИГУРА 12H

182

183

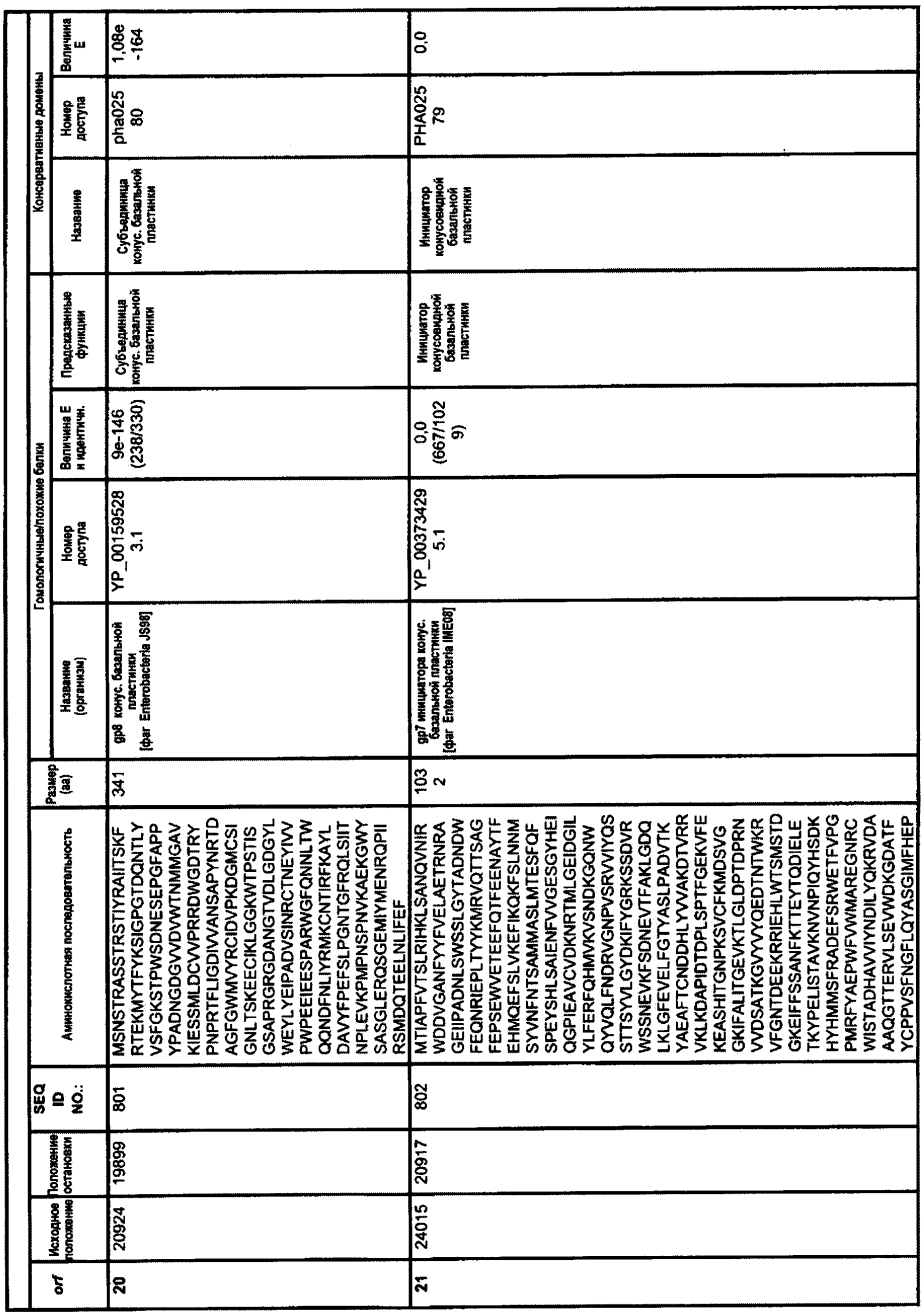


orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.:	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки			Предсказанные функции	Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.		Название	Номер доступа	Величина E
18	18922	17099	799	MKQNLIVGQSVDDGSGDYLRK GGLKINNNFDDLYSELGDGSVP FAAGAWKTFKASPTGTTLNAKF GQAFAINTQAARVNVQLPKGTA NDYNKVIKLRDVWSTWRLSPIT VIPAQGDTLKGSASPKIFNTNFQ DLELVYCAPGRWEYIENKTVDK LTNGNLSTVAKKSIIATAGQTDF LNIFDGVEYNEDSLNVYRRGNIL YYGETSVMDKANADYGSPGTV AGQLVELNGKDIRLKVPCVEGE VITFETFLDGIGVYRSSYNKLAI QIRDSAQTTSQTIPGSIIVDNLTA LRRITLDDMGVLPGVGVNPNSL EISLNGKELLEAGTAGLPLFYCE GAEGGYAEDCINNGGQWVNS NQDYRLEFDSTGTNVEAIIFGEA FEDKDLLTVRWFNNNIGTTMDI DDIMAETDQVYMNAEQLVTLKN RIEYTNYDEPNQKNMRPVADDI MIKVNNIAAFFDVIYPIGTIYENA HNHANPADYMGFGVWKLYSQ GRVTAGWNNDSSDPYFSRNN NNLNENGQPSLTAGGTVGDLT FTLGKEHIPELMSRDKVLISDPE HGSVVIGGCQLDPDAQGPGYS KYREDTVAVNNGVVPNDITKIQ PTITVYRWIRVG	607	gp10 суб-единицы конус. базальной пластинки и наконечника хвостового отростка [фаг Klebsiella KP15]	YP_00358004 1.1	0,0 (323/611)	Суб-единица конус. базальной пластинки и наконечника хвостового отростка	Субъединица конус. базальной пластинки и наконечника хвостового отростка	PHA025 82	0,0
19	19833	18922	800	MYTDKGKKIIDVGEIGNASTGDI LYDGGVKINDNFDAIYNAFADQ RLFAAGGGALNQKIHATSYYQK IKFGDANSAGTVPMGSCIDADC SEGAVQIRLSKGKAGEAVFVVN SNGSASKARSIKITTNGEGVAD AFKDGSRELIINTPRCRIELWCV EVKANGAAWDYSISSMFGST YSPLEATYNLTSSPINIRLGYND DYSTVKLLLSFSANPGGQTIKR QSSEVMLMIDPTITSSAPNGRV FDTEYAVLRSGESSENEKMYSI SYSINAQKDLICTASTSYGNARL AVKVIATQTVGVSQ	303	gp9 соединения конус. базальной пластинки и хвостового отростка [фаг Enterobacteria JS98]	YP_00159528 4.1	6e-60 (134/302)	Соединение конус. базальной пластинки и хвостового отростка	Соединения конус. базальной пластинки и хвостового отростка	PHA025 81	6,6e-67

ФИГУРА 12I

183

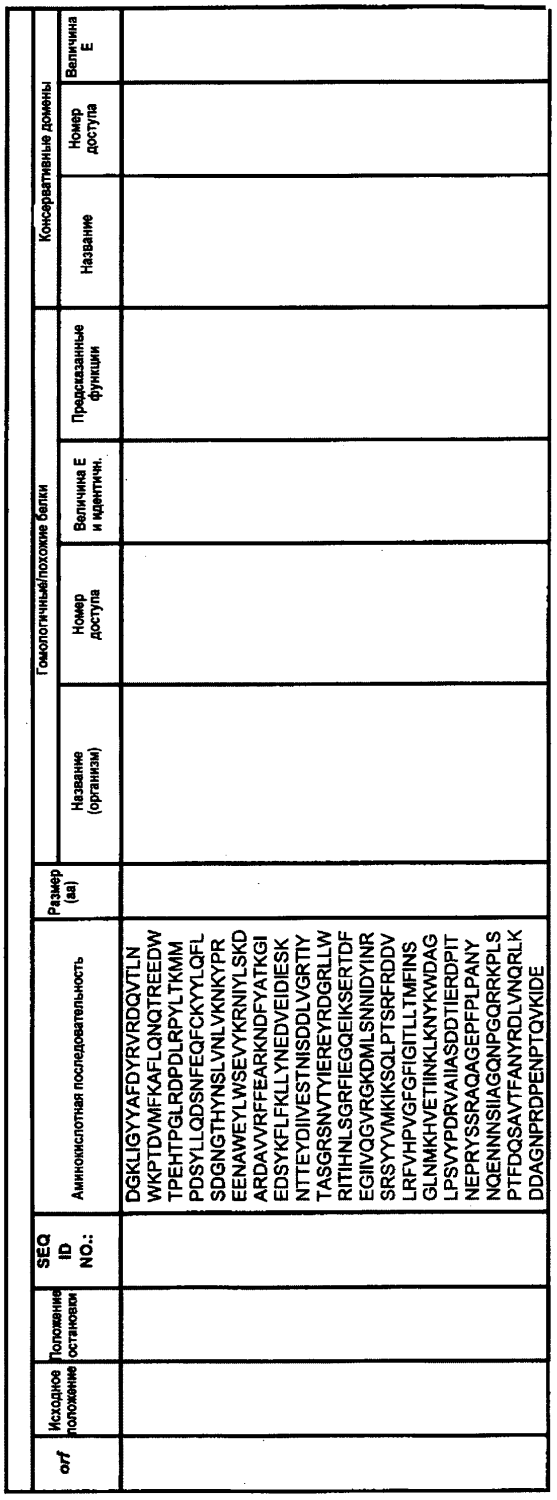
184



orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.:	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены			
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
20	20924	19899	801	MSNSTRASSTRSTIYRAIITSKF RTEKMYTFYKSIGPGTDQNTLY VSFGKSTPWSDNESEPGFAPP YPADNGDGVVDVWTNMMGAV KIESSMLDCVVPRRDWGDTRY PNPRTFLIGDIVVANSAPYNRTD AGFGWMVYRCIDVPKDGMCSI GNLTSKEECIKLGGKWTPSTIS GSAPRGRGDANGTVDLGDGYL WEYLYEIPADVSINRCTNEYIVV PWPEEIESPARWGFQNNLTW QQNDFNLIYRMKCNTIRFKAYL DAVYFPEFSLPGNTGFRQLSIIT NPLEVKPMPNSPNVKAEKGWY SASGLERQSGEMIYMENRQPII RSMDQTEELNLIFEF	341	gp8 конус. базальной пластинки [phar Enterobacteria JS98]	YP_00159528 3.1	9e-146 (238/330)	Субъединица конус. базальной пластинки	Субъединица конус. базальной пластинки	pha025 80	1,08e -164
21	24015	20917	802	MTIAPFVTSLRIHKLSANQVNIR WDDVGANFYYFVELAETRNRA GEIIPADNLSWSSLGYTADNDW FEQNRIEPLTYYKMRVQTTSAG FEPSEWVETEEFQTFEENAYTF EHMQEFSLVKEFIKQKFSLNNM SYVNFNTSAMMASLMTESFQF SPEYSHLSAIENFVVGESGYHEI QGPIEAVCVDKNRTMLGEIDGIL YLFERFQHMVKVSNDKGQNW QYVQLFNDRVGNPVSRVVIYQS STTSYVLGYDKIFYGRKSSDVR WSSNEVKFSDNEVTFAKLGDQ LKLGFEVELFGTYASLPADVTK YAEAFTCNDDHLYVVAKDTVRR VKLKDAPIDTDPLSPTFGEKVFE KEASHITGNPKSVCFKMDSVG GKIFALITGEVKTLGLDPTDPRN VVDSATKGVYVYQEDTNTWKR VFGNTDEEKRRIEHLWTSMSTD GKEIFFSSANFKTTEYTQDIELE TKYPELISTAVKNVNPIQYHSDK HYHMMSFRADEFSRWETFVPG PMRFYAEPWFVWMAREGNRC WISTADHAVVIYNDILYQKRVDA AAQGTTERVLSEVWDKGDATF YCPPVSFNGFLQYASGIIMFHEP	103 2	gp7 инициатора конус. базальной пластинки [phar Enterobacteria IME08]	YP_00373429 5.1	0,0 (667/102 9)	Инициатор конусообразной базальной пластинки	Инициатор конусообразной базальной пластинки	PHA025 79	0,0

ФИГУРА 12J

185

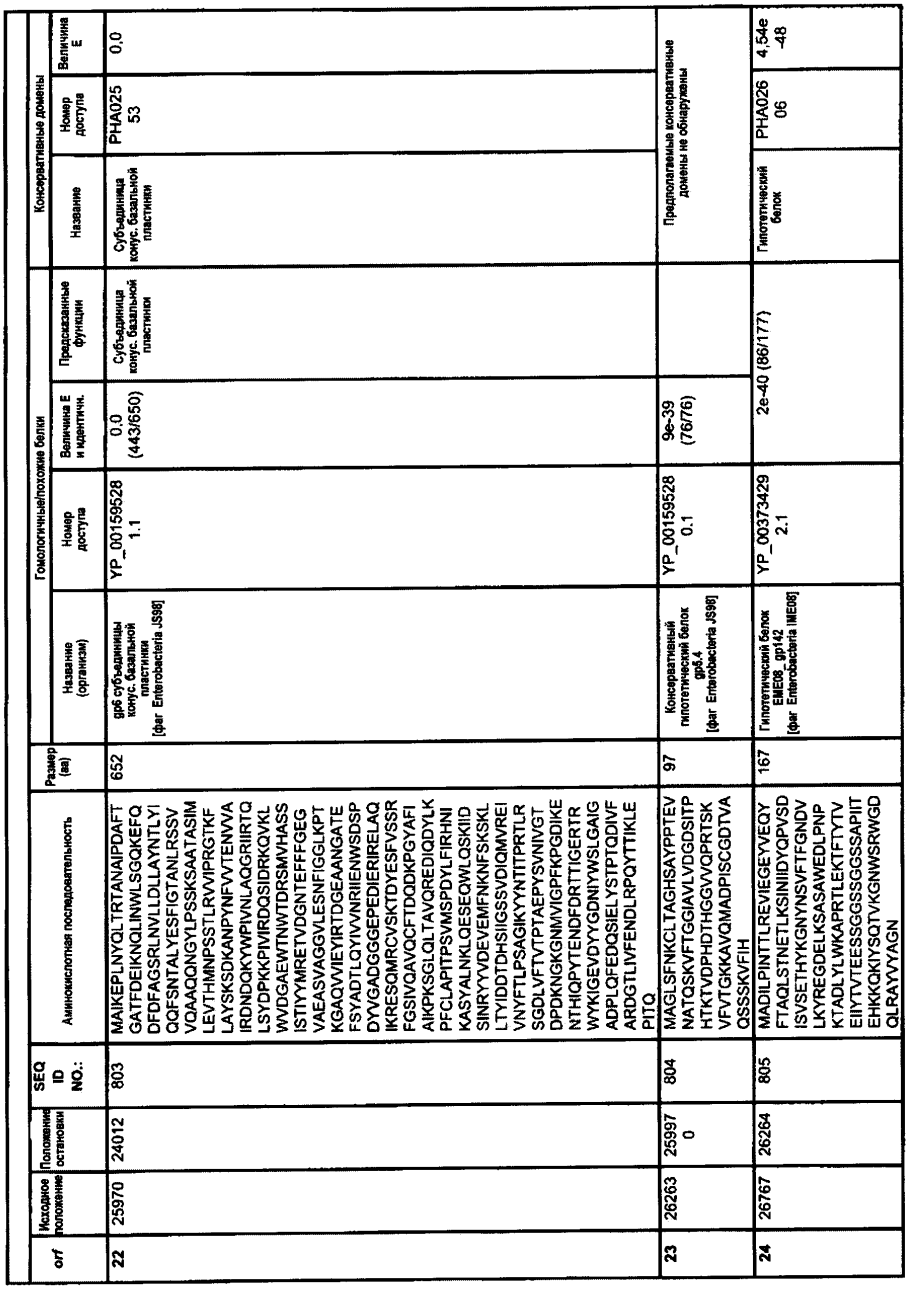


orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.:	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
				DGKLIGYYAFDYRVRDQVTLN WKPTDVMFKAFLQNQTREEDW TPEHTPGLRDPDLRPYLTKMM PDSYLLQDSNFEQFCKYYLQFL SDGNGTHYNSLVNLVKNKYPR EENAWEYLWSEVYKRNIYLSKD ARDAVVRFFEARKNDFYATKGI EDSYKFLFKLLYNEDVEIDIESK NTTEYDIIVESTNISDDLVGRTIY TASGRSNVTYIEREYRDGRLLW RITIHNLSGRFIEGQEIKSERTDF EGIIVQGVRGKDMLSNNIDYINR SRSYYVMKIKSQLPTSRFRDDV LRFVHPVGFGFIGITLLTMFINS GLNMKHVETIINKLKNYKWDAG LPSVYPDRVAIIASDDTIERDPIT NEPRYSSRAQAGEPFPLPANY NQENNNSIIAGQNPGQRRKPLS PTFDQSAVTFANYRDLVNQRLK DDAGNPRDPENPTQVKIDE							

ФИГУРА 12K

185

186

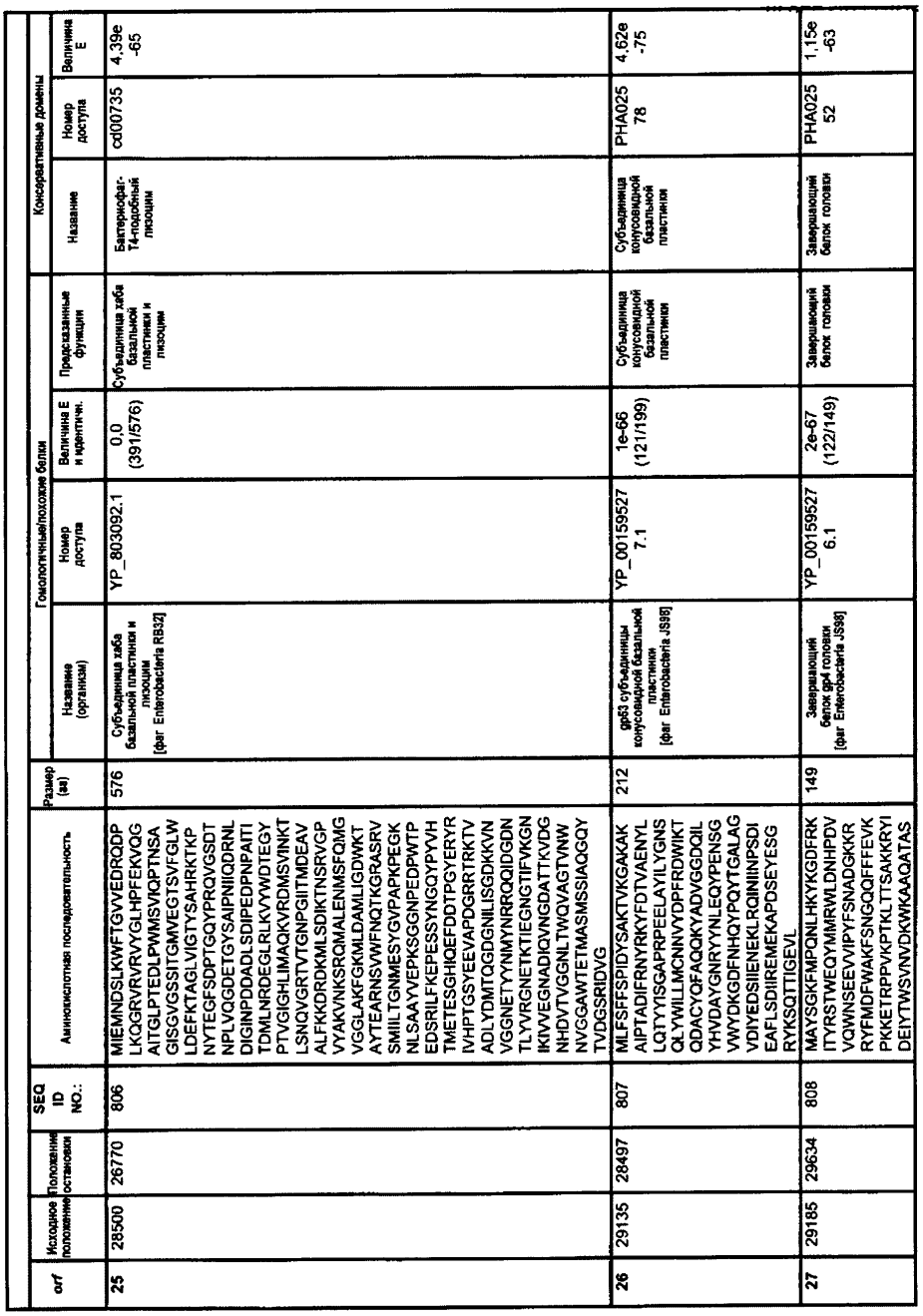


orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.:	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
22	25970	24012	803	MAIKEPLNYQLTRTANAIPDAFT GATFDEIKNQLINWLSGQKEFQ DFDFAGSRLNVLLDLLAYNTLYI QQFSNTALYESFIGTANLRSSV VQAAQQNGYLPSSKSAATASIM LEVTHMNPSSTLRVVIPRGTKF LAYSKSDKANPYNFVVTENVVA IRDNDQKYWPIVNLAQGRIIRTQ LSYDPKKPIVIRDQSIDRKQVKL WVDGAEWTNWTDRSMVHASS ISTIYYMRETVDGNTEFFFGEG VAEASVAGGVLESNFIGGLKPT KGAQVVIEYIRTDGEAANGATE FSYADTLQYIVVNRIIENWSDSP DYVGADGGGEPEDIERIRELAQ IKRESQMRCVSKTDYESFVSSR FGSIVQAVQCFTDQDKPGYAFI AIKPKSGLQLTAVQREDIQDYLK PFCLAPITPSVMSPDYLFIRHNI KASYALNKLQESEQWLQSKIID SINRYYVDEVEMFNKNFSKSKL LTYIDDTDHSIIGSSVDIQMVREI VNYFTLPSAGIKYYNTITPRTLR SGDLVFTVTPTAEPYSVNIVGT DPDKNGKNMIGPFKPGDIKE NTHIQPYTENDFDRTTIGERTR WYKIGEVDYYGDNIYWSLGAIG ADPLQFEDQSIELYSTPTQDIVF ARDGTLIVFENDLRPQYTTIKLE PITQ	652	gp6 субъединицы конус. базальной пластинки [фаг Enterobacteria JS98]	YP_00159528 1.1	0.0 (443/650)	Субъединица конус. базальной пластинки	Субъединица конус. базальной пластинки	PHA025 53	0,0
23	26263	25997 0	804	MAGLSFNKCLTAGHSAYPPTEV NATQSKVFTGGIAVLVDGDSITP HTKTVDPHDTHGGVVQPRTSK VFVTGKKAVQMADPISCGDTVA QSSSKVFIH	97	Консервативный гипотетический белок gp6.4 [фаг Enterobacteria JS98]	YP_00159528 0.1	9e-39 (76/76)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
24	26767	26264	805	MADILPINTTLREVIEGEYVEQY FTAQLSTNETLKSINIIDYQPVSD ISVSETHYKGNYNSVFTFGNDV LKYREGDELKSASAWEDLPNP KTADLYLWKAPRTLEKTFTYTV EIIYTVTEESSCGSSSGGSSAPIT EHKKQKIYSQTVKGNWSRWGD QLRAYVYAGN	167	Гипотетический белок EME08_gp142 [фаг Enterobacteria IME08]	YP_00373429 2.1	2e-40 (86/177)		Гипотетический белок	PHA026 06	4,54e -48

ФИГУРА 12L

186

187



orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.:	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
25	28500	26770	806	MIEMNDSLKWFTGVVEDRQDP LKQGRVRVRVYGLHPFEKVQG AITGLPTEDLPWMSVRQPTNSA GISGVGSSITGMVEGTSVFGLW LDEFKTAGLVIGTYSAHRKTKP NYTEGFSDPTGQYPRQVGSDT NPLVQGDETGYSAIPNIIQDRNL DIGINPDDADLSDIPEDPNPAITI TDMLNRDEGLRLKVYWDTEGY PTVGIGHLIMAQKVRDMSVINKT LSNQVGRTVTGNPGIITMDEAV ALFKKDRDKMLSDIKTNSRVGP VYAKVNKSRQMALENMSFQMG VGGLAKFGKMLDAMLIGDWKT AYTEARNSVWFNQTKGRASRV SMIILTGNMESYGVPAPKPEGK NLSAAYVEPKSGGNPEDPWTP EDSRILFKEPESSYNGQYPYVH TMETESGHIQEFDDTPGYERYR IVHPTGSYEEVAPDGRRTRKTV ADLYDMTQGDGNILISGDKKVN VGGNETYYNMYNRRQQIDGDN TLYVRGNETKTIEGNGTIFVKGN IKIVVEGNADIQVNGDATTKVDG NHDVTVGGNLTWQVAGTVNW NVGGAWTETMASMSSIAQGQY TVDGSRIDVG	576	Субъединица хаба базальной пластинки и лизоцим [фаг Enterobacteria RB32]	YP_803092.1	0,0 (391/576)	Субъединица хаба базальной пластинки и лизоцим	Бактериофаг-Т4-подобный лизоцим	cd00735	4,39e-65
26	29135	28497	807	MLFSFFSPIDYSAKTVKGAKAK AIPTADIFRNYRKYFDTVAENYL LQTYYISGAPRPEELAYILYGNS QLYWILLMCNNVYDPFRDWIKT QDACYQFAQQKYADVGGDQIL YHVDAYGNRYYNLEQYPENSG VWYDKGDFNHQYPQYTGALAG VDIYEDSIIENEKLRQINIINPSDI EAFLSDIIREMEKAPDSEYESG RYKSQTTIGEVL	212	gp53 субъединицы конусовидной базальной пластинки [фаг Enterobacteria JS98]	YP_00159527 7.1	1e-66 (121/199)	Субъединица конусовидной базальной пластинки	Субъединица конусовидной базальной пластинки	PHA025 78	4,62e-75
27	29185	29634	808	MAYSGKFMPQNLHKYKGDFRK ITYRSTWEQYMMRWLDNHPDV VQWNSEEVVIPYFSNADGKKR RYFMDFWAKFSNGQQFFEVK PKKETRPPVKPTKLTTSAKKRYI DEIYTWSVNVDKWKAAQATAS	149	Завершающий белок gp4 головки [фаг Enterobacteria JS98]	YP_00159527 6.1	2e-67 (122/149)	Завершающий белок головки	Завершающий белок головки	PHA025 52	1,15e-63

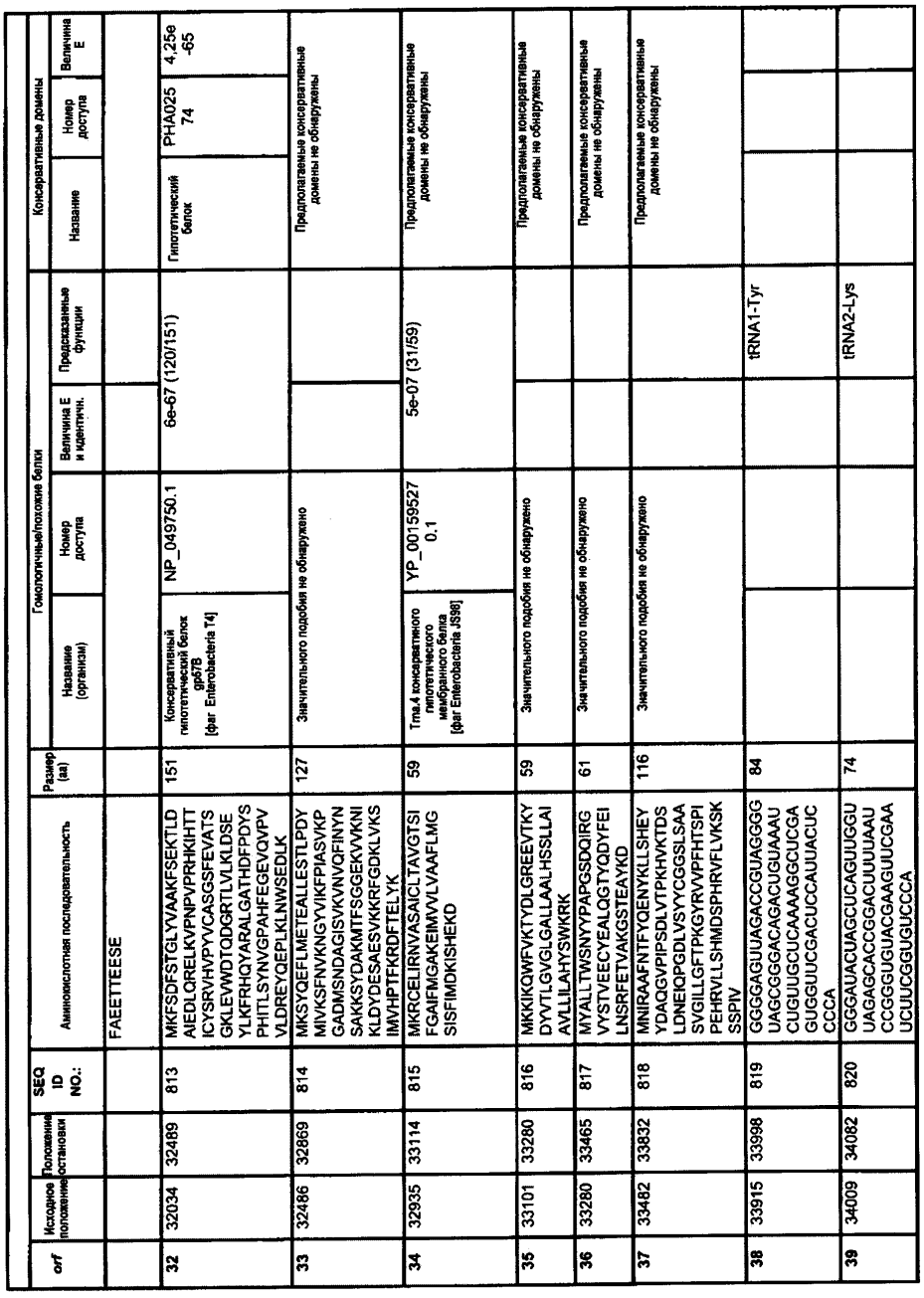
ФИГУРА 12М

188

orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.:	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
				KMGIEFRLITEDSLKKLGWKG								
28	29634	30461	809	MAIFEFITEAAESPKAKSRSENQ WVALGVEYSAARKKGMTSKSF AESKGINPATFSKAMARHASRI KTAIKVAEIEKKPANKMTKQERA LVMVNSFRSSIKDKIRNEGAAV NNKSAKWFAETIKKNIRGHSVT KPQPGKLYAYMYDAKHKDTLP FWDKFPLIVYLGLGKQGTTTLM YGLNLHYIPPKARQQFLEELLK QYANTPVISNKTRLKINWSQVK GFAGADKMIKAYIPGNIKGALIEI KPADWANVVMLPLQQFMSKGK RYSATSVWKS	275	Концевой протекторный белок gp2 ДНК [фаг Enterobacteria ME08]	YP_00373428 8.1	1e-188 (200/277)	Концевой протекторный блок ДНК	Концевой протекторный блок ДНК	PHA025 77	7,34e -107
29	30461	31063	810	MSTGLFNQTNTTNFILEVPDGG LTQAFKANLQTAVVPGIHIPATD TVGSPQGMHRAKLPGSTFEFD AVPVRFLVDENLDSWVQMYKW MLSCQNYIDRDKSGWNNGGE GFPGAVLMHVLDNDKHDIVLTV RYIGGWVSDLSEIEYSLTEESD PAMVCVATLQYKYIEVEKDGIIT GRPSVNDTRESQYQQKVMGM HPSMR	200	Стабилизирующий белок gp3 заверш. хвоста и чехла [фаг Enterobacteria JS98]	YP_00159527 4.1	2e-61 (111/197)	Стабилизирующий белок заверш. хвоста и чехла	Стабилизирующий белок заверш. хвоста и чехла	PHA025 76	7,95e -65
30	31068	31811	811	LKLLFLIGKKRSGKDTTADYIMD NYNATKHQLAGPIKDALADAML TEWYRDTSREFPRITRSMEGID YDREQDLNLSTKDVIRIMANAIE YVHHDLPLPGVVYDNKRKILDG DTMEVIRKVVINKPVEPWSIRRL MQTLGTDIVCDKLDRMYVVKR FTLVMADTFGDYDYFIVPDTRQ DHELDVARAMGATVIHVVRPEQ EGSKKDTHVTERGLPIREGDIVI TNDGSLEELYSKINTILGIQNDY	247	gp1 dNMP-киназы [фаг Enterobacteria RB14]	YP_00285448 0.1	3e-69 (140/252)	Дезоксинуклеозид-монофосфатказа	Дезоксинуклеозид-монофосфатказа	PHA025 75	2,45e -65
31	31801	32034	812	MTTEQLQAQVDTLKVRVFDLSE TIQGLSALRAQYEEVLQKLIAVS GVEIGEDGQVKLDDLVAKIEAQ	77	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

ФИГУРА 12N

189



orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.:	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
				FAEETTEESE								
32	32034	32489	813	MKFSDFSTGLYVAAKFSEKTLD AIEDLQRELKVPNPVPRHKIHTT ICYSRVHVPYVCASGSFEVATS GKLEVWDTQDGRTLVLKLDSE YLKFRHQYARALGATHDFPDYS PHITLSYNVGPAHFEGEVQVPV VLDREYQEPLKLNWSEDLK	151	Консервативный гипотетический белок gp57B [phar Enterobacteria T4]	NP_049750.1	6e-67 (120/151)		Гипотетический белок	PHA025 74	4,25e -65
33	32486	32869	814	MKSYQEFLMETEALLESTLPDY MIVKSFNVKNGYVIKFPIASVKP GADMSNDAGISVKVNVQFINYN SAKKSYDAKMTFSGGEKVVKNI KLDYDESAESVKKRFGDKLVKS IMVHPTFKRDFTELYK	127	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
34	32935	33114	815	MKRCELIRNVASAICLTAVGTSI FGAIFMGAKEIMVVLVAAFLMG SISFIMDKISHEKD	59	Tma.4 консервативного гипотетического мембранного белка [phar Enterobacteria JS98]	YP_00159527 0.1	5e-07 (31/59)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
35	33101	33280	816	MKKIKQWFVKTYDLGREEVTKY DYVTLGVGLGALLAALHSSLLAI AVLLILAHYSWKRK	59	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
36	33280	33465	817	MYALLTWSNYYPAPGSDQIRG VYSTVEECYEALQGTYQDYFEI LNSRFETVAKGSTEAYKD	61	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
37	33482	33832	818	MNIRAAFNTFYQENYKLLSHEY YDAQGVPIPSDLVTPKHVKTDS LDNEIQPGDLVSYYCGGSLSAA SVGILLGFTPKGYRVVPFHTSPI PEHRVLLSHMDSPHRVFLVKSK SSPIV	116	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
38	33915	33998	819	GGGGAGUUAGACCGUAGGGG UAGCGGGACAGACUGUAAAU CUGUUGCUCACAAAGGCUCGA GUGGUUCGACUCCAUUACUC CCCA	84				tRNA1-Tyr			
39	34009	34082	820	GGGAUACUAGCUCAGUUGGU UAGAGCACCGGACUUUUAAU CCGGGUGUACGAAGUUCGAA UCUUCGGUGUCCCA	74				tRNA2-Lys			

ФИГУРА 12D



orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.:	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки			Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
40	34091	34172	821	GGGUCGUUGGCUGAGAGGG UAAGCGACGGACUGUUAAUC CGUGUCAGAAAUGACUAGGC AGGUUCGAUACCUGCACGGC CCG	82				tRNA3-Asn			
41	34429	34502	822	AGUGCUGUAGUCGAGAUGGU UAAGACACUCCCCUGUCACG GGAGAGAUCGCGGGUUCGAC ACCCGUCAGCACUG	74				tRNA4-Asp			
42	34586	34984	823	LTFDEWLSWWKATGKYHLRGR ASDNYCMCRKGDVGPYSLDNI YCATNAQNAKDAGANGRIISTG FTGHNHSDETKIKISENHAHKLN ADEISLRIDLYNSIDFTQRGALV KFANKLGISHTQARKFINKFIK	132	PHG31p119nc [Iter Aeromonas 31]	YP_238848.1	2e-31 (67/134)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
43	35138	35211	824	UGCGGAGUAACUUCAGUUGG UAGAAUGUUGGGCUCAUAUC CCGACACGCGCAGGUUCGAG UCCUGCCUCCGCCU	74				tRNA5-Met			
44	35221	35292	825	UGAAUCAUAGCCAAGUUGGU AAGGCAGUAGGUUUUCGAUCC UACGAUCCCUGGUUCGAGUC CAGGUGGUUCAG	72				tRNA6-Gln			
45	35367	35540	826	MMDGVNIDVVVVQLVEPEVVIL DVTDSNSVGHPNNEGMVEKYT ARKTLWLSLSELCL	57	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
46	35391	35463	827	GUGGUCGUAGUUCAGUUGGU AGAACCCGAGGUUGUGAUCC UCGAUGUCACGGAUUCGAAU UCCGUCGGCCACC	73				tRNA7-His			
47	35564	35645	828	GGAGAGUAGCGCUAGUGGUA GCAAACCGGACUUGAAAUCC GGGCCACCGGAAACGGUGAG GGUUCAACUCCUUUACUCUC CG	82				tRNA8-Ser			
48	35715	35787	829	GGGAGUAUAGCUCAUUGGU AGAGCUCUCGACCGAUAAUC GAGCGGUGACUGGUUCGAGU CCAGUUACUCCCA	73				tRNA9-Ile			

ФИГУРА 12P

190

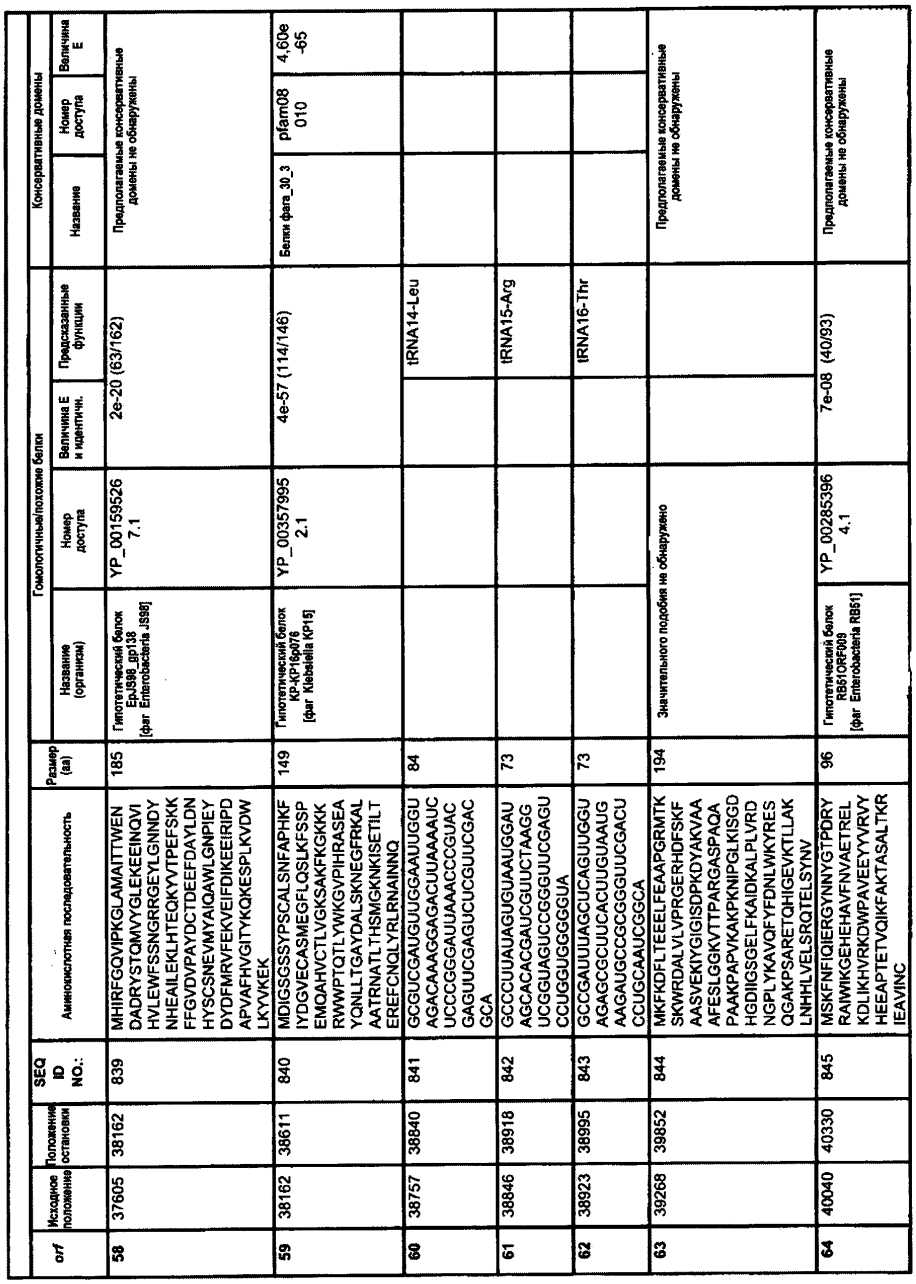
191

orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.:	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
49	35797	35868	830	AGGUUCUUAGUAUAAUGGCU AUUAUGCUGGGCUCCAAACC CAGUGAUGAGGGUUCGAUUC CUUCAGGGCCUG	72				tRNA10-Trp			
50	35877	35948	831	GCAUCCAUCGUAUAGCGGAU AUUAUGUCUGGCUUCCACCC AGAAGAUGGGAGUUCGAUUC UCCCCUGGAUGCU	72				tRNA11-Gly			
51	35957	36030	832	CUCCGUAUAGCUCAGCCUGG UAGAGCGCUCCAUUUGGGAU GGAGAGGUCGAAUGUUCGAG UCAUUCUAUGGAGA	74				tRNA12-Pro			
52	36209	36361	833	MKYYGFKTSHFGKAYRTENIDR RRAYYESLHKAGRSRARQEGQ KQAKEIE	50	Гипотетический белок RBA3OR6F089w [фаг Enterobacteria RB43]	YP_239064.1	5e-13 (35/48)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
53	36358	36723	834	MNIFIGVANNVNAITVKLQWNR PTNFALGLCKSERDLMLHADFA YTFDERKGMWVWIKCRYEALIK YEYFSERDIQEVIAYHSGCKVS KLRQVIPFTNASNVEELITDFKRI YQAKYDERF	121	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
54	36707	36940	835	MMKDSKGRDVQVGDIVFYGER TYNKGGRGSMRCGRITDIASGL AKVDNDYVAMRSKSFVKVSPM FATMWENGTIFEI	77	Гипотетический белок Ea21_4_gp102 [фаг Erwiniaphage21-4]	YP_00245612 5.1	7e-04 (25/72)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
55	36995	37219	836	MKRIALIVDQEAMFAATGKFHP VSKFVARSEKIVGLVETVAGDVI VSIKTSEISPVVKVAVENDFWEV ADFMCE	74	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
56	37298	37371	837	GGCCCUGUAGCUCAAUUGGU AGAGCGUUCCCCUCAUAAGG GAUUGGUUGCAUGUUCGAGU CUUUGCCAGGGUCA	74				tRNA13-Met			
57	37394	37594	838	MMRLVKVVVEESEYMGDSRMI EEFVTVEADSESEIVDKVYRHF DNMSDSYGTMYSIYRLDVIVHIN	66	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

ФИГУРА 12Q

191

192

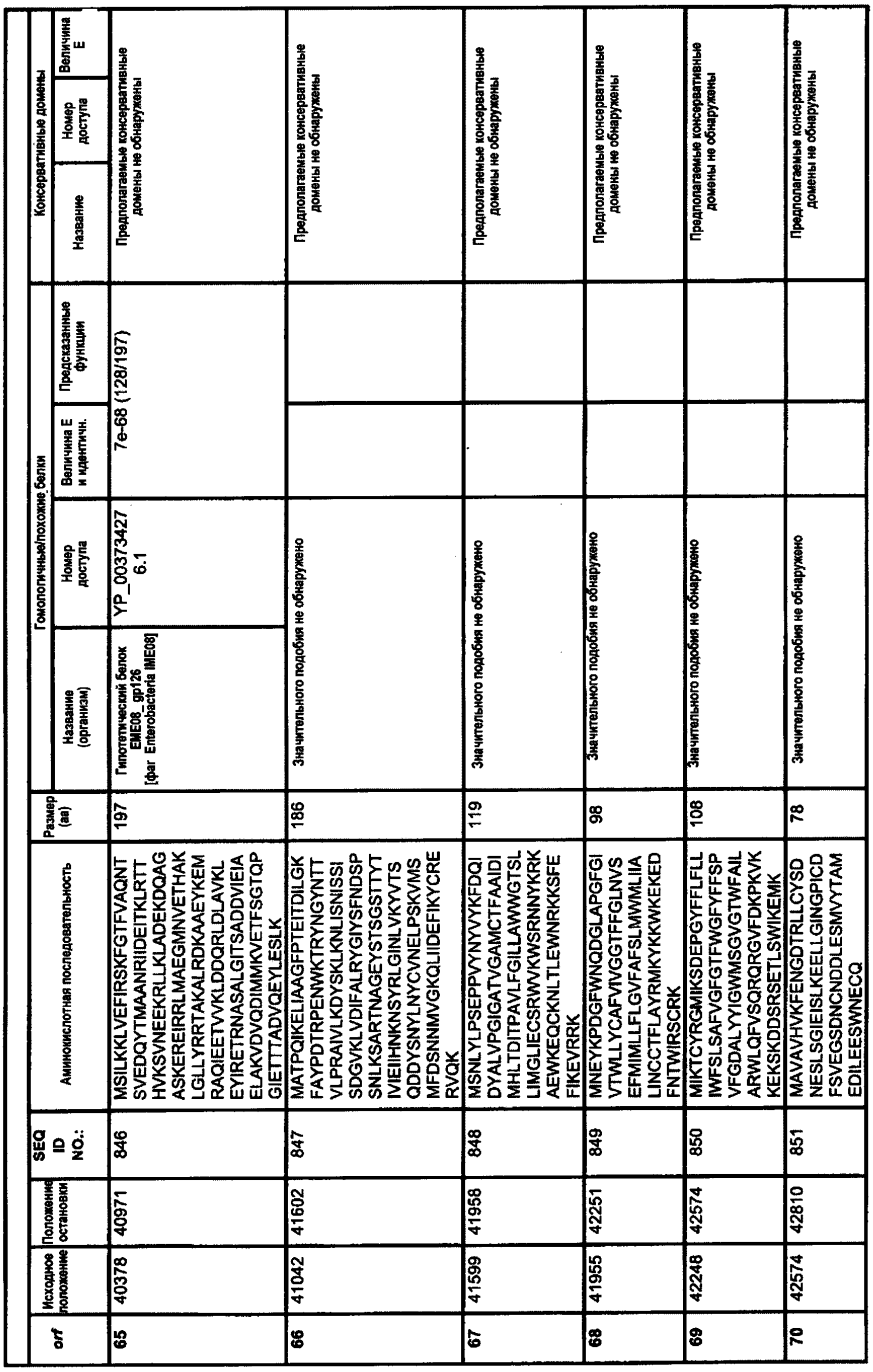


orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.:	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
58	37605	38162	839	MHIRFGQVIPKGLAMAITTWEN DADRYSTQMVYGLEKEEINQVI HVLEWFSSNGRRGEYLGNNDY NHEAILEKLHTEQKYVTPEFSKK FFGVDVPAYDCTDEEFDAYLDN HYSCSNEVMYAIQAWLGNPIEY DYDFMRVFEKVEIFDIKEEIRPD APVAFHVGITYKQKESPLKVDW LKYVKEK	185	Гипотетический белок EJ3586_orf138 [фаг Enterobacteria JS98]	YP_00159526 7.1	2e-20 (63/162)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
59	38162	38611	840	MDIGSGSSYPSCALSNFAPHKF IYDGVECASMEGFLQSLKFSSP EMQAHVCTLVGKSAKFKGKKK RWWPTQTLYWKGVPIHRASEA YQNLLTGAYDALSKNEGFRKAL AATRNATLTHSMGKNKISETILT EREFCNQLYRLRNAINNQ	149	Гипотетический белок KP-KP16p076 [фаг Klebsiella KP15]	YP_00357995 2.1	4e-57 (114/146)		Белки фага_30_3	pfam08 010	4.60e -65
60	38757	38840	841	GCGUCGAUGUUGGAAUUGGU AGACAAAGGAGACUUAAAAUC UCCCGGGAUUAAACCCGUAC GAGUUCGAGUCUCGUUCGAC GCA	84				tRNA14-Leu			
61	38846	38918	842	GCCCUUAUAGUGUAAUGGAU AGCACACGAUCGUUCTAAGG UCGGUAGUCCGGGUUCGAGU CCUGGUGGGGGUA	73				tRNA15-Arg			
62	38923	38995	843	GCCGAUUUAGCUCAGUUGGU AGAGCGCUUCACUUGUAAUG AAGAUGCCGCGGGUUCGACU CCUGCAAUCGGCA	73				tRNA16-Thr			
63	39268	39852	844	MKFKDFLTEEELFEAAPGRMTK SKWRDALVLVPRGERHDFSKF AASVEKIYGIGISDPKDYAKVAA AFESLGGKVTTPARGASPAQA PAAKPAPVKAKPKNIPGLKISGD HGDIIGSGELFKAIDKALPLVRD NGPLYKAVQFYFDNLWKYRES QGAKPSARETQHIGEVKTLLAK LNHHLVELSRQTELSYNV	194	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
64	40040	40330	845	MSKFNFIQIERGYNNYGTPDRY RAIWIKGEHEHAVFNVAETREL KDLIKHVRKDWPAVEEYYVRVY HEEAPTETVQIKFAKTASALTKR IEAVINC	96	Гипотетический белок RB51ORF009 [фаг Enterobacteria RB51]	YP_00285396 4.1	7e-08 (40/93)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

ФИГУРА 12R

192

193

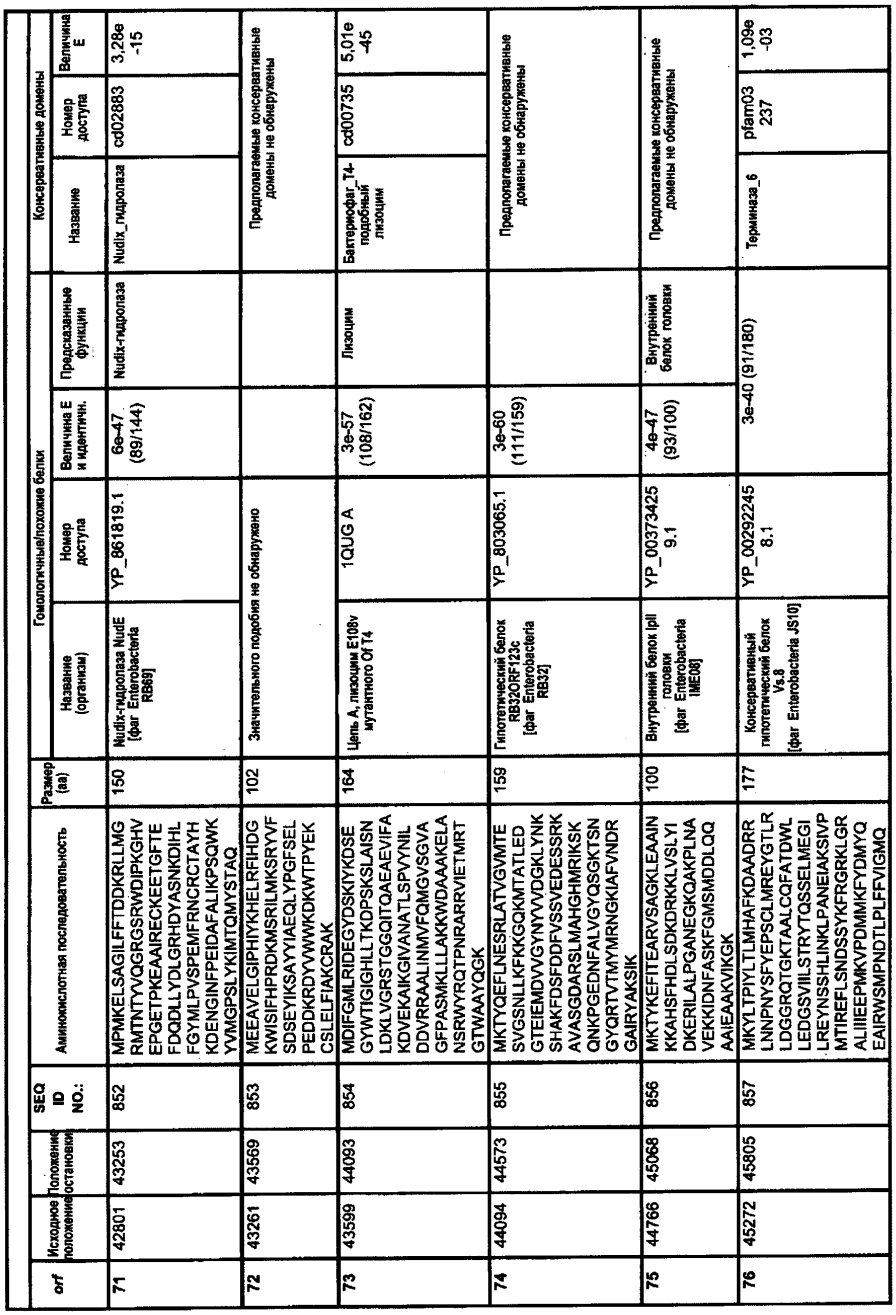


orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.:	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
65	40378	40971	846	MSILKKLVEFIRSKFGTFVAQNT SVEDQYTMAANRIIDEITKLRTT HVKSVNEEKRLLKLADEKDQAG ASKEREIRRLMAEGMNVETHAK LGLLYRRTAKALRDKAAEYKEM RAQIEETVVKLDDQRLDLAVKL EYIRETRNASALGITSADDVIEIA ELAKVDVQDIMMKVETFSGTQP GIETTADVQEYLESLK	197	Гипотетический белок EME08_gp126 [фаг Enterobacteria IME08]	YP_00373427 6.1	7e-68 (128/197)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
66	41042	41602	847	MATPQIKELIAAGFPTEITDILGK FAYPDTRPENWKTRYNGYNTT VLPRAIVLKDYSKLKNLISNISSI SDGVKLVDIFALRYGIYSFNDSP SNLKSARTNAGEYSTSGSTTYT IVIEIIHNKNSYRLGINLVKVVTS QDDYSNYLNYCVNELPSKVMS MFDSNNMVGKQLIIDEFIKYCRE RVQK	186	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
67	41599	41958	848	MSNLYLPSEPPVYNYVYKFDQI DYALVPGIGATVGAMCTFAAIDI MHLTDITPAVLFGILLAWWGTSL LIMGLIECSRWVKWSRNNYKRK AEWKEQCKNLTLEWNRKKSFE FIKEVRRK	119	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
68	41955	42251	849	MNEYKPDGFWNQDGLAPGFGI VTWLLYCAFVIVGGTFFGLNVS EFMIMLLFLGVFAFSLMWMLIIA LINCCTFLAYRMKYKKWKEKED FNTWIRSCRK	98	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
69	42248	42574	850	MIKTCYRGMIKSDEPGYFFLFLL IWFSLSAFVGFGTFWGFYFFSP VFGDALYYIGWMSGVGTWFAIL ARWLQFVSQRQRGVFDKPKVK KEKSKDDSRSETLSWIKEMK	108	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
70	42574	42810	851	MAVAVHVKFENGDTRLLCYSD NESLSGIEISLKEELLGINGPICD FSVEGSDNCNDDLESMVYTAM EDILEESWNECQ	78	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

ФИГУРА 125

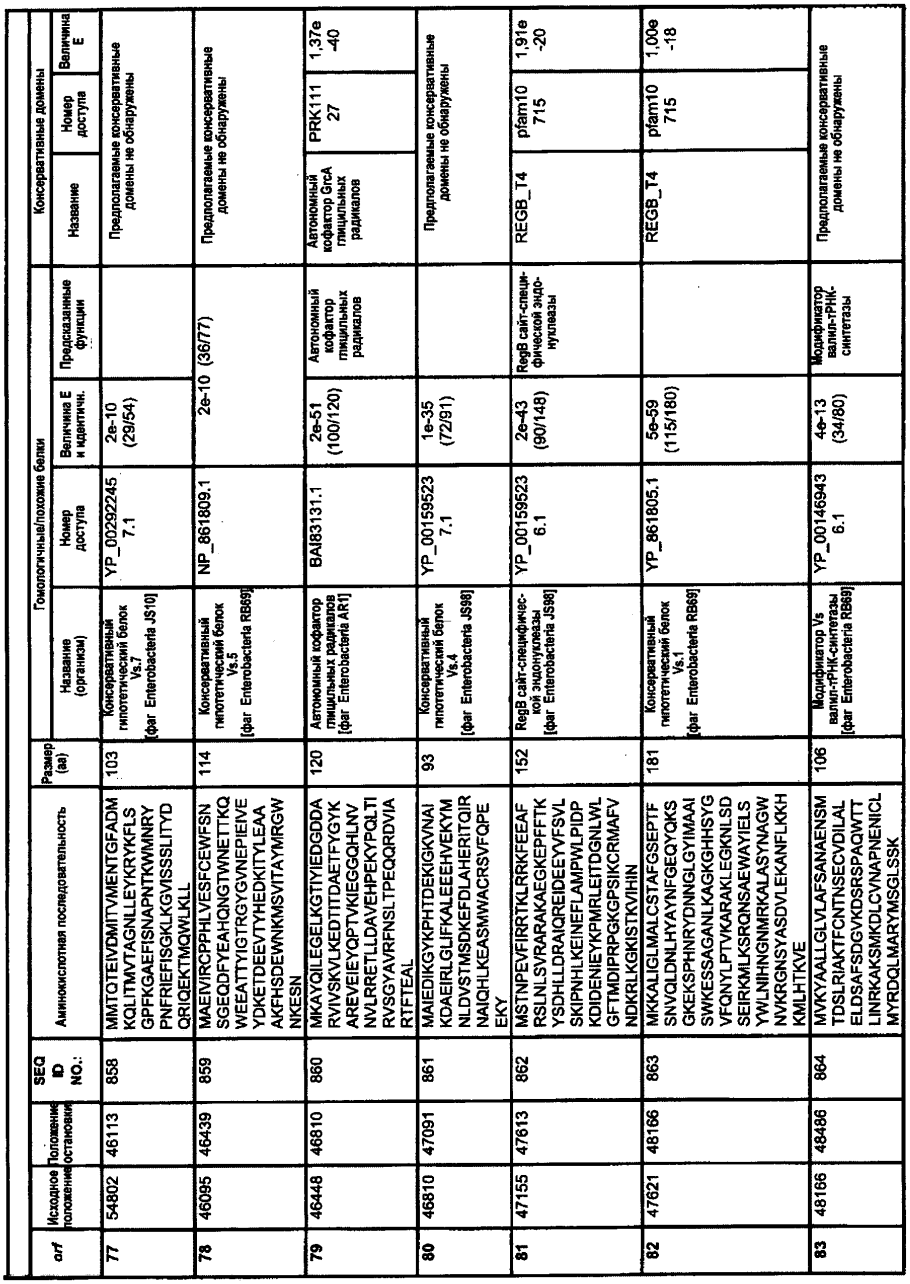
193

194



orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.:	Аминокислотная последовательность	Размер (аа)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
71	42801	43253	852	MPMKELSAGILFFTDDKRLLMG RMTNTYVQGRGSRWDIPKGHV EPGETPKEAAIRECKEETGFTE FDQDLLYDLGRHDYASNKDIHL FGYMLPVSPEMFRNCRCTAYH KDENGINFPEIDAFALIKPSQWK YVMGPSLYKIMTQMYSTAQ	150	Nudix-гидролаза NudE [фаг Enterobacteria RB69]	YP_861819.1	6e-47 (89/144)	Nudix-гидролаза	Nudix_гидролаза	cd02883	3,28e -15
72	43261	43569	853	MEEAVELGIPHIYKHELRFIHDG KWISIFHPRDKMSRILMKSRYVF SDSEYIKSAYYIAEQLYPGFSEL PEDDKRDYVWWKDKWTPYEK CSLELFIAKCRAK	102	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
73	43599	44093	854	MDIFGMLRIDEGYDSKIYKDSE GYWTIGIGHLLTKDPSKSLAISN LDKLVGRSTGGQITQAEAEVIFA KDVEKAIKGIVANATLSPVYNIL DDVRRAALINMVFQMGVSGVA GFPASMKLLLAKKWDAAAKELA NSRWYRQTPNRARRVIETMRT GTWAAYQGK	164	Цель А, лизоцим E108V мутантного ОгТ4	1QUG A	3e-57 (108/162)	Лизоцим	Бактериофаг_T4-подобный лизоцим	cd00735	5,01e -45
74	44094	44573	855	MKTYQEFLNESRLATVGVMTE SVGSNLLKFKKGQKMTATLED GTEIEMDVVGYNYVVDGKLYNK SHAKFDSFDDFVSSVEDESSRK AVASGDARSLMAHGHMRIKSK QNKPGEDNFALVGYQSGKTSN GYQRTVTMYMRNGKIAFVNDR GAIRYAKSIK	159	Гипотетический белок RB32/OR/123c [фаг Enterobacteria RB32]	YP_803065.1	3e-60 (111/159)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
75	44766	45068	856	MKTYKEFITEARVSAGKLEAAIN KKAHSFHDLSDKDRKKLVSLYI DKERILALPGANEGKQAKPLNA VEKKIDNFASKFGMSMDDLQQ AAIEAAKVIKGK	100	Внутренний белок IpII головки [фаг Enterobacteria IIME08]	YP_00373425 9.1	4e-47 (93/100)	Внутренний белок головки	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
76	45272	45805	857	MKYLTPIYLTLMHAFKDAADRR LNNPNYSFYEPSCLMREYGTLR LDGGRQTGKTAALCQFATDWL LEDGSVIILSTRYTQSSELMEGI LREYNSSHLINKLPANEIAKSIVP MTIREFLSNDSSYKFRGRKLGR ALIIIEEPMKVPDMMKFYDMYQ EAIRWSMPNDTLPFVIGMQ	177	Консервативный гипотетический белок Y6.8 [фаг Enterobacteria JS10]	YP_00292245 8.1	3e-40 (91/180)		Терминаза_6	pfam03 237	1,09e -03

ФИГУРА 12Т

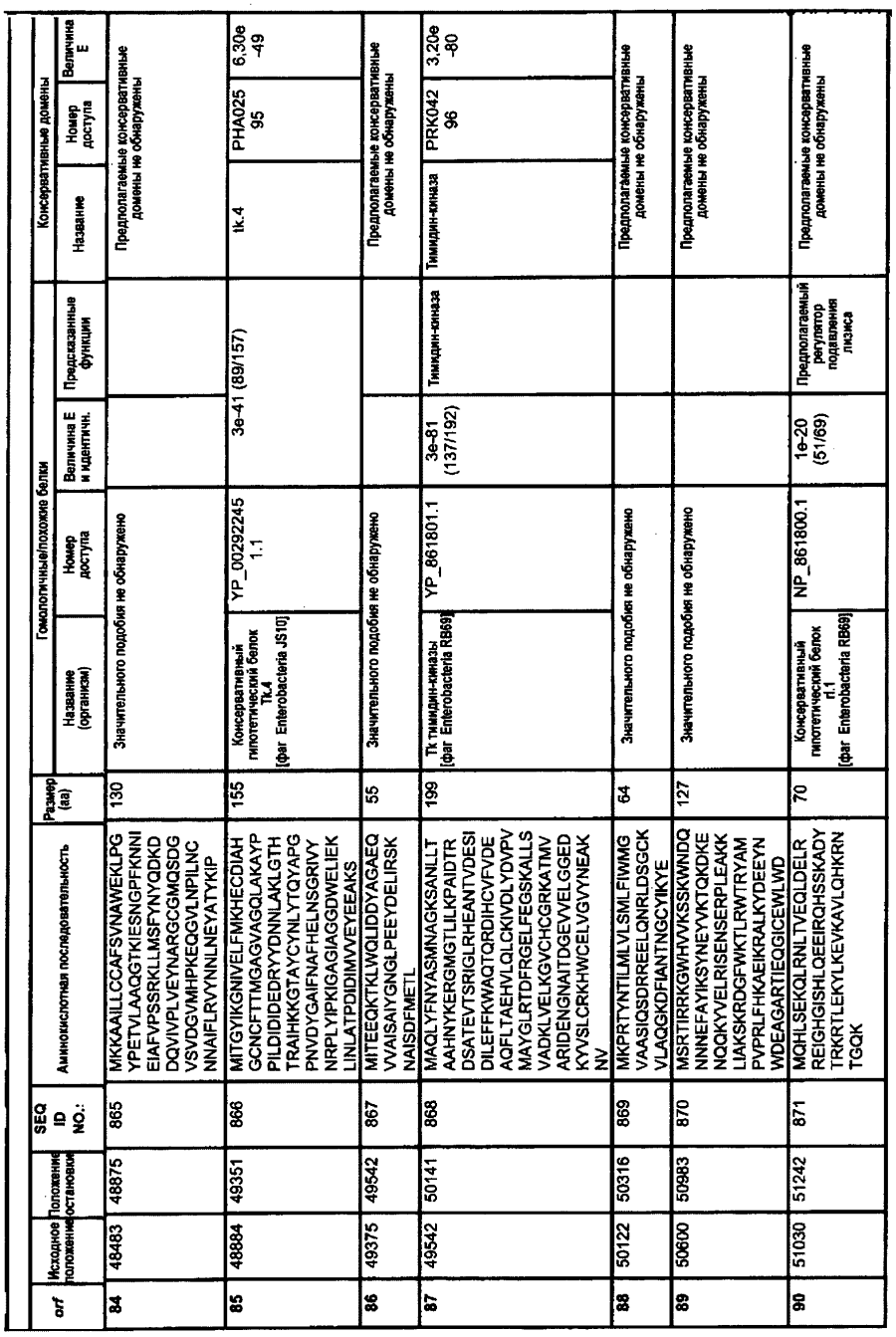


orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.:	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
77	54802	46113	858	MMTOTEIVDMITVMENTGFADM KQLITMVTAGNLLEYKRYKFLS GPFKGAEFISNAPNTKWMNRY PNFRIEFISGKLKGVISSSLITYD QRIQEKTMQWLKLL	103	Консервативный гипотетический белок Vs.7 [фаг Enterobacteria JS10]	YP_002922457.1	2e-10 (29/54)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
78	46095	46439	859	MAEIVIRCPPHLVESFCEWFSN SGEQDFYEAHQNGTWNETTKQ WEEATTYIGTRGYGVNEPIEIVE YDKETDEEVTYHEDKITYLEAA AKFHSDEWNIKMSVITAYMRGW NKESN	114	Консервативный белок гипотетический Vs.5 [фаг Enterobacteria RB69]	NP_861809.1	2e-10 (36/77)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
79	46448	46810	860	MKAYQILEGELKGTIYIEDGDDA RVIVSKVLKEDTITDAETFYGYK ARFVEIEYQPTVKIEGGQHLNV NVLRRETLLDAVEHPEKYPQLTI RVSGYAVRFNSLTPEQQRDVIA RTFTEAL	120	Автономный кофактор глицильных радикалов [фаг Enterobacteria AR1]	BAI83131.1	2e-51 (100/120)	Автономный кофактор глицильных радикалов	Автономный кофактор GrcA глицильных радикалов	PRK11127	1.37e-40
80	46810	47091	861	MAIEDIKGYKPHTDEKIGKVNAI KDAEIRLGLIFKALEEEHVEKYM NLDVSTMSDKEFDLAHERITQIR NAIQHLKEASMWACRSVFQPE EKY	93	Консервативный гипотетический белок Vs.4 [фаг Enterobacteria JS98]	YP_00159523 7.1	1e-35 (72/91)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
81	47155	47613	862	MSTNPEVFIRRTKLRRKFEEAF RSLNLSVRARAKAEGKEPFFTK YSDHLLDRAIQREIDEEYVFSVL SKIPNHLKEINEFLAMPWLPIDP KDIDENIEYKPMRLEITDGNLWL GFTMDIPRPGKGPSIKCRMAFV NDKRLKGKISTKVIHIN	152	RegB сайт-специфической эндонуклеазы [фаг Enterobacteria JS98]	YP_00159523 6.1	2e-43 (90/148)	RegB сайт-специфическая эндонуклеазы	REGB_T4	pfam10715	1.91e-20
82	47621	48166	863	MKKALIGLMALCSTAFGSEPTF SNVQLDNLHYAYNFGEQYQKS GKEKSPHNRYDNNGLGYIMAAI SWKESSAGANLKAGKGHHSYG VFQNYLPTVKARAKLEGKNLSD SEIRKMLKSRQNSAEWAYIELS YWLNIHNGNMRKALASYNAGW NVKRGNSYASDVLEKANFLKKH KMLHTKVE	181	Консервативный гипотетический белок Vs.1 [фаг Enterobacteria RB69]	YP_861805.1	5e-59 (115/180)		REGB_T4	pfam10715	1.00e-18
83	48166	48486	864	MVKYAALLGLVLAFSANAENSM TDSLRIAKTFCNTNSECVDILAL ELDSAFSDGVKDSRSPAQWTT LINRKAKSMKDLCVNAPNENICL MYRDQLMARYMSGLSSK	106	Модификатор Vs валил-тРНК-синтетазы [фаг Enterobacteria RB69]	YP_00146943 6.1	4e-13 (34/80)	Модификатор валил-тРНК-синтетазы	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

ФИГУРА 12U

195

196

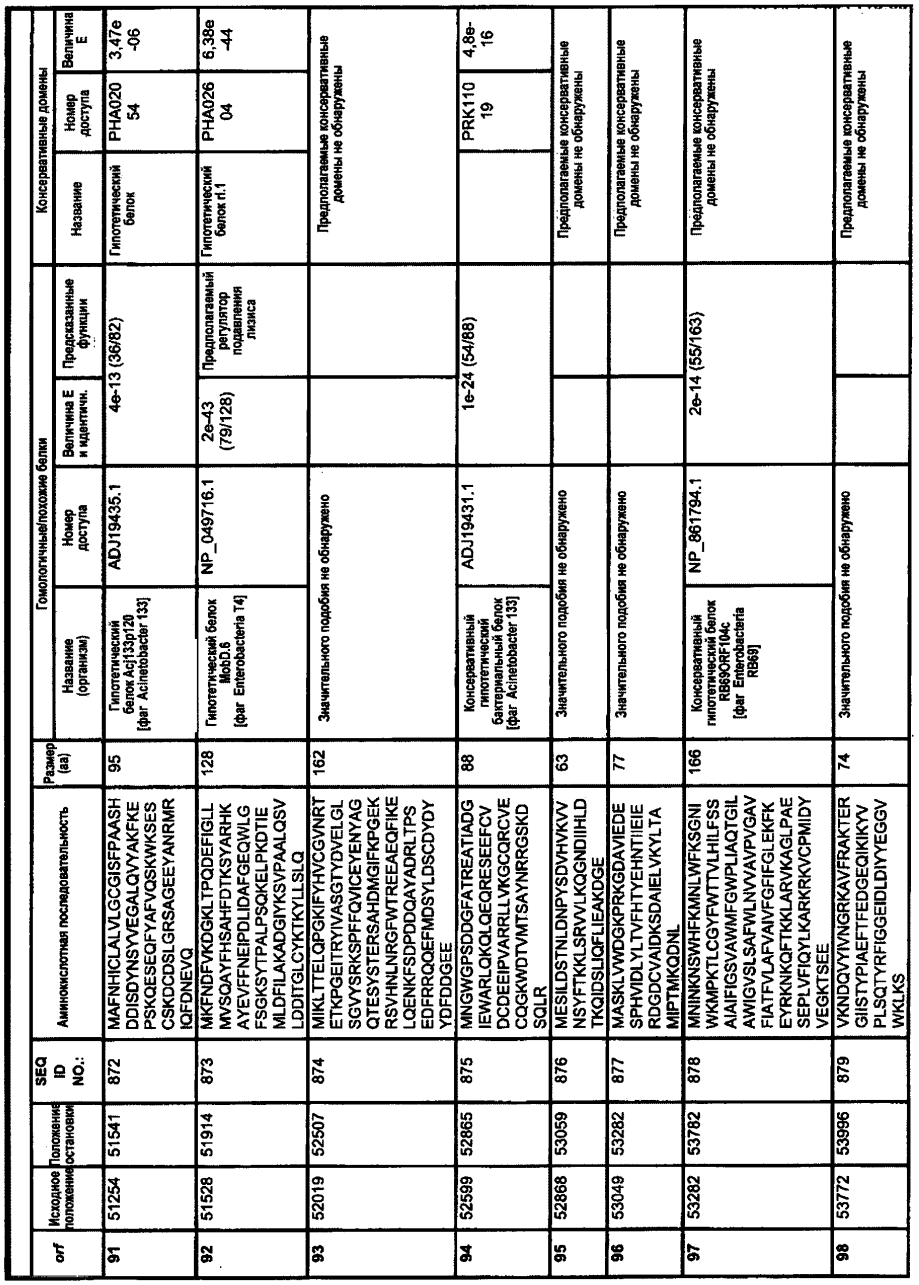


orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.:	Аминокислотная последовательность	Размер (аа)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
84	48483	48875	865	MKKAAILLCCAFSVNAWEKLPG YPETVLAAQGTKIESNGPFKNNI EIAFVPSSRKLLMSFYNYQDKD DQVIVPLVEYNARGCGMQSDG VSVDGVMHPKEQGVLNPILNC NNAIFLRVYNNLNEYATYKIP	130	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
85	48884	49351	866	MITGYIKGNIVELFMKHECDIAH GCNCFTTMGAGVAGQLAKAYP PILDIIDEDRYYDNNLAKLGTH TRAIHKKGTAYCYNLYTQYAPG PNVDYGAIFNAFHELNSGRIVY NRPLYIPKIGAGIAGGDWELIEK LINLATPDIDIMVVEYEEAKS	155	Консервативный гипотетический белок Tk4 [фаг Enterobacteria JS10]	YP_00292245 1.1	3e-41 (89/157)		tk.4	PHA025 95	6.30e -49
86	49375	49542	867	MITEEQKTKLWQLIDDYAGAEQ VVAISAIYGNGLPEEYDELIRSK NAISDFMETL	55	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
87	49542	50141	868	MAQLYFNYASMNAGKSANLLT AAHNYKERGMGTLILKPAIDTR DSATEVTSRIGLRHEANTVDESI DILEFFKWAQTQRDIHCVFVDE AQFLTAEHVLQLCKIVDLYDVPV MAYGLRTDFRGELFEGSKALLS VADKLVELKGVCHCGRKATMV ARIDENGNAITDGEVVELGGED KYVSLCRKHWCELVGVYNEAK NV	199	Tk тимидин-киназы [фаг Enterobacteria RB69]	YP_861801.1	3e-81 (137/192)	Тимидин-киназа	Тимидин-киназа	PRK042 96	3.20e -80
88	50122	50316	869	MKPRTYNTILMLVLSMLFIWMG VAASIQSDRREELQNRLDSGCK VLAQGKDFIANTNGCYIKYE	64	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
89	50600	50983	870	MSRTIRRKGWHVVKSSKWNDQ NNNEFAYIKSYNEYVKTQKDKE NQQKYVELRISENSERPLEAKK LIAKSKRDGFWKTLRWTRYAM PVPRLFHKAEIKRALKYDEEYN WDEAGARTIEQGICEWLWD	127	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
90	51030	51242	871	MQHLSEKQLRNLTVEQLDELR REIGHGISHLQEEIRQHSSKADY TRKRTLEKYLKEVKAVLQHKRN TGQK	70	Консервативный гипотетический белок f.1 [фаг Enterobacteria RB69]	NP_861800.1	1e-20 (51/69)	Предполагаемый регулятор подавления лизиса	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

ФИГУРА 12V

196

197



orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.:	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
91	51254	51541	872	MAFNHICLALVLGCGISFPAASH DDISDYNSYVEGALQVYAKFKE PSKQESEQFYAFVQSKWKSES CSKDCDSLGRSAGEEYANRMR IQFDNEVQ	95	Гипотетический белок Acj133p128 [фаг Acinetobacter 133]	ADJ19435.1	4e-13 (36/82)		Гипотетический белок	PHA020 54	3.47e -06
92	51528	51914	873	MKFNDFVKDGKLTPQDEFIGLL AYEVFFNEIPDLIDAFGEQWLG LDDITGLCYKTKYLLSLQ	128	Гипотетический белок MobD.6 [фаг Enterobacteria T4]	NP_049716.1	2e-43 (79/128)	Предполагаемый регулятор подавления лизиса	Гипотетический белок r1.1	PHA026 04	6.38e -44
93	52019	52507	874	MIKLTTELQPGKIFYHVCGVNRT ETKPGEITRYIVASGTYDVELGL SGVYSRKSPFFQVICEYENYAG QTESYSTERSAHDMGIFKPGEK RSVHNLNRGFWTREEAEQFIKE LQENKFSDPDDQAYADRLTPS EDFRRQQEFMDSYLDSCDYDY YDFDDGEE	162	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
94	52599	52865	875	MNGWGPSDDGFATREATIADG IEWARLQKQLQEQRESEEFCV DCDEEIPVARRLLVKGCQRCVE CQGKWDTVMTSAYNRRGSKD SQLR	88	Консервативный гипотетический бактериальный белок [фаг Acinetobacter 133]	ADJ19431.1	1e-24 (54/88)			PRK110 19	4.8e-16
95	52868	53059	876	MESILDSTNLDNPYSDVHVKVV NSYFTKKLSRVVLKQGNDIIHLD TKQIDSLIQFLIEAKDGE	63	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
96	53049	53282	877	MASKLVWDGKPRKGDAVIEDE SPHVIDLYLTVFHTYEHNTIIEIE RDGDCVAIDKSDAIELVKYLTA MIPTMKQDNL	77	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
97	53282	53782	878	MNINKNSWHFKMNLWFKSGNI WKMPKTLCGYFWTTVLHILFSS AIAIFIGSVAWMFGWPLIAQTGIL AWIGVSLSAFWLNVVAVPVGAV FIATFVLAFVAIVFGFIFGLEKFK EYRKNKQFTKKLARVKAGLPAE SEPLVFIQYLKARKRKVCPMIDY VEGKTSEE	166	Консервативный гипотетический белок RB69ORF104c [фаг Enterobacteria RB69]	NP_861794.1	2e-14 (55/163)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
98	53772	53996	879	VKNDQVYVNGRKAVFRAKTER GIISTYPIAEFTFEDGEQIKIKYV PLSQTYRFIGGEIDLDIYYEGGV WKLKS	74	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

ФИГУРА 12W

197

198

orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.:	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
99	53978	54400	880	MEIEIVTTKKKLSMSLLKQMKM ASSSEIKFAMFDRVHRVLGYVN AFKWNKMDIQVAIINTGNDWAL VPMYDTHVIKTARREPHPDGQ EYHFHDVVYYHTMQKIGNVHR NSKKSTDKEHVEACAKASNDLI KFAKGNHIYL	140	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
100	54397	55407	881	MKTIVKSYFGSHLYGTSTPESD VDFKEIFVPHPRDILMCQAMNH TNCNTNNSATKNTKDDVDHELF SLKYFFKLAADGETVALDMLHT PPELVVASDLPEVWKFIQDNRA RFYTTDMKAYLGYVRKQAGKY GVKGSRLADLHKVLDVIRDVPE WKYDDRPQQKGINERWKVQDI AEKLPLGEFLEWTTFVDHKSGE QKFYNVLGRKFQTTITIKEMKYS LEKLDAEYGERARKAEANEGV DWKALSHALRAGLQLQEIYMTG DLQFPLTHAKMVKMVKAGELPF KEVQELLESVVDEVEILAHTAEK NGMPKKVDMKFWDDFVEKVYL ENHNSYYK	336	Консервативный гипотетический белок NrdC.11 [фаг Enterobacteria JS10]	YP_00292243 8.1	7e-132 (241/336)		Гипотетический белок NrdC.11	PHA026 03	8,18e -142
101	55412	55600	882	MKVFLNYGRPHKGRRWYLEAV CRETGRRENAKFSARPTRKQIH QFMSWAGETLRFSLYWAEI	62	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
102	55597	55836	883	MILLWSVVVPIVVAIIYFIVGWSV CKHLIKNGTIEKVGEYWFYLIFW FPAFIVGAIIMFFRWAGKLPKRI AENAINKHA	79	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
103	55955	56170	884	MKTLEIVVNNIDKAFKAAEAHGV EFEPMMVGEAFSKLAIIRGETD NLIDFVDDFYLGSKVRPYYINEIL EK	71	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

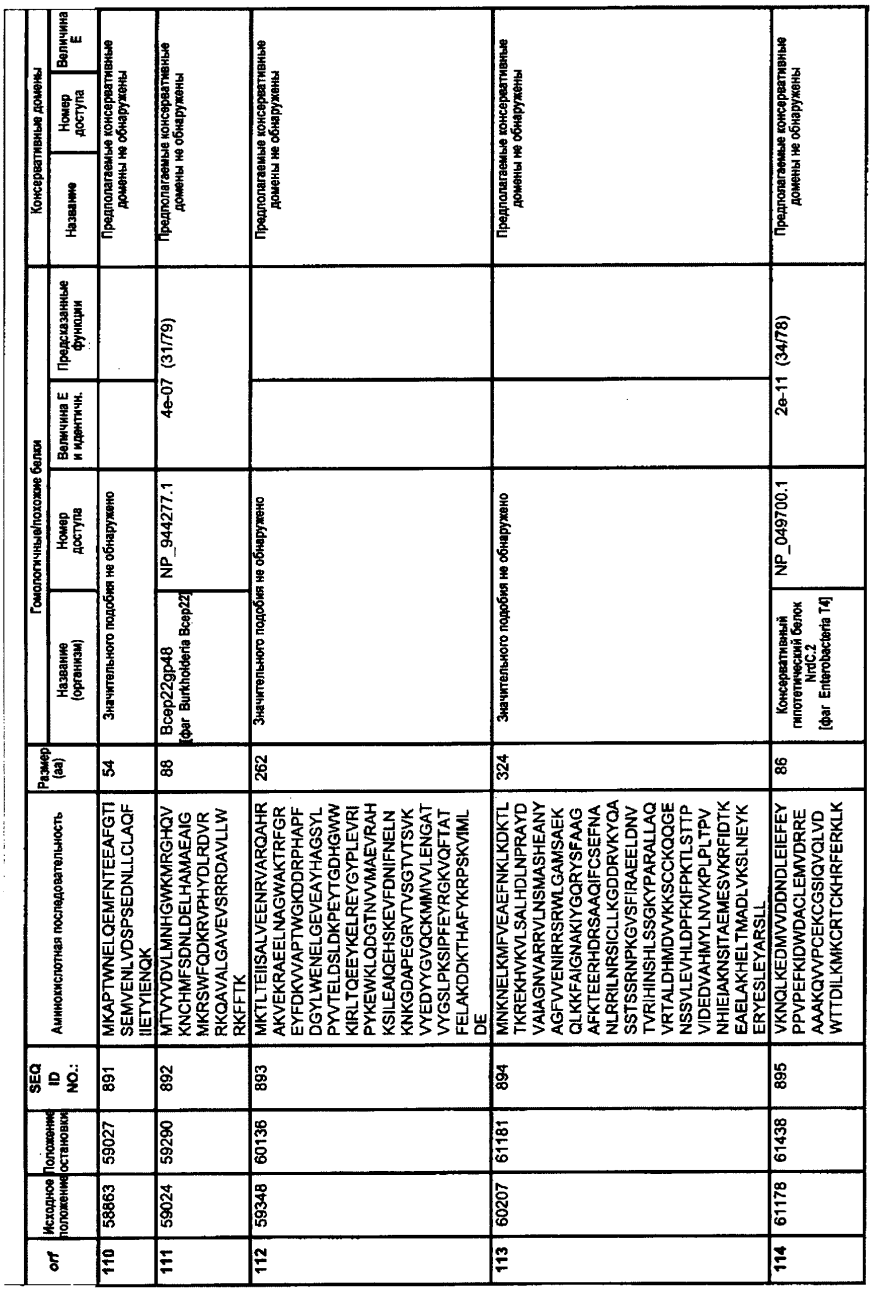
ФИГУРА 12X

orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.:	Аминокислотная последовательность	Размер (аа)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
104	56248	57225	885	MSTITIKKGIYFGKEISGTYELLG EWFPDSLSAEDSRQGDGKVFV ELNGKKRGVWVFKDDITIDGVA AKIEVVESVDEMKERIKKRFNV MGLMTNGLIHGNIRSLIISGAAGI GKTYSLDKALQHAHDTNAIDYK SVNGKISGIGLYCRLWESREAN SVLLIDDVDVFSDMDILNLLKAA LDSGEKRKVCWSTASSFLEDK GIPNEFEFEGTVVFITNVDIDRE LERGSKLAPHLQALVSRSVYLD LGVHTNEEIMVRVQDVIMTTSM LQNRGLRNSEVIEVLEFMKDNV NRLRNVSLRTALYIGDFVATDR KNWRTIAEVTMLK	325	Гипотетический белок T4Tp097 [фаг Enterobacteria T4T]	ADJ39814.1	2e-138 (243/325)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
105	57268	57414	886	MATLISNDVKRVLFKGGMYIVD TPKGDTSSWTINEWINYIDENG AWVQ	48	Гипотетический белок [фаг Enterobacteria AR1]	BAI83080.1	6e-07 (23/40)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
106	57411	57836	887	MSLAAIKDIECWLNDIKVYPPGH IFAGKPKGKAEKACEAICEKLYK FNFGDKKNVLAEVHSSYHELRV MVNVFRAPPFIELRKEYANKVF DTFLANVQDAVKHLDEMHKQH QDLNAYYKPWRKSYQELKNRIE LIRYEVLK	141	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
107	57833	58171	888	MKNWVMTESEAYAAYVSPDDR RSELFGYYGSYCVAEEAVKGQ SWWGSDGTVNRKPTELITFTD ENGESWTFPKSAAISVQEETPE AKRKRLEKIKESALAKLNPDER EALGL	112	Гипотетический белок Aeh1p086 [фаг Aeromonas Aeh1]	NP_943964.1	1e-07 (36/107)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
108	58168	58488	889	MSKEFSTTRMVDAFGYPCNGY REFIHPEVENQFKEVVRNILLNA FKTQGTNPRDLGIYLEEAIRDV QKSVSAKLHWAEENIAWSNKK RSDLNWPADREQIVNYAKG	106	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
109	58492	58782	890	MFNTIVSIHAYYEGQLNAARTK YKRGMEESVECLKDIQTFAQKT QNLILMDRKQVSLAEELKASKMI IEDNRKHQLKLLKRRQHQSPW FNSDFRSF	96	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

ФИГУРА 12Y

199

200

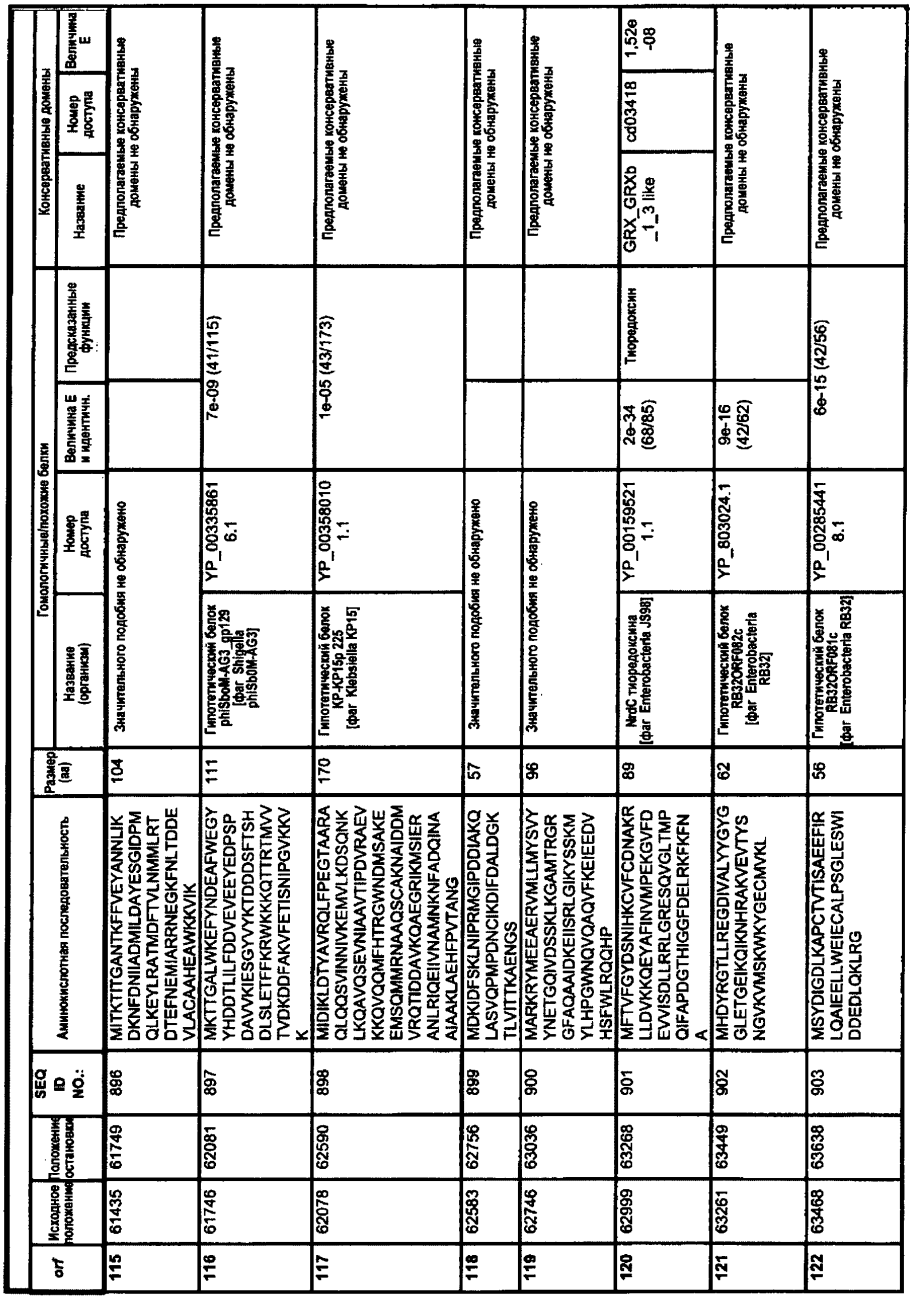


orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.:	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
110	58863	59027	891	MKAPTWNELQEMFNTEEAFGTI SEMVENLVDSPSEDNLLCLAQF IIETYIENQK	54	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
111	59024	59290	892	MTVYVDYLMNHGWKMRGHQV KNCHMFSDNLDELHAMAEAIG MKRSWFQDKRVPHYDLRDVR RKQAVALGAVEVSRRDAVLLW RKFFTK	88	Bcep22gp48 фаг Burkholderia Bcep22	NP_944277.1	4e-07 (31/79)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
112	59348	60136	893	MKTLTEIISALVEENRVARQAHR AKVEKRAEELNAGWAKTRFGR EYFDKVVAPTWGKDDRPHAPF DGYLWENELGEVEAYHAGSYL PYVTELDSLDKPEYTGDHGWW KIRLTQEEYKELREYGYPLEVRI PYKEWKLQDGTNVVMAEVRAH KSILEAIQEHSKEVFDNIFNELN KNKGDAPEGRVTVSGTVTSVK VYEDYYGVQCKMMVVLENGAT VYGSLPKSIPFEYRGKVQFTAT FELAKDDKTHAFYKRPSKVIML DE	262	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
113	60207	61181	894	MNKNELKMFVEAEFNKLKDKTL TKREKHVKVLSALHDLNPRAYD VAIAGNVARRVLNSMASHEANY AGFVVENIRRSRWLGAMSAEK QLKKFAIGNAKIYGQRYSFAAG AFKTEERHDRSAAQIFCSEFNA NLRRILNRSICLLKGDDRVKYQA SSTSSRNPKGVSFIRAEELDNV TVRIHINSHLSSGKYPARALLAQ VRTALDHMDVVKKSCCKQQGE NSSVLEVHLDPFKIFPKTLSTTP VIDEDVAHMYLNVVKPLPLTPV NHIEIAKNSITAEMESVKKFIDTK EAELAKHELTMADLVKSLNEYK ERYESLEYARSLL	324	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
114	61178	61438	895	VKNQLKEDMVVDDNDLEIEFEY PPVPEFKIDWDACLEMVDRRE AAAKQVVPCEKCGSIQVQLVD WTTDILKMKCRTCKKHRFERKLK	86	Консервативный гипотетический белок NrdC:2 (фаг Enterobacteria T4)	NP_049700.1	2e-11 (34/78)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

ФИГУРА 122

200

201



orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.:	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
115	61435	61749	886	MITKTITGANTKFFVEYANNLIK DKNFDNIIADMILDAYESGIDPM QLKEYLRATMDFTVLNMMLRT DTEFNEMIARRNEGKFNLTDDE VLACAAHEAWKKVIK	104	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
116	61746	62081	897	MKTTGALWKEFYNDEADFWEGY YHDDTLILFDDVEVEEYEDPSP DAVVKIESGYVYKTDDDSFTSH DLSLETFFKRWKKKQTTRTMVV TVDKDDFAKVFETISNIPGVKKV K	111	Гипотетический белок phiSboM-AG3_gp129 [фаг Shigella phiSboM-AG3]	YP_00335861 6.1	7e-09 (41/115)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
117	62078	62590	898	MIDIKLDTYAVRQLFPEGTAARA QLQQSVINNIVKEMVLKDSQNK LKQAVQSEVNIAAVTIPDVRAEV KKQVQQMFHTRGWNDMSAKE EMSQMMRNAAQSCAKNAIDDM VRQTIDDAVKQAEGRIKMSIER ANLRIQEIIVNAMNKNFADQINA AIAAKLAEHFPVTANG	170	Гипотетический белок KP-KP15p125 [фаг Klebsiella KP15]	YP_00358010 1.1	1e-05 (43/173)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
118	62583	62756	899	MDKIDFSKLNIPRMGIPDDIAKQ LASVQPMPDNCIKDIFDALDGK TLVITTKAENGS	57	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
119	62746	63036	900	MARKRYMEEAERVMLLMYSVY YNETGQIVDSSKLKGAMTRGR GFAQAAIDKEIISRLGIKYSSKM YLHPGWNQVQAQVFKEIEEDV HSFWLRQQHP	96	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
120	62999	63268	901	MFTVFGYDSNIHKCVFCDNAKR LLDVKKQEYAFINVMPEKGVFD EVVISDLLRRLGRESQVGLTMP QIFAPDGTHIGGFDELRKFKFN A	89	NrdC тиоредоксина [фаг Enterobacteria J398]	YP_00159521 1.1	2e-34 (68/85)	Тиоредоксин	GRX_GRXb _1_3 like	cd03418	1.52e -08
121	63261	63449	902	MHDYRGTLLREGDIVALYYGYG GLETGEIKQIIKNHRAKVEVTYS NGVKVMSKWKYGEQMVKL	62	Гипотетический белок RB32ORF082c [фаг Enterobacteria RB32]	YP_803024.1	9e-16 (42/62)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
122	63468	63638	903	MSYDIGDLKAPCTVTISAEEFIR LQAIEELLWEIECALPSGLESWI DDEDLQKLRG	56	Гипотетический белок RB32ORF081c [фаг Enterobacteria RB32]	YP_00285441 8.1	6e-15 (42/56)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

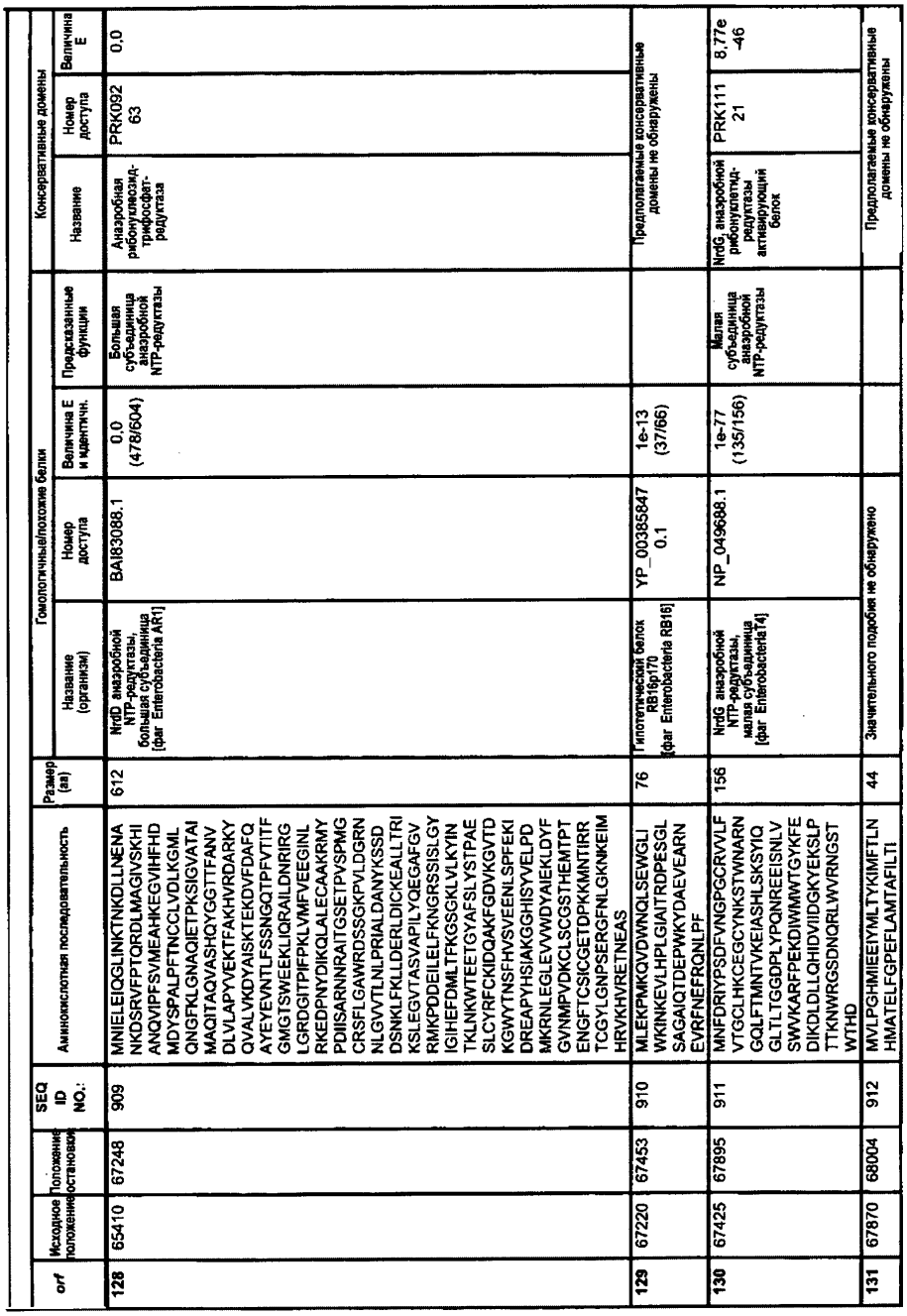
ФИГУРА 12АА

201

202

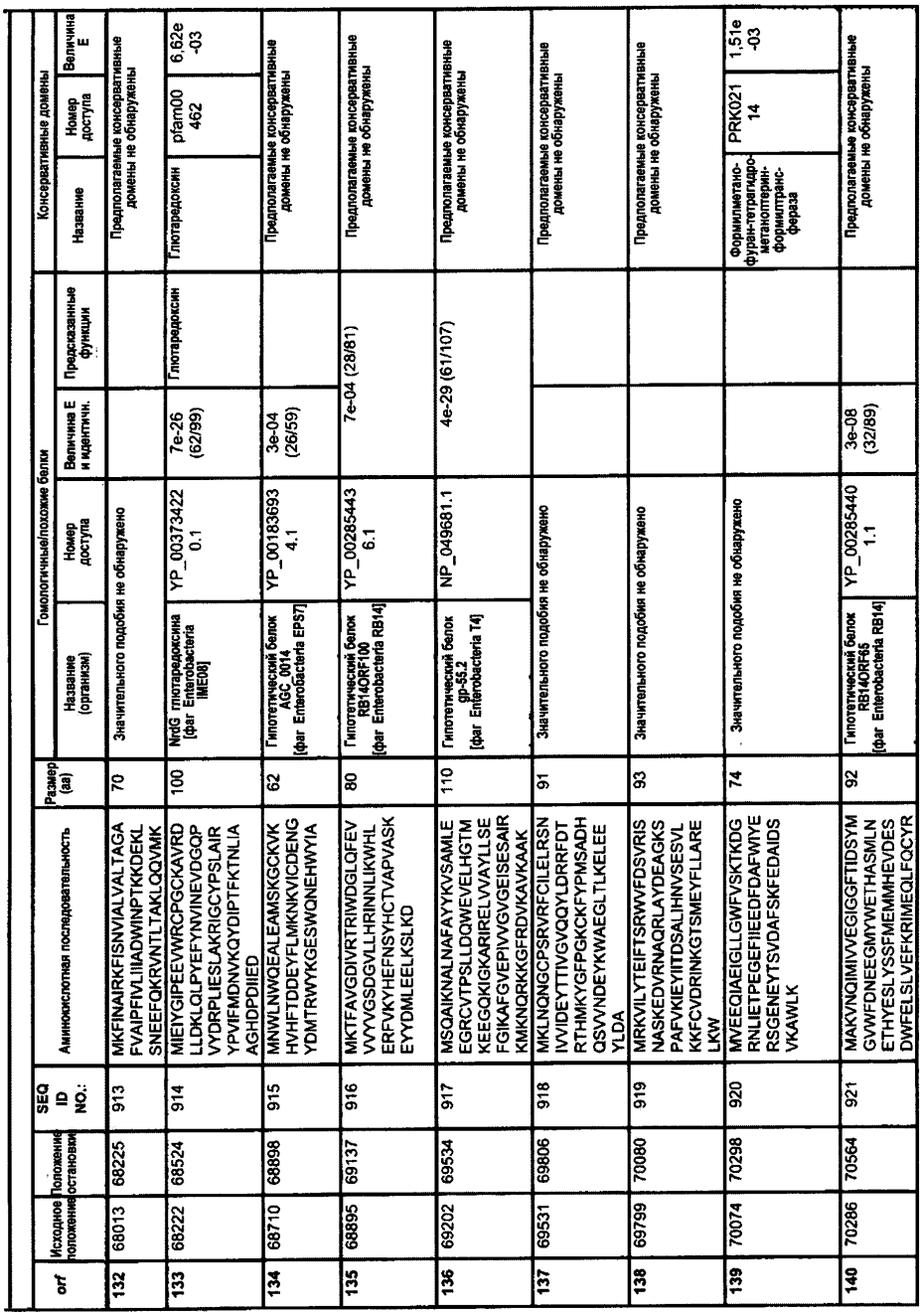
orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.:	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
123	63640	64029	904	MTNAELVKEIKHIAGVTGEWDD NYDFEYPPNAPDDDAEEIFVLV EDDEWTQDHKYQSRSQIWYYP ARGVHFMVSESRSGSYHTDWY YNPPEVDIVTRHEKVVTRTEVE WRIEYDSVNDSAPAPCKAAKA	129	Гипотетический белок RB32ORF087 [фаг Enterobacteria RB51]	YP_00285404 0.1	2e-12 (39/90)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
124	64008	64166	905	MQSSKGIKPWYTARWETVEPE EDAIPEEDYNTSEPTINELLDYE DKVNGTYW	52	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
125	64150	64602	906	MELIGKQFEVIENDDELTEQFP QFVPGFKFQVINAVNEDDLETC GITAVIDLLTNKIITINDPTPFGES WFWCFYSEDTMHQIKEIGQGE DVPNISEIKLDHFHGKIVPITKAL YAFAGQENCDSEEYDLMQKAA DYIVALETRLGVQYV	150	Pin ингибитора протеазы [фаг Enterobacteria RB69]	NP_861778.1	1e-10 (50/144)	Ингибитор протеазы	Ингибитор_I24	pfam10 465	4,84e -11
126	64595	64903	907	MSKSCVTKTITVKILDFCDIHRIA REILRSHGYKIGDIIKFSNGYYD DDIGGMAWPKMSIIHKETNSYIE FNADDYEGIYAFCTSFCIKESNH NIYSSYSLI	102	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
127	64940	65413	908	MLLTGKLYKEEKEKLYQAQNGL CPCCKRPLDEDIQKNHLDHDHA LEGDNAGKVRGLLCNLCNAAE GQMKHKFNRSGLKGQDIDYLE WLENLLVYLRQNRKDSNIHPQY VADMAKRFSRLGKPEMIAEMEL HGFTYEESDGKSQLASKYKKQ LRKSLK	157	gp49 EndoVII упаковки и рекомбинации эндонуклеазы VII [фаг Enterobacteria JS98]	YP_00159520 4.1	6e-61 (115/157)	EndoVII упаковки и рекомбинации эндонуклеазы VII	Эндонук-димериз.	pfam09 124	1,60e -16
										Рекомбинация эндонуклеазы VII	PHA025 65	2,43e -62

ФИГУРА 12BB



orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.:	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
128	65410	67248	909	MNIELEIQGLINKTNKDLLNENA NKDSRVFPTQRDLMAGIVSKHI ANQVIPFSVMEAHKECGVIHFHD MDYSPALPFTNCCLVDLKGML QNGFKLGNAQIETPKSIGVATAI MAQITAQVASHQYGGTTFANV DLVLAPYVEKTFAKHVRDARKY QVALVKDYAISKTEKDVFDAFQ AYEYEVNTLFSSNGQTPFVTITF GMGTSWEEKLIQRAILDNRIRG LGRDGITPIFPKLVMFVEEGINL RKEDPNYDIKQLALECAAKRMY PDIISARNNRAITGSETPVSPMG CRSFLGAWRDSSGKPVLDGRN NLGVVTLNLPRIALDANYKSSD DSNKLFKLLDERLDICKEALLTRI KSLEGVTASVAPILYQEGAFGV RMKPDDEILELFKNGRSSISLGY IGIHEFDMLTFKGSGKLVLKYIN TKLNKWTEETGYAFSLYSTPAE SLCYRFCKIDQAKFGDVKGVTD KGWYTNSFHVSVEENLSPFEKI DREAPYHSIAKGGHISYVELPD MKRNLEGLEVVWDYAIEKLDYF GVNMPVDKCLSCGSTHEMTPT ENGFTCSICGETDPKKMNTIRR TCGYLGNPSERGFNLGKNKEIM HRVKHVRETNEAS	612	NrdD анаэробной NTP-редуктазы, большая субъединица [фаг Enterobacteria AR1]	BAI83088.1	0.0 (478/604)	Большая субъединица анаэробной NTP-редуктазы	Анаэробная рибонуклеозид-трифосфат-редуктаза	PRK0926 3	0.0
129	67220	67453	910	MLEKPMKQVDWNQLSEWGLI WKINKEVLHPLGIAITRDPESGL SAGAIQTDEPWKYDAEVEARN EVRFNEFRQNLPF	76	Гипотетический белок RB16p170 [фаг Enterobacteria RB16]	YP_003858470.1	1e-13 (37/66)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
130	67425	67895	911	MNFDRIYPSDFVNGPGCRVVLF VTGCLHKCEGCYNKSTWNARN GQLFTMNTVKEIASHLSKSYIQ GLTLTGGDPLYPQNREEISNLV SWVKARFPEKDIWMWTGYKFE DIKDLDLLQHIDVIIDGKYEKSLP TTKNWRGSDNQRLWVRNGST WTHD	156	NrdG анаэробной NTP-редуктазы, малая субъединица [фаг Enterobacteria T4]	NP_049688.1	1e-77 (135/156)	Малая субъединица анаэробной NTP-редуктазы	NrdG, анаэробной рибонуклеотид-редуктазы активирующий белок	PRK1112 1	8.77e-46
131	67870	68004	912	MVLPGHMIEEIYMLTYKIMFTLN HMATELFGPEFLAMTAFILTI	44	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

ФИГУРА 12СС



orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.:	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены			
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа		Величина E
132	68013	68225	913	MKFINAIRKFISNVIALVALTAGA FVAIPFIVLIIIADWINPTKKDEKL SNEEFQKRVANTLTAKLQQVMK	70	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены			
133	68222	68524	914	MIEIYGIPEEVWRCPGCKAVRD LLDKLQLPYEFYNVINEVDGQP VYDRPLIESLAKRIGCYPSLAIR YPVIFMDNVKQYDIPTFKTNLIA AGHDPDIIED	100	NrdG глутаредоксина [фаг Enterobacteria IME08]	YP_00373422 0.1	7e-26 (62/99)	Глутаредоксин	Глутаредоксин	pfam00 462	6.62e -03
134	68710	68898	915	MNWLNWQEALEAMSKGGKVK HVHFTDDEYFLMKNKVICDENG YDMTRWYKGESWQNEHWYIA	62	Гипотетический белок AGC_0014 [фаг Enterobacteria EP37]	YP_00183693 4.1	3e-04 (26/59)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены			
135	68895	69137	916	MKTFAVGDIVRTRIWDGLQFEV VVYVGSDGVLLHRINNLIKWHL ERFVKYHEFNSYHCTVAPVASK EYYDMLEELKSLKD	80	Гипотетический белок RB14ORF100 [фаг Enterobacteria RB14]	YP_00285443 6.1	7e-04 (28/81)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены			
136	69202	69534	917	MSQAIKNALNAFAYYKVSAMLE EGRCVTPSLLDQWEVELHGTM KEEGQKIGKARIRELVVAYLLSE FGIKAFGVEPIVVGVGEISESAIR KMKNQRKKGFRDVKAVKAAK	110	Гипотетический белок gp-55.2 [фаг Enterobacteria T4]	NP_049681.1	4e-29 (61/107)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены			
137	69531	69806	918	MKLNQNGCPSRVRFCILELRSN IVVIDEYTTIVGVQQYLDRRFDT RTHMKYGFPGKCKFYPMSADH QSVVNDEYKWAEGLTLKELEE YLDA	91	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены			
138	69799	70080	919	MRKVILYTEIFTSRWVFDSVRIS NASKEDVRNAQRLAYDEAGKS PAFVKIEYIITDSALIHNVSESVL KKFCVDRINKGTSMEYFLLARE LKW	93	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены			
139	70074	70298	920	MVEEQIAEIGLLGWFVSKTKDG RNLIETPEGEFIIEEDFDAFWIYE RSGENEYTSVDAFSKFEDAIDS VKAWLK	74	Значительного подобия не обнаружено				Формилметано-фуран-тетрагидро-метаноптерин-формилтранс-фераза	PRK021 14	1.51e -03	
140	70286	70564	921	MAKVNQIMIVVEGIGGFTIDSYM GVWFDNEEGMYYWETHASMLN ETHYESLYSSFMEMMHEVDES DWFELSLVEFKRIMEQLFQCYR	92	Гипотетический белок RB14ORF55 [фаг Enterobacteria RB14]	YP_00285440 1.1	3e-08 (32/89)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены			

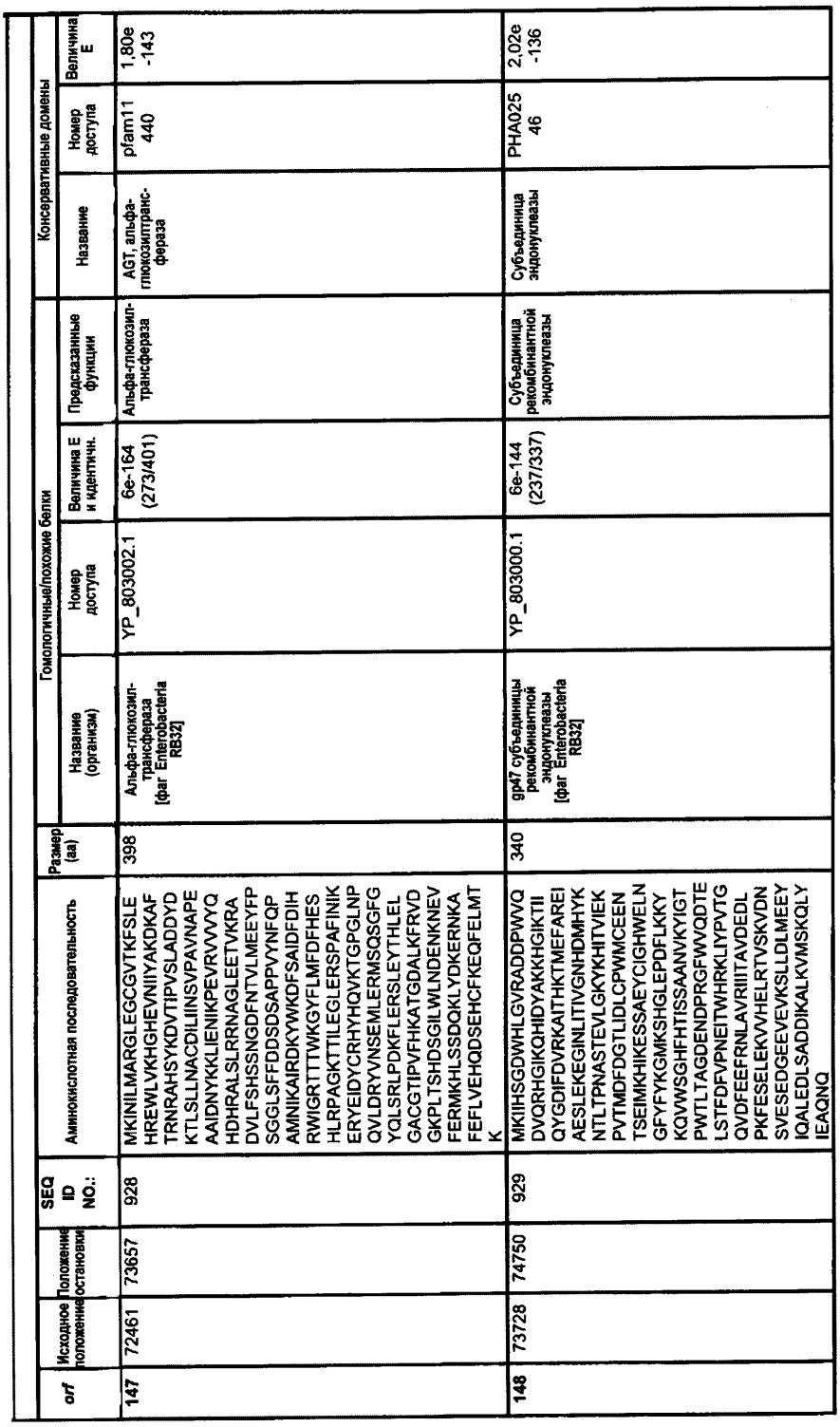
ФИГУРА 12DD

orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.:	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки			Предсказанные функции	Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.		Название	Номер доступа	Величина E
				IMKGEL						Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
141	70561	70806	922	MKIQLTLTHENIKGVFCLENSQI TFAQDGTYWYAESDDIAGYGM ERVFEDFEAVIDVPLDFTYNDF YRIMMKLIACAELIK	81	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
142	70873	71421	923	MSNYVNNKELYKSICSWKEKC RESEAAGGPRVVKQNDTIGLAI MLIAEGLSKRFNFSGYTQSWK QEMISDGIEAAIKGLINFDETKY DNPHAYITQACFNAFVQRIKKE RKEMAKKYSYFVHNVYDSRDD DMVALADETFIQDIYDKMTQYE STAYKAPGSAKKSEPTSDGPNL EFLYEAED	182	gp55 сигма фактора для поздней транскрипции T4 [фаг Enterobacteria T4]	NP_049679.1	4e-76 (139/180)	Сигма фактор	Сигма фактор РНК-полимеразы	PHA025 47	1,38e -71
143	71405	71635	924	MRLKINLDGFLEDVQDLDAIPYL LKMYLREVLDLDIHIDPKNPHDA DFRSDSAIIEHSYNWTDTEFTFE INYHPKE	76	Гипотетический белок a-gt1.5 [фаг Enterobacteria T4]	NP_049678.1	2e-15 (40/68)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
144	71637	71939	925	MNNITQEERDELQQKLMEAAE EQAIARANKIVRKNRREIERLKA HAGDAVLDNNFPAYKYAIEKLR TILKQPFTDEIILTCWNTSRKSV WDILNAGTSKI	100	Консервативный гипотетический белок a-gt.4	YP_00159519 0.1	2e-20 (51/99)		a-gt.4, гипотетический белок	PHA025 71	1,02e -22
145	71917	72114	926	MLVQVKFKRVRKDAGFTLNTAT GTMAVKVADNQYRVLGSTEGC KLIDKNSLVWVDTFQVKRWYE W	65	Консервативный гипотетический белок a-gt.3 фаг Enterobacteria RB69]	NP_861758.1	7e-08 (31/66)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
146	72146	72391	927	MGSNPGHDWPEGNYACRCSN CSERYTGPKRSYFCYKCDTAR REAPAPDYEAIRNAKIDMLKRF EEAKRICEAAGYVVYKKI	81	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

ФИГУРА 12EE

206

205

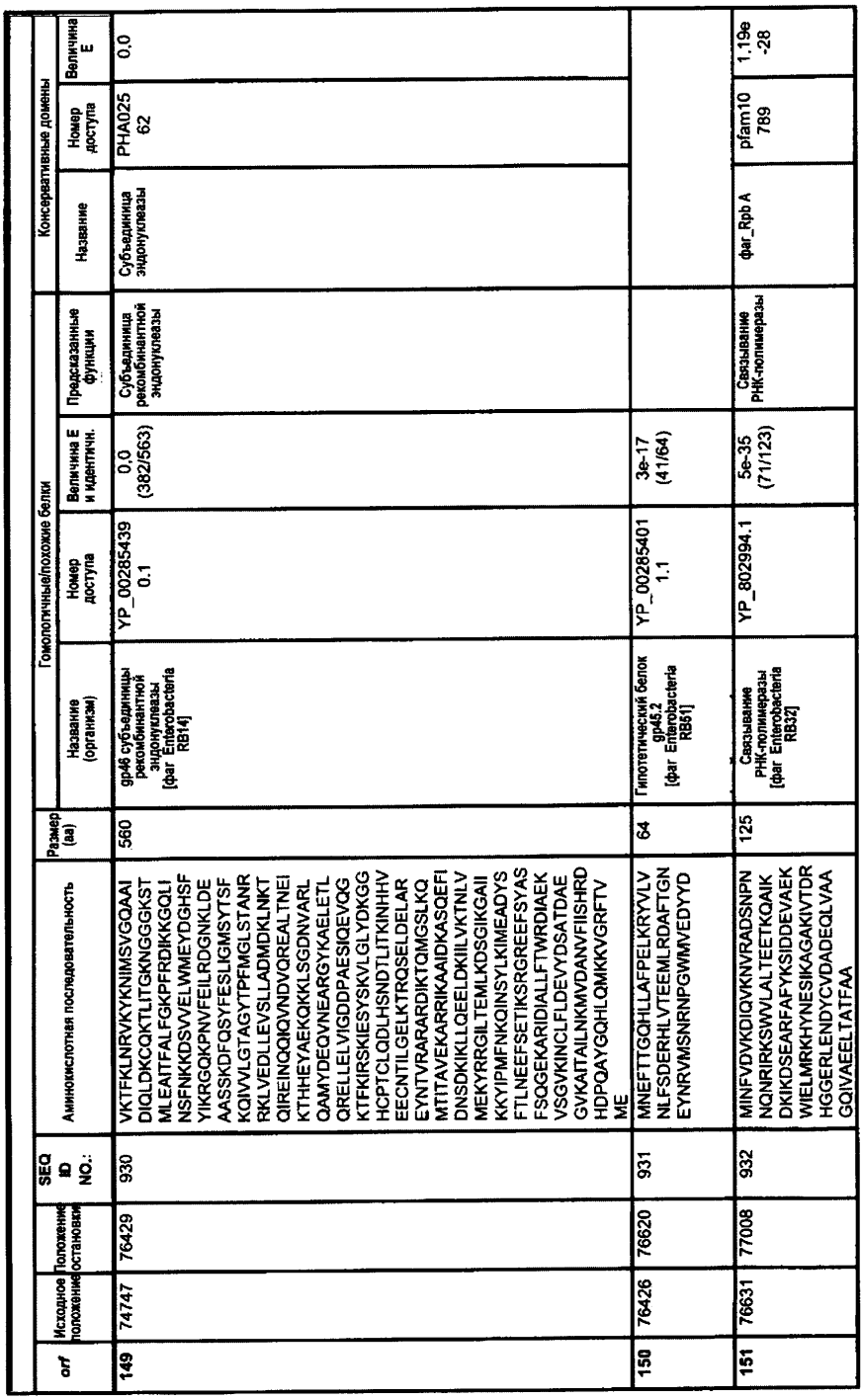


orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.:	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены			
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
147	72461	73657	928	MKINILMARGLEGCGVTKFSLE HREWLVKHGHEVNIIYAKDKAF TRNRAHSYKDVTIPVSLADDYD KTLSLLNACDILIINSVPAVNAPE AAIDNYKKLIENIKPEVRVVVYQ HDHRALSLRRNAGLEETVKRA DVLFSHSSNGDFNTVLMEEYFP SGGLSFFDDSDSAPPVYNFQP AMNIKAIRDKYWKDFSAIDFDIH RWIGRTTTWKGYFLMFDFHES HLRPAGKTTILEGLERSPAFINIK ERYEIDYCRHYHQVKTGPGLNP QVLDRYVNSEMLERMSQSGFG YQLSRLPDKFLERSLEYTHLEL GACGTIPVFHKATGDALKFRVD GKPLTSHDSGILWLNDENKNEV FERMKHLSSDQKLYDKERNKA FEFLVEHQDSEHCFKEQFELMT K	398	Альфа-глюкозил-трансфераза [фаг Enterobacteria RB32]	YP_803002.1	6e-164 (273/401)	Альфа-глюкозил-трансфераза	AGT, альфа-глюкозилтранс-фераза	pfam11440	1,80e-143
148	73728	74750	929	MKIIHSGDWHLGVRADDPWVQ DVQRHGIKQHIDYAKKHGIKTII QYGDIFDVRKAITHKTMEFAREI AESLEKEGINLITVGNHDMHYK NTLTPNASTEVLGKYKHITVIEK PVTMDFDGTLIDLCPWMCEEN TSEIMKHIKESSAEYCIGHWELN GFYFYKGMKSHGLEPDFLKKY KQVWSGHFHTISSAANVKYIGT PWTLTAGDENDPRGFWVQDTE LSTFDFVPNEITWHRKLIYPVTG QVDFEEFRNLAVRIIITAVDEDL PKFESELEKVVHELRTVSKVDN SVSESEDGEEVEVKSLLDLMEEY IQALEDLSADDIKALKVMSKQLY IEAQNQ	340	gp47 субъединицы рекомбинантной эндонуклеазы [фаг Enterobacteria RB32]	YP_803000.1	6e-144 (237/337)	Субъединица рекомбинантной эндонуклеазы	Субъединица эндонуклеазы	PHA02546	2,02e-136

ФИГУРА 12FF

206

207

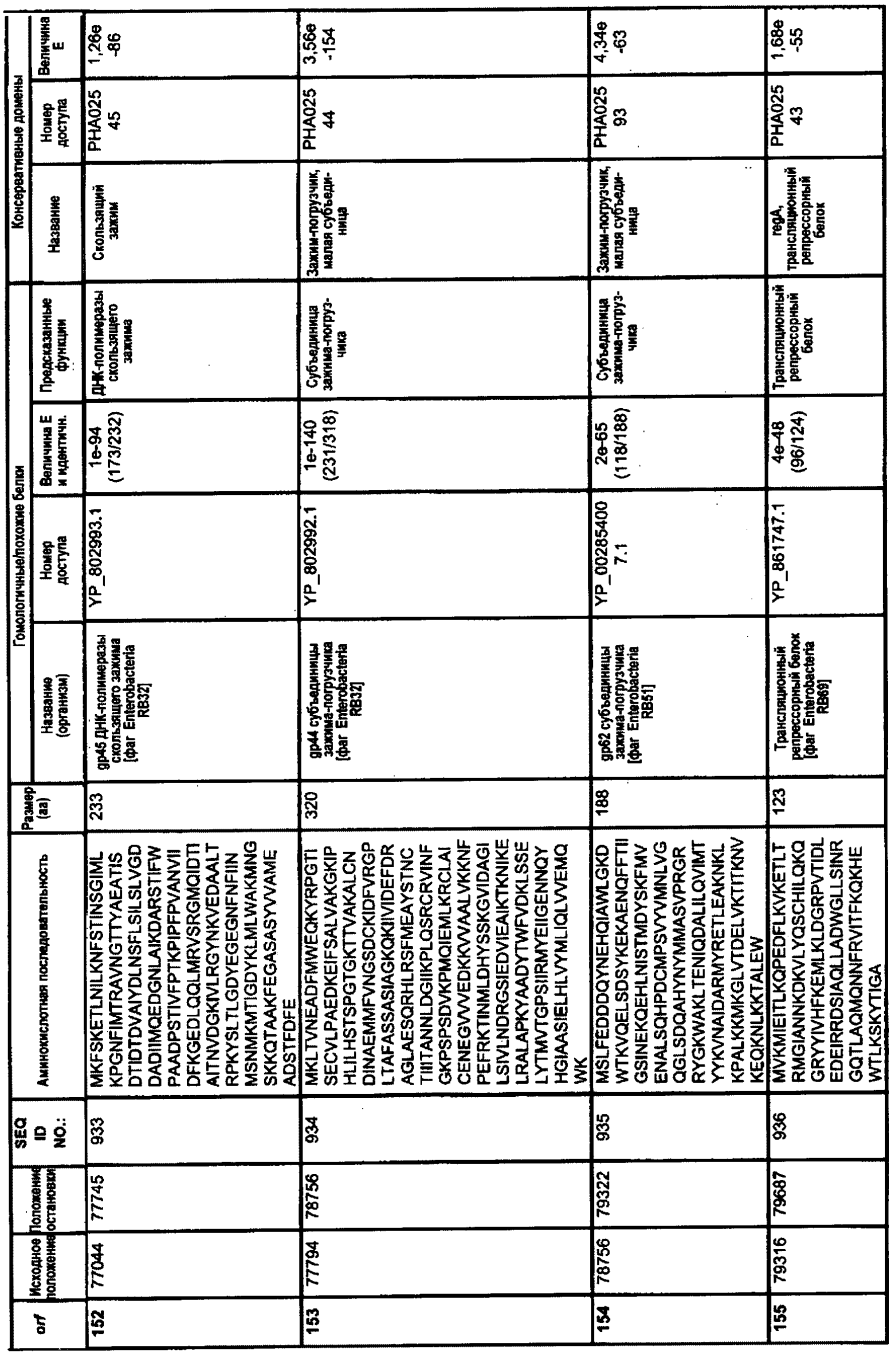


orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.:	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
149	74747	76429	930	VKTFKLNRVKYKNIMSVGQAAI DIQLDKCQKTLITGKNGGGKST MLEATFALFGKPFRDIKKGQLI NSFNKKDSVVELWMEYDGHSF YIKRGQKPNVFEILRDGNKLDE AASSKDFQSYFESLIGMSYTSF KQIVVLGTAGYTPFMGLSTANR RKLVEDLLEVSLLADMDKLNKT QIREINQQIQVNDVQREALTNEI KTHHEYAEKQKKLSGDNVARL QAMYDEQVNEARGYKAELETL QRELLELVIGDDPAESIQEVQG KTFKIRSKIESYSKVLGLYDKGG HCPTCLQDLHSNDTLITKINHHV EECNTILGELKTRQSELDELAR EYNTVRARARDIKTQMGSLKQ MTITAVEKARRIKAAIDKASQEFI DNSDKIKLLQEELDKIILVKTNLV MEKYRRGILTEMLKDSGIKGAII KKYIPMFNKQINSYLKIMEADYS FTLNEEFSETIKSRGREEFSYAS FSQGEKARIDIALLFTWRDIAEK VSGVKINCLFLDEVYDSATDAE GVKAITAILNKMVDANVFIISHRD HDPQAYGQHLQMKKVGRFTV ME	560	gp46 суб-единицы рекомбинантной эндонуклеазы [phar Enterobacteria RB14]	YP_00285439 0.1	0.0 (382/563)	Суб-единица рекомбинантной эндонуклеазы	Суб-единица эндонуклеазы	PHA025 62	0.0
150	76426	76620	931	MNEFTTGQHLLAFPELKRYVLV NLFSDERHLVTEEMLRDAFTGN EYNRVMSNRNPGWMVEDYYD	64	Гипотетический белок gp45.2 [phar Enterobacteria RB51]	YP_00285401 1.1	3e-17 (41/64)				
151	76631	77008	932	MINFVDVKDIQVKNVRADSNPN NQNRIRKSWVLALTEETKQAIK DKIKDSEARFAFYKSIDDEVAEK WIELMRKHYNESIKAGAKIVTDR HGGERLENDYCVDADEQLVAA GQIVAEELTATFAA	125	Связывание РНК-полимеразы [phar Enterobacteria RB32]	YP_802994.1	5e-35 (71/123)	Связывание РНК-полимеразы	phar_Rpb A	pfam10 789	1.19e -28

ФИГУРА 12SG

207

208

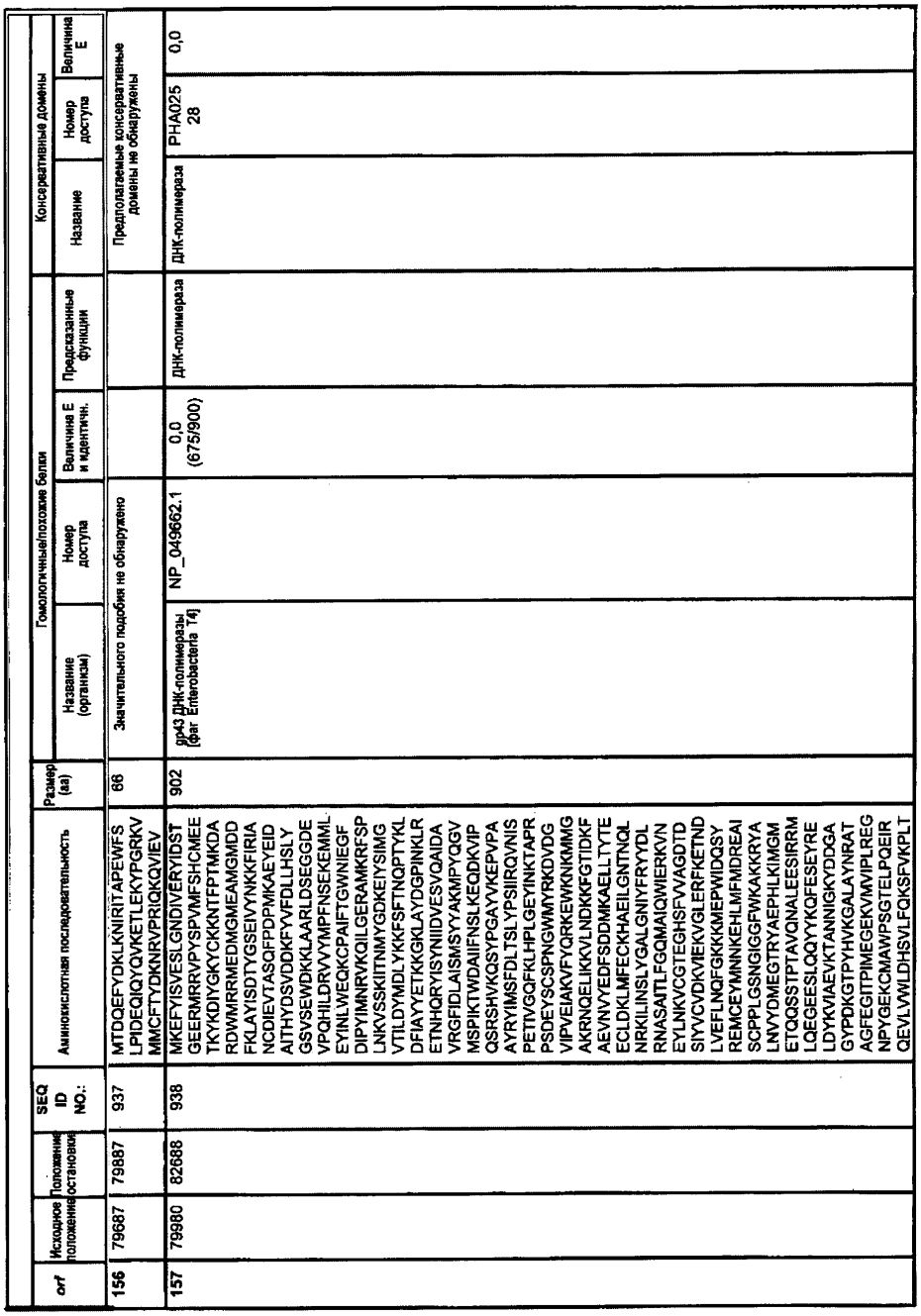


orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.:	Аминокислотная последовательность	Размер (аа)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
152	77044	77745	933	MKFSKETLNILKNFSTINSGIML KPGNFIMTRAVNGTTYAEATIS DTIDTDVAIYDLNSFLSILSLVGD DADIIMQEDGNLAIKDARSTIFW PAADPSTIVFPTKPIPFPVANVII DFKGEDLQQLMRVSRGMQIDTI AITNVDGKIVLRGYNKVEDAALT RPKYSLTLGDYEGEGNFNFIIN MSNMKMTIGDYKLMLWAKMNG SKKQTAAKFEGASASYVVAME ADSTFDFE	233	gp45 ДНК-полимеразы скользящего зажима [phr Enterobacteria RB32]	YP_802983.1	1e-94 (173/232)	ДНК-полимеразы скользящего зажима	Скользящий зажим	PHA025 45	1,26e -86
153	77794	78756	934	MKLTVNEADFMWEQKYRPGTI SECVLPAEDKEIFSALVAKGKIP HLILHSTSPGTGKTTVAKALCN DINAEMMFVNGSDCKIDFVRGP LTAFASSASIAGKQKIIVIDEFDR AGLAESQRHLRSFMEAYSTNC TIIITANNLDGIIKPLQSRCRVINF GKPSPSDVKPMQIEMLKRCLAI CENEGVVVEDKKVVAALVKKNF PEFRKTINMLDHYSSKGVIDAGI LSIVLNDRGSIEDVIEAIKTKNIKE LRALAPKYAADYTWFVDKLSSE LYTIMVTGPSIIRMYEIIGENNQY HGIAASIELHLVYMLIQLVVEMQ WK	320	gp44 суб-единицы зажима-погрузчика [phr Enterobacteria RB32]	YP_802992.1	1e-140 (231/318)	Суб-единица зажима-погруз-чика	Зажим-погрузчик, малая суб-едини-ница	PHA025 44	3,56e -154
154	78756	79322	935	MSLFEDDDQYNEHQIAWLGKD WTKVQELSDSYKEKAENQFFTII GSINEKQEHLNISTMDYSKFMV ENALSQHPDCMPSVYVMNLVG QGLSDQAHYNYMMASVPRGR RYGKWAKLTENIQDALILQVIMT YYKVNAIDARMYRETLEAKNKL KPALKKMKGLVTDELVKTITKNV KEQKNLKKTALEW	188	gp62 суб-единицы зажима-погрузчика [phr Enterobacteria RB51]	YP_00285400 7.1	2e-65 (118/188)	Суб-единица зажима-погруз-чика	Зажим-погрузчик, малая суб-едини-ница	PHA025 93	4,34e -63
155	79316	79687	936	MVKMIEITLKQPEDFLKVKETLT RMGIANNKDKVLYQSCHILQKQ GRYYIVHFKEMLKLDGRPVTIDL EDEIRRDSIAQLLADWGLLSINR GQTLAQMQNNFRVITFKQKHE WTLKSKYTIGA	123	Транспозиционный репрессорный белок [phr Enterobacteria RB69]	YP_861747.1	4e-48 (96/124)	Транспозиционный репрессорный белок	repA, транспозиционный репрессорный белок	PHA025 43	1,68e -55

ФИГУРА 2НН

208

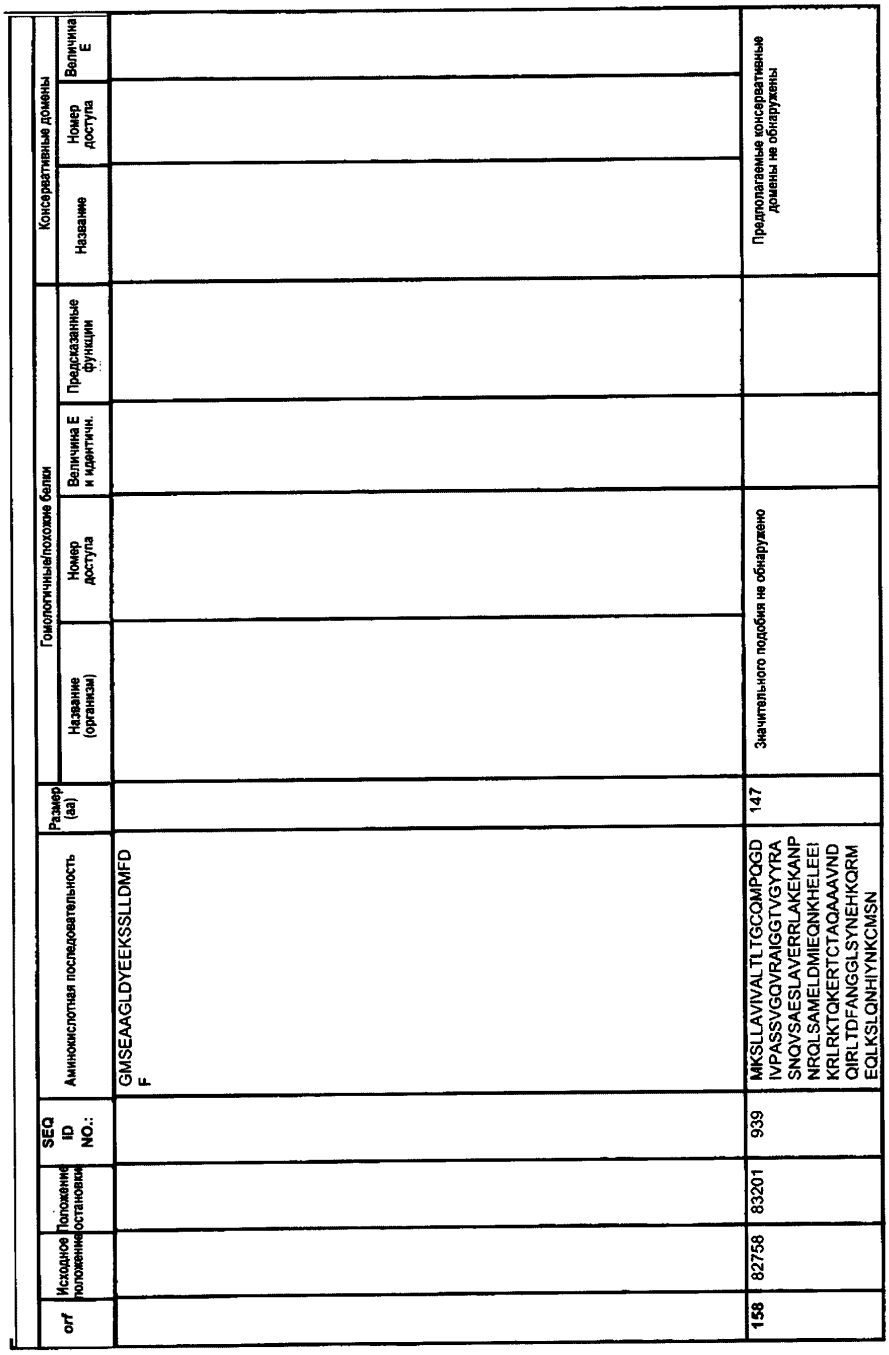
209



orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.:	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
156	79687	79887	937	MTDQEFYDKLKNIRITAPEWFS LPIDEQIQYQVKETLEKYPGRKV MMCFTYDKNRVPRIQKQVIEV	66	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
157	79980	82688	938	MKEFYISVESLGNDIVERYIDST GEERMRRVPYSPVMFSHCMEE TKYKDIYGKYCKKNTFPTMKDA RDWMRRMEDMGMEAMGMDD FKLAYISDTYGSEIVYNKKFIRIA NCDIEVTASQFPDPMKAEYEID AITHYDSVDDKFYVFDLLHSLY GSVSEWDKKLAARLDSEGGDE VPQHILDRVVYMPFNSEKEMML EYINLWEQKCPAIFTGWNIEGF DIPYIMNRVKQILGERAMKRFSP LNKVSSKIITNMYGDKEIYSIMG VTILDYMDLYKKFSFTNQPTYKL DFIAYYETKKGKLAYDGPINKLR ETNHQRYISYNIDVESVQAIDA VRGFIDLAISMSYYAKMPYQGV MSPIKTWDAIIFNSLKEQDKVIP QSRSHVKQSYPGAYVKEPVPA AYRYIMSFDLTSLYPSIIRQVNIS PETIVGQFKLHPLGEYINKTAPR PSDEYSCSPNGWMYRKDVDG VIPVEIAKVFYQRKEWKNKMMG AKRNQELIKKVLNDKKFGTIDKF AEVNVYEDFSDDMKAELLTYTE ECLDKLMFECKHAEILGNTNQL NRKLINSLYGALGNIYFRYYDL RNASAITLFGQMAIQWIERKVN EYLNKVCGTEGHSFVVAGDTD SIYVCVDKVIEKVGLERFKETND LVEFLNQFGKKKMEPWIDQSY REMCEYMNNKEHLMFMDREAI SCPPLGSNGIGGFWKAKKRYA LNVYDMEGTRYAEPHLKIMGM ETQQSSTPTAVQNALEESIRRM LQEGEESLQQYYKQFESEYRE LDYKVIAEVKTANNIGKYDDGA GYPDKGTPYHVKGALAYNRAT AGFEGITPIMEGEKVMVPSGTELPQEIR NPYGEKCMAWPSGTELPQEIR QEVLVWLDHSVLFQKSFVKPLT	902	gp43 ДНК-полимеразы фаг Enterobacteria T4]	NP_049662.1	0,0 (675/900)	ДНК-полимераза	ДНК-полимераза	PHA025 28	0,0

ФИГУРА 12II

210

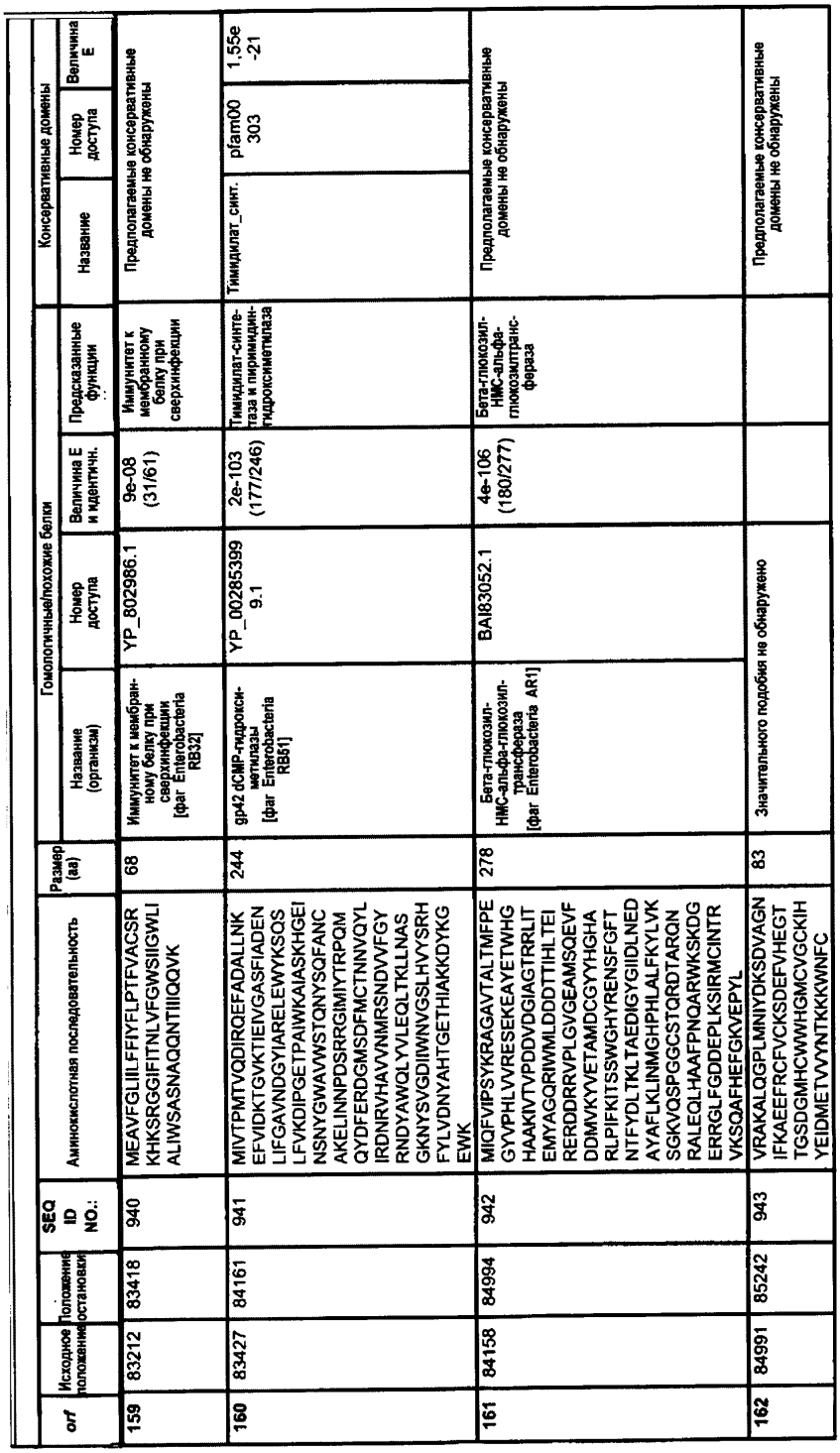


orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.:	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
				GMSEAAGLDYEEKSSLLDMFD F								
158	82758	83201	939	MKSLLAVIVALTLTGCQMPQGD IVPASSVGQVRAIGGTVGYYRA SNQVSAESLAVERRLAKEKANP NRQLSAMELDMEQNKHELEEI KRLRKTQKERTCTAQAAAVND QIRLTDFANGGLSYNEHKQRM EQLKSLQNHIYNKCMSN	147	Значительного подобия не обнаружено			Предполагаемые консервативные домены не обнаружены			

ФИГУРА 12JJ

210

211

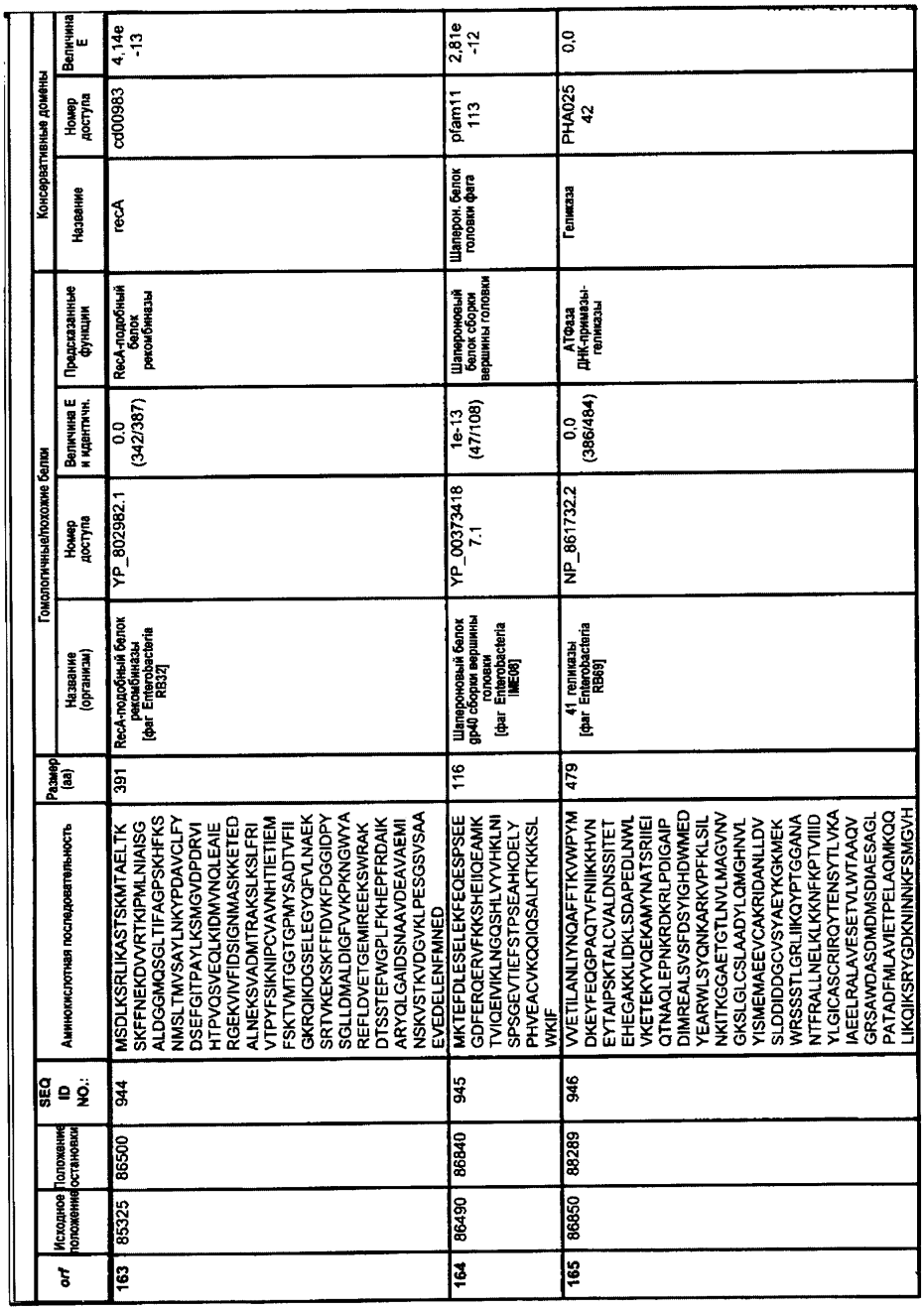


orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.:	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки			Предсказанные функции	Консервативные домены			
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.		Название	Номер доступа	Величина E
159	83212	83418	940	MEAVFGLIILFFIYFLPTFVACSR KHKSRGGIFITNLVFGWSIIGWLI ALIWSASNAQQNTIIIQQVK	68	Иммунитет к мембранному белку при сверхинфекции [фаг Enterobacteria RB32]	YP_802986.1	9e-08 (31/61)	Иммунитет к мембранному белку при сверхинфекции	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
160	83427	84161	941	MIVTPMTVQDIRQEFADALLNK EFVIDKTGVKTIEIVGASFIADEN LIFGAVNDGYIARELEWYKSQS LFVKDIPGETPAIWKAIASKHGEI NSNYGWAVWSTQNYSQFANC AKELINNPDSRRGIMIYTRPQM QYDFERDGMSDFMCTNNVQYL IRDNRVHAVVNMRSNDVVFGY RNDYAWQLYVLEQLTKLLNAS GKNYSVGDIIWNVGSLHVYSRH FYLVDNYAHTGETHIAKKDYKG EWK	244	gp42 dCMP-гидроксиметилазы [фаг Enterobacteria RB61]	YP_002853999.1	2e-103 (177/246)	Тимидилат-синтетаза и пиримидингидроксиметилаза	Тимидилат_синт.	pfam00303	1.55e-21
161	84158	84994	942	MIQFVIPSYKRAGAVTALTMFPE GYVPHLVVRESEKEAYETWHG HAAKIVTPDDVDGIAGTRRLIT EMYAGQRIWMLDDDTTIHLTEI RERDDRRVPLGVGEAMSQEVF DDMVKYVETAMDCGYYHGHA RLPIFKITSSWGHYRENSFGFT NTFYDLTKLTAEDIGYGIIDLNED AYAFLKLINMGHPHLALFKYLVK SGKVQSPGGGCSTQRDTARQN RALEQLHAAFPNQARWKSKDG ERRGLFGDDEPLKSIRMCINTR VKSQAFHEFGKVEPYL	278	Бета-глюкозил-НМС-альфа-глюкозил-трансфераза [фаг Enterobacteria AR1]	BAI83052.1	4e-106 (180/277)	Бета-глюкозил-НМС-альфа-глюкозилтрансфераза	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
162	84991	85242	943	VRAKALQGPLMNIYDKSDVAGN IFKAEEFRCFVCKSDEFVHEGT TGSDGMHCWWHGMCVGCKIH YEIDMETVVYNTKKKWNFC	83	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

ФИГУРА 12КК

211

212

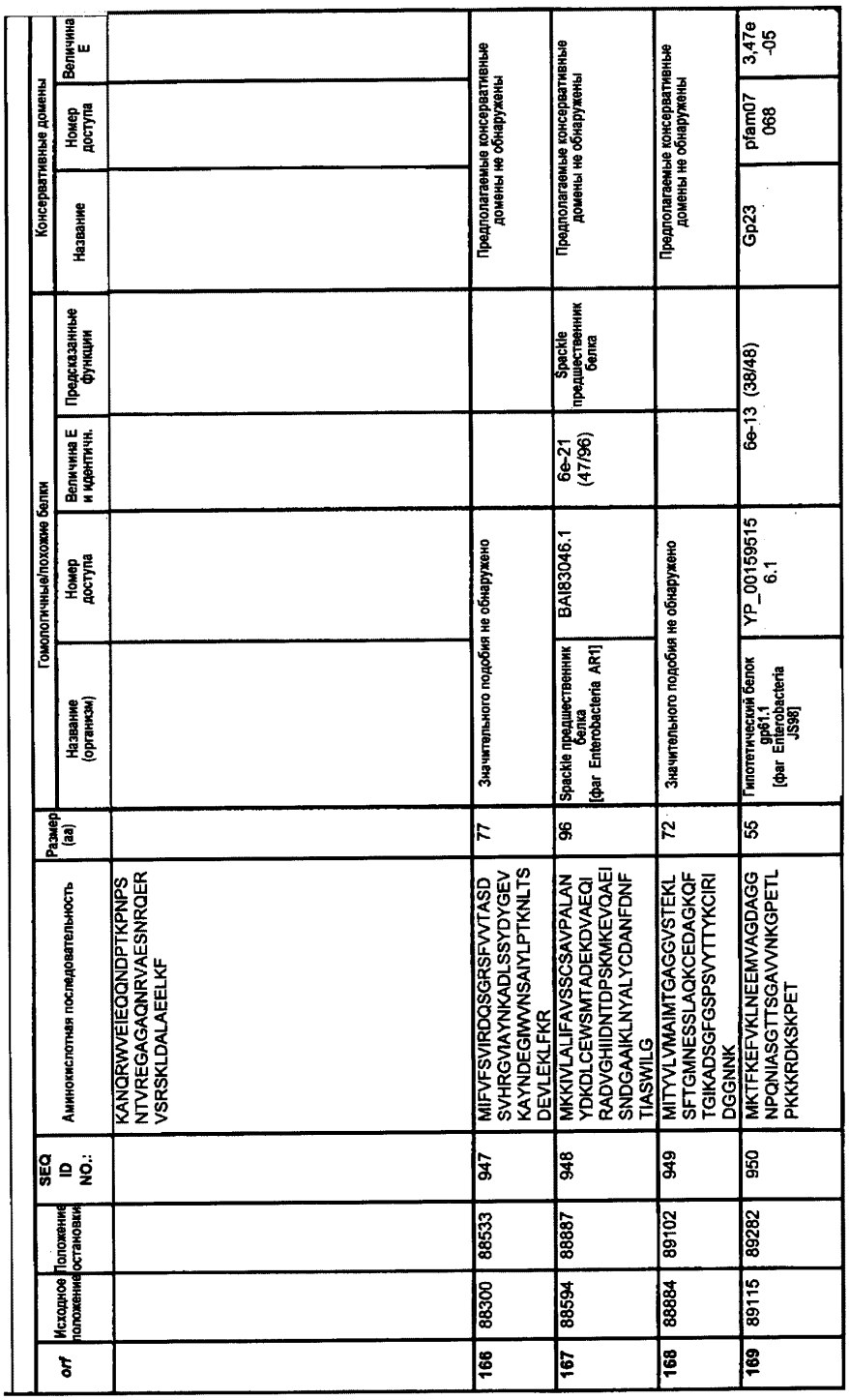


orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.:	Аминокислотная последовательность	Размер (аа)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены			
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
163	85325	86500	944	MSDLKSRLIKASTSKMTAELTK SKFFNEKDVVRTKIPMLNIAISG ALDGGMQSGLTIFAGPSKHFKS NMSLTMVSAYLNKYPDAVCLFY DSEFGITPAYLKSMGVDPDRVI HTPVQSVEQLKIDMVNQLEAIE RGEKVIVFIDSIGNMASKKETED ALNEKSVADMTRAKSLKSLFRI VTPYFSIKNIPCVAVNHTIETIEM FSKTVMTGGTGPMYSADTVFII GKRQIKDGSELEGYQFVLNAEK SRTVKEKSKFFIDVKFDGGIDPY SGLLDMALDIGFVVKPKNGWYA REFLDVETGEMIREEKSWRAK DTSSTEFWGPLFKHEPFRDAIK ARYQLGAIDSNAAVDEAVAEMI NSKVSTKVDGVKLPESGSVSAA EVEDELENFMNED	391	RecA-подобный белок рекомбиназы [фаг Enterobacteria RB32]	YP_802982.1	0,0 (342/387)	RecA-подобный белок рекомбиназы	recA	cd00983	4,14e-13
164	86490	86840	945	MKTEFDLESELEKFEQESPSEE GDFERQERVFKKKSHEIIQEAMK TVIQEIVIKLNGQSHLVYVHKLNI SPSGEVTIEFSTPSEAHKDELY PHVEACVKQQIQSALKTKKKSL WKIF	116	Шапероновый белок gp40 сборки вершины головки [фаг Enterobacteria IME08]	YP_00373418 7.1	1e-13 (47/108)	Шапероновый белок сборки вершины головки	Шаперон. белок головки фага	pfam11 113	2,81e-12
165	86850	88289	946	VVETILANLIYNQAFFTKVWPYM DKEYFEQGPAQTVFNIIKKHVN EYTAIPSKTALCVALDNSSITET EHEGAKKLIDKLSDAPEDLNWL VKETEKYVQEKAMYNATSRIIEI QTNAQLEPNKRDKRLPDIGAIP DIMREALSVSFDSYIGHDWMED YEARWLSYQNKARKVPFKLSIL NKITKGGAETGTLNVLMAGVNV GKSLGLCSLAADYLQMGHNVL YISMEMAEEVCAKRIDANLLDV SLDDIDGCVSYAEYKGKMEK WRSSSTLGRLIIKQYPTGGANA NTFRALLNELKLKKNFKPTVIIID YLGICASCRIRQYTENSYTLVKA IAEELRALAVESETVLWTAAQV GRSAWDASDMDMSDIAESAGL PATADFMLAVIETPELAQMKQQ LIKQIKSRYGDKNINNIKFSMGVH	479	41 геликазы [фаг Enterobacteria RB69]	NP_861732.2	0,0 (386/484)	АТФаза ДНК-примазы-геликазы	Геликаза	PHA025 42	0,0

ФИГУРА 12LL

212

213

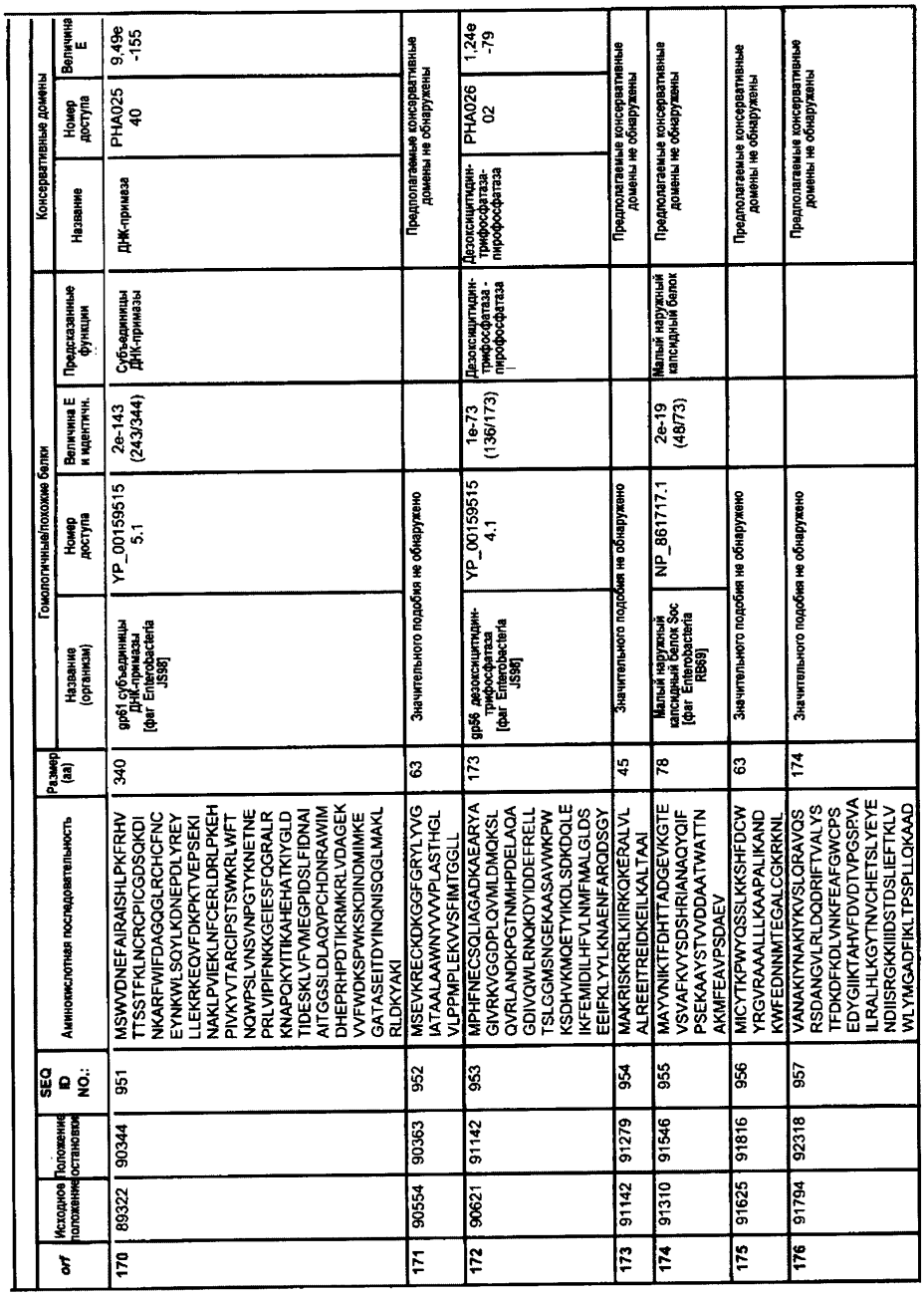


orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.:	Аминокислотная последовательность	Размер (аа)	Гомологичные/похожие белки			Предсказанные функции	Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.		Название	Номер доступа	Величина E
				KANQRWVEIEQQNDPTKPNPS NTVREGAGAQNRVAESNRQER VSRSKLDALAEELKF								
166	88300	88533	947	MIFVFSVIRDQSGRSFVVTASD SVHRGVIAYNKADLSSYDYGEV KAYNDEGIWVNSAIYLPTKNLTS DEVLEKLFKR	77	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
167	88594	88887	948	MKKIVLALIFAVSSCSAVPALAN YDKDLCEWSMTADEKDVAEQI RADVGHIIDNTDPSKMKEVQAEI SNDGAAIKLNYALYCDANFDNF TIASWILG	96	Spackle предшественник белка [фаг Enterobacteria AR1]	BAI83046.1	6e-21 (47/96)	Spackle предшественник белка	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
168	88884	89102	949	MITYVLVMAIMTGAGGVSTEKL SFTGMNESSLAQKCEDAGKQF TGIKADSGFGSPSVYTTYKCIRI DGGNNK	72	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
169	89115	89282	950	MKTFKEFVKLNEEMVAGDAGG NPQNIASGTTSGAVVNKGPETL PKKKRDKSKPET	55	Гипотетический белок gp61.1 [фаг Enterobacteria JS98]	YP_00159515 6.1	6e-13 (38/48)		Gp23	pfam07 068	3,47e -05

ФИГУРА 12ММ

213

214

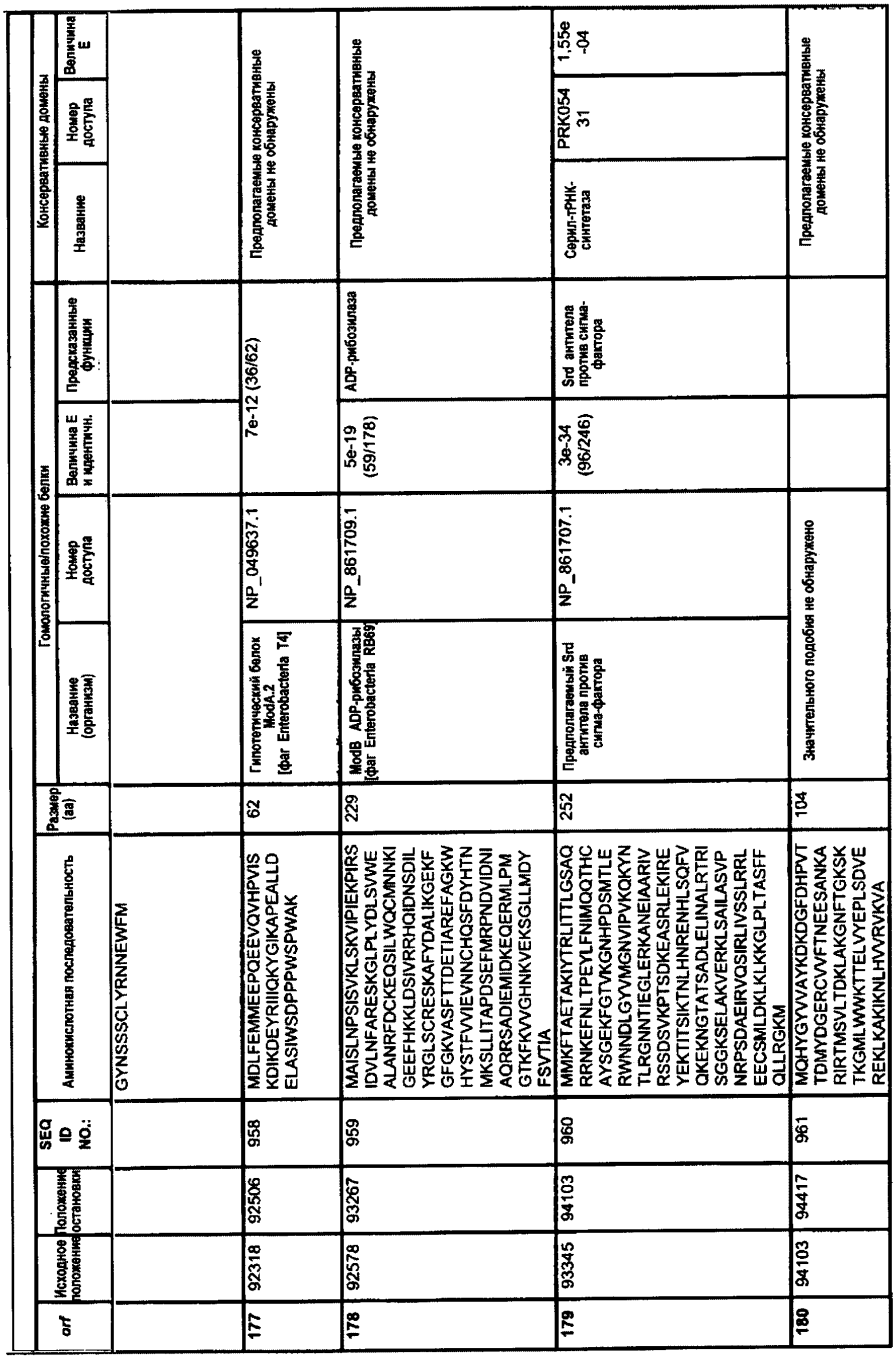


orf	Исходное положение	положение остановки	SEQ ID NO.:	Аминокислотная последовательность	Размер (аа)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
170	89322	90344	951	MSWVDNEFAIRAISHLPKFRHV TTSSTFKLNCRCPICGDSQKDI NKARFWIFDAGQGLRCHCFNC EYNKWLSQYLKDNEPDLYREY LLEKRKEQVFDKPKTVEPSEKI NAKLPVIEKLNFCERLDRLPKEH PIVKYVTARCIPSTSWKRLWFT NQWPSLVNSVNPGTYKNETNE PRLVIPIFNKKGEIESFQGRALR KNAPQKYITIKAHEHATKIYGLD TIDESKLVFVMEGPIDSLFIDNAI AITGGSLDLAQVPCHDNRAWIM DHEPRHPDTIKRMKKRLVDAGEK VVFWDKSPWKSKDINDMIMKE GATASEITDYINQNISQGLMAKL RLDKYAKI	340	gp61 субъединицы ДНК-примазы [phage Enterobacteria JS98]	YP_00159515 5.1	2e-143 (243/344)	Субъединицы ДНК-примазы	ДНК-примаза	PHA025 40	9.49e -155
171	90554	90363	952	MSEVKRECKDKGGFGRYLYVG IATAALAAWNYVVVPLASTHGL VLPPMPLEKVVSFIMTGGLL	63	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
172	90621	91142	953	MPHFNECSQLIAGADKAEARYA GIVRKVGGDPLQVMLDMQIKSL QVRLANDKPGTNMHPDELAQA GDIVQWLRNQKDYIDDEFRELL TSLGGMSNGEKAASAVWKPW KSDHVKMQETYIKDLSDKDQLE IKFEMIDILHFVLNMFMALGLDS EEIFKLYLKNAENFARQIDSGY	173	gp56 дезоксицитидин-трифосфатаза [phage Enterobacteria JS98]	YP_00159515 4.1	1e-73 (136/173)	Дезоксицитидин-трифосфатаза - пирофосфатаза	Дезоксицитидин-трифосфатаза-пирофосфатаза	PHA026 02	1.24e -79
173	91142	91279	954	MAKRISKRRLKIIRKQKERALYL ALREEITREIDKEILKALTAAI	45	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
174	91310	91546	955	MAYVNIKTFDHTTADGEVKGTE VSVAFKVYSDSHRIANAQYQIF PSEKAAYSTVVDDAATWATTN AKMFEAVPSDAEV	78	Малый наружный капсидный белок Soc [phage Enterobacteria RB69]	NP_861717.1	2e-19 (48/73)	Малый наружный капсидный белок	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
175	91625	91816	956	MICYTKPWYQSSLKKSHFDCW YRGVRAAALLKAAPALIKAND KWFEDNNMTEGALCGKRKNL	63	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
176	91794	92318	957	VANAKIYNAKIYKVSLQRAVQS RSDANGVLRLDQDRIFTVALYS TFDKDFKDLVNKFEAFGWCPS EDYGIIKTAHVFDVDTVPGSRVA ILRALHLKGYTNVCHETSLYEYE NDIISRGKKIIIDSTDSLIEFTKLV WLYMGADFIKLTPSPLLQKAAD	174	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

ФИГУРА 12NN

214

215

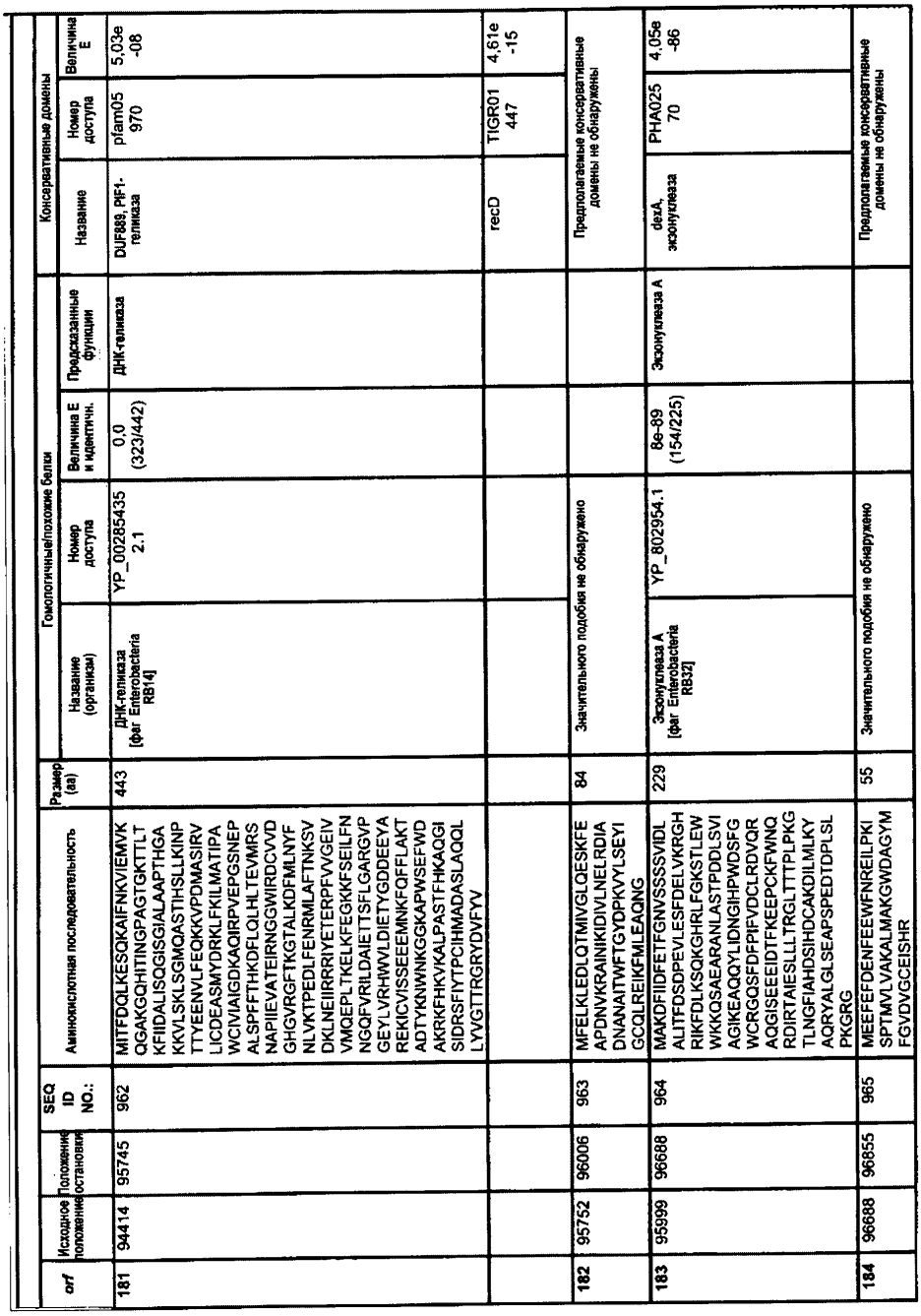


orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.:	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
				GYNSSSCLYRNNEWFM								
177	92318	92506	958	MDLFEMMEEPQEEVQVHPVIS KDIKDEYRIIIQKYGIKAPEALLD ELASIWSDPPPWSPWAK	62	Гипотетический белок ModA.2 [фаг Enterobacteria T4]	NP_049637.1	7e-12 (36/62)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
178	92578	93267	959	MAISLNPSISVKLSKVIPIEKPIRS IDVLNFARESKGLPLYDLSVWE ALANRFDCKEQSILWQCMNNKI GEEFHKKLDSIVRRHQIDNSDIL YRGLSCRESKAFYDALIKGEKF GFGKVASFTTDETIAREFAGKW HYSTFVVIEVNNCHQSFDYHTN MKSLLITAPDSEFMRPNDVIDNI AQRRSADIEMIDKEQERMLPM GTKFKVVGHNKVEKSGLLMDY FSVTIA	229	ModB ADP-рибозилазы [фаг Enterobacteria RB69]	NP_861709.1	5e-19 (59/178)	ADP-рибозилаза	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
179	93345	94103	960	MMKFTAETAKIYTRLITTLGSAQ RRNKEFNLTPEYLFNIMQQTHC AYSGEKFGTVKGNHPDSMTLE RWNNDLGYVMGNVIPVKQKYN TLRGNNTIEGLERKANEIAARIV RSSDSVKPTSDKEASRLEKIRE YEKTITSIKTNLHNRENHLSQFV QKEKNGTATSADLELINALRTRI SGGKSELAKVERKLSAILASVP NRPSDAEIRVQSIRLIVSSLRRL EECSMLDKLKLKKGLPLTASFF QLLRGKM	252	Предполагаемый Srd антитела против сигма-фактора	NP_861707.1	3e-34 (96/246)	Srd антитела против сигма-фактора	Серил-тРНК-синтетаза	PRK054 31	1.55e -04
180	94103	94417	961	MQHYGYVVAYKDKDGFDHPVT TDMYDGERCVVFTNEESANKA RIRTMSVLTDKLAKGNFTGKSK TKGMLWWKTTELVYEPLSDVE REKLKAKIKNLHVVRVKVA	104	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

ФИГУРА 1200

215

216

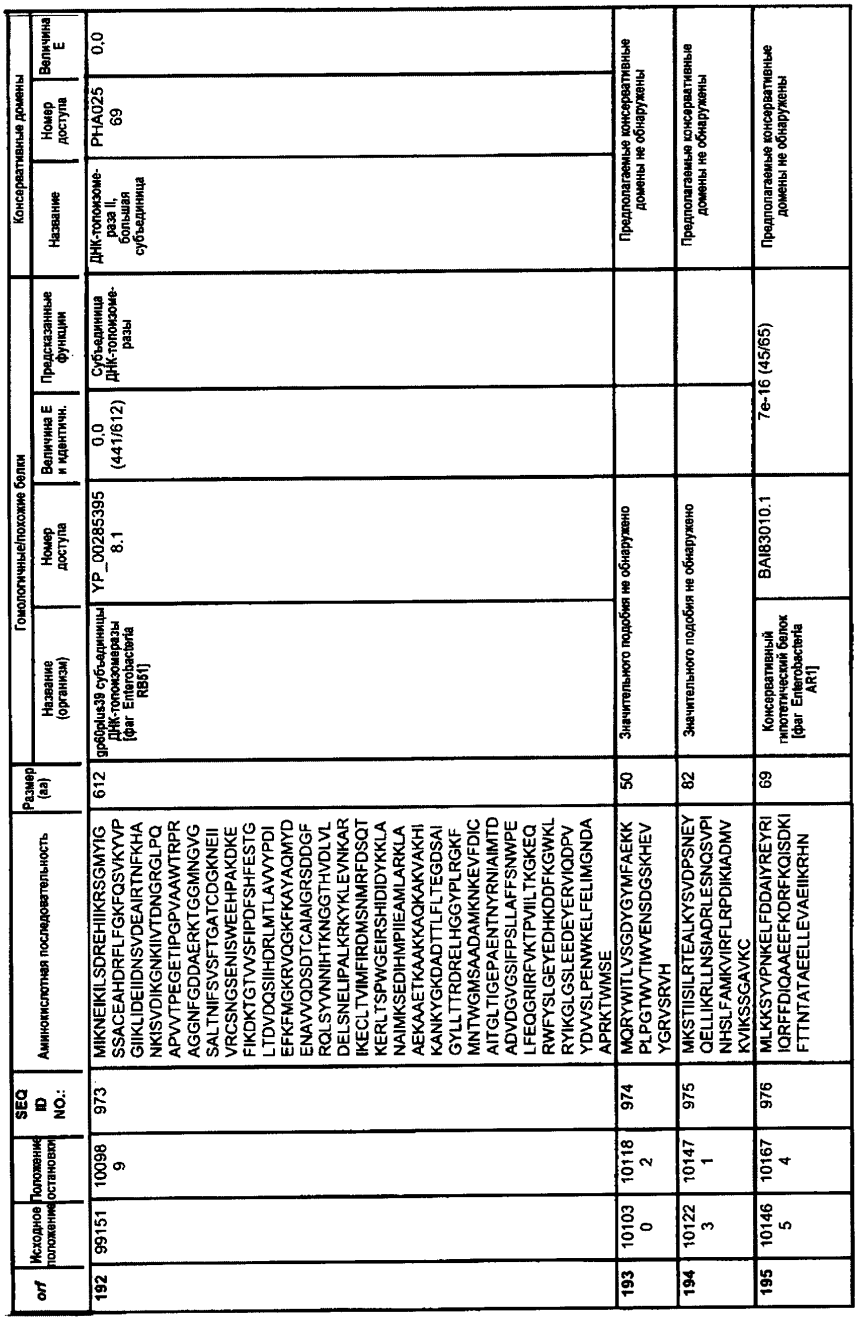


orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.:	Аминокислотная последовательность	Размер (аа)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены			
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
181	94414	95745	962	MITFDQLKESQKAIFNKVIEMVK QGAKGQHITINGPAGTGKTTLT KFIIDALISQGISGIALAAPTHGA KKVLSKLSGMQASTIHSLLKINP TTYEENVLFEQKKVPDIMASIRV LICDEASMYDRKLFKILMATIPA WCIVIAIGDKAQIRPVEPGSNEP ALSPFFTHKDFLQLHLTEVMRS NAPIIEVATEIRNGGWIRDCVVD GHGVRGFTKGTALKDFMLNYF NLVKTPEDLFENRMLAFTNKSV DKLNEIIRRRIYETERPFVVGEIV VMQEPLTKELKFEGKKFSEILFN NGQFVRILDAIETTSFLGARGVP GEYLVRHWVLDIETYGDDEEYA REKICVISSEEEMNKFQFFLAKT ADTYKNWNKGGKAPWSEFWD AKRKFHKVKALPASTFHKAQGI SIDRSFIYTPCIHMADASLAQQL LYVGTTRGRYDVFYV	443	ДНК-геликаза [фаг Enterobacteria RB14]	YP_00285435 2.1	0,0 (323/442)	ДНК-геликаза	DUF889, PIF1-геликаза	pfam05970	5.03e-08
182	95752	96006	963	MFELKLEDLQTMIVGLQESKFE APDNVKRAINIKIDIVLNELRDIA DNANAITWFTGYDPKVYLSEYI GCQLREIKFMLEAQNG	84	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены			4.61e-15
183	95999	96688	964	MAKDFIIDFETFGNVSSSSVIDL ALITFDSDPEVLESFDELVKRGH RIKFDLKSQKGHRLFGKSTLEW WKKQSAEARANLASTPDDLSVI AGIKEAQQYLIDNGIHPWDSFG WCRGQSFDFPIFVDCLRDVQR AQGISEEEIDTFKEEPCKFWNQ RDIRTAIESLLLTRGLTTTPLPKG TLNGFIAHDSIHDCAKDILMLKY AQRYALGLSEAPSPEDTDPLSL PKGRG	229	Экзонуклеаза A [фаг Enterobacteria RB32]	YP_802954.1	8e-89 (154/225)	Экзонуклеаза A	dexA, экзонуклеаза	PHA02570	4.05e-86
184	96688	96855	965	MEEFEFDENFEEWFNREILPKI SPTMVLVAKALMAKGWDAGYM FGVDVGCEISHR	55	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены			

ФИГУРА 12PP

orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.:	Аминокислотная последовательность	Размер (аа)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
185	96916	97359	966	MMKNLVVGENVKVIGGKHIGKE GVIVGIFNRSNKMSSYLLQLEN EDKAVYSLQKFVVALESRDLLD SMFNESYLRKWVHVNSLDNVIT QSVSSTNSATNLSLHKNVLVTD EWEEDGKTLVNVVFQGNYAVL PKADVEPTESQRQGLV	147	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
186	97424	97639	967	MKTENTVKITAEAFEDILFNPDLI VVQKEKTFGKEEHWTWLYVFA NHGDIVPVRTFARVITVDGPEY MEIV	71	Cef модификатор супрессорных тРНК [фаг Enterobacteria JS10]	YP_00292235 6.1	3e-07 (32/64)	Cef модификатор супрессорных тРНК	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
187	97639	98004	968	MNFKEGVQYKFVNDEAEEEFS SRYEVNEDFVYELYENGGSFTV TKVDRQNNRVSGIMIWANGTEC DEVGGEDLVIFDSEFKYFTEVG TSANVIPTDLVMNLSIHNRGQAI AAIAALQSAYQC	121	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
188	97998	98333	969	MLNLAPIFEASKLSYPIPNRSIG NVMLQLSSETGEMCDWINRPW RQKEEFEGECADVINCVVDAL WLHFRNRHKNDTHVSDDEISM MVTRALNEQIMVKTQKWKDAV NANV	111	Гипотетический белок 44RRORF011c [фаг Aeromonas 44RR2.81]	NP_932366.1	3e-10 (37/102)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
189	98320	98496	970	MPMYDYKCEVCGKKIEIMRKIS HRDYTVNCFNPKCEGQMKRVV SAPAVHYDGLKSGDY	58	Значительного подобия не обнаружено				CxxC_CxxC_SSSS	TIGR02605	5,16e-07
190	98582	98830	971	MKKILITALAFMMIGCTDADNAT RVLENAGFTEVDITGYKFFSCS EDDFQHTGFKAVGPTGKTVKG TVCSGIFLKNSTIRFE	82	Гипотетический белок T4Tp006 [фаг Enterobacteria T4T]	ADJ39724.1	8e-26 (52/81)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
191	98913	99110	972	MKYIILTLALVISIGVLVSLADST ESSNEVQKSSIGIGVNGQVGVK ISDNLCVNPSTGAAEVCF	65	Значительного подобия не обнаружено						

ФИГУРА 12QQ

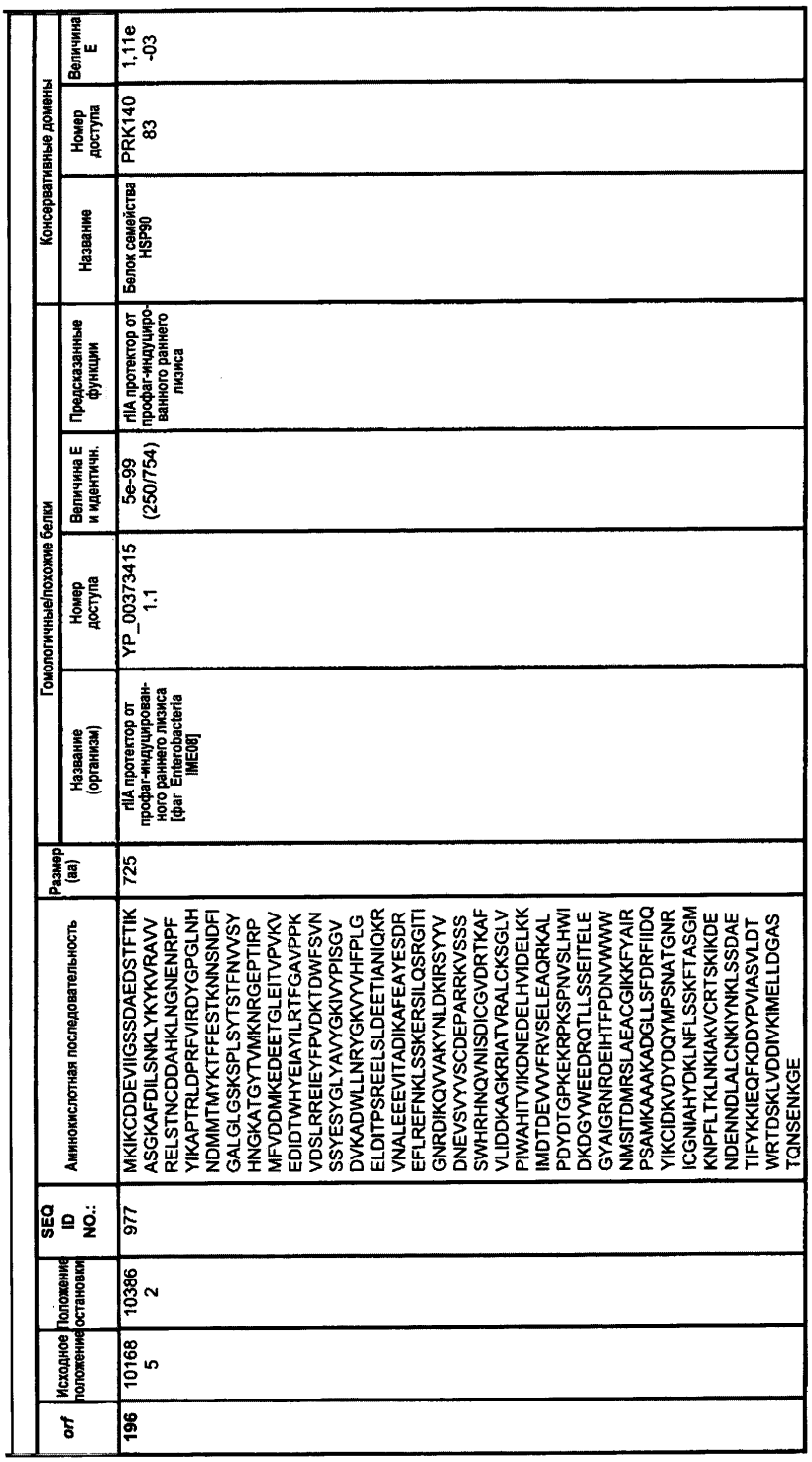


orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.:	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены			
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
192	99151	100989	973	MIKNEIKILSDREHIIKRSGMYIG SSACEAHDRFLFGKFQSVKYVP GIIKLIDEIIDNSVDEAIRTNFKHA NKISVDIKGNKIIVTDNGRGLPQ APVVTPEGETIPGPVAAWTRPR AGGNFGDDAERKTGGMNGVG SALTNIFSVSFTGATCDGKNEII VRCSNGSENISWEEHPAKDKE FIKDKTGTVVSFIPDFSHFESTG LTDVDQSIIHDRLMTLAVVYPDI EFKFMGKRVQGKFKAYAQMYD ENAVVQDSDTCAIAIGRSDDGF RQLSYVNNIHTKNGGTHVDLVL DELSNELIPALKRKYKLEVNKAR IKECLTVIMFIRDMSNMRFDSQT KERLTSPWGEIRSHIDIDYKKLA NAIMKSEDIHMPIIEAMLARKLA AEKAAETKAAKKAQKAKVAKHI KANKYGKDADTTLFLTEGDSAI GYLLTTRDRELHGGYPLRGKF MNTWGMSAADAMKNKEVFDIC AITGLTIGEPAENTNYRNIAIMTD ADVDGVGSIFPSLLAFFSNWPE LFEQGRIRFVKTPVILTKGKEQ RWFYSLGEYEDHKDDFKGWKL RYIKGLGSLEEDEYERVIQDPV YDVVSLPENWKELFELIMGNDA APRKTWMSE	612	gp60plus39 субъединицы ДНК-топоизомеразы [par Enterobacteria RB51]	YP_00285395 8.1	0,0 (441/612)	Субъединица ДНК-топоизомеразы	ДНК-топоизомераза II, большая субъединица	PHA025 69	0,0
193	10103 0	10118 2	974	MQRYWITLVSGDYGYMFAEKK PLPGTWVTIWVENSDGSKHEV YGRVSRVH	50	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
194	10122 3	10147 1	975	MKSTIISILRTEALKYSVDPSNEY QELLIKRLLNSIADRLESNQSVPI NHSLFAMKVIRFLRPDIKIADMV KVIKSSGAVKC	82	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
195	10146 5	10167 4	976	MLKKSYVPNKELFDDAIYREYRI IQRFFDIQAAEEFKDRFKQISDKI FTTNTATAEELLEVAEIIKRHN	69	Консервативный гипотетический белок [par Enterobacteria AR1]	BAIB3010.1	7e-16 (45/65)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

ФИГУРА 12RR

218

219

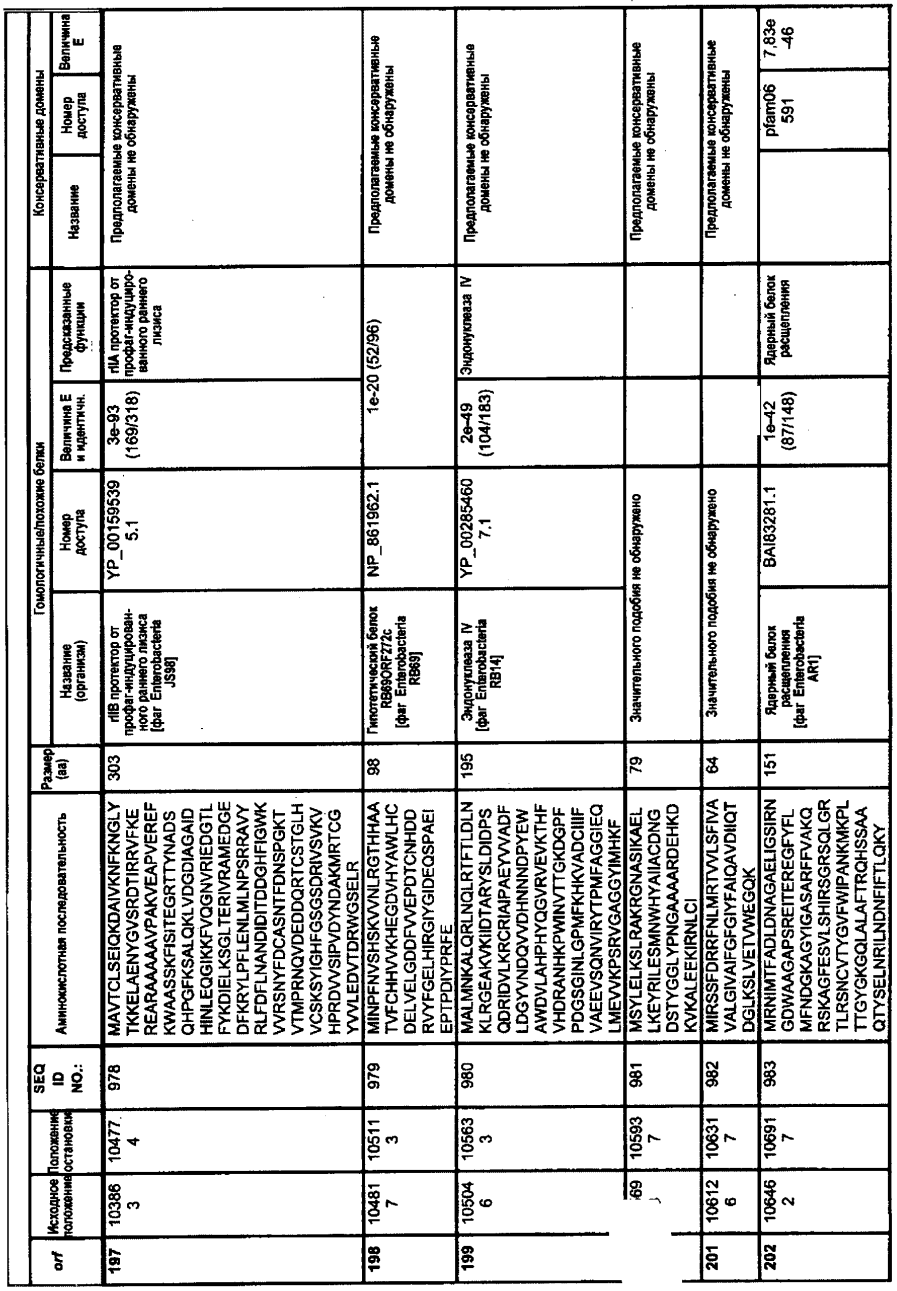


orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.:	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки					Консервативные домены			
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
196	101685	103862	977	MKIKCDDEVIIGSSDAEDSTFTIK ASGKAFDILSNKLYKYKVRAVV RELSTNCDDAHKLNGNENRPF YIKAPTRLDPRFVIRDYGPGLNH NDMMTMYKTFFESTKNNSNDFI GALGLGSKSPLSYTSTFNVVSY HNGKATGYTVMKNRGEPTIRP MFVDDMKEDEETGLEITVPVKV EDIDTWHYEIAYILRTFGAVPPK VDSLRREIEYFPVDKTDWFSVN SSYESYGLYAVYGKIVYPISGV DVKADWLLNRYGKVYVHFPLG ELDITPSREELSLDEETIANIQKR VNALEEEVITADIKAFEAYESDR EFLREFNKLSSKERSILQSRGITI GNRDIKQVVAKYNLDKIRSYYV DNEVSVYVSCDEPARRKVSSS SWHRHNQVNISDICGVDRTKAF VLIDDKAGKRIATVRALCKSGLV PIWAHITVIKDNEDELHVIDELKK IMDTDEVVVFRVSELEAQRKAL PDYDTGPKEKRPKSPNVSLHWI DKDGYWEEDRQTLLSSEITELE GYAIGRNRDEIHTFPDNVWWW NMSITDMRSLAEACGIKKFYAIR PSAMKAAKADGLLSFDRFIIDQ YIKCIDKVDYDQYMPSNATGNR ICGNIAHYDKLNFLSSKFTASGM KNPFLTKLNKIAKVCRTSKIKDE NDENNDLALCNKIYNKLSSDAE TIFYKKIEQFKDDYPVIASVLDT WRTDSKLVDDIVKIMELLDGAS TQNSENKGE	725	rlA протектор от профаг-индуцированного раннего лизиса [phage Enterobacteria IME08]	YP_00373415 1.1	5e-99 (250/754)	rlA протектор от профаг-индуцированного раннего лизиса	Белок семейства HSP90	PRK14083	1,11e-03

ФИГУРА 12SS

219

220

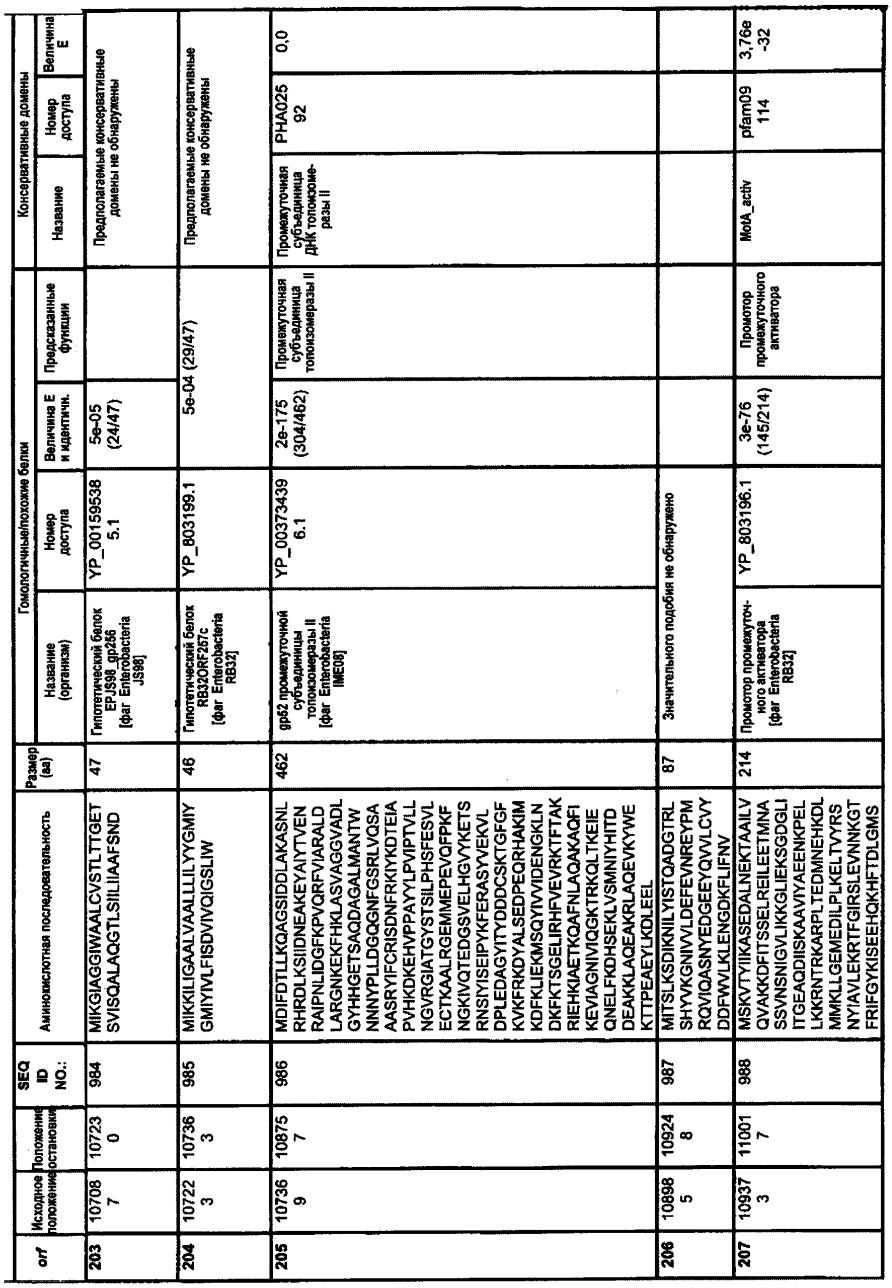


orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.:	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
197	10386 3	10477 4	978	MAVTCLSEIQKDAIVKNFKNGLY TKKELAENYGVSRDTIRRVFKE REARAAAAVPAKVEAPVEREF KWAASSKFISITEGRTTYNADS QHPGFKSALQKLVDGDIAGAID HINLEQGIKKFVQGNVRIEDGTL FYKDIELKSGLTERIVRAMEDGE DFKRYLPFLENLMLNPSRRAVY RLFDFLNANDIDITDDGHFIGWK VVRSNYFDCASNTFDNSPGKT VTMPRNQVDEDDQRTCSTGLH VCSKSYIGHFGSGSDRIVSVKV HPRDVVSIPVDYNDAKMRTCG YVVLEDVTDRWGSELR	303	rtlB протектор от профаг-индуцированного раннего лизиса [фаг Enterobacteria JS98]	YP_00159539 5.1	3e-93 (169/318)	rtlA протектор от профаг-индуцированного раннего лизиса	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
198	10481 7	10511 3	979	MINPFNVSHSKVVNLRGTHHAA TVFCHHVVKHEGDVHYAWLHC DELVELGDDFVVEPDTCNHDD RVYFGELHIRGIYGIDEQSPAEI EPTPDIYPRFE	98	Гипотетический белок RB69ORF272c [фаг Enterobacteria RB69]	NP_861962.1	1e-20 (52/96)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
199	10504 6	10563 3	980	MALMNKALQRLNQLRTFTLDLN KLRGEAKVKIIDTARYSLDIDPS QDRIDVLKRCRIAIPAEYVVADF LDGYVNDQVVDHNNNDPYEW AWDVLAHPHYQGVRVEVKTHF VHDRANHKPWINVTTGKDGPF PDGSGINLGPMFKHKVADCIIIF VAEEVSQNVIRYTPMFAGGIEQ LMEVVKPSRVGAGGYIMHKF	195	Эндонуклеаза IV [фаг Enterobacteria RB14]	YP_00285460 7.1	2e-49 (104/183)	Эндонуклеаза IV	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
69	10583 7	981	MSYLELKSLRAKRGNASIKAEL LKEYRILESMNWHYAIIACDNG DSTYGGLYPNGAAAARDEHKD KVKALEEKIRNLCI	79	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
201	10612 6	10631 7	982	MIRSSFDRRFNLMRTVVLSFIVA VALGIVAIFGFGIYFAIQAVDIIQT DGLKSLVETVWEGQK	64	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
202	10646 2	10691 7	983	MRNIMTFADLDNAGAELIGSIRN GDWAAGAPSREITEREGFYFL MFNDGKAGYIGASARFFVAKQ RSKAGFESVLSHIRSGRSQLGR TLRSNCVTYGVFWIPANKMKPL TTGYGKGQLALAFTRQHSSAA QTYSELNRILNDNFIFTLQKY	151	Ядерный белок расщепления [фаг Enterobacteria AR1]	BAI83281.1	1e-42 (87/148)	Ядерный белок расщепления		pfam06 591	7.83e -46

ФИГУРА 12TT

220

221



orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.:	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
203	107087	107230	984	MIKGIAGGIWAALCVSTLTTGET SVISQALAQGTLSIILIIAAFSND	47	Гипотетический белок EPJ598_gp286 [фаг Enterobacteria JS98]	YP_00159538 5.1	5e-05 (24/47)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
204	107223	107363	985	MIKKILIGAALVAALLLILYYGMIY GMIYIVLFISDVIVQIGSLIW	46	Гипотетический белок RB32ORF257c [фаг Enterobacteria RB32]	YP_803199.1	5e-04 (29/47)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
205	107369	108757	986	MDIFDTLLKQAGSIDDLAKASNL RHRDLKSIIDNEAKEYAIYTVEN RAIPNLIDGFKPVQRFVIARALD LARGNKEKFHKLASVAGGVADL GYHHGETSAQDAGALMANTW NNNYPLLDGQGNFGSRLVQSA AASRYIFCRISDNFRKTYKDTEIA PVHKDKEHVPPAYYLPVIPTYLL NGVRGIATGYSTSILPHSFESVL ECTKAALRGEMMEPEVQFPKF NGKIVQTEDGSVELHGVYKETS RNSIYSIEIPYKFERASYVEKVL DPLEDAGYITYDDDCSKTGFGF KVKFRKDYALSEDPEQRHAKIM KDFKLIEKMSQYIVVIDENGKLN DKFKTSGELIRHFVEVRKTFTAK RIEHKIAETKQAFNLAQAKAQFI KEVIAGNIVIQGKTRKQLTKEIE QNELFKDHSEKLVSMNIYHITD DEAKKLAQEAKRLAQEVKYWE KTTPEAEYLKDLEEL	462	gp52 промежуточной субъединицы топоизомеразы II [фаг Enterobacteria IME08]	YP_00373439 6.1	2e-175 (304/462)	Промежуточная субъединица топоизомеразы II	Промежуточная субъединица ДНК топоизомеразы II	PHA025 92	0.0
206	108985	109248	987	MITSLKSDIKNILYISTQADGTRL SHYVKGNIVVLDEFEVNREYPM RQVIQASNYEDGEEYQVVLCVY DDFWVLKLENGDKFLIFNV	87	Значительного подобия не обнаружено						
207	109373	110017	988	MSKVTYIIKASEDALNEKTAAILV QVAKKDFITSSELREILEETMNA SSVNSNIGYLIKKGLIEKSGDGLI ITGEAQDIISKAAVIYAEENKPEL LKKRNTRKARPLTEDMNEHKDL MMKLLGEMEDILPLKELTVYRS NYIAVLEKRTFGIRSLEVNNKGT FRIFGYKISEEHQKHFTDLGMS	214	Промотор промежуточного активатора [фаг Enterobacteria RB32]	YP_803196.1	3e-76 (145/214)	Промотор промежуточного активатора	MotA_activ	pfam09114	3,76e-32

ФИГУРА 12UU

221

222

orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.:	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
				CRVAATGNTYLDIARTAENIETII RSIKEL								
208	11001 7	11018 7	989	MELWEIIYEDDVNIRGSIFIKALD KYHAIELFEQLQQQTYINESRYL IKLAMFLVE	56	Значительного подобия не обнаружено						
209	11018 7	11052 8	990	MNKFKVLNELQRCVEKVNLNA NIPTDCWDVWFRGHFIGYIDKK FTKCYAIYNADGKHIMDVDNYQ KALAKFVPLAEAVNSMEWLEKI QGEPVIRQIGIREKKSLWQKIKG FFK	113	Консервативный гипотетический белок Am.4 [фаг Enterobacteria JS98]	YP_00159538 0.1	3e-13 (43/117)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
210	11052 5	11095 0	991	MSKFSEQMNKFVDASRHGALI NEPEEVSIPEICFKVADWWDGR LLQRRIVCAANRFELKSGGTIVV PGTRHYSVDMANVLDMFRDKL VSDHVHGDNQGFVDQWGEYF TREEALIIATHAGQVNTVRPKSG PANELFSEDLY	141	Консервативный гипотетический белок EME58_gp240 [фаг Enterobacteria IME58]	YP_00373439 1.1	1e-36 (73/113)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
211	11095 0	11125 2	992	MISTLKNNITLLKIQRKSLQRSLE MMDDNWGTYTNEAGFKMADS KFMKTLMDKEYICPFSHPFNGG AKPFLAEMYKIMTEEMIKDIDYYI KELECKEDKV	100	Гипотетический белок RB32ORF280c [фаг Enterobacteria RB32]	YP_803192.1	6e-15 (38/80)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
212	11124 9	11146 1	993	VRAISAKADYFNSLNRSEKAQIK RFILELGYVHAGDLKAHIQECGI AKRFDITRNCLNEVIAHVQPSSE E	70	Консервативный гипотетический белок Am.1 [фаг Enterobacteria RB69]	NP_861950.1	3e-14 (37/67)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
213	11143 6	11156 1	994	MYNPVAKNDFNKGGAHKDKKR AAKESKRKQKHKGKDNAHSE	41	Консервативный гипотетический белок RB43ORF280c [фаг Enterobacteria RB43]	YP_239264.1	7e-05 (24/35)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
214	11170 1	11182 3	995	MVHDWNNGTFTVAIIANVEPEE VLEQFQKCVDAYDIGDYL	40	Значительного подобия не обнаружено						

ФИГУРА 12VV

222

223

orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.:	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
215	111820	112146	996	MNTETLRREDEAKAYHKRVELL SAIKVEYTLQVRLKVLNSWAND LEVKHLEQAVMFTFTQEASKPF SLSADFHTYGIITIKAKDRGDIIS GVEYIESILGNRGEVVLA	108	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
216	112143	112409	997	MSHNLESVIESQRYLEALMNKI ALGSLIDLSFQEAMDVCHWMN RRVRPIGKEWYLTAKVKDGRY GLWMSSGAEYITTKEDLNSRW ELA	88	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
217	112477	112749	998	MTKFEIVQEIVTVASILTKFNAEH IMEKRDEFIAFLNEIGIKMEQGR QLNQSNFRKMVSELTDEEKRIL VEEYNEGFESIYRTMAMHSNK	90	Белок AsiaA антитела к сигма-фактору 70 [фаг Enterobacteria RB69]	NP_861947.1	2e-22 (53/85)	AsiaA антитела к сигма-фактору 70	AsiaA, ингибитор транскрипции антитела к сигма-фактору A	pfam09010	1,02e-19
218	113406	112750	999	MASKQSIPFFDMFLGLLELLFKD GATGRVLFSRVFVVILLALLAFA GYKSDSLITAYVDSTYDKYDKL VQKDRDTRFDNTALEQLQIVHI SSGADFSAVFTFRPKNLNYFVD LIAYEGTLPSTVDSKNLGGYPID KTSAEYSTHLSGRYFWTDKEFV FLPTKRKPPEISYMFSCPYFNL DNVYAGTVEMYWYNSKPALSN ERLTSICGQAVRALGRAK	218	Медиатор лизиса холина фактор T [фаг Enterobacteria RB69]	NP_861946.1	4e-75 (132/217)	Холин	Фаговый холин_T	pfam11031	8,03e-75
219	113974	113435	1000	MAVTGPWVGSSAKAETGEPW MAQAGAKLRLGTPFWMSNMIG RSVFNFSLTVQYRNWNNIYYR GSWQVGGWNWSPKPTTKNTV QGNFEGKEVTLFVSVSGQGGV NYWNGDPQGTTLGIRNGDAINL RVMMSDGTTFDFTPGKMDGDV RNYQIASNDEAANKLKNWFSDR TDQYWQGLITRR	179	gp38 катализатора сборки дистальных длинных хвостовых нитей [фаг Enterobacteria RB16]	YP_00385856 0.1	8e-23 (73/183)	Катализатор сборки дистальных длинных хвостовых нитей	GP38	pfam05268	8,30e-12

ФИГУРА 12WW

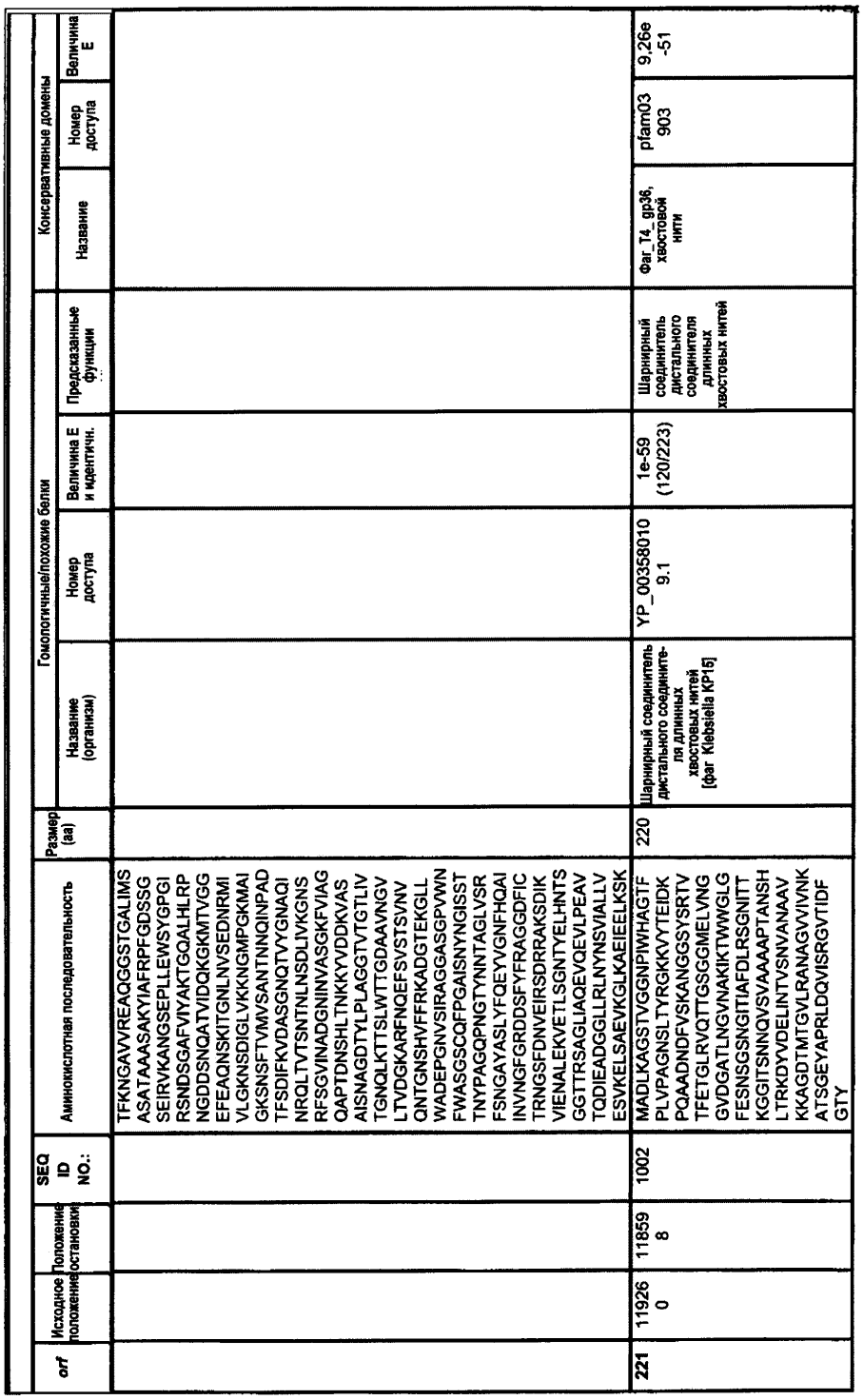
223

224

orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.:	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
220	11858	11401	1001	MADQNLKQIQFKRTSTENKAPG ADIVARGEIVLNTHGRTLAIYTK DEADNVVQLAGKGVPFLDTAG NLNVDGITTLKDNVTISPNKAIN FEATDLSGAIVRHIVGKCATND GWYIGAGGTSNSGILEIGTIDDG AETIQFVQRGSGNVEARKLVLL DGSGNTTLPGDLRLSTNKTVKI NNGSTLVLEMGVGSNDAYIKN QRGVGVLQLTNDSNLTFRNSQ VYYAMNGRGPGKSGTLLTNVE NNRQAWQYVISAATAGTPRWV KVATIKHPGDASSQLDLMITGGI DSGHGRHYVDFITLSGRNLTS WSTSNLDNWVEWRRIGSPNKG NVPEYYVKNDAATDSEASFDF YAKVPRYGNGLYVTVLNTAEYN GQDSGKVIIYETGQDTGATTPS GSILVSMKQVFDSISKPDFSDTT GTLPVNRGGTGATNVGDARNN LGLRTAAVRDVGESSGNVMEV GAFGIGGNGKSLVDITSDVDLM TRLKALGGTTFRANVASGYTGA PYYSHGAGFFSRTGDTMSALNI DYATGNVRVFAINDSGLASGRV NSNVLYGTANKPSKADVGLGN LTNDTQVKKAGDTMTGDLTVP NLHASGTGTASVYVNAGSGNA HVWFRTGGNERGVIWATPNTA DLGQINRAKTTGDVSAGDFSF RSDGRLDVPVAVKVGGAAMLT KDGNITSGSMFGGNLNNYLTSI KNDITTGDSKQVSKTGDTMTG NLTINANLKVENPNGSMVDLGS ENSDKYSRLTLARKVGSGAAVA MLKITPEGYVQFGYQDAVATPA PSKYIRVVKPDGLDVEGDLVFNQ TYRGTEDAINITDKTNDLNNMVI KGSDLGTRQLYKCVSSGGGSN ISNKPTSDGNFVLEVLSLRKISD SDWTCKQTFTTKNGNVEGTYV RYCQNGTWSAWKEVVAGVQPI NLGGTGATSVAAARNNLGVGE GQSVKFGWLVVNGVGTSDPTI	1525	L-образный белок хвостовых нитей [phar Klebsiella KP15]	YP_00358011 0.1	6e-137 (386/1138)	L-образный белок хвостовых нитей	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

ФИГУРА 12XX

225

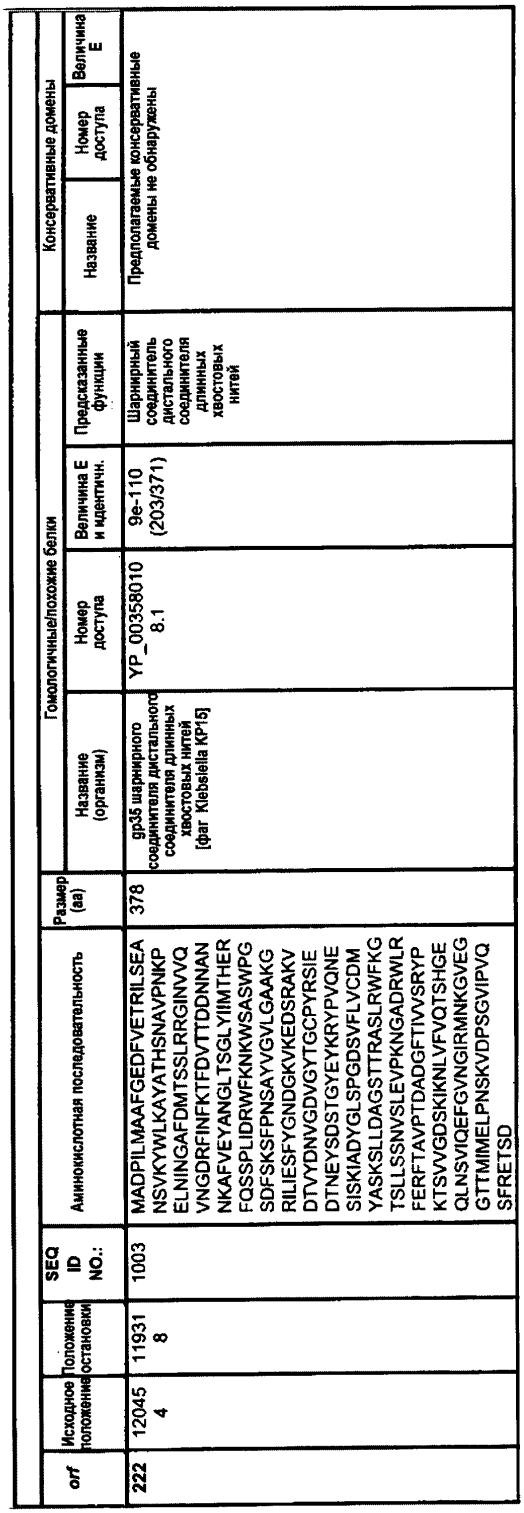


orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.:	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
				TFKNGAVVREAQGGSTGALIMS ASATAAASAKYIAFRPFGDSSG SEIRVKANGSEPLLEWSYGPGI RSNDSGAFVIYAKTGQALHLRP NGDDSNQATVIDQKGKMTVGG EFEAQNSKITGNLNVSEDNRMI VLGKNSDIGLVKKNGMPGKMAI GKSNSFTVMVSANTNNQINPAD TFSDIFKVDASGNQTVYGNAQI NRQLTVTSNTNLNSDLIVKGNS RFSGVINADGNINVASGKFVIAG QAPTDNSHLTNKKYVDDKVAS AISNAGDTYLPLAGGTVTGTLIV TGNQLKTTSLWTTGDAAVNGV LTVDGKARFNQEFSVSTSVNV QNTGNSHVFFRKADGTEKGLL WADEPGNVSIRAGGASGPVWN FWASGSCQFPGAISNYNGISST TNYPAGQPNGTYNNTAGLVSR FSNGAYASLYFQEYVGNFHQAI INVNGFGRDDSFYFRAGGDFIC TRNGSFDNVEIRSDRRAKSDIK VIENALEKVETLSGNTYELHNTS GGTTRSAGLIAQEVQEVLPEAV TQDIEADGGLLRLNYNSVIALLV ESVKELSAEVKGLKAEIEELKSK							
221	11926 0	11859 8	1002	MADLKAGSTVGGNPIWHAGTF PLVPAGNSLTYRGKKVYTEIDK PQAADNDFVSKANGGSYSRTV TFETGLRVQTTGSGGMELVNG GVDGATLNGVNAKIKTWWGLG FESNSGSNGITIAFDLRSGNITT KGGITSNNQVSVAAAAPTANSH LTRKDYVDELINTVSNVANAAV KKAGDTMTGVLRANAGVVVNK ATSGEYAPRLDQVISRGVTIDF GTY	220	Шарнирный соединитель дистального соединителя длинных хвостовых нитей [фаг Klebsiella KP15]	YP_003580109.1	1e-59 (120/223)	Шарнирный соединитель дистального соединителя длинных хвостовых нитей	Фаг_T4_gp36, хвостовой нити	pfam03903	9.26e-51

ФИГУРА 12YY

225

226

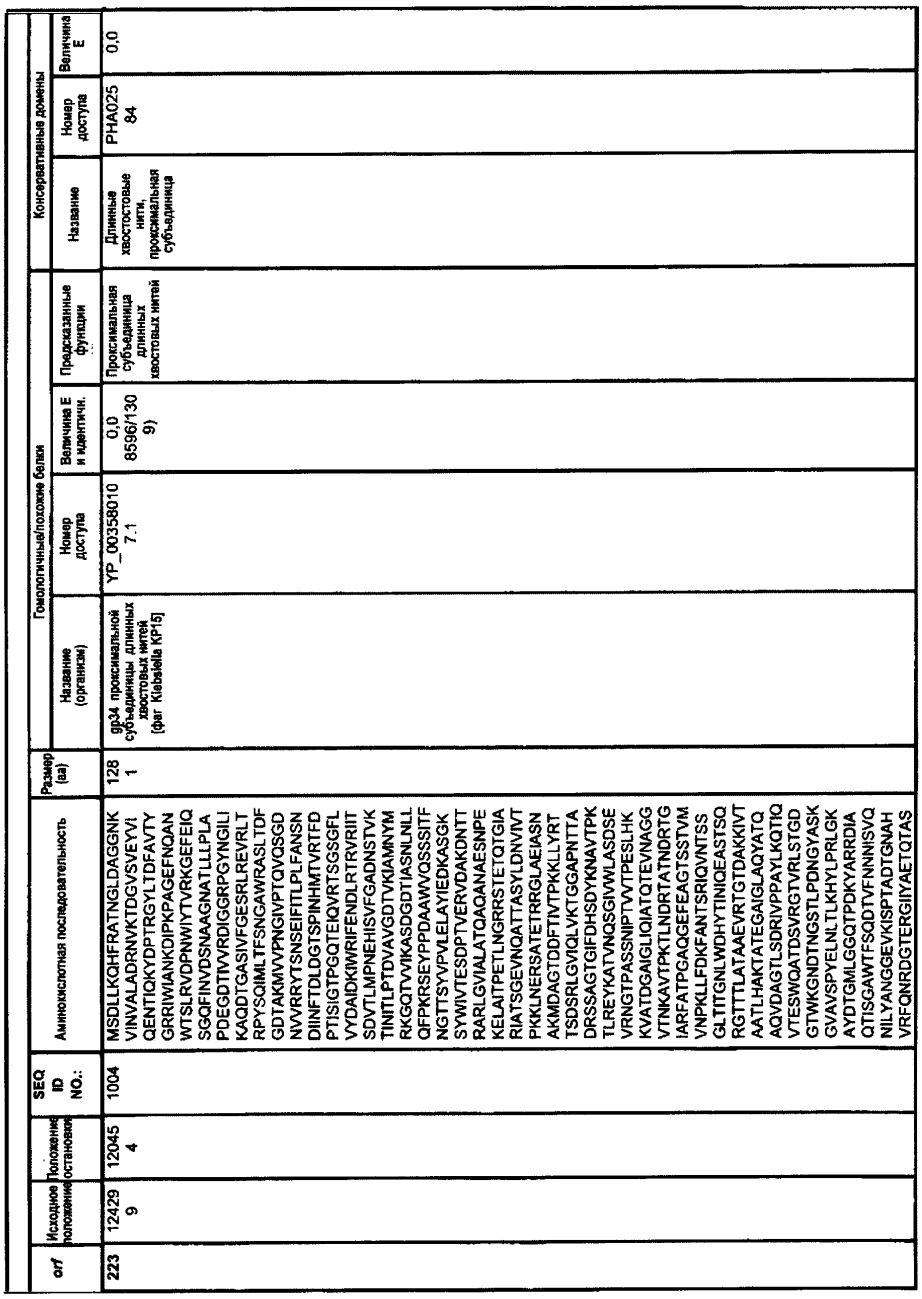


orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.:	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
222	120454	119318	1003	MADPILMAAFGEDFVETRILSEA NSVKYWLKAYATHSNAVPNKP ELNINGAFDMTSSLRRGINVVQ VNGDRFINFKTFDVTTDDNNAN NKAFVEYANGLTSGLYIIIMTHER FQSSPLIDRWFKNKWSASWPG SDFSKSFPNSAYVGVLGAAKG RILIESFYGNDGKVKEDSRAKV DTVYDNVGDVGYTGCPYRSIE DTNEYSDSTGYEYKKRYPVQNE SISKIADYGLSPGDSVFLVCDM YASKSLLDAGSTTRASLRWFKG TSLLSSNVSLEVPKNGADRWLR FERFTAVPTDADGFTIVVSRYP KTSVVGDSKIKNLVFVQTSHGE QLNSVIQEFGVNGIRMNKGVEG GTTMIMELPNSKVDPSGVIPVQ SFRETSD	378	gp35 шарнирного соединителя дистального соединителя длинных хвостовых нитей [bar Klebsiella KP15]	YP_003580108.1	9e-110 (203/371)	Шарнирный соединитель дистального соединителя длинных хвостовых нитей	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

ФИГУРА 122

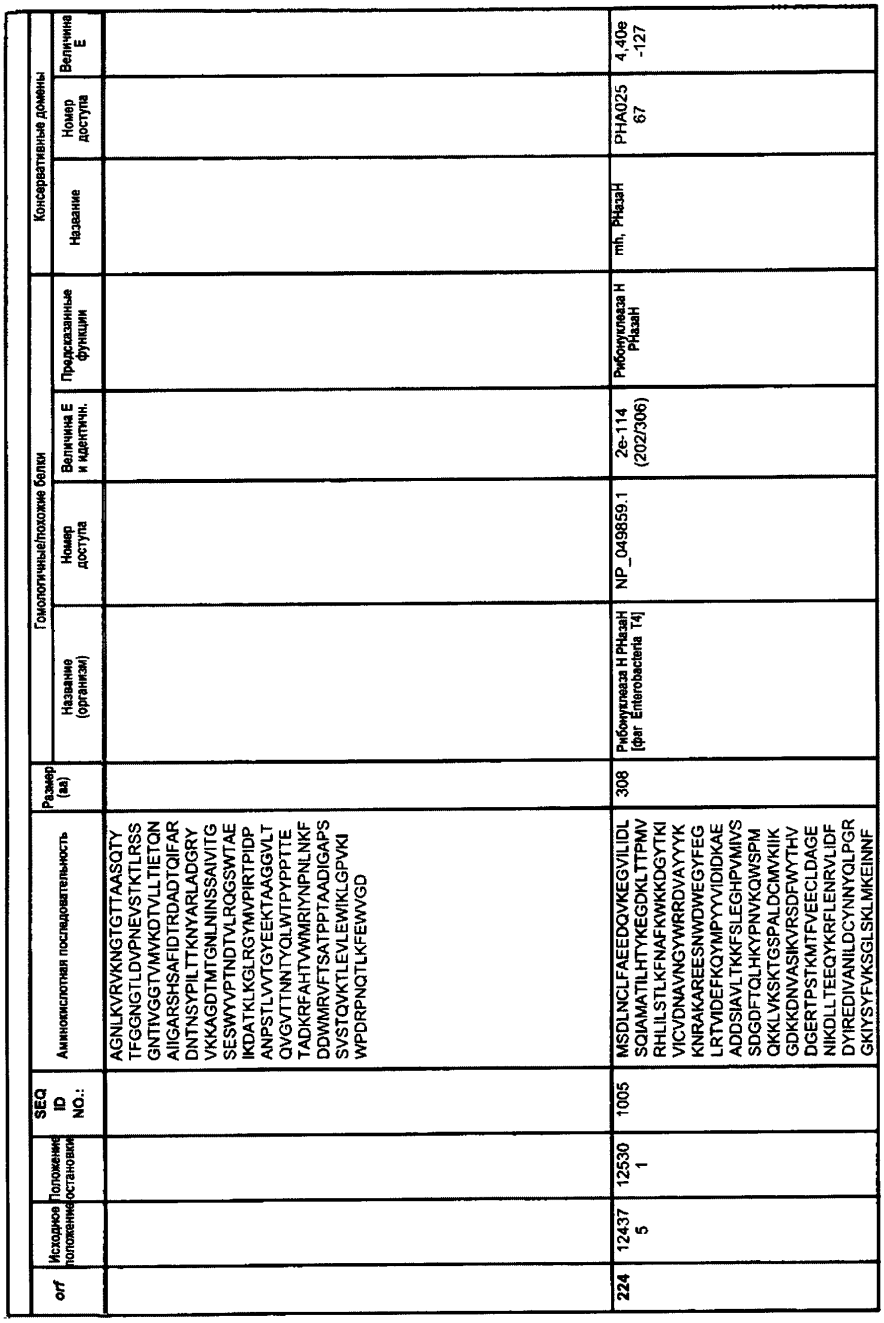
226

227



orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.:	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
223	124299	120454	1004	MSDLLKQHFRATNGLDAGGNK VINVALADRNVKTDGVSVEYVI QENTIQKYDPTRGYLTDFAVTY GRRIWIANKDIPKPAGEFNQAN WTSLRVDPNWIYTVRKGEFEIQ SGQFINVDSNAAGNATLLLPLA PDEGDTWRDIGGRPGYNGILI KAQDTGASIVFGESRLREVRLT RPYSQIMLTFSNGAWRASLTDF GDTAKMVVPNGIVPTQVQSGD NVVRRYTSNSEIFITLPLFANSN DIINFTDLDGTSPINHMTVRTFD PTISIGTPGQTEIQVRTSGSGFL VYDAIDKIWRIFENDLRTRVRIIT SDVTLMPNEHISVFGADNSTVK TINITLPTDVAVGDTVKIAMNYM RKGQTVVIKASDGDTIASNLNLL QFPKRSEYPPDAAWVQSSSITF NGTTSYVPVLELAYIEDKASGK SYWIVTESDPTVERVDAKDNTT RARLGVIALATQAQANAESNPE KELAITPETLNGRRSTETQTGIA RIATSGEVNQATTASYLDNVIVT PKKLNERSATETTRRGLAEIASN AKMDAGTDDFTVTPKKLLYRT TSDSRLGVIQLVKTGGAPNTTA DRSSAGTGIFDHSDYKNAVTPK TLREYKATVNQSGIVWLASDSE VRNGTPASSNIPTVVTPESLHK KVATDGAIGLIQIATQTEVNAGG VTNKAVTPKTLNDRTATNDRTG IARFATPGAQGEFEAGTSSTVM VNPKLLFDKFANTSRIQVNTSS GLTITGNLWDHYTINIQEASTSQ RGTTTLATAAEVRTGTDAKKIVT AATLHAKTATEGAIGLAQYATQ AQVDAGTLSDRIVPPAYLKQTIQ VTESWQATDSVRGTVRLSTGD GTWKGNDTNGSTLPDNGYASK GVAVSPYELNLTLKHYLPRLGK AYDTGMLGGQTPDKYARRDIA QTISGAWTFSQDTVFNNNISVQ NILYANGGEVKISPTADTGNAH VRFQNRDGTERGIIYAETQTAS	1281	gp34 проксимальной субъединицы длинных хвостовых нитей [фаг Klebsiella KP15]	YP_003580107.1	0,0 8596/1309)	Проксимальная субъединица длинных хвостовых нитей	Длинные хвостовые нити, проксимальная субъединица	PHA02584	0,0

ФИГУРА 12AAA

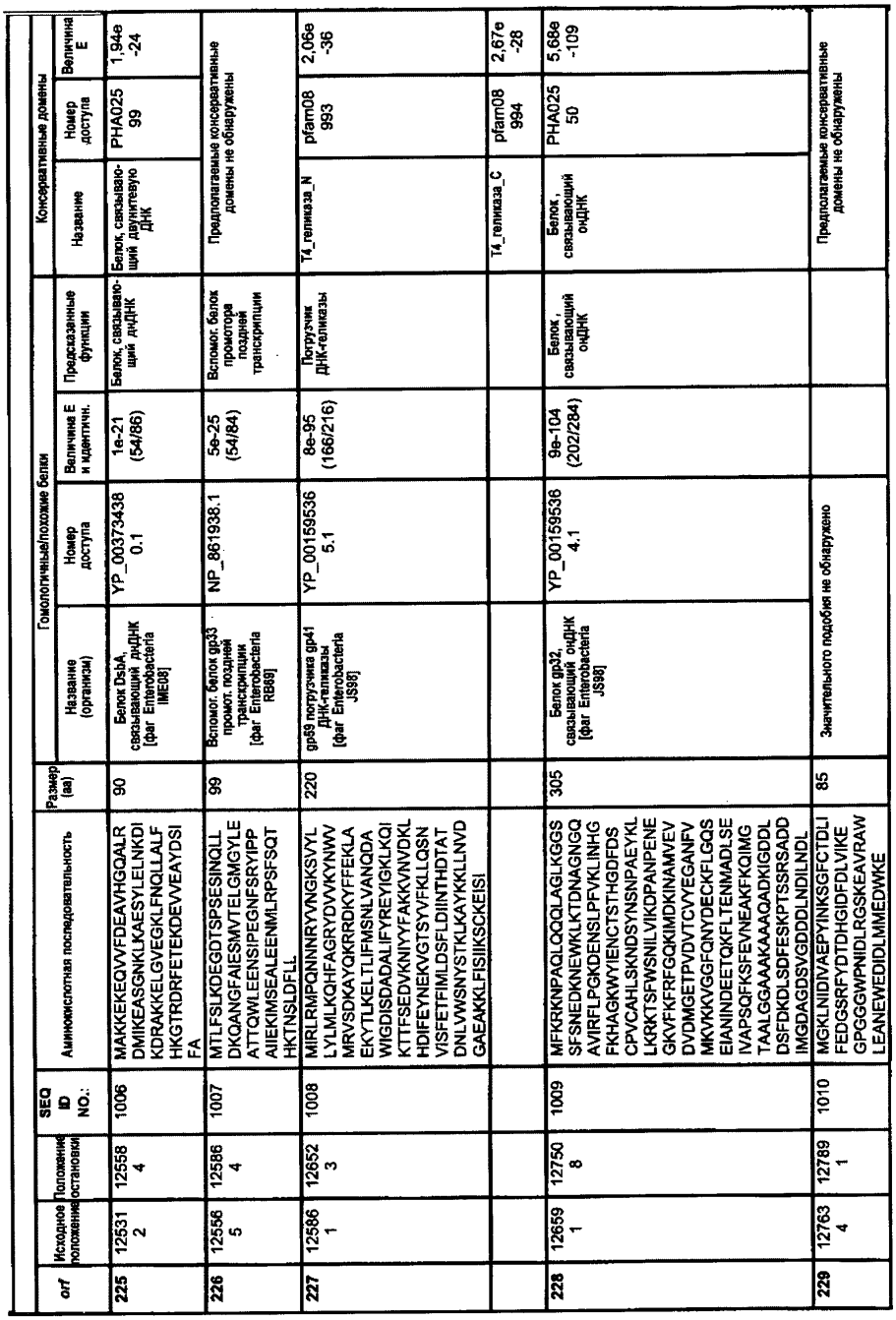


orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.:	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/положение белки				Консервативные домены			
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
				AGNLKVRVKNGTGTTAASQTY TFGGNGTLDVPNEVSTKTLRSS GNTIVGGTVMVKDTVLLTIETQN AIIGARSHSAFIDTRDADTQIFAR DNTNSYPILTTKNYARLADGRY VKKAGDTMTGNLNINSSAIVITG SESWYYPTNDTVLRQGSWTAE IKDATKLKGLRGYMVPIRTPIDP ANPSTLVVTGYEEKTAAGGVLT QVGVTTNNTYQLWTPYPPTTE TADKRFAHTVWMRIYNPNLNKKF DDWMRVFTSATPPTAADIGAPS SVSTQVKTLEVLEWIKLGPVKI WPDRPNQTLKFEWVGD							
224	124375	125301	1005	MSDLNCLFAEEDQVKEGVILIDL SQIAMATILHTYKEGDKLTTPMV RHLILSTLKFNAFKWKKDGYTKI VICVDNAVNGYWRRDVAYYYK KNRAKAREESNWDWEGYFEG LRTVIDEFKQYMPYYVIDIDKAE ADDSIAVLTKKFSLEGHPVMIVS SDGDFTQLHKYPNVKQWSPM QKKLVKSKTGSPALDCMVKIIK GDKKDNVASIKVRSDFWYTHV DGERTPSTKMTFVEECLDAGE NIKDLLTEEQYKRFLENRVLIDF DYIREDIVANILDCYNNYQLPGR GKIYSYFVKSGLSKLMKEINNF	308	Рибонуклеаза H PHasaH [phr Enterobacteria T4]	NP_049859.1	2e-114 (202/306)	Рибонуклеаза H PHasaH	mh, PHasaH	PHA02567	4.40e-127

ФИГУРА 12BBB

228

229

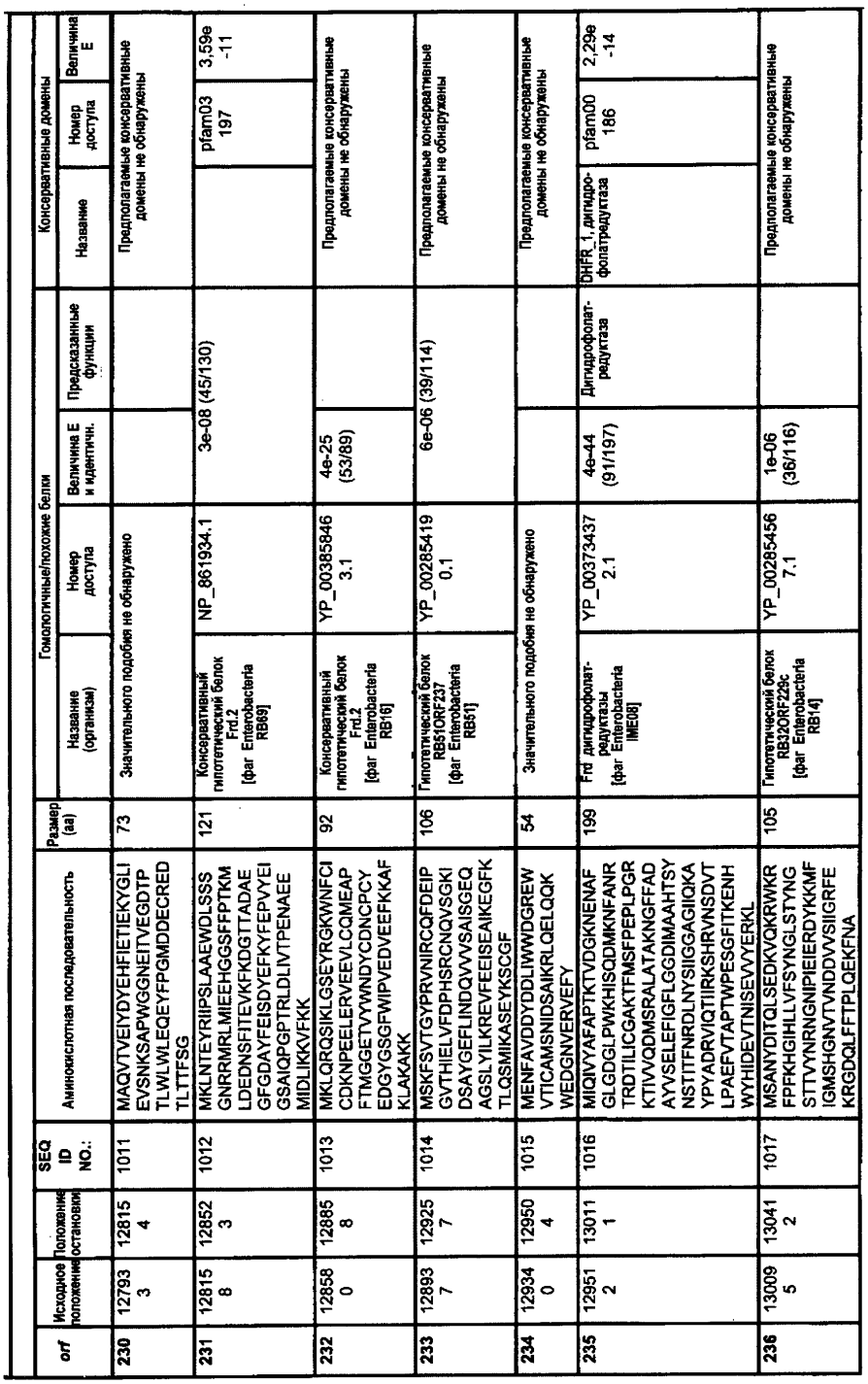


orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.:	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
225	12531 2	12558 4	1006	MAKKEKEQVVFDEAVHGQALR DMIKEASGNKLKAESYLELNKDI KDRAKKELGVEGKLFNQLLALF HKGTRDRFETEKDEVVEAYDSI FA	90	Белок DsbA, связывающий днДНК [Par Enterobacteria IME08]	YP_003734380.1	1e-21 (54/86)	Белок, связывающий днДНК	Белок, связывающий двунитевую ДНК	PHA025 99	1,94e -24
226	12556 5	12586 4	1007	MTLFSLKDEGDTSPSESINQLL DKQANGFAIESMVTELGMGYLE ATTQWLEENSIPEGNFSRYIPP AIIEKIMSEALEENMLRPSFSQT HKTNSLDFLL	99	Вспомог. белок gp33 промот. поздней транскрипции [Par Enterobacteria RB69]	NP_861938.1	5e-25 (54/84)	Вспомог. белок промотора поздней транскрипции	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
227	12586 1	12652 3	1008	MIRLRMPQNNRYVNGKSVYL LYLMLKQHFAGRYDVVKYNWV MRVSDKAYQKRRDKYFFEKLA EKYTLKELTLIFMSNLVANQDA WIGDISDADALIFYREYIGKLKQI KTTFSEDVKNIYYFAKKVNVDKL HDIFEYNEKVGTSYVFKLLQSN VISFETFIMLDSFLDIINTHDTAT DNLVWSNYSTKLKAYKKLLNVD GAEAKKLFISIIKSCKEISI	220	gp59 погрузчика gp41 ДНК-геликазы [Par Enterobacteria JS98]	YP_001595365.1	8e-95 (166/216)	Погрузчик ДНК-геликазы	T4_геликаза_N	pfam08 993	2,06e -36
										T4_геликаза_C	pfam08 994	2,67e -28
228	12659 1	12750 8	1009	MFKRKNPAQLQQQLAGLKGGS SFSNEDKNEWKLKTDNAGNGQ AVIRFLPGKDENSILPFVKLINHG FKHAGKWYIENCTSTHGDFDS CPVCAHLSKNDSYNSNPAEYKL LKRKTSFWSNILVIKDPANPENE GKVFKFRFGQKIMDKINAMVEV DVDMGETPVDVTCVYEGANFV MKVKKVGGFQNYDECKFLGQS EIANINDEETQKFLTENMADLSE IVAPSQFKSFEVNEAKFKQIMG TAALGGAAAKAAAQADKIGDDL DSFDKDLSDFESKPTSSRSADD IMGDAGDSVGDDDLNDILNDL	305	Белок gp32, связывающий онДНК [Par Enterobacteria JS98]	YP_001595365.1	9e-104 (202/284)	Белок, связывающий онДНК	Белок, связывающий онДНК	PHA025 50	5,68e -109
229	12763 4	12789 1	1010	MGKLNIDIVAEPYINKSGFCTDLI FEDGSRFYDTDHGIDFDLVIKE GPGGGWPNIDLRGSKEAVRAW LEANEWEDIDLMMEDWKE	85	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

ФИГУРА 12ССС

229

230

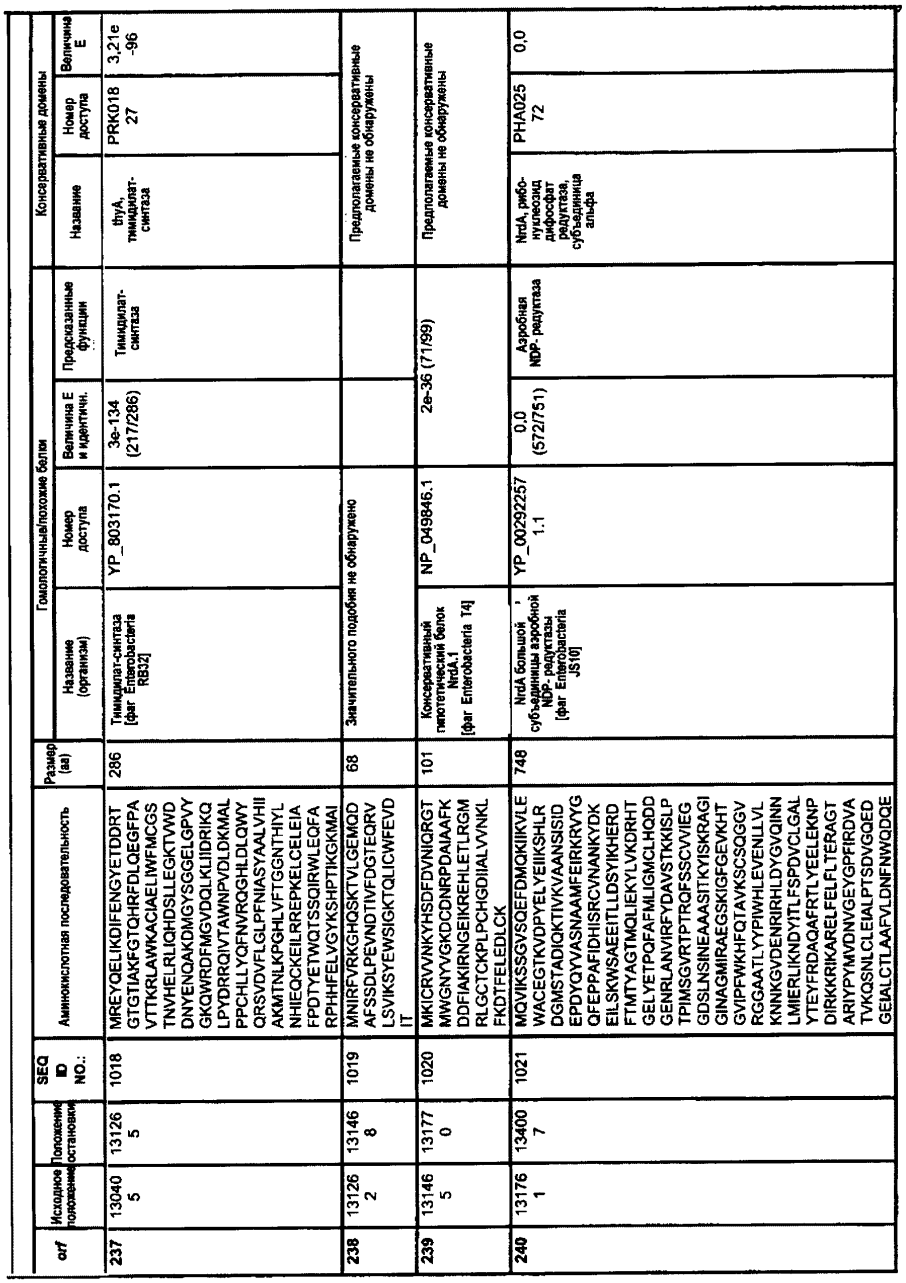


orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.:	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
230	12793 3	12815 4	1011	MAQVTVEIYDYEHFIETIEKYGLI EVSNKSAPWGGNEITVEGDTP TLWLWLEQEYFPGMDDECRED TLTTFSG	73	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
231	12815 8	12852 3	1012	MKLNTEYRIIPSLAAEWDLSSS GNRRMRLMEEHGGSFFPTKM LDEDNSFITEVKFKDGTTADAE GFGDAYFEISDYEFKYFEPVYEI GSAIQPGPTRLDLIVTPENAEE MIDLIKKVFKK	121	Консервативный гипотетический белок Frd.2 [фаг Enterobacteria RB69]	NP_861934.1	3e-08 (45/130)			pfam03 197	3,59e -11
232	12858 0	12885 8	1013	MKLQRQSIKLGSEYRGKWNFCI CDKNPEELERVEEVLCQMEAP FTMGGETVYWNDYCDNCPCY EDGYGSGFWIPVEDVEEFKKAF KLAKAKK	92	Консервативный гипотетический белок Frd.2 [фаг Enterobacteria RB16]	YP_00385846 3.1	4e-25 (53/89)			Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
233	12893 7	12925 7	1014	MSKFSVTGYPRVNIRCQFDEIP GVTHIELVFDPHSRCNQVSGKI DSAYGEFLINDQVVVSAISGEQ AGSLYILKREVFEEISEAIKEGFK TLQSMIKASEYKSCGF	106	Гипотетический белок RB51ORF237 [фаг Enterobacteria RB51]	YP_00285419 0.1	6e-06 (39/114)			Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
234	12934 0	12950 4	1015	MENFAVDDYDDLIWWDGREW VTICAMSNIDSAIKRLQELQQK WEDGNVERVEFY	54	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
235	12951 2	13011 1	1016	MIQIVYAFAPTKTVDGKNENAF GLGDGLPWKHISQDMKNFANR TRDTLICGAKTFMSFPEPLPGR KTIVVQDMSRALATAKNGFFAD AYVSELEFIGFLGGDIMAAHTSY NSTITFNRDLNYSIIGGAGIIQKA YPYADRVIQTIIRKSHRVNSDVT LPAEFVTAPTWPESGFITKENH WYHIDEVTNISEVVYERKL	199	Frd дигидрофолат-редуктазы [фаг Enterobacteria IME08]	YP_00373437 2.1	4e-44 (91/197)	Дигидрофолат-редуктаза	DHFR_1, дигидро-фолатредуктаза	pfam00 186	2,29e -14
236	13009 5	13041 2	1017	MSANYDITQLSEDKVQKRWKR FPFKHGIHLLVFSYNGLSTYNG STTVYNRNGNIPIEIERDYKKMF IGMSHGNVTVNDDVVSIIGRFE KRGDQLFFTPLQEKFNA	105	Гипотетический белок RB32ORF228c [фаг Enterobacteria RB14]	YP_00285456 7.1	1e-06 (36/116)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

ФИГУРА 12DDD

230

231

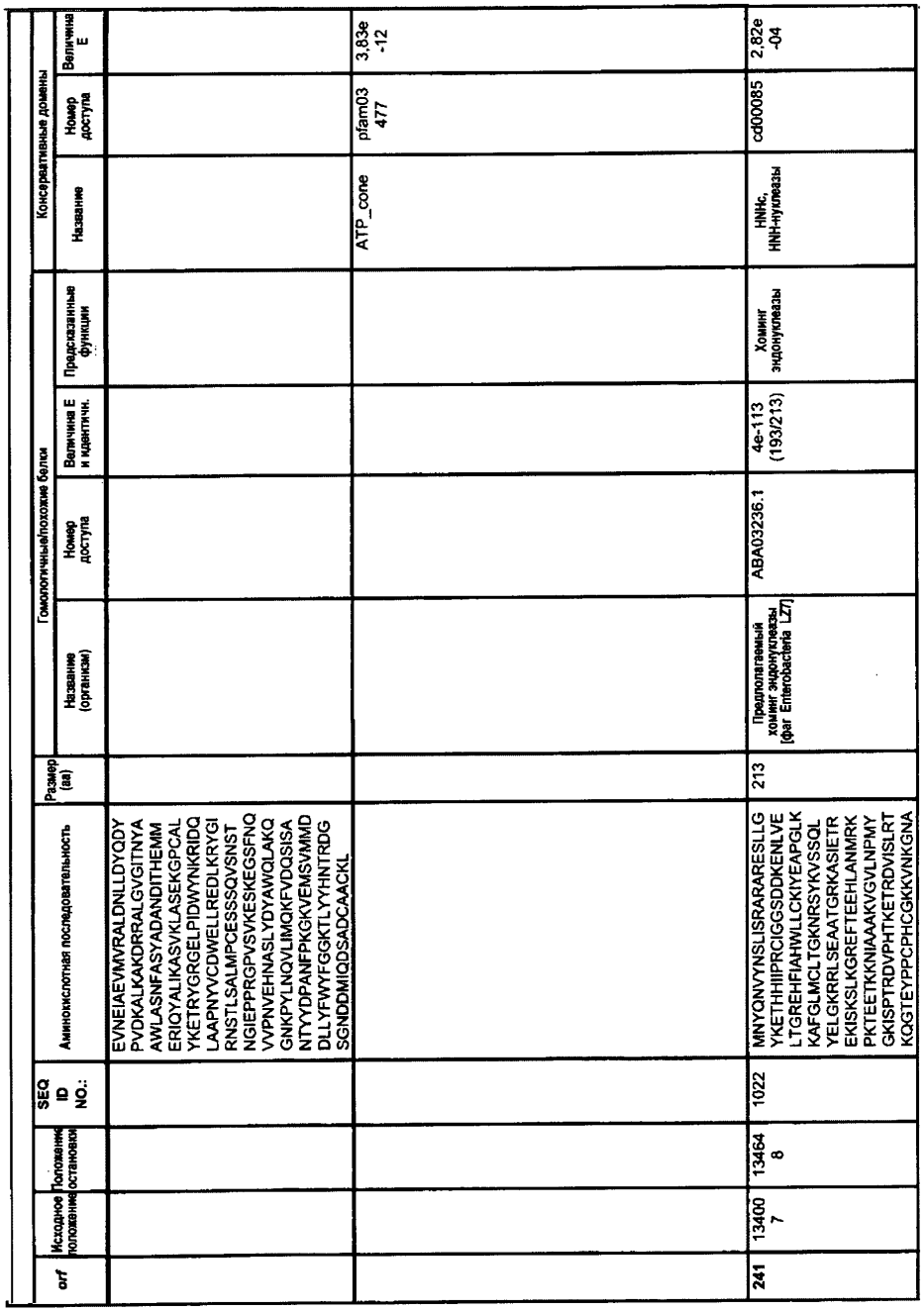


orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.:	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
237	13040 5	13126 5	1018	MREYQELIKDIFENGYETDDRT GTGTIAKFGTQHRFDLQEGFPA VTTKRLAWKACIAELIWFMCGS TNVHELRLIQHDSLLEGKTVWD DNYENQAKDMGYSGGELGPVY GKQWRDFMGVDQLKLIIDRIKQ LPYDRRQIVTAWNPVDLDKMAL PPCHLLYQFNVRQGHLDLQWY QRSVDVFLGLPFNIASYAALVHI AKMTNLKPGHLVFTGGNTHIYL NHIEQCKEILRREPKELCELEIA FPDTYETWQTSSQIRWLEQFA RPHHFELVGYKSHPTIKGKMAI	286	Тимидилат-синтаза [фаг Enterobacteria RB32]	YP_803170.1	3e-134 (217/286)	Тимидилат-синтаза	thyA, тимидилат-синтаза	PRK018 27	3,21e -96
238	13126 2	13146 8	1019	MNIRFVRKGHQSKTVLGEMQD AFSSDLPEVNDTIVFDGTEQRV LSVIKSYEWSIGKTQLICWFEVD IT	68	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
239	13146 5	13177 0	1020	MKICRVVNKYHSDFDVNIQRGT MWGNYVGKDCDNRPDAIAAFK DDFIAKIRNGEIKREHLETLRGM RLGCTCKPLPCHGDIIALVVNKL FKDTFELEDLCK	101	Консервативный гипотетический белок NrdA.1 [фаг Enterobacteria T4]	NP_049846.1	2e-36 (71/99)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
240	13176 1	13400 7	1021	MQVIKSSGVSQEFDMQKIIKVLE WACEGTKVDPYELYEIIKSHLR DGMSTADIQKTIVKVAANSISID EPDYQYVASNAAMFEIRKRVYG QFEPPAFIDHISRCVNANKYDK EILSKWSAEEITLLDSYIKHERD FTMTYAGTMQLIEKYLVKDRHT GELYETPQFAFMLIGMCLHQDD GENRLANVIRFYDAVSTKKISLP TPIMSGVRTPTRQFSSCVVIEG GDSLNSINEAAASITKYISKRAGI GINAGMIRAEGSKIGFGEVKHT GVIPFWKHFQTAVKSCSQGGV RGGAATLYYPIWHIEVENLLVL KNNKGVDENRIRHLDYGVQINN LMIERLIKNDYITLFSPDVCLGAL YTEYFRDAQAFRTLYEELEKNP DIRKKRIKARELFELFLTERAGT ARIYPYMVDNVGEYGPFIRDVA TVKQSNLCLEIALPTSDVGQED GEIALCTLAAFVLDNFNWQDQE	748	NrdA большой субъединицы аэробной NDP- редуктазы [фаг Enterobacteria JS10]	YP_00292257 1.1	0,0 (572/751)	Аэробная NDP- редуктаза	NrdA, рибонуклеозид дифосфат редуктаза, субъединица альфа	PHA025 72	0,0

ФИГУРА 12EEE

231

232

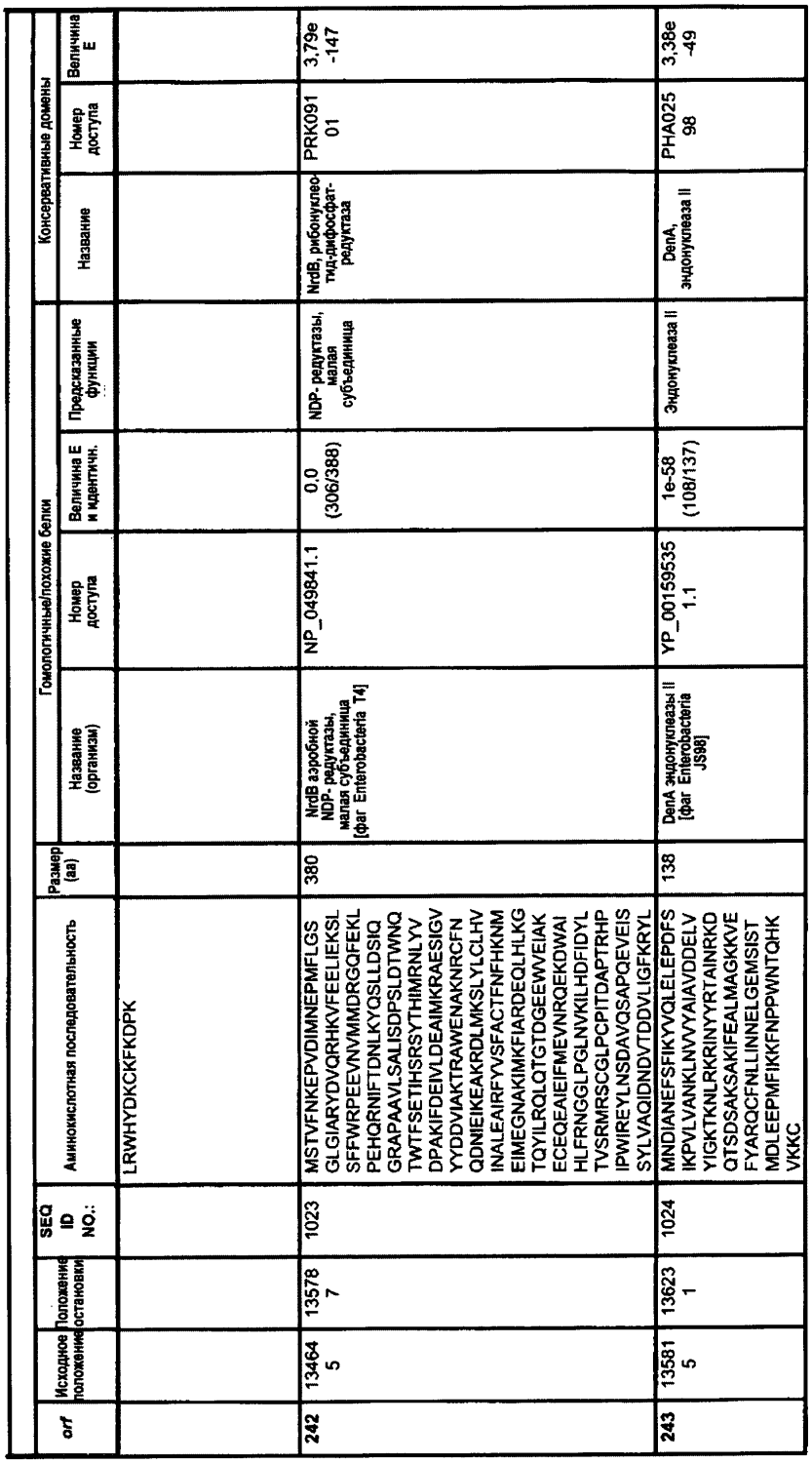


orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.:	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены			
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
				EVNEIAEVMVRALDNLLDYQDY PVDKALKAKDRRALGVGITNYA AWLASNFASYADANDITHEMM ERIQYALIKASVKLASEKGPCAL YKETRYGRGELPIDWYNKRIDQ LAAPNYVCDWELLREDLKRYGI RNSTLSALMPCESSSQVSNST NGIEPPRGPVSVKESKEGSFNQ VVPNVEHNASLYDYAWQLAKQ GNKPYLNQVLIMQKFVDQSISA NTYYDPANFPKGKVEMSVMMD DLLYFWYFGGKTLYYHNTRDG SGNDDMIQDSADCAACKL	213	Предполагаемый хоминг эндонуклеазы [фаг Enterobacteria LZ7]	ABA03236.1	4e-113 (193/213)	Хоминг эндонуклеазы	HNHc, HNH-нуклеазы	cd00085	2,82e -04
										ATP_cone	pfam03 477	3,83e -12
241	13400 7	13464 8	1022	MNYQNVYNSLISRARARESLLG YKETHHIIPRCIGGSDDKENLVE LTGREHFIAHWLLCKIYEAPGLK KAFGLMCLTGKNRSYKVSSQL YELGKRRLSEAATGRKASIETR EKISKSLKGREFTEEHLANMRK PKTEETKKNIAAAKVGVLNPMY GKISPTRDVPHTKETRDVISLRT KQGTEYPPCPHCGKKVNKGNA							

ФИГУРА 12FFF

232

233

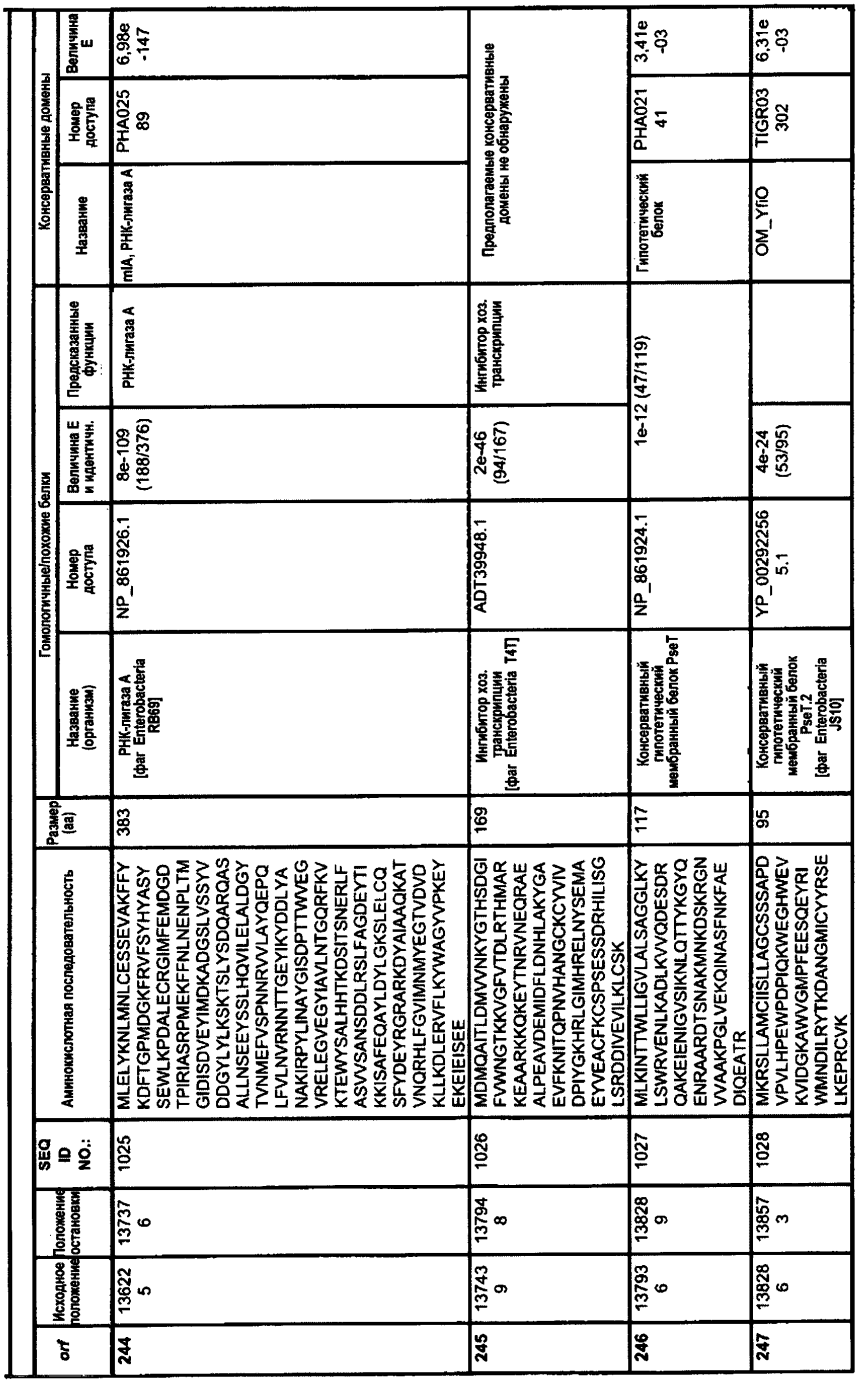


orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.:	Аминокислотная последовательность	Размер (аа)	Гомологичные/похожие белки					Консервативные домены			
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
				LRWHYDKCKFKDPK								
242	13464 5	13578 7	1023	MSTVFNKEPVDIMNEPMFLGS GLGIARYDVQRHKVFEELIEKSL SFFWRPEEVNVMMDRGQFEKL PEHQRNIFTDNLKYQSLLDSIQ GRAPAAVLSALISDPSLDTWNQ TWTFSETIHSRSYTHIMRNLYV DPAKIFDEIVLDEAIMKRAESIGV YYDDVIAKTRAWENAKNRCFN QDNEIKEAKRDLMKSLYLCLHV INALEAIRFYVSFACTFNFHKNM EIMEGNAKIMKFIARDEQLHLKG TQYILRQLQTGTDGEEWVEIAK ECEQEAIEIFMEVNRQEKDWAI HLFRNGGLPGLNVKILHDFIDYL TVSRMRSCGLPCPITDAPTRHP IPWIREYLNSDAVQSAPQEVEIS SYLVAQIDNDVTDDVLIGFKRYL	380	NrdB аэробной NDP- редуктазы, малая субъединица [фаг Enterobacteria T4]	NP_049841.1	0.0 (306/388)	NDP- редуктазы, малая субъединица	NrdB, рибонуклеотид-дифосфат-редуктаза	PRK09101	3,79e -147
243	13581 5	13623 1	1024	MNDIANEFSFIKYYQLELEPDFS IKPVLVANKLNVVYAIAVDDELV YIGKTKNLRKRINYYRTAINRKD QTSDSAKSAKIFEALMAGKKVE FYARQCFNLLINNELGEMSIST MDLEEPMFIKKFNPPWNTQHK VKKC	138	DenA эндонуклеазы II [фаг Enterobacteria JS98]	YP_00159535 1.1	1e-58 (108/137)	Эндонуклеаза II	DenA, эндонуклеаза II	PHA02598	3,38e -49

ФИГУРА 12GGG

233

234



orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.:	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены			
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
244	136225	137376	1025	MLELYKNLMNLCESSEVAKFFY KDFTGPMDGKFRVFSYHYASY SEWLKPDALECRGIMFEMDGD TPIRIASRPMEKFFNLNENPLTM GIDISDVEYIMDKADGSLVSSYV DDGYLYLKSKTSLYSDQARQAS ALLNSEEYSSLHQVILELALDGY TVNMEFVSPNNRVVLAYQEPQ LFVLNVRNNTTGEYIKYDDLYA NAKIRPYLINAYGISDPTTWVEG VRELEGVEGYIAVLNTGQRFKV KTEWYSALHHTKDSITSNERLF ASVVSANSDDLRSLFAGDEYTI KKISAFEQAYLDYLGKSLELCQ SFYDEYRGRARKDYAIAAQKAT VNQRHLFGVIMNMYEGTVDVD KLLKDLERVFLKYWAGYVPKEY EKEIEISEE	383	PHK-лигаза A [фаг Enterobacteria RB69]	NP_861926.1	8e-109 (188/376)	PHK-лигаза A	mtA, PHK-лигаза A	PHA02589	6,98e-147
245	137439	137948	1026	MDMQAITLDMVVNKYGTHSDGI FVWNGTKKVGFVTDLRTHMAR KEAARKKQKEYTNRVNEQRAE ALPEAVDEMIDFLDNHLAKYGA EVFKNITQPNVHANGCKCYVIV DPIYGKHRLGIMHRELNYSEMA EYVEACFKCSPSESSDRHILISG LSRDDIVEVILKLCSK	169	Ингибитор хоз. транскрипции [фаг Enterobacteria T4T]	ADT39948.1	2e-46 (94/167)	Ингибитор хоз. транскрипции	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
246	137936	138289	1027	MLKINTTWLLIGVLALSAGGLKY LSWRVENLKADLKVVQDESDR QAKEIENIGVSIKNLQTTYKGYQ ENRAARDTSNAKMNKDSKRGN VVAAKPGLVEKQINASFNKFAE DIQEATR	117	Консервативный гипотетический мембранный белок PseT	NP_861924.1	1e-12 (47/119)		Гипотетический белок	PHA02141	3.41e-03
247	138286	138573	1028	MKRSLLAMCIISLLAGCSSSAPD VPVLHPEWPDPIQKWEGHWEV KVIDGKAWVGMPFEESQEYRI WMNDILRYTKDANGMICYYRSE LKEPRCVK	95	Консервативный гипотетический мембранный белок PseT.2 [фаг Enterobacteria JS10]	YP_002922565.1	4e-24 (53/95)		OM_YfiO	TIGR03302	6,31e-03

ФИГУРА 12HHH

234

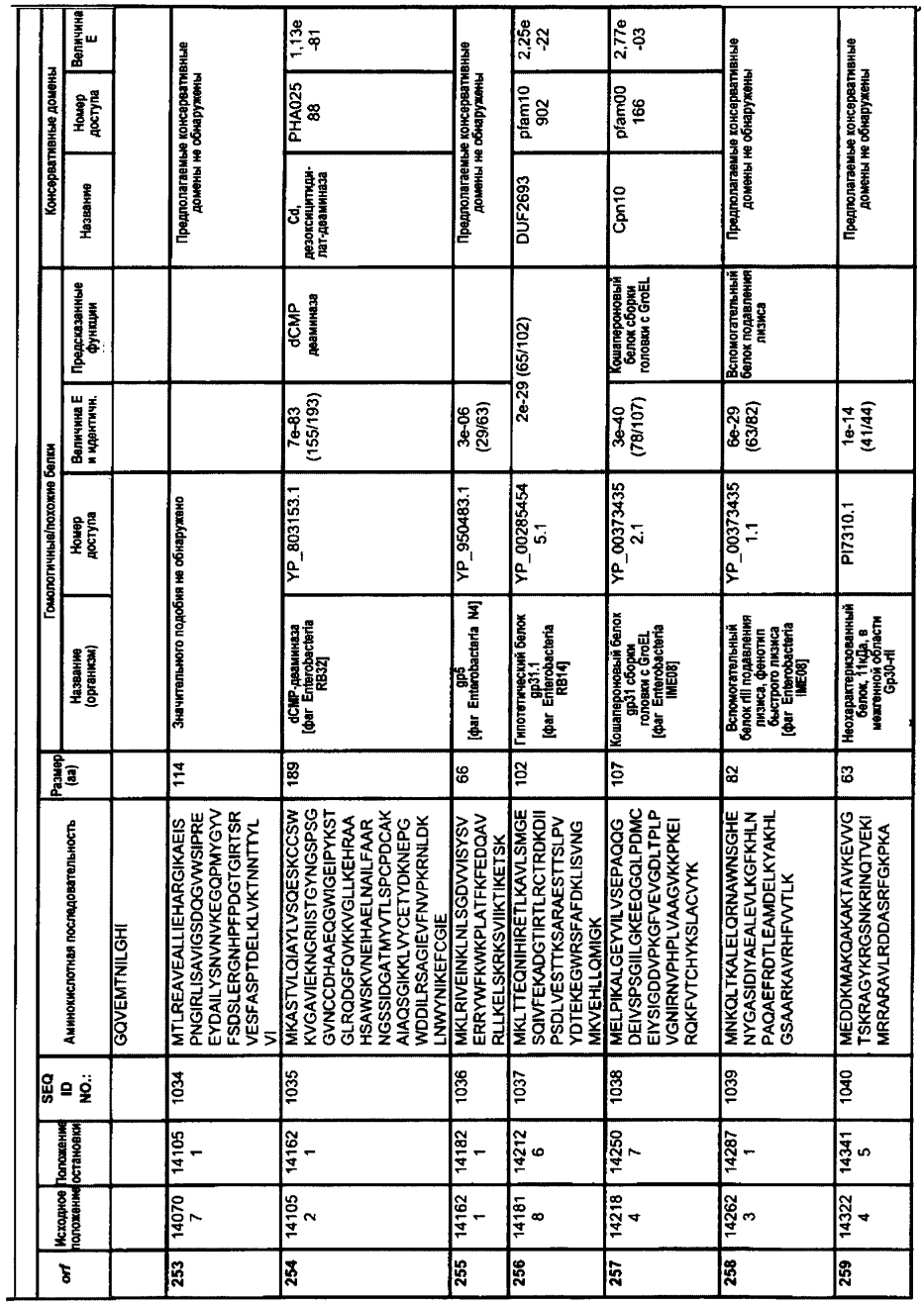
235

orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.:	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
248	138595	139080	1029	MEPSHFYSYFVKDASHLLSIKN TQLRNMLAVGSCQLTPLAKKAT VIPENISNGYVYTVRVSVPGALK ERLFELNDQTRISFDVWFKLFM VEFMYPDFLKFVQRKEALKEAI SELEDASIEFGKALQFVESGGV EQDAVNGFLKKYGKRRSLAHR NLSKMVM	161	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
249	139080	139292	1030	VNQEQYETLKGLIAENELACIVF GRAAENYDKNDILSMNKPLRAI KEKYRANWGEKSKALHDFIDTL KDV	70	Консервативный гипотетический мембранный белок Psyr_1 [фаг Enterobacteria T4]	NP_049835.1	2e-05 (26/71)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
250	139292	140185	1031	MKKLVLTGGAPGSGKTTWANE YVAANPGWYVLSRDDLREGIF GLDKRNDYKYSKLIREKSVSVC QFSMAKTLLEMETTKGVIIADTN LNPTTIKKWQELAYEIDGVKWEI KRFDVPWTELVKRNLYRGANA VPIEVLRSFYSKMHPYDLYIPDE SLPKAVIFDLDGTLADNNHRSP YDLAKCGKDHPKEMVIEFLKML RNKGYKILTVSGRESGTKEDPT VYQRITKKWLLDHVGETGEHFQ RKQGDSRKDDVVKEEIFWDRIA DRYNVKLAVDDRAQVVEMWR RIGVECWQVAHGDF	297	5-киназы и 3-фосфатазы [фаг Enterobacteria AR1]	BAI83237.1	4e-92 (175/301)	Полинуклеотид 5'-киназы и 3'-фосфатазы	HAD-подобные галоген кислые дегалогеназы e-подобных гидролаз	cd01427	3.38e-08
251	140197	140481	1032	MFPKYSEVVKVSFTQVVANHLT DEFTPAEVAKMHAEFLSAMNAL IPNGEVVKFSIDRLGGSSEIKISC GEGEHDWFIVGIIANFETQQVE TYVV	94	Консервативный гипотетический белок Cd.3 [фаг Enterobacteria RB69]	NP_861916.1	2e-06 (34/90)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
252	140471	140707	1033	MLSDAKFSHDEFISKVKIFAQEV ANRVPGSKVTLRRESSFNYVD AYIITVNNGKSNQHTQLALTGT	78	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

ФИГУРА 12III

235

236

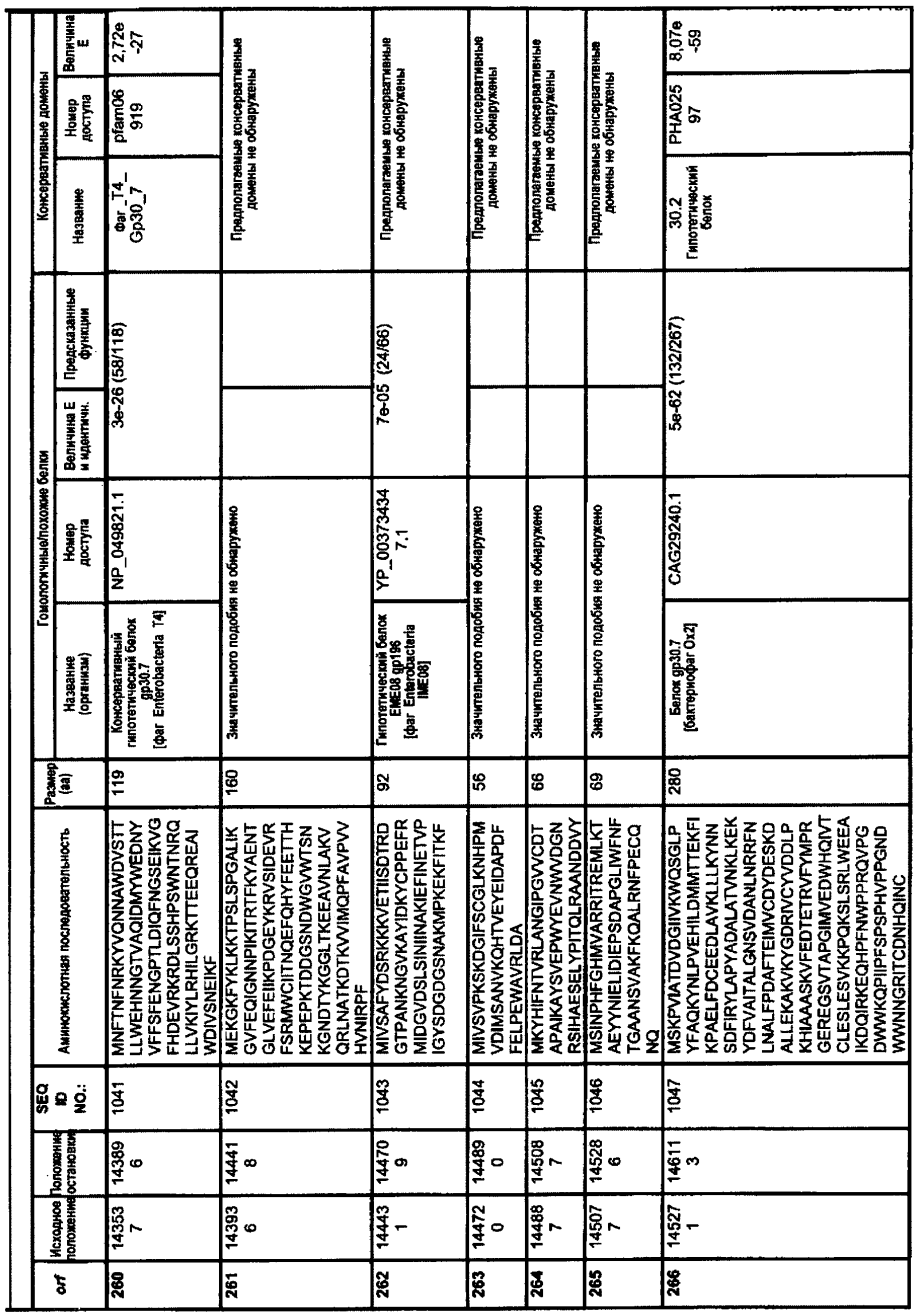


orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.:	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены			
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
				GQVEMTNILGHI									
253	14070 7	14105 1	1034	MTLREAVEALLIEHARGIKAEIS PNGIRLISAVIGSDQGVWSIPRE EYDAILYSNVNVKEGQPMYGYV FSDSLERGNHPFPDGTGIRTSR VESFASPTDELKLVKTNNTTYL VI	114	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены			
254	14105 2	14162 1	1035	MKASTVLQIAYLVSQESKCCSW KVGAVIEKNGRIISTGYNGSPSG GVNCCDHAAEQGWIGEIPYKST GLRQDGFQVKKVGLLKEHRAA HSAWSKVNEIHAELNAILFAAR NGSSIDGATMYVTLSPCPDCAK AIAQSGIKKLVYCETYDKNEPG WDDILRSAGIEVFNVPKRNLDK LNWYNIKEFCGIE	189	dCMP-деаминаза [фаг Enterobacteria RB32]	YP_803153.1	7e-83 (155/193)	dCMP деаминаза	Cd, дезоксицитидилат-деаминаза	PHA025 88	1,13e -81
255	14162 1	14182 1	1036	MKLRIVEINKLNLSGDVVISYSV ERRYWFKWKPLATFKFEDQAV RLLKELSKRKSVIIKTIKETSK	66	gp5 [фаг Enterobacteria N4]	YP_950483.1	3e-06 (29/63)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены			
256	14181 8	14212 6	1037	MKLTTEQNIHIRETLKAVLSMGE SQIVFEKADGTIRTLRCTRDKDII PSDLVESTTKSARAESTTSLPV YDTEKEGWRSFAFDKLISVNG MKVEHLLQMIGK	102	Гипотетический белок gp31.1 [фаг Enterobacteria RB14]	YP_00285454 5.1	2e-29 (65/102)		DUF2693	pfam10 902	2,26e -22
257	14218 4	14250 7	1038	MELPIKALGEYVILVSEPAQQG DEIVSPSGIILGKEEQGQLPDMC EIYSIGDDVPKGFVEVGDLTPLP VGNIRNVPHPLVAAGVKKPKEI RQKFVTCHYKSLACVYK	107	Кошаперониновый белок gp31 сборки головки с GroEL [фаг Enterobacteria IME08]	YP_00373435 2.1	3e-40 (78/107)	Кошаперониновый белок сборки головки с GroEL	Cpn10	pfam00 166	2,77e -03
258	14262 3	14287 1	1039	MNKQLTKALELQRNAWNSGHE NYGASIDIYAEALEVLKGFKHLN PAQAEFRDTLEAMDELKYAKHL GSAARKAVRHFVVTLK	82	Вспомогательный белок rIII подавления лизиса, фенотип быстрого лизиса [фаг Enterobacteria IME08]	YP_00373435 1.1	6e-29 (63/82)	Вспомогательный белок подавления лизиса	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
259	14322 4	14341 5	1040	MEDDKMAKQAKAKTAVKEVVG TSKRAGYKRGSNKRINQTVEKI MRRAPAVLRDDASRFGKPKA	63	Неохарактеризованный белок, 11кДа, в межгенной области Gp30-rII	PI7310.1	1e-14 (41/44)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

ФИГУРА 12JJ

236

237

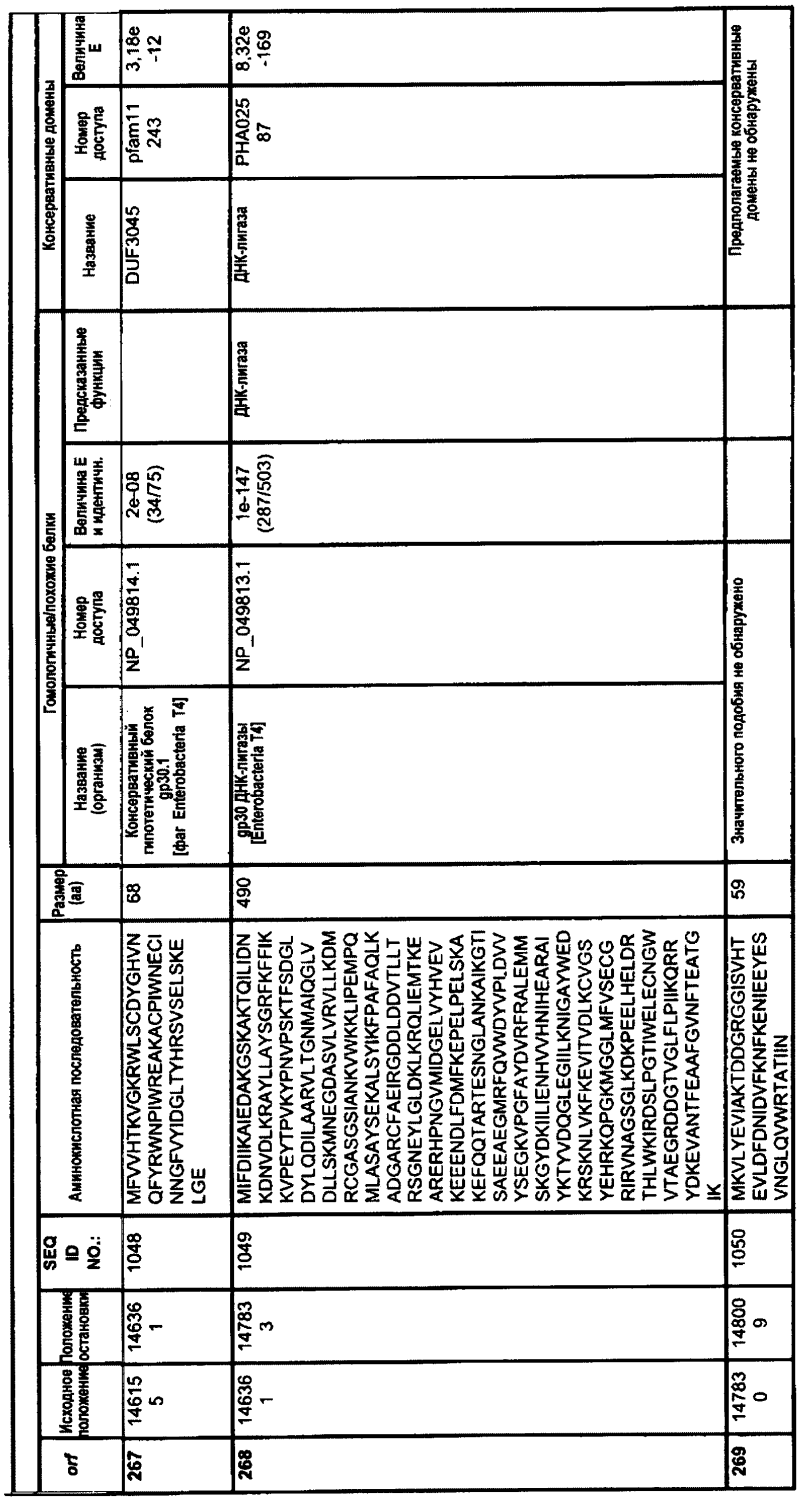


orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.:	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
260	14353 7	14389 6	1041	MNFTNFNRKYVQNNAWDVSTT LLWEHNNGTVAQIDMYWEDNY VFFSFENGPTLDIQFNGSEIKVG FHDEVRKRDLSSHPSWNTNRQ LLVKIYLRHILGRKTTEEQREAI WDIVSNEIKF	119	Консервативный гипотетический белок gp30.7 [фаг Enterobacteria T4]	NP_049821.1	3e-26 (58/118)		Фаг_T4_Gp30_7	pfam06919	2.72e-27
261	14393 6	14441 8	1042	MEKGKFYKLKKTPSLSPGALIK GVFEQIGNNPIKITRTFKYAENT GLVEFEIIKPDGEYKRVSIDEVR FSRMWCIITNQEFQHYFEETTH KEPEPKTDDGSNDWGVWTSN KGNDTYKGGLTKEEAVNLAKV QRLNATKDTKVVIMQPFAVPVV HVNIRPF	160	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
262	14443 1	14470 9	1043	MIVSAFYDSRKKKVETIISDTRD GTPANKNGVKAYIDKYCPPEFR MIDGVDSLSINIINAKIEFINETVP IGYSDGDGSNAKMPKEKFITKF	92	Гипотетический белок EME08 gp196 [фаг Enterobacteria IME08]	YP_00373434 7.1	7e-05 (24/66)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
263	14472 0	14489 0	1044	MIVSVPKSKDGIFSCGLKNHPM VDIMSANVKQHTVEYEIDAPDF FELPEWAVRLDA	56	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
264	14488 7	14508 7	1045	MKYHIFNTVRLANGIPGVVCDT APAIKAYSVEPWYEVNWVDGN RSIHAESELYPITQLRAANDDVY	66	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
265	14507 7	14528 6	1046	MSINPHFGHMVARRITREMLKT AEYYNIELIDIEPSDAPGLIWFNF TGAANSVAKFKQALRNFPECQ NQ	69	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
266	14527 1	14611 3	1047	MSKPVIATDVDGIIVKWQSGLP YFAQKYNLPVEHILDMMTTEKFI KPAELFDCEEDLAVKLLLKYNN SDFIRYLAPYADALATVNKLKEK YDFVAITALGNSVDANLNRRFN LNALFPDAFTEIMVCDYDESKD ALLEKAKVKYGDRIVCYVDDLP KHIAAASKVFEDTETRVFYMPR GEREGSVTAPGIMVEDWHQIVT CLESLESVKKPQKSLSRLWEEA IKDQIRKEQHPFNWPPRQVPG DWWKQPIIPFSPSPHVPPGND WWNNGRITCDNHQINC	280	Белок gp30.7 [бактериофаг Ox2]	CAG29240.1	5e-62 (132/267)		30.2 Гипотетический белок	PHA02597	8.07e-59

ФИГУРА 126КК

237

238

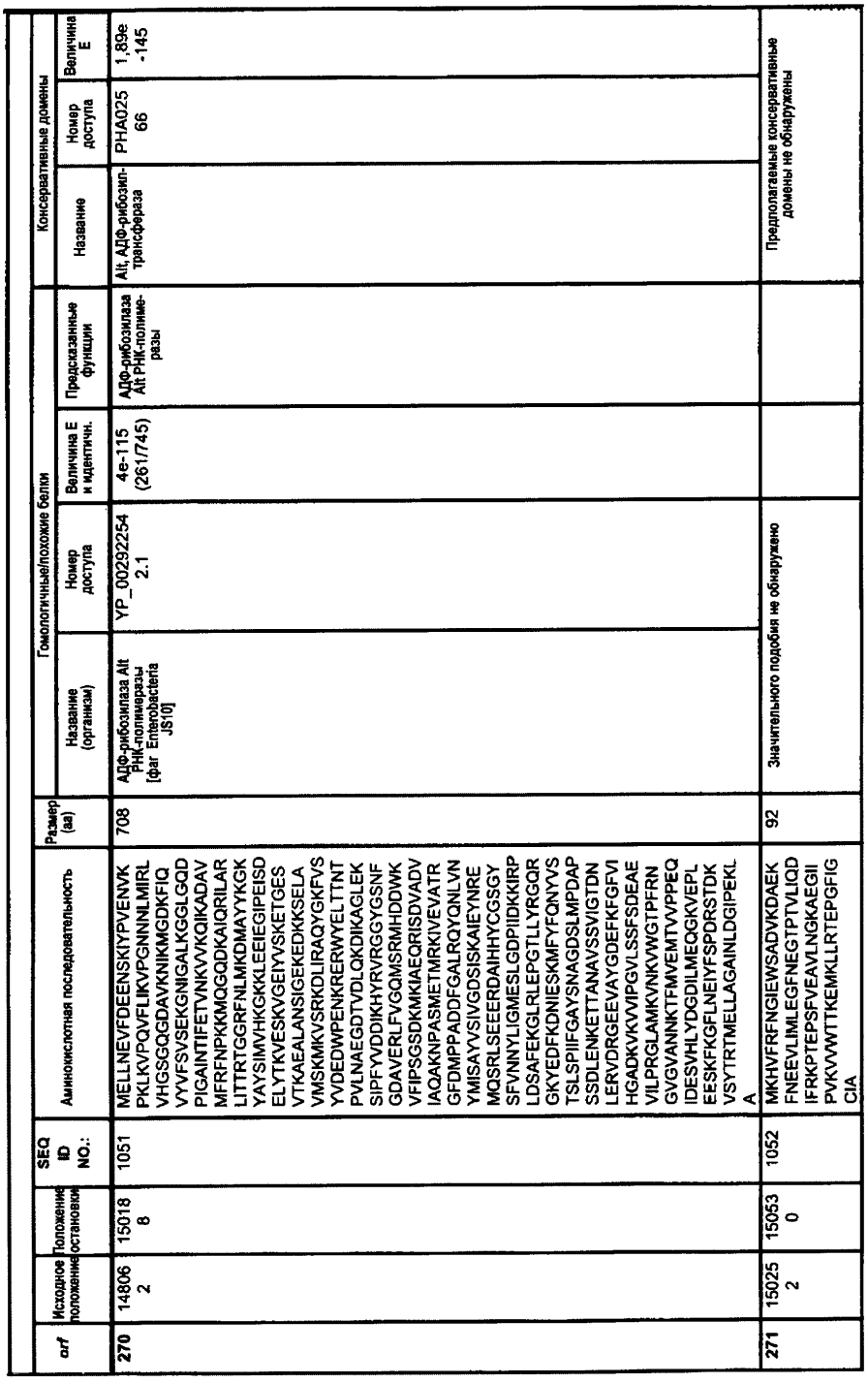


orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.:	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены			
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
267	146155	146361	1048	MFVVHTKVGKRWLSCDYGHVN QFYRWNPIWREAKACPIWNECI NNGFVYIDGLTYHRSVSELSKE LGE	68	Консервативный гипотетический белок gp30.1 [phar Enterobacteria T4]	NP_049814.1	2e-08 (34/75)		DUF3045	pfam11243	3,18e-12
268	146361	147833	1049	MIFDIIKAIEDAKGSKAKTQILIDN KDNVDLKRAYLLAYSGRFKFFIK KVPEYTPVKYPNVPSKTFSDGL DYLQDILAARVLTGNMAIQGLV DLLSKMNEGDASVLVRVLLKDM RCGASGSIANKVWKKLIPEMPQ MLASAYSEKALSYIKFPAFAQLK ADGARCFAEIRGDLDDVTLLT RSGNEYLGLDKLKRQLIEMTKE ARERHPNGVMIDGELVYHVEV KEEENDLFDMFKEPELPELSKA KEFQQTARTESNGLANKAIKGTI SAEEAEGMRFQVWDYYPLDVV YSEGKVPGFAYDVRFRALEMM SKGYDKIILIENHVVHNIHEARAI YKTYVDQGLEGIILKNIGAYWED KRSKNLVKFKEVITVDLKCVGS YEHRKQPGKMGGLMFVSECG RIRVNAGSGLKDKPEELHELDR THLWKIRDSLPGTIWELECNGW VTAEGRDDGTVGLFLPIIKQRR YDKEVANTFEAAFGVNFTEATG IK	490	gp30 DНК-лигазы [Enterobacteria T4]	NP_049813.1	1e-147 (287/503)	ДНК-лигаза	ДНК-лигаза	PHA02587	8,32e-169
269	147830	148009	1050	MKVLYEVIAKTDDGRGGISVHT EVLDFDNIDVFKNFKENIEEYES VNGLQVWRTATIIN	59	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

ФИГУРА 12LLL

238

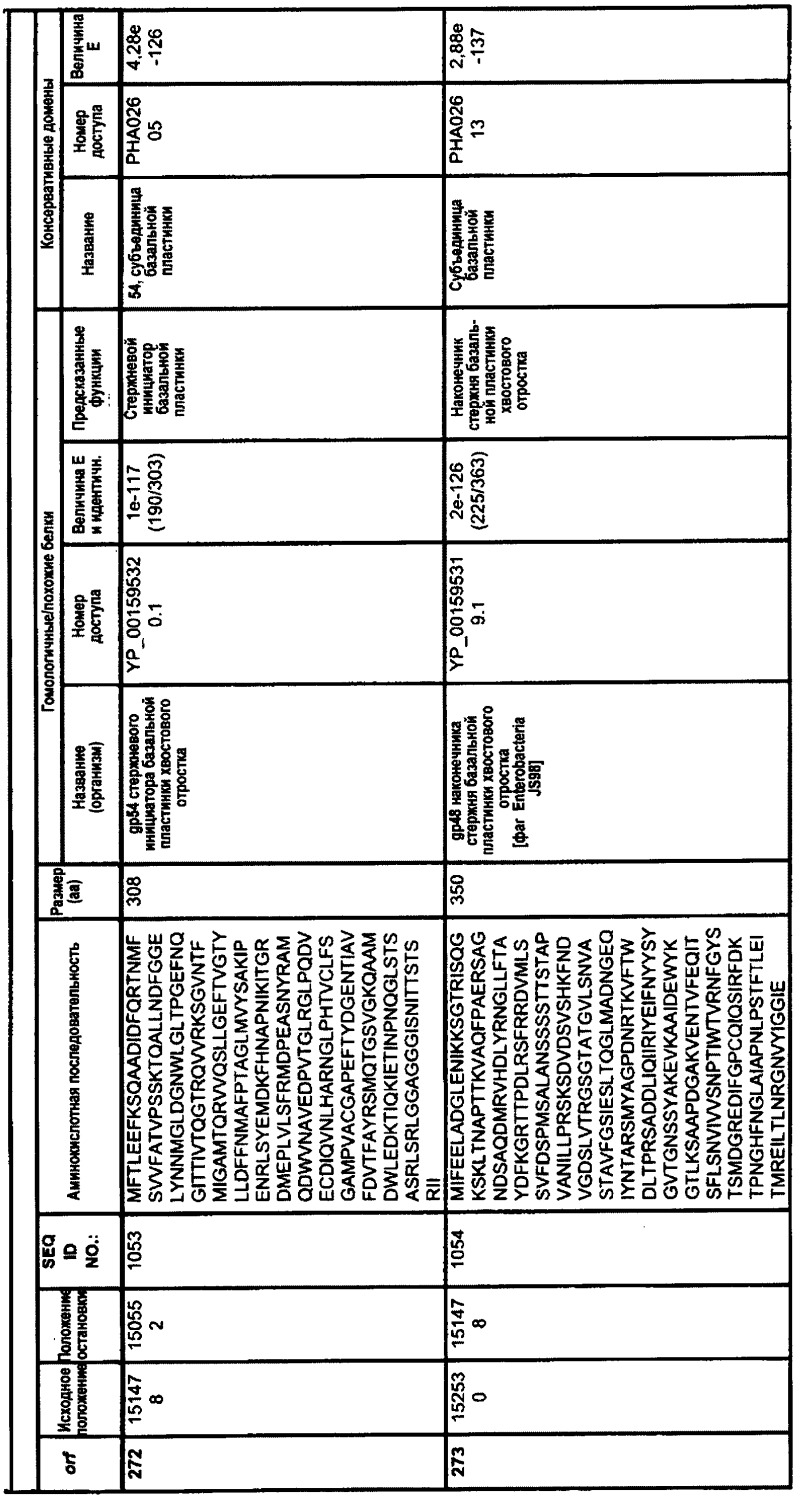
239



orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.:	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
270	148062	150188	1051	MELLNEVFDEENSKIYPVENVK PKLKVPQVFLIKVPGNNNLMIRL VHGSGQGDAVKNIKMGDKFIQ VYVFSVSEKGNIGALKGGLGQD PIGAINTIFETVNKVVKQIKADAV MFRFNPKKMQGQDKAIQRILAR LITTRTGGRFNLMKDMAYYKGK YAYSIMVHKGKKLEEIEGIPEISD ELYTKVESKVGEIYVSKETGES VTKAEALANSIGEKEDKKSELA VMSKMKVSRKDLIRAQYGKFVS YVDEDWPENKRERWYELTTNT PVLNAEGDTVDLQKDIKAGLEK SIPFYVDDIKHYRVRGGYGSNF GDAVERLFVGQMSRMHDDWK VFIPSGSDKMKIAEQRISDVADV IAQAKNPASMETMRKIVEVATR GFDMPPADDFGALRQYQNLVN YMISAYVSIVGDSISKAIEYNRE MQSRLSEEERDAIHHYCGSGY SFVNNYLIGMESLGDPIIDKKIRP LDSAFEKGLRLEPGTLLYRGQR GKYEDFKDNIESKMFYFQNYVS TSLSPIIFGAYSNAGDSLMPDAP SSDLENKETTANAVSSVIGTDN LERVDRGEEVAYGDEFKFGFVI HGADKVKVIPGVLSSFSDEAE VILPRGLAMKVNKVWGTPFRN GVGVANNKTFMVEMTVVPPEQ IDESVHLYDGDILMEQGKVEPL EESKFKGFLNEIYFSPDRSTDK VSYTRTMELLAGAINLDGIPEKL A	708	ADФ-рибозилаза Ait РНК-полимеразы [фаг Enterobacteria JS10]	YP_00292254 2.1	4e-115 (261/745)	АДФ-рибозилаза Ait РНК-полимеразы	Ait, АДФ-рибозил-трансфераза	PHA02566	1,89e-145
271	150252	150530	1052	MKHVFRFNGIEWSADVKDAEK FNEEVLIMLEGFNEGTPTVLIQD IFRKPTEPSFVEAVLNGKAEGII PVKVVWTTKEMKLLRTEPGFIG CIA	92	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

ФИГУРА 12ММММ

240

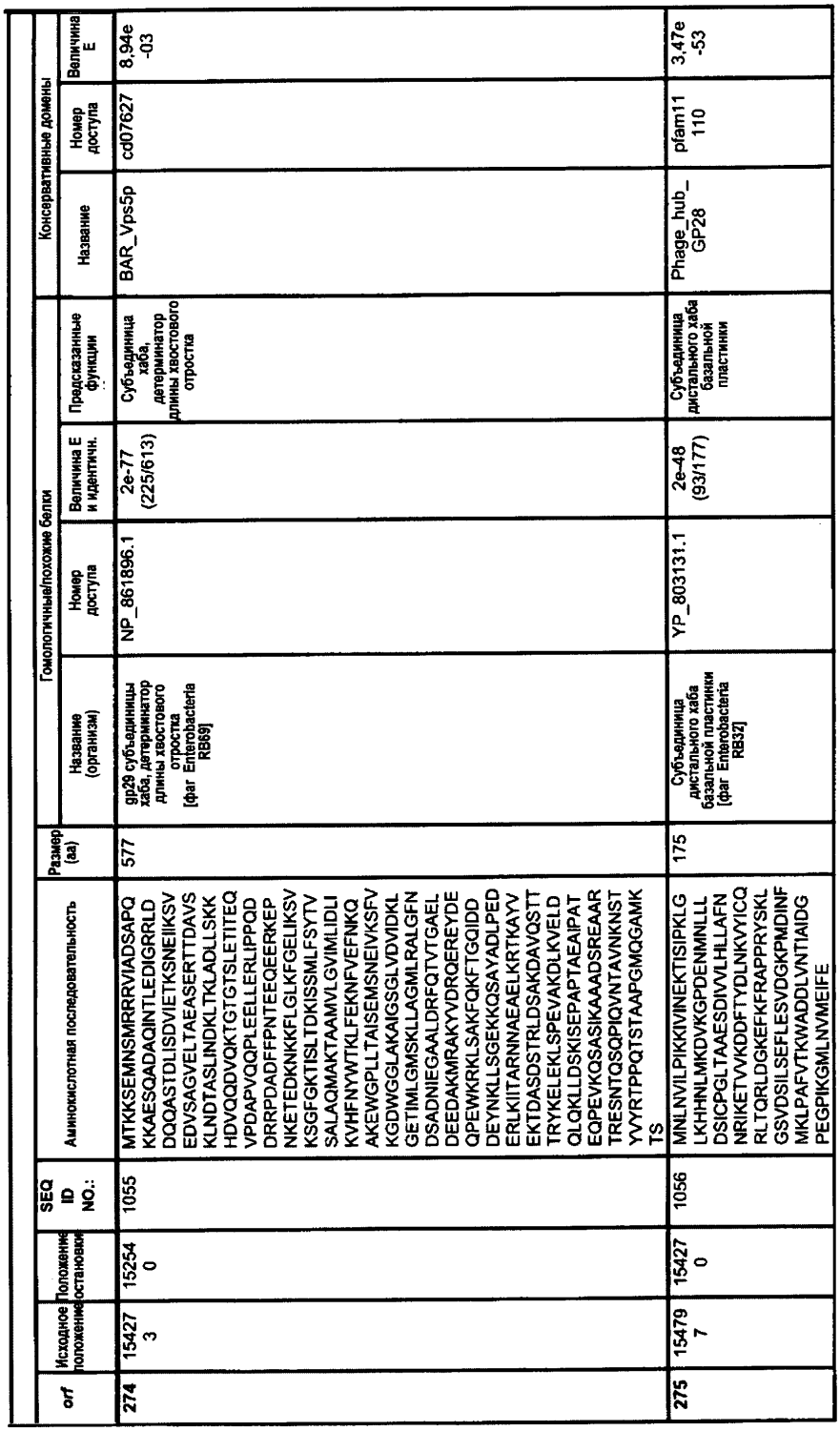


orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.:	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены			
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
272	15147 8	15055 2	1053	MFTLEEFKSQAADIDFQRTNMF SVVFATVPSSKTQALLNDFGGE LYNNMGLDGNWLGLTPGEFNQ GITTIVTQGTRQVVRKSGVNTF MIGAMTQRVVQSLLGEFTVGTY LLDFFNMAFPTAGLMVYSAKIP ENRLSYEMDKFHNAPNIKITGR DMEPLVLSFRMDPEASNYRAM QDWVNAVEDPVTGLRGLPQDV ECDIQVNLHARNGLPHTVCLFS GAMPVACGAPEFTYDGENTIAV FDVTFAYRSMQTGSVGKQAAM DWLEDKTIQKIETINPNQGLSTS ASRLSRLGGAGGGISNITTSTS RII	308	gp54 стержневого инициатора базальной пластинки хвостового отростка	YP_00159532 0.1	1e-117 (190/303)	Стержневой инициатор базальной пластинки	54, субъединица базальной пластинки	PHA026 05	4.28e -126
273	15253 0	15147 8	1054	MIFEELADGLENIKKSGTRISQG KSKLTNAPTTKVAQFPAERSAG NDSAQDMRVHDLYRNGLLFTA YDFKGRTTPDLRSFRRDVMLS SVFDSPMSALANSSSSTTSTAP VANILLPRSKSDVDSVSHKFND VGDSLVTRGSGTATGVLSNVA STAVFGSIESLTQGLMADNGEQ IYNTARSMYAGPDNRTKVFTW DLTPRSADDLIQIIRIYEIFNYYSY GVTGNSSYAKEVKAAIDEWYK GTLKSAAPDGAKVENTVFEQIT SFLSNVIVVSNPTIWTVRNFGYS TSMDGREDIFGPCQQSIRFDK TPNGHFNGLAIAPNLPSTFTLEI TMREILTLNRGNVYIGGIE	350	gp48 наконечника стержня базальной пластинки хвостового отростка [phar Enterobacteria JS98]	YP_00159531 9.1	2e-126 (225/363)	Наконечник стержня базальной пластинки хвостового отростка	Суб-единица базальной пластинки	PHA026 13	2.88e -137

ФИГУРА 12NNN

240

241

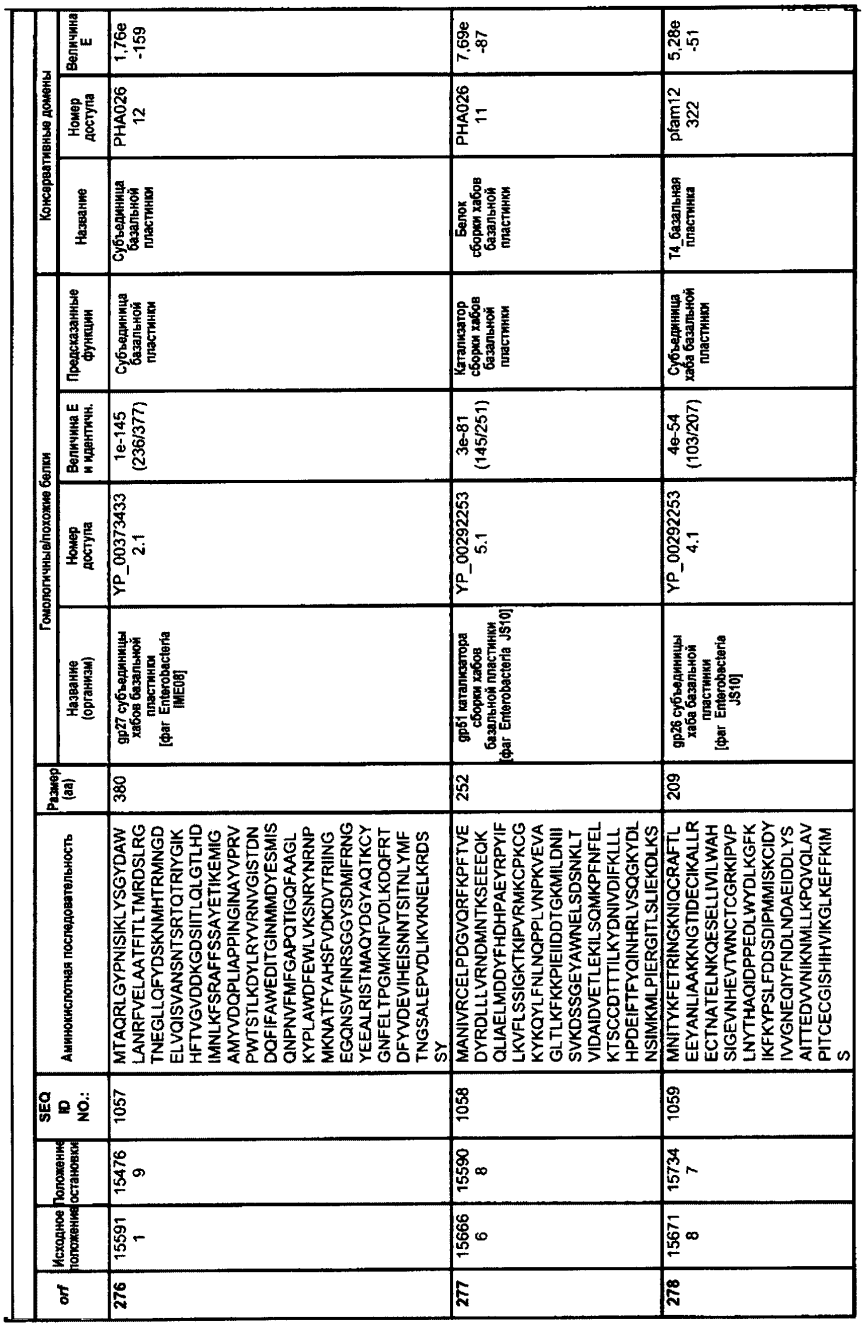


orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.:	Аминокислотная последовательность	Размер (аа)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены			
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
274	154273	152540	1055	MTKKSEMNSMRRRVIADSAPQ KKAESQADAQINTLEDIGRRLD DQQASTDLISDVIETKSNEIIKSV EDVSAGVELTAEASERTTDAVS KLNDTASLINDKLTKLADLLSKK HDVQQDVQKTGTGTSLETITEQ VPDAPVQQPLEELLERLIPPQD DRRPDADFFPNTEEQEERKEP NKETEDKNKKFLGLKFGELIKSV KSGFGKTISLTDKISSMLFSYTV SALAQMAKTAAMVLGVIMLIDLI KVHFNYWTKLFEKNFVEFNKQ AKEWGPLLTAISEMSNEIVKSFV KGDWGGLAKAIGSGLVDVIDKL GETIMLGMSKLLAGMLRALGFN DSADNIEGAALDRFQTVTGAEL DEEDAKMRAKYVDRQEREYDE QPEWKRKLSAKFQKFTGQIDD DEYNKLLSGEKKQSAYADLPED ERLKITARNNAEAELKRTKAYV EKTDASDSTRLDSAKDAVQSTT TRYKELEKLSPEVAKDLKVELD QLQKLLDSKISEPAPTAEAIPAT EQPEVKQSASIKAAADSREAAR TRESNTQSQPIQVNTAVNKNST YVYRTPPQTSTAAPGMQGAMK TS	577	gp29 субъединицы хаба, детерминатор длины хвостового отростка [фаг Enterobacteria RB69]	NP_861896.1	2e-77 (225/613)	Субъединица хаба, детерминатор длины хвостового отростка	BAR_Vps5p	cd07627	8,94e-03
275	154797	154270	1056	MNLNVILPIKKIVINEKTISIPKLG LKHHNLMKDVKGPDENMNLLL DSICPGLTAAESDIVVLHLLAFN NRIKETVVKDDFTYDLNKVYICQ RLTQRLDGKEFKFRAPPRYSKL GSVDSILSEFLESVDGKPMDINF MKLPAFVTKWADDLVNTIAIDG PEGPIKGMLNVMEIFE	175	Субъединица дистального хаба базальной пластинки [фаг Enterobacteria RB32]	YP_803131.1	2e-48 (93/177)	Субъединица дистального хаба базальной пластинки	Phage_hub_GP28	pfam11110	3,47e-53

ФИГУРА 12000

241

242



orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.:	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены			
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
276	15591 1	15476 9	1057	MTAQRLGYPNISIKLYSGYDAW LANRFVELAATFITLTMRDSLRG TNEGLLQFYDSKNMHTRMNGD ELVQISVANSNTSRTQTRIYGIK HFTVGVDDKGDSIITLQLGTLHD IMNLKFSRAFFSSAYETTKEMIG AMYVDQPLIAPPINGINAYVPRV PWTSTLKDYLRYVRNVGISTDN DQFIFAWEDITGINMMDYESMIS QNPNVFMFGAPQTIGQFAAGL KYPLAWDFEWLVKSNRYNRNP MKNATFYAHSFVDKDVTRIING EGQNSVFINRSGGYSDMIFRNG YEEALRISTMAQYDGYAQTKCY GNFELTPGMKINFVDLKDQFRT DFYVDEVIHEISNNTSITNLYMF TNGSALEPVDLIKVKNELKRDS SY	380	gp27 субъединицы хвоста базальной пластинки [phage Enterobacteria IME08]	YP_00373433 2.1	1e-145 (236/377)	Субъединица базальной пластинки	Субъединица базальной пластинки	PHA026 12	1,76e -159
277	15666 6	15590 8	1058	MANIVRCELPDGVQRFKPFTVE DYRDLLLVRNDMNTKSEEEQK QLIAELMDDYFHDHPAEYRPYIF LKVFLSSIGKTKIPVRMKCPKCG KYKQYLFNLNQPPLVNPKVEVA GLTLKFKKPIEIIDDTGKMILDNII SVKDSSGEYAWNELSDSNKLT VIDAIDVETLEKILSQMKPFNFEL KTSCCDTTTILKYDNIVDIFKLLL HPDEIFTFYQINHRLVSQGKYDL NSIMKMLPIERGITLSLIEKDLKS	252	gp51 катализатора сборки хвоста базальной пластинки [phage Enterobacteria JS10]	YP_00292253 5.1	3e-81 (145/251)	Катализатор сборки хвоста базальной пластинки	Белок сборки хвоста базальной пластинки	PHA026 11	7,69e -87
278	15671 8	15734 7	1059	MNITYKFETRINGKNIQCRAFTL EEYANLIAAKKNGTIDECIKALLR ECTNATELNKQESELLIVILWAH SIGEVNHEVTWNCTCGRKIPVP LNYTHAQIDPPEDLWYDLKGFK IKFKYPSLFDDSDIPMMISKCIDY IVVGNEQIYFNDLNDAEIDDLYS AITTEDVVNIKNMLLKPQVQLAV PITCECGISHHVIKGLKEFFKIM S	209	gp26 субъединицы хвоста базальной пластинки [phage Enterobacteria JS10]	YP_00292253 4.1	4e-54 (103/207)	Субъединица хвоста базальной пластинки	T4_базальная пластинка	pfam12 322	5,28e -51

ФИГУРА 12PPP

242

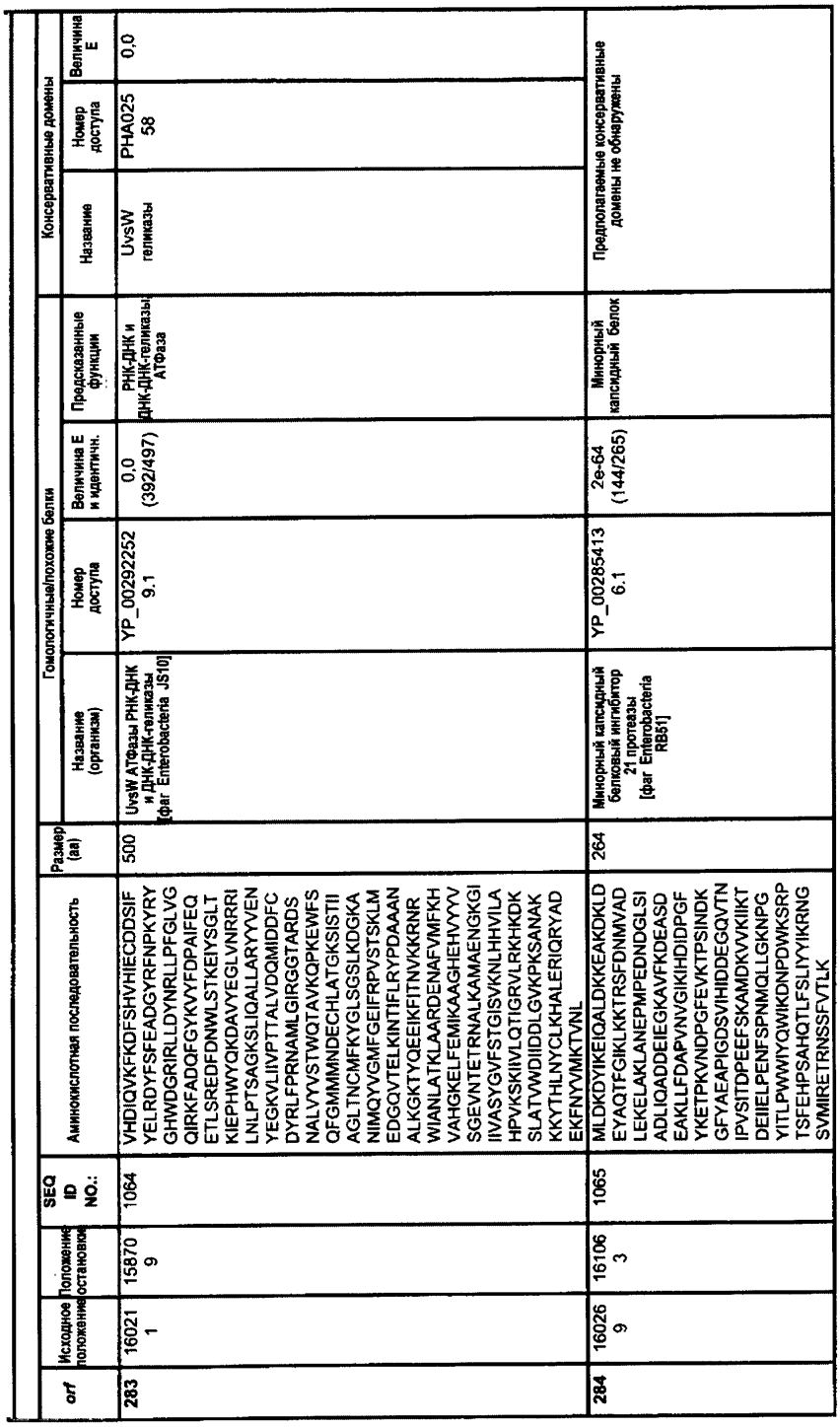
243

orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.:	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
279	157344	157754	1060	MSNIDKLYSDLDPEMRLAWDT DVSKTVGARSVKNSLLGIITTRK GSRPFDPAFGCDITNELFENMT PLTGDTIKRNIVSAVRNYEPRIN RLSVDVLPLYDDNAIIVTVQFSIV DDPDTLERIRIQMRSNANSSSR V	136	gp25 суб-единицы конус. базальной пластинки [фаг Enterobacteria JS98]	YP_001595313.1	2e-52 (98/128)	Суб-единица конус. базальной пластинки	Суб-единица конус. базальной пластинки	PHA00415	3,87e-46
280	157796	158212	1061	MRLEELQDELDNDLIIDQTKLQY EAANNPVLYGKWVRKHSTCRK EMLRLDALKKQNLKARLDYYTG RGEVGGEVCMDVYEKSEMKTV LSADKEILGVDTKLQYWGILLEF CSDAMDAIKSRGFSIKHIIDLRQ FEAGA	138	Белок UvsY связывания, рекомбинации и репарации онДНК [фаг Enterobacteria T4]	NP_049799.2	6e-51 (99/137)	Белок связывания, рекомбинации и репарации онДНК	UvsY	pfam11056	4,75e-42
281	158243	158410	1062	MSNTVCVVCKGPIDEALVVQTD KGPVHPGACYNYAIELPVTEDT EEQLQETQLLI	55	Консервативный гипотетический белок UvsY-2 [фаг Enterobacteria T4]	NP_049797.1	1e-16 (41/55)	Гипотетический белок UvsY-2	uvsY-2, гипотетический белок	PHA02610	3,92e-10
282	158712	158470	1063	MIKFEDIYEATIREATIDNFMSKI NACQTLDGLKELEKYYDKRSKE TTLADSDDIIVRDALAGRRQALE ADSEDDEDEDF	80	UvsW АТФазы РНК-ДНК и ДНК-ДНК-геликазы [фаг Enterobacteria T4]	NP_049796.1	2e-15 (44/73)	РНК-ДНК и ДНК-ДНК-геликазы АТФаза	uvsW.1	PHA02609	7,25e-18

ФИГУРА 12QQQ

243

244

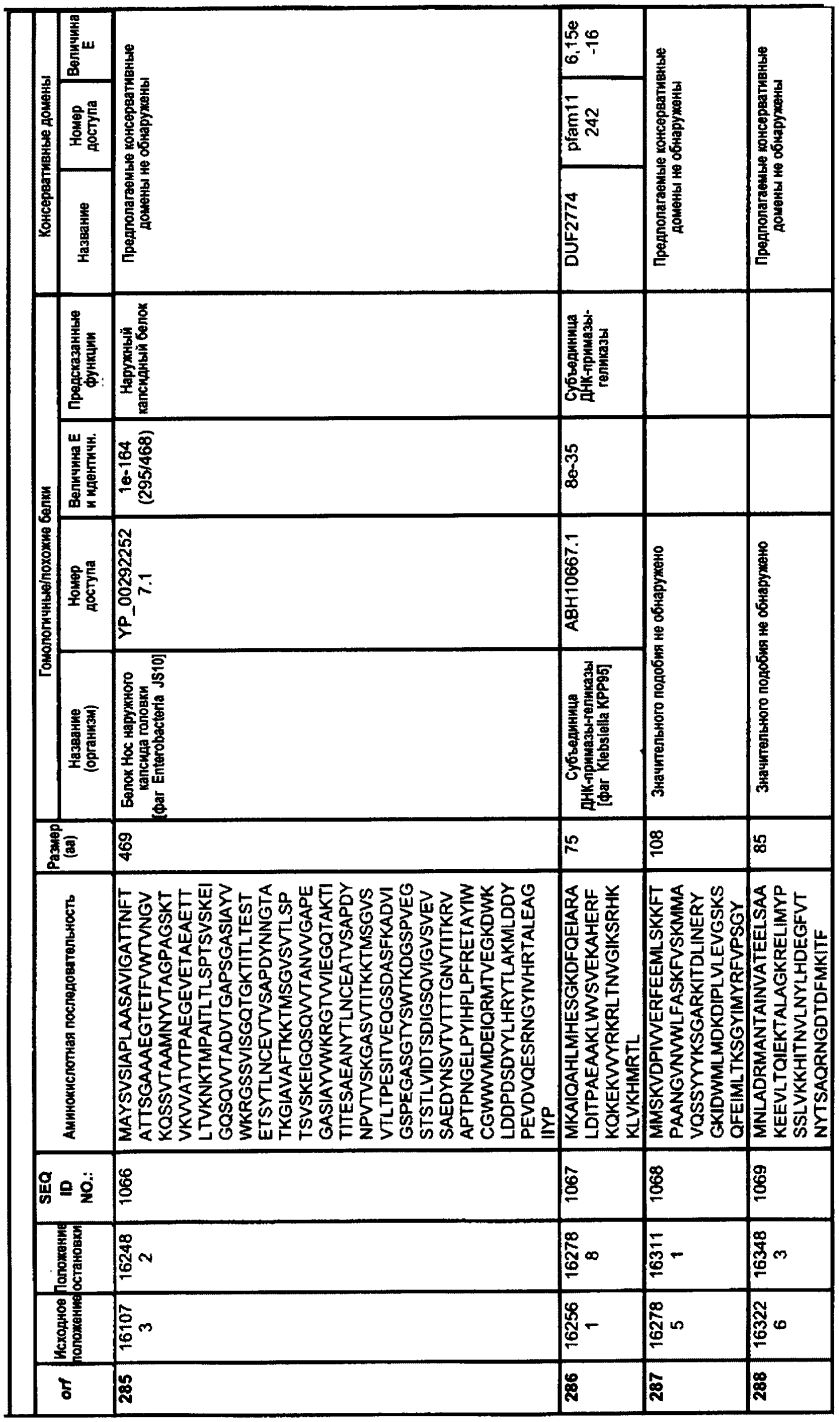


orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.:	Аминокислотная последовательность	Размер (аа)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
283	16021 1	15870 9	1064	VHDIQVKFKDFSHVHIECDDSIF YELRDYFSFEADGYRFNPKYRY GHWDGRIRLLDYNRLLPFGLVG QIRKFADQFGYKVYFDPAIFEQ ETLSREDFDNWLSTKEIYSGLT KIEPHWYQKDAVYEGLVNRRRI LNLPTSAGKSLIQALLARYYVEN YEGKVLIIVPTTALVDQMIDDFC DYRLFPRNAMLGIRGGTARDS NALVYVSTWQTAVKQPKEWFS QFGMMMNDECHLATGKSISTII AGLTNCMFKYGLSGSSLKDGKA NIMQYVGMFGEIFRPVSTSKLM EDGQVTELKINTIFLRYPDAAAN ALKGKTYQEEIKFITNVKKRNR WIANLATKLAARDENAFVMFKH VAHGKELFEMIKAAGHEHVYYV SGEVNTETRNALKAMAENGKGI IIVASYGVFSTGISVKNLHHVILA HPVKSKIIVLQTIGRVLRKHKDK SLATVWDIIDDLGVKPKSANAK KKYTHLNYCLKHALERIQRYAD EKFNYVMKTVNL	500	UvsW АТФазы РНК-ДНК и ДНК-ДНК-геликазы [фаг Enterobacteria JS10]	YP_002922529.1	0,0 (392/497)	РНК-ДНК и ДНК-ДНК-геликазы АТФаза	UvsW геликазы	PHA02558	0,0
284	16026 9	16106 3	1065	MLDKDYIKEIQALDKKEAKDKLD EYAQTFGIKLKKTRSFDNMVAD LEKELAKLANEPMPEDNDGLSI ADLIQADDEIEGKAVFKDEASD EAKLLFDAPVNVGIKIHDIDPGF YKETPKVNDPGFEVKTPSINDK GFYAEAPIGDSVIHIDDEGQVTN IPVSITDPEEFSKAMDKVVKIIKT DEIIELPENFSPNMQLLGKNPG YITLPWWIYQQWIKDNPDWKSRP TSFEHPSAHQTLFSLIYYIKRNG SVMIRETRNSSFVTLK	264	Минорный капсидный белковый ингибитор 21 протеазы [фаг Enterobacteria RB51]	YP_002854136.1	2e-64 (144/265)	Минорный капсидный белок	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

ФИГУРА 12RRR

244

245

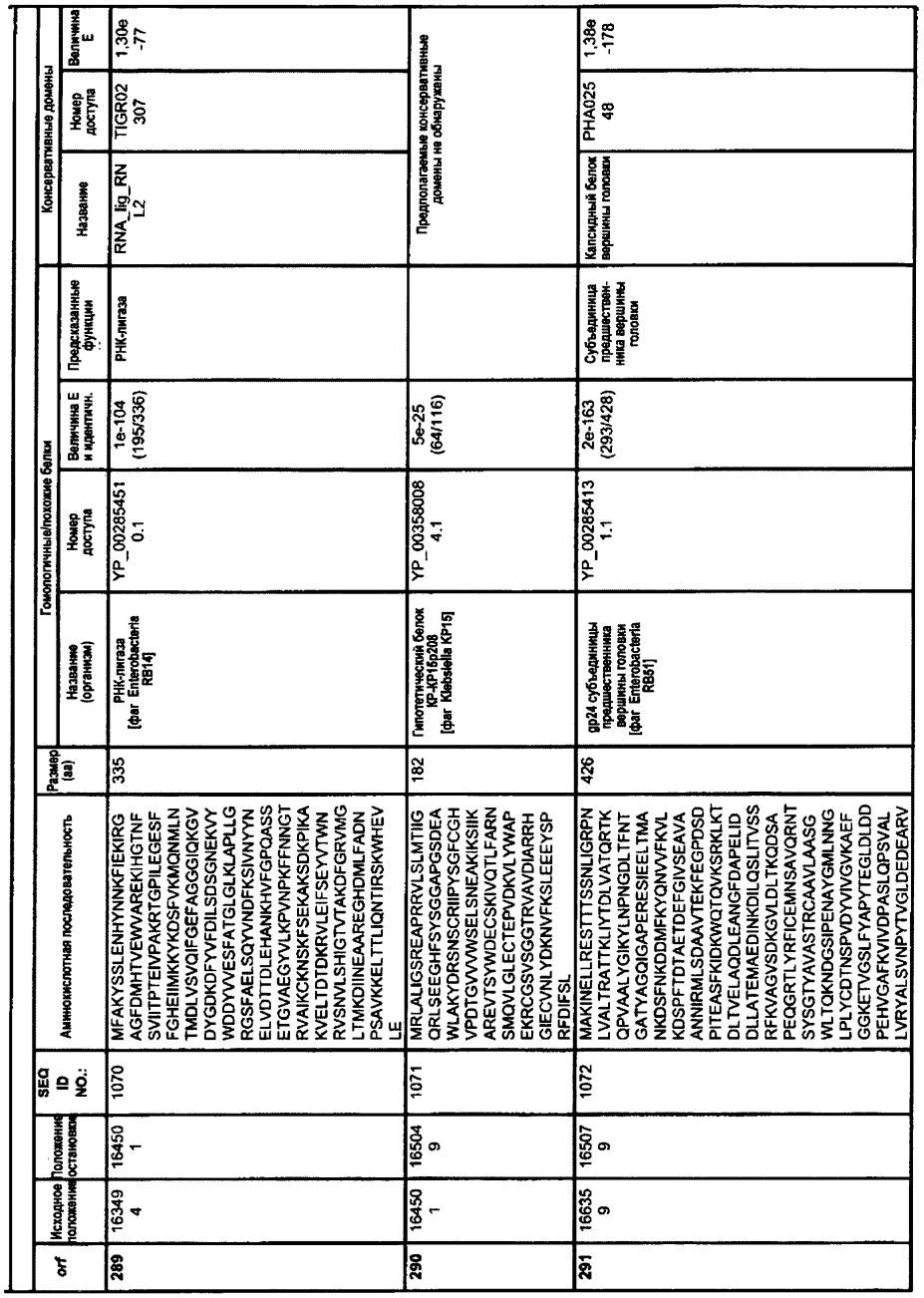


orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.:	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
285	16107 3	16248 2	1066	MAYSVSIAPLAASAVIGATTNFT ATTSGAAAEGTETFVWTVNGV KQSSVTAAMNYVTAGPAGSKT VKVVATVTPAEGEVETAEAETT LTVKNKTMPAITLTLSPTSVSKEI GQSQVVTADVTGAPSGASIAYV WKRGSSVISGQTGKTITLTEST ETSYTLNCEVTVSAPDYNNGTA TKGIAVAFTKKTMSGVSVTLSP TSVSKEIGQSQVVTANVVGAPE GASIAYVWKRGTVVIEGQTAKTI TITESAEANYTLNCEATVSAPDY NPVTVSKGASVTITKKTMSGVS VTLTPESITVEQGSDASFKADVI GSPEGASGTYSWTKDGSPVEG STSTLVIDTSDIGSQVIGVSVEV SAEDYNSVTVTTTGNVTITKRV APTPNGELPYIHPLPFRETAYIW CGVWVMDEIQRMTVEGKDWK LDDPDSDYYLHRYTLAKMLDDY PEVDVQESRNGYIVHRTALEAG IIYP	469	Белок Hoc наружного капсида головки [фаг Enterobacteria JS10]	YP_00292252 7.1	1e-164 (295/468)	Наружный капсидный белок	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
286	16256 1	16278 8	1067	MKAIQAHLMHESGKDFQEIARA LDITPAEAAKLWVSVEKAHERF KQKEKVVYRKRLTNVGIKSRHK KLVKHMRTL	75	Субъединица ДНК-примазы-геликазы [фаг Klebsiella KPP95]	ABH10667.1	8e-35	Субъединица ДНК-примазы-геликазы	DUF2774	pfam11 242	6,15e -16
287	16278 5	16311 1	1068	MMSKVDPIVVERFEEMLSKKFT PAANGVNVWLFASKFVSKMMA VQSSYYYKSGARKITDLINERY GKIDWMLMDKDIPLVLEVGSKS QFEIMLTKSGYIMYRFVPSGY	108	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
288	16322 6	16348 3	1069	MNLADRMANTAINVATEELSAA KEEVLTQIEKTALAGKRELIMYP SSLVKKHITNVLNYLHDEGFVT NYTSAQRNGDTDFMKITF	85	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

ФИГУРА 12SSS

245

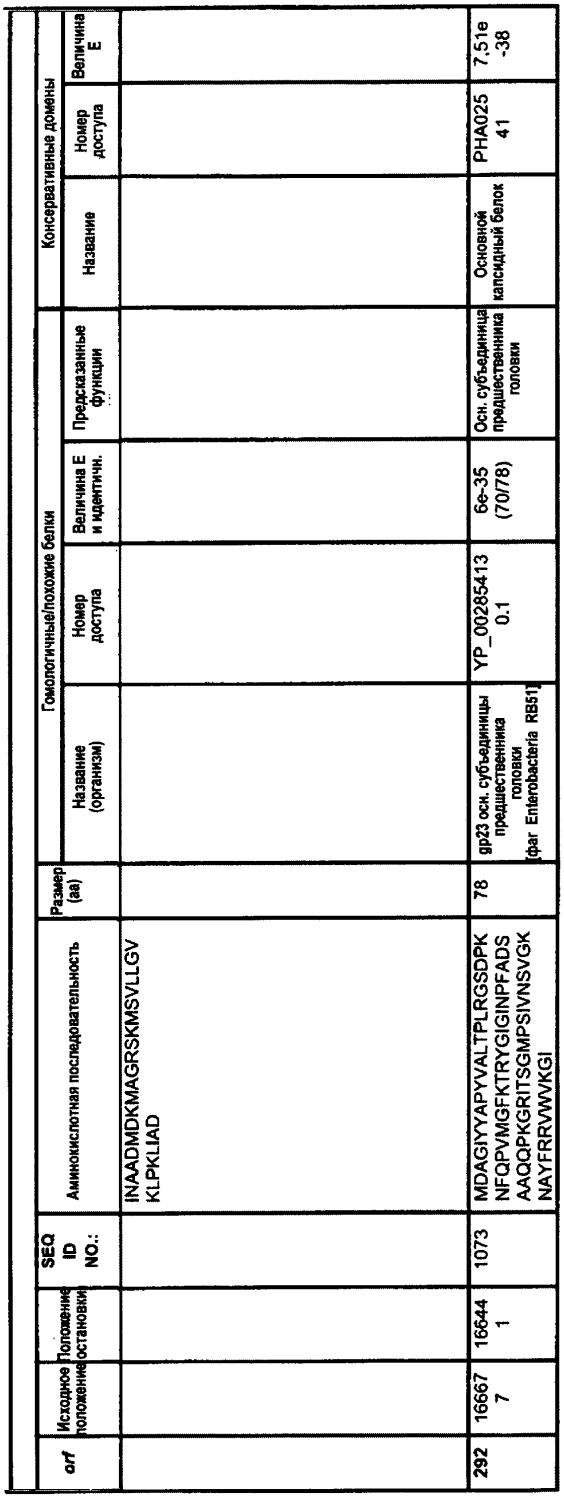
246



orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.:	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены			
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
289	16349 4	16450 1	1070	MFAKYSSLENHYNNKFIEKIRG AGFDMHTVEWVAREKIHGTNF SVIITPTEIVPAKRTGPILEGESF FGHEIIMKKYKDSFVKMQNMLN TMDLVSVQIFGEFAGGGIQKGV DYGDKDFYVFDILSDSGNEKVY WDDYVVESFATGLGLKLAPLLG RGSFAELSQYVNDFKSIVNYYN ELVDTTDLEHANKHVFGPQASS ETGVAEGYVLKPVNPKFFNNGT RVAIKCKNSKFSEKAKSDKPIKA KVELTDTDKRVLEIFSEYVTWN RVSNVLSHIGTVTAKDFGRVMG LTMKDIINEAAREGHDMLFADN PSAVKKELTTLIQNTIRSKWHEV LE	335	PHK-лигаза [фаг Enterobacteria RB14]	YP_00285451 0.1	1e-104 (195/336)	PHK-лигаза	RNA_lig_RNL2	TIGR02307	1,30e-77
290	16450 1	16504 9	1071	MRLALIGSREAPRRVLSLMTIIG QRLSEEGHFSYSGGAPGSDEA WLAKYDRSNSCRIIPYSGFCGH VPDTGVVVWSELSNEAKIKSIIK AREVTSYWDECSKIVQTLFARN SMQVLGLECTEPVDKVLYWAP EKRCGSVSGGTRVAVDIARRH GIECVNLYDKNVFKSLEEEYSP RPDIFSL	182	Гипотетический белок KP-4CP16p208 [фаг Klebsiella KP15]	YP_00358008 4.1	5e-25 (64/116)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
291	16635 9	16507 9	1072	MAKINELLRESTTTSSNLIGRPN LVALTRATTKLIYTDLVATQRTK QPVAALYGIKYLNPNGDLTFNT GATYAGQIGAPERESIEELTMA NKDSFNKDDMFKYQNVVFKVL KDSPFTDTAETDEFGIVSEAVA ANNRMLSDAAVTEKFEGPDSD PITEASFKIDKWQTQVKSRKLKT DLTVELAQDLEANGFDAPELID DLLATEMAEDINKDILQSLITVSS RFKVAGVSDKGVLDLTKQDSA PEQGRTLYRFICEMNSAVQRNT SYSGTYAVASTRCAAVLAASG WLTQKNDGSIPENAYGMLNNG LPLYCDTNSPVDYVNVGVKAEF GGKETVGSLFYAPYTEGLDLDD PEHVGAFKVIVDPASLQPSVAL LVRYALSVNPYTVGLDEDEARV	426	gp24 субъединицы предшественника вершины головки [фаг Enterobacteria RB51]	YP_00285413 1.1	2e-163 (293/428)	Субъединица предшественника вершины головки	Капсидный белок вершины головки	PHA02548	1,38e-178

ФИГУРА 12ТТ

247

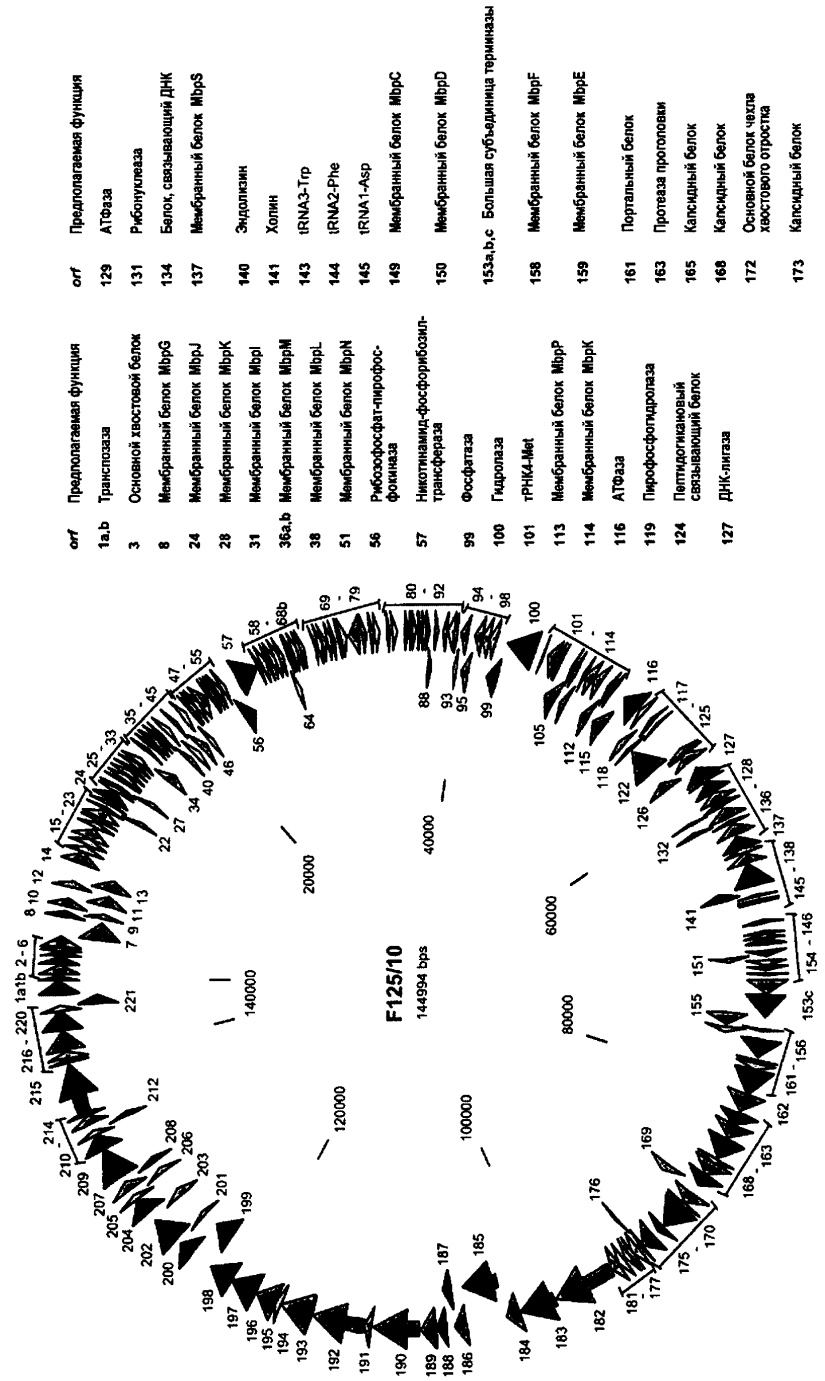


orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.:	Аминокислотная последовательность	Размер (аа)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены			
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
				INAADMDKMAGRSKMSVLLGV KLPKLIAD								
292	166677	16644 1	1073	MDAGIYYAPYVALTPLRGSDPK NFQPVMGFKTRYGIGINPFADS AAQQPKGRITSGMPSIVNSVGK NAYFRRVWVKGI	78	gp23 осн. субъединицы предшественника головки фаг Enterobacteria RB51	YP_002854130.1	6e-35 (70/78)	Осн. субъединица предшественника головки	Основной капсидный белок	PHA02541	7.51e-38

ФИГУРА 12UUU

247

248



ФИГУРА 13А

248

249

ФИГУРА 13В

orf	Предполагаемая функция
183	Лизин хвостового отростка
185	Глицерофосфориловый диэфир фосфодиэстеразы
188	Белок базальной пластинки
197	Геликаза
198	Белок регулятора транскрипции
199	Геликаза
200	Экзонуклеаза
202	Экзонуклеаза
204	ДНК-примаза
208	Белок рибонуклеотид-редуктазы
209	Большая субъединица рибонуклеотид-редуктазы
210	Малая суб-единица рибонуклеотид-редуктазы
212	Тиоредоксин-подобный белок
214	Белок, связывающий/изгибающий ДНК
215	ДНК-полимераза
219	Белок репарации ДНК
221	Сигма фактор

249

250

Таблица 11. Характеристика генных продуктов фага F125/10 и их предполагаемые функции

orf	Исход-ное положе-ние	Положе-ние останов-ки	SEQ ID NO.	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
1b	2	310	1075	FVQIPIFSLIPILRYKLEEQ GIGLIETEESYTSKTSFIDN EKPIKHNVYKGKRVKRGL FKTEEGRILNADVNGAFQI MKKVFPDVEIPRDNGFVY NPFLINC	102	Элемент IS Dka2orfB [вирус 2 Hyperthermophilic Archaea]	YP_003773391.1	5e-18 (109/405)	Транспозаза	orfB_IS605, вероятная транспозаза	pfam01385	2.87e-36
2	475	1107	1076	MAKKNVNDVLQQESVTV ADKYLQVKVNRDGYTRT HEGQYAYKVVSEGEELFL YPVQTDGKGTLNVMKKS PIAYTDGDNIHFVVNTVV DPYNHSFIRTEDIKGLDKG KQLIQAFLAFVEDRFKFG VYNVFVANSKEDVLSIVD PTDNDADEVKDSLEHAHE DVIADFPASPARKDVKGV DSGEGQGDTSEPSAPKNV QVTPKEDGADVSAE	210	Гипотетический белок KgORF95 [фаг Staphylococcus K]	YP_024523.1	6e-177 (209/210)		PHA02283, гипотетический белок	PHA02283	4.55e-71
3	1121	1642	1077	MVNLAKLNLYKGNELLN SVEKTEGKSTITIENLDAN TDYPKGTFKVSFSNDSGE SEKVDVPQFKTKAJKVISV TLDVDSLDLTVGDTHQLS TTITPSEASNKNVSFESDK SGVASVTSEGLIEAVSAGT ANVTVTTEDGSHTDIVAV TVKEPIPEAPADVTVEPGE NSADITA	173	Предполагаемый основной хвостовой белок [фаг Staphylococcus K]	YP_024524.1	1e-88 (168/169)	Основной хвостовой белок	Big_2, бактериальный Ig-подобный домен	pfam02368	2.14e-04
4	1657	1884	1078	MEKTLKVYSNGEVVGSQ VANNDGATTVSITGLEAG KTYAKGAFKVAFANDSG ESEKVDVPEFTTKTPTEEP	75	ORF189 [фаг Staphylococcus G1]	YP_240967.1	3e-33 (73/75)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

ФИГУРА 14А

250

251

Таблица 11. Характеристика генных продуктов фага F125/10 и их предполагаемые функции

orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
				SGEA								
5	1979	2239	1079	MDIPTILFRNPYDYTKVK KLMENKEQYIVVKFDSVS VHNLNVQGMMNVIQDYL HTYGYRVKEYGQENASK DDERDVKGYLYERVGE	86	ORF174 [фаг Staphylococcus G1]	YP_240968.1	5e-42(86/86)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
6	2243	2998	1080	MGIIVNSNHIQSDTLYEYD SFFDIEKVDTFEEGLLSIQ DEPTVLAGFIYDDITFNKV INSNSDIDDYIKNNDIYYV SDIGLLPDTFITVDSDKKY YSLLQQVVELSKDPFKW VEDDAKGLTKYYNFQDF EDVFDLNSFYKKEVDMV REKCYNNGNVYLJLYEVL PDYKLPLAYSLLSNKEHGI VIIGSQTRSNNDILTFVVK GMDAKAIASMFNVEHDY DSNIFHTFVNSHINILGNQI TKFIREKGSSYE	251	Типотетичейий белок KgORF97 [фаг Staphylococcus K]	YP_024525.1	2e-140 (248/251)		PHA02284, гипотетический белок	PHA02 284	5,61e-42
7	2991	4241	1081	MSNYKTIEEVQAVIIGVLF KDEGKIVTSKFNKITKEFG LDRIGKDDLKEIVEDIRQD AYLNELKNKAIKGKVTLG DLKDVADNQVFEGNNYH EEVSTVVVAKEKELSHLR EQRKHNRHTAYPQIMFDE LKEHMVKELQGETLVEH HGSKANINDTELIVLLSDF HIGSIVSDMTNGKYDFEV LKARLNIIFINTTVKEIEDR EISNVTVYFVGDLVEHIN	416	Гипотетический белок KgORF98 [фаг Staphylococcus K]	YP_024526.1	0,0 (415/416)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

ФИГУРА 14В

251

252

Таблица 11. Характеристика генных продуктов фага F125/10 и их предполагаемые функции

orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
				MRDVNQAFETEFTLAEQI SKGTRLLIDLNVLSNVVS GELRFGIIGGNHDRMQGN KNQKIYNDNIAYVVLDSL LLFQEQGLLNGVDIIDNRE DIYTIRDTFGGKSIIINHGD GLKGKGNHINKFILDSHID LLITGHVHHFSVKQEDFN RMHIVASSPMGYNNYAK ELHLSKTKPSQQLLFVNK ENKDIDIKTVFLD							
8	4255	4623	1082	MDTIFIIGVAFITFATFNIV FRLFDLWTTEKKMVSQG QPPLSNFEYYHVIVPYLV GVIVITLSIIFRDSLYSAQS GFGIIITSFIYMLVYVIIGL VGSFILTIFQARKARQYQT QEDNNEVQ	122	Гипотетический мембранный белок MbpG [фаг Staphylococcus A5W]	ACB89126.1	5e-62 (119/122)	Мембранный белок MbpG	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
9	4610	4921	1083	MKFNDIYEQLIKNDTVQN IHESQDDKGNIYTIQFDKG NDKYLFNVINDGFLKEMT NGMVDHPEGQPYSVSLIN KETPSMSVKQYLTDVEDI VPTIRKMEKDFL	103	Гипотетический белок KgORF100 [фаг Staphylococcus K]	YP_024528.1	5e-53 (103/103)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
10	4985	5521	1084	MDFNFSAFDNSSLAMRIS EGVYYFNDTPYYFIEHVE EEMSEYVIVYDIHDREEK ENPQKKYRIEPYQRTIPGG TPLSNLIKSMMPQRKYPK KVTEDPIFVANVIPLGTDT VTGKTGKGFFERDKDRTI YSQKEPTKVVHGQYTGV	178	ORF075 [фаг Staphylococcus G1]	YP_240973.1	1e-99 (178/178)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

ФИГУРА 14C

252

253

Таблица 11. Характеристика генных продуктов фага F125/10 и их предполагаемые функции

orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
				FIGLTSVKWNRTYTPLES VVEYYKRVKGDRLNV								
11	5514	6281	1085	MSNDVVKFYEKDIKDLIR TKKHMFKDDFITSDINDIR IFNEKVICQGKCRTDCLVL DRNGTVMGIEIKTERDST QRLNNQLKYYSLVCKYV YVMCHDKHVPKVEQILK RYKHNHVGIMSYISFKGK PVVGKYKDATPSPHRSPY HTMNILWKTNLMTILRLI RDPHTYRTGYSYNASGRY SGGEGNFSQTTQSKRMKK PAINQIIHYVGVDNTYKL FTRGVIYGYNNRWEVIEE DFFNTMKNGVRVINEQRQ TK	255	Гипотетический белок KgORF101 [фаг Staphylococcus K]	YP_024529.1	6E-149 (255/255)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
12	6259	6705	1086	MSKDKPNRRKEIQHQPVN FAPMNTLTGANNSFFAKK PSEPKDATSVIEYRILFIKR FDNVTSTDVKLQKKYAL NLISEALDVKETYLSLKQ KGKKTESILHTDRVYYVH RGKKLIGKCSIREQRTFKG KHLIFIFKTRHRVKAERKD K	148	Гипотетический белок KgORF101 [фаг Staphylococcus K]	YP_024530.1	3e-80 (147/148)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
13	6705	7568	1087	MLKGFSEHVDKPTTTKTL YKTLTSGKVELLGVSYDS DYFPSGVTVQSYIEDIGNE DEGLQFVNKINVVESMKQ AVVGMNNQLGSSGLGYV RTEQLKKELEETGLMTDL	287	ORF036 [фаг Staphylococcus G1]	YP_240976.1	1e-159 (283/287)			TIGR01500	8.02e-03

ФИГУРА 14D

Таблица 11. Характеристика генных продуктов фага F125/10 и их предполагаемые функции

orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
				LARGTNLTSTKKVDIVSTF IEPEVTYQDITIAKDIKLRL YKLEEESPLNGYTHIVYLL TTEKLYDGQTLFGMLSKK DKLSKGDTDKLLAFFRNN SLISKSVFCVKLLSKDYYF NLYNTHETGIFFLEDTDVI TIACGQSYVKVNTKDIKS SYVKIEDKTHKLTELVINL KGDDTLTILF								
14	7940	8671	1088	MARKKNLRNKNSDIKVV PDKEKESILSKLYHNKLLR SKVDNALDFEDMSYDDIIE LCKEYDLELSKSAITRYKS KRKEAIENGWDLEELIDK RKKTSVKDIKEKETPILEE EQLSPFEQSKHHTQTIYDD IQVLDMIISKGAKGLEFVE TLDPALMIRAMETKDKIT GNQLKGMSFIGLRELQLK QTAQDTAMSEVLLEFIPEE KHEEVLQRLEELQNEFYK NLDLDEESRKLKEALDRV GYTI	243	Гипотетический белок KgORF103 [фаг Staphylococcus K]	YP_024531.1	6e-135 (242/243)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
15	8689	9147	1089	MADEISLNPIQDAKPIDDI VEIMTYLKDGRVLRVKQ DNQGDILVRMSPGKHKFT EVSRDLDKESFYYKRIIW VLYNVSVNSLITFDVYLD EEYSETTKVKYPKDTIVE YTREDQEKDVAMIKEILT DNNGNYFYALTGETMLF	152	ORF094 [фаг Staphylococcus G1]	YP_240978.1	7e-81 (148/152)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

ФИГУРА 14E

254

255

Таблица 11. Характеристика генных продуктов фага F125/10 и их предполагаемые функции

orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены			
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
				DENKLNKVKD									
16	9212	9655	1090	MFISLNQEKELLTKEESK YTPLETSREFNTPKEEFIV TSYNEGKPLDYIAKEAKV SMGLIYTVLNYYKVGKR NKKSPVEERIAHILKDKNL VKEIIKDYQYMNLQDIYS KYNLHKNGLYYILDLYH VERKSELKDKALFFDNIV VE	147	Гипотетический белок KgORF103 [фаг Staphylococcus K]	YP_024533.1	3e-77 (147/147)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены			
17	9672	10376	1091	MRNKKSFQEQLNDMRNK EKWVSEEFTEEVAPSEEP EVEEEKLYTLNELKENLL DAQGLKDVVADFPASKD LYEPNKLYICTIPKGYQST EVQPGQYIGISTGLLSESE DFSHLRGQMPRNLYETSH VLKPLVRINNTSIEYQQHE LLEDIKEDKNVYDVELED LRLATGEEISYLEIVDSKF FESRINEVLDFYHELTDSD DLLEYYNKLRELVGNDR MIYCPLLNKCVKIID	234	Гипотетический белок KgORF106 [фаг Staphylococcus K]	YP_024534.1	2e-113 (215/234)		PHA02290, гипотетический белок	PHA02290	2,24e-29
18	10522	10836	1092	MYHDKAKNEVSTFLSNT GKIKEEKNVEFVGDYTLK KVEDNKAYFMETLPTYLP GRTGDNSIDMRYYKTSRF KEGVNFKLIRVVTEDGED NPIHKYRFEAVPTKK	104	Гипотетический белок KgORF107 [фаг Staphylococcus K]	YP_024535.1	2e-54 (104/104)		PHA02291, гипотетический белок	PHA02291	2,86e-15
19	10983	11225	1093	MEMADLERFDAFVRLISD DELSEERILELSVDLLNPIL	80	gp ORF14 [фаг Staphylococcus A5W]	ACB89137.1	6e-37		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

ФИГУРА 14F

255

256

Таблица 11. Характеристика генных продуктов фага F125/10 и их предполагаемые функции

orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
				EGGTAYRAKKRIKSKFGK LEAKNFKRNYKFLLKSIA QIDQRR				(79/80)				
20	11230	11787	1094	MTEREKLIKEIEEANRDIQ LQLKEVDNYKDSIRSKGT RNYISTKVLDSITVGFIVSF LILIIMRVLEYFVTGNAVY SPLAPAVIIMFVLALGTW KVSKMNKIVSYRGTIKMY WELSNAEQKQAKVFKYP NDEVDIVSKFNLRQITFSE INILHLKYMRYNKAVEQH TKLSKELFKKDKETVDKN K	185	Гипотетический белок KpORF108 [фаг Staphylococcus K]	YP_024536.1	1e-71 (133/135)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
21	11823	11999	1095	MVIPSIKAQNKFKNELEY YKQGHISESKMLELAFDY IQELEQNNEYVTNLLEEE RYGE	58	ORF240 [фаг Staphylococcus G1]	YP_240984.1	1e-24 (58/58)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
22	11989	12240	1096	MVSKFIGVYLFNLLVVAL VYTVGFLFFYGVASLVIIL THATIDPFVLATFLGIGFL VIRTAHRIMARVINDAVA QAIKDKENE	83	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
23	12233	12466	1097	MNKGEFIMDKTLPKFSVY EVIVKTVIMTPTEGSSDLE SFYFSTRELAERFVEENTV ETKNGKRVSFAVKERKV NQPG	77	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
24	12548	13192	1098	MKVSEEVKQSYLENKAN TKMDKISWSELKASPLGIT	214	Гипотетический мембранный белок MbpJ	ACB89141.1	4e-88	Мембранный белок MbpJ	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

ФИГУРА 14G

256

257

Таблица 11. Характеристика генных продуктов фага F125/10 и их предполагаемые функции

orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
				LGDIIFYSVVIIDNIIAIILTL TLIGTITDSIESTLAQIIVGV FIIITYGILSALIPILHKAV SPGWSYTEWNESYYIRLP GEENYKYYSKWYLDLLG VKEFYYKRDSGEEVKEK NISWAFQAEVKRPEDVNH WKNQLLTNRPLTILEYKK LKKLDKESEIRKQEDLEE YKQYNSN		[фаг Staphylococcus A5W]		(162/173)				
25	13207	13455	1099	MISSFDSILLVIYIIIIAFAVA MAIIYLVFKGMTILLDKL MMLLLSKTTLDVEACSMI MAVISTIVFGIIVLLIWLAV NNILL	82	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
26	13467	13643	1100	MDFNDFINSESDRVGNPK QKKKVENKLPSSIPIEDRE KKLKEIRKKKSLYIDLRRKR ND	58	ORF241 [фаг Staphylococcus G1]	YP_240986.1	5e-22 (55/58)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
27	13636	13932	1101	MTKETNVLYKDKYRDYT IVVRLAGNIVTEVDKKH KTAFTPIIFDNGVEGVELV MRIGSVELSMTDLREFTK EVSTAQKALEYFNKKLYI KGLTDEAF	98	ORF152 [фаг Staphylococcus G1]	YP_240987.1	1e-48 (97/98)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
28	13980	14162	1102	MLLGILWFIWGFVSYFVL MFGIEFCKDRWMPGVIGA GALLLFLFWIMKSIHNAM TVVYLY	60	Гипотетический мембранный белок MbpK [фаг Staphylococcus A5W]	ACB89144.1	3e-24 (59/60)	Мембранный белок MbpK	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

ФИГУРА 14H

257

258

Таблица 11. Характеристика генных продуктов фага F125/10 и их предполагаемые функции

orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
29	14175	14543	1103	MDILIIHYKETNKRVLKET IQTIQNHLNDEHGLVKMT ATKLSRENIEKRFNNYNIV IAEDDPDNSYHYSEAVEE ADFIIDIPISYLDIHAGVEW DVDNPVDMLDRNPDFIEA VNKLNEDLML	122	ORF119 [фаг Staphylococcus G1]	YP_240989.1	1e-62 (119/122)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
30	14556	14903	1104	MLNEKLKNLEDTKVYMI NSIASLLSASTGKSSKVFF DEGTIKIVSGETKAVEVID NLVHPHSGRLPIKTTERIA LGRLTDSLQFVISEIEVVK DQIIDEENEAYIDFVMED WDWD	115	ORF124 [фаг Staphylococcus G1]	YP_240990.1	5e-59 (114/115)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
31	14909	15181	1105	MDLLTIASVAFIAVVIIDLI NDDMSYMLTGTAILINW AGFYGWFFLLQAGMLLF LLLARKVKDDKESILYSS ASLICALGMIINLLSFS	90	Гипотетический мембранный белок MbpI [фаг Staphylococcus A5W]	ACB89147.1	8e-42 (90/90)	Мембранный белок MbpI	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
32	15251	15556	1106	MSKETIRRQFSNAIEIMAT TKEWWNFPKSFNTSKEFK IKTFKNDTLVFEVREGSR NLGSFVIFTNIDFDYDKLE GTSTQYMINYFAKKLTKD MFNYHKLQL	101	ORF140 [фаг Staphylococcus G1]	YP_240992.1	8e-51 (98/101)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
33	15571	15921	1107	MREELKPFNRKQVNVKG YLDDVKYSKRRRHKGNQ HGCVKITVTDVKNGIPID HVNIEVGISFYEKLKELQG KRIQFVGTVYKYVKHAR GRKGRIKGFYKEDYSVTL	116	ORF122 [фаг Staphylococcus G1]	YP_240993.1	2e-59 (116/116)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

ФИГУРА 14I

258

259

Таблица 11. Характеристика генных продуктов фага F125/10 и их предполагаемые функции

orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
				DKKLQKEEK								
34	15921	16523	1108	MIKRRKHLDHSLQPEKG WRTVPFNGYYEAHPTGLI RNKVTKKLIKGTQTRKNH PKWTAHEIVYLINPKKTS YSRGVVIAHTFPEMISQSR GDLKNGHIVCFKDGGDRSN CHVDNMFIGKGNVNKNI YKLNDSYLTRKDIEEDVN NLVNERLFSQLELLIKKNE PERITPSNHFIKRDNNVFSI TDLSKNSLVEFELEIKNIK	200	ORF065 [фаг Staphylococcus G1]	YP_240994.1	2e-113 (200/200)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
35	16537	16716	1109	MNEWYALCYYDKVGKK KIPRQIKAHRDVSVLEDL KDRLEEQNPKEEYKIKTT KEFDKER	59	ORF237 [фаг Staphylococcus G1]	YP_240995.1	2e-25 (57/59)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
36a	16943	17218	1110	MKLEDKVLERIDSLGNKA GNLSNQAMESLVKYQITY GIIDVVSILVIALTIFLGKV YLKEYKKVVKMDLKESLL YDDYDILSLRNSCRYTN	91	Гипотетический мембранный белок MbpM [фаг Staphylococcus A5W]	ACB89152.1	1e-35 (81/87)	Мембранный белок MbpM	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
36b	17223	17291	1111	MRLINPEVYAVKDLIEQV KGGN	22			2e-12 (22/22)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
37	17293	17586	1112	MKQRDFEPEEDFVLTYEC EDCKHFEDWGHDEEPEEC SECGSSDLINNTSHEDTEC DMCRGYIDMWQDGYRY MGDNKEYIEKEESGLICE DCYEKLDI	97	gp ORF160 [фаг Staphylococcus A5W]	ACB89153.1	2e-48 (97/97)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

ФИГУРА 14J

259

260

Таблица 11. Характеристика генных продуктов фага F125/10 и их предполагаемые функции

orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
38	17603	17890	1113	MNKAVEQASNALGQGFS AMVWHQVLAGLGFILLG LVLSLLVWVLVKKFHVPF NHPTAFVVYSIMLVSIVAS FIWGGLHVINPEYYAILEL KGFIK	95	Гипотетический мембранный белок MbpL [фаг Staphylococcus A5W]	ACB89154.1	2e-45 (94/95)	Мембранный белок MbpL	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
39	17901	18017	1114	MTKEELEQKVKELEAEN KELKKQIERFEDEGGKTK DEQ	38	ORF362 [фаг Staphylococcus G1]	YP_241000.1	1e-10 (38/38)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
40	18007	18273	1115	MNSRQKKILTLTVSNFLIL ALDTVALIRYKKGKIKQF NYNTGQITRMIATTANSL GILYLEEQERKEVKDIKV GTFEIGALKRFTNNK	88	ORF170 [фаг Staphylococcus G1]	YP_241001.1	3e-31 (68/86)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
41	18351	18656	1116	MKGIIIFYKEETKEDLGYF LGFINFKLEGLSYTTEGTL VDNDVVVLKDNQNEDN LEQFSMSNNNLVIGILGHS SLSVRIYEKGIRQEFDRVE EYLEELRQ	101	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
42	18656	19057	1117	MIFILIFGLLFILSLLGIFIYF IVLRKKKQLIEERESFGIY NRTKEKLGDVTRLGYEED VYKLIHNQSNKTIIEDKKS KVVDTIKKMYELELTSVD VSKVEGLSPLDTEPMTNM KLLSYKLDREGLYSLSKFI	133	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
43	19068	19304	1118	MEFIDKNNVIKAYDIPNV YLKGYVLQACDKNGDTT AYDGYDQIHYKEGRVLTF	78	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

ФИГУРА 14К

260

261

Таблица 11. Характеристика генных продуктов фага F125/10 и их предполагаемые функции

orf	Исходное положение	Положение останов-ки	SEQ ID NO.	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функция	Название	Номер доступа	Величина E
				PFDKPLRKINVLSGYYKLF KKEDII								
44	19301	19828	1119	MIYFVSDLHFGHDNIREFE APTRSHWNSVEEMNEGLI ELWNNTITNNDIVYNIGD FFFNMKPSKVEDILNRLN YKEMILIAGNHDHKKLIK LYERNGITVKYADMIKKD GKRFYLSHYPTLIGRKNM FNIHGHIHSQLMGTEYHIN VGYDVEGKIAYSFDDIISR AGEYNGEIQR	175	Фаговый белок [фаг Staphylococcus aureus subsp.TW20]	CBI49957.1	2e-66 (124/165)		MPP_AQ1575, Aquifex aeolicus AQ1575 и родств. белки, домен металло-фосфатазы	cd0739 0	2,83e-37
45	19809	20129	1120	MEKFKGKDLYKTRIRKQT IKNLVIKTEKLHNKHGKY RPIGHVYYYPKTKEFTLS KPEQKIFIEYMKELGFNV KHRRRKKTLIIYKNAFTE YISMYHEAIEQIEGGT	106	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
46	20129	20359	1121	MEYLFLFIGIGMIIWGFIAP YLAFVVYYKHVRENHNG FSDEESLEEATVLGMGFM FIAFIPIGILVVIEEIKILFF	76	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены обнаружены		
47	20412	20618	1122	MKHFILILGIVILVIALGIVI LVIALGIVLPAWILQLVLS AFGVKVSIWVCIGIFILISA IGSMFSRN	68	ORF236 [фаг Staphylococcus G1]	YP_241002.1	5e-20 (59/68)		Предполагаемые консервативные домены обнаружены		
48	20633	20896	1123	MAKYESNINGENYIATPS QALREALAKLITEEKSFAE YQTKGGEQYESQLQLRHF DAMISQYEEAIRVLEDKY	87	ORF171 [фаг Staphylococcus G1]	YP_241003.1	1e-41 (85/87)		Предполагаемые консервативные домены обнаружены		

ФИГУРА 14L

261

262

Таблица 11. Характеристика генных продуктов фага F125/10 и их предполагаемые функции

orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
				RPQIFIPKDNKEEN								
49	20899	21216	1124	MKAESIARFFNDKVLQIE GYKVRFPQASSSYILDIDT VDESVLFLDAQVSTLSGK HLLDTAITIERPETLSAKE LYTEISNKLQAIVGDQTKT TIELSRYFKEEK	105	ORF137 [фаг Staphylococcus G1]	YP_241004.1	2e-51 (102/105)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
50	21217	21897	1125	VSNKTITNHLLNLKGINIE TYSIIARIKKQTSWGDKG DSFEISISYKADKDPRTVR YITTEITIDYSSNNPKEILL QLKDKIFSIVEEQVETDND FIESIKEINSTKALEKLKPY INNEYYSMFKSSIEKEIPV ALSSEVLNRCTGKTSTLA YLALEKDLPLVVSNEPMR KMLKNKFPHLRVSSAEDY SNYDIKGEIVLIDEVDIDQ LYSADKVSVDALLVGIIK N	226	ORF055 [фаг Staphylococcus G1]	YP_241006.1	5e-116 (210/226)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
51	21975	22133	1126	MIPIIVILIGLILFLSSGYKL VLGKYYDDVDLKILFTIF GVGIALLLGGFIL	52	Гипотетический мембранный белок MbpN [фаг Staphylococcus A5W]	ACB89160.1	3e-17 (51/52)	Мембранный белок MbpN	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
52	22149	22373	1127	MNYEEVLRTIKENKPCKV RFTGNILAIVNEEFNADTD KGVLQLDVSNINKEGYIR LQQYCLERDDYTVVGAII. F	74	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

ФИГУРА 14М

262

263

Таблица 11. Характеристика генных продуктов фага F125/10 и их предполагаемые функции

orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
53	22386	22586	1128	MNYRDFITDCISGGYNVH ISVTEKRVHIISEMTSASYP KKEINLDELQAYVYYMN NFGSQITTEGL	66	ORF211 [фаг Staphylococcus G1]	YP_241008.1	2e-31 (66/66)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
54	22587	22877	1129	MELVNIVAVLVGMYAIY FYVTKFSTGLSGILIVLGM AIGLYFYLDYLNVRENVI RLVSVMFGAFLFSIEMIYN KIMFEIKKSNVQKTVRVY DKEQ	96	ORF155 [фаг Staphylococcus G1]	YP_241009.1	7e-46 (96/96)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
55	22971	23279	1130	MYPEIDVEKLAYKLKSTR EYLESIKIKEVEIYEIYHLK TGKLVFKGEYIEVKELLR KMYKENLTLVDVDTMLSI GKGFIDVIKNISAENVFQI TYKKELSTK	102	Гипотетический белок KqORF109 [фаг Staphylococcus K]	YP_024537.1	2e-47 (99/102)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
56	23276	24184	1131	MIKIFSEVDKEYKPIITEKF PNGEINFKYDDLKYLVEE NLRFDVFFKWENDADLM HLYMFTKYLEQLGIKDKA EFLEIAYLPYSRMDRVEE GHNNMFSLKYITEFINNL NYKSVWVVVEPHSPVTEEL LTNSVAIDVTLKLLNQYIE MSEEPVTIVLPDKGAYDR YLFDVERILMESNIESYSI VYGEKKRDFETGKIKGIKI IKDKNTLYDNCIILDDLTS YGGTFVGCKKALDKLKV SSVSLILTHAERAFAEGAL LSSGFKDIIVTDSMFPKNN WEKAIAKHRARINGTELQ	302	Предполагаемая рибозофосфат-пирофосфокиназа [фаг Staphylococcus K]	YP_024538.1	2e-172 (299/302)	Рибозофосфат-пирофосфокиназа	RibP_PPkin, рибозофосфат-пирофосфокиназа	TIGR01 251	8,54e-17

ФИГУРА 14N

Таблица 11. Характеристика генных продуктов фага F125/10 и их предполагаемые функции

orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
				IKDIERYL								
57	24202	25671	1132	MLNPTLMCDFYKLSHRE QYPEGTEIVYSTLVPRSNK YYEHSDNIVVFGIQSLVK KYFIDMFNKEFFNRPKEE VINEYKRTVKFTLGQENP DAKHLEQLHDLGYLPIDV RALKEGTVVHPNTPVMTI ENTHSDFFWLTNYLETIIS TQTWQAMTSATLAYDMR KMLDKYAMETVGNIEAV DFQGHDFSMRGMSSLETA QLSSAGHAISFKGSDTVPV VDFLESYYNADVEKEMV VASIPATEHSVMCANGNY ETMDEYETYKRMLTEIYP TGIFSIVSDTWDFWGNMT KTLPRLKDIIMERDGKVVI RPDSGDPVKIICGDPDADT EYERKGAVEVLWDTFGG TETEKGYKVLDEHVGLIY GDSINYERAQQICEGLKE KGFASINVVLGVGSFSYQ FNTRDTHGFAIKATYAKI KNEEKLIYKNPKTDSGKR SHKGRVAVYKDGSWEDN LTLHQWLNKQNVNQLER VFEDGKLYRDQSLSEIREII KNN	489	Никотинамид фосфорибозилтранс-феразы [фаг Staphylococcus K]	YP_024539.1	0,0 (488/489)	Никотинамид фосфорибозилтранс-феразы	PBEF_подобный пре-В-клетки колониеобразующий фактор (PBEF подобный)	cd01569	2,88e-163
58	25750	25995	1133	MIYKISKHNYYSRFEYSSY LPDEGFAYIDYVDVILIGV DNPRKRKVITLKADEFNP SDFKVGHKYNIIKILWFEK	81	ORF178 [фаг Staphylococcus G1]	YP_241013.1	5e-35 (70/81)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

ФИГУРА 140

264

265

Таблица 11. Характеристика генных продуктов фага F125/10 и их предполагаемые функции

orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
				WFWLQP								
59	26012	26404	1134	MIIDKLNGVKLEIGGHVV SFSVSKFKTINGERQLLDY HHIKRRKQKYFRTTEEFY NEYKEIKPDKNEIDEMFES LGYVDTKLEDVVRNQEK VTEILGVSEQYLNQLSYK AIEEYVDKIVTLEIKELKG EK	130	ORF113 [фаг Staphylococcus G1]	YP_241014.1	3e-63 (121/130)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
60	26406	26603	1135	MSNSWEKEGVNYWENED CPREYLEKAFIELVEYVEG VTVPSRDVQQLREDKLRE DIGFYEYVADK	65	ORF194 [фаг Staphylococcus G1]	YP_241015.1	8e-26 (58/63)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
61	26668	26964	1136	MMNGKQIYVFLSDQYSK DILSLQLGLIKEWSRRELT YSDDVGSDADVVICTDIV RDDFVKKLSKNNSNALFV FISSFYWIGYKGGEEFVAV QDYVKGM	98	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
62	26968	27279	1137	MKKLLILFTLASTLLLAGC TPDNHEGKVLGTGEYREP TTYIKSGSVTVPVIGEMK YYVDLETDKGEDRVYLN REVYHKFDKGDDFSNVG KKVYKNDELIYKGD	103	Гипотетический белок KgORF113 [фаг Staphylococcus K]	YP_024541.1	2e-51 (102/103)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
63	27285	27584	1138	MKQFIHDKKDSYNSTNRN FDIQYYKGIPLQQIDRGYG QARARRFTINNTNQNIWIP MTYLKPNGTLKNNIDIDW ILVKEKCSLKKAGLVIKIK	99	Гипотетический белок KgORF114 [фаг Staphylococcus K]	YP_024542.1	2e-50 (98/99)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

ФИГУРА 14Р

265

266

Таблица 11. Характеристика генных продуктов фага F125/10 и их предполагаемые функции

orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
				ITGDVL								
64	27584	27823	1139	MYILERTIRGFAGQTEDIL PYYFKSKKEIVNFLKLME FLKEETNYWVKKNGNYTI IIRAKRILYIEEHIQKLKEW ENDL	79	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
65	27813	27968	1140	MTYDVYYVLYKRGEPIAQ GSMEHCLDVYYWERVHG YSNKGYELLPMGYEQEE	51	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
66	27972	28166	1141	MINIEHDYTIRTVDNRKY TYYSKHESPVTLYKNIIGK DCIEVTKYGKDKKVIIAT KYIVSIERW	64	gp ORF179 [фаг Staphylococcus A5W]	ACB89172.1	5e-23 (55/64)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
67	28184	28537	1142	MNARKARKNTKNYKDSN VVTKEQHLTYIYNKLNYL IANNSSQGKTVVVMNLRT DYPDEFSLSKLKYLKEIKQ HYKDLVFNVKTQVRKAQ WSEKSIIRYYFNLGYIDSV LVPIIHISW	117	Гипотетический белок KgORF115 [фаг Staphylococcus K]	YP_024543.1	3e-58 (110/117)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
68a	28556	28744	1143	MFFKKKKLSNVEKQIRQN RNKEDKERKEHQDKLDT DMYKTYELDKIVEEHLRK LNTISLEEL	62	Гипотетический белок KgORF116 [фаг Staphylococcus K]	YP_024544.1	8e-24 (58/62)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
68b	28754	28942	1144	VCLGTRLVYYYSIGKDW NKQVYSLNELEYMKKKKF KKLGFETQITNEDIGFQPY IYLRLLWDA	62			7e-29 (61/62)				

ФИГУРА 14Q

266

267

Таблица 11. Характеристика генных продуктов фага F125/10 и их предполагаемые функции

orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
69	29627	29788	1145	MNLTFEDKLEDLLKKVRS GEIEPIEYSQVNDEHPNGK TTCGVTFKFDIDTPTK	53	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
70	29883	30188	1146	MIILFTQDYDKTLMKVIL GDINTMRPNWKYSVNHP EKEEDVHIQAYEGEDIFD DIEELSDSTQDIVIGVTED DCISESPYDFNGGLRLVTK HIKEHIEKFL	101	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
71	30200	30499	1147	MIDIYLGEGYNKEYLSKA LRLINDHAPRELSYDFNN VEADVNIHTMLYVKPEDR YVYKDISYDFPGDLIICIVE DDAIVYHQGKQVSGISILR IIEELI	99	gp ORF182 [фаг Staphylococcus A5W]	ACB89175.1	5e-47 (91/98)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
72	30596	30889	1148	MIEIYLSENYDKDLLKAE LKWIKETASRELTYDVNR NPNLDVHVSPFRYTKDEV KEISLHPQFEDDVCVFIAE TWIHEYHRGKSIGVDSME EYVKEM	97	gp ORF185 [фаг Staphylococcus A5W]	ACB89178.1	5e-39 (80/97)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
73	30892	31149	1149	MFKVYYTVYHKGSMKTI KDKLDRSSLIYFLYDTWY KDISNVFPNHYNKEFGSN SDDIDIDKLIEAVNEEGILL INRGNYVTIREW	85	ORF175 [фаг Staphylococcus G1]	YP_241027.1	6e-41 (83/85)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
74	31267	31506	1150	MVTLTYTIIHKESDRVIAS GLDELEVINLVQRMVNTN LVTDISLDDYIRRPSGDID VLNLLVDIRRQGVFDFNH	79	gp ORF187 [фаг Staphylococcus A5W]	ACB89180.1	4e-32 (69/79)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

ФИГУРА 14R

267

268

Таблица 11. Характеристика генных продуктов фага F125/10 и их предполагаемые функции

orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
				TWHVG								
75	31517	31864	1151	MIVIYTDVSKDYLKDEFL PWLNERDRYLEDYKDELP EDIDSSYIVSVVYCKDME GLLERKDIVIGNSYNEPVA LLGVPEFFGNYSNYFYYR GESISKHDLGEIVRLKAW QRMGGD	115	Гипотетический белок KgORF118 [фаг Staphylococcus K]	YP_024546.1	1e-57 (112/115)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
76	32761	32069	1152	MKHNINNIEMFSKYYIKE NKVYSKKTNKELKKDKN NFYRMTDDINKARKVKID TLLQYNLKDYNSINNLPN EKWKRIENNINNIFNYSVS NYGRIKRHGNYYMIEKLV KPHNHKQGYKIVKINYKH HSIHRLVYEYFGNDFNQD YHIHHIDGNKQNNHINNL QCISPTEHNNLHHKDETIN NFKRGKSLTDNERKNIYK LYTEKGFTQEELSNMYNV SRITINRNIKRFK	230	ORF085 [фаг Staphylococcus G1]	YP_241035.1	3e-37 (83/165)		HNHc, HNH нуклеазы	Smart00507	5.4ke-03
										Сигма 70_r4	pfam04545	6.44e-03
77	32902	33210	1153	MEIKEIADTIMYLFNMDG YRCAEPPLYESTLNHTRT HTALIVSIKGNYDTVQMF RKTPIMSMRGQSQPASML VNVIDDVIIIVYENVVYGV QNKEIKFIEEI	102	ORF145 [фаг Staphylococcus G1]	YP_241031.1	9e-49 (94/102)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

ФИГУРА 14S

268

269

Таблица 11. Характеристика генных продуктов фага F125/10 и их предполагаемые функции

orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
78	33417	33704	1154	MTNKNYLYEETHTVQGQ DITAFRIPNDTNGNPRYVV HFMDLNIKLADYDNINKL YGFNKYRAKWFGGGVVF QSYNIEDTLNFALDKVKEI EAVKN	95	ORF159 [фаг Staphylococcus G1]	YP_241032.1	2e-39 (78/88)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
79	33754	34026	1155	MILEIETKPVKTLKAIKDD TKNIKNSIAEHLGLNREQF KLSNGLITLKGYSEEFKC WYNLTSTIGNFPKYLKSE LYNEYKLYCNVELKTK	90	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
80	34550	34708	1156	MLKFKWKNKTIKSTQKT DNILLLIIGGLVATITPKLV NWFLLLQDNINIFLR	52	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
81	34875	35255	1157	MFKLQNKVEIIVPKEDNN GVEIADKRIKEYVNSITME AGGCTITEIKGQWYSEDE KRIMEDNNLNLEWYYIPD RAKFMTVELKGIVRRLIE VYGQEAISIKVNGTLYIVD QSDIEELHTTLLNIMK	126	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
82	35747	35968	1158	MNRLEIVKDTAMEYILM MDNSVMDGVMTQEEYN EAVSFEKVYDYTLSEANK ECKFLGGKVLTFLVHEAI EEYA	73	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
83	36049	36186	1159	MRYEIVTLVNQELFMYAT FNKQEAEAKYSEWCELY GQENVSMEKN	45	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

ФИГУРА 14Т

269

270

Таблица 11. Характеристика генных продуктов фага F125/10 и их предполагаемые функции

orf	Исход-ное положе-ние	Положе-ние останов-ки	SEQ ID NO.	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
84	36215	36493	1160	MILNYTKEKEMIQMKLL NQENQIVISIATLESVKQA LIWEYIDHIDYNIWNNEL DDTEAVVKISGILQSIKFA DTMEDLQEYIGDIGWKLI	92	gp ORF194 [phar Staphylococcus A5W]	ACB89187.1	3e-24 (56/78)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
85	36584	36823	1161	MKKNVKASTIEWLELTQ GHGEFDGFDEEDMDFRK LDDEDIKWYFENWYFTEE KQEQIIDEIGQEEFEEAYS DDIKEYNN	79	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
86	36898	37158	1162	MTKFKLIDKNSFYVNDNY NNETYLTSQIVLSGEAGR LLDDMIEDCEDEHDKDN YKKLDTNNIDDIDYILECA NVYIYPYNKTEFKY	86	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
87	37176	37349	1163	MNTRRANKALNEAVRLL DKQIEDTQKTMQELNKQL EQQIKAKQELMTLVDVM TGDDE	57	gp ORF002 [phar Staphylococcus A5W]	ACB88993.1	2e-19 (50/57)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
88	37349	37618	1164	MNIKEAHKVVRSAKSKLL QEQEHITNHIIEDYIIEELH RRTQGSGTIQMNNNTASY SNGSYGSLEELREAYDLS SLSTGEIKELLETFV	89	ORF166 [phar Staphylococcus G1]	YP_241041.1	2e-33 (71/89)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
89	37720	37971	1165	MKEQIKQFEKELEMAVN NLFVLHDCGVSQAKIEEQ NQKVVYLKAIVENMKAY EEIRVEPKSEEQFFKELEE ELEEEEKILKGI	83	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

ФИГУРА 14U

Таблица 11. Характеристика генных продуктов фага F125/10 и их предполагаемые функции

orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
90	38522	38259	1166	MKLYQVEHDNCEPYEDN YSYREDKVYTNKENLIKR IKAEGYEEKISGYLQDGY TYYYKDNIEDVPLFREDM ITIHELEVINNTSEEE	87	gp ORF004 [фаг Staphylococcus A5W]	ACB88995.1	5e-19 (52/83)		PRK14902, 16s pRNK-метил-трансфераза B	PRK14 902	6,40e-03
91	38955	38524	1167	MENYKNFIIEEMNKAHIL VTKAEQIKGDRKLAETEL EEVYRKAEAFDEIVNELL YQLQNLESWDTLDQKDC QTLKQILEENIKEEKQME RFKVKRIITTEEVRYIDAE TEEDAWYSVEYEDEGTD TAHFSAEYGEWSYEREDN	143	ORF103 [фаг Staphylococcus G1]	YP_241047.1	1e-67 (129/142)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
92	39149	38958	1168	MIEISISWTYLITFLLLWSA GTLYINYLVYRIRLTNKER KEMSKEHHRNREEIKQRI ENRRDK	63	ORF224 [фаг Staphylococcus G1]	YP_241048.1	1e-26 (61/63)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
93	39394	39146	1169	MRYDINEKCYDEKDFVL QIIYENYSDETDREVETIY NKAEAWDKLCEMLKDK DMSDGHFEEEMFKLFSRT GKSFTIDKEESQ	82	Значительного подобия не обнаружены				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
94	39876	39394	1170	MNKTFFKFLGKNTLEYSK QGLGFLVALPIMLIIFSVFL AFIIGIPAVIIYALHALNID NDFIIQLVPVMWFIILYGI VRTDEHKKPFVKLKLKD YLLSILYLTTITAISVLESY LLFQLLPFTGDVRAVITLL SFIVFVAVNRGICKIAIKSY	160	ORF087 [фаг Staphylococcus G1]	YP_241049.1	5e-81 (153/159)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

ФИГУРА 14V

271

272

Таблица 11. Характеристика генных продуктов фага F125/10 и их предполагаемые функции

orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
				KEYKEEL								
95	40300	39869	1171	MNIKYIDLVLENCDVVRL ESKDVSRFHISGITEGIDY YGTYKETSNISRTRHCTYF GILIDKPMEIPQVGFAYPD NTNAYEMITAYSDITAIDII YENDANEVIYVDFNEYND NYNINQKNDYYNNMLEIT ITESNSREEEDE	143	Гипотетический белок KgORF2 [фаг Staphylococcus K]	YP_024433.1	7e-74 (139/143)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
96	40856	40314	1172	MDKINLNKKHDGSTVVNI SNNIMLKIQCTDLRKECD DSEAPTTYTHFKAYIVYNI FIVVNDRKQKKKVKYDY YNDHVGRGNVKDLLKVK DVIFQLSTQLNTNEIIKISG ADERRYKIYKYFIEKDIRF EDNMYYSKSNIWIINNFSL LQKFQWNTVVTKDGDYN KKELKKVDKEWKELLI	180	ORF073 [фаг Staphylococcus G1]	YP_241051.1	8e-96 (177/180)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
97	41356	40868	1173	MRETSEYIMFWGKEDIYS NFYPIKFKHQGRTFNNSE QAFMWRKARYFNDFQIA GEILNAKNPNHAKSLGRK VRNFNEEQWNKVRYDIM VEVVKDKFMTTHLKQRIL DTDVRKDFVEASPYDKIW GVGLKANDPKILEQSNW KGQNLLGKVMEDVRVHC IYNK	162	Гипотетический белок KgORF4 [фаг Staphylococcus K]	YP_024435.1	2e-90 (160/162)		Ribofla слияние, консервативный гипотетический белок, rbA/mbD-слитый	TIGR02464	2.28e-60
98	41767	41369	1174	MKKKYFKGLKLNDFEKE VFGLKKNKKYKKMKKKL	132	Гипотетический белок KgORF5	YP_024436.1	8e-69		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

ФИГУРА 14W

272

273

Таблица 11. Характеристика генных продуктов фага F125/10 и их предполагаемые функции

orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки			Предсказанные функции	Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.		Название	Номер доступа	Величина E
				GRNEPKYWNYDMSFFIQL YADLNAFVESSNHVDME YHTFVDVDGKERTQIDMI KHLSLIKYYHKEMDDFD MDKYDELEQVQSKILDNF KIVLPSLWN		[фаг Staphylococcus K]		(130/132)				
99	42471	41764	1175	MAIYVVPDIHGEYQKLLTI MDKINNERKPEETIVFLG DYVDRGKRSKDVVNYIF DLMSNDDNVVTLLGNHD DEFYNIMENVDRLSIYDIE WLSRYCIETLNSYGVSTV TLKYSSVEENLRNNYDFI KSELKKLKESDDYRKFKI LMVNCRKYYKEDKYIFSH SGGVSWKPVEEQTIDQLI WSRDFQPRKDGFTYVCG HTPTDSGEVEINGDILMC DVGAVFRNIDFPFIKLEVK K	235	Предполагаемая протеинфосфатаза [фаг Staphylococcus K]	YP_024437.1	5e-134 (234/235)	Фосфатаза	MPP_PPP_ семейство фосфопротеин-фосфатаз суперсемейства, домен металлофосфатазы	cd00144	6.21e-23
100	44413	42563	1176	MTKKLKLYDYENNLLKS SENIEDSIGQIVIENLNPDT TYEAGHFKICWDINGEESI KVDIPKFVTLTSSQDKLII VTYNEVEPMNIKAENIGL QDVIDTQFNDHIKEEFMA EINKLIADNKPTQQPSTTTI SPLKDKKVIFIGDSITEVN ARTTKNYHQFIADRTGLI NVNKGTSGTGYQDRKNV AYTITDKPDLICVMLGTN DYGLVGGKTKPLGTAKE HSYTTVAGSIYYTYQLS KVFPTVPIVVLTPTRIESN	616	Белок домена липазы/ацилгидролазы [фаг SP-бета Staphylococcus epidermidis RP62A]	AAW54968.1	2e-149 (277/503)	Гидролаза	SGNH_ гидролаза 2, подсемейство SGNH_гидролаз	cd01834	2.31e-08

ФИГУРА 14Х

Таблица 11. Характеристика генных продуктов фага F125/10 и их предполагаемые функции

orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
				PFKEVENGQGYTLGQLVD VIKEIAKQFSFPVLDLYRE SNIRVWDNNVNKTFFAW KEGMEDGLHPNAKGHEFI SYTIQSFLESKGTVGAIAS PPSIDTSVKDLGNGVYSK LIRPTGMRWKKDTSFVM NMSTDDIDLTANKILNVS YNGKSLNPEGYTSNSPY WYTLPAYEDGNKYNRISE VQNFLNAFTIDDNAQGL EFMRDYIKVIYVDKTKTN IVGEYTQVGYKDTTASTP PTGDTSGTITPVSNGDGTY TATFTPTAIYWKEDQSFMI NIDKTKLDLTGKSVTKLE YNGKTLVNNTSLASNSPY WLTVPTATEGTTNNRTPE VKDFVSVLTLESTGTDGR KKYKNVEIKLTYK							
101	45043	44972	1177	GGACUCUUAGCUUAAAG GUAAAGCCAACCGCUCA UAACGGUUUGACUGUA GGUUCGAGUCCUGCAGA GUCCA					tRNA4-Met			
102	45871	45323	1178	MEKIYILEEEIEEMDYDL WEEDTVYTTSYEVLGYT DSLEDAEYIRDNYGTSNPI FINEYPYLTKEKLIEEQRY FRYNSYLELKRVNGYFEIS EINELHVTEDFSINKDDKN FDSPFSINMFSHNRNSIGIE FIMFSEYNDKEDIIEKEKN SFLMKLKYLLKHSREADI	182	Гипотетический белок KpQRF8 [фаг Staphylococcus K]	YP_024439.1	4e-88 (162/169)		PHA02241, Гипотетический белок RHA02241	PHA02241	1,20e-23

ФИГУРА 14Y

274

275

Таблица 11. Характеристика генных продуктов фага F125/10 и их предполагаемые функции

orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки			Предсказанные функции	Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.		Название	Номер доступа	Величина E
				RSTSKIIDSIDKLT								
103	46093	45875	1179	MKNIINFLVDYNINFSYSE DSLNVMNNSYLVDKHGT QDYEIVGNYEHITGVFSY QTEEEVIAKLKNLIGIWE	72	ORF201 [фаг Staphylococcus G1]	YP_241058.1	4e-33 (71/72)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
104	46288	46094	1180	MRDKRIHSELLYDIIGKHI QEEENITPYIEAIYVDMM NIIVVEYTFYNENGTRML GQYPIGEVM	64	ORF218 [фаг Staphylococcus G1]	YP_241059.1	8e-29 (64/64)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
105	47015	46278	1181	MNLEKSFLLSTIEFGSTYQ GTSDEHSDKDYMSLVVQ PLSDTIFRNNEKASKHTEV SRYYAVFRFISLVLKSGFD NVLNLCAQLEQAKNTRF NKTVLDLFYDDFIFLTYV RANFKPIAYSVIGNINNIL KKGELTGKDLVKFYTFYN HLEYYNDLLDDLDNLNV SYKDFAKVKYMPKEVLD NKRSNVSIEKKKDLVNKV EPLIQEVKDKLKYNESNIK HYKDAMELVEKSLKDKT VAFLTEVYNER	245	Гипотетический белок KgORF9 [фаг Staphylococcus K]	YP_024440.1	2e-135 (243/245)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
106	47182	47078	1182	MKYILGLITLGIILFKVYE IIFKYKQDEVDTEEDI	34	ORF437 [фаг Staphylococcus G1]	YP_241061.1	4e-10 (34/34)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
107	47442	47194	1183	MSNMDFYQFLNHENVRV NSITPSQKNFIRENLELTN LEDTDIDFISSKKAKEEIEK IIRIKNEEEYDMAMDALA	82	gp ORF020 [фаг Staphylococcus A5W]	ACB89011.1	6e-40 (80/82)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

ФИГУРА 14Z

275

276

Таблица 11. Характеристика генных продуктов фага F125/10 и их предполагаемые функции

orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
				GWVTKHGY								
108	47824	47435	1184	MFKKAPQYIMEKVEKEN NILGEDLSLDIYYKGVKLT VKRHPETGHLNGYITLPS DINEKEYDSLERRAHRGIT YDDVDYEGKRVLGFDCA HAWDMTPYAIIGSLDDQY RDLEYVLSILKDMAEYVK KDE	129	Гипотетический белок KgORF10 [фаг Staphylococcus K]	YP_024441.1	2e-69 (129/129)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
109	48096	47923	1185	MEKVNHEFLAELAKSNSP VLNSKPLQDGDYNIEFDY DGFHFEFSQKNGYWQWK YNAK	57	ORF245 [фаг Staphylococcus G1]	YP_241064.1	7e-25 (55/57)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
110	48619	48137	1186	MANEKEIIRMVNYLIDNM SMWHINYARAVLIPSEVE KIIKEHEKFDDLLKKRGE WLVKGSDTDNIDDLETYN QIMNNQKDEMMIQEIDIY TQGKTITIDNEHYSSDDLN EVLNKLEQSEDIKISNYK SLYVGYTNVVGYEVTYA SSYEETFKNDLEKDL	160	Гипотетический белок KgORF11 [фаг Staphylococcus K]	YP_024442.1	2e-85 (159/160)		PHA02243, гипотетический белок	PHA02 243	2,31e-36
111	49211	48669	1187	MDRIIGKHNLTQDLRLGD KVEVYDAHKFKENEDGTI ELGDKITEGIVVDYKGDF TGNTSGLVTLDSSEKELI GEYNFKLIEEGNLQAVYD SVSKNKVESLSEDYDMYR KLLGVKSGELAGIEDELE YLVRQYNSKVDNYNGLL TLSKEKARELSLLTGNKK	180	Гипотетический белок KgORF12 [фаг Staphylococcus K]	YP_024443.1	1e-94 (177/180)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

ФИГУРА 14АА

276

277

Таблица 11. Характеристика генных продуктов фага F125/10 и их предполагаемые функции

orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
				TIPHMKNRRLELGKEADF								
112	49744	49211	1188	MVYDSIISRTMAVSILNK WIAELITDVDLDKCKFTE EEYGKVVTNSINKIQDVLI EKNYEVTDGELYDIVCTE LINPIKNNTEEEKHNEKND LLEHLEDLAFRHDIDLGY VSDGSYNLTVTHWLMQD EFTDVNIKVNNDEDFYTV TIPESKYFWLPITKENLEM FLTQDPINKGEVK	177	Гипотетический белок KgORF13 [фаг Staphylococcus K]	YP_024444.1	4e-97 (177/177)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
113	49911	49747	1189	MKNPIKLLSIAVVTILTFSL TYVILKKETNNKRNGVAP FDFSLEDHIHLNKEIK	54	Гипотетический мембранный белок MbpP [фаг Staphylococcus A5W]	ACB89017.1	2e-22 (54/54)	Мембранный белок MbpP	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
114	50192	49914	1190	MANNIWAVVLSIIILLILLI LWFLFRKKVNGGNSKNV EIQKAEENNDNKEQEVEE AQYRELNEEEKEKNENSS KDYKYDKEKVKNKLKEL E	92	Гипотетический мембранный белок MbpR [фаг Staphylococcus A5W]	ACB89018.1	2e-41 (92/92)	Мембранный белок MbpR	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
115	51037	50192	1191	MGRRLIDNSELNVIKYDG LPDFFSALKKNRVSGRDN SSDTGSYDFTGTHSFQEA YNLMVKGDRESYDMVV KLKKMTDALFRMDKSVK RKPVVAPEGYQPHVPNAI KGLPNSMMSQQRVKAEK KVIDVFYNSSISWREDPEN LAYRGAIMLSAIQTLETK GYSINLYLGKLSNSGYED	281	Гипотетический белок KgORF14 [фаг Staphylococcus K]	YP_024445.1	8e-161 (280/281)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

ФИГУРА 14В

277

278

Таблица 11. Характеристика генных продуктов фага F125/10 и их предполагаемые функции

orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
				KLTGFVVNIKHSYQRLNV FKSSFYLVNPSFLRRISFR VLEVEPDMVDLTNHGYG SVVSKSSYGNKLTEHILD NAVIFDSSVGIDINNDSSE NLRAVKKLFGGRL							
116	52167	51049	1192	MAKQDTIERLERLVEQQ METTADLAKKLGEKNSN PYEQAIVDAIVEKAGTESR EIITDVKKQIEEYVEEQLS NLPVKIELQQEGKTIKDIS GIFHYRYQDILKLVNQNIP VFLKGGAGSGKNHVLEQ VAEALDLDFYFSNAITQEF KLTGFIDANGKFHETQFY KAFTKGGLFFLDEMDASI PEVLLILNSAIANKYFDFPI GRVTAHEDFRVVSAGNT MGTGADHIYVGRQQLDG ATLDRFAQVEFDYDTKVE HQLSSNEDLVNFVQQLRH ENDEKGLPYVFSMRAIIN GSKLDGVMEDEFVVESIIF KSVPKDEINQFISSLPEGN RYTEATRKLLGMQQEPK QEPRKSDSTSKDSMDFDTI MDKLGLE	372	[Предполагаемая АТФаза [фаг Staphylococcus K]	YP_024446.1	9e-110 (194/194)	АТФаза	PHA02244, АТФаза-подобный белок	PHA02244	1,23e-175
117	52645	52319	1193	VSKRTDNFIYFCKYYFSE YLPSLGVEVLNHNETSHG TMEGVKKYYIANILYEGQ ELTVTIDLEEFNNATSMH NMLEIMNNHTYNCMFMY DMDTHETKDIDDFFKLM	108	ORF134 [фаг Staphylococcus G1]	YP_241072.1	6e-56 (106/108)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

ФИГУРА 14СС

278

279

Таблица 11. Характеристика генных продуктов фага F125/10 и их предполагаемые функции

orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
				YF								
118	53054	52638	1194	MNAKEFMKTQAQVEDYL DKLKVTIIEDALSVSKEWS NDSNDLGYALSSLGESIGL LENYYNIQVDAHLPEHYK GSKDVISFLEEHFSYDGFV DSMIFNIVKYTTRLGRKD AVDKFVQKIKTYYVRLER NIKYGDSTRV	138	Гипотетический белок KgORF16 [фаг Staphylococcus K]	YP_024447.1	7e-74 (137/138)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
119	53488	53186	1195	MEKVELIKQWAKDRNLQ TGKPEGQMLKLLEEAGEL ASGIAKSNDHVTRDSVGD IFVVLTVLCLQLDIDIEECI DMAYDEIKDRKGKLINGV FVKEEDLKK	100	Гипотетический белок KgORF17 [фаг Staphylococcus K]	YP_024448.1	9e-50 (100/100)	Пирофосфогидролаза	MazG	pfam03819	7,10e-03
120	53676	53488	1196	MEKFQEDYVNIDIRVKAY VRVGYRYEEDITNNLHEL VEDNLNVTSDSDSLIIKDT EIKGDIE	62	ORF228 [фаг Staphylococcus G1]	YP_241075.1	5e-26 (61/62)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
121	53881	53720	1197	MVKPVITLEPEDVKVLLD YLSFLEDDMRNYEGMRE LYEELHKKYQLAKGNYS D	53	ORF259 [фаг Staphylococcus G1]	YP_241076.1	4e-22 (53/53)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
122	55932	53881	1198	MAITYKQKGLTEQEIINLP KVNKGCIYIGEEDVFLKK KKNNIINLGSKELFRDHN IFSFDTATEIHLFLALCGN KEVTNFTGNPYETIEKLVE GVIEENKGRSYKEYIASSR EERKEFPLYGSKRITQIKS	683	Гипотетический белок KgORF18 [фаг Staphylococcus K]	YP_024449.1	0,0 (591/683)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

ФИГУРА 14DD

279

280

Таблица 11. Характеристика генных продуктов фага F125/10 и их предполагаемые функции

orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
123	56273	56010	1199	MSIEKKEEVVAHNEVVFK SLTQGLYVKEVDIYSDVIS YTKDIDEALAMPNTINFK NSRKYEKLIRNLDLKPLN KGYVEEKIKELENETRLR WYESRQLDEYKEVVDSL NNDIMDILYQGKYGLIKS SITSRLNEDTEKGSSKYYK EISDSLYSSTWYMHPSTE NSSSFGLKVRHIRDKYNM GNRWVLENKSSFDVKTG EVKVFLTDSLVNKEITLNL YKDDISKSEYKNELNLAV LLNVILKNYSTPNLSKNVI IKIIEETLRNDGFGLSSWC LDEVDVYGRVNYGGNKY KPLKGENSTSNYLTILTDI VKNIDKINNLEEFELFERN SLLFHIPKNPKWKIHEAFN LTKQTYKKLLTLNNFEQS NYLRFSDTLYNYYNHLH NEVNLHQLFDDTFLMVQ DVRNVTDALKVKPIVNEI LSISFANYKKMTHYLDVD AQDRQRITGYALDSYYLD YLHDLSILIREGVRTLESV NLTPFSLKLEHDIVTDEKQ SIQQQLDDAELKSKYENK LEKIIDKTYKLKDGRKVK FLPADTVSKLKNEGKMLS HCVGGYANRIIKNSCLIL ARLEEDLDNSWFTVEIRIT DNGYVLGQQQSIDAYKLP NELKEALEKDIKKINKEEF KEVA	87	gp ORF038 [phage Staphylococcus AS/W1]	ACB89029.1	5e-39 (79/87)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

ФИГУРА 14ЕЕ

280

281

Таблица 11. Характеристика генных продуктов фага F125/10 и их предполагаемые функции

orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
				KIQKVIYETHLEEL								
124	56465	56292	1200	LNDLIKEGNKYYHKVRA GETLWTISKNYGVDIKKL QELNNIKSVTLTSLEYVLV CVE	57	gp ORF039 [фаг Staphylococcus A5W]	ACB89030.1	1e-21 (52/57)	Белок, связывающий пептидогликан	LysM	pfam01476	8,09e-07
125	57050	56472	1201	MDNLSHYLSILYAILVTV GYIPGLIALVKSDSVKGVS SYFWYLIVATVGISFYNLL ITDATMFQVVSVGVNLTL GIVCLLVASYRKKDYFSIP FIVFSVLLFLLSDFTALTQ TIATITIILAYVTQITTFYK TKSAEGTNRFLFLIIGLGL ASLILSMVLSHTYVHIIAT EFVNFVLILICYLQANYYS RR	192	gp ORF040 [фаг Staphylococcus A5W]	ACB89031.1	5e-92 (177/192)		PHA02246, гипотетический белок	PHA02246	2,51e-33
126	57636	57043	1202	MVNYTKDKVCYMGGHL LNQAMVEYRTKQHEQVE GIVGVTPYSPHQDKSIND KANAEQTGLAERILNNDF KAMQESDIFVFDILNEGL GTIAELGILLGMKHQAQK IIDKYEDIFRDLEPLTQY DILEAYNIVNKPVLIYCSD IRQGHGKGYDDPDRAEFS TNQFIYGCVLSLTNGEGFI SWEEVLKRLEKLGGQDG	197	Гипотетический белок KqORF18 [фаг Staphylococcus K]	YP_024451.1	8e-79 (153/210)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
127	58522	57629	1203	MKSVTKVKNKGLSLDKF KDRGFVVQEKLDGSNASF TTENGELVCFSRRKKLNE NETLNGFYNWVHENMTD	297	Предполагаемая ДНК-лигаза [фаг Staphylococcus K]	YP_024452.1	8e-134 (237/298)	ДНК-лигаза	RNA_лигаза RNL2, РНК-лигаза, Rnl2	TIGR02307	1.21e-07

ФИГУРА 14FF

281

282

Таблица 11. Характеристика генных продуктов фага F125/10 и их предполагаемые функции

orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.	Аминокислотная последовательность	Размер (аа)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
				KLDLSILEGIIIFGEWLVKH KVNYKEECYNNFYVFDV YDKDSETYLPYSEVISLSE TLGLKTVKTLMIIEPSFYL NKLNPQEIQDLVGKSDMT VKPNTGEGIVIKYLDGKS EHDDYFKLVSKEFKEFSR KKMKSEVRSNDSVADYAI TKSRMEKMIFRAIEENRLS KDDLELENFGLIMKQVGQ NFVDDIMEEEKENMMKII EKQIKKKMPHILRGILEEK GDTIDG								
128	58750	58526	1204	MNYLAKVFINNNWLVKLI TIVLLTLLLGGLVYVISAV ALFLSTVLNLPGLVVLAF LASVSLILFSIVHNSKEDN	74	Значительного подобия не обнаружено				Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
129	59558	58818	1205	MAIQLKELDFKLKDYPNV RYNMGEHLVFNEFLEKAT TEQLDFCEDFFNDNVEIL WNESQAGTGKTMCSVAC AYADYLNKDRKLVFIISP VSEDLGSRPGNQTEKEMA YFMGLHDALIELNMNPEQ QITEMLMMEDNVKEDKL GDCWVSQISHLFLRGGNL RDSTIIINEAQNFKRSELK KVLTRVHTKNSTVIVEGN FKQIDLKNESKSGFGDYM EYFKKYDGAVFHNFTVNF RSKLAQYADNFKW	246	Предполагаемый PhoH-подобный белок [фаг Staphylococcus K]	YP_024453.1	4e-142 (242/246)	АТФаза	PhoH-подобный белок	pfam02562	3,99e-21

ФИГУРА 14GG

282

283

Таблица 11. Характеристика генных продуктов фага F125/10 и их предполагаемые функции

orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
130	60224	59610	1206	MKKINSVIKGEGKKVQTT DVRKISYYVKDYNPCMT VDDANDYNSTSQYLVSD NGKFIAKYNKDMNAVGF YEESGDTVKHLTHTTPER LEGTVFTIEEETKIDLINDT LPQGDILIKFSDGSIYLPDN ESVLDSVNYLADNDWDS VDDIIYTGLSKGNSENCIV DFNYNNYDIGYDDVEDEE VCDNYPECECSNYCSSTG EYIGN	204	Гипотетический белок KgORF23 [фаг Staphylococcus K]	YP_024454.1	3e-111 (200/204)		PHA02248. гипотетический белок	PHA02 248	2.68e-96
131	60665	60240	1207	MQDSVNIYTDGSSSYNKG KVGSGAVLVSKEGNIIAEI SKSVDKPGLIKYNNVAGE ILACCYGIEEAIKLGYNQA IVYIDYIGLIHWYEGTWSA RNILSKTYINMIREYQKVI DINFVKVKSHSNDKWND YADNLAKKSIDI	141	Предполагаемая рибонуклеаза [фаг Staphylococcus K]	YP_024455.1	1e-73 (140/141)	Рибонуклеаза	RNase_HI бактерии_HB D	cd0927 7	8,50e-30
132	60846	60655	1208	MKKGVFTVIADGFKFNVI AKDKKEVQEHCFKCFDF NYISVSFCREVYSDCEFPQ FMEDYKYAG	63	ORF222 [фаг Staphylococcus G1]	YP_241086.1	2e-28 (63/63)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
133	61510	60869	1209	MENNNLVNFLMTTDDID DTIEMVDSFELQDINKVL GEDTFLTIMEITDSLPDNQ YKIVLLSSSLDKLLNTDRK ELVEYDEEFPTIRKHNVSE LKRDTVNSVIDSYMNTNV EILYTEYPTISNYSVVVDS VKVLNTLYLIESKNGKIEA	213	Гипотетический белок KgORF25 [фаг Staphylococcus K]	YP_024456.1	7e-113 (213/213)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

ФИГУРА 14НН

283

284

Таблица 11. Характеристика генных продуктов фага F125/10 и их предполагаемые функции

orf	Исходное положение	Положение останов-ки	SEQ ID NO.	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
				TLSEDGEDLHEYISEEGYS VTDILNKFDDVEDLFDED DSLINFFSDIDEGKNKTIKS FIELVINLK								
134	61730	61500	1210	MDEKKESKPLNLQKIRVE KGHTLRSLASEIGVHYSLI SYWEYGKKKKPRSANLMR LEKALNTPGKELFKELEE DDGE	76	ORF187 [фаг Staphylococcus G1	YP_241088.1	6e-36 (76/76)	Белок, связывающий ДНК	HTH_XRE, спираль-поворот-спираль HRF-семейство-подобный белок	cd0009 3	9.43e-07
135	61960	61733	1211	MNKFKRWFRINVLKKETL LFKVYWRYESPSLKKPHV FHIELYAKSKAEARDKSH EYILKNAKASEDFKFLKV EEK	75	ORF190 [фаг Staphylococcus G1]	YP_241089.1	2e-33 (73/75)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
136	62778	62071	1212	MKKTIFATLALGTAITFGG MATNEASADEIDYNKLAE QAKSNSVEVNTKPIQEGN YDFSFSDGEFTYHFYNYN GNFGYEYHSGSTQVDNT VSRLAGEEQTPEQKVDQQ QAQFDTQNKAVEQPKQE TTTQEAPKSVEAPKVETK TTATKSTGGSVAEQIRQA GGDEAMIEIAMRESTLNP NAVNPTSGAQGLFQGLG KSWSGGSIAEQTKGAKQY MIDRYGSTSGALNFHNAN GNY	235	Гипотетический белок KpORF26 [фаг Staphylococcus K]	YP_024457.1	3e-110 (201/235)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
137	63768	62974	1213	MRKSVVISGVIGFLAIIGFI ILLMCITKIPQGHVGVVYS VNGVKEDTKSPGWHLTA	264	Гипотетический мембранный белок MbpS [фаг Staphylococcus A5W]	ACB89042.1	1e-137 (237/261)	Мембранный белок	Band_7_Hflc домен флотилина	cd0340 5	3.25e-11

ФИГУРА 14II

Таблица 11. Характеристика генных продуктов фага F125/10 и их предполагаемые функции

orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
				PFDKVNKYPTKTQTHKY KDLNVATSDGKNLQMDI DVSYKVDATKAVDLFNR FGSADIEELEKGYLRSRV QDNVRQSVSKYSVIDAFG VKTGQIKKDTLDSLNDNL EKQGFVIEDIALSSPKADK NTQKAIDERVKANQELER TKVDKQIAEENAKKKEVE AKGEKKANDIRSESLTDE VLQQQLIEKWDGKQPIQI GGDGTIVDVTGK	A5W]			MbpS	(reggie) like proteins		
138	64077	63769	1214	MALFLTYFAIFIVFLVLVG FGMSYVFDFLSMREKKSN IRKQYRELVRQGTLEEYG LEQVVKYKKQFLNDRRQ SLVTKADKQEIDKEEKAL NSLIKEIEKGEM	102	Гипотетический белок KgORF29 [фаг Staphylococcus K]	YP_024460.1	3e-47 (94/102)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
139	64810	64190	1215	MENIIGKKIEKLFVEEYVG SDKIKGKLYLCLCDCGMD RVLSKSQLYYYKSCGCM KSRNGSKKHPEYTVWRK MKERCYNKNQDSYPYYG GRGIEVCDRWKNSFESFL YDMGKRPSDKYQLDRKD NDGNYSPENCRWTTRSEN IVNRPSKLEGLKNIQERTN GKYRVSITRNNIRYQSYQ VDSIKEAINLRDRMLKEY EETKSITIFK	206	Гипотетический белок KgORF27 [фаг Staphylococcus K]	YP_024458.1	3e-34 (88/211)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
140	66363	64873	1216	MAKTQAEINKRLDAYAK GTVDSPYRVKKATSYDPS	496	Предполагаемый лизин [фаг Staphylococcus K]	YP_024461.1	0,0	Эндолизин	PGRP, белки, распознающие	cd06658	3,07e-

ФИГУРА 14JJ

285

286

Таблица 11. Характеристика генных продуктов фага F125/10 и их предполагаемые функции

orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
				FGVMEAGAIDADGYYHA QCQDLITDYVLWLTDNK VRTWGNAKDQIKQSYGT GFKIHENKPSTVPKKGWI AVFTSGSYEQWGHIGIVY DGGNTSTFTILEQNWNGY ANKKPTKRVDNYYGLTH FIEIPVKAGTTVKKETAKK SASKTPAPKKKATLKVSK NHINYTMDKRGKKPEGM VIHNDAGRSSGQQYENSL ANAGYARYANGIAHYYG SEGYVWEAIDAKNQIAW HTGDGTGANSGNFRFAGI EVCQSMSASDAQFLKNEQ AVFQFTAEKFKEWGLTPN RKTVRLHMEFVPTACPHR SMVLHTGFNPVTQGRPSQ AIMNKLKDYFIKQIKNYM DKGTSSSTVVKDGKTSSA STPATRPVTGSWKKNQY GTWYKPENATFVNGNQPI VTRIGSPFLNAPVGGNLPA GATIVYDEVCIQAGHIWIG YNAYNGNRVYCPVRTCQ GVPPSHVPGVAWGVFKG		K]				пептидо-гликан [PGRPs]	3	10
										Домен CHAP	pfam05257	1,42e-15
										Бактериальный домен SH3	pfam08460	6,49e-14
141	66866	66363	1217	MANETKQPKVVGGINLST RTKSKTFWVAIISAVALFA NQITGAFGLDYSAQIEQG VNIVGSILTLLAGLGIIVD NNTKGLKDSDIVQTDYLK PRDSKDPNEFVQWQANA NNASTFEIDSYENNAEPDT DDSDEVPAIEDEIIDGGSAP SQDEEDTEEHGKVFAEEE	167	Предполагаемый холин [фаг Staphylococcus K]	YP_024463.1	6e-90 (165/167)	Холин	фаг_холин_1	pfam04531	1,53e-25

ФИГУРА 14КК

286

287

Таблица 11. Характеристика генных продуктов фага F125/10 и их предполагаемые функции

orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
				VK								
142	67136	66951	1218	MASAKQLYYTESLVGKAI INNKVSNKEEVWDKLELL PETKLEDLDNKQMSEVIK KLNQINE	61	ORF233 [фаг Staphylococcus G1]	YP_241098.1	1e-25 (61/61)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
143	67369	67298	1219	ACACCCUUAGUAUAAUU AGUAGUACAAGGGUCUC CAAAACCCUUAGUCUUU GUGCAAAUCAAAGAGG GUGUG					tRNA3-Trp			
144	67448	67376	1220	GGUUUCUUAGCUCAGAU GGUAGAGCACUAGAUU GAAGCUCUAGGUGUCAU UGGUUCAAAUCCAAUAG AAACCA					tRNA2-Phe			
145	67528	67455	1221	GGCUCAUUGGUGUAACU GGUUAACACACUGCCCU GUCACGGCAGAGUAC GAGUUCGAGUCUCGUAU GGGUCG					tRNA1-Asp			
146	68901	68683	1222	MKRQKMFYSSLICKECGN VFKVPRKRANKREEGHIK DIYCIKCCKTTKHIEDNRS EAERRWDAIQEELTKDN	72	ORF200 [фаг Staphylococcus G1]	YP_241099.1	1e-34 (72/72)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
147	69593	69384	1223	MSKHIEITMSSGAKYFLVS TDEKSYNRQDIDYMLRG MDETSIKVYTESAITSPQV YINPNRIESFKIVF	69	ORF207 [фаг Staphylococcus G1]	YP_241100.1	1e-32 (69/69)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

ФИГУРА 14LL

287

288

Таблица 11. Характеристика генных продуктов фага F125/10 и их предполагаемые функции

orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
148	69939	69606	1224	LDKEINNLVSQVETIKSKI QEGNYIDRGTFKDLEVEV AELRKMIVSIDKDVAVNS EKQSAIYVQLERLDEKISE LAESTKTKDTKKKDTTEK VLLLVLGAILSFVFNKFA	110	ORF209 [фаг Staphylococcus G1]	YP_241101.1	5e-53 (108/110)		PHA02414, гипотетический белок	PHA02414	8.04e-30
149	70277	69951	1225	LTKYKDILKLEFKDSLAH FKRDRRFFHMYRIDRLLIN GSIIYFDYYYLPSDDPNIVI KELDLQDFGKLRFEIDTK TSYGKVVTDNYMEIINDF LENYDIHSESETVRP	108	Гипотетический мембранный белок MbpC [фаг Staphylococcus A5W]	ACB89047.1	6e-51 (100/108)	Мембранный белок MbpC	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
150	70717	71103	1226	LNNNIAIFIFKTLVIIIFLLL FLSVVNSLSLIYSIRPSVV MAYFTFGGIVSDVALTMT DKFLLKKEDPLPEYVLKK VEINDKEISIIKKIIESNYDI TSEEIKVRAKAQQRLEED SKEEDNDENEERN	128	Гипотетический мембранный белок MbpD [фаг Staphylococcus A5W]	ACB89048.1	7e-42 (112/128)	Мембранный белок MbpD	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
151	71081	71359	1227	MKTKKEIKEQRKELKDG ATTVSLVKKGDKRIASPS RICSLCGQQLSGMSVTKG KALSKVNHFHLQYSKYIY FDICADINNCYKNLRKRG EMD	92	ORF161 [фаг Staphylococcus G1]	YP_241104.1	3e-46 (90/92)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
152	71356	71766	1228	LSAENIRDIINKKKLEEED TRKYIADGFMNGIGKLMY EFNKKVDNKEIIEVKDPND LYKLFVIFSQMQNMVNET SEGGAIPQLSRPQQELFEEI TTEDSNGESTVDLQKISE	136	ORF133 [фаг Staphylococcus G1]	YP_241105.1	2e-69 (132/136)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

ФИГУРА 14ММ

288

289

Таблица 11. Характеристика генных продуктов фага F125/10 и их предполагаемые функции

orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.	Аминокислотная последовательность	Размер (аа)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
				MSAEDITEMISEKEKVMN EENSKTF								
153a	71782	72021	1229	MDGKELIKIAQETFQTFKI TREQIDHIINMLNPSTYML KYHTLRGHPITFSIPNRDR SKAQAHRPWQVRKHTMR TINLF	79	Гипотетический белок KgORF31 [фаг Staphylococcus K]	YP_024465.1	5e-34 (68/69)	Большая суб-единица терминазы	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
153b	72255	72398	1230	MIVNDTHPNKAVIKSRQL GLSEMGVMEMVHFADM HSYANAKCLYTFN	47			2e-19(45/45)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
154*	72647	73558	1231	MGKKLTNTEFLNRVFQLV SDEYSFLEEYKGRHTKLR CKHNLCSYEWDVEPGAF LGNKNKAGSRCPSCYGN VTKTTDKFKKEIYNLTKD EYRLLSEYTNAKTKVKIK HSKCGNTFSMTPNTFINGS RCPECNPQKPYNTDSAKD RINKETNGTFELVSEYKG CYELMKLKHHECGNIVEI NMQSDSNRLNCPYCYNR SRGELLVSSFLLSKNIPFE VQKRFDGFKKYPYDFYIA DYNTVIEYHGEQHYKPIK FYGGEDRLVRQKNIDLKK KNFVEGKGINYLEIPYTLN NQNKVNEFLNYFK	303	ORF031 [фаг Staphylococcus Twort]	YP_238727.1	5e-49 (119/307)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
153c	73663	75123	1232	MKKFVQSRLNPVLEKEYF RDIVDWDKDSLGFKKIRN SSLFFRTSSKASTVEGVDI DYLSLDEYDRVNLLAESS	486	Гипотетический белок KgORF35 [фаг Staphylococcus K]	YP_024465.1	0,0 (486/486)	Большая суб-единица терминазы	Терминаза_GpA	pfam05876	5,63e-17

ФИГУРА 14NN

290

Таблица 11. Характеристика генных продуктов фага F125/10 и их предполагаемые функции

orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.	Аминокислотная последовательность	Размер (аа)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
						K]						
155	75116	75937	1233	MNRGEIDLTDKLFYGTIS NEEINKSVLNLLLGEELSL DYVSKNSDTLDVKYEHV YKSLGFDNFFDCFLYANR EPEIVHKGGDKNLGGLNK VKRTVIRNGKEMEMTVY EDGNKENDSKEKQEGKE EVSRSAVGARAISNGEEG KVNPKKVANSLSSLSKKG VDVSHINTNLSLYKEFVD DNGDTLGITSFKRTENDII	273	Гипотетический белок KgORF31 [фаг Staphylococcus K]	YP_024466.1	2e-150 (270/273)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

ФИГУРА 1400

290

291

Таблица 11. Характеристика генных продуктов фага F125/10 и их предполагаемые функции

orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
				LESYASSPDSDGVGARAI MELLRLSIKENKNAVVYD IELPEAVEYLKTLGFKPNK DGYILRKKDVKQFLGDYS DFI								
156	75915	76097	1234	VIIVLFSTIVTYSIVFILYTV LKTIYIKSNMSRIDNTTEL LKILQEDIEGKIKKEGRNK	60	ORF235 [фаг Staphylococcus G1]	YP_240894.1	4e-23 (56/60)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
157	76094	76573	1235	MTLEENKLTLEESITPLSK EEKEDSIKEFSSLLCEMVN RLYKSYNVFRQDPMDET QRLDGSLMVFQSRLNDPL TGDLHDKMYKLAFSKRID IPEANKQFRKDVEAGKAI ELGDVAIIDTALSNILSGN EFQGSISFMLRKDFEEKER IRKEEEEKLNNL	159	Гипотетический белок KgORF37 [фаг Staphylococcus K]	YP_024467.1	6e-86 (159/159)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
158	76615	77826	1236	LKKKPQGNEVIITITVMIA VFVVIMTIFFNKYQDAKE DKDRYQRLVEIYKKADD NDGETKKKYVKRLNKAE EELKKVKKETNYKDYNK KSSKERQKEDKETREKIY DVTGDDDLILVKNNIDFS DKVDKPEILISEDGIGTITV PVDSGYEKQTVGSIITSVL GSPFLSPGSNSIDGLSVIND NVYPNTVDSIVEDTKPSIN LPMDNPIITNPVEPTIPSDT IPPIDNPSVPVFPENPVDN NQGNTDNPNPPPPGYTDE DGGRGSGGGGGNSEPPSTE	403	Гипотетический мембранный белок MbpF [фаг Staphylococcus A5W]	ACB89054.1	2e-163 (375/403)	Мембранный белок MbpF	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

ФИГУРА 14РР

291

292

Таблица 11. Характеристика генных продуктов фага F125/10 и их предполагаемые функции

orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
				EPSDNGNTGGGDWEEKP DPGEEPSDNGNTGGNGGE VTPEPDPTPSEPEQPNENS DEGNEEKPSEPSDNPDEN GGWETEPTEPESPSEPDD KVDEEDKNEDTTDDKQP TEQPDDNNIDNEDKTEEE							
159	77969	78253	1237	MIFVHSKFSSKNVFVLYVI YAIIGIGTYIVLTMFQTTS VLIKNDVIDSIENTEHYIGF NDPIIIFTISFIGAILGGIWY KMMKIIKKSNFKDKK	94	Гипотетический мембранный белок MbpE [фаг Staphylococcus A5W]	ACB89055.1	2e-45 (94/94)	Мембранный белок MbpE	PHA02256, гипотетический белок	PHA02 256	8.96e-22
160	78262	78642	1238	VNRLIFSKDKKWDEAKDF IKGQGMQDNWIEIVDYYR QIGGKHVAVFIALNKVKY MILEATKDNKVILVDKDN NILLEDYDIVMESKKMFY YIEEPFEVKINIPQHIRDVT YNNTVVLTTVRGSRGD	126	Гипотетический белок KgORF40 [фаг Staphylococcus K]	YP_024470.1	2e-64 (122/123)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
161	78646	80346	1239	LADLFKQFRLGKDYGNNS TIAQVPIDEGLQANIKKIE QDNKEYQDLTKSLYGQQ QAYAEPFIEMMDTNPEFR DKRSYMKNEHNLHDVLK KFGNNPILNAIILTRSNQV AMYCQPARYSEKGLGFE VRLRDLDAEPGRKEKEE MKRIEDFIVNTGKDKDVD RDSFQTFCKKIVRDTYIYD QVNFEKVFNKNNKTRLE KFIAVDPSTIFYAIDKKGK IIKGGKRFVQVVDKRVVA	566	Предполагаемый портальный белок [фаг Staphylococcus K]	YP_024471.1	0,0 (555/566)	Портальный белок	Фаг портального белка 1	pfam04 860	1,00e-13

ФИГУРА 14QQ

292

293

Таблица 11. Характеристика генных продуктов фага F125/10 и их предполагаемые функции

orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
				SFTSRELAMGIRNPRTELS SSGYGLSEVEIAMKEFIAY NNTESFNDRFFSHGGTTR GILQIRSDQQQSQHALENF KREWKSSLSGINGSWQIP VVMADDIKFVNMTPTAN DMQFEKWLNYLINIISAL YGIDPAEIGFPNRGGATGS KGGSTLNEADPGKKQQQ SQNKGLQPLLRFIEDLVN RHIISEYGDKYTFQFVGG DTKSATDKLNILKLETQIF KTVNEAREEQGKKPIEGG DIILDASFLQGTAQLQQD KQYNDGKQKERLQMMM SLLEGDNDDSEEGQSADS SNDDKSNPEVGTDSQIKG DSNVYRTETSNKGQGKK GEKSSDFKH							
162	80364	81518	1240	MSVIYKDNNWIDLTNVPY LQKGDSGYRKDIPRKNW KKCLNTEVSFSYKGKKGL FYVTYRKEDKGKVKVEY DKYVKIIDPHDLKTLNINK IVNPPNKAKYREQEVING DTVRNIRKVKNTGIVYTM LCSEYEEEYDIRESDLLRG RGSPYKSGRKVCYNNSLY SVENLREYICDLEYAKTV TKFSHKDIKCKCPICSEEK VMKVNKLVNNGFSCHRC SSTITYPERLMIGLLELNN LNYEYQKVFKDLPNRKFD FYLPKLNMVIETHGLQHY RELNGYMNHEKTKESDL	384	Консервативный фаговый белок [фаг Staphylococcus CNPH82]	YP_950629.1	6e-53 (133/332)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

ФИГУРА 14RR

293

294

Таблица 11. Характеристика генных продуктов фага F125/10 и их предполагаемые функции

orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
				EKYNYCKNNNIDYIEIDCS YSDLSFILSNVENSKLNSIL KNKNYDNLSNYIIRSKND DVKYNIYLDYCKGLSKKE LKDKYNKTSYYINRSIEIF KH							
163	81712	82485	1241	LEEIKFNAFVPMDLKKSV STASDTNEYSIVSGWASTP SMDLQNDIVNPKGIDIEYF KSQGYINYEHQSDKVVGI PTENCYVDIEKGLFIEAKL WKNDENVVKMLDLAEKL EKSGSGRRLGFSIEGAVK KRNINDNRVIDEVMITGV ALVKNPANPEATWESFM KSFLTGHGTSPDTQVDAG ALRKEEIASSITNLAYVTK IKDLKEFNDVWNGVVED LSKSNSMGYEESVLTLQL AKGLSRKDAELAVMDIN KQKLE	257	Гипотетический белок KqORF42 [фаг Staphylococcus K]	YP_024472.1	1e-146 (256/257)	Пептидаза головки	пептидаза_U35	pfam04586	8.72e-05
164	82504	83460	1242	MSKEMQNILEEYDKLNA QEAVSKSVEDDEKNTVES TEEQVAETTEEPAKEPEK VSEEDAKEAQEQGEKVES EEVAEDNEDEEVEKSAKE SKDPVDQKDTKTENKDN EKRKNKKDKKEDSDSDD EDKDTDDDKDKKEDKKE KTSKSISDEDITTVFKSILT SFENLNKEKENFATKEDL SEVSKSINELSAKISEIQAE DVSKSVDTDEEAVEKSVT STNGEQEKVEGYVSKSVD	318	ORF029 [фаг Staphylococcus G1]	YP_240902.1	9e-170 (317/318)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

ФИГУРА 14SS

294

295

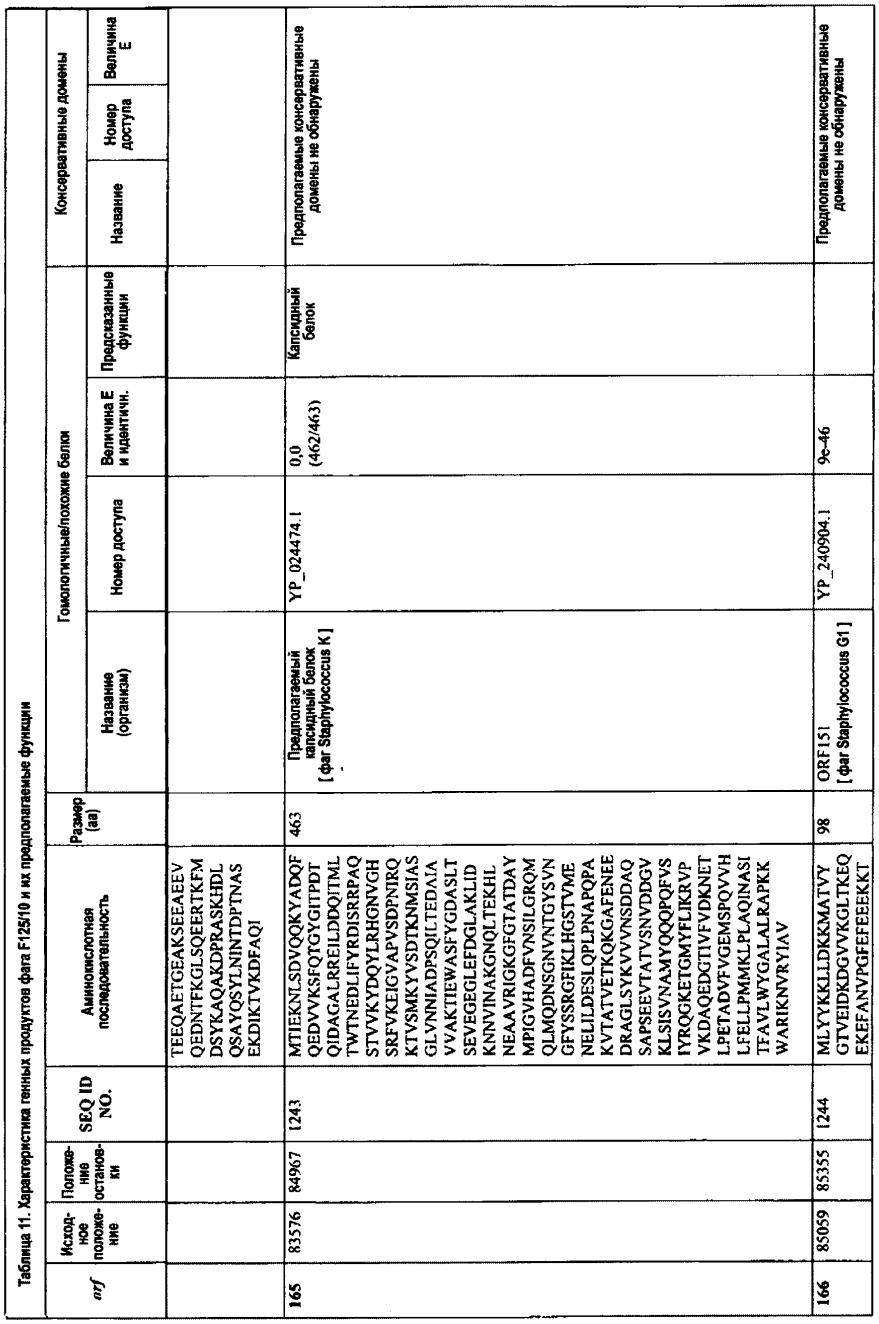


Таблица 11. Характеристика генных продуктов фага F125/10 и их предполагаемые функции

orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
				TEEQAETGEAKSEEAEEV QEDNTFKGLSQEERTKFM DSYKAQAKDPRASKHDL QSAYQSYLNINTDPTNAS EKDIKTVKDFAQI							
165	83576	84967	1243	MTIEKNLSDVQQKYADQF QEDVVKSFQTGYGITPDT QIDAGALRREILDDQITML TWTNEDLIFYRDISRRPAQ STVVKYDQYLRHGNVGH SRFVKEIGVAPVSDPNIRQ KTVSMKYVSDTKNMSIAS GLVNNIADPSQILTEDAIA VVAKTIEWASFYGDASLT SEVEGEGLEFDGLAKLID KNNVINAKGNQLTEKHL NEAAVRIGKGFGTATDAY MPIGVHADFVNSILGRQM QLMQDNSGNVNTGYSVN GFYSSRGFIKLHGSTVME NELILDESLQPLPNAPQPA KVTATVETKQKGAFENEE DRAGLSYKVVVNSDDAQ SAPSEEVTATVSNVDDGV KLSISVNAMYQQQPQFVS IYRQGKETGMYFLIKRVP VKDAQEDGTIVFVDKNET LPETADVFVGEMSPQVVH LFELLPMMKLPLAQINASI TFAVLWYGALALRAPKK WARIKNVRYIAV	463	Предполагаемый капсидный белок [фаг Staphylococcus K]	YP_024474.1	0,0 (462/463)	Капсидный белок	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
166	85059	83355	1244	MLYYKKLLDKKMATVY GTVEIDKDGVVKGLTKEQ EKEFANVPGFEFEEEKKT	98	ORF151 [фаг Staphylococcus G1]	YP_240904.1	9e-46		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

ФИГУРА 14Т

295

296

Таблица 11. Характеристика генных продуктов фага F125/10 и их предполагаемые функции

orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
				TRKQSASTSKEEEPKEEEK KASTRKTTSTTRKSTARK TTAKKDENK				(97/98)				
167	85368	86276	1245	MVNSMFGGDLDPYEKSL NYEYPYHPSGNPKHIDVS EIDNLTLADYGWSPDAVK AYMFGIIVQNPDTGQPMG DEFYNHILERAVGKAERA LDISILPDTQHEMRDYHET EFNSYMFVHAYRKPILQV ENLQLQFNGRPIYKYPAN WWKVEHLAGHVQLFPTA LMQTGQSMSYDAVFNGY PQLAGVYPPSGATFAPQM IRLFYVSGMLPRKKAGRN KPWEMPPELEQLVIKYAL KEIYQVWGNLIIGAGIAN KTLEVDGITETIGTTQSAM YGGASAQILQINEDIKELL DGLRAYFGYNMIGL	302	Гипотетический белок KgORF45 [фаг Staphylococcus K]	YP_024475.1	3e-117 (301/302)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
168	86290	87168	1246	MEKPYMIGANSNPNVINK STTYTTTQADEQDKPKY TTRLEFDTIDMIRFINDRGI KVLWEEAYFCPCLNPDTG HPRVDCPRCHGKGIAYLP PKETIMAIQSQEKGTNQL DIGILDTGTAIGTTQLEKRI SYRDRFTVPEVLMPQQMI YFVNKDRIKKGIPLYYDV KEVTYIATQDGTVYEEDY EIKNNRLYLNEKYENHTV TLKILMTLRYVVSDILKES RYQYTKFNQPKSKFENLP QKLLLKREDVIVLQDPYK	292	Предполагаемый капсидный белок [фаг Staphylococcus 812]	ABL87113.1	1e-170 (291/292)	Капсидный белок	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

ФИГУРА 14UU

296

297

Таблица 11. Характеристика генных продуктов фага F125/10 и их предполагаемые функции

orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены			
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E	
				VNDGIEEDLEIQVDDPKA SASNPSNLGGFFGGAFK									
169	87168	87788	1247	MPVHGKRPNLFKNKNYK QVGKRTIDGMRSEVLDKL QATAQQVENTSIKRMPTY LQITEKKLEKEGVVDLKK AFAHSSKKKTSKDGGWY LTVPIRIKTSRMNNSTVQD MRTLKVDKGTGSVSKITD YLEGRRKNVSHPSMKPEP MTHNMTKVKRGKQSSYF IFRTVSSKSPASSWILNRD KVNEDNFSKTTLKTVKQL MNWKMKNLN	206	Гипотетический белок KgORF47 [фаг Staphylococcus K]	YP_024477.1	1e-116 (206/206)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены			
170	87807	88643	1248	MAITSVDSYLLSEIKPRLN TVLENCYIIDEVLKDFDY QTRESFKEAFCGKNAQHE VTVGFNFPKFKNNYEAHY LIQLGQGQETKNSLGSIQS SYFEATGDTLVESSTAIRE DDKLVFTVSKPIGELIKVE DIEFAKYDNLQVEGNKVS FKYQTNEDYENYNANIIF TEKKNDSKGLVKGFTVEE QVTVVGLSFNVDVARCL DAVLKMILISMRDSIEEQQ TFQLQNLSFGDIAPIIEDG DSMIFGRPTIIKYTSSLDLD YTITQDINKLTFKERKDW K	278	Гипотетический белок KgORF48 [фаг Staphylococcus K]	YP_024478.1	4e-160 (278/278)		Кротонобетаинил-CoA; карнитин CoA-трансферазы	PRK03525	8.14e-03
171	88645	88860	1249	MARKKTPENNTPKFNGY VHIDTFLDTAKTLFNMKD	71	ORF202 [фаг Staphylococcus G1]	YP_2409091	2e-34		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены			

ФИГУРА 14VV

Таблица 11. Характеристика генных продуктов фага F125/10 и их предполагаемые функции

orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
				SQVAGFKAYMEGSHYLFS EQEFLPSLEKYLGRKLDI				(70/71)				
172	88887	90650	1250	MAVEPFPRRPITRPHASIE VDTSGIGGSAGSSEKVFCL IGQAEGGEPNTVYELRNY AQAKRLFRSGELLDAIEL AWGSNPNYTAGKILAMRI EDAKPASAEIGGLKVTSKI YGNVANNIQVGLEKNTLS DSLRLRVIFQDDRFNEVY DNIGNIFTIKYKGEEANAT FSVEHDEETQKASRLVLK VGDQEVKSYDLTGGAYD YTNAIITDINQLPDFEAKL SPFGDKNLESSKLDKIENA NIKDKAVYVKAVFGDLE KQTAYNGIVSFEQLNAEG EVPSNVEVEAGEESATVT ATSPIKTIEPFELTKLTGGT NGEPPATWADKLDKFAH EGGYYIVPLSSKQSVHAE VASFVKERSDAGEPMRAI VGGGFNESKEQLFGRQAS LSNPRVSLVANSGTFVMD DGRKNHVPAYMVAVALG GLASGLEIGESITFKPLRVS SLDQIYESIDLDELNENGII SIEFVRNRTNTFFRIVDDV TTFNDKSDPVKAEMAVG EANDFLVSELKVQLEDQF IGTRTINTSASIIKDFIQSYL GRKKRDNEIQDFPAEDVQ VIVEGNEARISMTVYPIRS FKKISVSLVYKQQTLQA	587	Основной белок чехла хвостового отростка [фаг Staphylococcus 812]	A8L87117.1	0,0 (584/587)	Основной белок чехла хвостового отростка	Фаг_чехол_1	pfam04984	2.11e-07

ФИГУРА 14 WW

299

Таблица 11. Характеристика генных продуктов фага F125/10 и их предполагаемые функции

orf	Исходное положение	Положение останов-ки	SEQ ID NO.	Аминокислотная последовательность	Размер (аа)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
173	90723	91127	1251	MASEAKQTVHTGNTVLL MIKGKPVGRAQSASGQRE YGTTGVYEIGSIMPQEHV YLRYEGTITVERLRMKKE NFADLGYASLGEEILKKDI IDILVVDNLTKQVIISYHG CSANNYNETWQTNEIVTE EIEFSYL	134	Капсидный белок [фаг Staphylococcus 812]	ABL87118.1	3e-73 (134/134)	Капсидный белок	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
174	91547	92476	1252	MGKNQYTFNIKENKNKW YEWCKLQNVKPLVEYEN AQQIFYFEFLEGKFKGLIG KTYWASINRGSNMRMSC LTSESKDKYLKNLGKRKG IEVVEDYKGGRKLKHKFI VLEGKYQGCEGYTTLNDL ENLGRVDNRSLSEKGRKQ YFDKQARLRDCIILEYPKD YRIKTKDKIVVKDKEGHV HNIIVQDFFEKSSLLELSC ASEGEKIVKEILTKNSIKFE KEKSFRNKEGKVQRFDFY INENNKEYAIEYNGAQHY IDSTGYLKDTLETTQKRD KLKKEYSKDKGINLLIPY TITDKKEMEKIILNFLNK	309	ORF018 [фаг Staphylococcus Twort]	YP_238556.1	2e-19 (79/239)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
175	92534	92692	1253	MNNRQAKIKGYNQFHYY DFPTTKGKFKDIMKRKSR TELKKDLQKERKYYLDK	52	ORF245 [фаг Staphylococcus Twort]	YP_238558.1	5e-11 (36/52)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
176	92682	92822	1254	LTNKRKTIGKMSNTRAT WNINPVTKVKKDKTKYS RKNKHKGLDNYN	46	ORF293 [фаг Staphylococcus G1]	YP_240912.1	1e-10 (44/46)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

ФИГУРА 14XX

299

300

Таблица 11. Характеристика генных продуктов фага F125/10 и их предполагаемые функции

orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки			Предсказанные функции	Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.		Название	Номер доступа	Величина E
177	92864	93322	1255	MSTFWSERRTTNKDRQV KKHYTQMSMYERKKCVE LLQETITENRIINFTRHSAK KVKGKPTTNIPKLIGFIFK NKFAYENIIEYNNTDYNG NIERRIVVKHPKVITVEGK PSYQFLTISLEDARVITVW YNSVDDTHRTLDLNYYS KDLTIQ	152	Гипотетический белок KgORF51 [фаг Staphylococcus K]	YP_024481.1	2e-84 (152/152)		PHA02264, гипотетический белок	PHA02264	1.25e-30
178	93335	93526	1256	MGITTVNSYFILSNIFLILTT LNGKGTVTRESLTMSKIL VVITSIQFLACLIINGIYWS LKF	63	ORF215 [фаг Staphylococcus G1]	YP_240914.1	3e-25 (62/63)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
179	93599	93910	1257	MSQDKLRAIYTEMKVEL HKFPKEVDITSKSTAIAIN QILDKFKTLTEQAGKITRK YLEGQEILTIDYEYYDSLQ EYYIYLLRNSEKIEQSLQEI TKRTGEYVK	103	Гипотетический белок KgORF52 [фаг Staphylococcus K]	YP_024482.1	3e-51 (103/103)		PHA02265, гипотетический белок	PHA02265	2.50e-17
180	94042	94500	1258	MAEEIKKEQDVQETTKEE KKDVSKMTPEEIDKLKYQ DKQEKEQVINKVIKGVNID TWEKEYNFEELDLRFKVK IKLPNAREQGNIFALRSAY LGGMDMYQTDQVIRAYQ MLATLQEVGIEVPKEFQD PDDIYNLYPLTVMYEDWL GFLNSFRY	152	Гипотетический белок KgORF53 [фаг Staphylococcus K]	YP_024483.1	2e-82 (152/152)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
181	94544	95080	1259	MESIVKQPLSRNLWAIMK EFNVLPTEQRFKDLDDYQ IEFIIGNMNRDVYEHNKQ	178	gp ORF080 [фаг Staphylococcus A5W]	ACB89073.1	1e-98 (178/178)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

ФИГУРА 14YY

300

301

Таблица 11. Характеристика генных продуктов фага F125/10 и их предполагаемые функции

orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
				LKQAQKGGKFDSQFEDD DSSWWNESHEDFDPVPDF LDADDLAQQVEAKLSDR DKEERAKRNDAELNDETE GLTTQHLAMMEYIRQKQ QELDDEVGNGKTSEEDAT ISQDSVNKALEDLDDDW YM							
182	95136	99191	1260	MAMNDDYRLVLSGDSSD LENSLKAIELYMDSLESK NIDAPLDNFLKKLKVIAK EVKNVQNAMDKQDGKS VISSKDMDESIKSTQSATK NINELKKALDDLQKENIS KGIAPDPEVEKAYAKMG KVVDETQEKLEKMSSQKI GSDASIQNRIKEMKTLNQ VTEEYNKISKDSSATKDY TKRLRANRNMTRGYMER SEGTGRLTYDQQARVRSE LGKISSYESQRKQNQRNL GQAREQYSNYRNQQQDL TKRRASGQINKAQYEQEL ASIKQEMKAREELISNYE KLGAELDKTVQYYKGSV QKDFQSRDVDQQRGTFG RMVQERLPSIGSHAMMG TTAMATGLYMKGASLSE TNRPMVTSLGQNSDNMDI DSVRNAYGDLSIDNKLGY NSTDMLKMATSYEASVG HKSDEDTMAGTKQLAIG GRSLGIRDQEAYQESMGQ IMHTGGVNSDNMKEMQD AFLGGIKQSGMVGRQDE	1351	ORF001 [phar Staphylococcus G1]	YP_240918.1	0,0 (1348/1351)		COG4372, неохарактериз. белок, сохранившийся в бактериях с миозин-подобным доменом	COG4372	9,12e-03

ФИГУРА 14ZZ

301

302

Таблица 11. Характеристика генных продуктов фага F125/10 и их предполагаемые функции

orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки			Предсказанные функции	Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.		Название	Номер доступа	Величина E
183	99270	101696	1261	MRRIRRPKVRIEIVTDDNT FTLRFEDTRDYNGDEFGA KLLGFQTKNSMEDDSSVF QDSLLGKPI KGMFGGESKGKQFKQTS KEAWSGTRKVFNRDNGR KAMDKSKDIAKGTGSGL KDIYNDSIFGKERRQNLG EKAKQFGGKAKGLYGKF ADKFGDGGKNGILSQSPK AGGSGIGKLGKLAGGLGK GAGVLGVATSALSLIPAL ASGDSKAIGGGIGSMGGG MAGASAGASIGALFGGV GAIPGALIGGAIGSFGGGA VGEKVGDMAKKANTKEG WNLGWTNGDKDGKNKF	808	Гипотетический белок KqORF56 [фаг Staphylococcus K]	YP_024486.1	0,0 (806/808)	Хвостовой лизин	CHAP домен	pfam05257	1.02e-14

ФИГУРА 14AAA

302

303

Таблица 11. Характеристика генных продуктов фага F125/10 и их предполагаемые функции

orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
				QINMAGDTYWDKLVMA								
				NDIIRIFITPNDDPNDKEGR								
				QERLIQVGMVSQVSKVGS								
				YGNDQTQFRITGQSFVKP								
				FMKFGLGVIQEVQAVLPE								
				VGWLIDGDGDNEVKFTG								
				SSAHEVMTGIIRRFIPYMK								
				YNYTEKTYNTIDNYLDYD								
				DLSSWDEFEKLTEVSAFT								
				NFDGSI.KQLMDMVTARP								
				FNELFFKNSEKTPGKAQL								
				VLRKTPFNPTEWRALDMI								
				KVPTEDFIEEDVGKSDVE								
				TYSIIFTATPAGMLKELNG								
				DVFSKPQFHPELTDRYGY								
				TKFEVENIYLSTKSGSATE								
				DSDSSGDDNGTERGTYSK								
				IMKDLSNYGRDNISKGID								
				KYTSKLSSKYKNLKKAQ								
				AKKIIEKFVKEGKVTEKE								
				YEKITGNKVDDELTSDNR								
				PKLTKDKLKSILKEKFKT								
				QDDFNNSKKKKKKAKTDA								
				LKELTTKYRPGNKTHATT								
				LLDEYIKYKGEPPNDEAF								
				DKYLKAIEGVSNVATDTG								
				SDASDSPLVMFSRMLFNW								
				YHGNPNFYAGDIIVLGDP								
				KYDLGKRLFIEDKQRGDT								
				WEFYIESVEHKFDYKQGY								
				YTTVGVTRGLKDAILEDG								
				KGSPHRFAGLWNQSSDF								
				MGGLMGEDTSKELKEKG								
				VAEKQSSGGKDGGSDSG								
				GAQDGGSLDSLKKYNGK								
				LPKHDPSFVQPGNRHYKY								

ФИГУРА 14BBB

303

304

Таблица 11. Характеристика генных продуктов фага F125/10 и их предполагаемые функции

orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены			
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E	
				QCTWYAYNRRGQLGIPVP LWGDAADWIGGAKGAG YGVGRTPKQGACVIWQR GVQGGSPQYGHVAFVEK VLDGGKKJFISEHNYATPN GYGTRTIDMSSAIGKNAQ FIYDKK									
184	10171 0	10259 7	1262	MATDKEAKDVIDKFIDNV FNFDVLTKERIKEKDEEIK KITTDDMYEKVVYIRPYV GVIQSLNPQHVQYESFSN NGYDIEAELSFRKVSYLV DKGSIPTDSLSLTLTVHLVE RNQELLIDYFDEIQDVLY GEYMEEEYVFDEDVPLST ILALDLNDNLKSLSNIKY MFKGAPKENPFGTDKDV YIDTYNLLLYWLYLGEDEE LAYPMNINYFFTEGRFFTI FGKGHKYKVDVSKFIVGD ILFFGRSDTNIGIYVGDGE FISMMGKFPKDETPIGKY KLDDYWNEFNGRVMRFD EEVYI	295	Гипотетический белок KpORF57 [фаг Staphylococcus K]	YP_024487.1	4e-167 (295/295)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены			
185	10259 7	10514 3	1263	MVVRFQSSMGRSLKRVD SDDLNVKGLVLATVSKIN YKYQSVEVKVNNLTLGS RIGDDGSLAVPYPKSFIGR TPEGSVFGTKPLITEGSVV LIGFLNDDINSPIILSVYGD NEQNKMINTNPLDGGKFD TESVYKYSSSLYEILPSLN YKYDDGEGTSIRTYNGKS FFSMTSGEEEKPQATDFY	848	Предполагаемый глицерофосфориловый диэфир фосфодиэстеразы [фаг Staphylococcus K]	YP_024488.1	0.0 (845/848)	Глицерофосфориловый диэфир фосфодиэстеразы	GDPD_SpGlpQ_ подобие домен глицерофосфорил. диэфир фосфодиэстеразы	cd0860 1	1,43e-60

ФИГУРА 14CCC

304

305

Таблица 11. Характеристика генных продуктов фага F125/10 и их предполагаемые функции

orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
				TGTEYQDLFTSYYGNKTL								
				IEPRIQKAPNMLFKHQGV								
				FYDDGTPDNHITTLFISER								
				GDIRASVLNTETQKRTTQ								
				EMSSDGSYRVIKQDDDL								
				MLDEAQVWIEYGISEDNK								
				FYIKNDKHKFFLFTDEGIY1								
				DDKPMLENLDESIAEAMK								
				NLNEIQKELDDDINYLLEG								
				VGKDNLEELIESTKESIEA								
				SKKATSDVNRLLTTQIAEV								
				SGRTEGIITQFQKFRDETF								
				KDFYEDASTVINEVNQNF								
				PTMKTDVKTLKTKVDNL								
				FKTEIPNIKTRLTELENNN								
				NNADKIISDRGEHIGAMIQ								
				LEENVTVPMRKYMPIPWS								
				KVTYNNAEFWDSNNPTR								
				LVVPKGITKVRVAGNVL								
				WDSNATGQRMLRILKNG								
				TYSIGLPYTRDVAISTAPQ								
				NGTSGVIPVKEGDYFEFE								
				AFQDSEGDRQFRADPYT								
				WFSIEAIELETETMEKDFM								
				LIGHRGATGYTDEHTIKG								
				YQMALDKGADYIELDLQ								
				LTKDNKLLCMHIDSTIDRT								
				TTGTGKVGDMTLSYIQTN								
				FTSLNGEPIPSLDDVLNHF								
				GTKVKYYIETKRPFDANM								
				DKELLTQLKAKGLIGIGSE								
				RFQVIIQSFARESLINIHNQ								
				FSNIPLAYLTSTFSESEMD								
				DCLSYGSYAIAPKYTITTK								
				ELVDLAHSKGLKVHAWT								
				VNTKEEMQSLIQMGVDG								

ФИГУРА 14DD

305

306

Таблица 11. Характеристика генных продуктов фага F125/10 и их предполагаемые функции

orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.	Аминокислотная последовательность	Размер (аа)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены			
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E	
				FFTNYLDEYKKI									
186	105250	106041	1264	MPQSDGISNLHRIALRFPK EGGGYDMYRFKVNPENY TIDSPQRTTAIKTKSDIVIE DYGKDIEVINFTGTTGFRP VREADGLKTGKQKMEEL QSRVSEYAMQGGSGNVS GSYLQFFNFTDDSYYKVH LAPQGLKITRSKDEPLLFR YEITLVVIGSLTEADRSAV TTEEFGNVKPNASQRVDE GIKELDKNARKTRDRNNQ EISRRENTIPKSTGDNTNE GNRLKQSFPSSSIYNPRQS TNGLKGNIDNMALIIGYG DGGVSS	263	Гипотетический белок KgORF59 [фаг Staphylococcus K]	YP_024489.1	7e-151 (263/263)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены			
187	106041	106565	1265	MNNFIPQPQGLLRFLNAL DTDLTSSHMNLLDEEVSF VSKFYTPQLQLSELAKKV LTNIKTDDIPVLEREFNDN TIHKANDTLLKVQAPRM YMILQSIVLEAYAIVNCFV ENPSSLKYLTEEDVSITRE NLNYVADYLGNYDDYNS VVLDLRLDLDLCFSAIELQL PLIKKEANV	174	ORF078 [фаг Staphylococcus G1]	YP_240925.1	3e-95 (174/174)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены			
188	106565	107269	1266	MRFKKHVVQHEETMQAI AQRYYGDVSVWTDLVEH NNLKYPYLVETDEEKMK DPERLASTGDTLIIPESDL TDVSAKEINSRDKDVLVE LALGRDLNITADEKYFNE	234	Предполагаемый белок базальной пластинки бактериофага [фаг Staphylococcus K]	YP_024491.1	2e-134 (234/234)	Белок базальной пластинки	COG3628, Белок W сборки базальной пластинки фага	COG3628	1.50e-03	

ФИГУРА 14EEE

306

307

Таблица 11. Характеристика генных продуктов фага F125/10 и их предполагаемые функции

orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
				HGTSDNILAFSTNGNGDL DTVKGIDNMKQQLQARL LTPRGSLMLHPNYGSDLH NLFGLNIPEQATLIEMEVL RTLTSDNRVYKSANLIDWK IQGNVYSGQFSVEIKSVEE SINFVLGQDEGIFALFE								
189	107284	108330	1267	MKTRKLTNILSKLIDKTM AGTSKITDFTPGSASRSLL EAVSLEIEQFYILTKENID WGIQEGIIEAFDFQKRQSK RAYGDVTIQFYQPLDMR MYIPAGTTFTSTRQEYPQ QFETLVDYYAEPDSTEIV VEVYCKETGVAGNVPEG TINTIASGSSLIRSVNNEYS FNTGTKEESQEDFKRRFH SFVESRGRATNKSVRYGA LQIPDVEGVYVYEETGHIT VFAHDRNGNLSDTLKEDII DALQDYRPSGIMLDVTGV EKEEVNVSATVTISNKSRI GDTLQKHIESVIRSYLNNL KTSDDLIITDLIQAIMNIDD VLIYDVSFDNLDENIIVPP QGIIRAGEIKVELK	348	Гипотетический белок KgORF62 [фаг Staphylococcus K]	YP_024492.1	0,0 (348/348)		XrdT, белок gp47 неохарактеризованного гомолога	COG3299	2,38e-05
190	108351	111410	1268	VANFLKNLHPLLRRDRNK KDNQDPNFALIDALNEEM NQVEKDAIESKLQSSLKTS TSEYLDKFGDWFGVYRK TDENDDVYRARIIKYLLL KRGTNNAIIDAIKDYLGR DDIDVSVYEPFTNIFYTNK SHLNGELDHLMGYYYRFA	1019	Гипотетический белок KgORF63 [фаг Staphylococcus K]	YP_024493.1	0,0 (1006/1019)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

ФИГУРА 14FF

307

308

Таблица 11. Характеристика генных продуктов фага F125/10 и их предполагаемые функции

orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены			
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
				VINVSIGDYFPVEIIDVINE FKPAGVTLYVTYDGASTI RGGAIIKWLDGLPKIETYQ EFDRFTGYDDTFYGHINM NQSKDTDNSSSDIFKTNHS LINSLDVLTGSSSVGRQYI NYGYVTSYVYNPGMTSS VNQISASTEGRGQEVPTTD YYMYTSTKNNNTVELSM QTTSGVSYLYNNFNFRDY MSKYRPQVDLQSDEARRI VSDYIKELSIDYYYLSAVIPP DESIEIKLQVYDFSINRWL TVSINNLSFYEKNIGSNIG YIKDYLNSELNMFTRLEIN AGKRDSVDIKVNYLDLM FYYYERGIYTIKPYKALIE NYLDISRETYVEAFKIASL SNGDIITKTGFQPIGYLKL VGNYENTRPSTNIVAKDT DNNPIESNELDVYNTVEN RNLLQSYKGANTIAEITS TKEFTVSGWAKEIYSTNY LSKVLKPGKVYTLSFDIEI TGNDLTLKSYSDNHGIYL YSNTKGIVVNGVKSMERT IGNKVSVTQTFTAPTITDH RLLIYTGRYTSDGKASTPP VFFNTVKITELKLSEGTSN LEYSPAPEDKPNVIEKGIK FNNILTNIQTLSINSDTILK NVTLYYSYYGDNWVELK TLGNISTGETETNNLIDL YGLQTVDYSNINPMSKVS LRSIWNVKLGELNNQEGS LSNMPNDYFNAVWQDID								

ФИГУРА 14GGG

308

309

Таблица 11. Характеристика генных продуктов фага F125/10 и их предполагаемые функции

orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
				KLSDIEIGSMRMVKDTEG GVFDGATGEIIKATLFNV GSYTDLDMLAYTLTNYTE PLTLGSSRLISELKEELLTS ESFNVDNRIKVIDSIYEELP NTSIIKNGFVEREVTGSKY LDYGLYEPIEDGTRYKLIV EGEFKDNIEFIYLYNSNPN FNETFIYPSEIINGVAEKEF IAKPSTFDKPRLNTDVRIY IRPYDSTISKVRRVELRKV								
191	11521	11042	1269	MAIATYNSHVELAKYLVS KADSVYLTIGKSTPWSNE TNPPQPDENATVLQEVIG YKKATKVTLVRPSKSPED DNKNLISYGNKSWVEVTP ENAKAEGAKWVYLESSIV GDELPLGTYRQVGFVMD LVAKSGISKFNLVPSEVES TGTLLFFDNKQFQNRSEQ TTAKERFIVEV	173	Гипотетический белок KgORF64 [фаг Staphylococcus K]	YP_024494.1	6e-96 (173/173)		Бактериофаг74, Белок gp8	pfam09215	2.26e-03
192	11206	11552	1270	MAINFKGSPYLDRFDPSK DRTKVLFNPDRPLQQAEL NEMQSIDQYYLKNLGDAI FKDGDKQSGLGFTLSEDN VLTVNPGYVYINGKIRYY DNDDSVKITGVGKETIGIK LTERIVTPDEDASLLDQTS GVPSYFSKGADRLEEKMS LTVNDFTSATIYTFMDGD LYIQSTNAEMDKINKVLA ERTYDESGSYKVNGFELF SEGNAEDDDHVSVVVDA GKAYVKGFKVDKPVSTRI	1152	Гипотетический белок KgORF65 [фаг Staphylococcus K]	YP_024495.1	0,0 (1151/1152)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

ФИГУРА 14НН

309

310

Таблица 11. Характеристика генных продуктов фага F125/10 и их предполагаемые функции

orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены			
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
				SVPKSYDLGTAENESTIFN								
				KSNNSISLANSPVKEIRRV								
				TGQVLIEKGRVTRGAQGID								
				GQDFLSNNTAFEIVKVWT								
				ETSPGVTTKEYKQGEDFR								
				LTDGQTIDWSPQGQEPSG								
				GTSYYVSYKYNKRMEAG								
				KDYEVTTQGEGLSKKWYI								
				NFTPSNGAKPIDQTVVLV								
				DYTYYLARKDSVFINKYG								
				DIAILPGEPNIMRLVTPPL								
				NTDPENLQLGTVTVLPDS								
				DEAVCISFAITRLSMEDLQ								
				KVKTRVDNLEYNQAVNA								
				LDDGAMEGQNPLTLRSVF								
				SEGFISLDKADITHPDFGIV								
				FSFEDAEATLAYTEAVNQ								
				PKIIPGDTTAHIWGRLISAP								
				FTEERTIYQGQASETLNV								
				NPYNIPNKQGVLKLTPSE								
				DNWIDTENVTITEQKTKK								
				VTMKRFWRHNESYYGET								
				EHYLYSNLQLDAGQKWK								
				GETYAYDREHGRTGTLLE								
				SGGQRTLEEMIEFIKIRDV								
				SFEVKGLNPNDNNLYLLF								
				DGVRCAITPATGYRKGSE								
				DGTIMTDAKGTAKGKFTI								
				PAGIRCGNREVTLKNANS								
				TSATTYTAQGRKKTVQDI								
				IIRTRVTVNLVDPLAQSFQ								
				YDENRTISSLGLYFASKG								
				DKQSNVVIQIRGMGDQG								
				YPNKTIYAETVMNADDIK								
				VSNNASAETRVYFDDPM								
				MAEGGKEYAIVIITENSDY								

ФИГУРА 14III

310

311

Таблица 11. Характеристика генных продуктов фага F125/10 и их предполагаемые функции

orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
				TMWVGTRTKPKIDKPNE VISGNPYLQGVLFSSSNAS TWTPHQNSDLKFGIYTSK FNETATIEFEPIKDVSADRI VLMSTYLTPERTGCTWE MKLILDDMASSTTFDQLK WEPIGNYQDLDVLGLAR QVKLRATFES							
193	115570	115728	1271	MPREVRDPYSQAKLFIPT VEEKSIKELEKTYKEKIDE ATKLINELKKERGEK	52	ORF262 [фаг Staphylococcus G1]	YP_240931.1	3e-20 (52/52)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
194	115729	117651	1272	MAFNYTPLTETQKLKDM YPKVNDIGNFLKTEVNLS DVKQISQPDFNNILASIPD SGNYYVTNSKGAPSGEAT AGFVRLDKRNVNYYKIY YSPYSSNKMYIKTYANGT VYDWISFKLDEGNLYNEG NTLNVKELTESTTQYATL VNPPKENLNTGWVNYKE SKNGVSSLVEFNPVNSTST FKMIRKLPVQEQKPNLLK DSLFVYPETSYSNIKTDN WDTPPFWGYSSNSGRSGV RFRGENTVQIDDGSNTYP LVVSNRFKMGKELSVGD TVTVSVYAKINDPALLKD NLVYFELAGYDTVDDTSK NPYTGGRREITASEITTEW KKYSFTFTIPENTIGASGV KVNYVSLLLRMNCSSSKG NGAVVYYALPKLEKSPK VTPFITHENDVRKYDEIW SNWQEVISKDELKGHSPV	640	Гипотетический белок KgORF66 [фаг Staphylococcus K]	YP_024496.1	0,0 (633/640)		PHA01818, гипотетический белок	PHA01818	5,89e-04

ФИГУРА 14JJ

311

312

Таблица 11. Характеристика генных продуктов фага F125/10 и их предполагаемые функции

orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
				DIEYNDYFKYQWWKSEV NEKSLKDLAMTVPQGYH TFYCQGSIAGTPKGRSIRG TIQVDYDKGDPYRANKFV KLLFTDTEGIPYTLYYGG YNQGWKLLKQSETSTLL WEGTLDFGSTEAVNLNDS LDNYDLIEVTYWTRSAGH FSTKRLDIKNTSNLLYIRD FNISNDSTGSSVDFFEGYC TFPTRASVQPGMVKSITL DGSTNTTKVASWNEKERI KVYNIMGINRG								
195	11767 3	11804 4	1273	MAVKYDIGNNEIVLHLRE GKYITGFTTVGGYDKELG QVKVNREILPAYFFDNFA YERYLYYSKPEEVIENKN YVPPQINDDEESQQITVPK EQYDSLKEELELMRKQQE AMMEMLQKLLGQKG	123	Гипотетический белок KgORF67 [фаг Staphylococcus K]	YP_024497.1	2e-63 (123/124)		DUF2977, белок с неизвестной функцией	pfam11192	2.73e-12
196	11805 1	11942 7	1274	MALNFTTITENNVIRDLTT QVNNIGEELTKERNIFDIT DDLVYNFNKSQKIKLTDD KGLTKSYGNITALRDIKEP GYYYIGARTLATLLDRPD MESLDVVLHVVPLDTSSK VVQHLYTLSTNNNQIKML YRFVSGNSSSEWQFIQGLP SNKNAVISGTNILDIASPG VYFVMGMTGGMPSGVSS GFLDLSVDANDNRLARLT DAETGKEYTSIKKPTGTY TSWKKEFEPKDMEKYLLS SIRDDGSASFPLLVYTSDN	458	Гипотетический белок KgORF68 [фаг Staphylococcus K]	YP_024498.1	0.0 (448/458)		PHA01818, гипотетический белок	PHA01818	0.0e-00

ФИГУРА 14ККК

312

313

Таблица 11. Характеристика генных продуктов фага F125/10 и их предполагаемые функции

orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
				KTFQQAIIDHDRTGQTTF TFYVQGGVSGSPMSNSCR GLFMSDTPNTSSLHGVYN AIGTDGRNVTGSVVGGN WTSPKTSPSHKELWTGAQ SFLSVGTTKNLADDISNYS YVEVYTKHKTVEKTKGN DDSGTICHKFYLDGSGTY VCSGTFVSGDRTDTKPPV TEFYRVGVSFKGSTWTLV DSAVQNSKTQYVTRIIGIN MP								
197	119517	12126 5	1275	MRLRIKNLYTYVEFEEDD KYLKDIFLKRVHTTIGAR QEGFQYSPAYKRGSWDG YVDFYVYEEDKFPTGLLF KIELLLGELQSRYNFQFET IDERDESFLSEEDIDDEITL LDNNVGQITLRDYQYEAV YNSLTFYNGIAHLATNGG KTEVASGIIDQLLPQLEKG ERVAFFTGSTEIFHQSADR LQERLNIPIGKVGAGKFD VKQVTVVMIPTLNANLK DPTQGVKVTPKQNISKKI AQEILPKFEGGTNQKKLL KVLLDNTTPKTKVEQNVL SALEIIYQNSKTDAEVLLN LRNHNAHFQKIVREKNEK KYDKYQDMRDFLDSVTV MIVDEAHHSKSDSWYNN LMTCEKALYRIALTGSID KKDELLWMRLQALFGNV IARTTNKFLIDEGHSARPTI NIIPIANPNDIDRIDDYREA	582	Предполагаемая геликаза [фаг Staphylococcus K]	YP_024499.1	0,0 (580/582)	Геликаза	HELICc: с-концевой домен супер-семейства геликаз	cd00079	1,74e-13

ФИГУРА 14LL

313

314

Таблица 11. Характеристика генных продуктов фага F125/10 и их предполагаемые функции

orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены			
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
				YDRGITNNDFRNKLIAKL TEKWYNQDKGTLIIVNFIE HGDTISEMLNDLDVEHYF LHGEIDSETRREKLNDMR SGKLKVMIATSLIDEGVDI SGINALILGAGGKSLRQTL QRIGRALRKKKDDNTTQI FDFNDMTNRFLYTHANER RKIYEEEDFEIKDLGK								
198	12127 7	12289 0	1276	MATKTQRKLYQYLENA TENKFHISTKKELADSLG VSISALSNNLKKLEENK VVTVSKRGKNGGVIITLV REYDTEELKEFNNSTDNII TSDLQYAKALREKHFPSY RYERKEQRRRTKIEMAQY NAIKDEKRRIIADMNFYSE GLPYPSKDIFNMSYDPEGI YKAYILCKLYDQYAISHM DAKHTSHLKAMSKATTK DEYDYHQHMSEYYRNK MIQNLPRNSVSDNFFGSK MFNTFYNFYLKIKDKNIN VFKYMQNVFKNVTFYYE NGMQPNPIPSPNFFSSDKY FKNYNNYIKGIKKGVNST NRHLGDTDSIINSSDYVK NPAVLHLHQLYTTGLNST LHDIDTMFEQALDLENAS YGLFGDMKHIILLQYNSM IEEEIKNLPREEKDIINKYV KQCIINDYSPTSISPSARLS MFTMQKEHIVYNKQLNK GIKREDLLPLSLGGIVNKD SLSGMDIQNLEQNGNEYL	357	Предполагаемый белок Rep [фаг Staphylococcus K]	YP_024500.1	0,0 (536/537)	Регуляторный белок транскрипции	HTH_2, домен спираль-поворот-спираль	pfam12840	2,66e-03

ФИГУРА 14

314

315

Таблица 11. Характеристика генных продуктов фага F125/10 и их предполагаемые функции

orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
				YMRQHTSTYYILRMFGD YLGYEVNLREVKYIVEKY NLIDKIPLTKEGMLDYNK LIHLVEEEVNNYE								
199	12288 3	12432 5	1277	MSKKIKELILHKSMKDIHF AREVLDNLPKNLFSAESE DMGYLFTAIKRTAHISDK MSNEALAIKVEQLMGNN KEDEEKVTKTLTYLEDLY KVDVNEKDESVNYEIEKY IKTEMSKEVLVKFIAENK QEDSDNLHELVDKLKQIE VSDISGGNGEFIDFFEDTE KKQELLSNLATNKFSTGF TSIDNHIEGGIARGEVGLII APTGRGKSLMASNLAKN YVKSGLSVLYIALEEKMD RMVLRAEQQMAGAEKSQ IVNQDMSLNNKVYDAIQN HYQKNRKLLGDFYISKH MPGEVTPNQLEQIIVNTTI KKDKNIDVVIIDYPHLMR NPYAKYHSESDAGGKLFE DIRRLSQQYGFVCWTLAQ TNRGAYGSDVITSEHVEG SRKIVNAVEVSLAVNQKD EEFKSGFLRLYLDKIRNSS NTGERFVNLKVEPTKMIV RDETPEEKQEHIQLLSDN GKEDTSKFQNKDNKIEAI NNTFGGLPGV	480	Предполагаемая геликаза [фаг Staphylococcus K]	YP_024501.1	0,0 (480/480)	Геликаза	Геликаза фага 41	PHA02 542	1,01e-9
200	12440	12542	1278	MKFVFFTDSHFHLFTNYA KPDNEFVNDRFKEQIEAL QKVFDIAKKEEATVIFGG	341	Предполагаемая экзонуклеаза [фаг Staphylococcus K]	YP_024502.1	2e-172	Экзонуклеаза	MPP_MreI_N, MreI нуклеаза, N-концевой	cd00084	1,01e-

ФИГУРА 14NNN

315

316

Таблица 11. Характеристика генных продуктов фага F125/10 и их предполагаемые функции

orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
	4	9		DLFHKRNSVDTRVYNKV FSTFAKNDEVPVLLLRGN HDATTNSLYTDSSIDTFEY LPNVSVIKSLNTILKDNVN IVFTAYGDETKEIKTYINS NYDKDMVNILVGHLGVE GSLTGKGSHRLEGAFGYQ DLLPDKYDFILLGHYHRR QYFQNPNHFYGGSLMQQ SFSDEQEANGVHLIDTEK MTTEFIPIHTRRFITIQGEDI PENFEQLIEEGNFIRVIGTA NHAKVLEMDDSMKDKN VEVQIKKEYTVEKRIDSD VSDDPLTIASTYAKQYSPE SEQEILECLKEVL					домен металло-фосфатазы	0	20
201	12542 9	12580 6	1279	MKKYREYLNKTDAENLA EDWEKVTEDLWKVFKD MKPKINTLDISNVESKNL DKSKPILQFQDSDGVIENI CNVEGLEDGLSKMKKVF DDSNFEKHYYSRVVDHD EYYWIDYGSHHCFFRVTK GDK	125	Гипотетический белок KgORF73 [фаг Staphylococcus K]	YP_0245031.1	7e-65 (121/125)		PHA02275, гипотетический белок	PHA02 275	1,65e- 21
202	12580 6	12772 5	1280	MVVFKQVEVNNFLAIKEA TLELDNRGLILIEGENKSN ESFHSNGSGKSTLISAITY ALYGKTEKGLKADDVVN NIEKKNTSVKLKFDIGEDS YLIERYRKDKENKNKVKL FVNEKEITGSTNDVTDKQI QDLFGIEFNTYVNAIMYG QGDIPMFSQATDKGKKEI LESITKTDVYKQAQDVAK	639	Предполагаемая эксонуклеаза [фаг Staphylococcus K]	YP_024504.1	0,0 (638/639)	Экзонуклеаза	46, субъединица эндонуклеазы	PHA02 562	1,71e- 21

ФИГУРА 14000

316

317

Таблица 11. Характеристика генных продуктов фага F125/10 и их предполагаемые функции

orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
				FKVKEVEEQQNNIRQEIY KLGYQLSTKDEYFQREIE QYNQYKEQLVQIENSNKE KDRLREQEEKQIEAQIEQL ASQIPTIPEDEFKHSEEYN KASQSLDLLSNKLTELNQ VYSEYNTKEQVLKSEIAT LSNSLNKLDTNDHCPVCG SPIDNSHKLKEQENINNQI ENKKQEITSVLEMKDTYK EAIDKVKDKSQEIKDKMS QEDQQEREHNNKINSIIQE ASRIKSDISSLENNKTYLK VKYQHQSVQGLEREEPSK EKHEEDKKELQESIDKHE ENIVQLETKKGKYQQAV DAFSNKGIRSVVLDFITPF LNEKANEYLQTLSGSDIEI EFQTQVKNAKGELKDKF DVIVKNSKGGGSYKSNSA GEQKRIDLAISFAIQDLIM SKDEISTNIALYDECFDGL DTIGCENVIKLLKDRLNT VGTIFVTHNTELKPLFEQ TIKIVKENGVSKLEEK							
203	127725	128321	1281	MKLKILDKDNATLNVFHR NKEHKTIDNVVPTAANLVD WYPLSNAYEYKLSRNGE YLELKRLRSTLPSSYGLD DNNQDIIRDNNHRCKIGY WYNPAVRKDNLKIIEKAK QYGLPVTIEEYDANTVEQ GFRDIGVIFQSLKTIVVTR YLEGKTEEELRIFNMKSEE SQLNEALKESDFSVDLTY	198	Гипотетический белок KpQR675 [фаг Staphylococcus K]	YP_024505.1	2e-111 (197/198)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

ФИГУРА 14PPP

317

318

Таблица 11. Характеристика генных продуктов фага F125/10 и их предполагаемые функции

orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
				SDLGQIYNMLLLMKKISK								
204	128336	129403	1282	MRFEDFLTQELGFPKENTI GELRYCCPFCGEKSYKFY VKQALDSSNGQYHCKKCC DESGNPITFMKTYYNITG KQAFDLLESKNIDIERAPL LTTNNKDLTESEKLILML RGVHQDKGTTSIKPPRLPE GYKLLKDNLNNKEIIPFLK YLKGRGITLEQIINNNIGY VTNGSFYKVDGESKVSLR NSIIFTYDNDGNYQYWN TRSIEKNPYIKSINAPAKQ DEVGRKDVIFNLNIARKK KFLVITEGVFDALTFHEY GVATLGKQVTENQIKKIID YVSIDTSIYIMLDTDALDN NIDLAYKLKTHFNKVYFV PHGDEDANDMGTRKAFE LLKQNRVLVTPESIQSYKI QQKLKL	355	Предполагаемая примаза [фаг Staphylococcus K]	YP_024506.1	0,0 (354/355)	ДНК-примаза	DnaG, каталитическое ядро ДНК-примазы	TIGR01391	1,95e-16
205	129469	129807	1283	MSNNKKDILEFVDEYITA LRVGNEQRQHQLEEMGK EETATLTDVAKAITNLML GVNEQMTDLEYNNELNL NILIDALYKAELINEDVLD YIQESIDKSQEEPKNEEEK GEQE	112	ORF127 [фаг Staphylococcus G1]	YP_240943.1	7e-56 (112/112)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
206	129807	130259	1284	MEKNISTHTKGISQADME KWIEAVVQGTVDGKQVID EKTAKQLDRIGSRSVSLEE ATRIAKVLNAVTAQEVTG	150	ORF098 [фаг Staphylococcus G1]	YP_240944.1	2e-78 (149/150)		PHA02277, гипотетический белок	PHA02277	9,45e-43

ФИГУРА 14QQQ

318

319

Таблица 11. Характеристика генных продуктов фага F125/10 и их предполагаемые функции

orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
				DFNDAFNAIDLMMIIMED ELGVTQEKVGKAKDKLN EKREAYLKEKQEELRQKQ QEEAQKETESDSNEKVIQ LKKNDEQ							
207	13024 6	13085 4	1285	MTNSKKKGDTFERKIAKE LTAWWGYQFNRSPQSGG ASWGKDNNAVGDIVVPQ EANFPLVVECKHREEWTI DNVLLNNREPHTWWEQV INDSSKVNKTPCLIFTRNR AQSYVALPYNEKVYEDL RNNEYPVMRTDFIIDNIRK DKFFYDVLITTMNGLTSF TPSYIISCYDKKDIKPYKK VESNLSEVSKHEDELINDL LSDI	202	ORF064 [фаг Staphylococcus G1]	YP_240945.1	2e-115 (201/202)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
208	13084 4	13126 3	1286	VIYKEGKISMTSKERPLIV YFSGTGQTERLVNKININN SFETFRVKSGKEKVNKPFI LITPTYKKGAIPKQIERFLE INGSPKEVIGTGNKQWGS NFCGASKKISEMFKIPLIA KVEQSGHFNEIQPILEHFS NKYKVA	139	Предполагаемый белок Nrdl [фаг Staphylococcus K]	YP_024509.1	1e-68 (130/130)	Белок рибонуклеотидредуктаза	Флаводоксин_ Nrdl	pfam07 972	1,62e- 29
209	13127 8	13339 2	1287	MATYGKWIELNNEITQLD DNGKNKLYKDQEALDEY LKYIEDNTRKFNSEVERIR VLTKEGTYDKIFDKVPDTI IDEMTKLAYSFNFKFPSF MAGQKFYESYASKQYDE NKKPIFVEDYEQHNVRVA	704	Предполагаемая большая субъединица рибонуклеотидредуктазы [фаг Staphylococcus K]	YP_0245101	0,0 (699/704)	Большая субъединица рибонуклеотидредуктазы	PRK07632, субъединица рибонуклеотидредуктазы	PRK07 632	0,0e-00

ФИГУРА 14RRR

319

320

Таблица 11. Характеристика генных продуктов фага F125/10 и их предполагаемые функции

orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены			
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
210	133406	134455	1288	MDITQKVKQHNKNAVLK ATNWNIEDDGMSDIYWE QGISQFWTPEEFDVSRDLS LYLFQNDYVKARELLVQL MEQTFQPSTPTYNNSGQA NRGELSSCYLFVVDDSIES LNFVEDSVANASSNGGGV AIDLTRIRPKGAPVRNRPN SSKGVIAFAKAIEHKVSIY DQGGVRQGSGAVYLNIFH NDILDLLSSKKINASESVR LDKLSIGVTIPNKFMELVK EGRPFYTFDTYDINKVYG KYLDELNIDEWYDKLLD NDSIGKVKHDAREVMTDI AKTQLESGYPVVFYIDNA NDNHPLKNLGKVKMSNL CTEISQLQEVSEIYPYSYS NKNVINRDVVCTLGSLNL VNVVEKGLLNESVDIGTR ALTKVTDIMDLPYLPSVQ KANDDIRAIGLGSMNLHG LLAKNMISYGSREALDLV NSLYSAINFQSIKTSMLMA KETGKPFKGFEKSDYATG EYFVRYIRESNQPKTDKA KKVLDKVYIPTQDDWDE LAKAVKVHGLYNGYRKA EAPTQSISYVQNATSSIMP VPSAIENRQYGDMETYYP MPYLSPITQFFYEGETAYK IDNKRIINTSAVVQKHTDQ AVSTILYVESEIPTNKLVS LYYYAWEQGLKSLYYTR SRKLSVIECETCSV	349	Предполагаемая малая субъединица рибонуклеотид-редуктазы [фаг Staphylococcus K]	YP_024511.1	0,0 (348/349)	Рибонуклеотидредуктаза	NrdF, рибонуклеотид-дифосфатредуктаза	PRK09614	4,21e-80

ФИГУРА 14SSS

320

321

Таблица 11. Характеристика генных продуктов фага F125/10 и их предполагаемые функции

orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
				SWNSLTESEKNTYKKVLA GLTGLDTKQGGEGMNLV SYHEPRPKYQAVFAFMG GMEEIHAKSYSHIFTTLLS NKETSYLLDTWVEENDFL KVKAQFIGYYYDQLLKPN PTVFDRYMAKVASAFLES ALFYSGFYYPLLLAGRGQ MTQSGAIIYKITQDEAYH GSAVGLTAQYDYNLLTEE EKKQADKETYELLDILYT NEVAYTHSLYDPLELSED VINYVQYNFNRALQNLGR EDYFNPEPYNPIVFNQTN VDRLRNVDFFSGKADYE KSTNIKDIKDEDFSFLDSK EYSTAKEFL							
211	13447 3	13480 2	1289	MDRKEAMDLLSKAEILFK KHDEFSCVSDINDPMKLF SNSKDAKADDTSKSFQLE FMHDMTMVTLSYGSGQL KLIDLAEGYEAQKATVVN SFPEIIKTLEKDDSEDGKN E	109	Гипотетический белок KgORF82 [фаг Staphylococcus K]	YP_024512.1	1e-55 (107/109)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
212	13478 6	13510 6	1290	MEKMNSLVDLNTAIRQK KDVIVMITQDNCGKCEIL KSVIPMFQESGDIKKPILT LNLDAEDVDREKAVKLF DIMSTPVLIGYKDGQLVK KYEDQVTPMQLQELESL	106	Тиоредоксин-подобный белок [фаг Staphylococcus K]	YP_024513.1	1e-53 (106/106)	Тиоредоксин-подобный белок	PHA02278, тиоредоксин-подобный белок	PHA02 278	2,95e-30
213	13531	13590	1291	MDELISKSRRYIMRDENH YMLFNEKYNNDRLIEKVC	198	Гипотетический белок KgORF84	YP_024514.1	7e-109		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

ФИГУРА 14ТТ

321

322

Таблица 11. Характеристика генных продуктов фага F125/10 и их предполагаемые функции

orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
	3	9		KHGGKVTYYTDSVLPYY VLKDLSSHPDSEVVYRMR NGFTAKEVDNIALSFMGT KVIIDISVVFPYVNPYDIIR SLHDIKTNVDEVHLSFPRI LEVDEKQEKFYFFDGEAY DLKPEYKVDFADKIRVSL SVWKMYIYILTSSRDFED VDNVITKLKQQRKIKI		[фаг Staphylococcus K]		(196/198)				
214	13591 9	13622 4	1292	MSTANRRDIARKISENTG YYIQDVEEILSAETDAISD LLEEGYTKVKNHKFMQIE VIERKGKKAWDGLNKEY FHLPNRKAIKFKPLKELEE VIDRLNEEEK	101	Предполагаемый фактор интеграции хозяина [фаг Staphylococcus K]	YP_024515.1	2e-51 (101/101)	ДНК-связывающий и изгибающий белок	Bac_ДНК-связывание	pfam00216	4.57e-12
215	13630 0	13951 8	1293	MKVLILFDHIREEHFSVSK DGSVKSNVLNTPNGKTLK KLLEKCSNLKRDKTNRDY DIDFLYNAVPTPIRNDYG KIIKYQDVKQAEVKPYYE RMNNIIIDNSYDMIIPVGK LGVKYLLNVTAIGKVRGV PSKVTIENGTSSHDVWVL PTYSIEYTNVNKNSERHV VSDLQTVGKFVEQGEEAF KPKEVSYELVDNIERVREI FNKEVKNDNVYDGVDITA WDLETNSLKPDKEGSKPL VLSLSWRNGQGVTIPLYK SDFNWENGQDDIDEVLEL LKNWLASKEDIKVAHNG KYDIKFLMSTENFKDFESI QDTKVGWYLAVTQEVKE SLRLSDLAYEVTDVGGYD	1072	Предполагаемая ДНК-полимераза [фаг Staphylococcus K]	YP_024516.1	0.0 (1065/1072)	ДНК-полимераза	ДНК_pol_A pol_C_ полимераза I	cd08637	7.32e-72

ФИГУРА 14UUU

322

323

Таблица 11. Характеристика генных продуктов фага F125/10 и их предполагаемые функции

orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.	Аминокислотная последовательность	Размер (аа)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
				KPLEDFKLWFVTKLLRFF SDKIKEIQKENKKIAKKEY DVKAPEYKEWLENKLNE TVVELDDTEKKFRVSELE KKYIQLGLSPEIVNMNLV MNNDEFISIAEQSPEYMG LSDYAKSYTLNTAINLINE YRDVKDVVNDIDGGNFN YDWFPIELMHPYASGDTD VCRRIHCDVVKKLKEQDR PKSMHLLEVNYPRLTKSL ARIESNGLYCDLDYMKEN DESYESEMAKNHATMRE HWAVKEFEEYQYNLYQM ALEEHEKKPKDRDKDIHQ YRDKFKDQKWMFSPSSG DHKGRVIYDILGIQLPYDK EYVKEKPFNANVKEADLT WQDYKTDKKAIGYALDN LELKDDVREILELLKYHA SMQTKRNSFTKKLPNMIN KQKRTLHGSFSETGTETS RLSSSNPNLQNLPAHTSD VNKFDYKHPIKRSFVSRFE NGVLLGADYSALEMRIIG LFTKDPDMLQSFLNGEDI HKATASIVYNKPVEEVTK EERQATKAVNFGLAFGES PFSFAGKNNMEVSEAEEIF EKYFQTKPSVKTSIDNVH EFVQQYGYVDTMHGHRR FIRSAQSTDKKIKNEGLRQ SFNTHQGSGSFLTNMSLT YLDDFIQSRNLKSKVIATV HDSILIDCPPEEAKIMAKV TIHIMENLPFDFLKAEIDG							

ФИГУРА 14WV

323

324

Таблица 11. Характеристика генных продуктов фага F125/10 и их предполагаемые функции

orf	Исход-ное положе-ние	Положе-ние останов-ки	SEQ ID NO.	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
				KEVQYPIEADMEIGLNYN DMVEYDEEEIDT								
216	139588	139830	1294	VNTGEIRFNRSMDEWIITS MYQDELGEMNIVVTFYN REENKHGSTVLPTESSTGE VAEELASLEEEYPLALPLS SISVNI	80	ORF181 [фаг Staphylococcus G1]	YP_240959.1	2e-36 (77/80)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
217	139847	140329	1295	MEIHIDSLDFTNFTIKDRN GNSQEFDITDELRITEYTIQ EDFMQQSAKYAFWASILE KVRAYSEMEQRNLETIGS KLNLTIRQEYEQQGKKPT KDMIESSVYIHDSYQQQL KVVEAWNYKVKQLQYV VKAFETRRDMMIQLGAEL RQTNKNGGITNPFSH	160	Гипотетический белок KgORF91 [фаг Staphylococcus K]	YP_024519.1	6e-90 (160/160)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
218	140416	141687	1296	MDFNQFINNEASKLESNN SSFNNNVESYKPKNPVLR LGNIKDANGNKVVKENA FVRVLPPAQGTNVFFKEF RTTGINYSKKDGSQGFTG LTLPAEEGSSVLDPYIQD WITNGVQFSRFPNKPGVR YYIHVIEYFNNNGQIQPKT DAQGNVMIQPMELSNTG YKELLANLKDTMLKPSPN APHSFISANEAFLVNIVKA KKGEMSWKVSVVPNAPL GALPQGWEQQLSDLDQL AKPTEEQNPNFVNFLINN VNNTELSHDNFKFNRETN VLGEEPSEPKQAPTQQDV	423	Гипотетический белок KgORF92 [фаг Staphylococcus K]	YP_024520.1	0,0 (421/423)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		

ФИГУРА 14WWW

324

325

Таблица 11. Характеристика генных продуктов фага F125/10 и их предполагаемые функции

orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.	Аминокислотная последовательность	Размер (аа)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
				DSQMPSNMGGQPNQPQQ GQVGQYAQQGQSNGQGQ QLQGTQQPINNTQFGQGT PSGQQPSNTGSVDWDNL AQQQSQPDSNPFNDFDVS SVDDSQVPFETQPQNTQQ APEPHQTTQEPPKQKQTQ SIDDVLGGLDLDNL							
219	141749	143014	1297	MARAKKGKEVDLTDLNT IDLGKELGLTLLSDSNRA DIKNIVPTMVPQYDRILGG GIPLGRLTEVYGLTGSGKS SFAVHLSRISTQLGVITIWI DIEGTADNNRMEQLGVD VSKLFSIQAGEGRLKNTV ELSVETVGKELDYWIDTF NEKAPGVPILFIWDSLGAT RTQAEIEEGVDHRKLGTK ATATQKVINAVSPKLNDT NTGLIVINQARDNLNMSN PYDDPIKSTGGRAFEHGA SLRLKITKGKESDLKQSDS MTGKPTYKGHVMRVETK KSKLSRPGQKAEADLLSG YEVGSGSDITQLNGIDPYH TIYKEAVERGLITKGTWR NYITLNGEEIKLYDKDWV PRLIDDHELYLELFSRVYG EHFPNGYSPLLNTKVTVTQ LEEYQALENYYEEWAKD NKQEEQEEESKGESQEKD SE	421	Предполагаемый белок репаративной ДНК [фаг Staphylococcus K]	YP_024521.1	0,0 (351/421)	Белок репаративной ДНК	RecA	cd00983	6,13e-22

ФИГУРА 14XXX

325

326

Таблица 11. Характеристика генных продуктов фага F125/10 и их предполагаемые функции

orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
220	143018	143371	1298	MYNLIDKNMRQVKESLG NANSSDVLPLPYKDIAKK FEEVKEKGESIIEEGGFPY TDSTVMYIEHVTDRWAG GYSLIRHEGEEVKVPKTIH FSDIYVKDKSHKVRIIFEG ANPYEEG	117	ORF121 [фаг Staphylococcus G1]	YP_240963.1	2e-59 (114/116)		Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
221	143358	144020	1299	MKKAKNGNRYVIDIDGIP VDFERDLDSLLNRYKNLR WSLYHKYAGILSNDFERQ ELREYIDEQFIKLVKEYNI RSKVDFPGYIKAKLTLRV QNSYVKKNEKYKRTEIIG KKDYTVESLTEDLNEDFE DNQIMSVVFDDIEFTEVQS ELLKELLINPEREDDAFIV SQVAEKFDMKRKEVASE LTELRDYVRFKINAYHEY YAKKELNNHRVNTENHI WEN	220	Предполагаемый сигма фактор [фаг Staphylococcus K]	YP_024522.1	2e-121 (218/220)	Сигма фактор	Предполагаемые консервативные домены не обнаружены		
1a	144114	144994	1300	VRIEKHKIKNNKVINEMSI TANNLYNHANFILRQNFF NNKTNKGYRKFLNYNTIH RILKNMNEENYIKLPRQTS QQVLRDLINNWSSFRKSE KDYFKNPNKYRNRPKPPK YKAKGGKGTIKFTNQQCR IHKKDGLIHLPTPLQDTIK PYKAKNIRELVCIPKSDYF EVLVCYKEENSNKTLNDN ENIASIDLGLDNLITMVSI VDKPIINGKGLKSKNKYF NKKIRYYQSLLQNNSYSS KRILKYWEKRHNIILDYF	293	IS-элемент Dka2 orfB [вирус 2 Hyperthermophilic Archaea]	YP_003773391.1	5e-18 (109/405)	Транспозаза	orfB_IS605, предполагаемая транспозаза	pfam01385	2.87e-36

ФИГУРА 14YYY

326

327

Таблица 11. Характеристика генных продуктов фага F125/10 и их предполагаемые функции

orf	Исходное положение	Положение остановки	SEQ ID NO.	Аминокислотная последовательность	Размер (aa)	Гомологичные/похожие белки				Консервативные домены		
						Название (организм)	Номер доступа	Величина E и идентичн.	Предсказанные функции	Название	Номер доступа	Величина E
				HKATNEVVKYCVKNDIS KVVIGYNKQQKYKSKLK								

ФИГУРА 14ZZZ

327

328

328/758

Фиг. 15A

sequence.txt
ПЕРЕЧЕНЬ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ

<110> ДА КОСТА ГАРСИА, Мигель Анжело
СОЗА ДЭ САН ЖОЗЕ, Карлос Жорже
РОДРИГЕС ЛЕАНДРО, Клара Изабель
РОДРИГЕС ПАРДАЛ ДИАС АНТУНЕШ МАРСАЛ ДА СИЛВА, Филипа Мария
МАРТИНС БАРБОСА, Ана Ракель

<120> БАКТЕРИОФАГИ, ФАГОВЫЕ ПЕПТИДЫ И СПОСОБЫ ИХ ПРИМЕНЕНИЯ

<130> 16395-105003US1

<140>
<141>

<150> 61/384,015
<151> 2010-09-17

<160> 1300

<170> PatentIn, версия 3.5

<210> 1
<211> 113073
<212> ДНК
<213> Неизвестен

<220>
<223> Описание неизвестного организма: бактериофаг F391/08

<400> 1

attatgcaaa ctaaacgaaa tcatacactc cactaattaa aggttgacaa catgaaacgc 60

tttgtaatat catctaaacc ggcggcaaaa ttgaacaaaa tggcaagctc ggaactggtc 120

aaaatgcagc gcgatatggc gcggcgttac cgctcttatc agcgcggagg tcagcaaggc 180

ttaccgatga tttgggataa catgatgcgt tatctaaaat ctttacaaaa taacgtttga 240

caatctgccg ataacgcttt attatagaat ctcaataagc aacaccgctc tttaaaaatt 300

tggaaaagtc gattctctca gtaagggtaa ttgagttttc tgttaacact ctagcagtaa 360

aagagtgtta accggataac ccaataaact aaactggagt aagaaacatg caaaacgtta 420

aaaccccaat gatcggtgat tccgttttta ttcctttcgt tactggcgac gtaagtaagc 480

cgggcgaaaa tgaaaaaatc ggatatatca aaggggcggc gatgatcccg tttgataaaa 540

ttaatgcggt atacgccgaa acggaaaaag caaaaaacag cgacgcgaag atttacagcg 600

tccgggtaga ttccggcgac gtggtgaaag tcattcgcaa agatgataaa tggttggctg 660

tcgcttaaca gccaataagt ttaaccccgg caaataatgg gatgcttccc ctatgttaga 720

cttccgatgt atattccatg cagcgcaagc aatgttatgg tgcgcaaatt aaacttatgt 780

gctggaactt atatcatgct ttgaacggca attgtgagtt aacacgaatc tatagcgtga 840

aatagacgta atagcgtaat tattaaaggc agcgtatata tacaatgccg ctttaaatag 900

ctttaaattg aaaactaaaa taaagagttt tcgttatata ttctagctag aatatatagc 960

ggctaacttt ctagccttaa cccttaaata aaactggaga tatatcatga ctgctactaa 1020

329

329/758

Фиг. 15B

sequence.txt

aaccgaaaaa ttcgcatgga acgaaacaaa cgccgctacc gccgttgaaa tgtacgaaaa 1080
gatcattgct tccgatggtc tggaggtggc taactcgcaa ggtcttattg atattgcaaa 1140
ggctgtaggt gctgaatcgc atgttaaagt gcgctctaaa ctggttagcg caaaggtgta 1200
tcagaagtcc gataagccgc gcaaagtcgg cggcggctcc tccctgcgta aagctcacta 1260
tgtgcgcgtt ctcactcagc acgccattgc tgacggcctg attgatgatg ccgatggtct 1320
ggcaagtctg gaacaaatga agctcgacca actggacgtt atcgcccgta tggttggcgt 1380
tcaggatgaa gtaaaagaat cagcagaata attataatgc gcctccctag cggggcgcat 1440
aattaaatat tttgtccccc ataactggag aaataaaaat ggctttaatt aaaggctccg 1500
ttattaaatt aacgggaacc gttgtggatg aattaatcca aacggggtat caggataata 1560
aggttatgac gcccccaagc gttaaagtac ctgaatatat tgttttgtgg gttaaccctg 1620
atgcggatac tttcgggatg gctattaacc gcgaagtctt taagccggaa atgctggaat 1680
tatcttcccg cgaaatttac cttctcaatt acgctttcag cgtagaagaa aaggaggttg 1740
taaaatgatc tttttcccta ctgaatcctt aattcttatc gctggctttt tcgccgccgc 1800
ttgtctctat ggttactata atttcatgga aataggcagc gaacaaacgg atttattacg 1860
ccgtgacttc tggttcaaga aagcgagtat ttgccgccgc tggtcaataa tctttattat 1920
tctagcggta actttcggaa tatcagcaag cattatcccg gcaatagttt agagtcgcaa 1980
attataacgc caccagcaac aaggcgttat atttggcaat tctgcctata tcccattaac 2040
tggagaattt agataatgat cattgcaatt gagaaacaaa aagctatttt aaccgctgct 2100
aacaacctca atttttgggg taaacgcctg cgcgctaaaa agctggagat ctgcgacgaa 2160
ttgagcaaag agcattacgg gacggcgaaa cactctagcg aaatttgcga ttggctggat 2220
agtaacaagc ctgttaaacc cgctgctgaa aaacgcgccc aacgtgttgc ggtggaagat 2280
tcccgccccg ttgccgctgg tcagcttaat tccagcgtcg aaagctggaa ggtaattccg 2340
ggccgccgtt ttctgctaac gtcgattcaa aataatacct tccctcatgc taatttctgg 2400
aaaactttac aggaggccgc gaaatatctc ggcgctactc tgttagtaag caaatacgcc 2460
tacaacaaaa aaggcttcca aaacgggcaa ggcaacgatg aactgaaata tgatgatgct 2520
ttctcagatt tcatttgtga tgaaaacgtg tttttgggca accgcgaaac cggattcgca 2580
ttcatggcgg aaattaatat tctgccaact gctgattttc cgctgtccgg ctttggcgag 2640
actgcgaccg cctacggcct gaaagggctg gctattggtc acgctaaaat caccgccgaa 2700
agtgtcccgg caatgaaggg cgacactgtg cgccgtatgt attcaactgg cacagcgacg 2760
ctgaaaaatt atattcagca aaaagcgggc caaaaggccg aagcgctgca taactatggc 2820
gctttgctgg tagagatcga cgacaacggc aacttctttg ctcgccaaat cgaaacgatg 2880

330

330/758

Фиг. 15C

sequence.txt

gacgaaagcg ggatgtttta cgatcttaat cataaattta ctgttaacgg tggcgaggag 2940
gtaacgggcc acgttgccgc gctgcaatat ggtgacattc acgccgaaaa gctggatcac 3000
gctgtcgcct ttgcttcatg ggggccgtgt gatgattctc tagtgaacgt cctgcgccct 3060
cgttaccaga ttgtgcatga tgtgcatgac tttacatcac gaaaccatca taaccgcgct 3120
agtggcgttt tccttgcgaa acaatatgcc gccggacgtg acaaggtaat tgacgatctt 3180
atcgataccg ggcgcgtact agaagcaatg gaacgtgaat tcagtcaaac ggtcattgtt 3240
gaatcgaacc acgatcttgc gctttctcgc tggctggatg atagtaaagc taacattcaa 3300
caagacccgg cgaacgccca tctttattat cgcctgaatg ctgcgattta tgaagcaatc 3360
gaaaacaagg acgatacttt taacgtacta gattacgccc tgcgcaatgt tgctggctgc 3420
gattttgctg cgatcttctt aaccacggat gaatctatga aaattgcggg catcgaatgc 3480
ggttcccacg gtcacaacgg cattaacggc gctcgcggca acccgaaggg attccgcaag 3540
ctcggcaaga tgaacactgg ccatacgcat acgcccagca tttacggcgg cgtttatacc 3600
gctggcgtcg ctggttccct cgatatgggt tacaacatcg gcgcgtctag ctggtcacaa 3660
acgcatttga tcacctatga aaacgggcaa cgtaccttga ttgactttaa agacggcgtt 3720
ttctttgcat aacaaaaaag ccggggtaat tgccccggca ataaataacc cataaataaa 3780
taaataagct ggagaaacaa atgaaactta ctttcatcta taacaatcgt aaatctttca 3840
ccgcgtccaa cgtcgtagaa aatagccttg ttatttcccg cgatagtgaa gggcgcccgc 3900
atgttagcta tcagaaagtt aacacggtgg acggcgacac tgttttaaaa gctctagccg 3960
ctatcctccc gcgccccgct gaatttaaag aatccggcat tgtgtcgcaa ttagtcgccg 4020
ccgattctat tctttatgag gctgatatct gcgagatcgt agagattgac gccgccgccg 4080
ctggccttat gtttatcgtc gtaagcgaaa atgattatga tgatacctat ctgctcggcg 4140
acgtgatgga ttattcttct agcgaatata cgccgccgct ggcaattgtc ccggtaatgg 4200
ctacccggat taaaccggct gaattagccg atgccttaac tttattcttc tgataattaa 4260
caaagcgagt tataatatag ctcgcttgat taattaccaa caaccccgaa accggagaaa 4320
tgaaaaatgg cttttaataa actggcaatt aaggcaatta agttatggga tttagacgga 4380
actgttatta attcctttgc ccgcgtgttc ccgtgtatgg atgataaagg gaacttagat 4440
ttaaacatgt accgggaaaa ggcttgcgta catgatgcaa ttatgaccga cactctttta 4500
ccgctggttg aatatatgcg ggcatcgctt aacgatccca ctgtattaaa cattattgtc 4560
accgctcgtt atatgggtaa gagtgactac tatttcctac gcaaacaacg tatccgggcg 4620
gggcgcggtg gtaatatcca gatactgtcc cgcgatgtat tgcaccgata tattggcgat 4680
gctgattata aagaggtgta ctattcgaaa gatggtatct ataaaacgca ttatttcgaa 4740
atgcttaaag ctgaatatcc gaacgctact atcactatga ttgacgataa tagaggcgtg 4800

331

331/758

Фиг. 15D

sequence.txt

ttggctgctg ctgctgctgc tggccttcaa acgatggacg ctaccgcaat taacgatatt 4860
ctatctattg gtgtgcgcct tgcgggtgag tcattcatag atgaagcgct ggatgatgat 4920
aatgattatc aatatctttg cgagcgttta gctcattgct gggaaggtat gaccgaagaa 4980
gaaagaagcg actacggaat taagccgcaa caatttattc aatcgttagc catcgcatca 5040
taagaaagct aatagtaccc tagcgaaata gttagggtac taatagttag ctaggggggt 5100
aatcggacta ccataccacc ccccgaccct ctaagcccac ctccatgtgt aactttatga 5160
aatttggaga aaaggctaaa gggagtactt aggcaaactt agaacgagca gcccgaatca 5220
aagctactac tgctactgcc gctgtcgcaa taagaacttc ccgagtcata cccgctatac 5280
gttgcaactg ccgcagttgt agctatgatt gctgcagtcg acccatcatc gctccgagaa 5340
cttcccgagt tcgatgaagg acttcccgaa actttccgag aattatccga gcctgcccgt 5400
ttttgcttgc gtttcgcgac ctgtggtgtc actggaggga tgtagtacgg gttgctcggg 5460
tcattccgaa gatcgttcat gactcgttgg tgttttgaga tcgctacttg acgttctgcc 5520
cgagtttgaa ggatctcttg atgcagactt ttgttacgaa gatctgccgc tactaccgcg 5580
ttccgcaggt catgtgcccg cacaccaaac caaactgctg ccaggaaaaa gaatgttgtg 5640
aaaattaata caatagtcat gttttacacc atacccttag taatgtagat tttgtttgct 5700
gattctagtt ctgccttgca ttcagacagg tttaactgtg ccttatgcag caaacgggtt 5760
tgattgtcat aagacttctg cagcaccccg ttagtgcgtt ctagctgttt gattgcctta 5820
ccctgcttta cggtaatgac gaatagtacg attgagagta aaacaagtgc tcctataact 5880
acttccatag tggtcctcct agatggtttt aaaaaatctg gtttacttgg cggttgattt 5940
aatttataat aatattatat tataaaagtc acttgttagc aagtgagatt ttgaggtttt 6000
tatgggcttt tatgcaggaa ggataggcga caaaaaagtg ttgtctctta cctctggcaa 6060
caataaagac gttaataacc acactaatcc aggttgggat actatattcc atagcgatat 6120
gcctcacgtt gtagttttag aaactcacga aagagacctc tgggatggtg gtgattggta 6180
tcgttgtact agaatgccag acagaattat tcaggtactg tccgcagact acgacagggt 6240
tgtcttaact gaagttgagt ttgaggatgg caccagacgt ttcatttatg gtacatccct 6300
gggtgtgggc gctaaagcgt ataacgctta ctttagtaat actgtcggtt cccaggcttc 6360
tgcaggtact atggctagta tgaagactaa cgtttgtgct tctgcagact tacacatgga 6420
tattagtttc tatttcgaag agacgccagg tactattaac gagaagctac gagacggtac 6480
tgggtgtatg tacacctggg gcgttaactc agaatgggga gacagagggc ctgggccgcc 6540
ggttggagct cctatacgtc ctaactttga gactattatt aaagctggat gggtgctcta 6600
taggggggct tttagtggca atatagccgg ttctgtgtct ccgcccaata gaccccttac 6660

332

332/758

Фиг. 15E

sequence.txt

```
tattggtgtt gatgctatgc gccacccgtg gatgcgtact actggtgtta acagtatatg   6720
tttgcgtggt gagactctca accgtaatat gtacggacat atggggccta gatatgggca   6780
gagctccaat cccgttggtg gtccttatgc tcataacatc cagactgagt cttatcagga   6840
ggttcagtac aaagcaggtt ttttccgtgg tccgcccaat aactttatgg ggtgggaaaa   6900
cacagataac aacaatgctg gtagtggttg gggtaacaat gccatttacc gtgacaataa   6960
cttccgtgtt cctaaacgtg ttcgctggta tattactaat atgaaataca atgggcaggg   7020
gttctacgca gagaacgtat ttggctcccg caaccaggag attaaaatca gccctagaga   7080
gttcattgta aacggtataa acctaatgaa cactgggtgg aagttcataa accagaacga   7140
tataaactac agcccaggta ataggcctga tatccgagtt attgcaacca acgtcgccag   7200
atttagtggc aaccctactg ttggtaataa tggatatgtt cactttaatc agcctctaac   7260
tcgaccagat aatggtgctg agtttggaca aggtaacgtg agtgagatgc atgtaaccac   7320
tgtaggggtt tacaatttta gatctgatgc acagtggtac gtaaaatcta acccgccgga   7380
aatcggaaac cagtggggtc cagtatggtc tgaatcaact cgacctctcc gcctagtggg   7440
cggtaccggc tctgctgata ttggagggaa cctacgtact agcggtaatg ctagtcacca   7500
cctggctacc ttgtggttag gggttaataa ctcccgaaat ggggcttgcg tcgtcactct   7560
agactggaaa aatgatgagt ggattgctgc tgcagggatt ggatgttata accctctaga   7620
agatcttacc cagtggagcg aggtggatag taggctgaga attttcggaa atcacttcca   7680
gaaacgtgtg catcaaatca tgtgtttgcc cgttaacatg tgtgtgccgt tccactttat   7740
acgcgggacc gtaacccagt gtggggttat tcctgggaac aacgccatgc aaatgaaggc   7800
tatgtgggca cctactacta ccaactctgc cactcagggc gattatgcca ttatctattg   7860
gctgatagct agggctgacg gtagtgttga agtttgggtt aacgttgaga tgagcaatat   7920
catgaatatg cgagtaattc ttcctgaggt taggattgct gtgcaaaggc ttgcctaaag   7980
gaggcaatat gagcaatgat ttaattgtac cagatacaat gtctccggaa ggcatgctag   8040
ttatagaggc ctacctggag tctggcagcg acgttgcgaa agcagcgtta gctgttggca   8100
tggaggaacc taaattccgg gagattatgc gtaaacctga ggtcaaagcg taccttacgg   8160
atatcttcat ggaatctggc ttccgtaacc gtgataaatt cttcggcatt ctagacactg   8220
ttctaactat gaaaatggag gaactggatg aaactggaat gggttcagag atggatatta   8280
tggatatcct caaactcatg cacaaaatga agatggatga gatgaagatg cagatcgagt   8340
atgagaaggt gaagcaagct aaagctccaa tacaccaaaa taatactcag atcaacctgg   8400
caggggtca cgactctaat tacacggacc ttctgtcacg cattgtggga gcaggtaagt   8460
aatggaaatc tcacgtagtt atattaatac gactgacgtg gtggattttg gtgttgataa   8520
acgattcttt aaattcccgg tgtccggctt gctggccacc gaggggatcg ttccaaatgg   8580
```

333

333/758

Фиг. 15F

sequence.txt

```
cccgcagtgc gcaatcataa acgcactgga agacccacgt caccgtttcg ttacagcatg     8640
cgtatcacgt cgtgttggca agtcgttcat tgcgtatact ctaggcttcc ttaaactcct     8700
agagccgaac gttaaggtgc tcgtagtagc tccgaactac tccctggcaa acatcgggtg     8760
ggcgcagatc aaaggtctga ttaagaaata cgggcttcaa actgagcgtg agaacgccaa     8820
agataaagag attgaacttg ctaacggttc gctctttaag ctggcttctg ctgcgcaggc     8880
tgactccgca gttggtcgtt catacgactt tattatcttt gacgaagcag cgatctccga     8940
cgttggtggg gacgcttttg atattcagct ccgtcctaca ctagacaaac ctaactctaa     9000
agctctgttt atctctactc ctcgtggcgg taactggttc aagcgcttct atgaacaggg     9060
attcagagag gatcttccgc aatgggtatc aatccacggt acataccgag ataaccctcg     9120
cgtatctctt gcagatatcg aggaagcacg taagactgta tctaagaact acttcaaaca     9180
ggagtatgag gcggacttct ccgtattcga aggtcagatt tacgacacct tcagcgtttc     9240
cgagcacgta caggatcttg caggtatggg gcacttcttt gctgcggacc atgagttcga     9300
aaccattcta ggtatcgacg ttggttacag agacccgaca gcagtactta ccattaagta     9360
ccactatgac caagatgtgt actacatcct tgaggagtac cagcaggcag agaagactac     9420
agcacagcat gccatgtaca tacaacactg catagaccgg tataacgtag accgtatctt     9480
cgttgactcc gcggctgcac agttccgaca ggacttagca tacgagcatg aaatatcctc     9540
tgctcctgcc aaaaaatctg ttctagatgg cctggcatgc ctagctgctc tattccagca     9600
gggtaagatc attgtcgacg cctcgtgcac tgcgttaatt cacgcactcc agaactacaa     9660
gtgggacttc caagaagggg aggaaaagct ctccagagag aaacctcgtc acgatgccaa     9720
ctctcactta tgtgacgcac tgcgttacgg catctactcg atttcccgtg gcaaataaga     9780
gctgagttgg aacggatagt agtgagtaca aattccgttc caactttata aaattcactt     9840
tacaatttcg tgtgtggcag ttataatata ttcatacctt gagagatctc atagacatca     9900
gggtgaatga gaggaatatt taattgctat acccgaagta gtattttccc aactaagagg     9960
aggaacactt tggcttccaa tgtaaaatat aagagagatg caatctccat aatgcgtgac    10020
ggaatcaaag cccagtacaa aagaggcaac tgttgcgcca tttgtgactc acaggaaaac    10080
ctggagctac accactactc gactgtggcc ttactagtta aaaactttgc taaagaattc    10140
caactggatt tcactgactc agaagtcgtc ctaagtaatc gggataagtt ctataaacat    10200
tattggcatg agctagtaga ggacacggtc accttatgtg tctttcatca tcagacctta    10260
cacaaggtct atacgaaaga acctccgttg ttttcagcta acaaacagaa gatttgggtt    10320
gagaaacaac gtgaaagatg tatgaatcca gaggcacctc gtacaagcaa cactggcgaa    10380
agatcaggct ttgcgaagtg gcttccgact gacgtcaaga ctgagaaatc aggattcgca    10440
```

334

334/758

Фиг. 15G

sequence.txt

aggttcctat aatggctatt cgtgactggt tagttactaa actaaaccgc ggacaacgca 10500
taatcaggga cttggaggat gttagtcacc gtactaacgt caagccattc acgactggca 10560
aagcctattc gtctattgag atccttaata gatccgcgaa catggtaatt gacagcgccg 10620
ctgagtgctc ctacaccgta ggtgaacagt ataaaacaat aacaacctat ggcacgatca 10680
ggagtaaaac tcttgagacg ctgcttaatg ttcgccctaa cccgtacatg gattccagta 10740
cttttagacg cctaatagtg tctgaccttc tattcgaagg gtgcgcgtat atccattggg 10800
acggttcgtc tctgtaccat ctgcctgctg ccctaatgga agtaaaagca gatgacaaaa 10860
aattcgttaa caaattcgtc tttaataata tgatcgacta tcgcgttgat gaaattatct 10920
tcatcaaaga taatggccag aatggtggta ttaactccca gattacgggt caatctcgtg 10980
tggctaccgt aattaactcg cttactaagc gtgagaaaat gcttgagttc aaggagaaat 11040
tcctggacaa tggtacggtt atcggtctta ttctagaaac agatgaaatc ctaaataaaa 11100
agctccgtga acgtaaacaa gaagagcttc agctggacta taaccctagt accggccaat 11160
caactgtgct cattctagac ggcgggatga aggctaagcc atactcccaa atctcctcct 11220
ttaaagatct cgatttcgag aacgatatcg ctcgttttaa taaagacgta tgtatcgctc 11280
tcggagtccc acaactattg atcgatgggg gtaacaacgc caatattcga ccgaacattg 11340
agctgttcta ctacatgact attgtgccta tgctcaataa agtatgtagc tctcttacgt 11400
tcttcttcgg ttttaaagta acgcccaata ctaaagacgt agtagcacta actcctgaca 11460
aggagaaaga ggctaaattc gtaactgcac tggtcaacaa cggtatcctt accggtaacg 11520
aaggtcgtat agagcttggt tacgaggagc tggctgacga gcagatgaag aaaattcgca 11580
tccctgccaa cgtagctgga tcagctaccg gagtaagtgg acaagaaggt ggcgctccca 11640
ataaagacga ggaaaaacaa tgattgacta taaagcatta aaagcactat tccctaatgg 11700
tctccccgag gcacataacg tgtttgcaac cgttaaggca catctcactt accagattct 11760
gcgtaaggag tatgggtacg ctgctactaa cagtaaaacc tgggatcagt ttaaggaagc 11820
ctacgcggaa gcaactaagc cagtaccggt agcttctgtt agtatcacgg gcgctcctgc 11880
atccttagac tatactaaga ctgtacagct tgccgcaact gtcctaccaa caaacgcaga 11940
taataaaact gtaacgtgga agactagtga tgctacccta gctactgtga gctcaacagg 12000
attagtaaca gccctgtcta aggcaggcac tgttaaaatt actgccactg caggtggtaa 12060
atctagtgaa gtgtctattc aggtcaaggc tcctgttgta gcagttaccg gtgtcactat 12120
gtcacctaag actattacaa tcgaagcagg taagaccggc aaacttactg gtaccgtagc 12180
cccggctaac gcaaccaata agtctgtaac ttacacttct gctgatacca ccaaagctac 12240
cgtagctgcg gacggtacgg taactgttcc tgctaacctg gctgcggata gtaccgtagt 12300
tattactgtt aaaacagctg acggcaataa gaccgacact gcaatagtaa cagttaaggt 12360

335

335/758

Фиг. 15H

sequence.txt

```
tcctacagcg ggtgtgtaat atctgttaac tggggagctt cggctcccca tttttctatg   12420
ctagtgcata actattttca gtgtaaccaa tttcgactac ctactaattc cacacaccgt   12480
gtgggatttt caaatatctt ttgacattcg cgatttggta tgtaataata gtatctgaaa   12540
actgaggaac aacacgaaag tgtttggagc aaacgatgca gaatattaat cttaatgctg   12600
agattaaatc tgttaaagct gtcggtgagg gtgataatcc tcctttaaaa atcaaagggt   12660
atgctaacac gattaccaaa gaccgcgccg gcgacgttat tctctccgaa gcgtggacta   12720
ccagtaacgc cctcaagaat tttatgaaga acccgatcat gcttttcggc cataaccata   12780
gccgcccaat tggtaagatc ctagacctgg taccaaccga gtccggactt atggttgagg   12840
gtgaggtaag tgctgctgat ctacagattt actcattaat acgtgatgag gttcttaaaa   12900
cgttctcggt aggcttctat attaaagacg ccgaatggga cgatatgact gaaacgttca   12960
ttattaaaga tctggagtta ctcgagatct ctgtagtctc ggttccctgc aaccaagact   13020
caacttttag cctttcgaag tctgtaaacc ataatgatta catggagctt cgtaagtctt   13080
ttgtaaaatc ttcgcaggtc cagcctgttg aacaacctga actttctaat ttagagaaat   13140
tcctagtagc cgctggttac gctaaaggat aatggagaaa taataatgtc ttacgatatc   13200
gcacaactgt ctaaagatct gggcctgggt gacattgctg agcagcttaa aggtctaacc   13260
gcctctcaga aagctgaaga agctcgcaaa tttgctgctg agcaggaagc taaagaactc   13320
aagcgtatgg aagacctggt tgctaaagca actggtgaag accgtaaaaa cctggcagaa   13380
gctctggagc ttgtaaaaaa cctggatgag aaatccaaac agtccgctga agcgttcgtt   13440
aaagcaatga actcccagca ggaagaaatc actggtctga aagaagaaat caaatctctg   13500
ctggccgctc gtgaaaatgg tcgctctttc gtagctgatg gcgttgctaa ggcaatgttt   13560
ggtaagcagg aagatttcga agacgaagtt gagaaactgg ttcttctgtc ctacgtaatg   13620
cagaaagatg tattcggtac taagcgtggc gaagcccacc tgaaagctgt taacggctct   13680
tcttctatcg aagtttctac cgaagcatac gaaaccatct tctccctgcg tatcctgcgt   13740
gacattcagg ctaaactgat tatcggtacc atgttcgaag aactgccgat gtctagcaaa   13800
ttgctgacca tgatggttga gccggaagct ggtgaagcta gctgggttga cgcctctact   13860
tacggtactc ctgctactgt tggtgcggaa gacaaaacca agctgtctga aatcaccttc   13920
aagacctaca aactggctgc taaagcgtat atgaccgacg aaacagaaga agatgctatc   13980
ttcactctgc tgccgatcat gcgtcgtcgt ctgattgaag ctcacgctat cgcaatcgaa   14040
aaggcgttcc tgaccggtac tggtgctgcg ggtactccga aaggcctgat ccagttcgct   14100
aaagacgatg gtaaagtggt tgctaccact gctaaagctg acggttctgt taaagttacc   14160
gctaaagaaa ttcacaagct gcgtcgttcg ctgggccgcc acggtctaga cctgaacaaa   14220
```

336

336/758

Фиг. 15I

sequence.txt

ctggctctgg ttgtttcgat ggatgcttac tacgatctga tcgaagacga agaattccag 14280
gacgttgcac aggttaccgc taccaccgct atcaaactgc agggtcaggt tggtcgtatc 14340
tacggtctgc cggtactggt ttctgagttc ttcccagcta aggctgcaag cgctgagttc 14400
tgtgtagttg tttaccgtga caacttcatc gttcctcgtc agcgtgcaat cactgttgag 14460
aaagagcgtc aggctgaacg tcagcgcgat gcgtactacg ttactcagcg tctgaacctg 14520
atgcgtttct tcgagaacgg cgtagttgct ggtgcttacg ctgcttaatt tggctatact 14580
gccgactaaa ggagagcttc ggctctcctt ttttattggg taaaatatgc aattcatgac 14640
agattctgat tggagaacat atggaggcct taaacgtcct gacttagagt caaatatccc 14700
aatgttaatc aaagcagcca atgctctgat tactcagctt ctaggtattg acgacactgc 14760
taacgttgta gacgttctgc ctactaaacc agcacgcaaa aagtacttcc tgtcttctcc 14820
cgtgcctagc acgatcacta aaattacgat taacgatcag gagatcgata agtcgcaata 14880
taagaactac ccggatggta cgctcttgct gaaattctcc cctccagagg ggtatatgga 14940
agtagagttt actcagaccg gcttcacctc gatccctgac gacctggtac tagcagcctg 15000
cttcctagtt gatcactggg tcaagaagga ctaccgcgag tctcgtacat tcggcggaga 15060
aaccgttact ttcaatacca ctaaatctgg cgtaccggaa cacattcgta ctataatcga 15120
agtataccgg aggctgtagt ggcgttgggc gatctagctc gacagatagt taaagaacag 15180
ctggacatta tgagtggtgg tagccactct accaagaaca ccgtgatata tagtgcggaa 15240
actatggata accacaaaga tggcaccata ggcaaggtat ccttccgatt taccaagccg 15300
gtatcggagg atttactgaa tgttcggacg tcctctattt taaaagctgt ctcgtcgtca 15360
cttaatctgg aaggtgacgt tggtgttatc gataaccttc taaatagtat cactggtaaa 15420
aaatccaaaa taggaagaaa acggtctacc ggtagggtag aggttaactt tggagatcct 15480
tcagatgctg acaacggtta cgctggtgct atttctggcg cttctgggcg tttcgtctca 15540
aacacaaacc ttagagcgtt acttgaactc gtagcgaaag aatacttagt caaggatatg 15600
aaaaaagctg gggcacccct taaatttaga acggggcgtt tcgctaattc cttgaagatt 15660
aaagacgtgc tgttaagaga agacgcaggg gcaaagactc ctgacctcaa catcacgtat 15720
aactacatgc ttaagcctta ctctgtgttc aaccctgccg tctctaccta ccgcggactt 15780
tccttacggc ctttccctgg tgctaggaac ccgcagaagc tgatcggcga ggcaatcgct 15840
aaggctgcaa gagaccttat ccattctaga taccggataa gagtaaatca gggtacataa 15900
tgaattacag aacaagtatt gctgatgccc tagtggaacg actgaagaag gacatggatg 15960
ggagtaatcc cacagagttc ttcactaata tgtatgggaa cgtatcccgc cagacttatt 16020
cgtttgagca gatcaatgag ttcccttaca tagcagtcca tgtgggtacc gaaactggaa 16080
actacctgcc gtctgcacag cagtgggttt accttgaaat tcctattctt atctatgata 16140

337

337/758

Фиг. 15J

sequence.txt

aagaaaagga tgatattaac atgcaacttg agaaactcat agcggatgta aaaacctcta 16200
ttgacactgg aggaaattta caatatacta taatgaaacc tgatggttca actatcgatt 16260
ctgaagccac tgacatgcag atcacgtcgg tgtccacaga cgagggtata ctgtccccgt 16320
ttggttttgc tcaagttaac gtaacagtcc ggtatatgcc tctgagaaga gcgctggata 16380
gataagttac agctcaggag aaatttaaat gtctgtacaa ctattacgta atacacgaat 16440
cttcgtgtca accgttacta cggggttcac taaggccaac actcaggaga tcctagttca 16500
ggatgatgtc tcctggagcc aggacagtaa ctccactgat attaccctaa atgaggctgg 16560
ccctaagccg acccgcggtt cgcagcgctt taacgattca ttgaacgctg ctgagtggag 16620
cttctccact tatatcctac cgtatgacga tgcaggtaaa cagatcctgc cggactacct 16680
actgtggcac ggactggcaa ctggagctgc cgtgaatcta gcaggtacta ctggcgtatt 16740
ccagaatgct actaacctgg ttgtcaactt taaagacaac gggtaccacg aactggccat 16800
gttgaacatc tacatcctaa ccgatagctc ttggtctgtg atccgtaact gccaggttgg 16860
gcaggctgag gttaacgtag atattgatga tatcgggcgt gtaacctggt caggtaatgg 16920
tactcgcttg gagaccctag cttctcagcc gttcgaccct aaaaccatag ggatagacga 16980
cgctctttat gctaagattc agagttctta tatcaagaac aaactgacca ttcttaagct 17040
gaagaacaac gctaccggcg gaaaaaccta taacatcccg atcacgggag gttctttcac 17100
tatgaacaac aacgtgacgt acctgactcc taacatcatg tctcgtgttg acgttccgat 17160
cggttcattc actggttcct tcgagctgac tggttccttg acagcgtata tgaatgatgc 17220
tgccaacggc tctatccagc tgtacaaaga tctggtttcc gacctgaaag ctgtgaacga 17280
cttcgaagtt gcaatcatcc tgggtggaga gtatgatact gctcgtccgg cagctgttct 17340
ggtggctaag cacgctaacc tgaacatccc gtcaatcgaa actgatgacg tgctgggtgt 17400
gtctattgag ttcaaggcta ttccgactca gatggacgca ggggatgaag gttatctggg 17460
cttctcttcc aagtacacca agacttcgat cgcgaagctg atcagctctg gtgacggtaa 17520
ccctgtcaca ccataaggat aactaatgct atactcccta atgcgggagt ctagagtagt 17580
catcgagtac gatggcaggg cgtacggatt tgacgccctg tctgattaca ctgctggaac 17640
gtcctacgaa gagtttaaag caaatcgtag gacgattcac agacgcagta actacgccta 17700
ttcgaagata actgctcagt ctccttcttc aatttctcta actcttaact tctctagcaa 17760
tgctctcgaa ggtctatttt tcgagttgat ggggtttata gagatagacg gaatgtatca 17820
gatgcccttg ttcagtaata atattgagcc taaaatgttc tccgtatata ttattaacaa 17880
gaacacgagc ttacgtttcg ataactgttt tgctaccacc tgcgactttt ctctagataa 17940
gagtgtcccg gtgctaaacg ttggtatcga gtcgggatac tttgaggaag taggccaccc 18000

338

338/758

Фиг. 15K

sequence.txt

actcaacagc tatacgcttg atcaaggtga ggtgctacca ttttcattac ctcaggtatc 18060
ttcgaatggg agagtgctcc caggacttat gtcagccggt atgtcattcc agcagcaatg 18120
cgaatggcga ggtgacagaa gtttattcga tatcaataag atttataata atagaagggc 18180
aatcgttaac gaattgaact catccgcttt gatatcgatg tactatgcaa agagtcttca 18240
gatagactct acgcataaca ttaaacctga tattggccta ccggtacaaa tcagaaataa 18300
atatattgtg gtggatttcc cttccactcg aatcacaaaa cgcctagact taaccgacgt 18360
gtacaagatc gattatgacg taatacctac tgagcaatca gatcctgtcc gaatcaagct 18420
aattggagaa taacaaatga gtattaacct aaaagatatt gcactggata ccaaacagat 18480
caccattgca taccctggcc taccacactt caaactgaaa gttaactacg tctcccgtaa 18540
gctctccaag aaaattctgg aagctgcaca agagaaccag tttgttaatg gtatcgctgt 18600
taaagtgcaa aacgatgaca aattcgcaga agagttcgtc aaagtggcta ttgcaggttg 18660
ggaaggtctg accgtcgcag atgttgagaa actaatgctg atcgaagttc cagaagatcg 18720
tctggaagac aaagtcgaat ttagtatcga caacgcgatg atgttggtgc gtaactccag 18780
tgccttcgag acttggatga acagcactgt cttccaccta gacacttttc gtggctcaaa 18840
atcggaacct actgcttaag gaaatagatg cctttgcaga acgatgtgtc aaaggagggg 18900
actccaaaat tacacgggag cagtatctga cgatgtgcga atccctcggg gaggaaccta 18960
accccgaggt acttaaacgt ttcgtagaga tccatgactt ccctgaaatc gcacagaccg 19020
ctctaacaat atataacaac ttatcggata actatatccc cggagattat ccaacctatt 19080
taggcaagga taagagtgct ttactagttt tcttcgatat ctacggagtc gaagacgctg 19140
atgagaagag ccttatactc caaatcatca atatattcga ctcacatgcc gtggcagcct 19200
ctcgtaaacg cgttgaagca gctattaaga agtctaaaat gaagtcttct agtaggtagt 19260
gagttacagt ttcctccaac gggcgttcca cgtgaggctt ggcctagggt taatgcccta 19320
ggccttttta ttggaaaaaa tcatgacaga tagactaata cgagaattac ttgtagatat 19380
caagcagcgt ggtggatcca aagccgctaa acaaatcagg gatgttgaag ctgctttaga 19440
cggggctgct cagagctcag agggtctaaa tacaagcttg ggcaaacttc ctgggtcttt 19500
cacggcgctg gaacgatctg tatcacgtac tgctaagtcg ctggagaaat tatcctcgac 19560
caccagcatt acagcattag cagcgtctat cggcatgcta agcggcaagt ttacctcgtt 19620
cgaggttgac ttggctaaat ccgtactaaa aatcaacgca aacctaaacg gggtgacttc 19680
cgccgctaac aaaatggcct ctggttttga cactgcagcc acttcttcgg ttgcggactt 19740
aaaccgcgtc aataaggctc ttcaggagtt agatgcgcac gcctcttcag tagctaaagt 19800
gttgcagacc ttgaaggcgg gggccgggtt agaatctatt agctctagtg ctgctaaggc 19860
tagtacggat cttagccacc tagtatctgg ggtggaaaag ataggtaacc aattagctag 19920

339

339/758

Фиг. 15L

sequence.txt

```
aatggcggag caagccgtgc tggcaggcag gtctcttcag gggctgaaag ccgactcctt   19980
aggggctgcc ggagagcatc tgagtaaggc tgcgtccggg atttccgtag ctgtatcttc   20040
tatgggcgaa gaggtgaaca agctaaacaa actacttctt gagttggcag taaaggctga   20100
tttagcgagt aaatctatag caaatattgc accagggacc aaactgaata gtctgggaac   20160
tgaaatccag aagattaata ctagtttagc cactgcagcc aatacctcgg tagctgagat   20220
atctaagatt aaagcagccc ttacgtcttt agtatcctct accgctacag ctgccgcttc   20280
aatgaaaacc gtaggaaccg gtagtggtct gagcaagcta atctcagaga tatcagcagc   20340
cacctcagct tccacttcgg atatctctaa agtaacagcc gctttaaaac agcttaacgt   20400
agatgctacg gcagcaggaa aagcactgca aagtattaaa gcaggcgcaa atctttcttc   20460
tgtacctaca gttgttggaa agataggtac ttcaatgacg cagttgcgtg ctcagttaga   20520
aggatctgta accggtatcg agaaaagcct aaatgatcta tctagagctt ttgccactat   20580
gggaggtacg ggaaacctga atccactggg taactccatc agaggtatga tcccgtcact   20640
cacccagctg gctaaggccg ctgtgcaagt taactccgct ctgtcaaaaa tacaggcagg   20700
caggggcgta cttcaattac ctacccaatt caaagcagta acggcctcat taaatgccct   20760
ggagactaaa ctggcctcta cgtctcaaat actagagcgc ggattctcca agggatttca   20820
ggatatggcg tctaaatcaa cctcgtcatc tacgagaatg attaacaact tccagaaagt   20880
ggtaccggag ctcaacgcta ttgaagctgc tgctatacgt tctgctgctg caatagacaa   20940
gctaatagcc aaacgtatac gcctcggaca agctgggggа gggggtaacc ctgcagcgtt   21000
caatatgggt gccttagtag cggaaatgaa caggattgta acctccattg aagctatggg   21060
caacaaaatg aataccacca tggctgatat ggcacggagt acggacaagg tatctgacaa   21120
attaacagat ctaaactcgg gagttcggga tgttaatact ggtttaggtg ggttgaattc   21180
aacgttaacg ggtacgggta gcgctgctaa tagggcgtcc agagcgttgg gaaatacttc   21240
aggatctgct cgcggagcta ctaggaactt cgcagcacta gctatggtga ctggccctat   21300
gcctcttatc tacggtgcta tagcctctaa cgtatacgtg cttaaagcag cgttcgatca   21360
gctaaaactt ggagaccagc tgaaccgctt agaacagttt ggatctatcg taggagcgaa   21420
gacaggtaca cctattcagt cccttgctgt ggcactgcag gaagctaccg gccacgcggt   21480
atcctttgaa gaggcaatgc gtcaggcatc tactgcggcc gcgtatggtt tcgacgctaa   21540
acagattagc gagtttgctc tagttgcacg tagggcagcg gctactcttg gcgttgatat   21600
gaccgatgca ctcaaccgtg taatcaaggg tgtgtccaag caggaaattg agcttctaga   21660
cgaattaggt gtaaccatcc gtttaaatga tgcgtatgcc gaatacgtta aaatacttaa   21720
tgcggctaac actggtataa cgtataacat tcagggtcta acttccttcc agaagcagca   21780
```

340

340/758

Фиг. 15M

sequence.txt

ggcatatgct aatgcggtag tagcagagtc taccaaacgc ttcggctacc ttgatgaggt 21840
actacgagca accccatggg agcaatttgc ggctaatgcg gattctgcat tacgcaaggt 21900
tcaacaagca gctgctaaat atctaggtcc agttattgca tctataaacg cagcattcta 21960
tacgtctaag gcttcggtat ctgcagaggc agctactgcc cagcaagagt cgattaagca 22020
aatggacggt aaagactcta acgcagtggt catgaacctt gaggcttctc agaaaggctt 22080
ggatgatgca gtcaaagcaa aagaggaagt aaaaaataaa ctcgcagctc ttaataagga 22140
gataatggat agagaggcga agatggatat gtccactgca ctggccacag ccgccaacta 22200
tagtgggttc ggtaatctgc ttaccctggg agcctctaaa gctaacaaag aatttacaca 22260
acagactgca gatatgcgta gacaggcgta tatgttacag caggagttag cagattctgc 22320
gggagctatc caaaaatgga aagacgccag ggactccgct ctatctaagg ctcagaaaga 22380
gaacccagaa ctggcgggga aacttaatat agggcagaac gttgaagcaa gtaatggact 22440
atacaccttt gacaacgcag cattagacgg ggcagttgct ctacggaagg agttcaataa 22500
tataaagaaa acttecggag atctgagcaa cgatatccag aactttgcac aggactctaa 22560
cactgcgtct cgagctactg cagcactggg tgatgcactt aaggcggttg agtcattggc 22620
gggtggatct acggaaaaag ccaatcaaat gaccaaggac cttaatttgg gctattccac 22680
cgtaaccgag atgaacactg cgtataaagc catgtctaac tatcagaaga tagtgaatga 22740
tgaggctaag tctaagctag atgttgagaa acgtatagcg gaggtctacg ctgccactcg 22800
taataaggat aaggcggaag aagctggtag agccctagaa atgcagcaac ttagcgcgaa 22860
gaaagaggca ttgaaagctg tgctggcgac gaacaaggac aacaaggcta ttcaaaaaga 22920
gttgaccctg ttagagacgg aagagctcaa agtgaagaac cagggcatgg aagcgactaa 22980
gaaggagaaa ttctataagg ataagatagt aggcatagat cgagaaatag cactcctaaa 23040
taatcgcact atgacagatt ctcagtataa cgtggcgaac cttaaattaa atctacaagt 23100
agagaaagat aggttagcct tactgaagac tcaggcagat aaggagaagg aagccgaaca 23160
gtctagacgt aacattgcct ctattgaaag ggaaatctgg aaagagcagc ttgaccgtaa 23220
tgccaaaact gctgagatgc gtaaagaaga attcgagcgc aatcaaagca tgaagcctct 23280
aatgggagag tcacagaaaa tgcaggagca gctagcgttc taccaagaaa tgaaggaatt 23340
cacgaaaggt aacgctgatg aacaggcgcg ttggagcaag gaaattgcta acactactgc 23400
gcaaatggcg gctctcaaag ctcagcgtac tgcacagatg atggatcgcg taggacagtc 23460
cttgggcgca gactatacgc ctactactgg cctggagggg gaggataaga aattcgccga 23520
catggaaaac cagatggcgt catacgatac cgctatcggt aagctctctc agctaaattc 23580
ggaggctact gctactgctc aaagtatggg gaacttagct aacgctatga tccagttctc 23640
tcaaggatct ctggatacta cgtccatgat tgcagcgggc atgcagacag ttagccagat 23700

341

341/758

Фиг. 15N

sequence.txt

gatcagctac ggtactaacc agcagatttc agcaattgat gcagctatag cggcagagca 23760
gaagcgtgac ggtaaatctg agcagtctaa gaacaagatc aaaaagatgg aagcggagaa 23820
gattaaactt cagcaggaat ctgctaagaa gcaaatcatt atccagacag cagtagcggt 23880
aatgcaggca gcaacagctg ttccgtatcc gttctctatt cctctgatga tcgcggctgg 23940
gcttgcaggt gctctgtctc tagcacaggc gtctagtgct accggaatga ccgatatagc 24000
aggatctggt ggtgaaaccg cctcttacct aaccttaggt gagcgccaga aaaacgtaga 24060
cgttagcatg ggcgcaaacg caggtgaact atcttacgtt cgcggcgata aaggcatagg 24120
tagtgctaac ggatttatcc ctcgtgcaga aggtggtaat acctacccag gtgtctccta 24180
taagatgggt gaacacggaa cggaagttgc aactcctatg gtgcctacca aggtaactcc 24240
agcggataaa gtggcttctg aaacttcttc tggcggtgct agaagaccgg ttaatctgaa 24300
catccaggca atggacgcta agagctttat ggagtacgca ttggaaaacc ctgcggcatt 24360
ccaggcagct gtagagttag ccttgaatga acaagggctg agcttaaaga acctgaatta 24420
actaaactaa agggaggacg taattgtcct cccttctttt tggaatttat aaaattatct 24480
tgaaaatttt tcttgatatg actataatat taacattgag aggagaaaac aaaacatgag 24540
attaccagat ccctttacac atcctcagta taacggcctt gggtttgata aagctacgct 24600
gatcgataat gatccagtga tcagagacga gctaccaaac ggcaaggtta acgaagttaa 24660
aacagccact cagtactggg gtcttaacat tagttatcct gtgatgtttc ccgacgagta 24720
tgctgtactt tcgtcagcaa ttctagagta taagcgtacc agaggctatc tcgacgttat 24780
actcccacat tacgagtctt accgagtaag aggggatgcg aacaactgtc gcattgccgc 24840
tggacaaaaa ggctccacac tggttatcac caatacgaat tccttatctg gagaacctaa 24900
gccaggtgat ttattccagt taaccacaca tccaaaggtg tataagatta catcttttaa 24960
aaacgtagca ggagtatgga cacttaatct atacctgat ctgttgctca ctaccaacgg 25020
ctccgagaga ccacgtttca atgggattct tttccaaact aaattaatga acggagattc 25080
attcagcgaa gagatcacag ttgatggtgt atacgacggg gttaacctag ttctgagaga 25140
aagtctatga gacagatcct tccttctgcg aaagcctacc ttgccaacaa tgacaagata 25200
cgattagcgt atcttgtctc tatcgaactc ccggggtcca cgggtaataa cgctgtttat 25260
gcttatatga cggactatat gagagatatc aactatggtg gtatactctt ccaatcaggg 25320
aaaattaaaa caattagcag ccacaaacaa aaccgtacgt taaccgtcgg cagtttgagc 25380
tttagtgtta ctggtacgga tgccaacgaa gtcattaagc tcgtgcaaag tggtgtatca 25440
tttttagatc gctctatttc tatatatcag gcgatcatcg acgacaatgg ggaaatcctt 25500
ccagtggacc cagatactaa tggcccctta ctcttcttta ggggtaagat tgtaggtggt 25560

342

342/758

Фиг. 15O

sequence.txt

ggtatcaaag aaagtaatac agtatccgga gttggtactt ctgttataac ctggaactgt 25620
tctaatgaat tctatgattt tgagcgggtt gctggacgct tcacagatga cgcttcccac 25680
cgaggacttg agattgtaaa tggagaatta ctgccttctc acggtgccaa acgaccggaa 25740
taccaagaag actatggatt cttccacgcc aacaagagcg ttaacttcct agctaaatat 25800
caagtaaaag aagaacgata caagctagaa tctaagaaga aattattcgg tctctccaag 25860
agctacagcc ttaaaaagta ttatgagact gttactaaag aagtagacct ggacttcaac 25920
cttgcagcca aatttattcc tgtagtatac ggtactcaaa aagttcctgg tatcccggtt 25980
ttcgcggata cagagagaaa caatccaaac gttgtgtacg tggtttacgc gttctgtgag 26040
ggtgagattg aaggattcct agacttccag tttggggacg cccccatgat ctgtactgat 26100
caaactgaca gtacatctcg tacatgcttt ggacaaaaaa gggtgtcggg agatactatg 26160
gcaagaattt ccacagggct cccatcaaca tctctctcca cgcatggtca agaatacaag 26220
tataatgacg gtaacggaga tatacgaatc tggacattcc atggcaagcc agaccaaacg 26280
gtagctacgg tactaagaga cattgctgct gctaacaatt tcttccttca aggagagaac 26340
ggtaatggtc cggagtactg ggattctagg tacaagttat tagacaccgc atacgctgtc 26400
atacgtttca ctatcacgga gaacagaact gatattcctg aagtatccgc agaattaagc 26460
ggacgcaaag tgaaagtata ccaggcagat ggttctgtta aaatggataa aacgagtcag 26520
aatggtgtgt ggcaaacatt tgactaccta acctccacca cctttggtgc aagtatcccg 26580
atagacagaa tggtgattgg tgactggaga aaagaggccg atctattaaa cattatagac 26640
acctcttatc aaactagttg gcaacctttc tggagatacg ttggatggga gagctggaca 26700
gccgaaaaca gacaaataat gcaaatgaac acaatcctgg ataactccaa ctctgtgttc 26760
aaaaacgtgc aggagctatt agaatccttc caggggcgt tgaataacct atcaggtatc 26820
ttccgcatca ccgtagagaa agattcaaaa actccgctag aacttaattt cctagatact 26880
tatggggacc tggatctatc agatactaca ggccgtaata agtacaactc agttcaggca 26940
tctctgattg atcctaccct gaactggaaa accaactcta taacgttcta taattctaag 27000
tttaagaatg aagatcgtgg agttgacaag aaacttcaac tttcttttgc taacataacc 27060
aactactaca ctgctagaag cttggcagat agagagctta agaagtctcg ttactctcgc 27120
tctctgagtt tctctttacc ttacaaattc cttggtatag aacctaacga tcctgtagta 27180
ttcacctacg atcgttatgg ctggaataag aagttcttcc tagtagatga ggtggagaac 27240
acaagggatg gtaagataaa cgtaactctt caggagtatg gtgaggatgt atttattaac 27300
tcaacgcagg tggataacag tagcgaggcc gttcctgaaa tatccaataa cgtcctgcca 27360
ccaagagact ttaagtacac ccctacacca ggtggaatgg taggtgatgt tggcaaaaac 27420
ggagagcttt catggcttcc tagcttgaca cctaacgtag tctattactc gatacgtaaa 27480

343

343/758

Фиг. 15P

sequence.txt

```
tccgaccgcg tggatcctta tattgtgcag cagactgctt tcacacctaa cgttagaatg   27540
ttccaagata tcgtgggtga gcctgctggc ctgactattt tcgagatccg cgccgttgat   27600
attaatggtc gtcgtagctc tccagtaaca atttctgtag atttgaactc agctaaaaac   27660
cttagtatgg tggaaaactt ccgagtgctt aaccttgccc ctgaccctgc tgaatgggta   27720
ggacctgact tagagttagg gtgggacaag ctgcaagaag aggggctgat ttcagggatt   27780
ttctacacgc ttgaaataag ggacaacact aataaactgc ttagatccgc aaagatcacc   27840
agtttatata actacagcta cctgttgggc tataataagc tcgactacaa ggccaacaac   27900
tcgaatactt tggggattta cagagcactt cagccaagaa ttcaggcgga gggaccaaag   27960
ggcgagaagt cggttgcatg ggcatatatc taaatgattt caaacatagc accagctaaa   28020
atggtactgc agaatatcgt gaccggctat acgattgcga gtattcagca ctcaatcttt   28080
tccgattacg acgtaattgg tagaactttc tggctaacta cgggtggggt aactacccgt   28140
agggacttta ccggcgttga tacattcatt gccacaatta acaatctaat cgctggcgct   28200
acctactctg cccagggtgc tttctatgac tcgatggttg atgcagagct gatggctgct   28260
aaagtaggta tgaacctctc tagcaccatt aacttcaaga tgaaaactgc tccgaagatt   28320
accaaagtgt cctcttttgc agaatctgtt gacgtgggtg tgggtgctcc tatggttgtc   28380
gtagagcttt ctggggaggc cgaatacgtt accatcgaaa tgaaacctga gggctctagc   28440
acctggacta aatactaccg tggtccaatc actgagcaga tcatctttgg gggtgttcca   28500
gttggcagat acaatatccg ggtatctggt gttgtcacta tgccagatgg tgttactgtg   28560
gatgtttctg ggtatgatac ctggccgtca ctgtttaacc tgacctacaa cttcactcca   28620
ccgtctgccc caactaacct gcgtttcaaa actgcccaca tccaagatgg tatggagcgt   28680
tttgacgttc gcctggaatg ggattggact cgtggtacgg gtgctaacgt tcgtgaattt   28740
atcatccagt atattagtaa cgatgagttt gcaaaaactg gatggactaa ggccaacaag   28800
ctaaacgtgg gtgcagctaa agctggtact atcactagct tcccttacaa aatccgccac   28860
cgcttccgtg tactatcggt tgcttggggc ccagatactc agtctataac taactctaac   28920
gaggttactt atattataga cgagagcacc actttcgaca atgcattcat taacgagacc   28980
ggtgtagaaa tgacctacgc aggtatcaag ggtaaactct ggaactctaa caccaaacag   29040
tgggagcaga ctttcttagt cgatgctgct acaggtgcag tagttcttgg tacactcgat   29100
gaaaatggta aagcgccgat ttcattcgac cctgttaata agattgtaaa cgtcgatggt   29160
aaagttatca ctaaagacat taatgctgct aacgtaattc ttactaacct gaccggtaaa   29220
gataacccgg caatcttcac tcagggtaag aagtacggta ataacgcagg tggtgtctgg   29280
atgggtgttg acaacgttga cggtaaggcc aaatttgacc tcggtaataa cactcagtat   29340
```

344

344/758

Фиг. 15Q

sequence.txt

```
gtgcgctggg acggtgatac tcttcgcatt tctggtaacg ttgtaatcgg tactcctgga   29400
ggcgatgtag accttgaaac cggtatgcag ggtaagcaga ctgtatttgc ttataaactt   29460
ggtacatctc tgccaagtcg cccgcttgac caagtttatc caccagctgg atggtccgca   29520
ttcccgccta accgcactgc tcagaatcag aacgtgtacg ttgtgcaggg tactctggat   29580
cctaagaaga gtcctcctgc tctagtagac ggtaccaact actcagctgc atcccagtgg   29640
tctggtgtcc caggtactgg tggtactgat ggttctaacg gtgattacac tgttcagatt   29700
taccagatca gtgctagtaa gcccacgaaa ccaggcaata tcaatgaccc tagcggttgg   29760
agtcgtaccc caccgactgg aacccctctt tggatgtgtt ctggtagatt caatggcgat   29820
actaacgctc taactgttga gggttggtca gacccgatcc gagtagacgg cgagaaaggg   29880
gctactggtg ctactggtgc tactggtcct caaggtcctc aaggtccggc aggtggttca   29940
gtagaagtac agtggtctaa agatggtact actaactggc atgcaaactt tactactggt   30000
gatatctaca tgcgtcagcg tgttggtaca ggtgggtgga gttcagctat ccgtgcagtt   30060
ggggaagatg gtactaatgg tactcctggg tctaagggta actacattgg gatgcgcttc   30120
cgagtggcgg ctgagaaacc tgccactccg actggccaga ccccttcagg ttggtcagat   30180
gcacctcctc agggaaaccc tctatggatg gttaaagctg agttcaacgg tcaaaccaac   30240
gccctagtag gtacgtggtc agaaccagtt cgtattgatg gcgaaggtat tggagtaaac   30300
ctgtatccgg ttaagaaaac actggatcag tggaccggaa tgagcaacgg tactatggtt   30360
aagaacccag ataccctcag ctttaccata accaacacag agagcactac ctcctctacc   30420
ggaccgggtg cacatcctgt tccgttccag ggttcacaag gtcctatagt tgagattcca   30480
gtaaagccga atacagcgta catcttcact tatgaggtta gtactgatag caccagcttt   30540
gttctgagag acctgttact agagttctct agcattaccg gaagttttac caacttccaa   30600
gagttactga ctggagccaa aggtaagcag gaagctaaga ttgtcactcg tgctgatact   30660
aagttcctga gcttccgtcc aggtgtccgc actgccggag ctacggttac ttattctaat   30720
ctaaaacttg aagaaggcat taaagctacc gcttacagcg tagaggcttc cgacagtatc   30780
ggtgagaaag gagaccaagg tactcagggt ccacaagggc ctcagggtaa tcagggtcca   30840
cagggtaatc aaggcccgca aggtgctaag ggtgataatg caaaaggatt cagcctctct   30900
tctctcggtc agacgtttac gtacgacgca gaaggtaaac tgaagtccga tgcaaccatc   30960
ctgttccagg ctttccgtca gaatactact gcaaacgtta cttggtcagc caaggacgag   31020
aaaggtggga acatcactct gacaagtact agcaatactg gtgctacact gaccgccgct   31080
aacttcaaaa catcgaagtc tgtagtagtt acagccgtct gtgatggtat caccgatcag   31140
atcactattg tgcgtctaga cgatggttcc aacgctctcg tagggcttct gaccaacgaa   31200
ggttccacag ttctagcgaa ctatgctggt tacgtgcaaa actatagtac tggttctggt   31260
```

345

345/758

Фиг. 15R

sequence.txt

```
gacttcaaag tattctatgg ggcgaaggat atcacctcag aatgcacctt cagtactatg    31320
gagaagaata accttgatgc tgatattact tcagcgggca aatatacttt aaaaggtatg    31380
ccggctggta ctgatgttat caacggctgg gtcgacttac gtgctgtaca ccctacttac    31440
ggtgccgtgg tccgcagagt ggcaactact aaatctatcc ttgcaaaagg ttatgatcgc    31500
gttattacca cttcattcga gaacggaaat aagggtacct ggtcgactgg tagtgtccaa    31560
ggggtttctg gtgccacaat tgtagccgca ggtttcagca aggccctagt gatctctgct    31620
agagactgta tagaagatgc taacgcattc cctgtagtag ctggtcagaa atatagactg    31680
ggcatgtgga taatggctag tgagtctaaa gtcaatatca acatgggaat gcgaattgta    31740
agggcggccg acggagttgt tgattggcaa ggaaccctta tgattgcaca aggtactgta    31800
gtacctggtg gctggtccta catcgaaaaa gagtttactg ttggcagttc taataccggt    31860
atagcaatgc cgtggatcca gatggctggg tcttctggta gtgacttagg taaagcttac    31920
gttaccgata ttcacatttt cgccctagaa atggatgggg agaaaggtga tactggtgca    31980
actggtgcta caggttctca aggtccacaa ggtccacagg gtaataaagg ggacaaaggt    32040
gatactggtg caactggtgc tcaaggccct gctggtagct ctgtaaacgt ccagtggtct    32100
aaggatgggt ctactaactg gcatgctggt ttccaacctg gcgatatttt catgcgtcag    32160
caggttaatg gagtttgggg cagtgctatt cgtgcagttg gcgaagacgg taaaaatggt    32220
gctgatggta ctgacggtga ctacatttca atgaagttta tcgttcagga taccaaacct    32280
ggcacaccta ctggtaacaa cccaggtagc tggagtgatg ctcctccagt tggtagccct    32340
ttatggatga ctaagggcac tatgaatgct agcggtcaac tacagggtac gtggtctaat    32400
ccggtccgcc tagacgggac tatcaaccct aacctgttcg cagtacgtaa gtggatggca    32460
gggatgactg gtacggaagc cggcacatct aagaacgata tcgagaagct agcgcatacc    32520
ttgactcgta cttccggaac tgataatacg gctccagggt gctatgcgac cccgtatcta    32580
ggtagtgggg cgttttccca tccagtgact ccaggtaaac gctacactct aacctataat    32640
atcgacgcgg ctagcgaggt ccagacccga gatactatat tctggcaggc taatccagac    32700
tcaggacaat ccacctacat agaggaactg aataccggga cgtctataaa ggttaagcgt    32760
acctttgtag ttcctacagg tatgaactac ctaaccctac gcccttctgc tctgacactt    32820
aacgtagcga ctacgtggag caagattaag ctggaagaag gcggagagaa aactgagtat    32880
caagtagaat actcagacag tatcggtata gtaggtaaat cagttttagt acagtggtct    32940
aaggatagct cttctagtaa ctggcatgat accttccaaa caggtgactt gttcatgcgt    33000
cagaacgttg acggtgtttg gggtcctgcg attcgtgcta taggtgagaa aggtgagatt    33060
ggtcctgacg gtaagaaagg taactacacc aatatcatct tccgtatttc ggatactaaa    33120
```

346

346/758

Фиг. 15S

sequence.txt

```
ccagctaaac ctactggtaa caaacctacg gattggtttg atgctccacc tgatggttcc   33180
cctctttgga tggcaacagc aacgtttaat ggggatacta acgctatcat tggtgcttgg   33240
tctgaccctg tgcgaatcga tgcttccggc gtaggcgaaa acttcttagc gttcaaagag   33300
tggatgatgt ctattcagag ggctgagggg acgggctctt cagttagcaa gaatccggac   33360
cagatgagat tccgggtaac agctgggcca tccagaaatg acgcgtacac taccccttac   33420
caaggaaccg gcacacattt tatagaagtg tcgcctaata ctgtgtatac tttatcattt   33480
gaaatggaaa ctgctgtgtc cactagaatg atgctgttgc agtttgataa tggtaatggg   33540
ggcacgcacg cacgtaacaa tcaggttata tcaaccagta ctggtataaa cagtctgact   33600
attactacgg gtgctaacac tacccacctg tctatgcgta tgtcaatctc taacatggga   33660
gagactaacg tactgatgaa acctaagctg gaactcgggg cgtttcctac ggcatacgtg   33720
gcgcatccta gtgatctact tggtaaagat ggtgctactg gagctactgg tcctcaaggt   33780
ccgcagggta acac.tggtgc tactggtgct acaggcccac aaggtagtaa aggtgacaca   33840
ggggctactg gtcctcaagg tcctcaaggt ccgaaaggta acgcaggtga aaacgctaaa   33900
ggattcgccc taacgtcaga ttatcagtca ttcgtgtatg atactgtagg ggacattaaa   33960
tccgctacta ctattctgtt caagggacta aaacagaata ctactgcagg gatcacgtgg   34020
agtgctgtaa ataatacggg agctgcagta acactgatga attctggaga taaccgtcag   34080
ctaaccgctg cgaacttcgg cgcctctaag tgggttacga taacagcaac ctgtgatggt   34140
ttatcagatc aaattactgt ggttcgtttg caggacggtg agaacgtgtt gaccgctgtt   34200
atgacaaatg aggcagctac ggtacttgct aactactccg gatattgcca gagttacgaa   34260
aacgccaaag gtcagatgag agtttggtac ggaagcaccg atgttactgg tcagtgcact   34320
ttctctgagg gcggaagaag taacgtaact cctagcatca actcagcaaa tgggaactac   34380
tccgttactg gtatgttgga tgggaccgat attaccgaag gttgggtgga cgttaaggct   34440
actcatccaa aatatggagc aattaccaag cgttttgcgg taactaaggt attcctagcc   34500
aagagctatg agatggttat caccaatacc ttcgagaatg gtaacaaagg ttcatgggca   34560
ggagctctgc agagtgtttc cggcccaaca aaccagagca tctctaaggc gctgcgtatc   34620
acagctagag ataacctaga gggtaggaac accatcccag tagcaggggg gcaaaaagtc   34680
cgtatcagat tctggtacaa cccactagga ttagaggaag ccatttttag agtaggcttt   34740
attgttcacc gcaaagatgg gggcaaaggt taccctcca gaactgtggt tacgggcccc   34800
gctcctaata gctcctgggc gtacttcgat caagagttga ctctaagtgc taacgatgag   34860
ggtattgcct ggccgtggtt ccagttagat aacaaaactt ctggttcttc attagggtat   34920
atgcttgttg ctgacataca cttcgaagat ctatccatgg atggtgcaga cggagctact   34980
ggtcctcaag gtccgcaggg taacactggt gctacaggtc ctcaaggtaa caaggggat    35040
```

347

347/758

Фиг. 15T

sequence.txt

```
actggtccac agggtccaca aggtcctgca ggagcttcag ttggtgttca gtggtctaaa    35100
accggcaacg cgagcgattg gcacacaaac tatgctactg gcgacattta tatgcgtcag    35160
caagttaacg gtgtgtggtc ttcggcaatc cgcgcagttg gcgaggatgg gcgggttggt    35220
gctgatggta aatatacctc cctgagattc caagtagctg caactaaacc tgctagacct    35280
acagggaact ctccggctaa ctggtctgat tcacctccag aaggttcccc actctggatg    35340
gttaaaggtg agtttgactc cagcaaccaa cttcagggaa cctggtcaga tccagttcgt    35400
ctggacggtg agacggtcaa cctcaacctg tttgctaaca aagcatggat tgcgtctata    35460
acgggtgcca gtggtagtgg atctgttgta gccaaaaacc ctgacgaact acgcttacgc    35520
attaccgcag gttctggtgc aactgacgcg tataccatgc ctagtggtgg tgatggtacg    35580
ttcttcacta aagttaccgc aggtaagcgc tacactatgt cgttcgacac ggatagtgct    35640
ctggaaatga gaatgcatgt gttctttatc caggcaggag caaatactac tacctcatca    35700
ttctcttgga tagcgtcaac aactgctggc agaactagct ggtcgttcac tgttcctgca    35760
ggatgtgata gggtatctgt ccgtgtgtca ctgaacaaca acccaggtgg aaccaacgtt    35820
gtttccaata tcaagctgga agagggagat ttcgccacag cgttcattag gaacgagctg    35880
gatactattg gtgctgatgg ttcacaaggc ccacaaggtc cacagggtag taaaggtgat    35940
aaaggggaca caggagctac tggtccacaa ggtccgcagg gtccaaatgg tactagcgcc    36000
aaagcctttg ccttaacatc cgatagcctg tcctttagct tcgatactag tggtaacctg    36060
aaatctaatg gtactatcaa gatcgatagc tggagacaga ataccactgc tgcaataacc    36120
tggactgcca agaaccaagc agggagtaat ataactttag gtggcactgc tactaacaag    36180
actataacct ctgctcagtt cggaagctca gagtacgtaa cagtaaccgc gacgtgtgat    36240
ggaataaccg attccattac aatagttagg ctgcaagacg gggtgaactc tctagtcggg    36300
tacttaacta acgaagcggc taacctgtcg tgtaactcct acggttttgt gcagaattgg    36360
gatggcacta cgggtaactt taaggtgttc tacggaacgg tagatgttac cagtcagtgt    36420
accttcggag tggaggataa gagcaatctt aacggcaaca tagggtcaag cggttattat    36480
gcccctagcg ctatgccaaa cgggctggaa attacctctg ggtgggtaga ttataaggct    36540
acgcatccta agtacggaac acttattaag aggtttacac tcaaaaagag cctgcccggg    36600
attggttacg acagagtgtt cacggggtcc tttgactctg gtaacaatgg atcgtgggga    36660
cgtacggtag ttgacatcgc tacgggcagt cccggaggac acaccaaggc tatacagtgc    36720
acctctaggg acaccatgga aagtagtaac tggttcccta ctcgtaaggg gatgcgctac    36780
cgtgtaactg catgggtgaa caactctgag ggtgagtatc agctaaggtt aggcctccat    36840
acccagaact cttctggcag cgttaacact ggttacccaa ctatgctagc cgcatcagct    36900
```

348

348/758

Фиг. 15U

sequence.txt

aaggattccg agggatggaa actagtaact ggtattgtca cggtaggaga tgggtctact 36960
gcggagactg gtagggcaag accatttatc cagatgaatg gtagtgctag ccccttcggc 37020
aacgcttacg tagctgctat agcgatcgaa gacctatcta tggatggtgc agatggggca 37080
acagggccgc agggtccaca aggtaatact ggtgccactg gtccgcaagg tgataaaggg 37140
gatactggtc ctcagggtcc acagggtcct gcaggtaact ctgtaaacgt tcaatggtct 37200
aaggacgggt ctactaactg gcacagtacg ttcacttcag gtgatctgta catgcgtcag 37260
caggtgaatg gatcctgggg tcctgcgatc agagcagtag gtgagaacgg ggctaatggt 37320
acgccaggtt ctaagggtaa ctatgtgagt atgaagttcg ccgtaatggc tagcactcct 37380
agtaggcctt ctggtagtaa tccggctggc tggtcagata gccctcctcc aggtaacccg 37440
ttatggatga ttaaagcgga gtttaatggg gagactaatg ctattatagg taattggtca 37500
gatcctattc gcctagatgg ggatagtatt aacgagaacc tgttctactt taaagcctgg 37560
ttagactcga ttaccggagt tgcaggcaac ggttcatcta taggtaagaa ctacgagtta 37620
ctaagggcta ggataatcgc aggtacagga gttaccgatg cgtataccct cccatcagat 37680
ggatccgcct ccatgttcac ctaccttcct ccaagcacca catatacgat gtctttcgag 37740
actgataacg ctgtagaagt tcgttgtcac gtattttggt acgctaaggg aagcaatacc 37800
actggaggag tgctgaagac tattgcatct actactgcag gtttgagcag ctttaccttc 37860
accacgccgg ctaattcgga taggatatcc gttaggttct cagttaacga atctgggggа 37920
aataacgttg taggaaggtg taagattgaa aagggagcct tcgtaacgtc atatgttcgt 37980
aaccagtatg acgctgtagg ggatcgtggt ccagggttct atactcaggc gatcacaaac 38040
ttaaccggat ggaacgatac tcaggcagca tctttcttcc agtcaacatt tggtggacct 38100
ccggttaagt atgacgtact aactcagtat aagtcgggct ctccgcagaa ctcctggact 38160
cgtcaatgga atggctcggc atggacagct cctgcattaa ctgttcatgg tgatatgatc 38220
gtctccggtt ctatcactgc tgataagatt attgcaaaca acgcgttcct ggcgcagatt 38280
ggtgttgaca tcctttacaa tagggccgcc gcactaagct ctaacccaga gggcacttac 38340
acaatgaaaa tagacctggc taacgggtac attcatataa ggtaacaaat gagcacggaa 38400
aacagagtag ttgatattat ccttgatcaa aacgtgtcat acggattgat gctacagttc 38460
atggatatcg atgactctgc gtacccagca acggaaaccc ctgtcaatct gacaggggta 38520
acccttaagt cttcaattaa agactctctg gaatccactg gggtaaaatt agcagatttc 38580
gtcgtaacag tagtaaacgc tacacaaggt caggcgtcgc taggattaac tgcggctacc 38640
gtggcaacaa tcgttagtaa agcaagtaaa gaacgagata aatataatcc tagacttcgg 38700
ttcgcaggtt actatgatgt aatcatgacc aaaggaacag gagctaccgc tacctcttat 38760
agagtcatgg aggggagcgt gtacgtcagt gatggagtaa ccgcgtaatg gctattacaa 38820

349

349/758

Фиг. 15V

sequence.txt

caagaattat tgcacaacag gttaccgctc ttgacggagc taactcaagg gtaagtaagt 38880
acccaaaatt taccgtacag ctaggatact cagttagttc tctggctgct acagaattac 38940
tagatgctgc cactagatcg gcagcatccg ccgccgccgc taaaacttcg gaaaccaatg 39000
ctaaggcttc tgaaaccgct agtaaaaatt cccagacagc agctaagact tcagaaacta 39060
acgcggcagc atccgcccaa gtagctcaga atttggcagg taaagcgtcc ctagtaacac 39120
cactaggagt gatgaccggc tcggcagaag ctaagattgc atctataaca atagccgcaa 39180
atcagtcttc tagcgttcac gtattatttg cgctctacgc tacaggtaat ggagccaaca 39240
gggatgatat atacaatatg gagatagtat ccctggcatt acctggtcct gtaacctctg 39300
taaccgcgga caacatcggc agcttcctta gtcatcgagt aataggtccg gccaacacta 39360
atggatttat ggtaggactt aaatctacta ttgagggtag caacgtgacc tatgatgtat 39420
acctcaaatc tcgtagtagt ttcagagacc ctaagatggc attcttatcc ggctccatat 39480
ctgttactcc acctaccgga cctttggtgg acggaacatc ccctgcgtgg aaaactacag 39540
gttttgatac tgatgttatc tatgtaaata gggcgcaagt aattgatgat ggcattagtt 39600
tagcccgcat caaacaacta gctataacta acggtaaaac cgatagctct atacttcttt 39660
tatcctattt aaatgaaaca ggtatactat ctaccaataa gaagtctatt tccctccggc 39720
caggaggtac gagtgactct agtattgcag ctacggagtt tctacctaac gggaatataa 39780
ttctgcctaa tggggatact gggaaccaaa ctattagttg gttaggtggt ccccgcatac 39840
gagtcaactc caacgggtct tttgttcttt ctactaataa tcccagtaat caaactagtg 39900
ggtttataac tttcaggcca caaggtgatc aagtaacttc cactgagctt cagattaggg 39960
atgatggtaa cattaagcag acagctccac agtcatcggc aggcaatgca cttatacgcc 40020
aggatgcggc tattcaacat atcatggata aggctccggc tgccggtatt actgctaacc 40080
ccctaagcga cttgaacgta atacctacgc ctgaaggtac agatccttgg ggagcagacg 40140
gtgtacgtgt attccaatca ggggtatcaa caaaaaatac tccggacgga actactggtc 40200
ggcttggaac tatcctcaac gttaggcaca cccagtaccg tataatgcag ttcttcatgc 40260
agagtaatgc tactgcacct attctgcata ttagatcatt aagggctgat cagggtaata 40320
ccccaccggc atggtttaaa gtttatacag aatactctaa acctaacatt cagtctgaca 40380
tagcaggtat tactatagac ggcaatggtt tcgttaagaa agcctccccg atcgccaagc 40440
tcatagccga aattcctagc aaagaggatt cattcttctg gacaggcgtg gaaactgtgg 40500
gaggttacgt agggtgtaac gcagaggctc aaggtgtatt tgctgtaaaa actggactag 40560
gcaagtatac tattaaaggg agtttaggct ggaacacgga aggatggaaa tttgagctac 40620
caagagatga taacggcaat atgttgtgct tcgtggaatc ggattggaat gaggaagaga 40680

350

350/758

Фиг. 15W

sequence.txt

```
aagagctaaa catacaggtg ttcacccgta agtttgatat taacacaggt aatatcatcg   40740
ctggtgaacc tatggagata ccacaaggtc gttggattga tctacgtctg gaaatgccaa   40800
aagtggaaat accagaagtg gaatttccag aagatccaga agtataataa aataaaaccc   40860
cagtcggagc aatccgctgg ggtttttcta tttacatctt accagaactt ccgaagccac   40920
cttcgccacg atcagtgtcg gtcagactat cgacaatttc aatgtcattg gggttataat   40980
gaggtacgat caccaactga cacagacgct caaagttatc aatcggttgt gtctcgttgc   41040
tcatattcaa caggttcatc ttgatggttc ctcgataatc tgagtcaatc acccctgttg   41100
tattggcaat cattagccga cgtttcccta gagaacttct cggaaccacg attcctaccc   41160
agccttcggg aatctcaacc gcaactccgg tatcaatcat caatgactcc ccaggaggta   41220
tggcacgcaa taggtcggaa gcacgatctc cgaagtaggc ccgtagatcc ataccggctg   41280
cttccgagct tccaacgtga ggtttacaat cggggtgaga taatttaata cgcattatac   41340
ttctcctgtg gcaatagccg taatgtcttt aacaaattga tcgtagatat cttgtcctgc   41400
tgcggcaact gcttccccac agaaacttgg gagatctact agagttaggt tacgttccat   41460
aagttcgcct gatttattca gagcctggac gaatttttga gttcctggga gcggtagtgc   41520
atcaataatg tctagcacgc taccatgttc ccggattagg ttgtagccac gtttttcgcc   41580
gataccttca acaccacgaa tgttatcccc catatcgccc ataatggctt ttaatgagat   41640
aaactgatct acagtatcta cgttatggtt gtcgaacata tctttctcgt gatattcttt   41700
acgagtagta aacgagaagc gggagatatt cggagcaagc agggtatccc agtcaccgtc   41760
tgtggagatg agccagatat gatcgtagtg atgacctatc agctgaataa tgaaagccgc   41820
catgtcatct gcttctactc cgcggattcg gaaagtaggg aattggcttg caataagatc   41880
aaacgcatcg tctaagtatt caaagaattg acgatccgcc tctacttccg cttcggagcg   41940
atcggcgtac ttagcgtctc ggttgccctt atactccggg aaaatattgg tacggaagat   42000
actcttccct ttatccccta gaacgatagt gtgcttcgca tcgtaggagt ttgccaaaga   42060
gttgatggtg tttgcaaagg atgctgcaat aggcttacca ctatctttct tgaagcggaa   42120
gcctaagttc gtaccgtcaa caatcataag attacggcgt gaggcgaggc gttgttctgc   42180
ctctcgtttc attgttcccc aggatttact catttaacta aatctccaat ttcacatgcg   42240
tttaaccacg gctcaaaaag accgataaca atttccattc cacgtttatt aactatgaaa   42300
tgtgctctac tcatgaggtt atcaatcata gggtcgctac tatccagagc gataagccat   42360
tgaccacgat ctttcttaaa gatcagggcg ggtttcatgt tcatttgctc accttcacgt   42420
gcggcttggg cccaccattt ttctagctgg gattctccaa cgtttaggat attgctatta   42480
aatttttcgt ctgcgtagtg tttgatctca aaacagtatt ggctcatttt acctacgcta   42540
ggtggcagat acacatcccc ctttagggag tgggattggc caaaagctcc tgaaccagga   42600
```

351

351/758

Фиг. 15X

sequence.txt

```
acacgttccc agtccaagga ggtatattta cgcagcatat cacggatttg gtattccgcg   42660
cgttttcctt tctcgcgact atctacggcc attaggcctc caaaattgat aagccagctt   42720
cgtcttgttt aacctcaatc ttatgtgcat acggatgtgt gtgcccgtga gatacgatga   42780
ttgagttcag ctgatcttct tcctgtagaa gttctacgag ggtattaatt ccatccgggt   42840
caatataact tacaacttca tcaaggaaga gcaggttgat attaacttta ctaatcgttg   42900
aaagcaacat tcgaattgct aatagcgtgg aaatattgat acggctctgc tgaccagtgg   42960
agcagttgac catagaagtc ctgttaccat cattgtagat gacaacctgt agcttcgtct   43020
cgtctaactc gaaccctaga gcaaatttac cgctggtcat gatagagaga taatgattga   43080
tcatctcttc aaataccttg acactatgct ccagcttata ccctaccaga tcttttagcc   43140
cggtaattaa gatatctaga tccgctactt cttctgcaac taaggacagt tcagcctgga   43200
tcttatcaaa ctcctgctcg gccttttgaa tctgttcacg cttagcttca tatttcgcat   43260
tttcacgtac aactgattcg ttatgggttc ttgcaagttc taccgaggat ctgccttgac   43320
gaatgctaga ctcaatagct ttgatacgct cagctaaccc gctagcgtct acgatttcat   43380
cctgcgttcc attgacctca tcaaattcct tgaggttttt gcgagcctgt tccagagcgt   43440
taaacttaga gatataatcc ttaaacgccc tatcttcctt cctaagttct tcaacttctg   43500
cttccagctt ttgacgttct ttatagagcg gatcatactc ctccttagtt cgtctcatag   43560
cttcttgggc ggcggaggta tctaagtgag ttccgcacgc agaacactga gttttacctg   43620
cggcattttt gaaatcgtag taacgtttct tcaaatcatc cgctctagtt gccacgaccg   43680
ttaggttacg cgtaacactc aggagttcct cagatttcga ggtgggcgca ggtaaatttt   43740
cgaatggtgc aaaagttttt tcggcagctt gtacggccat gtccaaagag ctacgttttg   43800
caatactggc tttttgcttc tgagccagtg ctaccttgac ttttgcttcg gttaattctt   43860
cgactagtgg ctcttcatcg aaaacaggga ttgggatctc tgattgaggt gcgccaagcg   43920
aggcttttga ggaaagtata gattgggcag ttcgcaggct accttccaat ccggacagtt   43980
ttgccgagac ggctttacgt cccgctttaa cacgttcaga aacttcctta tattgttcct   44040
gatcaaacag gttaacgagg aaagtcttgc gctgagcatc cgtagtcttg aggaagtcga   44100
gactggatcc aactgactga tatacgagct tagtaaatgt cgtaaaatca caggcgagta   44160
cctcttctat cagcttatac gtttgggttg cggtgtgtcc gctgatatct tcaccgtttt   44220
tagtgagagt tactttggcg gttgacttca caactttctt gacgttgtac acgtcaccgt   44280
cttttgtgaa ctgaccttct agcgtatagg ccttggagcc agtatgccag ttaaacaggt   44340
cgtccttctt gataccacgt gagttcttat tataaagaag ctcctctaga gctgtaccaa   44400
ttgttgattt acccagcccg ttacgcccga ttaactgagt tacgcggtga ttatcaaatt   44460
```

352

352/758

Фиг. 15Y

sequence.txt

```
ctatcaccac gttctcagca tatgacataa aatggctgat tgtcaattta ttaattacta    44520
tcgacatact cagcggctct ctttaatatg cgtgttctag acgcttcgtc tagtttctgc    44580
acgtttgtga aataagtatc cagctcctgt agcagtgaca tatcgtctag atctaactta    44640
gcatctttgg tgacacggtt attgatcttc ttatctaaca gttcgctgtt ctttaacgtt    44700
ttgagttgtg atacgtcgcc ggtgacttcg tatataactc tgtcatacgc atcggcttcc    44760
attggctcgc cgacttcaat agtttttcgt atgagctgtg gaagatctcc cagttcaatc    44820
cacgaaaggt agtgctcatg gtctcttggc aagaccgtat cgatgataaa agctccgtta    44880
gttccttttg tcctttctct gtgaaacgaa gttgtaagcg gagatccggg atagagcagg    44940
tcaacatccc cgatcttttg gctgttcttg tagctgtgga gatcgcctgc aaatactttg    45000
gagtacccat gttcgacgaa tctttcgagg tagatttctg gtacgacatg aggcgggatt    45060
gcacctctga catgcgtgaa gcaaatgtct gaaactctgg gcttccaact agctttgtga    45120
aggctgctgt aagggatgat atcgaactct ggagatcggt agtctttgac gactttccaa    45180
agtccatctg ttgcgtcgct aattgctgct gcatagtgat ccaggcaaga aatcgtttta    45240
gatttcattt cgtggttccc ggtgtaaata ataccaggat gttggagggt agctaggaat    45300
gcaaacagta gttcaacttc ttctgaagac gggtctgaaa catccatgat gtcaccacca    45360
ataatgtgaa ggtcacatcc agtagctcca aacacttcgt ccagcttttc accgagaaga    45420
ataaaccgat ttttctgcca ttcctgagga acgttcttcg ctcctagctt gatgtgatga    45480
tctgctgaga aaagtatttt catagtcaaa ataaaaggga gccgaagctc cccttgtttg    45540
gattaatcga ggtcagaagc tgcttcgtga tcgatgttac cggagttcgc ggaaccttca    45600
ttacctttag attcgtcgcc ctcctcatct ttcttacctt ccagccatgc ctggattgct    45660
ttcttctgct catcatagga cggaaccggg taggtaacat ccagtttagg cacttttttcg    45720
aagccttcga attcgtctgc ttcgttgtac agagcctcac caatcagagc aacgtcggct    45780
tcatgcaggg cggcctcttt agaacccggc tgatttttag ccatctggaa ctgcattgca    45840
gcgatctgct gtacatcgta cttggtatcg aagccagtac cagatttgga gatagtgata    45900
tcgatctcac ccggatcttc cagattcagc tgggccatga tggagtggat accggtcagg    45960
atggttgcct taacttccat cagcttcagt ttgttatcag tacgatcgat aacaacggcc    46020
aggtagtttt tcttaggacg cagcggctga gccttaccat ctttcttctc cggatctttg    46080
aagcccatgt cgtgaaccgg atcggatgct ccacggatga aacgctcttt ttcacggtcg    46140
aaacgcaggc actcgaacgg agccggttta ccttccttat tctgaatcca gtacacataa    46200
cgcgggagaa cgccggaaac gatacgtaca acgttcttac cgttgttgaa cttcatgtag    46260
tccagtttgt cgccgttaga accgccagta gtagaacccc aagatttagt agccatattt    46320
aattttcctc gataaatgtc aattttgact tgttgattgc gattagtggg tggtgctcga    46380
```

353

353/758

Фиг. 15Z

sequence.txt

```
taactgctct aggaacccac ggtggaatat attgcatatc cagtgatgta tccttcgaga   46440
agctatattc ggcatagttt ctaaaactca aaagtcctag atactcagcc aactgtcggt   46500
ctgacagctt tcgtttatta taaacgattg tatcttcgtt caagataaat gatctacccg   46560
ttaacataac atgagcttcg ggatcttcaa ccattcgtct gataatctgt acaatcagcg   46620
atgagttacc tcgtgctaat atgtaaattt tttcgtaatc ataaaacaac atgattatta   46680
tacaccattt tgagagaatt tagcaactaa gtttttattt ttctgcttcg gactttccga   46740
agattcagtt gctgttccca ttaatttata cagatattat atcgtatttt tgaggactca   46800
gcaactgaaa tttttaacta tttgcttaac tcttctttgt aaatctgtct ctcagttcaa   46860
tataaatatt atatcaaact ttggggttct tagcaaacag aattttatct aagtttgcca   46920
tattcttctc gttaaagtca agaacttccc acccattgag acgatatacc gcttctctac   46980
ccgccgcctg cttaaatcct acacctccta gcttcagatc cacgaggatt gggtctaact   47040
tatcatctgc catacgttgg acacgacctg ccaactgttc gattagagat tcgttattta   47100
ttaaagagcc taacactaaa cacgataaag catttaatga tacaccctcc gagaagatgc   47160
tttgggaagc cgctaacaca cacggaccgt cattggtcac gtcaatctgt acttgctccc   47220
tatcatcgag cgaagttaca ccggtgatcg tgtaggtctt cacacccctg agttccaaag   47280
cattcgtaac tctctcaatt agatctatac gatcggacac aaacaggact ttatggcctg   47340
ccatcgaata tagctcgcac aagtcaacaa cctgttgaaa gtattctggc tgcgaatata   47400
catcgttagc tcttatcgcc cacggcacat tcatatttcc agaaacctgc gtttttagcg   47460
caaacctatg gatagtaggt ggcatagtgt tatttaccgg aggactatat actttcgttc   47520
caaaatagtc cttaaacata acctgcaaac catccttacg ttttaatgta ccggatagcc   47580
cgattttata tcgtgccgaa gactgctcta gaaacttggt aaacgtggtg gcaacgcagt   47640
gatgcacttc gtcaacaata acggtgccga attcttttgc caaagcggct ccgtgtttgt   47700
taactgtctg tatattacta ataacgatag gagaatcgat attaaatttg ccagacccaa   47760
taactcctgg ctcaatccca aagaacttgc gtacctcctt ctcccacata gctcgaatgg   47820
tagtgttggt acatataact aacgttttct gcccaagttt atgggcgata gcaagagcaa   47880
ggattgtttt accgaaccca ggcttaccat taataataca cgtatcatta cagtcttcat   47940
atatagggag ctgatcccct ggtcgcaggg tgaacgatgg ctttggaata tccataggaa   48000
ccagagtacg tttatctacg atctctgtca ctttttgccc gaaagattct agaagatcta   48060
atctggttac gggaaaccac ttgatctctt tacctaccga tcctgagttc tggaacatta   48120
gaggatactt tgccccaggt ttaaagatct ggtatgaagt gtgttttaat aagtattccc   48180
acagttcgtt gctgggttta caatagattt tattagatat aactatcttc atatcttaac   48240
```

354

354/758

Фиг. 15AA

sequence.txt

```
tctaagtcta ggagtttctg gctcctcttc gtgcgtgtca aaaataactg gtgaaccgcg    48300
aaccaacgcg tacgaaatat agttggcagg ttcactaagt aagaaaggat atggaacgtt    48360
cttgacataa cactggtact ttccgttgaa gattctagtt gatcctctaa cgcgttccgt    48420
gataatgttg taataagtcg taggtttcca tgttactatc ttacctgtgg agtcgatgaa    48480
atgctttagt ccagagttta ttatctgaga taagtacttg aactgtttct ttaaaggata    48540
gagcttataa ggtaaatttt cccgctcacc ataaagaaaa agccttcgct gagagaatgt    48600
cccaggaagg cttggattgt ccagcacata ccttgtaaat ctcgtctgga taacaatgta    48660
ctccccctct tggaagagta catcataagc ccttaaagca tatactggta agctaaagtt    48720
aagcaccaag aaccctgcga acgttgacaa tatctttgct gatttccggc aaaaacttaa    48780
tattggcgta cttatcgtga tcagggtggt tttcatcgtt agccgcaata gcagcgtagt    48840
cgaagtcctc cataccgata atactacgta ctttctcctc aaactccttg tcctcaatgc    48900
aagcaacaga aggacgctgt ttettgatct taccacagga gtaatcacga gaaccgccag    48960
cctcggagtc agagtcgata ccaataggac agcccggaat actaatacca cggtctacct    49020
gaatgttacg gattagcatc tcgttatact gatcaactaa atcctcacga acaatggcaa    49080
ccacggagtc gtgaaccagc atgataatct tcatttcgtc ctgcagaccc agagagcgaa    49140
tctcattatc ggtatcgata gcgcctagca ggagactatc agaagatgca gactgaatga    49200
tggcgttgaa accagaacgc agttcttcac cctgtacacc acggtcttcg gagttaatgt    49260
tgtgcagacg acgcttacga ccaaagtggc tgtaaatgaa gccgttagtt tggatctggg    49320
catgagattt atcgatccat ttcttaagct gagggaatcg gccaaagtag gtttcgatgt    49380
actctttcgc atcaccagta gtacattcag tgtacggttt accggtcttc atgtgctctt    49440
ctaggagagc ttcgtttact gacgctgcta ctttagccgg gccagaaccg taaagaatac    49500
cgaatgaaat agcttttgca gcctgtcgta gtgcaggata cagtttttta acctcagtcg    49560
gtttacacgg cagagcaaat accatgtgtg caattgaacc gtggaagtct gagtagtttt    49620
ccgggtcgtt ctgcatgttg ataaacactt gctgcatgtt aatgtcacca gacagtacag    49680
cggcgtagta aatctcagca gttgttaagt cccatgcgat aatacgataa cctacagggg    49740
caacaataca acctttaata acagactcat cacgaggtaa ctgctgaagg ttcagcttac    49800
cagacgaact cagacgaccg gatgtagtca tatggatatg gaatccagta cgaatgcaac    49860
cgtcagcatc aatactgatc agcatcttct cgatatacgt cgagagcagc ttggagatct    49920
tacgaatctc tagcagagtc ttagctatcg gatgctggtc cgaaagctct ttcagggcat    49980
ctgcgccggt ggaatctgca cccgtatctg tcatgatacc cgtcggggtt aagccaacat    50040
aatcgaacag gagcttacga agctgtacaa cagaggctgc gttaaatact gagccctgat    50100
cttcctctag cttacgaact tctggatact catacagctt agcttttgca agctgtagcg    50160
```

355

355/758

Фиг. 15BB

sequence.txt

```
cagtcattaa ctgaacctga gcctctttca gacgatcttt ggagatcggt acaccacggt    50220
cttccatacg ctgtaggaat acacatcccg gcatcagtac atcgtaatac agagacttca    50280
gtcgagggtt agcttcgact tttggcagga agaaattgga tagacgcagt gttgcatcgg    50340
tatccttcgc tgcgtaaggc cacatgatat caaacggaat gagatcatac gagaaatcct    50400
ctttcttgat cttatgcgtc ttgcaatacg tctccttgaa ctggtcgagt tcaaaatcgt    50460
agtcccccat atcggtatac ttcatcgcca aagatttcaa accgtgtgta ccacgtcgtt    50520
catctagggc gtagtgcatc agcatggtat cgtggaggcg tttctcttct gctgccttat    50580
caaaggatag acctaagtga tagcagtaga agtgcatatc aaacttcaag ttatggaaca    50640
caacgccatg ctccgggcta tcgaacagtt tctgtaagta atagacggta ttttctgtga    50700
tgacgtctgc atcaatatat acgccctgat actcttggtg ggagattgag atccccagca    50760
tgtaaccatc tcggcagtat agcgcactgg tttcggagtc atatgcgatc atgccaggac    50820
acatggtata caccatcttc acatacgctt cggcttcgtc cgggcactga atcgggcggt    50880
aatcccctgc tttagagcgt ttttcacgac cattgagaat ggcatgaatg ctctctactg    50940
tggcttcaaa tacaggcttc atttccggtt taaagtggag ctgggccgga ctgatacttg    51000
caatccagtt agcataccca tcatgctcaa cacgtttacc tgagtaatcg gaaatgccct    51060
ttttagctgc aaacttcaag aacgggtctg cacctaccag aataacgtaa tcaaaatctt    51120
ccggattgaa cgggttctcc ggtgttccga tagtgatatg tttcttgagc agtcgcccgg    51180
ttactttctc actagccatg aagaaggtct caacctcatg gtcaaagagt tcgaagtgtt    51240
tctgatagcg gacgttattc ggtgatttgt ctacaactgc gattttcatt gatttctcct    51300
attaggtaag caagtaaaac gtcagtgttt cttctcaaac ttacccaatt attatatcaa    51360
atcttgacat gttcagcaat caagatttct acgtttctga tgagttggtc gacttcttca    51420
gcatctaggt ctccagggtc tttgccctct ggaagcaaga agttacctat aattggtata    51480
attctagtct tatcacggat taatttggcc aacttcttag ccgcctcatt accggactta    51540
tcattgtcca atatgatgac tacgtgagta gtaccggcga tttggaacgg catgaattta    51600
tctgcaatgt tatctagtga gaactggtga gtaccaaaac aacatgaaac gttatggcaa    51660
cctttatctt ctagattcaa catgtcgaat ataccttcga ctaggattag ggctggggtg    51720
ttatagcgaa cagggaagat tgggggggag accttcttag gtctaatcat atatttcgga    51780
ggggcagagc tatccatatt acggcctaag aagaataagt ttctccctac ggcatccgta    51840
ataggaaaca ctacacgacc ttcccagtcc tctgtttgtt ggaatgcaaa gtatttcttg    51900
aaagtctctg ctttgatacc acgaaagtct tgatcgaata tcatggctga ttctggaatt    51960
tctagactgc gaccctcagt tcggaggtca ctaatcattc tgcgaactct caggagtcta    52020
```

356

356/758

Фиг.15CC

sequence.txt

```
ggcgacgtcc tgtactgttc ttcattgaag taatgaaaga tgcttggtat accacgacca    52080
aatccgcagc ttaggcagtg gaaaaccccg gaatcggggt caacacgcaa actaggatga    52140
gcatcctcat gatcaggatt gagacagcgg atgaggatgt ccccacccgt atctctgtat    52200
tcaatccctt tgagatctaa aagctcggtt attctactca taagtctctt gaggattctc    52260
cggtgggatt agtatcctca tccgaagcct ttttcctttt tggtttgtct ttcggtttat    52320
cgctttcaag tgggataaca aactctgctt ccatctgacg aatgtcctct agcttaaggt    52380
cagaagtctg atccatacgc agtgagttcc agttgatctt cggcatgaat gtcataccct    52440
cggagttacg agtttttacg aagtcgaact tgattgcacc gtcatgcccc tcgttctgtt    52500
tagcagcatt taggtttgca gccatatcac aggaatcgag aatacctctt gccatacggg    52560
cgttaccctg ttggtcaatc tggtaagggg ctacaccagc aacgttatgc ttttggcacg    52620
tagacttgaa tgtagaggag acaaccatct gctgcttcca atcgtacata tctagtgtct    52680
tcgtatccgg caaacgtacc tggttgatgt agtctagcag ggcgattgtt accttatctc    52740
catacttgga ggttagctta gttagttcaa catcgatggt tgctgtacta agttccggat    52800
catacacaat gatcatcgga gtgtgcaggg gtctttcctg cattagcata gtctccatgt    52860
catggaaatc actcatctcg ttgagcgtat aacgtgatac aaaatcgtta tatacttcca    52920
gaccgccttc aaacattttt gcacgagtct tcgcaagttt gttgagttca ataccttgta    52980
aggagtcatt gcgcatagcc ttagcggaaa caccggccat aatggctagg ttacgtctaa    53040
agacctcatt ctctggcatt tcgatggaga aatatggggc gatatccccg ttgtaatatt    53100
gggctacttg aatgttagaa cagatgattg atttacctgt accacgccat ccaccgagta    53160
gcagtgtttc ttttctggca attccgccaa gttgagcatc aaattcgttt gagatgccga    53220
gagagataag atttaacatg gagtcttctt ttctcttgaa aacacgcata gtatcggcgt    53280
tgaagacctt accagtcgtt gttactcgtt cctctagctt catgtgcaga gccgctactc    53340
gatcaagtaa ttctccctga tccagtatgg taatatcctg caacacatca gtttctagca    53400
gattcaggaa tagatcctgt gtgtattccg actctaggac atgaatcgca tgcgatatgt    53460
caacgtctgg aatctgagtg tttgctaaaa cagttagtgc ttgagacaac cttgcgtttc    53520
tgttagactc tagcattaga gcatctaacg aaggcattcc gttatgcttt ttgtaataat    53580
tctggacagc ttggtagatc gcggtaaatg cgtcattgaa gtgatctttg cgcagtctag    53640
agaatgtctc tagggccacc tgcttttgat cggaggctag gagcattttc aaaactactg    53700
cttggacgtt atacataaga tactctctac gccgcgttag cgtctactta aacgaaaaag    53760
gggagaggaa caaaattcct ctcccctcag gtcaaatcaa ttacttggcg gatttagcgt    53820
caagtttagc gcgcttagca acaccatcgt gatccttagc agagatacca cggcggctca    53880
gcatagactt aacaccacgc tcggatttac cagttgcttc tgcgatctca gcaacggtca    53940
```

357

357/758

Фиг. 15DD

sequence.txt

tatcggcgat attcagacct tccagaacgt cttcgcgtgc cttagcatta gagacttcct 54000
ggaccggcat agcttcgata cggccttcac gcagcaggct cagagcttta ccacggatct 54060
gcttaacggt acgttcgaac tgagcagcga ttgcttcaac ggacgcgcca ctggcaacgg 54120
cattaatgaa agcagcttcc tgatccgggc taaagctacg tacagcagcg gccttttcag 54180
tcggcttaac agccgcagtc agttccaggc tcaggatttt accctgtact tgtttagcgg 54240
tataagcacc accaactaca gcagcagcga tttcagcgta ggtatactga cccggatgat 54300
cgttcaggaa tgcaaccagt tcatcttcct gacccggagt ccacggagat ttggttacgt 54360
cggatgcttt ctgtacttcg aagccttctt tacgcagttt agaaccaacc gaacgggcgg 54420
taacttcttt accagtttca gcagccagtt cagcagcgat gttagcaacg gcttcctgag 54480
agataacggt cgcgttcaga gcgttagctt tagcggtcag ggatgcagtg atttcttcgt 54540
tccaggttaa tttagccatt tttatttatt ctccagtaga attttaatcg tcaagacttc 54600
gatgcccagc gattgtgctt ttttgtatga agaagaaccg atcttggttt catcttcgca 54660
gattaagtag tttacagcct tagtcacgga ggttttcacc gtatacccaa gactttccag 54720
atatttggta gcgtccgcac gatttttgaa gtcgttgagc ttaccagtaa tgcaaagaac 54780
aactccgttg gattcagtcg ccggggtaac ttgagcttcc cgcgccccac tgaatttcca 54840
tggtagatta attacgttct gtcctgccgg tgtattcttc cacgaagcta agttttctcc 54900
agctttacct tccgctttca cagattggaa atcgttgtaa agctgggata atttcttagc 54960
agcaacttca ccgataagag ggatactaag agatccaaga accgaaccaa agtcaacatc 55020
ttgtctcagc ttagtttcca actctagctc aagtttcgtg gcgactttat cacctacagc 55080
tctgaccaaa tcttctttag tcaggaaaaa gagttctgaa actttcgtga tttccagttt 55140
agcaatcgtc tgtgggccaa agcccttaa cttcatcttt gagcagaagt tctcgattaa 55200
tttactgctt tgagctggac acatagactt gttacggcag aacaactgat cgttaactaa 55260
gtccagtttc gaaccacaag agtggcaatt cagtggaatt tcaattttca ttgattttct 55320
tcctcatcaa tttatataaa tattatagca agaaaatcag gactaagcaa tcgaaatttt 55380
tcagaattta gctcagtctc tcaccaaata tttctttccc tcaactgaat gataatagta 55440
tacaccctgg cgatgaaaat gtcaataact actttaaaaa atcatcacgg tgtatctatt 55500
gaatcaagtg ttactcgtaa acacgttcta cgatgcgagg gatgacccca ccactacgaa 55560
ttacgcgaat ctggcaaccg atttctaggt caagggcagt gatataacca acgttattca 55620
gggtagcttt tgaaatgaca gcgtcgtcga tgactaccgg ggtgaagtat ccgacaggag 55680
taactttacc ggaagcccca acttgccatt ctacccgttc gagcgtagta acctcgcctt 55740
catcatcttc tttgatggcg tacgcaccac gcgggaactt gttagtccaa cctgctgcgt 55800

358

358/758

Фиг. 15EE

sequence.txt

taaattggtt gttgccatcc atacgaacca ccacgccgtc cgttgggaac caatctactc 55860
gactggagat atccagacag gtaacaaaac catcaccctg gaggatatgc atatctccac 55920
agaaagtagc ggtcaggcca actttgccgg tttcacactg aatactatat gccgtgaaca 55980
tcaggccacc ttccgcaata cgggagagaa actctccaga atctttcagg ttaatagcac 56040
cagaggcgaa gttacgcata ttttcaactt ctttggtgat gtgtacttca ccagtaatct 56100
gcaccggagt cttttgggag atccgtttag ggatgttcag taacttcaca ttatgagtta 56160
catcattacc taagacgccg ttaccacggg ttaacgcaga aacgaacttt ccgtcaatat 56220
acagaagtga aatagcacag ccatcgagct tcggcgtttc aatgccctgg aagggtactt 56280
cttcgccgcg gcctgggtac actttctgta gggagaacat acggaatagg tgaggtacat 56340
caccttttagg gccaatttct tcctctagcg gaaaacgacg gattaaggca tcatactctt 56400
catcagagat aatcgacatg cctttgtagt acgcgtcttg gcacagctta ataaattctt 56460
taacgtgttg cattatttgg cctcgtagta atcgaacagc atctgagtct tcccttccca 56520
gtaaaagttt tcgcataccg cctggaaggt ggacattacc ctacgcttag attttggact 56580
gtacaattcg catactagta cgttcttctc ataccacatg cctagcatct ggaagcctga 56640
cattgtccgt actacaggtt tgcccttctc tttctctaac caggttagga ctagctcctg 56700
accctgaagt ggcgggctgg agtatgcgtt aagcgttatc ttttgcattc tttaatgcct 56760
cgttaacaat tctagacatg tgtgctctca gctgttgagt gtgagcatac gtcttagcag 56820
cttcggtcag cttattaact aattgagcga tttcatgatc tttcataaag atctcccttta 56880
aactatgaga atattatatc aaggtttaaa acactaagca attgagattt taaagaaaaa 56940
gccagcaact tagtcgtcac tggcttgggt cttttgagat tcacggtaaa cttcatgaag 57000
aacctctgaa ttgcttagta ttttagtaaa tgcacggaat agcgtgctgg tcatttctaa 57060
cgtgtacggg aacgagaagc ctgatttagt agggaaccag ttatcttcaa tatctagtaa 57120
ccataatcgg aaaccaaagt ataaattgcc tctaaactcc gagacagtca tacgaatctg 57180
tcgcccttca tcttcaaaga taacgtggga ctgatcatca atatgtcctt cgtaatcctg 57240
acaaatgttt tgattcattt ttattgttct cagataaaca aaaagccccc gaaggggctg 57300
attgcgtctt aacgacctac tggagtagct cgatcaagtt cttggttgag gctggtgatg 57360
cgcttaatat tcgcaatcgg aatatagcgg aatttatcgc tagagcggct aaagaccagg 57420
atatgatctt tgtcagcggg ttccaggcct tcacggacga ttcgctcggc cagatattta 57480
tcttgcttag gatcgaactc agtcgtaccg tagaggtaag ttacccccctt ggtacgcagt 57540
ttggtgtatt gcatgcaaaa ctcaccgtgt ttctcacaga tagctacgac ttgtgcttta 57600
ttcattgcaa taccctctta tttagtgatt ttacggatag cttcagccag gtgagaggca 57660
gctttaccgg tcagtttgtc aacgatcgat tcgtccagga agccatcttc cagtccagcg 57720

359

359/758

Фиг. 15FF

sequence.txt

tcgttaaatg cagcgcgcag ttcagcctga gcatcagact tagaagtacg gccaccagct 57780
ttaggggcat caccaccagt tttagcggta gacttaccag cttctttctt gacgtatacg 57840
ccagctttgg acagcttcat acgaaggccg ttcggggaaa caccgtgctc tttggcgatc 57900
tcagctacga tctccatgga aacgccagga cgctcatctt ccgggaagag ttcgattttg 57960
gcgacgtagg cagaagtcag ttcagcttcg agttcaggag accattgagt tggagtagac 58020
atatttatta cttccttatt tattgttaaa aagagttttt aagttttgtt tcagactatg 58080
agaatattat aacaagttac tgagctgcaa agcaaacaga attttctagg atttggttaa 58140
cagctaccaa accattaggg gacaaacgat acatcttcag caaaccacga tcgtatttgg 58200
taagccagcc attatcttct gcttcgtcca tgggaagtgc atagtgcaga tcccggatag 58260
ctgtagcacc ctcggaatag atctgaaata agttcaggag ttgatattta ctcaccttta 58320
cctctctttt ctagtttcag ggctgctttt acagcgttat taaccagttc agctacgtct 58380
tctttacccc acttgaaccc cagggacttg atatcaacac caagtgctac cagatgttcg 58440
acagacgcca gatcccaata catgtagtta acatactgct ggcgggcttc ggacagcagg 58500
taaacacgat acgcgcctac cggattatcc agagcttttt taacttcgcc aatacactga 58560
tagccaggaa cccaaacgtg ttcgcctact tcgaatacct ctttcattga ttcttctgga 58620
atcgcaggtg gaaagagcgg gtcaacctcg ccattaacac gaagcagagc accgtgagca 58680
gacagaacca ttctgatcat gtttgcggaa cggtagaaac gctcggcaat tgcctcaaaa 58740
ctatcacctg acaggtacga atcgataacg ttggccagtt cagccccttc gattttagta 58800
ccacgtttct ttttacgcat ttcagcggaa acacgctggt tatctttcca ttcctcgata 58860
aggcgttcca tcgtggagtt agacgctacg ccgaggattt cgcaagcgcc tttcttggtt 58920
ttgccttcct ctagccactg aatcgcttcc ttaaactttt cgtccgggat gctattagca 58980
tgaagttttt tgcggattgc catgttcttt atcctctctc gaatttatga aactattata 59040
atacagattt agcttctaag caatcgcgat tttcatagaa cgtagggtcg aaagtaacgt 59100
gcatgaattc agatagactc ttgtacccca tgttaagttc catgttgatg cgtatagaaa 59160
ggcgtgtctt tcgctgagcc tctagccaat catagatatt tggcatctgt gctaagcgaa 59220
taggtattac tctacacaat tctatctctt tagctttccg tgctttcgta tcgcgtttgg 59280
gaaacttcct tgtttcccag cgggcatcac gcttgctcat tacgtactcc aagttcgttt 59340
tgcgcttcat cggccagcgc cttctcctcg tccgtcataa actcatacgg tacagagata 59400
ccctcgatag aacagtacgt gcgataccag tctacgatct gctccgtctc catttcctta 59460
ttaataccca tttgggttaa gtacatacgg gcatatttag ggttggcaga ctgtcccgtc 59520
ctaataaaga agtccttctt gtgtttcttc agggcttcaa taaaggggct aatcgtcacg 59580

360

360/758

Фиг. 15GG

sequence.txt

```
ttagaacact tcttaatatc cttccagaat atatcttgaa gtttatggaa gaactccgcc    59640
cgcttgtgtg gtttcttact aatccacatc tccgcatgtt cctgtgtgat actcttgata    59700
gagtccaggt ggaagtactt gaccaacatt agcttggctt cgtatgcgtc cgcatgacgt    59760
ggtgcacacc aatccggggt actactcaaa atagcagaga ctcgttcagc agtatactct    59820
gcggccgagc tatcaatctt accccagctt tcactgaaga tatcgatagt tgctccctga    59880
tccagcagat aataccgcag agtactgata aagttacggg actctagttc acgacgttta    59940
acatacagct gctgagctaa ttctagccaa ccctcatcga tgttatactg ctccgaaccc    60000
gcagagaatc cgctggtgga cttatcgatg aaatagaaga tattcttagc tccccggtcg    60060
cgcctgattg cctggaagcg catgtttggc gcctggttag cggtacgagt aataacgaat    60120
acgttgtcga agtaattaaa gtcaacacca ctcgttactg acggactgca cagtagacaa    60180
tcaatctgct gttcaattaa ctcattcgtt gtataatcca agatacgacg aatatctata    60240
tcagatgtag agtttgagtg aatctcttta acaatcgcac ctgtattgtt tcttagcgtc    60300
aggcctttct cgtttaactc atccggccca cagtcggaca ccagaataga tttctctccc    60360
atctctaggg acgtttggag ggcaacccaa atactggatt catcagggaa ctcatacgcc    60420
tgagcatccg agagcatctt acgatggtgt ttataataag agaccggctt gtcaaaatct    60480
atgagagatc catatgcctc aatggtttct gcgctgatat ccccgtcaga caggataacg    60540
acttttgcag atagcagaat ttcacgaaga actgagatac actcacgacg ttgtttaaca    60600
actggagcaa ataacaggtc attcataact gcgtcgcact catcgataaa gataacatcg    60660
atctgcccaa caaagttttt aaacttgtgg attgagtgaa tagtagtaga catacgatca    60720
atggcaccgc gcttgaagtt taacatatct acggacttat catactgtcc ggcttcaaac    60780
ttcttagcgt tagatgaaac cagggcacgg gtgttagtaa ctgcaaggaa attacctttc    60840
agctgatcac gttctagcca cttcgtcact gcggtggttt tacccgtacc tagagaagcc    60900
ttgataaacg ttaaatgccc ttccggtggt ggacggttga tcttcaaata attcatcccg    60960
tctgggctat cagaggtcaa cttgtgtaca ggaacgcctt taacattcga ctcaggaata    61020
tctcgcatcg agttgttcac aaacgctttt aatgcctgct tacgaccgtt attgaagtaa    61080
tcctgaagac tgcgggaatt atccttcgtg ttgatataat cggacaaagc tgaggtaatt    61140
tctttctcaa gccaggcgaa atcaacaccg tcctccagag ctctgtggta cagtttagga    61200
ataatacgca gataaacacc atcctctgct tcttccagct ctgcaatggt ttgttccact    61260
ttctcagagg ctacgcgctt gcctttaatc tgattaagta gggatagaaa ctcttcttta    61320
aattccccac gagtggcttc ataatctggc atagtattgg gcagttcaat cctagcaccg    61380
ttaactttaa ccagacgtgg cttaccctcc gctttaaacg gatcggtaaa ctgatcccgg    61440
aaaatcgggt cagcgaaata gtgtagctgt acagatgaat aataagctaa gtcggcaata    61500
```

361

361/758

Фиг. 15HH

sequence.txt

tcaaaaccat acttctgccg agagctatca ttgagggacg taaatagaaa ctttaactga 61560
ccctgagtaa cgggaatatt actctctaat agcatgtgca tacgaatccc cggcttaatt 61620
ccagccgaag acgacgcatg ggcaataaac cctgcgttaa gcgggaacat gtcctcgctg 61680
atgctattta ataacttaat gacatgacgt cccataccca caatgtcaaa cctgtcgcat 61740
cctccggtat cagagattcc atcgacgtcc atagcaataa tattgctctt atggtcgatt 61800
ttgaagttag tacgtttacg acgcacggcc ttctctgcaa ctaagcatgt acctcgtact 61860
gctacgagat gtggatcttg agtgagctga accatcagct catacgcttc attaagattt 61920
ttggggtcaa ctgtatccac tacgttaaat ttgtagggca ttgaggctgg cttaccttct 61980
ggatgctcgt tagaaaactc cttcgcaaaa aggtaatcag ttgtcttcac ttccttccag 62040
tttccggaag cgggatcgcg ggaaaaaccc gcgtgtcctt ctagaataga aaacattacg 62100
ttttctccta tgttgaagaa taaagcgatc tcgaactatc aaggatagaa cagcttaaaa 62160
gtccactgac tcaacaaatt tccttataga tggaggggtg gtcacttcct cattgctaga 62220
adtggccgct tcgcacaact cccacacagc atgtaatcgc cgctaagctc catgtggttg 62280
acccctattc gtcgctattg cgcagaggta cgttgctact tacagcttca cttcttggtc 62340
atttcagacc gcggtgctat ttgctccaca tgactaacga acaaatatct gagagcctcg 62400
cgatgccaac ctctcttacc cgcattctag atcaattatc tataattccg ttcggaatca 62460
atttcccaat aagccaaacc caaccaagca tgtagcagcc ggactgttct gtatgctcgg 62520
aagtgaatga gaggaattat gtcagttttg taactcacat catttctctc aacctatgaa 62580
tatattatat aaaaatcgtg gcgagattgc aagtaaaata tttaaatacg tggtaggtaa 62640
ctgggtttaa gcatagaaaa gaccagagga taatcccctg gtctaagcgt tcaactaggc 62700
attccaaccc ataatattaa ttgagttaga agaggcattt tgtttgccct cacgaagaac 62760
ctctggagca tacgtccaag gctcatcagc taccaagaac cccggagaaa tacctgcccc 62820
cggttcccgg aatgctgcaa aattagaggg gtggaacaca acgttgttca ccagaaccat 62880
tagccccaga tccgagaggt catcccaatc aaagaggatc tcataatcct gggccaaact 62940
acctttggac aaaccaacac acacgtcatg ctggatgatg aagcaaagct cctcgtccct 63000
caacgcggct cgcagcagat tctctgctac atcaatcaat tccttgggga tatccgccca 63060
ggagatacgt tccattttag gaatactcat ttagttaacc cttcaacttg gaaaccgaag 63120
cgacgcagca cctggatcca accgttaata ttttccggag cataataatc ttcattacgt 63180
ccgacccaaa tacctgctga aacacctgta accccaaccg ggatatagga ctcacgcagc 63240
agacacacgt agcctagtgc aaacaccagc cccatctcag tcagatcgcc ccagtctagg 63300
acttcatctt gatcttcgtc cataggaacc catagcccca ggtgcatgtt gtcataatcg 63360

362

362/758

Фиг. 15II

sequence.txt

aagtagacct ccatattatc gcaccacaca cgaagatggt ccagcagaga ctcttttacg 63420
tccagaggaa tttcagccca gggaactagc ccaacccctt gattaacaac cttttcattg 63480
accagcatat tcttccccca tttggatgaa ttcgtgccac tgctcagagt ccgctcgtaa 63540
aacctgatag tcgtccgata ggtgactcat atcttgtaca tcactgcgat aacaccaact 63600
accgttgggc cataacagga tatcatcggg atggtacata aattttctcc tccagccaag 63660
cctcaacttg acctatgaaa tgtttgttgc taaatacatt ggcagcagta tcataccaaa 63720
cggggatccc gcgttcttcg tacaaactct gctccaggta gttaataccg ttgttcacta 63780
cccacacctt agtacctcga ctatgggctg ggaatagttc ccaattaaag tcgattactt 63840
ggttactagc accaacaacg attaccagat cctgggttgt cagggtatca aacaggttga 63900
tctgccccat ataccacgga gcggtttccc cgaagaacgt aattgcaggc ttaacccact 63960
catacttacg gtaatcaacc gcagtgtacc cgatatcttc cacgatcaca tccttacctc 64020
ggcgatacat tatctccgta aggtagccat gagcatggat cacatcatca tggggaatgc 64080
cagcacgctc tagtagatca tccacgttag tagtaaagtt aacgacttga ccagggaagc 64140
gctcatacca ctcagcaatt ctcaagtgag caatgttagg ctccaccgta cccagctcct 64200
gtcgccgcat gttgtagaac tcatgggtta gctcgtacag gttgcgacta ggctcatcat 64260
cagatccctc agaaagggct tctaacgggg gcatagggtc gttcagatag tgaaacccct 64320
tatcgaacgc ctgaatattg catacttcgg ttagtttgta tttatcccac aggggagtga 64380
tggcaccctt acggaacgtt ggcactcaat ccagcaccac ttacgataat caatctacgc 64440
attacaggaa ctccatatag tttctcattt cttctttccg caactgctca gccttttcgg 64500
acaagcactc agaggttctg ggatcgactt tatctttcca caagtggtta cggcatcgca 64560
gaagttttac cacgtcttct cgggaaatag atccgtatgc tccagagtcc atcataaagt 64620
agatacgctt ttcatcagtt ttatggattt tcataaatcc tccgtttctc aattacaact 64680
atcttatcaa aaacggaggt atttagcaag tgatttattt caaattcatg tgtttgaccc 64740
tttgcattac ttcctgttgc ttaccagggt taaagggtct actaccagga ctacctaagt 64800
acccacaaac gcgacgggta accgagatat tccccgaccc acattgagga catacaaagc 64860
cgtgctctcc ggatacagac tctcctagat atccgcactc ttcacattca tcaactggaa 64920
tgttaacccc tatgtagtga gatttactta atccataatc aacaacccac tctagtgcag 64980
ggataaactt acgcatctcc ggaagttcca caaaggatat attaccccca ttggcgatgg 65040
tggtaaaatt agcctcatag tcaaacttca cgttaggggc aacttttgta cggacatcca 65100
ggtggtggct attagtcagg tatcccttat ccgttagcca gtcgtactca gggtactgtt 65160
cggcaatttt agtattgaac ctattgcaca gagactcact aggggtagca taaaggctga 65220
atccaagatt agtttcctca gctttttttgt tacaacggtc tttcatgtgg ttgagaacct 65280

363

363/758

Фиг. 15JJ

sequence.txt

gtacagcaaa ttcaatcgca ggtggggaca tggggtcggt atcctcaaac attacttcaa 65340
ccagctcgtt aataccgata tatcccaaag acactgatgc cctgccttca aagatgggcc 65400
atacaagatc attggctttc aaccgtaccc caaaagctcc gtgcatatag agaattggtg 65460
cctgtttagc acgcacacgc ttcaaccgct caatagccca atcgtgggca gccatcgctt 65520
tatcaatgta ttcgtccaac aacttccaga acctatcgaa gtatccctca gactctacag 65580
caactagcgg caggttaatg gatacaaccc ctaggttatt gcgccccgca gtctccccgg 65640
actcaatagc tgaaaggaaa gaccgacaac ccatagggaa cttaaaatca cctgtaacag 65700
ccgttactct ttcataactc acgtaatccg ggtacatcct cttagaagtg caggtgagcg 65760
ccagctgttt gatatcgtag ttgggatcgc tgggagattt attaagcccc tctttaactg 65820
cgaaaataag tttaggaaat acagcagtat gccctgaagc acccaggcct cttatacgaa 65880
cttccagcat agctttctgc aacatgcgtg cctcccagga ttctcctaga ccaaacccaa 65940
atgtcacaaa tggctgctga ccattagagt tgaacaacgt attaacttcg tactctagcc 66000
cctggcacgc atcatatact tctttttctg tcatttcagt agcatacact gctgccttct 66060
tactatcgtg aagccaacgc tggccaatag ctaagtgctt atcataggac ttacggacat 66120
acggggcaaa gacctcgtca atacgatcga tagacgtacc cccatactga cacgagctta 66180
cctgggcaat aacttgggca gttactgcag ctgcagtaga gatagatttt ggagtttcaa 66240
tctctgctcc accaatttta gttccattct taaacatccc cgctaaatct accaggcagc 66300
agttagtata cccctgcgct cggtagtcca tatcgtgaat gtgtatctct cctctattat 66360
gagccgccaa taggtatgct ggaagctcct gtgctaccac atacttagag acttccccag 66420
ctatcatgtc cctctgtgta gggaattgct cgcttgcctt attggcatta ttaaacataa 66480
ggtcttcttc accctcgtta tcaaggatac tatagatatt atcaatcagg tctaattcgt 66540
tcatatattc ctccagttag gcatatatta taccaaatag acacaactat gtcaacctta 66600
ttttattata atcaacagta acttgatctg gatcatcaaa acaataaaaa ctggaaaatt 66660
ttatttgctt attcacccta ttttatatta ttcgtgtgcg cccgcgcatc gcgcgaataa 66720
aggaaaggat ccgtcctcca tatcatccta gaaaatttca gttgcaatcc acgccaaaac 66780
ttggtatact ggtattctaa attgataaac atggtcgaaa tttgaccctc tgtagacctc 66840
taaggagatc gcaatgagaa aagcagcacg tcgtaaggag tcgcgccgta acggtagcgc 66900
aaaacgtgaa cgtcacgaaa acgtcatccc cgttgatttt gaagcacggg aacgttttca 66960
accaaccgca aaagaactca agccgaagaa cgctgagcaa aagcactata ttagcaccat 67020
ccgtaacttt acggtgacag ttggtattgg agaagcaggt acgggtaaaa cgtttatccc 67080
atctgttctc gctgctcaag agttagcaac gcctggttct gtgtacgaga agttcatcct 67140

364

364/758

Фиг. 15KK

sequence.txt

agtccgtccg aacgaacctc ttggtaaatc cctagggatg ttgccaggag atctgaacga 67200
gaagatggca ccgtggttag aaccaatcgc tgacggcttc aagtgggcct taggggaacg 67260
ttcttatcag gggctggttg aacgcaaggc aatccaatac cttgctatcg aacatgcacg 67320
cggtcgtacc ttcaacaatt cttatgtaat tgttgacgaa gctcaaaata tctccgtaga 67380
agcaatgaag tgtattctaa cccgcgtagg tcaggattgc aaattagtaa tctgtggcga 67440
cgtagcgcag aaagacatta aatccgactc tggtctgcaa ctgatcatgg atatctacga 67500
tcagtacgaa catgtgcctt tctccttagt agagttgcat gataacgtgc gttccgctga 67560
atccaaagca ttccaggcaa tctttaacga tatgggaatc taatatggtt actgaactga 67620
tcattggtta tggtgagggt attacctctg aagaaaactg gggctttgta ggcttcggtg 67680
aaggtatcac ttctcacgac gaacgtcctg acctctaact ctaggagcgc gtatgaacaa 67740
cgtatttaca ctgaacaact tccgcactcg taaaacgaaa gtgcatccag tatccctggc 67800
aacagtcaat aaatacaatg ctaactatcc tgaggatgag cggcgacacc atgccgcttt 67860
caagatagca aacgaatttc ctaaccaacc cctcggtact aaagagttag ttagtcgaat 67920
gaaaaaatta cacttttatt aaagtagacc gacacacagg cagcctcgaa aggggttgcc 67980
tgtttttgtc tgtaaaatct catttgcaaa atggccgaaa acaaagtaga atatctttta 68040
aatcctgaca acttccaaaa ggagttacca atgacccaac gtattgaata cgttatcaag 68100
cgtgacggta caaaagaacc gttcatggcc cagaagctga atgactgggc aaaatacatc 68160
ggaatccgaa gcgatgttcc gtggtctccg gtagcggtag ccgcagttaa gaacctgccg 68220
aaaggtgatg tacactcaga cgatctgcaa acaatgctga ttaagtctgc cgaatcaatg 68280
atcgagcgtg atcatcgtta cgaccgattc gccctagagc tgcgtttagc ccagctccgt 68340
aagaacctgt ttgattctta caccccgccg tctctgcgtt tcttccacga ccacatggta 68400
gagctgggag cgtgggaaga tatgagcggc tggatctctg acgaccagtt cgaagctcta 68460
aacgaagtta tcgaccacag ccgtgacgaa ctattcacta atgctggtct gaagcagttc 68520
atggataaat actctagacg taatatctat acggaagaga tctatgaaac tccgcagttt 68580
gcctacatgg gtatggcaat ggcaatgctt tctcaacctc actggagtat gctcgatgca 68640
atcgaccttt ataacgcgct gtcgctacag aaaatcaacg tcccaactcc gccgctcgtg 68700
ggccttcgga gtgctgacag gggcttcgct tcttgctgtc ttgttgatgg tactgacacc 68760
ctggactcca ttgacgcagc agagcacgtc gtcttcaaaa tggtcgctgc ccgagcaggg 68820
atcggctatc atcttgagag tagatcaatt gctgatccgg tgcgaaaagg cgcgttccca 68880
cactctggaa aactgccata ttatcgacac atcgaccgct ccgtaaaagc taacactcag 68940
cagtcccgtg gcggttctgc aaccgtttac actgcgttct tcgatccgga aatcattcag 69000
gtaatggaag ctaagagcaa ccgttcccct gatgaaaaga aaatcgataa gatggactac 69060

365

365/758

Фиг.15LL

sequence.txt

aacctgaagt ttaacagtat tctcctgaaa cgcttcctgc gtaaagagaa catcacactg 69120
atgagcttcc tgtacgctcc agaagtatac gcagcattcg actctggtga tgtagcagaa 69180
tttgaacgcc tgtacatcgc agccgaaaaa cgtctagcgg gcgttaccaa acgtggtttc 69240
aagggtgaag ttctccctgt agccccagtg attcctgccg cagaactgat tgagttctgg 69300
aaaactgtac gtatggaaac tggccgcctg tacactatgg acgctggtga agtgaaccgc 69360
aacagccgtt acaaagatcc ggtgcgtatg tccaaccttt gtgttgagat tgtacagcca 69420
acgttcccga tccctcacgt agtagatctg taccgtacag acgaagaact ggataaaatg 69480
gatgtttcag agtatgggga agtatctctg tgcaacttag gcgggttcgc cctaggtcgt 69540
atcaaaactc tggaagagtg ggagaagatc tcttacatcc tgttgaagtt cgttgatacc 69600
atcatcgaga ttcagcacta tccgttccca gctatgaagt acacggcatt acgccgccgt 69660
aacgtaggta ttgggctgat gaacgccgca ggagcgatgg ccgctgaagg cctggcattc 69720
gaaggcgaag aagcccgtaa ctggattcac cgtgaagcag agaaggcatc attcttcctt 69780
cataaagcgt ctgtacgtct ggcaaaagag atcggcccat gtgaatggtt ccatcgtact 69840
cacacttctg atggtacact gttaatcgat acttacaaga agactgtgga tgacctggtt 69900
tccgtaggtc tggaaatgga ctgggagagc ctccgtgaag agatcaaaac tcacggtatg 69960
cgcaactctg ttctgacggc aagtatgccg ggagagtcca gctctgttct gattggtgtt 70020
accaacgcag tagagcctcc tcgcagtgcg g.taactatca agacttcggg cgttaacaaa 70080
gtaattactg tagctccggg tctagacgat tgggacacca tgcagtccta taagtatgcg 70140
ttcgatattg accgtactga gcacattaag tggttagcag ttctgcagaa gttcacggat 70200
caggctatta gtgccaacct gtactacgac tttaacaaat atcctggagg tattattccg 70260
ggtactgaga ttatcaaaga tctccttaac tccactaaat atgggattaa gaacctctac 70320
tacgcaaact ttgacgtaga taccggaggc tctgcagcag agcagggttg ttccagtggc 70380
ggttgtactc tgtaattaag ctcgatccaa ccgaaagcaa aattttattt gcaagtaggt 70440
tggatttttt gttataatat tcgtatatta aatgagagag gaaattaaac aatggcaaca 70500
gtatttaacc gcgaatggga tcacactgag tctaaactat tcctgggcca agacctggga 70560
atcgccgact atgtaaacgt tcgctatcct cgtttagagg aacttgcatt actgcaacgc 70620
tcgcagttct gggttgagac tgagatctcc ctggaagccg ataagaaaca atggcctaat 70680
ctgccacaac atattaaaaa caaaaccctg ctgaacttag cctggcaaac ccaagccgac 70740
tccattatca cccgtgctcc ggaagatgcc attctgaaac tggtatctcg ccctgaactg 70800
gaaggtatgc ttattcagtg gagctacttt gagaatattc atagccgtgc gtattccaac 70860
attattcgta acgttctccc taatccgggt gagttcattg caaccgtaca ggctaacgac 70920

366

366/758

Фиг. 15MM

sequence.txt

gaagcattcg cacgtctagc actgccggtt tctgttattg atgagttggc cgaaattgcc 70980
gacatttggc tggacgctag agccaatctg gaaatcgctg agaaggaagg tactctggaa 71040
tacaccgaag aggcagactt cttagcactt actgaacaag tacagcagaa gattctggag 71100
ttctactacg ctgtatacgc tctagaagcc attatgttct acgcgtcgtt tgcgtgcacc 71160
tttgctctgg cagaaaacga tatcctaacc ggtattgcaa agaacttaca gctgatcgct 71220
aaagatgagg cactccatac cgttatggct atggaagttc tccgtattct tcaaaatggg 71280
gaaattcccc cacatgtagt ggcagcagct caggctaacg ccccgaagat cctgcgcagt 71340
attctggaga cagaaattaa ctgggcgcat tatattttcc cggaaggcga agatattcca 71400
ggcctgaacg ccgatttgct ggtagagtac ctgtactaca acgcacgcct ggcatttatg 71460
gcgatcaaca ttccgtggcc ggaagatctc ccggtaatta tggaagaccc gattggctgg 71520
atgaaaggtt ggctgaacac caagaaccag caagtagctc cgcaagaagc acagattacc 71580
aactatcgtg ttggtgcaac ctctcaggct aacccggacg atctgtctga tgaatttgga 71640
gagttcctgt aatgattaca gctttatacg caatgcgagt tgacgccgcc ttcgggattt 71700
ttaatccggc tacaatggat gcctacgggg aacttccctg gggctccatt cccgaggagc 71760
tagaacagtt ctacagaatc ctggatacct atcaggttgt tatagtgggc cataatacct 71820
acgaaacagc ccctccacga ctgaaaaagg cactggagaa gaaatccatg gtgtacgtag 71880
taggttctaa ggctccagtt ctgataaaaa accctccccg taatgtgcgg tttattaccc 71940
acttgggttc caaaattcgg gacttctgta atgaagttga ggtagtctgc ataggaggga 72000
aagctctgct agaaacccta gcaactatgg gctgtctgga tgcgatttat cgctccacca 72060
tttatcctaa ggccggtaca gtaccaagcc tagaccacat catgtatctg gaacacccga 72120
tacttacgtc cactcctccg gatgctgtag taactcatat agcttctggg gaaaatgagc 72180
gctatcgttt tgttatggaa ggagtctatc tgtgattcac tatattaatg aaggcaaacg 72240
cattcttgaa gaaggtgtat ggctggagaa ccctcgaacg ggggttcgtt gtttaaccgt 72300
aatagggtca aactttgaat atgatgtact cggaaagaaa ttcccactta tcacaactcg 72360
taaagcgtat gctcttcagg ccatcatgga gcttatcgga tatctgcgag gatatgattc 72420
cgcagagcaa ttccgtgcta tcggctgcaa tacgtggaac gctaacgcca acgaaaacga 72480
ggcgtggttg gtcaacccta acagaaaggg aaccgacgat atgggtagag tctatggagt 72540
acagggcaga acgtggcttc gaccggatgg ttcccacttt gaccaactct ataagatcta 72600
tgagaattta cgacgaggca ttgatgaccg cggagagatt ctcaccttct ggaaccctgg 72660
cgaatttgat caaggatgct tacgaccgtg catgcatacc caccagttct cgctgctcaa 72720
tggaaatctg tatctcgact ccttccagag atccaatgac ttcctattgg gacaagcctt 72780
taacatggtc caatgctaca cgtttcttgc gcttatggcc cagatcacag ggaaccgggc 72840

367

367/758

Фиг. 15NN

sequence.txt

aatcagagca aaccaacgta tagtaaatat gcacatctac gagaatcagt acaaggttct 72900
catggaacat gggcaatttg accgcaaacc tttcccggct cctcgtctag agatcaaccc 72960
ggagataaaa accctagagg acgtactcac ctgggtttct aaggacgact ttaaaatcgt 73020
ggggtataag tctcatgacc ctattgcata tccgttcact gcgtgaggac ttatgggatt 73080
atttaacaga cgccccaaaa taaccttctc cgaaagggag gagtctcagc tgaagtttct 73140
ggttcaatcc tcgggattac acatagatgt tatcctaggg atggtaaagt acaagggcat 73200
ggacgcacta atgcgtcagt ttgcccctaa accacctaaa gaaaaccctc cagccaagcg 73260
ggactataac agtaatttac tggttcctcc agctaaatta ctataactaa ggtggccttc 73320
gggccactta tattaaaaat tcatttgcaa accacgtgaa tttctaatat aatagattca 73380
taaatttgag agaggaaata aatatgtctt ttactgatgc aaaagcaatg gcagctaaag 73440
ccaaaaggtc taacgatatg gcagttatag cagctcgcag atctattata tcaaatattg 73500
atggatcagc ttcttcaggt aaaacagaag tagattctta cgcattgaat ggcctgccta 73560
tcgccgcacg gtctcagatt atggaagacc taaaggacgc gggctatgaa gtaaaagtaa 73620
atcatccgtt tgaccaacgc gatactgaat caattaccat ttcctggggg cacgcataat 73680
gtttcatgtt tatactgatg gtggttgccg cggtaatacc cgtggggtag acaacgttgg 73740
tgcttgggct atggtagttt acaactccag cgaagagcaa atcggcacca agtctgctcc 73800
caaacgcaac acaactaaca acgagatgga gcttcaagca gtcctagagg ctctgctatg 73860
gtctaacaaa aaccctggcc gaccaatgac aatctatctg gactcaacct acgttaagaa 73920
tggttgtgag tcctgggttt ggggctggga acgtaaaggc tggaagaagg cagatggtga 73980
tacacctctg aacttagacc agtggaagtg gattatcgac gaactcaaga agtatcgtct 74040
aaaccacaat gagatcccaa ctttcgttaa ggttaagggc cactctggtg tagaaggtaa 74100
tgaggccgca gataacctgc taaatgttcg aatgaccgaa ctggaaatgg aggatatgtg 74160
atgttggaga atttacgccg cctagttagt gaaatgaaat atgaagtgct cctgatggag 74220
cctggtgtgg atcgagtagt aatgaaattg cgaatcgcac gtatggaagc ccaaatcttt 74280
gaagcggagt ggaaagctct gaggggtgga gatgaattat aatggcacca gatttgaggg 74340
atttgttccc aaacgtacca cagtaccagc tcgatctcta cgccgcgttt ctggaagcgt 74400
caaaatcggg gaaccctcta cgcgtctacc gccaagaccg caggcacggg aaatcctgga 74460
tcctgagatg gctgaaagag aacgagccgc tcttaaagaa attgagcgaa agaaactctg 74520
tacagcaccg gcatacaaca aaggtgggta ccagtacatc agctcagaag agcaggcaaa 74580
acatatcggg cggtaacaga tacgagttca tcatcttcga tgatcttgta gatgaaaatg 74640
aaaaaacgca gttgctaaac gctaaaaatt aacgtataat agattcataa attaacgaaa 74700

368

368/758

Фиг. 15OO

sequence.txt

```
ccaatcaaaa caaaggaaat aaatcatggc taagcagacc tctaaaaaag cagtagaaac    74760
caaagttgca acttttccca aaactgaagc gaatcgcaaa gcacgtctgg agcgtcatct    74820
gcgtaaacat ccggctgata ctcaagcagc atcagctgta ggcaaaccgg ccccgcgtcg    74880
taagaaaccg gtaactaagg gttctacctc cggctacgtc tccaagatcg tcggttggag    74940
tacgccggat aaggcagaca ccaaagaagt cctgcgcaag acccagggcc gtttcggtag    75000
cgtcaagccg aatatcttcg gttgcgaata cagccgtgag aatgttcgcg ctctgtgcta    75060
cggcgtaggt attaaattta cgggcaaggc aaataagccc cgtaatcaaa aacgcaaacc    75120
agctaagaag gcataatgcg aaattttgta gctaaaaacg atttcaatcg tgcagcgaca    75180
cataagtcgg ccctagatta ttctagggtc aactcccggg aactgatgga ttcgtgctac    75240
gaagaactcg aagattgggc ggctgactgg ccgtcgatgg aagaaaactg ggatgtgtcc    75300
gaagatatga ctaagccacc accggaggtg gcttctaaat gtgataacac atctagaagc    75360
aactttaata acaaaggaaa caatatgcaa aacttacaag accgctggat ctctgtttgt    75420
gatatcgaat ccctgggaac tccgggagat tgcaagagca cctttatcgc tatgccgttt    75480
ttcgctttcg tactgatgaa agatctatcg ttagatccgt atatcgttct aggcactcct    75540
aacgttgccc agcagttggc cctcggtgct aaagtctccg ccggaactat tgcattctgg    75600
atgaatgagg ctcgtgctgg tagtgctccg tcgctgtcca ttattgaagc tctgaacgct    75660
aaagacggtg agtctactgt tctggtctgc aatccgactc atgaatcacc ggtatccaag    75720
catacgttca tggatctgat ctgcccgttc gtagaggcaa aacaggtaat cgaaggcatt    75780
atcgatgagc aaggtatcga cactcgttcc ctgcgccact acggtaatgg cccgcagttc    75840
gatatgtcta tttacgaaac agtggcggct caggctaatg tcttctctcc gtctgatcct    75900
gcaatcgttc cgtggaaatt ctgggatatc tccagcgccc gtaacccgcg tgactatttc    75960
gaggctctcg gaggagactg gaaagcattg gtacgttgtg ctgaaatcta cgcacacgac    76020
gtaatcgagc gttacaacct gattcctgag ggggtctatc cgtcgaaaca tgatccggtg    76080
tttgacgccc tggtagaagc gtactgtatt aaaactatcg aatcgaaatt gaaaatttga    76140
tttgactaaa tggctgattt cttgatatac tattattctt gaatcaaaga gtaaaggaga    76200
aataatgaaa gcagccattc taatgatctc catcctcact agcttccatg cgcaggcaaa    76260
gattgatgcg catgagatag agtgcatagc taaaaatgcg tactttgaag ctagagggga    76320
aggagttaaa ggaatgaccg cagttgcaca agtaacgaaa aatcgtgtta actatggaaa    76380
attcccgtcc acatattgta aagtagtcta tcaaccaggg cagttcagct gggttggtaa    76440
gaagaaacat aaactcgatc gtaaagacga agagtggaaa caagctaaag agatagctag    76500
actagtttac tatatggatc ttccagtaga tccgacgaag ggagctttgt actttcacag    76560
taaagatact aaaccttact ggacaaaaga caaggacttc aaaagaacaa gtaaaattgg    76620
```

369

369/758

Фиг. 15PP

sequence.txt

caaccatgtg ttctataaat taaaatctca gttgcctaat gcttaaaaag ttgatataat 76680
agtttcataa attagagaga acagcgggcc gattacgctg aacttgtttt aatgtaagac 76740
tcgtcgagca ttaagattcg ttgaatagaa tcggtgagtt aagagtgatc acctgacaaa 76800
gttcgtgcat ccagtccgga taccggccag ggagcgtatt ggacgggcgt aggttagaga 76860
tctcttgtaa aactcgggag ctgtcccgga gtctcgtaaa ctcttctcct gatttataga 76920
aaatggtgga atctcacttt aacctgttcg accagaatga agcatggtgc gtggcctgcc 76980
ggagaggtgg ggagctgagc ctgagaaact cgtatagctc ccacactgac ctgcctaggc 77040
cgcaaattgg agacatgtgt atagcgtctg gtgctagtta ttgccaccat agtggggtgt 77100
cgaaatcact tatgtagcaa cactgccgtc ctaagttaat tggtagactt ctgcacgcgg 77160
gggagctatc cccagatgcg gaaagtgcag gttcgaatcc tgcggtcgga aagagttaga 77220
taactgatgg ttctattggc gaaccactcg ctgctggagt acctcctccc ctcccaggga 77280
aagacttggg agactcgcgg gaacgaaaca gctaaaccac gaaggactag gatgctgatt 77340
tggctaccct tacctgatat atgcccaaat caaaagaaga actttaggcg gtagcctaga 77400
tagtgaagtt tttcctccac gaggagtcgt ttttcaagct atcaaaactt cacatcgaaa 77460
attcggaggt gtgattttaa cagaccgcgt ggaggatggc tctccagaag tgccaaagtt 77520
agtccttaaa tacggcatga tgatcgtatg aactttggcg aggtgggatc tcgcctgatt 77580
ctaagtggga aagagtattc ggatagccgt tcgtacaaac ggtggctccg agacctaagt 77640
gggacacggt tgagtataca gctccgcgga agctcgtata ccctgtgtaa gcatgtgaca 77700
atggagtcat gaccggagtc accccgagcg aaagcataac cactatttat agcaccctta 77760
cacaggctag aagtgcccct gtttggagtg tgccctcgcc tagaccgcat tagccgacgg 77820
atatccgttg gccgggatct ggcaaggtat attagtcacc ttgactataa ctggaagata 77880
cgtctgacag aagggccgca tagcttaaac aggggaaggc ccctacctac tggcggtatc 77940
tttaagagct ttcacgagag ttcttaaaga tactaattga cgaggtctat atgaacgatt 78000
taagtatgtt aactaagata cgctctgata ttgagtctat ggtctctcgt cgtagtgagc 78060
tgactaaggc taaacagatc atcagcggtg gtacacagaa acgcttcaca ttgcaagccg 78120
gggatattaa gtttgaccta tgtggcagcc agactcgaga ttacactttc gaaatgaaac 78180
cgtgttacga tatggtgaag ctggggctta tcaaagctct agacaaacaa atagatcagt 78240
gtacggacgc aatcaaaacc ctaaacgtcc agttcgccgc tgaatgcgat cgtctcaaaa 78300
actctatcaa ggtataataa tggtggcatc tgtgcatact cctccgtatg aacgtccagc 78360
acctaatctg acacctgaac agaaacagct aatcgccagg cgcactctag agtttaaaga 78420
gtcgctgcat aagagcgttg gccggtattc tgaacaggtt catgatctgg ttgtcaaaac 78480

370

370/758

Фиг. 15QQ

sequence.txt

acttaaactt tattaatgct tccttagctc agaggataga gcaacggtct tctaaaccgt 78540
gggtcacagg ttcgaatcct gtagggagta ccactttaat cgctgcccac acgtaatatt 78600
cagtgggcag cggcagaaag cccgcagggc gcagattaag attgattcta caaaattttt 78660
cttgcaattt tgtcagaaat tttgtataat agttctttaa atcaaagaga aagtagagga 78720
taaaatggct tacaaaattg aatatttaaa gaaaggggtt ctcactgagc tggttatcga 78780
tgcgaacatg gctcgcaacg agggcactaa atccgtattc tataaagacg gtagcgtagc 78840
tcgtatgatc aataccgaag acattcagga tctgtacgtg atctccgacg aagaagcagg 78900
tttcgtaaaa gatcctgagc cggctgaaga tactccaact gaagacactc cggtagcgga 78960
taccactact gaagaacctc cggtggaagg cactccggaa gatgaagcag cagtataaat 79020
aactaagggc tagaaatagc ccttctcctt gggccggtag cttaaagtta aagcagtggc 79080
ctcataagcc aacgagtggg agttagagtc tcccctggcc caccaatttc ataacaggag 79140
actaaaatgt ctactaaaaa cgcaatcgta tccttcgtgg atgacagtgg tatcgtccta 79200
gagtccacag taacagatat cagtcctaaa cgtctgctcc atcgtgatgg ggatatcctg 79260
gaaatcctta ataaacggtc tgagactatg ctggtcattc ctgtaaatcg tcttctctcg 79320
attaaaatcg tgtgggagga ctaatggacg ctcaattaca aacccagtac tatatgcttt 79380
taggcatgtt agaggatgct ggcccgacag tcagagggca ctatgagcgt cacaaagcag 79440
cttttgaagc cctactaaaa gaagttaatg agaacgaagg tggtaaaggc tctgactcct 79500
atgccgcatt cattatcgcg ctacaagttt tcctaatcaa tcaactcaag taataggcta 79560
aatatgctga atattaaacg taaaggtttt ttctacaagt ggcttaattt ctcttccgcg 79620
tctttcacct accggctgaa cgacaacaga gtcaccttgt gtagcctatt ttggcactca 79680
gtgtggtatt tcctgctaca gattggcgta actgctattg ctgtactctt ctccttgggg 79740
atgggaagta tcttatctac gttcttgggt ctcacctttg agctgggaat tactccctgg 79800
tacatgcttg tagggttaag tctagcagga ctatctacga taatagcgat tctgctggcg 79860
atagctggga tcggctgggc ctgcgctaag ataggggatc ggatccagga atggaacgcg 79920
agtaaatcct ttgaaagggc acagaaagag tataatgctc gcgatgaaga gctccgcttc 79980
ggtaatatct accagaagat gcgaatctat aagaaggaca aactttgtcc gctcattcgt 80040
gtagaccacg gcgagtagtt tgcatagtga cctgcgttgc cgggtcacta ccaaaatact 80100
tgaaaaattc aattgctaaa tgctctagaa tttgagataa tatttatatt gaaagggaat 80160
agccaagtgg ttacggcatc ggcctttgac tccgagatcg gtaggttcaa ctcctccttc 80220
ccttgccaaa tttaaaatgc tcctgtcgtc taagctggtt aggacaccac tctttcacag 80280
tgggaacacg ggttcgaacc ccgttgggag taccaaattt actgaaaaat tcagttgcta 80340
aatgcttaac aaattgatat aatatttata tagtttgtta aggaattaat ctgatactga 80400

371

371/758

Фиг. 15RR

sequence.txt

```
gccggaacca aaaaacacgc ttgcagcttg ctcggtcatt gtactgaggg ttcgcaagaa    80460
tagcggagtg gctctccgaa acgcctggta agcgtagagt gtatcgtatt tgtgaagagc    80520
gggtatcctc gcatggctaa ttgcttaggg tattacgcgc accggattaa ttgccttaac    80580
aaattattgg gggatgggtc tgctgggagt ggacaccgca cttgcaatgc gggaatcaga    80640
acggttcaaa tccgttatcc tccaccaaac aaatggggat gtggcgaaat tggcagccgc    80700
gctagattta ggttctagtg gtgaaatatc cgtgtgggtt cgacccccctc catccctacc    80760
aaataacggg agttcgtgat gaacatagaa atcatgcagt tggatcgtaa gaaaaatgag    80820
ttccgtaagg tccatacctt tccgagtaaa gaagctctag agtttcatat taagtgtatg    80880
ggactggtgc taccggaaag cgagatcttc gacttagcat gtgctaacgg agttctgtac    80940
gtctgggaaa tcacgtatca tgctgatcct gatgaactcc gtaaagaagt agagcaaata    81000
ctaactggag agtagtgctc atgggagcaa gctgacttga aatcagtcgc catcggaaac    81060
ggtgagggtt cgattccttt attctccgcc aaacaacagg aaagctggtg aaatggtagc    81120
cacgcatcac tgctaatgat gagtccgcaa gggcatgaag gttcaagtcc ttcgctttcc    81180
gccaaacaat ggcccgacga gtaacggttg ccccttttcta gagaattttc tgggcgaaaa    81240
tccagaagta atcaactagt tgtaagtggg aagagtttct tagggccgcc aaatttgagt    81300
atcattggta ttgtaggagt cgtacgctgg gactacgtag tacactgagt gtcctatgcc    81360
cagtacgcgg tctaaccaaa tacggtgtgc gatgtgcatt ttatttgtgg aggtctgatc    81420
agccctcgat ggtactcaaa tttgggatat tatcataact ggataatgac ctcgattgtg    81480
gatcgagtct atcttggttc gaatccaaga tatccctcca gattactgca ccattagttt    81540
aatggataga atatagagct acgaactcta tggttgaggt tcgattcctc gatggtgtac    81600
cataaaatct ctgctgagag tgacgaggtt agccctctgg gtcacatccc tcttctagcc    81660
gcctcccata aatgcaagca tttatgttct ggccctagac acaacgttgt actcagcaga    81720
gtgcgcataa ttggggtata gctcagtagg tagagcggag gtctctgaag ccttaggtca    81780
caagttcgat tcttgttgcc cctgccaatt gcaccgtaga ggagaggccg tcctcgccag    81840
tctcataagc tggagatcgc aagttcgaat cttgccggag catccaattc taggagaaga    81900
tgatgagaat ctctttcaca gaacgagtac taggtactgg agtaatgcta atcacttcct    81960
gggatggaga tagctggtgt aacgtgacag gcttacgtaa gtcagaacaa acacccgaga    82020
atatcgctaa aatcaagaaa cgaatggcag aagctgctag tcgtcctgga gcacctcgta    82080
atggtaaacg ttgaggtaac tatgactcgc tatcaaggta tgctaattaa tacccacaca    82140
aaagagattg tattcttggc accggctttt cacgacacct acaatgaagc cgaggaagac    82200
gctaggatcg ctaaaataca cccggacgag gaaatctgcg tccgtcagca agaacaataa    82260
```

372

372/758

Фиг. 15SS

sequence.txt

```
tgcttcaata gctcagttgg tagagcaaac gaccgataat cgttaggtca ctggttcgag    82320
tccagttcgg agtaccaatt tttgccccct ataggatatt tcatcggaat atcctccagc    82380
gatggtacgt agtatagtac ttacctgtta agcctagaca aagttacttt gtgggcaaaa    82440
taggtataga taggagaaga atagtagcgt aagattcttg aggcaaattc tttaggtcag    82500
ttggcagaga tggtttatgc actcgcttca tacgtgagac tacagtggtt cgagtccact    82560
attgaccacc aaatacttgc ttagctcaat cgggagagca tcgtctttac acggcgaggg    82620
tagctggttc gaaaccagca gcaagtacca atttacagtg agacttcggt cagggccgtc    82680
aaacgtccga gaagctgtaa tttctgatgg ggatgatccc agattcgtaa gaatacccca    82740
tccttacctt cacaggtttt agcgcaatgc tgagtaaaag tctagggaat cgactccatg    82800
ccatccagga gtataaatgg cgaatctagg gacttagacg gtcattgccc tagcgcgttg    82860
atgccgtgcc ggaatcggta tacggggctt cctaaagggc gtaagcagaa catccactct    82920
gcataagata cccgaaaacg aggctgagat aaatggtcta tcttgtgaag gttcgatccc    82980
ttccggggtt agcgtgtagt ggggctaatc aatccccacg ttaaacgttc aagttaagat    83040
ttgttagttg cagaagcggg gaggctatca accttcagtc cctgaaagct ctcagcgctt    83100
ggaactcttt cgtccgtaag gaatagatcc cctttcgctt tgactcgcaa acttcaaacc    83160
aagtgtaact aacagctgca agcctggatt accgctctcc ggagcggata attcaaaaat    83220
ttatttgcta aacgctctta tttactgtat aatagttaca taaattaatg agaggagtta    83280
gcaaatggaa aagattactg caactggtat tgaatctgca ctggtggttg attgggccgg    83340
atgggacgga gatcacgaat ggatggtctt ttatagctgt acgcttcagc cagaactatg    83400
gactaggctt accgatgagc atgctatgcc ctacggtatc atagatgtag aaattgagat    83460
taacaaactg gttggcacca ttatggtgca tcgagccgaa ggcgatcaca aggaaatctt    83520
ccgtaaaagc attaaactgg tagtttctac cggtgacttt atttaacaat taactgagga    83580
aatactatgt acacacgtcc tactaatgga aattctgctg tagtccgcct gatgattgtt    83640
caggacaacc tgtccaacaa catcgagtct ctagaccgtc gtattgagga gtatcgcact    83700
gagatgctgt ctctgatgcg cgaacgtgag gccaagatcg aagagcagct agaggtttgc    83760
gaagctatcg accgcctggt tgacggaacc gcagtattta tggcggaagc tcccgcagag    83820
cctaccttca ccccggtagc accagctgac atgcagtatg ctattctgcc tttccatctg    83880
gaagaagaag atggcgaagg cccgtcgctg gaagacgttg ttcgcttcct gcttgcctcc    83940
ggtttcccga acggaggtcg ttaatggatt ttatcgttgt ttgcggagcg aatactgact    84000
gcttcgagct gttaaacgac gccctagaca aggttgatga acacatgcag gaaggcagaa    84060
ctcctacatt cattgacctg tctcaaggta aaacttactt ctacccgtct cttgacgtag    84120
agcctacagt tctacctatc ttcatgcact ccctctcgtg ggacgaagaa gacgattaat    84180
```

373

373/758

Фиг. 15TT

sequence.txt

```
gaaaaaattc atttgcctag tactctgaaa tttagtataa tatttatatt gaaacgaaag    84240
aggaaaagca aatggaagat gaagttaaat tgtacatttg ttcagattgc ggtgagttaa    84300
gtgaatgtca ttgggagtgt ccgacttgtg agtcagacga cttaatggaa tacgaaccgg    84360
aataacaaat taagcggcta tggtgttcag cggtcaacat accggcctgt cacgtcggag    84420
ccacgggttc gaatcccgtt agccgcgcca aattctctct gggctaagag atatgaccgt    84480
ctagaggtat cctcggacac aagggtcagc cctagacaca ataagttagc aaatatctcg    84540
tttcgacgag gtatttgaag aggttcttac gagagcttct tcaaatacgg gggaatattc    84600
tgtaagtggt agcagagcgg tctgtaaaat cgttgccatt gcggctcggg tggttcgact    84660
ccatcttccc ccaccaattt tgacaatcaa agagatccgg gttcgaatcc cgcgtacgca    84720
acaggcggca taaaggcctt gtagcttaaa tggacaaaag cgctttggtt gttaaatcta    84780
tttgggagag aagcagtaag tggtataggc ggtcgcctgt taagcgaatg acagtgagtt    84840
cgaatctcac ctctcccgcc aattttactg aaaaggttat ttaattaacc taggcacgcg    84900
taggaatact gccaccgcaa ttgaaagatg tggcccggtt tggagaggta tgccgctaca    84960
cgctacggtg ctaactccgt ctaggtgaaa atcctagtca gtaatacagt attagggtaa    85020
gaacagcgac ttaggttgca gtgaagcgtt agcaatcggt ggaactccgg tgcgccctaa    85080
ttaaacaatg catcattggc cgagtgacta ggcagaggct tgcaaaccct cgaagcatgg    85140
ttaaaatcca tgatggtgct ccaattacca gaggtactca tgattaagta taaggcgttt    85200
gtaacaagag agtcccaaac aggagattca agtattaaat tcgaaggtac aacgttacat    85260
gatacatttg aagccgcttt aacagaggcg gaaacccata tagtatcgaa aagctgctat    85320
gctcatgtat gggaagtaaa cactatttta gatcgctagc tcaatggtta gagcactcgc    85380
cttttaagcg ataggttccg ggttcgagtc ccgggcggtc taccacatta tgggacttca    85440
gctaatcggc taagcatcat agatagcggg gaatcccggt ctgtgagggg agtaacacgt    85500
agtctcccaa gttccaccaa acatcagagc agcgtgatgt actgcaaaga cccaaagacc    85560
ggggtggact tcttgattca aaggagcagg cacgaattac gcaactgtag ctcagcgagg    85620
tgagagcact ggtttgaaag tccaggggtc gttcgttcaa atcgaaccgg ttgcaccaaa    85680
ttaatagtat caatagctta tggagctgaa tagtcctaaa gctcacggta aagcagctgg    85740
ccgttagtga gcagacttgg aaacgtctgg tgatctctag gttagccggt gcgttggttc    85800
gaatccaact gatacttcca aatcccaagt agcccgttac aggctctctg attaaactca    85860
gacaagcagg taatgggtga caggataaaa taagccactg atttccggcc gtttgacgtg    85920
gtaaagtcct ccagtcaaga agaatttctg cgtgcagaaa tcactgaaag caatggggca    85980
gacaacttga gatagattgc ctataacgtc tcaagtagtg gcattgactt agggtggcat    86040
```

374

374/758

Фиг. 15UU

sequence.txt

```
tttcccgaaa gttcgaaaaa ttcatttgct aaacgctctt atttataata taatatttat    86100
ataaattaat gagagggctt acctaatgaa tcaaaaaatt cttatgcgat ataatccacg    86160
agctttatgg ttccgctggg aagtgattgt atcgtaccag atacgagtgc gtaacggtga    86220
tcctgagaac aacattatcg tgctggagac attctctaat agagatgcgg cagttaagtt    86280
cctgaacacc atcgacaata ctttaatcaa ggtatattaa taatggatat ctttactact    86340
cctgctatca acttggtcgg tgtcggccta ttccaggcaa cggtctatcg tattgatgat    86400
agcactgacg ttgtaacgtt cattgtaccg gagttcttcc ttgagaagtt ctttgaagag    86460
tttgagcaat tccgtgaaga gcatgatgct tactccaata tggaagatct agcagcgatg    86520
ttcccaactg tatacggcta catctttgaa ggcaatgatc tgcttttgga taagtcagag    86580
ctggtggaac tcaactgggg cattagcttt gaagtgggct ctccgttccc gcggtatttc    86640
caaggtctgg agattcgata atgggcggct actctaattt catcgagaat tacattaatt    86700
ccgtagattc ctggaatcag gaaactctag tggtagtgct taaagagaga ttcaatatct    86760
ctactctgga agccctagag gctatagaag cctacttgga taacgattaa cacccacttg    86820
gtccaatctg gtagaggcat gaggcttaag acttcagggt tcccggttcg agtccgggag    86880
tgggtaccaa attatggggc acgactgatg gggaagtcgg cctggctagg gttgagatac    86940
ggttcgattc cgtaggcaaa tggtctcgta attccgcaca ggtgatggaa ggttcgagtc    87000
cttctcccat aactatacaa attcccctta gctcagtctg gcagagcggg cgctttggga    87060
gcgtcaggtc aagtgttcaa atcacttagg ggagaccaat cttgcctcaa tagctcagcc    87120
gggagagcaa ccgccttgta agcggtaggt cgtgggttcg attcctactt ggggcaccat    87180
tttcgctggt tatggttaca gtgtgattaa gtttacattg tcattaaatt ccggttcaat    87240
tccggaagcc agcaacccta aaaggtaagc atatgaggat tctttccata gaagatgtta    87300
tgtgtgacag atgctacggc tccatattct ctggtggctg tagttgtaag taatctatct    87360
aatgaccttc tgtagatgta aaataaatat gaagggtcga tgctcgcggc taccgacaga    87420
tcgtaatgat caagtagtag tctgaggtga agagactagc ccattaattc cgcgactaac    87480
tgtacgggtt acagcgtccg ccttccaagc ggtactgagt ggggttcgat tccccctagt    87540
cgctccaaat tcggtaaaat gaccgtcccc tgacgttacg gggaattaaa caaggaactg    87600
ggagccggta aggccatttt atcgatacta cttgagaggt acaacaatga aagcctttga    87660
tgcagaacta gtgttctcac tcttagctga gatggaagcc tgcgtagatc gtgtacgtgc    87720
gctgcgtctt agtatgttta gctcttaaat tatttgctgt tctagagcca atgtagtccg    87780
gggtgccgac gtctgcctgg aactcgactc taggatagtc aggacgtcac ttaacagcca    87840
gagatggcaa actataggag aagcaaatgt taacagttaa ggtaatgtca cctaacggtg    87900
gcgaagaaat tcacgatggt tcaagcgttg ggtttaatcc taagcagaag agcatctcta    87960
```

375

375/758

Фиг. 15W

sequence.txt

```
ttgctggtct tgatcagcat atcttcctga aagaagatga ggtagcctac gttatgaatc    88020
agaatggtaa gacagtatcc gtctaccacg gtagctaatt ttattccccg agtgttactg    88080
gacagcacgc cggtctccaa aaccgtgcag taggagttcg agtctcctgg ggtttgccag    88140
tttaaaggag tgatcatgat cacttatagc accaatttta tggggccagt ctccaacaat    88200
tggtacatcc gtatgggtat tccgtatacg gaagtaaccg agccgaatcg ttttgcagat    88260
ggcgggcaac taactcgaaa agtatttgcc aaacgatatg ccggtggtcg cattgacgtt    88320
cgtggtactg atgactattt cggccaggaa atcggtgttc cgattatgga ggccgagtct    88380
tggaatgaac tacagcagtt tctctggaca ttctcgtccg ataaggttct gacattggag    88440
caaattgtac aggctctaga ggacgagaca ggttttcgca ttgtttggtt taaggagcca    88500
gcatgtacat agatcgtaac caactgttca agttcctaga gcttgacctt cgttggcctc    88560
tatcagtcaa tccgggacga gctactggca agacgttcga ggctattaat acagcctatg    88620
agtttgcagt atttaaaggt attcaagcag tatacgtagc atccggtgtc cgtgaaatgg    88680
cacgcctaga gaagaagtat aacgagcttc aacctcatgt taaaattaca acgtatagca    88740
tgttagaacc ctaccgtata ggtcgtcgat tcagctgcat catgtttgac gaacctagct    88800
tggctattaa gtacggcgta aacgcttacg tggttcgtat agccagagaa aaccagtgtc    88860
ctgtaattat ttttggagag taaagtggaa caagaatttc aagtcttcgt agacgcctct    88920
aagagagttt tattcataca agccaccgat gaaggtcatg gcctgcaact ttccttcgac    88980
tctctggagc aaataaacca gattgttctg agggcacaaa aatcattaga aaagaacact    89040
gaggcacctc ctgacctcta aacaaaagcc ccttgtctct ttgagcgagg ggctttttct    89100
ttataaattc acttgcaaaa atgccaattt tgccgtataa tagatttata aattgatgag    89160
agagatttcc aagatgaaag taacaatgga aaacacagaa gagtttattg ctatctgtac    89220
tgcgtatgca gatacgcttc cacctgaggg tatggacgac catacaatgc agttagtggc    89280
ggatatctac agattagcag agttagctaa agaacaacac aacaggctgg tgtacgtcaa    89340
agaacgcctc gaaatgatgg ataaggagta atcaatgaac gaactcaatg aactgaatga    89400
attgcattac gctgaacgtg ctattgacga gctggatttc gctggtggtt attatacccg    89460
acacgtcaac gcaatgaccg ccgaagggct taatagtaag tctgcgattg ctgcggagtt    89520
agcagttcgg gactttgtta ttgatagtct ccagaagact attagcaact tgagcgaaaa    89580
caacaaagct gctctggaag ccctggataa gctgtccaac catcttctcg cattggggat    89640
caaataatga ataagcaatc tctacgtggt atccgagtat ttcgctctag ccttgttgat    89700
tccttctata tctggggcaa ggcaactcga cgcactgttg agcaagcact agacggtacg    89760
ttctatgatt ggcgagaaaa agagcgaaac cccgtattca gccgcccagg gctgtatcac    89820
```

376

376/758

Фиг. 15WW

sequence.txt

```
gatcgtgtat ctaagacagc gtggtacgaa attgaagtaa ctcctggcgt tatcagagcg   89880
ttctatacgg attgggagca cgaaaagtgg gtttgggaca atcagattgc tcccggtgat   89940
cgtattatga actatgccga atataaagaa atgaagcgca tgttcgagct atacgatgtt   90000
cctaggctgt ctcgcccggc tatcttcatt gctagccaag agtactggca tactgttcgt   90060
atgaagcgtg attttaacaa gcatcacctg cgctatgaga aagaacacgg cacactgcgg   90120
gaacgtgtgg ccaagagaaa agccgaactg cgtgaaaaac gcctggagaa gaaatatggt   90180
gaaagctagt ctcttacgct tcactcctgg agttggcctc cagtataaaa ttgttggggg   90240
ccacaagttc caatacttca ccccgggtaa gctctacttc gtcgagctac acgatagtag   90300
agcaggctac aaattacgaa gcgacgcaaa tgagggcatt tgggtgagct tcacacaagt   90360
taaacgctgg tttacagttg aaggatataa tgattatgag taaagttgta tatttcgtaa   90420
aatgctgccg tgacacctta gagttggtcg accacaaaat gcagacctgt aaatgtggtg   90480
cttcctccat agatggtgta gccggagcct acgtccgttt tctaggcgac aaaagtaact   90540
tcatgcgtct gaatgagttc cagctcgaag ttgaaaagaa tcgaccggct ctagaggcag   90600
aggctgagcg tctcaaagat ttcgatggga acatcgtagc atataacatg gtaagcggta   90660
aagacttctg gtctgaactg gctgaaaaac ttaacatgcc gcggcaggcg gctaaggctt   90720
tatatcatgg cttcaactac tcgccacgtt ggaattaagt tttccaacag taacagaact   90780
tacgtttacc gagtacctag ttattggaaa tactccccgg agataggtga tgtagtagtc   90840
ataccgggga atgttatgtt taataatcct cgtcgcgcca aagtagtaga agtgcatggt   90900
atgtatggta agccagagta taaagaaaga aagaacatct cttatgtaga gctgcatgat   90960
tacttaccga aggaggaacg taatggacga taaaattgct cgggaagcaa tagaacttgt   91020
tcgtaaacga ctggaagaac gtaatgtcga ggtgccgaaa ataatgctta ttggctacgg   91080
cggcatcggc ggatttccca gcttcactga cctagaaaga atggaacgag agtcccaagc   91140
cagctttcta gagttagaat cctacgctcg ggaaatggaa cacgaacatc cgattggtaa   91200
taactttatg ccacgtagct cccgccagga ggttactcac ggcaagacta attcctggcc   91260
cactccgaaa cgcagaggta gaaaatgatt actacaggat ttggatattc tcacgaagaa   91320
ttgtgcaaaa tggttgaaag cgctccgttt attaagaagt tagtcgaaga gcaacgaccg   91380
gtgtgtttac atgctgcctg taccaagtgt cacggtactg gtgttgataa aaacggcaag   91440
atgtgcgtac atgcactgtc ctgcccgtgt cctaaatgta gctggagctg ttaatatgga   91500
tctaggatat tgtgtagtac atgaattcat ggagcagggg ttgccggatc gtatttgcgt   91560
tgtaacctct cgtaatctgg aagcagccca atcactagtg gagcgactct ctggctacta   91620
tcgtgaccat gaacgttacc agcagaaagt atttgacctg acaaaactgt accatcaaaa   91680
agctctggat atgccaactc cacagctgga cgatctcaag cagtttagtc ctgaggcctg   91740
```

377

377/758

Фиг. 15XX

sequence.txt

gtatagcgtc aaagacgcca gtccggtaga ctataccgta caggtattct cgcattatgg 91800
tactcgtcac tggataaacc gtaaatggga ttccatggtt gactacctta attcggaact 91860
cgaaaagggg gctgccgaat acaaaagaaa gcgtgccgaa gccaaagtat tgaaaaattc 91920
agttgcattg taggcgattt ttcgatataa tagttacata aattgatagg gagagcttca 91980
tgagcaaact aagtattgaa agcattatcc gcccgttaat gcacgggtat gtacaaggtt 92040
cctgtgtaag cgaaactgaa gctctcaatg ttatcgaaga agagctggtg gctaacgggt 92100
ataatcttca cgaaggtgtt atcgaggatc tcttctggca gaccgcggaa gatatggaga 92160
tctttcggtg cgtgaattgc gggtggtggt gtcctgcttt tgaaagggcg gagaaccaaa 92220
tagaggaaat ctgccgggac tgcgagccag acctcgaagg tgaagtggat gaacaagata 92280
acgaaggtga agactatgag taagcgttca attgcagcaa tcatcgcatt cagtatgatg 92340
tactctggag tatctctggc cgcagagcgt aacaaagtag agatctctga taacgggcgg 92400
gttcgtgtaa caacgaatgg gattactaaa ggagctggta agtttcgtaa atctgaaacc 92460
cgttttgggg aaactaagat ctacacgaac aaaacctatg gcaagcccgc tgtgacactg 92520
gaccgctatg gtcgtcaggt agaagacgag gatgatagcg atgagtaatc ttcaccccaa 92580
acttcaagag accctagact ggattaatga agagtgtgct tttgaggaag ctccttactg 92640
tgtctgggca agagctggtg cagccccctc ggagtggtgt actgtgtttg ataatcgcta 92700
ccggataaca gttgaactaa gcctaaaaga ggacaaagta tacgctaaag cctctatgac 92760
cgcgctagga ttatccgggt tcgtggagat gcaagagctc tgtatgccta acactcacct 92820
tcgggttcag atcgagcagt tggcaacaat tcgtttgatg ttgccggaag ataacatcaa 92880
tgaccatttc cataaggtta ttgaaaatga atacaaacta cggcggcaac gtcgcaaagc 92940
acgacgggaa gtagagaaga ctcggatgat gtgtaacatg aatccacacg tataacggta 93000
gggccgttat aggagtcacc ttcctgttcc tatccggagt cgtgcccgcg atgaacgaag 93060
tggtgagttg gtcgccgacc actaactaat tcaaagacaa actgaggaag caaaatgttt 93120
actttattta tactggcagt atcggcgtgg atggcagttg gtatcaatca tggtctggac 93180
tctgctaagc tgctgtcagc taaagccttc gagttcctgg ctaagtttgc cacccgtaaa 93240
gatatcgagg ccatcatcgc aaaaggcggt gccaaagatg catcgagtgt cctgaagtcc 93300
ttcgataaga tcctagagct tcgtaacggt aagcatgccg cagagctacg ctgtatgagt 93360
cgcaagacca taggcagact gtgtaaggcc atcttcatcg tacagggggc gttgaaaggc 93420
ccattcgcta agtataaacc ggatagtatc aagcgagcca agatctttaa cgattactgt 93480
gtggaacacc acccgttaaa tcgctaacta cccaagccca gcatcgaaag gtgttgggct 93540
tttctttttt aaaaattact tgcgctctcg cttaaaatgt tgtataatag ttttataaat 93600

378

378/758

Фиг. 15YY

sequence.txt

```
gagaggagaa ctaacatgcg tattatctct aaattaaagg acgtatatga tctacaaggt    93660
actatgtatg atgcagaaag agcatggtat cgcgaagaag tgaaagaggt tgtaaacgta    93720
tccgctgatt tcgaacaaat tattttctac gctgaaatct tgcgtaaccg cacttcctct    93780
ggatatgggg gtgttaatat gggaactctg gaagttcgtc cagtattgat ttgtggtaca    93840
ctacgctggc tgtacggtta tcacactggc ctaggagcag atgctgtgca tatccagact    93900
ttcgatccag ttaaggtaaa agaggtactg gaagaacaag gatactacct gcggatgggt    93960
tgggacatga atacgattga gaagatcgac gctcatgttc gtaacgcaac cgccacggct    94020
tctgcgttcc tggagacttt caacaagccc attgcgatgg catgggatgc cgcaaagtct    94080
aagacagacc caacggttaa tattaccgtt aaaactgatt tcaacttcca tgcggaagat    94140
ttcccgtggc aggaaattga tccaaacctg tatcgctggc accagacctt agaatcatat    94200
atcttcggtg tgctgggtca aggggaacca aagaccgagt ctacgtctga tcgtgatcgg    94260
ttaattgcta agggcttcga tgctaaagtt tctttcagga atatggagcg gtaagactgg    94320
agcaattctg tttctggcaa ttgcagcagg caccttcggg ggtgcctact acattaccaa    94380
taagctaaca gatatgtcca gttctttaca gtccctatca aaccgtaatg aacaactaga    94440
aaagacagtt ggtaatctcc aaacagagat tcgaaatcga gatcgcaata ccactaccta    94500
cataaccaac ctagctaaga accaggaaga tctggatggg cgtattaata aactggatgc    94560
agctagagcc aaagagggcg tggttgccgc taaacctaaa cttgctacca aagtggcaaa    94620
agacaaagtt aatgagttcc aggagagact ttcatgcgta actggaaata tggactcctg    94680
ctctcggctg caattatcgc atccgggtgt gcagaacggc cagacccaag tagcacagta    94740
acgggggttg agccacagca cctaccgtgg ccagcaagcc tacagacttg cccgtttaat    94800
tttgagttca taaacgaaga agggaaagtg tatgttcgca taccttacca agattggatc    94860
acgatgggca agtgtaatga gcaggtctac acctacattg ccaatctgac tgcattaacg    94920
tgtacctatc gcgtgtcact taatgaatat cgttgcaaac cgttcaataa ggaaacaaaa    94980
tgaaatacgt tttaggatta attggtgatg ccggcgcagg caaagacacc tttgctgaca    95040
tggctaaggt ttgggcctgg gaagtcctcg gtccggagta ttctatcagt aaatttagtt    95100
ttgcagctcc agtttacgaa ctcgcggctg taatccttgg agtcacgcca gaaaagctgg    95160
cagagcgcag gacaaaagag attaagcagt ggttttgggt gactcaggaa gcccttgagc    95220
gtactgctaa cgtctggaag cgttttggga tcgacaagta cgccgatttc tcttacgttt    95280
ggcctcagtt tgaagcgtca gcactatatc cgttgattgc taagactgcc ccagactttt    95340
atcaaggtcg tgagaccccg ttgtacccat tatacacgtc ccctcgtaaa atgctagaat    95400
ttgttggcac ggagttagga cgcgctctgg tggatgagaa cttgtggttg aatattgtgg    95460
tagatcgtat cactgctacc aaagctgaca ttagtattat ttctgatgtt cgttttgata    95520
```

379

379/758

Фиг. 15ZZ

sequence.txt

atgaagccgc gctagttcgg aacttccccg gtgcgcagaa ctctagtatt cttaaagttc 95580
acgcccctaa caacatccac gctatccaat ctactcatgc ctccgctaga ggtgttgcac 95640
ctgagtttat tgatgatgtg gtaacaaata actttgacgg actggaaaat ttccgtaaaa 95700
atgtaaacgc attttgcgac gagaggattc tctttatata aggtaacaat atgggacaaa 95760
ttaataacgt agagcagaaa ggtggcaata agactcctaa ttacttcgcc tccctagtgg 95820
cgactaaggc agagtataat atttaccact atcatctcga tgggccgata gtcgatgtag 95880
actactaccg cgacctatca gtcactctgg caactatgca agagggagac actcttaatc 95940
tttatattaa tagtcccggc gggtacgttg atacagcagt tcagttgtgc aaccttatca 96000
tgaactgcca gggaaccgta attgggcacc tggttgggcc atcagcatca gctgcctgct 96060
caatcttcct agcatgtcat ggttggctgg tgcaccctta cgttatgttg atgggtcata 96120
cctatcgtgg tgcgcactat ggtaagggca aaaatgagat ccagcactat gctgatcagt 96180
ttaactcgtt cttcgaggat atgatgctag acctgtacta cccgttcttc tctctagaag 96240
agatcactga gatgatagaa ggtggtaagg atatttggct gacctccaaa gaaatcaacg 96300
aacgtgtaga tcgtatggct gcgcaccgag aacaagaagc tcgtaaggct gcgggtcaat 96360
aaaactaagt aggccagggc tttttagctc tggccttttt ctttatctaa attctacttg 96420
acatttgtct caaagtatga tccgagcaat aactataaat ttttattgca acttcctcca 96480
ataaagggta taattataaa tggttagagg aggttcttaa tggataaatt tatacagttg 96540
atatcgctgt tactacaaga agcgaaggat ccagcttctc ttcttaaacg tttgctaacc 96600
ttactggttg gtctagttat ctacctcttt atagctaata cgagtgaagt catgtcgtac 96660
ttaaagactt tctctacttc ggcggtccta caagatgtta aagtacaacg cacactagag 96720
tttccaaatg tggcacgaga gaaggcaatg atcctattct cacagactcg agctgatgcc 96780
gtcttcgtgg ttaaatacaa gcctgaggct ataaatgatt accaaactat catagcttgg 96840
gaaagcaacg ttcagttgga taaatccgat gtatccgaca aagcagttga caagacgtct 96900
atgctctacc gagcgcattt agacggtctg aactttgcaa ttgatgcaag ggaaaaacga 96960
ggtttatcga agtggtctgg aacgggtttg ccaccgttca agagtgcaaa tttcgagtat 97020
gtgtacacgt gcccatattt taaccttaat aacatctact ctggatatgt tgccgtcgcg 97080
tgggagaagt atcccctaca agacgaagac atgggtatgt ttaatgacta tatggcaaaa 97140
atctgcgcat cgccgcagag atcattaggg agatcaatat gagtttcaga tttggaaacc 97200
gtagtctcca gcagctcgat actgtagatc ctaaactcaa ggctctagct attcgtgctc 97260
tggaactctc accgcacgat tttaccatca ttcagggcaa acgtaccgta caacagagtg 97320
cccagaacat tgctaatggt acttcatttt tgaaagaccc tagcaagtct aaacacgtta 97380

380

380/758

Фиг. 15AAA

sequence.txt

```
cgggcaaagc cattgacttc gccccatata tcaatggtaa gattgactgg aatgacttag    97440
aagcattctg ggctatcgtc ggtgcattta aaaaggccgc aaatgagatg aacattgccg    97500
ttcgtttcgg agcggattgg aataactctg gcgactaccg tgatgaaatc caacgtggta    97560
cttatgacgg cggacacgta gagttactgt aacattaagg ggagctttta ggctcccctt    97620
ctttgtatgg agcaagcaaa taggaggtgg ttatgtttgc aagtttagta actataatgc    97680
tactcaagat atttcaattc ggtatagtat tcttttccgc aacatggatt ttaatacgcg    97740
gtgccattta ttttcgcaga acacgcttag ctagggttgc tagatggctt ctacacttcg    97800
tatttggtat tttcggtgtg ttccgctgcc catgtgagaa aaagagggga acagggttct    97860
gctggctctg gttaggtcta gagaattgct tctcattgtc cttagcgcta ctatttggta    97920
tgatagtcct agctataacg ctagcattta taccactaat gtacgcaggt ggggtgacgt    97980
ctatcctaac ccttacttct cctgtgttga tgtactcagt ataccccatt acactatttt    98040
tcgtaagacg aggcaagcac tgcaattaat gaaaaattca attgactttc cgctcgattt    98100
agcgtataat atatttataa attcgagaga ggagatacaa aatgtcagac agattctaca    98160
ctcaaatgtg cgagcatttt aaagtatctc cctacgagtt aaatatagct ttgtgggatc    98220
gtgaatcacc ggagtttaag aaaattgcta agaaatcgga gggtgttatg tccaacggta    98280
agaaaatgac ccgaattgac cttaacaatg cgctaaccaa actgctcggc gttaacattg    98340
agggccagaa gctctctatg ccaactttga ctactatttt ggagaaagtc aaggctggag    98400
atgttaaaaa agtagcagtg cctgagggtc gtctgaaaaa gccgtatcag gaggctataa    98460
ttgaggcttt cggagaaaag ctagacctgg ataccgcaac cgtaaaaaca atgaaagcac    98520
tactggagag tattaataat gtctaagaaa attgtattcc ttaaaggttc tagctgcgtt    98580
ccttgcaagc aatttgaacc agtttttgat aaactcaccg ctgagttcaa cctgcccgtt    98640
gaaaaacgca cggacgacgt agattcccta cgtaagttcg gccttcgcac tgtacccgca    98700
gtagtcctgg tggatgtgga gaacggacgt gaagaagcac atcacattct tagtggtgcc    98760
acgcttcgct ctgcagtagt tagtaaagct atccaagact ttatcgacta cgtagaagaa    98820
taatacctaa ccccggctca atacgagacc ggggtttttt attatttgct aaacgcttaa    98880
aattttgata taatatttat attgaattga gagaggatta cacaatgact aagcaagcat    98940
atcttatcct gaataatggt tttgcagttg gtactacctt cgttgatctg gggtatacaa    99000
aagaagagtg gcaagctctc gatgctgccc agaagaatca gcttgttaat gaagccgcct    99060
gggagtatgc agaggcttac gtggaggcgg tagatgacga gttagttatt gtcgtttccc    99120
ttggtgccgt aggttgtgat gctcatgtac atacagactt ccagagcgaa gaagagtggg    99180
atgagttaga tctaacccac caaaatgctc tgattaacga agcgttctgg gaagttgtag    99240
actgctacgt tgcgttctgt aaggacgatg atgaagctaa cacctgcact aactatggct    99300
```

381

381/758

Фиг. 15BBB

sequence.txt

atgaacacga cgatgtggag tgtgcataat gcaaaaattc tctagagact ggtcttctga 99360
tatggcccgt aaaaatcgag ctgctgccta ctataataag aaaatacagc tcgataagtt 99420
aataaagggt atcacctaca atgtagagag gggcttttct ggtataaaag tagatgctag 99480
gagcctggac tactcgtgca tactgtgggc taagcagaat gggtacgcgt ttaaacgaat 99540
aggcaatgag atactgattg cctgggaacc cgaaggtcta gtgcaatacg taatatacga 99600
cccttatcga ggggaatatg taagagatca caggcagcag cccacagact tctcgctgcc 99660
aaaacgttac tatttagaga cgaggtatta atgaacgtac atgaaacagt taccgtgccc 99720
gacaatgcta atatcttctt cattggggat attcatggcg agtacgacat gatgatgggt 99780
gccctgaaac ttgcagggta cgaggaaggt cgtgactacg tgttctgtgt aggggatctt 99840
atcgaccgtg gcccgaaaaa cttacaggtt ctagcgaagt tcctgtacaa cccgaaattc 99900
cgctctgttc gcgggaatca tgacgaattc atgatccaag acgactacgc taactggatg 99960
tataatggcg gtagctggac tatcacggaa ggtttcgata cggataccat gaaaggtatc 100020
gcggaagaca tggacagcaa gatgccatac attatgaccg ttgaacaccg tggcaagcgt 100080
tacggggtag ttcatgctgg tatccctctg cgctaccagg ctcaaggtat gggtgtaact 100140
gtaccggtgt gggacgacat tgtgcacgaa cacgaatcta caccagattt acgtcgtttg 100200
ggtgtactgc tgtgggatcg tgatgtaatc caagaagttg ggtttaatct gtatcgtagt 100260
ggggagaagc atccgtactt cgatcgctac gccagcttct ccgaggagtg cgcagtcgat 100320
gtgcctgaaa tcgtgggagt agactacacg tttcatggcc atactggtgt cccgttcccc 100380
attcgctgga agaaccgtgt ctatttggac acaggtggca cctttaacgg tcgtatgacc 100440
gtggcgtcgc cggttctagg tcaattatac acattcacca cagatcgtga tgatccttgt 100500
ggttccgctg acattattta ataggtgaaa catgaaactt ttcaaagatc tggaagaagg 100560
tgaagtattc gtagttgctg gtggcttcga gttgcagaaa tgtgtagcaa tgctggacaa 100620
cggaaactcc gtgtttacag acgacgcgaa tatctcggtt actattgccc cggacactga 100680
aacctggaaa cccaaagaat tctgggagat ccataaagat cgtccattgg acgacctact 100740
ggacgacatt ctattcacag cctgaggtaa atcatgaaac tcgaatctcg ttatattgta 100800
tttaagcagt cagatgccgc taagtatcta accagcactg ctattcggga gataaacgac 100860
agcttatccc tgatctataa aggccgagag gctgacggca aggtaggatt cccgaactat 100920
atcgttctag aagaggattg gccggagtat cctatcgcta aagaagctct agaaggacgt 100980
atcgtgctgg aagagtttaa taaaagggcg gagaagaaac gtggggctaa ggctgcagaa 101040
gatcactata agcagcacca gtctacggaa ctactccggg gtatttctcc attctgtgca 101100
gggtggaacg actacatgag aagactggta atcgaggagt aaccatgtat actggaatgg 101160

382

382/758

Фиг. 15CCC

sequence.txt

gaaatgatat ggccaagatg tttattggcc tcttaatcct ggctgcgtta gtcggtgcag 101220
caattgtagg cggaatctgg gcgctcgtag catttgtatt ttaaattcag ttgcttccga 101280
gccaattttt ctgtataata gctgtataaa ttgatgagga agcaaatatg aaaaacgcaa 101340
tgatcgaact gaatgcaaat atggaatccc ttcgccacgc agttaacacc gcccgtgctt 101400
cttttaacct gctgatgcgc gatgagagca taccgctgtc cgctcgtgtc aaggcatttg 101460
aggagttcgc cgatgagctt cttcatatgg gagactatct cagcgactcc ccgtttaatg 101520
aagatcgccg ggattatcaa cacgcctact gcaatcgtgg ggaaatagtt tacctgaccg 101580
atgttctgga gagtgtgctg gagtatgcga actctttcat gcgaactcct gacgaatggg 101640
aagacgcttc gaacgactat gttctagacg agattcaaaa gaactggcca gaaattaaga 101700
aactggtaga agaacacatt cattctgaag tttacgctta ccggatcgat tggtaaaaag 101760
tttaaaaatt cacttgctaa gtagttagaa tttcggtata atatacgcat aaattaacga 101820
aacggacgga aatcattatg gctaagaaca ctatctctta caccactggt aaaactgctg 101880
acgaacaagc taacaccctg accaaagacg aaatggttgc ggtactggta atcctgctgg 101940
atatgagtgg gttcgaaggt cagcttgcta aactgtctct cccggcactt cgtgctctgt 102000
acgaaggcac taacaaaaat gctgcggcct acaacctcgc taaaaatgaa gcgcgctggg 102060
ccaaggaaca ccagcaggtt gctgaacgtc gtgctgagag tttcgaacgt gacctgaaac 102120
gtgaaaaggc gaagaaaaag taatggtact agaaattctc tccgggctgt taatagcagc 102180
cctagtaact ggaacgggtc tggcggtttg ggtatcgata ctgcgggaaa ataaccggag 102240
aatgagatta accaacaacg ggctacacga gaagttgatg gatcaagtac aagatgctga 102300
tgaattctct gctgcggctg agcgactttt agttcgcctg gcgaagattg aagagattat 102360
cggccaagat tccacaatgt cgaagacaac caaaatgcgg ttgatcacgg agattaagaa 102420
atgatctcac caattgtagc ggcactttac ttagtagttg ttggctacct gtccgggaag 102480
taccacggct tcggtttaaa aggtactatt aaggcagcaa tgctggttcc tctgtatcct 102540
ctggcaattc tgttaaccgg gtactacgcc tgtgttttaa gaatctttgg ccggggcaaa 102600
gttaactacg ataactgcac agcgttgctg gacgatattg aaaacaccat taagaaggaa 102660
gaaaaatgaa ccttaactcc aaagaacgcc aagtgttagt agatgctctg cgtcaggtag 102720
tagaccacga tttgctttgt gatgaagata tcgttgagtc aattgcccta atcgccaaga 102780
ttgagcttgc tgagaaggac tcatggcgtc ctttgagtga gcttcctcct ctaggcttgg 102840
caatcgtagt acaacgtgct gatggcgctc cgtttaacac tgtgatggtt cgcagagatc 102900
tggcaaagtc ctactccccg gatatcatca cgttgcacac taagatcacc aacgaacctt 102960
tcgagtttaa tactcgtcac tattactgga gactgaccaa tgcttaatca gcttcgaatc 103020
tataatttcc tggattgcaa cttccaggtc tggcgagaac tccccagccg tttcctaggc 103080

383

383/758

Фиг. 15DDD

sequence.txt

```
tgggcattat tcctctccat ggtggtttca gtcttccata acgtcccagc gacgttctat   103140
atggaagcaa ttcaaccagt cactgtattc atttacgaga tgtacctcgt agcaattaac   103200
gggtggaaag atggccgcat caactgaagt tttaaatcaa tattttaatc gtgagcacca   103260
agagttcagc gatctgttca tccagatgtt cgtcaacgct aataacgctc tggactatcg   103320
tttcttcaac gagttccatg agaccacgtt cagccatcag gatattaact ccgctctgaa   103380
agaactcatt ggctctaaag tgataccatt ccgacagact gcaaatgcag agacactaga   103440
gcttagtgtc gtttggggct tgttcaagaa agcatatgag tttggcaagt atcagaacgc   103500
acgtcactgg atttacgagg tgtatctaaa cactgaagtc attctacctc gccaaatgat   103560
gttgggctgg attgcaaaac aacgtcctga acgcaatgca aaatcattcg caccaattaa   103620
cgacgggaac ttataccatg caagtgaaaa atttgatgct ccaaaatccg tggcttgatc   103680
gcctggcgca agtagagaag atgcttctgg ttgaaggtct gaccgaagaa gacatttgtc   103740
tgaactcctt ctacaactgc aaaactcatg taatgcaggc gctagacgaa gaacgtgttg   103800
aactgagtaa gtttatggtg aacatcgcca cagctcaagt tcactggcaa acccagggct   103860
tatccgccga cgatatcctg aaacataccc tgaacgctat tgcagagtat gggaaagctc   103920
gtggtgaagc tctcttggct tcaaagaaag agtttgataa atcggagtca atgctgaaaa   103980
tggcaatcga tatccatatg gaaggcatcg acggtactat tcactaagag ggtgacaaat   104040
ggctaagaaa cgcgttgtgg taaacttcct agaggaagat tctggggact gcgagtacgg   104100
ttgctggaat actggctacg gtgttgaggt tatggtggat ggcaaatgcg tccaccgtca   104160
ggaagcctgg gcaagctgca ctaacaacag cagcgtagac tttgacgtat tggcccatgt   104220
tcttcagggc atcaagacga aagaaggcta cccggtcaaa gcagatcaca tcgactttgg   104280
agatccttcc gattatccag aggagtttct ggatctgttc acctaacaaa gaggccaggg   104340
ctaattgctc tggcctttcg tggtttaagg atattaaatg aaatctatag acaactattt   104400
gcgcggggaa aaccctgtag atcaagcagc agttactgtt gaaaaggtca ggaaagagtg   104460
ttttatactt actcaacgtg gaggtggtaa tcggcctaat cgagtgtatc ttaattggac   104520
tcagtccaaa gacctgtatg agaggttgaa aagggaattt gagtagtgga agaattaaga   104580
cagaagataa atcaagagct agtatgggaa gctaaatcct tccccattaa tcaattcctt   104640
aaacgtgacg gttcgatcaa ccataataag ataaagcaac ttaggccaga tttcaggcaa   104700
gatgctaaga acctcatctt tattaaccgt gctctagacg ctcatggagt attcttcgga   104760
tatgagaagc tagtgttcca cagcctaaat cagctggtgg aaatatggtg tcccgaccat   104820
caagattact ttatgcaaac tgctagaagc caccttgagg gtaacggttg ccaaaaatgc   104880
aggcaccgca tggttaccag agttacggat tatggaagtt acaccgtgcc agcatactat   104940
```

384

384/758

Фиг. 15EEE

sequence.txt

cacaaatttt caattgacgg agactccatt atttggtata ataactccag taaattgata 105000
aaacctttgg aggttaaaga tgaaatacga ttccctgaat aatccgagca ccaactatct 105060
gactgaccag tcagtttctg agatcaagtt ccatccgaac tactccccgg actctagcaa 105120
gccgagtgta gcagctatct ccttccgctt ccgcaatctg cgctttacgt tcgttggaga 105180
ggaagacaag atgatctcta taattgacaa ggttaaagca gtaagcgagc tgtccggtag 105240
cgataccgtt aagttcgaag cattaacctc gttgctgctg actagtgggg ctaccgttgg 105300
taagttcgaa cttattcagc cgcatgtttc tgcactgacc aataccagaa acttctggga 105360
tcaagccaat gtcgagagtc tcataaaatg ggatagtgct actgagttct acaacaagta 105420
agagggctag gatatgttat tctgtacagt tgattttgaa gaagctaacg aaacgtatat 105480
tgtctacggt atgtctgaaa gcaaagtacg tatcctctgg aatcagttcc aattagaagt 105540
accggacgac atatccaaga ctccgaaaga cttctttcat ttaatagata ttaaggcagt 105600
aaaagctcgt aagaagctaa ctccttatgt gttcccaggt gcagtattcg tccatgagtt 105660
aacagcgtat actaacgtgg ttctcaaaaa gtctcgacag cacccaggct atctcacgat 105720
gttgacgtac aaagttggag ctattcacga cggtgagctg gtggttcggg tagatgcacg 105780
cttgcagcaa gaagtcgaag aaatgattag gcagtgccaa aataaagcag aattaaaaca 105840
aagagcacgc ctattcgaca tggcagcacc tagcgaggca gttgccgcat atcacggctt 105900
ttataaagaa atagctgaat ccgatgaaga tttctttatg taagaggata acacaatgaa 105960
cgagaaatat gaagtatgga ctccggttgg ggagaattgt agctatcttc ttcgtaccct 106020
gtgtactcgg gaagatggca catctttctc agaatacttg agtgaatgcc acgctaaggc 106080
ccagcaggac aacccgctat ttaagatcag aggagaggat atcctcaaag ttaacggcgt 106140
gccgtacacg ccagtggaca gtttcgccgc tcttcaggtg tttaaggaac acagagagcg 106200
ggagcaccgg aggatgattg aacgcttgac aggtagagag ccgttttcac atcctaggtg 106260
gaatgaggag acataatgag cagagttgaa aagctacaac atatctataa cctggttaag 106320
aaagctgacc aaaagaaact ctcagagctg agtgaagaag agtatcaagc agtcctcttc 106380
tgttgttcgg caatgccagc gaagctcgat ggagtactgg caaagtcaga catccacaac 106440
ggtaaggaaa caactttcca gccgccgtat aaatggctag cgtccaacat ccagcaaatg 106500
gtgggtaaag ttacgggatt ctcaaataga aagacgccta acatctttat tgacattact 106560
cctagaaccc ctgagtttac gaaggactgg agagacgcat tggattcatt tccgtcatgg 106620
aaagtctttt ataaacctga cgatgaaacg tatgcacatc ttccctttt gaagcaccca 106680
ggctacacag ttgaagaccc aagttctggg gttaatttca aagacttcaa gtgtactgac 106740
gagaacattg cttacggact catgagaaca tccgtgagga ttgcaatgga tcatgaacta 106800
gacaaacaag atctagcagt cattgcactt tgtaaggatc gttatattaa agttaagagg 106860

385

385/758

Фиг. 15FFF

sequence.txt

atcgcagaga aactttccgt actttcttgc tttgaaacaa tccgagattg tgaaccagag 106920
ggtgaatatc ctaaaggttc cctctactgg aaagatgtta aacatctagg actatcagaa 106980
gaagccgtat tcctaggctt agtagttacg ggaagattcc tgaggctaca ggagaaataa 107040
tttgtacttc gtctatattt tcgctaatga agatcagcgg cttatcccta ggcggaccaa 107100
ggtgggttac tcgcgtgacc cattttatcg tctaaattcg cttcaacttc acagactacc 107160
tcatcgtgga ttacaggata tcgttattca ttctgtctat ataatagatg acgccagcga 107220
gttctcagca aagttgctag agaaggccgc gcataaaaag tttaagccta tgcgagttaa 107280
tttcggtgac aagtttgatg ggcatacaga atggtttgat gttgaacctc acgttattga 107340
gaagttcttc ctgtcagttg gggcaaaaca agtacctatt gacaaactca tagcccaaga 107400
acaaaagatt cgtaaatcca cgaaaaagta gttgaaaaaa aataaaacgc atgttataat 107460
aatctcatag attacataca atttgaaaaa tttatgaagc taggcggatt atgaaccaga 107520
atcctggact cggggcgacc aagcctacga tgtcacagag actttctggt ctcacataat 107580
ccgcatgcct agcgcttcgt aatctcacat gaacgatgga gaacctataa ctataataaa 107640
actaaggaga aaatagggaa acgtgggaat gaactcacga ttactcacgt ttaaaagtag 107700
gtaatcctta cacaccatcg tttcgcggct ctagggttga actctagtca tctttctata 107760
cagggcggtt ctttctacac acctaagggg agggcggtta ttttccaacc ctaaaaatcc 107820
ataaccattt tctggaattg cacaaatttt cacaccgtct cacatatccc acgaagccct 107880
cacacatctc acgcaatccc tctagtacgc ccaagttcta agcgtcactc cacaaagtcc 107940
tcacgaagtc cccacacaaa cccacgtcat tcacccaagt tctaagcgtc aaacattatc 108000
ggatttgcac attgctccta gatattaaag aagccaagca tttctagatt tctagcaatt 108060
gtcggatttg cacatgacaa aacgattgtc ggaaatgcac attaactctg aatccaaaaa 108120
cacggtcgaa tttgcacata taaaaactac tatcggattt gcacatactc aaacgcttgt 108180
cggaaatgca cattattact gaagtacggt agctgtggat caaaatcttc gattctgcga 108240
atataaaata tctcctgaaa tttcaagcct ttttacacgg tgtgtcaccg tgagttcgct 108300
tgtttttttag agccacagga atttttttctg tgtcaacccc tttaccccca tttaactcat 108360
aatattttcc cttatctgcc ccctgccccc atcatccccg aattgcccca attaaccccc 108420
tttatccctc ccccaaaaat acccatcgga tttgcacata ctcacccaaa ctcgcgccca 108480
ccgctgcgct gcagcaaact gcgcgccttc cccctaaaaa ttattatcgg ttttgcacat 108540
attagtatcg gatttgcaca tgcccctagg gcggtaaaaa taaattttca tcggatttgc 108600
acatacccta gcagcctcac gtaatatttt gcttgacaca ttgtcggatt cgcacataag 108660
cgcaggaagg gccgggggtc ggaaatgcaa atacgaatga gagtgattcg catttgagaa 108720

386

386/758

Фиг. 15GGG

sequence.txt

gttgaatgcg aatgataatt attctcgttt gataagctga atacgaatga gaatgattcg 108780
cattccggaa aggaagtgag aaacactatc atttaagtta tcaccagagt tatacaaaat 108840
tgtaaattag cttgacgctt gagaaggtcg cagacgagtt atccacagac ttattaacag 108900
gttatcctac tggttattta tacagtagtt cccggcaaca ctttctgcta atgtcgattt 108960
taagcgccct aggaagcgtt ctaagcgatt taaatttcgt gggggtattt tagtaagggg 109020
tcacgcggtg gaggagggcg gcgacactct tacatatcgc cgtggaaaca ctcaggccaa 109080
aagtgattta caactgaaac tattagcagg gtaatgattg cgctaataac tatcatgccc 109140
aaaaacatta ggccgctcat tattggcagc tctgcaaaaa gactagggtc ataataataa 109200
ccatgatgac acgaaaaccc cactcaccgc cgccaccgtc accgcctttc ttctgaccgt 109260
cacgaataac gttcaattgg taagtattgt ggctacggct tttgggacta ccaccgcgta 109320
aagttcgcat taaaaagcct ccttattaaa caaggtatca tagagggcat agccgcaaaa 109380
agcgataaaa cccaaaacca tcatagaacc aactaaaccg agcgccaaca ttgaaaaagc 109440
catttttcga tctcctatat gggtgagtca taataataac ataactctag cgggaagcaa 109500
ctactatttt tagtagtaga caagcaaatc cgatttccct atagtttgat ctcccggcaa 109560
gcatagaaaa attttgcttg ctaaaaagcg gagaatcttg ctataataga ttctcagcca 109620
aacaaaggag taacagaaga tgttacagaa atttaccccc gttgcaaatt tgcctatggt 109680
tcgcggtggc gctcgcaacc tgttagatgg tagtaaatgc gcctctatcg gtcatatttt 109740
aggcgtttac cgctcgaata tggaaagtag aaccagccgc gcttttgaac atagccgcga 109800
ctacgttcta gccaaccccg gcgctgcgat tgttatttttt cacgacgatc aatatttagt 109860
tgacagccag cctattgatc tgatagtatc taccactacg gacgcttatt tgtataaggc 109920
atccgaaggt aagcaagcgt caagacgttt ttgctaccat gaaagcgaac tgctcgcttt 109980
caccgatgcc cgcgcatgga ttaaaaacct gtgcgatcat ctggaactac caccagcacg 110040
aatttctagc gaaatgatga tttttgtgct tgacaaagac ggaagcatcc tgctaccatg 110100
tgacccttac gatattgata tcgaagaagg ggcaaggact ggaaattatc gttatgatgg 110160
cgagctagaa gaagtcgccc cggctgttac tgaaaatgta gttaacccta ataattttga 110220
gactggagca ttacaaatga atactatcaa atctaccgct accgctatcg ttgccgctaa 110280
caaaaacgct gctgtaaacg ctgctaaact ggaagccggt tctatcgtcc tgaaaaaagt 110340
ttccggcatc gccgccagca aagcgccgtt tatggttcgc ggttatgttg acacggcggt 110400
aggtcgtgtg gtaattgcta acctgctgaa tttcgcggtt agccagtatg cgccgaacaa 110460
ccgcaaagcg gtgattgcgg ctgacgctgc aatgcaagcc gccatgttgg aactggtaca 110520
aagtttcaat gtaggcgaaa tgattgacga agtattgaaa ggcgtcaatc tttctagcct 110580
gattgaaagc gacgtagcag aataattata tctagcgcct ctataatggg gcgctataat 110640

387

387/758

Фиг. 15HHH

sequence.txt

aattaccctg ctaactaact ggagacaaaa aatggaacgg ctaaccgcta ctttcgaagg 110700
cgaaaagatg acgatcgcta atgtatggca gcgcctgcgc cagaatggcg atcgtggcaa 110760
ttttgctatt ttcatcgagc caaaaaactt ggataatctg gctcgccaga ttgaccgccg 110820
ggactgctac ccggatacag atgatatgct gggaatcccc ttgcggatta tcggggtata 110880
tggttacggc tttgatatct gtattggtga tagtagcttt gaaatcgact gcgaatccgg 110940
cgctaccgaa atcgaagtat tcctaattaa tttaggctcg ctaacgtttt tggatacgcc 111000
accagcggaa ccggaaccgg aaaagctgga ggtgaaaacg tccgttattg ttagttcgct 111060
aactatggat gagctggcgg atatcgtgtc aacgtatgac gaaattcacg ccgacgcgat 111120
taaagagcta aacaaccggc ttgatacttt ccgcgataag ctgtaaaatc cctcccggcg 111180
gctaaatctc tagccgcccc cattattgga gaaaaccatg tttcatgtga aatcttgcgt 111240
accgggcatt aattatacgg tagaagcgga agaaggttta tatttagagg gcgggcgaat 111300
tgagtctcag gaagtcgccg ccgtcctcaa atgtgacact aacgtttgcg gtacgtcctg 111360
gactgacctt catttttag gtcgtggaat tgacgtcgat tccctttcct gggaaaaggc 111420
ttgcgaacat gctgaaagta tgctaaacga ggatgattgg gatgatgacg acagcgacga 111480
aaaatacgcg aatgctgggg tagaagggtc gttttatatg tactggcccg gtcattcctg 111540
caacctcgtt aatggtggtt cgcccctcca ttccgttcta gagcgggcaa tctatttggg 111600
ctatatccag atagttgacg gaaaggcagt cattaatctg cgcgaattga aaacgtttat 111660
ctatatcccg gatgctgaaa ctatccttca tattgaggaa ggtttaaaat ccggttggaa 111720
ggttagcggg gtcgtatacc tatgatttac atctatgtca acaaatattt tctggcgcac 111780
tataaaacga tggaatctgt gatccagtac gttagccgcc agaatgcaag gcatattgat 111840
gaagtggcta ccctcaaaat cggattgcgg ggcgatgcta tcaatattag ctggcctttg 111900
ctaattctga tttgccgtga tcttgtagcg ggtaaacctg tttccgtttc cgcgctgggg 111960
gaatcttacc cgctttccga tgatctggat ctctatgatc tgctaaccaa atataaaact 112020
gaacgcctgt tttatcgtgg cgggtcggta tgctctagcg gcgaaacaat agaaacggta 112080
ttccgctaat agttagctaa ctaatgataa gcctgcttat aatgagcggg ctttttattt 112140
ttctgcgccc ctctagcaat ggcctttaat atggcctcta aatttaaagc gcttagaatg 112200
cgttatagag cgttctagag gcatattaga gtattaccgc tgccggaata tactgtataa 112260
atatacagta ggataacctg tggataagtc tggggatatc tcgttatacc gcttctcagc 112320
ttgtcaagtc aaaacgtgct gtggataact tgcccggaaa acaggagtgc agcataaaat 112380
aaacgcaagc attattttgc gttttcataa aaataatcgt ttgtctagtg gataactaat 112440
taaatttcat ttttgctttt tgtataagtt attaacaggg tctaaaacgc cctagaatcg 112500

388

388/758

Фиг. 15III

sequence.txt

attctaagcg gttttagata aaagccgatg aatcataccg ggtatgaggc gatctcctca 112560
cctcgtgtga aatagatttt gtcaacccct tttgaagaaa aatagtaaaa atattcgttg 112620
actttcttta aatattgtgt cacgtgcgcg cgcttcctat ctatcgtggg cctgttttct 112680
ctttacgctt ctttacaatt ctccgcttgc ggctaaacgc cattgtgtta ttatttatct 112740
cgtagggcgg caagacgaaa cggaaacacg aaagcgtttc actagtagtt aggtatctgg 112800
aggcggcaac attgccccga ctaccgcgaa aggaaaggcc gaaacgatat agtctgcccc 112860
cgccctacac tgctctttaa aaatttggga ttctataaaa agegttateg gctttcttta 112920
cttaataagg gaaccgaaaa catgttaaaa gaaaacgtaa tgagtagega gattgtaaac 112980
gagtttacag tagcagacgc cgaacatttt atagagactt atttaaatgt gtacgacgta 113040
gatttagcct tcattcataa agacggccaa ate 113073

389

389/758

Фиг. 16A

sequence.txt

<210> 2
<211> 31078
<212> ДНК
<213> Неизвестен

<220>
<223> Описание неизвестного организма: бактериофаг F394/08

<400> 2

aaacccggag caaggccaag cagcagccgc agaaagtacg ccagcagatc cggcggctaa 60

tgtttcacgt gaaacgaagc ccgaagattt aataaaaaac gacgtggccc cggctgaatt 120

aaccccggct ttttatgtgg tggctgaagg tcgcgcgatt acgtcaaaac gtggcatttt 180

ggccgctggt gaagcagtag aggcccgcga ctttgtaggc ggtgaagaaa cgctaaacag 240

ccttttagag cgtggtttag ttgaatgaat atccgagatt tagcggccca agatttcctt 300

aatatcgtga atgataaaaa tagcggtttt ggcgttcccg tggtgttaat tgccccggat 360

ggtaacgcgc agccgttaag cggattaacc acggatatat cgagctatat tgatccggaa 420

acgggcgttt tagttgcggg ccgtgttgca tcggtcacat tcgcaaacaa ggcaatccgt 480

gccgctggat tcgcagaaat gcccgtagcg gtggccgatt caaataaacg cccgtgggtg 540

gtgtgctttc gtgatcctga aggcatcccg tatttgttca aagtggttaa ggctatgccg 600

gatcgcgcga ttagtggcat agttttagaa ttggaagttt ataagcgttc tatttacttc 660

aatggggctt ataaatttga tgggacgacg ttatacgatg gagttttaga cttgttatga 720

atatagaagg ctttaaaaaa ctgcaaagcc cgattaacaa gctagatagt tttgaaatag 780

tccgcgacca gatcgcggct attttatttc ttgagcttga aaatcaaaaa gccattgctg 840

ggcgcgcgca gattgacccc gctagatttg atatgaaagt ttataaagag cgttctaatc 900

cgtgggatct attcgacgat ggcgaaaata agcccattat taacgtgtgg tttagtaata 960

gcgatttcga ttacaccaat agcagcacag tcgataagca gaaaaccacg gctattttta 1020

atattgattg catagcgacg gctataagcc aagaaacagc gaccgggcaa acgctgggcg 1080

atgaaatggc atctttagag gtgcagcgcg tggctaaagt gatccgaaat attttaatgt 1140

cagatacaaa tacatatttg caattgcgcg ggcttgtttg gtcgcgccgt gtgctgtcat 1200

taaacatatt tcagcccagc gcagaaaatg gaatgatgca aaatctatgc gcggcccggc 1260

ttgtacttca ggcgacgttt agcgagtttt cgccgcagta tgaaccccaa gagctagaga 1320

ttttgtccgt aactgtccat aattgcgatg gacaaatttt atttaacaag gagattgcta 1380

agaatggcaa ttagtaccgc tgttgatata agcgcggtgg cccgcgtttt aggtatcaaa 1440

acaaatttta aaaatttgcg ggatggtcgt gtggtgattt tgccgcagcg gatcgcctta 1500

390

390/758

Фиг. 16B

sequence.txt

attggtcaag gttccacggg gatggtgttt gcaacgtcaa aacgacaagt aacaagcgcc 1560
aatgaggtgg gttcgctata tggttatggt tcaccgcttc acttagcagc taaacaacta 1620
tttccgaata atggcgacgg agtggggacg atcccggtaa cggtttaccc gttaagtgat 1680
gcggacggat cgcaagcggc gaccggatca attgagcttc tagggacgca attagaatcc 1740
ggggcttata gagttgttgt gaacggtatc cgttcggaac aattttcaat tttgattaat 1800
gaggccgggc aaactgttct aaatcgagtt gcggcggcta ttaactccgt tttagatatg 1860
ccagtacgtg cgacggcaga ttcggaactt caaaaagtaa cgcttgtttc aaaatggaag 1920
ggtttaagcg ctaatgctat ttctgtccaa gttgatgggg atttagggca aggtatcgaa 1980
tttgcagtaa cgcagccagc gggcgggctt attaatccga gtgtttccgg tgcgctttcg 2040
cagtttggca acgtatggga aacaatggtt ttaaactgtc ttaatattca ggataccgaa 2100
gcattaagcg cttattctga ttttggggaa gggcgctggg gtgcgttggt gcgtaaaccg 2160
cttattgtat ttacggggaa tactgaagcc gacgtaaata gcgccgtttc agtcccggac 2220
gcgcgaaaac gtgatcggac aaatgttcaa cttgtggccc cggattctat cgatttgccg 2280
ttcgttgttg cgtcccgtca attggcccgt attgtaaaaa ttgcaaacga aaacccggct 2340
tgtgattacg gcagccaagt agccgacggc attaaccccg gcgaagatgg gaaacaatgg 2400
ctttataacg tgcgtgatat ggccgttaaa aaaggcagtt caactattga aattcgggac 2460
aatcaagtat ttatcgggga cgttgtaacc ttctatcatc ctgaaggtga agaaaatccg 2520
ccgtatcgtt acgtttgcga tattgtgaag ctgcaaaaca ttatttttaa cttaaatcta 2580
atttttgccg tgccggaatg ggacggagcg ccgttaattc caaacgatca gccgaccaca 2640
aacccacgcg ccaaaaagcc ttctatggcc gttgccgcta ttgccagcct tgtggatagc 2700
ttgggcctaa atgccattat tagcgatgcg gcatttacca agaaaaacac gtttgcacaa 2760
attaatgaac aaaatccgaa gcgtttagac gtttcgacga ctgtaaaact tagcggaaat 2820
acaaacattt taagtgtgga tcttaatttt ggtttctatt tcggtaattc ggtaattgtg 2880
gggtaaataa cttatgtcag ttggtggcag cattgagagc ttaactttag acggccgaac 2940
cttcagcgta gcagcggacg cggattcaac gcgcaattta ggcggcacgg ataacgaagt 3000
agaaatgaac ggggatggta cttatcgaat tgtaaaaacg cgcgtaccgt caaaactaga 3060
cggtatcacg gttgcaattg atgacgtgcg cggggatgca gaatacttgc aagagctaaa 3120
agatcgaaaa gagggctttc cctattcgat tacatacgcc agcggtgtga tttatcaagg 3180
tacggggaca atcgtaggag aaacgggaat ttctagccaa aacgcgaccg cttcgattac 3240
tatttcggga tcggctttaa ctaagcagta atttacagcg cggccataag attggccgcc 3300
ctttcttaat catttagggg gtttcacgtg gaacatatcg aaaatactga aaatcaaact 3360
ttgtggggct tgcctgttaa ggttgcgcgt gaagttgcgg aggctgaatt tatccgcttt 3420

391

391/758

Фиг. 16C

sequence.txt

tgtgatgcta tggacgtgga ttacaacacg gatcgaatga cggacgaaga tgcaaaagac 3480
tttaacgaaa gtaaagggct tttgcttgat gcgctgcaaa ttggcgtttt ggaaattgat 3540
agcgacggca tggccgttgt ttacccgaaa aaaggcgata ttaagcaaat taaatttaat 3600
gagctttgcg gggcggatta cgtggcaatg gacaataaaa aggatacgca aagtttcgct 3660
aaaatgttcg caatgatggg atctattacc aagttaccgc ccgcgacttt ctcaaaactt 3720
aaaaagtttg atgcaaaagt ttgtttgtcg attgctaaac tttttttggt ctagtcgata 3780
ccgttttaat cataaagggg ggcgaggttc gcctatcccc ttcgagagat tcggatggta 3840
tcgagcgcgg gaataatacg agatttcaag tttattcaac gatgcttatg cagatcctaa 3900
gagattataa cttgccgaat tttagaacct taacaagttc agaaattcgg ttttttatga 3960
cggattgcgg gccgagttga aagaaacaac aaaaccgagg aattaatgag ccgttacagc 4020
gtagaaacaa tatttagggc cgtggatcgc atgacggccc ccatatcccg gatgcaatcg 4080
ggaattagtc gatttactcg ccgggctgaa agcggactta ggcgcgtttc agatatgacg 4140
tggaatatat ccaaagtatc aggcgcagca gccgcggcca ttggtggcgc atttatggcg 4200
gccgctggtg gtattgccct ctttgtcgca gaaacaaacc gggccaattc agaaataaat 4260
gaaatgtcca aagctatggg ggtttccgcg ttatccgcaa gggccgcaga ttccttgctt 4320
acaccgcttg ggatgaattg ggaaaattac acggatctta ttgaagaatt gggaaataag 4380
atgggtgaat taaaaaacac gggggaaatg aaaacatttc aagaggctat tggacttact 4440
aatattaaaa tgaaggaatt aaaagcctta aagccggagc agcaatttac aagaattatg 4500
gattctttgg caaaaatgga ggatcagcaa aaagcccaat ttattgcaga tgaaatttтc 4560
gggggtgagg gtaataaatt cgtttcagcg ttaaaggcgc gcggcttgac tatgacgagc 4620
ttgattgaaa attataaaaa gtacaatttt tataatgagc aaggcgaaaa agcaacggcc 4680
gcttttaatg cagctttaac cccgctaacc acgacggcaa attcggcaaa atcgcagatc 4740
gcggccttaa ctggtggcgc gatggttcca tatattcaaa aggcgacgga atgggctgcg 4800
gcaaataagg aattaattaa tagcaaaatc gaagtattcg ccaaaggctt ggcggattcg 4860
cttgtttggg tggtggttaa tttttccgag attgtgacgt gggttaaacg tgtcgctatt 4920
ggtatcggca tattcttagc gcttacagcc gttttaaaaa ctttcgtttt gattatgacg 4980
gccgttaatt tagtaatgat gatgaacccg atagggctaa tcattatcgc cgtggtcgcg 5040
cttattgctg tcattgcgta tctgattaat aagtttttтg ggttgcaagg tgtcattgcc 5100
gcggctaatg gtgtgcttat ggggattggg gccgctattt tggtggcgat ggggccaata 5160
ggctggctaa ttggggccgc tgtcttgatt tggaaaaatt ggggcgtttt aagtggtttc 5220
tttagtggtt tatgggcggg tatcgtttca gtttttcagg gcgcgcaaaa tattattatg 5280

392

392/758

Фиг. 16D

sequence.txt

gggatcatta acgggattat gggcgcaatt gataacgtga ttaataaagc ggtttcgatg 5340
ggttcggctg ttaagggctt ttttagcttt ggcggcggtg gtggtgatca aaagcaagca 5400
gcagcagcgg gcggacgtgt ggcaagccca caagagcgaa ccgcaaaaag cgtaacggaa 5460
aataatagcc attcaacggt aacgatccaa gacaaaaccg gacgcgcgaa aatgtcaggt 5520
aaaccgggga atggggttcg attggttaaa acggggacta tgtaaacaat gagttgggaa 5580
gatcgtttaa aggaggcggc ttacaccgcc cccggaggta cacgggccac gttcttagtt 5640
gaggacgttt cccgtagttt tgataaaaaa acaaatggtt tcacgttccc ggatgcgtcc 5700
gggacttatg ttcaagattc aggcgtaagc gggtttaaat atccgctgac tatctatttt 5760
agtgggccgg attgcgatgt ggaggccgaa gcgtttgaag cgcttttgag agaaacggga 5820
atagggcgtt tagagcatcc gctttatggc gttattaacg tggttccgtt cggtacgatt 5880
acccgtaccg atgcaattaa aaccgaggca aaccaaacaa aaatagagct ggaattttgg 5940
gaaacaaacc ttttaattta cccattaccg caagccgacc aattaagcgc cgtatttgag 6000
gctatttccg acgttaaggc ggctttaagc ggtgatgtgc tagatagtat cgacgtaacc 6060
gacgcgagcg ccctagcgcg atttaaaaac aaaataacgg gggctttaag caaggtaaaa 6120
accgctttag ggaaaattaa gaatttagcg gacttgccgg ggcaattaat ggacaaggta 6180
aacggcttaa tttcgcccgg ccttgagttt atttccgatg ttaaagccca gcttggcgat 6240
gtggttaatt catttttga gcttgccacg ttgcccgaac aaattgtcga ttcattcaaa 6300
gagaaaatag cggtctataa ggatctcttt agcgaattaa cttcattcga gggcatattc 6360
cccagcaatg aagaatacga ggcagcttgt accggggtaa cggtgacttt atccggctta 6420
gtagtggatt tggttgaatc tgaatttaat acacaaagcg aagcattgga ggcggccgag 6480
gatctattag ccatttttga tgatgtaacg ggatggattg aagaaaaggc gcaaggcttg 6540
ggccgtaccg attcaaacgc ggtttatcag cgcttacata gcgccgtgat gaccgcggcc 6600
agctatttgg ttcagcaatc ttttacctta aaaaaagagc gtaaattggt tttaaaccgt 6660
agccgtacaa ttattgattt atgcgcggag ttatacgggg aagtcgatag cgctttagat 6720
ttctttatta cgtcgaatga tttaagcggg gctgaaatat tggaaattcc gaaagggcgc 6780
gaggtttttt attatgtctg acgtttctat gatgatccac gggacgcgct ttcatttttg 6840
gagtggtgta aggatctctt taaatattga cgcggtggca acgattagtt ttaacgcccc 6900
gtttgaccat gaggcccccg gatttaagcg caatttcgcg ccgtttggat tttccccggt 6960
tgctatcgac gtggacgatc agcgcttatt taccggaacc atgttggacg tttccccggt 7020
gattagtgaa gatggtaaaa aagagatttc cgtaaatgct tatgcaaaat gcggagtgct 7080
tcaggattgc accgccccgc ctgaatccat gccattagag ttcaataaat taaacctgtt 7140
ggatattgct agaaaaatgg cctcttattt tggggtgggt gtggtattta atgcagatcc 7200

393

393/758

Фиг. 16E

sequence.txt

```
gggaccggct tttgatcgcg tggcgtgtga cccggataag aaagttttag aatttttagc     7260
ggatctcgca aaacaacgcg gctttgtgat cggtagcgat gaaaacggca atttactttt     7320
ttctaaaagt tcaatcggcg gcattgttgc taagttggag caaggcgtat ccccgctttt     7380
aagtgtatcc cctacttta acccgcagga atattattcg catattacgg ggctatcccc     7440
tgtcgaagtg gcaaagcccg cggccaaaag cacggccaaa gtaaaaaagg acgctgcaac     7500
gcctgaaaaa gcagggcagg ggagcgaaaa ggcgaccgat aaggcgggcc aagccgaaat     7560
taaaaaggaa ccaaaaaaag aggaaaaaac caaaaaggaa aagcaaaaac caaagcccac     7620
gacttataaa aagtttacag ctatcgacga ggcccccgta tatcggccat tggtttttaa     7680
aattgatgat gcagaaggcg cgaccgatgt agaaacggcc acaaaagcaa aaatggcccg     7740
aatgcttggc aatatgtgta cttatgcaat tacggtttcg acgtggttcg atgcgtccgg     7800
ggatttatgg cggcccaata ctaaaattaa actcaaggcc ccggattcaa tgatttatga     7860
ttttttcgag tttgatatta aaagcgtgga attgtcggcc gatgaaaaca gccaacaagc     7920
aaatttaact ttatgtttac cgggttcgtt tacgggcgaa cccccggaga ttttcccgtg     7980
ggaattgtag cgactgtatt aagtaatgat ggtaaggatt taaaagtaga tcggggcaac     8040
ggggacaacg taacggccca gcagttcggc ccgtccggtg atgatgctcc cccgcttaaa     8100
aatgattatt cggttttagg atcggccaaa ggttcaggca atgccagcgc cgtggcctat     8160
cgtgaccaaa aggccgaaaa ctacatagcc aaagcagggg aaaaacggat ttattcgcgg     8220
gatgaatcgg gggcggtaaa agctgaagtt tatttaaaag cggacggaac cgcggagatt     8280
aaaaacgcca gcgggctttt tgttatggag ccgggcggtg atgtggtaat aaatggggtt     8340
agaattacta aagccggagt tattcaaacg ccgggcgggg cttcaatgag ttctgatttc     8400
acaaacgcgg gcggaataac tttgggcgac catgcggccg atacaagttt acataagcca     8460
taaggggaa tagtttttaa tgtcttttt tgatgtgcat ttatttgatt cagtcgatgg     8520
cggcaatgta acggatgatt tagaaacgcg ggacggccta gaaacggctg tttatctaag     8580
tctttttggc ggtaatgcct tagatgatgg aaggccccaa aacctttcga cgtggtgggg     8640
gaatattggg gagaatgaag cggcaaagca atataaaagc gaagccgctt ttttgcttcg     8700
cacggttccg ccgaatacag ccaatttaaa gcgaatcgaa gcggctgcat cgcgggatct     8760
tgcttggttg attcctgaat atgtgaataa gattcaagtt aaggcgttta tgcctaaatt     8820
gaatgcggtt aatttaacgg tttctttgga tggtttagat ccgttgcaat tccgtacaaa     8880
ttggggcgaa aaggttaaag agcctgttta tagactattg ccgcctaaag tttccegaaa     8940
taatggggtt aatttagaag gcacagcaga aacaaaaact aaactaattc ttatccgtgc     9000
cgatggatca agattaagta cgctggttga tggttcaggg aattggaaat ttgattttta     9060
```

394

394/758

Фиг. 16F

sequence.txt

```
ccctttatat ggtggtgaac gtgcccggat gtatgttgag ggtgtagggg gtaaaatatc     9120
cgctattgtt acagttatcg gggttttacc gcttcgctat gatgggatgg caatttatga     9180
cggtacgcac aaatataacg gagttagatt aaattaatga gtacgccaac gactaaagaa     9240
atatcgaacc gtattttatc caagttagaa acgacattcg ggcaaagttt gcctaagtct     9300
tttacacgtg ttttatccac ggttttgggg ggtgtgtttg taattttata taaatacggt     9360
ggttttattg ctttgcaaat gtttgtttca acggccagcg ctaaagatac ggactttaac     9420
ggcaaaacaa ttaacccatt acgcgaatgg ggccgcctca ttggggcggg tgatcctaat     9480
ccagccgtta atgccattat tttaacgcgg attgtagtag aaaagccggg cgagatattg     9540
cccgcaggga cgcagctagt aaacagcggc aacggtgtta catacattac ccaagaagat     9600
attgagctag tcgaaggggc gcaagatatt gaagttttag cggcttcgga tacttcggga     9660
aattcaggcg caggcaaagc gggcaattta aatgcggggg atgttttgac ttttgcgaac     9720
ccgcttggat cggttggccg ttattcgact gtggtaacta caattcggga aggcctggac     9780
gctgaagcta tcgaaacata tcgcgcccgt gttgtttcac gtttccaatt gcgcgctcaa     9840
ggcggggcaa tggtggatta taagatttgg ggcgaatctg tttccggggt tagtcgaatt     9900
tatccttata cgtccgattt gccgggccaa gtggatattt atgtagatgt tttggagggc     9960
gtagcaagtc aagcgatttt aaatcaggtt aaaaacgccg tcgaatttga tgcaaataac    10020
gggcttgcac aaaaccgccc tttaaatgcg ctggtaaatt atttaccgat ggagtttgta    10080
gaatttaacg taacgattag cggtttaagt gttgagggcg cgctatctgt tagggctgaa    10140
attagagcag ctttagaaca ttattttaat atccgtgcgc cgtatattgt gggcctttct    10200
actgattcgc gcgcggaccg aatcacattg gcggccgcgt ccggtgttgt ggacgatgtt    10260
gttaataaag ctgggggcat ttttaacgat atgcagttat ttaaggggca aacgccaatt    10320
tctttttata tgttggggat tggtgaaaag gcgactttgg taaacgtcga gtatctataa    10380
tatgaatatg tttaagcact tgttacccag cggccgcgct tggaacctaa ccgcggaaaa    10440
gccactaaag gctttttttcc gttgcttgga tgttttgaga acggacgcag taaattattt    10500
taatttgctt tttttagata taaacccaaa aacaacgcgc ttacttgatc aatgggagca    10560
gcaattcggc attaaccgag gatttttaac cgaggcccag cgccgggaac gtgtcgcggc    10620
cgcttggcgt gatgtgggcg gacaatcccc ggcctacatt caagaagttt taagaaataa    10680
tggctttgat gtttatattc acgaatggtt cgatccggca gatcgcgggg aagtaggtga    10740
aaaacagcct ataacgccac gtaacccgct gtcgattatg tcggcccaat atgccgaggt    10800
tttgcccgtt gtggattgtg gcgaaccgct ggcgctatgt ggtgaagaat ttgcacatgc    10860
cggaaattat ttgggccttg ttgggtatcc gcttgttaat aagttcgttt atgacgcgga    10920
taaatacggc tacactgtcc ccgttgatcc ggcttattgg tatcactttt tttatgtttg    10980
```

395

395/758

Фиг. 16G

sequence.txt

```
tggccctaat tttggcgatg tggcccaagt tgaagcaacg cgacgcgctg aatttgaagc   11040
gctaattttg agaattaaac ccgcgcactt atgggcgggc gttattgtga gatacgttta   11100
atatgtcttt agtgtttaat gagaaatttc ccggaaaaac ggcaggggct acacaaaatt   11160
acccgtatgg cgaagcgcgt aacgtatcag gccccggaaa tggtgacggt acgccgtggg   11220
atgcggccct agtgaatgat atttttggat tacttcaagg gcttttagtt cgtgccaata   11280
ttcagccgaa cggccagtcg gacacggctt taaactcgca atatttacaa gccttgcttg   11340
ccctgtttat gccgaaacaa acgccaattt ccggaaagtt agagcaaaac ggatatttaa   11400
ctatcccttt ccctgttgta ataaacggcc aaacggtaga gcgtgaattt acaattcaat   11460
ggggttctaa ggattggtct agttatccgg gtgaaattca agattctatt gtttttgaaa   11520
agccttttaa aacagcctgt tttggtgttt ttccaatccg aaaaatgtcg cagcattccg   11580
cttatggtga tggtggtgtt aagcctattt ctgtttctaa aaccgggttt acagtttctt   11640
tgcaagccta cgggggttct gtgggccact tgttgggtta ttattggttc gctgttggtg   11700
tttaagttag ttctgatttt atggggtaaa tgatgaatct atttatacaa ggcatttatt   11760
tactatggaa ccaatttcaa cgggtggcac agccgctttt ttaaaggttt atggggtgtg   11820
gttggcggtt gttaccgctt tggtgtttgt tgctactgtc gttttaatga tgcgtttacc   11880
acgtagccca caagagttcc ttgtgggcat tattacgact gtcgtttcaa gtctaatggg   11940
cggatctttt ttaattcttt attttgattt acagatttgg gccaattcag cttatggcct   12000
tatggtaatt ggtgggcttt actttgtggc gggtattccc ggctgggctt tggttcgctg   12060
ggtgtttaat tttattgatg cgcgggaagg ttccacacta ttggacattt tccgcgaatt   12120
taatgaagaa tttagaggcg ggaaaaaatg agtaaaatta ttgcgatttg cgcggggcat   12180
agtgataaag atccgggcgc ggtaaatggt aaacgtaccg aggcggccat tgttttagat   12240
atgcgtaaga tggttgccag ttatttggaa aaagcgggcg tgaaatattt aacagacggc   12300
aaaggcgggg ttaatcagcc attggccgaa gctatcaaag tggcaaaaca agccagtatt   12360
gctgttgaat ttcactgtaa tgccgctaca tcgaaaaaag cgaccggggt ggaggtttta   12420
tccgctgaaa aaaataaggc cctagcgaag caaatagcgg ccaaaattaa cggggtttta   12480
aatattccgt tacgtgggga aagtggttgg aagtctgaag gatcagggca gcatagccgc   12540
ttaggtttta ttagttccgg gggcggttta attgttgaat tgttctttat ttccaatgat   12600
gacgatttag cgaaatggga cgcgaaaaaa tggcttgttg ccaaagaagt ggcggccgta   12660
ttgattgaac aagtaaaaaa ggcggaggcg gcataaatgg cagcattaac gatatttaac   12720
gcgatttcag aagttacaag ttttgcaggg gtggcccgtg agattttcga cacagcagcc   12780
aatgcaatgg acgcggccca aaatgagaaa aaaggcggag gaaataaaaa agtttgggta   12840
```

396

396/758

Фиг. 16H

sequence.txt

atggcttaca tggaatcatt tattaatgat ttgggcgaaa attgggaacg atgggccaaa 12900
gctatttttt cttttattga ttttgccaag tcgattttta atagtaagcg ctaataaaaa 12960
agccccgtat taattcgggg ctttttatg gttccacgtg gaacggttta gcttttcttt 13020
ttgcttgccg ggtttcttaa taaacgatct tttttgatct cgcttacaat cccgtcgatt 13080
aaaaattcca tgcttgttcc tttggttggt gggttggttc agatgattta attcgagttc 13140
ttagggccgc ttttacaatc ttatccgcca tgcgccctat ttgcgccttg tggcagttat 13200
tacacgcgca tccggcctta tatccccgaa cggttccgca gcctttaacg ggcttatatg 13260
cgtcccctgt cgtttcttca ataaaatcta tggttgattt gtccgccgtg tttcgcatcc 13320
tttaccccta agccgcagcg ggagcaacgg ccatttttaa ataaggtgaa tgtttggcaa 13380
ataaaacaaa agttagtcat ttttgccgtt tgccttagcg attcgcatta cattaagggc 13440
cttttgcttt agatccgcgt atagctcatt agtaaggtaa ctttgtgcta catcgtgaaa 13500
agtagataaa aaatgcgtgt cttgttttac cttgctttgt ttaagttccg cttggtttac 13560
ctgaattaag ccaatagctt tgtttgcctt tttgattaag ttattcacgt cgcttaattg 13620
cgcgtttatt ttggcctctt tttcgccttt tatgtgtgct ggggccttat ccatcaaaag 13680
ggcttcacgt tggccgttta ggtgggtttt taggcccgtt aattcctcta ttgagaattg 13740
ccccgccact tgcaaagtgg ttaatgctga aaattcaatg attgcggttt taagttctgt 13800
tttagtcatg ggtagcactt catttaaaaa gtattaagcc cagcagcagc cgggcaatgg 13860
tgggttagat ttcggttaag ccgtgttttt tcattttctt aataacggtt aatcggttaa 13920
tgcctaatat tcgggatact tcggcaatat tatattttga atatttaagc gctttttcca 13980
aaacgcactt ttcaatagga tctaatgcag ccgctagagc ttggccggaa ttttcataaa 14040
aaaaattcgc gtccaaagca tccgggttaa ataaattagt ggtttcgctc attcggatat 14100
tccttaaatt gcgcgttata ttcagcgaca aattccgctt gtttgtcgat ttcatcggct 14160
tgtttgataa tgaacatata agacaaagcc gcaagcataa aacagaaaaa caacgtgctt 14220
aaaatctctt ttatttttgc gccgtggttc gctgtttctt gtgaaaaatt gcttaattgt 14280
tgacgctgaa taactggctg tttcataata atcggactcc atgaaattag aaaaaagccc 14340
cgtagccgtc caaagttccg gggctttttg ctgtctatgt gttgcataat atacaatata 14400
aataaaaagt aaatagagaa attatagata ataaataaaa taaataaaat agataaaaag 14460
tattagtttt aattgtggca tgaatatttg ataagtgtta aaatttgttc taagcaatca 14520
tgctgaaaat aaaaaacccg ccggacgggg cgggttttag tttgtcttga gggtataaga 14580
cgtgaaaaag tttaacacga aatttaagca aaatcttgat gatgcaaata acaacgcatt 14640
tattccgaac agctttcaaa ttacaaatgc tttcgttgat aacatcatgg ataaaatttc 14700
ggatgcagca gtaaagatct atttaattac agtgcgtaaa acaacgggct ggggtaagca 14760

397

397/758

Фиг. 16I

sequence.txt

```
gatagattcg atttctttaa gccaatatga agcgtatagc ggcaagtcgc gccctactgt   14820
tgttaagtgt ttaaaagagt tggttaaggt gggtttattg gtagagcata ccgggacacg   14880
gtacggtaat tcgtattcgg tggcgcttgt aaatagcatc ggtttcgagc ttttatctgc   14940
tagtaaaaaa attttactag taaaaagttt taactacact agtaaaaaat ctttactgcc   15000
actagttaaa atttttaaca cacaaaaaca actatcaaaa aacactaatc aaaaacaaat   15060
aaataagcgc gattggtttt ctttaaaaac tttaaaagat gaattgttta aaaccgggtt   15120
gcaaattgag gctgaagatc taacagcggc taaatggttc gatagagaga aaacagcctt   15180
tgaaaactat gcacctaatc aaaacctttc agatccgcaa aaaatgtatt acttcgttga   15240
ttggctttta aaagcaaagc gcaagtacga cgcagcagag cgccagcaag cagctaaggc   15300
aaaagcggaa ggcaaaaacc aaaatcaaaa ccctgaagat acaaaaacag aaaacgaccc   15360
ttttaaactt tctactaaac aaatttcatt ctttgctagt cagttagccc atttaccatc   15420
atttgcaaaa tattgcactg gtaacaaagg ctttaaagaa tttgaaatgt ggattgcttc   15480
aatgttgaac aatcctgaaa atgttaaaaa gtggaataaa tatttaaatg aattgggtta   15540
tttgatcggg taatcagggg gattaaaaac aatgaagatt tcaaactttc attttcaaat   15600
gcaaatttta cttttgattt ctaaaaacac ggttttagat tttgagggat taaaagagaa   15660
gttagcgccg tcgattacag acaacgcatt aacggaatgt ttagaagaat tattgatgtg   15720
gggatgggta caagtacaaa agggccttta catggtttca ggcgttgctt atcagatcat   15780
gggggatatt tgccaatgct gatagacaaa tatttctatt aatcggcttc gatacggatg   15840
caatggaaaa atacaagtat tcagaatcaa acgccgtatt aagcccgcat ttaaattgcg   15900
gcctaacttc agttagtcgc gttggatctt caggccaagc aaagcataaa ccgcataagc   15960
gaagtgaaat agcagatcag gcagaaaaag agatttgcaa gaattgggcg ttaagacaac   16020
aagcattttt aaataacagc gtaagcaacg cggtactagg gggctaatat gaacaagttt   16080
attcacattg agggcaaacc aacggcccag caagtacgcg aagcgctggc aatgtatgca   16140
aaagacatta aacgcccgga attttcttta attgttcagc gtgagcttat cgaatcattc   16200
cgcaacgata cggcccacgc ccttaaatcc gcagttgcct tttattttaa aaatcgtgtg   16260
atccaacgcc ccggccttgt gttggcaagt ggtaaagatc aagcgcttat tgttgagagt   16320
tgcgaaaata aggcattaaa gcgccacttg gtcgcggtgt cggggtattc atcgcaattt   16380
ctgcaaatgg tgatagatca taaaacgcca ctttcagccg ttgccgcgcg ggatctaaag   16440
caggcattac caaaagcgga aaaactctat aaggccgaat gcaaggaaaa agatgcaaaa   16500
ttaaaaaaga atatttgcgg ttttgtcgct tgctatagaa atggctgtca ttgcacaaaa   16560
tgcaccacgg catataagaa atatcgctaa aagcaagcct atcttttaaa gagaaaaagc   16620
```

398

398/758

Фиг. 16J

sequence.txt

gcagttcgcg ccgtggccgc ttagtgtttc acgtggaacc aaacaacgcc ccggattaaa 16680
cgtccgggga tctaaaaaag agtaaggaaa aggaataaaa atgggtgttt cgattattaa 16740
tttagtttta ttggttggtg tttgcttatt gctaacaaat atcgccttaa attgtttgtt 16800
tcataccgaa aataaaacat atctagtcta tgcgtgtggt tttagtgcgg cttcggtggc 16860
gggtgccatt gctggcgtta ttggttgttt ggcttatggg gtaacagtgt aatgaaaaat 16920
aaatcaattc ttatgggcct attcgttgcg gccgctggtg tggtgtttta tatgggggcg 16980
gatagtgctt gcaatcaaaa ggctgttata gatccgggcg cgcttatgtc gcttggtggt 17040
atcactgttg aaaataaaaa agcctcattg gttcgcgtat gtgatacgcc agtaaaagaa 17100
aaccttgtga gctttgtttt gattaaagac ggcttgcgcg tgggtggtgt ggtcgataaa 17160
agccatgttg cgctcatagg tgaataaatg agtttaggaa aacgccccgc aggtgcgacg 17220
catatagaga gcgacggcac atattggaaa aatgaggacg cggattggta tttttggcgt 17280
gacttgtggg gctggtgtca atatgtcggg ccaaagaata gaaatttttt aaataagttt 17340
tcggtgttgg ggtgatggat ttatatattg gtcagattgt cgggcatagt tcgcccactt 17400
gggttgttca gggaaaattg aagataacca aaattaacga gggtaagcga agcggtttaa 17460
agattattac ggctacagat gaatcgggta aggaatttac cgcagtttat ggcgtgtttt 17520
ttagtgttga tagatattaa ttaaaatttt ggggtaatac gtgagaaacg aaaactttga 17580
agattattta aaacaaacgg atgattacgc cgtattactg aataattacg gatctagtct 17640
atttatccat gaaaatggcg tttatcgcgc tttgcctgtc cgggtggctt atgccgcttg 17700
ggtatcgggc ggggatcgct ggggagaggt gcagcacttg aaaggcaaaa ttaagaaaat 17760
ggccgaacgt gcagcagaaa cagcggattt ttaccatacc aaaatagaaa aattggaaag 17820
tagcacggtt aaaaaggcgg gtttattgga tatggccgaa caatgggacg gtttagagtt 17880
gcgcggacgt gatttggaat taaaccgggt gcaagaatca atttataagc gttgtgctta 17940
tttgttgcgg gtggctgtta atgggtaatc ggtggacgtt aagcggaaag gtaaaagggt 18000
taaaagattt gcccgaaagt ataaccgcgg cacaattcag ggaaatgata gaacgggggc 18060
aagtcaaaaa cacgccacaa gccccaaaaa agcgccgtag cggaaaagta agtagtccgg 18120
gggaggctac attagcccaa gccttaaaag cgcttaaaat cgaatttgtg caagagtatc 18180
gcttttgtga atatcgcaaa tggcgcgcag atttccatat accggggaca aacctttaa 18240
ttgaggtaga agggggcgta agatccggcg gccgccacgt gcgaccacaa ggctatataa 18300
acgacacgga aaaatataat gaggcggcta agttgggctt tgttgtattg cgctttgata 18360
cggaaacggt ttcacgtgga accgcaataa acgaaataga aagttattta gaaaggcgcg 18420
gatatttcca aaataagggg cttacttgtg aagaaagtta aaaagtttaa atacgattgg 18480
cgcgccgtgc cggatcatat taattggctt gcaacgtatg aaggcgggga aatggcctgg 18540

399

399/758

Фиг. 16K

sequence.txt

```
gggtatgtga ataaaccata tagaaaagaa aacgcgggga tatggtacga aacgggcgga   18600
gagtggcggc atcgtgtacc tgttgcccca tatcgcggcc attggacgca atcattagaa   18660
aaacgaccta gcaaggccca gctagtcgag tgggttttaa atggggctgt agtggtttaa   18720
tattcacgaa ccctcataga gtgttttata acattctgtt ttacaagcct cattgcctat   18780
agtgaggctt ttttttgctt tgcggtttga ttggattttt aattgttctg tgaattttgg   18840
gctaatatta gaaaaccgca taggcggcaa cgattgataa attagagagt aaataatggc   18900
tgaaaatagt tttattcaac caattgcaag aaaggacgcg attgccctta ttggccgtga   18960
tgagcttgtg gaaggtgggc cggaaggggc agcgaataaa caagcaattg cacttgcaaa   19020
taatattaag tatttaatgg gcttaattcc tgaaaattgg ggggtggaaa aaaccgaata   19080
tggtttagat gaagttgtaa ggctttcaaa tggtgacgtt gttaaatctg ttattgatga   19140
aaatatcaat aatccgaacg agaatttgtc gggttggtct tttgttacaa gtaattcagt   19200
aaatactatt tctgatttat taagtattaa aaatccgaaa aatggaatga aagtttatgt   19260
tcttggatac cataaaccgg ataattttgc tcttttaagc ccgtatgaag ggggcgggct   19320
tttcatatat agcgggaata aggcagcgga aaatgatggc ggcgtggttt taaatggctg   19380
gattcgtcaa tatgttggcg atgtggatat ttcttggttc ggagcaaaac aaggtcaaga   19440
cgcttcgccg tttattgaag cagctttaaa agtgaaaatg tcaattgtga ttcgtggaga   19500
atacaagtta gaaacaattt gcggcatacc aagacaaaat aactatgcgg caaaagttat   19560
tagaattaag ggggaaaatc aggcttcgct tactgtaaat tgcccggatg gtgctgtttt   19620
tacttcgtta gatgcaaaag caaaccctac aagtttatcc aatattttta ccgcaaaaat   19680
tgacgtattc gggattaact ttgtaggtac aacggttgca aattctgttc tgtttaatgg   19740
tgatcgttta tacaatatta atattcatca caataatttc aaaacaaata ttacaattgt   19800
taaagcgtat ttaaagcgcg aggcatcaag acaatatacg caaagcgttt ctattaatca   19860
taatcactta gcggaaattc accgggttat tgagtcggac aagtcttata acttcgattt   19920
tgcatacaat atgtgtgaag cgtgtaaagg tggcatgtat atcggtgttg atgcgcctta   19980
tgatccttca ggtatttcta taacaattca tcgaaattta tgggaagcca gcggggtttt   20040
attaaaaaca aatggcggga ttattgctgg tagtgtttca aaaaactatt ttgaagctaa   20100
cgtatatcaa gatgcagcaa ttgataaatg cttaatatat atcaaccgaa gcggaacggg   20160
ggcgggttat tccggtggtt taacttttga aaataattta ttttcaggga cttcgtcgat   20220
tccggattat gttgatgtgc gcgttttggg tcaaagtaca gaaacatcgg gaaattcaaa   20280
atctgctact acgcgaccgc ctgtatttat tggtaactgg tcaaatagtt acatgctaac   20340
aaatatggcc caagctattt tgatcggtaa taagtgttct aaccgcgaaa aaatgctgaa   20400
```

400

400/758

Фиг. 16L

sequence.txt

```
tgcttacagc ccgcaagaag cgcgcgttac ttactattcc ggctatttta ctaagcaatt   20460
ggctaatatt ttaaccgata aaaagttaaa tttattaaag gtgaatactt cagcagttca   20520
tgctattggt tcctctcaag ctaactttaa aactacatta gacgttattg tattctttaa   20580
aacatccggc gcagttggaa cagcaatggc gacttttaaa ttagatttat ttgtttacga   20640
atcagtcgga cttggcgctg gcaatgttcc aaaagcaaac ttaaaagccg tgatgtataa   20700
ttttatgcaa tccaccgcag acgacaaaat tacaccaacg gttaatatgt tttcggctat   20760
ttctgatccg ttaattaatg ttgttgataa ctcagacgga acgtatagca ttgagctttc   20820
gagttttact aataaatcat cgccaaactg ggggtttgtt tctgaattgc atattgaata   20880
cacggcccaa gcgacgctta tagcttcgca tacatccagt tattcagcgg ctaacttatt   20940
aaccatttca taaacttaat taatagctaa ctaaggggga gcgccaattt tgtttttaag   21000
attggcgctt tttttattgg ggttttatgt ttgatataga tacaaagcaa ttgcacggcc   21060
tggagaggcg tttagagcga ttaaaccgcc gtggcttgcc ttatgccact aggcaaacaa   21120
tgaacgatct agcgtttgaa tctcgcgccg tggcccgtgc cgagttacca acgcgcatgg   21180
ttttaagaaa taaacacgcg attaatagca ttcaagtaac taaagcaaca tcgctaaaca   21240
tttcccagca agccgcgcat gttggatcta cagccgacta tatggcaacg caagaaacgg   21300
gaggcattaa aaccaaacaa ggcggggccg ccgtgtctat tccgaccacg acggcagcag   21360
ggcagggcag aaacgcaaag ccccgaaccc gtttaccacg tgcagcgctc aaaatgggcg   21420
ctattcacct aaagcgtata gcggcaagcc gtaacgctaa gaatcgtaaa caacgcaatg   21480
ccattgctat ggctacatcg gataaatatg tatttctcga tttgggccgc cgtaaaggta   21540
tttttagaaa ggacaagggg ggaggggtaa caatgttgca tgatcttaca cgcgcatcgg   21600
tgcagatccc taagaatgaa tggctgaagc ccgcgaccga ggcagccgaa cggaagttac   21660
cgggattcta tggccgtgct ttagagttcc aattaaggcg cttttaatta accaaaaact   21720
taacttcggg cggttcgggc gggtagccgc ccgcggttaa gttaaagaat ttttcgcaca   21780
aaaagccacg gttcgcgccg tggtttttat ttgtctttat cattcacgtg atgaatggat   21840
ttatttttaa aatcaatagt ctgaaataaa aaaaggtact gtgccgaccc cccacccccc   21900
tgccgttttg attgcgacgc gcgggccgcg cacaaattca gaatttttaa cttgtcttaa   21960
cttcgggcgg gttaaatgtt aaatttcgca tcatggttaa aaagttaatt tctcgcagcg   22020
attttgctgc taaggcgggg gttagcgggg cggcaatcag taaggcatgt aaagggccgt   22080
tattagatgc tgttgagggt aaattcatcg acttaaacca taagtcggct atcgcttact   22140
tagaatcaaa gaaaaacggc aagacaacgc cagcacttga ggggattgat tcgctatatg   22200
aggaagcatt agaagtttgc agagaagcgg gccgatgctc gcaaacattg ttgcgtgaca   22260
aattaatgat aggcagcgac cgggctagaa agttggtcgc tttaattcaa aacgcaaata   22320
```

401

401/758

Фиг. 16M

sequence.txt

```
tccaagattt tgaaaaacca gcagccgaaa aggtaaaaag agaggagaaa gcgcgcccgc   22380
atacccgcgg gacggctgca aaaaaacagc aagcaattca agaggacgac gaagaattat   22440
ttgagctgtt agatcggaac gtagcgcaat atgcagatat gacgctaagg gacattgtta   22500
ggaaattcgg gacggcaacg cgatttgcgg aatatcttag agcaatgaaa gaaatatcaa   22560
tgattgaaga tcgggaaatt aaaatagccc aaacaaaggg cgagctagtc catagggatc   22620
tagttagtca attgatcatt gagccgatag attcggccca tgtaaaactt atgcgggacg   22680
gatctaaaac aatagccgtg cgaatggcag caatgcacgg cagcggggcg gacattaacg   22740
aaatgcagtt agtcacatca gaattaattg caagtttcat taaacccgta aaagccaaag   22800
taaataaaat cgcaacggaa ttaaaacgag gggctgaagc gtgaatatga attttatagg   22860
tatggattgg ctttgcgata aagtcgagaa tctaaccgag tatattaagc acgtaacgcc   22920
cagccaattt aatgaagaaa atagatattt gcccgaatct gtgaccagta ttccgggctt   22980
tatccgttac gacgtaaacc cgtttatgcg tgaaattgtc gattgctttg atattaattc   23040
acctgtccgg gaagtgaatt taaaaaaggg cgtacaaatt acatattcca cggttttaga   23100
atccggggct ttgtactata tgggccacgt taaaaccttg cccattatgt atatgacggc   23160
cgacaaggaa ttagcaaagg cccgtattga aaacaacttt atcccaatgc tggcacagtc   23220
ggacatggcc cacattgtcc gatcaagcga cgaaggtaac agcagaaaaa cgggtaaaac   23280
cgataatcat atccaatttg agggcggcgg ctatttggtt ccattcgggg ccattaatgc   23340
aaataaaatg cgttcgtttt ctattgctgt catgctcaag gatgagattg acgcgtggcc   23400
ggatcgcgtc ggaaaagatg gcgacccgga taagttgagt gatgaccgtt gtagcgccta   23460
ttgggaacgt cgaaagattt tccgaggttc cacgccctta atcaaaggat cttcaaaaat   23520
tgaaaaagca tacttgcgcg gggatcaaag aaaatatcac gtactttgta aaaaatgcag   23580
tttcccgcag gaattgcgat ggagtacgcc ggacggtgta ggcggtttta aatgggacac   23640
ggacgaggac ggaattttaa aacttgattc ggtgcgctac tgttgccagc aatgcgggga   23700
gccacatttc gagcatgaca aagagcgcct atttagtgag aaattcgggg caaaatggat   23760
accaacggcc cgccctgttg agccggggat tcgttcctat catttacccg cgttatattc   23820
gccgtttggg atgcaaccgt ggtacaagtg cgtgattgct tatttagacg cattcgaccc   23880
ggtagagcgc aaagtaaaag acatagagct ttaccaagta ttttataaca acgtattggc   23940
ggaaccgttc gagattcaag gtgctaaggt tcgctttgaa acggtttcgc atcatcgccg   24000
cacagtgtac cgattgggcc atattccgaa ccgttacgcg gttcaatatg ctggatcgcc   24060
tatcctattt ctaacctgtc aagtggacgt acataaatca ttcttagccg tttccgtgat   24120
gggttgggcc aaagatgcta aatgttttgt tattgattat ttgcggatcg agggcgagga   24180
```

402

402/758

Фиг. 16N

sequence.txt

ctttccgat agcgcggaac cgggttgggg taaattgcgc gagctaatcg aagaaaagca 24240
atatattgcc gatgacggta aaaaataccg cgttgctttg accttcatag attcgggtta 24300
tgctaacgat accgtcgtta aattttgttc tgaatattcg agttcagtct atccaatttt 24360
gggccgtgac cgaccaagta aaaaccaagc aattaaagaa tttgccgact ttaaaacgca 24420
agaagggaca acgggcttta gaattattgt cgatcattat aaggatcgtt tggccccggt 24480
gttgcgtcgt gaatgggacg agatgggcgg aggtttacag cctgtttatc attttaatgc 24540
gcctgtcgat ttgtctgata agtcattaaa agaattgacc gtagaaacgc gcaaggagaa 24600
aaccgacgca agcggcaata cttcatattt ttggcatcgc cccggcaatg cacgaaatga 24660
gctttgggat ttgctttgct atggacatgc agccgtcgag attttcgcgt ggtcgctatg 24720
cgttaaaaat atggaacaaa aggaagtgga ttgggcttgg ttttgggaat ttttggaaac 24780
agaagccccg tattttgagc aaggcgaacc cgtcgccagt gagtaacaaa aagcccgcta 24840
aattagcggg ctttgtttca cgtggaacct tataaaacgg ctataaaatc gaaatgcttt 24900
aggtttaagt gatccggggt aaaccaagtt ttaacccaca taatgcgatt gaaggttagc 24960
aagcggcctt tttgttcagc ctccttaaaa taggcgattc gatccccttt tactgcgacg 25020
atggtcgcgc cttcgggttt atttcccttc agcttttcta aattattttc atattgcatt 2 5080
ttgttagatc cttaaaaaat gtttaaacct tgattattaa aattaggcgt ttggcattgc 25140
ggcatatttt tagcgatgct gttgtaagtg ttttgcgtca tgtaaatttt accgtcaaaa 25200
gcaatcgtgt tttgatcggt gatttgcacc gggtagccgt gttgctggat cgttgcgcca 25260
gcttgtacga tttcgatttt atggccgcgc caattgttaa aagattggtt attcatgagt 25320
ttggttcctt aaattaattt gttgctggta ggttatattt accgtttgtt tgtgggccta 25380
atttaataag attgtgattc tcattaagcc cataaggtaa atgggttcgc gggtttaatt 2 5440
cggttttatc agtaataaaa atacattcat gcggattcac gttgtaaaga taggcgacca 25500
tgcgcggggc tacataatgg gattgcttat catgttttga gcgaacccag ccgccgaaaa 25560
ctaaatattt tttatctatc atttttggga aacagcctca ttttttaagt gttggttaag 25620
cagatcccgg acaagatcgc ccacgtttgg cactgtttca atgtattcga ttaaatgctt 25680
atcgcgttcc ttgagtagag aaaaattttt aattacgcgc tttttctcat aatcgctttt 25740
ttgcttttgc cttgcttcgc tttggcccat tatttacacc gttttacagc ttggttatat 25800
tgatttcttg caatgttgga gagcgttgta gttttggaat tattccgacc cgcttggcgt 25860
gatgaaccaa gcgggctttt ttttacattt cttcagccat aaacacggtt aagaagccac 25920
ccatatcatt ggcaaaaagg ccgatagatt caataatgcg ctttgcttcg tttagatttt 25980
taccttcaac cataagccaa acatcgcgtt tcactttata ttcagggcct agaatttttt 26040
taagtggctt ggtcaattcg cgtggtgttt ttacttgagt gtttccgatc attaacattt 26100

403

403/758

Фиг. 16O

sequence.txt

```
tgcaaaactc ttatttatct atttgatgtg tcaattatgt cgtattacga caagcaaggc   26160
aatagggaat gtataaaaaa tatatatttt ttaaaatggt tccacgtgga accgtggcgg   26220
gcgtttatgt tgcgctttcg ctttattgat atactaaaaa caacatagcg ggagtattta   26280
aaaaattgga tcaagcattt ttaaaagaaa ggatcgaagc gacaaagcgg caaattgtgg   26340
cctatgagga tgcagtaaac cagctttcaa gcggtgcggt tcaatcgtac tcattaaaca   26400
cggggcagac gacgcaaaac gtgacgcgct ttgatgttgc gcgcctaaat ggggatattg   26460
acgggcttta taatcgcttg gcgacgcttg aggcgcgttt aaatggttcg ggttctactt   26520
tggttcgtcc gggatggtaa tagatgaatt atgattttag ccgtgggctg gtaaaggttc   26580
cgacggtggg tttaaaaacc gagtttaaat attcaggggc tacaattgca ccgccgccaa   26640
tgcagggcgc aaaatccgac gctatcgaaa taaacgcgct gggcggtggg ttcaatcatt   26700
ccgcttttac cggggaaaaa tttataggcg gtttcgggcc tacaagttta tttactatgg   26760
attattggac gttacgcaaa agatccgagc agctatttag cgaaaactta tacgcggccg   26820
gattaatcga gcgtttagta acaaatgaaa taaacacagg attaaccccg gaggcttgtc   26880
ccgatgaacg gattttggga ttaaagccgg gtgatttaga agattggacg gaattagtag   26940
aaaaccgatt ttctatttgg gccaatagtt cggaatattg cgacttttac ggacaaaaca   27000
gcttagggga aattcagcgg atcgcaagac gcgaagccct tatttgtggt gatgtgctgg   27060
tggtgttacg ccaaaaccaa agtaccaaaa tgccgcaagt tcagcttgta agcggatctt   27120
taatccgaac cccgccggat atcccgcgca aaggccacaa aattaaacac ggtgtcgaat   27180
tagatacgca aggccgccag tgtgcttatt gggttttaca agacgatgga acctataagc   27240
gtttgcccgc gtttggtgaa aaatcaaagc gccgcattgc gtggatggtg tacggagcgc   27300
aaagacgttt aggcgaattg cgcggccagc cgcttttaag tatcgttttg cagagcttaa   27360
aagaaattga ccgataccgc gacgcggccc agcgtaaagc cgttgtaaat tctattttgg   27420
caatgtttat tgaaaaaacg caggataaaa tgtccacgtt gccaattacc gggggcgcaa   27480
tccgacgtga taaggttacg gataattcaa acaccgcggc cccgcgtagc tttgaaatag   27540
cttcgcaagt tccgggcgtg gtattgcaag aattacaagc gggagaaaag cccgtaggtt   27600
tccatagtca aggcacagat attaactttc ccgcgtttga ggaggccgtg attagtgcgg   27660
ttgcttggtg caagcagatc ccgccggaga ttctaaaact gtcgtttagt tctaattatt   27720
cggcaagtca ggcagccatt aacgaattta aaatttattt aaatatggtc tggaatgaat   27780
ggggcgctaa cttttgccag ccgatctata ccgagttttt aattagtgag gcgcttttag   27840
ggaaaattga cgcgccgggc tttttggacg catggcgcga cccggtaaaa atggatattt   27900
ttggggcttg gttgtggtgc gactggttcg gcagtattaa accgagtaca gacatgcgta   27960
```

404

404/758

Фиг. 16P

sequence.txt

aaatggggca aggcttggcg cttgccgtgg aacaaggttg gacgaccaac gcccaagcat 28020
cgcggcaaat gttcgggact aagttcacta aaaacattgc aagacaacgc cgcgaacgtg 28080
aattacaagc cagcctttta aggccaatgc ttgagctgca aaaagaatac ggcataagcg 28140
cggagcattt agtaaatgta gcccatgcga ttggcgggac aatttcggca caaactgaag 28200
aaacagagga aatttaatgg attggttttt aacgcctgaa gccctaaaag aaattcagga 28260
attacacgcc cgcggcttgg ttttgaccgc ggagcaaatg acggaattta acgcgcttta 28320
ttcggatgat ttccccggat cgcgtatttt tcaaaaagtg gggacggttg cacaagtaaa 28380
cattgccgga gttctaacaa aggaacctaa ttggatgtat cgctattacg gtggcggtaa 28440
tacagcatat agcgaaatta tttccgcgat taatgaggcg gagcgcgacc cagccattaa 28500
agaaattatt ttggcgattg atagccccgg cggacaaaca aacgggcttt gttcagcgat 28560
ggacgcaatt aaaaacacga aaaaaaccgt tttggccgtg gtggaaggtc aggcagcaag 28620
cgccgcttat ggccttgcat cgcaagcaaa taagattatt gccgcggatc gcggttgcat 28680
ggtcggaagt gtaggcgcgg ccgcttcgat tgttgttagc gaaaatgttg tcgatattgc 28740
cagtaccaac gcgccaaaga aacgcccgga cgtgaccaca gacgcgggta aagcggtaat 28800
acgtgaaaca ttagatcaaa ttgaaagtat ttttattgct gatattgccg ccgggcgcaa 28860
ggtaacggcc gataaagtta aacttgagtt tggtcagggt ggtatgtatg ttgcggccca 28920
tgcccttgag cgtggtatga ttgacgaaat taaaacggct gattctagcg ctacaacaaa 28980
cgcgaaaagt tcagcaactt acacagcaag cgaggaaaat tcaacaatgg atgcagcaac 29040
tttaaaggcg caattcccag cagtttacac agcaatttat aacgaaggca aaaccgcaga 29100
aaatgagcgc gtatccgcgc atttaacgct gggcgaggct tcaggcgata tgcaaacggc 29160
tatttctgca attaacgacg gttcagaatt aaccgcaagc attcaagcca agtatatggc 29220
ggcaaatatg aagcgcggcc aagttgctgg gcgtgaaaca gacgacacgg ccgcggctaa 29280
tgctttggat ggtgttaaac cgggcgcgac tgctacagat gcgaatgcag ttacaaacat 29340
ggttgctaaa aatttgggcg ttgcataagc ccaaaccgta aagacatttt agaaataaag 29400
gggtaacagt tgcatgatgc aggtaacgca gcacacaaac agttcaatta attggggtga 29460
agtagcttgt caggatgaca cgctaacttt aggcgcaaac gcaacgctaa aagaaggcac 29520
aattttagcc cgtgcagcaa cgggaaaact tatcccgttt gttaagggtg gcgcagatgg 29580
ggcgggggtt cctgttgcta ttgctatgca cgaaattaaa accgtggccg ctggtgatgt 29640
ttcagtacgt gcgggcattt ccggccaagt gcgtaaaaat aacttagtga tccatgccga 29700
tggaaacgcg accaatatcg acggagcagt aacagacgct ttgcgtagtt atggcattgt 29760
cgctttcaca gtaaacagca caaacaaacc ggataaccaa taaggaattt ttgatttatg 29820
actactagca caattgccgg ggtatataca caagttgcac caaagccgct atttttatcg 29880

405

405/758

Фиг. 16Q

sequence.txt

```
ggctttttca aagcaccgcc acagaatcat tttaatactg aatctgtcga gctggacatt    29940
gagcgcgatt cgcagcaagt ggccgcggtt gttcaatcgc ttggcagcga ctacaacaaa    30000
aacgaaacgg gtgaatttac caataagaaa tttacgccgc cagtttataa agaaggcttt    30060
tcgcttaatg cgttcgattt gcttaaacgt gaagcgggcc aaagcggttt taatacgcct    30120
agcgaacaga tccgcggcaa tttgattacc cgctttatta aaggcgcgcg aaaagttgaa    30180
gcaaagattt tacgcggtat tgagttgcaa gcatcgcaaa ttttgcaaac gggtaatttg    30240
ttgctgaagg atcaagaagg caaagacgct tttaaaattg attacaagcc aaaagcaacg    30300
cattttgtga atgttgcgaa tgtttggacg ggtgcgaatg ccgacccgat gaaagatctt    30360
gaatcattgt ccgaagtaat ccaaaccgac ggccttgtaa ttcccgatat tatcattatg    30420
ggcgcttcag cactggcagc ggctaagggt aacgagaagt ttattaaaaa ctttgattct    30480
cgcaatattt cgggcaatgt tttagctgat atgcaaatta cggcccgcgg tggtatctat    30540
caagggacgt tgcgcgtagg taatgccgtt tgtgagcttt acacttatgg cgtgggttat    30600
caggcttcat cttcagcagt tgcaacgccg tttttaaata ccaataaagt gcttatgctt    30660
agttctgaat cgcaattaga cgcgcttttt ggtgcggttc caaacattgc ggacattttg    30720
ggcgtgagct tgcgcgaaca gcttttaccg gaattgccga cgcgctttga ttcaaacagt    30780
accgatttat ttacaaatgt gtatttgtcg gcaagtggtg agcagcttat gggcggggtt    30840
gctagtcgcc ctattcttgt cccgacggct attgattcat tcggctgttt aactgttgca    30900
taaaaattaa aatgaacccc cttcaatggg ggtttttttct tttaaatttg gagatattcg    30960
acgtgactaa aaccgattta attaacgcaa ttaaagccat tgattcaaac gcgaaaacgt    31020
ccggccttga taaagacgaa ttacaagccc ttttaacaga attacaagcc aaagcgac      31078
```

406

406/758

Фиг. 17A

sequence.txt

<210> 3
<211> 167285
<212> ДНК
<213> Неизвестен

<220>
<223> Описание неизвестного организма: бактериофаг F488/08

<400> 3

tctgaacgac ctgccatttt atccatgtct ccaccgtcaa ttattcttgc ttctttttca 60

tcttttgcta cagtgtaagg atttgctgat aaagcatatc taactaataa accgatagat 120

ggctgcaaac tttctgggtc aactacaact ttaaatgcac ctacatgttc agggtcatct 180

aagtcaagac cttctgtata cggagcatag aaaattgatc caacaatttc tttttcaccg 240

atattttcta ctacaccaac gattacataa tctaatgggc tgttagtatc gcaataaagc 300

ggtaaaccat tagctaagaa cccataggca ttttgtgaaa gatatttatc atcttctggt 360

ttatgtttta accaacctga tgcagcaaga atcgcagcag cacgagctga agcaacacag 420

aacgttgctg tataagttga ttctttttgg atatgcgaaa ccatttcaca taccattcgg 480

tataatgaac gaccagcttc aggtgcagat gcataactca aatcgatgaa tccagtatca 540

gtaattcctg taactttata gcgttttgac actgtaatca aagactgcag aatatcttta 600

ttgatttcat ctgccatttc agttgcaagc aaatcttcca agaaattagg agcatcgaat 660

ccatttgctt ctaaatcttg tgctaattca actgtgatac cagttttaag tttacgagat 720

ttaactgcgg tttgccattt attaatctgg aatctagcat ccgcaatttc actatcagag 780

ctttcaaatt tgcttgttga cgctgcgtca gaaaatagac gaacctttaa aagaacaatt 840

gcaatctgaa gagctaattc taaatcgctt tcttcaatat cagcaaatgg tgtatcttct 900

aatactttat aaacgatatt attatatttg aataaatcgc ccttattgag agttaattta 960

gactcttctg ttaattctgt gatttgttct cggtctacat atccagcttc gccggcgtaa 1020

gtagcaccag ttttaaatgt aaattcgtta tccgggttaa ggtatttgat accataaaaa 1080

gcagcaacag gttgattagt tctttgcgtt gctacaatgt cagaatatat taatttagtg 1140

gtagcgcgag tcaaagcaac gagatttggg cgaccgattg agttgctatt cgttgtggtt 1200

gattcgcgca gaagttcgtt gattttagcc attgcgcttt cctttcagtt tatatgattt 1260

atttatacca taaaaacaac taaagggacc cgaaggtccc ttaaatcgtc aaagattaga 1320

tacctttaac atatacacgg cggaagtaag cgtttttacc aaggctattc agaatagaag 1380

407/758

Фиг. 17B

sequence.txt

gcataccgct ctggatgcga gaagccggag cctgagcagc ggattctgca aatgggttga 1440
taccgatacc gtaacgagtt ttgaatccca ttaccggttg gaagttcttc ggatcagaac 1500
cacgcagcgg agtcagagct acatatggag catagtaaat accagcatcc atttcgttcg 1560
gacctttata acctacggtg aaataatcct gtttagcata ctggtcgata tatacacggt 1620
atttaccacc cagaacacca gcaaatactg acttggtagt atcagtgtta aagccagtag 1680
ccagaccttg tgcagcataa gaaatgccgg tatcaactga agccagaacg ttaactacgt 1740
tacgggaagc gataatgaag ttaccttcgc cgcgaccagt ctgacgagca atttcaactg 1800
cttctttgtc aatctggaac aacagagctt taaaggattc acctgcccag cgagcaccac 1860
gaatatcgat tgggtcctgg aagtcaaata caccagcttt agaacccgga gtcagggtca 1920
taccagattt accaacctga gcggagtagt taatccaatc aacaacttcg cggttgattt 1980
ccagcataat ttcggtagcc agaataccag acagttcagc atcagcatcc ataccgtgaa 2040
cagcgcgaag gtcttgtgct aattcaatag agtaagcagc tttcagctga cgagatttag 2100
cttcgataac ttgtttatcg atacggaagc ccatttcatt ccatgggtta tcggtagaac 2160
cgttgaaacc ttcctgaagt tcagcgatag aagtagccat accttcagcg atttctacca 2220
gtacaccagc ttccatttgt ttcttaattt cagcatctaa tttgtctgcg tcagatgcgc 2280
ctgaatcaat ttgtttagct gctgtagctt gcagatatac tgtaccagtt tcctggaaga 2340
agtgagtgta aatagttccg acttcaagag tatcacttgc tttcaaagca gcgaatttct 2400
tagcagcacc ctgaccagag aacattgcat ctggaccata cattgggtgg aatgcttctt 2460
tagcgccgga agcgattgga tctttaccat atactgcgcg cagcgcgaat acctggccag 2520
tcgggctgtt cattggctga acaccacaaa tatcgaaagc aatcaggtta ggaatagcac 2580
gacgtaccat acccataaca gctgggccaa tctgagttac tgcgccagaa gtctgacctg 2640
cggcgatgtt ggtagcattg taaccgtggt caccaccgat ttcagcttct gttaagaaag 2700
aaccgaatgc ctgagcaatt ttttcgtctt tatattccgg agctgtctgg aaatcttttt 2760
cctggttttc aaagatttta gcgataatcg cttgtttgct attagcaatt tccggtaaac 2820
cttcaccttc cagtaatggc ttccatttgt tcaaaagttc agctttagtt ttgatagtca 2880
tttgtgttaa cctttaaaat tagaaacgag atgcgacttt cgcatataca cttacaatat 2940
cttctgcacc ttgtgcagat ttatcttcta cagcttcagt gacgaaattc agtccggctg 3000
cttcagtatc aggagtattt atactctcag taatagtgct ttcatcttta ttagatttct 3060
tcaccatttc tacgattgca ctcaatttac ttgagaatgc atctgaataa tccatacctt 3120
cgaccagagc agagactttt tctttttgag actcagtcag atctttagta ctttcgctca 3180
atgccacttc acgctgcaca taattgatat atgcgtcacg cttattgagt tcttcgaaca 3240
gacgagctga ttcttcttta tgttcttgca gttcttcttc catttcagct acaacatcaa 3300

408

408/758

Фиг. 17C

sequence.txt

ctgattcttc tggaacaaca acgttgtgtt caacgaagag ctctttcaat ccaccaagca 3360
tggattcaaa cagttcggct ttgatacctt tatctactgc taatttattt tcagtgagcc 3420
attcttttgc aagatggtca aggaatttag aagcttgctc agcgattttc ttctcagctt 3480
tttcttctgc ttcttcttta ttttttttcta cttcttcttc tgctttttca gcaattttag 3540
cgatatgaga ttcagctaat ttaacggcgt gctgcttgac ggtagcttcg aatacagtgc 3600
cgaaagtttc ttttgcttcc ggagaaatat taactgattc gaaaatacta tcaagagcaa 3660
cggaagcatc aattttctgc gcttcggcaa tcagttgttc tttaagcatt ttgtagtcct 3720
gttgtttaga taataatatt tataacgctt ttttcatggc ctctgcgaga gccatatagg 3780
cgtcatcggc acttgtatcg gcttccgccg tctgtgattc ggtaatttcc ttaggagtta 3840
cccatgcatc tggagcactt ggaccccata ctgcatcaac acctacagtt aatttgaatc 3900
cttcgtttac gatacgataa cctttatttg tgtcagtcaa tgaacctaat ccacgagaag 3960
aaactcctgg aatccatccg gcacgaatat tagctgctaa tttatctcca ggaccgtggt 4020
caccttcaat aacacgagct cgtccgtata cgtcatttcc tttccaccac atatcttcta 4080
taatgatagc ggcttgcatc gggtcaacat tagcgcgtgg aggatgattt aattctccga 4140
gagcttgttt agttaaaact tgctcattaa tatagtcttt taccgctttt tctaatatac 4200
gttttggata aagacgttta tttctattga cgacttccgc ttgcatgaat attccttcga 4260
tgtataaacc cggttttaaa cctaagtctt ttccatcatg agattcaagc attggtacgc 4320
catcaataat ttcgccaggt tgaccccaag tttcaattag taattggggt tcattcatta 4380
gcttaatcct aatgctttac ggcgtttaag agcttttta cgcttacgct gagcacgaga 4440
ttgacctgct ggattggcaa tcttcgtttt ggtagcttta cgagcaattt gtctacgttt 4500
tgctttagac aacccggtag tttgaaatgc attacgttcg cgggttttgc gatctttagt 4560
gcgagtaatt tcaccacggg cagaaacatg tttaacgata aattcattta acggcatatt 4620
ttcattaata gaagctaatg caaccgctaa atcagtttca tcatcaagca tattctcgac 4680
aattgtattt atatcgtctt tatttaaagc agaagacaat tcgtcaaagc gaccctgtgc 4740
ttcaggaata agtgcttcga cattctcgag aactaattca tgagtttcag ggatcagaag 4800
cattattcat catcctcgtc ttcgtcagag tctttgtctt ttttgtcgtc tttatcatca 4860
ctatcttcgt cttcgtcatc atcctcgtca tcaggttctt caccttcgat taagaaatta 4920
cgagcgatag cgatttttc ttctttaatt aaatcagtcg ttcttgcagc catggcttca 4980
gcaaataatt tacgagcggc tacgaggtcg tttgatttaa tagcttcaat taaaccttcc 5040
attaaaaatc ctcttgttct tggtcggggt cttggaaacg agcctcttta gactcttctt 5100
caatttgctt ggcttcttgt tctatttctt catcagtcat ctgcaaaata tctttcatag 5160

409

409/758

Фиг. 17D

sequence.txt

```
cagttctgtg agaaatatat ttaccaataa atggttctgc catggttagc atattaattc     5220
ttcgttccaa aatttctgct tctttgagct cagcaaagta gctatcccga tgaaattcta     5280
tcttaatatt atttatttca tcattccact catcttctgt gattatacct ttaagcaaaa     5340
gatttgtttt aagtggatct aggaaaactt cttcaaactt gtgctgtaac tcacgaataa     5400
atttagcaaa cgttaattca tcacgtgtaa tgctagttcc agaatcaaac atcacaccgc     5460
cttgttggtc ttgtggaatg cgtgaaagag gaacacgtaa tgccatgtaa agagcttgtc     5520
taaaccaacg aatatcttcc atattgccag tattatcagc accaggaaga gtatcaactt     5580
ctgtcacagc tttaccatca cggcgctgca accaatagtc ttcggtcata gacatattat     5640
gttgttgatt ttttatttta cctgttgatg catcatatac tacacggttt ttcatcgtgt     5700
tcataacatg ttgcatgtgc tcagcagctt tacgagcagg catattacct gtgtctacat     5760
accaaacacg acggtcagga gcacgagtaa tgcgataaat gactacagca tcttctaata     5820
attttaattg gttagcaggt ttaacagcac gatgtaaata cccgatgata tttttgccac     5880
agcaatcgac taatccagaa tgggcataaa caacagcagc ttttggaatt tttatttttg     5940
tgccagcttc atacattcta ccatcacatg catatgactc atgggcagta tcatatataa     6000
aatattcttt gtaaccttta actatttttg tgccagcttc agtttctgtt ataatttcgc     6060
gaacatactg aacttggcga gggtctaatc tacgtaattc ttttatgcct tcttttggac     6120
gttttggatc aatgatttta tgaaagaaaa ttcttgaatc aacataccaa cgtctaaaat     6180
gatcagaacc ttttcgttga aacgatagat gatttaatac atcactaaat tcatctaaca     6240
tcatattttt aatttttgga ctaaatttag atttatccaa atttaacgct acgacttcag     6300
tatcatcttc gtagacgata gcatctgaaa cgatttctga aactgcatta tctacttcat     6360
agttattcat gagattacga tatgtatcaa taagctcacg agtagttttc attcctggtt     6420
catatgaacc aaaaattgtt tggaatgcag cattataagg agaagcagct tcattcgagc     6480
ttacttcaaa ttctcttgct ccatcatcaa gctttggggc tgtaatggaa acaagatctt     6540
ctttttcttg gtctttaaaa tttcgttcgt ccattttagc ccatggagca aacaaactta     6600
atacattaaa tttcattgta ttctccaaat gggaattata gttatattta taatggactt     6660
ctctgcttta agcaggatgg ggatttctcc ccattcattt tattcccaat aatcgagagc     6720
aagagttact tcaaaggttt ggatttcatt gtttgaatcc caatctaatt gaagttcacc     6780
cacgttagta ggccacagac ctttaatttc aatttctttt gttactgttt tagcatcacg     6840
agcatattga cgaacaatag cgctcttttt atactctgca ggttttccac cagtaatttc     6900
gtttccttga ccagcagcaa tgctttgcca atcaacaaac ttctggcgag catcatgagc     6960
ttcatcgttc attactgtaa cagtccagtc atcgaatgta cgatcgcctg ctacgttaat     7020
tttacggttc ataaatccga ctggaatttt ttctacaata ccagctggta aagcagtggc     7080
```

410

410/758

Фиг. 17E

sequence.txt

```
tttacattgg aatgtaaaat tttgtccaag ataagaaatt tctacttgga ataagttagg     7140
tcgagcaaaa tcaccagatt caaacgctcg tgttacatca tctacaaaca tattagcctc     7200
tgtagtattt atatccctat gtttaaccta gggcatatag aattaaagaa ttaaggatat     7260
agtgtattta tatggcctgc cgaaacaggc ctttagaatg caccgtatta accagcaaga     7320
ccagttaact catcgaaatc tgcaccagta gcagttgcta cgaagttcaa ggtaatgtag     7380
ttaatgcttc tagccggttg aatgtagaat gttgcaacaa actcatttct atcaattact     7440
gacggagtgt tatttgttgt atcgcaaact acacgatatt cataaattcc accgagagct     7500
ttaattccct gtaagtattg ggcagtttct gtgcggaatg atgaacgagt aaacgcgttg     7560
tttaattcga acaaacgata ttttgaacta cgtccgatat tcgttttcaa catattaaac     7620
agacgacgaa cgttaatacg atcaaatgga gaaggaacag aagtagctgt tttatcacca     7680
tacaatacgt aaccatcgcc acctgtacca gttactggat taatagcttc ttggtataaa     7740
cggtcgcgct gagcttggcg agtttcaata gcaagtttaa taacgttaag aatctggcca     7800
cgattataac cagctggaga catccaagtc tgagatacgt tatcagttct tgcgcataaa     7860
ccagcaatat cagctgctaa tggaacccaa cgattcacat cattatattt gtcatactga     7920
tatttgtagt taccatcaat tgctgcgtag gttgaactga tattaaagtt attatcagtg     7980
tatgaacctg ctgcagttct ccagttaact aaattatcta ctgcacgagt tacaggaatt     8040
ccaactacag tttcacgcgg aggtgagcac aatactaagc aatcttgacg agcatcacca     8100
attgaaacaa catgtttttg gacagtagat gctgtttcaa gagattcacc ggcacaagaa     8160
cccgcaataa acaactgaac gtcaacagat tcgcggtcag caaagaagtc ccaagcttcc     8220
atcaaatctc ctgctgttac ttcagcattt gatgataatc caccagacag agttaaaatt     8280
ccagagaagc cttctggcca gttttgcgca gttgcgaaaa tatattctga accacctttt     8340
gcgaaaaagt catcaatata gatgttacta tcgtaaatat ctttttcacc acgcttagtt     8400
gaaagaacaa cgctttgaac aatagcatca tttcgacgaa ctataatagc gtactgtgag     8460
tcagtctgcg gcccatatcc aaatactgcc ttggcagtag atgcacgagt accaccacct     8520
ggataaattg gcagtaatgc agaagcgcct ttcgcatagt cagctttaga tacgatttca     8580
atttcaattt tatcgcctaa ttcgcctgga tagagagcta ctactcctgg aattccatat     8640
ttttcaagat ttgcctgaaa atcaactgct gtcatagcag tttcagcgct ctcgatttca     8700
gctaataaaa taccggaatc agtaataatt tttccaagag ttattactgc agctaaaccg     8760
gaagaagatg aagaaatttc tgcagtccag ttagaaccta atgttgggta ttcgccaact     8820
tctttagctt tagcaataat ttttgcagta ggaatattaa ttttcttaat ttttccatca     8880
gcatctactt cggtaatttt accttctgtt tcaacatctt ctgaaacata tttgaccgtg     8940
```

411

411/758

Фиг. 17F

sequence.txt

```
attttatctc caaccgcgta gttactacct ggggtagaaa ttgtgtattc aatattacca     9000
gcaatcggag atgagttttt agcggtatct ctatcgacag cgcgcacaac tcgcaaatca     9060
tttccatatt gtaagaaatt cattgcagac ataaaatagt cagcagtttc agctgtaggt     9120
tgaccaaaag tattaactaa atctacttcg tttgtaacct gtttaatctg aaaagcagga     9180
ccccactgga atttaccggc caaagctgct gtaccagtag agttattaac cacggtgctt     9240
tgaaccgtag tttctttgag ctcaatgccc ggagataata aagtcatttt taatcctctt     9300
taatatgctt taatatattt ataccattga cataccatga gatactggaa catactcagc     9360
agaatgaacc gaatcaacaa atataactgg agcgtattca tcccccatat cttgaagctc     9420
ttttgaaaac acttcagatg ctaatcgcat gtcatctttg tcggcataat caataaattt     9480
tgattgtgtt gataaccatc caaaaattac taaagacatt actaaatcgt catgataacc     9540
ttcttcagcc gcccaagaca cgccttttc actaaacgtt ctaaattctt gaatagttgc     9600
acggtgatga ataataagct tatctttttc aataaggtct tttaatgtag agcatcctac     9660
tgctttcgtt cgtttagttt gcttcattcc taaatcagta tatgaatcgc aaataacgcc     9720
ttcgtattct aaatccatgt aaagtgattt cgcaactgac acaccagtac tatttaattc,     9780
aatataaact gggcattcat tatattctac taaataacgc ataacgatgt caggcagaat     9840
taaatgagaa atggtatttg aatgtaaaac accaacctgt tcccacacat catcggtaac     9900
atcaataata tgtaaagcgt ggtaatcttg cccacgacct tctgaacagt ctaaagttgc     9960
aatgtatttt ctatctggtt caggtccttt aaatcgatga aaaccatgat catctggagt    10020
tacttcaatg aaatccataa cagccaattt cattcctgaa attaatgtac cagaagtccc    10080
ttcaaacgct gcggtatgtt cttgacggaa ttgtgctaaa gtagaaccat taatggtttg    10140
tatgctccat tgccatccat cgtcaaaaat atcttcatca ttataaagac gttctttaac    10200
tgaattccaa atagcagtgt atggttcaaa tcctgattta ccttcaacag cagcagtcca    10260
aatatcataa aaatgattta atccattagg agtcgtagta ataataattt ttgaacgacg    10320
accagatgaa attactggtt gaatagcaag ccaggaatca tggaagtttg gaataaatgc    10380
acattcgtca atataaatca ttgcgaatga gttaccacga actgcgtcag gagaggaagc    10440
ataagcgcca attgaagaac cattatctag ttcaatagac cctttattcc attcaactat    10500
accaggctgt aaaaagtcag gaagcagttc aattgcttgc ttagtacggt ctaaaacttc    10560
cgcagacatt gagcctttgt gcgcaagaat acctacagct ttatccttgt taaaacatac    10620
aaagtgtgca agaaaaatag ctactacagt tgttttacca agctgacgtg atagattaca    10680
aacagtcata cgtttagatg acattatttt gagcatatca cgctgatagt cacgtaattg    10740
aacctttatg acaccatagt cgatatgagt aatggcgcag tatgtttctg caaaatatac    10800
aatatcatct cggcattttt tccattcctc aaccatttca cgagtccatt gtgttttaat    10860
```

412

412/758

Фиг. 17G

sequence.txt

attagctcgt tttaagttag gaagacccat ataccgagat cttttattat tcttatcttt 10920
ataagtttga aataattcag gcttatcaga attatttggg atttttacta ttttgtgtaa 10980
acgaagataa tcactgaatt tttcaggata ccattttcca tcccactgtg attttatcca 11040
atgaattcca tcttcatctt ttctttctgc taagcttggg tgttttatta aaatttttcc 11100
agcttcattt aatggatgga aatcatttaa tgcattaatc ggttgttcca tttatcacct 11160
tctcacgagc ttcttgagcc tcgtaagcat caccaatttc gtccattaat tctgttggtg 11220
aacccatgaa tactgtcgcg ttctgaatat tcatttgacc tgtaggaaca gcgcctttag 11280
tgccaacctg ctcagatgta atatctttca tatctttatg aagcttcagt atttctctgt 11340
tcgtcgtagt catttgcccc ataagagttg caaatacttc catgtgacga ggagaatcag 11400
cattctttgc cgtctcaaga aaaatcttgg ctgcgtccat tagcatttgt tgttgaaaat 11460
gcatatttcg acgaactact ccataatcat cttctaagtc aggagtacgg ttttgaggat 11520
tgcttttaac ttctactaat tgtagaggtt catatacttt aatttcctcc ccgtcgattc 11580
cggggaggtc agaaatatct aaaagtttgt ttatatcaag accttccata ataacctcta 11640
tgttcttggg ccaggaggtt ctggcggtgt tggtctattt acattgctag tgaaagtttg 11700
ttttactgtt ccatcccagt cctctgggtt aatatctcga ggaacaactt cgctatcaac 11760
agattcaaaa acaccttcgc catcaggcaa atctcttgta ttggcgtgaa aatctgtata 11820
agtagtacga attaatcctt ctgcatcatc tactggagga tacatccatc cgtttacttc 11880
aaatgttagt gaccattcga ttctacgacg agataaatta tctccatcta tagcttcatc 11940
tatagcagca gacatcagta caattttaat atccctttta aatggaatat catttccaaa 12000
ctgttcgtac atagttgtat taaaatgagg ttgaaaatat ggaagaatct gttcaactat 12060
ttgaaacata tcgtcttcgt aacgagtaaa gatactcaat tcataaatca ttttaatagg 12120
agatggatta tactgcgata ctacagaagt tgtacctttt tgcagtaaat tctgatttaa 12180
aatgtttgtt ttaaatggag cgttatagct aaaatcaact aaatgcaaat ttatacgagg 12240
tagaatagtt tcaaccttgg ccacatcttc ttgtgaattt atcgatgtcc atttattcaa 12300
tttcatcata aagtgttcct ttgatgcata cgtaatagga acacgtataa acttatcacc 12360
agattctaac tgacgtttga tttggatatt tgaaaacaaa tcgcccatca aggtagcata 12420
tcgtctaaaa gacgaattat aaaaataacc aaacatgatt tctcctaatc tgggctttaa 12480
ttagtttata atatttatta atccatgaaa tcattatcaa atgggctaga ttcaaaagat 12540
ttgcctctgt tattgacaac aacataaggt tcaacatatt ctttagcttc agaattaatt 12600
tgatctactt cagcatattg atcaatatta atatcatgaa taccgttaag attgcgaaca 12660
ggatttagtt ctaattcact aaattctgga atgttaattc cttcattttt ctgtagaact 12720

413

413/758

Фиг. 17H

sequence.txt

ggattaattt cttctccaga ataaatgaat ttacctgctg taattttacg aatagcgttt 12780
tgacctaatt gataaaatgg atcatatggt tcaacccagt taatttcaaa taagctgtta 12840
tccataggaa aatatatcaa atcgccttct ttcggttctt ttccattaac ttggtgttta 12900
aacaagtttg gattaatgga caaagtaact tcatcctgta cttgcatacc aaagttacta 12960
aagaacgatt tagctccttc atatccttca aatgaattta aatatgcagc gaatttccaa 13020
gctttagtaa atttatttt taagtcttcg ccaaatatca aatcagggga aacatactct 13080
cttggaacat aatagcattc tacacctcgc atttgaatgc tttcagctac taatacatca 13140
gctaatattt gactgttttt ataatgattg aaatttacat aaggatttag tatttcagtt 13200
tcattggtct gagaataacc agtgcggttt tccaatttag caaaaagatt tttatcataa 13260
gtagccatat taacctacca aaattccaaa tggaggatcg agcaagtata attcttcacg 13320
taatgcttct ttttctaatc gagcttcttc tattaagcgt tgtccatcaa tcgtaacacc 13380
gccaggaagc atcatacctt ggtggcgtgc taaaatttga ccattcaatt ctttagctaa 13440
agcagtagca tagtctttca cccaacgatt attataagca ccctgtttaa catttgggtc 13500
ttgaccaaca acacgaccaa ctaaattgtg gtctgggtta ttatatcgtt cagataatga 13560
ccagctatct tgtggaccga ctgttccata tcctactgta tttccaacca ttttattagt 13620
atcaatgtat gatttagtcc agctttctac gataattaaa tcatattttt ggaagtttcc 13680
catgactttg agctgttcat ttgctgaatt aaaccaaaag tctggaatag gagagagcat 13740
atcttgcatc attcccatgt aactggtaag ctgggtaaaa tatcctaaat cagctccaaa 13800
ggcatttggt ccataaaatc tattacaaga agtccccata ccgccattaa taccagccat 13860
tcctaaaaga aaatcagtaa accatggata tgtagcgttt ccgtccattg acgttattga 13920
tccaatattt gttcgcaaaa tgcgagttac tgcgaataca tttgaacctc ttaaatcgaa 13980
gactccagtt ttatattttt cttcgtcatc tcctacataa aatacatgaa aacctttgtt 14040
aagtccatca aaatggtatt caccgtataa ttctagggca cgctggatac aatcataaat 14100
ttgatcgggt gttaactcaa cattaataat tggagcccct aaacgtctta gaatgacatc 14160
tttgagttcc tttggattct gagaattata tcctgacatt taaaatcctt tggggccttg 14220
cggccccatg ttatgctggt gataaaaagg tagaaagtag tacccattcg ccgtctttac 14280
gaacgtaagc ttggccatct tttggagctt caggaatata acccgcttct tgtagagctt 14340
gaacgctgct ctgtaaagag gatatattgt ctttagctgt atttacttca tgcgtgactg 14400
ccgcaatgtt agtttcattc gtttttatag aattagttaa tcctcgttct tcaacagttg 14460
atccgtcagg attatttcca tttataagtg aagtaagttc aataacttga cctttaattc 14520
ctgttctatt atttcctatt tcaacttgta tattttgaac attattgttt aaaactgaaa 14580
cttctccttc aagcactgaa actttattta atagagatcc agaaggagac ggttgtcctc 14640

414

414/758

Фиг. 17I

sequence.txt

cgctggagtc agttccaaca atttgattta accacgaaac attcgctctt aaaccagacg 14700
aagtgttttc accaacaatt ccgtttaaag actcaataga agttgtgtga tttttaattt 14760
ttcctttaat actagaagga atatcatctg aacctataga agtttcaata gccgttaagc 14820
gctgtttaac accttcactc tgatttaatt cattattaat agattcaatg ctacttttgt 14880
tattattaat ttctgttatt atagaaacat tttctgggta tccaatagaa gatttaattt 14940
ctgctatatc agaatttatt aaagtttgtt tatcatctat agtgtttaat ctattataaa 15000
tatttggtcc aaaatctact ggtttattac caagttcatc gcgtaattta ccaacttcaa 15060
ccgtcaatga tcctacgtca gattcagtaa atttattttc taattcactt aaacgaatgc 15120
cttgtgaaga taataatgta ctatttgtta ttattctatg tttcattcct gtgctagcat 15180
taccaacaac aggaagaccg ttaatgtctt ggccagaata ttgccctagt tcttgtttaa 15240
tccacaataa atcatttcta attgttctat aaacagagtt ttcttcatca ttaaatggac 15300
ctatatcagc aataattttg tcaactgtat tattagttcc agttaatata tcagtgtgtt 15360
cattagtaag tgtctttaaa tttgatatgt catttttatt aacactgatc tgcgatagtg 15420
cttctatatc tcctgataca tctaaaactc cttgaattgt tttaatatct ttctgcgatg 15480
tttcaatggc agttttaaga attcctatat tttcgtcaag aacctcaaca tttttaaaca 15540
cggaaacaat tggtctattc attgatccat cgtttccata cttagtgcta gctcctagta 15600
tttcttcacc atttttaatc catgaaatac gttcctgacc ttcatcagga acgctatcaa 15660
caaaaggtaa atcttttaat tcaatcattt gtaatcctta gtaatgaact ttaataatat 15720
agtttaatga tatattccat ggtctagttt cataaccaat taatccttca cgattaagtg 15780
taccaagggc atctctcggt ccgcctaatt caaatccatc attagtgaag tatgaagcat 15840
tatcccagtc ggcatatttt ctagttccaa gatatccttg ataaacagac gcgccaaatg 15900
ggccttcact tctgttatat tccccccaac caccggcgtg tttatggtat gacatttgtt 15960
gtgcttgaac accaccaaca tgcattccgt cacatcctac gccaagtcta tcctttccat 16020
aaccatcttg tcctcgttga tttaaaatat gaccgcctgt gccagctcct ctgacgaaaa 16080
gaccccgcat atcaggaacg ccaggattat tccaatcgcc accaaatctt gttccaacta 16140
cgtttctata atcaggaaat tggtcacctg acacggttcc accatgacac ataatccaac 16200
ctggaggtgc tgaatcaccc gcaaacatca taatagttcc aaccggaact cgttcggacg 16260
catatctttc agtggcaaca ggttgatcgc catttttcca cattccaccg cgtgaccaaa 16320
ttccatttgc tgtaagatgg tctaaattta aagaaccatt aatagtttgt ccaccacgcg 16380
tattaattac atctgcgttc cacgctaatg ctccagaact atcaccttca ggggcaatac 16440
cggcttgcgt cgttaattta actactccac gcatagaacc agtagctcct cgaccattta 16500

415

415/758

Фиг. 17J

sequence.txt

gtgtttcacc tgttactgca acatctccta aattactgtt aatttccgat tgtgttccta 16560
aacgtataac acccttatat tcttgtgttg caacagaatt cataaaggta tacggagaaa 16620
ttgcatatcc ttcgcggaga gttccttgac gagtttgcgc aacagttgat aattgaacca 16680
cacctctcac agattctgat gcagtatctt cggaaggagc tatttgtgaa attaatttta 16740
ttgcgagttt ttgggttttt agcggagtca tcgccgtagt atcatcaaca ccagccaaag 16800
ccgcaggcgt agatgatatt ttaataaccc cgtttgatga ctcagatgaa tatctatttc 16860
ggaacacatc atcagtatgg tatttcagtt tttgcggcgt tattgatgaa ttattatctg 16920
agccttctaa tgtttcttca tttgttgaat agcgcgttaa accatattta gtttcagtag 16980
catttggata caataatctt gttgctaatg tagctggtgt aacgatttta gaattatttg 17040
ttccatctaa aacctcttgc tctgatgcaa tcattgctat tcctttaact tccatagttg 17100
catcaggaat accatttacg ccgatattac ttatttttga taatgcagac tgtactgtcg 17160
taacagtgcc aggaaaattc gatcctactg gatcgaattt aacatatttt gattcatttg 17220
atacgtgctg atatgtattg ttactcatgc tattctctca aaataataaa atactgtagg 17280
ttgtgtgtga ctatctagcg taacagtttg cgcacctaat aattgccaag ttccataccc 17340
gggtttagaa ggagaaatta tttcttgttt gaaagtaatt cctttatcag agtattgttc 17400
taagatatgt tcttggttat ctaaatactt aacttgtatt ttattcccta tggtaggatg 17460
gtcttcaaat gaatcaattg caataaattt tacaaccatt tcctgtagag ctgttctaac 17520
agcactagta aattcaattg aagtcattcc attagtagct ttaactggaa taccaaacat 17580
gttaacaata actgggtcac ctggtttggc tgaagtatca gtaacagttc cttcaaatga 17640
ccaatagtcg gtttgttgca cgccagtagg agatacgccg cttatattaa ttaatacagc 17700
tccaacctgt tgctctgcca tatttctaac atcattgata gcagattcta catttgagtc 17760
ataaaaacct tttgctattt gtgaaattgt tacagcgcct accggctgat tattcataac 17820
cgaaatatca tttttcttag ttctaaaacc aagaaaatct gctaagcggg aaataactcc 17880
cgctttatta ttaagtaaac tcattatgca atccttatcc aacggtatac agtaatagac 17940
ggttgaatat tactaatatt agtaggagga gtatgtgaag agtttgttgt tgcgtagtct 18000
tcacgatatt ttgtatatat aggaccagtt tcgtctgggt catattgaca tcctccaata 18060
ataactgatc cattttcgtc ttcaattaaa actctttcat cagttttagt cgcaggaaga 18120
tttgcgtttt caagcgttac tgatgttgta ccaactgttc caccggcagt atgtgaagga 18180
tttccgctag aatctaaatc attattgttt aaagcaaagt ttggatccgt aacatcatca 18240
ttccatccta ctaaaacttg tcctttacca aataatttcc atgaaccaaa tcccatataa 18300
gtcaccggat tatttgggtt tatagcattt tcataaattg aaccaacagg ataaatgctg 18360
tcgaaaatag atgatattga attatacgtt ctagtataag aatcaacttt ttcaacattt 18420

416

416/758

Фиг. 17K

sequence.txt

ggccaaccga ttttatcaaa atctgttaag gctacatccc cagtaacttc agtagatgat 18480
cctttactaa cataacggtc atcagttaat tcaataatgt catcttttc taaaagagtt 18540
cctaaatcat tattaaacca tgttataacg attatatcac ctgattcaaa ttttctatca 18600
aataaaagac tgacaggttt tccatcttca tattctatag aataatctgt gtttgattct 18660
ttccattcgc caccaagaga tatacatcct tcttgcgtat ctgaattagc gccttcgcac 18720
aaaaacagag gatacccagc tgttccagcc tgttgctgta aaattccatt aaaacgaacc 18780
tcaagagaat taggattaat gggttcgcca ggaattaatc caaaagctga aaatggaatt 18840
gatttcatcg ccgataaatc agtaacataa atgcttcctt ctaaagaagt ctttgatgtt 18900
agttttgaat ctagcacttt tatttggcgt cttgtatatg aacttctcca ttgtgataca 18960
ccatccataa acgtttcaat ttgaacagtg tcgccaatat tacaaggctg tcttaaccta 19020
atattaaatc catcaagagg aattaattct ccttcatttt ccccccggaga gccaaagtca 19080
ctgttttcac taaatacatc gccgtaatat aattcgttac cgcggtgttt tactctgatg 19140
ttattgacat tataactagt tccatggaaa acatctaaaa agtcagtttg tccttgaact 19200
tctactaaaa attctttgcg agctacatta ctaatatctg aactaataat tttatcaatt 19260
tgtttgtttt tgacatattc ccaacgtcct ggagcacaat aaactaactc taaatcgcta 19320
aattgaacat taatttcaac tgatgacgat gatcctttaa tagtatcacc agaagcggct 19380
actagagtaa ctggattaac attccatgtt gcaaatacat ccctagcttt aattacttta 19440
ttataatcat taacggttcc tttaggaagt tgtagagtta ctcttccaga tgaagtgtta 19500
atagcatatg attttcccca ttctgctgtt aatgtttgtc ctgatgaagc attataagtt 19560
ttccaggcac cggctgaata tggaacatct ccatcaccaa gctcgtaata aagctcatca 19620
aagttttcat ttatttttat accaccttta cgcaggtagt caccggtacc atcatctaca 19680
acattaccga tattaatatt ttgtttcatt attgagccac cccgattttc tgcgtagcga 19740
taactttaac tgctgctctc ataccgacag ttgaagaact tatagtcgct gttacataat 19800
ttgttttaat actaaatgca atattagcga tttcgtcttc ttcagtttca ttcccaactc 19860
gcatgacagc atattcagaa gaaatgactt ctgaattaac agcatctaca agaatattta 19920
tttctgccgt tttaattttt cttccatcta ccgattggca cgtaactaac aatttagcca 19980
tattgtattc agtgcgatga aatagtggaa tatcaactga tccggatgta gaaatattcc 20040
atgtaccttc agctggtgat tccttttgtc caaacatact ttcaatagaa taattccaaa 20100
ccgatgtaga attatcagat gaaatacagc gtaaagttac tttactatat gggctagtta 20160
ctactaaatt acctgaaaca cctttaattg aatcaatagc ttgaattgtt aaaggattag 20220
taactgatat tgatccatta gagttaatga attcaacaca atcgccgagt tcgcctcttt 20280

417

417/758

Фиг. 17L

sequence.txt

caataataac tttaacacct acagtagagg tatcaatatc atgtctagtg ccaactttca 20340
ctggagttgc gtactctgta atagagtgtt tttgataata cccagtagca tggataattt 20400
gaccatctgc tccagtgcca tttgctactg ccattttacg ctgatcgcca aacgcattat 20460
aaattgcgtt aaaatcacta ttaattttat taccaccgtc gaataagata tcaccagtag 20520
aagcgttacc aatttcgccg gtatcaatca atttctttgg ttcttgaatg aacatagcgg 20580
tttccttatg agtttatagt atttataaag aaaaagggag cccatgggct cccttaattt 20640
aaaatgtaaa cagaatattg atttcttctg tttgatccat tgccataata ataggtggcc 20700
tattttccat ataaatcatt tcgcccgaat gcctcattaa atcttctggg tcataataat 20760
ccttttcagc tttaacgttt gggtcatttg gatgagcttt agcttcaaga ggattcgtga 20820
ttattgatat ttgtctaaat cctttatttc ctggcaatgc agcatcagga aaataaactg 20880
aatctaaata tgctttaaaa cggatagtat ttgccttaac ccggtaaatt aatccaaaat 20940
catcttgttg ccaagtgaga ttatcttcat atccccatct agtcgggtct tcttttaatt 21000
cctcaggcca aggaaccaca atatattcat tcgtgcatct atttatagat acatcgggtg 21060
gaatctcaaa aagatattcc catacatacc cgtccccagg ttcaattgtt ccttcagcat 21120
ctcctcgacc ttcaggagga gtcattgacc taacagaagg tgtccatttt ccgcctaatt 21180
taaggcattc atccttatca gttaaagatg caattgaaca cattccagta tcaggaacat 21240
ctaaacaacg atatactaac cagcctgcgc ctgattcagt agcgttgtaa ggagctgagt 21300
tacacactac aatatcgtta attctaaatg tgtatggatc cggatatcta gtatctcccc 21360
aatctcgacg aggaataact gcgtcaagca ttgatggaag aacctttact gttcccatca 21420
tatgcgtcca catgtcagtt acgcctaata cagaatcggt tggataaggt ggggcaaagc 21480
ccacctcatt ttcatttgat gaccacggtt ctgatcttcc aaatgtgata aagatagtgt 21540
ttttatccgg accacttcca attgaattat aaaaattcaa catttttct gttctaaatt 21600
ttgaagtaac tatcgcacga tagataacac ttgaatcatt catctatttt aacctgtgtt 21660
ggattttcag ggtctcttgg atttcctata ttatctttta gacgtttatt aactaaatct 21720
ctaaattgcg caaatgttgt tccagatgca tcaaataaag gactcattaa tttacgtcgt 21780
tcagacggca attgaccttg aaatattgaa ttattatttt cagcattata gtcatcagga 21840
agaggatatt ctacaccagc cattgggcca ggctcataaa ttgcttcgcc tgttactgaa 21900
tcatgctcaa tttcaccggt tggagttaat ttagctactc tatcagcata ttcagtaggc 21960
aatccagaat cccatttata gtttttatat ttattaatta ttgtctctgt gtgtttaaga 22020
gttaaaccaa cattaataaa catcgttaaa agggtaattg ctataaatcc aaatcctact 22080
ggatgaacaa aacgaataac gtcagatttc cagcgggaag aaggtaaatt ggatttaatt 22140
ttcattacat agtatgatct acttctatta atatagtcta tattgttttg aagcaaatcc 22200

418

418/758

Фиг. 17M

sequence.txt

tttcctttaa ctccacgaat aatttcgcct tcaaaactag ggagtctttc tgctttaact 22260
tcttgaccag caattaatct tcccaaaaga ttatgaatag ttacggtcca ttgcaattta 22320
ccattagaat aacttctttc tatataagta acattacatc ttcctgttgc cgtataaatc 22380
gtttgtccta ctaaatcttc agtcaaagaa tcagattgaa cgattatgtc atattcagta 22440
ccggccccag attcaatttc aatttcaact tcttcattat aaagaacttt aaaaagaaac 22500
ttgtatgatg cttcaattcc tttagtagaa taaaaatcat agctacgtga ttcaaagaat 22560
ctcgcaacag catcacgttt atcagcattt aaataaatgt ttcttttata tatctctgac 22620
cacaaatatt cccacgcatg ctcttctcgt ggatattggt tacgaattaa atttcgtaaa 22680
ttgttatact gagttccata tccatcagaa agatactgaa tatatgcttc gcaaaatgcc 22740
tcaaaattcg aatcctgcaa caaataagaa tcaggcatca ttgtgccaat taatggtctt 22800
aaatcaggat cagctaatcc atgctcttct tctggtgacc aaggagtctc atgctcttgg 22860
ttttgtaaaa atgcttttaa aaatactcca gtcggcttcc aaataatttc tactgtatct 22920
ctcacacgat agttaaaatc atagtaagaa attatttcac cagaagattt ataaaaaagc 22980
atcccagacg catatttttt aaatcccgtg aatttaacat ttggcattac tatcgtacaa 23040
tcaccatcat cccagtattc atgaactaat ctatctggtg atgtttccgg aatattttct 23100
ataactttag tgtattttaa atcagcataa actactacag ctctattaga gttgtttatc 23160
caacagcgtg tgttagattt tttagaccaa ttaaagaacg gttctgcgta gtatttcatt 23220
ggttgaggag taaaagtctc ccaatcagat ttttcatccg ctataaatgc catcatatga 23280
taatgcttat cagctaacca ttcacgggga aattcatatt taacagcacc gattaactga 23340
tatttcacca tagtttcagg gtcattaaca acattatcac ttaaaaattt aaaattactc 23400
gaagacagag aaactaattt accgtcagtt gacatgtttg cgtatccagg ttgaatacgt 23460
cttctttctt cttcggtatt accgaaaact cttttccatg ttttttcgtc atgatttaaa 23520
acatatattc ctttatcagc agaatcaatt atttttgaag ttctcggatt ggcatttaat 23580
gtttcaactt caccaataat aagagcaaaa actttatcac cgatagaatc cattttatag 23640
catactgctt taggatttcc agttatagtc attgtatcag gttcaaaaag tctttccgag 23700
tatgttggtg ataacgggtc agaatctata ggtgcattac tcgtttttat atatctaact 23760
ttatctctgg caacaacata gatataatca tccgtacaag taatggcttc agctatacga 23820
tatacattcg ctggtaaagt cgcataagta ccaaagattt ctacatcaaa tcctaaatgt 23880
aactggtcgc caagtttagc aaatgttata tcctgcgaac tgaatctgac atcatctgct 23940
gaccatctaa cgtcagtcga tttacggcca tagaaaatct tgtcgtatcc tagaacgtat 24000
gttgtgttcg cagattggta atatactgtc ttagataaag gatatcctac acggtcattg 24060

419

419/758

Фиг. 17N

sequence.txt

aagagcttca cagctttcca ggtttgtcct ttatcattag atactttaac cacgggttga 24120
taacgctcaa aaagatatag aatcccttct gattccatca aataaactcg gttaatatcc 24180
ttacatactt gctgaatgga accttgtatt tcatgatact cattttcacc aataataaaa 24240
ttactgattg atgaaacatc aacatatgat gggctgaatt ggaacgattc attcatcaat 24300
gcagccatta tagtgtcatt attaaaattg acataattag aattgttaag agtaaatttt 24360
tcctgaatga atttattggc taattgcatt tcaatcatgt tttgaaatgt gtaagcattc 24420
gtagcaaaag tttcaaactc ttccgtataa acccaatcag attgctcaaa atcttgtgca 24480
gctgtagcta ctctaatgat gtatgatgtt agtggatcag catcatcaaa aaagaaacta 24540
ttgtttgctg tatatcctaa attaatccaa cgatattgat cactcgggag attttccccc 24600
gagtctgttt ttgtctcagc gatttctaca aaatagtaga aattagcacc aacgtcatcc 24660
cagcgtactt gcacctgatt tgcggataac ttggaaattc tgagactagt gactgaaggt 24720
gcttttactg tcattgtgat ataggctcca aatcgatagt taagtattgc ggacgtaaat 24780
cattttcaaa tacaatcagt gaaccatcac gggtaaagat aacatcatcg gttgggtcag 24840
aatataattc aatagtctga acctcaaatt tttcagatgt taaattaatt ttagcgatat 24900
tccaataaat catgtcagcc ggataattta tttcaccgat aacatagtat ttgtcgcgtc 24960
catcagaatt tgctaattta ttaaaatcat tgcctgtata tggctgaatg ttttcatttt 25020
ctgtaacatc gccagaagca aatggaccaa taataacttt accaattcct ttagaatctc 25080
ggtctgttga tactatacga acatcatata atacatcttc ttctaaacca gtatcaggat 2 5140
ttacaacctt tcgtccagaa ttaaatgaaa acgtattaga ttccatagaa cgatctttta 25200
tttgattatt gtatttaata cctgcttcag gtgttttata gaagttttgt acttcacgaa 25260
ccatttgaat agtcgctgat gaaccaatga cagaatgatc tgcatcatct acataagtta 25320
acatcttaga tttagcgaaa gacgagttaa aaatttctac atcttcggta taatagcgat 25380
caatttttatc aattatttga ccttcaagcc actgctcgga ttcttgtagt ttatttaaag 25440
catatgtgac ttttaaatta gtcttaataa aaagataatt aggagaaata attgatggcg 25500
taataggagc taaattatag tctttgagat aatttttaat atcttcacgc tgtacagtag 25560
ttaaatacag acctgattta ggtttagcag caataaatgc atacccaggt ttagtagaat 25620
cagtgaaagt ctgaactgcc tgaataatag aaccaaatct ctctgaaacg aatgtatcgt 25680
agtcagtcgc agttacgcat cgttgctggg tttcgcgttt aatagtaccc aattcgcgaa 25740
tacgctcaat atcttctgga tcaccgcctc catctgcccc aacaaaatct gggtcaccgt 25800
ttggattttc attaatattg atgatagtta tatttgttaa tgtatctgcg tatgaaaatc 25860
cgactgctcc gttcgcgtca gcaccattag tactaatgta ctcaataaca atcgtagagt 25920
tctgagtagg tttgagacct ccgatataat tagcggtcaa agctccttca gaagcattaa 25980

420

420/758

Фиг. 17O

sequence.txt

cagaaatttc accttcacca aaatagaatt cagtgtttcc atcaatagtt tcacgcatgt 26040
agtaaattgt tgatgtagaa ccagcatgaa ccattgactt tcttgtccag ttaatccatt 26100
ccgctccatc aacgtataat ttaacctggt ttctatcaat atttttatca taaatgataa 26160
taggtgtcaa tttatcataa atgatttcag ttcttactat acgtccttgg gccaatttta 26220
atcgtggaaa atattggtta tttttatcac gaatagcaat aacatcttcg gtagatacaa 26280
agttatatgg attaacagaa gtatcttttg catatgctaa aaagcgagtt ccgcgaggaa 26340
ttgtaatgta attcctattc aatgcgtcgg tgcatgttaa cataatttcg gtctgcgcag 26400
cggattttga agtaggtaaa tatccgttat cttgtgcagc ttgaacaact gaacttcgta 26460
agttagcagt acgcataaag ctttcataca cagcagcatt accaaactgc tgaatgtaca 26520
atgtattata agccaaaagg tcacacagaa cgtttaatct tgagccttca aaatcataat 26580
ccaaaaattc attttggcca ttaagccatt caatgaggtt ttgttttatt tcagcaaacg 26640
taccccccgac gaatatctcg ggaatagcat ttgctgttct tgttaattga taatttacag 26700
gggtatttgc cattttaaat cctatttaat gaatacttta gatgatgcct gagccacagt 26760
atcaccgcat gatattggat cagccatttg aacagctttc tttccagtga catatacctt 26820
agaagttctg ggttgtgtca ctccgccatg tgtttcatat ggctttttaa tttctgtatg 26880
ttctgtaatt ggatcacctg ctacgagaac agcaattcct ccagtgaata ctttactttg 26940
tgtggcattc acaactgttg gaggccatgc ttcatggcca gcagtaacac acttatcata 27000
acttaatcct gacatctatg acctctcata cacatagctt cttaatttat tagcccaacg 27060
actccaattt ccaactatag tttttgtgta atttttaact agagtttttc ttactggagc 27120
aggaggatcc gtcggttcag tagtatcaga ggatgaccta gaattactgc cagaacctcc 27180
agattcactt tgttcttggt agtcatatat taatgttact tcgtaagtga atgtcttctg 27240
gaggttttga ggagctttcc ataaatacaa ctgagtatca gaatcagtag gaagttcttc 27300
ccatgaagca gcagttttaa attcatcgcc taaacgatat ttcaacgcgt catttccaaa 27360
tccaaacaca gattcatatg ttccgtataa gcgattttct tctactaaaa ccccaggagt 27420
ttcttcgtaa ctagttatat ttatagatac taacgtttca cctgtttcta attgagcggt 27480
aaaggtgacg tcgatagaag aaccttccat ggattctcct aaatcagcgc tcattggaag 27540
tatattagcc aatgtcaatc ctcgatccat caattgtgta ttgaccagat gaaatagaac 27600
tcatagatgc catttttttct gtccaatcac caccaacgtc ccaatcaact gtcccagcaa 27660
ctttccaaga aagatttcca tttactgtgt tagtttgatt tccttcaact aaagtggtag 27720
catctccttt aactgtaatg tcagcattac cttcaactac aatagtaaca ttacctttaa 27780
ctaggatagt tccattgcct tcaactgtct tagtttcatc gccacgtaca aatattgtat 27840

421

421/758

Фиг. 17P

sequence.txt

tgcttccatc tatttggtga agacgattat ccatgttgta ataaatttct gatccaccga 27900
cgttagtctt tttatcaccg gctaccaaaa aattaccatc agcgttggtt atatcataca 27960
aattatcgac agtttttctt gttcttcttc ctgacggtga tacttcttca taagttccag 28020
tcggatgaac taatctgtat cgttcttgcc caggagtatc atcaaattcc tgaatatgtc 28080
cgctttcagt ttccattgta tgcacataag gatattcacc tttatatgaa gaaactggtt 28140
ctttgaataa aattctcgag tcatttggaa taggagggtc agccgggtca gaagatttag 28200
ctacagtagc agccattgct gatagagacc tagctggggt tttcacttca acaccatatg 28260
attccaaatt ccccgtaaga ataatcatgg taacacggga tgcacggcct tttgtttgtt 28320
gataccacaa tgaatcacga ccggctttat atgctttttc ccaatctccg gctaacatag 28380
cagttaacat tgtgttaaat ttagctacac cgccaacacc catttgaaat gccatatttt 28440
ctaacgccat ttgacgagaa cggttgacag cttgccagac tggtcctact ttagaatgtg 28500
atttaatgtc ccgttgcata tcagccaaat cacgttcaaa taaagtcgtc gcctcttcca 28560
tcgtaataga acctgggttt ccagtaattt cacgaccaac ttgttttgat aaaactttat 28620
taatttgagc catatcacga actggctgct tcatgataag atgaccaata ccaattgtcg 28680
gatatccttc agtatcccaa taaactttta gtcttaatcc ttcatcacgg cgaagcatgt 28740
cagccattga catatttgga ttatcatcgg ttggaatctc tgatagtggt ctatcatcgg 28800
gatttattgc agtgtctaag ttactatctt ggataatgtt agaagacgaa tcatatccta 28860
cttctccgcc ttggtttaat acattagtat catttcctaa acgtctagga tattgcccag 28920
ttgggtcaga aaatccttca agtctattcg gtttttcgcg aactattcca ccatacgtgc 28980
caaggacaat tccgttagtt ttccatttgt ctaaaaaatg accataaact ctagttcctt 29040
ctaccggtcc agtaacagaa cctccaattc cagacattgc tgcagaagtt ataggttgaa 29100
taactgacat ccatggtaat ttttcagttg gaatacccat tacatcgcct tgtgctcttt 29160
gaggtggatg cagaccaacc acacgaacac gaacacgacc taattttaat gggtccattc 29220
tatcttcaac aacaccaaca aaccaattaa ggttattact tatcatttcc ataagatttc 29280
tccattatac gtataaggtc gttcataaat gaattaatgt ctgattttgc tattattttt 29340
atttgacgaa gtttttcatt ttcaagaaca gcatcttcat acgtattaac agcagcaagt 29400
gctccttcat attgaggata ttttctagct ttatcacctt tatcatacca aacatatgga 29460
ttatcatcgt atgatattaa attataaaat ttttcaccgt tctcattcac atgatatact 29520
atttggtctc cacctacatt tttgtatttt tgtatagatg cttgataagc tgcttcttgt 29580
gaagtaatcc atccataata cgggtcataa ttatcattac acatcaataa aacccaatac 29640
aactgtggat ttccatatat agtatttgct aattcttccg ggcgtggtga acctttgata 29700
taataagtac gtaagcggta tcccgcaaga gcgcgtttaa aatagtcttt atagtttcta 29760

422

422/758

Фиг. 17Q

sequence.txt

aaaatatctg tcataggaat agtcggcgcg tttttattca ccgttttggc cgcatattca 29820
atcggatcaa aaaatgtaaa gagcatgggc cctcctgttt ataaatatat tatctattta 29880
taaggagaat ccaatggcat attctggaaa atgggttcct aaaaatatat caaagtatag 29940
aggtgaccct aaaaaaatta cgtatagatc aaattgggaa aaattctttt ttgaatggtt 30000
agataaaaat ccagaaatta ttgcatgggg tagtgaaaca gcagtaattc cttatttttg 30060
taatgcagaa gggaaaaaac gtagatactt catggatatt tggatgaaag attcttctgg 30120
acaagaattt tttattgaaa taaaacctaa aaaagaaaca caaccaccag ttaaaccagc 30180
acatctaaca actgcagcga agaaaagatt tatgaatgaa atttatacat attccgttaa 30240
tactgacaaa tggaaagcag ctcaagcttt agctgaaaag cgtggaataa aatttagaat 30300
tttaacagaa gatggattac gagctcttgg ctttaagggg gcataatggc tatttttcaa 30360
ataattaatg aaagcactcc ccaagttcca aaggttaagc aatcattaaa cgaaaagaaa 30420
tggattcaga taggtcttga atataaaaag gccaaagcaa aaggaatgac cggaaagcaa 30480
tttgctgaag aaagaggaat caaatactct acgtttactt cagcaatgtc aaaatatgct 30540
tcaggaatta aaacggctga aaagattcaa aagcttgaat caaaaccaat gaataaactc 30600
aataagcaag aaagacaact gcttatgata aattcattca gacaaacatt gcgcgataaa 30660
attcgtaatg aaggcgcagc aattaataat aaaaccagaa agtggtttgc tgaaactatt 30720
aagcaagtaa aaggacataa agttgttcgc ccgcagccgg gacgaatata tgcttttgct 30780
tatgatgcta aacacaagga aactcttcct tactgggata aatttccttt gataatttac 30840
cttggtttag gtaagcataa tttaatgtac ggattgaact tgcactatat tccacctaaa 30900
gctcgtcaac agtttctaga agagctttta aagcaatatg caaatacacc tactattact 30960
aataaaacga aattaaaaat tgattggagt caagtgaaag gatttagggg tgcagaccaa 31020
atgattaagg catatatacc tggtaatatt atgggtagcc ttgttgaaat cgccccgaaa 31080
gactgggcga acgttgtgtt aatgccactt cagcagttcg tttcaaaagg aaaacgtttc 31140
tctgcaaaca aagtctggtc aaatatctaa ttctattatc ttccattctt ttctgttgtt 31200
tgttctaaat ggaattgaat ggaagggact tagacccatt ataccaccaa cagttataaa 31260
gcattatgag gaatatatgt cgcaagcact gcaacaaatt tttaaccaag caaatacaac 31320
taactttgta gtatcaatac cacatagtaa tactacatct gcttttactt taaatgctca 31380
gtcagttcct attccaggaa ttagaatacc tgttactgat accgtgactg ggccgtttgg 31440
actgggccga gcacaacgtc caggtgctac atttgagtac gatccactca tcgtgagatt 31500
tatagttgat gaagaactta agtcatggat aggaatgtat gaatggatgc taggaactag 31560
caactatctt acaggtgaaa atactgccca aaaaacaggt cctgaataca ttacgcttta 31620

423

423/758

Фиг. 17R

sequence.txt

cattttagat	aatagcaaaa	ctgaaatcgt	gatgtcaata	aatttttata	agccttgggt	31680
ttctgacctg	tctgaagtag	aatttagcta	cacagaagat	tcagacccgg	ctttagtatg	31740
tacagcaacg	attccttata	cgtattttca	agtagaaaaa	gatggaaaaa	ttatagcgga	31800
agtttaatgc	ttcagtttca	tgtgttataa	tcttaactaa	atttgaggag	aaacatatga	31860
aactaatctt	tttaagcggt	gtaaagcgta	gtggaaaaga	tactactgct	gattttatca	31920
tgagcaatta	ttctgcagtt	aaataccaac	ttgctggtcc	tattaaggat	gcattggctt	31980
atgcatgggg	agtatttgca	gcaaataccg	actatccttg	cttaactcgt	aaagagtttg	32040
aaggaattga	ctatgatcgt	gagactaatt	taaatctaac	taaattagaa	gtaatcacga	32100
ttatggaaca	agcattttgc	tatcttaatg	gtaaaagccc	aattaaaggt	gtgtttgttt	32160
ttgatgacga	aggacaagaa	tcagttaatt	ccgtagcatt	taacaagatt	attgacgtta	32220
taaataatat	tgaagatcaa	tggtcagtcc	gtcgtctgat	gcaagcccta	ggtacggatt	32280
tgattgttaa	taacttcgac	cgcatgtact	gggtaaaatt	atttgcttta	gattatcttg	32340
ataaatttaa	ctcaggttat	gattattata	tcgttcctga	tacccgtcaa	gatcatgaaa	32400
tggatgcggc	tagggcgatg	ggtgctacag	taattcatgt	agttcgtcct	ggtcaaaaat	32460
ccaatgatac	acatattaca	gaagctggat	tgccaattcg	tgatggcgat	ttagtaatta	32520
caaacgatgg	ttctcttgaa	gaacttttt	ctaaaattaa	aaatacacta	aaggtactat	32580
aatgtctgaa	caaactattg	aacaaaaact	gtctgctgaa	atcgtaactc	tgaaatctcg	32640
tattcttgat	acgcaggacc	aagcggctcg	tctgatggaa	gaatccaaaa	ttctgcaagg	32700
aactttggct	gaaattgctc	atgcagtagg	tatcactggc	gatactatta	aagttgaaga	32760
aatcgttgaa	gctgtcaaga	atcttactgc	tgaatctgca	gatgaagaat	gatggaattt	32820
aaagactttt	caacgggtct	ttatgtagca	gctaagtttt	cagaattaac	acttgacgcg	32880
ctggaagaac	tccagcgctc	tttacgtgtt	cctaatccag	ttcctagaga	aaaaattcat	32940
tcgactatat	gttattcaag	agtaaatgtt	ccatatgttc	catcgagtgg	aagttttgaa	33000
gtagcttctt	ctggacattt	agaagtgtgg	aaaacacaag	atggatcgac	tcttgtactt	33060
gtgctagatt	ctgaatatct	gcgctgtcga	cacatgtatg	cgcgggcact	aggtgctaca	33120
cacgattttg	atgattacac	accgcatata	acattgtctt	ataatgttgg	gcccttatca	33180
tttagcggtg	atgtacaaat	tccggttgta	cttgaccgtg	aatacaaaga	gcctcttaaa	33240
ctcgattggg	cagatgattt	aaaataattt	cacaaagttg	tttacatact	gatgaggtag	33300
tgatactatt	acctcatcaa	aattaattag	gaaaataaaa	atgaaaactt	tcaaagagtt	33360
tgctacaaaa	actactatca	ctgaatcttc	ccacggtatg	gaagtaaagc	ttggaatggc	33420
tttagctgaa	gctgagcgtc	ttttctctcg	tattaaagaa	cttgctgctg	cggtcgatcc	33480
ttcatctttt	aaaggagacc	aaactaaagt	taaagcactt	ttagcattat	gctccgatgc	33540

424

424/758

Фиг. 17S

sequence.txt

aggagaaatt gctaaaaatg gttctaagat gaagaaacga ttagaagatt taaaataatt 33600
tcacaaagtt gtttacatag ggttttagtt gtgatactat taccctatca aaacaaaacc 33660
aaatggaaat caaaatgaaa acttaccaag aatttattgc tgaaactgct gatgtaaaag 33720
ttgagtttat ttacactggc aagaaagata aaatgggtga aatgcctcat ggagttcttc 33780
gtgatgcatt agataatttc ggtcaactcg ccgcagaaga ttacggtgat aaaattgttg 33840
ttactggtcc tgctgcagtt attgaaaaat gggcagcaga aaataaatca atttttcgta 33900
aaaaataagt ttacttttag atagggtagt gatactatta ccctatctac tactgaggag 33960
aataaaatga aacgttgtga attaattcga aatgttgcta ttgcaatttc tgcttccgct 34020
ttcagttttt caatgtttgt tggatttata tgcggattat tgactacggc agaaaatgtt 34080
ttttcacttg tagtagcatt tttaattggt ttaattgcta ttgttatgga taaaatttct 34140
aaaggtgaat aatgaacgtt gaatattatg tatatgcgga ttacgaaaat aatccgtcta 34200
aagatgaaga taatcgttta ggtgtagatg ctttcgattc ccctgcggcg gcatggcaat 34260
gggttgaaag aaccgatatt ccttaccgtt atattgaagt ggttgaccac gcaggaaaca 34320
agtatcctaa ggaagcatat gttgcttccg ggaaggtaaa tttccttttg tttgcaggtg 34380
ataattatta tccccgtggt gggtataccg atttaattgc taaagcattc tctgaagatg 34440
aactccgtga cattatcaaa gaaaatgaaa acaaaccgat ggattctaat cgctttgatt 34500
ggtggcaaat cgtaaatgct aatactcaca ctattgttga tgaaggctga taatgattct 34560
ttatgcgaaa gtatcatcca ttgaaaatgg atataaatat gatcaagacg cggctaaagc 34620
tttgattgat gattatggca ttttaacatg ttttgaagtt gaaaaggttt acattgaccg 34680
ttcatcttct caagttaaat tagtgaagga agaacgtaaa tttaatacag taaattttga 34740
tttctttatt gaaacagaaa aaggtcctct tgaatatgat attttcaaga atcctttggg 34800
tcttgaatgc atcgtaaata tgtattatta taaatggtaa atatgcttta agaattattt 34860
gttattatta actcatatcg cactgattaa taccctctat catcaagggt tcttgcttaa 34920
gagcctttgt taataattgg gaattagcca agttggtaag gcactggatt ttgattccag 34980
gatgcaaagg ttcgagtcct ttattcccag cgcgagaatg gccaaattgg taaaggcaca 35040
gcacttaaaa tgctgcggaa tgatttcctt gtgggttcga gtcccacttc tcgcaccaaa 35100
tttgcggata tcgtataatg gtattacctc agacttccaa tctgatgatg tgagttcgat 35160
tctcattatc cgctccaatt taatttactc cgtgtagctc agtttggtag agcgtctgct 35220
ttgggagcag aatgtcgtag gttcaaatcc tgccacggag actggaggcg tggcagagtg 35280
gtttaatgca ccggtcttga aaaccggcag tcgctccggc gactcatagg ttcaaatcct 35340
atcgcctccg ccagttttgc tgatttagct cagtaggtag agcaactcac ttgtaatgag 35400

425

425/758

Фиг. 17T

sequence.txt

aaggtcggcg gttcgattcc gtcaatcagc accaaggccc tgtagctgga aggttcaagc 35460
aagcgactca taatcgccag atggtggttc aattccaccc agggccacca aattaatttg 35520
gggagttatc ccgtagaggt agcggtgtgg actgtaaatc cattgtcatt gcgactcggg 35580
tggttcgact ccaccactcc ccaccaattt ggatgtgtag ctcaatggca gagcgatcgc 35640
ctgttaagcg attggttata ggttcgaatc ctatcacgtc cgccaaattt gtgacaactg 35700
tcacattaat atctacttga cgcgattata ggggttgaac tgatcactct tctcttaatt 35760
tcgtgtgaag acatcttgat tgttggagta ggtattaatg tggccgtagt tcagttggta 35820
gaactcgaga ttgtgattct cgtagtcatg ggttcgactc ccatcggtca ccccaattac 35880
ggggcatagc tcagaaggaa gagcaaggac cttctaagtc ctaggtcgta ggttcgatcc 35940
ctactgcctc gaccaattat aagtgaggaa aatatgaaag gtaatgttta tttagtagtt 36000
catgatttaa cattctattt taatcataat gatactgtta tttctgaacg tgtaattaat 36060
ttgctttatc agcatgcaga ttatgtttat gtcgaaaacg aatatggtca ttggcaattt 36120
ctcaaaaatc gttcatttgg tttagatggt tacgaatatt ttgatcgtaa agacctttta 36180
gatacaattc cgttatctac acaatatcaa aatcataagt ctttacataa atgccggcta 36240
attcgaaatg ctgaatccgc gtatgaagca attgatttgt ggcgtaaacg ccgtgaatat 36300
attgattctt taaaagaata ttaagaaacc gggtcgctac cggtaagtcg tcggactgat 36360
gttccctgga gtatagtttc ctcccacagt tttactgtgt tctggctctt tactatcaca 36420
gcagaaacgg cgcaccgaat tatcgattcg aggaaatatc tttgccgtaa gccgagtagc 36480
gtttttgacg gaacgttcgg atatggtcga gatatggcct tttaaaaata ttgagtagcg 36540
tcaactactt aataaccggg ttcgaatccc ggcgtttcgt acaaacactt gccttagcag 36600
gtggaacccc gacaaggttg ccgcaaggct tagccccgac cgaaaggttg gggcttttg 36660
gtataaatat tagtatatta aatctacaaa ttaaaacagg aaataagatg aaatcatata 36720
ctcaattttt aaatgaagcg gtgttaaatg aagcatctag caccgaaatt caagctgttg 36780
caaaagctgc cattgccgcg ggtaaatatt cctataaaga tgcttctgat gaatcgcgat 36840
tccagtttgc acgcgacatg aaagcggaag gatttacggg aaatgcagtt agtatggcct 36900
ggaaaagttt agttgctact ggcgctgctt ttgcaaaggc ttcgggtaaa cctgctccta 36960
aagcagatcc taaagcggca caagaaaaaa atatcgttaa aggaattatc gctaaatatg 37020
aagctatcct taaagagctt ttagtaatca aaaccgaagg ccaaaagtta gcccgtgctt 37080
atagtttcaa agataatcca catgttcact ctcttgagta tgttgaagac atccaaaaaa 37140
ttattaaaga ccgcatttgg tctgctaaac aaatcaaatg acattcttag ccccgaccga 37200
aaggttgggg ctttttagtt tgaatcactc ggataacgct gttacggata gtaacaaagt 37260
aataaataat taataaccaa ccgataaatt atttcaagga ttttaaatga aaacctatgc 37320

426

426/758

Фиг. 17U

sequence.txt

cgaattttta accgaagcag caaaattacc atctgaagca gatcttacta aagtattctt 37380
ccaattggac ccaaaagacc gcggcgattt tcttaagtgg aaagctaaag ctattgaaat 37440
gtacaacatc gataatagtt cttttacaat gagtcaagaa aataaattca ataaagcatt 37500
tttcaaaatt tctaagaaat tggcatctgg cgctcaggtt cctaaatctg tgttagctac 37560
tcctgaacgc gcacctgtta aaatttctaa gaatatgttc gacactaaaa aatacgttaa 37620
tgctttgaat aaagctcttg atgcattgga tgatgcaaag aaggcagccc gcgatcttca 37680
agacgtgtac accgattttg accgcaaaac taaaggttct atttcaaata gcgaacgcaa 37740
tagtgtaagt gtttattctg atagccttga tgttcttggc gatgcgtata ctgaaattaa 37800
aaatcgtatt aacactgcat ctaagctaaa agctgctgca gaagctataa taagtaaact 37860
aggtaaataa ttttaaatcc ctatctaaat gatagggctt tttggtatct aggcctttct 37920
ggacctctct aggcatcatt tagtttatac cctttataat atattatcct atcctttaat 37980
tgcccatccc tgccctagaa ttccctaaaa attttttcac aaaactgttt acatctctgt 38040
tcttccatgg tactatacaa ctatcaacta ctgatacaga aaacaacttg gagaatgaaa 38100
tggataatta cggcgaactg ttcaacttct ttatgaaatg cgtttcagaa gatttcggtc 38160
gtacagtgaa tgatattaaa gttatcggtc ctgatcatcc gatgtttgaa acttacgcag 38220
taatgggtaa tgaagacggt cagtggtata ctgtaaaagt tgtgattaat atgttcacag 38280
cagaaggtta tgttaaactg tcttctaaag tttaccatga taacgacgaa atcgcggaag 38340
aatatttcaa taatatgaaa taagtttacg caggctcatg attgagatat tatgagccta 38400
taatttgacg atagagtatt atactcctac ggattttaaa tctcaattaa cctaaggaaa 38460
tactatgaac acactgaaga aaattgttga gtttattcgc actaaacttg gttctgctat 38520
ggctaaaaat ctatctgtcg aagaacagta tactgctgca gcagcaaaac tacttgataa 38580
aattaaagat ctaaaaactg cttctgttaa atctattaac gaagaaaaac gtattcgtga 38640
acttgttatc gaaaagaatc gacaggccga atcaaaagag cgtgaaattc gtaaacttct 38700
ttccgaaggc caagatgtaa caatgcatgc taaactcggt ttactatatc gtcgaacagc 38760
tgagcagttg actactaagg ctgacggtta tgctgaaatg cgaattgaaa tcgccaagaa 38820
agtagttgag ttagatgatg ctcgtcaaga acttgcggtt aaattggaat atatccgtga 38880
aactcgtgca gcaaatgccc ttggaattag tactgctgat gatgtagttg aaattgcagc 38940
actgactaag gttgatattg aagataccct tgctcgagtt gaaaccttta acggtaatat 39000
ttctggggtt gaaactacct ctgccgatgt tcaggaatac attaattctc tgaaataatg 39060
ataaggggct tcggcccctt atacttggag taaataggaa tgaaaatgaa aatgcaaagt 39120
gatttcaatt caatgtttga agagttccaa agacaggttg atgttccaga ccaattacta 39180

427

427/758

Фиг. 17V

sequence.txt

aatgctctta aacgcatggc agaaggacgt aattactatt gggggtcttc atatgaaact 39240
gatgaaagcc tttccggaag attttctaga ggtaaaaagt ctttaatacg tcctggaata 39300
ctcattaaca gtattgaatc aattcattca ttgacgtgtg attttgatgt tgaatttact 39360
gatttcattt ctcctgaatg gacggtttgt tatttaaacg acgattttga ttatctcggt 39420
gtttatagtt taagtgacgc atggtttaaa cgtaatttac aaaagtcaaa tttattttat 39480
attgatacta ctgtaaaatt tcagggcaag aaatatttct ttactcttat agttgattct 39540
gaaacgaagc atgaaaataa acgtattctt agtaaaaaga atatcttaac tattgttgat 39600
gatctttttg ataaatttgt agaaaatccc aattttgaaa gtgatttatt actagaaaaa 39660
tttgttaagg aatgtagaga atatgtcaaa accatcacta taccttccaa gtaaacctgt 39720
gaagtatgaa ccaaagcgtc agataatttc tactgatgtg ttaataggtc ctgttatact 39780
catatcattt gtaattctat tgattattgg aggtgtttta gatgttatga ctgatattga 39840
ttctggcgaa atacttgtgt taatgctaat tcttccatta atagttccac ttttattagt 39900
acccgtaaat tgggtaggat actggtatca aggaagacat tatcgtaaac gtgtacgtga 39960
ttggaaagct cagtgtaaaa agattaaaaa ggaacaccag cttaagctag atatgtatga 40020
atttgatgaa attatgaaat ttgttaagga atcacgatgc aaaagccaaa actaaataaa 40080
gtcaaatatt cgtttcctga ggcactatta attcttgctg tatcagtatt tacagctctt 40140
gcgggtagtc ttattggatt gttaattgac tgttttattt taaatatcga cggcacagta 40200
attataacag aggtttggag tgaacttcgt tttactatag cgatttcatt attttcattc 40260
tttggtacca tgttatattt tcattatgat aattttaaaa taaattggca aagaaaaaag 40320
gattacaaaa tacaattaaa ggaatataat agctatatgt cttatattga aaaagaatca 40380
atggaagagt ttgtgagtga ttgtaggaaa attaaatgat tttaaaaact cgctggtatg 40440
atttagatga tggggacgat ggcatttcag ttgatagagt tgactggagc ggctgttctg 40500
aagatacaaa gaaacgatta attagggagt ttagaatggg atatcaagca gttaagccat 40560
ctactgtaac agatgataaa ttcgtgtgta ttcataatgg tcgtgctaag ttaacgaatg 40620
ctgaatggtt cacagataag attatgattc tgtggtatat cattagtctt cctgtgtcat 40680
cattcgtatt ttacttttt ataaaaaatc caatggacag aataggagat tggattcttt 40740
taaccatact tgttaatatt tttacagcat caatattatc tgggatatgg tacacgttca 40800
ttgaaatgcc atggcggcta cgcagacaac aaaagatttt tgatgaaaag aaatatactc 40860
aaaatttaaa taactttatc actgaatgca ggaaattaaa atgaaaacat tatcagctgg 40920
tattatcttc atgacagaag ataaagattt atttatgggt cgggttactg gttctcgtaa 40980
gcctggaatg atggcacatc gctgggatat tccaaaggga cgtgtagaaa gttctgattt 41040
gaatgcactg gaagctgcaa aaagagaatg cttagaagag accggtttta gcaattataa 41100

428

428/758

Фиг. 17W

sequence.txt

tccagacctt ctagaagacc taggtgtatt taaatattct agtaataaag acttacagtt 41160
attttattat acgattccag tagagcatga gatgtttaga aattgccatt gcgagtctta 41220
ttttgaaaat aaagatggcg ttatgattcc agagatggat gcttttgctc ttattcctcg 41280
tactcagtgg caatatgtga tgggtccttc actttaccga ataatgaaca gcctctttta 41340
atttataaat accttctata aatacttagg aggtattatg aatatatttg aaatgttacg 41400
tatagatgaa ggtcttagac tcaaaatcta taaagacaca gaaggctatt acactattgg 41460
catcggtcat ttgcttacta aaagtccatc actaagtgtt gctaaatctg aattagataa 41520
agctattggg cgtaattgta atggtgtaat tacaaaagat gaggccgaaa aactctttaa 41580
tcaggatgtt gatgctgctg ttcgcggaat tctgagaaat gctaaattaa aaccagttta 41640
tgattctctt gatgctgttc gccgctgtgc attgattaac atggtcttcc aaatgggggа 41700
aaccggcgta gcaggattta ctaattcttt acgcatgctc cagcaaaaac gctgggatga 41760
agcagcagtt aacttagcta aaagtagatg gtataatcaa acacctaatc gcgcaaaacg 41820
agtcattgca acgtttagaa ctggcacttg ggacgcgtat aaaaatctat aaagttgttt 41880
actttctcct agaattgtga tagtatattc acagttactt ggagggataa aatgactcgt 41940
attaatttga ctttagtatc tgaacttgct gatcaacatt taatcgcaga ataccgtgaa 42000
ttgccgcgtg tttttggtat agttcgtaag catgtggcaa acggtaagcg cgttaaagat 42060
tttaaaatat cttctaaatt tattttaggt tctggtcatg ttactttctt ttacgataag 42120
ttagaatttt tgcgaaagcg tcaatcggac attataacgg aatgcttaaa acgcgggttc 42180
agtataaaag atactgaagt tcctgacatc agcgatattc cagtagaatg gaaaaatgat 42240
tataatccat gcaaatcagc tattaagttg agtcaacaac gactcgatga aaaaatttta 42300
atgaagccac actggtataa gtattacggc aaaaatattt acatttaaat aacatgggaa 42360
taacctggac ctcatgattc tgtgagggat tcccgccaac ctgtaataag gtcgagccca 42420
agtgcggtaa tgggtaaata cagaaatgga caattcatgc gccatggaat ggcccaaacc 42480
tagagagaac aaaatgagaa catttttaac tggtccttat ctatccctga tgaatgcttt 42540
tacacaccat tctgatgcta gagtagaaga aatttgtaaa aacgaatata tcccgccatt 42600
tgaagactta cttaaacagt attgtacact tcgactagat ggtgggcgtc aatctggtaa 42660
atcaactgca gtaactaatt ttgccgctaa ttggttgtat gacggtggaa cagttattgt 42720
tctttctaat acttcagctt acgctaaaat ttccgcagat aatattaaaa aggaattttc 42780
gcgttattct aatgatgata tacgttttcg tttatttact gattctgtgc gcagttttat 42840
tggtaataaa ggaagcaagt tcagaggttt atcgctttcg cgaattttgt atataattga 42900
tgagcctgtc aaatctcctg atatggataa gatttatagt gtccatattg acactgtaca 42960

429

429/758

Фиг. 17X

sequence.txt

ctgctgctgt aatattaaat gttgcattgg tggtattact cgtccacagt ttttcgtaat 43020
cggaatgcaa tgatgacaga cactcagctt ttcgaatatc tttatttttc gccaaaaact 43080
attaaaaata aattggtgaa tcattttgaa attttggcaa aaaataacat tttgagcgaa 43140
ttttatccca agcaatacaa attacaaaaa ggcgtattca aaggatgcag agttttgtgc 43200
acggctccta atgcacggct aatgaataaa attccatatt ttaccatgga atttattgat 43260
gggccttta aaggactaat cacacagagt ttaatggcat atgattctga gccattttta 43320
attaaagaac aatcttggat aaatttattt tttaattgag gttatatgaa agcatatcaa 43380
attcttgaag gcacacataa aggtactatt tattttgaag atggtattca agcacgaatt 43440
attgtctcta aaacctttaa agaggactct tttgtagacc cagaaatttt ctatggtttg 43500
catgcccgtg aaattgaaat tgagcaacag cctacagtta aaattgaagg tggtcaacac 43560
ctgaacgtta acgttctgcg tcgtgaaact ctggaagatg cagttaagca tccggaaaaa 43620
tatccgcagc tgaccatccg tgtatccggt tatgcagttc gctttaactc tctgactccg 43680
gaacagcagc gcgacgttat cgctcgtacc ttcaccgaga gtttgtaatg gcaaagataa 43740
ttattgaagg ttctgaagat gtgctaaatg ctttcgccga gtggtttagt aattcaggcg 43800
aacagcaatt taacgaagca tggaacatgg gtgatattaa tggaatttat cctacgacag 43860
aaatttctgt tcaaggatat ggcattcatg aacctattcg tttagttgaa tatgatttgg 43920
gaacaggtga ggaagtaaaa tatgattgaa gacattaaag gttataaacc acatactgac 43980
gataaaatca gtaaagtgaa tgctatcaaa gatgctgaag ttcgtttagg gcttatcttt 44040
gatgctttat atgatgaatt ctgggaagca tttgatagct gtgaagatga tgaactcgcg 44100
aagaattacg ccgaaagcct cgatcagtta actattgcta aaatgaaact caaagaagcc 44160
agtatgtggg cttgtcgcgc agtgttccaa ccagaggaaa aatactaatg gctcaattaa 44220
gcgcagggtt tggttatgag tattatactg cccctcgtcg tgtatctgtt gctcctaaga 44280
aaattcaaag tcttgatgac ttccaggaag tagttcgtaa cgctttccag gactatgcac 44340
gttatcttaa agaagattca caggactgtc tcgaagaaga tgaaattgct tactatgagc 44400
agcgtcttga acagctcaaa aatctacatg aggttcgtgc agaagtttca aagtctatga 44460
ataaattgat tagatttaaa gaataactgt ttacttttcc tcttgactgt ggtataattt 44520
ttctatcagt taagaggaga ataacatgac tatcaataca gaagttttta tccgtcgaaa 44580
taagcttcgt cgtcactttg agtcggagtt tcgtcaaatt aacaatgaga ttcgtgaggc 44640
atcaaaagca gcaggagtct catcgtttca tctaaaatat tctcaacatc ttcttgatcg 44700
tgcaattcaa cgggagattg atgagacata tgtttttgaa ttattccata aaataaaaga 44760
ccatgtttta gaagttaatg aattcctgag tatgcctccg cgtcctgaca ttgacgagga 44820
ttttattgat ggggttgaat atcgtcctgg acgtttagaa atcacagatg gaaatctttg 44880

430

430/758

Фиг. 17Y

sequence.txt

gcttggattt acagtttgta aacctaacgc gaagttcaaa gacccgtcac ttcaatgtag 44940
gatggcaatt atcaacagtc gtcgtttacc aggaaaggct tctaaagcag taattaaaac 45000
tcaatgaggt aagcatgaga aaagcactac tcgctggtct attggccatt tcaatgatgg 45060
cacatagctc cgagcatact ttcagtaatg tccaactcga taacatgcgt tacgcgtatc 45120
aattcgggga acaattttct aaggatggaa aatataaaac acacaaaaac atccataaga 45180
gcggattggg tcatataatg gctgctattt tgtggcaaga aagctctgcc ggagttaatt 45240
taaaatctaa accaaagcat catgcctatg gaatgttcca aaattatttg cctactatgc 45300
gagcgagagt caaggaactt ggttataata tgaccgatgc tgaaataaaa agaatgttga 45360
ataaacggtc caattcagct tcctgggcgt acattgaact ttcttattgg ttaaatatac 45420
ataagggtga tataagaaaa gcaatatcat cttataattc gggatggaat gttaaagcag 45480
gttctaaata tgcttctgaa gtcctagaaa aggctaatta ccttaaaaat aataaacttt 45540
tggaaatagt aaatgactaa aattttggtt ttatgtatag gattaatttc attttctgtg 45600
ttagcagata catcatatac tgaaattaga gagtatgtaa accgtactgc agcggattat 45660
tgcgggaaaa ataaagcatg ccaagctgaa tttgcgcaga aattaatata tgcatataaa 45720
gacggagaaa gagataaatc aagcagatac aaaaatgata cattgttaaa acgatatgct 45780
aaaaagtgga ataccttaga atgttcagtt gcggaggaga aagataaagc cgcttgtcat 45840
tcaatggttg accgtttagt agattcttat aatcgaggat tgagtactag atgattgtaa 45900
aatatatcaa gggcgatatt gtcgccctat ttcttcaagg taatattatt gcgcacgggt 45960
gcaattgctt ccacacaatg ggctctggcg tagcgggtca attagcaaga gcctatccca 46020
aaattttaga aatagataaa accactaccg agtacggttc tcgtgataaa ttaggcgata 46080
tgtctattgt ttttaaacat agtcctacgg gatttggtat atgctataac ctgtatacac 46140
aatacgaacc gggtcctaat cttgattatg gtgctttagt aaactgcatg atagaattaa 46200
atctacaggc agaaaccctt ttgtttaaac cagtaattta cattccacgc ataggttgcg 46260
gtattgctgg cggcgattgg gataaggttt ctaaattaat cgacatgttt actcctgata 46320
ttgatttaat agtggtggat tatgaaagta cattacccgc atccgtttga tcctaaaaac 46380
aaagtggaaa ttattcgtca atgggaacgc atttgccgta ctaaatgccc aattaatagt 46440
ccacatgatg tagataaaga ctatattgga acattcgttg aatatacctt tattgatagg 46500
aaaggtcgta aacaacatgt agaagaatat tgtttaaagg ttacatggtt atgagccaaa 46560
ctagtattct taaaaatgcc cactgcgaaa agtgtgaatg gccagttgtt tttgctttat 46620
gtaatgatga aatggcttgt gatttcgatt attggtgcta ttgttctaat aaaggatgca 46680
tcaatcataa aggtgaagga ttttattcag gattttatcc ttatcctgat ttcgttaaag 46740

431

431/758

Фиг. 17Z

sequence.txt

aaggtaaacc gaaatgaata gttttgagtt acagtatgaa gtgttacgtg agcttgataa 46800
tttaattgaa ctcgctgtca ataaaggttt tgccattgga atcggtcaaa aagatactgg 46860
tcatttaact atggaaatat ttaagcaaaa gcgaattatt ttaaaactcc tggaaattaa 46920
tatatgagtc tgagtaaaga acaaaaagat aaattgtttg agcttatcca tgaacttcta 46980
gatgagcata cagaagcaaa caccttttat gatgaatacg gcccgctatc tcccgaacag 47040
caagaagaat ttgctgatcg gtttgataag aaagaaaacg aattaatagc ttatgtgaat 47100
atgctttaag aaggtgatat ggcgagttta atttttactt acgcagcaat gaatgctgga 47160
aaatctgctt ctcttttgac tgctgcacat aattataaag aacgcggaat gggtgtatta 47220
gttcttaagc ctgctattga tactcgcgat tctgtctgtg aagtcgtttc tcgcattgga 47280
attaagcagg aagcgaatat tattacggat gatatggata tttttgagtt ctataaatgg 47340
gctgaagcac aaaaagatat tcattgtgta tttgtagatg aagctcagtt tttaaaaact 47400
gaacaggtgc atcaattaag tcgaattgtt gatacatata atgttcctgt tatggcttat 47460
gggctaagga ctgatttcgc tggaaaatta tttgaaggtt ctaaagaact tttggcgatt 47520
gcagataaac ttattgaact aaaggcagtt tgtcattgtg gtaaaaaagc tattatgaca 47580
gctcgattaa tggaagatgg aacaccagtt aaagaaggta atcaaatctg tattggtgat 47640
gaaatttatg tttctttgtg tagaaaacat tggaacgaat taactaaaaa gctcggttag 47700
tgcaaaagtt ataaataggt ttatctaact aaaggggtat atatgctaca attaactgaa 47760
aagcaacttc gcaatcttac tgttcttcaa ttagatgaaa ttcgtaggga agttggaaat 47820
atcatttcag ctttgcgtcg agaagtatca ctcaaccaat ctccggcaga ctatactaga 47880
ttgcgaaatt ttgaaaaata ccttgataaa gttaaggccg tgcatcggca taaagtaaat 47940
acaggacaaa aatgatagga ggcctttatg gccttaaaag caacggcact atttgccatg 48000
ctaggattag cgtttgcttt atctccacca attgaagcga atgtcgatcc tcattttgat 48060
aaatttatgg aatctggtat tagacacgtt tatatgcttt ttgaaaataa aagcgtagaa 48120
tcatctgaac agttctatag ttttatgcga acgacttata aaaatgaccc gtgctcttcc 48180
gattttgaat gtatagagcg aggcgcggag atggcacaat catacgctag aattatgaac 48240
attaaattgg agactgaatg aaattcagcg acttttcaca aagtggaaaa ccttcaaagg 48300
cagatgaata cttaggttta ttaatggctg cacaagctta ttttcattct gcgcattttg 48360
aaactaaaag ttatgctaga cacaaagcat acgattttat tttctctgag ttgccagatt 48420
tgattgataa atttggtgag caatatttgg ggtattctgg tagaaaatac acgccttcta 48480
ttccagatgc cagtaaactt cctaccgaca caattaaaat gattgatcgc atactagacc 48540
aatctaacag catttataaa gaaatgcctc cagccattca aagcacgata gatgatatta 48600
ctgggatgtt ttaccagagt aaatatcttc tttccctcga ataacattag tctccttcgg 48660

432

432/758

Фиг. 17AA

sequence.txt

```
gagacttttt tcattttacc ggtttacttt ccatttgagc tgtgatacta tacaactatc    48720
ggataaagag gagaacatca tgaaaattga agcacttaat caagaaggaa atatctacgt    48780
catcattaat ggtgattttt tcgtcgacat ggatgaagtt actagtgaag aacttgtaga    48840
acttcttaag aaacgttatg atatgtgtga tgaagctgca actcatatgg cgtgtgcaat    48900
attctctctt tcatatgtgg tggaataatg actagaattg aacaagcaga taaaattaaa    48960
gaattggtag ctttaattcg caaagcagat gaggaactta gtgactttgc ttggttttcg    49020
gcaggcattg caaataaagg tattgaaaaa tttgaagcta aagttgataa tgctttagaa    49080
gcgttagata tgtttcttga tgaaattatc gatcataata cgagagtgta agtatgctaa    49140
cacgcgaaca gtttgaaaaa atcattaaat tagcacgtga tattgaaata gattcatatc    49200
aattagcagt tgagcattgt gaaggatatt catacgatgg tatagaagca gctaaaaagg    49260
atttggataa atctaaagct aagttagttc aatatcttga aatgattagg tggaataatg    49320
aaaactgaaa agcagatgtt tttaatgaag ctaattgaag aatatgctaa tgcagtttct    49380
gactatgaat gttcttctcg tgaaagaggt acagctttcg ctaaagaaga attgaaaatc    49440
atggttgatg ctcatacaaa gcttcagaat tttattgaaa acgtcattta atggtttaca    49500
agttggcaag gttatggtat agtaatcttg tcaactgcca aggagaagag aatgaaagtt    49560
ttgtttgttg tgtatgtgat gattcaatat aattacccaa tgtttactta taatctggtg    49620
aacaacatta ttgatattat tcaaaggagt atgtaatgac aagtgagcag gcttttaaat    49680
taaaagaatt aattgaaaca tatagcaaag ctgttcatac agcaacagtt attgatgaat    49740
cagctttctc cggacatgct aacaagatta aatacaaaac tcttatggaa gaagctaaag    49800
taaatcttga ttcttatatt gaaacttaa ttggtgaata acatgggctt tcctaaatta    49860
gaagtaggtg atttagtttt aacaaaatta tggaatggtg ttcaatcagt agaaatctgc    49920
caatatcgtg gagcaacagg taatttgatg tacacgattt ataatccaga aattttgtta    49980
gagtgtcatt tggaacgctt tataaaagac accgatagta tgccttatag tgtatcaatt    50040
gtacgtaaat ctgatacaaa ggaatattct aaaattttag aacaaattcg tgccaataaa    50100
aaggattaat atgaaacgat tagtattaga agttagtccg ctttttggtg aattggctat    50160
agaaaaagta aataacatgt atcgtttgac gcaagaagac gatatgctat attttacgcc    50220
tagtgaaatc attcatttaa cccaaattga atatccttat actgataaaa tagtaagcat    50280
caatgatgag cacaaaattc atttttattc ttcatgccca ggatttaata ttaaaagtga    50340
gtcaatgtgt ttatcagtta tccattggga tagttttata gataagatta aatattttta    50400
ttattctaat gaaagaaaac atagtttaaa atggctcaaa aattgcaatg ctattattac    50460
taacgcttgc aatcagaatg atgaaactct tttaaatgta tcaaaatgtt atgaagaggg    50520
```

433

433/758

Фиг. 17BB

sequence.txt

agatgtctta actattcgcc aaattgacga ttttcgatca catattgtca catttaccaa 50580
agacgaagct attgcgttaa agacttatct tgattctgtc attccaacta tgatttcaaa 50640
gtgaggaaat atgtttattt caagtggaag cggtttaatt cgtgttgaat ttaaaaatga 50700
catctttctt agtcaaggag atgatattat taaaatgagt tatgacgaaa tcaagaaaat 50760
ttgtcatgct cttgaaagtc atggaaagga aaatgctact atcgatatag gtgatttatg 50820
ggtgacactt tatgaagtat ccgaaggatt taacattgaa gatgaaaaca acattttagc 50880
tattgataaa agaagtgatt tgtttgatgt attaaaagtt tatgaacagt caaatggtgg 50940
aagaaaagct gtattagttt atcaaaaacc acattcatgt ggaactgctt caatcatttc 51000
aaatattgaa gatgaaactg atacttatat gtgtgtttta aaagctggtg gtgaccgtca 51060
tccggatttt atttctattc gtcaaaataa tggagaaatt tcattatcaa aatcagaagc 51120
tgaagctatg attaagtatt taacaactgt tacaccttca atgaaaggat aattatgatt 51180
attaatgaaa actcttggca ttataaatta ttcaaaatgt ttaacgacga atggaaacga 51240
cctaagacac tttgtgcata tttttggtct attgttatcc ctacattttt cgtttctttt 51300
ttcggatgta ctatactcgc aggtctaact attatctgtg cagaaatcat acagaaatgg 51360
cttatttttg gtagtttatg gactcttatt ccatcagcat ttatacttgc cattttgctt 51420
gttttactta ttatcggttc atttgttatt cctgcacaac tacatgaaaa atataaagat 51480
tataaatgga aaaaggatta tgctttacat gtagaaaata ttgatagggc gtataaaggt 51540
ttacctccta ttcaacccaa gaaatctatt atcgtcgaat ttttaaaagc gcgtaaagct 51600
aaagtatgtc ctgttattga atataaggct gaatgatgaa aacagtaatg aaaagctatt 51660
ttggtagtca tctttatgga acttctactc cagaatctga tgtagatttt aaagaaatct 51720
ttgttcctcc tgctcgcgat attcttatcg gaaatgttaa agagcatatg agtaaaaaca 51780
ctaacaacac atcatctaaa aacactaaag atgatattga ccatgaacta tacagtctta 51840
aatatttctt taaattagca gcagatggtg aaactgtagc gttagatatg cttcacactc 51900
cacctgagtt agtggttaaa tctgatttgc ctgatgtgtg gaagtttatt caagacaacc 51960
gttctcgttt ttatacgact aacatgaaat cctatttagg atatgtccgt aagcaagctt 52020
ctaaatacgg cgttaagggt tctcgtttgg ctgcattacg tgatgtattg aaagtagtta 52080
atcaaatccc tgagcagtgg gttgattacc aagaagatgg ttctattaag cagcgtcgta 52140
ctaaagttga agatattaag catcgtcttc cagaaaacga attctgtgaa tgggtgttcc 52200
ataatcatga gaaaacaggc ccacagacgt tctacacagt gttgggtcgt aaatatcaga 52260
caacgctttc tcttattgag cttaagcagt cactgaacaa attagatgct gaatatggtg 52320
aacgcgctcg taaggccgaa gccaatgaag gtattgactg gaaagctctg agtcatgctt 52380
gccgtggtgg actccaacta ttggaaattt acaaaactgg tgacttggtt tatccactcc 52440

434

434/758

Фиг. 17CC

sequence.txt

aagatgctcc atttattctc gacgtgaagt tgggtaaaca tccatttaaa acggttcaag 52500
agtttttgga agatgtggtc gatcaagtag aagcagcatc tactgaagct tctaagaacg 52560
gtatgcagca aaaagtagac atgagtttct gggatgactt ccttgagaag gtctatcttg 52620
aaaaccatcg aagttattat aaatgatagg gagccttcgg gctccctttt ttattttaaa 52680
aatttttca caaaactgtt tacaagcata aagctttatg gtactataca actatcaaaa 52740
caaacactta aacggaaaac aaaatgaaaa ttacaccaat tgaagtaaaa aagttgattg 52800
atacagaaga aatttcagag tgttttgaaa gtttcttaga agacgcaact gaagataacg 52860
cggtttatct cgcccagaaa attatcgaaa cttatttgga gaagaatcaa tgacagttta 52920
cgtagatgtt ttaatgaatc atggatggaa acttcgcggt catccaacta aaaattgtca 52980
tatgttcact gatggagata ttgaagagct tcatgaaatg gcagaagcaa taggaatgaa 53040
acgttcttgg tttcaagata aacgcattaa acattatgac ttacacgctc gccgacgcca 53100
aaaagctgta gaacttggag ctgtagaagt atctcgccgt gaagcagtaa aaatttggcg 53160
aacgttaaaa taaattgttt acagaagggt agtagtgtga tactattacc ctatcaaaac 53220
aaatgtgaga ttggagaata aaatgaaaac tgtaactatc aataagggta tctacttcgg 53280
taaagaaatc tctggaactt ttgagctctt aggtgaatgg ttcccagata atgctccggt 53340
agatgcacaa ggagatggta aagtttttgt tgaaattgac ggtaagcgtc gcggtgtttg 53400
ggtttacaaa tcagacattt catatgatgg tgtaaaagtt gaagaagtta aagaatcata 53460
tgaagatatg aaaacccgca ttaataaaag atttaatgtt atgggaatga tgacgaatgg 53520
tattattaac ggaaacattc gttcattaat tatctctggt gcggcgggta ttggtaaaac 53580
gtattcttta gataaagctt tgaataaagc aaatgataat ggatacattg aatataaaag 53640
cattaacggt aaaatctccg gtatcggtct ttatgaacaa ctttggaata atcgtgaaga 53700
gaattctgtc cttttgattg atgatgtgga tgttttctct gatatggaca ttcttaatct 53760
tctgaaagct gctctggaca ctggagagac ccgtaaagtc tgctggagca ccgcatcttc 53820
ttacttagaa gaaaaaggca ttgagcgtga gtttgaattt aaaggaacga ttgtttttat 53880
cacaaacgtt gacattgacc gcgaattaga ccgtggtact aaacttgctc cacatttaca 53940
agcattagtg tcccgctcgg tttatttgga tttgggtgtt cacactaatg aagaaattat 54000
ggtcagggtt gaagatgtta ttctttcaac tgacatgatg caaaagcgcg gtctttctga 54060
tgaagaaact tataaagcat tatcatggat gaaagttaat gttaatcgtt tacgcaatgt 54120
ttcactgcgt actgctcttt atcttgctga ctttattatg accgacaaaa acggttggga 54180
agaaattgct gaggttactc ttctgaaata attcataaga ggacttctat gacaaaaagg 54240
cagttcagaa atagattata tggactgcca ttaaaaagat gactagaatt aaactggtga 54300

435

435/758

Фиг. 17DD

sequence.txt

atggaggtaa tgatgttata ctcaaaggct cgtgaaattt acgaaactaa aattaaagaa 54360
gcagtattta agttcgcaac gacaatgcga tggacaaatg actgggagta ttcaaaaaat 54420
cataagaagc ccatggtgac aagaaaggct catatgttag tgttaataga ccgtgagcag 54480
attaaagccc gagaagccct ccagaatcat aaaaaggctg cctttgaatg gtttatggat 54540
aacactgctc ctgagactaa gaaagcggta agcgcatggt tcagtggaaa aaattgtgaa 54600
agaagtttct tttagtggtt tacaagactg ttcctctgtg gtactataca actatcaact 54660
acggaggaac acaaaatgaa cgctaaagat attttcaacc tggtaaatta caacgatggt 54720
aaatttaaat ctgaagcaca aagtaagttc tttaatgaca tctcaatcgg aggtgaaatc 54780
acggttgacg gaggacaaat ttacaaatct cgttggaatt ggatcgttat tatcgatgag 54840
attggtattg tagaaattta caagaatacg aataaaaatc gtacattaca ctggtctcgt 54900
gatactaacg aacagtacaa aaaggataaa gcatctaaat tatctcgtgt aactcaagaa 54960
gatattgagt tcatcaagaa agatattttg atgtatgata acttaattgc tgaagagcaa 55020
gctgttattg ataaatttga tgagattaaa gcttctcgtg aaattcctga ttttatgaaa 55080
gaatcagtaa atgaacgata cactctcatt tcagagcgta ttgaaactta caaaaagcaa 55140
agagctgaac gccagaatac tcttcggaag tttgaagaac ggttaaagac ggtactcgca 55200
taaccgcttt ataccaagga tggtataatg gttctaagcc cttttaattg agattattat 55260
gaaacagttg ataattaaaa gattgaattt attgatatgt tgtttatgta tagcaattgc 55320
atatggttat tacgcaatta atgattatat gcattataaa gattatgatg ttactgtagt 55380
taataccatt acaggaacac aaggaaaagg gtctagttta tcgtttattg ccgtatatga 55440
actcaaagat ggttatagat ttagtgaata tatttcccca gagatgtatt catcaataga 55500
aaaaggtgat aatattactg taagtttacg tcctttcgac gtaaaacaga cattgtttga 55560
taatattgtt tggttctttg gaatggtatt agttcaatct gtgtgtggtg cttatatagt 55620
ctgttccatc ttattctgta tatttagtaa aattgaaatt gagtgaggaa aatatgtcag 55680
tagtaattaa taatgtcaat gcagtaatta aatctttagt taataaaaaa ttaaatgaat 55740
ggactgtact tcgtcgtgga gagccagata aatttttca tagatttaac ccaactttgg 55800
atttgaatgt tattgacaga gatgttcatg ctgaaatttt agataaattt aaagttgata 55860
ttgggtttgg gttagataaa catttgcaac gaacaaacgg atctggaatg ggtttatcta 55920
atcgcatcat gaaagcccct aataaaattg gagcgttgtc tcgtattaat gcgagtgaaa 55980
tccttcgcaa ttataataaa ggatatgacc tttatggtcg actaatgccg aaattatcat 56040
ttgaccaaat gattgcggat ttgtgggaaa atcaacgacg attattagca ttaggcgctc 56100
gattagctaa aggtctagat aaacaaatga tttttaagac caataataca gaagacctta 56160
aatgctttaa atttagtact cgtggagatg attattacat cagagctcgc tctacagatt 56220

436

436/758

Фиг. 17EE

sequence.txt

atgttaatat ggggcatcat ctctgtttag cttttgaagt tttaaaagaa gccggaacat 56280
tagaatatgt gtctggtgct aaatgtccga ttggttcaaa ttgcatttta atttatcgcc 56340
cagatgaatc cagttcaact aaattaccta caaaacctgt accagttcgc agtaatgaaa 56400
aacattctga acaaattgct tattttaata agcagattga agagctaaat atttctattc 56460
agcaatatga tgatgaaatt ttcagactat ctggattgag tagtaaagct aaatctgagc 56520
gtgaaaaatt aattaaaatc gttgatttac ttaaatctta aggaacacca tgaaaactcg 56580
ttctcaaatt gaagatatgg ttcgtaatgc cagctatact cgtgatgtta tgacattttt 56640
gtgtgaaaat aatttagacc ctgataaagt taatcgtgtt attcatcact ttaagtatac 56700
gaatagcagt gaatgggtgc gtaattttag taaagcaggg tatattacac aaatgactgc 56760
tcgtgaacag ctcaccgatt tctgtaaaac tattgattat aaaaatcctt tgattgttca 56820
aggcgttggt caaagtaagg tcgatttatc atctggattt ttcaatccaa atcattatcg 56880
tattgaatgg agatttattg ctctattccg taaacaatta aagcaaattt tgtctactgc 56940
tagtcgatta aaaggctctg atattaactt aaagaacctg aaatttgatg gttatactct 57000
tcagatggaa gtaagaccgt taaaagaaaa taatagaact gcacgaatta gctttaagcc 57060
taatactaaa aattctcttt caatttgtga atgtcttaaa tcacagctga cagaagcatt 57120
taagtatatg gatgttgttg ctgctgttca atctaagatt ttacctcgtt ttgagcgaaa 57180
ttgggaacat acaacaacat atgaacttga tatgatcgtt tcatttaaat atgaattttt 57240
gagaaaggat gaaattgttc aagagaaaaa gcaggaagtg caagatacct taaatttaaa 57300
tttatccaat tacttatcaa acgatcctaa attttggatg tatagctcaa gcaatataga 57360
tgcatgtaaa cttaataaag tgagttttct tcctactgaa aattcaaatt ttaaacctgt 57420
agaaaaatgg cacgctgacg cgattgagaa gtctcttaag gcagtagatg atgaactcgt 57480
taaagcgacc aatgaagtgc tagaagctga aaaggcgtta gaacaagctc agtcaagggt 57540
tcaaaatctg acaaagcaac gttctaaact gaacaatgca ctaaatgcac tgaactagtt 57600
tactttgcca caaggatgtg gtataatgtt tttactttct actgaggaga ttattatgac 57660
tcgtaacgaa tatatcaaat cattcaatag cgttattgat gataaagcta taccgatgtt 57720
tggccaaaat agcgttcttt ctattatcaa tcaatggctc aatagtgttg atgcaagtat 57780
tgtttcttct actaaattta ttcatgaaat tcgtaaaatt tctagccgtg tagataaaga 57840
tgttatcaag aaaaccttta aagagtctcg tcttctttca tatttggtta atcgggatat 57900
tcttggtaat tttgggaaag aaattaaacg aactaaagat gtagtaggat acaattggtt 57960
cggtgatgtt aattcttatc atcttaatat taaagaagac cctgagaata tttttactcg 58020
tcgttggatc agtaatttca gacttttaa gaaacaaatt ctaaaatcag cttctaaatt 58080

437

437/758

Фиг. 17FF

sequence.txt

atgttatggc gattatcgtc aaattcatcc tttggcttct gatatgatta tcataaaaga 58140
atatgaactt gataaaaata aagtatctat ttttgtgaat tatggatttt ttacaccaga 58200
aactaaccaa aagaatatta ataaattttt ctcaattgct agcactataa ctcgtcaatt 58260
agagaccgca ttactttgta tggaaacagt agaaaatatt catacatatc cttttaagaa 58320
tatatgcggt tgggaaggat ataaactcgt aattagcctt cgtgaagtga aatgtgctta 58380
ttcacctact gataaagaaa tttaccaaca aaaatgtgat gaaattgtga atactcctaa 58440
agaagaaact acccttgagg aactaatgga atgtcttgat gattcacctg aaccgataga 58500
aattcgtcca gaagttattg cactagaaaa agcttataaa gaagttctag aaatttctaa 58560
taaagcgcag aaagaatatg agcaggctaa aaggatttgg gaagaatctg ttaatcgtct 58620
tgatcgtctg gaacaagctt tacagttaat taagtaattt aaagccaagg atggctcgga 58680
gtataaatca ttaaccaagt gagaagaaca tgaaaactcg taaacattat attgattatt 58740
ttgacagtct tattactaaa catcgtaatt atcagatagg acacagagca gtaatcaata 58800
atattcttcg tgatttttta gactatattg gatgggaaaa ccatatttgt aaagatacac 58860
aaaatgcgta ttcacattct cttggttctt tgctcgagtg gttcaaacgt tcccgattac 58920
tatcttctgt gatagctgtt aataatgtta aaaaatttat gtatccaagc tacattgaga 58980
ctaatgtatc aaatgctagt gttgttacat ttaatattat taacgacgtg aaaagaactt 59040
atttagaaga atggttttct aaagatagta aagaaaaatt tgctagtgaa ttttcacacg 59100
aattcaataa taacgtgaat atgcttttta agcattctcg tagactgttt tgtcatggtg 59160
ataaccgtac tattaatgtg aatgtaaaag actgggttac ggctaaattc actccatcgt 59220
cccagaatgg gcaatttgaa ttgtcaatta tcatttgtgc tccgcacgag atatataaaa 59280
accttccgta tatgaaacca cgcgaagcta ataaacacaa tgaaactatt agttctttgg 59340
cttataattt acgcgtgtta ttatctgata tggatgtagt caaatccttt gatgataata 59400
cgaattatgg tctttcgctg tttgaaacta aatttgttat taaattaaag gaccctagtg 59460
aatttaaacc tacaccaaaa tccaatcatg gaaatgatac tatgaaagaa gaacgcgaat 59520
atctcagtgc ccgtttgatt gaagttgaaa aacagattga agagcatact aaagttctta 59580
aggctttaac cgccaaagca aatggtttac gtaatgctat tgaggtattg aaatgaaaaa 59640
gcgtttatta gaagacattg cagcttcaag taattccagt ttaattaaaa ttattatggc 59700
tggtgaggaa gatgatatgg aaatgcgtgg aaagattcac ggctgcgacg atttagattt 59760
taaacctcca gcatgggatg ctattatggc tatggttgaa cgacgtgaaa gagcttctaa 59820
aaacgttcct aattgccctg aatgcggtac tgaacaagtt caattgatta actggcgtaa 59880
accagagctt gaatataaat gccgtcaatg taaacataaa ttcagtaagc atgctccgga 59940
aatggttaaa ttgcctgact ctactgagtt ctttaaagaa cttgtgagtg ttcaaccaat 60000

438

438/758

Фиг. 17GG

sequence.txt

gcctaataat attttggatt aaaaatgacc aagcgtaaag aatatatgga ggctgctgaa 60060
aaggcagtcc gtgaattagc aatagcttat tataatgaac atggtaaatt tcctgataga 60120
tacagcgtgc ttaaatctgc tttaactcgt tcatataaaa atatgctatc agaagtaagt 60180
gatattatat acaaacataa agaacaaacg ggccaaagtc ttgattacga cgagactttt 60240
aaacaagtac taggaattaa ggaataatat gtttaaagta tatggttatg atagcaacat 60300
tcataaatgt gtgtattgcg ataatgcaaa acgtcttttg accgtgaaga aacagccgtt 60360
tgaatttatc aacattatgc cggaaaaagg tgtttttgat gatgagaaaa ttgctgagct 60420
tctgactaaa ctaggtcgtg atactcaaat cggcttgaca atgccccagg tatttgctcc 60480
tgatggaagt catattggtg gatttgacca actgcgagaa tattttaaat gatgctcgaa 60540
ggaactgact atattcatga ttaccgcgga agcgcggtat atgtaggtga tgaagttgca 60600
gtttattatg ggtatggaac tttgatgaca gccaaggtta ttcaaattaa aaataatcgt 60660
gctaaactcg aagtttatta ttctaatggt gaaaagtcta tttctaagtg gaaatacggc 60720
gattgtatgg ttaaattggg gtaaatatga tttacgatat taatgtatca agaactccgt 60780
caatggttac tattccagcc gaagaactag atcgtcttca gaaaattgaa gagcttcttt 60840
gggaaattga atctgatttg ccatcaggat tagaatcctg gattgattat gaagaactta 60900
ataagcttcg gggttaaacc ttggtgggcg gctagatggg aaactgtaga gccagagccg 60960
gaagaaccgg tttacattga tgaagaaaca gtatataatg aaccaacgat aaatgactta 61020
attgatatgg agatgggaca tgattacagt agataagtgg tttagaatta atcgtgttga 61080
tacagggcta tgtaattact ggccggaact tagtgcaggt actgtcttta aagttcgtga 61140
acttgcaaaa gaatgcgaag atgatataga acctgatact ggaattattg aaattgaact 61200
ttccgacgga aagattatta acatctatga taagccaatt acatactggt gtttgtggaa 61260
tactgaatcc gttgaaaatg gcgaaattga agaagttgta gagagaacta gccaagatgt 61320
tcagaagcct aaagccgctt ttcaaggtga acgtatttca tacgcattag ctaaattagc 61380
tgcgcaagaa aataacgatg gctatgaagg taacctgatg caagctgccg cagagtacat 61440
tgaatggctt gaaactcaaa tttctttttc tgaccaaaag attcggcaat ataagcgatt 61500
gcatcaaatg ttttacaata cttgaaaaaa ctcaaaattc tttttctgac aggacatttt 61560
aatgaaaacc gaattggttt atactgaaaa gttaaatggc ggtaaggttt ggaaactttt 61620
tattaaagga cattctacgg accctcatat gaccacttgc gtaggaacct attctcgtcc 61680
tactaaaaag atgattcgac agtataaacg attgcatcga atgttttaca atacttaaaa 61740
ataataaata cccttatcta tttaaggtaa gggtatttat tatgttattg actggcaaat 61800
tatacaaaga agaaaaacaa aaattttatg atgcacaaaa tggtaaatgc ttaatttgcc 61860

439

439/758

Фиг. 17HH

sequence.txt

aacgagaact aaatcctgac gttcaagcta atcatcttga tcatgaccat gaattaaatg 61920
gaccaaaagc aggaaaggta cgtggattgc tttgtaatct ctgcaatgct gcagaaggtc 61980
aaatgaagca caaatttaat cgttctggct taaagggaca aggtgttgat tatcttgaat 62040
ggttagaaaa tttacttact tatttaaaat ccgattacac ccaaaataat attcatccta 62100
actttgttgg agataaatca aaggaatttt ctcgtttagg aaaagaggaa atgatggccg 62160
agatgcttca aagaggattt gaatataatg aatctgacac caaaacacaa ttaatagctt 62220
catttaagaa gcagcttaga aagagtttaa aatgacaatt gaaaaagaaa ttgaaggatt 62280
gattcataaa actaataaag acctttaaa cgagaatgct aataaagatt ctcgtgtttt 62340
tccaactcaa cgggacctta tggctggtat tgtgtctaaa cacattgcca aaaatatggt 62400
cccgtctttt attatgaaag cgcatgaaag cggaattatt catttccatg atattgatta 62460
ttcccctgct cttccattta ctaattgttg tttagtagat ttaaaaggaa tgcttgaaaa 62520
cggatttaag cttggtaatg cacagattga aactcctaaa tcaattggcg ttgctactgc 62580
aattatggcg caaattactg cacaggttgc ttctcaccaa tacggcggaa cgacttttgc 62640
taatgtagat aaagtacttt ctccttatgt taaacgcacc tatgcaaaac atattgagga 62700
tgcagaaaaa tggcaaatcg ctgatgcgtt aaattatgct caatctaaaa cagaaaaaga 62760
tgtatacgat gcattccaag cttatgaata tgaagtaaat actctcttta gttcaaacgg 62820
acagactcct tttgtaacaa ttacatttgg tacgggaact gactggactg aacgaatgat 62880
tcagaaagca attctgaaaa atcgtattaa aggtctcggt cgtgatggga taactcctat 62940
tttccctaag cttgttatgt tcgttgaaga aggcgttaat ctttataaag acgatccgaa 63000
ctatgatatt aagcagcttg ctttagagtg tgcaagcaaa aggatgtatc ctgatattat 63060
ttcagctaag aacaataaag ctatcaccgg ctcatctatt cctgtttctc caatgggttg 63120
ccgcagtttc ttgagcgcgt ggaaagattc aaccggtaat gaaattcttg atggacgtaa 63180
taatcttggt gttgtaacac tgaatcttcc tcgtattgcg ttggattctt atattggaac 63240
acagttcaat gaacagaaat ttactgaatt gttcaatgag cgaatggatt tatgttttga 63300
agctttgatg tgtagaatta gttccttaaa aggagttaaa gcgactgttg ctcctattct 63360
ttaccaagaa ggtgcattcg gggttcgtct taaacctgat gacgacataa ttgagttatt 63420
taaaaacggt agaagttcag tgtctttagg atacattggt attcatgaat tgaatattct 63480
tgtcggtcgt gatattggac aagaaatttt aactaaaatg aatgctcgtc ttaaacagtg 63540
ggctgaaaga actgggtttg cttttagttt gtattcgact cctgctgaaa acctttgtta 63600
tcgcttctgt aaacttgata cagaaaaata tggaagtgta aaagatgtta ccgataaagg 63660
atggtacact aacagtttcc atgtttcagt agaagaaaat attactccgt ttgaaaagat 63720
ttctcgcgaa gccccatatc atttcattgc gacaggtggt cacatttctt atgttgaact 63780

440

440/758

Фиг. 17II

sequence.txt

```
tcctgatatg aaaaataacc taaaaggtct tgaggctgtc tgggattatg ctgcacaaca    63840
tttagattat tttggtgtta atatgccagt agataagtgt tttacatgcg gaagtaccca    63900
tgaaatgact cctactgaaa acggatttgt ttgttctatt tgtggagaaa ctgatcctaa    63960
aaagatgaac acaataagaa gaacatgtgg ttatttggga aatccgaacg aacgcggatt    64020
taatctcggc aaaaataaag aaatcatgca tagggttaag caccaatgaa ttatgataga    64080
ttttatcctt gcgatttttgt taatggtcct ggctgcagga ccgttctttt cgttacaggt    64140
tgtttgcata aatgtgaagg gtgttataat aaatcaacat ggaatgctag aaatggtatt    64200
ccattcactg gtgaaacact agaacaatta attgaatgtt tgaataatga ttatatagaa    64260
ggattaacta taaccggagg tgaccctctt tatcctgata acagagacgt gattcattgc    64320
atcgttcaaa cagtaaaaaa tctttatccc aataaaagca tttggttgtg gacaggatat    64380
aagtttgaag atattaaaca actagaaatg cttaaatatg ttgatgttat tattgatggg    64440
aagtatgaga aaaatcttcc gactaaaaag ctgtggcgag gatcagataa tcagcgactt    64500
tggtcaaata ccgatggggt gtggaaacat gattaaattg aattatatta tggatactat    64560
aaatgatatg atttttcatt ttggtccaga attttattcc caatatagtt tagtgcttat    64620
caatgcttgg ttaattaatt aagggtaaaa tatgtataaa tttcgtaaag gtttagctga    64680
ttttcttaca actgtaacat tctttctgtt tatggcagtt ggagctattt tccttattcc    64740
ttttattgct atatttttcg tgattagttt aatttctcca gaaaagggct tatcttctag    64800
tgagtttaat gagcgtctgg ataaaattac taacaagctg aatgctgttc ttgataaaaa    64860
ggcttaatta tgattagttt tgagcggtat gtagtagaga gttggaatgg ttttgatatg    64920
ttcggtaatg actattattt ctatgaatgt agtctgaacc caagcttctg ggctggacgt    64980
gaacaagacc tcgaagaaat caacgctcgt gccgatttgt taggtgaact gcctactact    65040
tatttcacct ttgatgaatc cggcttcgtt atccaggttt attttcctga agaaaactct    65100
ggtgaggatt ctgttaatcc tccttattgg gcttaccaag gaattatttc tcgtggaaca    65160
aaactcgaac ttaaagaata agattgaagt ctatggaatt ccagatgaag taggtcgttg    65220
tcctggatgt caatcagtta caaaacttct aaaggagctc aatgctcctt ttactttcta    65280
taaagttctt acaaataatg gtaagattga gtatgatcgt ccactgattg tatctcttgc    65340
taaacgcgct ggattcacat ctcttaacat tcgttatcca gtcattttca ttaatgattc    65400
tagacaaaag aacattaaac acttcaaaga aactctcatt tcacttggat atgatagaga    65460
tatcatagaa gactaagacg ggccctctgg gcctttcttt ctcacattct gtatattacc    65520
attctaagct atcgttccct tcttatcatt ccctaaaata atttcacaaa gttgtttaca    65580
acaagttcaa actgtggtat tattaacata tgaattgcct ttgaggattt gatatggttg    65640
```

441

441/758

Фиг. 17JJ

sequence.txt

```
tggttgataa agagattaaa aagggacaat attattttat taatggtaat gttgttcgtg    65700
ttacttatgt aaacggtttt gaagtttatt atcttatact caagttacat aaacagatga    65760
tttgtgatcg tgctgtattt agttcagttg ctaaggaaat taaactccat gggtaaaacg    65820
tatcgtcgta aagatttaaa agtacgtgat tatgactatt tcggaaagcg taaagctcct    65880
gatggtgtaa gtcataaaga tatggttgaa aacatttttc gctctgataa atggcgtaga    65940
atgaaaggca ttgattcaga agttaaagat gagctaaatc gtcaattacg tagtgaagta    66000
agaaagttga aaaaatcagt ttacattgac gatgattttg attacaatac ttctcaacga    66060
gttgctaagc gcaaatcaaa cgagtgttat cgttatagct gaggaaaata tgaatatcaa    66120
acgcatgctt tttaagcaag ggctatatac tttaaatgct actccaaaag gcgatacaac    66180
taagtggtca gtaaatgact ggattaaatt tattgatgaa aacggtaatt gggaaattta    66240
aatgaatcct gaatctaaat tatcgcagcg aattgctgaa gaacgcgcca aatttttcca    66300
gaacatgaaa cacaatggta ttgaggatga agtttttcta aattggttct ggaataataa    66360
gtatgcagca tgcgaaggag ccttgtcatt gtcagtcgca atgatgtacg aaggctggaa    66420
gggtgccaaa aagtttagct aagggcttcg gccctttttg gataataaaa ttttaatgca    66480
attgaggata atgtatgact attcaaatta aaaacgccat caattcttac gcatatgata    66540
aagtagtttc tctgctagaa aaaggcgata ttgtaactcc tcaaattttg gataaatggg    66600
aaaaagagct tcatcagacg atgaaacaga atgatcagaa gattggacgc aatactgtcc    66660
gtgaattgtt ggttcaatat atcttgtcag aatttgatgt taaagctttt ggtgtagaat    66720
ctaaagctta tcaaaagcat gaaatttccg ataaaactat tcgtcgtatg aaaaatcaac    66780
gcaagaaaaa atttgcagac ctgaaaatta ctaaggtata attatgaacg aagctcttat    66840
taacgatttg cgtcttgccg gatatgaagt aaatacaaat ggcattggtt taactcaaat    66900
tgaaggaaac ggattcatcc ttgagtatga atttagccaa tggtggttat atgccaatta    66960
cggcgaattg attgaatatg ttgaccaatt tgattcacta gatgcagctc ttgaagcggc    67020
taagttgatg aatgtatgaa attaattaat atttctattg ctattgaaaa ttttggtatt    67080
ttctatgttg accaatacat gaaaatttca tttttcccaa ataaaactgg tgttggatat    67140
tgggaaagcc atgtttctga attaaatgaa agtgaatatg ttagtacaca taaaaagttt    67200
ttagactttt tatatcgcgc tgatattaat gatcattaca tagatattca tgaatttaaa    67260
aagatgatgg agaaagtgtt ccaagcatac tgcttactta gataactgat atcctctatg    67320
ctttaagata gatcttcaaa tattatgata taatagatct atgaattgag ctaagaggtg    67380
aaaatgtcag aaactaagcc taagtataat tacgtaaaca ataaagagct tttacaagct    67440
attattgatt ggaaaacaga attagcaaat aataaagacc caaataaagt agttcgtcag    67500
aatgatacta tcggattagc cattatgctt attgcagaag gcttatctaa acgtttcaac    67560
```

442

442/758

Фиг. 17KK

sequence.txt

ttttcaggat acacccagtc ttggaaacaa gaaatgattg cagatggtat agaagcttct 67620
attaaggggc ttcacaattt tgatgaaacg aaatataaaa acccacatgc gtatataact 67680
caagcttgtt ttaatgcatt tgtccaacgt attaaaaaag aacgtaagga agttgcaaag 67740
aaatatagtt acttcgttca caatgtctat gacagtcgtg acgacgatat ggttgcgtta 67800
gtagatgaaa cttttattca agacatctac gataaaatga cgcattacga agaatcaacc 67860
tatagaacac cgggggctga aaagaaaagt gttgtagacg attctcctag tttggatttt 67920
ttatatgagg ctaacgatta acctctccgg attcttggaa gaaatacctg aagttgaagc 67980
tattccctat ttacttaaaa tgtatctcag ggaagtttta gctcttgaca ttgatattga 68040
tccagaaaat ccgtatgata ccgcttttaa atctaatggt gtagaattaa actatcggta 68100
tcatttaaca gatgatgatt tttattttat attagagaaa taatatgact gataaacccg 68160
aaattaatga tgaagtggaa aagcttattt cttctattga agaaaagaac cgtcttgaag 68220
cagaaagaaa agcaaataag ttattgtcta aaaacaaacg cgaactgaat cgtctttata 68280
agcacgctca gatcgcagct gaaaacaata attttgctca atacgaatat gctatcaaga 68340
aaagtcggga tattctgaaa cagccatata acgatgaact catcagtatt ctttggaaga 68400
ctactagatc gcagattgag gatatgattg atgcttacac acgtaaaatt caagcgtctt 68460
aaaattaatg caggatttac tgaatctttg aatggtcatc tttgtgtgaa aatttctgaa 68520
aaagaatacc atgatagttc aattaaagaa gttaatcctc ctattgtaag agcagacccc 68580
aatatgaaag tgtgggttga ttcttatcaa gtcaaaaaat ggtggcagtt atgaaagatg 68640
aacacccaga cttctgaaat agattataat aaaattcgtt cctctaaaga ggaaatgatg 68700
agacgcttta aagagtctca tgataaagct aaagcagaag gaactataaa atataagcgc 68760
ataaaattta aaagttctaa cgagcctctg tatggcgtat tatgtggata ggagcttcgg 68820
ctcctatatt gctttataaa tttttggtaa aataaaccaa aacaaagagg atattaaatg 68880
aaagtatgta tttttatggc tcgaggtctt gaaggttgcg gtgtaactaa attttctctt 68940
gagcagcgtg attggtttat taaaaatggt catgaagtaa ctttggttta tgctaaagat 69000
aaatcattta ctcgtaattg tgcgcatgat tataaatcat tttcaattcc ggttttatta 69060
gcaaaagaat acgataaaac acttaagctg gtaaatgatt gtgatattct aattatcaat 69120
tcagttcctg ctacttcggt tgaagaagac actattaata actataaaaa aattattgat 69180
aacattaaac cttctgttcg tgttgtagtt tatcaacatg accattcttc tctttctttg 69240
cgccgaaatt tgggattaga agaaactatt cgtcgagctg atgttatttt tagccattct 69300
gataatggtg attttaataa agttctgatg aaagaatggt atcctgaaac agtttctctg 69360
tttgatgata ttgaagaagc accgacagta tataactttc agcctcctat ggatattgcg 69420

443

443/758

Фиг. 17LL

sequence.txt

aaggttcggt caacctactg gaaagatgtt tctgaaatta acatgaatat caaccgttgg 69480
attggtcgta cgactacatg gaaaggtttt tatcagatgt ttgattttca tgaaaaacat 69540
cttaaacctg caggactaag tactattatg gaaggtctgg aacgttctcc agcgttcatt 69600
cctattaaag aaaaaggaat tccatacgag tattatcgtc ttcatcaagt agaccaaatt 69660
aaaattgctc ctaatttgcc aacgcaaatt cttgaccgtt atgtaaatag cgaaatgctt 69720
gaacgcatga gtaaatccgg atttggttat cagctgagta agttggacaa aaaatatcta 69780
caacgttctt tagaatatac tcatctcgag cttggtgcat gtggaacaat tccggtattt 69840
tggaaatcta ctggcgaaaa tttaaaattc cgtgttgata atactccttt gacctcgcat 69900
gatagcggta tcatttggtt tgatgaaaat gacatggaat caacatttga acgtattaaa 69960
gaactgtcat ctgaccgaac tctttatgac cgtgaacgcg aaaaagctta tgaatttttg 70020
tatcagcatc aagattcaag cttctgcttt aaagaacagt ttgacattat tacaaaataa 70080
agggcttcgg ccctttagct ttatacggag tttgatataa tgatatttct tggatatgtg 70140
atacttttc ttgcatttta tctattcact agagcatgtt ggattgggtt ctttagcacg 70200
ccagatgggt ttatttcaat aattttattt tgcatttcaa tgacggttct tgatatatga 70260
aaattttaaa tttaggtgat tggcatttag gcgttaaagc cgatgatgag tgggttcaat 70320
ccattcagtt ggatggaatt aaacaagcaa tagaatattc taagaaaaat ggaattacta 70380
cctggattca atacggtgat atttttgatg tgcgaaaagc aatcacacac aaaactatgg 70440
agttcgcccg tgaaatagtt caaatgcttg atgatgctgg tattacccta catactattg 70500
taggaaacca tgatatgcac tttaaaaata ctttaactcc aaatgcctct actgagcttt 70560
tggctaaata tcctaatgtt aaagtatatg ataagcctac tacagtagat tttgacggat 70620
gtttaattga tttaattcct tggatgtgtg aagaaaatac tggtgaaatt cttgagcata 70680
tcaaaacttc atctgcttct ttttgtgttg gtcactggga actgaatgga ttttatttt 70740
ataaaggaat gaaatctcac ggtcttgaac ctgatttcct taagacttat aaagaggtgt 70800
ggtctggtca cttccatact atctctgagg ctgctaacgt cagatatatt gggacaccat 70860
ggacactaac tgcaggtgac gagaatgacc ctcgtgggtt ctggatgttt gatacagaaa 70920
cagaacgaat ggaatttatt ccaaacaata ctacctggca tcgtagaatt cattatccat 70980
ttaaaggaaa aattgactat aaagatttta caaatctatc agtacgtgtt atagtaactg 71040
aagtagacaa aaatctgacg aagttcgaat ctgaactaga aaaagttgtg cattcattac 71100
gagttgtgtc aaagattgat aactctgtcg agtcagatga cagtgaagaa gttgaagttc 71160
aatctcttca gacgttgatg gaagaataca ttaatgcaat tccagacatc actgattctg 71220
accgtgaagc acttattcaa tatgcaaatc agttatatgt agaggcaaca caatgacttt 71280
tgatgaattt aaaaatgtta tgatgagtca gcattttgaa tgcgaagtaa aagatgatat 71340

444

444/758

Фиг. 17MM

sequence.txt

```
tggtcataaa gaaattattg aatattggtt tgaaccgcta gaggttgaag ataattgtat    71400
taaaaaagtt acggtctgta cagattgggc tgtatctttt aacttcaaca ttttagataa    71460
tgacacacct aaatcattgc gagatatggc cgtatcttgt attaaggatg catactgtga    71520
agttttcgac atttgacatt aatgatgaat tcatagcaaa cattgattat accgaagaag    71580
attctagata tgttggaata atttatatta catcaaaaac agcacaaggt gttgtttgca    71640
tggctgaatt tgatgaatac tttttagatt atgatgatat gatagaatgg tctaaaagat    71700
acattaaaag gaatcttttg tgaagaattt taaactaaac cgagttaggt accaaaatat    71760
aatgtcagta ggtggaaatc ctattgacat tcaattagat aaggttcaaa aaactcttat    71820
tactggacga aatggtggtg gtaagtctac tatgttagaa gccatcacat ttgggctttt    71880
tggcaagcca tttcgtgatg taaagaaagg tcaattaata aacagcacaa ataagaaaga    71940
acttttagtt gaactgtgga tggaatatga tgagaaaaag tactatatca aaagaggaca    72000
aaaaccgaac gttttcgaaa tcaccgttaa cggtacacgt cttaatgaat ctgccagcag    72060
taaagatttc caagcagaat ttgaacagct tatcggaatg tcatatgcca gtttcaagca    72120
gattgttgtc cttggtacag cagggtatac ccctttcatg ggtttgtcga cccctgcgcg    72180
aagaaagctt gtggaagact tgcttgaggt aggaacatta gctgaaatgg ataagcttaa    72240
taaagcacta atacgcgaat taaattcaca aaaccaagtg cttgatgtta aaaaagatag    72300
tattatccaa caaattaaaa tatataatga taacgttgaa cgccagaaaa aattaacggg    72360
tgacaacctt actcgtctgc aaaatatgta tgatgatttg gcaaaagaag ctagaacgct    72420
aaaatcggaa atagaagaag ctaatgaaag attagttaat attgttttag acgaagaccc    72480
gactgatgca tttaataaaa tcggtcaaga agcagtttta attaaatcaa aaattgactc    72540
gtataataaa gtcattaata tgtatcacga aggtggatta tgcccaacct gtttgtcaca    72600
attaagttcc ggtgataaag ttgtttctaa aattaaagat aaagtttctg aatgcacaca    72660
ttcatttgaa cagctttcaa cgcatcgtga taatttaaaa gttcttgttg atgaataccg    72720
agataatatt aaaacccaac agtcgttggc aaatgatatc cgcaataaaa agcaatctct    72780
aatcacgacg gtagataaag ctaaaaaagt taaagcggct atagaaaaag catcttctga    72840
gtttattgac catgctgatg aaatagcact gcttcaagaa gaacttgata aaattgttaa    72900
gacaaaaact aatttagtaa tggaaaaata ccaccgagga attttgactg atatgctcaa    72960
agattctggt attaaaggtg ctattattaa aaagtacatt ccattattta ataagcagat    73020
taaccattat cttaaaataa tggaagcgga ttatgtgttt acattagatg aagaatttaa    73080
tgagacaatt aaatcccgtg gtcgtgaaga ttttagttat gcttcattca gtcaaggtga    73140
aaaagcacga attgatattg ctcttttatt tacttggcgt gatattgctg aaaaagtttc    73200
```

445

445/758

Фиг. 17NN

sequence.txt

aggtgttaaa ataaacacac taattcttga tgaagttttt gattcagcga ccgacgttga 73260
aggtgtaaaa gctatttcaa ctattttaga tagtttaaaa aatactaacg tttttgttat 73320
ttcgcataga gaccatgacc cgcaagcata cggtcagcat cttcaaatga agaaagttgg 73380
tcgatttact gtaatggttt aatttataag agattatgct ttaatttatt agagtataat 73440
ctctatggag gaaaaacatg gaatattcaa ccggacagca tctattaact attcctgaaa 73500
taaaacgata tattctgaga aataattttt ctaatgaaga gcatatagtt actgaatcta 73560
tgcttaggaa tgcatttaaa gcagaatata caaaaataat gtccaataga aatgaagctt 73620
ggactgttac tgattattat gactaaaggt gtattatgac taaaattact gtgaattata 73680
ctgttgatgt aaaagatatt cagccaaaac acgtgcgttc tgaatcaaat ccacaaaacc 73740
aaaataaaat tcgtcgagca tgggttttgt ctctttctga taacgcaatg gaagttattc 73800
agaacaaaat taaatctgca cctgctcgtc atgcgtatta tgaagctatc gatcgtgaag 73860
taagtaataa atggattgaa ctaatgcgca aacatactac agaatcccta aacgctggtg 73920
ctaaatttat tatgacttca tgtggtgaac gccttgaaga tgaatattgt ggcaatgcag 73980
atgaacgtct gattgttgcc gctcaaattg ttgccgaaac aatcgcagct gattttaatc 74040
gttaattgct ttattaaatt agttataaaa ttaaatctca tttgaattga aggaaattac 74100
atgaaactgt ctaaagatac tactgctctg cttaaaaatt tcgctactat taactctggt 74160
attatgctta aatccggtca atttattatg actcgcgcag ttaatggtac aacttatgcg 74220
gaagcaaata tttctgacgt tattgatttt gatgtagcaa tttacgattt gaacggtttt 74280
ctcggtattc tgtctctagt taatgatgat gcagaaattt cccagtcaga agatggaaat 74340
attaaaattg ctgatgcccg ctcaacaatt ttttggccag cagccgatcc gagtacagta 74400
gttgctccta ataaaccaat tccattcccg gtagcatctg ttgttactga aattaaagct 74460
gaagaccttc aacaactgtt gcgtgtatct cgtggtctgc aaattgatac aattgctatc 74520
acggtaaaag aaggtaaaat cgtaattaac ggttttaata aagtagaaga ttctgctttg 74580
actcgtgtta aatattcttt gactcttggt gattatgatg gtgaaaacac atttaatttc 74640
attatcaata tggcaaatat gaaaatgcaa ccaggaaatt ataaacttct gctttgggca 74700
aaaggtaaac aaggcgctgc taaatttgaa ggtgaacatg cgaattatgt agtagctctt 74760
gaagctgatt ctacccatga tttttaatag agggcttcgg ccctttataa tttacactaa 74820
aacttgaatg aggaaattat gattaccgta aatgaaaaag aacacattct tgaacagaaa 74880
tatcgtccat ctactatcga tgaatgtatt cttcccgcct ttgataaaga aacctttaaa 74940
tctattacaa gtaaaggtaa gattccacat attattcttc attctccttc tccaggaaca 75000
ggtaaaacaa ctgtagcaaa agcattgtgt catgatgtaa atgctgatat gatgtttgtg 75060
aatggatcag actgtaaaat tgatttcgtt cgtggtcctt tgactaattt tgctagtgca 75120

446

446/758

Фиг. 17OO

sequence.txt

gcttcatttg atggtcgtca aaaagtaatc gttattgatg aatttgaccg ttcaggttta 75180
gcagaatctc agcgacatct tcgttccttt atggaagctt atagttcaaa ctgtagtatt 75240
attattactg ctaacaatat tgatggtatt attaaaccac ttcagtcacg ctgccgagtt 75300
attacgttcg gtcaaccgac cgatgaagat aaaattgaaa tgatgaagca gatgattcgt 75360
cgattgactg aaatctgtaa gcatgaagga attgctatag ctgatatgaa agttgtagca 75420
gctttggtta aaaagaattt tcctgatttt cgtaaaacta ttggcgagct cgatagttat 75480
tcatctaaag gtgttttgga tgctggtatt ttatcactgg ttactaacga tcgtggtgct 75540
attgatgatg ttcttgagtc tctcaaaaat aaagatgtta aacaactcag agctttagca 75600
ccaaaatatg cagccgatta ttcgtggttc gtgggtaaac ttgccgaaga aatctattca 75660
cgtgtaactc cacagagtat tattcgtatg tacgaaattg tcggcgaaaa taatcagtat 75720
catggtattg cagctaatac tgaattgcat ctagcttatc ttttcattca gttagcatgt 75780
gaaatgcagt ggaagtgata tgagcttatt tgaagatgat attcaattaa acgagcatca 75840
agttgcttgg tattcaaaag attggacagc cgtccaatcc gctgctgatt cttttaaaga 75900
aaaagctgaa aatgagtttt ttgaaataat tggagctatt aataataaaa ctaaatgctc 75960
tattgctcaa aaagattatt caaaattcat ggttgaaaat gcattatcac aatttccaga 76020
gtgcatgcca gctgtatatg caatgaattt aatcggttct ggattaagtg atgaagctca 76080
ttttaattat ctaatggctg ctgttcctcg tggtaaaaga tatggtaaat gggcaaaact 76140
ggttgaagat tccaccgaag tattgattat taagttactt gctaagcggt atcaagttaa 76200
tacaaatgat gcaattaact ataaatcaat tcttactaaa aatggaaaac ttcctttagt 76260
attaaaagaa ctaaaaggtt tagtcacgga tgatttttg aaagaagtga ctaagaacgt 76320
aaaagaacag aaacaactca aaaaactagc attggaatgg taaaatgatt gaaattactc 76380
ttaaaaaacc tgaagatttt ctgaaagtaa aagaaacttt gactcgtatg ggaattgcta 76440
ataataaaga taaagttctg tatcagtcct gtcatattct tcagaaaaaa ggactatact 76500
atatcgttca ttttaaagaa atgcttcgta tggatggccg tcaagttgaa atgacagaag 76560
aagatgaagt tcgtcgtgat tcgattgcat ggctgttaga agattggggg ctgattgaaa 76620
tcgttcctgg tcaaagaact tttatgaaag atttaactaa taacttccga gttatttctt 76680
ttaaacaaaa acatgaatgg aaactcgttc ctaaatatac gattggtaat taatatgact 76740
gctataactc cacaagaata catggcgtct cttaaagaaa aatataatct ttctgcaaca 76800
gaaacacttt ttgatttacc agaaaacctc caattaaaat ttcaggtaga atttcaaaaa 76860
ttagttcacc cagaacaaaa acattttact gcagtcgtta agtcaattaa tgcagatgga 76920
atgataattt tcacccggca aatagtacta atttaagcaa ggggcttcgg ccccttattt 76980

447

447/758

Фиг. 17PP

sequence.txt

ggagtataat atatcaagag cctaataact cgggctataa actaaggaat atctatgaaa 77040
gaattttata tctctattga aacagtcgga aataacattg ttgaacgtta tattgatgaa 77100
aacggaaagg aacgtactcg tgaagtagaa tatcttccaa ctatgtttag gcattgtaag 77160
gaagagtcaa agtacaaaga catctatggt aaaaactgcg ctcctcaaaa atttccatca 77220
atgaaagatg ctcgagattg gatgaaacga atggaagaca tcggtctcga agctctcggt 77280
atgaacgatt ttaaactcgc ttatatcagt gatacatatg gttcagaaat tgtttatgac 77340
cgaaaatttg ttcgtgtagc taactgtgac attgaggtta ctggtgataa atttcctgac 77400
ccaatgaaag ctgaatatga aattgatgct atcactcatt acgattcaat tgatgatcgt 77460
ttttatgttt tcgacctttt gaattcaatg tacggttcag tatcaaaatg ggatgcaaag 77520
ttagctgcta agcttgactg tgaaggtggt gatgaagttc ctcaagaaat tcttgaccga 77580
gtaatttata tgccattcga taatgagcgc gatatgctca tggaatatat caatctttgg 77640
gaacagaaac gacctgctat ttttactggt tggaatattg agggatttga cgttccgtat 77700
atcatgaatc gcgttaaaat ggttctcggt gaacgcagta tgaaacgttt ctctccaatc 77760
ggtcgagtaa aatctaaact tatccaaaat atgtacggta gcaaagaaat ttattctatt 77820
gatggcgtat ctattcttga ttatttagat ttgtataaga aattcgcatt tactaatttg 77880
ccgtcattct ctttggaatc agttgctcaa catgaaacca aaaaaggtaa attaccatac 77940
gacggtccta ttaataaact tcgtgagact aatcatcaac gatacattag ttataacatc 78000
attgacgtag aatcagttca agcaattgat aaaattcgtg ggtttatcga tctagtttta 78060
agtatgtctt attacgccaa aatgcctttt tctggtgtaa tgagtcctat taaaacttgg 78120
gatgctatta tttttaactc attgaaaggt gaacacaagg ttattcctca acaaggttcg 78180
cacgttaaac aaagttttcc gggtgcattt gtatttgaac ctaaaccaat tgctcgtcga 78240
tatattatga gttttgactt gacgtctctg tatccgagca ttattcgtca ggttaacatt 78300
agtcctgaga ctattcgtgg gcaatttaaa gttcatccaa ttcatgaata tatcgcagga 78360
acagctccta agccaagtga agaatattct tgttctccga atggatggat gtatgataag 78420
catcaagaag gtatcattcc aaaggaaatc gctaaagtat ttttccagcg taaagactgg 78480
aaaaagaaaa tgttcgctga agaaatgaat gccgaagcta ttaaaaagat tattatgaaa 78540
ggcgcagggt cttgttcaac taaaccagaa gttgaacgat atgttaagtt cagtgatgat 78600
ttcttaaatg aactatcgaa ttatactgaa tctgttctca atagtctgat tgaagaatgt 78660
gaaaaagctg ctacacttgc taatacaaat cagctgaacc gtaaaattct cattaacagt 78720
ctttatggcg ctcttggtaa tattcatttc cgttactatg atttgcgaaa tgctactgct 78780
atcacaattt tcggccaagt tggtattcag tggattgctc gtaaaattaa tgaatatctg 78840
aataaagtat gcggaactaa tggtgaagat ttcatcgcag caggtgatac tgattcggta 78900

448

448/758

Фиг. 17QQ

sequence.txt

tatgtttgtg tagataaagt tattgaaaaa gttggtcttg accgattcaa agagcagaac 78960
gatttagttg aattcatgaa tcagttcggt aagaaaaaga tggaacctat gattgatgtt 79020
gcatatcgtg agttatgtga ttatatgaat aaccgcgagc atctgatgca tatggaccgt 79080
gaagctattt cttgccctcc acttggttca aagggtgttg gtggattttg gaaagcgaaa 79140
aagcgttatg ctctgaacgt ttatgatatg gaagataaac gatttgctga accgcatcta 79200
aaaatcatgg gtatggaaac tcagcagagt tcaacaccaa aagcagtgca agaagctctc 79260
gaagaaagta ttcgtcgtat tcttcaagaa ggtgaagagt ctgtccaaga atactacaag 79320
aacttcgaga aagaatatcg tcaacttgac tataaagtta ttgctgaagt aaaaaccgcg 79380
aacgatatag cgaaatatga tgataaaggt tggccagggt ttaaatgccc gttccatatt 79440
cgcggtgtgc taacttatcg tcgagctgtt agtggtctgg gtgtagctcc aattttggat 79500
ggaaataagg taatggttct tccattacgt gaaggaaatc catttggtga caagtgtatt 79560
gcttggccgt cgggcacaga acttccaaaa gaaattcgtt ctgacgtact gtcttggatt 79620
gactactcaa ctttgttcca aaaatcgttt gttaaaccgc ttgcgggtat gtgtgaatcg 79680
gctggtatgg actatgaaga aaaagettcg ttagacttcc tgtttggctg atagaataaa 79740
tctagggacc tccgggtccc tttttcatac aagtaatata aatctatact tatgaaaaac 79800
agatgattct ggacctttag aattccctaa aaaatttttc acaaaactgt ttacaagact 79860
gttcctctgt ggtactatac aactatcaac taatacggat ttggagaatg aaatgaaaat 79920
cgctattttg gttattgcat taggtcttac tggttgtgta gctcaaggac cggtagtaaa 79980
tcagtctgat gtaggaaaaa ttgtaaactg ttcaagcaaa ttttataatc ctaatgtcaa 80040
gtgttataaa gaagctccaa agcaaacagt agaacaaatg caggcgaatt ttgacgaagc 80100
tattcgtcca gatgaatctg ctcaagcata tcgtaattct gatgtaatta cacgcgaaga 80160
aaaaattgaa aactactgcg cagagctttg ggcaaattgg gctaataatt accaatggcg 80220
tactggtaaa aatgctccga tggagtatgt agtgaattct tataattcat gcgtaaaaaa 80280
tttgactaag tgaggaaaag atggaaactt tagtagcagg ttcaattttt atggttttag 80340
tttcaggcgt gttggctatt attatataca tgcttccatg gttcatcgcc ttgatgcgtg 80400
ggtcaaaatc gacagtagga atcttttttca cgtctttact gtttaactgg tcaattattg 80460
gttggtttat tacatttatt tggtcaattg cgggtgaaac taaaaagtct gcacaaccaa 80520
accaggtaat tatcatcaga gagaaggaat gaaaagcaaa attataacag tgttgctttt 80580
aatcttgatg attataataa gtatatacta tagtgtaacg gttcctctta tgattccaac 80640
tattatttta ggttggggtt tattactgtt acaagttaaa tatgaatgta tcaattgagg 80700
tttaaatgat tagtgactct atgacagttg aagaaatccg tcttcatttg gggcttgcat 80760

449

449/758

Фиг. 17RR

sequence.txt

```
taaaagaaaa agatttcgta gttgataaaa ctggtgttaa aactattgaa attattggcg   80820
catcatttgt agcagatgaa ccgtttattt ttggcgctct taatgatgaa tacattcagc   80880
gtgaacttga atggtataaa tctaagagct tgtttgttaa agatattcca ggtgaaacac   80940
caaagatttg gcagcaggta gcatcttcta aaggcgaaat taactcgaat tatggttggg   81000
ctatttggtc agaagataac tatgcccagt atgatatgtg tttagctgaa cttggtcaaa   81060
atcctgattc tcggcgtggt atcatgattt atactcgtcc atccatgcaa tttgactaca   81120
ataaagatgg tatgtcagat ttcatgtgta ctaatacagt acagtacctg attcgtgata   81180
agaaagtcaa tgcggttgtt agcatgagaa gcaatgattg ctgggcaggc tatcgtaatg   81240
attatgcttg gcaaaaatac gtactagata aattagtatc tgatttgaat gcaggcgacc   81300
catcgcggca atataaagca ggttctatta tatggaacgt tggaagtctt catgtgtacg   81360
aaaatcagtt ttatttagtt gaccattggt ggaacaccgg tgagactcat attgctaaaa   81420
aggattatac tggaaaatgg aagtaaatgt gccgcatgtt tataagtata aacatcctaa   81480
aactaaaaag tggtatatag gaagtcatga tggtcacaac ccgaattatg atggttcggg   81540
tgtagtttgg caacatgtta aaaagaaata tggaataaaa tcctttaata aagaaatatt   81600
atatgaagga ccaatgttta gacaggttga agaaattatt ttaacttgtt tagatgctgc   81660
taattgtccg gattcatata atttaaagaa tgaagcatgg ggaggaagtt ttccaggcaa   81720
attaaatgga atgtacggta aaaaactatc tccagaagaa agatataagt gcggaaatgc   81780
ctttcgtgga atcaagcgtc ctgatcattc taaaagaatg aaaggcgaag gtaatccaat   81840
gtatggtaaa aatgagcagg catatggaat tataaatcga gccaaggaaa attctggtaa   81900
aacttatgaa gaaatttttg gcgtagaaaa agctaaaata attaaagaaa cgatgtctaa   81960
aaatcgtaaa ggaaaacctc ataatttgat agaaaaaata tgtccgcatt gcggactaaa   82020
aggacgtggg ccaaatatga caagatacca ttttgataaa tgtaaggcac ttaaatgatt   82080
caattcgtaa ttccgagcta tcaacgtgta ggggcagttt ctgcccttga tatgtttccg   82140
actgattatg aacctcatat cgtagtacgt gaacatgaag aaaaagctta ttatgatgcc   82200
tatgggtcta aagctaaaat tgtaactatt cctgatgatg ttaatggaat tgccggtact   82260
cgtaaagcaa ttactgatat gtatgcaggt caacgaatct ggatgattga cgatgatact   82320
actattcgta tgagttcaat gcgaaaaaga gatgatcgtc gttgtgtgga taaagtcaat   82380
caattgactc gtgaacagtt ctatgaattg attcaatacg tcgaagatgc catggattgt   82440
gggtattatc acggtcatgc tcgcctacca atttttaaaa ttacttcatc ttggggtaat   82500
tatcgtgaaa attcatatgg attcacgaat acatggtatg accttggaaa acttacgaca   82560
gaacaaattg ggtatggaaa aattgatttg tgcgaagata tgtatgcatt tctcaattta   82620
attaatcaag gttatccgca tttggccttg ttcaaatatc tggttgtatc tggaaaagca   82680
```

450

450/758

Фиг. 17SS

sequence.txt

caagctcctg gagggtgcag ttcaattcgt agtaattcta aacataatag agcgcttgag 82740
caaatcaata gagagtttcc agagcaagct cgttggaaaa cttctaatat tgaaaaacga 82800
aaatcgttgg gtgaagaaga cgagccatta aaggttcttc gcatgtgcgt ttcgcgtaaa 82860
gaaaaatcag aagcatttca taagtttaat gctattcatc caatagcagt tgattaatgc 82920
ctaaatttat tgtgttataa ttactctatc tttaaccagt gaggaaaata taatgatgcc 82980
tatggaaaaa aatgaatgtc tattgcagat ttaaaatccc gtttgattaa agcttccact 83040
tctaaaatga ctgctgaact gactacatct aaattcttta atgaaaagga tgtaattcgt 83100
acaaaaattc caatgcttaa tattgctatt tctggtgcga ttgatggcgg tatgcagtct 83160
ggtttaacta ttttcgcagg gccttctaaa cactttaaat caaatatgtc tttgactatg 83220
gttgcggcat atttgaacaa atatcctgac gcggtttgtc tattctatga tagtgaattt 83280
ggtattactc cagcttattt gcgatccatg ggagttgacc cggaacgagt aattcatacg 83340
ccaatccagt cagttgaaca gctgaaaatt gatatggtga atcagcttga agctattgag 83400
cgtggtgaaa aagttattgt attcatcgac tcaatcggta atatggcttc taagaaagaa 83460
acggaagatg ccttgaatga aaaatctgtg gcagatatga ctcgtgctaa atcactgaag 83520
tcattattcc gtattgttac tccttacttt agcattaaaa atattccatg tgttgcggtt 83580
aaccatacaa ttgaaacaat tgaaatgttt agtaaaaccg tgatgacagg tggtacaggc 83640
gtaatgtatt cggctgatac tgtattcatt atcggtaagc gtcagattaa agatggttct 83700
gatcttcagg ggtatcaatt tgttctaaat gtagaaaaat ctcgtaccgt taaagaaaaa 83760
agtaaattct ttattgatgt taaatttgac ggtggtattg atccttattc tggattgtta 83820
gatatggctc tagaattagg atttgtagta aaacctaaaa atggttggta tgctcgtgaa 83880
tttcttgatg aagaaaccgg cgagatgatt cgcgaagaaa aatcttggcg tgcaaaagat 83940
accaactgca ctacattctg gggtccttta tttaagcatc aaccattccg agatgctatt 84000
aaacgtgctt atcagttagg tgctattgat agtaatgaaa ttgttgaagc tgaagttgat 84060
gaattgatta actcaaaggt tgaaaaattt aaatctccag aaagtaaaag taaatcagca 84120
gctgatttag aaactgacct cgagcagtta agtgatatgg aagaatttaa tgagtaaaga 84180
tgatttagat ttagaaatta tcgatgaatc cccctcttcg gaggggggaag aagaaagaaa 84240
agaacgtctt tttaatgagt ctcttaagat aattaaatcc gctatggaaa atgttatcca 84300
ggagattgtc attaaactag aagatggttc tacacacatt gtgtatgtga caaaattaga 84360
ttgggttgat ggaaaagtcg taatggactt tgctgttctt gaccaagaaa gaaaagctga 84420
gttagctcct catgtagaaa aatgtattac aatgcaacta caagatgcat ttaataaaag 84480
gtcaaagaaa aaatttaaat tcttttaagg agtaagtgtg gtagaaatta ttctttccca 84540

451

451/758

Фиг. 17TT

sequence.txt

tctcatattt gatcaagctt atttttcaaa agtttggcca tatatggatt cagaatattt 84600
tgaaagtggt ccagctaaaa atacattcaa attaattaaa tctcatgtta atgagtacca 84660
tagcgttcca tctattaatg cgttaaatgt tgcattagaa aatagttcat ttactgaaac 84720
agaatattct ggtgtaaaaa cacttatttc aaaactagcc gattctccgg aagaccacag 84780
ctggttagta aaagaaacag aaaaatatgt tcagcaaagg gcgatgttta atgctacgtc 84840
taaaataatt gaaattcaaa ctaatgctga gcttcctccg gaaaaacgaa ataagaaaat 84900
gccagatgta ggtgctattc ctgacatcat gcgccaagca ttatcaattt catttgatag 84960
ttacgttggt catgattgga tggatgacta cgaagcacgt tggctatctt atatgaataa 85020
agctcgtaag gttccattta aactcaaaat tctaaataaa attactaaag gcggagctga 85080
gactggaaca ctgaacgttt taatggctgg tgttaacgtt ggtaagtcat taggattgtg 85140
ttcattggca gcagattatt tacagctcgg tcataatgtt ctttacattt ccatggaaat 85200
ggcagaagaa gtctgtgcta aacgtattga cgctaatatg cttgatgttt ctcttgatga 85260
cattgatgat gggcatattt cttacgctga gtataaagga aaaatggaaa aatggcgtga 85320
gaaatctact ctcggtcgtt taatcgttaa gcaatatcct actggtggag cagacgctaa 85380
tacatttcga tctcttttaa acgaattgaa gctcaagaag aattttgttc caacaatcat 85440
tattgttgac tatctgggta tttgtaaatc ttgccgcatc agagtttatt cggaaaatag 85500
ttacacaact gttaaagcta tcgcagaaga attgcgtgct ctggctgttg aaactgaaac 85560
tgttctttgg actgcagcac aggttggtaa gcaagcttgg gattcttctg atgttaacat 85620
gagcgatatt gcggaatctg ccggtcttcc agcaacagcc gattttatgc ttgcggtcat 85680
tgaaaccgag gagttagcag ctgctgaaca acaactcatt aagcaaatca aatcacgata 85740
tggtgataag aataaatgga ataagttttt gatgggtgtt caaaaaggaa atcagaaatg 85800
ggtagaaatt gaacaagatt ctactccaac tgaagtgaac gaagtagcag gttcacaaca 85860
gatacaagct gaacagaacc gctatcaaag aaacgaatcc actcgagctc agttagatgc 85920
tttggcgaat gaattaaaat tttagtttac aagctgacaa gactatggta tagtagtctt 85980
gttggttaaa tgaggagatt gttatggaat tggtaaaggt agtttttatg gggtggttta 86040
agaatgaaag catgtttact aaagaaatca caatgatgaa agatgacgtt caatgggcta 86100
ctactcaata tgctgaagtt aataaagcgc tagttaaagc tttcattgat gacaagaaag 86160
tatgtgaagt ggattgccga ggataatatg cacattgttt tatttaaacc tactccgtat 86220
aatgtcagga aaaatactca attcaaagca cttatcgcag atacgtggga attggtgtta 86280
gatattccag cagaagaaag tcctccattt ggtcgagtgg aatttattaa gtttgctgtg 86340
cgccctacga agcgacagat tcgccaatgc aaaagatact ttcgtaaaat cgtcaagtta 86400
gagaaacagt tattgatgct agtaaaatag tagtttacaa gctgatagag ttgtgttata 86460

452

452/758

Фиг. 17UU

sequence.txt

```
gtaattctat cagctaatcg cggagaaaag aaaatgatgc tagttaatag agaatatcag    86520
tttaaatcag aagaagattt ggaaaaattc gcgagtggtt gtgaactgaa tagacgcaca    86580
gctaaagtca taggattaaa acccttaca gttctagatt gtgaagtttc taaattccgc    86640
agagggtgtt ctattagcgg tcatgctctg gttgatggaa acacattttt ctttgttttt    86700
agcgtcagag aacttttatt gattaacgaa cttgaggaaa taaaatagtt tacttttgtt    86760
ttaaacatgt tattatagac ctatcaaaac aaacgagtaa atggagaaca aaatgtctaa    86820
agtatcaggt tatcaattat taacacaaga acaacgttca gagatggatt ctttacaaga    86880
acggtgtcag catagaaata acgcacttga ttcattttta ttagttgaat atgaaaactt    86940
gtgctctaga cttgaaaaag aatatgttca tcaacatgaa ggaggagaag aatgaaactg    87000
aaatcaccaa ttattgcaat ttgtctgttt gcttctacta gtgtttactt ttgttgaaaa    87060
ttgagatact ataaacataa actactgagg agattatcat gaaaaaattt atctttgctg    87120
caatttttgc tttatcttct tgcgctgctc agcctgctat ggcgggttat gacaaagatt    87180
tgtgtgagtg gtctatgact gcagatcaga ctgaagttga aactcaaatt gaagcggata    87240
ttatgaatat cgttgagcgt gatcgtcctg aaatgaaagc tgaagtgcaa aaacagctca    87300
agtctggtgg tgtaatgcag tataattacg ttctgtattg tgataaaaac ttcaataata    87360
aaaatatcat cgctgaagtg gtaggtgagt aattagaggt taatatgtat agttctgaat    87420
tttcatattt aaaaatggaa aaaaatttca tacgatttta tagatgaaaa ggtttattac    87480
agtttccatg aaccacgttt taatagtgag gttgggttta ttgcagtaaa agacaatttc    87540
attttaaaaa tatattcggc attaaaggat tttcactacg aaaatattaa cctaaaattt    87600
gataaagaaa acgttcgtaa ttgcgcagta acaattacag gaaataaagg tacatgcgtt    87660
atgctatctg atgaaattaa tgatttgcta aatgatgccg aaaaggttgc tattccatcg    87720
attgatgacc aaatttttaa tgcttttatg aatagaggtt aatatgaaaa cgtttaaaga    87780
atttatcaaa gaagatatgg tcgctggaga ttcaggtggt aatcctgaaa atatctctac    87840
tggaacaacg tcaggcgctg tagtaaataa aggtcctgaa cagattccta aaaagaaaaa    87900
agaggaatct aaagaaaaag aagagtaaaa atgtcatcga taccttggat tgataatgag    87960
tttgcatatc gtgcattagc tcatttacct aaattcacac aagtaaataa tagttcaact    88020
tttaaattgc ggtttagatg ccctgtttgt ggagattcaa aaaccgacca aaataaagcc    88080
cgtggatggt attatggtga taataatgaa ggaaatattc attgttataa ctgtaactat    88140
catgcaccaa tcggaatata tttaaaggag tttgaacctg atttatatcg tgagtatatc    88200
tttgaaataa gaaaagaaaa aggtaaaagt cgtccagtag aaaaacctaa agaacttcct    88260
aaacaaccctg agaagaaaat aattaaatct cttccgtcat gcattagatt agataaattg    88320
```

453

453/758

Фиг. 17W

sequence.txt

gcggaagacc atccaattat aaaatacgta aaagctcgct gtattccaaa ggataaatgg 88380
aaatatcttt ggtttacaac tgaatggcct aaattagtta atagcatagc accaggaaca 88440
tataaaaagg aaatacctga gcctcgtctt gttattccaa tttataatgc taatggaaaa 88500
gctgagtctt ttcaagggcg tgcattaaag aaagatgctc cccaaaaata tatcaccatc 88560
aaagcttatc ctgaggcaac aaaaatctat ggtgttgaac gggttaaaga tggtgatgta 88620
tatgttctag aaggacctat agattcgctt tttattgaaa atggtatagc tattacgggt 88680
ggtcaattag acctagaaat tgttccattt aaagatagac gtgtatgggt tttagataat 88740
gaacctcgtc accctgacac tattaaacga atgactaaat tagttgatgc aggagaaagg 88800
gttatgtttt gggataaatc tccctggaaa tcaaaagatg tcaatgatat gattagaaag 88860
gaaggtgcaa cccctgaaca aattatggaa tatatgaaaa ataatattgc ccaagggttg 88920
atggctaaaa tgcggctatc taaatatgct aagatttaaa ttaacccaac caaagcaaat 88980
gctaaatcta cgaatgtatc aagagtaatt actggaatac taacgccatg agcaatagca 89040
actggcgata aaacaaaatt ccaaagtaaa attcctatca tagcagaaat agtaaaagct 89100
atacgttttt tattaccttt gatggcatta acaagtgcca ttaatttttg taccatatgt 89160
cctccttatt gctttatata tttattgtat aattaatcta ctaatccatg aattgaaagg 89220
aaaaataatg gcatacttta atgaatgcgc tcatttgatc gaaggtgttg ataaagcaaa 89280
tcgtgcatat gctgagaata ttatgcacaa tattgacccg ctgcaggtta tgcttgatat 89340
gcagcggcat ttacaaattc gtttggctaa cgataaacca gaaacaaatc gtcatcccga 89400
ttcacttgaa actgcgggag aagttcttgc ttggctgcga aaccaagacg attatatcgc 89460
agacgaaact cgcgagctat atacttctct tggtggtatg agtaatggtg aaaaagaagc 89520
ttctgctgta tggaaacctt ggaagaaacg ttattctgaa atgcaatcca agaaaattca 89580
agatttatct cctgaagatc agcttgaaat taaatttgaa ctgattgatc aatttcactt 89640
tttcatgaat aaatttattg ctcttggaat gtcagctgaa gaaatcttta aactttatta 89700
tctgaaaaat gctgaaaatt tcgctcgtca agatcgaggt tattaatggc tcgtttaaat 89760
aaacgccagc ttaagaaagc ccacaagaaa cgtattgacc agctatttaa aaattatgac 89820
aaagagctcg tgtgtgagct cttatctaat cagcttcgtg cggttgattg ggttgtagaa 89880
gaaggtcctg atgaaatttt tgtcagcgaa gaagccttaa aattaattat agagcattca 89940
aaatgaaaat atccaaagaa gaatttatta gacgacaaaa agctttaatt aatttacacg 90000
agtggtatgc ttaccagctt aaagtagata gctctaatat aaatgctgta atggctttat 90060
ataaacaaat tcaagatgaa cacgaattcc tggcacaagt tttcattgaa gactgatata 90120
aatacacctg taattaaaca ataaaggagt ttattatggg tggtttcgtt aacatcaaga 90180
cctttactca tccagcgggt gaaggcaaag aagttaaagg tatggaagtt tctgttccgt 90240

454

454/758

Фиг. 17WW

sequence.txt

```
ttgaaattta ttctaacgag catcgtatcg cagattctca ttatcagatc tttccgtcag    90300
aaaaggcagc atattctact gtagtttctg atgcagctga ttggaaaact aagaatgctg    90360
caatgtttac gcctacacaa ataggtggtt aataattcaa ggactcctcc gggagtcctt    90420
ttttcatttt actggtttac tttccaaaat gagtatggta taataaaatt atcttataga    90480
ggagagcact atgttaaatc gttggattaa accaaatgaa gatttagata ttatcatttc    90540
acggcatgta atgaagaaat atgaactgca gccatggtct acagaagttg ttgtgcattc    90600
atttatgatg tacgcagatg gttctgtcga atttaatgca gaaattcgat atgattatgg    90660
cgagaagcaa gtcgaattca agagaggctt tttgtaatgt ttatctttaa ttggtttaaa    90720
agcttcttta cagatttttt ctctacaact cctggagaag gtgtagttcc tatttcaaat    90780
gactaccttc ctttaactgt agttgaatat gtttatatgg gagatggaac agtagaagca    90840
gttactatga cttatgaaga agcccaagaa tattataaaa atccttggcg ctggtcaaca    90900
cctattacat catctaatac acagaataca cagtctagtt ctgattcata tgacactaat    90960
gttcctgttc atgtatggac gggcgattcg tgtggaagtt cttgtgattc tagttgttca    91020
tctacatctt gtgattgagg aaaattatgg aagcgatttt gtttgaaatg tatattagca    91080
gtaatagtat gtcgtttgct aaagacgttc caattaccgt agcagtaatg attgataagg    91140
gttattgtga cccaatgtat ctcgtagaaa atttcgtttc aatgccagtt ccagaagatg    91200
ctgaaataaa acttaaaaag attggtatta ttgaaactgt accaaatatt ccgtttagag    91260
caattgaagc atttactaaa tccgaataca ttaatgttag cgcagaacaa tataatgata    91320
aacctatatc tttctattcg tatgattcag tatatagttg gaaaatagat aaaggaaata    91380
aatttataat tgtgagtgaa gatgctttat catactttat ttcttctata tggaatagtt    91440
tacatccaaa tttgctaaaa attcatgaat tcgatgatgc tcctactgtt gttttaggta    91500
aaacaaatga aagttctgaa gaaaatgttt gaatggttca gtagaccaaa ctcaatgtac    91560
attgatgatg gttgggttga acaagcaaat aaagaaatgc agaacgaatc agaagaatgg    91620
atgaaatcaa tgattagcgt tgagaaagaa aagaaattag aacgctcagc gcttaaattg    91680
atgagagaca tttatgggga taaatcgtga acagagatat gacgctagaa gaggctaaag    91740
ctaaagcaaa tgaagcttta gatttgcttc ttaaaattgg cagtaaaatg atggaagaaa    91800
atgagaaata tatccaggaa aacaaaattc ctgatggtcc attagtaggc aaaaggaaat    91860
cgcatgattg aagtagcaaa acattattca atagaattta tgtctaaaga aggtaaatca    91920
gtaaatacac ttgataaaaa gtgctcatta attattcctt tagcagaaaa tccggatatt    91980
ttaattaaag atataaaaga aagaaaatat ccagaaaatg ttattctaat tataaagcat    92040
actgaagata ttttgcagaa tactgattca ccgttttctt cttctgaagc tttaactatt    92100
```

455

455/758

Фиг. 17XX

sequence.txt

aaaggctata aaagagctca tgaatatggt ctttttgacc tgtttgaaga cgataaagtt 92160
aaattagcac ttaatttagc aggtcaatct tctaaaagta aaacattcat tattgaagat 92220
attaaagata taaatgcatt tgttaagatg gtctgggctc attttgacgt tggactacgc 92280
tggagaatgt ccgaagaaga aagaaaaatt attgaagcta atcgttattt tggtttttat 92340
cgctaggaat taatatggat ttatttgaga tgttagaaga taatcattct acgaatatcc 92400
agaatgattc tagtgattat aagaaagagt accgtatagt attacagaat tatggaattg 92460
aagccccaga tgctcttcta gaagaactag cttcatacca tcttgaccct ccgccctggg 92520
ctccctgggc aaaataattc aaaaagttgt ttactttcct tcctaacaat gatatgatag 92580
cttctgaagt atatggaggc tatcatgatt attaatcttg cagatgttga acagttatct 92640
ataaaagctg aaagcgttga ttttcaatat gatatgtata aaaaagtctg tgaaaaattt 92700
actgactttg aacaatcagt tctttggcaa tgtatggaag ccaaaaagaa taaagctctt 92760
catcggcagt tgaataaaat cattaaaaag catttaacta aatcacctta tcagctatat 92820
cgtggtatat caaaatcgac aaaagaactc attaaagatt tacaagttgg agaagtgttt 92880
tcaacgaaca gagtagattc atttactact agtttgcaca cagcgtgcgg tttttcttat 92940
gttgagtatt tcactgaaat aatatttcgc ttaaaaactg ataaagcttt taattattct 93000
gaccatatca gcgatattat actttcttct cctaatactg agtttaagta tacatatgaa 93060
gatactgatg gattagattc agaacgtact gataacttaa tgatgattgt gcgtgaacaa 93120
gaatggatga ttccaattgg aaagtataaa ataacttcta tttcaaaaga aaaattacac 93180
gattcatttg gaacatttaa agtgtatgat attgaggtag ttgaatgaaa tattcagcaa 93240
tgcaattaaa agattttaaa atcaaatcaa tggatgcatc ggtgcgtgct tctattcgtg 93300
aagaattact ttctgaagga tttaatttat ctgaaattga acttttaatt cattgtatta 93360
ctaataagcc agacgatcat tcttggttaa atgaaataat caaatctcgt ttggttccaa 93420
acgataaacc tctttggaga ggtgttccag ttgagactaa gcaggtgtta aatcaaggaa 93480
ttgatattat tacatttgat aaagtagtat cagcttcata tgataaaaat gtagagctac 93540
attttgcttc tggattagaa tacaacacgc aagttatttt tgaattcaaa gctcctatgg 93600
tatttaattt ccaggagtat gctataaaag ctctacgttg taaagaatat agtccgagtt 93660
ttaagtttcc agatagccat cgttatcgta atatggaatt agtttcagat gaacaagaag 93720
taatgatacc agctggaagt gtatttagaa ttgcggatag atacgagtat aaaaagcatt 93780
caacatacac tatctatact cttgactttg aaggatttaa tctataatgg aaggacttag 93840
attcattata ccatgaaagt tttaaagcat ttttcataaa gttgtttaca agctgaagta 93900
aaaatgttat agtataagta gttaaccgtc cgtgagaaaa atatgaaact gtctaaaaat 93960
caaattcgta aaattacacg tcgtttagag catactcagg catctgctaa aagacgttct 94020

456

456/758

Фиг. 17YY

sequence.txt

aaagatttta acttagactt caattacatt aagaacattt tagatcagaa agtttgcgct 94080
tactcgggag aacctttga taatcgtatt gaaggagaga aattatcatt agaacgtttt 94140
gataataacg ttggatacat taaagggaat gttattgcag taaagaaaaa gtataataca 94200
tttcgttctg attatacttt agaagagttg attgaaaagc gtgatttatt tgctttgcga 94260
attggtcgtt catctgcgaa aaaagttcat aaactaaatt tagatgaaaa gaaatgggct 94320
aaaatcaaaa agacttataa tcaaattaaa gctatacaga aaaaacgtga aaaccgaatt 94380
gagcacattt ctcagctttc taaatcaaaa caaacttctg acgttaagct aacgattata 94440
gcacttaaag ctcgtattga tggttctcgt atagcagaag gcgctgaagt tgttaaattg 94500
aacgttcttc ttaaaggctc ggattggaaa actgtgaaaa agctgtcaga agcagaaatg 94560
caatatgata tgtgtgataa aattattcaa ggtgtagagc ggtatcaaaa cttgtctttt 94620
attgataaac ttaaactgaa aagaggatac ccgctaaatt gttcaatttt taaacttatc 94680
cgaggataat atgttttatg tatatgcgat agtgtataga gataaagatg gatttgcggt 94740
gcctgttcct cttgatgaac atcgccctgc tgtatttttt gaaagggaga ttgctgataa 94800
agtatttaca actcttaaag agcagtatca actagcttta ggtatgggaa ttccgagatt 94860
agttgagact ccacgcaagt tttggtttaa taaaatagaa gttaaacatg ttaagcctga 94920
tgtagacacg caaagattat atcggcgaat tttagatact gggcgtattg ttagtatacc 94980
aattgcaggg aatttacgat gacatttgat gatttgacag aaggccagaa aaatgccttt 95040
aacatcgtta tgagggctat caaagaaaag aaacatcatg taactattaa tggacctgcc 95100
ggtactggta aaactactct tactaagttc atcattgaag ctttaatatc tacgggcgaa 95160
actggcatta ttttagcagc tcctacacat gcagctaaaa agattctttc aaaactgtca 95220
gggaaagaag cgagtactat tcatagtatt cttaaaatta accccgtaac atacgaagaa 95280
aacgttcttt ttgaacaaaa agaagtaccg gatttagcca aatgtagagt attaatctgc 95340
gacgaagtgt caatgtatga tagaaagcta tttaaaattc tgctttcaac tatcccgcca 95400
tggtgtacta taattggaat aggcgataat aagcaaatta gacctgttga cccaggggaa 95460
aacactgctt atatcagtcc attctttaca cataaagatt tttatcagtg tgaactcact 95520
gaagttaaac gcagtaatgc tcctattatt gatgtagcta ctgatgttcg caacggtaag 95580
tggatttatg ataaagttgt tgacggacat ggagtacgtg gatttactgg tgataccgct 95640
ttacgcgatt ttatggtaaa ttatttttca atcgttaaat cactagatga tttgtttgaa 95700
aatcgcgtaa tggcatttac gaataaatct gttgataagt taaatagcat tattcgtaaa 95760
aagatttttg aaactgataa agattttatt gtcggtgaaa ttattgtaat gcaggaaccg 95820
ttaattaaaa catataaaat tgatggaaag cctgtgtcag aaattatttt taataacgga 95880

457

457/758

Фиг. 17ZZ

sequence.txt

caattagttc gtattataga agcagaatat acatcaacat ttgttaaagc tcgtggcgtt 95940
cctggagaat atctaattcg tcattgggat ttaacagtag aaacttacgg cgatgatgaa 96000
tattatcgtg aaaagattaa aataatttca tctgatgaag agctgtataa gtttaactta 96060
tttttaggta aaacagcaga aacttataaa aactggaata agggtggaaa agctccatgg 96120
agtgattttt gggatgctaa atcacagttt agtaaagtga aagcacttcc tgcatcaaca 96180
ttccataaag cgcagggtat gtctgtagac cgtgctttca tctatacacc ttgtattcat 96240
tatgcagatg ctgaattggc tcaacaactt ctttatgttg gtgttacccg tggtcgttat 96300
gacgtatttt atgtgtgagg atatatgatt aacatcaatt caaaatattt aaatcgtcta 96360
atagatggta taaggaagca tactaataag caagataatc tcgatgttat ggtaacagga 96420
gctgagctcc ttcataagct ttatcttata agtgatacta tattagcaat taaacgaatt 96480
gaaaaacaat catatcacag taatacagat acggtaatta cactagatga aagtgtctgt 96540
aaattactaa ttaaatttga ggaagctatt cgtggaaata actaaagacc agttttatct 96600
gcttcaagat aaagtgagcg aaatttatga aatagcttat agtaaaaatc gtgaaactgt 96660
aaaaattgaa tctagtaagt tgatgcttca attagaagaa attgaacgag atttaattgc 96720
gttagaattc ttttgtggtg aagtgaaaac tgtcacaatc agtgattatg ttttaggtga 96780
aattagctat ctttataagg cgattattaa tgattgaatt aagttggtgt cagtttaaat 96840
ctcttatgac aaatgttaaa gctgtcattg agaaaaattc tggtcctgaa aatattacta 96900
ttcgcgaaaa agctttaaag ataatatata gtcttgaaga gatgcaaaaa gatattgaat 96960
ctatggcaaa atttattgat gaacctatta ataaagttta tattcaagac tatactgtag 97020
gccaaattcg cgatttagcg aggaaaattt aatgtttgat tttattatag attttgaaac 97080
aatgggaagt ggtgaaaaag cagctgttat tgatttagct gtaattgctt ttgaccctaa 97140
cccagaagta gttgaaacat ttgatgaatt agtttcacgc ggcattaaaa tcaaatttga 97200
tttaaaaagc caaaaaggac atcgtctttt tactaaaagc actatcgaat ggtggaaaaa 97260
tcagtctcct gaagctcgaa aaaatattgc accgtccgat gaagatgtaa gcactatcga 97320
cggtattgcg aaatttaatg attacatcaa tgcacataat atcgatcctt ggaaatctca 97380
aggctggtgc cgtggaatgt cgtttgattt tccaatttta gtcgatctca ttcgtgatat 97440
tcaacgtctt aatggtgttt ctgagaatga acttgacaca tttaagttag aaccatgtaa 97500
attctggaat cagcgtgata ttcgtaccag aattgaagca cttctgcttg ttcgtgatat 97560
gaccacgtgt cctcttccaa aaggaacttt agatggattc gttgcgcatg attctattca 97620
tgactgcgcg aaagacatcc tgatgatgaa gtacgctttg cgatatgcta tgggtcttga 97680
agatgctcca tcagaggaag attgcgatcc tctatctctt ccaacaaaac gataaaaagt 97740
tgtttacttc ctcggttagt tgtggtatta taacaccata gctactgagg ataataaaat 97800

458

458/758

Фиг. 17AAA

sequence.txt

gaaaatttat cgtgttgaat catcgtttag tattcttgat tatgaagatg ctataacaat 97860
acgtcgaaat ctttgtgttc aaataacgcc gtacaggagt ataatagatt catggagcga 97920
agagtggcta ttacacgtag gttatgacag acctaatttt atgcatcata gcgataataa 97980
taaaagaatt cctttaccac acgaagataa actattagtt aaaaacgcta atatagtaat 98040
taatactaag ttcaagaaag attatgttgg agtagaatat catattccag gatggtttat 98100
agctctttat cattttgctt tcgctagcga atatgatatg atgagatggt tcacacgaga 98160
agagcgtgaa gaattagctt cgaaaggatt ttatcttgct gtatacgaag taccagatga 98220
ccaagttatc gttggcgggc atcaagtaat gttccgtaaa tcccatgctg aacttgtaga 98280
ttttattgaa atgagataat tatgaaattt aattataatc ctgaatacac accgaatccg 98340
gcagctaaac tgattgattt tgacgttgta agtacttatg tatgccctgt taaaccactg 98400
gaaattaagg aacctactat gactaccgct attgaaatcg gcaaaaccta caaactggtt 98460
gaacctaaaa ttaaaactaa tgccttgatt tctggtcata aaactctgac tgatgttttt 98520
ggcgaaggcg aatttattgt tgaagaattt gccaaaagtg agtggtttga caaatcttac 98580
gtcatccacg gtcgccggtt agataataac aaaataaaga aaaacctggt ttatgaagat 98640
gagttcatcc tgttccaaga agttgaagaa caagacccta cagacctgtt gtgtgctgct 98700
gtgtctatcc gtcgtccttt tgataatcct atctgtggtt gggtaacaga ccagtggatt 98760
gaagatggtg ttgagcttct gaacgttgtc catgcaggag attttagtgt agtacctcgt 98820
agtgcggtgg tagctatttt gaattaatag tttacaaact cttgggacca gagtataatg 98880
gtcctgtgga gtataaaatc tttttaacaa gtgagagata actatgatta ttaatattgg 98940
tgaaattgct cgtgtatctg ataaatcccg ttctaaagca gcaggaaaat tggtcgaagt 99000
tgtaagcatt cagcttaaac acggtgttaa agatgaagat tctgaagtaa aagtacgtat 99060
cattgctaaa gatggaatgt ctaagcccca gtttggttat gttcgatgga aatttcttga 99120
gcctgcgttt ttgaaagctg ttcctgctaa aggaattgaa acgattgata cttcgcatgt 99180
aggtgtagac tttaagtgga aactcggtca agctatcaag ttcattgctc cttgtgaatt 99240
taaatttatc aaagatgatg gaaaggctgt ttatactcgc gctatgtgtg gatacattac 99300
cgatcaatgg gtagaagatg gcgttaagtt gtacaacgtg gtatttttag gaacatataa 99360
agtcattcct gaaagttgga ttaaacacta cagcaatgct ctctatgcat aaagtttaaa 99420
atttttttcat aaaactatat acatcagtag ttgattatgg tactatatca atatcaacta 99480
ctgatacaga aaacaacttg gagaataaaa tggataattc gttaaaggtg cgctgatact 99540
cttctgaaac gcatcgctcc aatgttcaat taatgaggaa attatgatga aacgtaaaat 99600
tgttcagaat tgcactaatg atgaatttga agatgtatta ttcgatccag atttggtagt 99660

459

459/758

Фиг. 17BBB

sequence.txt

agttcaaaag gaacacacta tcaagtttac tcacttgact tcggtttatg tgtatgaaaa 99720
ggttggggat aaacaaccaa tttacggtgt atttcgtgaa atcactgaag atggtacaac 99780
ttactggaag gaaatttatt aatggctatt aaatttgaag ttaataaatg gtatcaattt 99840
aaaaataaac aagctcaaga aaattttatt aaagaccata ctgataacgg aatctatgca 99900
cgccgtttag gtatgcatcc ttttaaaatt ttagatgtgg atgctcttgg gcgtcctatt 99960
aaaattatgt catttgctgg aaatttagta ctatcttctg gtaaagatat tttggatgaa 100020
gattttattt ggctttcatc gaatgaagct gaattcttta atgaagttga aaatccatac 100080
caggcagctg aagagcagga agaatctgca ccgataactg atcaatctaa attccctgta 100140
atgaaagtta ctattgaaaa tgatgaacag gcatggtcct tgtatcagat gttgaaagct 100200
cactttaagg aataattatg ccgctttatg attataaatg tcaatcaaaa gactgcgcaa 100260
aagaatacga aaaaatcaag aaaatttctg aaagagatac tgatgtatgt cctgattgtc 100320
atcggattgc tattcggtta gtctctgccc ctaagcatgt gaatggcgga ttttacgact 100380
tacttaaagg gtaattatgt ttaaaatcgg taagaaatat cgcattcgcg aaggtgaaga 100440
aaagaaatat ctattttctg ctatttatag gaatggttct attaatgctg taatatctac 100500
aagcgaattt atcgttgaag atatgaaagg taataatgtt acaatgatta gtacagcatc 100560
tggaaatgac ggaaaaattc ttcacagttt tcagagtaat gttctaattt atgatgaaga 100620
atttgacttc ttcgaagaag ttcccgaagg ttttgctttt gaatgcacta tcactatgaa 100680
atctggtgac cctctttctt ttacagttaa agatgaagga agtcgcttga gaattattag 100740
tcttcttcaa gccattaaat ttaagtgaaa attatgaaat atattaatcg ttctatcgcg 100800
gcattagtat tagcagtgtc tttagtagga tgtactgatg ctgataatgc aaccaaagtt 100860
ttgtcttcaa gcggttttac taatattgaa atcactggat ataactggtt cggttgttct 100920
gaaaatgatt tccaacatac tggatttcgt gctattggac ctactgggca gaaagtagaa 100980
ggaacagtat gttctgggct gttctttaag gattcaacta ttcgttttaa ataaaaggcc 101040
ttcgggcctt tagctttatg attaccggag tataatattc ccgaaaccaa acgaggataa 101100
gtgatgatta agaatgaaat taaaattctg agcgatattg aacatatcaa aaagcgtagc 101160
ggcatgtata ttggctcttc tgctaatgaa atgcatgagc gctttctgtt tggtaaatgg 101220
gaaagtgttc agtatgtacc tggtcttgtt aagcttattg atgaaattat cgataactca 101280
gtagatgaag gtattcgtac taagtttaaa ttcgcaaata aaattaatgt tactattaaa 101340
aacaatcaag taacagttga agataacggt cgcggtattc cacaagcgat ggttaaaaca 101400
cctactggtg aagaaattcc tggtccagtt gctgcgtgga ctattccaaa agcaggtggt 101460
aactttggtg atgataaaga acgcgtcacc ggtggtatga atggtgttgg ttctagttta 101520
actaacattt tttctgtgat gtttgtcggt gaaactggcg atggtcaaaa taatattgta 101580

460

460/758

Фиг. 17CCC

sequence.txt

gttcgttgtt caaatggcat ggaaaataaa tcatgggaaa ctattcctgg aaaatggaaa 101640
ggaactcgtg ttactttcat tccagatttt atgtcatttg aaactaatga attatctcaa 101700
gtttatcttg acattacatt agatcgtctc cagacacttg ctgttgttta tcctgatatt 101760
caatttacct ttaatggtaa aaaggttcag ggcaatttta agaaatatgc acgccaatat 101820
gatgagcatg ctatcgttca agaacaagaa aactgttcta ttgcagttgg tcgttcaccg 101880
gatggttttc gtcaattaac atacgttaat aacattcata ctaagaatgg tggccatcac 101940
attgactgtg ttatggatga tatttgtgaa gaccttattc cacaaatcaa acgtaagttc 102000
aaaattgatg tgactaaagc acgcgttaaa gaatgtttga caatcgttat gtttgttcgt 102060
gatatgaaaa acatgcgatt tgattctcaa actaaagagc gtttgacttc tccatttggt 102120
gaaatccgta gtcatattca gcttgatgct aaaaagattt cacgtgctat tttgaataat 102180
gaagcaattc tgatgccaat tattgaagct gctttggctc gtaaattggc ggcagaaaaa 102240
gcagcagaaa ctaaagcagc taaaaaggca tctaaagcta aggttcataa acatatcaaa 102300
gcgaatcttt gtggtaaaga tgctgatact acattgttct tgactgaggg tgattctgct 102360
atcggatatc ttattgatgt tcgtaataaa gaacttcatg gtggttatcc attacgtggt 102420
aaagttctca acagttgggg tatgtcatat gctgacatgc ttaaaaacaa agaactgttt 102480
gatatttgcg caatcactgg attagttctc ggtgaaaaag ctgaaaactt gaattatcat 102540
aatattgcta ttatgactga tgctgaccat gatggtctag gaagcattta tccttctctg 102600
cttggatttt ttagtaattg gccagaactg tttgagcaag gaagaattcg cttcgtcaaa 102660
actcctgtaa tcatcgctca ggtcggtaaa aaacaagaat ggttttatac agtcgctgaa 102720
tatgagagtg ccaaagatgc tctacctaaa catagcatcc gttatattaa aggacttggc 102780
tctttggaaa aatctgaata tcgtgagatg attcaaaacc cagtatatga tgttgttaaa 102840
cttcctgaga actggaaaga gctttttgaa atgctcatgg gagataatgc tgaccttcgt 102900
aaagaatgga tgagccagta gtttacttta ccacaaggat gtggtataat taattgggca 102960
aatgaggata ttgaaatgaa atcatataaa gtaaatttag aacttttga taaagcagtt 103020
catcgagaat atagaatcat tcaacgcttt ttcgatatgg gagaagctga agagtttaaa 103080
aaccgcttta aggatattag agataaaatt caatccgaca ccgcaactaa agatgaacta 103140
ctagaagttg ctgaagttat taaacgcaat atgaattaat gaggaaatta tgattatcac 103200
cactgaaaaa gaaacaattc ttggtaatgg ttctaaatca aaagcattta gcatcacagc 103260
atctcctaaa gtatttaaaa ttctatcatc tgatttgtac acaaacaaga ttcgcgcagt 103320
agtccgtgaa ttgattacca acatgattga tgcccatgct ctcaatggaa atcctgaaaa 103380
atttatcatt caagttcctg gacgtttaga cccacgattt gtttgtcgag attttggtcc 103440

461

461/758

Фиг. 17DDD

sequence.txt

```
gggtatgagt gattttgata ttcagggtga tgataattct cctgggttgt ataattcata   103500
cttcagttca tctaaagctg aatctaatga ctttattggc ggatttggtt taggttctaa   103560
atctccgttt agttatactg atacgtttag tattacttcg tatcataaag gtgaaattcg   103620
tggttatgta gcttacatgg atggtgatgg cccacagatt aaacctacat tcgtaaaaga   103680
aatgggtcca gatgataaaa ctggtattga aatcgtagtt ccagttgaag aaaaagactt   103740
tagaaacttt gcttatgaag tttcttatat catgcgacca ttcaaagatt tggctatcat   103800
taatggtctt gaccgcgaaa ttgattattt tccggatttt gatgattatt acggcataaa   103860
tccagaaaga tactggcctg atcgtggtgg attatatgct atctatggcg gtattgttta   103920
tcctatcgat ggtgttatta aagaccgtaa ctggctaagc attcgtaatg aagtgaatta   103980
cattaagttt ccaatgggtt cgcttgatat tgctccatca cgcgaagctc tttcactaga   104040
tgatcgtact cgtaaaaata ttattgaacg agttaaagaa ctcagtgaga aagcatttaa   104100
tgaagatgta aaacgattta aagaatctac atctcctcgt cacacatatc gtgaattgat   104160
gaagatggga tattctgctc gagattatat gattagtaat tcagtcaaat tcacgactaa   104220
aaatctgtca tataaaaaga tgcagagcat gtttgaacct gacaataagt tatgtaatgc   104280
aggagttgtg tatgaagtaa atcttgatcc tcgactgaag cgcattaagc aaagtcatga   104340
aacttcagcc gttgcatcaa gttatcgtct gtttggtatt aatacaacaa aaattaatat   104400
cgttattgat aatattaaaa atcgtgttaa tattgttcgt ggattagcac gagcgttaga   104460
tgatagtgaa tttaataaca ctttgaatat tcatcataat gagcgtcttc tgtttattaa   104520
tccagaagta gaatcgcaga ttgatttgct tcctgatatt atggcgatgt ttgaaagtga   104580
tgaagttaac attcattatt tgtcagaaat tgaagcttta gttaaaagct atattccaaa   104640
ggtagttaaa agtaaagctc ctcgtcctaa agctgctaca gcatttaagt ttgaaattaa   104700
agacgggcgc tgggaaaaag aggaattatt tacgctcaca tcagaagcag atgaaattac   104760
tgggtatgta gcgtatatgc atcgttctga tattttctct atggatggta ctacatctct   104820
ttgtcatcca tctatgaata ttttgattcg tatggctaat cttattggca ttaatgagtt   104880
ttatgttatt cgtccgcttt tgcagaaaaa ggtaaaagaa ctcggtcagt gccaatgtat   104940
ttttgaaact ctgcgtgatt tatatgtaga tgcttttgat gatgtagatt atgataagta   105000
tgtaggttat tcaagttcag ctaaacgata tattgataaa attattaagt atcctgaact   105060
agattttatg atgaagtact tcagtgtaga tgaagtttct gaagaatata cacgactcgc   105120
taatatggtt agttcattac agggtgtata tttcaacggt ggaaaagata ccatcggtca   105180
tgacatctgg acagtaacta atctttttga tgaattatca cgtaatgctt caaaaaacag   105240
tgataaaatg gttgctgagt ttaccaagaa attccgtatt gtttccgact tcatcggata   105300
tcgcaactct ttaagtgatg atgaagtttc ccaaatcgct aaaactatga aggcccttgc   105360
```

462

462/758

Фиг. 17EEE

sequence.txt

```
ggcctaataa ggaaaattat gtacaatatt aaatgcctga ccaaaaacga acaagctgaa   105420
attgttaaac tgtattcaag tggtaattac acccagcagg aattggctga ttggcaaggt   105480
gtatcggttg acacaatccg tcgtgttttg aaaaatgctg aagaagcaga acgctctaaa   105540
gttactatta gcggtgacat tacagttaaa gttaatagcg atgcagttat tgctccagtt   105600
gctaaatctg acattatttg gaatgcatct aaaaaattca tttcaattac tgttgacggt   105660
gtaacttata acgcaactcc taatactcat tcaaacttcc aggaaattct taatctgctt   105720
gtagcggata agttggaaga agcggcacaa aaaattaatg ttcgtcgcgc tgttgaaaaa   105780
tatatttccg gcgatgttcg aattgaaggt ggaagcttat tctatcaaaa tattgaattg   105840
cggtctggtt tggttgatcg tattcttgat tcgatggaaa aaggcgaaaa ctttgaattt   105900
tattttccgt tcttggaaaa tctgctggaa aacccaagcc agaaagcggt atctcgactc   105960
tttgatttct tggtagcaaa cgatattgaa attacagaag atggttactt ctatgcttgg   106020
aaagtagttc gtagcaatta ctttgattgt cactcaaaca cttttgataa cagtcctggt   106080
aaagtagtta aaatgccgcg tactcgtgtg aatgacgatg atacgcaaac ttgttcccgc   106140
ggtttgcatg tatgttctaa atcttatatt cgtcactttg gcagttcaac cagccgagtc   106200
gtaaaagtta aagtacatcc gcgtgatgta gtatcaattc cgattgatta caacgatgct   106260
aaaatgcgta cctgccaata cgaagtagtt gaagacgtta ctgaacaatt taaataaggg   106320
cttcggccct taactaagga aaattatgtt aggttatcaa gcacgagtaa aagaagaata   106380
cgatcaatta atgctcaaaa ttaatgcact tagcaatttt ttagaaagca caaagtttct   106440
aacggttagt gcagttgagc aagaattgct actttcgcag tttatctcaa tgaaatctta   106500
cgcagattgt ttagaaaaaa gaattgcaca attcaaataa aataagggct tcggcccttt   106560
tgttttaagg gaaattatga ttccgacata aaggaaagtt taaatgcaga aaacgaatcc   106620
gggtttgcag agactatttc agattccgtc atttacccta tcgaacagtg acttgactag   106680
tgaaatgaag gtcaaaattg ctgatactgc aagatactct ttaaaacaaa acccgaacca   106740
ggataaagca gaagttatcg aaagatgtcg tatcgctgtg tacgcagagt tttttgtggc   106800
agattggcta agagggtatg ttaacaaagg ccaagaggat gttaatgacc cgtatacata   106860
cgcatgggat gtactggcgc atccaaaata ctgcgggctt cgtgtagaag ttaagacaca   106920
tcaaactgac tcacgttgga tttcggtaac aacaggatgc agcggagagt atccatatgg   106980
ttctggaata aatctagggc ccattctaaa tcatcaagtc gctgactgta taattatatt   107040
caacactaaa gaaattcatc caggtgtcat ccagtacact ccgaagttca tcggtgacag   107100
agaagacctt cgtaaggttg taagaaaaag caactacaat ggatggtatc tttccattta   107160
aaaattttca caaaacggtt tacataccac aaggactgtg gtactataca actatcagct   107220
```

463

463/758

Фиг. 17FFF

sequence.txt

```
acggaggagt aaaaatgaaa tttaaatttt attacgctaa acataaaatt accggtgaat  107280
ttattgcatt tacgacttca actacagatg aaggagatat ttttactgca gtatttttat  107340
caaaatggga atcagatcaa ccttacttat catcacgtga agatctccaa cgattagtta  107400
atggagaata taatgattca tggtcatatt tagtccatga ttgtgttaaa aaggcaataa  107460
aacaaaaaca cttggaaatc gttgagattg aactatgagt tcattatggt ggtgtttcgt  107520
ttggttaatt agtattccat taatttgttt aacatttact tttgtgatga ggttattatg  107580
aaaattttga attctgtgct tattgcttgt gcgtggtggg ttgcgcaagt ttcagcagta  107640
gtagttggta ttcacattta ttacgaatat ttttaaaaaa gttgtttaca agactgttct  107700
tccgtggtat tattacccta tcaactacgg aggaacagaa aatgaaaaag attgttaaag  107760
ctatatggaa tgtagttata atactaatag ttttgagtat attcccaatc gttttaatga  107820
ttgatgtatt aaacgcttac tttggattta tgtgaggaaa atatgaagcg taaacgcagt  107880
gcttttacat ttattgaatg gtttttcgat aatatttttc cggctttatt cattttcatg  107940
ctgatttttg ctttaggttc agttgtagtt ggaatctatt tgatgacagt agtcggaatt  108000
gatattcatc aaaatggttt aaaatccgta gttgaaacaa tttggaacgg tgtaaaatga  108060
tgaatttgct gagcggttgg ttttatattc ttatgtttta cattggcgca aattttccat  108120
attggatggg atggtcaaca actgcgtttg gattttatac tccttgaggt gaattatgaa  108180
aatctttaaa gatgtaaaag ttggtgaaat tttctgttta gataacggtg atcagttaat  108240
tcgtatttca cctcttaaga gcactagcga gaaaccgaca gttaacgcta ctttagcaaa  108300
caatagtaat gaacgtttct gtattgaaaa tgatactgaa acttataccg tagaagagtt  108360
ttgggaattg agcgtcgact gcgacgatta atttaatggc cgtgtgtatt catgcggcct  108420
tggagtagaa aataatttag aggaaattaa tatgaaatac atgactgtta ctgatctgaa  108480
taatgcaggc gctaccgtta ttggtacaat caagaacggt gaatggtttt tgggagttcc  108540
acataaagat attttatcta aacctggatt ttacttttta gtaagtaaat tagatggtcg  108600
tccatttagt aatccatgtg tgtctgcacg attttatgta ggtaatcagc gttctaagca  108660
aggatttagt gcggttctaa gtcatattcg tcaacgtcgg tctcagcttg cgcgtactat  108720
tgcaaataac aatgttccat acacagtatt ttatctgcct gcttctaaga tgaaacctct  108780
gactacggga tttggaaaag gtcagttagc tttggcgttt attcgtaatc atcattctga  108840
gtatcaaaca cttgaagaaa tgaaccgtat gttggctgat aactttaaat tcgttttgca  108900
ggcatattaa tgagtaattt ccacaacgaa catgtgatgc agttctatcg taataatttt  108960
aaaactaaag gcgtcttcgg acgccagtga ggaaaatatg aatattgcaa aattattagg  109020
agttatttca tttatttgtt ggatagtagc atgtgtttta actatctgta ttgatgtcag  109080
cagtgtgttt tcgcaagctt tagctcaggg tatgtgtgca tatttaacat ttgtgttgtt  109140
```

464

464/758

Фиг. 17GGG

sequence.txt

atctactaat gattaagaaa atcttgggct attcattagc ccttgctatt ttattgatag 109200
cattatatta cggaataatg ttcggattaa ttcaagtcgt gcttttcatt tctgatgtta 109260
ttatggcact acattcacta gtatggtaaa tttatgcaac tgaataatcg tgatttaaaa 109320
agtatcattg ataatgaagc attggcttat gctatgtaca cggttgaaaa tcgtgccatt 109380
ccaaatatga ttgacggatt taagccagtt caacgatttg ttattgctcg agctcttgat 109440
ttggcacgag gaaataaaga taagtttcac aaactcgctt ctatcgcagg cggtgtagcg 109500
gaccttggat atcatcatgg tgaaaactct gcgcaagacg caggtgcttt gatggctaac 109560
acttggaata ataactttcc tctgttagac ggtcaaggaa actttggttc tcgtactgtc 109620
caaaaggcag cagcaagtcg ttatattttt gctcgtgtaa gtaaaaattt ctataacgta 109680
tataaagata ctgaatatgc tccagtacat caagataaag aacacattcc gcctgctttc 109740
tatttgccta ttattcctac tgttcttctt aatggcgttt ccggtattgc aactggttat 109800
gcaacttaca ttcttcctca tagtgtttct tctgtcaaga aagctgtact gcaagctctt 109860
caaggaaaga aagtaactaa accgaaggta gaattcccag aatttcgtgg tgaagtcgtt 109920
gaaattgatg ggcaatatga aattcgtgga acatataagt ttacttcacg aactcaaatg 109980
catatcactg agattccata taagtatgat cgtgaaactt atgtgagtaa aatcttagac 110040
ccgcttgaag ataaaggctt cattacatgg gatgatgctt gtggtgagca tggctttggc 110100
ttcaaagtta aattccgaaa agaatactct ttgagcgata atgaagaaga acgccatgca 110160
aaaattatga aagacttcgg gttgattgag cgtcgttccc agaatattac cgtcattaat 110220
gagaaaggaa agctgcaagt ttacgataat gtagttgatt taatcaaaga cttcgttgaa 110280
gttcgtaaaa cttatgtcca aaaacgaatt gataacaaaa tcaaagaaac tgaatcagca 110340
tttcgtttag cttttgccaa ggcacatttc attaagaaag taatttcagg tgaaattgtt 110400
gtacaaggta aaactcgcaa agaactgacc gaagaacttt ctaaaattga tatgtattct 110460
tcttatgttg ataaactagt tggaatgaac atttttcata tgacttccga cgaagcaaag 110520
aaacttgctg aagaagctaa agccaaaaaa gaagaaaacg aatattggaa aactactgat 110580
gtagttacag aatacaccaa agatttagag gaaatcaaat gagtccattc attggtatca 110640
caagcgctgc attagtatct ggtggcattt tactggcggg tttaggtgtt gttcctgccg 110700
tagcaggagg tcttcttgcg ttcggaattc aacgtgttat catgacagtt atcacagtca 110760
tgcagtaatt ttagggagag cctcggctct ccctttttat ttcaaaaatt ttttcacaaa 110820
acggtttaca accaaagcat actgtggtac tatacaacta tcaaataaat gaactgaaac 110880
aaacaacccg gagatacaaa aaatgaaatt taaaatcgaa aacgaaatcg ttaaagctaa 110940
aaatgctctg actgctaaca aactggttgt agatggtatt gaatatgata tctgtggagt 111000

465

465/758

Фиг. 17HHH

sequence.txt

tcgtgaagaa aaacctggtg ttctgacttt cttcacaatg atttttaaat ttaaaggtga 111060
cacagaattc aaacagtttg attttgccca tgaagacgaa atcgaagttc gtaatctgaa 111120
cattaagtaa gtactttatt agagctcttg aaaaagagtg caaaaaagtg tttacttctg 111180
ctttaaacat gatactatag acctatcaaa taaatgaact gaaacggaga ttaaaatgtc 111240
taaagtaact tacatcatca aagcttctaa cgatgttctg aatgaaaaaa ctgctgcgat 111300
tttaattacc attgctaaga aagatttcat tacagccgca gaagttcgtg aggtgcatcc 111360
agatttaggt aacgcagtag ttaatagtaa tattggggta ttgattaaaa aaggcctggt 111420
ggagaaatct ggtgatggat taatcattac tggtgaagct caagatatta tttcaaacgc 111480
agcaacttta tacgcgcagg aaaatgctcc ggaactactg aaaaaacgtg ctactcgtaa 111540
agctcgtgag attacttctg atatggaaga agataaagac ctcatgttaa aacttttaga 111600
tgaaaatgga tttgttctta aaaaggttga aacttatcgt agtaattatc ttgccatttt 111660
agaaaaacgc actcacggaa ttcgtaattt tgaaattaac aataatggaa atatgcgaat 111720
ttttggatac aaaatgatgg aacatcatat tcagaaattt actgatatcg gaatgtcatg 111780
taaaatcgct aaaaacggta atgtgtatct tgacattaaa cgctcggcag aaaacattga 111840
agctgtaatc actgtagcat ctgaactgtg aggaataaat aatgaacaag ttagaaattg 111900
tcaatgaact tcgtcgttgt gtagaaccta ctcaagaggg ttgggacatc tggtaccatg 111960
gagcttatct tggaactatc gtaaagatta agactggtaa atacatgatt attcgtgaaa 112020
gtaaagatgc tccagtaggt attcgcaata attttatggc agcgataagt tcatttacag 112080
atgcagctta cgaaatttac cttgccgatt ataaagaatt ccaggaatct caaccggtta 112140
ttcgttcaat tggtgttaac aaagctcagc agaaaacttt gtggcagcgt attaaaggat 112200
ggtttaaatg aacccattta ttaatcgttt aaaaatgctg aatgttcctt tatctcgtga 112260
aactccagaa agtcttgttg aaaaatttaa agcgcatggt tataaatgca cagaagaaga 112320
tattctgaaa gaagttcctg aaatctgttg gcagactgcg tactgggatg aaaaccaaaa 112380
gtatcaacga cgaattgtct gcgcagctaa tcgttttaaa ttaaaagatg gacgaactct 112440
tattattcca ggtgctcgtc attattctaa agatatggca gaagttttag atgtagttaa 112500
acctcaatta gttactcaac aagtttgtga tgatgaccaa ggatttattg accaatatag 112560
taattattgg acacgtgaag aagcaatgat tattgcaact tacgccggac aagtacgtat 112620
tgaacgtggt ggtagtgaaa aagaacttta ctctgaggac ctttactaat gaatattaaa 112680
aagtttcaaa ttgatggaat tacgaatcaa attaaggcat tggaatatgc caataaaatg 112740
atgtcaacta attggggaat ttatgcgaat gagccagcat ttaaattttg tgatatggaa 112800
tttaccaaaa agcttgtagg aaaagatcat gtatgcccat ttagttctcc ggtaaatgga 112860
atgctaaaac ctgctttacg cgatctttat attgcgatga acgaagaaat gataaaagag 112920

466

466/758

Фиг. 17III

sequence.txt

ctaaaacgtc aactgaaggt gattcaattt ggccagggaa attaattcaa aatcagatta 112980
ttttaactct ctcaatgata aagataaaaa tctaatacgg cattttattg ttgagatggg 113040
atataccgat acacacgatt taagagaaca tatatttgaa tgtggtgtag ctaaaaagtt 113100
ttcattcacg tgcaaatgtt taagagaggt aattcaacac tatgaacaat ttagtcgcaa 113160
aacataattt taataaagct tctgtccata aagataagaa gaaagcgttt aaagaatcta 113220
atcgcaaaca gaaacataag gggaaggtct atgattattg attctcaatc tgtagttcaa 113280
tatacaatca aaattgatat tctagaaaag ctatataagt ttctaccaaa tttataccac 113340
tcaattgtta atgaattagt tgaagaactg catcttggga ataatgattt cttgattgga 113400
acttataaag acctctcaaa agcaggatat ttttacataa ttccagctcc aggaaaaagt 113460
attgatgatg tattaaaaac tataatgatt tatgtccatg attatgaaat tgaagattat 113520
ttcgaatgag tcataatctt gaaaaagtaa tcgagcataa tgtagctcag gaacgtaagt 113580
cgttcaagga attcgtagaa aaaatttttg aagaaaatac cacagaccag tttacaaatc 113640
aagcgtctga tgatattata acaaagtcaa ctaattgagt ggtatagtta atgaataaaa 113700
atattgatac agttcgtgaa attattactg ttgcgtctat tttgattaaa ttttccagag 113760
aagatattgt tgagaatcgc gctaatttta ttgcatttct gaatgagatt ggagtaacgc 113820
atgaaggtag aaagttaaat cagaattcat tccgtaaaat tgtttctgaa ttaactcaag 113880
aagataagaa aacccctcatc gacgaattca acgagggttt tgagggtgta tatcgatatc 113940
tagagatgta tacgaacaaa taattattta gcccttccta atattctggc cgcctgagca 114000
catattgatt caaggcggtc attacttata tgatcatttc tataccagta catggttatt 114060
gttccagcat agatattatc caaattaaaa tatggacaac tgtacatgta gtttatttcg 114120
ggagtaggct ttttagttgg taaaaaagca aattttgagt cggaataata atgacgtcca 114180
tttaaatgaa ctgtatattc atccatagtt ttatcaacag gatatcctcc aagtgatttt 114240
tcacttattg ttgaaggtaa ttttccttca tatgctataa tatcaacaaa atagtttaag 114300
tttttagggc ggaaagaata caccgcacta aagtctgcct cagatgatat atgaactatc 114360
tggagttgtt ccagggcgac agattcaaag cgtgcatttc tttccttttc aataatttca 114420
ctgtatgttt catactttga ttgcttatag tactcaaaga aactatctcc cctataccaa 114480
acaatcgcca tcataaataa aagaattacg acagctaccc gggaagcaag aactttcccg 114540
gtagcgttat ctttgaacaa gcgatctaga acaccaaaca gaatatcaga gggcgaaaat 114600
gatattctag gtgctgccat agaccctcct tttaagggta tttattcaca ttatactctt 114660
ggaccatata ttgctccaac attttgccat gttggagcgg accctatgac agcataacca 114720
gcagcgccgc cattatattc agatccttga ccgcgaatat tgcatctacc tcccgcggaa 114780

467

467/758

Фиг. 17JJJ

sequence.txt

```
cctacttcac caccgtttcc accattatag ataccattca cggatcctga gccaggtgca   114840
gaaatagtac cgccagtcgc gcctgattgc atatcaatag atcctcctgg cgcaccaaaa   114900
ggacgaccgc caccaccacc aaaggtcaat ctcatttgtg aaaaaggaga ataatatccg   114960
ccgccgccac cgccgccacc gcctgcaata gctccgccat tattaattct tagtctccca   115020
ccaatatcgt tttgaataca atgacctcca gctgagccag gactattgct accgccatta   115080
cctccacgac catacatcgt tacgccatgt atatttaact gaacatattc atttggtgta   115140
tctccgtaca tgaagaataa aggaacatct ttagaataag aaacgatatc accaacaata   115200
ttgaatacaa taggtgcacc gccagcttca aagcatctat cacggaacca ctgaccatta   115260
aaattgtggt ttgctcctac agtatgaata atttctcgtg agcgacctgc aaattgactc   115320
atccagcaag gaacacccaa tcttaattga ccagctgctt gactcatcca gcgctgtcct   115380
gtttcatttg cggctgaact tccaatccaa ccaggaacac caactactgc cataatttat   115440
actccaaagg gggcatttcc cccttgttgt tagaatttaa aatatttact aattttgcga   115500
gcaattttag taaagagagg cgttttcaat tctttaattt cttcactcat ttcctgaata   115560
gccttaatta aaagagcatt cacagcagag ttagaaattg tcagaacatc agatccatca   115620
acttcaactt tagatacagc ttccggtaat tccttttcaa ggtcctgagc aataatacca   115680
acttcacgtt taataacact acggtcttta atagacttaa ctttatcgta aatataaact   115740
ttcagtcggc aaacttttc gactgctcca tattctaatt cttctttatt aatcttgaga   115800
cgggagtcag aacgaatata cacatcgcta aagctaccat ttcctggtgt ataaaagaat   115860
ccatcatgat ggaattcaaa cacagcttgt gggtgtccag catcaggaga agcctccgtg   115920
gatccgacac gaatgattgc ttgcccccac tgtgatggaa tacgacgcat accaaagtca   115980
acagcggtgc tatatccttg attggttata acgcttcttg ctttaagaat aggataataa   116040
ctatcttgac caacataacc atgatcaacg aataatggag cttctactcg ccattggttg   116100
ccccaatcac ccggttgtct agcaatccat ccagaaccgt taatgtgtac acggtcacgg   116160
ttaacgttaa ccattgcggt attttgcggg tttaacgcaa tctcaccatt gtttgtgata   116220
tgtactgccg cctgagaagc atagctataa aatgctagcg aattatcagc accacccttg   116280
ccaatatacc agttaccagt cccgtctatg tcaccgcgaa tatgcaaaga attactagca   116340
gttgttgata atacaataga atcattaggt gcattgattg ttaaccgacc tgtcatcgta   116400
tcaccgcctt tacctaggcg agtattcaag gcagcatcta aattggttgc atcgttgtat   116460
ttcttccaga ttgaaccagc aatgttacca tcagtgttca agaatgctgc gccagcataa   116520
actcggcttt gtgacatgaa tcggccagac ggcaagaaac gccatgtagc taattcagtg   116580
gctgtagttc cagtagcgga taaatcaccc tgagcaacga tacgatattc tgaactagca   116640
atatccatac cagaagccat agtaatattt gttacagtgt ttttctgttt aacaattggc   116700
```

468

468/758

Фиг. 17KKK

sequence.txt

gcaaactggt ttttatttga atcgtcaata gcctgatata atggcgcaat ggtagtattc 116760
tgatttgcgt aagtattaga accagaaccg ctagcagggg cttgaatata tgctcctgga 116820
gcaagtgaaa ttttctgatt agcaccaaga ttaacagcag cagtgatatt cagcaatccc 116880
ctaaagtttt gttgagcagt ccaagtatgt gatccgtctt caagaacaac acgacgacaa 116940
gtattagtcc tacttcctgg attaccagcg atacgaacaa cgaaataacg atagttcgcc 117000
tgagatacag taccgcgcca cacttgaaca gttcgacccg ttccggtatg ttcgctagga 117060
ccgacagaaa acataaccag gtttccatca atcgtgcccc aatccatatt tgctggcata 117120
ttctttattt tgttcaaagg aacactaaac atactaccag ggacaaaatc aaaggtttgc 117180
caatctaact ccgctaattg agctttaata ccacccatac ccaaagtaat tggcagagaa 117240
taagatgtat atacttcgtt ccatgcaccc cacgcaccac cagtatatgc acgctcaaaa 117300
atacgatcgc gagtagttgc acccgttcct gcggtagtga aacgttggaa aatagcaccg 117360
ccagaagcac gctgtttaac ttccagcaaa ccaacaataa cagtcggcaa accttcacct 117420
gtaggacagt taataacggc atcagtgcct aaaatattat ataacccggg agttttaaaa 117480
tcattcagat ctccatcata gaaagtcgct ggtgtgccat gaccaacctg cttccattcc 117540
tcccacttag gtgcactagc atcccatgca gcagcgagac aacgagtata aaccataccc 117600
atgcgggtag tataacgctg agttctcgtg tataaaccac cttcaaatat ttctaaaaat 117660
ccttgtgcgg ctgatccttc ttctggataa tggcgatcaa atgatgcgat tgcgcttgaa 117720
ctgtttcgcc ataagccaca atgttctaat tctcccaagc tatcaaggtc aatcgtttgt 117780
gaaagtggac gagttgacgc ttgaacatta cgccacacac cccatggacc atcgacgcca 117840
ttccatttag cagataagga acgaatatag acgttaccag atcttacagt ataacgctga 117900
gtgccagcaa attggccggc cacaaacact tctagtacac ctacggcatt ttcttctggg 117960
aatttatttg ctggttgcgc atttgttgaa gtagatttcg accaaacacc aagatattct 118020
tcaatgggcc catacgtatc taaattagca tcagtaggta attcgccatt atttttata 118080
aatgttgtgc tattgacatt tatgtcagat ggagttaagg taatgtcctt tgacccatca 118140
aaagatatac cattaatttt cctaggtgtt tgcaatttag tagctgtgct agaatttcca 118200
attaaagttc cagttatatt ttctgtaacc tctaaagacc catttatagt tcctccatat 118260
tttaaaccta attctataac actacctgag tcatcttttg tgaaaattgt tttatctttt 118320
aagtttatag ccaattcacc ttcggctaat actgaagcag caggacgttg acctgcagtt 118380
ttgcttcttt taaattgtat ttgttttaaa gtagccataa gtcctcttaa taatagccga 118440
aatcttgaac agaatcctta attacgattt ggtcaaatcg tggaacgtgt gaaggttgag 118500
atgcaggatt ctgtgaaaaa aggtttggcg cagttaaatt tcctgtcata gtgtctccag 118560

469

469/758

Фиг. 17LLL

sequence.txt

agcgtaatac cctagagttt gcatttgctg taacagtatt tattgctcca tcaacataat 118620
ctttgcgagt aacatcagat gctgcggaag gagtagatgt aacagttacc gatggagccg 118680
ttacagccct ggtaaatgtt gtcaaacctt ctggcgtaat agtaatttgt ccagtagtga 118740
tttcactacc tgcaggtcta aaactaatac caccggaaga gccgccaact acaagagtat 118800
taccagtgcc gccaccagaa cgaattcgga taggggtttc attattactt aattgaagat 118860
aactatttac cccgtaatta atagtaattg gaccggcgta agtaccacca ttagctttag 118920
aaacgaaatc gttatcagct gcctgcggtt tattatattc tgaatatatt ttaaatgatt 118980
tgtagagtac atcgtcaccg gctgaattca atggaaaatt tccttgatgc caaatgacag 119040
atccacccac agttgaacct acttttaaat cagccattat atgccccttt attttaatat 119100
tatttataaa gaaaaaggga acccgaaggc tccctcagtt taaacttctc taaattcctg 119160
tccaaacact ttgccagttt tagaagaggc ttgtgtagga agtaccatta tatctggagg 119220
tgaagccgat tcacagacat aattaacgcg aataccgttg acgccaaatt cggcaggttt 119280
tgaaatgccg ccatttcttg atacttcaga aaaacttaaa tttctcatgc cgccttgacc 119340
tgcttgagca gttctttgtg catatatcgt aaatcctacg gcgttttctg gaacaactac 119400
atagtcttct tttaattccc aagacccagc ttgcccagta aactcagctt gggtcgagga 119460
aatatatcca tttgatgcat cataaaaacg aatggatatg tttgtagttc caagatcaag 119520
taaatcagca tcagcatata actgtgcttt aagataaaga acatcaccag gaattaaatt 119580
atagtcagaa agtttactta tagcagctga agttggcaat cgcgcaattt cgttattagt 119640
tccaccaact gctgacatga attgctctac actttcataa gttctttttg gaaatcctgt 119700
cgctccgacg tcttctaaac tatcaaatac aacatctaaa atagtttgat aatcatctgt 119760
gctttttcta ttacttagtt taacatgctc taatgcaata gctcttttag aagaagtata 119820
aaaagcagca tatgatacgt caaatcttga caatactgaa tctgatggaa aaactgaagt 119880
tcctgctccc cttaaccaag ataccacttc aggaggaaaa ttaacctttc cgctagttaa 119940
tatagcaaca agtctattgt ttgacaaaga attcatgaaa ctgacaaaag cggcagatgt 120000
tgtattgttt gaagcagaaa aagcatatga cttgctatca actaatgctc ccgtagaagg 120060
gtcaaaaact cttaaatgaa gacctgcact aaatgtttga tttccaacgg gattatcctg 120120
aaatttaaca tatggccccg cagtagaaag cgggcaagaa cccgctatgc ttattttgta 120180
tcttactgaa ttactttccg ataaaaatgg cgtttggacg tatccttgtc caaactctgc 120240
cataaatttt tccataatac ctcttattca acccattcaa atttaacagt tttattcact 120300
gggtcaggaa taatgcgaac attaccaatt cgtaagaaat cacgaatagt aagattacct 120360
attattccat tatcagatgg gattgctcct atatccgaag gttgaggagg gttacctcca 120420
tcaaatacct gaacaaaact tgaccaagaa tttttagttt tctgccatgt acgcgtccag 120480

470

470/758

Фиг. 17MMM

sequence.txt

cgagtggtac gtgcttctgg ggtcgttgga taagtaatcc aatcttggta aagcgaatca 120540
agtgtgttac caaactgagt caatgtacca ggagatttaa cttcttcgcc acgttctaag 120600
tatggaagcc cagtcacttc attagttttt tcaaccattt taaaataacc cgggaactgg 120660
ttataagtgg ctgaatcgtt aatatcaatt gaccagaatc ctacagtatc agatgttgga 120720
gcgcgggtgt ataaatcaga tgttttagtg ccctgagaac gaattctcga gttaacagtc 120780
aaaccgcctg aatttatagt agcacctttg gcaatgatta agctttcacc aatcgttact 120840
tggccagatg cattattaat agctaaagga cgtaatccat taaatccacc agtctgatca 120900
cccgatgcag taagcataaa attcgttact gatccatcat tgcgaacaat gaaaccataa 120960
tttccgttaa tagcacggaa agcatttgcg cttcgagaaa taatttcacc agttgcagtg 121020
actgaattac caaatgttgc tacaccattt gcattcaatg ttcctgaagc attaacattt 121080
atcggtgtta ctgtaccgtt gatattaaat gttatatttc cagctttatt acgctgagaa 121140
taaaaatgac tagacgtttc atcactaact tcaaatacgg tagaacgtgt tgtgtctgat 121200
tccccgctaa attgatttcc ccacactctg actgtcatcg tttgagccgg gtttgttcca 121260
gtttgaggtc ctttctcaaa aatcagacga gttgccgttc cagtattaga aatagttaat 121320
gtactatttg ctgaaactga tccaccgaat gtagcagtac tagatgatac aagaggggca 121380
cccagattcg tttgttgggt taaggttagt gaaccattaa ctgtttgtgc aatgtcccta 121440
cgaatgaact ggagcgaatc tagaccatct aataaattac tatctacagc ttttgctttt 121500
aatggcaaat aatttgctaa tacgcgattt aattcatatg gtgatactgc ataaccattt 121560
ttctcatatg attctaatgg ctgtgttgaa cctaccgtat cattaccaac aaacgttaat 121620
gaaccagaag aagttttaac aaaccctctt atcagagtag ttgctgccca agttggttca 121680
ctctgcacaa tccattttaa atttttgga gatacagcag tatttgctga cgttccagtc 121740
acagtttcag actgagttgc aactttaata acaccttctt gcgattcggt agatttagta 121800
cctaaaagct ttttaggagt tattaaaaca ttatctaatg ttcctgcagc agcttcaact 121860
tgtgtagcta cacgaagtgt accacgctgt gtctcatttg cttcaagaat attaagggta 121920
taatggtccc agagagttcc tgattcaact aatccagata gagcaacaac agaagtacga 121980
tcagtactat taaatctggt tttaattttt aatggtgtag agatacgagt atcgtcgacg 122040
cctgcgtcga attcaacttg cgtagcaatt tcagctatac cacttaaact ttcagttgct 122100
ctacggtcat ttaaagtttt aggagtgact gcgcgagtat aatcagttcc tgtattaact 122160
tcgctttgcg tagcaatttc aattaaacca attcttccat cagttgatgt ctttttatgt 122220
aacgtttctg gtgttacaac cgcatttgcc catccttctt ggctttgtcc agcaattact 122280
tcactttcaa ctgctaaaat tactgcgcct tgttgcgttg gagtagcttt atactgatcc 122340

471

471/758

Фиг. 17NNN

sequence.txt

```
aaagctttag gtgaaacaac taaattatta gtgtttttat tataaacatt cgtaccattt   122400
aattcacgac tagaagctgg agtagctcct gcggtagata caaaagttac aataccagat   122460
aatgattcag aaccttgacg agcttgaagc tttttaggag tgatgattgt agtatcatca   122520
gtacctgtat tagtttcctg ctgcgtagca atttcagcga cacctctacg agtttctgta   122580
gcagttcttt cattcagctt tttaggagtg atgataaggt catctgcaaa agagaatgtg   122640
gtgttctgat ttacttgagc agtagttgct attcttgcaa tacctctgcg agtttcagta   122700
gcagtacgat tagctaacgt ttctggagta attgccaatt ctttttgcgg agaattttct   122760
aaatcagcat ttgcttgagc ttgtgtagct aaagcaatta cgcctaatct tgctctagta   122820
gaagcattta aagagtctac tctttctaca gttggaacgt tttgctgtac aacccagtat   122880
tttccatcag aatcttctat ataagcaagt tgtaaaactg gaacataatt agtttcaccg   122940
ttaaaaacta attcttgaac tgttacccat tcagcttcag gcggatattc tgaacgtttt   123000
gggaattgca gcaattgaac tgaagaagca attttatctt caccagcagc tttgatttta   123060
actgtttgtc cttttctcat gtaattcatg gaaattttaa cagtatcacc aacagaaata   123120
tcagtcggaa gctgaagttc aattgtttgg gttgttccat tattcgcgcc aaataccatg   123180
acttcttcat ttggacgaat atttgaatta gttgttataa tgcgtaaacg tgctttacta   123240
tccccgtcaa acaatctcca caatttctca ttatcgtcaa acatcaagaa accgtcaatc   123300
gatgtacggc cttcaatgga atgagttcca acttcttgta ctgaagtcgt ttcatcgtat   123360
gtagtaacaa ttgtatgata aagtggattc agtttatcta aatcaacgaa attaataata   123420
tcgccatgat tagcaaatct cggaagttta acattaattg gtgcagcaga agtaaatcta   123480
cgtacgataa aatcattaga ttgtgcttga tacgcagtcg atggagtaac aatcgcagct   123540
tctctgctat aatcagcaac atacatttgc cacaaacgat tattaaaaat gaatatcatc   123600
tgtgactttg gatgagtcat taaaactgaa cgtacttgtt cacctctaaa attgacaata   123660
ctctgatttg aagaatttat tttaacctga tttatgccag gttttccacc gatatcttga   123720
attattacgg tttctccatc aagcggagaa ggtggtaaag taaactcaat gtcattgcca   123780
actgatgtat ctactgaaat tgcttctccg gattttaatt gatatggtcc agatgataca   123840
gttgtatata cagcatcagt acgtaatgct ttccaacgaa ttctattaaa atttccagca   123900
ggttttggaa tattatccgt tgctgcccaa aaacgattat tataaatgat tacaaaatct   123960
tttaaatatc cacgagttgg atcatattgc tgaactgtgt tttcttgaat taagtaatca   124020
acgttaacac cgtcagttcc tacggtacga tcagctaaag ctacgttgat tattttatcg   124080
ccacctgcgt ccagaccatc ttctgctctg aactttcttt taatctcggc cattctcccg   124140
ggctcctatt gtgttttcaa taataagtat ttatacctgt ttactttaag atttagatag   124200
tatataatag aaatctcact aattgaacga ggttcatatg gatttagaaa tgatgctgga   124260
```

472

472/758

Фиг. 17OOO

sequence.txt

tgaagattac aaagaaggaa tttgctttat tgactttagt caaattgctc tttcaactgc 124320
tctggtaaac ttcccagata aagaaaaaat taatttatcg atggttcgtc atttgatatt 124380
gaactcaatt aagtttaatg tcaaaaaagc aaaaacgctt ggatacacta aaattgtgct 124440
gtgtattgat aacgcgaaat ctggatactg gcgtcgtgat tttgcttact attacaagaa 124500
aaaccgtgga aaagcacgag aagaatctac ttgggactgg gaaggttatt ttgaatccag 124560
tcataaagtt atagatgaat tgaaagctta tatgccatac attgttatgg atattgataa 124620
gtatgaagca gatgaccaca ttgctgttct tgttaaaaag ttctctttag aaggacataa 124680
gattttaatc atttcatcgg acggtgactt tacacagctt cacaaatatc caaatgttaa 124740
gcaatggtca ccgatgcata agaaatgggt taaaattaaa agcggttctg ctgaaattga 124800
ctgtatgact aaaatcctta aaggcgacaa aaaggataac gttgcttcag ttaaagtacg 124860
atctgacttt tggtttacca gagttgaagg tgaacgaacc ccttcaatga aaacttcaat 124920
cgttgaagct attgctaatg accgtgagca agctaaggtg cttctcacag aatctgaata 124980
taatcgttat aaagaaaatt tagttctaat tgattttgat tatattcctg ataatattgc 125040
ttcaaacatt gtgaattact ataattcata taaattacca ccgcgtggca aaatttattc 125100
atattttgta aaagcgggtc tttctaaatt aactaatagc attaatgaat tttgaggtga 12 5160
ataatggcta aaaaagaaat ggttgaattt gatgaagcta tccatggcga agacttggct 125220
aaatttatta aagaagcatc tgatcataaa ctgaaaattt ccggttataa tgaactgatt 125280
aaagatattc gaattcgtgc taaagatgaa cttggcgttg atggtaagat gtttaatcgt 125340
ctattagctt tgtatcataa agataaccgt gatgtgtttg aagctgaaac tgaagaggta 125400
gttgaacttt atgacacagt tttctctaaa tgatattcgc ccggtcgatg agaccggtct 125460
ttcagaaaaa gaactttcaa ttaagaaaga aaaggatgaa attgcaaagc ttcttgaccg 125520
ccaagaaaat ggatttatta ttgaaaaaat ggtagaagaa tttggaatga gttatcttga 125580
agctacgaca gcattcttgg aagaaaactc tattcctgaa actcaatttg ctaaatttat 125640
tccttcgggt ataattgaaa aaattcagtc agaagccatt gacgaaaatc ttttacgtcc 125700
ttctgttgtt cgttgtgaaa aaactaatac attagatttt ctgctatgat taaactccgc 125760
atgcctgctg gtggtgaaag atacattgat ggtaaatcag tttataaatt atacttaatg 125820
ataaaacagc atatgaatgg aaagtatgat gtaattaagt ataattggtg catgcgggtg 125880
tctgatgccg cttatcaaaa gcgaagggat aagtattttt tccagaagtt atcagaaaaa 125940
tataaattaa aggaacttgc tttaatttttt ataagtaatt tggttgctaa ccaagatgct 126000
tggattggtg acatctctga cgctgatgca cttgtgtttt atcgtgaata tatcggacgc 126060
ttaaagcaaa ttaaatttaa gtttgaagaa gatattcgca atatttacta ttttagtaaa 126120

473

473/758

Фиг. 17PPP

sequence.txt

```
aaagttgaag tttctgcttt taaagaaatc tttgagtata atccaaaagt tcaatcaagt   126180
tatattttta aactacttca atcgaatata atttcgtttg aaacgtttat cttgcttgat   126240
tcgtttttaa atataattga taaacatgat gaacagactg ataatttagt ctggaataat   126300
tattctataa agttaaaggc ttatagaaaa attttaaata ttgattcaca gaaagctaaa   126360
aatgttttca ttgaaactgt gaaatcttgc aagtattaat tgcttattat aaataagatt   126420
ataattatct cactgaccag ctatgaggtc atacatcgtc atagcaccaa ctgttaatta   126480
aattaaaaag gaaataaaaa tgtttaaacg taaatctact gctgaactcg ctgcgcaaat   126540
ggctaaactg gctggaaata aaggtggttt ttcttctgaa gataaaggcg agtggaaact   126600
gaaactcgac aatgcgggta acggccaagc agtaattcgt tttcttccgt ctaaaaatga   126660
tgaacaagca ccattcgcac ttcttgtaaa tcacggtttc aagaaaaatg gtaaatggta   126720
tatcgaaaca tgctcatcta cctacggtga ttacgattct tgtccagtat gtcagtacat   126780
cagtaaaaat gatttgtaca acactgacaa taaagagtac agtcttgtta aacgtaaaac   126840
ttcttactgg gctaacattc ttgttgtaaa agacccagct gctccagaaa acgaaggtaa   126900
agtatttaaa tatcgtttcg gtaagaaaat ctgggataaa atcaatgcaa tgattgcagt   126960
tgatgttgaa atgggtgaaa ctccggttga tgtaacttgt ccgtgggaag gtgctaactt   127020
tgtactgaaa gttaaacaag tttctggttt tagtaactac gacgaatcta aattcctgaa   127080
tcaatctgcg attccaaaca ttgacgatga atctttccag aaagaactgt tcgaacaaat   127140
ggttgacctt tctgaaatga cttctaaaga taaattcaaa tcatttgaag aactgagcac   127200
taagttcagt caagttatgg gaactgctgc aatgggtggt gccgctgcaa ctgccgctaa   127260
gaaagctgat aaagttgctg atgatttgga tgcattcaat gttgatgact tcaaaacaaa   127320
aactgaagat gattttatga gctcaagctc tggcagttca tctagtgctg atgacacgga   127380
tctagatgac cttttgaatg acctttaaca gattatatta ctaattaatt ggggacccta   127440
gaggtcccct ttttatttca aaaatttttt cacaaaactg tttacatcct tgtccttcca   127500
tggtactata caactatcgg caatactgct gataattaaa gaggaaaata atatggctaa   127560
agttgatatt gacatcgttg attttgaata tattgaagaa attattcgta atcgttatcc   127620
tgaacttagt atcacaagta ttcacgatga tcccaattat tgcaattttt ctattgtcat   127680
tgaaggtcct cttgaagacc tcacccgctt tatggctaat gaatattgtg atggtatgga   127740
ttctgaagac gcagaatttt acatgggatt gattgaacaa taattatcaa ggggctatta   127800
caagccccgt taaaatgagg aaaacgtaat gtatattggc aaaaagtatg agcttgttcc   127860
aagacttatt gatacattta ttaattatcg cccacgttct aattcatcga tagttaaaat   127920
tattcaagaa aatggtggat ggtttgaagt taaagaagct ttctttgttg atggatttag   127980
agtaataaaa cacattgaat gcgcaaatgg aaagcatttt tactttaacg tttgtgaaga   128040
```

474

474/758

Фиг. 17QQQ

sequence.txt

cgaatttcat tgttttcgtg agtataaaga accgacttct gaagaagatg gagccgaaga 128100
catagtttct ggcgtaacaa aaattcactg cattgttgac gaaaataatg tagatgaaat 128160
cattgaactt ttgcgaaaaa ctttcaaaaa gtagtttaca acagggtagt agtgtgatac 128220
tattacccta tcaaaactaa tggagaaaag aaaatgttcg caccttatat tatggcagca 128280
gttatgttgg tctgtttata tcttttgatt aaagcttgct aaggagaata aaatgagatt 128340
acaacgccag agcatcaaag attcagaagt tagaggtaaa tggtatttta atatcatcgg 128400
taaagattct gaacttgttg aaaaagctga acatctttta cgtgacatgg gatgggaaga 128460
tgaatgtgat ggatgtcctc tttatgaaga cggagaaagc gcaggattct ggatttatca 128520
ttctgatgtt gatcagttta aagctgattg gaaaattgtg aaaaagtctg tttgaggaaa 128580
ataatatgtc tggcattcat gtaactggaa ttgctcaagt aaacatccgc tgccaattta 128640
aaactgtacc tggggtgact catattactt tatcacacga cccatattct cgtggaagac 128700
agttaactgg cgtaattaag tttttcggcg gaattggcgg aagcgaattt actataggag 128760
atgacgaaat tgttggctgt aaattaaaag ttcagaaggg cgtgttagaa ctttttagtg 128820
atgaagtttt tgatgaaatc tcacgagcag ttaacaaagg aatgttaacg ttaattaaaa 128880
tgattaaagc tagcggatat gttactgatc ctttttaata ggaggcaata tgatttttgt 128940
atttgaattt atgaatgatg aattcgatta tgcaattttt aacgcattgc ataatcctga 129000
tttaagtgaa tttaatgaaa tgttttctga cgctttgagt atgtcagaag aatactgtgg 129060
agaatgtcaa cgtgtttgtg tgacagtctt tgaaaacaaa gaaaagacct atgaagaatt 129120
attctttgat gctaataaag ccactgaatg gtttgttgaa agaggttttg cgtaatgatt 129180
aaattggtat tcgcttattc tccaactaaa acggtcgaag gctttaatga attagcattc 129240
ggtttaggtg atggtttacc atggggacga attaaaaagg acctccagaa ttttaaagct 129300
cgtacagaag gtacaatttt gattatgggt gctaaaacgt tccagtcatt atctacatta 129360
cttcccggtc gtagccatat tgtggtgtgt gaccttgcgc gtgattatcc tgtaactaaa 129420
gacggcgatt tagcacattt ctatattact tgggaacagt acataactta catttctggc 129480
ggcgaaattc aagtttcaag tcctaatgca ccattcgaga ctatgcttgg tcagaattcc 129540
aaagtaagtg taattggcgg gcctgctctg ttatatgctg cgttaccttа tgcggatgaa 129600
gtagttgttt ctcgcatcgt taaaaggcat cgtgttaatt caacggttca attagacgca 129660
agttttcttg atgatataag caagcgtgaa atggttgaaa cgcattggta taaaatagat 129720
gaagtaacaa cccttacgga atcagtatat aaatgagcaa taaattaaaa gttaaggatg 129780
ttcctaatgc tatggcccct tttatttgta ggcagatgca tcaagggcct atgacaccaa 129840
aacaatatct taaaggtgag cgttctttag gatttactcg caaagcaaaa caaatggtta 129900

475

475/758

Фиг. 17RRR

sequence.txt

aattaggata taagcctaac tttgccaaat atccttctac atattcttgg atgaactaat 129960
gaaacaatac caatttttaa ttaaagatat cctggaaaat ggctacgaaa ccgatgaccg 130020
aacaggcaca ggaacaattg ctttgttcgg tactaaatta cgctgggatt taactaaagg 130080
ttttcctgca gtaacaacta agaagctcgc ctggaatgca tgtatttctg agttattgtg 130140
gttcttatca ggaagtacta acgtaaatga tttgcgatta attcaacata attcattaat 130200
tcaaggcaaa acagtttggg atgaaaatta cgaaaatcaa gcaaaagatt taggatacca 130260
tagcggtgaa cttggtccaa tttatggaaa acagtggcgt gattttggtg gtgtagacca 130320
aattatagaa gttattgatc gtattaaaaa attgccaaat gataggcgtc aaattgtttc 130380
agcatggaat ccagctgaac tcaagcagat ggcattaccg ccttgtcata tgttctatca 130440
gtttaatgtg cgtaatggct atttggattt gcagtggtat caacgatcag tagatgtttt 130500
cttgggttaa ttgaggcctg agtataaggt gacttatact tgtaatctat ctaaacgggg 130560
aacctctcta gtagacaatc ccgtgctaaa ttgtaggact gccctttaat aaatacttct 130620
atatttaaag aggtatttat gaaaagcgga atttatcaga ttaaaaatac tttaaacaat 130680
aaagtatatg taggaagtgc taaagatttt gaaaagagat ggaagaggca ttttaaagat 130740
ttagaaaaag gatgccattc ttctataaag cttcagaggt cttttaacaa acatggtaat 130800
gtgtttgaat gttctatttt ggaagaaatt ccatatgaga aagatttgat tattgaacga 130860
gaaaattttt ggattaaaga gcttaattct aaaattaatg gatacaatat tgctgatgca 130920
acgtttggtg atacatgttc tacgcatcca ttaaaagaag aaattattaa gaaacgttct 130980
gaaactgtta aagctaagat gcttaaactt ggacctgatg gtcggaaagc tctttacagt 131040
aaacccggaa gtaaaaacgg gcgttggaat ccagaaaccc ataagttttg taagtgcggt 131100
gttcgcatac aaacttctgc ttatacttgt agtaaatgca gaaatcgttc aggtgaaaat 131160
aattcattct ttaatcataa gcattcagac ataactaaat ctaaaatatc agaaaagatg 131220
aaaggtaaaa agcctagtaa tattaaaaag atttcatgtg atggggttat ttttgattgt 131280
gcagcagatg cagctagaca ttttaaaatt tcgtctggat tagttactta tcgtgtaaaa 131340
tctgataaat ggaattggtt ctacataaat gcctaacgac tatccctttg gggagtaggg 131400
tcaagtgact cgaaacgata gacaacttgc tttaacaagt tggagatata gtctgctctg 131460
catggtgaca tgtagctgga tataattccg gggtaagatt aacgacctta tctgaacata 131520
atgctaccgt ttaatattgc atcatatgct acgttagttc atattgtagc taagatgtgt 131580
aatcttatcc caggagattt gatattttct ggtggtaata ctcatatcta tatgaatcac 131640
gtagaacaat gtaaagaaat tttgcgtcgt gaacctaaag agctttgtga actggtaata 131700
ggcggattgc cttataaatt ccgctatctt tctactaaag aacaattgga atacattctt 131760
aaactcaggc ctaaagattt cgttctcaaa gattatcagt cccacggcgt cttgaaagga 131820

476

476/758

Фиг. 17SSS

sequence.txt

aaaatggcgg tgtaatttca atttaattgc gaggatatat gattttacga tttaaagata 131880
cttctggtgc agttcttttt acacttccta atccaagtga gctagaagtt ccaggaccaa 131940
atcagcctat tatcatttat ggcaaaaaat attatactca taaaatgact cgtgagtatt 132000
ttgataataa aatttctaca gttaaaactt cttctgattg ttactatgat attactgttt 132060
taacggaaaa acaatatgac gaattatcac cgcgcgggcc gtctatgcca ggtagtgaat 132120
aaatataaat ccgactttga tgtcaatatt caccgcggta cattttgggg aaattacgtc 132180
ggtaaagatg ctggcagccg ggaggctgcc attgaattat tcaaaaaaga ttttatacgt 132240
cgaattaaat ccggagaaat aactaaagca catttagagc ctttacgtgg aatgaggcta 132300
ggatgcacat gtaaaccaaa gccgtgtcat ggtgatataa tagctcatat agttaaccga 132360
ttgtttaaag acgattttca agttgaggac ttatgcaatt aattaatgtt atcaaaagta 132420
gtggtgtttc tcagagcttt gacccacaaa aaattattaa agttttatct tgggcagctg 132480
aaggaacatc agtagatcct tatgaattat atgaaaatat taaatcatat ctccgtgatg 132540
gaatgacaac tgatgatatt cagactattg tcattaaggc cgctgcgaat tctatttcgg 132600
ttgaagaacc tgattatcaa tatgtagctg cacgttgttt aatgtttgct cttcgtaagc 132660
atgtttacgg gcagtatgaa ccgcgttcat ttattgacca tatttcttac tgtgtaaatg 132720
aaggtaaata tgaccctgaa ttgttgtcaa aatattcagc agaagaaatt acatttttag 132780
aatcaaaaat taagcacgag cgggatatgg aatttactta ttccggggcg atgcaattaa 132840
aagaaaaata tctcgttaaa gataaaacca ctggtcaaat ttatgaaact ccgcagtttg 132900
catttatgac tattggaatg gcattgcatc aagatgaacc tgttgataga ttaaaacatg 132960
ttattcgttt ttatgaagca gtatctactc gacagatttc attaccaact cctattatgg 133020
ctggttgtcg tactccgact cgacagttta gttcatgtgt tgttattgag gcaggtgatt 133080
cgctgaagtc tatcaataag gcttccgctt cgattgttga atatatctct aaacgcgctg 133140
gaattggtat taacgttggt atgattcgtg ccgaaggttc taagattggc atgggtgaag 133200
tacgccatac tggtgttatt ccttttgga aacattttca gactgcagtt aaatcatgtt 133260
cacagggtgg aattcgtggc ggcgctgcta ctgcttatta tcctatttgg catttggaag 133320
ttgaaaatct tctcgttttg aaaaataaca aaggcgtaga agaaaaccgc attcgtcata 133380
tggattatgg tgttcaactg aatgatttga tgatggaacg attcggaaag aacgattaca 133440
ttactttgtt cagtccgcat gaaatgggtg gagagcttta ttattcttat tttaaagacc 133500
aagaccgttt ccgtgaatta tacgaagcag cagaaaaaga ccctaatatt cgtaaaaagc 133560
gtattaaagc ccgtgaacta tttgaattgc tcatgactga acgttcagga acagcaagaa 133620
tttatgtaca gttcattgat aatacgaata actatactcc gtttattcgt gaaaaggcac 133680

477

477/758

Фиг. 17TTT

sequence.txt

ctattcgtca gagtaacttg tgctgtgaaa ttgctattcc aacaaatgat gtgaatagtc 133740
ctgatgctga aattggattg tgtactctct ctgcattcgt actagataat tttgactggc 133800
aagaccaaga taaaattaat gaattggcag aagttcaagt tcgtgctctt gataatcttt 133860
tggattacca aggatatcca gttcctgaag cagaaaaagc taaaaagcgt cgtaacctcg 133920
gtgtaggtgt taccaactat gcagcttggc tggcaagtaa ctttgcttct tatgaagatg 133980
ctaacgattt aacacatgaa ctatttgaga gattacagta tggactcatt aaagcatcca 134040
ttaagctcgc caaagaaaaa ggaccttgcg aatattattc agacactcgt tggtctcgag 134100
gcgaattacc tatcgactgg tacaataaaa agattgacca aatcgcagct ccaaaatacg 134160
tttgtgactg gtcgtcgctg cgggaagacc ttaagctctt tggcatccgt aatagcacac 134220
tatcagcact tatgccatgt gagtcatctt cccaagtttc taacagtaca aacggtatcg 134280
agcctccacg tggaccagtc tctgttaaag aatcaaaaga gggttccttt aatcaagtcg 134340
tgcccaatat tgaacataac atagacctat atgattatac atggaaatta gctaagaaag 134400
gtaataaacc ttatcttacg caagtagcta ttatgctgaa atgggtatgt caatcagctt 134460
cagcgaatac atactatgac ccgcagattt ttccaaaagg aaaggttcca atgtcaataa 134520
tgattgatga ccttttgtat ttttggtatt ttggcggaaa aaatttctat tatcataata 134580
cccgtgatgg ttctggtact gatgattatg aaatagaaac tccaaaagct gaagattgtt 134640
catcctgtaa attatgatat aatttgactc acggacgagt caccaactat taactaagcg 134700
gaaaatttat gagcacagtt tttaatacaa atccagttga tgttttaaaa gaacctatgt 134760
tttttggttc aggtcttggt attgcgcgtt atgatattca acgccataaa gtttttgaag 134820
atttgaccga aaagcaatta tcatttttct ggcgtcctga agaagtaaac ttaatgatgg 134880
atgctgcaca gtttaataag cttcctcaat atcagcagaa tatttttact aataatctga 134940
agtatcaatc acttctagat agcattcagg gtcgtgcacc gtctgctgta cttatgtcat 135000
tgatttcaga cccaagcctt gatacatggg ttgctacatg gacttttagt gaaactattc 135060
acagtcgttc atatactcat atcatgcgaa atctttatac tgatccatcg aaggtatttg 135120
atgaaattgt attagatgaa gctattatga aacgtgctga atctattgga cgttattatg 135180
atgatgttct gattaaaact cgttattggg aaaacgctaa agctgatatc gaataccaaa 135240
aagaaattaa tgcagacgaa gacgttattg aagatgctat tgagcatgag acatattgga 135300
agcgtgagct aatgaaatct ctttacctct gtttgcatgt aatcaacgca ttggaagcta 135360
ttcgttttta tgtatctttt gcatgtacct ttaacttcca taagaacatg gaaatcatgg 135420
aaggtaatgc caagattatg aagttcattg cacgtgatga gcagcttcac cttaaaggca 135480
cccaatatat tattcgtcaa cttcaacttg gcactgatgg cgatgaatgg gttaaaattg 135540
ctcaagagtg tgaacaagaa gcagttgata ttttcatgga agttaaccgc caagaaaaag 135600

478

478/758

Фиг. 17UUU

sequence.txt

```
attgggcagt tcatttattt aaagatggtg atgttcctgg attaaataca aatagcatgt   135660
ggagctttat tgattactta actgtatctc gtatgaagca gtgtggtctt ccatgcccaa   135720
ttaccgatgc tccggttaaa catccatatc cttggattcg tgaatatctt aattctgata   135780
atgttcaatc tgcgccacaa gaagtagaat tgtcatctta ccttgttgca cagattgata   135840
atgatgttga tgataaagtt atgatgagtt ttaaaaaata cttttaagga gtgggccgca   135900
aggcccattt tattatgaaa gaaattgcaa cagaatattc atttattaaa tatactgagc   135960
tagaattaga ctacaacgga agtataaaac aattatctat tccaaacaag tataacgtaa   136020
tttatgctat tgctataaat gatgaacttg tttatattgg aaaaactaaa aatttacgca   136080
aaagaataaa ctattataga actgctatta accgtaaaga caaaacgtct gattctacta   136140
aatctgcatt aattcatgct gcgctaaagg aaggaagcaa agttgaattt tacgcccgcc   136200
aatgttttaa tctttctatg acaaatgagt taggtacaat gacaatcgcg acgattgacc   136260
tagaggaacc actattcatt aagctgttta acccgccttg gaatattcaa cataagaaaa   136320
aatgatgctt ccacatggag tgtggtacta tattcaaaac acaaaagagg atacacaatg   136380
caagaacttt ttaacaattt aatggaacta tgcaaggatt cacagcgtaa gttttttac    136440
tcggatgatg taagtgcgtc tggaagaact tacagaattt tctcatataa ttatgcatct   136500
tattctgatt ggttacttcc agacgcattg gaatgtcgtg gaatcatgtt tgaaatggat   136560
ggagaaaaac cagtaagaat tgcttctcgt cctatggaaa agtttttaa cttgaatgaa    136620
aatccattca cgatgaatat cgatttaaat gatgttgatt acattctaac aaaagaagat   136680
gggtctttgg tatcaactta tttagacggt gatgaaattc tgttcaaatc aaagggttca   136740
atcaaatccg aacaggcttt aatggctaat ggtattttga tgaatattaa tcaccatcgg   136800
ttgcgtgata gacttaaaga attagctgaa gatggattta ctgctaactt cgaattcgtt   136860
gctccgacga atagaatcgt tcttgcttac caagaaatga aaattatttt actgaatgtt   136920
cgtgaaaacg aaacgggtga atacatttca tatgatgata tttataaaga tgctgctctt   136980
cgtccatatc tagttgaacg atacgaaatc gatagcccta aatgggtaga agaagctaaa   137040
aatgcggaaa acatcgaagg ctatgttgct gtgatgaaag atggttctca ttttaaaatt   137100
aagtctgact ggtatgtgtc tcttcatagc acaaaaagtt cattagataa tccagaaaaa   137160
ttgtttaaga ctattattga tggtgcatca gatgatctta aagcaatgta tgctgacgat   137220
gaatattcat acagaaaaat tgaagcattt gaaacgactt atctgaagta cttagaccga   137280
gctctgtttt tagttcttga ctgtcataat aagcattgtg gtaaggatag aaagacttat   137340
gcgatggaag cgcaaggtgt tgctaaaggt gctggaatgg atcacttgtt cggtatcatc   137400
atgagcttat accaggggta tgatagtcaa gagaaggtta tgtgtgaaat cgaacagaat   137460
```

479

479/758

Фиг. 17VW

sequence.txt

```
tttttgaaaa attataaaaa atttatccca gaaggatact aagctgttta caagtccctc  137520
gtgttgtgtt acagtagtct tactgacata acatgaggac tttatgatgg atttgcagct  137580
cattactact gaaatggtcg ttgaagcata cggtgatact acagatggga tttctgtatt  137640
taaaggaaac cgtcgagttg gatatatcac cgatcttaag aaagatttag ctaagcaagt  137700
caagcggaaa acgaccatta aagaatatcg aaatcgtcgt cttgagcaag cccgtgatat  137760
gcttcctgat gcggttgaag agatgaaagt ctttttagaa aatcagcttg cgaaatatga  137820
ttgtgatgta tttattaatc agactcaacc taatgttcat atcaatagtt gtaaatgcta  137880
tatcatcgtt aatcctttga ctggaaagca tcgtcttgga attagtaatc caaatcgtag  137940
tgcatcggat atggcagaag atgttgaggc atgctttaaa atttctaaat ctccagctga  138000
acatcatatt ttaattaacg gtctttctca agacgatatt atagaggtta ttaaaacttt  138060
atgcatgtaa gtaattttac agctggattg ctattacttg taatagcatt tggcggaaca  138120
tctattattt taaaaaataa ggtagaaaga ttagaaacat cagttactga aattacaaaa  138180
acagccaatg aaaacgcctt agcattaaat aatttgcgaa ttcagtataa ttatattgat  138240
gcgatgaata ataaaaatcg tgaggcaatt gctgctattg agcgtgaaaa tgaaaaactg  138300
cgcaaagacg caaagaaggc ggatgtggtg gctcataagc caggattggt tgaaaaacaa  138360
atcaacaact ccttcaacaa gttcgcagaa gacatccagg acctttctaa atgattaaac  138420
tatcagcagt aatattatct attggtcttc tagttggttg ttcgacaaag cctctagaag  138480
taaagaaaga aacagttcat cctaattggc ctgtgcaaat aaagtcatat gacgaagcta  138540
aactatcttg gcaagttaaa gttattgatg gtaaagcttg ggtaggtatg ccatttgaag  138600
attctcagga atttcgtatt tggcttaatg atgtaaaacg atatgtacat gaccagaaaa  138660
ctatgatatg ttattatcgt caagagctaa aagaggataa atgtaaatga tttcatggta  138720
tcaatttgaa catctaaaag gattaattta tgaatccgag atggctgcaa tgatttatgg  138780
acgacagatt caacgattag aatctttacc tccaactaat gatgttttat tagctcaatc  138840
acgtgctaat ctcaaaaatg aatatcaaaa taagtggggt aaagcatcta aagacttgca  138900
tgattatatt caatcattag ttgagaaaaa taaatgaaaa ctctgctaga acgttatatt  138960
gaatgctcgg accgttacat tgatgtatgc catgacaatg catcaagcat tagcgaagac  139020
attgaacatg ctaaagcttt agatgatgct ggtaaagccc tacgaaaaga agcaaaagct  139080
cgtgggtttg atatgtatca gcttaaaaat cacatgataa aatttatttc atctaatgtt  139140
cagagcaaat cggtgaatca atcaacagct gaattatata aagggcggcg tgagcataat  139200
attcgtattc ttgaagtttt cttaggaatt aaatgatgaa aaagattatt ttgactattg  139260
gctgtcctgg ttctggtaag agtacttggg ctcgtgaatt tattgctaaa aatccagggt  139320
tttataatat caatcgtgat gactatcgcc aatctattat ggcacatgaa gaacgcgatg  139380
```

480

480/758

Фиг. 17WWW

sequence.txt

agtacaagta taccaaaaat aaagaaggta tcgtaactta catgcagcat gatgttgcta 139440
acatgattct ctgccaagac gcaacgaagg gtgtaattgt ttcagatact aatctgaatc 139500
ctgaacgacg taaggtttgg gaagagtttg ccaaagagct tgggcatcaa attgaatata 139560
aagtgtttga tgttccttgg actgaattgg ttaaacgtaa ctcaaaacgc ggaactaaag 139620
cagtaccaat tgatgtttta cgctcaatgt ataaaagcat gcgagagtat ctcggtcttc 139680
cggtatataa agggactcct ggtaaaccaa aagcagttat ttttgatgtt gatggcacgt 139740
tagcaaaaat gaatggtcgt ggtccttatg accttgaaaa atgcgatatc gatattatta 139800
atccaatggt cgttgaacta tccaagatgt atgctcttat gggttatcaa atcgtagtcg 139860
tttcaggccg tgaaagtgga accgaagaag atccaacgaa atattatcgt atgacccgta 139920
aatgggttga ggacattgct ggtgttccat tagtcatgca gtgtcaacgc gaacaaggcg 139980
atacccgtaa agatgatgta gttaaagaag aaatttttctg gaaacacatc gcaccacatt 140040
ttgatgtgaa attagctatt gatgaccgaa ctcaagtagt tgaaatgtgg cgccgcatcg 140100
gtgttgaatg ctggcaagtc gcttcgggag atttttaatg gcttggcacc atgaaacttg 140160
ggctttgtta ttgtaaatag cggtttagtt ggtactagta atgggcaatt ttgtgtattt 140220
actagtgaaa atagagcatg ggaggaatgc cttaaattaa gagaaaagaa tcctgatgtt 140280
gaactagtag taaagaaaac taaactgcct ttaccatgga aaacgtatga ataacctaga 140340
aaagatttat cgtctttgtg ataaaattga aaaagaaaag aaatatctat tttgtctatg 140400
gcctattgtt gacggaagag taggcctaga tgttcttgat tatgaaacag aagacaaagt 140460
agatggcgca acttttgata acgctttgga tgttattgat tggctcgaag aaaattatgt 140520
gaggtaaata tgtttccgac ttactctaaa atcgtagaag tagtgtttag ccaaattatc 140580
gctaataaca tgtttgaaaa gcttgataat gcagctgaac ttcgaatcca cgctcaagtg 140640
actcatgtat tgaacgcttt gcttccagac caggtggatt ctattgccat tacgttgtat 140700
ccaggttccg cgcatatcat tgttgtattt ggtcttgatg ctgagctagt tatcaaaggc 140760
gacattcgct ttgaatcaca gacatcagaa ttcaaagcaa tttaatagtt tactttacgg 140820
tagagttgtg atattatagc tctaccaaaa caaatgagga aattgaaatg agcgaatggt 140880
ttgaagaaga taaggtttat cgctttaaag ctggatataa agatattttt aatgaaactt 140940
gcggggctaa taaacgaatt gcccagttta ttggggaaaa ttcatttaaa gtaaaaatag 141000
atcctgcgaa aaatgttatt agcattaaac gtgaaattga tgattgttgg tataaagctg 141060
ttgatgtaat gggtgaatcc tataaagtta gcccgttatt ttcaattgct tatatgttag 141120
aatattcttt tttcgaagaa gttcaaaaag atgattctgt aagtaaattt gaaattaaaa 141180
ctgataaaga aattaagtgg aaagtagtag gtattactgg ttgtatgttc tatatctatg 141240

481

481/758

Фиг. 17XXX

sequence.txt

ctcaaactga tacgaaggaa gaagctaaaa agaaagctct agaatatctt gaagagcatg 141300
aagaaggtcc ggtaatgatt acccaagatg ctgaattagt ttctgtcaaa ttagttaaaa 141360
atgttgaaag taaggagcta ggatcaacat gctaagcgaa aaaccaatta ctgttaaaga 141420
attccaagaa aaagttaaac tatttgctca agaattggta aataaggttt ctgaacgatt 141480
tcctgaaacg tcggttcgtg ttattaccga aactcctcgt tcagtattag taattgtgaa 141540
tccaggtgat ggcgatcaaa tatcgcatct taaactggat tttgatggat tagttgaagc 141600
acaaagggtg tatggcgtac tatgatgaat ttaactgata taattgataa ttgtcttgaa 141660
aatgatactg gcgatcatag agcgcttgat tctgaaacag cacagttcat tagaataact 141720
ttaatgaatg atactctggt gaatagtatt catccttctg tgtatgatgc tattattgtg 141780
acgaagtatc cggttgagct tcacaaaaag atgactggcg cagtttttat tgataagaaa 141840
aaccgcttta aagatgggca gaatataact agttctgtta ttaaaagtat aactaaactt 141900
cgtcacgaaa tttatcgtgt tgaaactgct aaatctgctt atctggtgat tatgaaatga 141960
aagcgagtac agtacttcaa attgcatatt tagtatcaca ggaatcaaaa tgttgctcct 142020
ggaaggtagg agcagtaatt gaaaagaatg gacgtattat ttctactggg tataatggtt 142080
cacccgcagg cggtgtgaac tgttgtgatt atgctgctga gcaaggttgg ttgctgaata 142140
agcctaaaca cactatcatt caaggccata agcctgaatg cgtatcattt ggttcaactg 142200
atcgctttgt cttggcgaaa gaacatcgta gtgctcactc ggaatggtca tctaaaaatg 142260
aaattcatgc tgaactaaat gcaattttgt ttgctgcacg aaatggttct tctattgaag 142320
gcgctactat gtatgtaaca ctttctcctt gtccggattg cgcaaaagcg atagctcaat 142380
ctggtattaa aaagctggtt tattgtgaaa catacgataa aaataaacct ggctgggatg 142440
atattctgcg aaatgcaggt attgaagtgt ttaatgttcc taagaaaaac ttgaataagt 142500
taaactggga aaatatcaac gaattctgtg gtgaataatg aaatttcgtt tggtaaagct 142560
cacagcaatt agttcttatt ctaacgagaa catctcattt gctgtagagt ataagaaata 142620
ttttttctct aaatggaaac agtattataa aactgattgg actagtattg ataggccata 142680
tagttggaaa tctgatttag aaaaatgcca aaaattactt tccactctta aagaacgtgg 142740
aacaactcat attaaaactg taataggtaa atgaatgaaa ctgacgactg aacagaaagt 142800
agcaattcgt gaaattttga aaactaaatt gtccatgggt atttcaaacg tagtttttga 142860
aaagtctgat ggtactattc gtattatgaa atgtactcgt gatgcagact ttatgccaac 142920
catgcaaact ggtaaattga ctgaatctac tcggaaagaa tctactgata tgattccagt 142980
atttgatgtt gaacttggtg cgtggcgagg tttttctatt gacaaattga tttccgttaa 143040
tggtatgaaa gttgagcatt tgctccaatt tattggtaaa taaatgcttt aagaattatt 143100
tgttattatt aattcatctg ttaacaaaaa ggaaaaacga tgtctgaagt acaacagtta 143160

482

482/758

Фиг. 17YYY

sequence.txt

```
ccaattcgtg ctgtcggtga atatgttatt ttagtttctg aacctgcaca agccggtgat   143220
gaagaagtta cagaatcagg acttattatt ggtaaacgta tccaaggcga agttcctgaa   143280
ctgtgtgtag ttcactctgt cggtcctgat gttcctgaag gtttctgcga agttggtgat   143340
ttgacttctc ttccagttgg tcaaattcga aatgttccgc atccttttgt agctctgggt   143400
cttaagcagc caaaagaaat taaacaaaaa tttgttacct gtcactataa agctattccg   143460
tgtctttata agtgatataa ataataatat gaattgggtg tcggaataat aagttaaccg   143520
aacaattcta tgtggtagtc tacaactgag agatctgtcg aaagaagatg aaattcagaa   143580
gaacgtgact accgagtttt aatctctaac gagaattttt aaatgattaa acaattacaa   143640
cacgctcttg aactgcaacg aaacgcatgg aataatggtc acgaaaacta tggcgcatct   143700
attgatgttg aagccgaagc tcttgaaatc ctgcgttatt tcaaacatct gaatcctgct   143760
caaactgcat tagctgctga gcttcaggaa aaagatgaac ttaaatatgc taagcctctg   143820
gcttctgctg cacgaaaagc agttcgtcat tttgtggtaa cactgaagta atttattgga   143880
gattcactgc cttagtgtga gctaaatcga ggagccgtcg aactgtctga ttaatgattt   143940
gcgaatcatt atagttttaa gaccccggca gttttacggt gtacctcttg aatgttattt   144000
tatagcggca agtgcatgct accccgaggt gatggccaat cgggagtacg cctcaaggcc   144060
tatatatcca tcagtatata tcttatcctc gagtaatcgg acccggaacc tttaagctaa   144120
cggtgtgcaa cagataagag ctataaggta tgttgacgag gtttatggtt atcctgtcgg   144180
taaatattca aaacctaagt acccctttga gggattgcgc aggcaatgcc aataagtcct   144240
gcattttcat ttaaaagaga atttataatg gcaaaacaag ttaaagcaaa gaaagcagtt   144300
gaaaagaaag ttggtgattc taaacgcgct ggctacaagc gtgggtcgaa ctctcgtatc   144360
aatcaaactg ttgagaagat catgcgccga gcacgtgcgg ttcttcgaga tgatgcttct   144420
cgttttggta agcagaaagc ataagttgag gactccttcg ggagtccttt tttattttcc   144480
aaagattgca caaagttgtt tacagtacgg ttcctttgtg atagtattat cttacacaaa   144540
caaaggagaa taaaatgaac tacatcaact ttgaacgtaa atatgtttct aatggtattg   144600
caggttctat tgatactatt tgtctctgga aacatcaaaa cggatcagta tgcgaaatcg   144660
atcagtatat gactcctaat tacgtttata tgcgatttga aaatggcatc acggtttcaa   144720
tcactaagga aggttccaac tttaaaatcg ctctagatga tgatttccgt gaacgcgatt   144780
tagggactca tccttgttgg aatggcgttc atcgcaagct tctgattaaa acttggattc   144840
gtcatattct gagtaacaaa gctaaacctg agcatcttga agcaatcttt gatgtagttc   144900
ttaacgaatt tgatatttaa gcttcggccc cttactgagg aaaatattat gtttatgact   144960
acttattttg atacccgcaa aaatttctgt gaagttgttt tctcaaaggc gcctaaagac   145020
```

483

483/758

Фиг. 17ZZZ

sequence.txt

cttcctgcac atttgcaacc taccagtgaa tcgattaaaa actacgttaa tgtagtctgc 145080
cctttagagt tccgtactgt aaatgggcgc gatactttag ctatcactaa actcaatcgc 145140
gaaattgaca ttgatccctc aattgcacgt gaaattaata gttctgatat taatggcggt 145200
aatgttaaat cgcacggttt tcagatgagg ttttaatgaa attcttttta ggtcaaactg 145260
ttgaattaaa gggagttggt atacctggat taatttctaa ggttctacct ccgtttaaat 145320
ggagtggtat tcaaataaaa gaggcttata ttgtttcttg ggtagatgga aatgaagacc 145380
ttcgtatggg cgatgaatta tctcctatct acggattaaa ggaattagta tgaatataat 145440
taataagatt tttggaattc agtacattaa ggtcacatat aaagtaacag ataaaaatcc 145500
gtatactgat gaacacgaag aaccgcaagt taagtctatt atattagaaa aaggcagtga 145560
ctggccagtt gaatttcgtc taccaaacta tggtcattgg gctgatgttg aaattataag 145620
cattgaaaat gtctgagtta gagattagaa gcaattttaa atggccatca tgtgcattaa 145680
gtaatttcgc ccaatggcct ttcgttatgg atggtattca atttggaggt cttgaaggat 145740
tcctccaagg atgcaaggtg aaaaatgttg aacaacaacg tcgtatattt gggttatccg 145800
ggcttgccgc ccaacaagct ggaaggtctt atgctagagc tcaggaccgt gggaccctct 145860
tctggcttgg agttccgttt tcaagatact ccccagcatg gaaagaatta tacacaaatg 145920
catattttga agcagcgatc caaaacaagg gctttcgtga tgcattacac gcctcgaaag 145980
gaaaagtttt gaagcacagc atggctagtg gtctaacaaa agatgataca atattaaccg 146040
aagctgaatt tattgatgtg ttaaacctat taagagactc tctatgaagc ctactatttt 146100
aactgatatt gatggagtat gtttaagctg gcaatcaggc cttccttatt ttgctcagaa 146160
atataatctt ccgttagaac atattttaaa aatgatccaa gatgagaaat ttatttctcc 146220
aggtaaactc tttaattgtg acgaagaact tggcgtcaag ttaattgaaa aatacaatcg 146280
ttcagatttt attcgttact tgtctccata taaagatgct ctgtgtgtaa ttaacaaatt 146340
aaaagaagat tataattttg tagctgttac agcattgggt gattctattg acgctctgct 146400
gaatcgtcaa tttaatttga acgctctttt tcctggtgcc ttctcagaag tactgatgtg 146460
tggtcatgat tcttcaaaag aagagttgtt taaaaaggca aaagagaaat ataacgtgat 146520
ttgttatatt gacgatctcg ctcaccattg cgatcatgcg agtgaaatat taaatgttcc 146580
tgtttattgg atggctcgag gggaacgtga cagtattcca aaaactgcac agcgagttta 146640
tacatggaat gatgtagaaa ataagctttt ttcaccaaag gaaaataaag aaagttttga 146700
tagtgaaaaa gctataaaag atgtaattga gaagatgatc aaaaacgatt cttttccttg 146760
gaacactacc tggagaactc ctggatttaa tccttataat catctatatc atccatatca 146820
gacacatccg tttcagacat ggaactatat taaacctggt ggcatagagt atttgtataa 146880
tagacctact agtggtgata atattttcca aggagcattc taatgtttgt tgttcatact 146940

484

484/758

Фиг. 17AAAA

sequence.txt

atttatgaaa atgaaggtaa tactacacgt gattacggtc acgtaaatca atttttaga 147000
tgcaatccag aattccgagc tcaaaaagac gaacgaattt ttaaaaaatg tgtagagcaa 147060
ggtttcattt acgtcaagca ctggatgcaa ggaaataaag ttagaaccac gtaccacagg 147120
tctttgactg agcttaatga tgaattgatt tataatagag ctgtaaacca aactctaaag 147180
gatgaacaat gattcttaaa attctgaacg aaatagcatc tattggttca actaagcaga 147240
agcaagcaat tcttgaaaag aataaagata atgaattgct taaacgagta tatcgtctga 147300
cttattctcg tgggttacag tattatatca agaaatggcc taaaccgggt attgctaccc 147360
agagttttgg aatgttgact cttaccgata tgcttgactt cattgaattc acgttagcta 147420
ctcggaaatt gactggaaat gcggcaattg aggaattaac tggatatatt actgacggta 147480
aaaaagatga tgttgaagtt ttgcgtcggg tgatgatgcg agaccttgaa tgcggtgctt 147540
cagtatctat tgcaaacaaa gtttggccag gtttaattcc tgaacaacct caaatgcttg 147600
caagttctta tgatgaaaaa ggcattaata agaatatcaa atttccagcc tttgcccagt 147660
taaaagctga tggagctcgg tgttttgctg aagtcagagg tgatgaatta gatgatgttc 147720
gtcttttatc acgagctggt aatgaatatc taggattaga tcttcttaag gaagagttaa 147780
tcaaaatgac tacagaagct cgccagattc atccagaagg tgtgttaatt gatggcgaat 147840
tggtatacca tgagcaagtt gaaaaggaac cagaaggcct agattttctt tttgatgctt 147900
atcctgaaat tagtaaagct aaagaattcg ccgaagtagc tgaatcacgt actgcatcta 147960
atggcatcgc caataaatct ttaaagggaa ccatttctga aaaagaagct caatgcatga 148020
agtttcaggt ctgggattat gtcccgttgg tagaaatata cggtcttcct gcatttcgtt 148080
tgaaatatga tgtacgtttt tctaaactag aacaaatgac atcaggttat gataaagtaa 148140
ttttaattga aaaccaggta gtaaataacc tagatgaagc taaggtaatt tataaaaagt 148200
atattgacca aggtcttgaa ggtattattc tcaaaaatac cgatggattg tgggaaaatg 148260
ctcgttcaaa aaatctctat aaatttaaag aagtaattga tgttgattta aaaattgtag 148320
gaatttatcc tcaccgtaaa gaccctacta aagcgggtgg atttattctt gaatcagagt 148380
gtggaaaaat taaggtaaat gctggttcag gcttaaaaga taaagccagt gtaaaatcgc 148440
atgaacttga ccgtactcgc attatggaaa accaaaatta ttatattgga aaaattctag 148500
agtgcgaatg caacggttgg ttaaaatctg atggccgcac tgattacgtt aaattatttc 148560
ttccgattgc gattcgttta cgtgaagata aaactaaagc taatacattc gaggatgtat 148620
ttggtgattt tcatgaggta actggtttat gaaagcttac ttagaaacaa ttgtcgtggc 148680
tcaaaaagaa ggtggagatg tttctacttc tgtatcacaa gtcattctcg aatttgtaga 148740
tgcatacgct tataataaat ttacagaaac atttgatgcc tatgaaaaag gaccaaagtt 148800

485

485/758

Фиг. 17BBBB

sequence.txt

```
tgaaatatat cgtactctct taccactaga ttactaaagg ccttcgggcc tttaatttta  148860
taaatagaat aaacactaga gaggctatga tggaacttat tacagaatta tttgacgaag  148920
atactactct tccgattaca aacttaaatc caaagaagaa aataccgcaa atttttcag   148980
ttcatgttga tgatgcaatt gaacagccag gctttcgttt atgtacatat acatctggag  149040
gtgatactaa tcgcgattta aaaatgggcg ataaaatgat gcatattgtt ccttttacat  149100
taactgctaa aggttcaatt gctaaattaa aaggtcttgg tccaagccca attaattata  149160
tcaattcagt ttttactgtt gcaatgcaaa caatgcgcca gtataaaatt gatgcttgta  149220
tgcttcgtat tcttaagtct aaaaccgctg gtcaagctcg acaaattcaa gttattgctg  149280
atagacttat ccgtagccgt tcaggtggca gatacgtcct tcttaaggaa ctctgggatt  149340
atgataaaaa gtatgcatat attcttatac atcgcaaaaa tgtatcacta gaagacattc  149400
caggagttcc ggaaattagt accgagctct ttactaaagt tgaatcgaaa gtcggcgatg  149460
tttacatcaa taaagatact ggagctcaag taactaaaaa tgaggcaatt gcagcatcta  149520
ttgcacaaga aaatgataaa cgttctgacc aagctgtaat cgttaaagtt aaaatttccc  149580
gtagagcaat tgcgcaaagt caatcattgg aatcttctag atttgaaagt gaattattcc  149640
agaagtatga atctacagca gctaatttta ataaaccagc tactgcacct ttaattcccg  149700
aagcagaaga aatgaaaatt ggaattaatt cattagcttc taaaacaaag gcagcaaaaa  149760
ttattgctga aggaacggca gatgaacttc actatgatta taaattcttt ccaatgagtc  149820
aagtcggtga agtttcagaa aaaattaaag aagtaatttt taatgcaatt aaaaatgaac  149880
caactacttc aataaaatgt ttagagaaat acgcagcagc tgctaatcaa ctctttgaag  149940
aatataaaga taattggctt gataaacata ataaaactcg taaagggcag ccagatgaag  150000
tctgggaaga aatgactaaa aattcctgga acgcagcaaa aactaaattc ctcaaaagaa  150060
tgatttatag tttttctgga attggtgcag gtccaatgat tgatattact attgcccgtg  150120
atggttctaa atatactcca tcacaaaagc gcggcattag agagtattgt ggttcagggt  150180
atactgacat caataatctt cttttgggtc gttatgatcc agaacgttat gaagtaatga  150240
gtgaaaaaga aattgaagct gctataacta atttagattc tgcttttgaa aatggtgatc  150300
gtataccaga aggcattaca gtttatcgtg ctcaaagtat gactgctcct atatacgaag  150360
cactagttaa aaataaagta ttctatttca gaaattttgt atctacttct ttaactccta  150420
tcatttttgg acgttttgga attacacatg ctggtattgg tcttttagaa ccagaagctc  150480
gcaatgaatt aacagttgat aaaaatgaag aaggaataac tattaatcca aacgaaataa  150540
gagcgtataa agaaaatcct gaatacgtta aagttcaaat aggatgggca attgatggag  150600
ctcataaagt taatgttgta tatccaggaa gtctcggaat agcaacagaa gctgaagtta  150660
ttctaccgcg tggattgatg gtcaaagtta ataaaataac tgatgcttct aataatgacg  150720
```

486/758

Фиг. 17CCCC

sequence.txt

gaacaacatc taataataca aaactcattc aagctgaagt tatgaccacg gaagagctca 150780
ccgaatcggt aatctatgat ggagaccatt taatggaaac tggtgaattg gttgcaatga 150840
caggtgatat tgaaatagaa gacagagttg actttgcatc atttgtttca tcaaacgtta 150900
aacagaaagt agaatcatct cttggaatta ttgcgtcttg catagatatt acaaacatgc 150960
cttacaagtt cgttcaagga taaatcatgg aacttattac agaattattt gacggcgctt 151020
cggcgccggt tgttaactta aatcctaagc ataaaatacc tcaaattttt gctattcaag 151080
ccggtgaaga aagcgtgctt cctggattta gattttgtac atacacctct ggcggtgata 151140
caaataaaaa cgttaagccg ggcgataaaa tgatgcatat cgtaatgata ggtgtcaacg 151200
agaaattatc gttagtcaag cttagaaact tgggtggaaa tccaattggc gtcattaatg 151260
ctgtttttga tactgctctt caaacaatga aacagtataa aatcgacgca tgcctattcc 151320
gcgtactaaa aagtaaaaca aatggcgcag ctcgtcaaat gcaagttatt gctgaccgtt 151380
tagtacgtac taaaggagca ggtcgatatg ttcttttaaa ggaaatctgg ggctatgata 151440
agaaatatgc atatattatg gtttaccgta aaaatgccaa tttagaagac attccaggtg 151500
tacctcctat ttcaactgag ttattcacaa aagttgaatc aaaggttggt gatgtttatg 151560
tagacgttaa aacaggtaat gctgttccta aagctgtcgc tgttgctgct tctattgctt 151620
tagaaaatga taagcgcacg gatcaagctg ttattcagaa aactaaaatt agtcgtcgat 151680
tagcagcaca agctcaatat tctactgttg atgcttcact tcagggtgat agcttcgctg 151740
ctaagaaata tcaagagttt gaatctaaag ttccggtata taaagcagaa ggtccgatga 151800
actctggcgt tattcagatt ggttcaaact ttagcaaagg agctatcggt ggtatgagaa 151860
gtgcttctcg ttttaaatct aacgattatg aactagaaag tttccgaaat catattgcat 151920
tagcccatgc acgtttacgt gatccatcta tcaagttgca gagcgatata acatatcaag 151980
gttctcaaga atatttaaag aataaagaat tctttgatta taaaactgat aaaatttaa 152040
gcgatcttgc tgacattaat atttctaata gctttgatgt tattaagaaa attatcaatg 152100
atttagttaa aggttctaaa gctacaccag atgaaaagac agctattatt caatttgtca 152160
tgaatggcat ttataaattg attaatgaat ctgccgctca ggcatatgaa tacgcaagca 152220
ctgaagtaac tccaaaagga ttaactcagg ctgagtctga tgtaattgaa gattattgtg 152280
cagattcata tgttgaaatg aactcgttcc ttttaggtaa acctgattct acccgtgaag 152340
aatatatgga acgagctatt aaacacatcg agacgttgga ttctgcattt gctaaaggtt 152400
cagttcttcc tccaggaact actctttatc gtgggcaaga agttaccttt aaaactttgc 152460
gtcataacat tgaaaataaa atgttctatt tcaagaactt cgtatccaca tcgcttaaac 152520
caaatatctt cggtgagcat ggtaaaaact atatggctct agatgattct ggcgcagtat 152580

487

487/758

Фиг. 17DDDD

sequence.txt

```
tttctggtga aggagaaggt tccattgatg cagaagattt gatgcatatg ggtagtcatt   152640
ctacatatgt taatgaagat gctgaaacta gcgtgggtat ggtaattaaa ggagctgagc   152700
gaatcaaagt tatcgttcca ggtcatttat caggatttcc atcagaagct gaagttattc   152760
taccacgtgg aattttactg aagattaata aagtaagtac ttactttatg aaagaaactg   152820
cttataacaa gtatctaatc gaaggtacaa tcgttcctcc ttctgaacaa ttagaggaat   152880
cagtatatga tggcgatcat ttgatggaaa ctggtgaagt tcgtccaatg actggattta   152940
atcaattcct tgtagaagaa tcaaaagaag aggaaaacga agtttctcaa atcttagctt   153000
ctttggttaa catcaacgga atgtctaaaa agttcaaaat gtagtttaca agtccctcat   153060
gttgtgttat agtagtctta ctgacataac atgaggaaca caaaatgaaa tcttctttgc   153120
gctttttggg tcaagaactt gtagttgaag gcgttattcc tgctgataat gcttttaatg   153180
aagcagttta caatgaattt atcaaaattt ttggaacaga taaaaagttc ggaatttttc   153240
cttctgaaaa tttttcaaag ccagaacaga ctgaaagtat tttccaaggt gtagtaacag   153300
gtaaatttga gtcagaagct ccggtaaaaa ttgaggttta tattgaagac agtttagttg   153360
cttcagttgc tgcttttatt tcattccgta aataaaaata tggggaccga aaggtcccca   153420
ttgttatatt gctcctaata ttttactttg cgaattgaca attcctgtca tagtattaat   153480
gtttgaaatg cttcctgcag ttccccctaa tctactgagt cgtgaaagcg aattagatag   153540
tccagtaaca cctccactat ttccgagaac gctttgaata ccatttatag cagcagattc   153600
aagccattca agcgcagctt gcctatcaac tgctccagcc tgcatcactc tatacgcaaa   153660
agtaacgtca aatgtagtta tttggttatc tccatcatat gataactcag gagcgctcac   153720
tgatattgga atgcatccag tgaacatcac cgcagtatga ggcaatccat tacgagaatg   153780
aagattaacc tgaatatctg cctcgacatc ctgtggcaaa gcacgcagtc cagttactgg   153840
gtcttgaacg gagttaaccc agtcttgcat tgcacgatag ttacaagctt ctgaatccat   153900
tctaaatgaa ataaccaaag ggtctaattc tctcccagtt atacgaatat taggagaatt   153960
atagttccag tcagtttcat aggataatct attctctggc atttttacag agtatatcat   154020
caatccagat gagttatatg ccatgttaaa gaagtcaatt aaatatgtac caactgtaaa   154080
tgagcctaat aaactttgaa ctgtacgttg actcatggca ccaataagat atttactaac   154140
ccctgatttt cttatcagtt tttgtgtgcc agcagtaatt agcgtggtaa ttccctgatt   154200
aatatcacct tgagtcaatc ctaaccaatc tgaatttagg cccaagttat tataagaaaa   154260
gttgctaatt gaacttatca acgaagagct tttagttgat ggagttgttg caaaaacgca   154320
gctaaacata ttattacgtt ggaaatctgc gtttattgct tgattattaa attcctctaa   154380
agaatacatt aaaaagtccc cgcatataaa gaagcacggt ttaacgtgat aatttctctc   154440
atagtaatct cgagagtaaa tgtactaggg aggtttggag caatagctaa tccgttaaag   154500
```

488

488/758

Фиг. 17EEEE

sequence.txt

ttaccattag gtgttttgtc aaatctgata ctctggattt gacatggacc gaatatttcc 154560
gtttttccat caaacttaga tgttgcacca aagtttttca ccatccaaat tgtcgggttt 154620
gaaactacaa gaacgttagt taaactcgat gtcattttct caaataacgt cttatttta 154680
actgcatctt ctggagttaa cggctcaata aaagtagaac ggtaccactc atctaaatat 154740
ccttttattt cagcagcata ttgagattta ccagtttcac cgtaagaaaa atagttaaaa 154800
tactgataga tattaataat agccattaaa tcttctgttg agcgcggagt caaatcccaa 154860
gtgaacactt tagttctatt ttcagcaccg ccgtacatgc ttctggctgt cgtataaatc 154920
tgttcattat tatcagccat tataccttgt gttatacttt ccagcgctcc aaatactgcg 154980
gttgaagcca tattgcttag cacaccagta gcagtacctc cacctttgt aataagacta 155040
tcttgaacat cattaaatct atgtgatgac gtatcgacgt cagatttaga tctaggtaaa 155100
agaatatttg caacaggaac tttacttatt gttcctgaat tattatctga tattagtcca 155160
tttgatagtt ttgatactgt attactgata gtgtttctgg ctgtacgtaa aatactcgaa 155220
gatgaagaag agtagttaga tctcatcgtt ctaagacttc cagaatccct agatgacata 155280
ttgtatgcag taaataataa tccattctta tatagatctg ttacctggaa gtcccctgta 155340
gtgtcattac cactagcacg cccagttgga aactgggcag tgtatgtttt agttgctact 155400
tctgatttag tactctgtcc ggctgaaatt ttctcaccgg acttttaat taaatcagca 155460
gttatttctt taacaattgc catattattc cttaattaac tccagtcgca tcaaatacac 155520
caggagcagt cgtgctcgtt acgggtgtca tattatgaac gacagtattt ttcttaataa 155580
cattattagt attattgatt gaaggagatg cttgttgaat aggagcttgc tgtgctttgt 155640
tcttttctat tacctggact tgttttgctt ctggcgattt agcagaagtt tgaggtttgg 155700
cattaggctg atttttcttg agctcttgat aagtagcatc aattttagaa aatctagcag 155760
caagttcttt tttaactgcc ggtgaattat ttaaatccgg gtcatccatt cgtttttaa 155820
ggtcttcata ggcagcttca actgatttaa ccgttgagtc tttactcata tcagctgaat 155880
tagcgtattc atcaaaacga ttcatagcag cacgagcttc attagctttc attaaagcaa 155940
ttttagcttc ctccggagaa agttgcttta atttttcttc ttcctctgct ctctcttcat 156000
cagtcgttag tgcttcttta ttatcaacac cacgaatcca gttagatgca cgagttttcc 156060
agttcgcaat tttgtctagc ccttttgcta ttggaccaag atcgtcattc attcttttat 156120
attgataatt tgcaactttt tcttggtctt ctttgctaag agaagcattt gtagtatttt 156180
ggaaattttc tagtgctctt ccttctactt catcagcagt atccttcata ccaggaataa 156240
ctcgaagaat tgccgcagat aatttagcca ttccaagttg aataagctct cctaaattaa 156300
aaagaacctt tccaagtcct tcgacaatag ctactgtcaa tccgccccag tctccagctt 156360

489

489/758

Фиг. 17FFFF

sequence.txt

cccacagctt cttaatttta tcaatagaac caaagatgct ctgtaataaa ggaccccacg 156420
ttccggtttc gctagagaat ttggtaaagt ttgtactaaa caaatcccat gcctgcgaaa 156480
atttatctga ccaatatttg aagtgaacca tcaacagatc tattccaaca acaacagcca 156540
atatcattgc agtcatttta gcagcttcaa tagcagcact aacggtatac ttaaataaca 156600
tgcttgatat tttatcacta attgaaatag atttcttaaa tccaaaatca acagtctttg 156660
ttaatttatc taaagcttga gataatttta agttaaatgc ttctttttc tgtttttctt 156720
ctggcgattc ttgtttaggt tcaactggct gaggggtagg gaaaaaatca gcatcaggat 156780
cattattaac tgcttcagga gctggtaata aaggacccac ggattcagct gtatcgtcct 156840
caacaacttt aacaggaata gcgctttcaa ccgtagctaa actagttcct gtttgttgaa 156900
ttccggctgt ctggattttt tgctcgagta aactcgttaa tttatctaat ttacttccga 156960
gcgattcacc gatttcttta ttaatattat tgccaatttc gacagtttca gcaattaact 157020
cagaaccagc agtagtatca ctcactgcgc tttctacatt gtcaattgct ccaattattt 157080
cattcgattt ttcttcaaca gtttgagcaa ttaattcaga agcagcttga gcatcatcca 157140
atttcgtaga tatatcgtta agtccagata aagtgttaga agcggattta gccgcttcct 157200
gtgttggttt attatctgaa ataacttttc tacgcatcgt ttgcatttct tgtggctttt 157260
tcattcaaat aatccaataa tattgccaat tccggttatt ggaccattag ggccaggaat 157320
tgctaaagtt gtaaaaatat catttgccca ttttaaaacg aatgctggca tctcaagaaa 157380
attaatttct ttaacttcat cattgacctt aagcaagcat ttggataaca tatcgctcac 157440
cgttaaaaat tgttcaaatt ttccaggagg tctaaaataa aatgtatttc cttggtattg 157500
aaattctaat ctttggcaca cataaacatc attaatgtca taagtataac catctatttc 157560
tttacgagat ttaatctttc cattaaattc caataaatga atggaaacga aatcaacttc 157620
tgccggtgat aaatttggac aaatagaatc aataagaagc tttaaatttt catcaggacc 157680
tttaacatct tttaaaatgt tataatgttt aagacccatc ttaggaatag aaacttcttt 157740
attacttatc ggaagaacta ctttcttcag tggtagtatc agttttaaat tcatttttaa 157800
ccttaactgg gtcgattgtt tccagtttcg ttgcattagt gaacatatat agatgagtta 157860
cggaattatt atttgataat tcgtgaataa cttcatcaac gtaaaattct gttttaaatt 157920
ggtttttact atcattaaaa ataattttaa cgccaggagt caagttaaaa ttaccgacag 157980
tagaacattt agcatagccg tcatattgcg ccatagtctg aagacgaata gcttcttcat 158040
atccatttct ataagtcatt tcagaataag cacctgacct tgacactaca atagagtttt 158100
caccctttcc tgtagtaatc attggtaatg aagaatctaa aaatgaatga gcatagatag 158160
tagcattttt cattggatca cgtttatgcg ggtttgattt agtcaaccaa acaaaatcat 158220
atgctaatgg atatttcaat tcttggacga attgacctat taaagttggc tcacctacaa 158280

490

490/758

Фиг. 17GGGG

sequence.txt

tcattggata tggttcttga tttatcatca tatcatagtc catcatgtta actcccatga 158340
tgtcttgcca tacaaatacg aacttatcgc ttcctaccgc tagagcaact tctcttacat 158400
atgacaaata gttttcaaat gtgctagtcc atggaatatc aggaacataa gcattaatag 158460
catttatcgc tggagttaat aatgtacgat cttgataaat tacgccaagc atttccttta 158520
tagattcacc ggcatcaggg aaaaatggtc taccaaattt aagattttct atagaatgaa 158580
tagttcccaa ttcaatagca atgatgttat caccttttga atctacagat acagaaaaat 158640
gcttacatcc ataaattctt gttttaacat tattaatatc gtttgcatta gctacagaaa 158700
tctgaattat ttcatttcca tccatttttg tatggatatt tttagaatca taaaattgta 158760
gcattccttc atttcgacca taaagagaat cccgcatagt taatgtggta atagtagcag 158820
ctaattcaac aaatctatta ttactccaag cgtcataact ctcaaataat ttaacgctga 158880
gatttggata tccaggacgt tgtaacatac tcattgatgt ttatccttct caatcagttt 158940
taatacgaat ccgcgctcgg caggaatcat tttcattatt gaatttaagc tataattact 159000
ttttacaagc gtgtgattaa tttgataaaa agtaaatatc tcatctggat taactaatag 159060
cttaaacaca tctactatat cagtgtattt tttaatgtac ttatcacaac acgacatgtg 159120
caatgttaaa ttaataggat tcattgcatc gagaattttt tctaatgttt ctatctcgat 159180
ggcgtcaact agttctattt gactggactc gctaatttcc ttccaatcat accatatttc 159240
atctacttga acagaatgaa tattttcagt aatcatcttt gctttatttt cataaaactc 159300
agaaggaaac tttaatttaa ttttaacatt agctacatca aaaacaggtt cctttaattc 159360
tttttgatat atttcaaatg gaactgtctt ttctttttta cattttggac atacaaatgt 159420
gactggtact ttagttttac ctattgaacc tacaaatacc tgcaaaaata taaatggttg 159480
ccaagtcttc ggatagtctc caaaataatc atcaattaaa tcagtaatta tttctttttg 159540
ttcttgtggt gaccgatgtt ctatatcgtt tcgaactaac aaaaaatctc gataatcttc 159600
taccgtaaat ggtttaaaac gatgaacacc atctggtaat ttacaacgaa taatgtttgc 159660
catagatgct ccttttattc tatttataaa tatgataaat aaaggagcta aatatgtatg 159720
aatacaaatt tgatgtgaga gttggttcta aaataatcaa ctgtcgcgca tttactctta 159780
aagaatatct agaacttatt actgccaaaa ataatggttc tgtagaagta attgttaaaa 159840
agctaatcaa agactgtaca aatgcaaaag atttaaaccg ccaagaatca gaactattac 159900
tgattcattt atgggcgcat tctcttggtg aagttaatca cgaaaactct tggaagtgca 159960
cctgtggaac tgaaatacca acccatataa atctattaca tacacaaata gatgcaccag 160020
aagacctctg gtatacactg ggtgacatta aaattaaatt ccgataccct aaaatttttg 160080
atgataaaaa tatagcccac atgatagtat catgcataga aacgattcat gctaacgggg 160140

491

491/758

Фиг. 17HHHH

sequence.txt

aaagcattcc agttgaagac ttaaatgaaa aggaactaga agatttatat tctatcatca 160200
cagagtcaga tattgtagct ataaaagata tgcttttaaa acctaccgtt tatttggctg 160260
ttccaattaa gtgtccagag tgtggaaaaa cccatgctca tgtaataaga ggcctcaaag 160320
agttctttga gttactataa tggcaaatat taataagctt tattctgaca ttgacccaga 160380
aatgaaaatg gattggaaca aagatgtttc cagatcgctt ggattaaggt caattaaaaa 160440
cagtcttttg ggaattatta caacaagaaa aggttcaaga ccgtttgacc ctgaatttgg 160500
atgtgattta tcagaccagc tttttgaaaa tatgactcct cttactgctg atactgttga 160560
gcgtaatatc gaaagcgcag taagaaacta tgagccacgt attgataaat tagcagttaa 160620
tgtaataccg gtttatgatg attatacttt gatagtagaa atacgctttt cagtcatcga 160680
taaccctgat gatattgagc agataaaact acaactggct tccagtaata gagtataatg 160740
cttcacgtat aaacgtggta taatgaatct aagtccatcc aataacaatt gaatagagaa 160800
caatatgaga ttagaagatc ttcaagaaga attgaagaaa gatgtgttta tagattcgac 160860
taaattacag tatgaagcag ctaataatgt gatgttatat agtaaatggc ttaataagca 160920
ttcaagtatt aaaaaggaaa tgcttagaat tgaagcacag aaaaaagttg ctcttaaagc 160980
taaattagac tactactcgg gacgaggaga tggtgatgaa tttagtatgg atcgttacga 161040
gaaatcagaa atgaagacag ttctatcagc tgataaggat gttttaaagg ttgatacctc 161100
gttacagtat tgggggattt tattagattt ctgtagcgga gctcttgatg ctattaaatc 161160
acgtggattt gctattaagc atattcaaga catgcgagca tttgaggctg gaaaataatg 161220
agatataaca ttgatgatgc ttttaattat gaagaagaat ttgaaacgga aattcaattc 161280
ttaatgaaaa agcataatct taagcgtcag gatattcgta tcctggccga ccacccgtgc 161340
ggtgaagatg ttctttatat taaaggaaaa tttgccggat atcttgatga atatttttat 161400
tctaaagata tgggcattga tatgcatatg agagttgtat aaatagatat ataattcaga 161460
ggagacaatc atgtcagata agatttgtgt tgtctgtaaa actccaatcg attctgcatt 161520
ggttgttgaa acagacaaag gtcctgtaca tcctgggcct tgctataatt acattaaaga 161580
actaccagtt tcagaaagtt cggaagaaca attaaatgaa acgcaacttt tgctatagtg 161640
tgacctttag tctatagttt tggcccttcc tttttggttg ggccttttt aatttaaaag 161700
ctttcttcta cttcatcgtc tgaatcttct aattcagctc tttttcctgc caaagcatct 161760
ctgactgaga tgtcatcagt atcttttaat tcagtttctt taactctttt cttataataa 161820
gcttcaagtt cttctaaacc ttctaatgtt tgacaagagg caatttacc cataaattca 161880
tcaatagaag cttcataaag aaattgttta aattctagta acatcttttt ctccaaaggg 161940
ccgaagccct tataaattaa ctgttttcat tacgtaatta aatttttcat ctgcgtagcg 162000
ctgaatacga tcaatgccgt gttttaaaag atagttcaag tgaacatatt tctttttagt 162060

492

492/758

Фиг. 17IIII

sequence.txt

attagcagat tttggcttga caccacagtc atctatgagg tcccagactg ttgcgattgt 162120
tttagaacca tgcttacgta atacacgacc gattgtttgt aatacaatga tttttgattt 162180
aacaccgtgc gctaaaacaa cgtgatgcag atttttaact gaaataccag tagaaaatac 162240
accataacta gctactataa ttattccttt accattttca gctaaggttt tcattatatt 162300
gcgggtttcg gtatcaactt cccctgatac gtaataaact ttatcgtatt catttttaat 162360
taaatcgaaa atagctttac catgtgatac atgtttaaac atgacaaaag cgttttcatc 162420
tttttgtgca agcttaatag ccaatttagc gatccattta tttcttttac taagccccgt 162480
aataatttttt atttcttctt gataagtttt tccctttaat ttagtagtga actcatcggg 162540
atagcgaaga aaaatactat taatttttag ctcagttact tgtccatctt ccattaactt 162600
agaagtcgtt actggcttaa atatttcacc aaacattcca acatactgca tgatattggc 162660
tttgccatca cgtaatgaac cagatagacc aaatttgaac atgcagttat ttaaacctga 162720
tatgatagat gaaatacttt ttcctgtagc aagatggcat tcatcattca tcatcattcc 162780
aaactgtgag aaccattctt tcggttgttt tactacagtt tgccatgtac caacaacgac 162840
tggtgcatca tttttatatt tatcatcttt tgatgctccg ccaccaattt tctttatcat 162900
tgcatgactg aataaacgat agtcaacgaa gtcatcagcc atctgagttg ttagagcagt 162960
tgttggaaca atgataagaa ttttaccttc ataattttcc aaataatatc gcgcaagcaa 163020
agcttgaatt aacgatttac cagcggatgt tggaagatta agaattctac gacgattaac 163080
taatccttcg aacactgcat ctttttgata ccaatgcggt tcaattcttt tatttcctga 163140
atagatttct aatttagaaa gccattcatc aaaatctttt cttgataatt cttctttttc 163200
gttaatctgt gggtcaatcc aggctttata gccaaagtta tcgcagaact ttttaatttg 163260
cccgactaaa ccgaatggaa gaaggcgatt ataatctaaa agacgaattc gtccatccca 163320
gtggccatat ttgtacttcg gattaaaacg atacccatca gcttcaaagc taaagaaatc 163380
acggagttca tgaaatgtac tttcttcgca atcaattctc acgtgactaa aatcataaaa 163440
atgtacttta atgtcagtca tgtctaaata ccatgtaata aatatatcta tatttatact 163500
gaggaaatat tatgatagat aaagattata ttgcagagct gaaggctctt gatgataata 163560
aagaagctaa agctaaatta gctgaatatg ctgaacagtt tggtataaag gtcaaaaaga 163620
ataaatcttt tgataatatc gttaatgata ttgaagaagc tctccagaag ctcgctagtg 163680
aacctatgcc ggagactgat gggttatcta ttaaagactt aattgatgct gctgatgctg 163740
cagaggggtt aaaatatgac gatgaagaag tcaatccaga agcagcactt ttgattgatt 163800
ctccggttaa atctgacatt aaaattgaag tagtagaaac agataaaatt cctgaaaata 163860
ccgatgtttt gattgaagat actccatttg ttgaagaaaa atttgaacag gctgtagctg 163920

493

493/758

Фиг. 17JJJ

sequence.txt

agattattga atctgaaaag ccgtctgtat ttactcttcc ggaaaacttt agcccgaatc 163980
ttcagttgat tggaaaaaat ccaggattct gtactgttcc ttggtggatt tatcaatgga 164040
ttgctgaaac tcctgattgg aaatctcacc caactagttt tgaacatgcg tcagcacacc 164100
aaactttatt tagcttaatt tattatatta accgtgacgg atcagttcta attcgtgaaa 164160
cacgcaactc ttctttcgta acattaaaat aaggataact tatgactttt acagttgata 164220
taactcctaa aacaccgaca ggggttattg atgaaactaa gcagtttact gctacaccca 164280
gtggtgaaac tggaggcgga actattacat atgcttggac tgtagacgac gctccacagg 164340
aagaaacgtc agcaactttt agttatgtac taaaaggacc tgccggtcaa aagactatta 164400
aagtagttgc aaccaatcaa gttgcagaat ctgaacctga aacagctgaa attagtacaa 164460
ctatcacagt tcaaaataag acacaaacaa ctactttggc agtaactcct ggtagccctg 164520
atgctggagt gattggaact ccaattgaat ttaccgctgc cttagcttca cagccatcag 164580
gtgcaaacgc tacgtatcaa tggtacgttg acggttctcc tgtgggcgaa gcaactagca 164640
ctacattcaa ttacactcct gacgcaagcg gagttaaaac aattaagtgc gtagctcaag 164700
taaccgcgac agattatgat acaaaggaag ttacttccaa tgaagtgtca ctgactgtta 164760
ataaaaagac gcagacaact actttggcag taactcctga tagtcctcca gcgggagtaa 164820
tcggaacccc agttcaattt actgctgcct tagcttctca acctgatgga gcgtctgcta 164880
cgtatcagtg gtatgtagat gattcacaag ttggtggaga aactaactct acatttagct 164940
atactccaac tacaagtgga gtaaaaagaa ttaaatgcgt agcccaagta actgctgaaa 165000
attacaatga aaaggaagtt acttctaatg aagtatcatt gacagttaat aagaagacaa 165060
tgaatccaca ggttacattg actcctcctt ctattaatgt tcagcaagat gcttcggcta 165120
catttacggc taatgttacg ggtgctccag aagaagcaca aattacttac tcatggaaga 165180
aagattcttc tcctgtagaa gggtcaacta acgtatatac tgtcgatacc tcatctgttg 165240
gaagtcaaac tattgaagtt actgctgtcg ttactgcaac tgattacgat agcaaaacta 165300
ttacagcaga aggtcaagtt caggtaactg ataaagttgc tccagaacca gaaggtgaac 165360
taccttatgt tcatcctctt ccacatcgta cttcagctta tatctggtgc ggttggtggg 165420
ttatggatga aatccaaaaa atgaccgaag aaggtaaaga ttggaaaact gacgacccag 165480
atagtaaata ttacctacat cgttacactc ttcagaagat gatgaaagac tatccagaag 165540
ttgatgttca agaatcgcgt aatggataca tcattcataa aactgcttta gaaactggta 165600
tcatctatac ctatccataa tcataagggg cttcggcccc tttcttcatt ttgaaagcac 165660
acaaaacaca atcagaaaat gatgtatata atggcaccaa ctcgataaca tgagattgat 165720
tatgagaact gaggttgtgg tgtttactct tcatgagtct ggaaagtcat tcattgaaat 165780
tgctcgtgaa ttaaacttac aggcaaaaga agtggctgta ttatgggctc gagctatgac 165840

494

494/758

Фиг. 17KKKK

sequence.txt

```
tgctaaaaat aaatttgaaa ctcgagaaaa agtcgtctat agaaaaagac atatcaataa   165900
aaaggtgaaa aatggaacag tatgatcttt atgaaaatga atcttttgct aatcaattgc   165960
gcgaaaaagc acttaaaagt aaacagttta agctagagtg ttttattaaa gatttttcgg   166020
aacttgctaa taaagcagct gaacaaggta aaacacattt tagttattat tgtattgctc   166080
gtgataaatt gattactgaa gaaattggtg attggctgag aaaagaagga ttcagcttta   166140
aagtcaatag tgatcagcgt gatggtgatt ggttagaaat tacattttga ggattaatta   166200
tgtttaaaaa gtatagcagt cttgaaaatc attacaactc taaatttatt gaaaaacttt   166260
atagcttggg attgactggt ggggagtggg tagctcgtga aaagattcac ggcacaaatt   166320
tctcattgat tattgagcgt gataaagtaa cttgcgctaa acgtactgga ccgattcttc   166380
ctgctgaaga tttctttggg tatgaaatta ttctaaagaa ttacgaagat tctattaaag   166440
cagtacaaga tattatggaa acctcagcgg ttgtatctta tcaagtcttt ggcgaattcg   166500
ctggacctgg cattcagaag aatgtcgatt atggcgataa agatttttat gtatttgaca   166560
ttattgtcac tacagaaagt ggtgatgtga cttatgtcga tgattatatg atggaatcat   166620
tttgtaatac atttaaattt aaaatggctc cacttttagg tcgcggtaaa tttgaagagc   166680
ttattaaatt gccaaatgat ttagattctg tcgtccaaga ttataatttt acagtagacc   166740
atgctggatt agttgacgct aacaaatgtg tttggaaagc tgaagccaaa ggcgaagtat   166800
ttaccgctga aggatatgta ttgaaacctt gttatccttc ttggcttcat aatggaaatc   166860
gtgtagccat caaatgcaag aattccaaat ttagtgaaaa gaaaaagtct gataagccta   166920
ttaaagctaa agttgaacta tcagaagctg ataacaaatt ggtgggaatt ttagcttgct   166980
acgttacact gaaccgagta aataacgtta tttctaaaat tggtgaaatt ggtccgaagg   167040
attttggaaa ggtgatggga ctaactgttc aagatatttt ggaagaaact tctcgtgaag   167100
gtattactct aactcaagca gataatcctt ctttggttaa aaaggaatta gttaaaatgg   167160
tacaagatgt acttcgtccg gcttggattg aattggtaag ttaaataaaa agggaccgaa   167220
aggtcccttt gttttattca tcaacgataa tttttggtag cttaacacct aataaaacag   167280
acaaa                                                              167285
```

495/758

Фиг. 18A

sequence.txt

<210> 4
<211> 43313
<212> ДНК
<213> Неизвестен

<220>
<223> Описание неизвестного организма: бактериофаг F510/08

<400> 4

cctactcaac gaggccgtgg ctagcaaggt gctaaactcc cgcctgggct ggtccgcagt 60

cggcgagtat gtcgaactgt tcaaccgcac gcaatcccgc gtggccgggt tgattcccga 120

gtagctcaag ccgagtacct gcatagtcgg gtgctccact ggaactactg gaatttttat 180

tgagattggc tggaggttgg ctgtctgtgg ctgggggggg tagttactcc gggtctaatt 240

ttggtatcgt cgtgtgagaa ccctcccgac tctgatcagc ccacccttcc cccgtaggcc 300

ctccgcctgg tgggccatcc ctcgcattgc ctgggtgttg cttcctagcc tcctgggagc 360

ttccagctcc gctgggtggc gtgggcttcc ctgccctgtc gccgaccatt ctacgcatcc 420

tgtcgggagt gtcaaccctt gggctggccg tagtgcctgg agcgctccag cgcttccctg 480

tgcttggtca gcgctaccgc gtactcctgg gatgcctggc gcttccgcca cggtgctgcg 540

tagtgccggt ggtcctgcgc tgcccacgtc gctatctgcc tctgccatgc tgcgtcctgc 600

tggtgccagg ctcgctcgcc tctgtcctgt ctgctcagca tcctgtgcct cctgtggcct 660

ctgctggtcc tgtcgggtgg tggtgcggga gtggctggcc ttgcctcttg tggtattgcc 720

tcctggctgt acctggcgtt gcctgggtgg tcccggctct gcctggggcc tacctggcca 780

ctccctctag gccacgtact ctacccgcct gcctctgcct tgtctagtcc ctcctggctg 840

gtgcctgggt gctggtctgt ctcaccctgg ctcactctgt ctctacctgt gccctgcctg 900

gctctgtcct ggctaccgct ggtcctgctg tcttgcctcg ccgctccctc gcatgctcgg 960

tcgcacctgc ggcgctgatg gactcctgtt tgtccattgt gtgtgacata accgcagccc 1020

tagtgccacg cgggttccag ggcggtgggt cgggtgcctg ggtggcggct gtcgctccct 1080

496

496/758

Фиг. 18B

sequence.txt

ggtaacgcaa atcctggcta gctagactaa gcctcgcacg tgggtctcta tacgtgtggg 1140
aaggctccag ggagcgccct gggagggttg acacgtgggc agtaggtctg tagagttcgc 1200
cctgtcttca cgcaacaacg cctctacagg cagcctggag acggggttga cacactgcca 1260
gggcatcggt agagtacgca gccagaacga cgggagattg caaccttcca agcgcggcac 1320
aagccatagg cgcaagggac acggcaaact cttagggcag gaaccgcagt gtgtaaggcc 1380
ggcaggcatc actgagggga ttgacacggt gcaggacacg cggtacagtt cgcaccacct 1440
gatggccact cagcaaaagg gcctatgcca gagaactgga cgaactaatc cccgacagag 1500
gattgacaag acaagcgcaa gtctctaaca tgcgcagcaa gacgaaagga tggttcagcc 1560
atctggcggt agaggttcga agcttcacca gcggtacatg gactggtgcg gtaggttgac 1620
cgaagctgca actggttagg cagggtccca gggaatacct gtcgggtgct gaagactcac 1680
ccaaaagagt ctgagcggga agcctccccg tccacggtta agcaaaggca cgttagtgcc 1740
ggtgggaacg aacagagtgt cagtgggatc gagaactaga aacctcggtt aatcgcgact 1800
gacagtatgc tgggtagtat cggcgggccg attgaacaag gccaggcaga tagcgcaaag 1860
ggtacggggg atgagtgctg acgatcccga agagtatgcg caggacaagc cagaaccgct 1920
gatactacag ggactatgcc aatgccaagg tttgtccctt gaggcccttc caccgagggg 1980
attcaagaga cagacctagt gaggattgcc gatggcacac ttcaaggcta aggctcccaa 2040
gtcgcccttt gctgctcagg tagcgtactg gcgggactgg gaagccaaac gtactaagct 2100
catcgcacag gataacgtcg aagggcgtaa agagcttcgc aagatgcgtg acgtgcgcta 2160
cgccaccgac ccggagccag cgccaggacg ctaccataac cctgaacaga aggctttcgt 2220
gaagggtagc gaaggcaagg cgcggaacat cctgaaggga tggaacgcta agaagtcgca 2280
agggaagggt ttgtaatgcc acgtgtgaat gaactgacgc cgcgtcaacg caaggccgcc 2340
aaggctcgcc gcgacaaggc tcgccggatt gatctagcgc acaggatgcc gaaaggtgcc 2400
gactgcccga tcttccgcaa ggctgagcag gcgcaagcta agcagccacg agtcgatacc 2460
ctgaccactc cccgcagtgc tggctacctg gccgccgctg cttacctgaa caaatccatc 2520
tgaggtacat accatgacca acgcaatctc caaaaccgta atcgcattcc gtggcaccga 2580
agagatcaac cgcgctatcg acgccatccg tgtccgtggc aaggaactcg acgaagccat 2640
ccaactgacc ggcctgtcga tcatccacca catcgaccag tgcggcgacg tgaccgtagt 2700
caaggcgctg tatgaagcca tgccgaaggg cagccgccgc aatgcgctgg tcgagtggct 2760
ggtgctgcac ggcaaggtac aggttaacac tgacaagaaa tcgaacaagg acctgccctt 2820
cctgtacaac aagttcggca agaccgatct cgtcggcgcc accaacagcc cgtggtacag 2880
cttcaagcct gagaaagcgc tggaccagga gttcaacctg gctgctgccc tggccacgat 2940

497

497/758

Фиг. 18C

sequence.txt

caaaaagcag gtgctccagg ctcagaccaa gggcaaggtg atcgtcggta tggaactgct 3000
gggtgacttg gaagcgctgg ccgccaaggc tgcacccatc gccgagcaga gcaagcgcgc 3060
tgccgcccat tgactcaagt cgaacgcctg ctaagcgggc gttccgctgg aatcaatgac 3120
aactggagaa acacgatgag cttcaaacaa cgcctgcaac gtcaaatcgc cctggcacag 3180
tacagccgcc cggctcagtt cccgtatggc gagcaagccg tccaggcgaa gggggagtga 3240
ccatggactt ctggatcgcc cttcccttcc tcgaactcgg cctcaacctc ggcgaggatg 3300
aactgcgcat gttgtggttc agcggcctga cgatattctt catccacctc ctgaagcggt 3360
gactcaagtc atggccctgg cgggcgaccc tcgcctactc cggggccatc gctggactca 3420
tcacaagcga gaactaaacc atgcaagctt tgaataccct gttgattgca atccccaagg 3480
acccgaccgc aggcatgcac gccgccgaca aggtgctgtg cgcccacgga ttccgcatgg 3540
gtgacctgaa taccgcgcac gtcctgaccc caggcgggtt cgtggtagtg ggcgccggcg 3600
tgactgtgaa ccgctatgac gaagcgtatc gtatgagccg gaacctcgac tccgaaggct 3660
tcgacgtgct gctggtccag ggcagcccgc tgtccgggcg tgtcacctgc caggcgtacg 3720
gatggatcaa cgccgagtac cacaagggct gtgcgaatgg ccgtcccatc ttcgacatcg 3780
caggaacctc gtaccatgtc atcgcgtgac ccgtaccgca tcggccaccg cgttgggctg 3840
gtgaactaca gcgaccgcta cctgggtgcc gacgcggcag gcaccaaggg catcatcgag 3900
gccataaccc gaccgtcgcg ctgtatgacg gtctaccacg ttcgctgcga gcggaccctg 3960
cgcctgatcg aggcagaggc ccgcaacgtg cgattcatcc gacagcgggc ggagcggtga 4020
gctggcgcat cgtggtagtg acgccaggca acgggtgcgc cttcgtgtgg acccgtcgca 4080
agcgcgtccg gcctctgaga ttctactccc gcaaggccgc taaacgctgg ctccgtaggc 4140
accgccgccc ggcgatcctc ggtagccagt acctgatcgt gaactggagc aaacgtatat 4200
gaccctcgtg gccaccgtag tagacagcgc gcacaacctg gaagtcgacg acctcaccgc 4260
cggcaacctg tatgccgcca gctcgcccag cgggaacatg ttcatcgtgg tagtgggtaa 4320
tcacaatggg cgcaggcttc ccgtagtcct gtcatccacc gatacccgca ccatcgggga 4380
cgtgataagc aacactgggt tccggtacag tgagatcgcc gggttctccg taaacctggc 4440
acagggagat tatgactgat ggtcacccgt actgtatacg tcacgcctga agacccgacg 4500
ccgccgatct tgtccgtggg ccgactggct ccgggagaac tctacaaggt ggtggcaccc 4560
agctcggcgg aaggtatcat tgtgctggcg accaagcaga cgccggcgct agcccaagca 4620
gccgtcgtac tgcacagcat gaaccctgcg cagtatcccg caggttcggc tatcctcaac 4680
acggcctgga agtgccgccg cctgggagtg ggcgagtacg tcaagctcgt ccaaggggag 4740
gaggactgat ggccgtggca atactcatcc tggccgtgtg gttgatcggc ggcgccctgc 4800
tattcctgcc gttcgacctt gtggtctcac cgcgcttgcc gctatcagac gaggccctca 4860

498

498/758

Фиг. 18D

sequence.txt

accgaaccgc actgtacacc gtgctttggc cggtaaccct acctaccctg atcgccataa 4920
ccgtggttgt catgctgcat tccgcgtaca ggggcgccat cgaactctac caggagatga 4980
aatcatgatc cgtacccata cccacaacgt cgagcgcaca ccgcaccgac tgtaccggca 5040
cactgagctg gcgtctggcg agctgtaccg tgtagtgcag cccgactcca agcgcggcac 5100
gttggtggtc ggcgtagcgg cctgggacag ccagggccgg cccgcagtgc tgcccgtggt 5160
catccatgac gatggtgacg ccaaggtgac ctgcgcacgt cctaccgtac tgcgcaacga 5220
cgggtggcgc atggtcctcg ccgacaaggg gacccaggtg acactcaccg ccgagtgacc 5280
aaggcgaagg ctggtgcgcc agccttccac cgtggccatt ccctgccgcg aaccaactca 5340
actgaggagc tacaacatga ccaacgtcaa caccaccacc gaaaccacca ccgctgctgt 5400
cctgggtgcc aagctgatca agaagccggc caccgtcgag gacttccgca acaacgtggt 5460
cttccaccat agcgccctga ccaaactgac cgaggtctac aacgaagcgg tcgccgccct 5520
gcaaaccgcc gagcgcctgt ccagcctcgt cgccggtgac gtgatcacct tcgaccacgg 5580
caagggcgag aaagccgaag tgctgagcgg cgaagtcatc agcgtggtcg ccggcgtcta 5640
tcaggtgctg gtccgcttca gcgacagcgc accggccaag ctgctggacg tgaaggccag 5700
cgccatccgc gccgtccagt cgtcggcagc ccaggctgca accctcgacg aagccatcgc 5760
ccagggcgag taaggcccgc acgtaatagg cccggccctc cgggcctatt gcgagctagc 5820
cataccatag gaggaatcac catgagcaag cgcaaccccg aacacatcaa cggcaccgtt 5880
cgtagcgtca gcgtccagaa gttggcggcc acccaggaac tggaggatcg tctggaggct 5940
gccctggccg tgtgccagca gcgggcagag gacatcgacc tgctgagccg ccgtctccag 6000
gccgccgagc gcgcccgtcg ctgggagatc gacgagattc gcaaccacca ggcgaccatc 6060
cgcctgttgc aaaacgatct gaacgctgcg catgatgccc acgaggcaca agagcgccgc 6120
gctcgcaagg caaccatcat ggcctgggta tgcctgctga ccgcaggttt ggccgtcacc 6180
ctgaagctgg caggagtctg accatgcagt gcaaagacct ttacacgaac ctcgcgtcgg 6240
gcatgttcaa cgtgccgtgc tcccaggtga ccccggagat gcgacgggta gccaagagcc 6300
gggcattcgc ccacgcctat acgcccaaga aacaggcttc gggcgggact tacaccgccc 6360
gtgtgagcgg cgtcacctgt gacggtggta aggtggaggt gcgcctggat aacgtggagc 6420
gcgtcagcac cttcgactat gccgagctgg agacgcgggt agcggccagt ctgtgccagg 6480
ccgacgcgaa gcgcgccgct gaatacgaaa agctactgct gaaagcgttc ccgtcggtat 6540
ccccgaagga tggcccgctg tccgccaagg acttcgaatt gcgcctgcat gatctgtgct 6600
caaccaagct ggtagtgctt cgtgccttgc gtgatgccgg gatagagatg gacggtccgc 6660
tgcgcagccg ggtacggaag ctggcggatc ggaataacgt gatgggtgct gagttgttca 6720

499

499/758

Фиг. 18E

sequence.txt

```
gcctcaagca ggagttggca caactggtcg cggtcggcca aaaggctgga ctgaattggg   6780
acggggcgga gactcagcgc ctgctgacgg tggccccgac caaggctctc tgtcgactca   6840
tcagcgcgct gaccggcgtg cggtataccc accacaccgt cgtagccaag gccgaggctg   6900
aggcgcgcga gcgggcaaag gccgaggcca aggattcatt gcaggcggca accttcgcag   6960
ccgccatcgc tggtggcgtc gtcggcagcg ccctgatgtt cctgctcggc tagggcgacc   7020
agggcctact ccggggtcaa atccgagggc gttcctagag cgccctctcg tgtgagtctg   7080
gaggatcacg aacatgcaat accacttcac gcattacaac ggataccgct tcggcgtcga   7140
gctggaggac gaggctgtct tcccgtgcat cgacggtaag cgggcgacct gggacaaggt   7200
ggcggcatgt gccggtagcc ttgtgcatta catggcgcag gacctgatcg actttggcca   7260
gcgcaagtta agggagtttg aagatgagca agacgagcct gtatccgctg aacctgcatc   7320
ccggcctgat tcaaatcagg acgattcacg tattcagcat ccaagccccg agcaacgccg   7380
agaactggtg gcagtggttc ctctggcagc ggaagtacca cccgctccgg gaaagcctga   7440
gtccagccgg ggagctgagt gcgagtatcg ccgagtgtgt gctccacctc cgccggaatg   7500
gctggcaaga tagcgacatc tggcgcaaga agggaggcgt gctggccctc ggtgccttcg   7560
acctgtccgg cctgatggta ggttcctgcc tcgtagtagg tggtgagctg aaggccctgt   7620
gcgttgatga ccggcacagc aggcagggta tcggcgctga gctggtgcgg gccgctgagc   7680
tggctggtgc cgagtatctg acctgcttcg agttcctgga gccgttctac gccgacttgg   7740
gctggagcac cacccaccgc gaggcgaact ggacagcagg agagccggac gtgctgcaca   7800
tgagggcacc cggtcatgac gtatgaggtg atgacatggc ttatcgagaa caaaccgctg   7860
gtcatcggag tcgccttcag tctggtggcc ctgggcgtgc tgctcacaca gaacaacggc   7920
ggcccgccta cggcgcccgc atgacctggc acctccagga catgttcgag gcccgaggcg   7980
ggctgcggcc tttgtgggag gaatggtacc aatggcactg cgccgtgact cctggctaaa   8040
gcaagcgcaa tccctggcgg tcggtcaggc gggtcgattc cgccacgtcc tgggatgcca   8100
gagcatgagc cggggcggga ccaacatgac ctgcaagaac cttcctgacc gctgggtggc   8160
ttactgctac tcctgtcagg agggtggcgt ggtcgagaaa acgcatgtgc ggagggtaca   8220
atgcgcggat caagaacgct tcatgccctg gcccgaggat gcctcggact ggacgcaagc   8280
cgactgctat caatcgcttt atggtttgct gctgtccaag ggcatagact acaacgtgat   8340
gacgccaggg ctgccgctgc tgtacagcga aaggcagcat cggcttatct tccctaccga   8400
cgcgggctgg attgggcgcg ctactgccga ccaaaatccc aagtgggtgg gttacgggta   8460
tcctgccccg gattaccatg gatggcccca ggaattatca atgggcaggc catgggtgct   8520
gacggaagac tacttgtcgg cgctgaaggt gcggtgggcc tgtcccgaag tctttgctgt   8580
cggtctgaac ggtacaaggc tgcgcgacag gctggcggcg atcatgttgc agcagacctg   8640
```

500

500/758

Фиг. 18F

sequence.txt

caagcgcgcc ttcatcttct tggatggcga ccgggcaggt gtccgtggta gtgcaggcgt 8700
gatgcgccgg ctccggtccc tgcttatcga aggccaagtc ataccaacgc cggacgggtt 8760
cgaccccaag gacctgaccc gcgagcagat aaggagccta gtaattggac gtattgacgc 8820
ttcacgcact gagtgaccgg gaccgcttcc gcacattgcg gagtgtggtg cccgaaggaa 8880
tgatggggcc ggagacgtgc ttcgtcatcg actggatcga gcagtattgg aaggtctacc 8940
cggcgcatca gaaggtagac ccgcaggcac tgcgcgaact gatcaagctg cgaggtggct 9000
accagccgga gcaactggcg gtggtcctga acctcgtcaa ccaactggac aagccggtgg 9060
acccggactc gctacagggc gtcgtgtccc agctcaacga actggatttc tcagggcggg 9120
tggatgccct cctggcgcag tacaaccagg gcgaggacat cgacctggcg tatgagctgc 9180
gccggctgag cgacgaggcc ctgcgccgcg gaggggtcag cacgccgacc gactacgtga 9240
cggacgacgt gtttgatatc ctcgcggagg agcagggtga ccacggcatc aagctgccgg 9300
ggctggtgct accggcgtac atgaagggcc tccacgccgg ggcctcggtg ctggtggcag 9360
cgccgccgga tgcgggcaag acctcgttca tggcctggat cgctgtccat atcgcgccgc 9420
agctcaagcg gtacttcgac cccggacgac ccatcctgtg gctgaacaac gagggcaagg 9480
gccggcggat caagccgcgc ctgtactcgg cagccttggg catgaccgtg ggcgagattc 9540
ttgccctgga cccggaggaa gttcgcagga tgtacgccga gaaaatcggc ggcgactctg 9600
agctgatccg catcaaggac ttccacggcg ggtccctggc ccaggccgag caggtcattg 9660
acgcgatgaa gccgtcggtg gtgttttggg acatgatggc tcacgtcaag ggtggacagc 9720
gcaaggacca gaaccgcacc gacgagatgg agtacaaggt ggccgaggtc cgcgagatgg 9780
cggtgcgcca cgacttcatc agcttcatga cgtggcagat tagcaacgac ggccacgacc 9840
agttgttccc accgcagtcc tgcctcaagg attcgaagac agcagtgcag ggtgcggtag 9900
atgtgcaaat ccacctgggc cgtctcaacg gtgcggatca acaggtcatg cgtggcctgt 9960
ccctgccgaa gaacaagttc cagatggacg ggaagccttc gaacgtggag gctatgatta 10020
acttcgacgc cgcacggtgt cgattcttcg agagtgtaga ccatgcaagc taagcatagc 10080
cgggtgctcg aaggcaccaa agaaattccg ctgggtagca tcgagccgtt actgggcagc 10140
gtcgcgggcc tgctgttgtg cctgtactcc gacgcaactc acgaggaggg cgtcgccttg 10200
gccggtgggt tccctcgcga cttgatgcac ggcgccactc ccaaggacgt ggatgtggcc 10260
ctgtatagca tgacctgggg gcgggcagag cacctgatcc agaaggcact cccggtcctg 10320
aaccccatct tcgtccggga tggtgggtgg cgctcggact acgctgatgg tggtgacggt 10380
ggtatcttca agggcgtgat gtccctcgtg ggctgccgtg ggttgaatgg catggacttg 10440
gactttaact actacgacgc cgacagcctc ggtcgagtga tggagtcgtt cgacttcacc 10500

501

501/758

Фиг. 18G

sequence.txt

atcaaccagg taggcatcgc gtacaactgg cccgaccccg agggtgggcc gcgcctgggt 10560
gcgtacctgc acaaggacgt tacctggggc gtgaacaagg aagtcggtgc cggctcacgt 10620
ctgccggaac gatgcgagaa aatgcgagcc aaggccgcgt actacggatg ggagaacgtg 10680
tgatgagcaa gcgcgacgtg gtactggata tcgagaaagg catctggcgt ggtgttgacc 10740
agaacgacaa ggccgtcgag gccatcatca agaagaacgg gtacgtgatc gtcgagccta 10800
agatcgacgg gtgccgtgcc atcgtcggtg cgcatggcgt ggtgtcccgc agtgggcgcc 10860
gcttcccggc cctggatggc ttggaagacc gcatcatcga gcgactggcc cgaccggggc 10920
tggactccgg cctggtgctg gactgcgaga tgtacctggc cggcatgccc ttcagcgagg 10980
cgactggccg catgtcgagt aagaccccgc tgaccgagga agagctggag tgcctgcact 11040
tcgcggtatt cgacgccacc catatcgacg tgctccgaaa ggcgcgcacc tcacacctgg 11100
tatacgaaga gcgccgagcc atggccagca gcctcctggc agcctgtcgg ctcagcgaca 11160
ctccgacgtt cttccaggtg gggttcaccg tctgccggag aatgtctgac gtttaccgcc 11220
agtacaagtt caaccgggag gtgggctacg agggatcaat ggagaaagac cccagcctgg 11280
tctaccgcaa cggcaaggtc gccggctgct acaagcgcaa gccgggcatc accgtagatg 11340
gccgcatcgt cgggtacgtg atgggcaaga ctggcaagaa cgtgggccgc gtcgtgggct 11400
accgcgtgga gctggaagat ggttccggca ccgtggccgc caccggcctg agcgaggagc 11460
acatccagct cctgacctac gcccacctca acgcccacat cgacgaggcc atgccgaact 11520
acggtcgtat cgtcgaggtc tccgcgatgg agcgctcagc caacaccctc cgccatccca 11580
gcttcagtcg cttccgcgac ctggccagta atccaggagt caaggtatga agattcgaaa 11640
gtcccgtaac cgcaactacc cggaagatat ggtgtaccac gccaccaacc gggattcact 11700
gctgtatccg aagtacgtca tgggttccgt gttcatcagc caggacggaa cattccgcat 11760
ctgcgtcatg gcagggacct gggaccacgt tgggtccgaa gttctgcatc atgcacggga 11820
catccaatcc cttggcgccg gtcgccgtaa gttgcaccgg gtcatgcgac ggctgcgccg 11880
caatctgcaa caggtaggag tcaaggtatg agaatgccaa ccgaagaaga acgcacgatc 11940
cgctgcctgc tggcagatat ccacgaaccc ttgaacctgc tgttccccgg tatccgtgta 12000
aaggccgaga caatgcccct gggctgggga gatagtatct gtgccctggt actccgggtg 12060
agctacgaac atctcacgct ggggcgcctg gagtacatgc acgaggtccc catcctgcac 12120
ctgtcgcagt ggggccggga cggcctgcta cagcacctga tgaacgagat tccccgtcgg 12180
gtgctggatg gcatgctacg tcaggcacag aaatacagcc agagtaactg gtacagcaaa 12240
tgacgactat ccgaatcctc gacctcgaaa ccgagagcta cgagcacaaa gggcgcaagg 12300
cgtcgcccct tgacccccgc aactatatcg tcatggccgg ctggcgtgac gatgttgacg 12360
gcaaggtcgg ccagaaggtg gagcatcgct tccgcagccg ggccgaagcc gaagacccga 12420

502

502/758

Фиг. 18H

sequence.txt

```
acaaccgctg gttcaacctc gacggcgtgg acgtgatcgt agcgcacaac gccatgttcg    12480
aatcgaactg gttcttcacc cgctaccggg acgagtacct ggccttcctg cgacgtggtg    12540
gccgggtctg gtgtacccag caggccgagt atctgctgag tcatcagacg tggctgtacc    12600
cggcgctcga cgagctggcc ccgaagtacg gcggcaccca caaggtggac ggcatcaaga    12660
tgctgtggga ccagggtgtg ctcacctcgg agatggacca ggacctgctg agcgaatacc    12720
tgtctggccc gtgcggcgac atcgagaata ccgccctcgt attctacggt cagttgatga    12780
agctccaggc ccgtggcatg tgggctggtt acctggagcg ctgcgaggcc ctgatcggtt    12840
tctcggcgat ggagtgcgcc ggcctgaagg tggacctcga agtcgccaag gtgaaccacg    12900
ccaagcaact ggaagaggtg gccgggatcg aggccgagct gaagaagctg atgcccgact    12960
tcccggaata cttcgagttc aagtatacca gcctctacca tatgagcgca tggctatacg    13020
gtggcgaggt gcggtacaag ggccgggtgc cctacgaaga tggccggatg gagaaagccg    13080
acttcgtgcg cttcggcaca gccaagcggg ggactcctat cgagagtacc tcggtacggg    13140
tcccgatcca cgaagtgacc gaccagggtg aatggcactg gcccaccatc accgagctgg    13200
cgaccaagca cggtccggtc atcacgttct ccgccggcaa gaacaagggc agcgtcaaag    13260
tgttccgtga ggatacggac atcccggcga ccaagtggga cgatgaccag cgattccggt    13320
tccccggcct gatcaacctg accaacctgc cggaagtagt gcgtgagaaa ttcctgggca    13380
agcgcccgga gttccagtgc gccctcaccc tggcggatgg atcgcccgtg ttcagcacca    13440
gcggcgacgc cctcaaggct ctggagaaac agggcttcga ggcggccaag ctgttgatgc    13500
gcctggccga gctgcacaag gacaactcct cgttctacat cacccacacc tacaacaagg    13560
atgggacgat taaggacacg aaggggatgc ttcagtacgt ggacgatgat ggtatcatcc    13620
accactcgct gaatacgacg gcgacggcga caacgcgtct gtcgtccagc cgcccgaacc    13680
tccagcagct cccgtcgaag gacgaggacg acccggaagc cggcagccgc gtgaaggaga    13740
tgttcgtgtc tcgcttcggc gcagacggga tgatcggcga gaccgactat accgccctgg    13800
aggtggtgat gttggcggcc ctgtcgaagg accggaacct cctggcgaaa ctgatggccg    13860
gcactgacat gcacttgtac cgcctggcag ggaagcacaa caactggaac gggttcgact    13920
acgaccagct cgtggccatc aagaaggacc ccaaccaccc gtggcacggt cgcatgatgc    13980
aggctcgaaa gaacatcaag cccaaggcat tctcggcgca gtacggcgcg agtgcggctg    14040
gtatcgcatt caacaccggc tgtaccgtgg aagaggccca ggaattcctg gacaacgagg    14100
cggccctgtt cccagagtcc atcgcattcc ggcagatcgt ccgagacagt gcagaggcca    14160
ccagcctcgt catgtacaag gccgaggacc agatgccggc aggcgccttc agcgagatgg    14220
ggccggatgg caactggcgc cagtaccgcc ggggattctg gcaagcgccg ggtggcacct    14280
```

503

503/758

Фиг. 18I

sequence.txt

gctacagctt ccgccaacag gagcgctggg acaaggaaca gcgcaagacg gtcatggact 14340
tcaaggacac gcagatcgcc aactactgga accagggcga ggctgggttc atgatgaccg 14400
tgagcgtagg gcgcatcttc cgttggatgc tgcatcgccc aggattcatg gtcaccgagt 14460
tcctgatcaa caacgtacac gatgccgtgt acaccgactg ccacaaggac accgccgccg 14520
aggtcaacaa gggcgtgcgc gacatcatgg ccgacgctgc ccgctacatg agcgagcgcc 14580
tgggctacga catcgccgac gttccgttcc cagcagtggc tgagatgggg ccgaacatgt 14640
tcaatatgga ggtgatccag tgaaagaact gcacccgctg cacacgcctg agttcgtcaa 14700
gacattcctg gaccagaccg ggtgcctgcc gggagtacgc cgtacgggtc gcaccaccgg 14760
cattgctcta caggccattg gcatggcgct gtcccatccg agggaaaccc tgacgttcgt 14820
ggaccacccg gacggcagcg cggcagcact ggtggccagc attgaaacca tactggcgac 14880
cctgggctac aagaacgtcc tcgttcgacc cacaacccgt gcggatgggc gcagcgtgag 14940
catcgtcttc aagacgctgc cgaacgcctg acgacccttc cctactccgg ccttaaatct 15000
tcatccgaca cgagagagac cacgcatgac tcaacaactc aacgctctgc aagccgccct 15060
cgccctggcc aacaaggctg ccgagaccgc aaccatcgac atgtccgaaa cctccaccgg 15120
cggtggcggc ggtcgcatct tcccggcggg caccgccatg ggccgcttct gcatctacat 15180
cgagctgggt gaccacgcca aggaattcca gggcaagctc aagaacccgg cgcctcaaat 15240
ccgcctgggc ttcgcactgt ggggcgacgt gaacccgcag gccggtaacc cgcagagccg 15300
cccggacgac ctgttccaca cttacgaggc cgacggctcg atcaagcccg gcctgttccg 15360
taccttcgag atgaccctcg gcaacaacga aaagtccaag accaagctgg ccttcgacaa 15420
gatgaactgg agcgggcagc atacccactt cgctcagatg ctcggccagg cgttcatcat 15480
cccgatcaag cgcaccaaga tcaccaaggg caacaacgcc ggcaaggaac gcaacgacat 15540
cgattggggc ggcatcatga agccctacaa cccggtcgat ggcagcccgt acaacgtgcc 15600
ggaactgccg atggacctgt tgcagtattt cttcttcgac gcgccgacca aggagacctg 15660
ggacgccctg tatatcgagg gcacctcgga caacggcaag tccaagaact tcctgcaaga 15720
gaccattcgc tcggccacca acttccccgg ctcggccctg cacatcatgt tgggcggcgg 15780
cgacgatctg atcatcaagc caacgagcca ggccgcaggc agcaacctgc cggcagtgcc 15840
caacgtggcc gccgatgcag gcgtagcagc agcccctgcc gtcccggcag tcccgcaggc 15900
agtggctcag acggccccca gcgtgcccca ggtggcgaat gtggctgccc ctgtggtagg 15960
tactgccgag gcgcagaacg tgctgcctga cgtgccccag gtggctcaga cggcggctcc 16020
ggcagcggtc gaagtcccgg cggtcccggt agtgccggca gtaccgcagg tctaatgcgc 16080
ctgccatcgg aagagttcct ggcaggacta tccgcgcagt tcgaccgcag catggcaggc 16140
gggacgttgg tgtgtgacgc cgatggaccc gcctacgtgg ctgcggccac tgctaagacc 16200

504

504/758

Фиг. 18J

sequence.txt

```
ctggacactg cactccgaag attctggaag ctcattttgg agcagcagtt cctagcgcac   16260
tgcacaggga cacgggttca cctcacggca gcaggtgggg cgaaggcgta ccgcgacacg   16320
tatccgacca tgaaaccgta ccagggccag cgcaagggca aggcaaagcc cgcgctgctg   16380
gagccactgc ggcgggccgt ggcggacgtg catgagcgag gcggggcgcc ggaggggatc   16440
gatgtcatcc tgcacacgtt cttcgaggcg gacgacggca tgatgatgga cgcctacgcc   16500
atgcaggaca aggccatcat ccggtccgac gacaaagacc tgcggatgac gatctacccg   16560
tattgggaga tcgatacggc gtgtgtgagc aggatcgaag gcggcttcgg ctacctcaag   16620
gaagcgtaca cgccttccgg ccagttcaag ctcaagggcc atggacggaa gttcttcttg   16680
gcgcagtggc tcggcggcga caccgctgac aacatccgag ggatcgatcg attcaacggt   16740
aagctctgcg gtatgaagac ggccttcgac atcctccatc cgatcacgga tgaggacgag   16800
gccatcgaca tgatcctgga ggcgtacgcc aagatcaagc aaaacccgct ggcagaggcc   16860
gaggtgctgt ggatgcgccg aacgcctacc gacaacgcag cgcagtacct gttaagccgc   16920
gaccttcgtc cggccttccg ccagtggatc atcgagctgg acgcctacca cgaggcgctg   16980
ctccagaagc ggagggagag cgattatgac gagtgagccg aaggtctacc agataccgcg   17040
cagtcaacag cgcaccttca ccctgaagct atgggccgag cagaacaagc tgtgcccgct   17100
ctgcggcaag cccatcgata tcagcgtgaa gggcgaagcg gtgatggacc acgaccacga   17160
aacggggctg gtgcggggcg tcctgcaccg gtcctgtaac accgcagaag gcaagataac   17220
gaatgcggca ggttcctggg gatgcaagtc gatgaagtat tcagacatca tcccctacct   17280
tcgtgccctc ctgacgtatc tggaggggcc gaagcatccg ctgatctacc ccctgcacaa   17340
gaccgacgag gagaaacacg aagcgaagct ggccaagcgc cggcaggcag ccgccaaacg   17400
caaggcggcg atggccgtcg caaagcacaa cgcgaggaac gtatgagcaa actccgcaag   17460
caattcacca atgagtacct gcgaaacgtc tatgtcgagc tgggcctcaa gaagggtgcc   17520
gagcacctga ccgagcattc gcgcttcggt gaggtgagcc gccagtgctt ccgcaactgg   17580
tgcatcaagc tgggcttcca cgacagcagg acgcgcggca tgtacgccaa gaagggcgcg   17640
atgcactggc tgggccgcaa ggctgccgag gtagtgcgca agttccctgg cgccgtgggc   17700
aacgtggtag gccagggtcc gaaggtgctg agcctggaca tcgagacctc gcctatcgag   17760
ggctgggtct ggtcgctctg gaagcagaac gtgggcctca accagatcaa gcgggactgg   17820
accatcctgt cgttctgtgc gaagtggatg cacagcgacg aggtgatcta catggactgc   17880
cagggtgatc ccttggacga catgcacctg ctggtcgcgc tgcacaagct gttggacgag   17940
gccgacatca tcatcgtcca gaacggcaag cgcttcgacg tgcccaagat caacgcccgg   18000
ttcttcctga acaagatgcc gccgccgcga ccgttcaagg tgatcgacac cttgatcatc   18060
```

505

505/758

Фиг. 18K

sequence.txt

gccaagcagc aattcgcgtt caccagccgc aagctggagt acatgaccca caaggcatgc 18120
accatcaaga agcgactgca cggcaagttc cccggattcg acctgtgggc ggcctgcctc 18180
caggacaacc cggaggcgtg ggaagagatg cgcctgtaca acatcgacga cgtacggtcg 18240
atggaagagc tgtacatcct gatgcgtcca tggttcgtcg gccaccccaa cgtggccgtg 18300
tacttcaatg acgccgaacc gaccatccgc tgcccgaagt gcggcgacac ggatgttaag 18360
caagaaggct gggtgcatac gcagaccggc aagtacgagc actatcactg cggtggctgc 18420
ggtggctgga gccgagggcg gtacacccgc aacacctcgg aacagcgcaa agccctgctg 18480
agcaactaag gaggtagcat gagcctagca ttcccggact cttacgagtc gacgatcacg 18540
actgaaccgt accgcaaagg tgcgagtctg gaagaacgca aggtcggcaa gcttcccatg 18600
cacctggtag tcgaggggtt cccgctgctg aagcgggagc ttgctcgaat gatgcaatgg 18660
gctgccgagg tcaaggggta tctgccgcac gactggaaga agatgacggt gggcgagttc 18720
aagtccgccc aacacaggca cgagtccaag cggctgatcg acgggccgct ggatgacgag 18780
tccaacctga tgcacctggt gcatgaggca ttcaacgcaa tggccgccgc cgaggtggcc 18840
ctgatggacc gggagaaagg caatgagtaa aatctgttgg tgtacccgac cgcacgagac 18900
cgatgaaggt gttcgggtca tctgggcctt caacgagcgg ggcatcgggg tcaactacgt 18960
cacagcgtac atcacgccgg cgatggtcag ccatcgggac tggagcgatg tcatactccc 19020
ggacattctc cgggagatgg cggagcgcct ggagcgggaa gtgaagctgg tggaactgcg 19080
ctggttccgc gctgagattc tgagctgcgg ggaatggcgt gactaccgag cgatgacgct 19140
ggaggggcg gttagcctgg ccgaggccga gtggggtccc gaggatatcg ggcgcgtaat 19200
cgaaagacga taggagatgg aatggacctg atacagcagc agatcgccca cgaagaggcc 19260
ctggtcgggg cggcgcagaa tgacgcccgc attgccttgg aaaaggcgat tgcccaaggg 19320
tccatcgacc gcatcccgag ggcgcgcatc atgttgatgc ggatgctccc catcgtgacc 19380
gaagcgatct tcgcccacca ggaagcgaag gcggcggggc cggcagcgaa gcttcggcac 19440
ctgctgcgga tcatcgacgc ccaggacctc gcggtcatgg cgctgcgggc tgggctgtcg 19500
atgctcatca actacccaac gatcacagcg acgaagtatt acacccacat gggtaagata 19560
ctctgtcgag agatcgaagt gcggttggcc ttcaaggtca accaacccta ttacgaccgg 19620
acgctggact acctcaagac cagcaggact cgcagcgtcc ggcacatcca gaagacgatg 19680
gacgctcttc tggacgcggt actaccggaa gaggcacgta tcgacctgcc ggatggcgac 19740
tacctgcgcc tcggcaagtt catcggtgat ccgctgatac agtgcggcct gttcgagccg 19800
aaccgcttca caggtcgtgg aggtactagc gtccacctgg agccgtcgcc ggaagccaag 19860
gagttcctgc aagacccttc ggcggcgatg acctggggag gcccaggccg tagcgtgatg 19920
ctggcaccgc cgcgaccatg gaacgactgg tgcgatggcg gttactacag cgctaaggcg 19980

506

506/758

Фиг. 18L

sequence.txt

```
cagaaacacc atgtgctagt gcgccgtacc aagcaccaga ccaagcgggc gcgccagatg    20040
cagctacgcc acctgggccg ggacaagatg cccagggtgt atgaggcggt caacgcgctg    20100
caatcagtgg cctacgagat caaccacgac gtgtacgaga tcatcgagcg cgtcttcact    20160
tccggcggcg gtgtgctggg catccctcag cgcacctacc cggacaaacc tgagttcccg    20220
ctcggcgacg agtgggccaa ggagaacgcc agtgaacaag agctggaagc cttcaaccgc    20280
tggaagcgat ccgtccaccg atggtacacc ggcgagcggg agcataccgc caagcttcgc    20340
gagtttgctg cactctaccg agttgttcga gagcatcatg gcaaggcagt gtacttcccg    20400
atgcacgttg actcccgtgg ccgcatgtac tattggggca caccgaatcc ccaggggtcc    20460
gacatcgcca aggcatgtct gcgattccac gaaaagcgtg ccctcggtaa gcgcggactg    20520
tactggctca aggtccacgt cgccaactcc ctcggatgcg acaaggtgta cttcgacgac    20580
cgagcagcct gggtcgatga gcgctgggac gacttccagc gagcgctcga cgaagggccg    20640
gagaactatc cgaatctctt ccccgaagac gagtccccac tgtgcgccat cgcaggtctg    20700
ctggagttgc gggcggccta cgcttccggc aatcccgagg gctacgccag tggtttcatc    20760
gtccacatgg acgccacctg ctccggcctc caacactact cggctattct ccgcgacgag    20820
atcggcgggg cctacgtcaa cctgctgcca cctggacttg caaaagctga tatctactcc    20880
cgagtgctcg gactcgttaa tgagtctctg gagagagacc gagcggaagg cgcggatggc    20940
gaggcgcggg gttatgccat tctatgggat aaagctggtc tgacgcggag cctgaccaag    21000
aagccctgca tgacgctggt gtacggcacc acgttcaagg gcgtcgtgga ccactgcctg    21060
gactacctcg acgagtccgg tgtggagatt cccgagggtg tgccgtcata ccgcctagga    21120
agctacatgg cgacgctcat actggacgca atccgcgaga cagtaccatc ggcagtcttc    21180
gccatggagt ggctccagcg gcttgctagg gcccttcctg acgcatccaa ggatttgcac    21240
tggaccacgc cgctcggcat gcaggtcttc cagtcctacc cgaagaccga ggaggtgcga    21300
gtacggctgc gcgccgaggc tgtcgagtac gtcaccctgt acgaggccaa ggacgagctg    21360
gacccggtac gcaacgccaa cggcatcgct ccgaacttcg tccacgggct ggacagcagc    21420
cacctgggcc tgacggcctt ggcatgcgcg gcagagggaa tcccgatcca ggccatccac    21480
gacagcatgg gcacttatgc ggcagacgtg gaccggatgc acgttcacat cagggagcag    21540
ttcatcgcca tgtacagtgg cccctgtgtg ctcgtagagc tggcaaagca gcttggtata    21600
gaggctaccc cgccccggag aggatcgttg aatctggagg ctgtacggga ctcctgggcg    21660
ttcttctgct gaggcggatt atgtcaccca cataggagca agtgcatccg tccaaggccc    21720
tcgtagaggg agcgggggag aggagaggtc agggaagacc tggtagagga gaggtgaaga    21780
tgagaatgga tgactacgaa ggattctaga tagaatagac taaccagcat aggagatatg    21840
```

507

507/758

Фиг. 18M

sequence.txt

```
atagatggct actatgaaga cccaccgccc tacggttatg tcacccacag tggaaggatc   21900
gagaacaggc aagggtacgg cccgtcctgt cacgttcacc tctcagcaga tcgagtggtt   21960
agaacagacc ttccccgaac atcagatcgg tcctggaacc acgatggaag acatccagtt   22020
ccaggccggt aggcgagacg tggtgcgagc agtacgcctg cgccgacgcg atgccatcgc   22080
agtggagctg aagtgatgaa caagtccatc tggcgagtcc acgcaaaggc cggcactccc   22140
tcggaactcc agggcctgtg ctggctggcg atacaggagt tggaggagtt caccctcttc   22200
cgctcgaaag acgacgccct gaatgcgatg ctggacagta tcgagggcaa tgatcgaacc   22260
gagctgttgg tattccgcga tggccagttg gctggcggtg cctgcattgt gttcgaggac   22320
gatccccacg tcggcccgtg cgtcacagca cagtggcagt acgtcctacc gcgctaccgc   22380
aatacaggcg tggtccggga gttcatccgc gaactccacc gtcaggccgg ctggggtcaa   22440
atccccctcg tgtgctggag ccatcgtgaa agcgatagcc ggtacacgat ccactaccgg   22500
agagccaagc cttatgggca agaaagtaaa gaaggtgctg ggcaagacca tcatcggcaa   22560
actcgctgat ggcctgctgg gcaccgacct gagcggcgca caatccgatg cccgcaagat   22620
ggaagagcag aaccgcctaa tgcagcagca ggcggaccag ctcgcacgaa accagcaggt   22680
tgacctcacc gccgagaacg tggcgcaggt tgacctagga gcgatggccg atgccactgg   22740
caccggcacg cgacggcgcc ggaatcaggc gggcacaggc gtatcgcaaa ccctcggtat   22800
caactactga cgaggtacgc catgaaaacc accgcagcta tgctgtggga gaaacttcgg   22860
gatgggagcg tggagagtcg agccatcgag ttcgccaaga ccacgcttcc ctacctgatg   22920
gtcgatccca tgtccggcag ccggggagtc gtagagcatg acttccagtc cgccggtgcc   22980
ctcctggtga acaacctcgc cgccaagctg gcgagatcgc tgttccccac ggggattccg   23040
ttcttccgat ccgaactcac tgatgcgatc cgccgcgagg ccgacagccg ggacacagac   23100
attaccgaag tgaccgctgc cttggctcgg gtggatcgca aagcaacaca gcgcctgttc   23160
cagaacgcct ccctggcggt cctgacgcag gtgatcaagc tactgatcgt gactggcaat   23220
gctctgctgt accgagacag cgccgccgct acggtggtcg catggtcgct ccgctcctat   23280
gcggtgcgtc gagatgcgac tggccgctgg atggatatcg tcctaaagca gcgctacaag   23340
tccaaggacc tggatgaaga gtacaagcag gacctgatgc gcgcaggccg caacctatcc   23400
ggttcgggca gcgtggacct gtacacccac gtacagcgca agaagggcac ggcgatggaa   23460
tacgccgagc tgtaccacga gatcgacggc gtgcgtgtgg gcaaggaggg ccgctggcct   23520
atccacctgt gcccgtacat cgtgccgacc tggaacctcg cacctggcga gcactacggt   23580
cgaggccacg tcgaggacta catcggcgac ttcgccaagc tgtccctgct gagcgagaaa   23640
ctcggcctgt acgagctgga gtcgctggag gtcctgaacc tcgtggacga ggccaagggt   23700
gcggtggtcg atgactacca agacgccgag atgggtgact acgtgccagg tggcgcggag   23760
```

508

508/758

Фиг. 18N

sequence.txt

gccgtccgtg cttacgagcg tggcgactac aacaagatgg ctgctataca gcagagcttg 23820
caagccgtag tcgtccgcct gaaccaggcg ttcatgtatg gtgccaacca gcgcgacgcc 23880
gagcgcgtta ctgccgagga agtccgcatc actgcggagg aggcagagaa cacgctgggt 23940
ggtacatact cgctcttggc tgagaacctc cagtcgcccc tggcctacgt ctgcctatcc 24000
gaggtggatg acgcgctact ccagggcttg atcaccaagc agcacaagcc ggctatcgag 24060
acgggcctcc cagctctgtc ccgctccgcc gctgtgcaga gcatgctcaa cgcttcccaa 24120
gtcatcgctg gcttggcccc gattgctcag ctcgatcccc gcatctcgct accgaagatg 24180
atggacacga tttgggcagc cttcagtgtc gatacgtcgc agttctacaa gagcgccgac 24240
gaactggaag ccgaggcaga acagcagcgc cagcaggccg cacaggccca ggcagcgcag 24300
gagaccttgc tggaaggcgc ttccgacatg accaatgcac tcgcaggagt ctgatagatg 24360
acccaaccga acgatcagca actgccaccg ggcctcgcta acctggttgc caacgtaccg 24420
cccgccgccg cgccgacccc gagtcatgtg caggtgttgc cgaacccggt gatccagccg 24480
caggctccgg tccagcccgg ccaggtaggt gcgccgcagc aactggccat cccgacccag 24540
cagccgcaac ccgttccgac cagcgccatg acgccccact accagccggt agcggtgccc 24600
gtcgccggtc aacccgttgt tccgcaagca cccgctcagc cggccccggt agctccgccg 24660
gctgcgggtg cagttcttcc cgagaacctg gaagtcccgc cgcctccggc cttcactccc 24720
aacggggaga tcgtaggcac cctggcaggg aacctcgaag gcgacccgca gttggcgccc 24780
tctatcagct atctggaagc attctctgac aagctggata ccgtccgtgc cttcggcaag 24840
gccgccgaga accgcgatcc gcgattcatc gacgagcact atctgaagga agtcctgggt 24900
ccggcccagg cacagcacgt catcaacgtg gccaagggcg tcctgaccta tgtcgatgcg 24960
cagaccaagg ccgtcctgaa tcagacctat gccgccgtcg gcggtgaggc cgtcctgaag 25020
caggctgccg gagtcttcaa ccagcacgct gacccggcca ccaaggccgc catcggtcgg 25080
ctgatggact cgggcgatgc ccaggccatg cagtacgcag cgaagcaaat tgtggccttc 25140
gcacaaggct cgggtgccgt ggtacaggct accggccaac ccctgggtgc tgcggcacct 25200
gcactggcag ctctgagcgc tgagcagtac cgcttggaag tatctaagct gccgctgaac 25260
gcatccgaag ccgagatggc tgcgctgcgc gagcgtcgta aggcaggcat ggcgcagggt 25320
atctaacgac cctgccctac tccggcctta aacccacatc caaaagagag agaatcgcat 25380
gagctttctg aacgacctga ctcgtccgaa ctacgctggc aagaacgcgg acgttgacat 25440
ccacctggaa gagcacctcg gcatcgtcga taagcacttc gcctacacct ccaagttcgc 25500
accgctgatg aacatccgcg acctgcgtgg ctcgaacgtg gtccgcctgg atcgcctggg 25560
taacgtcgag gccaagggtc gccgcgccgg tgaagagctg gagcgcagcc gagtcgtgaa 25620

509

509/758

Фиг. 18O

sequence.txt

cgacaagtgg aacctgaccg tcgacaccct gctgtacctc cgccaccagt tcgaccacca 25680
ggacgagtgg acccaatcct tcgacatgcg caaggaagtc gccgagctgg acggccagga 25740
actggctcgc aagttcgacc aagcctgcct gatccaggtg atcaaggctg ccgcgatgga 25800
cgcgccggtg gacctggaag atgcgttctc gccgggcgtg ctggagaaac tggacctgac 25860
cggcctgacc gccaagcagg ctgccgacaa gatcgtccgc atgcaccgcc gcgtagtcga 25920
gaccttcatc gaccgcgacc tgggcgatgc ggtttactcc gagggcctga ccccgatgtc 25980
gccgcgtgtg ttcagcctgc tgctggagca cgacaagctg atgaacgtcg agtaccaggc 26040
aaccggcgcg accaacgact acgtgaagtc ccgcgtggcc atcctcaacg gcgtcaaggt 26100
gctggagact ccgcgcttcg ccaccaaggc aatcgcagcc cacccgctgg gccgtcactt 26160
caacgtgagc gccgaggagt ccgagcgcca gatcgccctg ttcctcccga gcaagaccct 26220
gatcaccgcc caagtggcgc cggtccaggc caagctgtgg gaagacaacg agaaattctc 26280
gtgggtcctg gataccttcc agatgtacaa catcggtgcc cgtcgtccgg acaccgctgg 26340
tgccatcgaa ctgaagggta tcggcgcctt cgacatcacc gcgtgatgcc acgaaacccc 26400
gcacttcggt gtggggtttc ttcaaagcct aacgacccgc gcagattccc tgcgtgggtt 26460
tttgcgcttt aggagaaacc ctatgctact actcgacgca gtgaatgtca tcctgcgcaa 26520
gatcggcgag ctgccgattc cgagcatgga tgagacgtat cccaccatgg ccattgccct 26580
cccggagttg gaggaccagc gcatccagtt gctgacgcaa ggctggtggt tcaacacctg 26640
gtggaagcac aagctgacac ctgacccgca gggtcgcatc aacctgccca aggatacctt 26700
ggcattctac cccgactccc cggacctcca gtgggacggc ctgggagtac gggatgccaa 26760
caccggcgac gaccgtatcg gcaagtcggt cgagggtcgg ctggtgctgt cccgcgagtg 26820
ggaccgtatc ccggagattg cgcagcgcgt cattgcgcac caagccgccc ttgcggtata 26880
cacccacgag attggcccgg acgagaccgc ccaggtcatc gcccaggaat tgcaggcgta 26940
tcagaacgaa ctgtctcgca tgcacactcg atcccgtccg ctgaacaccc aggccaagcg 27000
tagcttcagc cggtggcggc gtagcttgag gacctgagca tgagctacaa gcaatccgcg 27060
tatcccaatc tgctgatggg cgtgagccaa caggtgccct tcgagcgcct gcccggccag 27120
ctcagcgagc agatcaacat ggtatccgac cccgtgtcgg gactgcggcg gcgcagtggt 27180
atcgagctga tggctcacct gctgcatacc gaccagccct ggccgaggcc gttcctctac 27240
cacacgaacc taggtggccg cagcattgcg atgctggtgg cccaacaccg tggcgagctg 27300
tacctgttcg acgagcggga tggacgcctg ctgatgggcc agccgctggc ccacgactac 27360
ctcaaggccg acgactatcg gcagctacgg gccgctacgg tggcagatga cctgttcatc 27420
gccaacctga gcgtgaagcc cgaggccgac cgcaccgatg tcaagggtgt agaccccaac 27480
aaagcgggct ggctgtacat caaggccggg cagtattcga aggcattctc tatgaccatc 27540

510

510/758

Фиг. 18P

sequence.txt

aaggtcaagg acaacgccac gggcaccacc tacagccata ccgccactta cgtgacgccg 27600
gacaacgcca gcacgaaccc caacctcgct gaggcgccat tccaaacgag cgtaggctac 27660
atcgcgtggc agctctacgg caagttcttt ggtgcgccgg agtacactct gcccaactcg 27720
acgaagaagt acccgaaggt ggacccggac gccaacgcgg caaccatagc cggctacctc 27780
aaccaacggg gcgtgcagga cgggtacatc gcgttccgtg gtgatgccga tatcgtggtc 27840
gaagtgtcca cggacatggg caacaactac ggcatagcct ccggcggtat gagcctcaac 27900
gccacggcag acctgccagc cttactgccg ggcgcgggtg ctcctggcgt gggtgtgcag 27960
ttcatgggcg gcgctgtcat ggccaccggc tccaccaagg ccccggtata cttcgagtgg 28020
gattccgcta accgccgctg ggcagagcgg gccgcctacg gcaccgattg ggtcctgaag 28080
aagatgccac tggccctgcg ctgggatgag gctaccgaca cctacagctt gaacgagctg 28140
gagtatgatc gacgtggctc cggcgacgag gatacgaacc ccacgttcaa cttcgtcacc 28200
cgaggcatca ccggcatgac gaccttccag ggtcgcctcg tcctcctgtc gcaggagtac 28260
gtctgcatgt cggccagtaa caatccgcac cgctggttca agaagtcggc agccgcgctg 28320
aacgacgatg atcctatcga gatcgcagcc caggggagcc tgactgaacc gtacgagcac 28380
gcggtcacct tcaacaagga cttgatcgtc ttcgccaaga agtatcaggc cgtggtcccc 28440
ggtggcggca ttgtaactcc ccgcacggcg gttatcagca tcaccacgca gtacgacctc 28500
gataccaggg cggcacctgc cgtgactggc cgcagtgtgt acttcgctgc ggagcgtgcc 28560
ctgggtttca tgggcctgca tgagatggcc ccgtctccgt ccacggacag ccactacgtc 28620
gccgaagacg ttaccagcca catcccgagc tacatgccgg ggcctgctga gtacatccag 28680
gcggcggcct ccagcggcta cctggtgttc ggcaccagca cggcggacga gatgatctgc 28740
caccagtacc tctggcaggg caacgagaaa gtgcagaacg cgtttcatcg ctggacgttg 28800
cggcatcaga tcatcggcgc ctacttcact ggcgacaacc tgatggttct gattcagaag 28860
ggccaggaga tcgccctggg acggatgcac ctgaacagcc tgccagcccg tgagggtctg 28920
caatacccta aatacgacta ctggcggcgt atcgaggcga ccgtcgatgg tgagctggaa 28980
ctgaccaagc agcattggga cctgatcaag gatgcctctg ccgtgtacca gctacagcct 29040
gtggccggcg cctacatgga gcgtacccat ctaggcgtga agcgcgagac gaatacgaag 29100
gtgttcctcg acgtgcccga ggccgtggtc ggggcggtgt atgtggtcgg ctgcgagttc 29160
tggtcgaagg tggagttcac tccgccggtt ctccgggacc acaatggcct gcccatgacc 29220
tcgacccgtg cagtgcttca tcggtacaac gtaaacttcg gctggaccgg cgagttcctg 29280
tggcgcatca gcgacacggc tcgacccaac cagccgtggt acgacacgac gccccttcgg 29340
ttgttcagcc ggcaactcaa tgccggggag cctctggtgg atagcgctgt ggtgccgctg 29400

511

511/758

Фиг. 18Q

sequence.txt

```
ccggcacggg tcgatatggc cacgtccaag ttcgagctga gctgtcacag tccgtacgac   29460
atgaacgttc gggctgtcga gtacaacttc aagtccaacc aaacctacag gagggtgtga   29520
tggctttctg gctaccacta ttggccgctg gcggcatgtc cgcccttcaa cagggattgg   29580
ccaacaagga agagcgcaac aagatcaagg ccgagaacaa ggctcgactg aagacggacc   29640
tcgacaacct gggcgccgct gcccgcgaca tcgccaacct cggagtcatg gctgctagct   29700
accgcaagca agccgtggcc tcgcaggtgg aggccaagcg ccaggggatg ctagccggcg   29760
gaagcgccga ggctcaggcc ggggcgttcg gcgtcaaggg tgcatccgtc gatgcggtgg   29820
ccctggatat cgagcgggag gtcggcgagg ccctgatcca gattgacgac aacctggaca   29880
atcagatgtg gaacctcgcc gagcaggcgc actccatcca ggctcaggct aaggccggcc   29940
tgctgggtca gaagagtacc acggcggggc aacggtcccc gctggtggcc ggtctgatgt   30000
cggcgggttc cctgtacgca agtcaatact tcaagttcgg cgccacgcct aaaggaggca   30060
actgatggcg gaatcgcaac gtgcttccca agagcttggg atcaacgtcg gacagacgca   30120
actccagccg ggccagagtg ctcggcgcgg agtgcgcgac tccgaggtca actacagcgg   30180
tccgagcgta ggctcgcaga ttctcgacgg catcctgggt gccggtcagc agatcgctgg   30240
caaatggttc gagcacaacg tgcagcagga agttctgcgc ggtgagcgtg cccgtatggc   30300
cggcgaggcg gaggaggcag tagacagcaa cgtactggcc aaaccattcg tgaagggtgg   30360
ttggcgtaag caggactacc gtatcgccca ggcggacttc agcctgaaga tgcagcgatt   30420
catcgccaac aagggccggg agatgactcc cgaggagttc cgcaagtacc tgtcccagga   30480
ggctacgcac gtcctggact cgaccgaggg catgaacccc aacgatgcct tacaggcgct   30540
ggcgcagcag cagaaggccg aggaacagct cttcggcatg caggctaagg cgtacatgga   30600
ctggtccatc gaccaggccg cccgtggctt ccgtacccag ggtaacagta tcctggccaa   30660
ggctgtgcag gctcaggcca ccggcgacga actgtcccgg cagctcagcc tggaagaggc   30720
cggcctgttc tataccaaca tcatgacctc cgaggatatc ccgctggagg tgcgcgacaa   30780
ggtaggcatg cagttcctgg cggccagcct ggacatgaac cagcggggca tctatgaggg   30840
cctgcgcgat gccgggttcc tggacagtat gtcctttgac gaccggcgtg cgctcaacgg   30900
cctctatgaa aaatcgaagg cacagacccg tgccaaggaa tcgatggcta ccctgcgggc   30960
cgacgcggac ttccagcagc gggtggccaa cggcgccatc acagaccttg ccgaggttga   31020
agcgtactca cgaggcatgg tcgaggaggg ccgctggagc gacgctcagg ccatctcatt   31080
catgaccaag gccatgaccg gtctgggcaa tgcccaacgc atgcagggca tcatggcggc   31140
cctggaagcg ggggacatca acgccctaca cacgctgggg acgaacgtta ctgaggccct   31200
ggagcagtgg gacaagatgc aggccgccaa cggctcaagc ctgactgacc gtctcgtgca   31260
gggcacacag ctcggcctgc gcctggggac cttccccaag acctacggcg agtccgtggg   31320
```

512

512/758

Фиг. 18R

sequence.txt

cagcgcggtg cgcatgatcc aggccgccaa agaaggcgag gcaaacccgg agctggtcaa 31380
cacgctgaac agcatcttcg agcaggtggc ctcggcccag gagatcaacc cctccgccgg 31440
caacgtgatg ctatccggca tcccggaagc cgagcaaggt gccgtggcct gggcactcaa 31500
gcagatgaag atgggcatcg caccagctca agctctgcgc gagttcagcg ccaacgccga 31560
agtcgtgaaa cagatggacg agttcgagaa aggccagaac accaaggcat tcaaggacaa 31620
cctcggcaag caggtcaacg acaagttcgt gaacaacatc ttcggtcggg cctggaacat 31680
gctgaccggt gaaagcgacc tgagtaacaa cgaggccgtt ctcagcatgt accgtcgagc 31740
aaccatcgac gaggcgaact ggctggccag cgaccgcaag catgcgggtc tgctcaccag 31800
tgacacgggc cgcgaggccc tgctggagat cgccgccgcc aacgtgcgta accgcaccat 31860
ccaggtaggc gaaggtcgga atctgaagga aggggaccta ttcagccgcc gcgatagcgc 31920
gccgctgatc ctgccgcgtg gcaccaccgc cgagcagcta ttcgggacca acgacaccga 31980
gaccatcgga accgtcctgg ccgagcagca caagccgcat gtcgaaggac tcctcggcta 32040
caagtcggta gtcgccttcg agtacgaccg caccaggggc agcctcctcg ccgtcgagta 32100
cgacgagaac ggtgtggccc tggaccgcac gcgggttgat ccccaggcag tcggtaacga 32160
ggtgctcaag cgcaacgcgg ataagctgaa tgcgatgcgg ggcgccgagt acggtgccaa 32220
cgtcaaggtc agcggcacgg acattcgcat gaacgggggt aacagtgccg gcatgctgaa 32280
gcaggacgtg ttcaactggc ggaaggaact ggctcagttc gaggcttacc gaggggaggc 32340
gtataaggat gccgatggtt atagtgtggg cctggggcat taCctgggca gtggcaatgc 32400
tggggcaggc actacagtca cgcctgagca agccgcgcag tggttcgccg aggacaccga 32460
ccgcgcactc gaccagggtg tgaggttggc cgacgagctg ggcgttacga acaatgcctc 32520
tatcctggga ttggccggta tggccttcca gatgggcgaa ggacgtgccc ggcagttccg 32580
taacaccttc caggcgatca aggatcgcaa caaggaagcc ttcgaggctg gtgtacgaaa 32640
cagcaagtgg tacacgcaga cgcccaaccg ggccgaggca ttcatcaagc gcatggcgcc 32700
ccacttcgat acaccgagtc aaatcggtgt cgattggtac agcgccgcaa cagcggagta 32760
agacatggca aagcaattca agggccgcat gacgcccaag tatccccttg accaagtaca 32820
gctcgacgag gcccaagtac agggccaact cgacgcggtg cctaccgtgg ggttcgacgc 32880
cctgacgggt ggtgagatcg gagaacggaa cgtggcagcg ggccaacgag ccaatgcgcg 32940
ggaactggaa cgcatcgtag cggaccagga actgccggcc cttgaccgtg cttccgcact 33000
ctggaaccag tccaccctcg tcggacgctg ggtcgatgcg ctccagctcg acgcagacct 33060
tgcggcgaac agtaccggcg aggtggaccc taacttcgac gctgggacct atggggtcca 33120
ggcgctccag gcggcaggta tccagccgac tgataactac cttcagatca tggcccgtgc 33180

513

513/758

Фиг. 18S

sequence.txt

```
cggcaatgcc gaggacgcgg cctacctcct atcgaggatt caacggtatg agcaggacga    33240
acaaatcgtg cgggacaacc catactggaa cttcgcggtt ggtatgctgg acccggcagc    33300
cctggcagtt gatgcggtta ctttcggcgc tggccgtgct ctgcggctcg gtcgtgctgg    33360
catggctgct gctggcggcg ctgggcaagt cgggtatgtt gctgggctgg atgccgcagg    33420
ggccgatgtg gatgctggaa cctacatcgt ggcgggtgct cttggcgctg gcgtgggtgc    33480
tctgctgggg tctggtgcgg gacgcattgc cgcagaggcc ccaacgcaac cgcatgtgcc    33540
cgaagtatcg gcgcctactg tcgggctgcc agaagtagcc atgaccgccg aggaggccgc    33600
agcacgcggc ttcaaggcag gtgacgtggt agacctgctg gacgagggca ctgtgctatc    33660
ccgtgtcagt gcccgcgtgg agcaggctga gataccggct attccgcgac gtgacactgc    33720
cttcggcgac gagctgcata gcctgtcggg ccggaagctg tctgaggtcc tggaccacat    33780
caagacccac gcagaggtgc ccaagccgct ccagggcatc gccgccaagg tggctgacac    33840
tatcaggacc ctggagggcc tggggcagcg taccgcgttc cgtgtggtgc agggcggtga    33900
cactgccagc tctgccttcc tcaaaccggg tacggcgggg attcactcca cccagggcct    33960
cgacaccctg gtccaggtac gcggcagcac cgcacctggt cgagttggca ccaacccggt    34020
gaccgtgctc cacgaggcgg ttcacgctgc caccgtgggc gtgatgaacg ccgccctgcg    34080
caaccccggt gcgatgagtc cgaaggtggc tcaggccatg cagaccctgg agaatgtccg    34140
gggtaacgtg ctcaacgccc tgaagcagga ccgcgccgcc ggtcggcaac tgtccgagtt    34200
cgaagagaca ctgctggccg gtaactccaa caccctggcc aacgtcaagg aactggtagc    34260
ctggggcctg acggataccc gcttccagcg gaccctgaat cgcctccgct acagcgacgg    34320
cgggccgggc ctgtggtccc gcttcgtgga gggcatccgc accctgctgg gtctgcggtc    34380
cgatgctgac acggccctga gccgcgtcct ggccgcctct gagacgatta tggaggccat    34440
gcccggttac actaaggcac aggccaagtg ggccaacaag ggcgctccgg taaccgagga    34500
ggccagcctg gagaccatcg tccggtccac cagggagcgc gcccgcgagg gtgccggctt    34560
cgtgaacagg ttcttcagcg aggcagacct cctggcacag cccggagagg gcgcacggcg    34620
actcctgagc cgtcttattg acgacccggt acgtcgggat gggttcagca cgaacgacaa    34680
cgcagcgagc tatctccgcc gctatcggaa cgagttcgag ggctacgtga agtcctacga    34740
cgagatgatg gccaaggcaa tggctgagca gggtgtgggc ctgacggcac gtgcgctgaa    34800
ctcccgccgc gccatggcag tccgggacca gctcaacgag caggtcaccc gcgagctgct    34860
gcgccgggac cgggagtgga ccgcctacgg cagcgtccgc gtggacccta acctacctcc    34920
gaccatcaag gccctggccg accgctcaga cgagattcat ggtctgatgg gccagcgtgc    34980
cagggaagct ggggtgcgcg ggttcgagaa cttcgcaccg cgaccgggat acttccaccg    35040
ctcgtggaac tggtcgaaga tggcgcagat ggacgaggcc gcccctggcc tggcccgccg    35100
```

514

514/758

Фиг. 18T

sequence.txt

```
tgccatcagt gaggccgtgt tccgtggcat ccctgggctg gagcgcgccg acgccgatac    35160
catcgcacag gccattgtgc agcgggcgcg ggatcgggcc accggaatcc gctccgagtt    35220
catgggcgcg atgggcgtgg cggacacggc attcatccgg caggcgctgg aggaggccaa    35280
cgtgtcccag gccaagttcg acagcatcat ggccaagatc gagcagaagc agtccgacca    35340
gggcaccgtc aagtacggca agggccggct gtcgctggac atgaccgccg agatcaacca    35400
caacggcacc gtgtatcgtg tgcaagacct gatcgaccgg gacctcgacc ggctgatgga    35460
gaactacgcc ggcagtatgt cgggccgctc agcattggcc cgcgcaggca tgccgggggа    35520
ctcggagatc gaagccttca tccgggagta ccagcgagag gcagcccacc tgggcaccga    35580
taaggtgcag gagctgacgg ggcaactgcg gggagtcttc ggggacttca ccggcaacgt    35640
gccgagggag catcagctcg gcccggttgc tcagcgggcc agcggcctaa ccagcgccac    35700
catgctggga ttctccggcg tgtaccagct cgccgaactg gccacgatgg cgcaccgtca    35760
aggcgtcttc aacgtcatga aggccatgct gaactcccgc ctgggagact tcgtgggcgc    35820
catgcgtcgc gacccggacc tcgctgacga gatgcagacc gtcctcggcc tgaacctcgc    35880
caacgatatc cggatgaagc cctggaagcg gcagttcgac accttcctgg tcagccaaga    35940
caccttcatg gatcgcttcc tccacgcagg taagcaggct gtcccagtgc tcaacggcat    36000
gaagttcatc cacaactggc aatcccgtat gaacgccaac ctcaccttga acaaggtggc    36060
gcgggcggcg caggggatg aagcagccct tcgcgtgctc cagcagtacg ggaaggacgt    36120
ggactggacg ccagtcctgg cgcgggttcg cggttatgtc acatacagag gaaggaacgc    36180
ccgatccatg aattggggcg cctggagcca agcagacgtg aacactgtca tgaacaccgc    36240
actgcggatc atggacgact cactcctgta cggtagggtc ggtcagaact cgggcttcgc    36300
tcggtctccg gtcggtcaaa tcctgggcca gttccgcagc tttgtggcct tcgcacacaa    36360
caagctcctc cggggaacct atgagaactc cggcgtgctt ggcgtggcct cgctcctcgc    36420
attccagtat ccgctcaccg cgctgatgat gggtgccaag gcagcgatca acggcaagtt    36480
cgacacctct gatgaaggca tccgcaagat ggccatcgac ggcatcggtt acactgccgg    36540
cctcggcttc accgccgaca tgtggggtgt gatcaccggg cactcccgga tgtccgcacc    36600
ggtctttggc ctggcggagc actccaacga ggtgttccgc ggcgtcaagg acctagtaac    36660
cggcgacgac cccgcagccg ccaccggcga tatcgtcaac ggcgccgcag gggcactgcc    36720
tttcgtcaac gtattcccgg cgaccaagtt gctgctggaa tccatcaaag gggaataacg    36780
tggctcggtt caagaatccc gagaccatcc acgtcgcaga tggggtcgag gctgtcttca    36840
gtctcgactt cccgttcctg cggcgtgagg acgtattcgt ccaggtcgat aagatactcg    36900
tcaccgacta tacgtgggta gacgacacca acattcaatt ggccgtggtg ccgaagaagg    36960
```

515

515/758

Фиг. 18U

sequence.txt

atcaagaggt ccgcatcttc cgcgacacac ccgcccaggt cccggacact cagttcagcc 37020
agggcatccc gttcctgcct cgatacatcg acgcgaacaa caagcagctc ctgtacgctg 37080
tgcaggaagg catcaacacc gcgaacctcg ctctcgacgg cgtactcgac gcgatccgca 37140
tcgccgagga agctcgtcgc ctggcacagg aagcactcga cgccgccaat gaggcgctgc 37200
gccgtgccct aggcttcgcc gagattcgca ccgtgaccga ggactcggac atcgatccga 37260
gctggcgtgg ttactggaac cgctgcatca cctccgagca gtccctgact ctgaccatgc 37320
agatggagga cccggacgag ccttggatcg agttcagcga ggtccacttc gaacaggcgg 37380
gcattcgcga cctcaacatc gtggccggcc ctggcgtgac catcaaccgc ttgcagaaca 37440
ccaccatgca gctctatggc gagaacggtg tgtgtaccct gaagcgcctc ggccctaacc 37500
actggatcat cttcggggcg atggaggacg actaatgcgt ggcattatcg caggtgtggt 37560
ggcgtcgcag attcgccggc ccaagccggt gctgaccacc atcacctacc cgcagtcttc 37620
ctcggatcgt gggggtatga cgtttcatgc catcgccggg atcatccaag ataccgtgaa 37680
gttcgcggat agtaaggacc tgggtagtta tgagatgctt gtgcgggacg ctaccctgaa 37740
gagcatggtc attacactca ctgaggttaa ggacagtagc gtctggagta tgggtgtgct 37800
gagtgcggca atcaaatccg tagttcagtt cttgacacca gtcgaggaga aatcctcgtt 37860
ggatatgagc atcatccacg gcgagcacaa gcaatcggtc attccatact cccgctgggc 37920
tgaggctggg tccctgtcca tgggtatcac agagggtaaa gtttatgtac catagcagca 37980
ccattcgagg tgagttcgat ctggagattg tacgtcctga cggtacagtc cgccagcacc 38040
tgcacttcaa gaacctgatc accgacttgg cccttgaggc catgagttcc aagggcgtcc 38100
cgagtggcgg ctggacgaac atgttcgccg gcactggcaa ccgtaccccg gtccccgctg 38160
acgtgtccct cgtggcgcct gtggctaatg ccagtgcctc gctgaactac ggcaaccgcg 38220
cagtgtggga ttccaccact ggcgagaaag tgcatactgg cacggggacc ttccgcgcag 38280
gttccttcca aggccagtcc ctggccgagg taggaatcgg tcgggtagtc tctgagctgt 38340
actcccgatc cctgatcaag gacgccaacg gcgatcctac cacgatcacg gtgctggtgg 38400
atgaggaact gcgtgtgacc tacactctgc ggattgctcc gccggcgtcc agtgaagtca 38460
agatcacgat gaagggtatc gagtacaccc tgagcatgcg ggaccgccgt accttccggg 38520
acttatcgcc cgagcctgcg gctgagtttg gcactcgcgg cagtctgtcg tggagcgcta 38580
tcagtgcgcc ggacagtaac ggccagacca agaccgccaa cttgagcggc gacgccggga 38640
ccgggattat ccaggttcct gcacagtctg cacagatcat gcgtatccag cccgccgatg 38700
ccaactggac ggaaggtatt cagtacctcc gctgggagac tccggcagga cgtgagctgg 38760
agatcaagct ggacccgcct ctggtcaaga acagcttgga gcgcgtggac atcaccgtaa 38820
cccacatctt caatcgggta tgattcagtt caagttcggt gactaccgga cccgtgtgcc 38880

516

516/758

Фиг. 18V

sequence.txt

cttccagggt gcgcgggacc ggcgggatat caacgaccgc agcgactacg tggacggtgg 38940
cgtcgccatc caagacccta gtcaaggtct gttgtatcag gagtggcacg ccgagctact 39000
cgaagacggc atctacctga cacctgagaa agagcgagtg actacccgca tcggaccagg 39060
tatcaatgaa ggcgtggcta gtatggcggt cacgttcgac cagaacatga actatgtcct 39120
ggtgtatacc aagcaaggcg aaggcttcat cgacttcttc gattccgcta ccgaagagcg 39180
caatgtgatg aaccttgggc cggtggacta tatcaagaca gacctagacg atcggcggcc 39240
agagggcagc gcctgggcgc aggttctggt ctgctacaca cggcagggaa acttctacgt 39300
ccgagccagc tcaactcgct ttactgaaga ggagcttatc gtcggtacgg gcaaagtgac 39360
ccggcctatc gtcaaatgcg gaatggcagc gaactggaga ttccaggtcc tgttccgagg 39420
gagaatgtaa tgagcaagaa gcagaccgcg agtgctgagc ggctgggcct gctacatgag 39480
ctggtctgca ccgccatcga gcgtaacttc aagtggtaca tggacaacga catcccgatc 39540
cccgcatcgg atatcgctgc cgccaccaag ttcctcaagg acaacgagat cacctgcgat 39600
ccgtccgaca ccatcaacat cgaccgcctc cgcgaggaga tgcggcaggc gcaggcggag 39660
aatcgccgta tcgcgctgga gggcttcatc gccggtgaga cggacgatga gatggaacgc 39720
ctgtacaccc actaaggagg cagcatgacg ccgcaagaac gattccagat agcccacgag 39780
gtgcgggaca tgtacccgcg cttccgggac ttctgcctgg acgccatgct gttcctcggc 39840
ttcaagatga cgtggatgca gctcgacatc gccgacttca tgcaggactc gcccaacaag 39900
gcgatggtcg ctgcacagcg cggcgaagct aagtccacca tcgcctgtat ctatgtggtg 39960
tggtgcataa cgcagaaccc ggctacccgc gccatgctgg tatccggttc cggtgacaag 40020
gccgaggaga acggccagtt gatcacgaag ctgatcatgc attgggacct gctggcgtac 40080
ctgcgccccg aggcccgcat gggtgaccgt acctcggcca ccagcttcga cgtgaactgg 40140
gcgttgaagg gtgtcgagaa atcggcctct atcaactgca tcgggatcac cgctgccctc 40200
cagggctacc gggctgacat cctgatccct gacgacatcg agaccacgaa gaacggcctc 40260
accgccaccg agcgggccaa gctgacgcgg cagtcgcagg agttcacctc tatctgtacc 40320
cacggtaaga ttctctacct gggcacgccg cagtcccgtg agtcgatcta caacggtctg 40380
ccggcgcggg gcttcctgat gcgcatctgg ccgggccgct tcccgaccct ggatgagcag 40440
gaacgctacg gtgactggct cgcaccttcc atcctagcgc gcattgcccg cctggaggag 40500
aaaggccaca acccgcgtac tggcaagggc ctggatggca ctcgtggctg ggcggctgat 40560
ccgcagcgct acaacgaaga ggacctgctc gacaaggagc ttgaccaagg ccccgagggc 40620
ttccagcttc agtacatgct ggacaccagc ctcgccgacg agcagcgtat gcagctcaag 40680
ctgcgcgacc tgctgttcat cgacgccacg catgagagcg tgccggagca agtggcctgg 40740

517

517/758

Фиг. 18W

sequence.txt

```
gctgccgacg agcgcttcaa gctcaagttc gacgcccacc gattcccggt catcaagcct    40800
gagctgtacc tgccggcgct gatggctggc ggctgggcac cactccagca aatgacgatg    40860
ttcgtggacc ctgccggcga cggtggcgac gagctgtcgt atgccgtggg cgggactctt    40920
ggcccgtaca tccacgtcgt gagcatcggc ggctggaagg gtggctttgc tgaggagaac    40980
ctggagaaat gtattgccct agctgcgcgt tatggcgtca aggtgatcta tgtcgagaaa    41040
aacctcggcg ctggtgcagt tggccagctc ttccgcaacc acatgcgatc catcgacccg    41100
gacaccaaca agccccgcta tgaggggatc ggcgtagaag accgccagaa gtccggacag    41160
aaagagcgtc gtatcatcga caccctgcgg cccatcatgc agcggcaccg tctgatcttc    41220
cacgtatcgg cgatggattc cgaccacgtg gcctgccagc agtacccagc ggacaagcgc    41280
aatgagcgct ccgtgttcca ccagattcac aacatcacca ccgaccgagg ctcactgccg    41340
aaggacgacc ggatcgatgc ccttgagggc cttgtccgcg agctagcacc cacgctcgta    41400
aaggacgacg aagccgcaac ccgcgctcgt gaagaggctg ccaagaagga atggctgaac    41460
aacccgatgg gttacactaa gtctgtcctt cggtctctcg gcatgggccg ggagcgtcgc    41520
aagggccgcc caaaaggacg aagactatga tgctcgatac cgccaccgag gcgggcaaag    41580
gcaccctcgc cgtcactggc gtggggatcg ccgtttactc gccctatgag atcgccagcc    41640
tctgtgctgc ggtactcacc gcgctctatg tgggcgccca gctcatcacc ctgctcccga    41700
agatgctcga tagcatcgcg gagcttcgcc ggaggttcaa gaagtgaaca agcccctgcg    41760
cggcgcagcc cttgcggctg ccctcgccgg ccttgtcgcc ctggaaggta gtgagaccac    41820
tgcctaccgg gacatcgccg gcgtgcccac catctgttct ggcaccactg ccggggtcaa    41880
gatgggtgac aaagccacac cggagcagtg ctaccagatg acgctcaagg actaccagcg    41940
cttcgagcgc atcgtcctgg acgccatcaa ggtgccgctg aacgtcaacg agcagaccgc    42000
cctgacgttc ttctgctaca acgtgggtcc agtctgtaca accagcacag cgttcaagcg    42060
cttcaaccaa ggccgcgcca ctgagggctg ccaagccctg gccatgtgga acaaggtcac    42120
gatcaacggc cagaaggtcg tatccaaggg cctcgtgaat cgccgcaacg cggagatcaa    42180
gcaatgcctc gaaccatcgt cgcaatactc gtccttgctg tggtagccct gggagcctca    42240
tacggcttcg tccagagcta ccgggccttg ggtatcgccc aggaggagat caagcggcag    42300
acggcccgtg cggaggccct ggaggtgcgt tatgccacct tgcagcgcca cgtcaaggag    42360
gtcgctgcca ggaccaacac ccagcgccag gaggtggacc gtgccctgga ccagaaccgc    42420
ccgtgggctg accggcctgt tcctgctgct gtcgttgaca gcctgtgcaa ccgccccggc    42480
gcccgctgtg ctgtgcgaac acccactgat tgaccctacc acccaggctg gcctgatccg    42540
cgctgtagcg gcctatcagg acgccctgga cctatgcaac gccttgaatc aaggagactg    42600
acatggcgaa cacccgtgag caatacctcg ctggccgtaa caccggcctg accttctacc    42660
```

518

518/758

Фиг. 18X

sequence.txt

```
aggtctgcca gcccggcacc gacaaccgca tcgccctgca cgacatggac gaggccgatg    42720
tcaaggccaa ggccaccgcc gtaatcgcag cagccaccgc cctgggcggc gaaggtggcg    42780
ctactccacc ggacccgctc accgcctaca aggtgaagaa cggtgacacc ctgcccgtgg    42840
acggcggtgg ttccgtgaag gtgaccgtag ccaacggtgc tatcaccaag gtcgtgtaca    42900
ccgcaccggc gggctgagct acagcccgtc ccacctgact ccatccctaa cacaaggaac    42960
tgaaccatgg caaccttcgc cgctgcaact cagaaagacc tccgcgcctt cgccggcgct    43020
atcgagaacc tgatccgccc tctggaagaa gcggccttgg gttccggctt caccgaggtg    43080
atcaccatca ccaagggcac cgatggcaac gagactcgca cctccgagcg taaggtacgt    43140
cccgagctgg tcgctaacct cgacgccctg atggccgctg tcgagaccgc caaagccgcc    43200
gtctacaagt aaggggacac catgagcaaa gccaaactac gagtcatcgc cgacaccccg    43260
gagctggagt cagtgctaaa agcattgctg accgccacct acgctatcga gga            43313
```

519

519/758

Фиг. 19A

sequence.txt

<210> 560
<211> 137360
<212> ДНК
<213> Неизвестен

<220>
<223> Описание неизвестного организма: бактериофаг F44/10

<400> 560

aatttcatta gaaaagaatt tttttctttt tctatagtat ctttcttgtt atcgtattct 60
gaatacatca taaattctat aaatatacta tttctgtcag atgaaaacat atctatagaa 120
aacggacaat caaaacttat gtcatcttta ttaatactaa aacattcagt aacatttaag 180
tcatttattt catatacctc aaagtatcca tcaactcttt taagttctat agcactatta 240
tatctataat aacgttgttc ctctattaac ttatcttttg ttagataggg atattcattt 300
ataaatatag gattacttgt tccatagtta tttttaatat attcagcatc ttctaaggaa 360
tcagtataac ctaaaacttc gtaacttgtt gtatacacag tatcctcttc ccacaagtca 420
tagtccattt cctctatttc ttcctctagt atataaattt ttttcatata ttactcccaa 480
acaccaataa gatttttaag tttagctata acttcttctt ctgtttgata agaaaatact 540
cctgtaatgt gtccatagtt acctataatt tcataatcct gtgtaccatg tttgtctact 600
agatatgagt tacccataac atttaaacta tcctccgagt aactgaaatt tatattatag 660
tctactaaaa aattaataat ttttttcatt tacataacct ctcctatcgg atattgtcct 720
aacattcttg ttccattttc gttatagaag gtatattcta ctacaataat attcattata 780
tcgacatata tagcttctat ataaggtgta atattctctt cttcttgtat gtgtttacct 840
ataatattat ataataattc agagtgtatt cttttatctc tcattataga cctccgtaag 900
aaatgataca gtcttatctt ttaaagattt ttctactagt tccatagcat ctttataatg 960
ttttatatta gattcattag acttcagttt atcttttact tcttgaatta gaggttcaac 1020
tttagtaact aaatcttttt tattttctat actcacattg cttcttttat tatctaatac 1080
ttcctttggc atatacttaa cttttgcaaa gtctttatag ctaacattta agttatctaa 1140
atcatctaat aaatcattat aatattctaa atgattatag aatgtgtaaa acttaacaag 1200
gtctttacct gctagctctt ctttttttag tatattattg atattaccaa taacagaata 1260
tgctataggc ttaaaattag ccctaacata agttaaaaat ataaaatcat cataaaacaa 1320
gtctaaaaca gttttattga atctagtatt tttagcttgc tctaattgag cacataaatt 1380

520

520/758

Фиг. 19B

sequence.txt

aagaacatta tcaaacccac tctttaatac caaagagata aatctttcca ctgcatagta 1440
cctagatact tcagtatgtt tgcttgcttt ttcactattt ctaaaaatag tatctgataa 1500
aggttgaact actaaactca tataatcttt atctgaatat tcatccgatg ttccttgata 1560
agtacttcca aattctattg tagataataa aaaacttttt tctaaattca ttataacatc 1620
ctccttttac ttgttattat aatactaaca catatgttta ttaatgtcaa acattaaata 1680
tcttctgttg tgtcaacttc atcttgtata tacttaaagt attcataaat tttaaatagt 1740
ataactccta gtgttattaa tcctaaaata tatttcataa caatcctcct taaaagtatt 1800
tatccttccc atcctgataa agcatccata gccatatcat actcttcttc atttttagtt 1860
cttataattt tctctatttc tttttttgct tgtttagagt tcataaaatc aatatctact 1920
gtatctaaat ttgtataatc aatattttct ctaataaagt tcttttgact tggtgttata 1980
gaattaactc gtacgttttc gtgatttaaa aattgataga agtccatact attcaccttc 2040
ttttaaacag tctgccatat cttttaaagt attaagtaca tatttcaaat ctctataata 2100
actatcagaa aaactaataa cagcatatgg tgtcatatca ctatagtgtg cacaatcaaa 2160
acctaatacc ctatagtcac cctcatgttc atcgtatgtt atacctccat gggaacaatc 2220
ttctatacta ttaaactgtt ctttggttat attcgtaggc acattaatat aaccatttag 2280
atgtcctgaa tgagggtgac gtttaacagt taggtttatt cccttataat ctatatttaa 2340
agttaagtcc tctcctaata tattatcctc tttatctata atttccataa tatgttctgg 2400
agcttttcca aacatcataa ttcctccctt ttctttatac tcttactata cactactttt 2460
tctattttgt caacaaaaaa aggctactaa ttaaagtagc ctaagaatta attatttagc 2520
attatatttc cattgccaat aaccattttt ctgtgagaac tcaaagtgaa aaccgtcata 2580
gtcaaattca atattatagt ctccatcttg aagtggtttt gaatttagta caggactatt 2640
actctttgcc aattctgcta gaaactcatg atttacttttt tccatagggt ttattcctcc 2700
taattattct tacagtacta atatatcaca ggtctttttc taggtcgttt ttaaatttct 2760
cctcataaga actagcataa gttacttcat aacctattac cttagtataa tctatgcaaa 2820
gtaatttata attggacttt attttaatat cctctgattg ttctatttta ttgataactt 2880
catttagctc attcgaagag taatgtttat tatcaacttt tattgttttt ccttgggtat 2940
agatatcaat ttcttgtatc atcatttcat ccttttgatt attcattatt tgattataag 3000
tctctaaatc atcaatgtta tctgtatctg aacctttttac taaccattct cctctcttct 3060
taaggaggtc atcaaatttc tcatgttctt taattatctt ctctacttca ctcggtatta 3120
gaacagctct agcgtaattt atatgccaca tagacatatt atcaataaga taattaacca 3180
ttcttataag ttccttctca tttgccatat accaacctcc ttatatctaa tactaatata 3240

521

521/758

Фиг. 19C

sequence.txt

agagaaaagc agacttatta aaagtctgct tctgtaccta attctaatct tttatttttc 3300
atatgaggaa tcatttttct atctcctgtt aatagagata attctctagc tttttcttta 3360
gataatgtta atagtccatt ataattatct actttcttat tatattccat aattaagcgc 3420
tctagctcat atgatatatc ttcgagttct cctgatttaa ctccaagtaa ctttctatac 3480
atatcataat cttcagaaag actttctact ttatttttag atacagaatc ataaactgct 3540
tgtaaattac cttcttcaat aagtttaaag ttatgttcac ctatgattaa ttcctcctca 3600
gaagaatcaa gcgttactaa tccgcttgta ttacctgtaa agtcaccttt ataatctaca 3660
acaatacctt cagttacttt gtcacctaat tcaatagtcc catcttcatt ttctttaaat 3720
ttatgagcat catatacttc tactttgtca cctaatctca aatcttgagt taagttatgt 3780
ttaccaataa ttctatccat tactcaatct ctccttttatt aatagggtct tgtgttaaga 3840
acatttctag attctctttt gtaataggta accaaaaata tttactttcc ggaattgtaa 3900
ttgtatagaa atcctcatct ttgttaactt taatattaac atctgtaaac tcatcctgca 3960
ttaaccaatg agttacagtt aagttatatg aaccatcact aacataccct aaatcaatat 4020
catgtctaaa agccaaatct tctaaatgtt ctaataaatc gttcttttca ttatgttttt 4080
cttcttctgt attatttta attgggttaa ttaactctgt gcaaacaata tcgtacaatt 4140
caccatctgt aacctcatag ttcttttcaa ttaatacatc ttgtatttta ttgattgagt 4200
ttgtaactac tttcccatat tcttcttctg taaacttaca tttatctaaa tcaacatctg 4260
taattaattc tgcaatccat ttatttaaaa ttgatactgc cattgttcta gaaataatac 4320
tgtcgtatac catatttatt taatctcctt atttaggtga atgtggtctt ctaatgaaaa 4380
atcaaaaggc gctacaccat ttcttttatt atttgtttct tttttaagta taacataagt 4440
tagtgaaaaa gtcaagatag ttactacaac cattgataaa aatttaatca ggtttttcat 4500
aattactcta actccttaag tttatttttt actttctctt tatcgtactt ataatcttta 4560
ctagagtttt catttttttc tttctcttct tcattaagtt ctctatactg agcctcttct 4620
acctcttgtt ctttattatc attaccttct tctgcttttt gaatttctac atttttacta 4680
ctaccaccat ttacctttttt tctaaaaaga aaccaaagta ttaataaaat gatgagtaaa 4740
ataataatgc ttaatacaac agcccaaata ttattaacca ttacaaccta cctccgaata 4800
gttttttttac ggctcttaag ttttcagatg aatcattatt tatatcaata cctatgctag 4860
aatcaaaaat tacagcatta tcaagtatat gctctgtcaa tttattaccg taactacttt 4920
tacttaccac actaccataa ccatgattag ttaggtcaac catatcaggt tcaacttcta 4980
gtactctaaa agatattcta cgtaagaatg aaggatttac caagtaaaag gaagatttaa 5040
aaacatttaa tctttgataa gaatgtttta tattaacaac aaaccctgtt aacttatttt 5100
catattctga atttgataac ttacctaggt aaaggtttat actatatcct tttgtttcta 5160

522

522/758

Фиг. 19D

sequence.txt

atgtttgaat agcacttaac attatagccc ctctataagc aaggttttca gggtcttcca 5220
tccaactaat actagaatta taaaatacat caataacttt cttctctgct ttaactcttt 5280
gctgagacat catagaatta ggtaaccctt ttatagcatt aggtacgtga ggttgatacc 5340
cttccggagc tacgacaggt tttcttttta ctgacttatc cattctaaat aatgcatctg 5400
tcatttttt aagtttaact accatatcat atgattctct atcaccctta accattaagt 5460
tataggcttc ttgaaaacta tgagttcctg taaaatcata gctacctgta tctgatgaat 5520
tttctctacc tgaaactcta ttctttttta aagcagaaaa gaaatcaggt agaccatcat 5580
atttaattac atttaattct gagttatcta ttaatcgtct acccattgat tttcctccta 5640
ttctaatcct aacttatcca taattgtatc aaagtccatt gaatcttttg atgtactatt 5700
agattttcta ggttcctgtt taggttcttg ttgcatacct aaaagctttc ttgttgcttc 5760
tgtatatctg ttaccttcag gtaaagagct aataaattga ttaatctcat ctttcggtac 5820
agatttaaag ataatacttt ctacaacaaa ctcatcttcc attactccat ctaatttact 5880
accattaata attgcacgca ttgagaatac ataaggtaat ccttttttcat cattctcatg 5940
tcttaattgt tgtacaaagt ttactaagtc ttcattgctt gatagttgat gttccacctt 6000
agtatcatag tcaaattcaa cttgagcaaa gcggtctaat gtagctccat ctaattgttg 6060
tctacctaca taaatatggt ctgctcctgt tcccatagta ttacctgctg acacaactct 6120
gaaatcttca tgagctgtta cacgtccaat agggaagtca aagtatttat ttgcaatagc 6180
tgaattaaga attaatagta cttcaggaat agatgcatcc atttcatcta agaagaataa 6240
cccacctttt gtaaatgctt tatagaattg agtttcatga aacttaccat ttgcatcaat 6300
aaatcctgtt aatttaaatt cttgagtaat tgcattacta aaatagaaat ctaaatctag 6360
ggcttctgct acttgttcca atacatggtt cttacctgaa cctgctccgc cttttaaaaa 6420
tactggaata ttttggttaa ctaactttag tatatcttga tatctgtaat ggaagattcc 6480
tgagatatct ttaattgttt ttccttcttg ttgtaattca attttaactg gtaaattact 6540
aagttgttct tctacatact cttcaatttg ttttttaaca tcagtaataa taatttctct 6600
actctcagtt cctgctttct caacaattgc atctacaatt gcttgttcat acggattaga 6660
gtttttctct cctagttttt ttgctaaatc tgctgttgtt tccatttgtt gctctaccaa 6720
tctctctaat ctttcaatag tatcttgctt tgccatattt atcattctcc tttgatttgt 6780
tatacattta ttatattaca agtatttgaa tttgtcaaca actttctaaa actttttag 6840
ttgctaataa aaaaatacct tacacctata acttaacata gggtaaggta attgtcaaca 6900
cttttgttaa aaatacatta atttaaaaaa atcatcaata tctttagttc catgtgtatc 6960
catatcatac ataaacatac aattatatgt atgactattc attatttcta acatgttatg 7020

523

523/758

Фиг. 19E

sequence.txt

```
catagaagtt gcattattga attcctctaa atcaatagtt accgtaagtt cttgaccttc  7080
ataaagtatg tttgctatat aatatttcct aacaccttcc attgttccat gggaagtttc  7140
attatgatta agtacttcta cacctagtga aggtaaatat tctgaaaagt aatatttaca  7200
gaaatatata aaattgtctg ttcttttaga cacgagtact atctccgtac tttatatttc  7260
tttctaatcg tacataatat gttttaattt tttgtacttc tttatctact gcatcctttc  7320
ttcctaacct tgtagtatat tttacaatat taaatatcat agaatcaaca aagccatcat  7380
aagaaaaatg ttcttctaga aaagaaataa catccttact acctttataa tgttcaggta  7440
aatgtgcatc tacttgtata ttataataat cttctaaaag acctatactc tcaccaagac  7500
tagataaagc gtaacctaaa tcatttgaat cattagacca ttctttagat actgatagtg  7560
catcttctat aattgttact tttaatttat ctaaataatc ttctacttga gcttgtgttt  7620
tcataaattc ttttgcgttc atgtaatacc ctcctaaatt atataaaaaa aacaccctgc  7680
ttggatacaa gcaaggtgaa aaaggaaaga tattatggaa gtgtactatc taagtacacc  7740
tcataatata acagttttcc ttgctagtta ttacttattt tttaaggtct tcttctttga  7800
caaacactcc gttaataagc ttacctttcc tttcttttat ctcatcataa gccatatcaa  7860
tacactcttc aatatctata tctaactgta aacatagtac tgttaatact acaaaaatat  7920
ccccaacact atctcttgtt acatggtcat tacttttagc aatacctgaa gctaattctc  7980
ctgcttcttc taataatttt aacatttgac cctcgggttt acctgtttgt aagtttctat  8040
cttttgccca ttgtttaata agttctactt tttccattat tctatatctc ctttaatttc  8100
tgtatctttg ataattaggt tatcagagtc acttgttaca tttaagttat cttcaactaa  8160
ttcatgtaga ttattagtaa tatcttcttc atacctataa cctacacgaa cataagcttt  8220
aactctgata tctatattaa cataatcttc ttggaatttt tccatttcta acttccttta  8280
ttatatcata ttattatact attgtcaatt aatctgagta gtttccttta gcaagttgat  8340
acttttttgtg taattcttca tataattctc tcataccttc gtagtttctc atatcatctt  8400
ccaagaaact aagataatct aataatactt ttacatcctc aggttctaaa gttataactg  8460
gttttaccat taggcaacct ccttaaattc ttctttattt attttcttaa tatctttttc  8520
taatgcttct tttaattcat taggtaattt ataggcatca attgattgtt gttgacctaa  8580
tacatatcca ttatctgtga tacgtatttc cactgtaaac catgaattat ctaaatcttc  8640
ttctaatctt gctaataata ttaaacaact atttttttaaa attctattag catacccgcc  8700
aacacaatga gataacattt taccttcatc tttaagttta cttacagtat ctgcaggaag  8760
gaattttact tttctaccat cttttaattt ataagtttta tcaattattt tttctaattt  8820
attatcatat ttagctttaa gttccgcatc atctaattgt tgttgtatag attgtttctc  8880
atctgtaact atatcatgtt ctagttttaa tgagaatggt gttaggttaa cactttctaa  8940
```

524

524/758

Фиг. 19F

sequence.txt

```
tgttctataa ccttctctta ttaatattga taaatcatgt aagtaatcta agtaatagtt     9000
atctagtgca tatcctgtta tacgttgtct gtcttgagca tctacatcta aatagtgagt     9060
catctttttg tagttagcaa aagatataga taatatttca tttacaatag gttttacttt     9120
taaagcattt gtaacatctc ttgaatctct aaccattaaa aaggtatcgt caaataattg     9180
gtgtaaatta acttcattgt gtaaatgatt atagttctta tagagagtat tagcaaatct     9240
taagtaatta ccttgctcaa atttatttaa agttagtagc tttttataag tctgttttgt     9300
aagattgaag gcttcatgaa ctttccattt agggttttta ggtatatgga atagtaatgc     9360
atttctttca aataatccaa attcttctaa gttatttatt ttatcaatat ttttaacaat     9420
atctgttaaa gttattaagt aattagaagt tgaattttct cctataaaaa tcctatactt     9480
atcccctcta taatttatat gaccataaac atctatatta tcaggacacc aactagaaaa     9540
atcaaaatta tgatgctcta atgtttgttc tattatcttt attataattc ctctatttaa     9600
gttaggttgt gaatagtttt ttaaaataac atttaataaa acagataatg tcaattcatt     9660
tttgtattca cttttactaa tatcatcttt atataggttt aaagctattt ctttattaac     9720
aagactatct gttaagaaaa ccttgactgc tcctgtctta acgtcaaatg aacttttatt     9780
ttctaaaacc catttgttac ccatattatg cttatccctg atatgtctaa ctttaagacc     9840
aaaagatgaa ttattctcag tacttgggtg catgtaccaa acacgactat acaatgaatc     9900
tgacatttcc ttataatact cactagaacc tttttctata tcttcattca taacaataat     9960
agatgaattt ataagaacat atttaccttg gtctagtaca tccatgatat cattatttaa    10020
actatctact gcttccttat actcatctaa ttgtctagct tcatatcccc ataaacggtt    10080
ttcatttttct aattctttaa ttttttcttc aacataccct ttagattgta tttgttttct    10140
acgtctacta ccatataaag gaaaatcttt tctttctcct ctatcagctt caatatactc    10200
tttgtaattt cttcctttat tattaccaat cacaccttca actaattttt caactgtttc    10260
ataggggtca ccttcaaagt ttgttacttc tttattacca catagggcta aaaataaatg    10320
tatttctgta gctgtatcaa aactaaatat attatgaata tctctaaata attctttaga    10380
acctaagtta attatattat ttttcttttt cttaagaaat acatcttctt ctcctatata    10440
gatacatcct ttattaacct taggtaaatt aataatttct tgttctgtta atccttttttg    10500
tttataagtt attgccattt aaaatcactc cttatttgtt atgtactaat cataccatag    10560
taaataatat ttgtcaacaa aaaaagaaga acttttaaa gttcttctaa atgagtttcg     10620
tatataactt tttgaatttt atttaatggt tctaaatcta aattcctaat aagtttttca    10680
tactttcttg aatttttaaa attgatagta tttggcatag caagagcttc atcaacatct    10740
ttagtatagc ttacaacatc tgaatagata tctacttctt ttacatatag accttgagtt    10800
```

525

525/758

Фиг. 19G

sequence.txt

aaactcctaa atactacctc attatgtgct ataatttctt ctttcttttc tatgctcatt 10860
tataaacctc ctggtctact ctacacaaac aagtacgtat tctaaattag ttaaagaaac 10920
tgatttaata ttgtttaatt cttgtaattt cttaatttcc acatcatagt tcttacttat 10980
agtccataat gtctctcctg ctcttacttt gtgataatat ttatttccct ctttgataag 11040
gtcattcaat attacctacc tccttgagta ataattagct tgtagataac atataagtat 11100
aagaacaaag tttacaaatt cagtagctat aatatgaaca taggtatgtg ttaaaaccat 11160
acttacaatt aatgaagcta atcctaatcc aataataaga aatagaaatc tatttgttcc 11220
ttctgcactt ttagttttat aaaaggttgt tatctgagtt acatacgcaa ggataatagt 11280
aatagttgct acagtttgtg ttaaggctgt aaagtcactt aataaaaata gtaacagtga 11340
gaacacaata ataaaaggta tagagaaata gtccttttt ctatatgaag ctactaataa 11400
gcaaacaata cctagagtta aattaagacc aactgatact acttgaaaca tcgtagcatc 11460
agttagaagt aaattgtaaa aactaatacc tactgtagct acaattaaat accaaaaata 11520
actactaaca cctttaacac tatctgactt aactagggct attaaacctg gtatataacc 11580
tactgtaact aatatagcat ataatatact taagtaatgt gataaattat ccatcttgtt 11640
cccctaattt ctctaatcta ttagtaactt cttcccatga aataaatcct tctccgtttg 11700
ttaattctaa aaccatacca tacacaaatt ggtttgtact aaattcagct ctgtcagggt 11760
cattgtatgg tttaccatga ccctgtctaa tatcagagca gtagattaat acgggttttt 11820
ttaaaatata ttcctgctct ccaatttgtc cttgtaaaat atcatatgtt tctgatagtt 11880
catctatctc attgaactta aataactcag actgttcttt taattgtttt attgtttctt 11940
gtgcttgatg tttcatacct aataaaatac ctagttctgc aattgttcct aatccttcat 12000
taagaacatc aaatacaaaa atatctgatt cttgcatagc cttaaagtca ttagttaaaa 12060
tacgttctgc tagcttagtt tgttctgcat tagctttatc atttattgac ttatctttgt 12120
gagggctata cggagttact cctacaatgc catctacttc tttatgttgt ttatctctgt 12180
aatctaccat agcttcattt aggatatgtc cacccatata aattactttg tctttaattt 12240
tattaaccat ctatagtatc tccttttttct tctaaaattt ctcttaaaat atgtggcatt 12300
ttttttcttaa tttgtttatc tactattttc agtatatttt ctttttcttc ttccataata 12360
tcatcaacaa agttttgacc tacttgtttc ataattagac cgaagttttc taattctaaa 12420
tcatcttcag ataatctatc ttcttctata gccctaaaaa tcatttttttc cattcttgct 12480
cttgtaatgg cataatctgc cactgactcg ttctttttta cttctgtttt catttttga 12540
cgactaaatt ctttaaactc attagatact aatttaaagt agtcatcata ttctgattta 12600
ccatctaagt atttaattac tataccttca cccttatcag gtttaactgt catgtcagat 12660
tttcctacta attcttgaat ttcttcaggt tttaaatcat ttaagtagtg agatggttta 12720

526

526/758

Фиг. 19H

sequence.txt

gctactagca aagttttaac tgtttttaac cctaaatgat gtgcaattac attcatgtct 12780
tctattgata aataaacttc attttcttta tcataaacat caaatacata aaaattgttg 12840
taaaattctt ctttgtactg aatcttatgt ttgactaacc attcaccaaa aataatgtat 12900
ttttctaagg ctgatacgta cgtatttctt acatttatat tttcatgtac ccaatcataa 12960
aaaccattta aagtttcatt ctcatttaat ttttttctac gtgaaaaaca tactaattca 13020
ccattttcta ctgtgaagct tgcattactt ccatctaatt tttcttgtac aactagacct 13080
ctttctttaa atttatctag tacaatacct ttatttttta ctttagtata cgatttcatt 13140
aattatcctc ctttgaatta tgtactatag aaaacaaaat aagacttaca ctagctaaaa 13200
atgctaatac tactaaacca ggtaaattaa gaactgttga taagaataat gatattgcac 13260
ttataacata aactagaccg cttagaaata aagttaataa tacaattgtt ataagtttca 13320
ccaaccaatt attattaata aataccttag ctaaataatt cataaaaaaa tcctccttag 13380
ttattataga ataactatac cataactaag gggatttgtc aacatattat tttaccattt 13440
aaaattgtct gcatattgtg caagcttaga gcggaaatta actgtaaaat tatgaaatac 13500
tgctccttca taatttttaa agtattccat ataatctcca aaacctgatt tactttcgtt 13560
ctttaaatct atttgtttaa aattaccttc tactattaca gtagaatttt ttgtatgaac 13620
ccttgtaaga actttttttaa gttcactgcg tttaaagttc tgtgcttcat ttataattat 13680
agtagcatct cttagatttc cacctcttag gaataaatgg gatatttgag atacccaaca 13740
atctcctagt ttatcttctt taacattatc ttccatcatt aacatttcag ttatttgttg 13800
ttcaggattc atattaagtt caataagggc atcgtgtaat cccatgaaat aagccatttc 13860
tttttctgtc tgattacctg gtctgcttcc taaatcttct gatactggtg aaattataaa 13920
tactagcttt ctatttttat taagatagtc tgcgtaagca caggctactg agcacattgt 13980
tttacctgta ccggcttgac tctcattcca aagtatttca acattatcat taaagaaatc 14040
ctcacagaaa tctaactgct cggttgtagc tttttcaagg aattcattaa agattagatg 14100
ttctcccatg ttgtatctta cattaggata atcttttaac ttaaagtcta actcttttag 14160
ttgtattgcc atattttaaa gttcccctat ctataaatag ttttactctc ttttaatata 14220
gtactaattt ccgatatatt ctcctgttga agagcaataa ttactacatt cacattcagg 14280
gtagttatca caaacatctt catcttctac atcatcataa ccaatatcat aattattata 14340
attaaaatct acaatacaat tttcactatt acctttagat aatcctgtat aaataatatc 14400
atccacagaa tcccaatcgt tatctgccaa gtaatttaca ctatctagta ctgattcatt 14460
atcaggtaaa taaatactac cgtctgaaaa tttaattaaa atatcacctt gaggtaaggt 14520
atcattaatt aaatcaatct ctgtttcttc ttcaatagtg aatacagttc cttctaatct 14580

527

527/758

Фиг. 19I

sequence.txt

ttccggtgta gtatgtgtta aatgttttac agtatcccct gattcttcat agaatcctac 14640
tgcattcata tctttattat attttgcaat aaatttacca ttgtcactta ccaaatattg 14700
actagttgca ttatagtcgt ttgcgtcatc tactgtcatg caagggttat aatctttaac 14760
ataataacta attttcctaa catctgctgt ttgtactttc ttaccttcac ctttaattac 14820
tgaattaatt ttcttcataa tattttctcc tttttatata tcaattgatt tttttgcaag 14880
attatcggca tagtcattcc atttgtcatt tgaatggctc tttacttta caaagtttat 14940
atctattact ttttggtatt ctcgtatcat attaatatat gttttactta gaatatttct 15000
tgcagaccaa gtaccttcat accaatgtat taaaccaata taatctatat aaactattgc 15060
ctgattgtat cctagtttta tagcctcttc aataccataa caacaagcca atatttcacc 15120
cgcaacatta ttatacttta ttaatcctgg tttgtcaaca cttttactaa tttccgatat 15180
tatatttcct tctttactta ccaagacagc acctgagcct actttacctt tattatatga 15240
ggagctaccg tctgtgtata tatttacact atcctgcata cttataatcc tccataaatt 15300
gagggaattc acaatctgaa tagacttctc tgcaaaaaga tactgagata tagttaaaat 15360
caaaacattt gaaacagtgt tcttgaactt ctttttatc tttagcaatc acattaaatt 15420
taaaaccatc agctatgact gtaaatactc ctttttcat aaaacaaata cctccactaa 15480
ttttatttta aattaataac taactcaata aatgatttaa tagttttatt tttaccttca 15540
tcaatatctg aaaagaaatt aattaaactg tcatcctcat caaataaatc ttcaacatca 15600
tcaaatttat ttaatatgtc tgtaacactg taaccctctt ctgatatata ctcatgtaag 15660
tcttctccat cttctgacag tgttgcttct attttaccat ttttactttc aattaaatat 15720
aaagtattta atactttaac agaatctaca actacactgt agttactaat agtaggatac 15780
tctgtataaa gtatttctat attagtattc atataactat caattacaga gttaactgta 15840
tctcttttta gctcagatac attatgtttt cgtatagtag ggaattcttc atcatattct 15900
actaattctt ttctatctgt attcaataac ttgtctaaag aagacaacaa tactatttta 15960
tattggttat caggaagact gtctgtaatt tccattattg ttaaaaacgt atcttcacct 16020
agaactttgt ttatatcttg taattcaaat gaatctacca tttcaatagt atcatctata 16080
tcatctgtag tcattaaaaa attaactaaa ttattattct ccatcgtctt cctccaattc 16140
tttaaataac tcttttcctg gagtatttaa cgctttctct aaccgcatta aattagcact 16200
tcttggtttc ttttttccat actcccaata agatataaga gagtaatgaa cacctatctc 16260
agaagctaga cttcttaacg tatgtccttt ttctactcta atttttgaa ggtttagagg 16320
tttactttcc tttttttcat ccataattat ttctcctcta cttttaaaaa tttaaaatcc 16380
tcagattctt ttgcattttt tagtatatac tcttgtgatt tatttcttgc ctctgcctta 16440
cttttagcat ataactctat atgaaataca tgaggttttt ttaaagacgg tgactcgtat 16500

528

528/758

Фиг. 19J

sequence.txt

ctccaataaa ctttaaaaag tagtgtttct ttttttaaaa cattaattcg aaaccatctt 16560
ttaaatttat tcattcatta tcctcctcta tttatttgtt aaactaatta tagcatagtt 16620
aacttatgaa gtcaactata atatacaaaa aagactaaga aattaatctt agccttaata 16680
tattaataac tattatgtgc gttgtggtat gcaagagctc ctgatgttga accgtaacgg 16740
tcaatcatat attgttttgc acctttagtt tgttctgcta tagaaccacc actccatgat 16800
ttacctaatc cttggaatag tccttgagct cctgatgatg cattaacagc attagggttc 16860
attgtagatt cacgcatagc aatttcaatc attgcctcgt ctccacctgc ttgtctaatc 16920
tgttctgcta cagagcctcc tgtagaacta gttgattgtg taggttgttt agtttccttt 16980
tgaactggtg ctgatgttgt ttgtacttct tttttagtat cttgtttatt ttgagtatca 17040
aattgtgctt gttgttggtc tacttttttgt tcaggtgttt gttcttctcc tgctaatcta 17100
gatactgtat tatctacttg agttgagcct gaatggtatt cataaccaaa gttaccatta 17160
taattataga aatgataagt aaattcaccg tcactaaatg agaaatcata attaccttct 17220
tgaattggtt ttgtattgac ttctgctgaa tttgatttag cctgttctgc taacttatta 17280
taatcaattt cgtctgcact agcttcgttt gtagcaatac ctccaaaagt aatagctgta 17340
cctaatgcta atgttgcaaa aattgttttc ttcataaatt taaaactcct taaataattt 17400
tttagaattg tttatttgta aaccgacata agtaatcata acatatatct ttaaataacg 17460
caagtataat atagcactaa ttagtgtaat attattaagg ttttattaca aacattacag 17520
ttatcagata attaaataca aaaaaaagag aggtattaac ctctctaatt tattattttc 17580
ctgttacatc tacaatagtt ccgtctccgc caatttgaat aggttgttta ccatcccatt 17640
tttcaattaa ctgttgacgt aatatcttat cagataagga agattctcta atctcattgg 17700
ctttttttatc accattagcc tctacttctt ttttcttagc attttgttca gcaatttgtt 17760
tatcaacttt agtacgttct aattcttggt tagctttaac tcgactgtca attgcttttt 17820
gagtattctt atctgcttta gggctagata atgcaatgtc ctcaattaca aatccttgtt 17880
tttctaagtt gtcattcaag ctatctaaag tatctttttt aatttcccct gttttaactc 17940
caaatgcatc aattacagaa tacttagata ctgcttgacg gacattatct tgtacccgtg 18000
aacgtaaata tccttttttct agttcttcga tatctgcact accaaaacga ttaaataaat 18060
ctacagcttt agttgcatct actttataag atacatcaat atccatttgt aaattcttgc 18120
catctgaagt tgctacattt aaatctttat atttatgtgt ttgtgtttta gttgggtatt 18180
tatttacctt atcaaaaggt gctgttaaat gccaacctgg tgatttagta tcttccttaa 18240
caccatttac tgagtataca actccaacat gaccttgtgg aatcttagta atacacatta 18300
ataaaataat aaaccctata attgctaaaa accctaatac tcctgaaata actactgact 18360

529

529/758

Фиг. 19K

sequence.txt

ttctcattac atttctcctt tttctatttc ttttattaag ctatttaaag ctttttcctc 18420
ttggtctatt tcttgtttat cggctctagt tacaattgat tgtctacggt catttaagaa 18480
ttgtttttta tactttacat attgttctaa accgtattca tctaatgtac cttgcctaac 18540
taattccctg tattgttttc ttatgttact cttcttctct ttcattgaaa gaaaatcaaa 18600
taaataactt ataccaaaac ctacaaggac tagaaaaaca ataaaaatag caaaatatgt 18660
taaaagtagt gccatgtaat tcctccttta tttgattaca tatataacta tacactatgt 18720
atttaatttt gtcaacactt ttttgcaaaa aaaaatagac ggattttaaa tccgtctaaa 18780
tttatattct atttgaatac tccccaggca acgccaggta tttgattagg tggaacacct 18840
tgacaagttc taacagggca atatactctg ttaccgttgt aagcattata acctatccaa 18900
atatgacctg cttggataca aacttcgtca tatacaattg tagcccctgc cggtaagtta 18960
ccgcctactg gagcatttaa gaatggagaa cctattctgg ttactatagg ttggttacca 19020
ttaacaaatg ttgcgctttc cggtttatac caagttccga actggttctt tttccaagaa 19080
cctgtaactg gtctagttgc cggtgtactt gcactacttg ttttaccatc tttaactaca 19140
gtagagcttg aagttccgtt actcatgtag tttttaattt gtttaatgaa gtaatctttt 19200
aacttattca ttattgcttg tgatggtctt ccttgtgtta ctgggttaaa tcctgtatga 19260
agaaccatcg aacggtgagg gcaggcagtt ggtacaaatt ccatatgcaa tcttacagtt 19320
ttacggttag gagtaagacc ccattcttta aatttctctg ctgtaaattg gaatactgct 19380
tgttcatttt taaggaattg agcatcacta gcactcattg attgacagac ttcaatacct 19440
gcaaatctaa agttacctga gtttgctcct gttccatccc ctgtgtgcca agcaatttga 19500
ttcttagcat ctattgcttc ccatacataa ccttcagagc catagtaatg agcaatacca 19560
ttagcatatc tagcataacc tgcattagct aatgaattct cgtattgttg tcctgaagaa 19620
cgacctgcat cgttgtgtat taccattcct tcaggttttt taccacgttt atccattgta 19680
tagttaatgt gattcttaga aacttttagt gttgctttct ttttaggtgc aggtgtttta 19740
cttgcgcttt tcttagctgt ttctttttta acagtagttc ctgcttttac aggtatttca 19800
atgaagtgag ttaatccgta ataattatct acacgttttg taggtttttt attagcataa 19860
ccattccagt tttgctctaa aatagtaaat gtagaagtat tacctccatc atatacaata 19920
cctatgtgac cccactgttc ataactaccg gatgtaaata ccgcaatcca acctttttta 19980
ggtacagtag aaggtttatt ttcatgtatt ttaaatccag taccataact ctgtttaatt 20040
tggtctttag cattacccca agttctaact ttattatctg ttaaccataa aacatagtct 20100
gtaataaggt cttgacattg agcgtgatag tagccatctg cgtcaatggc tcctgcttcc 20160
attacaccaa atgacgggtc ataacttgta gctttttaa ctctgtaagg gctatctact 20220
gttccttttg cataagcgtc taaacgttta tttatttctg cttgagtctt agccattact 20280

530

530/758

Фиг. 19L

sequence.txt

taacttcctc ctctgcaaat actttaccat gttcctcggt atcttcttca tcttgagaag 20340
gtgctgaacc accatcaatt tcatcttcaa tagcaggtac ttcatcacta tcatctgtgt 20400
caggttctgc attgttttcg tagctgtcta tctcaaaagt actagcgtta tttgcgtttg 20460
tttgccattg aacgaactca ttagggtctt tactatcacg aggtttaacg taatctgttt 20520
gaacaatatc actgtctcta agacctttag tattattatc aacaataata cctaaacctg 20580
ctaataatgt tagtatagaa cctacaatat ttacaccttg ctcaatttga gctgagtagt 20640
ctaaaccgaa agcacctgta atttggttag caaataatgc tactgctgat ataattgcta 20700
cccaaaatgt tttgctctta gttcttgtgc taaggtttat tcctccaaca actttaggtt 20760
gtttagtttc attagccatt aaaaaaccga cctttctatt atatttattt ctaacaataa 20820
tataacagta ggtcggtcat gtttatctat attaatttaa cacttactca ttaatttggt 20880
ttagtttttt gataacttca gacatttgtt tgttatctaa atcttctaat ttagtttccg 20940
gaagtagctc taacttatcc caaacttctt ctttattaga tactttatta ttaataattg 21000
ccttaccaac taaactttcc gtataatata attgttttgc tgatgccatt tgtatctctc 21060
cttttaaata tgtaaagtat atagctagta tcgtatccta ggaacaaaca cttgcgctat 21120
atactcaatg aaatcctacc ctcattcgag gacacagcaa accggttcgt caaccgcaca 21180
tatgaattct aagatttcat ttatgtaaaa cacaccctct ttgatttgca caaagactaa 21240
gggttttgga gacccttgta ctactaatta tactaagggt gtttattatg gtttctattg 21300
gatttgaacc aatgacacct agagcttcaa tctagtgctc taccatctga gctaagaaac 21360
cttaaaacga cccatacgag actcgaactc gtactctctg ccgtgacagg gcagtgtgtt 21420
aaccagttac accaatgagc caaaattata atgctatacc ctaaccttac cttaatgtat 21480
agcaggtttt ctcttaggct cgaagcaacg attattacca ctcataacaa ctatatatta 21540
agtgaaagga ggtgaaatga acaaaacgtg gtaattggta cctaagaagg taatatgtat 21600
aatctacaag gagtaagtta ttggttcata aaggagtgtg aacaataaat acatgaaaga 21660
gtgaaagttt actccctgta gattcttttt taattatcaa tcaaaggagg aaactgataa 21720
ttgttaataa taaactataa agaggaaaat atttatagtc acattctgat ataatgcaac 21780
taaatatcca agcataaccc gtctcacgag gaacctacct ataagacctg ttattaagtg 21840
aatcactacg attgactcta ttaaggagct accttaagtc catctcacgc aatttaaaag 21900
ggacttacaa accgtaaaac ggtaataagt ttattaaata atgtgatatt aacatattag 21960
ttaataactt tcacatggtc gaagaaaagt aaatttattt gattaccaaa ttatttttat 22020
caaatatagc tcttttgaac ctgtagattt atgctactca tactgataac ctctattatc 22080
taacacattt ctgtgctcca actacagtta gtcgttacag cgtatctttc taggattccg 22140

531

531/758

Фиг. 19M

sequence.txt

ctaagaccct agaaagaaat taaaccctag ccgttatcat actctacaga ccttataagt 22200
aagtaccaag tataccaatc gtatttaaca atactaatga cgacccatcc taccgatata 22260
tctccgataa gttttgattc gtttgattat cttgtacctt atgactacca aatcattatt 22320
cagtcactat gctcagatat ttagttgtat tatttatata ttaattataa catagttttt 22380
attacttgtc aagttaattt caaaaaaatt atagaagtag ggacgcttac ctacttccat 22440
ttaatttaca caaggatgat aacattgtta ttgttttata ctggaaaaca atgtaagaaa 22500
aacagtgatg tgtaaggtat ttgttttatt gttaattaca ttatagcata tactgatacc 22560
tttgtcaagt taatttaata ctttttaaa atattagtta tcttttgtta attcttcctg 22620
aatagcatcc catcttcttt ctgcttcact acgattatct tetatatgtt ttgtagtttt 22680
acaacatttg atacaatata tatctttgat atgaccttct tctcttttat ttgctctttt 22740
tcttggtact ttgaatacat ttccacattc tttacatatt aaacttgagt aaaacatttt 22800
ttgtcttttc ataattaatc aattccttt ctcttttatt tgataattta actatatact 22860
atattgataa ataagtcaac agttttctaa aaataattta aattattttg aagaatcctt 22920
taatatcaag ggttacaaga gaaaaagtac gtatttagaa aataaggagt actcctatta 22980
tatataatta tattctgata tagagtaata aataatatta aatatataat tataattaat 23040
aaggttggga aaattgatat aaacataact gatattgctt atagatactc agtataaaag 23100
taaaatccct tagtatcagt acttacaggc aaaaaagtac gtatttagaa aataaggaac 23160
tctcctatta tagttatata tattaattac tattattaat tactatttaa atatataatt 23220
ataattaaca atgttagaaa gtcaacaata gtataaataa aaaagtgact acttaaagtc 23280
actcaataat tagaatacta ttttaaaaga ttctattctg tttggattaa tatatacttg 23340
aggtgaagtt atagcacttt cagtatatac ttttatagag gtttcatcca ttcctcttaa 23400
catataatct atatcttgcc tattgtaact cttttcatca gtagatacta aaaagtattt 23460
agctccactt gacattgtta tttcaatatg ttttgacatc tacaatctct cctatgcaaa 23520
tttgttaaag acaaaggata atatagctcc tagaacaagt aaaagaactt tctcagttgt 23580
atccttcttc ttagtatcct tagtttttgt acttccagca agttctgaaa tcttttcatc 23640
aagtctttct aattggacgt aaattgctga ttgtttttca ctattgacag ctacatcttt 23700
atctatacta actatcattt ttcttagttc agctacctca acttctaaat ctttgaaagt 23760
ccctctatct atataattac cttcttgtat cttagactta atagtttcta cttgagaaac 23820
aaggttgttt atctccttat ccaactagaa tcacctctaa ggtctaaccg tttcagattc 23880
agaatggata tcataatttt ctaagaaatc attgataatc tccatataat tatccgtaac 23940
gacttttccg taagatgttt ttgtatcaat ttcaaaccta agcttaccaa aactttggag 24000
gtctaattct tttattacaa tattagggtc atcagaagga aggtaataat agtcgaagta 24060

532

532/758

Фиг. 19N

sequence.txt

tataattgag ccatttatta atactctgtc tattctatag acgtggaaat agcgtctgtc 24120
tcttttaaaa tgggctagtg catctttaaa ctctaactta aggatatcct tatatttagt 24180
caaagtggta acctccttac tattaatttt taaatttact tattttgtgg tataatagtt 24240
atgataaagg cagttattat aattatatta agaataatga taataattat tttttctgag 24300
aaaataagcc aaatactaaa aacagataaa gcatagatag ctgatagata tactatatta 24360
agagttacct tacttttatc ttttctatag atagaataac ctaaagacgt tgtaacacca 24420
ctaagtataa aataatagaa acaaaaaaga ggtatagaca gaaaaaaaga tacgataatc 24480
attgttaaac acctatttct ttttgaccta ttatttctag aacttttaga ttacaccact 24540
aatataacat taaaagccag tcataaaagt caattgttag attaataata taataaaaaa 24600
agacaatagg aggttaaagt ggttgaataa taacatagct atattcatat tcaaaacact 24660
ggttatcatt atattcttac tactaatttt gtctgttatt aattccttgt cccttattta 24720
ctcaataaga ccgagtgtag ttatgacata ctttatcttt ggtggtattg tttctaatgt 24780
cgcacttact gtaacagata agttcttact gaagaaagaa gacccctac ctgaatatgt 24840
tcttaaaaaa gtagagataa atgataaaga aataagaata atcaagaaaa tcatagaaag 24900
taattacgga ataacagcag aagagataaa agttagggct aaagcacaaa gaagaataga 24960
ggaagatagt aaaaaggaag attacgatga aaacaaagaa agaaattaaa gaacaaagga 25020
aagagcttaa ggatggtgct acatctgttt ctttagtaaa aaaaggagat aagagaatag 25080
ctagccctag tagaatttgt agtctatgtg gtcagcagtt atcaggtatg aattacacta 25140
aaggaaaagc attatcaaaa gttaatcatt ttcatttaca gtattctaag tatatttatt 25200
ttgatatttg cgcagatatc aacaattgtt ataaaaattt aagaaaacga ggtgaaatgg 25260
attgagtgca gaaaatatta gagatataat taacaagaaa aagttagaag aagaggatac 25320
aagaaaatat atagctgatg gatttatgaa tggtatcggt aaattaatgt acgaattcaa 25380
taaaaaagta gataataaag aaatagaagt taaagaccct aatgatttat ataaattatt 25440
tgtgatattc tctcaaatgc aaaatatggt caatgaaact tctgaaggtg gagcaatacc 25500
tcaactatct agacctcaac aggaattatt tgatgagatt acaacagaag atagtaatgg 25560
agaatctaca gttgatttac agaagatatc agaaatgtca gcagaagata ttacagcaat 25620
gatttctgaa aaggaaaaag taatgaatga ggaaaattca gaaacattct aaggagaaag 25680
atataaatgg atggaaaaga actaattaag atagcacaag aaacatttca aactgaaaaa 25740
ataacaagag aacagataga ccatataatc aatatgctaa acccttctac ctatatgctt 25800
aagtatcata cactgagagg tcatcctata acttttagta ttcctaacag ggatagaagt 25860
aaagcacagg ctcatagacc ttggcaaact aggattgtaa atgatactca tcctaataag 25920

533

533/758

Фиг. 19O

sequence.txt

gctgtaataa aatcacgtca gttaggtctt agtgaaatgg gtgtaatgga aatggttcat 25980
tttgcagata tgcatagtta tgctaacgca aagtgtctgt atacattccc tacaaatgaa 26040
caaatgaaaa aatttgttca gtcacgtttg aaccctgttt tagagaaaga atattttaga 26100
gacattgttg attgggataa agactcgtta ggttttaaaa agataagaaa ctctagttta 26160
ttctttagaa caagttctaa agcaagtacc gtagagggtg tggatattga ttatttatct 26220
ttagatgagt atgatagggt aaacttatta gcagaatcgt ctgcactaga atcaatgtct 26280
tcatcacctt ttaagattgt gagaagatgg agcacacctt ctgtacctgg gatgggtata 26340
cacaaattat accaacaatc agaccagtgg tattacggtc atagatgtca acattgtgat 26400
tacttaaatg aaatgagtta taatgattac aaccctgata atcttgaaga aagtggaaat 26460
atgttatgtg ttaatcctga aggtgtagat gagcaagcta aaacagtaca gaatggcagt 26520
taccaatttg tttgtcaaaa atgtggtaaa ccattggata gatggtataa cggtgagtgg 26580
cattgtaagt accctgagcg tacaaaaggt aataaagggg tacgaggata cctaataaca 26640
caaatgaacg ctgtatggat ttctgctgat gaattaaaag agaaagaaat gaatacagaa 26700
tctaagcaag cattctacaa ctatatttta ggttatcctt ttgaagatgt taaacttaga 26760
gttaatgaag aagatgttta tggtaacaaa tcacctattg cagaaacaca attaatgaaa 26820
cgagatagat attctcatat agctattggt atagattggg gaaatactca ctggataact 26880
gttcatggta tgttacctaa tggtaaggta gacttaatac gattattctc tgttaaaaaa 26940
atgacaagac ctgatttagt tgaagcagat ttagaaaaaa taatttggga aatatctaag 27000
tacgaccctg atattataat tgcagataac ggggactcag gtaataacgt tttaaaactc 27060
attaatcatt ttggaaaaga taaagtattt gggtgtactt ataaatcttc tcctaaatct 27120
acagggcaat taagacctga atttaatgag aacaataata gggttacagt agataaatta 27180
atgcagaata aaagatatgt acaagcactt aagacaaagg atataagtgt ttatagtaca 27240
gtagatgatg atttaaaaac tttcttaaaa cattggcaga atgttgttat tatggatgaa 27300
gaagatgaaa aaactggaga aatgtaccaa gttatcaaac gtaaaggtga cgaccactat 27360
gcacaagcaa gtgtctacgc ctatatagga ttaacaagaa taaaagaact tcttaaagaa 27420
ggaaacggta caagctttgg ttctacattt gtttctactg attacaatca agaaggaaat 27480
aaacaattct actttgatga atagaggtga aatagacttg acagataaat tattttatgg 27540
tacaattagt aatgaagaaa ttaataaaag tgtattgaat ttgttattgg gtgaggaatt 27600
atccttagat tatgtttcta aaaatagtga tactttagat gttaaatatg aacatgttta 27660
taaatctcta ggattcgata atttctttga ttgtttttta tatgctaata gagagcctga 27720
aatagtccat aaaggtggag ataaaaatct tggtggacta aataaggtta aacgtactgt 27780
tattcgtaat ggtaaagaaa tggaaatgac agtttacgaa gatggtaata aagagaacga 27840

534

534/758

Фиг. 19P

sequence.txt

tagtaaagaa aaacaagaag gaaaagaaga agttagtaga agtgcagtag gagcaagggc 27900
tatttctaat ggtgaagaag gaaaggtaaa ccctaaaaag gtagcaaatt cattatctaa 27960
tttaagtaaa aaaggtgtag atgtatcaca tattaataca aactcatcat tgtataaaga 28020
gtttgttgat gataacggtg atacattagg aattacatct tttaaacgaa ctgaaaatga 28080
tataatatta gaatcttatg caagttcaca tgattcagat ggtgtaggag caagagctat 28140
tatggaatta ttacgtttaa gtattaagga aaataaaaat gcagttgtgt atgatataga 28200
attacctgaa gcagtagagt atttaaaaac tttaggattt aaacctaata aagatggata 28260
catcttaaga aaaaaagatg taaaacaatt cttaggtgat tatagtgatt ttatttagca 28320
ctatagtcat ctattctatt gtatttattc tatatattgt attaaaaaca atttatataa 28380
agtctaatat gagtagaata gataacacaa ctgaattatt aaaaatatta caggaagata 28440
ttgaaggtaa gataaaaaag gaaggaagaa ataaatgact ttagaagaaa ataaattaac 28500
attagaagaa tcaataactc cacttagcaa agaggagaaa gaagatagta ttaaagaatt 28560
tagcagttta ttatgtgaaa tggtaaatag actatataag tcttataatg tatttagaca 28620
agaccctatg gatgaaactc aacgtctaga tggctcttta atggtctttc aaagtagatt 28680
aaatgaccct ttaacaggag atttacatga taagatgtat aaacttgctt tttcaaaacg 28740
tattgatatt ttcgaagcta ataagcaatt tagaaaagat gtagaagcag gtaaagcaat 28800
tgagttaggt gatgtagcta ttatagatac agcattaagt aacatccttt caggcaatga 28860
gttccaagga agtatttcat ttatgcttag aaaagacttt gaagaaaaag aacgaattag 28920
aaaagaagaa gaagagaaac ttaataactt ataaaaggga agaattatga gactatataa 28980
aatgaggtat cataattgaa aaagaaacca caaggcaatg aggtaatcat aaccataata 29040
acggttatga tagcagtatt tgtagtcatt atgaccatat tttttaataa atatcaagat 29100
gctaaagaag ataaagatag atatcaaaga ttagtagaga tttataaaaa agcagatgat 29160
aatgatggtg agactaaaaa gaaatatgtt aaaagattaa ataaggctga agaagaactt 29220
aaaaaagtaa aaaagaaaca aattataaag attataataa gaagtcaagt aaagaaagac 29280
aaaaagaaga taaagaaact agagagaaaa tatatgatgt aactggtgat gatgacttaa 29340
tattagtaaa aaataatatt gagtttagtg ataaagtaga caagcccgaa atacttatta 29400
gtgaagatgg aattggtacg ataactgttc ctgtagatag tgggtatgaa aaacaaacag 29460
taggttctat tattactagt gtattaggtt ctcctttcct atcacctggt tcaaatagta 29520
tagatggttt aagtgttatt aacgataatg tttatccaaa tacagtagat agcatagtag 29580
aagatacaaa accttctatt aacttaccaa cggataatcc tattataaca aatccagttg 29640
aaccaactat accttcagat attatacctc ctattgataa tccttcagtt ccgatatctc 29700

535

535/758

Фиг. 19Q

sequence.txt

ctgagaaccc aggagataat aatcaaggaa atacagataa tccaaatcct ccccctccag 29760
ggtacacaga tgaagatggt ggaagaggct ccggtggtgg aggaaattct gaaccaccat 29820
caacggaaga accttcggat aatggtaaca ccggaggagg agattgggaa gaaaaacctg 29880
acccaggaga agaaccttca gataatggta atacaggagg aaatggtgga gaagttacgc 29940
ctgaacctga acctgaacct gaacctgaac ctgaacctga acctgaacaa ccgaatgaaa 30000
atcctgatga aggtaatgaa gaaaaaccat ctgaaccgtc tgacaatcct gatgaaaatg 30060
gaggatggga aactgaacca actgaacctg agtcaccttc agagccggac gataaagtgg 30120
acgaagaaga taaaaatgaa gatactacag atgataaaca gcccactgaa caaccggacg 30180
ataacaacat agataatgaa gataaaactg aagaggagta attactcctc ttttttgttt 30240
gctatattaa ataagagcta aatataaaaa aattgaacat tacggtggtg aaaactttgt 30300
taggaatgaa tattataacg tcactatcag tagtatttac ttgtttaagt cttttaactt 30360
taatgatttt tgttcatagt aagttctcta gtaaaaacgt ttttgttttg tatgtaattt 30420
atgctataat aggaataggt acatacatag ttttaactat gtttcaaaca acatctgtac 30480
ttattaagaa tgatgtaata gattccatag aaaatactga acattatatt ggattcaatg 30540
accctataat tatatttact ataagtttta taggtgcaat acttggagga atttggtaca 30600
agatgatgaa aattattaaa aagagtaact ttaaagataa aaaataaaaa agacggtgaa 30660
taggttgata ttctctaaag ataaaaaatg ggatgaagca aaagatttca tcaaaggtca 30720
aggtatgcaa gataattgga tagagattgt agattattat agacagatag gtggaaaaca 30780
cgtagctgtt tttattgctt taaacaaagt aaaatacatg attctagaag caacaaaaga 30840
caataaggta atattagtag ataaagataa taatatacta ttagaagatt atgatattgt 30900
tatggaaagt aagaagatgt tttattacat tgaagaaccg ttcgaggtta aaataaatat 30960
ccctcaacat attagagatg taacttataa taatactgtt gtattaacta cagtaagagg 31020
gagtagaggt gactagtaat tggcagattt atttaagcaa ttcagattag gtaaagacta 31080
tggtaataat agtaccattg ctcaagttcc tattgatgaa ggattacaag ctaacattaa 31140
aaaaatagaa caagacaata aagagtatca agatttaact aagtctttat acggacagca 31200
acaggcttat gcagagccat ttatagaaat gatggatacg aatcctgaat ttagagataa 31260
gagaagttac atgaagaacg aacataactt acatgatgtt ttgaaaaagt ttggtaataa 31320
ccctatcctt aatgctatca tacttacacg ttcaaatcaa gtagctatgt attgtcaacc 31380
tgcaagatat tcagagaaag gtttaggttt tgaggtaaga ttaagagacc tagatgcgga 31440
acccggtaga aaagaaaaag aagaaatgaa acgtatagaa gattttattg ttaatacagg 31500
taaagataaa gatgtagata gagattcatt tcaaactttc tgtaagaaaa ttgttagaga 31560
tacttacatc tatgaccaag ttaactttga aaaagtattt aataagaata ataaaactaa 31620

536

536/758

Фиг. 19R

sequence.txt

attagaaaaa ttcatagcag tagacccttc tactattttt tatgcaacag ataaaaaagg 31680
taaaattatt aagggtggta agagatttgt tcaagtagta gataaaagag tagtagctag 31740
ttttacttct agagagttag ctatgggtat aagaaaccct agaactgaat tatcttcttc 31800
aggatatgga ttatcagaag tagagatagc tatgaaagag tttattgcct acaataacac 31860
tgaatcattt aatgatagat tcttctccca cggtggtact actagaggta ttttacagat 31920
acgttcagac caacaacaat cacaacatgc attagagaac tttaagcgtg aatggaaatc 31980
tagtttatca ggtatcaacg gttcatggca aataccagtg gtaatggcag atgatattaa 32040
atttgtcaat atgacaccaa ctgctaatga tatgcaattt gagaaatggt taaattacct 32100
tatcaatatt atatctgctt tatatggtat tgaccctgca gaaattggtt tccctaatag 32160
aggaggagct acaggttcta aaggtggttc tactttaaat gaggctgacc cgggtaaaaa 32220
acaacaacaa tctcaaaata aaggtttaca acctttactt agatttattg aagacttagt 32280
taatagacat attatatcag aatatggaga taagtataca ttccaattcg taggtggaga 32340
tactaagagt gctactgata aacttaatat tcttaaacta gagactcaaa tatttaaaac 32400
agttaatgag gctagagaag agcaaggtaa gaaacctatt gaaggtggag acattattct 32460
agatgcttca ttcttacaag gaacagccca attacaacaa gataaacaat ataatgatgg 32520
taaacaaaaa gaacgtttac aaatgatgat gagtttacta gaaggagaca atgatgattc 32580
tgaagaaggg caatcaacag attctagtaa tgatgataaa gagataggaa cagatgcaca 32640
aataaaaggt gacgataatg tttatcgtac tcaaacatct aataaaggtc aaggaagaaa 32700
aggagaaaaa tcttctgact ttaaacatta attaataagc ctagaataaa tctaggcttt 32760
gtttatttttt ttcgtaattt aattttgata aatgtaataa ctatgatata ctatatgtaa 32820
ttgatattaa tacataaaaa atattaatat ttcacttaca agttattatt gttatattat 32880
taacgtaaaa gtaaataaaa taacaagtgg aggtgtagac acctttggaa gaaataaaat 32940
ttaatgcttt tgtacctatg gatttgaaga aatctgtatc aacagcttct gatactaatg 33000
agtattctat cgtttcagga tgggctagta ctccaagtat ggatttacag aatgatatag 33060
ttaatcctaa aggaatagat atagagtatt ttaagtcaca agggtacatt aattatgagc 33120
atcaaagtga taaagttgta ggtataccta cagagaattg ctatgtggat atagaaaaag 33180
gtttatttat tgaagcaaag ctatggaaga atgacgaaaa tgttgttaag atgcttgatt 33240
tagctgagaa attagaaaaa tcaggtagtg gaagacgttt aggtttttct attgaaggtg 33300
cagttaaaaa acgtaatata aatgacaatc gagttattga tgaagttatg ataaccggag 33360
ttgcattagt taaaaaccct gctaatcctg aagcaacatg ggaaagcttt atgaaatcat 33420
ttttaactgg tcatggtaca tcacctgaca ctcaagttga tgcaggagct ttaagaaaag 33480

537

537/758

Фиг. 19S

sequence.txt

aagaaatagc atctagcatt acaaatttag cttacgtcac taagattaaa gatttaaaag 33540
agtttaatga tgtatggaat ggcgttgttg aagatttgag taaatctaat agtatgggat 33600
atgaggaatc agtccttacg ttacaactag ctaaaggttt atctcgtaaa gatgcagaac 33660
tagcagtaat ggatataaac aaacaaaaac tagaataggt aaggagaata cattctatga 33720
gtaaagaaat gcaaaatatt ttagaagagt atgataagtt aaatgctcaa gaggcagttt 33780
cgaaatctgt agaagatgat gaaaagaata cagtagaatc taccgaagag caagtagcag 33840
aaacaactga agaacctgct aaagaacctg aaaaagtatc tgaggaagat gctaaagaag 33900
cacaagagca aggtgaaaaa gttgaatctg aagaggtagc agagggcaat gaagatgagg 33960
aagttgaaaa atcagctaaa gaatcaaaag accctgtaga ccaaaaagat actaagacag 34020
aaaataaaga caacgagaaa cgtaaaaata aaaaagataa aaaagaagat tctgacgatg 34080
aagataaaga tactgacgat gataaagata agaaagaaga taagaaggaa aaaacttcta 34140
aatcaatttc tgatgaagat atcacaacag tatttaaatc tatcttaaca tcttttgaaa 34200
acttaaataa agagaaagaa aactttgcta ctaaagaaga tttaagtgaa gttagtaaat 34260
ctattaatga gttatcagca aaaatttctg aaatccaagc tgaagatgtt tctaaatcag 34320
tagacactga tgaagaagct gtagaaaaat cagtaacatc tacaaacgga gagcaagaaa 34380
aagtagaagg ttacgtttct aaatcagtag acactgaaga acaagctgaa actggtgaag 34440
caaaatcaga agaagctgaa gaagtacaag aagataacac atttaaagga ttaagtcaag 34500
aagaacgaac taagttcatg gattcttaca aagcacaagc taaagaccct agagcttcta 34560
aacatgactt acaatcagct taccaatctt acttgaacat taacactgac cctactaatg 34620
catcagagaa agatattaaa actgtaaaag actttgcaca aatttaatta atgcacaaag 34680
ttgtgttata ttatacggtg taactaaaga atataaatag ggtacatttt actgtaccct 34740
acataaaata aaaagaacac aaatgaaagg tgataaattt atatgactat cgaaaagaac 34800
ctgtcagacg ttcaacaaaa gtacgctgac caattccaag aagacgtagt aaagtcattc 34860
caaactggtt atggaatcac tcctgataca caaattgacg caggagcttt acgtagagaa 34920
attttagatg accaaatcac aatgttaaca tggactaatg aagacttaat cttctatcgt 34980
gatatctcac gccgtcctgc tcaatctaca gtagtaaaat acgaccaata tttacgtcat 35040
ggtaacgtag gtcactctcg tttcgttaaa gaaatcggag tagcaccagt atctgaccca 35100
aatatccgtc aaaaaactgt atcaatgaaa tacgtttctg atactaaaaa tatgtcaatt 35160
gcatcaggtt tagtaaataa cattgctgac ccatcacaaa tccttacaga agatgctatc 35220
gcagttgttg caaaaacaat tgagtgggct tcattctacg gtgacgcttc attaacttct 35280
gaagttgaag gtgaaggtct agagtttgat ggtttagcta aattaattga caaaaataac 35340
gtaattaacg ctaaaggtaa tcaattaact gagaaacact taaatgaggc ggcggtacgt 35400

538

538/758

Фиг. 19T

sequence.txt

atcggtaaag gtttcggtac agctacagat gcttacatgc ctatcggtgt acacgcagac 35460
ttcgttaact caatcttagg tcgtcaaatg caattaatgc aagacaacag cggtaacgtt 35520
aacactggtt acagcgtaaa tggtttctac tcatctcgtg gattcattaa attacatggt 35580
tctacagtaa tggaaaatga actaatctta gatgaatcat tacaaccatt accaaatgct 35640
ccacaacctg ctaaagttac agctactgtt gaaactaagc aaaaaggtgc ttttgaaaat 35700
gaagaagacc gtgcaggatt atcatataaa gtagtagtta actcagatga cgctcaatca 35760
gctccttctg aagaagtaac agctacagta tctaacgtag acgatggtgt taaactttca 35820
attaatgtta acgctatgta ccaacaacaa ccacaattcg tttctatcta ccgtcaaggt 35880
aaagaaacag gtatgtactt cctaatcaaa cgtgtaccag ttaaagatgc acaagaagac 35940
ggaacaatcg tattcgtaga taagaacgaa acattgcctg aaacagcaga cgtatttgtt 36000
ggtgaaatgt caccacaagt agttcactta ttcgaattac ttccaatgat gaaattacca 36060
ttagctcaaa ttaatgcttc tattacattt gcagtattat ggtatggtgc attagcatta 36120
cgtgctccta aaaaatgggc tcgtattaaa aacgttcgtt atatcgcagt ttaatagaat 36180
aagaaaaact gaatacaaga gaatagggat aaacttaggg tttatccctt ttttattaaa 36240
ataaacttga agggatttaa taaatatgtt atactataag aaactattag ataaaaaaat 36300
ggctactgtt tatggtacag tggagattga caaagatgga gtagttaaag gattaactaa 36360
agagcaagaa aaagaatttg caaatgttcc aggttttgaa tttgaagaag aaaagaaaac 36420
tactagaaaa caatcagctt ctactagtaa agaagaagag cctaaggaag aggaaaagaa 36480
agcctctact agaaaaacta caagtactac tagaaaatct acagcacgta aaacaacagc 36540
caaaaaagat gaaaataagt aaagggtgaa ttaaatggtt aactcaatgt ttggagggga 36600
cttagaccct tatgaaaaat cattaaacta tgaatatcct tatcatccta gtggtaatcc 36660
taaacatata gacgtaagtg agatagataa tttaacatta gctgattatg gatggtcacc 36720
ggatgcagtt aaagcatata tgttcggtat cgtagttcaa aatcctgata caggacagcc 36780
tatgggtgat gagttttata accatatatt agaaagagcg gtaggtaaag ctgaaagagc 36840
attagatata tctatactac ctgacactca acatgagatg agagattatc atgagacaga 36900
gtttaatagt tatatgtttg tacatgctta cagaaaacct atattacagg tagagaactt 36960
acagctacag tttaatggta gaccaatata taaataccct gctaactggt ggaaagtaga 37020
gcatctagca ggacatgttc aattatttcc tacagcactt atgcaaacag gacaatcaat 37080
gtcatatgat gctgtattca atgggtatcc tcaattagca ggtgtatacc cgccatcagg 37140
ggcaacattt gcacctcaaa tgatacgatt agaatatgta tcaggtatgc ttccacgtaa 37200
aaaagcagga agaaataaac cttgggaaat gcctcctgag ttagaacagt tagttataaa 37260

539

539/758

Фиг. 19U

sequence.txt

atatgcattg aaagaaatat accaagtatg gggtaactta atcattggtg ccggtattgc 37320
taataaaaca ttagaagtag acggtattac agagacaata ggtactactc aatcagctat 37380
gtatggtgga gctagtgcac agatacttca aataaatgaa gatataaaag aactattaga 37440
tggtttaaga gcttactttg gatataatat gataggatta taaggagggt tagaaaatgg 37500
aaaaaccgta tatgatagga gccaactcta accctaatgt tattaataag tcaacaacat 37560
atactactac aacacaagca gatgaacaag ataaacctaa gtatactact agactagagt 37620
ttgatacgat tgacatgatt aggtttatta atgaccgagg tataaaagta ttatgggaag 37680
aagcatattt ctgtccttgt cttaatcctg atacaggaca tcctagggta gattgcccta 37740
gatgtcatgg taaagggatt gcatatctac ctcctaaaga gactataatg gcaatacagt 37800
ctcaagagaa aggaactaac cagttagata taggtatatt agacacaggt actgcaatag 37860
gtaccactca attagaaaag agaatttcct atagagatag gtttactgtt cctgaggtat 37920
tgatgcctca acaaatgatt tattttgtga ataaagatag aattagaaaa ggtatacctc 37980
tatactacga tgtaaaagaa gtaacttata tagctactca agatggtaca gtctatgaag 38040
aagattatga aattaagaat aacagattgt atttaaatga aaaatatgag aaccatacag 38100
taactttaaa gatacttatg actttaagat atgtagtatc agatatacta aaagaaagtc 38160
gttatcaata tactaagttt aatcaaccta aatcaaaatt tgaaaactta cctcaaaaat 38220
tacttcttaa aagggaagat gttattgtac tacaagaccc ttataaagtt aatgatggca 38280
tagaagaaga cctagaaatt caagtagatg accctaaggc ttcagcatct aatcctagta 38340
atttaggtgg attcttcgga ggtgcattta aataatgcca gttcacggaa agagacctaa 38400
tttatttaaa aataaaaact ataagcaggt aggtaagaga acaattgatg gtatgcgttc 38460
agaagttctt gataaattac aagcaacagc acagcaagta gagaatacta gtattaaacg 38520
tatgcctact tacctacaaa taacagagaa aaagcttgaa aaagaaggag tagtagacct 38580
taaaaaagct tttgctcact catctaaaaa gaaaactagt aaagatggcg gatggtattt 38640
aactgtacca atccgcatca aaactagtag aatgaataac agtacttacc aagatatgag 38700
aactttaaaa gtagataaag gtacaggttc agtctctaag ataactgatt acctagaagg 38760
acgtagaaag aatgtaagcc atccttcaat gaagcctgaa cctatgactc ataatatgac 38820
taaagttaaa agaggaaagc aatcttctta ctttatattt agaactgttt ctagtaagtc 38880
acctgctagt tcttggatac ttaacagaga taaagttaat gaagataact tctctaaaac 38940
aactctaaaa actgttaagc aattaatgaa ctggaagatg aaaaatttaa attaagagga 39000
gggttagtat taaatggcaa taacatcagt tgattcatat ttattatcag aaataaagcc 39060
tagacttaac actgtgctag agaattgtta tattatagat gaagttttaa aagactttga 39120
ttatcaaact agagagagct ttaaagaagc tttctgtggt aagaatgcac aacatgaagt 39180

540

540/758

Фиг. 19V

sequence.txt

```
aacggtagga tttaacttcc caaaatttaa aaataactat gaagctcatt acttgataca    39240
attaggtcaa ggacaagaga caaaaaactc tttagggagt attcagtcat cttactttga    39300
ggcaacagga gataccttag tcgaatcttc tacagcaata agagaagatg ataagttagt    39360
ttttactgtt tctaaaccaa taggagagtt aataaaggta gaagatatag agtttgctaa    39420
atacgataat ctccaagttg aaggtaataa ggtatcattt aagtatcaaa caaatgaaga    39480
ttatgagaac tacaatgcta acattatatt taccgaaaag aaaaatgatt ctaaaggttt    39540
agtaaaagga ttcacagttg aagaacaagt aacagttgta ggtctttcat ttaatgtaga    39600
cgttgcaaga tgtttagatg ctgtactgaa aatgatttta atatctatga gagatagtat    39660
agaagagcaa caaacattcc aattacagaa tttgtctttt ggtgatattg caccaataat    39720
agaagatggt gactcaatga tttttggtag accaacaatt attaagtaca caagttctct    39780
agatttggat tatactatta cacaagatat taataaacta acttttaaag aaagaaagga    39840
ttggaagtag gatggctaga aaaaagacac ctgaaaataa cactcctaaa tttaatggtt    39900
atgttcatat agatacattc cttgatactg caaaaaccct ttttaatatg aaggattcac    39960
aagtagcagg atttaaagct tatatggaag gtagtcatta tttgtttagt gagcaagaat    40020
tcttaccatc attagagaag tatctaggta ggaaattaga tatataataa cattcagata    40080
aggagaatta aatatggcag tagaaccatt cccaagaaga cctattaccc gtcctcatgc    40140
atctattgaa gtagatactt caggtatcgg tggctcagca ggttcaagtg aaaaagtatt    40200
ttgcttaatc ggtcaggctg aaggcggaga accaaataca gtttatgaat tacgtaacta    40260
tgcacaagct aaacgtttat tccgttcagg agaattactt gatgcaatag aattagcatg    40320
gggttctaac cctaactata cagcaggtaa gattttagct atgcgtatag aagatgctaa    40380
acctgcttca gcggaaatcg gtggattaaa agtaacatct aaaatctatg gtaatgttgc    40440
taacaacatt caagtaggat tagaaaagaa tacattaagt gattcattac gtttaagagt    40500
aatcttccaa gatgaccgtt tcaatgaggt ttatgataat atcggtaata tcttcacaat    40560
caagtacaaa ggagaagaag ctaacgcaac tttctctgta gaacatgatg aagaaactca    40620
aaaagcaagt cgtttagtat taaaagttgg agaccaagaa gttaagtcat atgatttaac    40680
tggtggagct tatgactaca ctaatgctat tattacagac attaatcaat tacctgattt    40740
cgaagctaaa ttatcacctt tcggagataa gaacttagaa tctagtaaat tagataaaat    40800
tgaaaatgca aatatcaaag ataaagctgt atatgtaaaa gcagtttttg gtgacttaga    40860
aaaacaaaca gcttacaacg gtatcgtatc tttcgagcaa cttaatgcag aaggagaagt    40920
accaagtaat gtagaggttg aagcaggaga agaatcagct acagtaactg ctacttcacc    40980
tattaaaact attgagccgt ttgagttaac taagttaacg ggcggtacta atggagaacc    41040
```

541

541/758

Фиг. 19W

sequence.txt

acctgctaca tgggcagaca agttagataa atttgcacat gaaggcggat actacattgt 41100
cccattatca tctaaacaat cagttcatgc agaggtagct tcttttgtta aagaacgttc 41160
tgatgcaggg gaaccaatga gagctattgt tggtggagga ttcaatgaat ctaaagaaca 41220
attgttcggt agacaagcat cattatctaa tccacgagta tcattagtag ctaactcagg 41280
tacttttgtt atggatgatg gacgtaaaaa ccacgtacct gcttacatgg tagccgtagc 41340
tctaggtggt cttgcaagtg gtttagaaat tggtgaatca atcacattca aaccactacg 41400
tgtaagttca ttagaccaaa tctatgagtc aatagactta gatgaattaa atgaaaatgg 41460
tattattagt atagagtttg ttcgtaaccg tactaataca ttcttcagaa tcgttgatga 41520
cgtaactaca ttcaatgata aatcagaccc agttaaggct gaaatggctg ttggggaagc 41580
taatgacttc ttagtaagtg agcttaaagt tcaacttgaa gaccaattta ttggtactcg 41640
tactatcaat acaagtgctt caatcattaa agactttatc caatcttact tgggtcgtaa 41700
gaaacgtgat aatgaaattc aagacttccc tgctgaagac gtacaagtta ttgttgaagg 41760
taacgaagca agaatttcaa tgacagttta cccaatcaga agcttcaaga aaatttctgt 41820
tagcttggtt tacaagcaac aaacattaga agcctagtct aggtgatgga gtacctggat 41880
taggtactcc tattaatata atttgaatac tttaggagag tgaatacaga tggcatcaga 41940
agctaaacaa accgtccata ctggtaatac cgtcctactt atgattaaag gtaaaccggt 42000
aggaagagca caatcagcat caggtcaacg tgaatacggt acaactggtg tatacgaaat 42060
cggttctatc atgcctcaag aacacgtata tttacgttat gaaggtacaa ttacagtaga 42120
acgtttacgt atgaaaaaag aaaactttgc agatttagga tatgcttcac ttggtgaaga 42180
aattcttaag aaagatatca ttgatatttt agtggtagat aacttaacga aacaagttat 42240
tatctcatat catggttgct ctgcaaataa ctacaatgaa acttggcaga caaatgaaat 42300
tgtaacagaa gaaatcgagt tcagttacct ttaactaata gaggctatgt ttggtgacaa 42360
gcatagaaaa cactttaaat tgcgtgaaag tcttaaagac tagataacta caacgtaact 42420
cgaaagggta agcgtgaatg ttgagaaatc agaaaaaata tctagtatag tataaggtta 42480
aatcctaagt acagtaaaat agatgatacg caggcaagcc tacaaatgtg ggaagcttca 42540
acgactataa taggtgagtc ttagttacac attaagatta tggtatagtc tactcccttt 42600
aaaatatatc gaaagatagg gtacaaagga cagcatcaga taaagctaga acttaaattt 42660
cttattaaga ccaacaataa aagttggtct tatattttat acttgctttg tctgaggcag 42720
tgtgctataa ttaaaataca aggaggtaat aatatgggaa aaaatcaata tacatttaat 42780
attaaagaaa ataaaaataa atggtatgaa tggtgtaaac tacaaaacgt aaaaccttta 42840
gtagaatatg aaaatgcaca acaaatattt tattttgaat ttcttgaagg taaatttaaa 42900
ggactaatag gaaaaacata ttgggctagt ataaatagag gttctaatat gcgtatgagt 42960

542

542/758

Фиг. 19X

sequence.txt

tgtttaacat cagaaagtaa agataaatat ttaaaaaatt taggaaaaag aaaaggtata 43020
gaggtagtag aagactataa gggtggcaga aaattaaaac ataaatttat agttttagaa 43080
ggtaagtacc aaggatgtga agggtatata actttaaatg atttagagaa tttaggtaga 43140
gtagataata gaagtttatc tgaaaaagga aggaaacaat actttgataa acaggcaaga 43200
cttagagatt gtattattct agagtaccct aaagactata gaataaaaac taaagataag 43260
atagtagtaa aagataaaga agggcatgtt cataatatta ttgttcagga ctttttgag 43320
aaatcatctt tattggagtt atcttgtgct agtgaaggag agaaaatagt taaagaaata 43380
cttactaaaa attctataaa atttgaaaaa gaaaaatcat ttagaaacaa agaaggtaaa 43440
gtacaaagat ttgattttta tattaatgaa aataataaag aatatgcaat agagtacaat 43500
ggtgcacagc actacataga ttctacagga tatcttaaag atactttgga aacaacccag 43560
aaaagagata aactaaaaaa agaatacagt aaagataaag gtataaattt attaattatt 43620
ccttacacaa taacagataa gaaagaaatg gaaaaaatta ttttaaattt tttaaacaaa 43680
taacccttga cactccctca agggatatgt tattataata acaggttagg agtaataagt 43740
atgaataata ggcaagctaa actaaaagga tataaccaat ttcattatta tgattttcca 43800
acaactaaag gtaagtttaa agatataatg aaaagaaaat ctagaacaga acttaaaaaa 43860
gatttacaaa aagaaaggaa gtattatctt gacaaataag agaaaaacga taggtaagat 43920
gagtaacaca agagcaacat ggaatattaa tccggtaact aaagttaaaa aagataaaac 43980
aaaatattct agaaaaaata aacataaagg tcttgacaat tataattaac taaggtatat 44040
tattagtata acaaaaaaag gagatgttat aatatgagaa tttatataag taatgactat 44100
aacaaagagc tattagataa atgtttatca gatattaaca aagataaagg taatataaac 44160
tacagtatta attatggtga aggtaacatt aaagaagcag atgtagaaat tattaaacta 44220
gataagaatc tattagaaac agaatcaaga gcatttgctt attcgaagtt tgttgaagat 44280
tgtatatttt tatttcctta taagattgct ttacttagag ggggtaaaat agagttaaga 44340
tttgattgga atgaaatatt ataacaaaaa aaggagatgg atatatgagt acattttggt 44400
cagaaagaag aacaactaat aaagataggc aagttaaaaa acattatact caaatgagta 44460
tgtatgaaag aaagaaatgt gtagagttat tacaagagac aattactgaa aatagaatta 44520
ttaattttac acgacatagt gcaaaaaaag ttaaaggtaa accaacaaca aatataccta 44580
aattaatagg ttttatttttt aaaaataagt ttgcctacga aaatatcata gagtacaata 44640
acacagatta taatggtaat attgagagga gaattgttgt taaacatccc aaagttataa 44700
ctgtagaagg aaaacttagc tatcagtttt tgacaattag tcttgaagat gctagagtta 44760
ttacggtgtg gtataacagt gtagatgata cacatagaac actagattta aattattata 44820

543

543/758

Фиг. 19Y

sequence.txt

gtaaagactt gacaattcaa taaggaggag ttataatggg attaacaata gtaaatggtt 44880
atttctttct atcaagtatt atatttattg tagtaagtat actaaatgga aaaggtacag 44940
ttacaaggga atcactagct atgagtcaag cattagtgat aataacatcc attcaatttt 45000
tagcattttt aattataaat ggcatttatt actcattaaa atatatgtaa taaaaaggag 45060
tacaaatgga aatatacatt gtaatagact taagaggaag cacagaagaa gaaacaagta 45120
tggattttaa agcttttaga aaattacaag atgctataac atatgtagat ggtaatggta 45180
acagggattt acatataatt cctctagaat tagaataaaa gtattgacaa attaaaacta 45240
ataaattata ataaaggtat aacaaattaa aggagaagat ataaaatgtc acaagataaa 45300
ttaagagcaa tttacacaga aatgaaagta gaattacaca aatttcctaa agaggtagat 45360
gtaacaagta aatcaactgc aattgcaatc aatcagattt tagataaatt caaaacatta 45420
acagaacaag caggaaagat tactagaaaa tatttagaag gtcaagaaat attaactatt 45480
gattatgagt actatgattc attacaagaa tactatattt acctacttag aaatagtgaa 45540
aaaattgaac aaagtttaca agaaattact aagcgtacag gtgaatatgt aaagtaattt 45600
tgatttaaaa acaaaatatg atatactatg tttaaagtag taagcctaca ctagtccgtg 45660
ttatattaat attgaatcgg ataagcgtag gctttattaa tatttaaaaa aaggaaggta 45720
tatcatatta tggcagaaga aattaaaaag gaacaagatg tacaagaaac aactaaagaa 45780
gaaaaaaaag atgttagcaa aatgacaccg gaagaaatag ataaattaaa atatcaagac 45840
aagcaagaaa aagaacaagt tattaacaaa gttattaaag gtgttaatga tacttgggaa 45900
aaagaatata actttgaaga attagactta agatttaaag ttaaaattaa attacctaac 45960
gcacgagagc aaggtaatat atttgcgtta cgttctgctt acttaggtgg tatggatatg 46020
taccaaacag accaagtaat tagagcatat caaatgttag ctacattaca ggaagtaggt 46080
attgaagttc ctaaggaatt ccaagaccct gacgatattt ataacttata tcctttaact 46140
gttatgtatg aagattggtt aggattctta aactcctttc gttactaata gtatagaaac 46200
actagataaa gatatagaac gattgggcgg tatggaatca attgttaaac aacctttatc 46260
tagaaatcta tgggctatta tgaaagagtt taatgtttta cctactgagc aaagatttaa 46320
ggacttagat gattatcaga tagagtttat tattgggaat atgaacagag atgtttatga 46380
acataacaaa caacttaaac aagctcaaaa aggtggaaaa ttcgatagtc aatttgaaga 46440
tgatgatagt agttggtgga atgaatctca tgaagacttt gacccagtac ctgatttctt 46500
agatgctgat gatttagcac aacagatgga agctaaatta tccgatagag ataaggaaga 46560
aagagctaag agaaacgatg cagagttaaa tgatgaaaca gaaggactta ctacacaaca 46620
tctagctatg atggaataca tcagacagaa acaacaagaa ttagatgatg aagtaggaaa 46680
tggtaagact agtgaagatg acgctactat atcacaagat agcgttaata aagcactaga 46740

544

544/758

Фиг. 19Z

sequence.txt

agacctagat gatgactggt atatgtaaag ggtggtaggt gatactacca tccttatttt 46800
tttaaaatgg atggtgaata atgatggcaa tgaatgacga ttatagattg gtcttgtccg 46860
gtgatagttc ggatttagag aatagtctaa aggcaataga actttatatg gattctttag 46920
agtctaagaa tattgatgct cctttagata atttcttaaa aaaattaaaa gtaattgcta 46980
aagaagttaa aaatgtacag aacgcaatgg ataaacaaga tggtaaatct gttatatctt 47040
ctaaagacat ggatgaatct attaaatcca ctcaatctgc tacaaagaat ataaatgaat 47100
taaagaaagc tttagatgac cttcaaaaag agaatatatc taaaggtatt gcacctgacc 47160
ctgaagttga aaaagcatat gctaagatgg gtaaagttgt agatgaaact caagaaaaac 47220
ttgagaaaat gtcttcacaa aaaataggtt ctgatgctag tattcaaaat agaattaagg 47280
aaatgaaaac cttaaatcaa gtaactgaag aatacaataa aataagtaaa gattctagcg 47340
caactaaaga ttatacaaaa cgattaagag ctaatcgtaa tatgactaga ggttacatgg 47400
agcgttcaga aggaacagga cgtttgacat atgaccaagg tgcacgagtt agaagtgaac 47460
taggtaaagt aagttcttat gagagccaaa gaaaacaaaa ccaacgtaat ttgggacaag 47520
caagagaaca atatagcaac tatagaaacc aacaacaaga cttgactaaa cgtagagcta 47580
gcggtcaaat taataaggca caatatgaac aagagttagc ttctattaaa caggaaatga 47640
aagctagaga agaacttata tctaactatg agaaattagg agcagaactt gataaaacag 47700
ttcagtatta taagggttca gttcaaaagg atttccaatc tagagacgta gaccaacaaa 47760
gaggaacatt tggtagaatg gttcaagaac gtttgccatc tattggttct catgctatga 47820
tgggtactac agctatggct acaggtttat acatgaaggg tgcctcacta agtgaaacta 47880
atagacctat ggttacatca ttaggtcaaa attccgataa tatggatata gattctgtaa 47940
gaaatgcata tggagacttg tcaattgata acaaattagg ttataatagt actgacatgt 48000
tgaaaatggc tacttcatat gaagcatcag taggacataa aagtgatgag gacacaatgg 48060
caggaactaa acagcttgct attggaggac gttctttagg cattaaagac caagaagctt 48120
atcaagagtc tatgggtcaa atcatgcata ccggcggagt aaattctgat aacatgaagg 48180
aaatgcaaga tgcattctta ggtggtatta aacagtcagg tatggttggt cgtcaagatg 48240
aacaacttaa agcactaggt tctatagcgg aacaatcagg agaaggaaga actctaacta 48300
aagaccaaat gagtaatctt actgccatgc aatctacttt tgcagagtca ggaagtaaag 48360
gattacaagg tgaacaaggt gccaatgcta ttaacagtat agaccaagga cttaaaaatg 48420
gtatgaatag ttcttatgct cgtatagcaa tgggatgggg aacgcaatac caaggtcttg 48480
aaggtggata tgatttacaa aaacgtatgg atgaaggtat atctaatcct gaaaacttga 48540
cagatatggc tgatatggct actcaaatgg gtggcagtga aaaagaacaa aaatacctat 48600

545

545/758

Фиг. 19AA

sequence.txt

ttaatagaag tatgaaagaa ataggcgcta acctaactat ggagcaatct gatgaaatat 48660
ttaaggactc taaagaagga aaactgtcta aagaagagtt agctaagaaa gctaagaaaa 48720
tggaaaaaga aggtaaaaaa gaaggagaag ataacgccac tgattataaa gaatctaaat 48780
caggaaaaaa tgaccaaaat aaatctaaga ctgatgataa agcagaagat acttatgata 48840
tggctcaacc actaagagat gctcatagtg ctttagcagg tcttcctgcc cctatatatt 48900
tagctattgg tgctatagga gcatttacag cttcactaat tgcatctgca agtcaatttg 48960
gagcaggtca cttaattggt aaaggagcca aaggacttag aaataaattt ggtagaaata 49020
aaggtggtag ctccggtggt aaccctatgg caggtggaat gcctagtggt ggtggttcac 49080
ctaagggtgg aggctcacct aaaggtgggg gcactcgttc tactggagga aaaatacttg 49140
atagcgctaa aggtcttgga ggattcctag taggtggcgc aggatggaaa ggtatgtttg 49200
gcggggagtc taaaggtaaa ggatttaaac aaacatctaa agaagcctgg tcaggtacta 49260
gaaaagtatt taatagagat aatggtagaa aagccatgga taaatctaaa gatatagcta 49320
aaggtaccgg tagtggtctt aaagatatct ataatgatag tatatttggt aaagaaagaa 49380
gacaaaacct aggagaaaaa gctaaaggtt ttggtggcaa agctaagggt ctctatggta 49440
agtttgctga taagtttggt gacggaggta aaaatggtat cctttcacaa tcaccaaaag 49500
caggtggaag tggcataggg aaacttggaa aacttgcagg tggacttgga aaaggagccg 49560
gagttttagg tgttgctacg tctgccttat cattaatacc tgctttagct tccggagata 49620
gtaaagctat cggcggagga ataggctcta tgggtggagg aatggcaggt gcatcagcag 49680
gagcttctat aggagcttta tttggtggtg taggtgcaat ccctggagct ttaataggtg 49740
gagctatagg ttctttcggt ggaggagctg ttggtgaaaa agtaggagac atggctaaga 49800
aggctaacac taaagaagga tggaacctag gatggactaa tggagataaa gacggtaaga 49860
ataaattcca agattcttta ttaggaaaac ctatatctaa agcatggagt ggtataacag 49920
gtctctttga taatgacgct gaagcatctg aagaaaatag caaagataag aaaaaaggcg 49980
ttaaaggtgt taaaggggat actaagaaga aagaaaaaat gacagcagaa caacttagag 50040
aaaaaaataa ccaatctgaa actaagaacc ttaaaatcta tagtgattta cttgatagag 50100
ctcagaaaat tattgagagt gctaaaggta ttaatataga tggaggaact tctgatagtg 50160
gttctgatag tggaggctct gcatctgatg taggaggaga aggtgcagag aaaatgtata 50220
agttccttaa aggaaaagga ctatctgata accaggtagg agctgttatg gggaacttac 50280
aacaagaatc taaccttgac cctaatgcta agaacccttc aagtggagca tttggtattg 50340
ctcaatggtt aggtgctaga aaaacaggat tagataactt tgctaagtct aaaggtaaaa 50400
aatccagtga tttagatgtt caattagact acctatggaa agaaatgcaa tctgattatg 50460
aaagtaaaaa cctcaagaat gcaggttgga gtaaaggtgg aagtctagaa cagaatacaa 50520

546

546/758

Фиг. 19BB

sequence.txt

aagcatttgc taccgggttt gaacgtatgg gagcaaatga ggctatgatg ggtactcgtg 50580
ttaacaatgc caaggaattc aagaagaaat atggaggttc cggcggagga ggcggagggg 50640
gcgctatgtc ctctacttac caagaagcta tgagtaaccc tgtattaacc actggttcca 50700
actacagagg ctctaacgat gcttctaatg cttctacaac taacagaata acagttaatg 50760
ttaacgttca aggcggaaat aatcctgaag aaactggaga cattatcgga ggaagaatta 50820
gagaagtttt agacagcaac atggatattt ttgcaaatga acataagaga agttattagt 50880
gattttgtat tgacacaaga gtagtatagt agtatactac tcttatacat ataaaaataa 50940
aaggaagtat gtgtatatga aaagattaag aagacctaag gtaagaatag agatagttac 51000
agatgataat acatttacat taagatttga agatacacgt gactacaatg gtgatgagtt 51060
tggagctaaa cttttaggct ttcaaactaa aaactctatg gaagatgata gttctgtatt 51120
ccaaatcaat atggcaggag atacttactg ggataagtta gttatggcta atgatataat 51180
cagaatattt attacaccta atgatgaccc taatgataaa gaaggtcgtc aagaacgttt 51240
aatacaagta ggtatggtat cacaagtatc aaaagtaggt agctatggta atgaccaaac 51300
tcaatttaga ataacaggtc aatcttttgt aaaacccttt atgaaatttg gattaggtgt 51360
tattcaagag gttcaagctg tattacctga agtaggttgg cttattgatg gtgatgggga 51420
taatgaagta aaatttactg gtagttcggc acatgaagtt atgacaggta ttatccgaag 51480
atttgttcct tatatgaaat ataactatac agaaaaaaca tataatacaa tagatagtta 51540
ccttgattat gatgatttaa gtagttggga tgaatttgaa aatctgacag aagtatctgc 51600
ttttactaat tttgatggct cattaaaaca gttgatggat atggtaacag ctagaccttt 51660
caatgagtta ttctttaaaa actccgaaaa aacaccaggt aaagcacagc ttgttttaag 51720
aaaaactcct tttaatccta ctgagtggag agctttggat atgattaaag tacctactga 51780
agactttatt gaagaggatg tgggtaaaag tgacgtagaa acatactcta tatttacagc 51840
tacacctgca ggtatgttaa aagaacttaa tggtgatgta ttttctaaac cacaatttca 51900
ccctgaattg actgatagat atgggtatac taaatttgaa gtagagaata tctatcttag 51960
tactaaatca ggttcagcta ctgaagactc agattcttcg ggtgatgata atggtactga 52020
aagaggaact tattctaaaa ttatgaaaga tttaagtaac tatggaagag ataatatatc 52080
taaaggtata gataagtata caagtaaatt atcctcaaaa tataaaaact taaaaaagcc 52140
caagctaaaa aaattataga gaagtttgtc aaagaaggaa aagtaacaga aaaagaatat 52200
gaaaagataa caggtaataa ggtagatgat gaattaacat cagataacag accgaagttg 52260
acaaaagata aattaaagag tatactaaaa gagaagttta aaacacaaga tgattttaat 52320
aattctaaaa aaagaaaaaa gctaaaacag atgcacttaa agaattgaca actaaatatc 52380

547

547/758

Фиг. 19CC

sequence.txt

gttttggtaa taaaacacat gctacaactt tgttagatga atatattaaa tacaaaggag 52440
aaccacctaa tgatgaggct tttgataaat atcttaaagc tattgaaggt gttagtaata 52500
tagctacaga tacaggttca gatgcaagtg atagtccttt agttatgttc tctagaatgc 52560
tatttaactg gtatcatggc aaccctaact tctatgcagg agatattatt gttttaggag 52620
accctaagta tgacctaggt aaaagattat ttattgaaga taagcaacga ggagacactt 52680
gggagttcta tattgaatct gtagaacata aattcgatta taaacaaggg tattatacaa 52740
ctgtaggagt aactagaggt ttaaaagatg ctattctaga agacggtaaa ggtagtcctc 52800
atagatttgc aggactatgg aaccaatcat cagacttcat gggaggtctt atgggtgaag 52860
atacttctaa agaacttaaa gaaaaaggtg tatcagagaa acaaagcagt ggagataaag 52920
acggtggctc tgatagtggt ggcgctcaag atggtggctc tttagattca cttaaaaaat 52980
ataatggcaa acttcctaag catgacccaa gttttgttca acctggtaac cgacattata 53040
agtatcagtg tacatggtat gcttataata gaagaggtca attaggcatt cctgtgcctt 53100
tatgggggga tgccgccgac tggataggcg gtgctaaagg agcaggttat ggagtaggta 53160
gaacacctaa acaaggtgct tgtgttatat ggcaaagagg agtacaagga ggtagtgctc 53220
aatatgggca tgttgctttt gttgagaaag ttttagacgg aggtaaaaaa atatttatct 53280
ccgaacataa ctgggctact cctaatggat atggtactag aacaatagat atgagctcag 53340
ctataggtaa gaatgctcaa ttcatttacg ataagaaata aaggaggata gtctatggca 53400
acagataaag aagctaaaga tgttattgac aagtttatag ataatgtatt taattttgat 53460
gtattaacta tggaaagagt taaagaaaaa gatgaagaaa ttaaaaaaat aactacagat 53520
gatatgtatg aaaaggttgt gtatatacga ccttatgttg gagtaataca aagccttaac 53580
cctcaacatg tacagtatga atcattttct aataatggtt atgatataga ggcagaatta 53640
agtttcagga aagtaagtta tttagttgat aaagggtcta tacctacaga ttctttatct 53700
actttaacag ttcatttagt agaaagaaat caagagctat taatagatta ctttgatgag 53760
atacaagatg tgttgtacgg agaatatatg gaagaagaat atgtattcga tgaagatgta 53820
cccttaagta cgatactagc attagactta aatgataatc ttaaatcctt atcaaatata 53880
aagtatatgt tcaaaggtgc tcctaaagag aatccatttg gaacagataa agatgtttat 53940
atagatactt ataacttatt atactggtta tatttaggtg aagatgaaga gttagcatac 54000
cctatgaata ttaattattt ctttacagag ggtagattct ttactatatt tggtaaaggg 54060
cataagtaca aggtagatgt tagtaaattt atagttggag atatattatt ctttggtaga 54120
agtgatacta atataggtat ttatgtaggt gatggagagt ttatatctat gataggtaaa 54180
tttcctaaag atgaaacacc tataggaaaa tataaacttg atgattactg gaatgaattt 54240
aacggaagag ttatgagatt cgatgaagag gtgtatattt aatggtagta agattccaat 54300

548

548/758

Фиг. 19DD

sequence.txt

cttccatggg aagaagttta aaaagagtag attcagatga tttaaatgta aaaggattag 54360
ttttagctac agttagtaaa attaattata aatatcaatc agtagaagtt aaagttaaca 54420
acctaacttt gggaagtcgt ataggtgacg atggtagctt agctgtacct tatcctaaat 54480
ctttcatagg aagaacaccg gaaggaagcg tattcggtac aaaacctctt attactgaag 54540
gttctgtagt attaataggg ttcctaaatg atgatataaa tagccctata atcttaagtg 54600
tttacggtga taatgaacaa aataaaatga ttaatacgaa tcctttagat ggaggtaaat 54660
ttgatacaga cagtgtttat aaatatagta gtgcactata tgaaatttta ccatctttaa 54720
attataagta tgatgatgga gaaggtacaa gtattaagac ctataatggt aagtcattct 54780
tctccatgac atcaggtgaa gaagaaaaac ctcaggcaac agatttttac actggaactg 54840
agtatcaaga tttatttact tcttattatg gtaataagac attaattgag cctagaatac 54900
aaaaggctcc taatatgtta tttaaacatc aaggagtttt ttatgatgat ggtacaccgg 54960
ataatcatat aactacttta tttatatctg aaagaggaga tataagagct tcagttttaa 55020
atacagaaac acagaaaaga accacacagg aaatgtcaag tgatgggtct tatagggtta 55080
tcaaacaaga tgacgattta atgttggatg aagctcaagt ttggattgag tatggtatta 55140
gtgaagataa taaattttat attaaaaatg acaagcataa atttgaattt actgatgagg 55200
gaatctatat agatgataag cctatgttag aaaacttaga tgagagtata gcagaggcta 55260
tgaagaattt gaatgaaata caaaaagaac tcgatgatat aaactacctt ctcgagggtg 55320
tgggtaaaga caatttagaa gaattaatag agtctacaaa agagtctata gaagcttcta 55380
aaaaagcaac ttcagatgtc aatagactta caactcagat agcagaagtt agtggtagaa 55440
ctgaaggtat tataacacag ttccaaaaat ttagagatga gacttttaaa gatttttatg 55500
aagatgcttc tactgttatt aatgaagtaa atcagaattt ccctactatg aaaacagatg 55560
ttaatacctt aaagactaaa gttgataacc tagagaaaac tgaaatacca aacattaaaa 55620
ctagattaac agaactagag aacaataata acaatgccga taaaataatc tcagatagag 55680
gagagcatat aggtgctatg atacagttag aagaaaatgt tactgtaccg acaagaaact 55740
atatgccaat accttggagt aaagttactt ataataatgc agagttttgg gattctaata 55800
atcctactcg attagtagta cctaaaggaa taacaaaagt aagagttgca ggtaatgttt 55860
tgtgggactc taacgccaca ggacaacgta tgttgagaat attgaaaaat ggtacttata 55920
gtctagggtt accttataca agagatgtag ctatatctac agcccctcag aacggtacta 55980
gtggagttat tcctgttaaa gaaggagatt actttgagtt tgaagctttc caagactcag 56040
aaggtgacag acaattcaga gcagaccctt atacatggtt tagtattgaa gctatagaat 56100
tagaaactga aactatggag aaagacttta tgcttatagg acatagagga gcaaccggat 56160

549

549/758

Фиг. 19EE

sequence.txt

acacagatga gcacacgata aaaggatatc aaatggcttt agataaaggt gcagattata 56220
tagaattgga tttacaatta acaaaagata ataagttatt gtgtatgcat gattctacta 56280
tagacagaac aacaacagga acaggtaagg taggagatat gactttatct tatatacaaa 56340
ctaactttac atctcttaat ggtgagccga taccatctct tgatgatgta ttaaatcatt 56400
ttggaacaaa agttaaatat tatatagaaa ctaaacgtcc gtttgatgct aatatggata 56460
aagaattatt aactcaatta aaagcaaaag gattaatagg aatagggtca gagagattcc 56520
aagtaattat tcaatcattt gctagagaat cattaattaa tattcataat caattctcta 56580
atataccttt agcttattta acaagtacat tctctgaaag tgaaatggat gattgtttaa 56640
gttatggttc ttatgctatt gctcctaagt atacaactat aactaaagaa ttagtagatt 56700
tagctcatag taaaggtctt aaagtacacg catggacggt aaacacaaaa gaagaaatgc 56760
aaagcttaat acaaatgggt gtagatggat tctttacaaa ctacttagat gaatataaaa 56820
agatttaata ttaaagacct attaatttag gtctttttt agttgtaatt taaactagtt 56880
cgtgatatat tagtagtatg agatttatat acatactgaa aaggagagga taaaatgcca 56940
caatcagatg gaataagtaa tcttcataga atagctttac gcttccctaa agaaggcggt 57000
ggttatgata tgtatagatt taaagttaac cccgagaact acacaataga ttcaccacaa 57060
cgtacgacag caattaaaac aaaatcagat attgtaatag aagattatgg taaagacata 57120
gaagttatta acttcacagg tacaactggt tttagacctg ttagagaagc agacggatta 57180
aaaacaggta agcagaaaat ggaagagtta caaagtagag ttagtgaata tgctatgcaa 57240
ggtggtagtg gtaatgtaag tggttcttac ttacaatttt ttaactttac agatgatagc 57300
tactataaag ttcatttagc tcctcaaggg ttaaagataa ctaggtctaa agatgaacca 57360
ttacttttta gatatgaaat aacattagta gttattggtt cgttaacaga agcagataga 57420
agtgctgtaa caacagaaga gtttggtaat gttaaaccta atgcttctca aagagtagat 57480
gagggtataa aagaattaga taaaaatgct cgtaaaacga gagatagaaa taatcaagaa 57540
atatctaaaa gagaaaatac aatacctaaa tctacaggag ataatacgaa tgagggtaat 57600
agacttaagc aaagcttccc tagtagttct atatataatc ctagacaatc tactaacgga 57660
ttaaaaggga atattgacaa tatggctctg ataataggtt acggtgatgg aggtgtatct 57720
agctaatgaa taattttata ccacaacctc aaggtctact cagattttta aatgccctag 57780
atgcagattt aacttcttct cacatgaatt tactggatga agaggtatca tttgtatcta 57840
aattttacac accacagcta caattaagtg aattagcaaa aaaagtattg acaaatataa 57900
agacagatga tatacctgta ttagaaagag aatttaatga taatacaatt atccataaag 57960
ctaatgatac attactaaaa gtacaggctc caagaatgta tatgattcta cagtctattg 58020
tgcttgaagc atatgctatt gttaattgct ttgtagaaaa tccaagctct ttaaaatact 58080

550

550/758

Фиг. 19FF

sequence.txt

taactgaaga agatgttagt ataacacgag aaaatttaaa ttatgtagct gactacttag 58140
gtaactatga tgactacaat agtgttgtct tagacttaag agatttagac ttatgtttta 58200
gtgctataga attacaatta cctctaatta aaaaggaggc taatgtataa tgagatttaa 58260
gaaacacgta gttcaacatg aagaaacgat gcaagcaata gcacagagat actatggtga 58320
tgttagttat tggatagacc tagtagagca taataatcta aagtatccct atttagtaga 58380
aactgatgaa gaaaaaatga aagaccctga acgattggct tctacaggtg atacactgat 58440
tatacctata gaatctgatt taacagatgt atcagcaaaa gaaattaatt ctagagataa 58500
agatgtacta gttgaattag ctttaggaag agatttaaat attactgcag atgaaaagta 58560
ttttaatgaa catggtacta gtgataatat actagcattc agcacaaacg gtaatggaga 58620
tttagatact gtaaaaggca tagataatat gaaacagcaa ttacaggcac gtttattaac 58680
tcctagaggt tctttaatgc tacatcctaa ttatggttca gatttgcata atttatttgg 58740
tcttaatata cctgaacaag ctacattaat agaaatggaa gtattgagaa cattaacatc 58800
agataataga gtaaaatctg ctaatctaat tgattggaaa atacaaggta atgtttattc 58860
aggtcaattt tcagtggaaa taaaatctgt tgaagaatca ataaattttg tcttaggaca 58920
agatgaggaa ggaatttttg ctttatttga ataggaaagg attaaattat gaaaactaga 58980
aaattaacta acatactatc aaaattaata gataagacaa tggcaggtac aagcaagata 59040
acagacttta ctcctggttc agcttcccgt tcattattag aagctgtatc attagagata 59100
gagcaattct atatcctaac aaaagaaaat attgattggg gtatacaaga aggtatcatt 59160
gaagcttttg attttcaaaa aagacaatct aaaagagctt atggtgatgt tactattcaa 59220
ttctaccaac ccttagatat gagaatgtat atacctgcag gaacaacttt tacttcaaca 59280
cgacaagaat atcctcagca atttgaaaca ttagttgatt attatgcaga gcctgattct 59340
actgagattg ttgttgaagt ttattgtaaa gaaacagggg ttgcaggtaa tgttcctgaa 59400
ggaacaatta atactatagc atcaggttct agtttgatta gaagtgttaa taacgagtat 59460
tcttttaata caggaactaa agaagagagc caagaagact ttaagcgcag attccactct 59520
tttgtagaat ctagaggtag agcaactaat aaatcagtaa gatatggtgc attgcagata 59580
cctgatgtag aaggtgttta tgtttatgaa gaaacaggac atattacagt atttgctcat 59640
gatagaaatg gtaatttatc agatacctta aaagaagata taatcgatgc tttacaagac 59700
tatagaccaa gtggtataat gttagatgtt acaggtgtag aaaaagaaga agttaatgtt 59760
tctgctacag taactatatc taataaatct agaattggtg atacattaca aaaacatatc 59820
gaaggtgtta ttagaagcta tttaaataat ctaaaaactt ctgatgactt aataattaca 59880
gaccttattc aagctataat gaatattgat gatgtactaa tatatgatgt gtcatttgat 59940

551

551/758

Фиг. 19GG

sequence.txt

aacctagatg agaacattat agtaccacca caaggaatta ttagagcagg agaaataaaa 60000
gtagaactaa agtaaagaga ggtgaaactt aagtcgtggc taatttttta aagaatcttc 60060
atccattatt aagaagagat agaaacaaaa aagataatca agaccctaac tttgctctca 60120
tagatgcact caatgaagag atgaatcaag tagagaaaga tgctatagaa agtaaattac 60180
aatcctctct aaagacatct acaagtgaat atttagataa gtttggggat tggtttggag 60240
tttatcgtaa gactgatgag aacgatgatg tttatagagc aagaattata aaatatttac 60300
tcttgaaaag aggaactaat aatgctataa tagatgctat aaaagattat ttaggtagag 60360
atgatattga tgtaagtgta tatgaacctt ttacaaatat tttctatacg aacaaatcac 60420
atttaaatgg tgaagaccac ttaatgggat actattatag atttgctgtt attaatgtct 60480
ctataggtga ttatttccct gtagagatta tagatgtaat taatgaattc aaacctgcag 60540
gtgtaactct gtatgtcact tatgatggag cttctactat tagaggtgga gcaattatta 60600
agtggttaga tgggttacct aaaatagaaa cataccaaga gtttgatagg tttacaggat 60660
acgatgatac attctatggt catattaaca tgaatcaaag taaagatact gataatagta 60720
catcagatat ttttaaaaca aaccatagct taattaatag tttagatgtt ttaacaggtt 60780
cctctagcgt aggtagacag tatgttaact atggatatat aacatcatat gtttataatc 60840
caggtatgac atcttctgta aatcaaataa gcgctagtac agaaggtaga gggcaagaag 60900
tacctactga ctattatatg tatactagta ctaagaataa caatacagta gaacttagta 60960
tgcaaactac ttccggtgtg tcttatttat ataataactt taattttagg gattatatga 61020
gtaaatatag acctcaagta aatttacaat ctgatgaggc tagaagaatt gtatctgatt 61080
atataaaaga attaagtatt gattattatc tcagtgctgt aatacctcct gatgaaagta 61140
tagaaattaa attacaagtt tatgattttt ctattaatag atggcttaca gtatcaatta 61200
ataatttatc tttctatgaa aaaaatatcg gtagcaatat aggatatata aaagattatt 61260
taaacagtga attaaatatg tttactagat tagagataaa cgcaggtaaa agagattcag 61320
tagatattaa agttaattac ttagatttaa tgttttatta ctatgaacga ggtatttata 61380
caataaaacc ttataaagcc ttagtagaaa attatttaga tatatctaga gagacttacg 61440
tagaggcatt taaaatatca tcgttatcta atggagatat tataactaaa acaggttatt 61500
tacctatagg ttatctaaga gtatcaggag acattgataa cttaagtaac catatagaaa 61560
ttattaccat agataataat actaatagta ttacaagtac tcttttagaa gatgactcta 61620
atagtttgat attatcatat ggtaacgtca aaaccaatat acacagtttt gaattaaata 61680
gtgatgcttc aatttcaaat attaaatttg aatactctta ttatggtgat gcttgggaag 61740
aactgacagt attaactgaa atatctgagg gtgaaactat agtacctaat atactaatag 61800
atttatatgg attacagaca gtagattatt ctaatataaa tccaatgtca aaagtatcat 61860

552

552/758

Фиг. 19HH

sequence.txt

```
tacgttctat ttggaatgtt aaattaggtg aacttaataa taaagaaggt tctttatcaa    61920
atatgcctaa cgattatttt aatgctgtat ggcaagatat agataaacta tcagatattg    61980
atttaggctc tatgagaatg attaaagaca ctgagggtgg agtatttgat ggagctacag    62040
gtgaaattat taaagctact ttatttaatg ttggtgtata tactgattta gatatgttag    62100
cctacacttt aactaactat actgaaccaa taactttagg ttctagtcga ttaataagtg    62160
aacttaaaga agaactatta acatcagaat catttaatgt cgataataga attaaagtaa    62220
ttgactcaat atctgagcag ttacctaata acaatatatt aagtaactct taccaaacac    62280
aaactattac acagaatgga tttgctaagt ataatttgaa agaacctata gagcagagaa    62340
aacaatacaa tctaagaata catggagatt ttaaagaagg attagaaaga ttagctatag    62400
gtaattctaa tggttcattt aatgaagtat ttgtttaccc tgaaaatatt aaagatggta    62460
tagtagatat tacttacact tctagagatg ataattacgc agaagggaaa caaagactta    62520
ataatgatta tagagtttac gctcaaccat acgatagtga agtagtaaca atttacagtt    62580
tagagttaat aaaagtttaa taaataagtt gacagaaagt taataatatg gtatacttat    62640
aaagtaatat ttagtgggta taccatgtta tattaataaa gaaaacaaca gatgaaagga    62700
attaaaaaat atggcaattg caacgtataa ttctcatgtt gagttagcaa aatatctagt    62760
tagtaaagct gattcagttt acttaacaat tggaaagagc acaccgtggt ctaatgaaac    62820
aaacccaccg caacctgatg aaaatgcaac agtattacag gaggttatag gatacaaaaa    62880
agctactaaa gtaactttag ttagaccttc taaatcacct gaagatgata ataagaattt    62940
aatttcttat ggtaataaat catgggtaga agtaacacct gaaaatgcta aagatgaagg    63000
agctaaatgg gtttacttag aaagcagtat tgttggtgac gaactacctc ttggaacata    63060
tagacaagta ggatttgtta tggacttagt agcaaaaagt ggtattagta aatttaactt    63120
agtacctagt gaagtagaat caactggaac attattattc tttgataata aacaattcca    63180
aaatagaagt gagcaaacaa ctgctaaaga aagatttatt gtagaagttt aaagaaaggg    63240
agataattct aaatggcaat taattttaaa ggttcacctt atttagatag atttgacccg    63300
tctaaagata gaacaaaagt attatttaat cctgatagac ctctacaaca ggcagaatta    63360
aatgaaatgc agtctataga ccaatattat ttaaaaaatc taggagacgc tatttttaaa    63420
gacggagata aacaatcagg tcttggattc acattatctg aagataatgt attgacagta    63480
aatcctggtt atgtatatat caacggtaaa ataagatatt acgataatga cgattcagtt    63540
aaaataactg gcgtaggtaa agaaactatc ggtattaagt taacagaacg tattgttaca    63600
cctgatgaag atgctagcct actagaccaa actagtggag taccaagtta cttctctaaa    63660
ggtgcagata gattagaaga aaagatgtca ttaactgtta atgaccctac atcagcaact    63720
```

553

553/758

Фиг. 19II

sequence.txt

atttatactt tcatggacgg agatttatat atccaatcaa ctaatgctga gatggataaa 63780
atcaataaag tattagctga acgtacttat gatgagtcag gttcatataa agtaaatggt 63840
tttgagttat tctcagaagg taatgctgaa gatgatgacc acgtttctgt agttgtagat 63900
gcaggtaaag cctatgtaaa aggttttaaa gtagataaac ccgtatcaac aagaattagt 63960
gtacctaaat cttatgactt aggaacagca gaaaatgaaa gtactatctt taataagtct 64020
aataattcta ttagtttagc taatagccct gtaaaagaaa ttagacgtgt tacaggtcaa 64080
gtacttattg aaaaagaacg agttacaaga ggagcccaag gtgatggtca agattttctt 64140
tcaaataata cagcatttga aattgtaaaa gtttggactg aaacaagccc tggagttact 64200
acaaaagagt ataaacaagg agaagacttc agattaacag atggtcaaac gattgactgg 64260
tcacctcaag gtcaagaacc ttcaggaggt acttcatact atgtttctta taaatataat 64320
aaacgtatgg aagtcggtaa agattatgaa gtaacaactc aaggagaagg gttaagtaag 64380
aaatggtata ttaattttac acctgaaaat ggtgctaaac ctattgacca aacagtagta 64440
ttagtagatt atacttatta cttggctcgt aaagattcag tgtttattaa taagtatggt 64500
gatattgcaa tattacctgg tgaacctaat attatgagat tagttacacc accattaaac 64560
acagaccctg agaatttaca attaggtaca gttacagtat tacctgattc agatgaagcc 64620
gtatgtattt catttgcaat cactagattg tctatggaag acttacagaa agttaaaaca 64680
agagtagata acttagagta taaccaagca gtaaatgcct tagatgatgg tgctatggaa 64740
ggacagaacc ctctaacatt acgttcagta tttagtgaag gtttcattag tcttgataaa 64800
gcagatatta cccatcctga cttcggaata gtatttagtt ttgaagacgc agaagctact 64860
ctagcttata cagaagccgt taaccaacct aaaattattc ctggagatac aacagctcat 64920
atttggggta gattaatttc agcaccattt actgaggaac gtacaatcta tcaaggtcaa 64980
gcatcagaaa cattaaatgt taacccttat aatatcccta ataagcaagg tgtacttaag 65040
ttaacaccta gtgaggataa ttggattgat actgaaaatg ttacaattac tgagcaaaaa 65100
actaagaaag taactatgaa acgattttgg agacacaatg aaagttacta cggtgagact 65160
gaacactact tgtactctaa tttacaatta gacgcaggtc aaaagtggaa aggtgaaact 65220
tacgcttatg acagagagca tggtcgtaca ggtacattac tagaatcagg cggtcaacgt 65280
actttagaag agatgattga attcattaga attagagatg tatccttcga ggttaaaggt 65340
ctaaacccta atgataataa cttatattta ttatttgatg gtgtaagatg tcctattact 65400
cctgcaactg gttacagaaa aggttctgaa gatgggacta ttatgacaga tgcaaaagga 65460
acagctaaag gtaaatttac tattcctgca ggtattcgtt gtggtaaccg agaagttaca 65520
ctcaagaatg ctaactctac aagtgctaca acttacacag ctcaaggacg taaaaaaatc 65580
gttcaagata ttattattag aactcgtgta acagtaaact tagtagaccc gttagcacaa 65640

554

554/758

Фиг. 19JJ

sequence.txt

```
tcattccagt atgatgagaa cagaactata tcatcattag gtttatactt tgcttctaaa   65700
ggagataagc aatctaacgt tgttatccaa attagaggta tgggtgacca aggttatcct   65760
aataaaacaa tctatgcaga gacagttatg aatgcagatg atattaaagt atctaataat   65820
gctagtgctg aaactagagt atactttgat gaccctatga tggcagaagg cggtaaagaa   65880
tacgctattg ttattattac tgagaacagt gattatacaa tgtgggtagg tactagaact   65940
aagcctaaga ttgataaacc taatgaggtt atctcaggta atccatatct tcaaggtgtg   66000
ttattcagtt catcaaacgc atcaacatgg actcctcatc aaaactctga ccttaaattt   66060
ggtatctata cttctaaatt taatgaaaca gcaacaattg aattcgaacc aattaaagat   66120
gtatctgcag atagaatagt tcttatgtct acgtacttaa ctcctgagag aacaggatgt   66180
acatgggaaa tgaaattaat tctagatgac atggcatctt ctacaacatt cgaccagttg   66240
aaatgggaac ctattggtaa ctatcaagac ttagatgttt taggtctagc aagacaagtt   66300
aagttaagag caactttcga atctaataga tatatctcac cattaatgag ctctagtgat   66360
ttaacattca ctacattctt aacagagtta acaggttcat atgttggtag agctattgat   66420
atgacagagg ctccttacaa tacagtaaga tttagttatg aagctttctt acctaaaggt   66480
actaaagttg ttcctaagta ttctgcggat gatggaaaaa cttggaaaac atttactaaa   66540
tcccctacaa ctactagagc caataatgag tttacacgct atgtcattga cgagaaagta   66600
aaatcatcag gaacaaatac taaactacaa gttagattag atttatcaac tgaaaatagc   66660
tttttacgtc ctcgtgttcg tagacttatg gttactacta gggatgaata aactagaggg   66720
gttgattgac ccctctttat ttaataagga gagatttata tgcctagaga agttagagac   66780
ccttattctc aagctaaatt atttatacct acagttgagg aaaaatcaat taaggaatta   66840
gaaaaaacat acaaagaaaa aattgatgaa gctactaagt taatcaatga attaaagaaa   66900
gagagaggag aaaaatagat ggcatttaac tacacgcctc ttactgaaac acagaagtta   66960
aaagatatgt atcctaaagt taatgatata ggtaactttt taaaaacaga agttaacctt   67020
agtgatgtaa aacaaatatc acaacctgac tttaataata ttttagcatc tatacctgat   67080
agtggtaact actatgtaac taattcaaaa ggtgctccta gtggagaagc tacggcagga   67140
tttgtaagat tggataaacg aaatgtaaat tattataaaa tttattattc accatatagt   67200
agtaataaaa tgtatatcaa gacttatgct aatggtactg tatatgattg gattagtttt   67260
aaattagatg aaggtaactt atacaatgaa ggtaatactt tgaatgtaaa ggaacttact   67320
gaatctacaa ctcaatatgt aacactagtt aatcctccaa aagagaactt aaatacaggt   67380
tgggttaatt acaaagaaag taaaaatggt gtttcttctt tagtagaatt taacccagtt   67440
aactctacct caactttcaa gatgataaga aagttaccag tacaagaaca aaagcctaac   67500
```

555

555/758

Фиг. 19KK

sequence.txt

```
ttattgaaag atagtttatt tgtttatcct gaaactagct cttcaaatat taaaacagat    67560
aattggaata cacctccttt ttggggatac acagctaata gtggtcgttc aggggttaga    67620
tttagaggag agaatactat acagattgat gatggtagta gcacatatcc tactgcaatg    67680
actaatagat ttaagatggg taatgagctt tctgtaggtg atacaattac tgtatctgta    67740
tatgctaaaa ttaatgaccc tgcattactt aaagataact tagtttactt tgaactagcg    67800
gggtatgata tggtagatag aactgataat ccttatacag gaggacgtag agaaataaca    67860
gcaagtgaga taacaactga gtggaaaaag tactccttca cattcacgat acctgaaaat    67920
acaattggag catcaggcgt taaagttaat tacgtatctt tactcttaag aatgaattgt    67980
tcatctagta aaggtaatgg tgctgtggta tactatgctc tacctaaatt agaaaaatca    68040
tctaaagtta caccgtttat cacacatgca actgatgttc gtaagtatga tgagatttgg    68100
tctaactggc aagaagttat tagtaaagat gaattaaaag gtcactctcc tgtagatata    68160
gaatataatg attactttaa gtaccaatgg tggaaatctg aagttaatga aaagagttta    68220
aaagatttag ctatgacagt acctcaagga tatcatacat tttattgcca aggctctatt    68280
gccgggacac ctaggggacg ttctattaga ggaaccattc aggtagatta tgacaaaggt    68340
gacccctaca gagctaataa gtttgttaaa ttattgttta ctgacacaga aggtatacct    68400
tatacattat actacggagg gtataatcaa ggttggaaac tcttaaagca atcagaaact    68460
tctactttac tatgggaagg tactttagat tttgggtcta cggaagctgt taacttaaat    68520
gactcattag ataattatga tttaattgag gtaacttatt ggactcgttc agcaggacat    68580
ttttctacaa aaagattaga tataaaaaat acatcaaatt tactgtatat tagagatttt    68640
aatatttcaa atgatagtac aggttctagt gtagacttttt ttgaagggta ttgcactttt    68700
cctactagaa catcagtaca acctggtatg gtaaaatcta taactttaga cgggtctaca    68760
aatacaacaa aagtagcatc atggaatgaa aaggaacgta taaaggtata caatattatg    68820
ggaattaata gaggataaag aaaggtggaa taaaaaaaac tatggctgtt aaatatgata    68880
taggtaataa tgagatagta ttacatttaa gagaaggtaa atatataaca gggtttacaa    68940
cagtaggagg gtatgataag gagttaggac aagtaaaagt taatagagaa atcttacctg    69000
cttacttctt tgataatttt gcctatgaaa gatacttgta ttatagtaaa cctgaagagg    69060
ttatagagaa taaaaactat gtaccacctc aaatcaataa tggtgatgag gaatctcaac    69120
aaaatactgt acctaaagaa caatatgata gtttaaaaga agaactagaa cttatgagaa    69180
aacaacaaga agctatgatg gaaatgcttc aaaaactctt aggtcaaaag gggtaataat    69240
aaatggcatt aaattttact acaataacgg aaaacaatgt tattaaagac ctgactactc    69300
aggtcaataa cattggggaa gaattaacaa aagaaagaaa tatatttgac attacagatg    69360
atttagttta taattttaat aaatcacaga agattaaact aactgatgat aaaggattaa    69420
```

556

556/758

Фиг. 19LL

sequence.txt

ctaaatcgta tggaaacata acagctctta gagatataaa agaaccaggt tactactata 69480
taggcgctag aacattagca acattattag atagacctga tatggagtct cttgatgttg 69540
ttttacatgt agtacctctt gatacttcta gtaaggtagt tcaacattta tatacactat 69600
ctactaacaa taaccaaatt aaaatgttat atagatttgt ctcaggaaac tctagttcag 69660
aatggcaatt tattcaagga ttaccgagta ataaaaatgc tgttatatca ggaactaata 69720
ttctagatat agcttcacca ggtgtttatt ttgttatggg aatgacagga gggatgccta 69780
gtggtgtaga ttcaggtttt ttagatttaa gtgtagatgc taatgacaat agattagcta 69840
gactaactga tgctgaaact ggtaaagaat atactagtat taagaagcct acagaagtat 69900
acacagcttg gaaaaaagaa tttgagccaa aagatatgga gaaatattta ctaagtagta 69960
tcagagacga tggtagtgca tcattcccac tcctagttta tactagtgat aataaaacgt 70020
ttcaacaagc tattatagac catatagata gaacaggtca aacaaccttt actttctacg 70080
ttcaaggtgg tgtatcaggt tcccctatgt ctaatagttg tcgaggtcta ttcatgtcag 70140
atacacctaa cacttctagt ttacatggtg tctataatgc tataggtaca gatggtagaa 70200
atgtaacagg ttcagtggta ggaggtaatt ggacttcacc aaagacatca ccttcccata 70260
aagaattatg gacgggagca caatcattcc tatctgtagg tactactaag aatctagcag 70320
atgatattag taattactct tatgtagagg tttatactaa acataagaca gtagagaaga 70380
ctaaaggtaa tgatgactcg ggtacaattt gccacaagtt ctacttagat ggtagcggta 70440
cttacgtttg ctcaggaact tttgtttcag gagatagaac agatacaaaa ccacctgtta 70500
cagagttcta tagagtaggt gtatctttca aaggttcaac atggacgctt gtagatagtg 70560
cagtacaaaa tagtaaaact caatacgtta caagaattat aggtattaat atgccataga 70620
ctaggataag tttcctagtc ttttttttctt gacttgaaaa ggattctatg gtatactata 70680
actcgtgtaa ggatataagg agattaaaat gagattaaga attaagaact tatataccta 70740
tgtagaattt gaggaggatg ataaatactt aaaagatata tttttaaaga gagttcatac 70800
aactatagga gcaaggcaag aaggttttca gtatagccct gcttacaaaa gaggcagttg 70860
ggatgggtat gtagactttt atgtttatga ggaagataaa ttccctactg gacttttatt 70920
taaaattgag ttattattag gtgagctaca atcaagatat aacttccagt ttgaaacaat 70980
tgatgagcgt gatgaaagtt tcttatctga agaagatatt gatgacgaga taacattgct 71040
tgataataat gtaggtcaaa ttaccttacg agattatcaa tatgaggcag tgtacaacag 71100
cttaacattt tacaatggta ttgctcattt agctactaat ggaggtaaaa ctgaggttgc 71160
tagtggtatt atagaccaac tattacctca attagaaaaa ggtgaaagag tagcattctt 71220
cacaggctct acggagatat tccatcagtc tgcagataga ctacaagaac gtttaaatat 71280

557

557/758

Фиг. 19MM

sequence.txt

```
ccctattggt aaagtgggtg caggtaagtt tgatgttaag caggttacag ttgtaatgat    71340
acctacttta aatgcaaacc ttaaagaccc aacacaaggg gtaaaggtta cacctaaaca    71400
aaatattagt aaaaagattg ctcaagagat attaccgaaa tttgaaggcg gtacaaatca    71460
aaaaaaatta ctaaaagtat tacttgataa cacaacacct aaaacaaaag tagaacaaaa    71520
cgtattaagt gccttagaga taatttacca aaatagtaag acagatgcag aagttttatt    71580
aaacttaaga aatcataatg cacattttca aaaaattgtt agagaaaaaa acgaaaagaa    71640
atatgataaa tatcaagata tgagagattt tttagactca gttacagtta tgatagttga    71700
tgaggcacac cattctaaat ctgattcctg gtacaacaat ctaatgacat gtgaaaaagc    71760
tttataccga attgcattaa cagggtctat agataaaaaa gatgaattac tttggatgag    71820
attgcaggct ctattcggta atgttattgc acgaactact aataagtttt taattgatga    71880
aggtcattct gctagaccaa caataaatat tatacctgta gctaatccta atgacataga    71940
tagaattgat gattataggg aagcttatga taaaggtata acaaataatg attttagaaa    72000
taaacttatt gcaaaactaa cagaaaagtg gtataatcaa gataaaggta cattgattat    72060
tgtaaacttc attgaacatg gagacacaat atcagaaatg ttaaatgatt tagatgtaga    72120
gcactacttc ttacatggag aaatagactc tgaaactagg agagaaaaat taaatgatat    72180
gagaagtggt aaacttaaag taatgatagc tacatcactt attgatgagg gtgtagatat    72240
atccggtatt aacgcactaa tattaggtgc aggaggcaag tcattaagac aaacattgca    72300
acgtattggt cgtgctttgc gtaagaaaaa agacgataat acaacacaaa tatttgattt    72360
taatgatatg acaaatagat ttttatatac tcacgctaat gagcgtagga aaatttatga    72420
agaggaagat tttgaaataa aagacttagg aaaataggag ggtaagagat ggcaacaaaa    72480
acacaaagaa agctatacca atatctagag gaaaatgcta cagaaaataa atttcatatt    72540
tctactaaga aagagttagc agattctcta ggtgtttcca tctctgctct atccaataac    72600
cttaaaaagt tagaagaaga aaataaagtc gttactgttt ctaaaagagg aaaaaacggt    72660
ggagtaataa taactttagt tagagagtat gacacagaag aattgaaaga atttaataat    72720
tctacagata atattattac ttccgattta cagtatgcta aggcattaag agaaaagcac    72780
ttcccttctt atagatatga gagaaaagaa caacgtagac gtactaagat agaaatggca    72840
caatacaatg ctattaagga tgagaagaga agaattatag cagatatgaa tttctattca    72900
gaaggtcttc cttacccttc taaagatatt tttaatatgt cttatgaccc ggaaggtttt    72960
tataaagcat acatcttatg taagttatat gaccaatatg ctatttctca tatggatgct    73020
aaacatacaa gtcatcttaa agcaatgagt aaggcaacaa ctaaagatga atatgactac    73080
catcaacata tgtctgaata ctatagaaat aaaatgattc aaaatttacc tagaaatagt    73140
gttagtgata atttctttgg tagtaaaatg tttaatactt tttataattt ttatttaaaa    73200
```

558

558/758

Фиг. 19NN

sequence.txt

ataaaagata aaaatattaa tgtatttaaa tatatgaaaa acgtatttaa aaatgtaaca 73260
ttttattacg agaacggtat gcaacctaat ccaatacctt ctcctaactt ctttagttca 73320
gataagtatt ttaaaaacta taataattat attaaaggaa taaaaaaagg cattaacagt 73380
acgaatagac acctaggtga tacagacagc atcattaatt catcagacta tgtgaaaaac 73440
cctgctgtat tacatctaca ccaactatat actacaggat taaattctac tttacatgat 73500
attgatacta tgtttgaaca agccttagac cttgagaatg cttcttatgg attatttgga 73560
gatatgaaac atattatctt actacagtat aattctatga ttgaagaaga aattaagaat 73620
ttacctatag aagagaagga tattattaat aaatatgtaa aacaatgcat aattaataat 73680
tactcaccaa caagtatttc accatctgca agattatcaa tgtttactat gcagaaagag 73740
catatagttt ataataagca attaaataag ggaatcaaga gagaggattt attaccatta 73800
agtctaggag gtatagtgaa taaagattca ttaagtagta tggatataca aaacttagaa 73860
cagaatggca atgaatacct atatatgaga caacatactt caacttatta tatactaaga 73920
atgtttggtg actatttagg gtatgaggta aatttaagag aagtaaaata tattgtagag 73980
aaatataatt taattgataa aataccattg acaaaagagg gtatgttgga ttataataaa 74040
cttatacatt tagtagagga agaggttaat aactatgagt aagaagataa aggagcttat 74100
ccttcataaa tcaatgaagg atatacattt tgcaagagaa gtattagata acttacctaa 74160
gaacttattt tcagcagagt ctgaagacat gggttactta tttacagcca taaagagaac 74220
agcacatatt tccgataaga tgtcaaatga agcattagca attaaagtag aacagcttat 74280
gggtaataac aaggaagatg aggagaaagt aaccaagaca ttaacttact tagaagattt 74340
atataaagta gacgttaatg aaaaagatga atctgttaat tatgaaatag agaagtatat 74400
taaaacagaa atgtcaaaag aagttttagt taaatttatt gcagaaaata aacaagaaga 74460
ctctgataat ctacatgaac ttgtagacaa actaaagcaa atagaagtaa gtgacatctc 74520
aggaggtaat ggggagttta ttgacttctt cgaagataca gaaaagaaac aagaactatt 74580
gagtaattta gctacaaata aattctctac tggatttact tctattgaca accatattga 74640
aggtggtata gcaagaggag aggttggatt aatcatagct cctaccggta gaggtaaatc 74700
attaatggct tcaaacttag ctaagaatta tgttaaaagt ggattaagtg ttttatatat 74760
tgccttagag gaaaaaatgg atagaatggt tttgcgtgct gagcaacaaa tggcaggagc 74820
agaaaagagt caaattgtaa atcaggatat gtctttaaat aataaagttt atgatgcaat 74880
acaaaatcat tatcagaaga atagaaagtt attaggtgac ttttatattt ctaaacatat 74940
gccgggtgaa gttacaccaa accaattaga gcaaattatt gtcaatacaa caattaagaa 75000
agataaaaat attgatgttg ttattattga ctatcctcat ttaatgagaa atccttatgc 75060

559

559/758

Фиг. 19OO

sequence.txt

```
taaatatcat tcagaatcag atgcaggcgg aaaattgttt gaagatattc gtagattatc   75120
acagcaatat ggatttgttt gttggacgtt agctcaaact aaccgtggtg cttatggttc   75180
agatgttatt acaagtgagc atgtagaagg ttctcgtaaa attgtcaatg ctgttgaggt   75240
gtctttagca gtaaaccaaa aagatgaaga attcaagagt ggtttcttaa gattatattt   75300
agataaaatt cgtaatagct ctaacacagg agaacgattt gttaatctta aagtagaacc   75360
aactaagatg attgtaagag atgaaacacc tgaagaaaaa caagagcata tacaattgct   75420
atcagataat ggaaaagaag acacaagtaa atttcaaaat aaagataata aaatagaagc   75480
tataaataac acattcggag gattaccggg agtttaattt tttaaaatat accacttgac   75540
attttatatg ttaggtggta taattatttt ataaagaata aaggagagat taataatgaa   75600
atttgtattc tttacagata gtcattttca cctatttact aactatgcta aacctgataa   75660
tgaatttgtg aatgatagat ttaaagaaca gatagaagca ttacagaaag tttttgatat   75720
tgctaaaaaa gaagaagcaa cagttatatt tggtggagat ttattccata aacgtaactc   75780
ggtagatact agagtatata acaaagtatt tagtacattt gccaaaaata atgaggttcc   75840
tgtattatta cttagaggta atcatgatgc tacaactaat tcattatata ctgattcaag   75900
tatagataca tttgagtatc tacctaatgt aaatgtaata aaatcattaa atacaatttt   75960
aaaagataat gttaatattg tgtttactgc ttatggggat gagacgaagg aaataaagac   76020
atacattaat agtaattatg ataaagatat ggtcaatata ctagtaggtc atttaggtgt   76080
agaaggttca ttaactggaa aaggctctca tagattagaa ggggcatttg gataccagga   76140
tttattacct gataaatatg atttcatttt actaggtcat tatcaccgta gacagtattt   76200
ccaaaatccg aatcattttt atggtggctc attaatgcaa caatcatttt ctgatgaaca   76260
agaagctaat ggtgttcatt taatagatac agacaaaatg actacagaat tcattccaat   76320
tcatacacgt agatttatta ctattcaagg agaagatatt cctgataact ttgaacaatt   76380
aatagaggaa gataatttta ttagagttat tggtacagca aatcatgcta aggttttaga   76440
aatggatgac agtatgaaag ataagaatgt tgaagttcaa attaaaaaag agtatactgt   76500
agagaaacgt attgatagtg atgtatctga tgaccctcta acaattgcta gtacctatgc   76560
taaacaatac tcacctgaat cagaacaaga aatccttgaa tgtttgaagg aggttttata   76620
atgaaaaaat atagagaata tctaaataag acagatgcag aaaatttagc agaggattgg   76680
gagaaagtaa ccgaagattt atggaaagtg tttaaagata tgaaacctaa aattaataca   76740
ttagatatca gtaatgtagg aagtaaagat ttagataaaa gtaaacctat actacaattc   76800
caagattcag atggagtaat agagaatatt tgtaatgttg aaggtttaga agatggtcta   76860
agtaaaatga aaaagatttt tgatgatagt aattttgaaa agcattatta caatagagta   76920
gtagaccatg atgggtatta ctggattgat tatggttctc atcattgttt ctttagagtt   76980
```

560

560/758

Фиг. 19PP

sequence.txt

acgaaagggg ataagtaatg gttgtattta aacaagtaga agttaataat tttttagcaa 77040
ttaaagaagc tacactagag ttagacaata gaggtttaat tctcattgag ggtgagaata 77100
aatccaatga gtcatttcat tcaaacggct caggtaaatc aactttaata tctgccatta 77160
cttatgcttt atatggtaaa actgaaaaag ggctaaaagc ggatgatgta gtaaataata 77220
ttgagaagaa aaatacgtct gtgaaactta agtttgatat cggggaagat agctatttaa 77280
ttgaacgtta tcgtaaggac aaagagaata agaataaagt aaaattattc gttaatgaaa 77340
aagagattac aggttcaaca aatgacgtta ccgataaaca aatacaagac ttatttggta 77400
ttgagtttaa tacttatgtt aatgccatca tgtatggtca aggtgatatt cctatgttct 77460
ctcaagcaac agataagggt aagaaagaaa ttcttgaatc tattactaag acagatgtat 77520
ataaacaagc gcaagatgta gcaaaagaga aagttaaaga agtagaagaa caacaaaata 77580
atataagaca ggaaatctat aaactaggtt atcagttatc tacaaaagat gagtacttcc 77640
aaagagaaat agaacaatat aatcagtata aagaacaatt ggttcagata gaaaatagta 77700
ataaggaaaa agatagatta agagaacaag aggagaagca aatagaagct caaatagagc 77760
aattagcttc acagatacca acaatacctg aagatgaatt taagcactca gaggagtata 77820
ataaagcctc tcaaagccta gatttacttt ctaataaatt aacggagtta aatcaagtat 77880
actcagaata taataccaaa gaacaagtac taaaatctga aatagctaca ttaagcaata 77940
gtctaaatca gttagatata aatgaccatt gtcctgtttg tggctcccct atagataatt 78000
ctcataaatt aaaagaacag gaaaatatca gcaatcagat tgagaataag aaacaagaga 78060
ttactagtgt attagaaatg aaagatacgt ataaagaagc tattgataaa gtaaaagata 78120
aatcacaaga aattaaagat aaaatgtcac aggaagacca acaagaacga gagcacaata 78180
ataagattaa cagtatcatt caagaggctt ctaggattaa atcagacatt agttcattag 78240
agaataataa aacttattta aaagtgaaat accaacatca atctgttcaa ggattagaga 78300
gagaagaacc aagtaaagaa aaacatgagg aagataaaaa agaattacaa gaatctattg 78360
acaaacatga agagaatata gtacaattag aaactaagaa agggaaatat caacaagctg 78420
tagatgcttt tagtaataaa ggtatacgtt cagtagtgtt agactttatt acaccattct 78480
taaatgagaa agcaaatgag taccttcaaa ctttatcagg ttcagatatt gaaatagagt 78540
tccaaactca agtgaagaat gctaaaggag aactaaaaga taagtttgat gttattgtta 78600
agaataacaa gggtggaggc tcctacaaat ccaattcagc aggagaacaa aaacgtattg 78660
atttagcaat tagttttgca attcaggatt taattatgag taaagatgag atatctacga 78720
acattgcact ttacgatgag tgttttgatg gattagatac tatcggttgt gaaaacgtga 78780
ttaaattatt aaaagataga cttaatacag taggaacgat atttgtaatt actcataata 78840

561

561/758

Фиг. 19QQ

sequence.txt

```
ccgaacttaa acccctattt gaacaaacaa ttaaaatagt aaaagaaaat ggagtatcaa    78900
aactggagga aaaataatga aattaaagat tttagataaa gataatgcaa cacttaatgt    78960
gtttcatcgt aataaggagc ataaaacgat agataatgta ccgactgcta atttagttga    79020
ttggtaccct ctaagtaatg cttatgaata caagttaagt agaaatggag aatacttaga    79080
attaaaaaga ttacgttcta ctttaccttc atcttatggt ttagatgata ataaccaaga    79140
tattattaga gataataacc atagatgtaa aataggttat tggtacaacc ctgcagtgcg    79200
taaagataat ttaaagatta tagagaaagc taaacaatat ggattacctg ttataacaga    79260
agaatatgat gctaatactg tagagcaagg atttagagat attggagtta tattccaaag    79320
tcttaaaact attgttgtta ctagatatct agaaggtaaa acagaggaag aattaagaat    79380
atttaacatg aaatcagagg aatcacaatt gaatgaagca cttaaagaga gtgatttttc    79440
tgtagactta acttatagtg acttaggaca aatttataat atgttgttat taatgaaaaa    79500
aattagtaaa tagtaaggaa ggatattatg aggtttgaag actttttaac ccaagaatta    79560
ggagaaccaa aagaaaatac tataggtgag ctaagatact gttgtccgtt ttgtggagaa    79620
aaaagttata agttctatgt taagcaagcc ctagactcta gtaatggtca gtatcattgt    79680
aaaaaatgtg atgaaacagg caaccctatt acatttatga agacttatta taacattaca    79740
ggtaagcaag cttttgattt attagagtct aagaatatag atatagagag agccccttta    79800
cttacaacta ataataagga tttaacagaa tcagagaaac ttatattaat gcttagaggt    79860
gtgcaccaag ataaaggaac tactagtatt aaacctcctc gattacctga aggatataaa    79920
ttattaaaag ataatttaaa taataaagag attatacctt ttttaaaata cttaaaaggt    79980
agaggtataa ctttagaaca aatcattaat aacaatatag gctatgttat taatggtagc    80040
ttttataaag ttgacgggga atccaaagta tcattaagga atagtattat atttttact     80100
tatgataaca atggaaacta ccagtactgg aatacaagaa gtatagagaa gaacccttat    80160
attaaatcta ttaatgctcc tgctaaacaa gatgaagtag ggagaaaaga tgtcatattt    80220
aatttgaata tagcaagaaa gaaaaagttc ttagttataa ctgaaggtgt atttgatgct    80280
ttaacctttc atgaatatgg agtagcaaca ttaggtaaac aagtaactga gaatcaaata    80340
aaaaaaataa ttgattacgt tagtatagat acatcaatat atattatgtt agacactgat    80400
gcattagata ataatataga cttagcttat aagttaaaaa cacattttaa taaagtttac    80460
tttgtaccac atggtgatga agatgcaaat gatatgggaa caaggaaagc ttttgagtta    80520
ttaaaacaga accgggtgtt agtaacacct gaaagtatac agagttacaa aatacaacaa    80580
aaacttaaac tttaggcttg accttagaga agttttatgt tatactagta attaagtaat    80640
taataaagga gaaaaaaata atgtcaaata gtaaaaaaga tattttagaa tttgtagatg    80700
aatacattac agctttaaga gttggtaatg agcaacgaca acaccaatta gaagaaatgg    80760
```

562

562/758

Фиг. 19RR

sequence.txt

```
gtaaagaaga aacagcaaca ttaacagatg tagctaaagc tattactaac cttatgttag    80820
gtgttaatga gcagatgaca gacttagaat ataataacga gttaaactta aatattttaa    80880
ttgacgcttt atataaagca gagcttatta atgaagatgt attagactac attcaagaat    80940
caattgataa atcacaagaa gaacctaaaa atgaagaaga aaaaggagaa caagaataat    81000
ggaaaaaaat attagcacac acacaaaagg tattagtcaa gcagacatgg agaaatggat    81060
tgaagctgta gtacaaggaa ctgttgatgg taaacaagtt gatgagaaaa cagctaaaca    81120
attagataga attggttcac gtagtgtttc tttagaagaa gcaactcgta ttgctaaagt    81180
tcttaatgct gtaacagctc aagaggttac aggagacttt aatgatgcat ttaatgcaat    81240
tgacttaatg atgattatca tggaagatga gctaggagta actcaagaaa aagtgggtaa    81300
agctaaagat aaactaaatg aaaaacgaga agcttaccta aaagagaaac aagaagaatt    81360
acgccaaaaa caacaagaag aggcacaaaa agaaactgaa tctgacagca atgagaaagt    81420
aattcagttg aagaaaaatg acgaacagta agaaaaaagg ggatacattc gaacgtaaaa    81480
tagctaaaga attaactgct tggtggggat accaattcaa taggtctcct caatcaggtg    81540
gtgcttcatg gggtaaagat aataatgctg tcggagatat agtagtacct caggaagcta    81600
attttccttt agtagtagaa tgtaaacata gagaagaatg gactatagat aacgttcttt    81660
taaacaacag agagccacat acatggtggg agcaagtcat taatgatagt agcaaggtgg    81720
ataagacacc ttgcttaata tttactagaa acagagctca gagttatgtt gctttacctt    81780
atgatgagaa agtatatgaa gatttgagaa ataatgaata ccctgtcatg agaacagatt    81840
ttattattga taatattaga aaagataaat ttttttatga tgtacttata actaccatga    81900
atgggttgac ctcatttaca ccttcttata ttatatcttg ctacgacaaa aaagatataa    81960
aaccatacaa gaaggtcgag tctaatttat ctgaggtaag taagcatgaa gatgaattga    82020
ttaatgacct tcttagtgat atataaggaa ggtaagataa gtatgacaag taaagaaaga    82080
ccattaatcg tatatttttc aggtacaggg caaacagaaa gattagtaaa taaaattaat    82140
attaataatt catttgaaac atttagggtt aagagtggaa aagagaaagt aaataaacct    82200
tttatactaa taacacctac ttatatgaaa ggtgcaatac ctaaacaaat agaaagattc    82260
ctagaaatta atgggagccc taaagaagtt attggtacag gaaataaaca atggggctct    82320
aatttctgtg gagcaagtaa aaagatttca gagatgttta agattccttt aattgctaaa    82380
gtagagcaat caggacactt taacgagata caaccaatat tagaacactt tagtaataaa    82440
tataaagtag cgtaaaggat gagagatata tggcaacata tggaaaatgg attgagttaa    82500
ataatgaaat aactcaatta gatgacaatg gaaaaaataa actctataaa gaccaagaag    82560
ctttagatga gtatttaaaa tatattgaag acaatacaag aaagtttaat agtgaagtag    82620
```

563

563/758

Фиг. 19SS

sequence.txt

aaagaattag agtattgaca aaagaaggaa catatgataa aatatttgac aaggttcctg 82680
atactattat tgatgagatg actaagttag cttacagttt taattttaaa ttccctagtt 82740
tcatggcagg gcaaaagttt tatgaatctt acgcatcaaa acagtatgat gaaaacaaaa 82800
aacctatttt tgttgaagac tatgagcaac ataatgttcg agtagcttta tatttatttc 82860
aaaatgacta tgtaaaggct agagaattac tagtacaact tatggagcaa acattccaac 82920
catctacacc tacgtataac aactcagggc aagctaatag aggtgaacta agttcatgtt 82980
atctatttgt agtagatgat tcaattgagt ctttaaactt tgttgaggat agcgtagcta 83040
atgctagttc taatggtggc ggagttgcaa ttgatttaac tagaattaga cctaaaggag 83100
ctccagtacg taatagacct aattcaagta aaggtgttat tgcttttgct aaagctattg 83160
aacataaagt tagtatttat gaccagggcg gtgtaagaca gggtagtggt gcagtttacc 83220
taaatatatt ccacaatgat atcttggatt tattaagctc taagaaaatc aatgccagtg 83280
agtctgttag actagataaa ttatctattg gtgttacaat ccctaacaaa tttatggagt 83340
tagttaaaga aggtagacct ttctatactt tcgatactta cgacattaat aaagtgtatg 83400
gtaagtattt agatgagcta aacattgatg aatggtatga taagttatta aataatgata 83460
gtatcggtaa agtaaaacat gatgctagag aagttatgac agatattgct aaaacgcaat 83520
tagaatcagg ctacccttat gtattctata ttgataatgc taatgataat cacccattga 83580
aaaacctagg taaagttaaa atgagtaact tatgtacaga aatttcacaa ttacaagagg 83640
tatcagaaat ttatccgtac tcttacagta atcagaatgt tattaataga gatgttgttt 83700
gtacattagg ttctcttaac ttggttaatg tagttgaaaa aggtttattg aatgaatctg 83760
tagatattgg tacaagagca ttaacaaaag ttactgatat tatggattta ccttacttac 83820
ctagtgttca aaaagcaaat gatgatatta gagctatcgg tttaggttca atgaatttac 83880
atggactttt agctaagaat atgattagtt atggttctag agaagcatta gacctagtaa 83940
acagtttata tagtgctatt aacttccagt ctattaagac atctatgtta atggctaaag 84000
aaacaggaaa accatttaaa ggctttgaga agtctgatta cgctacaggt gaatactttg 84060
taagatatat tagagaatcc aatcaaccta agacagataa agctaagaaa gtcttagata 84120
aggtttatat tccaacacaa gatgattggg atgaattagc taaagcagta aaagtacatg 84180
gcttgtataa tggttataga aaagcagaag cacctactca atctatatct tatgtacaga 84240
atgctacaag ttctattatg ccagtcccta gtgctataga gaatagacaa tatggagata 84300
tggagacata ttacccaatg ccttacctaa gtcctataac tcagttcttc tatgaaggag 84360
aaacagctta taagattgac aataaacgta ttattaatac aagcgcagtt gttcagaaac 84420
atacagacca agcagtgtct acaatacttt atgtagagtc agaaatccct actaataaac 84480
tagtatcatt atactattat gcttgggaac aaggattaaa atcattatac tatacacgtt 84540

564

564/758

Фиг. 19TT

sequence.txt

cacgtaaact ttctgttatt gaatgtgaaa catgttcggt ttagaaagga aatagatatg 84600
gatattacac aaaaagtaaa acaacataat aaaaatgctg tattaaaagc aacaaactgg 84660
aatattgaag atgacggtat gtctgatatt tattgggagc aaggaatctc ccaattttgg 84720
actcctgaag agtttgatgt atcaagagat ttaagttctt ggaatagttt aactgaaagt 84780
gaaaagaaca cttataagaa agtccttgca gggctcacag gtctcgatac aaagcaagga 84840
ggagaaggta tgaacttagt atcctaccat gaaccaagac ccaaatacca agctgtattt 84900
gcgtttatgg gtggtatgga agagatacat gctaaatcct atagtcatat ctttacaaca 84960
ttactaagta ataaagaaac aagctatcta ttagatactt gggtcgaaga aaatgacttt 85020
ttaaaagtaa aagctcagtt tatcggatat tactatgacc aactattaaa acctaaccct 85080
actgtatttg atagatatat ggctaaagta gctagtgcct ttttagaaag tgcactattc 85140
tactcaggat tttattatcc tttacttctt gcaggaagag gtcagatgac acaatcagga 85200
gctattattt ataaaattac tcaagatgaa gcttaccatg gttcagcagt aggattaaca 85260
gctcaatatg attataatct tctaacagaa gaagagaaaa aacaagcaga taaagaaact 85320
tatgaattat tagatattct ttacactaat gaagtagcgt atacacatag tctatatgac 85380
ccactagaat taagtgaaga cgtaattaac tatgttcagt ataattttaa tagagctctt 85440
caaaaccttg gaagagagga ctattttaat cctgaacctt ataaccctat tgtagaaaat 85500
caaactaatg tagacagatt acgaaatgtt gatttcttta gtggtaaagc agactatgaa 85560
aaatctacaa atatcaaaga cattaaagat gaagatttct cattcttaga tagtaaagaa 85620
tacaatactg ccaaggaatt cctataaaaa ggagaaaaga tattatggat agaaaagaag 85680
caatggattt actaagtaaa gcagaaatat tatttaaaaa acatgatgag ttttcatgtg 85740
taagtgatat taatgaccct atgaagttat tcagtagctc taaggatgct aaagctgatg 85800
atacgtctaa gtcttttcag ctagagttta tgcatgatat gaccatgtat actttatctt 85860
atggctcagg acagttaaaa cttattgatt tagcagaagg ttatgaagca caaaaagcta 85920
cagtagttaa ctcatttccc gaaattatta aaacattaga aaaggatgat tcagaagatg 85980
gaaaaaatga atagtttagt agatttaaat acagcaatta gacaaaagaa agatgttatt 86040
gtcatgatta cacaagataa ttgtggtaag tgtgagattt taaaaagtgt aatccctatg 86100
tttcaagagt caggtgacat taaaaaacct atcttaacat taaatctaga tgctgaagat 86160
gtagatagag aaaaagctgt taagttattc gatatcatga gtacaccagt attaattggg 86220
tataaagatg gtcagttagt taaaaagtat gaagaccaag ttacacctat gcaattacaa 86280
gaattagagt cactttaatt tggaatttcc tactatctgt gctatactat aatagtacaa 86340
ggtagtagga ttttttaatg gaaggaagat gacatatcgc aaagaataaa acattaacga 86400

565

565/758

Фиг. 19UU

sequence.txt

tatataatag tgatagatat tttaatatac acacaaaaga taaagataaa attaatgagg 86460
ctattaaagt cacacatggt aatgaagaag aaattgagaa gaatatggat gaattaatat 86520
ctaagtctag acgatatatc atgagagatg aaaatcatta catgttattt aatgagaagt 86580
ataataatga tagacttata gaaaaagtat gtaaacatgg cggtaaagtt acatactata 86640
ctgattcagt attaccttat tatgttttaa aagacttatc tagtcaccct gactcagaag 86700
ttgtttatcg tatgcgcaat ggttttactg caaaagaagt agataatata gctttatcat 86760
tcatgggtac aaaagttatt attgatattt ctgtagtatt tccttatgta aacccttatg 86820
atattattag aagtttacat gatattaaaa caaatgtaga tgaagttcat ttatcatttc 86880
cacgaatatt agaggtagat gaaaaacaag aaaagtttta tttctttgat ggtgaagctt 86940
atgatttaaa acctgaatat aaagtcgatt ttgcagataa aattagagta tctttatcag 87000
tatggaaaat gtatatctat atcttaacaa gtagtcgtga ttttgaggat gtagacaatg 87060
taattacgaa attaaaacaa caacgaaaga ttaagatata aggtgattat atgagtacag 87120
caaatagaag agatatagca agaaagatat cagagaatac aggttactat atccaagatg 87180
tagaggaaat actaagtgca gagacagatg ctatttctga cttactagaa gaaggatata 87240
ctaaagtaaa gaatcataaa tttatgcaaa tagaagttat tgaaagaaaa ggtaaaaaag 87300
cgtgggatgg tctgaataaa gaatacttcc atttacctaa tagaaaagct ataaaattca 87360
aaccactaaa agaactagaa gaggttattg atagacttaa tgaagaagag aaataattct 87420
cttctttttt tattgacaag gtttaaaata tatggtatag tattattaag ttaaaaaagg 87480
agaggaatta aatgaaagta ttaatcttat ttgaccacat tagagaagag cattttctg 87540
taagtaaaga tgggagtgtg aaatctaatg tactaaatac acctaatgga aaaacactta 87600
agaaattact tgagaagtgt tctaacttaa agagagataa gacaaacaga gattatgata 87660
ttgattttct ctacaatgca gtacctacac ctatcagaaa tgactacggt aaaatcatta 87720
aatatcaaga tgttaaacaa gcagaagtaa agccatacta tgagagaatg aacaatatta 87780
ttattgataa ttcttatgat atggtaattc ctgtaggtaa actaggtgtt aaatacctat 87840
taaatgttac agctatcggt aaagtaagag gagtcccaag taaagtaact attgaaaatg 87900
aaacatcttc tcatgacgtg tgggtattac ctacttacag tattgaatat actaatgtaa 87960
ataaaaatag tgaacgtcat gtagtatcag atttacaaac agttggtaag tttgtagagc 88020
aaggagaaga ggcatttaaa cctaaggaag tatcttacga gttggtagat aacattgaaa 88080
gagtaagaga aatattcaat aaggaagtaa agaacgacaa ttatgatggc gtagatatta 88140
ccgcatggga cttagagact aactcattaa aacctgataa agaaggaagt aaaccttag 88200
tactatctct atcatggaga aacggtcaag gtgtaactat acctttatat aaatcagact 88260
ttaactggga aaatggtcaa gatgatattg atgaagtctt agaattgctt aagaattggt 88320

566

566/758

Фиг. 19W

sequence.txt

```
tagctagtaa agaagacatt aaagtagcac acaacggtaa atgatttgct gttgtaaaat    88380
ccctctcata tcgggcatag ctttaagaag ctgataagag aacctaagtc ctgtaataag    88440
gatagtggta atcccgagcc tacattattg gtgacaatag atggggtgta gagactgagc    88500
tgaggttttg tagaccaagg tgagacatag tgtatcaact taatagaggt ggtacagtga    88560
aaaaagatta tatgacatca gttaaaaata acaaaaaagt atgtagaaga tgtaatgaag    88620
aattagactt atctaatttt aaaacatata aaaagaatga taaaatttat tatcagagta    88680
tgtgtatacc ttgtagaaag gaatacaata aattagataa aactaaaaat actattaaaa    88740
aatgttatga taaaaatgga gataagtatc ggaaacaagg taatgagtat aacacttctg    88800
atagaggaag agaactaaat aaaaagcgtt caagaaaata cagagaaaat aattctttaa    88860
aagctaaagc tagaaactct gtaagaactg cattaagaaa tggttctcta ttaagaccta    88920
gtaaatgttc agagtgtaat aaggaatgta ttcctgaagc tcatcatcct gattataaca    88980
aacctttaga aataaaatgg ttatgtaaat catgtcatga agatacacat cataaaaaat    89040
aatcacacta tgtaaatgag ggacatcaag cccatttagg taactacaaa caaacctaat    89100
ggtaagggct tatgaaggta tagtccgttc tgtatagaaa tatacaggct aaaacgaaat    89160
atgatattaa attcttaatg agtactgaaa actttaaaga ttttgagagt attcaggata    89220
ctaaagtagg ttggtaccta gccgttaccc aggaagttaa agaatcttta agattatctg    89280
atttagctta cgaggttacg gatgtcggag gatatgataa accattagaa gactttaaat    89340
tatggtttgt tactaagtta ttaagattct tctcagataa aattaaagag atacagaaag    89400
aaaataaaaa aattgctaag aaagagtatg atgttaaagc tcctgaatat aaagaatggt    89460
tagagaataa actaaatgaa acagtagtag aactagatga tactgagaag aaatttagag    89520
tcagtgaatt agagaaaaag tatattcaac taggtctttc acctgaaatt gtaaatatga    89580
atttagttat gaataacgat gagtttataa gtattgcaga acaatcacct gagtacatgg    89640
ggttatctga ctacgctaag tcttacacat taaatactgc aattaattta attaatgagt    89700
atagagatgt aaaagatgta gttaatgata ttgatggagg taactttaat tatgattggt    89760
tccctattga gttaatgcat ccatatgctt caggagatac tgatgtatgt agaagaattc    89820
attgtgatgt agttaaaaaa cttaaagaac aagatagacc taaatcaatg catttattag    89880
aagttaatta tccaagactt actaagtctt tagctaggat tgaatcaaat ggtttatatt    89940
gtgacttaga ttatatgaaa gaaaatgatg agtcatacga gtctgagatg gctaaaaatc    90000
atgctacaat gagagagcac tgggctgtta aagaatttga agaataccaa tacaatcttt    90060
accaaatggc gttagaagaa catgagaaaa agccaaaaga tagagataaa gatatccatc    90120
agtatagaga taaatttaaa gatggtaaat ggatgttttc cccaagttcc ggagaccata    90180
```

567

567/758

Фиг. 19WW

sequence.txt

aaggtagagt aatttatgat attttaggaa ttcaattacc ttatgataaa gaatatgtta 90240
aggaaaaacc atttaatgct aatgttaaag aagcagacct tacttggcag gactataaaa 90300
cagacaagaa agctattggt tatgcgttag ataatttaga attaaaagat gatgttagag 90360
aacttcttga gttacttaaa tatcatgcta gtatgcagac aaaacgtaat tcatttacta 90420
agaaattacc taatatgatt aataaacaaa aacgaacatt acatggttct ttttctgaga 90480
caggtacaga gacatcaaga ctaagtagta gtaaccctaa cttgcaaaac ttaccggcac 90540
acacatcaga tgtaaacaag tttgattaca aacatccaat taaacgttca tttgtttcta 90600
gatttgaaaa tggagtacta ctgggagccg actatagcgc cctagagatg cgtattattg 90660
gattatttac taaagaccct gatatgctac aatcattctt aaatggggaa gatattcata 90720
aggctactgc aagtattgtt tataataaac cagtagaaga ggtaactaag gaagaacgac 90780
aagcaactaa agcagttaac ttcgggttag ccttcggtga atcacccttc tcatttgcag 90840
gtaaaaataa tatggaagta agtgaagcag aagaaatatt tgaaaagtac ttccaaacaa 90900
aaccaagtgt aaaaacttct attgacaatg tacatgagtt tgtgcaacaa tatggttatg 90960
ttgatacaat gcacggacat agaagattta tccgttcagc ccaatcaaca gataaaaaga 91020
taaaaaatga aggtctaaga cagtcattta acactattat ccaaggttca ggtagtttct 91080
taacaaacat gtctttaact tacttagatg attttatcca atctcgtaac ttaaaatcaa 91140
aagttattgc cacagtacat gatagtatct taattgattg tcctcctgaa gaagctaaaa 91200
ttatggctaa agtgacaatt catattatgg aaaacttacc atttgatttc ttaaaagcag 91260
aaattgatgg aaaagaagta caatacccta ttgaagctga tatggaaatc gggttaaact 91320
ataatgatat ggttgaatat gatgaggaag aaatagatac atttaattct taccaaggtt 91380
atattaagta tatgatgaat ttacagacct tagaagatta taaagagtca ggtaaactaa 91440
cagatgaaca atttgaaaag gctactaacg ttgttaaaag tgaaaaacat atttaccaag 91500
aaatttaata aaagtattga caatatattt aacttatgtt atactatata ggtaataaat 91560
ataaggagga aaaagagtga atacaggaga gattagattt aatcgttcta tggatgaatg 91620
gattataaca agtatgtacc aggatgagct aggtgatatg aatattgttg ttacattcta 91680
taatagagaa gaaaataaac acggttctac agttttaccc acagagtcat ctactggaga 91740
agtaacagag gaattggcaa atcttgaaga agaatatcct ctagctttac ctttaagtag 91800
tatctcagtt aatatttaaa aggaggaact gataaatgga aatacacatt gattccctag 91860
attttacaaa ctttactatt aaagatagaa atgggaactc acaagagttt gatattacag 91920
atgagttaag aattacagag tatacaatac aagaggactt tatgcaacaa tcagctaaat 91980
atgctttttg ggcttctata ttagagaagg taagagcata ttctgaaatg gaacaaagaa 92040
atctagaaac aattggtagt aagctaaacc ttacaattag acaagagtac gaacaacaag 92100

568

568/758

Фиг. 19XX

sequence.txt

gtaaaaagcc tactaaagat atgattgaat ctagtgttta tattcatgat tcttaccaac 92160
aacaacttaa agttgttgag gcttggaatt ataaagttaa acaacttcaa tatgttgtaa 92220
aagcttttga gacaagaaga gatatgatga ttcaattagg tgcagaatta cgacaaacaa 92280
ataaaaatgg tggaattact aatccatttt cacattaaaa aataaagtaa agaatataat 92340
tgacaaatat aaaaaactat gttataataa ataagtaaat taattaaaag gagaaaagat 92400
aattatggat ttcaatcaat ttattaacaa tgaggcaagc aaattagaaa gcaataacag 92460
ttcttttaac aataatgtag agagctacaa acctaaaaac cctgtactac gtttaggtaa 92520
tattaaagat gcaaacggaa ataaggttgt taaagaaaat gcttttgtac gagtattacc 92580
tcctgcacaa ggaacaaatg ttttctttaa agaatttaga acaacaggta ttaactattc 92640
taagaaagat ggttctcaag gattcacagg attaacatta cctgcagaag aaggttcatc 92700
tgtccttgac ccgtacattc aggactggat aacaaatggt gttcaattta gtagattccc 92760
taataaacca ggagtacgct attacattca tgtgattgaa tactttaata acaatggtca 92820
aattcaacca aaaacggatg ctcaaggaaa tgtaatgatt caacctatgg aattatctaa 92880
cacaggatat aaagaattat tagctaactt aaaagatact atgttaaaac catcacctaa 92940
tgcacctcat agctttatct cagcaaatga agcattctta gttaatattg ttaaagctaa 93000
gaaaggtgaa atgtcatgga aagtaagtgt ttatcctaat gctcctttag gtgcgttacc 93060
gcaaggttgg gaacaacaat tatctgacct agaccaatta gcaaaaccaa cagaagaaca 93120
aaatcctaat tttgttaact tcttaatcaa taatgttaat aacacagagt taagtcatga 93180
taactttaaa tttaaccgtg aaacaaatgt cttaggtgaa gaaccttcag agcctaaaca 93240
agcacctacg caacaagatg tagatagtca aatgccaagt aatatgggag gacaacctaa 93300
tcagcctcag caaggtcaag taggtcagta tgcacaacaa ggtcaaagta atggtcaagg 93360
acagcagtta caaggtacac aacaacctat caataacacg caatttggtc aaggaactcc 93420
ttcaggacaa caaccaagta acacaggttc tgttgattgg gataacttag cgcaacaaca 93480
atcacaacct gattcaaacc cattcaatga ttttgatgtt agcagtgttg atgattcaca 93540
ggtacctttt gagacacaac ctcaaaatac acaacaagca cctgaaccac accaaactac 93600
acaagagcct ccaaaacaaa aacaaacgca aagtattgac gatgtattag gtggtctaga 93660
cttagataac ctataagata tagagtgcct tagagcactc ttttatttga gatataatta 93720
ctaggaggat attaaatggc aagagcaaaa aaaggtaaag aagtagattt aacagattta 93780
aatacaattg atttaggtaa agaattagga ttaacattgc tatcagatac aaacagagca 93840
gatattaaaa acgttatacc tacaatggtt cctcagtatg actatatttt aggtggaggt 93900
attccattag gtcgattaac agaagtttac ggtttaactg gtagtggtaa atctactttt 93960

569

569/758

Фиг. 19YY

sequence.txt

```
gcagttcact tatctagaat tgcaacacaa ctaggtgtta tcactatttg gattgatatt    94020
gaaggaacag cagataacaa tcgtatggaa caacttggtg tagatgtttc aaaactattc    94080
tctattcaat caggagaagg tagacttaaa aatacagtag aattatctgt agagcaagta    94140
ggtaaagaat tagaatactg gattgacact ttcaatgaaa agattccagg agtacctatt    94200
gtatttattt gggactcatt aggggctaca agaactcaga aagagattga tggcggtatt    94260
gatgagaagc aaatgggtct caaagcatca gctactcaaa aagtaattaa tgcagtaaca    94320
cctaaactaa atgatacaaa cacagggtta attgttatta accaagcccg tgatgatatg    94380
aacgcaggta tgtatggtga ccctattaaa tctacaggtg gtagagcttt tgaacatagt    94440
gctagtttac gtattaaggt tcataaagca tctcagttaa aacagaagag tgagttaact    94500
ggtaaagatg aataccacgg tcacattatg cgtattgaaa ctaagaaatc taaactatca    94560
cgaccagggc aaaaagctga agcagactta ctatctgatt atatggtagg taaagaagat    94620
gaccctatct tattaaatgg tatcgactta gaacataccg tatataaaga agcagttgaa    94680
agaggtttaa ttactaaagg agcatggaga aactatgtta cattgaatgg tgaggaaatt    94740
aaacttagag atgctgaatg ggttcctgta cttaaagata atagagagtt atatctagaa    94800
ttgtttagta gagtttatgg agaacacttc cctaatggtt actcaccatt acttaataac    94860
aaagtaatcg taactcaatt agaagagtat caagctcttg aaaactacta taaagaatgg    94920
gctacagata ataaacaaga agaacaagag gaagaactaa aaggagaatc tcaagaaaag    94980
gattctgaat aatagatgga taatttaata gataaaaaca tgagtcaggt aaaagaatct    95040
ttggggaacg caaattcctc agatgttctt cctttacctt ataaagatat agcaaagaaa    95100
tttgaagaag taaaagaaaa aggtgaatca attatcattg aagaaggtgg attcccttat    95160
acagattcta cagtgatgta tatagaacat gtaacagata gatgggcagg aggatattcc    95220
ttaattagac atgaaggtga ggaagttaaa gtacctaaga ctatccattt ctctgatata    95280
tatgttaaag ataaatcaca caaagtaaga ataatcttcg agggggctaa tccttatgaa    95340
gaaagctaat aatggtaata gatatgtaat agatatagat ggtatacctg ttgattttga    95400
aagagattta gatagtttac ttaataggta taaaaacctt agatggtctt tatatcatag    95460
atacgcaggg attttatcta atgattttga aagacaagaa ctaagagaat atattgatga    95520
gcaatttatt aaattagtta aagaatataa tattagaagt aaagtggatt ttcctggata    95580
tattaaagct aaactaactt taagagttca aaatagttat gttaagaaga atgaaaaata    95640
taaacgtact gaaattatcg gtaaaaaaga ttatacagta gagtccttaa cagaagattt    95700
aaatgaagac ttcgaggata atcaaattat gagttatgta tttgatgata tagaatttac    95760
agaggttcaa agtgagttac ttaaagaatt acttattaac cctgaaagag aagatgatgc    95820
ctttatcgtt tctcaagtag cggaaaagtt tgatatgaaa agaaaagaag tagcaagtga    95880
```

570

570/758

Фиг. 19ZZ

sequence.txt

```
gttgacagaa ctcagagact atgttagatt taaaataaat gcataccatg agtactatgc    95940
taagaaagaa ttaaataacc atagagttaa tactgaaaat catatttggg aaaactagtt    96000
acagtgcctt ccttgtgtta tattattatc gagaattcaa taataaagca tagggaaggc    96060
ttttttctat gtcttataga atgctttaaa atagattact aaaataaaga ttggagatta    96120
agcttatggc taaaaagaat gttaatgatg tattacaaca agaatctgtt acagtagcag    96180
ataagtattt acaagttaaa gttaaccgtg acggttatac tcgtacacat gaaggacaat    96240
atgcgtacaa agtagtttca gagggagaag aattattctt ataccctgta caaacagatg    96300
gtaaaggtac attaaatgta atgaagaaat cacctattgc ttacactgat ggagacaata    96360
tccatttcgt agtaaacaca gtagtagacc cttataatca ctcatttatc cgtactgaag    96420
atattaaagg attagataaa ggtaaacaac ttattcaagc tttcttagct ttcgttgaag    96480
accgtttcaa atttggtgtt tataacgtat ttgttgcaaa caacaaagag gatgtattat    96540
ctattgtaga ccctacagat aatgatgcag atgaagttaa agatagttta gagcacgcac    96600
atgaagatgt aattgcggat ttccctgcta gccctgctcg taaggacgtt aaaggcgtag    96660
attcaggaga aggtcaagga gacacttcag aaccatcagc acctaagaac gttcaagtta    96720
ctcctaagga agacggagca gacgtatcag cagaataata tatagataag gatggtaaat    96780
ttggctaagt taaatttata caaaggtaat gagttactaa acagcgtaga aaaaacagaa    96840
ggaaaatcaa caatcacgat tgagaattta gatgctaata cggattaccc taaaggtact    96900
tttaaagtat cattctcaaa tgattcagga gagtcagaga aggtcgatgt tcctcagttt    96960
aagacaaaag caattaaagt tatttcagtt acccttgacg ttgatagttt agaccttaca    97020
gttggagata ctcaccaact atcaacaact atcacgccta gtgaagcatc taacaaaaat    97080
gtgtcatttg aatcagacaa atcaggtgtt gctagcgtaa catcagaaga cttaattgaa    97140
gcagttagtg caggaacagc taatgttact gtaactactg aagatggtag tcacactgat    97200
attgttgctg taacagttaa ggaacctatt cctgaagcac ctgcagacgt aacagttgaa    97260
cctggtgaaa atagcgcaga tattactgta taagaggaca ataaagaatg gaaaagacat    97320
taaaagttta tagtaatggt gaagttgtgg gctctcaagt agctaataac gatggagcta    97380
ctacagtatc tattacaggc ttagaagccg gaaaaactta tgctaaagga gattttaaag    97440
tagcatttgc taatgattca ggtgaatcag aaaaagtaga tgttcctgaa tttacaacta    97500
aaactcctac tgaagaacct tcaggagacg cataataatt aagaccaact aaaaagttgg    97560
tctttttta ttgacaattt ataatatcta tgatacacta tataagaatt aagaaaagga    97620
ggggaaagta atggatattc caacaatatt atttagaaat ccatatgatt atacgaaagt    97680
aaaaaaatta atggaaaaca aagagcagta tattgtagta aagtttgatt ctgtttctgt    97740
```

571

571/758

Фиг. 19AAA

sequence.txt

```
tcataattta aatgttcaag gtatgatgaa tgtcatccaa gattacctac acatctatgg   97800
ttacagagtt aaagagtacg gacaagaaaa ttcttctaaa gatgatgaaa gagacgttaa   97860
aggctactta tatgaaagag taggtgagta gggtatggga attatagtaa actccaacca   97920
tattcaatca gacactttat atgagtatga tagctttttt gatattgaga aagtagatac   97980
atttgaagaa ggattgcttt caatacagga tgagccaact gttttagcag gattcatcta   98040
tgatgatatc acatttaata aggtcattaa ttctaattca gatattgatg actatattaa   98100
gaataatgat atttattatg tctctgatat aggattactt cctgatactt ttatcactgt   98160
tgattctgat agaaaatatt attcattatt acaacagata actgagttaa gtaaagaccc   98220
ttttcctaaa tgggtagagg atgatgcaaa aggtttaact aagtattata actttcaaga   98280
ttttgaagat gtatttgatt taaatagttt ttacaaaaaa gaagttgaca tggtaagaga   98340
aaagtgctat aataatggta atgtatattt attatatgag gttctgcctg attataaatt   98400
acctctagct tatagtttac tttcaaacaa ggagcatggt attgttatta tcggttcaca   98460
gacacgttct aataatgata tactgacttt ttatgttaaa ggtatggatg ctaaggcaat   98520
agctagtatg ttcaatgtag aacatgatta tgattctaat attttccata catttgtaaa   98580
cagtcacatt aatattttag gaaatcaaat aactaagttt ataagagaga aaggaagcag   98640
ttatgagtaa ctataaaaca atagaagaag tacaagcagt tattattggg gtattattta   98700
aagatgaagg taaaattata acatctaagt ttaataaaat tactaaagag tttggtttag   98760
atagaatcgg taaagatgac cttaaagaaa ttgtagagga tatccgacaa gacgcttatc   98820
taaatgaact taaaaacaaa gcaattaaag gtaaagtaac gttaggtgat ttaaaagatg   98880
ttgcagataa ccaagtattc gaaggtaata actaccatga agaagtatct acttatgtag   98940
tagctaaaga aaaagaattg tctcacttaa gagaacagcg taagcacaat aggcatactg   99000
catacctca aattatgttt gatgaactta aagaacatat ggttaaggaa ttacaagggg   99060
aaacattagt agaacatcac ggaagtaaag ctaatattaa tgatacagag ctaattgtgt   99120
tactatcaga tttccatatt ggaagtattg tatctgatat gactaatggt aaatatgatt   99180
ttgaagttct taaagcaaga ttaaatcatt ttattaatac aacagttaaa gaaattgaag   99240
atagagaaat ttctaatgta actgtttact ttgttgggga cttagtagaa catattaata   99300
tgagagatgt taaccaagca tttgaaacag agtttacttt agcagaacaa atctctaaag   99360
gtactcgatt acttattgat atcctgaatg tactatctaa tgtagtttca ggagaactaa   99420
gatttggtat tattggtggt aaccatgacc gtatgcaagg taacaagaat cagaagattt   99480
ataatgataa cattgcttat gtagtgttag attctttatt gttattccaa gaacaaggac   99540
tattaaatgg tgtagatatt attgataatc gtgaagatat ttatactatt agagatacct   99600
ttggcggtaa atctattatc attaaccacg gagatgggtt aaaaggtaaa ggtaatcata   99660
```

572

572/758

Фиг. 19BBB

sequence.txt

```
tcaataaatt tatcttagat agtcatattg acttattaat tacaggtcat gtacatcatt    99720
tctcagtaaa acaagaagat tttaatagaa tgcacatcgt agcttcatct ccgatgggat    99780
ataataacta tgctaaagag ttacatttat caaaaactaa accttcacag cagttattat    99840
tcataaataa ggaaaataaa gatattgata ttaaaacagt atttttagat taaggatggt    99900
taataaatgg atacaatttt tattataggt gtagcgttta taacttttgc aacatttaac    99960
atagtcttta gattatttga tttatggact acagagaaaa aaatggtaag tcaaggacaa   100020
cctccactaa gtaactttga gtactatcat gtgatagtac cttacttagt aggtgttatt   100080
gttattatac tgagtattat ttttagggat tccttgtatt ccgcacaatc agggttcggt   100140
gttattatta caagctttat ttacatgcta gtttatgtta taattggtct tgtagggtca   100200
tttgtactta caatattcca agctagaaaa gctagacagt atcaaacaca ggaggataat   100260
aatgaagttc aatgatattt atgagcaatt aattaaaaat gatacagtac aaaacattca   100320
tgagtctcaa gatgacaaag gaaatattta tacaatacag tttgataaag gtaatgataa   100380
gtatttattt aatgttatta atgatggatt cttgaaagaa atgacaaatg gtatggtaga   100440
ccatcctgaa ggtcagccat attcagtaag tttaatcaat aaagaaacac ctagtatgtc   100500
agtgaaacaa tatttaacag atgtagaaga tattgtacct actattagaa aaatggaaaa   100560
ggatttctta tagagtcaag tctttacttg actcttttta ctatatatgg tatattaata   100620
tagaggtgac ttaaaaatgg attttaattt tagtgctttt gataatagct cattagcaat   100680
gagaattagt gagggtgtat actatttcaa tgatacgcct tattacttta ttgagcatgt   100740
agaagaagaa atgtctgagt atgttattgt atatgacata catgacagag aggaaaaaga   100800
aaatcctcag aagaaatata gaatagaacc ttaccaacgt acaataccgg gaggaacacc   100860
tcttagtaat ttaattaaga gtatgatgcc tcaacgtaag tatcctaaga aggttacaga   100920
agaccctata tttgtagcta atgttattcc tttaggaaca gatacagtaa caggtaaaac   100980
cggtaaagga ttttttgaaa gagataagga tagaactatc tattctcaaa aggaaccaac   101040
taaagtcgtt catggtcaat acacaggtgt ttttataggt ctaacaagtg ttaagtggaa   101100
tagaacatat acccccttag aaagtgttgt tgagtactac aaaagggtta aaggagatag   101160
gttaaatgtc taatgatgta gttaagttct atgaaaaaga tattaaagac cttatcagaa   101220
ctaaaaaaca catgttcaaa gacgatgaaa taactagtga tataaacgat atacgaatct   101280
ttaatgagaa agtcatttgt caaggtaaat gtagaacaga ttgtttagtg ttagaccgta   101340
atggtacagt aatgggtata gagataaaaa cagaacgaga ctctacacaa agattaaata   101400
accaattaaa atattatagt ctagtatgta agtatgtata tgtaatgtgc catgacaaac   101460
atgtacctaa agtagaacaa atacttaaaa ggtataaaca taatcatgta ggtataatga   101520
```

573

573/758

Фиг. 19CCC

sequence.txt

gttacattag ttttaaaggc aaacctgttg taggcaaata caaagatgct acaccatcac 101580
cacatagaag cccttatcat acaatgaata tattatggaa gacaaactta atgacaatac 101640
ttagattgat tagagaccct catacgtata gaacagggta tagctataat gctagtggta 101700
gatatagtgg aggggaaggt aatttctccc aaacaactca aagtaaaaga atgaaaaaac 101760
ctgctattat taaccaaata attcattatg taggggtaga taatacttat aaactcttta 101820
caagaggtgt tatctatggt tataataata ggtgggaagt tatagaagaa gatttcttta 101880
atactatgaa gaatggggta agagtaatta atgagcaaag acaaaccaaa tagacgtaaa 101940
gagatacagc atcaacctgt taactttgcc cctacgaata ctttaacagg agctaataat 102000
agtttctttg ctaaaaatcc ttcagagcct aaagatgcaa catctgttat tgaatatcgt 102060
atactattta ttaaaagatt tgataacgta acaagtacag atgtgaaatt acagaaaaag 102120
tatgcactaa atcttattag tgaagcactt gatgttaaag aaacttactt gtctcttaag 102180
caaaaaggaa aaaaaacaga atctattttg catacagata gagtttatta tgttcataga 102240
ggtaaaaaac ttattggaaa gtgtagtatc agagagcaaa gaacatttaa gggtaaacat 102300
ttgatattta tattcaaaac aagacataga gttaaagcag aaaggaaaga taaataatgt 102360
taaaaggatt ttcagaacat gtagacaaac ctacaactag taagacctta tacaagacct 102420
taacaagtgg taaagtagaa ttactaggtg tatcttacga tagtgattac ttcccttcag 102480
gtgttacagt acaatcttac attgaggata taggtaatga agatgagggt ctacagtttg 102540
ttaataaggt aaatgtagta gaatcaatga aacaggctgt agtaggtatg aataatcaat 102600
taggttcttc aggtcttggc tatgtgagaa ctgaacaact taaaaaagag ttggaagaga 102660
ctggactaat gacagattta cttgctagag gtactaactt aacctctact aagaaagtag 102720
atattgtaag tacttttatt gagcctgagg taacatacca aaatattact atagctaaag 102780
atattaaact acgtttgtat aaagtagaag aagaatcacc attaaatggt tacactcata 102840
ttgtatactt acttactaca gaaaaactat atgatggtca aacactcttc ggtatgctct 102900
ctaaaaaaga taagttatct aaaggagata ctgataaatt attagcattc ttcagaaaca 102960
atagtttaat aagtaaaagt gtattttgtg ttaagttatt aagtaaagac tactacttta 103020
atttatataa tacacatgag acagggatat tctttttaga agacacagat gttattacta 103080
ttgcttgtgg tcagtcatat gttaaagtta acactaaaga tattaagtct agttatgtta 103140
aaattgaaga taagactcat aaattaactg agctagtaat taacctaaag ggtgacgaca 103200
cattaactat tttattctag gaaaatgtta taaatatgtg ataattaagt ataaatatac 103260
gttatataag aagttttcat aatgtttttа atacagaaac tagttaagtt ttttctactt 103320
gctctagttt ctgtgaaatt atatttatga aaagttaaaa tatcttttag gtaaaggctt 103380
tgtaaatagt taaaaaatat attaaaattt tatacaaagt agttaataaa attatattac 103440

574

574/758

Фиг. 19DDD

sequence.txt

```
atttatatat tatgaaataa taacagaaat tgtgatatat tatatagtgt aaccttgaaa 103500
cagttgatgt tgtagggttt gtttatgttc gttaaactgg tttcaaaaca tcagttacca 103560
taaataaatg acagttaagg agagctatat aatggctaga aaaaagaatt tacgaaataa 103620
aaacagtgat ataaaagttg ttcctgataa agaaaaagaa agtatattat ctaagctata 103680
ccataataaa ttactacgtt ctaaggtaga taatgcatta gatgaagata tgagttatga 103740
tgatattata gaactatgta aagaatatga tttagaattg tctaaatcag ctattacaag 103800
atacaaaagt aaaagaaaag aagctattga aaatggttgg gatttaggag aattaattga 103860
taaacgtaaa aaaacaagtg taaaagatat taaggaaaaa gaaactccta tattagaaga 103920
ggagcaactt tctccattcg aacaatcaaa acatcacaca caaacaattt atgatgatat 103980
tcaagtacta gatatgatta tttctaaagg tgcaaaagga ttagagtttg tggaaacttt 104040
agaccctgct ttaatgatac gtgcaatgga aactaaagat aagattaccg gaaatcaatt 104100
aaaaggtatg tcatttattg gacttagaga attacaatta aaacaaacag ctcaagatac 104160
agctatgagt gaagtattat tagaatttat acctgaagag aaacatgaag aggtattaca 104220
acgattagaa gaactacaaa atgaattcta caaaaatcta gatttagatg aggaaagtag 104280
aaaattaaaa gaagctcttg atagagtagg ctatacaatt tagatagtga ggttagagta 104340
atggcagatg agattagttt aaatccaata caagatgcta agccaattga cgatatagta 104400
gatatcatga catacttaaa aaacgggaaa gtactgagag ttaaacaaga caaccaagga 104460
gatatccttg ttagaatgag tccagggaaa cacaaattta ctgaagtatc tagagactta 104520
gataaagaat cattctacta taaaagacat tgggttctct ataatgtatc tgttaactct 104580
cttataacat ttgatgttta tctagatgaa gaatattcag aaacaactaa ggttaagtat 104640
cctaaagata ctattgtaga atatacaaga gaagaccaag aaaaagatgt tgctatgatt 104700
aaagaaatac ttacagataa taatggtaat tatttctatg cacttacagg agaaacaatg 104760
ctctttgatg aaaataaatt aaataaagtt aaagattagg gttgacagct tctatagttt 104820
atgatatagt atatgtatac taaaaataaa ggagctaaca attatgttta tttcattaaa 104880
tcaagaagag aaagaattat taactaaaga ggaaagtaaa tacacaccac tagaaacatc 104940
aagagagttt aacacaccta aagaagaatt cattgtaaca agttataacg aaggtaaacc 105000
cttagattac attgcaaaag aagctaaggt aagtatggga ttaatttaca cagttctaaa 105060
ctactataaa gtaggtaagc gtaataagaa atcacctgta gaagaaagaa ttgcacatat 105120
cttaaaagat aaaaacttag tcaaagagat tattaaggat taccaatata tgaatttaca 105180
ggacatttat agtaaatata atcttcataa gaatggttta tattacatct tagatttata 105240
ccatgtagaa agaaaatctg aacttaagga caaagcatta gaagaggata atattgtcgt 105300
```

575

575/758

Фиг. 19EEE

sequence.txt

tgagtaagta aagaggttat aatatgagaa ataaaaaatc atttcaagag cagttaaatg 105360
acatgcgtaa taaagagaaa tgggtatctg aagaggagtt cactgaagaa gtggctcctt 105420
ctgaagaacc tgaagtagaa gaagaaaaac tatatacttt aaatgagtta aaagagaact 105480
tactagatgc tcaaggatta aaagatgttg tagctgattt tcctgcatct aaagatttat 105540
atgaacctaa taaactatat atttgtacaa taccaaaagg atatcgttct acagaagtac 105600
aaccaggtca atatattggt atcagtacag gattattatc agaatcagaa gattttagtc 105660
atttaagagg tcaaatgcct agaaatcttt atgaaacttc tcatgtttta aaacctttag 105720
tacgtattaa taatacaaat ctcgaatatc aacagcatga gttacttgaa gatattaaag 105780
atgacaagaa gatatacgat gttgaattag aagacctgag attagtaaca ggagaagaaa 105840
tatcccattt agaaattgtc gatagtaagt tttttgaaag tcgtattaat gaaattctag 105900
accgctatac tgaattaacg gattccgatg atttgcttat atactatagt aaattacgag 105960
aattagttgg tagtgacaaa atgatttatt gttcactttt agataaatgt gttaaaatta 106020
tagattaata gttagtctcc tcttatatta taactgtaag aggagacatt tttgtataga 106080
ggtgttaatt atgtcaagaa aagcaagtat attctatata ctagtggtta ttgttttggc 106140
tttttctatt tcatcttatt atatatcttc tttcatgtat cacgacaaag caaagaatga 106200
agtctctact gagttatcaa acacgggaaa gattaaagaa gaaaagaacg tagaatttgt 106260
cggtgactat acacttaaaa aagtggaaaa taataaagct tattttatgg aaacattacc 106320
tacttaccta cccggtagaa caggagataa cagcatagat atgaggtact acaaaacaag 106380
tagatttaaa gaaggggtaa atttcaagct tattagggta tatactgaag atggggaaga 106440
taatccaatt cataagtata ggtttgaagc agtaccaacc aaaaagtaat aaggaggtga 106500
cttaaatgac aacattaatt gtcgtcatct ttattgctat catttattac ttatggaaca 106560
gtgattgagt caagttaatt cttgactctc tttttgtttt atggtatatt aatatataga 106620
aaggagagat taattatgga aatggcagat ttagaaagat tcgatacgtt tgtaagatta 106680
gtttcagatg atgagctttc ggaggagaga gcattagaat taagtgtaga cttattaaat 106740
ccgatactag aaggaggtac agcttaccaa gctaaaaaac gcattagaag taagttcggt 106800
aaaatagaag caaaaaactt taaaagaaat tataaattct tactcaagtc gatagctcaa 106860
atagaccaaa ggagatagga caatgataga aagggaaaag ttagttaaag aaattgaaga 106920
tgctaataga gacatacaat tgaggttaaa agaagtagat gattataagg atagtatacg 106980
ttctaaagga acaagaaact atgtatctac taaggtatta gattcagtta tggtagggct 107040
aattataagt ttctttattc ttgtaatgtt acgtgtactt gaatattttg taacaggtaa 107100
tgctgtttat tcacctttag cacccgcagt tattattatg tttgttttag ccttaggtac 107160
atggaaagta agtaaaatga ataaaatagt atcctatagg ggaactatta agatgtactg 107220

576

576/758

Фиг. 19FFF

sequence.txt

ggaattaagt aatgctgaac agaaccaagc taaggtattt aagtatccta atgatgaagt 107280
agatattgta tcaaaacata acttaagaca aataactttt agtgagatta atatacttca 107340
tcttaaatat atgagatata ataaggcagt agaacagcat actaagttat ctaaagaact 107400
ttttaaaaaa gataaagaaa ctgttgacaa gaataaataa gtgtagtata gtattactaa 107460
aggaggagag atattatggt tatacctagt attaaagcac aaaacaaatt caagaatgaa 107520
ttagagtatt ataagcaagg tcacattagt gaaagtaaaa tgttagaatt agcttttgat 107580
tacattcaag aattagaaca aaataatgaa tacgttacta atttgctaga agaggagaga 107640
tacggtgagt aaatttattg gagtgtactt atttaattta ttagtagtag cactaattta 107700
cacagtagga tttttattct tttatggtgt agctagctta gttattattt taactcatgc 107760
tactattgac ccgttcgtat tagctacttt cttaggaata ggattcttag ttattagaac 107820
tgcacacaga atcatggcac gagtaattaa tgatgcagta gctaaagcta ttaaggataa 107880
agaaaatgaa taaaggggaa tttattatgg ataaaacatt accaaagttt agtgtatatg 107940
aagttattgt aaagactgta attatgacac caacagaagg aagttctgac ctagaatcat 108000
tttacttttc aactagagag ttagcagaaa gatttgttga agaaaataca gtggaaacaa 108060
aaaacggtaa acgtgtatct tttgctgtta aagaacgtaa agtaaatcaa ccaggctaac 108120
attaatttgt tagctttttt tattgacaaa tcattttata tagtgtatag taatattata 108180
cagaaaagga ggaattatta tgaaagtttc agaagaagta aaacagagtt atctagagaa 108240
tagagctaat actaaaatgg ataagataag ttggtctgag ttaaggtcta gtcctttagg 108300
tattacctta ggtgatatta tattttatag tgtggttatt atagataaca ttatagctat 108360
tattttaact ttaaccttaa taggtactat tactgactca attgagagta ctttagccca 108420
aataatcgta gggatgttca taatcattac tatatatgga atcctatcag cgttaatacc 108480
tattctagtt cataaagctg tatcaccggg atggagctat actgaatgga atgaatccta 108540
ttacatcaga ttacctggag aagagaacta caagtactat agtaaatggt atttagattt 108600
attaggagtt aaagaatttt actataagag agacaatgga gaagaagtaa aagaaaaaat 108660
atatcatggg cttttcaagc tgaagtaaaa agacctgaag atgttaacca ctggaaaaac 108720
caattgctta ctaatagacc tttaacaatt ttagaatata aaaaattaaa gaaattagat 108780
aaggaaagtg aaattaggaa acaagaagat ttagaagaat ataaacaata caatagtaat 108840
taaagaggtg gaaagcaatg ataagctcat ttgatagtat actacttgtc atatacatta 108900
ttatagcttt tgcagtagct atggcaatta tctacttagt atttaaaggt atgactattc 108960
tactagataa gctaatgatg ttattattaa gtaaaactac attagatgta gaagcttgct 109020
ctatgataat ggcagtcatc agtacaattg tgtttggaat tattgtactt ttaatatggc 109080

577

577/758

Фиг. 19GGG

sequence.txt

```
tagcagtaaa taatatttta ctataaggag atttactatg gattttaatg actttataaa 109140
cagtgaatcg gatagggtag gtaagcctaa acaaaagaag aaggtagaga ataagctacc 109200
ttcttctact cctattgaag ataaggaaaa gaaattaaaa gagataagaa agaaatcatt 109260
atatattgat ttaaggagaa aaagaaatga ctaaagaaac aaatgtactt tacaaagata 109320
agtatagaga ttatactata gttgtaagat tagcagggaa tattattgtt actgaagtag 109380
ataagaaaca taaaacagca tttacaccta ttatatttga caatggtgta gaaggcgtag 109440
agcttgtaat gcgtataggt tctgtagagc ttagcatgac agatttacgt gagttcacaa 109500
aggaagtatc tacagctcag aaagctttag aatattttaa taaaaaactt tatattaaag 109560
gcttgacaga tgaagcattt taatatatac taaaagtata aataaaataa agaaaagagg 109620
aatgattatt atgttattag gaattttatg gtttatatgg ggatttgtat cgtactttgt 109680
attgatgttt ggaattgagt tttggaaaga tagatggatg ccaggtgtta tcggagcagg 109740
agctttacta ctattcttat tttggattat gaaatctatt cataatgcta tgacagtagt 109800
atacttgtat taggaggttg tatagatgat tgatatacta gttattcact atgaagaaac 109860
aaataaacgg gttttaaaag aaacaataca aacaatacaa aatcatttaa atgatgaaca 109920
tggtttggtt aagatgacag caacaaaact tagcagagag aatatagaga aaagatttaa 109980
taactataat atagtcattg cagaagatga ccctgataat tcttatcatt acggtgaagc 110040
tgtagaagac gcagatttta ttatagacat accaatttca tatttagata tacatgcagg 110100
aatagaatgg gatgttgata atcctgtaga tatgctagat aggaatcctg attttataga 110160
agctgtaaat aaactaaatg aagacttaat gttataagga ggaaatagaa tgctaaatga 110220
aaaactaaaa aacctggaag atacaaaagt atacatgatt aatagtattg caagtttact 110280
aagcgcaagt acaggaaaat caagtaaagt atttttgat gaaggaacta ttaaaattgt 110340
aagtggtgaa acaaaagcag tagaagttat tgataactta gttcaccctc actcaggacg 110400
tttacctatt aaaacaacag aacgtattgc gctaggtaga ttaacagatt ctttacagtt 110460
tgttatctca gaaatagaag tagttaaaga ccaaattata gatgaagaaa atgaagctta 110520
cattgatttt gtgatggaag actggaactg ggattaatgc ctatggactt attaactatt 110580
gcttctgttg cttttatagc tgtagtcatt attgatttga ttaatgatga tatgagctat 110640
atgcttactg gtactgcaat cttaataaat atttgggcgg gattttatgg atggtttttc 110700
ttactacaag caggtatgtt acttttctta ttattagcta ggaaggttaa agatgataag 110760
gagtcaatac tatattccag tgcttcatta atatgtgcac taggaatgat aataaatctt 110820
ctttcatttt cttaaaaata agtattgaca cctttgtact tttgtattat acttagtata 110880
taacaagtac aggagatgat taatatgagt aaagaaacaa tcagaagaca attttcaaat 110940
gcaattgaga ttatggcaac aactaaagaa tggtggaact tccctaaaag ttttgatacg 111000
```

578

578/758

Фиг. 19HHH

sequence.txt

aataaagaat ttaaaattaa aacttttaaa aatgatacac ttgtatttga agttagagaa 111060
ggtagtagaa acttaggaag ctttgtagtt tttacaaaca ttgattttga ttatgataaa 111120
ctagaaggaa cttcaacaca atatatgatt aattactttg ctaagaaatt aactaaagat 111180
atgtttaact atcataagtt acaattatag taggaggtgg aaagatgaga gaagagttaa 111240
aacctttaa taggaaacaa gttaatgtta aagggtattt agatgatgtt aagtactcaa 111300
agcgtagaag acataagggt aatcaacatg ggtgtgttaa aatcacagtt actgatgtaa 111360
agattaatgg tatacctatt gaccacgtta acattgaagt tggtatctct ttctatgaaa 111420
aactaaagga gcttcaagga aagagaatcc aatttgtagg cactgtttac aagtatgtta 111480
aacatgctag agggcgcaaa ggtagaatta aaggatttta taaagaggat tatagcgtaa 111540
ctttagataa gaagttacaa aaggaggaaa aataatgact gaatggtatg ctttatgcta 111600
ttatgataaa gtaggtaaaa agaaaatacc taggcaagtt agagcgcaca gagatatttc 111660
agtattagaa gaattaaaag aaagattaga agaaagaaat cctaatacag aatactctat 111720
aaaaacaaca aaagaatttg atgaggagag ataaggatgt taacaccaca acaaaaagat 111780
tcattaaaag aacaacaaaa gaaattaagt aaaaagaaga aataactgtt gacaaatgag 111840
tgtgcatagg ttatacttaa gttaacaaat aaagaggagg tatgacctat gttattcata 111900
atttttattc tagcagtatt ctttgtacta ggatttatta acggatggaa ctcagaagac 111960
taaaaaagga gtggttatag tgaagttaga agataaagta ttagaaagaa ttgattctct 112020
tggaggtaag ttaggtgata ttagccaaca tgcttgggaa gctttagtaa agtaccaaat 112080
tatatatggt attatagacc ttatagtagg tattgtagtt atagcattaa ctttatttt 112140
atggaaggta tttattaatc aacataagaa ggtaaatgat atggatagag atgatgatta 112200
tagtttacta tttgaagatt gtgaagattt atcaggcata ggtttgtttt atgtaatagt 112260
tacatcatta atatcactat ttgcatttat atacttaatc tatggaatac ctatggatat 112320
tataaagata ttaaaccctg aagtatttgc agtaaaagac ttaatagaac aagctaaagg 112380
aggaaattaa tatgaaacaa agagatttcg aatttgaaga ggattttgta ttaacttatg 112440
aatgtgagga ttgcaaacat ttcgaggatt ggggtcatga tgaagagcct gaagaatgca 112500
gtgaatgtgg tagtagtgac ttaattaaca atacaagtca tgaagacact gagtgtgata 112560
tgtgtaaagg atacattgat atgtggcaag atggttatag atacatggga gataataaag 112620
cataccttga aaaagaagat tcaggtttaa tttgtgaaga ttgctatgag aaattagata 112680
tttaataagg aggaatttat atgaataaag cagtagaaca agcaagtaac gcagtaggtc 112740
aaggattttc agccatggta tggcatcaag tattagtagg tctagggttt attttattag 112800
ggttgatatt atccttacta gtttgggtac tagtgaaaaa atttcatgta ccttttaatc 112860

579

579/758

Фиг. 19III

sequence.txt

acccaacagc ttttgttgta tattcaatta tgttagttag tattgttgct agttttattt 112920
ggggcggttt acatgtaatt aaccccgagt attacgctat cttagaactt aaaggtttta 112980
taaagtagga ggaattctat gactaaagaa gagttagagc aaagagtaaa agaacttgaa 113040
gcagagaata aagaacttaa aaaacaaata gaacgttttg aagacgaggg aggaaaaaca 113100
aaagatgaat agtagacaaa agaaaatttt aacattaaca gtaagtaact ttttaattct 113160
agccttagat actgtagcac taattagata taaaaaaggt aaaattaaac aagagaatta 113220
taacacaggg caaattacaa gaatgatagc tacaacagct aactcattag gtattcttta 113280
cttagaagag caagagcgta aagaagttaa agatattaaa gtaggtactt ttgaaattgg 113340
agccttaaaa agatttacaa ataataaata aaaaaagttt aagaaaccta ttgacattag 113400
gtttctttta ttatatacta atattataag aaataaggag gttaacttat gaaaggtatt 113460
atcatatttt acaaggaaga gaccaaagag gatttaggat attttcttgg gtttataaac 113520
tttaagctag aaggattatc ttacacaact gaaggtactt tagtagataa tgatgtagta 113580
gttttaaagg ataaccaaat taatgaggat aatttagagc agtttagtat gtcaaacaat 113640
aatttagtta ttggaatact aggtcattca tctctttcag tacgcatcta tgaaaaaggt 113700
attagacaag agtttgatag agtagaagaa tatttagagg agttgagaca ataatgatat 113760
ttatattaat ttttggttta ctatttattt tatctttact aggtattttt atttattcta 113820
tagttttacg aaagaaaaaa caattaatag aagaaagaga atcatttggt atttataata 113880
gaacaaaaga aaaactgggt gatgtaacac gtttagggta tgaggaagat gtatataagt 113940
taatccataa ccaatctaat aaaacaatca tagaggataa aaagagtaaa gttgtagata 114000
caattaaaaa gatgtatgaa ttagaattaa catctgtaga tgtttctaag gtagaaggat 114060
tatctccact tgatacagaa cctatgacaa atatgaaatt actttcatat aagctagata 114120
gagaaggatt atatagttta agtaaattta tttaggagtg atacaatgga atttatagat 114180
aaaaataatg taattaaagc ttatgatata ccaaatgttt atttaaaagg ttatgtatta 114240
caggcatgtg ataaaaatgg agatacaaca gcttatgatg gttatgacca aatacactat 114300
aaagaaggta gagtattaac attccctttt gataaaccat taagaaagat aaatgtacta 114360
tcaggatatt acaaactatt taaaaaggag gacataatat gatttatttt gttagtgatt 114420
tacatttcgg tcatgataat attagagaat tcgaagcacc tacaagaagt cactggaact 114480
cagtagaaga aatgaatgaa ggtttaattg agttgtggaa taatacaatt acaaataacg 114540
atattgttta taacattgga gacttctttt tcaatatgaa accttctaaa gtagaagata 114600
tacttaatag actaaattat aaagagatga tactgattgc aggtaaccat gaccataaga 114660
aacttataaa actatatgaa cgtaatggta ttacagtaaa gtacgcagac atgattaaaa 114720
aggatggtaa gagattttat ctaagccatt atcctacact aataggtaga aaaaacatgt 114780

580

580/758

Фиг. 19JJJ

sequence.txt

ttaatattca tggtcatata cactcacaat taatgggtac tgaatatcac atcaatgtag 114840
gttatgatgt agagggtaaa attgcctata gttttgatga tattataagt agagcaggtg 114900
aatataatgg agaaattcaa aggtaaagat ttatataaaa ctagaattag aaaacaaaca 114960
attaaaaatt tagttataaa aacagagaag ctacataata aacacggaaa gtatagacct 115020
attggtcatg tttattatta tccaaaaaca aaagagttta ctttatctaa acctgagcag 115080
aaaatattta tagagtatat gaaggcatta ggttttagtg ttaaacataa gagacgtaag 115140
aaaataatta tagtatacaa gaatgtgtta gatgaatatc ttagtatgta tcaggaagca 115200
attgaaagta cgtgttgaca attaaggtat actatgctat agtatagaaa aggaggttaa 115260
ctgatgaagc attttatttt gattttaggt attgtaattc tagttattgc attaggtatt 115320
gttttacctg catggatttt acaattagta ttatctgcat tcggtgttaa agtaagtatt 115380
tgggtatgta tcgggatatt tattttaatc agtgcagtag gaagtatgtt tagtagaaat 115440
taaaggagga actataaatg gcaaaatatg aatcaaatat caatggagaa aattatattg 115500
caacaccgtc acaagcttta agagaggcat tggcagaatt aattagagaa gaaaagaatt 115560
ttgcagagta tcaaactaag ggtgaggaac agtatgaatc acagttacaa ctaagacact 115620
ttgattcaat gatttctcag tatgaagagg ctattcgagt actagaggat agatattcac 115680
ctcagatttt tattccaaaa gataataagg aggaaaagta attatgaaag cagaatcaat 115740
agcaagattt tttcaggata aggtattaca aatagaaggg tataaagtaa gattcactca 115800
agctagttca tcatatattt tagatataga tactatggat gaatcagtat tgtttttaga 115860
tactgtagtt ttcactctat caggcaagta cttattagat acgcacatta caattaataa 115920
acctgagaca ctaagttcta atgaattata cacagagatt agtaataaac tacaagagat 115980
tgtaggagac caaactaaaa cagatataga gttatcaaaa tactttaagg aggtaaaata 116040
aatgagttca gaagctatta caaatcattt attaaattta aatcaaataa aaattaaaga 116100
atataatatt catgcttaca ttaaaaaatc tgtttgttcc ggtattgaaa atgcagattt 116160
tgaagtaaga ataaactata tagcagacaa agaccctaac tatattagaa ctattaattc 116220
tattattttt gttgattaca gtaaccgtaa tccaaaagaa attttactac agtttaaaga 116280
aaaaattctt tctattgtaa aagaacaggt agagattgat aatgatttta ttgaggctat 116340
taaagatatt aatacaaatc atgaactaga gaaattagaa ccttttatta ataaagaata 116400
ctattctatg tttaagtcat ctattgaaaa agaggtacca gtagctttat catctgaagt 116460
acttaataga tgtacaggta aaacaagcac actagcttat ttagctattg aaaaggattt 116520
acctttaatt gtgtctaaca attctatgat gaaaatgctt aaaaaagatt acccttctgt 116580
taaagtttcg tctgttgaag atttctcaaa ctataatatt aaaggtgaaa ttgtacttat 116640

581

581/758

Фиг. 19KKK

sequence.txt

agatgaagta gatgtagacc agttatatag tgcagataga gtttctgttg atgcactact 116700
agtaggtatc ataaaaaatt aaataaattt gtaaatacct gttgacagca ggtatttttt 116760
atagtatact ttagatgtaa agaaaaagga ggtagtaata tggttggtat tataatttta 116820
attgtcggtt taatattatt tttagctagt ggatataaat tagttttagg taaatattat 116880
gatgacatag atttaaagat gttatttaca atctttggta ttggtgctat actattactt 116940
acaggattta tattataaag gaggaaatta caaatgaact ataaagaagt actagaagtt 117000
attaaaaaga ataagccatg taaggttaga tttactggaa gtattttagc aatcgttaat 117060
aaggaattta atgcagatac tgataaaggt atactacaaa ttgatgtatc aaatattaat 117120
aaaaatgact acattaagtt acaacagtat tgtttagaaa gagatgatta tactgtagca 117180
ggagctattt tattttaagg aggagtaatt atgaattata gagattttat tacggattgt 117240
attagttgtg gttataaagt ccacattagt gttactgaga aaagagttca cattatttca 117300
gaaatgacat cagcatctta tccaaagaaa gaaattaatt tggatgaatt acaagcttat 117360
gtttattata tgaataattt tggaagtcag attacaacgg agggattata aatggaatta 117420
gttattaata ttatagcagt attaattggt atgtatggta tttacttta tgttacaaaa 117480
tttagtactg gtctatcagg tatcttaatt gtactaggta tggctgtagg tctttacttt 117540
tacttagatt acttaaatgt tagagagaat gttattcgat tagtatctgt aatgtttggt 117600
gctttcttat ttagtatcga gatgatttat aataagatta tgtttgaaat taaaaaatct 117660
aagtatgata agactgttag aacgtacaga ggagaccaat aagaatttta ctataaagag 117720
tacttaaaat aggttaagtg ccctatatgg taccttaaaa tggcttagaa ttgaaattaa 117780
ggagatgaaa agttattata gctactaaat atattgtatc tattgaacga tggtaaataa 117840
ggaggagtag ttatgaatgc taggaaagca cgtaagaaca ctaaaaatca taaagactct 117900
agtgtagtaa ctaaggagca acacctaact tatatctata ataagataaa ctacttgatt 117960
gcaaatagta gtagtcaggg taagacatat gtggtaatga acctaagaac aggttatcct 118020
gacgagttct ctttatctaa attaaaatat ctaaaagaaa ttaaacagca ctataaagac 118080
ctaggattta ccgtacaaac tcaagtaaga aagtcacggt ggtcagagaa aagtataatc 118140
aggtactact ttaacttagg ttatatagat agcgtgttag ttcctattat acacattagt 118200
tggtaattac aaggaggaat agttatggat aatccaaact taaataaaaa gacactgaga 118260
gctgtaataa gagaaatgga taaagatata gaagaaagag cagaagcatt aagaagagaa 118320
gagactagat taagtattgc tagggataat agaaaaaggc tttacattga attagagtct 118380
atactagagg aggaataatt atggatttta atttgaaaga ctatgctgta agacctataa 118440
cagacaaaga aggaaatatg gtagtaagaa cagtgtatgt gtgtttaaag agagaataca 118500
gtgattgggt agtagataaa gtatatggta gacaagagag ttctgaaacg tggttaaaat 118560

582

582/758

Фиг.19LLL

sequence.txt

```
ttatgcaaga aattagaaac atagagagag caaaactaag agtggagaaa tggcaagtta   118620
attagaataa ttagttaaag gagggaaaga tatgagttta tcagaattat tagagtatca   118680
taaaaatagt ggtaaggaac gagcagagta tataagtgat aatggtaatt gtagagtagc   118740
tattatgcat tatgataaat gggcagttgt aggagattta gagaatgcag tctttacaat   118800
tgagaagtaa tagttatgta cttatttgct aaaataatta ttatatctat tgatgttata   118860
cccttaatgt ctattattgt tgtacagtta attacagatt ataatgatag acattaagta   118920
tcgaatattg ttgactagta agaagaagaa aatattacta ttaagaagtt aaagttaccc   118980
gggaatattg ttgactaaca ataataagaa gaaaaaaata ttattactat taagtacctg   119040
ggaattcttt tacctctccc actcagccta ttacttacta ccgacttccc taactactta   119100
ttctatagtt atagtattca tttattatac aatacttaaa ctatagtatt ctaaccttaa   119160
tctatgctga agcggtatta atctattgtt attatataat aatcttatct aatagtggta   119220
taatctaggt tattacatta gaatgattct aatctagtat tttaatcttt agaccctagg   119280
aaaagtggta ctaaaatata gaaccctata ggtacgggat tcttatttttt aaaattacta   119340
aaaagtatta ggttttccct agggtaaagt tttaatgtac ttaaaatcgt aagtagctcc   119400
ttatcattta ggtctgttta attgagaata ttagaagata tccgcttcaa ttacaattaa   119460
gtgttgacaa tcatgaagcg gtatgttata cttagtatat aaattaatag gagatgaatt   119520
aaatgattat accattaatt atactcatga tgaccttcgg tacatttgca ttcagttatg   119580
ttgcacatga tgcatacagg gtagatgaaa aaggtatcat gtatgctatg gtagttggta   119640
ttgtagttat aaatgtaatt ggtttagaaa tgataattgt agaatgttta tagaggagat   119700
gatttaatat gattgatatt tatttacaca gtgaatatga taaagataag ttaaaattta   119760
tccttaaagc aataagggat ttttctccta gagaattaac ctacgatttt aggaatccaa   119820
aagcggatgt tagtatccag gaactactag gagatgacat agacatattt gaatctatag   119880
cattagatta ccctaatgat attaatatcc ttgtaggaga tagtggatac tcgatagttt   119940
atcagaatga ttttcttaca attagtggat tgagtacggc tatgaaggag gtaataggat   120000
gataggattc acaatattaa gtacaataat ggttatctta gttatagcta tgtacactca   120060
ggtgttagta gatatgattc agtcaatcag gtatgataga tttgataagg tacttaacat   120120
agtaacgttt atagttatga cagttgtact agtatcaggt attttaatta tgtttgacat   120180
ttagagctta tttaagaagc ggttaagtag ttaaggataa attggtctag aaatatacta   120240
ccgcttctct atggctcttt aaataggctt agaattgaaa ggagatggaa taatgaaagc   120300
aattgtatat tgtgctaaaa gatatagtaa gcatacactg aagcatattt tagaggaatt   120360
agaagcggag aatagtgact taacatttag tacagaaata tcagatttag gggaagtaga   120420
```

583

583/758

Фиг. 19MMM

sequence.txt

tattgttgta caacatacta aattaccttt ctcagaacta atggatttgt gtagtaaagt 120480
aagtaaaggg tctgaccgct tctatgtatt tgttggtaat cactcagggt attatataaa 120540
cggtgattta tatatcaacg agataggtaa gtttattaca tctagagaaa ctaatgttat 120600
gatgtagagg aggagatatt atgatagaaa ttagattagt tgaaggctat gataaaagtc 120660
agttgaagtt tatgttaaag aaaattaaga gagtagcacc tagggaatta acttatgata 120720
tagaagcggg gatagattcg gtagatgtta atattgaaga tgtacttcct cataaatcac 120780
cccaggagta tgaaagatat tcaatgttac ttgaagaaga cttatggata gttatacttg 120840
agtcaggtta tatagcttac tgggatggaa agaagtatgg tggtgaagct ttagatgata 120900
ttatatataa tatgtttaaa gggagaggga gactataatg atagaagtat ttttaagtaa 120960
agattatgat aaggatttac tcaaagctta tttagagtat attagaaagt ccgcttcaag 121020
agagttaaag tataatacta accatactaa aggaacggat gttaatattg aaaatattat 121080
tagttatact aatcaagagg ttcatcattt tagctcttac ggtatgtata gagatgactt 121140
atgtgtattc atagataata caagagtatc tgagtatctt aatggtgaac ctgtaggggt 121200
agatacaata tataaatata taaaggagat gtaatggatg tttaaagtat attatacagt 121260
ttatcataga caaagtatga agactattaa ggataagtta gatagaagcg gtttaatcta 121320
tttcttatat gaaacttggt ataaagatat aaataatgta tgtccttcta actataaccc 121380
ggaatttggt agtcttaata aagatataga catagataga ttaattgaag cggttaatga 121440
agaagggata ctacttatta accatggtaa ttatgttaca gtagaagagt ggtaggatgt 121500
tgacaaatca taagtagtgt ggtatgatta aggtagaaat tttacgataa actcgtagga 121560
taaaaccgta ggataaaaaa ggaggataga atatgataga tattgagata aaaatttggg 121620
atgaaaccct taggatgcag gttgaagaag aggatgtact ttccttctta tctaagttta 121680
aaaataaaac aacaggtgat aaagaagaat cttatggagt agggttagat gaatctaaat 121740
ggaaagtaca cccattctat acacgttatg aggtacaccc tgaaggatac gttaggttga 121800
aggatactaa aacacctgta atatttacta agtatagaaa agaacttcac cataaaccac 121860
agtttattag ctctaatata atggatgatg aaggtaagca tacagtagct ctacataagt 121920
tagttgctga tacatttata cctattccat ggtatttaca gggatataac tatacagatt 121980
tatcagtagg cttgaaggat ggagattatg aaaataaaga agcggttaaa gcatataact 122040
tagcttggta tgtaggaagg atacgaggta atgctccaat gattaaactt atggacttag 122100
aagatgatag agtattatac tttgctagta ttcctcaaat agagaacttt attagagata 122160
ataaattaga ccctaaacgt tttaattaca aaactgaata aatgataagt agagagggct 122220
taagtagtcc tcttttattt aggttagaat aattagtaag tagctcctcg taatactaag 122280
tagttcctga ttttttgata tagttgtaag tagtcccctg gtaatccccc cagtttatcc 122340

584

584/758

Фиг. 19NNN

sequence.txt

caaccgcttc aagcagaccg caataagaat ccccaggaat tatattccca gggatttcta 122400
taatttttt atttaattaa gatatgtttc aatatattct tcataaattg cacttgctaa 122460
atcattgtac ccgtcttttt gtttttcctc cattaaccaa ttgtaatcta cacttaaact 122520
gaataaataa tctttttctt ttacatcaat taaatttctt aattcattct caaagatatt 122580
aacttgatac acatagttta ctttttttaa taggttgtgc acctctttat tcaattcttc 122640
tttagttccc tcaaatttaa attccattgt tatcaatcct tttcatttag ttgttaaggt 122700
gtttgattac cttacaaata ctattatatc agattgagga taaattgcaa taggtttttg 122760
aaacttttt aaattctttt tgtgttgact tgatcgacct ataacaacta tttagtaggc 122820
ttttttgaat atgtttttc tgtttcttcc attataaaca aaaaataggc tcataaaact 122880
ttttaaaaga atttgtaaat atgtattgac ttattaatca tatgatagta atataaaggt 122940
acagcaaggg aacagcaaca agatattaga attatataaa aaaattattt aattggagat 123000
gatttaaatg gatgtaaaag aaattgcaaa tactataatg gagttgtggc aaatggacgg 123060
ctacagatgt acagaaccac cattatatga aagcacatta aaccatacac gcacatatac 123120
ggctttaatc gtaagcatta aaggaaacta tgacactgtt caaatgttcc gcaaaacgcc 123180
tataatgagc atgagagggc aagcccaacc ggctagtatg ttagtaaatg taattgatga 123240
tgtgattata atcgtatatg aaaatgttgt ttacggggta cagaataaag aaataaaatt 123300
tattgaagaa atttaaaaat aggggttgca atacccctta agatgtagta atataataga 123360
tgtaagggat agcaacacac cttaaaaaac tttttaaaaa gttaaaaaaa gtgttgacac 123420
cttacaagat acatgttatt attagtatag aagttaagac aagccacata gcaaataacg 123480
aaattaaata aaaaaattat agaataggat ttgattatta tgacaaacaa aaattactta 123540
tatgaagaag ctcacacagt acaagggaac gaaattacgg ctttcagaat tccaaatgac 123600
gcaaacggca acccacgtta tgtagtgcat ttcatggatt taaatattaa actagcagac 123660
tatgacaaca tcaataaact ttacggattt aataaatatc gtgctaaatg gtttggcggt 123720
ggtgtagtat tccaaagcta taatatagaa gatacattaa attttgcact agataaagtt 123780
aaagaaatag aagcggttaa gaattaaaac cgcttctgaa ttaaataaaa aatttatata 123840
aaaaggatat gataatatga aatttaaaat agaaaaaaat aacagtgata taaaaacttt 123900
atggaattta gctaaaaatg gatatatgag ttatcaaact gtacacaata tatttaaaaa 123960
tgaatcagat gaatttatta tatttaacag taaacaaact tataataaat ttatggaatt 124020
aagatataat agaagtgcaa tccaatagta taaaaaaatt atacaattcc ctgggattaa 124080
attcctaggg atttttattt gttttaattt atataaaaaa attatttaat aaataagtta 124140
gtgtaaaatt gactattgac aaggttgtat tttttatggt ataatgaagt gaagaccttt 124200

585

585/758

Фиг. 19ООО

sequence.txt

```
tttagtataa aaaaattatt atataaaaaa tttatattaa atggttttaa agcgggtctt   124260
tctcccaacc ttgtcattta tatagcggaa gggttaggct ggttaccgct gttttacttt   124320
ctatatatag aatactatga ataatggtaa ttgtcaacac ctttcagaaa ctttttttac   124380
tttcttttat tattatataa aaaaattata catattttag ggctccactt ccattatata   124440
ataattcggt attaatgtca atagataaat gtaaaaaagt tttttaaatt aatttcatta   124500
aatccattga cttgtgtttc tttctatagt aatatatagg tataccaaca agggaggcaa   124560
tacaaatgct aaaattcaaa tggaaaaaca aaacaattaa atcaactcaa aaaacggata   124620
acattctatt acttattata ggtggtttag ttgcaacaat cacacctaaa cttgtaaact   124680
ggtttttact actacaagat aatataaata ttttttttaag ataactattg acaacctaga   124740
aacaacatgt taatattaag ataacaaata aatcaataaa ggaaatgata aaaatgaaaa   124800
aaatcacaac aactttaaac ttaatcggca tgaaaaataa tgaaaggttt acagaagagt   124860
taaaaaacta ccgtcaagat gttactttct tgaaagcaaa taaaattgta aaatattcaa   124920
aataaggctt gacaacttaa acactacatg ttattattaa ggtacaaggt aagggaagcg   124980
gtcaaccgct tccaacctaa ataaaaaagt ttaaaaaaac tattgacagt cacttgaaac   125040
catgatatta ttaagataac aaaaaacaaa cagaaaagga attgattata atgaaattta   125100
tcaaaactat cgaaaactta ttaactaaag cagaaaacaa agggcaagca attttaaacg   125160
gtcgttatta tgacggatat agaaacggtg agcttgaaga aaaatacgca atcgaaattg   125220
agggaaacaa attagttatg cgtcactggg gaacacaaac aattgagatt gacttaggta   125280
tgaaagaaat tgtttcatac tatggagaaa gcaactcaga ccgtgacagt ttaaacacac   125340
ttgtatattg cttaggaatt gcgccaaact ttagatactt accaagcaaa gacttattta   125400
tttacgaaaa ttaattaaat aaagggcttg acttccaagc cctaccatgt tattattaaa   125460
ttgtaaggta atcaagcaca acgacaaaat aaactgaaaa ggaattgatg aaaatgttca   125520
aattacaaaa taaagtggaa attatcgtac ctaaatatac taatagtggt aaagagattt   125580
caagccctgc aattaaagaa gcggttaaca atgcaactaa aatatgtgga ggttgtacga   125640
taactgaaat caagggacaa tggtggtcag acgatgaaca acgtattatg gaagatgaca   125700
acttaaatct tgagtggtac tatgacaaag gtatgcaaga catgaacgac caacaagggt   125760
tattacaagc cttatcaaag attgctagac aattgattgt attctatgaa caagaggcaa   125820
tcagtataaa aattaatggt acactatata ttatagatta tgaagattta gatttattat   125880
cttatgactt atatgaatta atgtttaaaa attaaataaa aattttatat aaaccgcttc   125940
ggattaaatt cttgaagcgg ttttttatgt aaaatttatg cttgacaaat gtattaaaaa   126000
atgagataat agagtgacaa ctttttttag tataaaaata atattatata aaaaagttat   126060
agagttttta aggctccaag tccattatat caattttact actggttgtc aatactttct   126120
```

586

586/758

Фиг. 19PPP

sequence.txt

```
ttttttatat aataatttaa ttatcttaaa gataccgtcc acctccatta tctcaaattt   126180
tgcccccaaa gtcaagaact ttctttcaaa taatttattt aaaaaagttt ataaaaaggg   126240
ttgacttatt ttgtactata gtgtaatata taaagtgtag taaggaagcg gaggaaataa   126300
cctaaaaaaa gaatttaaaa aacttttaaa aaggtgttga caaacttcca aatacatgat   126360
aatattaaga tagttagaaa aacaaaaaac gaaaaggaat tgataattat gaacagatta   126420
gaaatagtaa aagatacggc aatggaatat atccttatga tggataacag tgttatggac   126480
ggcgttatga cacaagagga atacaacgaa gcggttagct ttgaaaaggt gtatgactat   126540
actctatcag aagcaaatca agaatgtaaa ttcttaggtg gtaaggtttt aactttccta   126600
gtacatgaag caatcgaaga atacgcataa aaaaacttaa taaaaggggt tgaatgtcaa   126660
cccctaccat gttaatatta atatatacca aatgagagga attgataatt atgagatacg   126720
aaatcgtaac attagttaat ggagaattat tcatgtttgc aacatttaag aaagcagagg   126780
cagaaaataa atatcaagaa tggtgtgact tgtacggtca agaaaatgtg agcatggaaa   126840
aaaattaaaa taagcggttg acaaactaac cgcttcatgg taatattaaa ctatactaaa   126900
gaaaaggaaa tgattacaat gacaaaaaca atcaaacaat tagaaagcca acttgaaaga   126960
ctagaaagaa aatcagatga gcaactagca aacggatatt atgaagcctt tgaaagaact   127020
tgcgcacaaa ttagagaatt agacctacaa atcgaattaa aaaagaattc agaaactgtt   127080
taaaaaaatt aaataagggg ttgacactta accccttaga tgttattatt aatacataag   127140
gtaaaacaaa taaaggagga aaacaaaatg atgatttgga tattgatttt tatggtaatc   127200
ccttttgtac ttggattcat taacggttgg aactcagaag aagaaaatta aaaaaagtgt   127260
tgacacttta aaaaatacat gttaatataa atatatacta aagaaaagga attgataaaa   127320
atgaaattat taaacagaga caatgaaatc gtaattagca tagcaacatt agagagcgta   127380
aaacaagcct taatttggga atacatcgac cacatagata ataacatcct agacagtgaa   127440
atctatgacc aagaagcggt tgtcgttact tctaagactc tacaatcaat aaaatttgca   127500
gacactatgg aagacctgca ggaatacatt gcagatatca attggaaatt agtttaaaaa   127560
agttttaaat aactgttgac accttagcaa atagatggta atataagagt ataaagaaaa   127620
acaaaaaaac gaaaaggatt tgattataat gacaaacaca ataaaaggat ttttacaaac   127680
agaagaagca agcacagtta aggacgtagc aactcacgga gtacaaagcg gagcaattgg   127740
cagattaatc tatacatcgg acgtagtaaa attctttgat agacattatt cagatattga   127800
agcggtagta ttagacttct tagaaggctt tacaggtcaa agatactatg acctattaga   127860
ttatgacttg atgagagaac tcgaagagca tgcaaatgta gagtttgaag acgaagacga   127920
atataataat attcaatttg acttagcaga aaatattgct tctgatgaga ttgaaggatt   127980
```

587

587/758

Фиг. 19QQQ

sequence.txt

cgaagacatg gacgaagccg agcaggcgga tgcagttatc gaagctatgg acgatgtaga 128040
attagagata ctagacacgg ataaggtgca gtttgttaac ttagcagttg agattgtagc 128100
acaacaaatg caagaagcat aagaccctgc aggaagcaca cagagacaca cagagaagct 128160
taaccgcttc tctaatataa aactattagg agatgttgaa catgacaatt aaagagatta 128220
taaaccaatt acaagcagta gaaaataagg aacttgaact attcgtatgt gacaaggaag 128280
gaaataacat ttcaattaaa gatattactt tgtttgatag tgaagcggag cacacagaaa 128340
acaacccatt agggattaac tattaggagg tttataattg aacattagag aggttcataa 128400
tgtcgttaag agtgcaaaga gcaaactcct acaggagcag aataatatta ataatgtaat 128460
gatagatgac tacatcacag aagagcttca cagacgcaca cagagaagcg gaacaataca 128520
gatgaacaat aacaccgctt catatagtaa tggctcatat ggtagcttag aagagattag 128580
agaagcttat gacctatctt cattatctac taatgagatt aaagaactgc ttgaaacatt 128640
tgtttaaatt attttatcaa aacgctttac aactatttaa tttgtatgat ataatgaact 128700
taacaaatta aaagaaaagg aaatgatgaa catgagagac ttacaagaaa gaaaaagaga 128760
attgaaaaca ttactattta acttagctat agagaagaac agagcaactg acgagacact 128820
aagaagtgta ttagaagaag cccatcaaga ggtaggaaac caactaagaa aagtaagaaa 128880
agaaattgaa attttagttg aagaaaaaga aagagaattt tggaacgatt tcgactttaa 128940
tggattagac taagagggaa taaaatccct cttttatttt tatcctatta tataattttt 129000
ttatattata cgggggcagg ggtaaaatgc cactcaatgg gggtgggtct atataccccct 129060
atggtctacc caggtactta ttttttgggg aaaattatga aaataaatat tctaaaagtc 129120
aacacccccc tattataagt caacattaca accctaccct ataagtcaac aatttataat 129180
ataaatagat agcccttaaa tataaagtca acatatctaa aataaaaaag ccacccctttt 129240
aggagtgact tagtgtttta atattttatt tcttctccta aaatgagttt gttttgataa 129300
ctacctaatc ttgtatatat cttactatta gggtctgatg aatttatact atttgtgcta 129360
ccataagcta tacaactatc taaccacata tgactacctg atgaagtttg gaaatctttg 129420
ccttggtaac tttcgaaagc ggtacatcct aaattccaag attctgtacc ttcatttaca 129480
tctgcgacat taccgccatc atttctagca taaataccgt ttactcgtat agctttaaga 129540
ccatcatgag ttgtggaacc attatttgat ttagtacctg ctgttccttt ttcgaatcca 129600
ttttctaaag ctgtacaatt aatttcaata actaaaggtt tagagctatc tgcacctata 129660
tgataattaa atccatccat atagttatta ttagctacac tattattgac gataacttct 129720
ttacctccaa caatttctaa accattacca ttgacttggg aagcatagct cagtacacag 129780
ttattaatat atacgctatt gtcttggttt aattcaaacc tagcaggtct agctccaccg 129840
tacagattta aattttcaat ataaaagtca gttggtacac tagatactat taggtgttgg 129900

588

588/758

Фиг. 19RRR

sequence.txt

gatgataata gcggtacaac ttttttgtta ggttctatgg aaccgttatt aacataaact 129960
tttgtaccat cagagtacca agaaaaaagt gtcgtatcta ctttatctaa ggaggtaaca 130020
tttgtaaact ccctatcatt attaaaatct actacccttc taacggcgga acgtgtaaat 130080
tcataagtgc tatctctacc tgatgtttta gtccaagttg gctcatctgc cataaataag 130140
tttacatttg agcccaaacc aataatatta atactcttat tacttattgg tggaagcaat 130200
gtgcctccta ctctaaagta atccccgtca ctaacataaa gtgtatcccc attatttatt 130260
atgccttgag ctttttaaa tgttttaaag ggggttgatt gagaaagacc gtcattagta 130320
tcattaccat tttctccatc aacatagtaa gatttacctc ccctaagttt aaagttctcc 130380
atatttaaag aagtggaaaa cttacctaaa ccatctgtaa aaatattatt gacaagcggg 130440
tggtctttaa ttaagtaatc tacaggagtg aaaacaggta ttttatacga tgtttctttt 130500
ttcatagaaa ttttcatatt atcaatttct ttgattaatc ctttaatgaa ttcctcatta 130560
ttaactgttt gtattttctt agtagaagaa ccatcaaaaa gtagaaactg ttttatattt 130620
acaggtgaag taacttgtct tgtatctatt cttaaactaa ttttgcttga attttccggg 130680
atatttatat tattaattgc aaatgtcgtg tcatttattt tattaagttg agtaattgtt 130740
tgtatatatg aaccatcaga atcttgtatt gaatactcaa atgatgcttt cgggtcaggt 130800
acgtcatctg ttattatttt agcactaaat gttttacctg gtgcaagttt ttcaacagct 130860
ttaactgtgt aaaataacca accatttgaa ttaagtgtaa aagaaccatc ggggttcatg 130920
gtattttccg gtatactgtt tctaattgta atattagaga aatatgtttt atctactgtt 130980
gatgggtata aacgaatgtc ttctccatta tcagggtaca ctattaaact atcttccatt 131040
gttttattta cttcttgtaa attagagtca ctaggattaa caaaaactct caatgaatct 131100
aattgttctt cggtaaatct atcaaaagta aagtctttac ctggttcccc tgttttacct 131160
ggctctcctg gttttcctgg ctctcctggt tttcctggct ctcctggttc acctttaatg 131220
gacttaaccc attcttcttc tgtacctgta aaaccattat ctactgctat atcataagct 131280
gttttaggtt taacagttaa gatgtcttta gcataaaaag taatttcttt gtaagaagat 131340
tctaatgtag taaattcagg aactacagtt ttttccgact catagttatc cccttcccaa 131400
gaaacataaa actccccttg agggtactta gtatgaggtt ttaaatttgg tataataact 131460
gaaccttgct cagtatatac attataacct atggctagta tattgccttc tttatcataa 131520
gcttttaaat gtggcattta taaatctcct attctaatgt gttagtacat ataatatatc 131580
aaattgaata aaagaagagt attagttacc cttctttatg tttatatcgc agtctacgat 131640
attaagttca tgaatagtaa tcatatccat tccatcgaat cctcttgggt ctcctttaat 131700
gaactcttgt tctcctctat aattagtctc ttccctatac ccttcttctt taatacgttt 131760

589

589/758

Фиг. 19SSS

sequence.txt

aattaatttt tccttatttg tatatacatt gtcttctcta aaatgaaaat tatcttcata 131820
aggttcacaa ttatcatgtt ctacttgata tagtttcatt catttgtcct cctttactct 131880
ctataataat catatatttc taagtaaggt gaaaatggtg aatcacctct agtattaata 131940
ataacttcac cttcatgttt acttatctct gtaagctctt ctagactatt aatttctaca 132000
caccatcgtt ctagtgtaaa tggattacct ttttggtcta caagttctag tttctttata 132060
taggcaccct ctataggctt tttattaatg gtgcttgtcc tatctataaa aaattccatt 132120
agttttcctc cttttcataa gaccattcac catattctgc gttaaaatgg gctgtatccg 132180
taccctcgtc ttcatattct acactatacc atgcatcctc ttctgtttct gcatctatat 132240
atcttacttc ctctgtagta ataatacgtt ttactttaaa tctctccata ttagttttcc 132300
tccttatatt ctttataact tttaataaca atcttacaga tacctctatt aacagctaaa 132360
aacaataaaa atgataacag agttataact gctctagtat ctcctgtgaa aggtaatact 132420
ttaaatagta aaacactttc taaaacactt gtagctgtga tagttgttag gtataagata 132480
gttagtaaat aatcttttaa ttttagctta acaaaaggtt ttttattatc ttgagttctt 132540
actataccat atagaattat aaaccattct acagttacga gcatagttat aaagtaatta 132600
tttatgtcta atgcatataa accataaatg atacctgcag gaataccaat aatgaatgct 132660
aaaaatacag agagtataat tagcattata agaagagcta caaggaatcc taagccttgt 132720
tttgagtact ctagtgtatt ctttcctatg gctttaaaga atgttttatt catctgctac 132780
ctccttgtaa tatacagtat ctatatggat aatattgtct ttgaaccata tagatgtatc 132840
acctttgtta gattctaaaa atttaacacc attaaaaaca agacccccga taaaagaatt 132900
taaattagtt ttagtatctt tttgctttat aatagtagaa gtccctgata catcatgaat 132960
ccttataaaa ttaatatctt tttttacttc ctcttcttta tgtttttaa atatcattat 133020
tcttcctcct ttatattctc ttctaatatt tgttttaacg tctgacaatc tttttggtct 133080
aaagtattcc aactttctag attttgtaat tgatagtgaa attcatttac aatttcatcg 133140
aaggcttctg ctttttggta gacttcttgt aactcttcta attctttttc attatcaata 133200
caccagtagt tctcgttgtc agttataata tcttgaattt tatttttata ttcataagcc 133260
attatttatc cctcctcttc tatagaatta ctttccgtaa tagttacctc tagcatgtta 133320
ttgtaatact cattcttttg attgatattg tagtagtcat tatattcatt aaagtctaca 133380
taagtgtatt catttgtatc atcatcataa ataatatcta tagctgtaat atctgagtat 133440
gctgtaatca tttcataagc atttgtatta tccggataag caaaaccaac ttgagatatt 133500
tctttagggt tatcaataag aataccaaaa taagtacatc tacgtgttcg acttatatgt 133560
gaagtaccat agtaatctat accttctgta attccatcta catggaacct ttttacatct 133620
ttaggttcta gtcttacaac atcacaattt tctaatacta aatcaatata ttttatattc 133680

590

590/758

Фиг. 19TTT

sequence.txt

attttaattc tcctctttat ttaaacctat tatatacgca atggactcta acatcttcca 133740
ttactttacc taatagattc tgacctttcc agttgctttc atctaatatc ttagggtcat 133800
ttgctttaat acctacaccc catattttat catagggtga tgcttctacg aaatctttac 133860
gtaaatctgt atctagtatt ttttgtttta agtgtgtagt cataaattta tctttaacca 133920
cttctaccat aatgtcatat ctcaccttat tccattgctc ttcattaaaa ttacgaactt 133980
tacgacctag acttttagca tggttcggat gcttagcatt taatatttct cctgctattt 134040
gccagtcttt aaaatattga gctttacgcc acataaaggc ttgttctgag ttattaaatg 134100
ttcttccttt gtgtttaaat gttattgggt aaaagttaga atagatatct tccttacccc 134160
aaaacataat gtattcttta gtctctttca tattatctct cctttaattc cataatgatg 134220
gtaatacgat tttaaagtta tctagaattt tgttttgtac ctgttcaatc tcgtcctcat 134280
tatcaacatc aaagctatcc attgattcgt ggtagaattg aattaaactt aatatatgct 134340
ttatcatatc tatctgtgtt ctttcttttc cttctatatc agtaaatgta tggtactcca 134400
tatccacatg attactactt tctacaaaag catttaaatc agcatatagt tgaataaaga 134460
aggacatatc atagttccaa tatttaggtt catttctacc taattcttta ttcatttttt 134520
tgtatttttt attctttttt aatccaaaaa cttctttttc aaagtcattt aatttaagtc 134580
ctttaaaata tcttttcttc atgagtttcc ctccaattta ataaaaggta aatctatatc 134640
cctgaataca gcacctacat cacacattaa catgtctcca ttaatttcta cttctccact 134700
gtcagttggt gtatgaccac atacataggt aaaaccatct tttctaggtt gaaagtctct 134760
tgaccatatt aattggtcaa ttgtttgttc ttctacaggc ttccaactaa ccccgcctga 134820
atgagagaat atatacttgt cttctttata gtactttcta caattaacca taagtatttt 134880
aaattttcta tagtcgtctg attctttaag tttctttagt tcacttttaa taaaatcata 134940
attacttctt aggttttctt ctacactact atactttaaa gttaccgtac tcacaccgta 135000
agagttaagt gtttctatac aatatcttga gagccattca atatcataga tacttaatcg 135060
gtctacgttt tccataacat tataaaactc atcatcatgg ttccctaaca gagttactac 135120
attatcatca ttagacatta aatcaaatat atagttaaca acgtcttttg acctttttacc 135180
tctatctaca taatccccta aaaatactat tgtttcttta ggttttcttt cattgtttat 135240
tttatccata attgttaata atttttggta ttctccatga atatcgggaa caacgtatat 135300
agccatctaa tctcctcctt attgtatata actatcttac catacttagt aaaaaaagtc 135360
aataaaaaaa cacctattaa tttaataggt gtttatcatt taatgttatt ttaaagtatc 135420
attaccatgt gctaattttt tatcatctat tgcatggtca ttataaatat atttaacctc 135480
tatatactgg tcttcacttt tcagtgcatc tactatagaa gcattattag ttattgagct 135540

591

591/758

Фиг. 19UUU

sequence.txt

```
tgttctaggg taagtaaatt tttgaccgtc agataaaata atagtaacat caacttcaaa 135600
gttaacaggt agtctgtatc cataatcttc caaataatta ataaagttat taagagaaaa 135660
tggtttatac ttgccatcta aggtatagtc aatatattca tttaatgcat cagtaagttc 135720
tgattctgtt aactccattg tatcataatc tttttcgtta tagaatacta caacattatg 135780
ttgttctata ctagaatctc cgtctttata cttagatata aaaaatccaa tatttccttt 135840
atgctctaaa taatctgctt tcataatttt aaatacttct tctgctatag gttttgctaa 135900
tagtgttacc cattcacctt tttctgcgtc ataaacacta ggtagtacgt ttaccatcat 135960
ttaaatctcc tcttcttaat ttattggttt aaaccacaat ttactcttat cacttggttc 136020
tgtttcacta actacgaaag agttagaatc aatgtttaaa gtattaaaaa caatttcttg 136080
tttgtcttca ttacttttttg ttgtaaattc gggaacatct gttaatatag actctttacc 136140
attaatagtc catgatattt taaaagaccc ttggctatac actgtattcg gtgtcagttt 136200
ttcaattata attttagcgg atgcacctgt aatttttttct gaagatttta ataatttacc 136260
tttggaatca tataagttta atgttctctc cacaaatttt atctccttta ctatattttg 136320
tacaattaat ataacaaaaa aacacctatt agtttaaata ggtgtccgac agagctcccg 136380
tacttagatt acggttaata atattttacg acaactatat gagaccctct gtcgttgaaa 136440
ctcttgtcac tgcgttattc cacaagatat tttagaaggt agcttgtgga agaagattgt 136500
ttttaaaggt acaattagcg tttttaagcc tattcgatac ccaggacact atgtccgtac 136560
taactattac gtcaataaag gttctacggt ctcaattacc tactctttat tgttaaaact 136620
aaaattaagc ttgagtgctc tagaagccaa aatcaattaa ttaactatag atacggaatg 136680
gagggacact accatccgga gtctacggtc agatacaaag cctctgccgg gcaacatacg 136740
gtatctctcg tacatcaggt tgactagacc tttagagttt ttcactcctt ctcttataac 136800
cagtaactta ggagaaatag gttttactta gtagatatga aacaataaat ccacatacaa 136860
tattaaatca tagtcaagtg attgcacata tgtctaatac ctataagttt tttgctagcc 136920
tggtatatgg actctgcagg attcgaacct acagtcaaac cgttatgagc ggttggcttt 136980
acctttaagc taagagtcct agaaatatcc tgagagagga ctcgaacctc aacgactagg 137040
tagctacatc tagccaatgc cattactcag gattgctagt aacgctaaat agaattataa 137100
cgttaccgta gacctttttct acgcttggta gataggtaaa atataatgat ttcaaagtac 137160
ccatatagtt aggctcttat tctcattata aggttaaaaa ggctaactgt gtttagcatt 137220
atataagagg ctttagttaa ctactatact aatagtatac cataaataat acttaatgtc 137280
aagttaattt atcaattgaa tccataattt ttgatgtact tcttatatcc gcttctttac 137340
tgtgtttaag aagatatttt                                           137360
```

592

592/758

Фиг. 20A

sequence.txt

<210> 781
<211> 166679
<212> ДНК
<213> Неизвестен

<220>
<223> Описание неизвестного организма: бактериофаг F387/08

<400> 781

cgttagcacc tttataaccg atggtgaagt aatcctgacg agcatactgg tcgatgtata 60

cacggtagcg accacccaga acaccagcaa atactgcttt agtggtgtcg gtattataac 120

cacgacccag accctgagct gccggagata cgttggtatc aacagctgcc agtacgttaa 180

ctacgttacg ggaagcgata atgaagttac cttcaccgcg accggtctga cgagcgattt 240

cagcggattc tttgtcaatc tggaacagca gagctttaaa gctttcacct gcccaacgag 300

caccgcggat atcaatcggg tcttggaagt cgaatacacc agctttagaa ccaacagtct 360

gggtcatacc agatttacca acctgagcgg agtagttaat ccagtcaaca acttcacggt 420

tgatttccag cataatttcg gtagccagga ttgaactcaa ttcagcatca gcgtccatac 480

cgtgaacagc acggaggtcc tgagccagtt cgatggaata ctgtgctttc agctgacgag 540

atttcgcttc gatagtttgt ttatcgatac ggaagcccat ttcattccac gggttatctt 600

tagaaccgtt aaatgcttct tgcagttcag caacggaagt agccatacct tcggcgattt 660

ctacaacttt accagcttcc agagcagcag taactgcagc gtccagttta gcagcatcgg 720

tagcaccagc gtctacagtg aaatcttcaa caacctgcag atgagcacga ccggtctgtg 780

cgaaatcgtg aacaacgata tcaccaacag tcagagcagc accagcttta actgcttcaa 840

acttctcggt tgcaccctga ccagagaaca ttgcatccgg agcgtacatc ggatggaaag 900

cttctttagc accagcagcc agagggtctt tgccgtaaac agcgcggaga gcgaatacct 960

gaccggttgg gttagacatc ggctgtacac cacagatatc gaaagcaatc aggttaggga 1020

593

593/758

Фиг. 20B

sequence.txt

```
tagcacgacg aaccataccc ataactgccg ggccaatctg ggttacagca ccagaggtct    1080
gaccagctgc gatgttctgt gcatcataac cgtggtcacc gccaatttct gcttcagaca    1140
ggaaagaacc aaatgcttca gcgatttttt catcgcggta ttctggagcc tgattaatat    1200
cagcttcctg gttttcaaaa atcttagcga tcagagcttt tttgctagcg ccaacaattt    1260
ccggcagagc ttcgttctca agcagcggct gccatttttc gataagttta ttctttttca    1320
tgtgttgtat aacctttaa attaagaaag acgagccgct tgggccacat aagcatccat    1380
aacggatggg gttttagtcg caggagtttc ttctactgct tcagttgtga agtttaaacc    1440
gtctgcttct ttgtcgatag tatttatatc ggcagattcc gttacagact gctctacaga    1500
accctgcacc atttcaacaa tagctttcag cttagttgaa aatgcgtcag aataatccat    1560
gccctctgtc agagaaacta ctttctcttt ttgggtatca gtcagttcac gggttgcttc    1620
ttggatagca tactcacgtt gggcataatt gatatactca tcgcgcttag aaacttcttc    1680
aaataaacga gcagtttctg ctttttgctc agcaagttct tcttccatct cagctactac    1740
gtctactgat tcttcaggaa ttacaacgtt gtgctcaaca aacagctctt tcataccgac    1800
aaacatggat tcaaacaggt cagctttaat accgcggtca accgccagct ggttttctgc    1860
catccattct gcagcgatat ggtcaaagta tttagaagca gcttctttca gctcttcgcg    1920
agcttcttct ttagcttttt ctttttcttc ttctactttt tcttctgctt tctcagcaat    1980
cttttcaatg tgagattctg ccagagctac ggcgtgtttt ttgactgttg cttcgaatac    2040
agtgctgaag ttagctttag cttccggaga aagctgaact gattcgaaaa tactgtcaag    2100
agcgacggaa gcatcgatag ttttagcttc ggtcattaaa agttctttaa gcatttttga    2160
tgtcctgtgt taagttacat aattatttat aacgctttta acttctctgc gagagccata    2220
aaagcatcat cagcactatt ggcaacttgt gccgaggtat tttccgaaat ttgtttcggt    2280
tgtacccatg catccggagc actaggaccc caaactgcgt ctacaccaac agtcaggcga    2340
aagccttctt gtacgatgtt atatcctttt cctgagtctt ttaaagaacc gagcccgcgg    2400
cttgatacac caggaatcca accagcacgg atgttagcgg ctaatttatc acctggaccg    2460
tggtctcctt cgatgattct tgcacgccca taaacatcgt tgcctttcca ccacatatct    2520
tcgataatga ttgcggcttg catcgggtca acatttgcgc gaggtggatg gtttaattct    2580
cctagagcct gacgagtagc aacctgttcc ttaatataac gacttaccgc agtctcaaga    2640
atgcgttttg gataaagacg tttattacgg tttactactt ctgcctgcat aaaaacacct    2700
tcaatataca gaccaggttt taagccagat tcattttcgc cttcaacgat aatagattct    2760
agcatgggtt taccatcaat tacatcgccc ggttgacccc aatgctcaat taaaagttgt    2820
tcattgaggt tttccattaa cttagcccca gagcctgacg gcgtttaagt gctttcttac    2880
```

594

594/758

Фиг. 20C

sequence.txt

gtttacgtaa tccacgagtt tgagccgatg gattagcacg ttttgatttt actgctttac 2940
gcgcgatttg acggcgttta gctttagaaa gtccagttgt ttggaacgcg ttacgctcac 3000
gtgttttacg atccttagta cgtgtaatag tacctttaga atcaacatgt ttaacgataa 3060
attcatttag ttgtagagat tcattgattg aacctaaagc aattgctaaa tcaggctcag 3120
aaacaacaag attctctaca attttattta tatcatcttt agagagcgct gcggacaact 3180
tatcaaaacg cgcctgggct tcaggaagaa gagcttcgac agtgtcgata actaattcat 3240
gattttcagg cagtataagc attactcgtc ctcttcgtcg tcttcgtctt tatcagactt 3300
atcttcgtct tcgtcgtctt catcttcgtc ctcatcgggc tcttcaccct caatcatgac 3360
agacgctgcg ataaattttt tgcgctcttc aattaaacca gatgtccgtt cagccataat 3420
tgcaccaaaa gctttttttgg ctgctacgag gtctctggat tcaattgcgg aaatataatt 3480
ttccattaga aatcctcttc attttcttgg tcttggaagc gagcctcttt agactctaat 3540
tcaatttgct tggcttcttg ttcaatttct tcatctgaca tctgaaggaa gtctttcatt 3600
gctgtcttat gagaaatata cttgccgata aacggttcag ccattgtgag catattgatt 3660
ctacgctcca taacttcagc atctttcaac tcggtgaaat atgaatcttt atggaacaca 3720
atcttaatat tatttatttc gtcttcccac tcatctttag acaaaacttt tttaagaatt 3780
agattagtgc gaagtggatc aagcataatc tcttcgaatt tatgctgtaa tctacgaata 3840
aatttagcaa aatcaagctc atcgcgagta attgctgtgc cagcatcaaa ctgcacaccg 3900
ccttgattat ttgcatccgg catgcgcgaa agaggaactc gcaatgccat gtataacgct 3960
gttctaaagt aacggacgtc atccatatca ctcatacctg acataccagg aagagtatct 4020
acttcagtaa ctgctttacc atctctacgc tgcaaccaat agtcttctgt cattgacata 4080
ttatgttgct gatttttaat cttaccggtt gatgcatcat atacaacgcg atttttcatc 4140
gtgttcataa tatgttgcat atgagctgcc gctttacgag aaggcatatt accagtgtca 4200
atgtaaaaca cacgacggtc aggagcacga gtaatacgat aaattaccaa cgcatcttct 4260
aatagcttta actggttggc gggtttaacg gctcggtgta aataaccgat gatgttttga 4320
cctgaacaat caactagtcc agaatgtgca tatacgatag catcgcgtgg aattttaatt 4380
ttcgttccgg cggaatataa tctgccatct gcataataac tttctttgcc agtatcgtaa 4440
atgaaatact ctttgtaccc cttaacgatt ttagtaccag cgtcatcagc agtaacgatt 4500
tcacggatga attgtaagtt gcgcgggtca agacgtctca gttcctgaat tccgtctttc 4560
attttcttgg tgttgacgat tttatggaag aatattcttg agtcaacata ccaacggcgg 4620
aaatggtcag cgccctttcg ctcgaaatta aggcatgtta aaactgtatt aaactcttca 4680
agaatgcggt ctttaattgc ttgactgaag tcagtagaat ctaaatcaag agaaactact 4740
ggatgaccgt cttcgtatac aactgcgtca gaaactattt cttcaacagc attgtcaact 4800

595

595/758

Фиг. 20D

sequence.txt

```
tcgtagttat tcattaaact acgataagtg ttgattaaat cagcagttgt tttcattcca     4860
ggttcattgg aaccaaacat catttggttg aatgaattgt actggatttc gttttcgttt     4920
gattcaactt cacgagctcc atcatcaaat tttggagcag tgattgactc taggtcattg     4980
ttgatttgtt gcttatattc agcttcgtcg cgtttttccc acggagcgaa taagtccaaa     5040
atatgaaagg ccattggagt ctccgaaatt atctataagt atatttatat cgaagataaa     5100
catgctttat gatatctcat aattgcacta cgtgttgact ccactccgca tactggacaa     5160
gtcattcgtg gctggtttat ctttttttcct ttgttagggt gctcttttcc gaacatagga     5220
tttctttcac ccgacattgc tttagaatgg tcaggtcgtt ttcttccgga taatttaata     5280
gagtgatctg gacgttttat tcctaaccgc tgatgacgtt gtttttcttt agactcttca     5340
ctcatttttc ttcctttagt tgacatccca aagaaaccgt ttggttgtgc taaagccata     5400
tttatatacg aactggattt aactacgtcg tattttattt gcaactcaag ttcagcttta     5460
gaagcttcct ctcgagtttc atatgtgttt aatatccggg ttttgaataa atgaggatta     5520
tcatgttgct cactcttcca gaggtcttta tatttcttgg atttaactga gccatgataa     5580
ttttcatcaa taattcgtga tacactagta gaaccgatgt agcgacgggg aagtttattc     5640
cccgtgtata ttgtcaaata agtacagaac attaatacct ccacttcgtt gttagaggta     5700
tttattcagc attattccca ccaatcgata gcaaaggtag tttcaaacgt ttctatctca     5760
ttattcgaat cccaatccat ctgtacttca ccaacgttag ttggccacag accagtaatg     5820
gtgtgttcat ttgtgatagt tttgccatca cgactaaact ggcgtaccgt agcaaccttt     5880
ttgtaatcgg ctggagtcat accagagata tcattgcctt gagcgtgggc ctgagcctgc     5940
caagcaataa ttgccttacg tacttcgtgt ttatcatcgt tatagatggt aacagtccag     6000
tcgtcataag tacggtcacc agcgacgtta atcttacggt tcatgtaccc gactggaact     6060
ttttctacga tacctgccgg catcggtgct gctttacatt tgaaactgaa gttacgaccc     6120
agataaggaa tttctacctc aaacaggtta ggacgcgcaa agtcaccaga ttcaaacgca     6180
cgagtgatgt ctgttaattc catcgttgtt tcctatagat atttatatag cctctcgatt     6240
gactacatca tcgtagaggc tattaaagtg tgcggtaata taatttatca tctaaagatt     6300
agatgacccc agaatgtcct ggggttcata ttactgtggt ccgattaact catcgaaatc     6360
tgcaccagtt gccgtagcaa cgaagttcag agtgatatag ttaattgaac gtgccggctt     6420
gatgtagaag ctcgctacaa actcgttgcg gtcgataact gctggagtgt tattcgtggt     6480
atcacataca actcggaagt catatacacc acccagagct ttaatacctg cgaggtattg     6540
gctggtttcc atacggaaag aactacgggt aaagttatcg tttaattcaa acagctgcca     6600
cttagaagaa tcaccgatgt tgttcttcag catgttaaac aagcgacgaa cgttaattcg     6660
```

596

596/758

Фиг. 20E

sequence.txt

gtcaaacggt gttggaacag tggttgcagt cttatcaccg aacagaatga aaccttcacc 6720
tgtaccttga ccagtcactg ggttaatacc tgcttggtac atgcggtcac gatgtgcctg 6780
acgcggttca attgccaatt tgatgcaatt taaaatctga ccacgacgat atccagctgg 6840
tgacatccaa ggctgagcaa tatcatcagt acgagcacac aggcctgcaa tatcagcagc 6900
taacggaacc caacggttta cgtcgttata tttatcatac tgatatttat agttaccatc 6960
aattgctgcg tacgtagtat tgatgttcat gttagcagaa tcataagttc catcgccttg 7020
gcgccagtcg attaaattat caacagcacg agtcagagga atatttacaa tcgttgacct 7080
tggaggcgaa atgagtgcta agcagtcttg acgctcatct gcaatagacg aaacgtgttt 7140
ttgtactgta cttgcgattt catcggtttc accagcacaa gcaccagcaa tcagaaggtt 7200
tacacgcaat gcttcacggt caccaaataa atcccagcct tgaattaaat cgccagccgt 7260
aactgattca ttagctgaaa ccccaccacc cagacgaata acgccggaaa atccttcagg 7320
ccatccttgc gcagtagcaa atacatagcg tgaagaaccc ttggagaaat aatcgtccat 7380
aaagatgttg tttccgtaga tatctttatc ttggcggctt gttgataaca ccgctgattc 7440
aactacagca ccatctctac gaacaatgat agcgtactga gtatcggtct gaggaccata 7500
tccaaatacg gcttttgcgg ttgatgcacg ctgtccacca ctcggataaa tcgtcagttg 7560
ttcgccttta tcaaaagcgg cttttgatac aatttcaatt tccagttggt ttccgagctc 7620
gccaggatac gcagctacaa ttccaggcat tttatattgc gcaagcgcag tctggaattc 7680
agtttttgtc atttcttcat gggcagtttc atgttcagtc agtagaactg tagactcaga 7740
aataatttta cctaaagtaa tgacagcgga aacaccagaa ctctgtgaag taatggtagt 7800
tgtccacgaa gaccctaaat caggatattg attaatgctt tttgcatatg caataatctt 7860
cgatgtcgga atgaacaccg acttaatttt tccgtcacta tctacttcag taactgaacc 7920
ggtgtcatct acggtttggt ctgcatattt aaccgtaatt ttatcaccaa cttcatagtt 7980
actaccagca gtagtgatag tccattcaat attatcaacc aatggagatg cgtttttagc 8040
agcttcacgg ttaactacac ggacggtgcg tagatcatta ccatattgca gaaagttcat 8100
tgctgacata aagtaatcag cagtttggtt attagggccg ccaaacatat caaccagttc 8160
aacttcatta gtgatttgag taacttgata tgcaggaccc cattggaact tcccgacaat 8220
tgcggcacga cctgtagcgt taagtactac cgtgctctgt acgctcgttt ctttgagctc 8280
aattccagga gagactaaag gcatgatata tcctcaatgt tgtttgcttt ttattattta 8340
tacaaatgaa agaccatgtt cttgaggcgc atattctgcg ctattcacgg cgtcaacgaa 8400
cactacagga gcgtaatcgt cgttcatatc ttctaattcg cgtttaaaaa cttcagatgc 8460
taaacgcatt tcatctttat ccacgaaatc agcaaatttt tgctgtgttg ttaaccatgc 8520
gaaaattacg agtgacataa ttaaatcgtc atgatatcca tcttctgccg cccaggatac 8580

597

597/758

Фиг. 20F

sequence.txt

```
tcctttctca gagaaagtac gaaattcttg aacagtagca cgatggtgaa taatgagttt     8640
atctttttcg ataaggtctt ttagtgcaga acatccaacg gcttttgacc ttttcgtctg     8700
tttcattcct aaatcaacta ttgaatcgca aatgacattc tcatattcta aatccatata     8760
aagactcttc gctacagaaa cacctgtaga gttaagttct atatagatcg gagcttcgtt     8820
gtactccatt agatatttaa taactatatc cgggaggatt aagtgagaaa ttgtattaga     8880
atgtaatact ccaacttgtt cccattcaga tgtagtaacg tcaataatat ttagtgcatg     8940
gtaatcctga ccgcgtcctt cagcagagtc aagagttgca atatatttgt ggtctgcttc     9000
cgcttcttta aatttataaa acccgtgcga gtcaggagta acttcaatcc aatccatatt     9060
ggcaagtttc ataccggaaa tgagagtacc ggatgtgcca tgaaattccg cacagtgctc     9120
ttgtttaaac tgttcaagag aagaagcact gatagtttga agtgaccatt gccacccatc     9180
atcaaacata tcttcgtcgt tatatagacg ttctttaacc gagttccaaa ttgcagtata     9240
aggcgtaaag ccggatttac cttcaacagc tgcagtccaa atatcataga agtggtttaa     9300
tccacttggt gtagtcgtga taataatttt agaacgacga cctgatgaaa taacaggttg     9360
gatagcaagc catgcatcta tgaagtttgg aataaacgca cattcgtcaa tgtaaatcat     9420
tgcaaatgag ttaccacgaa cggcatcagg actcgaagcg tatgccccaa tagatgagcc     9480
attatctaat tcgattgagc ctttgttcca ttcaacaata ccaggctgaa gaaagtcagg     9540
aagtaattca attgcttgct tagtacggtc gagaacttcc gcagacattg agcctttatg     9600
cgcaagaata cctactgctt tatccttatt aaaacacacg aagtgcgcaa gaaagattgc     9660
tactacagta gttttaccga gctgacgact gaggttacaa caagtcatac gtttggctgc     9720
catgatttcc agcatgtccc tctggtaatc acgaagctgg actttaatgg taccatagtc     9780
aatgtgagta attgcacagt aggtctctgc gaagtacaca atatcgtctc ggcatttctt     9840
ccattctgca actatttcac gggttagttg cattttaata tttgctcgtt taaggtttgg     9900
caatcccata tagcgggtgc gcttattatt tttgtcctta aacgtttgga aatgagctgg     9960
gtcttcacct tgcaaacgaa ttttaactat cccatgcaac ttaagatagt cttcaaattt    10020
ctcaggatac cacttatcat cccattgcga tttaaagaaa cgaactccgt tttcaatttt    10080
cgtttccatt tcagacgggt gacgaataac cgtcagtttc ccgtcattta aaggatgggc    10140
atcactcaga acgttaaacg gttgagtctg ttccatttac tattttctct cgagcttctt    10200
gtgcttcata ggcatcaccg aattcatcca tcatatcagc ggtagaccct acaaagactg    10260
ttgcattttg aatattcatt ccttgctgag gattagctcc ctttccggtg ccaacctgct    10320
cagaagtaat gtctttcatt tctttatgaa gcttaagaat ttctttgttg gttgtagtca    10380
tctgacccat aagagttgca aatacttcca tatgtctagg agaatcagca ttcttagcag    10440
```

598

598/758

Фиг. 20G

sequence.txt

```
tttccaaaaa tattttagct gcgtccatta acatctgttg ttggaagtgc atgttcttgc   10500
gaacaaccga ataatcatct tcgaggtcag gtttacggtc atttggatta gatttaactt   10560
caactaattc aagtttttca taaactggaa tttcttgtcc ttctattcca ggaattcctt   10620
cgatgtctaa taatttagcc atatctaatt gtaattcact cattttcac ctctcggtcc   10680
aggagcctcc ggatttaccg gaataggaat atcgtgagaa taagtttgtt tactagaacc   10740
atcccaattt tcgtgttgaa catctcgtgg agtgacttcg ctatctactg attcaaagtt   10800
tccttctgga gttaactcct tgctgttagc gaagaaatct aaataaatgg ttctaatttc   10860
gccatcaatt tcagctacag gcggatacaa ccagccattg acttcaaaca tcagcgacca   10920
ttctaatcta cggcgagtga tattatctcc atcaacagct tcatcctgag aaaatgactg   10980
taatacaatt ctaacatcac gattaaagct tgtgtctttg tcgtaaagct cagttatagt   11040
cgtgttaaaa tgcggctgaa aataaggaac gatttgctcg atgatttgat acatatcatc   11100
ttgattgcgt gtataaattc ccaattcaaa aatcatctta atcggagtag gattatactg   11160
agatgtaatt tttgaagggg ttttatatga tttggttcta ttcaactgtg atgttttata   11220
catcgcattg tattgcatat caaccaagtg caaattcatt cttggcaaaa cagtttctat   11280
ctttgcttta ttctcggtag actgaatagc agtccatttt ccgagttgag aaaggaactt   11340
ttcctttgaa gcataagtga taggtacttt aatatatttt agtccagtgt cttcacgcca   11400
acgagcaatt tgtacatgag aaaataaatc tccaagcaat acaatgtatc ggcgtaagga   11460
cgaattatac caatgtccaa acatgatttc tcctaaggga cccaaaggtc ccatctttat   11520
tttatttatt cgaagaaccc gtcatcaaac gaatctgctt taggagggga ctcaagtcct   11580
cttccgttat taacataata cggatgaaca tattcagagg cttctttatt gatttcatca   11640
ctttctgcgt attgtatatc agaaatatca gcaagagcat ctatattttt gattggttct   11700
aaatcaagct cagaaaattc aggaatatta atgccttcat tacgttgcaa ttctggctga   11760
agctgctcac cagaataaat gtatttttgt gcagtaatct tgcgttgaac attttgacct   11820
aactgataaa atggatcgta tggctgaacc cagttaattt cgaataatga gttatccata   11880
ggaaaataaa ttaggtcacc ggcttttggt tcagaattat tagtttgatg cttgaatagg   11940
ttgggattaa tagtcaaatt gacttcatca ttaaccatca taccaaattt actaaagaat   12000
gtgttatcgc cagaatatcc ttcaaatgaa tctaaataag cagcaaattt ccaagctttg   12060
gtgaatttac ttgatgggtc ttctccaaaa agcaaatcag gattgttata ttcacgagga   12120
aggaaataaa actcaattcc tctcatttga atagcctcag ccgataaagc atctgctaac   12180
gtttggctat ttctgtgatt ataaaaattc acataaggat tgagaatttc agtctcatta   12240
gttttattat atcctcgata atcttcgagt ttagcgaaga gcctagaatc aaatgtagac   12300
atcttttacc ccaacagaat aggacaaccc gggtcaagta aatcaagttc ctctcggagc   12360
```

599

599/758

Фиг. 20H

sequence.txt

ctctcgattt cttcttgggc ctctacctta agtgtttgac catcaactgt aactccacct 12420
gccaattgca gaccctgatg tttaaaaaga atttcacccc acagcttttt agttaatgct 12480
gtagcataat cttttaccca acgattatta tatgcgcctt ctctatttgt attaccttca 12540
ccagcatatt gaccattatt acgaaggtca ggattctgat atctatctcc taatccccaa 12600
tgatcagcag tttgcggccc agcaaatccg tatcctgctg tattgcctac catcgcatct 12660
gtattcataa atgatttggt ccagcattca cagacaatga tgtcaccctt catgaagttg 12720
cccattactt taagcatttc attatcagag ttataccaat aatccgggag aggagcaagt 12780
aaatcttgca tcattgacca gtaagtcatc aattgagtaa aatagccaag gtcagcacca 12840
aacgcatttg gcccatagct tttattacag cttgacccca ttccgccatt aattcctgcc 12900
attcccatta gaaagtcggt aaaccatggg tatgtcgcat taccatccat tgaagttaat 12960
gaacctacat ttgttctaac aatttgggtg acagcaaata cattacggcc gcgcaaatca 13020
aatacgccgt tcaaaaatct tgcgttgtca gcttcgtctt ttccaatata aaaaacttga 13080
taacctttat tcaatccgtt aaagtggtat tcaccataca actctaatgc tcgttgaata 13140
caatcataaa tttggtcttc agttacttct acattaatta ccggcgctcc tagacgtcga 13200
agtatagcgt ctttaagcgt ttttgggttg tacgtgttgt atgacatatg aactcctctt 13260
tatattccta tttatacgaa aaagggaccc gaaggtccct tttgttatac agctggatga 13320
atagtaatat ccaaagattt aattttaaca agaacctgtg attcttctga agcagctcta 13380
tacacgattt tgattgcatc accagatgaa aactcaatga gtttcttggt tttaatcaac 13440
tgttcgcccg ttacagcctt aacaccgagc ccgtaggaaa acacctcgat gttattaacg 13500
agaataacaa ttttcacgcc tttatctgaa tcagaagctt cgataaccgt atcagtttct 13560
acgcaaaata cgccatcgtc atcaacaaca atgtcatcga caatacgaat gccagcattg 13620
aatggagcag cgaccaatga gttaggattt accaatgcat cagaacttaa atcaacagtg 13680
aaatcttctt tactgaattc acctattgat gaaggttttt taaaccattc gccctgttta 13740
cggaggtatg ctccagcttg ttctacgtca gtaactgcag tcacgaattt atcttgcaat 13800
tctactacag tagcgtatac accatcacgt tgaactgggt tttctgacga aaagtcacca 13860
ttcatttgag tctgtaatgt aaatacagaa ccctttaacc cttcattgtt attgccaagt 13920
tctacttgaa tgtcctgaat agcagactgt tgagagtttt gcataccttc aacattggtc 13980
attctcgcta aaattgaccc aggaggaatc ggctgctcgc taggaacaat accaacctgt 14040
tggtttatcc atgctacttg accctgaagc cctgatgaag tatcacgtcc tacaacatca 14100
gaaatgtacc cttggtcagt tgaaagagaa ctaatttttc cttcaatagt atcaggctta 14160
tcagaagacc ctaaacgagc atcaatatta ttgacacgag gaactaaccc ggtttgtgca 14220

600

600/758

Фиг. 20I

sequence.txt

aagttaagtg ttgcgtcaac tatacgataa tcgttttcta atctagtagt acgagctcca 14280
atttttactg gattggtaaa atcaatggct tggttaatag caaagatttc attattagct 14340
gcggaaatag catcagcgtt attcacaagc cttgcataaa ttgaagctga cgtagctccg 14400
gatttaggac caacttcttt acgcaggtcg tttacttcaa tagtcagaga acctacgtct 14460
gaatcattgt atgcatcctc tagcgcctga atacgctcgt catgttttac tatagctgac 14520
gcattattga tgattcggta tttcatacca gaacccggag agtcttgctt cggctgtccg 14580
ttaatatctt gcccaggata cgcaccaatt tcacgtttaa cccaaactat attatcacga 14640
actgttctgt aatagtcatc tttactagaa tcataaacac ctacatcctc ttcgagaaaa 14700
tcaaggtcag ttcgaagttt ttcggtgtct tcttctaatt taagaatttg tccatcatgc 14760
ttttcaatat tctttttatt gatataaacc tgctcaatgg cgtcagaaga acctgtaatt 14820
tctaacgatt ttttgatttg gtctacatct acttgaatat tttctacagc agttccaacg 14880
ttgttcaaat cgttatgtac ctgaacaacg tttttctgga tttgaacaga agctctattc 14940
agttctccat catttccata gcgggttgaa gccccattaa gaggctctgt atttttatc 15000
cagttaattc tctgttgaaa atcgtctgga attccgtcta cgaacggaag cgaatctact 15060
agtttggtca tattgttcct tacggtctat ttgtacagaa tgtaagcatg cagtcataaa 15120
atataatacg actgtcttct gttggtctta tttgaacagt ggcatttgga ggaatgttat 15180
tgaagaaaaa gttgctagat gcgtaagctt caaatctcca tgaatgacca tttcgtccgc 15240
ctttagtatt ttcgatgtta agagtaagtt caccgcccca ttgggaaccg ttaactatta 15300
caacaaatct gaaaatacga ttgtcatatc cgtcgttgtt acgctcaaat tttacattaa 15360
catttagagc taatctacta gaagcttccc atggtgcatt acatgtaaac gttgcacctc 15420
gactaatcca agattgacct tcaacccaag taacattacc tactctggtt ccagctggca 15480
tgtaacgccc gtcagattct tgtcttgtat aacaattaat atcattgtta gtaatcgtta 15540
tgtcattgtc aagagttttt ccgtttattc tacgggtttt aaagactgca tctgttgcag 15600
ccgctgccaa tgaagcatca gtagttggag aacctgataa tctggttaat ccatatttat 15660
ccttggtgga ttttagcgct tgaagacttt ttggagtaac agccaaattg ttagaagtag 15720
ctgaagccac atctgagtct ttagcaaatt ttactatacc aaatacgctg tcagacgctt 15780
ttgatgccat gaaggttttt ggagttactg cgtatccatc gtgaacagca cctgctgcta 15840
cctgggcttg ggttgcgaca cgaactaatc ccaagttgct ttctgtcgca gaggtataac 15900
taggaggact gacactgaac tttccaatca tttctacaac acgcttagga gttactgcgg 15960
tagtttcgtc agttcctgct tgcgcttgag ccgcagtagt taacctaaca gttccatcta 16020
cgttttcttg ggctttcaca gttttaaaca catgaccgag agccgccgcg gtaatagttc 16080
tatttcctgc ggttaatgct gcggcttcag tattagtagc ataccgtgtt aagccaagaa 16140

601

601/758

Фиг. 20J

sequence.txt

```
ctgttgtagt tgcttcagga cgggtaactg tggattttaa tgtagcagga gttaccgcag   16200
cattaccaat agttccagca tcaacttcag cctgtgttgc tgtgcgaatt acaccggcta   16260
ctgtaggaga tgctacaggt aatccggtat cagttcttgc ccagctacca atcagctcta   16320
acgctgattg gacgtctttt atagcaacag gccattgtgt atttgttggg tcaaatatcg   16380
tatatttggc caaatcactg tagtgattat agttattctg ggccattatc ccatccttct   16440
aaaatagtgg aaagtaaatg tgttcgcgcc gaaggtttta gattcgttgc cgatagcatc   16500
ccattgccca taacctgctt tagctggtga agtaatagta aattcaacag ttaaaccata   16560
ctttttatat gtttcaaaat tatggttctg ataatctaaa tgaataatat caacatactg   16620
tggtgttgcc ggcgattgag taacctgttg aacaaccttt ccaacagctt ctaattcttt   16680
tactttatca taccaacgtg ttgctactgc tgcaaagtca tcaccgtttg caattctaat   16740
tggtaagcca agaatatgaa ttattactgg gtcaccgaca gagccgtctt cttttggctc   16800
taacgcaacg acacctgaaa aagtagcacg cgtaatttgc tgtgcgggct gtggagatat   16860
tccagtgtca ttgcaaataa tagttccaat ttctgctgac tgcaatgaca tcaaatcatt   16920
aatagcagct tcagtatttg gataccaaac ccctaaatcc atttgttcaa aggttaggct   16980
ccctatagga gccgtatttc ctaccgcaat attttgcggg tcaacgcgat attctgaaaa   17040
agcagctaat cttgaattaa ctttagctcc ttcacgagtt ttagtttcaa tcgtcatttt   17100
aacctaccct aatccaacga taaacggtga ttgttggctg aattttagtg atgtcatttg   17160
gaactacacc gttgtttacc gcaacagtgt cttcacggta tttagaataa cctggtccct   17220
gcgcgtctgg gtctaattga catccaccga taactacgct tccatgttca gggtctgaaa   17280
ttagaacttt atctcttgac attagttcag gaatgtgttc ttttcctaac gtaaatgtca   17340
aatctccaac cgttccacct gctgttaatg atggctgacc attttcgttt aagttattgt   17400
tgttacgcga aaaataagga tcagatgaat cattattcca accagcagta acacggcctt   17460
gtgaataaag cttccacacc ccaaatccca tatagtcagc agggtttgcg tggttgtgag   17520
cgttttcata aatcgtgcca atcggataaa ttacgtcaaa aaatgctgca atattattga   17580
ctttaatcat aatatcgtca gcaaccggac gcatattttt ctgattaggt tcatcataat   17640
ttgtgtattc aatgcgattt tttagagtta ctaattgctc agcattcata tacacttggt   17700
cggtttctgc catgatatcg tcaatatcca tagtagtacc gatgttatta ttgaaccaac   17760
ggacggtaag aaggtcttta tcttcaaacg cctcaccaaa aataatagct tcgacgttag   17820
taccagttga gtcaaattcc agtctatagt cttggttaga atttacccat tgaccaccat   17880
tgtttataca gtcttctgcg tatccacctt ccgcaccttc acaataaaat aaaggaagac   17940
ctgcagttcc agcttcgagt aattccttte cgttcaacga aatttcaagc gaattgggat   18000
```

602

602/758

Фиг. 20K

sequence.txt

```
tcacacccac acctggaagt acacccatat catctagagt gattcttcga agagcagtaa   18060
ggttatctac tataattgac ccaggaatcg tctgggatgt agtctgggct gaatctcgta   18120
tctggatagc caacttgttg tatgaagacc gataaacacc aattccatct aggaaggttt   18180
caaatgttat tacttcccct tcaacacatg gaacttttaa acgaatgtct ttaccgttta   18240
attctaccaa ttgacctgct actgttccag gagaaccgta atcagcattg gctttatcca   18300
taacgctggt ttcaccgtaa tataaaatat taccacgacg atatacatta agcgagtctt   18360
cgttatattc tacgccatca aaaatgttaa gaaagtcagt ctgacccgca gtagcaataa   18420
ttgatttttt cgctacagta cttaagttac cattagttag cttatctaca gttttatttt   18480
caatatattc ccagcggcca ggggcgcaat aaaccaattc caaatcttgg aagttagtat   18540
tgaaaatttt aggagaagct gaacccttta atgtatcgcc ttgagcagga ataactgtga   18600
ttgggcttaa tcgccaggtt gaccaaacat cacgaagttt aataactttg ttatagtcgt   18660
tggctgtacc ctttggaagc tgaacgttaa ctcttgctgc ctgggtatta atagcaaagg   18720
cctgaccaaa cttagcattt aaagtagttc cagtagggct agctttaaaa gttttccatg   18780
cacctgctgc gaatggaact gaaccatcac ctaactctga atataaatca tcaaagttgt   18840
tattaatttt aagaccacct ttacggaggt aatcaccaga cccatcatct actgattggc   18900
ctactatcaa attttgtttc attattgaga taccctacg gtctgtgtag caataacttt   18960
aactgccaaa cgtgcgtttc cataagatgt tgaagctgtg catattaaat ctttctgcgc   19020
gttaatagag tatgaaatag aatacatctt ttcattttca gatgattcac cacttcttaa   19080
cactgcatat tcagtgtcaa atactcttcc gtttggcgct gatgaagtaa tagtcgggtc   19140
aatcataagc atgacttcag atgattgcct tttgatggtt tgaccacctg gatttgcgct   19200
gaagcttaat agcaatttaa cagtagagta atcatcatta tatccaagtc gaatattaat   19260
aggagaactc gttaaattat atgtagcttc taacggcgaa tatgtgctgc caaacatact   19320
tgaaattgaa taatcccaaa cagcagcacc gttagctttt acctcaacac accacaattc   19380
aattctacat cttggtgtgt tgataatcaa ttctcgcgat ccgtctttaa atgcatctgc   19440
tacgccttcg ccgtttgttg ttatttttat ggatctagct tttgatgctg agccattact   19500
atttacaacg aatacagctt ctcccgcttt acctttgaa agacgtattt gaactgcgcc   19560
ttctgaacaa tcagcatcta tgcatgaccc cattggaact gtccctgcag agttagcatc   19620
tccaaatttt atcttttggt aatagcttgt tgcatgaatt ttttggttca atgctccgcc   19680
gccagctgca aataatcgtt ggtcggcgaa ggcgttgtaa atggcgtcga agttatcatt   19740
aattttcaca ccgccatcat acagaatgtc gccggtagaa gcattaccaa tctcaccgac   19800
gtcaattatt tttttaccct tatctgtata cataggttaa cctcatatca aagtatagtc   19860
ttatttatat aaaatgggga gccaaaggct ccccataatt aaaactcgaa aattaagttt   19920
```

603

603/758

Фиг. 20L

sequence.txt

```
aattcttccg tttggtccat tgaacgaata ataggttgcc gattttccat gtaaatcatt   19980
tcacctgact gtctttcaag accagaagca ctataccagc ctttttcagc cttaacatta   20040
ggtgaatttg gcattggctt aacttcaagc ggattagtta taattgacag ctgtctaaat   20100
ccagtatttc ccggaagact gaactccgga aaataaaccg catcaagata cgctttaaac   20160
ctgatagtat tgcatttcat gcgataaatc aaattaaagt cgttttgttg ccaagttaag   20220
ttgttttgaa atccccaacg ggctggagat tcttcaatct cttctggcca aggaactacg   20280
atatattcat ttgtacatct gttaattgat acgtcggctg gaatttcata tagatattcc   20340
caaagatatc catcgcccaa atcgacggta ccatttgcat caccacgacc tcgaggagct   20400
gaaccagaaa tagtggatgg tgtccattta cccccaagct taatacattc ttctttgctt   20460
gtaagattgc caattgaaca cattccatcc tttggaacat caatacatct atataccatc   20520
catccaaatc cagcatcagt tctgttatat ggcgcagagt tagcaacaac gatatcgcca   20580
attagaaatg tgcgtgggtt aggatatctt gtatctcccc agtctcttct tggaacaaca   20640
cagtcaagca ttgatgattc aattttgacc gcgcccatca tatttgtcca aacatcaact   20700
accccatctc cattatcagc gggatatgga ggtgcaaatc cgggttcaga ttcgttatct   20760
gaccacggag tgcttttgcc aaatgaaaca tacagtgtgt tttggtccgt tcccggacca   20820
atcgatttat aaaatgtgta catcttttca gttctaaact tagatgtaat gatagcacga   20880
taaatcgtgc tacgcgttga acttgctctt gttgaattac tcatcaattt ttacctgtgt   20940
cggattttca ggatcgcgag gattacctgc atcgtcttta agacgttggt taactaaatc   21000
gcgataatta gcaaacgtta ctgctgattg gtcaaacgta ggacttaacg gtttacgtcg   21060
ttgtccaggg ttttgtccag cgataatgct gttattattt tcttgattgt agttagcagg   21120
taacgggaaa ggttcaccag cttgagcacg tgaagaatac ctaggctcat tggttattgg   21180
gtctctttct attgtatcat ctgaagcgat aatagcaact ctatcaggat aaactgatgg   21240
cagtcctgca tcccatttat agttcttgag tttatttatg atagtctcaa catgcttcat   21300
atttaagcca ctattgataa acattgtcag caatgttata ccaatgaaac cgaaacctac   21360
cggatgaaca aaccttaata catcgtcgcg gaaacgagaa gtaggaagct gagacttaat   21420
tttcataaca tagtaagaac ggctgcggtt tatataatca atgttattac tcagcatatc   21480
ctttccacga acaccttgaa ctataatacc ctcaaagtcc gtacgctctg atttaatttc   21540
ctggccttca atgaaccgtc ctgataagtt atgaatagta atacgccata acagacgacc   21600
atcccggtat tctctctcga tataagtcac attactacga ccggaagcag tataaatcgt   21660
acgaccaact aaatcgtcag aaatatttgt actttcaaca ataatgtcat attcggtagt   21720
gttctttgac tcaatatcga tttcaacatc ttcattataa agaagtttaa acaagaattt   21780
```

604

604/758

Фиг. 20M

sequence.txt

gtatgagtct tcaattcctt tggtagcata gaaatcattc ttacgggctt caaagaaacg 21840
gacaacagca tcgcgagcgt ctttactcag ataaatattg cgtttataaa cttctgacca 21900
caggtattcc catgcatttt cttcacgagg atatttgttc ttaacaagat taacgagact 21960
gttgtaatgc gttccatttc cgtctgaaag gaattggaga tagtacttac aaaattgctc 22020
aaaattacta tcttgtagca agtaactatc cggcatcatt ttagtaagat acggacgcaa 22080
atctgggtca cgtaagcctg gagtatgttc aggtgtccag tcttcttccc gtgtttggtt 22140
ctgcagaaac gctttaaaca ttacatcagt cggtttccag ttaagcgtta cctggtcacg 22200
aacacgataa tcaaatgcgt aatagcctat cagttttccg tctggttcgt gaaacatgat 22260
gccagaagca tactgcaaaa atccattaaa tgaaactgga gggcaataaa acgttgcgtc 22320
acctttatcc cacacttccg aaagaacacg ctcggtagtt ccctgcgccg ctgcatctac 22380
tctttttga taaagaatat cattataaat gacaactgca tggtcagctg tacttatcca 22440
gcatctgtta ccttcacgag ccatccagac aaaccaaggc tcagcataaa acctcatcgg 22500
tccaggaaca aatgtttccc atcttgaaaa ttcatctgct ctgaaactca tcatgtgata 22560
atgcttatca gagtgatact gaattggatt aacattttta actgcagtag aaattagttc 22620
tggatatttc gtctcaagtt caatatcctg ggtgtactct gttgtcttaa aattagctga 22680
tgaaaagaat atttcctttc cgtcagttga catagacgtc cataaatgct ctatacgacg 22740
tttttcttca tctgtattac cgaatacacg tttccatgta tttgtgtctt cttgataaac 22800
atagacgcct ttagtagcag aatccacaac attccgcggg tctgttgggt ctaatcctaa 22860
ggttttaact tctccggtaa taagagcgaa gattttgcct ccgacagaat ccattttaaa 22920
gcatacagat ttaggattgc ctgttatatg agatgcttct ttttcgaaca ctttttcacc 22980
aaatgtaggg cttaaagggt cagtgtctat tggagcatct tttaatttaa ctctgcgtac 23040
tgtatccttt gcaactacat ataagtggtc atcattgcat gtaaaggctt ctgcatattt 23100
ggtaacatca gcaggtagtg atgcatatgt accaaataac tctacttcaa atcccagttt 23160
taactggtct cccaatttag caaatgtaac ttcgttatcg ctaaatttaa cctcatttga 23220
tgaccagcgt acgtcagatg attttcttcc gtaaaagatt ttatcatagc ctaaaacata 23280
tgatgtggta cttgattgat aaattaccac tctagaaacc ggatttccta cacggtcatt 23340
aaataactga acgtattgcc agttctgtcc tttatcgttt gatactttaa ccatatgttg 23400
gaatctttca aacagataca aaattccgtc tatttctcct agcatggttc tatttttatc 23460
aacacagact gcttcaatag gtccctgaat ttcatgatat ccagattcgc ctactacgaa 23520
attttcaata gctgacaaat gagaatattc aggactaaat tgaaaagact cagtcatcaa 23580
agatgccatc atggcagatg tgttgaagtt aacatacgac atgttattta aagaaaactt 23640
ctgcttaatg aattctttca ctaaactgaa ttcttgcata tgctcaaacg tgtacgcgtt 23700

605

605/758

Фиг. 20N

sequence.txt

ttcttcaaaa gtttggaact cttctgtttc aacccattca gacggttcaa atcctgctga 23760
cgtagtttga acacgcattt tataataggt aagcggttca atacgatttt gttcgaacca 23820
atcattatcc gcggtataac ccagtgaaga ccaactcaaa ttatcagcgg ggataatttc 23880
ccccgctctg tttcgagttt cggccagttc tacaaaatag tagaagtttg caccaacgtc 23940
atcccaacga atattgacct gattcgcaga tagcttatga attcgtaagc tggtgacgaa 24000
cggtgcaatt gtcattgagt aataggctcc aatttaatag ttgtgtattg aggacgaagg 24060
tcattctcaa atacgataag tgttccatcg cgggcgaaga cgatatcctg ggtaggagta 24120
gaataaagct caatactttg gtcttcaaac tgaagaggat cggctccaat ggctccaaga 24180
ctccagtaaa tgttatcacc ataataatct acttcaccga ttttatacca gcgagttctt 24240
tcgccgatgg tagttctatc aaaatcgttt tcagtatatg gctggatatg agtattctct 24300
ttaatatcac ctggtttaaa tggtccaata accatatttc ctttgccatt tttatctggg 24360
tcagttccaa cgatattaac tgaatacggt tcagcagttg gggtaacagt aaagaccaaa 24420
tcaccagaac gtaacgtccg cggagtaata gtattatagt atttaatacc tgcgctagga 24480
agagtgaaat agttgacaat ttcacgaacc atctgaatat ccacagaaga accgatgatt 24540
gagtggtcag tgtcatcaat gtaagtcaac aacttagatt tactgaaatt tttgttgaac 24600
atttcaactt catcaacgta atatctatta atcgagtcta taatttttga ctgtaaccac 24660
tgctctgatt cttgcaactt attcaatgca taagaagctt taatattatg acgaatgaat 24720
aagtaatctg ggctcattac cgaaggggta atcggagcaa gacagaaagg ttttagataa 24780
tcctgaatgt cttcccgttg aaccgcagtt aactgcaacc cagattttgg tttgattgcg 24840
ataaatgcat atccgggttt gtcctgatca gtaaagcatt gtactgcttg tacgatagaa 24900
ccaaagcgtg aactaacgaa tgattcatag tcagttttag acacgcatcg catttgagat 24960
tcgcgcttaa tctgtgcgag ctcacgaata cgctcgatgt cttcaggttc accaccgcca 25020
tcagcgccaa cataatcagg agaatctgac cagttttcaa tgattctatt tactacgata 25080
tattgcagag tatccgcata actaaattca gtcgcgccat tagcagcttc accgtcagta 25140
cgaatatatt caataacgac ttgcgcaccc ttagtaggct tcaatccacc gatgaagttg 25200
ctttcaagaa ctcctcctgc cacagatgct tctgccacac cctcaccaaa gaagaattct 25260
gtatttccat cgacagtttc acgcatataa taaattgttg aaatagacga agcatgaacc 25320
attgatcggt ctgtccagtt agtccattca gcgccatcca cccacagctt aacttgcttg 25380
cggtcaattg attgatcgcg aataacaata ggtttcttcg ggtcatatga caactgagta 2 5440
cgaataatac gtccctgcgc caaattgaca ataggccaat atttttggtc attatcacga 25500
atagccacaa cgttttcagt aacaacgaag ttatatgggt tggctttatc ggattttgag 25560

606

606/758

Фиг. 20O

sequence.txt

```
tatgctaaaa atttagttcc tcgtggaatt acaactctca acgtgctgct cgggttcatg   25620
tgagttacct caagcataat agatgcagta gccgctgatt tggaacttgg caaatacccg   25680
ttttgctgag ctgcttgaac aacggaactt ctcaagttag ctgttccaat aaagctttcg   25740
tataaagcag tattactaaa ttgctgtatg taaagcgtgt tatatgctaa taagtctaat   25800
agcacgttta aacgcgaacc agcaaaatca aagtcctgaa actcttttg accgctaagc   25860
cagttaataa gctgattttt aatttcgtcg aatgttgctc cagtaaatgc gtctgggata   25920
gcgtttgcag tacgcgttaa ctgataattt aagggttctt taatagccat tagtgtatga   25980
ataccttga acttgattgc gcgacagtgt cgccacaaga aattggatcg gccatttgaa   26040
cagctttttt gcctgttaca aataccttgg atgtgcgagg ttgaacaact cctccatgcg   26100
tatcatgagg gtcaaccgtc ttggtgtgtg gggtaattga gtcgccatca actaataccg   26160
ctattccacc agtgaatact ttactttgtg tagcatttac ttctgtcgga ggatacgcac   26220
tatgcccggc agttaagcat ttattaaatg atagtccagc catttaattc cccgcatata   26280
cataagcacg aagttggtcg ccccatctac tccagttgcc tttaacggtt tgagagtaaa   26340
tcttttgctt tttatgttct gttatgattg gagcgctaga acctccggat gaacctccag   26400
acgattcttc tgtcactgta tatattatct caactgtata ggtaaatgtc ttctctagtg   26460
ttctgggggc tttccataga tacaaatcag cagttttggg attaggtaaa tcctcccacg   26520
ctgaagcgga ctttagctca tcaccttcac ggtatttaag cacatcgttt ccaaaagtaa   26580
aaactgagtt ataattacct ttataatgag tttcagacac agagatatca gatactggtt   26640
gatagtcgat aatatttatt gattttaatg tttcgttagt agataattga gcagtaaagt   26700
actgctcaac atattcacct tctattactt cacgtaacgt tgtattaata ggaagtatat   26760
cagccatgat taacctacat caattcgtga accatcaaca gtgtattgac cttgggcgat   26820
tgagctcata gaagccattg tttcagtcca agccccacca acattccaat tcacagtacc   26880
tgctacttgc caagttaaat taccaccgac ggtcacgtcg tggttgccat ctactttagt   26940
agtggcatca ccattgactt ggatatcagc atttccttca acgactatct taatgttacc   27000
cttgacaaaa atagtaccat tgccttcaat cgttttagtt tcatttccac gtacgtaaag   27060
cgtgttatcg ccatcaattt gctgtcgacg attatacatg ttataatagg tctcgttccc   27120
tccaacgtta accttcttat caccagagat taaaatattt ccatcaccct gagtcatgtc   27180
atataaatca gctacagttt ttctggtacg acgtccatca ggagcaactt cttcatatga   27240
accggttgga tgaacaatac gatagcgttc atagccaggc gtatcatcaa attcttggat   27300
atggcctgat tctgtttcca tcgtatgtac atatggatat tgaccattat atgaagactc   27360
aggttctttg aaaagaattc ttgaatcctc tggggtccac gggtcttcag gattaccacc   27420
agacttcggt tctacataag ccgcagacag gttttttcct tctggctttg gagcaggaac   27480
```

607

607/758

Фиг. 20P

sequence.txt

```
tccatatgat tccatattac ctgttagaat aatcatggaa acacgagaag cacgaccttt   27540
tgtctggtta aaccacacgg agtttcttgc ttcagtatag gctgttttcc aatcaccaat   27600
gagcatggca tcaagcattt taccaaattt tgctaatcca cctacaccca tttgaaaact   27660
catattttct aaagccattt gccttgattt gttgacttta gcatataccg gtcctacgcg   27720
tgaattcgtt ttaatatcag aaagcatttt atcacgatct ttcttaaata gtgcaactgc   27780
ttcgtccatt gtaatgatac cgggatttcc tgtaacagta cgaccaacct gattagataa   27840
agttttatta atgacagaca tatcacgtac tttttgtgcc atgataaggt gtccaatacc   27900
tacagtagga tatccttctg tatcccaata gactttcaat ctaagacctt catccctatt   27960
aagcatatct gttattgtaa ttgcaggatt tgggtcttca ggaatatcgc ttaggtcagc   28020
atcgtcagga ttaatgccaa tatccaagtt tctatcttgg atgatgtttg gtatagcact   28080
atacccagtt tcatcgcctt gaactagtgg gttggtatct gacccaacct gtctaggata   28140
ttgacctgtg gggtcagaaa aaccttccgt gtagtttggc ttagtttttc tgtgcgcaga   28200
atatgttcct attactaatc ctgctgtttt gaattcatca agccataagc caaataccga   28260
tgttccttcc accattccag ttatagacga gccaactccg gaaattccag ctgagtttgt   28320
aggctgaatc actgacatcc aaggaaggtc ttcggtagga agaccggtta tagctccttg   28380
taccttttca aacggatgaa gcccgtaaac acgtactcgc actcttcctt gctttaacgg   28440
gtcttgtctg tcttcaacaa caccagtaaa ccattttaat gaatcgttca tttcaatcat   28500
aaaacttctc cgatggtagt ctgggatttg tatcggcctg attcgtattc gctgtcaggt   28560
gctttttcca tttctcgtat aatatcagaa agaaatgcct caatatcact aggattgata   28620
atgtttattt ggcgcagttt ttcattttct atgatagagt cttcataaat gtcaacacca   28680
gccaaagcac cagtatattg aggatactga tgattaaagt ccccttatc ataccaaaca   28740
cctgaatttt caggatattg ctcgagattg taatagcgat tgccatacgc atccacgtga   28800
tagagtattt ggtctccacc tacatctgca tatttttgct gcgcaaattg atagcatgca   28860
tcttgggttt taatccaatc tctgaatggg tcatatacat tattacacat taaaagaatc   28920
cagtacagct gactatttcc ataaagaata tatgctaatt cttctggtct aggagctcca   28980
cttatgtaat atgtttgtaa aagatagttt tctgccacag tgtcaaaata tttgcgataa   29040
ttacgaaata tgtcagcggt tgggatagct tttgccttag caccttttac ggtctttgca   29100
gaataatcta tcggactaaa aaatgagaag agcatagttt atcctcttat aaatattaat   29160
aacagtattt ataaggaggc cactatggca tattccggca aattcatgcc gcagaatctc   29220
cacaaatata aaggcgactt cagaaagatt acttatcgtt ctacgtggga acagtacatg   29280
atgagatggc ttgacaatca tccagatgta gttcaatgga acagcgaaga ggtagtcatt   29340
```

608

608/758

Фиг. 20Q

sequence.txt

ccatacttta gtaatgcaga tggaaagaaa cgccggtatt tcatggattt ctgggctaag 29400
ttttctaatg gtcaacagtt ctttttgaa gttaagccga agaaagaaac tagacctccg 29460
gtcaaaccca caaagttgac gacatcagcg aagaaacggt acattgatga aatttacaca 29520
tggtctgtaa acgttgataa gtggaaagca gctcaagcta ctgccagtaa aatgggtata 29580
gaatttaggt taattaccga agattcactt aaaaaattag gatggaaagg ctgatggcta 29640
tatttgaatt tatcactgaa gctgcagaat cgcctaaagc taaatcccgt agtgaaaatc 29700
aatgggtagc attaggagtt gaatactctg ctgctcgtaa aaaaggcatg acatcaaaat 29760
catttgctga aagtaaagga ataaatcctg ctacgttcag taaagctatg gctcgtcatg 29820
catcaagaat taaaacggca attaaagtag cagaaattga gaaaaaacct gctaacaaaa 29880
tgaccaaaca agagcgtgct cttgtgatgg taaattcatt tcgaagctct atcaaagata 29940
aaattcgtaa tgaaggcgca gcagtaaaca ataaatctgc taaatggttt gcagaaacta 30000
taaagaaaaa tatacgtggt cattctgtaa ccaagcctca acctggaaag ctatatgctt 30060
acatgtatga cgctaagcac aaagacactc ttccattctg ggataaattt cctttgatag 30120
tttatcttgg tcttggaaag caaggtacaa ccacattgat gtatgggtta aaccttcact 30180
acattccgcc aaaggctcgt cagcagtttt tagaagaact tctgaaacag tatgctaata 30240
cgccagtgat atctaataag accagattaa agataaactg gagccaggtt aaaggatttg 30300
ctggcgctga caaaatgatt aaagcatata ttcctggtaa tataaagggt gctttaattg 30360
agataaaacc ggctgattgg gcgaatgtag tcatgttacc actgcagcag ttcatgtcga 30420
aaggcaaacg ctactctgct acttctgtat ggaaatcata atgtctactg gactgtttaa 30480
tcaaactaac acaactaact ttatattaga ggtccctgac gggggcctca cccaagcgtt 30540
taaagctaat cttcaaacag ctgtagttcc tggaattcat attcctgcta ctgatactgt 30600
gggttcgccg caaggcatgc accgtgctaa attgcctggg tctacctttg aatttgacgc 30660
tgttcctgtt agatttttag tagacgaaaa ccttgattca tgggtacaaa tgtacaaatg 30720
gatgttaagc tgtcaaaact acattgaccg agacaagtct ggatggaata acggcggtga 30780
aggatttcct ggtgcagttt taatgcatgt tcttgataac gataaacatg atatagtatt 30840
aactgtccgc tacatcggag gttgggtgag tgatttatct gaaattgagt attctttaac 30900
cgaagaatcc gacccagcaa tggtatgtgt agcaactttg cagtacaaat acattgaagt 30960
tgaaaaagat ggtataataa ttactggtag accttctgtc aatgatactc gcgaatccca 31020
gtatcaacag aaagttatgg gaatgcatcc ttctatgagg taataatttg aagcttttat 31080
ttttgattgg taaaaaacgt agtggcaaag atacaactgc tgactacatt atggataact 31140
ataacgcaac aaagcatcag ttagcaggtc caattaaaga tgctttggct gatgcaatgc 31200
ttactgagtg gtatcgcgat acgtctcgtg agtttccgcg cattactcgg tctatgattg 31260

609

609/758

Фиг. 20R

sequence.txt

agggcattga ttacgatcgc gaacaagatt taaatctgtc tactaaagac gtgattcgta 31320
tcatggcgaa tgcgattgaa tatgttcatc atgatttgcc tttacctggc gtggtttatg 31380
ataacaaacg taaaatactt gacggcgata cgatggaagt catccgtaaa gttgtaataa 31440
ataaacctgt tgagccatgg tcaattcgtc gtctcatgca gacccttggg actgacattg 31500
tctgtgataa gctcgatcgc atgtattggg taaaacgatt cactttggtt atggctgata 31560
cttttggtga ttatgattat ttcattgtcc cagatactcg tcaagaccat gaacttgatg 31620
tagccagggc gatgggtgct acagttattc atgtagttcg tcctgagcaa gaaggttcta 31680
aaaaagatac tcacgtcaca gagcgtggac ttccgattcg cgaaggcgat atcgtaataa 31740
ctaacgacgg ttctctagaa gaactttatt caaaaatcaa cactatatta ggaattcaaa 31800
atgactactg aacaactgca agcccaagtc gatactctga aagttcgtgt atttgacctg 31860
tctgaaacta tccaaggcct ttctgctctg cgtgcacaat atgaagaagt actgcagaag 31920
ctgattgctg tatccggcgt tgaaattggc gaagacggcc aggttaaact tgatgacctg 31980
gttgcaaaaa tcgaagcaca gttcgcagaa gaaactactg aagaatctga gtgatgaaat 32040
tcagtgattt tagcactggc ttatatgtag ctgctaaatt ctctgagaaa actcttgatg 32100
ctattgagga ccttcagcgt gaattgaagg tccctaatcc tgtacctcgt cataagattc 32160
atacgacgat atgctattca agagttcatg ttccatacgt ttgtgcttca ggaagttttg 32220
aagttgctac atcaggtaaa cttgaagtat gggacacaca agacggacgt acgctagttc 32280
ttaagctaga ttcagaatac ttaaaattcc gtcaccaata tgcaagagct ttgggagcaa 32340
ctcatgattt cccagattac tcaccgcaca ttactctcag ctacaatgta ggtccagctc 32400
acttcgaggg tgaagttcaa gtacctgtag tgcttgatag agagtaccaa gagccactaa 32460
aactgaactg gtcagaggac cttaaatgaa gtcataccaa gaatttttaa tggaaactga 32520
ggctcttttg gagtctactc tgccagatta catgattgta aaaagcttta atgtaaaaaa 32580
tggctacgta attaaatttc ctatcgctag tgtcaagcct ggtgctgaca tgtcaaatga 32640
tgctggcatt agtgttaaag ttaatgtaca gtttattaat tacaactctg ctaaaaagtc 32700
gtatgatgct aaaatgactt tttccggtgg cgaaaaggta gttaaaaaca ttaagttaga 32760
ttacgatgaa tccgcagaaa gtgtcaagaa acgctttggt gataaactgg taaaatctat 32820
catggttcat ccaactttca aacgcgattt cacggaactt tataaataaa aagttgttta 32880
ctttcctcga gggctatgat actatagccc tatcaaaaca aatgaggata aaacatgaaa 32940
cgctgtgaac tgataagaaa tgttgcttct gctatttgcc ttactgctgt gggcactagc 33000
attttcggtg ccatctttat gggtgcaaaa gaaataatgg ttgtgttagt agctgcattt 33060
cttatgggtt caatttcatt tattatggat aaaatttctc atgaaaaaga ttaaacaatg 33120

610

610/758

Фиг. 20S

sequence.txt

gtttgttaag acctatgatt taggccgtga agaagtaact aagtatgatt atgttacttt 33180
gggtgtagga ctaggtgcac tactggcagc attgcattca tcattacttg ccattgcagt 33240
gcttcttatt ttggctcact acagctggaa acgtaagtaa tgtatgcact tttaacttgg 33300
tctaattatt atcctgctcc tggctctgac caaatcagag gtgtttactc tacagtagaa 33360
gaatgctatg aagccctcca gggaacgtat caggactatt ttgagatact gaactctcgg 33420
tttgagaccg ttgctaaagg ttcaactgaa gcatacaaag attaattgtg aggaaattgt 33480
gatgaatatc agagctgcat ttaatacttt ctaccaagag aattataagc ttctttccca 33540
tgaatactat gatgcacaag gcgttccaat tcctagtgat ttagttacgc ctaagcatgt 33600
caaaaccgat tctcttgaca atgaaattca acctggtgat ttggtatcat actattgtgg 33660
cgggtcactt tctgcagcaa gcgttggtat tttgctagga tttacgccta aaggttatcg 33720
tgtggttcct ttccatacaa gtccaattcc tgagcaccgg gtattgctct ctcatatgga 33780
ttcaccgcat agggtattcc tggttaaatc aaagagctca ccgattgtgt aatatgcttt 33840
aggttttctt tgttattatt aatctatcaa ctgctctgat taatttcagg gcagtataaa 33900
taaaattacc caatggggag ttagaccgta ggggtagcgg gacagactgt aaatctgttg 33960
ctcaaaaggc tcgagtggtt cgactccatt actccccacc aaatttaagg gatactagct 34020
cagttggtta gagcaccgga cttttaatcc gggtgtacga agttcgaatc ttcggtgtcc 34080
caccaaattc gggtcgttgg ctgagagggt aagcgacgga ctgttaatcc gtgtcagaaa 34140
tgactaggca ggttcgatac ctgcacggcc cgccaaatga agaagtcaga agacgttctg 34200
ataaatcgtc ggcatagaat tccctggcat ggcgtttgta ttaaggagta tgatttcatc 34260
ctgcttaata cttgttcatg ttataatttc ttacggcgtt gaaagttcgc tttcagggat 34320
acatcttaga acagagtgct aaacaagatt catctggtac caaggtgatg agagtcctgt 34380
tccccttttgc ttcggcatag tgccagagta tctctgaaag cgaattatag tgctgtagtc 34440
gagatggtta agacactccc ctgtcacggg agagatcgcg ggttcgacac ccgtcagcac 34500
tgccaaatac gagagcaaca tgaaagatta tgaaaagtac cgcatgcaaa aagtgcatgc 34560
caaataaaga ggtattgaat ttaaattgac atttgatgaa tggttatcat ggtggaaagc 34620
tactggcaaa tatcatttgc ggggtagagc atcagataac tattgcatgt gtcgtaaagg 34680
agatgttgga ccatattctt tagataacat ctattgcgca actaatgcgc aaaacgctaa 34740
agacgctggc gctaacggaa gaataatatc tactggtttt actggacata accattctga 34800
tgaaacaaaa ataaaaatat cagaaaacca tgcacacaag ttaaatgcag acgaaatttc 34860
tttgcgaata gacctgtata attctataga ttttacacag cgtggtgcac tagtaaaatt 34920
tgcaaataaa cttggaatta gtcatactca agctagaaag ttcataaata agtttataaa 34980
gtaacgtggc agttcttgaa gatgagtttg agtcctgtaa gataatgccg aggacgaagc 35040

611

611/758

Фиг. 20T

sequence.txt

```
ggtttgttcc cacggaataa gctctatatt cgtaagatta tatctttagc gtgttctaca   35100
tcaagctact tgttagtact tcaagaaccc ggataaatgc ggagtaactt cagttggtag   35160
aatgttgggc tcatatcccg acacgcgcag gttcgagtcc tgcctccgcc tccaaacaat   35220
tgaatcatag ccaagttggt aaggcagtag gttttgatcc tacgatccct ggttcgagtc   35280
caggtggttc agccaaatta atattcattc aacgcgatgt gtaggcagaa gtcatgaacc   35340
tgctttagct accgtatgaa gtcctcatga tggatggagt gaatattgat gtggtcgtag   35400
ttcagttggt agaacccgag gttgtgatcc tcgatgtcac ggattcgaat tccgtcggcc   35460
accccaacaa tgaaggaatg gtggaaaaat acacggcccg caaaacgctg tggctgtcgc   35520
taagcgaatt gtgtctataa tggcacttcc ttcaccaatt aatggagagt agcgctagtg   35580
gtagcaaacc ggacttgaaa tccgggccac cggaaacggt gagggttcaa ctcctttact   35640
ctccgccaaa tttatgaaag ttaaacgctg cccatagcag tggtacatca acaattagat   35700
gattagcttt ccatgggagt atagctcatt tggtagagct ctcgaccgat aatcgagcgg   35760
tgactggttc gagtccagtt actcccacca aataacaggt tcttagtata atggctatta   35820
tgctgggctc caaacccagt gatgagggtt cgattccttc agggcctgcc aaatttgcat   35880
ccatcgtata gcggatatta tgtctggctt ccacccagaa gatgggagtt cgattctccc   35940
tggatgctcc aaattactcc gtatagctca gcctggtaga gcgctccatt tgggatggag   36000
aggtcgaatg ttcgagtcat tctatggaga ccaaattaac ggtatgacac aatacaagat   36060
ggtgtaagct gagtagcggg attgcagtct cgttcagata tgctatcgag tatgggtgat   36120
atattaaaca cacggattct gcaaagtcca tgtgactcgg ttcgagaccg ggcataccgt   36180
ccaatcactt gccattgaga attatattat gaaatattac ggcttcaaaa catcccattt   36240
cgggaaagca tatcgtacag aaaacattga tagacgtcga gcatattacg aatcactgca   36300
taaagcagga cgttctcgtg cacgacaaga aggccaaaaa caagcgaagg aaatagaatg   36360
aatattttta ttggtgttgc aaataacgta aatgctatta cggtgaaatt acaatggaat   36420
cgtccaacta attttgcttt aggattatgt aaatctgaac gtgatttaat gcttcatgct   36480
gattttgcat acacttttga tgaacgcaaa ggtatgtggg tatggattaa atgcagatac   36540
gaagcattaa tcaaatatga gtacttcagt gagcgtgata ttcaagaagt tattgcttat   36600
cattctggct gtaaagtaag taaactgcgt caagttattc cgtttactaa tgcttcaaat   36660
gtagaagagc taattactga ttttaaacga atttatcagg cgaaatatga tgaaagattc   36720
taaaggtcga gacgtacaag ttggtgatat cgttttctat ggagaacgta catacaataa   36780
aggcggtcgt ggttctatgc gctgtggtcg tattactgat attgcttcag gattggctaa   36840
agtagataac gactacgttg caatgcgaag caaatcattc gttaaggttt ctcctatgtt   36900
```

612

612/758

Фиг. 20U

sequence.txt

```
cgcaacaatg tgggaaaacg gaacgatttt cgagatttaa tgctacaaga ataacctgtt   36960
attattacta catcaaaaca aacaaggaaa aagaatgaaa cgtatcgcac tgattgttga   37020
ccaagaagct atgttcgctg ctaccggtaa atttcatccg gtgagtaaat ttgttgctcg   37080
cagcgagaaa atcgttggtc tggtagaaac tgtcgcaggt gatgtaattg tttctattaa   37140
aacgtctgaa atttctccag tagttaaagt agcagttgaa aatgacttct gggaagtagc   37200
tgattttatg tgtgagtaat tctgcctagc aggtggataa gcccgacaag gcgccctctt   37260
cggagggctt ttataaaagt cataagattt ctataaaggc cctgtagctc aattggtaga   37320
gcgttcccct cataagggat tggttgcatg ttcgagtctt tgccagggtc accaaattaa   37380
tgaggaaaat attatgatgc gattagttaa agtagttgta gaagaatctg aatacatggg   37440
cgatagccga atgattgaag aattcgttac tgttgaggca gattctgaat ctgaaatcgt   37500
tgataaagtt tatcgtcatt ttgataatat gtctgattcg tatggcacaa tgtatagcat   37560
ttatcgttta gatgtaatag tacatatcaa ctgaggaaat tgaaatgcat attagatttg   37620
gacaagttat tcctaaaggc ttagcaatgg caattaccac ttgggaaaac gatgctgatc   37680
ggtattctac ccaaatggtt tatggcttag aaaaagaaga gattaatcaa gtaattcacg   37740
ttcttgaatg gttctcttct aatggtcggc gtggtgaata ccttggaaat aatgattaca   37800
accatgaagc aattcttgaa aagcttcata ctgaacagaa gtatgtaact cctgaatttt   37860
ccaagaaatt ctttggcgtt gatgttcctg catatgattg cacagacgaa gagtttgatg   37920
cttatttaga taaccactat tcttgttcaa atgaagttat gtatgctatt caggcttggt   37980
tgggtaatcc aattgaatat gattatgatt tcatgcgagt atttgagaaa gtagaaatct   38040
ttgacattaa agaagaaatt cgtattcctg atgctccagt tgcattccat gttggaatta   38100
cgtataaaca aaaagaaagt ccattaaaag ttgattggtt gaaatacgtg aaggaaaagt   38160
aatggatatt ggttcaggca gttcatatcc atcatgtgct ttgagcaact ttgctcctca   38220
taaatttatc tatgatggcg tagaatgtgc ctcaatggag ggattcttgc agtccctcaa   38280
attttcttcg cctgaaatgc aagcacatgt atgtacacta gtcggaaagt ccgctaaatt   38340
taaaggtaag aagaaacgtt ggtggccaac tcaaacactt tattggaaag gcgtgccaat   38400
ccatcgtgct tcagaagcgt atcagaattt actgacagga gcatacgatg cacttagtaa   38460
aaatgaagga ttcagaaaag ctttggctgc tacccggaat gctacgctca ctcacagtat   38520
gggtaaaaat aaaatttctg aaacgatttt gactgaacgc gaattctgta atcaacttta   38580
tcgtttgaga aatgctataa ataatcagta atataattat cttgttcagt gttgaaatcg   38640
gtagacatgg tgacgggcac cttttgagct cgcatattgc atcatatgct ggcgatggtg   38700
gtaaatcgcc gacggaatca gtcgtgcagg ttcgagtcct gcctgaacaa atatttgcgt   38760
cgatgttgga attggtagac aaaggagact taaaatctcc cgggattaaa cccgtacgag   38820
```

613

613/758

Фиг. 20V

sequence.txt

```
ttcgagtctc gttcgacgca ccaaagccct tatagtgtaa tggatagcac acgatcgttc    38880
taaggtcggt agtccgggtt cgagtcctgg tgggggtacc acgccgattt agctcagttg    38940
gtagagcgct tcacttgtaa tgaagatgcc gcgggttcga ctcctgcaat cggcaccaaa    39000
ttcgaaggga aacttgcgta taccctcgtt gagtcgtcag atagaagaga atggttcgtc    39060
cattgccgca agtcggttgt tccctgtcgc aagcataacc tcctgacgct atacttcttt    39120
ggatgagact gatgcctccg agtccaaaga aatgaatttc gcaggtcatc tgccagtggg    39180
tgatgctgtc gattattaga gccctgtctt cggacggggc tttttagtat aaatagtaat    39240
ttaatcggca ctaaggattt ttttgcaatg aaatttaaag attttttaac cgaagaagag    39300
ctttttgaag cagctcctgg ccgcatgact aaatcgaaat ggcgtgacgc tctggtattg    39360
gttccacgtg gtgaacgcca tgattttagc aaatttgcgg cttctgtgga aaagatttat    39420
ggtattggga ttagcgatcc taaagactat gctaaggtag cagctgcctt tgaaagttta    39480
ggcggaaagg ttactacacc tgcacgtgga gcttctccgg cacaagcacc ggccgcaaaa    39540
ccggctccgg ttaaagcgaa acctaaaaat attcctggcc ttaaaattag tggagaccat    39600
ggagacatca ttggttcagg tgaactgttt aaagctattg ataaagctct tccactagta    39660
agagataatg gtcctcttta taaagcagtt caattctatt tcgataatct gtggaagtat    39720
cgtgaatccc aaggtgctaa accttctgca cgtgaaactc agcatatcgg tgaagtgaaa    39780
acacttttag ctaaactgaa tcatcacctt gttgaactca gtcgtcagac agaattatcg    39840
tacaatgtat aataaaatgt aatcctacag ccctagaatt catctagggc atttttgtat    39900
cctcggctgt ataaatccat tctatcttcc agaaagttcc tccagatgcc ctaaaaattt    39960
ttgcacaaag ttgtttactt cctctatcaa ctcggttact atagctccat caaaacaaaa    40020
cagagtaacg gagaataaaa tgtctaaatt caactttatc caaattgaac gtggttataa    40080
caattacggt actcctgatc gttatcgcgc gatttggatt aaaggtgaac atgaacacgc    40140
agtgttcaat gtagcagaaa ctcgtgaact taaagatttg attaagcatg ttcgtaaaga    40200
ttggcctgct gttgaagagt actacgttcg agtttaccat gaagaagctc ctaccgaaac    40260
tgttcaaatt aaattcgcaa aaactgctag tgctttaacc aaacgaattg aagctgtaat    40320
taactgctaa taattttggg gagttataat gaactcccca cctactgagg aaataaaatg    40380
tctattctga aaaaacttgt tgaattcatc cgttctaaat tcggtacctt tgttgcacag    40440
aacacttctg ttgaagacca gtatacgatg gcagcaaacc gtattattga tgaaatcact    40500
aaactgcgta ccacgcatgt taaatcagta aatgaagaaa agcgtctgct gaaacttgct    40560
gatgaaaaag accaagcggg tgcttctaaa gagcgtgaaa ttcgtcgctt gatggcagaa    40620
ggtatgaatg tagaaaccca tgctaaactg ggtcttctgt atcgtcgtac tgctaaggct    40680
```

614

614/758

Фиг. 20W

sequence.txt

ttacgtgata aagctgccga atataaagaa atgcgggccc aaattgaaga aaccgtagtt 40740
aagcttgatg accaacgtct tgatttggca gtgaaactcg aatacatccg tgagacccgt 40800
aatgcttctg ctctgggtat tacctctgct gacgacgtga ttgaaatcgc agaactcgct 40860
aaagtagatg tacaagacat catgatgaaa gttgaaacct tcagcggtac tcagcctggt 40920
attgaaacca ccactgctga tgtccaggaa tatctggaaa gtctgaagta attttaccgg 40980
ggccttcggg ccccctaact tggataataa aatgttatat gaatgcgctg gagatattcc 41040
aatggcaaca cctcaaatta aagaattaat tgcagcagga ttcccaacag aaatcactga 41100
tattcttgga aaatttgctt atcctgatac tcggcctgaa aattggaaaa ctcgctataa 41160
cgggtataac accacagttt taccgcgggc tatcgttctt aaagactatt ccaagctgaa 41220
aaacttaatt tctaatattt cgtctatttc cgacggagtt aagcttgtgg atatttttgc 41280
acttcggtac ggaatctact cttttaacga ttctccatca aatttaaaat cagcccgtac 41340
taatgccggt gaatactcta cttctggttc aacaacgtac accatagtta ttgagattat 41400
tcataataaa aatagctatc gtcttggtat taacctagtt aaatatgtga catctcagga 41460
tgattatagc aattatttaa attactgtgt taatgaattg ccatcaaagg ttatgagtat 41520
gtttgactct aacaacatgg taggcaaaca attaatcatt gatgaattta tcaaatactg 41580
ccgtgagagg gtgcagaaat gagtaactta tatctgccaa gtgaacctcc cgtttataat 41640
tatgtctata aatttgatca gattgattat gcccttgttc ctggtattgg tgcaactgtc 41700
ggcgcaatgt gtacctttgc cgcgattgat atcatgcatt taactgatat tacaccggca 41760
gtgttattcg gaattctgct tgcatggtgg ggaactagtt tgctcatcat gggattaatt 41820
gaatgttccc gatgggttaa atggtctcgc aataattata agcgtaaagc tgaatggaaa 41880
gaacagtgca agaatttaac tcttgaatgg aatcgcaaaa agtcgtttga gtttattaaa 41940
gaggtgagaa gaaaatgaat gaatataaac ccgacggatt ttggaatcaa gatgggctcg 42000
cgccaggttt tggaattgtg acatggcttt tatattgtgc tttcgtaatt gttggaggga 42060
cattctttgg attgaacgtc tcagagttta tgattatgct tttatttta ggtgttttcg 42120
cattcagcct catgtggatg ctaattatcg cgttgattaa ttgctgtaca tttttagctt 42180
accgaatgaa atacaagaag tggaaagaaa aagaagattt caacacctgg attaggagct 42240
gcagaaaatg attaaaactt gctaccgtgg aatgattaaa agcgatgagc ctgggtattt 42300
cttcctattt ctgcttattt ggttttcatt atcagccttt gttggatttg gaacattctg 42360
ggggttctac ttctttttctc cagtatttgg cgatgcgtta tattacatag gctggatgtc 42420
aggtgttgga acttggtttg caatacttgc ccggtggttg caattcgttt cccagcggca 42480
gaggggtgta ttcgataagc ccaaagtaaa gaaagaaaaa tctaaagatg actctcgtag 42540
tgaaacttta tcctggatta aggagatgaa ataatggctg ttgcagtgca tgtaaaattt 42600

615

615/758

Фиг. 20X

sequence.txt

```
gaaaatggtg atactcgcct tctgtgttac agtgataatg aatcactgag cggtatcgag   42660
atttcactca aagaagaact gcttggtatt aatggaccta tctgtgattt ctcggtagaa   42720
ggttcggata attgtaatga tgatttggag tctatggtct atactgccat ggaagatatt   42780
cttgaagaaa gttggaacga atgccaatga aagagctcag tgcaggaatt ttattcttta   42840
ccgatgacaa acggctttta atgggtcgta tgacaaatac atatgtccag ggcagaggct   42900
ctagatggga tattccaaaa ggacatgttg agcctggtga aacaccaaaa gaagctgcta   42960
ttcgcgaatg caaggaagag actggattta ctgagtttga ccaagacctc ttatatgacc   43020
ttggacgaca tgattatgca agcaataagg atatccatct gtttggatat atgctccctg   43080
taagcccaga aatgttcaga aattgccgtt gtacagctta ccataaagat gaaaatggaa   43140
ttaattttcc tgaaatcgat gcatttgctt taattaaacc aagccagtgg aaatatgtga   43200
tgggaccaag tttatacaaa atcatgacgc aaatgtatag cacagctcag tgaggttatt   43260
atggaagaag ccgttgaatt aggcattcca cacatttata aacatgagct acgatttatt   43320
cacgatggaa aatggattag catatttcat cctagggata aaatgtcgcg tatactaatg   43380
aaatcacggt atgtcttcag tgatagtgag tatataaaat cagcatatta tatagcagaa   43440
cagctatatc cgggatttag tgaattgccc gaggacgata aaagagatta tgtgtggtgg   43500
aaagataaat ggacaccata cgagaagtgt agccttgagt tattcatagc caagtgcagg   43560
gccaaataaa tactcctata aattaatagg aggtccttat ggatattttt ggcatgttgc   43620
gtattgatga aggatacgac agcaaaattt ataaagatag cgaagggtat tggactatcg   43680
gtattggtca cttactgact aaagacccgt caaaatcttt ggctatttct aatctggaca   43740
aactggtagg tcgttctacc ggtggccaaa ttactcaggc tgaggcagaa gtaatttttg   43800
ccaaagatgt tgagaaggca attaaaggta ttgttgctaa tgctacatta agcccggtat   43860
ataatatatt agatgatgtt cgtagagctg ctctgattaa catggtattc caaatgggtg   43920
tgtctggtgt agccgggttc ccagcttcaa tgaagttatt actcgctaaa aaatgggatg   43980
ctgctgccaa ggaacttgca aattcacgtt ggtatcgtca gacacctaat cgtgctcgtc   44040
gtgtaattga aactatgcgg accggaactt gggccgctta tcaaggaaaa taaatgaaaa   44100
cctatcaaga atttttaaat gaatcccgtt tagcaacagt tggcgtaatg actgaatctg   44160
ttggaagtaa tcttctgaaa tttaaaaaag gtcagaagat gacagccacg ctagaagatg   44220
gcacagaaat tgaaatggac gttgttggat ataactacgt agtagacggc aagttatata   44280
ataagagcca tgctaagttt gattcattcg atgattttgt ctcttcggtt gaagatgaat   44340
cttctcgcaa agcagtagca tctggcgatg cacgctcttt aatggcccat ggacatatgc   44400
gtattaagtc taagcagaac aaacctggtg aagataactt tgcattagta ggttatcagt   44460
```

616

616/758

Фиг. 20Y

sequence.txt

```
ctggtaaaac ttctaacggt taccagcgta cggttaccat gtacatgcgt aatggtaaaa    44520
ttgcattcgt aaacgatcgc ggcgctattc gttacgctaa atcaattaag taagcaattt    44580
cctaataaag ccgaacacga cctctcctca tgaacgtcga gtcctctgag tgaagtagct    44640
tttcctacct gtaataaggt cgagcgcaag tgcggtaagg ggtttacata gtgtgtcgat    44700
ggattaaaca tgtgccaagg aatggcccca tttaatttaa aacttttacc tttctggatt    44760
taaaaatgaa aacttataaa gaatttatca ctgaagcgcg agtgagtgca ggtaaattag    44820
aagccgctat aaataaaaag gcccattcat ttcatgattt gtcagataaa gaccgtaaga    44880
aacttgtaag cctttatatt gacaaagagc gtattctcgc tcttcctggc gctaatgaag    44940
gtaaacaggc caagcctttg aatgctgtcg aaaagaaaat tgataacttt gcttctaaat    45000
tcggtatgtc tatggatgac cttcagcaag cggctatcga agcagctaaa gtaattaaag    45060
gtaaataaca gtttactttc tcctagaatt gtgatagtat attcatattt acatttaaac    45120
aacattggaa taacctggac ctcatgattc tatgagggat tcccgcctac ctgtaataag    45180
gtcgagccca agtgtggcaa tgccagttac ataaggtatc ggaatggact cactccatgc    45240
gccaaggaat ggccccatta aaagagagct tatgaaatac ttaacaccaa tttatttgac    45300
cctgatgcat gctttcaaag acgctgcaga cagacgatta aataatccca actacagttt    45360
ttatgaaccg tcttgcctta tgcgagagta cggtaccctt cgtctagatg gtggaagaca    45420
aaccggaaag accgcagcct tatgccaatt cgctaccgat tggttgcttg aagatggttc    45480
ggttataatc ttatctactc gatacacaca atcatctgaa ctgatggaag gtattctacg    45540
agaatataat tcatcgcatt taattaataa attaccggct aacgagatag ctaaatcaat    45600
tgttccgatg acaatcaggg aatttctatc caatgattcc tcttataagt ttagaggaag    45660
aaagcttgga agagcattaa ttatcattga agaaccaatg aaagttcccg atatgatgaa    45720
gttctatgat atgtaccagg aagctatcag atggtctatg cctaatgata ccttaccttt    45780
atttttcgtg ataggaatgc aatgatgaca cagacagaaa ttgttgatat gattacagtg    45840
atggaaaata caggatttgc cgatatgaag caattaataa caatggttac ggctggcaac    45900
ctgcttgagt acaagcgcta caagtttctg tctggcccgt tcaaaggcgc agaattcatt    45960
tctaatgctc ctaacacgaa gtggatgaat cgctatccta attttagaat tgagtttata    46020
tctggtaagc taaaaggcgt gattagttca agcttaatca catatgacca acgcattcaa    46080
gagaaaacaa tgcaatggct gaaattgtta taaggtgtcc tccacaccta gttgagagct    46140
tctgtgaatg gttcagtaat tctggtgagc aagattttta tgaagctcac cagaatggaa    46200
cttggaatga aacaaccaaa cagtgggaag aagctacaac gtatataggc actcgcggat    46260
atggagttaa cgagcctatt gaaattgtgg aatacgataa agaaactgat gaagaagtta    46320
cttatcatga agataaaata acttatctag aagcagctgc aaagtttcat tcagacgaat    46380
```

617

617/758

Фиг. 20Z

sequence.txt

```
ggaataaaat gagtgtaatt accgcataca tgcgtggttg gaataaagaa tctaattaag    46440
aggaaatatg aaagcatatc aaattcttga aggtgaactt aaaggcacca tttacatcga    46500
agatggtgat gacgcacgag taatcgtttc aaaagttctt aaagaagata ctattacgga    46560
tgctgaaact ttttatggct acaaggctcg tgaagtagaa attgaatacc agccaacggt    46620
aaaaattgaa ggcggtcagc acctgaacgt taacgtgctg cgtcgcgaaa ccctgctgga    46680
cgcggttgag catccggaaa aatacccgca gctgaccatt cgtgtttccg gctacgctgt    46740
acgcttcaac tccctgacgc cggaacagca gcgcgacgtt atcgcccgta ctttcacaga    46800
ggcactataa tggcaattga agatatcaaa ggatataagc cacataccga tgaaaaaatt    46860
ggtaaagtga atgctattaa agacgcggaa attcgtcttg gattaatttt caaagcgtta    46920
gaagaagaac atgttgaaaa gtacatgaat ttagatgtta gcacaatgag cgacaaagaa    46980
tttgatttag cacatgagcg tattactcaa attcgcaacg cgattcaaca cttgaaggaa    47040
gcttctatgt gggcatgtcg ttcagtgttt caaccagaag aaaaatatta aaaagtagtt    47100
tactttcctt acgggccatg atactatggc cctacaaaca aaggagaatg aactatgtca    47160
actaacccag aagtattcat ccgcagaact aaactacgtc gtaagtttga ggaagcattt    47220
cgctctttga atttatcagt tcgtgcccga gctaaagctg agggcaaaga gcctttcttc    47280
actaagtact ctgatcattt gttggaccgt gctatccaac gtgaaattga tgaagagtat    47340
gtattctctg ttctttccaa aattcctaat catcttaaag aaattaatga attcttagca    47400
atgccttggc ttccaattga cccaaaggac attgatgaaa acattgagta taagccaatg    47460
cggttagaaa ttacggatgg aaatctgtgg ctagggttta ctatggatat tccaagacca    47520
ggaaaaggac ctagtataaa gtgtcgtatg gcattcgtta atgataaacg tttgaaaggt    47580
aaaatcagca caaaagttat acacattaat tgaggtaaac atgaaaaaag cgcttatcgg    47640
tctaatggcc ttatgttcaa cggcctttgg gtctgagcca actttcagta atgttcaact    47700
tgacaacttg cattacgcat ataattttgg tgaacaatat caaaaatccg gaaaagaaaa    47760
atctccgcat aaccgatatg ataataacgg cttaggatat ataatggctg ctatatcatg    47820
gaaagaatct tcggcaggag ccaatttaaa agcaggaaag gggcatcatt cttatggggt    47880
atttcaaaat tacttgccta cggttaaagc cagagctaaa ttagagggca aaaaccttag    47940
tgattctgaa ataagaaaaa tgcttaaatc tagacagaat tccgcggaat gggcatatat    48000
tgagctttca tattggttaa atatacataa cggcaatatg cgaaaagctc ttgctagtta    48060
taatgcagga tggaatgtca aaaggggaaa ctcttatgcg tcagatgtcc tagagaaagc    48120
taatttctta aaaaaacata aaatgctaca tacaaaggtg gaataatggt aaagtacgcc    48180
gcgcttcttg gattggtatt ggcattctct gctaatgctg aaaattcaat gacagattca    48240
```

618

618/758

Фиг. 20AA

sequence.txt

```
cttcgtatcg ctaaaacatt ttgcaatacg aactctgaat gtgttgatat attagcgctt   48300
gaattagatt cagcattcag cgatggagta aaagattcac gtagcccggc tcagtggaca   48360
acactaataa atcgtaaggc taagagcatg aaagatttat gtgtcaatgc tcctaacgaa   48420
aatatatgtt taatgtatcg tgaccaatta atggctcgtt atatgtcagg actatcgtca   48480
aaatgaaaaa agcggctatt ttattatgct gcgcattttc agttaatgcc tgggaaaaac   48540
tcccaggcta tcctgaaact gtacttgcag cacagggtac taaaatagaa agcaatggcc   48600
cattcaagaa caacattgaa atagcatttg ttcctagcag cagaaaattg ctaatgtcat   48660
tttataatta tcaagataaa gatgaccagg tgatagttcc acttgtcgaa tataatgctc   48720
gtggatgtgg aatgcagagc gatggcgttt ctgttgatgg agtaatgcat cctaaagaac   48780
aaggagtgct gaaccctatc cttaattgta acaatgctat atttttaaga gtatacaata   48840
atcttaatga atatgcaaca tataaaattc cataggtgaa taaatgatta ctggatatat   48900
taagggcaat attgtagaac tattcatgaa gcatgaatgc gatatcgctc atgggtgtaa   48960
ttgctttact acaatgggtg ctggtgtagc aggacaactt gctaaagcat atcctccaat   49020
tctcgatatt gacatcgatg aagaccgtta ttatgacaat aatttagcca agcttggaac   49080
tcatacacga gccattcaca aaaaaggcac tgcatattgc tataatctgt atactcagta   49140
tgctccaggt ccaaacgttg attacggcgc aatttttaat gcattccatg aactaaattc   49200
tggtcgtatt gtttataatc gtcctctata cattccaaaa attggagctg gtattgctgg   49260
cggtgattgg gaactaattg agaaattaat caatttagca acacctgata ttgacattat   49320
ggtggtagaa tatgaagaag ctaaaagcta aatccgtctt gtagaggtaa atagatgatt   49380
actgaagagc aaaaaactaa actgtggcag ttgattgacg attatgcagg tgccgagcaa   49440
gtagtagcta ttagtgccat ttacggaaat ggtctacctg aagaatacga tgaactcatt   49500
cgttctaaga atgctatttc tgattttatg gagacacttt aatggcacag ctttatttca   49560
actacgcgag catgaatgca ggcaaatcag ctaaccttct tacagcagct cataactata   49620
aagaacgcgg catgggaact ctcattctga aacctgctat tgatactcgg gattcggcaa   49680
cggaagttac ttctcgtatt ggtctacgtc atgaagctaa tacagtagac gaatctattg   49740
acatacttga atttttcaag tgggcacaaa cacaacgtga tattcattgt gtatttgtag   49800
atgaagcaca attcttgact gctgaacatg ttcttcagct atgtaaaatc gttgacttgt   49860
atgatgttcc agtaatggca tatgggcttc gcactgattt tcgcggcgag ttattcgaag   49920
gttctaaagc tcttctttct gtagccgata aacttgttga gctcaagggc gtttgccact   49980
gtggacgtaa ggctacaatg gtagctcgta ttgacgaaaa cggaaatgct attaccgatg   50040
gtgaagtagt agaacttggt ggtgaagaca aatacgtttc tctttgtcgt aaacactggt   50100
gcgaactggt aggtgtttat aatgaagcca agaacgtata acactatcct gatgctagtt   50160
```

619

619/758

Фиг. 20BB

sequence.txt

```
ttaagtatgt tattcatttg gatgggtgta gcagcatcta ttcaaagcga tagacgagaa    50220
gaacttcaaa atcgtcttga ttctggatgc aaagtattag ctcagggtaa agactttatt    50280
gctaatacaa atgggtgtta tattaaatat gagtagccta tttgctatag cgggtgtata    50340
gtactagtac tcgtgattgg gtttttacta tacgtaatat ttctttcgtt attggtttaa    50400
tatgaaaaaa tatgtgatgt gctatcgttg tcttcatgta tatgattaca acactgctcc    50460
aaagactgct accaagcgtc ttaaaaccaa agaacctgaa tgtccaaaat gtaaatgcaa    50520
ggtcatctat tcatgaatat taaatttttc aaatcaggat tttactatcg ttgaggtaat    50580
ttaacttaac gaggtaataa tgtctagaac aattcgccgt aaaggctggc atgtagtaaa    50640
atcttccaaa tggaacgatc agaataataa cgaatttgct tatattaaaa gctataacga    50700
atacgttaaa actcagaaag ataaagaaaa ccagcagaaa tatgttgaac tgcgtatttc    50760
tgaaaacagt gaaagaccgt tagaggccaa gaaactgatc gctaaatcaa agcgcgatgg    50820
attctggaaa actctacgtt ggacccgtta tgctatgccg gttccgcgtt tatttcataa    50880
agccgaaatt aaacgtgcat tgaagtatga tgaagaatat aactgggacg aagctggtgc    50940
tagaaccatt gagcaaggca tctgcgaatg gctttgggat taagtaacac atacttatat    51000
aaatactatt actaactgat gaggtgtata tgcagcattt aagtgaaaag caacttcgta    51060
atcttactgt agagcagctg gacgaacttc gtcgtgagat tgggcatggt atttcgcacc    51120
ttcaggaaga aattcgtcaa catagttcaa aagcagatta tacccgtaaa cgtacgctgg    51180
aaaaatacct caaagaagtt aaggctgtac ttcagcacaa acgtaatact ggacaaaaat    51240
aataggaggc cgtatggcct ttaatcacat ttgcttagcc ctggtgttgg gctgcgggat    51300
ttcattccca gctgcatcac acgacgacat ttcagattat aattcgtatg ttgagggagc    51360
tctacaagtt tatgctaaat ttaaggagcc tagtaagcaa gagtctgaac agttctatgc    51420
tttcgtacaa agtaaatgga agagcgagtc ttgttctaaa gattgcgatt ctttaggacg    51480
ttcagcaggt gaagaatacg ctaaccgtat gaggatacaa ttcgataatg aagttcaatg    51540
attttgtaaa ggacggtaaa cttactccgc aggatgaatt catcggttta cttatggtgt    51600
ctcaagcgta ttttcattca gcgcatttttg ataccaaatc gtatgccaga cataaagcgt    51660
atgaagtttt ctttaacgag attccagatt tgatagatgc ttttggtgag cagtggttag    51720
gattctcagg taagagttat acaccggctt taccatcgca gaaagagctg ccaaaggaca    51780
ccattgaaat gctagacttc attctggcta aggccgatgg tatctacaag tccgttcctg    51840
ccgccctcca aagtgttctg gatgacatta caggcctatg ctacaagact aagtatttgt    51900
tatcattgca gtaataccct ccgcctcctt cgggaggcat tttcttttca aaaagttgtt    51960
tacttcccct cattacatga tactatagac atatcaacaa ccaaacgaga aaaacattat    52020
```

620

620/758

Фиг. 20CC

sequence.txt

gattaagtta actaccgagc ttcaacctgg aaaaatcttt tatcacgtgt gtggtgttaa 52080
tcgcacagaa actaaacccg gcgaaataac gcgttacatt gttgcttcag gcacatatga 52140
tgtagaactt ggtcttagtg gtgtatattc acgtaaatct cctttcttcc aagtgatttg 52200
tgaatatgaa aactatgctg gccaaactga aagctattca actgaacggt ctgcccatga 52260
tatgggtata ttcaagccag gtgaaaagcg ttcggttcat aatcttaatc gtgggttttg 52320
gacgcgtgaa gaagctgaac agttcatcaa agagctccaa gaaaataagt tcagcgatcc 52380
agatgatcaa gcatatgcag acagactgac cccttctgaa gatttccgcc gtcaacaaga 52440
atttatggat tcttatcttg acagttgtga ttatgattac tacgactttg atgatggcga 52500
agaatgagaa acgttttact tatcatctac attgtggtac aataccagca tccgatgttt 52560
acatataatt tggtgcaaat gattctggag agtttgaaat gaatggatgg ggcccatcag 52620
atgacggatt tgcaactcgc gaagctacaa tagcagacgg gattgaatgg gcccgtcttc 52680
agaaacaact ccaagaacag cgggaatccg aagagttctg tgttgattgt gatgaggaaa 52740
tcccagtagc tcgtcgtctg ttggttaaag gctgtcaacg gtgtgtagaa tgtcaaggaa 52800
agtgggatac agtaatgact tctgcttata atcgccgtgg ttcaaaagat tcacaattga 52860
ggtaattatg gaaagtattc ttgatagtac caatttagat aatccgtaca gcgatgtgca 52920
tgtaaaggtt gtgaattcgt attttactaa aaagttgagt cgtgtcgtgc taaaacaagg 52980
taatgatata attcatcttg atactaaaca aattgattca ttaattcaat tcttgataga 53040
ggcaaaagat ggcgagtaaa ttagtatggg acggaaaacc ccgtaaaggc gatgcagtaa 53100
ttgaagatga aagcccgcat gttattgatt tgtatcttac ggtattccac acgtatgaac 53160
ataatactat catcgaaatt gaacgtgacg gagattgtgt agctattgat aaaagcgacg 53220
ctattgaact ggtcaaatat cttaccgcaa tgattccaac tatgaaacag gataacttat 53280
aatgaatatc aataaaaatt cttggcattt caaaatgaac ctatggttta aatctggcaa 53340
tatatggaaa atgccaaaaa ctctatgtgg atacttttgg accacagtac ttcatattct 53400
gttctcttca gcaattgcta tattcattgg ttctgttgca tggatgttcg gttggccgct 53460
tatagcgcag acgggtattc tcgcttggat aggtgttagt ttatccgcct tttggctaaa 53520
tgttgtagca gtaccagttg gtgcagtgtt tatagcaaca tttgtgcttg cgtttgtagc 53580
aatagtgttt ggatttattt tcggtttaga aaaatttaaa gaataccgta aaaataaaca 53640
atttacgaag aaacttgctc gagtaaaagc tggtcttccg gcagaatccg aaccgttagt 53700
attcatccag tatttaaaag ctcgtaaacg gaaagtttgc ccaatgattg attatgtaga 53760
aggtaaaact agtgaagaat gatcaagttt atatcgtgaa cggccgaaag gccgtctttc 53820
gtgctaaaac tgaacgtggt ataatttcta cataccctat tgccgaattt acttttgaag 53880
atggcgagca gattaaaatt aaatatgttc cgttatctca gacgtaccga ttcatcggcg 53940

621

621/758

Фиг. 20DD

sequence.txt

```
gcgaaattga tttagacatt tattatgaag gtggcgtatg gaaattgaaa tcgtaacaac    54000
caaaaagaaa ctctctatga gcttgcttaa gcagatgaaa atggcaagct cttctgaaat    54060
caaattcgca atgtttgacc gagttcatcg tgttcttgga tatgttaatg cctttaaatg    54120
gaacaaaatg gatatccaag tagcaatcat taacactggg aacgattggg cattagttcc    54180
tatgtatgat acacatgtta ttaaaaccgc ccggcgcgaa ccacatccag acggtcaaga    54240
atatcatttc catgacgtag tatactacca tactatgcag aaaatcggga atgttcatcg    54300
caattctaag aagagtactg ataaagaaca tgttgaagcc tgtgctaaag cctcaaatga    54360
tttgattaaa ttcgctaaag ggaatcatat ttacttatga aaacaatcgt aaaatcttat    54420
tttggttcac atctgtatgg tacttcaact cccgagtcag atgtggattt taaagaaatc    54480
tttgtacctc atccgcgtga tattctaatg tgtcaggcga tgaaccacac caattgtaat    54540
actaacaaca gcgcaaccaa aaatacgaaa gacgacgtcg accatgagct gttcagctta    54600
aagtatttct tcaagctcgc tgctgacggt gaaactgtcg cgttggatat gctgcatact    54660
ccaccggaat tggtagttgc atctgacctt cctgaagtat ggaaattcat tcaagacaac    54720
cgagctcgtt tctataccac tgacatgaaa gcttatctcg gatatgtccg taagcaagca    54780
ggtaagtatg gtgttaaggg ttctcgttta gctgacctgc ataaagtcct ggatgttatc    54840
agagatgttc ctgaatggaa atatgacgat cgtcctcagc agaagggtat caatgagcgt    54900
tggaaagtac aggatatcgc agagaaactt cctctcggtg aattcctcga atggaccacc    54960
ttcgttgacc acaaatcagg cgagcagaag ttttataacg ttctgggtcg taaattccag    55020
acgactatca ctatcaaaga gatgaagtat tcccttgaga agcttgatgc tgaatacggt    55080
gaacgtgctc gtaaggcaga agctaacgaa ggcgttgact ggaaagcact gagtcatgct    55140
cttcgtgcag gtctgcagct tcaggaaatc tatatgactg gtgaccttca attccctctg    55200
acccatgcta aaatggtcaa gatggtcaaa gcaggtgagt taccgttcaa agaagtacag    55260
gagcttctcg agtctgtagt agatgaagta gaaattctag ctcatactgc tgaaaagaac    55320
ggaatgccta agaaagtaga catgaagttc tgggacgatt tcgtcgagaa ggtttatctt    55380
gaaaaccaca attcttacta caaatgatac aatgaaggtc ttcttgaatt atggaagacc    55440
tcataaaggt agacggtggt atttggaagc agtttgcaga gagactggtc gtagagaaaa    55500
tgctaaattc tctgctcgac caactcgaaa acaaatccac caatttatgt catgggccgg    55560
agaaactctc cggttctcac tttactgggc tgaaatatga ttttactttg gagcgtagta    55620
gtgccaatcg ttgttgcaat aatttacttt atcgtgggtt ggtctgtctg taaacatcta    55680
atcaaaaacg gaactattga gaaggtagga gagtattggt tctatctcat cttttggttc    55740
cctgctttta ttgttggagc gattatcatg ttcttccgct gggcaggtaa acttccaaag    55800
```

622

622/758

Фиг. 20EE

sequence.txt

cgtatcgcag aaaacgctat caacaagcac gcataactga ggagccttcg ggctcctctt 55860
tttgtttcaa aagaatgcat aaagtagtat acaaactcgc gggctggtga tactatagac 55920
ctgtaccacc caaacagata cattggagaa taaaatgaaa actttagaaa tcgtcgtaaa 55980
caacattgat aaagccttta aagctgctga agcccacggt gtagaatttg aaccaatgat 56040
ggtgggagaa gcgttctcta agcttgctat catccgtggt gaaactgaca acttgattga 56100
ttttgtggat gacttctatc tcggttcaaa ggtccgtcct tactacatca atgaaatttt 56160
agaaaaataa ttaaaaagta gtttactttg gagctgtaga atgatactat agctccatca 56220
aaacaaaaca gagtaacgga gaataaaatg tcaactatca ccatcaagaa agggatttac 56280
ttcggcaaag agatttcagg tacttatgag ttactcggtg agtggttccc ggatagctta 56340
agtgctgaag attctcgcca gggtgatggt aaagtctttg ttgaactgaa tggcaaaaag 56400
cgtggtgttt gggtattcaa agatgatatc acaattgacg gagtagctgc taaaattgaa 56460
gttgttgaat ccgttgatga aatgaaagag cgtatcaaga aacgctttaa cgttatggga 56520
ttaatgacta acggtttaat ccacgggaac attcgttctc tgattatctc cggagcagca 56580
ggtatcggta agacttactc tttggataaa gcattacaac atgctcatga tactaacgct 56640
attgattaca aatcagtgaa cggtaaaatc tcaggaattg gtttatactg ccgtctttgg 56700
gaatcacgtg aagcaaattc agttctgctt attgatgatg tagatgtatt ctctgatatg 56760
gacattctta accttctgaa agctgctttg gattcagggg agaaacgtaa agtatgctgg 56820
agcactgcat cttctttctt ggaagataaa ggaattccta atgagtttga gtttgaaggt 56880
actgtggtct ttatcactaa cgttgatatt gaccgtgaat tagagcgcgg ttctaaactt 56940
gctccgcatc ttcaagcctt ggtatcacgt tcggtttatc ttgaccttgg tgttcacact 57000
aatgaagaga ttatggttcg tgttcaagat gtaataatga ctacttctat gttacagaac 57060
cgtgggttaa gaaattctga agttattgaa gttttggaat ttatgaaaga taacgtaaat 57120
cgtctgcgta acgtatctct ccgtactgct ctttatatcg gtgatttcgt tgcgactgac 57180
cgtaaaaatt ggcggacaat cgctgaagta acaatgctga aataatttaa acgggaggag 57240
aaatcctccc taactgagga aaatataatg gctactttaa tttctaatga tgtaaaacgt 57300
gttttgttta aaggcggaat gtatatcgtt gatactccta aaggtgatac ctcttcctgg 57360
actattaacg agtggattaa ttacattgat gaaaacggag cgtgggtaca atgagtttag 57420
cagctattaa agatattgaa tgttggttaa acgatattaa agtatatccg cctggtcata 57480
tctttgcagg taaacccaag ggtaaagcag agaaagcttg tgaagcaatc tgtgaaaaac 57540
tttataagtt taattttggc gataagaaaa atgtattagc tgaagtccat tcttcttatc 57600
atgaattacg tgtaatggta aacgtatttc gtgctcctcc attcattgag ctcaggaaag 57660
aatacgctaa taaagtattt gatactttcc ttgcaaatgt gcaggatgca gtaaagcatt 57720

623

623/758

Фиг. 20FF

sequence.txt

```
tagacgaaat gcataaacaa caccaagatt taaatgccta ttataagcct tggcgtaaat    57780
cataccaaga gcttaaaaat cgtattgaac ttattcgtta tgaggtgcta aaatgaaaaa    57840
ctgggtaatg acggaaagtg aagcctatgc agcgtatgtt tcaccagacg atcgtcgtag    57900
tgagttgttt ggttattatg gttcatattg cgttgccgaa gaagcagtta aggggcagtc    57960
ttggtggggc tcagatggta cagttaatcg taagccaacg gaactaatta cattcaccga    58020
tgaaaatggc gaatcatgga cttttcctaa aagcgctgct attagtgttc aggaagaaac    58080
acctgaagct aagcgtaaac ggttggaaaa aattaaagaa tccgctttgg ctaaattaaa    58140
tcctgatgaa cgcgaggcgc tcggattatg agtaaagaat ttagtactac tcgtatggta    58200
gatgcttttg gatatccgtg caacggttat cgtgaattta ttcacccgga agttgaaaat    58260
caatttaaag aagtcgtaag aaatattttg ctcaatgcat ttaaaactca aggaactaac    58320
ccgagagatt taggcattta tcttgaagaa gccatcagag acgtacaaaa gagcgtatcg    58380
gctaaacttc attgggctga agaaaatatt gcttggtcaa acaagaaacg ttctgattta    58440
aattggcccg ctgatcgtga acaaatcgtc aattatgcta aagggtaacc catgtttaat    58500
actatagtgt ctatacatgc gtattacgaa gggcagttaa atgctgcccg aaccaagtat    58560
aagcgaggaa tggaggaatc tgtggaatgc cttaaagata ttcagacatt tgcccagaag    58620
acccagaacc tcatcttgat ggaccgtaaa caggtctcat tggctgaaga gctaaaagcc    58680
tctaagatga ttatagaaga caataggaaa caccaactga aattgcttaa acggcgacaa    58740
caccagtcgc catggtttaa cagtgatttc cgatcttttt aagggccttc gggccctttt    58800
gttgtttaca tcttagaaaa gccatgataa gatagcttcc gttaactaat gaggagattg    58860
aaatgaaagc acctacttgg aacgaacttc aagaaatgtt caatactgaa gaagcttttg    58920
gaactatttc tgaaatggtt gagaatttag tagattctcc ttcagaagat aatcttctgt    58980
gtttagcaca gttcatcatt gaaacttaca tagagaatca gaaatgacag tatacgtaga    59040
tgtcttgatg aatcatggtt ggaaaatgag aggtcatcaa gtaaagaact gccacatgtt    59100
tagcgacaat cttgatgagt tgcatgctat ggcagaagcc atcggaatga aacgttcttg    59160
gttccaggat aagcgagttc cacactatga tttgcgtgat gttcgtcgca agcaagcagt    59220
tgctctagga gcagtagaag tatctcgtag agacgcagtt ctgctttgga gaaaattttt    59280
cacaaagtag tttactttcg gcgaggctgt tgataagatg gtctcgtcaa ccaaactgga    59340
gaataaaatg aaaactttaa ccgagattat ctctgcactt gttgaagaaa atcgtgtagc    59400
ccgccaagca caccgagcga aagttgaaaa acgcgccgag gagttgaatg ctggatgggc    59460
gaagacccgc ttcggtcgtg aatactttga taaagtggta gctcctactt ggggcaaaga    59520
tgatcgtcct catgctccct ttgatggtta tctttgggaa aatgaattag gtgaagttga    59580
```

624

624/758

Фиг. 20GG

sequence.txt

agcttatcac gcaggcagtt acttgccgta tgttacagaa ttggattcac tggataagcc 59640
tgagtatacc ggtgaccacg gttggtggaa aatccgctta actcaagaag agtacaaaga 59700
acttcgggag tatggttatc ctcttgaagt acgcattcca tataaagagt ggaaattgca 59760
agatggcaca aatgttgtta tggcagaagt tagagctcat aagagcatct tagaggctat 59820
ccaggaacat tcaaaagagg tctttgataa tatattcaat gagctgaata agaataaagg 59880
ggatgcaccg gaaggacgag tgaccgtctc tggtacagta acgtcagtaa aagtttatga 59940
agactattac ggcgtacaat gtaagatgat ggttgtgctt gagaatggag ctacggttta 60000
cggctccctt ccaaaaagta ttccgtttga atacagaggc aaagtacagt ttactgctac 60060
atttgaatta gcgaaagatg ataaaactca tgctttctat aagcgtccaa gcaaagttat 60120
tatgcttgat gaatagttgt tgtataatgg gttcagggag attttgagat actctttgag 60180
cccagtccaa aatagaggaa aagataatga ataagaatga attaaagatg tttgtagaag 60240
ctgaatttaa taagttgaaa gataaaactc tcacgaagcg tgagaaacat gttaaggtgt 60300
tatcagcttt acatgattta aatccaaggg cttatgatgt agcaattgct ggtaacgtag 60360
ctcgtcgtgt gctaaatagc atggcatcac atgaagccaa ttatgctggt tttgttgtag 60420
aaaacattcg tcgttctcgc tggttaggtg caatgtcagc agagaaacag ctcaaaaagt 60480
ttgctatcgg caatgctaaa atttacggtc agcgttatag ctttgcggca ggggcgttta 60540
aaactgaaga aagacatgac cgtagcgctg ctcaaatctt ctgttctgaa tttaatgcaa 60600
acctgcgccg tattcttaat cgttcaattt gcttgcttaa aggcgatgac cgcgtgaaat 60660
accaggcatc ttctactagt tctagaaatc ctaagggtgt ttcatttatt cgtgccgaag 60720
aacttgacaa tgtaactgta cgaattcata ttaatagcca tttatccagc ggaaagtatc 60780
cggctcgggc gcttttagcg caagttcgta ctgcattaga tcatatggat gtagttaaaa 60840
aatcatgctg taaacagcag ggtgaaaact catctgttct tgaagtacat ttggacccat 60900
ttaagatttt tcctaaaaca ttgagcacca ccccagttat tgatgaagat gtagcacata 60960
tgtatctcaa tgttgttaag cctcttccgt taacaccagt aaatcatatt gaaatcgcta 61020
agaatagtat tactgccgaa atggaatcgg ttaagcgatt tattgacaca aaagaagctg 61080
aattggctaa gcatgaattg acgatggcag atttggttaa atcgcttaac gaatacaaag 61140
agcgttatga atctctcgag tatgcccgga gcttactgtg aaaaatcaat taaaagaaga 61200
catggtcgtt gatgataacg accttgaaat tgagtttgag tatccacctg tacctgaatt 61260
taaaattgac tgggacgcct gtcttgaaat ggtagaccgt cgagaagctg cagctaaaca 61320
agttgtgcct tgcgaaaaat gtggtagtat tcaagtacag cttgtcgatt ggacaaccga 61380
tattctgaaa atgaaatgcc ggacttgtaa acacagattt gagagaaaat taaaatgatt 61440
actaaaacta ttactggtgc taatactaag ttttttgtcg agtatgctaa taacctcata 61500

625

625/758

Фиг. 20НН

sequence.txt

aaagacaaaa actttgataa catcattgca gatatgattc ttgacgcata cgaaagtggc 61560
atcgacccta tgcagcttaa agaatatctt cgagcgacaa tggattttac agttcttaac 61620
atgatgctta gaactgatac tgaattcaat gaaatgattg ctcgtcgtaa tgaaggcaag 61680
ttcaatttga ctgatgatga agtattagca tgcgctgctc acgaagcttg gaagaaggtg 61740
attaaatgaa aacaactggc gcgctttgga aagaatttta taacgatgaa gccttctggg 61800
aaggctatta tcatgatgac actttaatac tctttgatga tgttgaagta gaagaatatg 61860
aagacccttc gcctgatgcg gtagtaaaaa ttgaaagcgg atatgtttac aaaaccgatg 61920
atgattcctt cacttcccat gatttgagtc ttgaaacttt ctttaaacgt tggaaaaaga 61980
aacagaccac tcgcactatg gtagtcactg ttgataaaga tgacttcgcc aaagtatttg 62040
aaactatctc taatattcct ggagtgaaaa aggtaaaatg attgacatta aattagatac 62100
ttatgcagta cgccagttat tcccagaagg tacagcagcc cgtgctcaac tgcaacagtc 62160
agtaatcaat aacatcgtta aagaaatggt gttaaaagat tcacagaata agctgaagca 62220
agcagtacaa tctgaagtta atattgctgc tgtgactatt ccagatgtcc gagcagaagt 62280
taagaagcaa gttcagcaga tgttccatac tcgcggttgg aatgatatgt ctgctaaaga 62340
agaaatgtca cagatgatgc gtaacgctgc ccaatcatgc gctaaaaatg ctattgatga 62400
tatggttcgt caaactattg atgacgctgt taagcaagct gaaggtcgta ttaagatgtc 62460
tattgaaaga gctaatctcc gaattcaaga aatcattgtt aatgcaatga ataaaaattt 62520
cgctgatcaa attaacgctg ccattgctgc taaattggca gaacacttcc cggtaactgc 62580
taatggataa aattgatttt agcaaattaa atataccacg tatgggaatt cctgatgata 62640
ttgccaagca attagctagc gttcaaccaa tgccagataa ttgcatcaaa gatattttcg 62700
atgcgttaga tggtaaaaca ttagttataa ctactaaggc tgaaaatggc tcgtaaacga 62760
tatatggaag aagccgaacg agtaatgcta ctcatgtatt cggtttatta taatgagact 62820
ggtcaaatag ttgatagttc taaactcaaa ggagctatga ctcgtggccg aggttttgca 62880
caagcagcta ttgataaaga aattatttct cgccttggaa ttaagtatag ctccaagatg 62940
tatctccatc ctggctggaa ccaagttcaa gctcaagtat ttaaggaaat agaagaagat 63000
gttcacagtt tttggctacg acagcaacat ccataagtgt gtattttgcg ataatgcaaa 63060
gcgtctgctc gatgttaaga aacaagagta tgcattcatt aatgtaatgc cagaaaaagg 63120
cgtatttgat gaagtggtta tcagtgattt gcttcgtcgt ttaggtcgtg aatcacaggt 63180
tggattaact atgcctcaga tttttgctcc tgacggtaca catatcggcg gttttgatga 63240
actccgtaaa ttcaaattca atgcatgatt atcgtggaac cctccttcgg gagggtgata 63300
ttgtagccct ttattatggc tatggcggat tagaaaccgg tgagattaaa caaatcaaaa 63360

626

626/758

Фиг. 20II

sequence.txt

atcatcgagc aaaggtagag gtaacttact ctaatggagt taaggttatg tctaaatgga 63420
aatacggtga gtgtatggtg aaattatgat tagcatgagg aagagttatg agttatgata 63480
ttggtgattt aaaagctccg tgcacggtaa caatttcagc agaagagttc atccgcttgc 63540
aagctattga agaactgttg tgggaaattg aatgtgcgct tccgtctggt ttagaaagct 63600
ggattgatga tgaagaccta caaaaactgc gaggttaaaa tgactaacgc tgaattagta 63660
aaagaaatca agcatatcgc tggtgtcact ggcgaatggg acgacaacta tgatttcgaa 63720
tatccgccta atgcaccaga cgatgatgca gaagaaatct ttgttttagt agaagatgat 63780
gaatggacac aggaccataa gtatcaaagc cgttctcaga tttggtatta cccagctcgc 63840
ggcgtccatt tcatggtatc agagtctcgt tcaggttcat atcataccga ttggtattat 63900
aatcctcctg aagtagatat cgtcactcgt cacgagaaag tagttactcg tactgaagtt 63960
gaatggcgta ttgaatacga ttctgttaat gattccgctc cggcaccatg caaagcagca 64020
aaggcataaa accttggtac acggctcgat gggaaactgt cgagccagag gaagatgcta 64080
ttcctgaaga agattataat acttctgaac ctaccattaa cgaactactt gattatgagg 64140
acaaagtgaa tggaacttat tggtaagcag tttgaagtta tagaaaatga tgatgaatta 64200
actgaacaat ttccccagtt tgttcctgga tttaaatttc aggttatcaa tgcagttaat 64260
gaagatgacc ttgaaacatg tggcattaca gcagtaattg atttgctcac aaataaaatc 64320
atcacaatta atgacccaac tccattcggt gaatcttggt tctggtgctt ctatagtgaa 64380
gataccatgc accaaattaa agaaatcggc caaggtgaag acgttccaaa tatttctgaa 64440
attaaactcg accatttttca tggaaaaatt gttccaatta ccaaagctct ttatgctttc 64500
gcaggtcaag aaaattgtga ttctgaagaa tacgatttaa tgcagaaagc agctgattat 64560
atcgtcgcct tggaaactcg tcttggagtt caatatgtct aaatcatgcg taaccaaaac 64620
tattacagta aaaattttgg atttttgtga tattcatcgt attgcaaggg aaatcttacg 64680
tagtcatgga tataaaattg gtgacattat taaattcagt aatggatatt atgacgatga 64740
catcggtgga atggcttggc caaaaatgag tattattcac aaagaaacta attcatatat 64800
tgagttcaat gcggatgatt atgaaggcat ctatgctttc tgtacttctt tctgcataaa 64860
agagtctaat cataacatct atagtagtta ctcgttaatt taactataaa tactcttatc 64920
taatcgctga ggtaagagta tgttattaac cggtaagtta tataaagaag aaaaagaaaa 64980
actatatcag gcacagaacg gattatgtcc ttgctgcaaa cgtcctttag atgaggatat 65040
tcaaaagaat cacctcgacc atgaccatgc gttagaaggt gacaatgcag gaaaggtcag 65100
aggcttgctc tgtaacctgt gtaatgcggc agaaggccaa atgaagcata agttcaaccg 65160
ctctggttta aaaggtcaag atattgacta cctcgaatgg ttagagaatt tgctggttta 65220
tctccgccag aatcgtaaag acagtaatat tcacccgcaa tatgttgccg atatggctaa 65280

627

627/758

Фиг. 20JJ

sequence.txt

```
acgcttttca cgtcttggta aacctgagat gattgctgaa atggaattgc atgggtttac    65340
atacgaggaa agtgatggaa aatcacaact tgcttcaaaa tacaagaagc agcttcgtaa    65400
gagtttaaaa tgaatatcga attagaaatc cagggactta ttaataaaac caacaaggac    65460
ctcttaaacg agaatgctaa caaagattct cgtgtttttc ctacccaacg tgacctgatg    65520
gctggtatcg tatctaaaca tatcgccaat caggtcattc ctttctctgt aatggaagca    65580
cacaaagaag gtgttatcca ttttcatgat atggactaca gtccagcttt gcctttcacc    65640
aactgctgtt tggtagattt gaaaggtatg ttgcagaatg gctttaaact tggtaacgct    65700
caaattgaaa ctcctaagag tattggagta gctactgcta tcatggcgca aatcactgca    65760
caagtagcat ctcaccaata tggtggaact acttttgcta atgtcgattt agttctggct    65820
ccttatgtag agaagacatt cgctaaacat gtacgtgatg ctcgcaaata tcaagtagca    65880
ttagtaaaag attatgctat ttcaaaaaca gaaaaagacg tatttgatgc tttccaggcg    65940
tatgaatatg aagtgaatac tttgttcagt tcaaatggcc aaactccatt tgtgactatc    66000
acatttggta tgggaacgtc atgggaagaa aaattaattc aacgagctat tcttgataat    66060
cgtattcgtg gattaggacg tgatggaatt actccaatct ttccaaagct tgtgatgttt    66120
gtagaagaag gcattaatct acgcaaagaa gacccgaact atgatattaa gcagcttgca    66180
ttagaatgcg cagctaaacg catgtatcct gatatcatca gtgctagaaa taatagagca    66240
attacaggtt cagaaactcc tgtatctcca atgggctgta gaagtttcct tggtgcttgg    66300
agagactctt ctggcaaacc cgttcttgac ggccgtaata atctaggggt agtaacattg    66360
aacctcccta ggatagctct ggatgcaaat tataaaagtt cagatgatag taataaactg    66420
ttcaaactac tggatgaacg tcttgatatt tgtaaagaag ctcttttaac tagaattaaa    66480
tcccttgaag gtgttactgc gtcagttgct cctattcttt accaggaagg tgcttttggt    66540
gtgcgtatga aacctgatga tgaaattctt gagctattca aaaatggacg tagttcaatt    66600
tcattaggat atattggcat tcacgaattt gatatgctta cttttaaagg aagcggtaaa    66660
ctcgtcctga agtacatcaa cactaagcta aacaagtgga cggaagaaac cgggtatgcc    66720
tttagtttgt attctactcc ggctgaaagt ctgtgctatc gtttctgtaa gattgaccaa    66780
gccaagtttg gtgatgttaa gggcgtaact gataaaggct ggtacactaa tagtttccat    66840
gtgtcagtag aagaaaacct gtcgcctttt gaaaagattg accgtgaagc accatatcat    66900
tccattgcta aaggtggtca tatttcttat gttgaactgc ctgacatgaa gcgtaacctt    66960
gaaggtcttg aagtggtatg ggactatgct atcgagaagt tggattattt tggtgttaat    67020
atgccagtag ataaatgtct ttcttgcggt tctactcatg agatgacacc tactgaaaac    67080
ggattcactt gctcaatttg cggtgaaact gatccaaaga aaatgaatac aattcgtagg    67140
```

628

628/758

Фиг. 20KK

sequence.txt

```
acttgcggct atcttggtaa tccttctgag cgtgggttca atcttggtaa gaacaaagaa    67200
attatgcata gggtaaaaca tgttagagaa accaatgaag caagttgatt ggaaccaact    67260
tagcgaatgg ggattgattt ggaaaatcaa caaagaggtt ctgcacccgc ttggaattgc    67320
tataacccgt gaccccgaaa gtggattatc ggctggggct attcaaactg atgagccctg    67380
gaaatatgat gcagaagtag aagcacgtaa tgaggtaagg ttcaatgaat ttcgacagaa    67440
tctacccttc tgactttgtg aatggccctg gatgcagggt cgttcttttt gtcacagggt    67500
gtttgcataa atgtgaaggg tgttataata aatctacttg gaatgctcgt aacggacagc    67560
tattcactat gaatactgtt aaagaaattg catctcactt aagcaaatcg tatatccaag    67620
gccttacctt aaccggtggt gacccacttt atccacagaa ccgagaagag atttcaaatt    67680
tagtttcttg ggttaaagca agatttccgg agaaagatat ctggatgtgg acaggatata    67740
agtttgaaga tatcaaagat ttagatttgc tacaacacat cgatgttata attgatggga    67800
aatatgagaa atcactgcca actactaaaa actggcgcgg ttctgacaac caaagactct    67860
gggtaagaaa tggttctacc tggacacatg attgaggaaa tttatatgct gacttacaaa    67920
attatgttta ctctgaacca catggctact gaactgtttg gaccggaatt tctggctatg    67980
acagcgttca tcttaactat ttaaggaaaa ttatgaaatt tattaatgct attcgtaaat    68040
ttatttctaa cgttatcgct ttggttgcat taacggcagg tgctttcgta gcaattccgt    68100
ttattgttct tattatcatc gcagattgga ttaatcctac caagaaagat gaaaagttat    68160
ctaatgaaga atttcagaaa cgagttaaca ctctgactgc taaactccaa caggtcatga    68220
aatgatagaa atctatggca tccctgaaga agtttggaga tgccctggat gtaaagcagt    68280
tcgtgacttg ctcgataagc tgcaacttcc gtatgagttc tataacgtaa tcaatgaggt    68340
agacggtcaa ccggtttatg accgtccgtt gattgagtca cttgctaaac gcatcgggtg    68400
ctatccatcg cttgctattc ggtatcctgt catttttatg gataacgtta agcagtatga    68460
cattccaaca ttcaaaacca atcttattgc tgctgggcat gacccagata tcatagaaga    68520
ttaaccggtt cctttctaag gtcatcttga ccaccttctg tatatttcta tacccttcat    68580
ttagaggttc ctgtgggacc tctcttttat tttaaatcca tttcacaaag ttgtttacaa    68640
gctagctgat gagtgatact atagctctat caacggataa cagcataccg tttaactcga    68700
gaggaaaata tgaactggtt aaattggcaa gaagctctag aagctatgag taaaggctgt    68760
aaagtaaagc atgtgcattt tactgatgac gaatacttct tgatgaagaa caaagtcatc    68820
tgtgacgaaa atggatatga tatgactcgc tggtacaagg gtgagtcttg gcaaaacgaa    68880
cattggtaca tcgcatgaaa acttttgctg taggtgatat cgtccgtacc agaatttggg    68940
atgggcttca atttgaagta gttgtctacg tcggttcaga tggagttcta cttcaccgaa    69000
ttaacaatct gattaagtgg caccttgaac gcttcgtgaa atatcatgaa ttcaatagct    69060
```

629

629/758

Фиг. 20LL

sequence.txt

accactgtac tgtagctccg gttgctagta aagaatacta cgatatgctc gaagagttaa 69120
aatctctcaa agattgattt gctacaggag atttgattta aaatctcctc tgtcaagaca 69180
atcactactg aggaaaataa catgtcccaa gcaattaaaa acgcactgaa cgctttcgca 69240
tactataaag tttctgcaat gctggaagaa ggacgttgtg taactccgtc tttgcttgat 69300
cagtgggaag ttgagcttca cggtacgatg aaagaagaag gacaaaaaat tggtaaagca 69360
cgcatccgtg aattagtggt tgcttatctt ctgtctgaat ttggtattaa agcctttggt 69420
gtagaaccca tcgtagttgg tgttggtgaa atttctgaat ccgctattcg caaaatgaaa 69480
aaccaacgca agaaaggttt tcgtgatgtg aaagcggtta aggcggcaaa atgaaactaa 69540
atcaaaacgg atgtccttct cgcgtacgat tttgcattct agaattacga tctaacattg 69600
tcgttattga cgaatacacc acgattgtag gtgtacaaca atatcttgat agacgttttg 69660
atacacgaac ccatatgaaa tatggatttc caggcaaatg taaattttat ccaatgagtg 69720
ctgatcatca atctgtagta aatgatgaat acaagtgggc agaaggtctt actttaaaag 69780
aacttgagga atatcttgat gcgtaaagtt attctataca cagaaatttt taccagccgt 69840
tgggtgtttg acagtgtcag aatttcaaac gcttcaaaag aagatgttcg taacgctcag 69900
cgattagcat acgatgaagc tggaaaatca ccagcatttg taaaaattga gtatatcatt 69960
actgattctg ctttaattca taatgtatca gaatcagtat taaagaagtt ctgcgttgat 70020
cgcatcaata aaggaacttc aatggaatat tttctattag cgagagaact gaaatggtag 70080
aagaacaaat tgcagaaatc ggtttactcg gatggttcgt gtctaaaact aaagacggca 70140
gaaacttgat tgaaactcca gaaggagaat tcattattga agaagatttt gacgcgtttt 70200
ggatttatga acgctctgga gagaatgaat acacatccgt ggatgctttc tctaaatttg 70260
aagatgctat tgactcggtg aaagcatggc taaagtaaac caaattatga ttgtagtaga 70320
aggcattggc ggatttacta tagattctta tatgggtgtt tggtttgaca atgaagaggg 70380
catgtattgg gaaacgcatg cctctatgtt aaatgaaact cattatgaaa gtttatactc 70440
ttcattcatg gaaatgatgc atgaagtaga tgaatctgat tggtttgaac ttagtttggt 70500
tgagttcaaa cgtatcatgg aacagctgtt ccaatgctat cgtattatga agggtgaact 70560
atgaaaattc aattgactct tacacatgaa aatattaaag gtgtgttctg tcttgaaaat 70620
agccaaataa cttttgcaca agatggaacg tactggtatg ctgaatcaga tgatatcgct 70680
ggttatggaa tggaacgtgt atttgaagat tttgaagccg tcattgatgt tccattagat 70740
ttcacgtata acgattttta tcgtatcatg atgaaattaa ttgcatgcgc tgaattgatt 70800
aagtaatgct ttaatcctct cgcttcccaa atttgttata atagatatta ttaattgaag 70860
cgaagaggca atatgagtaa ttatgtaaat aacaaggagt tgtataaatc aatctgttca 70920

630

630/758

Фиг. 20MM

sequence.txt

tggaaagaga agtgtcggga gtctgaagct gctggcggtc ctcgagtagt aaaacagaac 70980
gatacgatcg gccttgctat tatgctgatc gcagaaggtc tgagtaagcg tttcaacttt 71040
tcaggataca cccaatcctg gaagcaagaa atgatttcag acgggattga agccgcaatt 71100
aaaggcttaa tcaacttcga tgaaactaag tatgataacc cgcatgcgta tataacccaa 71160
gcttgtttca atgcattcgt tcagcgtatc aaaaaagaac gcaaagaaat ggcaaagaaa 71220
tacagctatt ttgtccacaa cgtgtatgat tcacgggacg atgatatggt tgcgttagca 71280
gatgaaacct ttattcagga catctacgat aaaatgacgc agtatgaatc caccgcttat 71340
aaggcgccag ggtctgctaa aaagagcgaa cctacaagtg atggacctaa tctggaattt 71400
ttatatgagg ctgaagatta acctcgacgg gtttttagaa gatgtgcaag acctagacgc 71460
tatcccttat ttgctaaaga tgtatttaag ggaggtgctt gatcttgata ttcacattga 71520
cccgaaaaat ccacatgacg ctgatttcag atcagattct gctataattg aacatagtta 71580
taattggact gatactgaat tcacatttga aataaattac catccaaagg aataacatga 71640
acaatattac ccaggaagag cgcgacgaac tgcagcagaa actaatggaa gcggcagaag 71700
aacaagctat tgctcgagcc aacaaaattg ttcgtaaaaa ccgtcgtgaa attgagcgat 71760
taaaagctca tgctggagac gcggtattag acaacaattt ccctgcttac aagtatgcta 71820
ttgaaaaact gcgtactatt ttaaaacaac cttttaccga tgagattatt ctcacctgtt 71880
ggaatacctc tcgtaaatct gtttgggaca ttctaaatgc tggtacaagt aaaatttaaa 71940
cgtgttcgta aagacgcagg atttactttg aacactgcta ctggaacaat ggcagtaaaa 72000
gtagcagata atcaatatcg cgtgttaggc tctaccgaag gatgtaagct aatagataag 72060
aactctcttg tctgggttga caccttccaa gttaaacggt ggtatgaatg gtaaatgaag 72120
agaattggga tgtatgacga atttgatggg ttctaatcct gggcatgatt ggcctgaagg 72180
aaattacgcg tgtcggtgta gtaattgttc agaacgttat acaggaccaa agcgtagtta 72240
cttctgctat aaatgcgata ccgccaggag agaagcaccc gctcccgatt atgaagcaat 72300
tcgtaatgct aagatagata tgctcaagcg ctttgaagaa gctaagcgta tatgcgaagc 72360
agcgggttat gttgtgtata agaaaattta aagggcttcg gccctttgc tttattacgg 72420
gaatggtaaa atatccaaaa ttaacaacaa aggtcaatat atgaagatta atattttaat 72480
ggctcgcgga cttgagggat gcggcgtaac caagttcagt ctcgagcatc gtgagtggtt 72540
agtaaaacat ggccatgaag taaatatcat ttacgctaaa gataaagcgt ttactcgtaa 72600
tagagcacat agctataaag atgtaactat tcctgtgtct ctggcagatg actacgataa 72660
gactttatct ctgcttaatg catgtgacat tcttatcatt aactcagtac ctgctgtcaa 72720
cgctccagaa gcagcgattg ataactataa gaagctcata gagaacatta aacctgaagt 72780
tcgggtagtc gtatatcaac atgaccatag agcattgtca cttcgtagaa atgctggtct 72840

631

631/758

Фиг. 20NN

sequence.txt

tgaagaaacc gttaagcgtg ctgatgtact gtttagtcat agctcaaacg gcgattttaa 72900
taccgtgcta atggaagaat attttccaag cggcgggttg agtttctttg atgattctga 72960
ctcagctcct ccggtttata actttcaacc tgctatgaac atcaaagcaa ttcgtgataa 73020
gtattggaaa gacttctctg ccattgattt tgatatccat cgttggattg gtcgtactac 73080
tacgtggaaa ggctatttct tgatgtttga ctttcatgaa agtcatctgc gtcccgcagg 73140
caaaacgact atcttggaag ggttagaacg cagtcctgcg tttattaaca tcaaagaacg 73200
ctatgaaatt gactattgcc gtcattatca tcaggttaaa actgggccag gtctgaatcc 73260
tcaagttctt gaccgatatg ttaactctga aatgcttgag cgtatgtctc aatctggatt 73320
tggctatcag ctgtcacgtc ttccggataa attccttgag cgttcgttgg aatatactca 73380
tttggaatta ggtgcatgtg gtactattcc tgtgttccat aaagccaccg gtgatgcttt 73440
gaaattccga gttgatggaa agccattgac ttctcatgat tctggcattc tgtggttgaa 73500
tgatgaaaat aaaaatgaag tctttgaacg aatgaaacat ctgtcatctg accagaagct 73560
ctatgataaa gagcgaaata aagcatttga attcctggta gaacaccaag attctgagca 73620
ttgctttaaa gaacaatttg agttaatgac aaaataagta atgggccttc gggccctttt 73680
tgctattcat ggaataatat aaaattaaac tctactagag aggttatatg aaaattattc 73740
actcaggcga ttggcattta ggtgtccgcg cagatgaccc gtgggtacag gatgtacaac 73800
gacacggaat taagcagcat attgattatg ccaaaaagca tggaattaaa actatcattc 73860
aatacggtga tatttttgat gttcgtaaag ctatcactca taagacaatg gaatttgctc 73920
gtgaaattgc agagtctctt gagaaagaag gaattaactt aattacgatc gtcggaaatc 73980
atgacatgca ctacaagaat acgttgacgc ctaatgcatc aaccgaagtt cttggtaagt 74040
ataagcatat tactgttatt gaaaagcccg tgactatgga ttttgatggg actttgattg 74100
acttgtgtcc atggatgtgt gaagagaaca catcagaaat catgaagcat atcaaagaat 74160
cgtctgctga atactgcatt ggtcattggg agcttaatgg cttttatttt tataaaggaa 74220
tgaaatctca tgggctggaa ccagatttcc tcaaaaagta caaacaagta tggtctgggc 74280
acttccacac catatcaagc gcagcaaacg ttaagtacat cggaacgcct tggacgctta 74340
cagcgggtga cgagaacgac ccacgcggct tctgggttca agacactgaa ttatcaacct 74400
ttgatttcgt ccctaatgaa atcacttggc acagaaaact gatttatcct gtcacagggc 74460
aagttgattt tgaagagttc agaaatcttg cagtgcgaat tattatcact gcggtcgatg 74520
aagaccttcc taagtttgaa tcagaacttg aaaaggtagt acatgaatta agaactgttt 74580
ctaaagttga caactcggtt gagtctgaag atggcgaaga agtagaagtt aaaagcttat 74640
tggatttaat ggaagaatat atccaagcac ttgaagacct gtccgcagat gatatcaaag 74700

632

632/758

Фиг. 20OO

sequence.txt

ccttaaaggt	tatgtctaaa	cagttataca	ttgaggcaca	aaatcagtga	agacttttaa	74760
actaaatcgt	gtcaagtata	agaatataat	gtcagttggc	caagcggcca	ttgacattca	74820
acttgataaa	tgtcaaaaga	ccttaatcac	aggtaagaat	ggtggtggca	aaagtactat	74880
gcttgaagct	attacttttg	ccttatttgg	taaaccattc	cgtgatatta	agaaaggtca	74940
attaattaac	tcattcaata	agaaggactc	tgtagtagaa	ctgtggatgg	agtatgacgg	75000
tcatagtttc	tacattaaac	gtggacaaaa	accgaatgtc	tttgagattt	tacgagatgg	75060
caataagctt	gatgaagccg	caagttcaaa	ggattttcaa	tcctactttg	aaagcctcat	75120
cggcatgtca	tacacatcgt	ttaagcagat	tgtcgtatta	ggaacggcag	gatatactcc	75180
gttcatgggg	ttatcaactg	ctaatagacg	aaagctcgtt	gaagatttgc	ttgaagtgtc	75240
tcttttagct	gatatggaca	aactgaacaa	gacacagata	agagaaatca	atcagcaaat	75300
ccaggttaat	gatgttcagc	gtgaagcatt	gactaatgaa	attaaaactc	accatgagta	75360
tgcagaaaag	cagaagaaac	tttctggtga	taacgttgct	cgcctgcagg	cgatgtatga	75420
tgaacaggtc	aatgaagccc	gtgggtataa	agcagaatta	gaaactcttc	agagagaact	75480
gcttgagtta	gtaattggag	acgacccagc	agagtcaatc	caagaagttc	aaggtaaaac	75540
atttaaaatt	cggtctaaaa	ttgaatcata	ttcaaaggtt	cttgggctgt	atgataaagg	75600
tggtcattgc	ccaacgtgct	tgcaggattt	gcattctaat	gacactctaa	tcactaagat	75660
taatcatcat	gttgaagaat	gtaataccat	tcttggtgag	ttaaagacgc	gccagagtga	75720
actggatgaa	ctagctcgcg	agtataacac	ggtccgggct	cgcgctagag	atatcaaaac	75780
ccaaatgggt	agtttaaagc	aaatgactat	cactgctgtg	gaaaaggcac	gtcgtattaa	75840
agcagctatt	gataaagcat	ctcaggagtt	tattgataac	tcagacaaga	ttaaactgct	75900
acaagaagaa	ttagataaaa	ttatcctcgt	caaaactaat	ttggttatgg	aaaaatatcg	75960
tcgtggtatt	ttaactgaaa	tgctgaaaga	ctccggtatt	aaaggagcta	tcatcaagaa	76020
gtacatcccg	atgttcaata	agcaaattaa	cagctaccta	aaaattatgg	aagctgatta	76080
ttcgttcaca	ctgaacgaag	agttctctga	aacgattaaa	tcacgtggac	gagaagagtt	76140
tagttatgcc	tcgtttagtc	agggtgaaaa	agccagaatt	gatatagcat	tactattcac	76200
gtggcgtgat	attgctgaaa	aagtttctgg	tgttaaaata	aactgtctgt	tccttgatga	76260
agtttatgat	tcggctaccg	acgcagaagg	tgttaaggca	ataactgcta	ttcttaataa	76320
gatggtagat	gccaatgtgt	ttattatttc	tcaccgtgac	cacgacccgc	aggcatatgg	76380
ccaacacctt	caaatgaaga	aggtcggacg	attcacggtg	atggaatgaa	tgagtttact	76440
acgggccaac	atctgttggc	ctttcctgaa	ttaaagcgtt	atgtgttagt	taatttattt	76500
tctgatgaac	gtcatcttgt	aactgaagaa	atgttacgag	atgcttttac	gggaaatgaa	76560
tataatagag	tcatgtccaa	caggaatccc	ggttggatgg	ttgaagatta	ctacgattaa	76620

633

633/758

Фиг. 20PP

sequence.txt

ggtaaatata atgattaatt ttgttgatgt gaaagatatc caggttaaaa acgtacgtgc 76680
agattccaac ccgaataacc aaaatcgtat tcgtaaatct tgggttctgg ctctaactga 76740
agaaactaaa caggctatca aagataagat taaagattct gaagctcgct ttgctttcta 76800
taaatctatc gatgatgaag tcgcagaaaa atggattgaa ctgatgcgta agcattacaa 76860
tgaatcaatc aaggctggtg ctaaaattgt tactgatcgt cacggtggcg aacgtctaga 76920
aaatgattac tgtgtagatg ctgatgagca actcgttgcg gcaggtcaga ttgttgcaga 76980
agaattaact gctacattcg cagcttgata taattatcct gaacttaatt aaaaggtatt 77040
gaaatgaaat tctctaaaga aactctgaac attctgaaaa atttctccac catcaactct 77100
ggtatcatgc tgaaacctgg caattttatc atgactcgtg ctgttaatgg tacgacttat 77160
gctgaagcaa caatttctga taccatcgat actgatgtag caatttatga cctgaacagt 77220
ttcctgagca ttctgtcttt ggttggtgat gatgcagata ttatcatgca ggaagatggt 77280
aatctggcaa ttaaagatgc tcgctcaact atcttctggc cagcagctga cccgagcaca 77340
atcgtgttcc cgactaaacc aatcccattc ccggtggcaa acgtaattat cgattttaaa 77400
ggtgaagacc tgcaacagct gatgcgagta tctcgtggca tgcagattga cacaattgct 77460
atcaccaatg ttgatggtaa aattgttctg cgtggttata acaaagtaga agatgctgca 77520
ctgacccgtc cgaagtattc tctgacactc ggtgattatg aaggtgaggg taacttcaac 77580
tttatcatca acatgagcaa tatgaagatg actatcggcg attataaact gatgctgtgg 77640
gcaaaaatga atggctccaa gaaacagact gccgcaaaat ttgaaggtgc atcagcctct 77700
tatgtagtag caatggaagc agacagtacc tttgattttg agtaataact tcggggcttc 77760
ggccccatct ttaatctgaa tgaggaaata taaatgaaat tgacagtaaa cgaagcagac 77820
ttcatgtggg aacagaaata tcgtccaggt actatttctg agtgtgtact tcctgctgaa 77880
gataaagaaa ttttttcagc tttagtagct aaaggaaaaa ttcctcattt aattctccat 77940
agcacttctc ctggtactgg taagactaca gtagctaaag cattatgtaa tgacattaat 78000
gctgaaatga tgttcgtgaa tggttctgac tgtaagattg atttcgttcg tggaccgtta 78060
actgcatttg caagttctgc ttctattgca ggcaagcaga aaattatcgt tattgatgaa 78120
tttgaccgtg caggtcttgc agaatctcaa cgacatctgc gttcattcat ggaagcgtat 78180
agcacaaact gtactattat cattactgca aacaatcttg atggtatcat taaacctctt 78240
cagtctcgtt gccgtgtaat taattttggt aaaccatctc catctgatgt taagccaatg 78300
caaatcgaga tgctcaagcg ttgtctcgca atttgtgaaa acgaaggcgt ggtagttgaa 78360
gataagaaag ttgtagctgc tttggtcaaa aagaattttc cagaattccg taagaccatt 78420
aacatgcttg accattattc ttctaagggt gtgattgatg caggtatctt gtctatcgtt 78480

634

634/758

Фиг. 20QQ

sequence.txt

ctgaatgacc gtggttcaat tgaagatgtc atcgaagcta ttaaaactaa gaacatcaaa 78540
gaactccgtg ctcttgcccc gaaatatgca gcagactata cttggttcgt agataaactt 78600
tcttcggaac tgtatacaat ggttactggc ccaagcatta tccgaatgta tgaaatcatt 78660
ggtgaaaata accagtatca tggcatagca gcttcgattg aattacactt ggtttatatg 78720
cttattcaac ttgttgtaga gatgcagtgg aaatgatgag tttatttgaa gatgatgatc 78780
agtataacga gcaccaaata gcgtggttag gtaaagactg gacgaaagtc caggaattat 78840
ctgattcata taaagaaaaa gcagaaaatc aattcttcac aattattggg tctattaacg 78900
aaaagcaaga gcatttgaat atctcgacga tggattattc aaaattcatg gttgaaaacg 78960
ctctttctca acaccctgac tgtatgcctt cggtttatgt tatgaacctt gttggtcaag 79020
ggttatctga ccaagcacac tataactata tgatggcctc tgttcctaga ggtcgtcggt 79080
atggtaaatg ggctaagtta acagaaaaca tccaggatgc attgattctt caagttataa 79140
tgacatatta caaggtcaat gcgattgacg ctaggatgta tagagagacc ctggaagcta 79200
aaaacaagct taaacctgct ctcaagaaaa tgaaaggtct tgtgactgat gaattggtca 79260
agacaatcac gaaaaacgtg aaagaacaga aaaatcttaa gaaaacagca ttggaatggt 79320
aaagatgatt gaaattacac tgaaacagcc tgaagacttc ctgaaagtta aagaaactct 79380
gacccgtatg ggaattgcta ataacaaaga taaggtacta tatcaaagct gccacattct 79440
tcagaaacaa ggtcgttact atattgttca ttttaaagaa atgttgaagc ttgatggccg 79500
ccctgttact attgatttgg aagatgaaat tcgtcgagac tcaatcgcac aactacttgc 79560
tgactggggt ctactgagta ttaatcgtgg tcaaactctt gctcagatgc agaataactt 79620
ccgggtcatt acgttcaagc agaaacatga atggacctta aaatctaaat atacgattgg 79680
tgcataatga cagaccaaga attttacgac aaacttaaaa atatcaggat tactgctcct 79740
gaatggttca gtcttcctat tgatgaacaa attcagtatc aggtaaaaga aactttagaa 79800
aaatatcctg gccgaaaagt tatgatgtgc ttcacatatg ataagaatcg agttcctcga 79860
attcagaagc aagtaattga agtttaagaa aaggccttcg ggccttttac tttataaaac 79920
tcggagtata attatcccac ctaaagacta ataactcggt ctataaacaa aggaaaccca 79980
tgaaagaatt ttatattagc gttgaatctc taggcaatga cattgtagaa cgttatatcg 80040
attctactgg tgaggaacgc atgcgtcgtg ttccgtattc tcctgtgatg tttagtcatt 80100
gcatggaaga aacaaagtac aaagatatct acggcaagta ttgcaagaaa aatacattcc 80160
caactatgaa agatgcccgc gattggatgc gtcgtatgga agatatggga atggaagcaa 80220
tgggtatgga tgatttcaaa ctcgcgtata tcagtgatac ttacggttca gaaatcgtct 80280
ataataaaaa attcatccga attgcaaact gtgacattga ggttactgca tctcaattcc 80340
cagacccaat gaaagcagaa tatgaaattg acgctatcac tcattatgat tcggttgatg 80400

635

635/758

Фиг. 20RR

sequence.txt

acaagttcta cgtatttgat ttactgcatt ctctttatgg ttctgtttcc gagtgggaca 80460
agaaacttgc tgctcgttta gattctgaag gcggtgatga agttccacaa catattcttg 80520
accgcgtagt atatatgccg ttcaattcag aaaaagaaat gatgcttgag tacatcaatc 80580
tttgggaaca gaaatgccca gcaatcttta ctggatggaa cattgaagga tttgatattc 80640
cgtacatcat gaatcgtgtg aaacagattc ttggtgagcg tgcgatgaaa cggttctctc 80700
ctctgaataa agtttcatct aagattatca caaacatgta tggtgataaa gaaatttatt 80760
ctatcatggg tgtgactatt cttgattaca tggatttgta taagaaattt agtttcacga 80820
accaaccgac gtataagttg gatttcattg cttattatga aaccaagaaa ggtaaattag 80880
catatgacgg tccgatcaat aaattgcgtg aaactaacca ccaacggtat atttcgtata 80940
acatcatcga cgttgaatca gtacaagcga ttgatgctgt tcgtggattt attgacctgg 81000
ctatctcgat gtcttattat gcgaagatgc catatcaagg tgtaatgagt ccaattaaaa 81060
catgggacgc aatcatcttt aacagtctga aagaacaaga caaggttatt ccgcaaagtc 81120
gttctcatgt taaacagtca tatcctggtg cgtatgttaa ggaaccagtt cctgctgcat 81180
atcgctatat catgtcgttt gacttgacat ctctgtatcc gtcaatcatc cgacaagtta 81240
atatttcacc agaaaccatc gttggacagt ttaaacttca tccgttgggt gagtacatta 81300
acaagactgc tcctcgtccg tctgatgaat attcatgttc accaaatggt tggatgtatc 81360
gtaaagatgt agatggtgtc attccagttg aaatcgcgaa ggtattttat cagcgtaaag 81420
agtggaaaaa taaaatgatg ggtgccaaac gaaatcaaga actgattaaa aaggttctga 81480
atgataagaa gtttggaact atcgataaat tcgcagaagt taatgtctat gaagatttct 81540
ctgatgatat gaaagcagaa ctgctgacat ataccgaaga gtgtcttgac aaactgatgt 81600
ttgaatgtaa acacgctgaa atcttgggta acactaacca gttaaaccgt aagattctga 81660
tcaactcact ttatggtgca ttgggtaaca tttacttccg ttattatgat ttgcgcaacg 81720
catcagcaat cacattgttt ggtcaaatgg caattcaatg gattgaacgt aaagttaatg 81780
aatacctcaa caaggtatgt ggcaccgaag gacattcgtt tgtagtagct ggtgatactg 81840
actcaattta cgtttgtgtt gataaggtta tcgagaaggt aggtcttgag cgtttcaaag 81900
aaactaacga tttggtcgaa ttcctgaacc aattcggcaa gaagaaaatg gaaccatgga 81960
ttgaccaatc atatcgtgag atgtgtgaat acatgaacaa caaagaacat ttaatgttca 82020
tggaccgtga agctatttct tgtcctccgt tggggtcaaa cggcattggc ggattctgga 82080
aagcgaagaa acgatatgct ctgaacgtgt atgatatgga aggtactcga tatgcagaac 82140
ctcatctgaa aatcatgggt atggaaactc agcaaagttc tacgccaact gctgttcaga 82200
atgcattgga agaatctatt cggcgtatgc tgcaggaagg tgaagaatct ttacagcaat 82260

636

636/758

Фиг. 20SS

sequence.txt

attataagca gtttgagtct gaatatcgtg aacttgatta taaagtaatc gccgaagtta 82320
agactgcaaa caacatcggt aagtatgatg acggtgcagg atatccagat aaaggtacac 82380
catatcacgt taaaggtgct ttggcatata accgagcaac cgcaggattt gaaggtataa 82440
caccaatcat ggaaggtgag aaagtgatgg tcatcccgct gcgtgaaggt aacccgtacg 82500
gtgagaaatg catggcatgg ccatcgggca ctgagctgcc acaagaaatc cgacaggaag 82560
ttctagtgtg gcttgaccac agtgttctgt tccaaaaatc gttcgttaaa cctctgacgg 82620
gtatgtctga agcggcaggg ttagactatg aagagaaatc gtctcttctt gacatgttcg 82680
atttttaaaa aagttgttta ctttaccaca aggatgtggt actatagctc tcgaaataac 82740
atactgagga gattacaatg aaatcgttac ttgctgttat tgttgctctc acgctgactg 82800
gttgtcaaat gccacaaggt gatatcgtcc cggcttcttc tgttgggcag gtgcgagcaa 82860
ttggcggtac tgtaggatac tatcgtgcta gcaaccaggt ctctgctgaa tcgctcgcgg 82920
ttgagcgtcg gttggcgaaa gaaaaagcta atcctaatcg tcagctgtct gcgatggaac 82980
ttgacatgat tgagcagaat aagcatgaac tggaagaaat taagcgtctg cgtaaaactc 83040
aaaaagaacg tacgtgcact gctcaagcgg cagcagtgaa tgaccagatt cgtttaactg 83100
attttgctaa cggcggattg agttataatg agcataaaca acgtatggag cagttaaaat 83160
ctctccaaaa tcacatctac aacaaatgca tgtctaactg aggagattaa catggaagca 83220
gtatttggtt taatcattct tttcttcatc tatttttgc cgacctttgt agcttgcagt 83280
cgtaagcata aatcacgggg tggaatcttt atcacaaatc tagtattcgg ttggtccatt 83340
atcggttggt taattgcgct gatttggtct gcttctaacg cacagcagaa tacaattatt 83400
atccagcaag ttaaataaga ggtctcatga ttgtaactcc aatgacagta caagatatcc 83460
gtcaagaatt cgctgatgct ttgctcaaca aagaatttgt gattgataag acgggtgtga 83520
agactattga aatcgtaggt gcatcattta ttgcagatga aaacctaatt tttggcgcag 83580
ttaatgatgg atacattgct cgtgaacttg agtggtataa atctcaaagt ttattcgtta 83640
aagatattcc gggtgaaacc ccagctattt ggaaagcaat tgcatccaaa cacggcgaga 83700
ttaattctaa ctatggctgg gcagtttggt caacacaaaa ctattcacag tttgctaact 83760
gtgcgaaaga acttatcaat aatcctgatt ctcgccgcgg aattatgatt tatacacgac 83820
ctcaaatgca gtatgatttt gagcgcgatg gcatgagtga tttcatgtgt actaacaatg 83880
ttcagtatct gattcgtgat aatcgtgtgc atgctgtggt aaacatgcgt tcgaatgatg 83940
tcgtctttgg atatcgtaat gactatgcat ggcagctcta tgttttggaa cagttaacca 84000
aacttctgaa tgcatcaggt aaaaattatt cagttggtga cattatttgg aacgtcgggt 84060
ctttgcacgt atattctcga catttctatc tcgtagataa ttatgctcac acgggtgaaa 84120
ctcacatcgc aaagaaagac tataaaggtg aatggaaatg attcagtttg taattccaag 84180

637

637/758

Фиг. 20TT

sequence.txt

```
ttataagcgc gccggggcag ttactgccct gactatgttt cctgaaggtt atgttccaca    84240
tcttgtagta cgtgaatcag aaaaagaagc atacgaaact tggcacggtc atgctgctaa    84300
aatcgttact gtccccgatg atgtcgatgg aattgcggga actcgccgtc tgattactga    84360
aatgtatgca gggcaacgaa tttggatgct tgatgatgat acgaccattc atctgactga    84420
aattcgtgaa cgcgacgatc gccgggttcc acttggtgtc ggcgaggcaa tgagtcaaga    84480
ggtatttgat gatatggtca aatacgtcga gactgccatg gattgtggtt attatcacgg    84540
tcatgctcgc ttaccgattt tcaaaatcac atcaagctgg ggtcattatc gtgagaatag    84600
ctttgggttc accaatactt tctatgattt gactaaactt accgcagaag acattggcta    84660
cggaattatt gaccttaacg aagatgctta tgcttttcta aaattaatta acatgggtca    84720
tcctcatctg gctctgttta agtacctcgt taaatctggt aaggtgcagt cacctggtgg    84780
ttgttctaca cagcgtgata ctgctcgcca gaatagagcc cttgaacagc tgcatgctgc    84840
tttcccaaat caagcccgtt ggaaatctaa agacggtgaa agacgtggtt tattcggtga    84900
tgacgaacca ctaaaatcaa ttcgtatgtg tattaacact cgagtgaaat cccaggcctt    84960
ccatgaattt ggtaaggtag aaccatatct gtgagggcga aagccctcca aggacctctt    85020
atgaacatct atgataaatc tgatgtagct ggtaacatat tcaaggctga agaattcaga    85080
tgcttcgtat gtaaatctga tgagtttgtt catgaaggaa ctactggctc agatggaatg    85140
cattgctggt ggcacggcat gtgtgttgga tgtaaaatac actacgaaat agatatggaa    85200
acagtggttt ataacaccaa gaagaaatgg aacttctgtt aatagcttca agaacaaagt    85260
aatataatta ctctatcctt taacctgtga gaaaaatata atggagactt atggaatata    85320
atgaatgtct gacttaaaat ctcgcctgat taaagcatcc acttctaaaa tgacagcaga    85380
actgactaaa tcaaaattct ttaacgagaa agatgtagtt agaaccaaaa ttccgatgct    85440
taatatcgca atcagtggag cgttggatgg tggtatgcag tccgggttga ctatcttcgc    85500
aggtccatct aaacacttca aatctaacat gtctctgaca atggttagtg cttatcttaa    85560
taagtatcct gatgcggtct gcttgttcta tgattcagaa tttggtatca ctccagctta    85620
tctgaaatct atgggtgttg accctgaccg tgtaattcat acaccggttc agtcggttga    85680
acaattaaaa atcgatatgg ttaaccagct tgaagctatt gagcgtggtg aaaaagtcat    85740
cgtgtttatc gactctattg gtaacatggc gtctaaaaag gaaaccgaag atgctttgaa    85800
cgagaaatct gttgcagata tgactcgtgc gaaaagtctg aagtcgctct tccgtatcgt    85860
aactccttac ttctctatta agaacattcc ttgtgtagcg gttaaccaca caatcgagac    85920
tatcgagatg ttcagtaaga cggtaatgac aggtggtaca ggtcctatgt attctgcgga    85980
tactgtattc atcatcggta aacgtcaaat taaagatggt tctgagcttg agggatatca    86040
```

638

638/758

Фиг. 20UU

sequence.txt

```
gtttgtcctg aacgctgaga aatcgcgtac tgtcaaagag aaaagtaagt tcttcatcga   86100
tgttaaattc gatggtggta tcgatccata tagtggtctg cttgatatgg ctctagatat   86160
cgggtttgtg gttaaaccga aaaatggatg gtatgcacga gaattcctgg atgttgaaac   86220
cggtgagatg attcgtgaag aaaaatcctg gcgggcaaaa gatacgagca gtacggaatt   86280
ttggggtcct ctgtttaagc atgagccatt ccgtgacgct atcaaagccc ggtatcagtt   86340
gggtgctatt gattcaaacg ctgcggttga tgaagcggta gcagaaatga ttaactcaaa   86400
agtttcaact aaggttgatg gtgttaaact tcctgagagt ggttcagtat cagctgctga   86460
agttgaagat gaattagaga acttcatgaa tgaagactga gtttgattta gaatctgaac   86520
tcgagaaatt tgaacaagaa tctccctcgg aagagggaga cttcgagcgt caagaacgag   86580
tgttcaagaa aagccatgaa ataatccaag aagctatgaa gactgttatc caagaaattg   86640
tgataaaatt aaatggtcaa tcacacttgg tttatgttca taaattaaat atttctcctt   86700
cgggggaagt aactattgag ttcagtacac catctgaagc tcataaggat gaactttatc   86760
ctcatgtgga agcttgtgtt aaacaacaaa tccagagtgc attaaagacc aagaaaaaat   86820
cattatggaa aatcttttaa gaggttaaag tggtagaaac aatcttagct aatctgattt   86880
acaaccaggc tttctttacg aaggtttggc catatatgga caaagagtac ttcgagcaag   86940
gacctgctca gacggtgttt aacataatta agaaacacgt taatgaatac acagcaattc   87000
cttcaaagac tgcgttatgt gtagcactgg ataattcgtc tataactgaa acggaacatg   87060
aaggtgcaaa gaaacttatt gataagttat ctgatgctcc tgaagatttg aattggttag   87120
ttaaggaaac agagaagtac gttcaagaaa aggctatgta caacgcaacg tctcgaatta   87180
ttgaaattca gactaatgcc cagcttgagc caaataaacg cgataagcgt cttcctgata   87240
ttggggctat tcctgatatc atgcgtgaag cgttatcagt atcgtttgat agctatattg   87300
gccatgattg gatggaagat tatgaagctc gttggttatc ataccagaat aaagctcgta   87360
aagttccgtt taaacttagc attctgaaca aaattactaa aggtggtgcc gagactggta   87420
cactgaacgt attgatggct ggcgtcaacg ttggtaaatc attaggatta tgttcattgg   87480
ctgcagacta tcttcagatg gggcataacg tcctttatat ttccatggaa atggccgaag   87540
aagtttgcgc taaacgtatt gatgctaact tgcttgatgt atcacttgat gatattgacg   87600
atggatgtgt atcatacgct gaatataaag gcaagatgga aaaatggcgt agttctagta   87660
ctcttggtcg tttaatcatt aaacagtatc cgactggtgg cgctaacgct aatacattcc   87720
gagctcttct gaatgagttg aaactcaaga agaactttaa accgactgtt atcatcattg   87780
actatcttgg tatttgtgct tcttgccgta ttcgtcaata tactgaaaac agttacacgt   87840
tagttaaagc tattgcagaa gaacttcgtg cattggctgt agaatctgaa actgttcttt   87900
ggaccgcagc tcaggtaggt cgttcagcgt gggatgcttc tgatatggac atgagtgata   87960
```

639

639/758

Фиг. 20W

sequence.txt

```
ttgcagaatc tgcgggtcta cctgctacgg cagactttat gctggctgtg attgaaaccc    88020
ctgaacttgc tcagatgaag cagcaattaa ttaagcagat taaatcacgt tacggtgata    88080
agaacatcaa caataagttc tctatgggtg tacataaggc taatcagcgt tgggtagaaa    88140
ttgagcagca aaacgaccca actaagccta atccaagcaa taccgtccga gaaggtgccg    88200
gtgcacagaa ccgtgtagcc gaatctaatc gtcaagaacg agtatcacgt tctaagcttg    88260
atgctctagc agaagagttg aaattctagg gtaaatttta tgatttttgt gtttagcgta    88320
attcgcgacc aatcaggtcg ctcctttgtg gtgacggcgt ctgatagcgt ccatcgtgga    88380
gtcatagctt acaacaaagc agatttatct tcatatgact atggtgaagt taaggcatat    88440
aatgacgaag gtatctgggt taactctgcg atataccttc caaccaagaa tttgacatcc    88500
gacgaagtcc tcgaaaaatt attcaaaaga tagtttactt ttaagtttgg ccatgttatt    88560
atggccttac tgaaacaaac tgaggaaaac aaaatgaaaa agattgtact tgctttaatc    88620
ttcgcagtat caagttgctc tgctgttccc gctctggcga actatgacaa agacctctgc    88680
gaatggtcaa tgactgcaga tgaaaaagat gttgctgagc agattcgtgc tgatgtaggt    88740
catatcattg ataacactga cccaagcaag atgaaagaag ttcaggcaga aatctccaat    88800
gatggcgcag caattaaact gaactatgct ctgtactgcg atgctaattt tgataacttc    88860
acaattgcaa gctggattct cggatgatta catacgtatt agtaatggct ataatgactg    88920
gtgccggcgg tgtttctact gaaaagttat cattcacagg aatgaacgag tcttcgctgg    88980
ctcagaaatg tgaagatgcg ggaaaacaat ttactggcat caaagccgat tccgggttcg    89040
gttcaccatc agtctacact acgtacaagt gtattcgtat tgatggtgga aataataaat    89100
agtttggagg ctctatgaaa acatttaaag agtttgttaa acttaatgag gaaatggttg    89160
ctggcgatgc cggcggtaat cctcagaaca ttgcatcagg cactacttcg ggcgcagtag    89220
taaataaagg cccagaaact ctcccaaaga aaaagcgaga taaatcaaaa cctgaaacgt    89280
gatacaatgg ccttattagt ttaaggccag aggaatataa tatgtcatgg gttgataacg    89340
aattcgctat ccgcgcaata tctcacctac ctaagtttag acacgttact acatcttcaa    89400
catttaagtt aaactgccgt tgcccaattt gtggtgactc acagaaagat atcaataaag    89460
cccgattctg gatttttgat gcgggtcaag gattacgctg ccattgcttc aactgtgagt    89520
ataacaagtg gctatcacaa tatcttaaag ataatgaacc cgatctctat cgagagtatc    89580
ttcttgagaa aagaaaggag caggtctttg ataagccaaa gaccgtagaa ccgtctgaga    89640
aaattaatgc aaaactcccc gtaatagaaa aacttaattt ctgtgagcga ttagatagac    89700
ttcctaagga acatccgata gttaaatacg tgactgccag atgtattcca agcacttctt    89760
ggaaaaggtt atggtttact aaccaatggc cttctcttgt taactccgtt aatccaggaa    89820
```

640

640/758

Фиг. 20WW

sequence.txt

```
cctataagaa tgagacgaac gaaccacgtt tggttattcc tatcttcaac aagaaaggag    89880
agattgagtc gtttcaagga cgagcactac gaaaaaatgc tccacaaaaa tacatcacaa    89940
tcaaagccca tgaacacgcg accaaaattt atggtctcga cactattgat gagtcaaaac    90000
tcgtattcgt catggaagga ccaatagatt cgttgttcat tgataacgct attgcaatca    90060
ctggcgggtc tttagattta gctcaagttc catgccatga taaccgagcg tggattatgg    90120
accatgaacc tcgtcatccc gatacaatta agcgtatgaa acgtttagta gatgctggtg    90180
aaaaggtagt tttctgggat aagtcgcctt ggaaaagcaa agatataaat gatatgatta    90240
tgaaagaggg ggcaactgct tctgaaataa cggattatat taatcaaaat atatcgcaag    90300
gtttaatggc taaattacgt cttgacaaat atgcgaagat ataggggcca aagcccctta    90360
aattaaagca atcctccagt cataataaac gacacaactt tttctaacgg cattggagga    90420
agaactagcc cgtgtgtgct agctaatgga actaccacat aattccatgc agctaaagca    90480
gcagtggcga ttccgacgta aagatatctt ccaaatcctc ctttgtcttt acattctcgt    90540
ttcacttcag acatgaatcc tcctgctatt tatgttaagt gatataatat ttatctaatt    90600
taattgaaag gaaaaataat atgccacatt tcaacgaatg tagtcaactg atcgctggtg    90660
cagataaagc tgaagctcga tacgcaggta tcgtacgcaa agttggtggt gaccctctgc    90720
aagtaatgct tgatatgcaa aaatctcttc aggttcgtct tgcaaatgac aagcctggta    90780
ctaacatgca tcctgatgaa ttggcccaag ccggtgatat cgtgcagtgg ctgcgtaacc    90840
aaaaagatta cattgatgac gaattccgcg aattgctgac gtctcttggc ggtatgagta    90900
atggtgaaaa ggcagctagt gctgtgtgga aaccatggaa atctgaccac gtcaaaatgc    90960
aggaaactta tatcaaagac ctgtctgata aagaccagct tgaaatcaaa tttgaaatga    91020
ttgatatcct gcactttgtt ctgaatatgt ttatggcgct tggtctggat tctgaagaaa    91080
tctttaagct gtattatctg aaaaacgccg agaactttgc tcgccaagac agtggttact    91140
gatggccaaa agaatatcta agcgtcgttt aaaaattatc agaaaacaaa aagaaagggc    91200
cttagtattg gcccttcgag aagaaatcac tcgagaaatt gataaagaaa tattaaaggc    91260
gcttacagca gctatataaa tactcctgta aactaaatag gagattaaaa tggcttacgt    91320
aaacatcaaa acttttgacc atacaactgc tgatggtgaa gttaaaggta cagaagtatc    91380
tgtagctttt aaggtgtatt ctgattcaca tcgcattgct aacgcacagt atcagatttt    91440
cccatctgaa aaagctgctt attcaacagt agttgatgat gctgcaactt gggcaaccac    91500
caacgctaaa atgtttgaag ctgttccatc tgatgcagaa gtataaaaat taaggactcc    91560
tccgggagtc cttttatgct atactgggaa tagtatatta ttcctactaa ctgaggagaa    91620
gaaaatgata tgttatacta agccctggta tcaatcgtca ttaaagaagt ctcattttga    91680
ttgttggtac agaggtgtaa gagctgcagc gttattactc aaagctgcgc cggctttaat    91740
```

641

641/758

Фиг. 20XX

sequence.txt

taaagcaaat gataagtggt ttgaagacaa caacatgact gaaggagctc tttgtggcaa 91800
acgcaaaaat ctataacgca aaaatctata aagtaagctt acaacgcgca gttcaatcaa 91860
gaagtgatgc aaatggagtt ttgcgtctag accaagatag aatttttact gttgctctat 91920
acagtacgtt cgacaaagat ttcaaagacc tagttaataa attcgaagcg tttggttggt 91980
gtccttctga agattatggc attattaaga ctgcccatgt ctttgacgta gatacagttc 92040
caggaagtcc tgttgctata ctacgtgctc tccacttgaa aggatacact aatgtatgtc 92100
atgaaactag cttatatgaa tacgaaaatg acataatttc aagaggcaaa aagattatca 92160
ttgatagcac agattctcta atagaattta ctaagttagt ttggttgtat atgggcgcag 92220
attttatcaa actgactcca agcccgctgt tgcaaaaagc ggctgatgga tataacagca 92280
gtagttgtct gtatcgcaat aatgagtggt tcatgtgatg gatttgtttg aaatgatgga 92340
agagcctcag gaagaggttc aagttcatcc agtgatttct aaggacatca aagacgaata 92400
ccgtataatt atacagaagt atggtattaa agccccagaa gctcttctag atgaactagc 92460
ttcaatctgg tctgacccgc cgccctggtc tccgtgggca aaataatttc acaaagtagt 92520
ttactcttcc aaaagccatg ataagatacc tctcgtaacc aaaaaatgga gaatatcatg 92580
gctatttcat taaacccatc tatttcagta aaattatcaa aggttattcc tatcgaaaaa 92640
cccattcgtt ccattgatgt tcttaacttc gcgcgagaaa gcaaaggatt acctttatat 92700
gatttaagcg tgtgggaagc attagccaat cgttttgact gcaaagaaca gtcaattcta 92760
tggcaatgca tgaacaataa gattggcgaa gaatttcata agaaacttga ctctatcgtt 92820
agacgtcatc aaattgataa tagtgacatt ctctatagag gtctatcatg ccgcgagtct 92880
aaagccttt atgacgccct tattaaagga gagaaatttg gctttggaaa ggttgcgtca 92940
ttcacaacag atgaaacgat cgccagagag tttgcaggca aatggcatta ctcgaccttt 93000
gtagtcattg aagtcaataa ttgccatcaa tcatttgatt atcataccaa catgaaatcg 93060
cttttaatta ctgcaccaga ttctgaattc atgcgtccaa atgatgtgat tgataacatt 93120
gctcagcgca gaagcgctga catcgagatg attgataaag aacaagaaag gatgctaccg 93180
atgggaacta agttcaaagt ggtgggtcat aacaaagttg aaaaatctgg tttacttatg 93240
gactacttta gtgttactat agcttagtca actagtgatt atctagaact agggacctag 93300
acccattata ccgtccgtaa gacgaaagca tttttgagga aaacatgatg aaatttactg 93360
ctgaaaccgc taagatttat actcgcctga ttacaacttt aggttctgcc cagcgtcgga 93420
acaaggagtt caatcttacc cctgagtatc tgtttaacat catgcaacag actcattgcg 93480
catactcggg tgaaaagttt ggaaccgtca aaggaaacca tcctgacagc atgacgcttg 93540
aacgctggaa taatgacttg ggatatgtaa tggggaatgt tattcctgtc aagcaaaagt 93600

642

642/758

Фиг. 20YY

sequence.txt

ataatacttt gcgtggaaat aatacgattg aaggccttga gcgaaaagcg aatgaaatcg 93660
cagcacgcat agttcgttct tcagattctg ttaagccaac aagtgataaa gaagcttctc 93720
gtttggaaaa gattcgtgag tatgaaaaaa ctataacatc aattaaaact aacttacaca 93780
atcgtgaaaa tcatctttct caatttgtgc aaaaagaaaa gaatggaact gcaacctcgg 93840
ctgatttaga acttattaat gcattgagaa ctcgtatcag cggtggtaag tctgaattag 93900
ctaaagttga gcgtaagtta tctgctattt tagcgtcagt tccgaatcgt ccgtcagatg 93960
ctgaaatccg tgtacaatca atacggttaa ttgttagctc acttcgtcgg ttagaagaat 94020
gctcaatgtt agataagtta aaattgaaaa aaggtcttcc attgactgct tccttcttcc 94080
aacttttgag aggtaaaatg taatgcaaca ctatggatat gtagtagcgt ataaggataa 94140
agacggattt gaccatccag tcacaactga tatgtatgat ggagaacgat gtgtagtctt 94200
cactaatgaa gaatcagcca ataaagcacg gattcgtaca atgtcggttt taacagacaa 94260
attggcaaag gggaatttta ctgggaaaag caaaaccaaa gggatgcttt ggtggaaaac 94320
aactgagcta gtgtatgaac cacttagcga tgttgagcgt gaaaaactca aagcaaaaat 94380
taaaaatcta catgtagtga gggtaaaagt ggcatgatta cgtttgacca attaaaagaa 94440
agtcaaaaag cgatttttaa taaagtcatt gaaatggtca aacaaggagc taaaggtcaa 94500
catattacga ttaatggacc cgccggtaca ggtaaaacaa ctttaaccaa atttatcatt 94560
gacgctttga tttctcaggg tatctctgga attgcattgg cagcacctac gcatggggcc 94620
aaaaaggttt tatctaagct cagcggaatg caagccagta ctattcatag tcttctgaaa 94680
attaacccga cgacatatga agaaaacgtt ctgtttgagc aaaagaaagt tccggatatg 94740
gcatctattc gagttcttat ctgtgatgaa gcttcaatgt atgaccgtaa gctgtttaag 94800
attttgatgg caactattcc tgcctggtgt attgtcattg ccattggtga taaggctcaa 94860
atacgtccgg tagaacctgg aagtaatgaa cctgcactga gtccattctt cactcataaa 94920
gatttcttac aacttcattt gaccgaggtg atgcggagta atgctccaat cattgaagtt 94980
gctactgaaa tcagaaacgg tgggtggatt cgtgactgtg tagttgatgg tcatggcgtc 95040
cgtggtttta ctaaaggaac cgcccttaaa gattttatgc taaattattt taatttagtt 95100
aaaacaccag aagatttatt tgaaaacaga atgcttgcat tcactaataa atctgtggat 95160
aaattgaacg aaataatcag acgcagaatc tatgaaactg aacgaccatt cgtagtaggt 95220
gagattgttg ttatgcaaga acctcttacc aaggaactta aatttgaagg gaagaaattc 95280
agcgaaattc ttttcaataa tggtcagttt gttcgcatat tagatgcaat tgaaaccacg 95340
tcatttttag gtgccagagg tgttccaggt gaatatctgg ttcgtcattg ggtattagat 95400
attgaaacct atggcgacga tgaagagtac gctagagaga aaatctgtgt catctcatcc 95460
gaagaagaaa tgaataagtt tcaattcttc ttggcaaaaa cagcggatac atataagaac 95520

643

643/758

Фиг. 20ZZ

sequence.txt

```
tggaataaag gcggtaaagc accttggtct gaattctggg atgctaagcg caagtttcat    95580
aaagtgaaag cattaccagc ttcgactttc cataaggccc agggcatctc aattgacaga    95640
agcttcattt atactccatg cattcacatg gcagatgctt ctctcgcgca acagttatta    95700
tatgttggta ctactcgtgg tcgctatgat gtattctatg tgtgaggtaa tatgtttgaa    95760
ttgaaattag aagaccttca aacaatgatt gttggcttac aagaatctaa gtttgaagca    95820
ccagataatg ttaagcgtgc tattaacatt aaaattgata tagttctgaa tgagcttcgt    95880
gatatagcag ataatgctaa tgctattact tggttcacag gatatgaccc aaaggtgtat    95940
ctgagcgaat atattggttg ccagttacgc gaaattaaat ttatgctaga ggctcaaaat    96000
ggctaaagac tttattattg attttgaaac attcggaaat gtgtcaagct cttctgtgat    96060
tgaccttgct ctaatcacat ttgattctga ccccgaagtt ttggaaagct tcgatgaatt    96120
ggttaaacgt ggtcatcgta ttaagtttga ccttaaatcc cagaaaggtc atcggttgtt    96180
tggtaagtct actcttgagt ggtggaagaa acaatcagct gaggcccgtg ctaacctggc    96240
ctcaacgcca gacgatttat cagtaattgc tggaattaaa gaagctcagc aatatctgat    96300
tgataatgga attcacccat gggattcctt tggctggtgt cgtggacaga gctttgactt    96360
tccaattttt gttgattgtc ttcgcgatgt tcaacgagcc caaggaattt ccgaagaaga    96420
aattgataca tttaaagaag aaccatgtaa gttctggaat cagcgtgata ttcgtaccgc    96480
gattgaatca ctgcttctta cccgcgggct gacaactacc cctcttccaa agggtactct    96540
caacgggttt attgcgcatg atagtatcca tgactgtgct aaagatattc taatgcttaa    96600
atatgctcaa cgctatgctc taggcctaag cgaagcacca agtccagaag ataccgatcc    96660
actgagttta cctaaggggc gtggctaatg gaagagtttg agttcgatga aaactttgaa    96720
gagtggttca accgggaaat cctcccgaaa atctctccaa cgatggttct ggtggccaag    96780
gctttgatgg ctaaaggctg ggacgcaggg tatatgttcg gcgtcgatgt tgggtgtgaa    96840
atttctcacc gatagctatt tactttatga aagagccgtt atataatggc tctacattaa    96900
caaactgaga gaaacatgat gaaaaatttg gttgtaggcg aaaacgttaa agtaattggt    96960
ggtaagcata tcggtaaaga aggcgtaatt gttggaatct ttaaccgttc taacaaaatg    97020
tcttcatatt tgcttcaatt ggaaaatgaa gacaaagccg tgtattcgct gcaaaaattc    97080
gtagttgctc tagaatcgcg cgatttgctt gattctatgt ttaacgaaag ctatctgcgc    97140
aagtgggtac atgtgaattc acttgacaat gttattaccc aatcggtgag ttctactaat    97200
tcagccacta atctgtcgct gcataaaaat gttcttgtca ctgatgagtg ggaagaagac    97260
ggtaaaaccc tagtaaacgt agtgtttcaa ggcaactatg cagttctgcc taaagccgat    97320
gtagagccga cagaatcgca acgtcaaggt ttagtataaa aagttgttta ctttgccaca    97380
```

644

644/758

Фиг. 20AAA

sequence.txt

aggatgtggt actattatct tatcaactac tgaggagaat aacatgaaaa ctgaaaacac 97440
cgtaaaaatt actgccgaag cttttgaaga cattctgttc aacccggact taatcgtcgt 97500
tcagaaagag aaaaccttcg gtaaagaaga gcattggacc tggttgtatg tattcgcgaa 97560
ccatggtgat atcgtcccag ttcgtacctt tgctcgtgta attacagttg atggcccaga 97620
atacatggag attgtgtaat gaattttaaa gaaggcgtac agtacaaatt cgtcaatgat 97680
gaagcggaag aagaattttc ttcacgttat gaggttaatg aagactttgt gtatgaactc 97740
tatgaaaatg gcgggagttt tactgttact aaagttgacc gccaaaataa tagagtatca 97800
ggaattatgt gggctaatgg cacagaatgt gatgaagtcg gcggtgaaga ccttgtaatt 97860
tttgatagcg aattcaaata ctttactgaa gttggaactt ccgcgaatgt aattccaacc 97920
gatttggtta tgaatctttc tattcataac cgtggtcaag caatcgctgc tattgcagca 97980
ctgcagagtg catatcaatg ttaaatttag ctcctatttt tgaagcatca aaactgtctt 98040
atcctattcc taaccgtagc attgggaatg tcatgctgca actttcttca gaaactggag 98100
aaatgtgtga ttggattaat cgtccatggc ggcagaaaga agagtttgaa ggtgagtgcg 98160
cagatgttat taactgtgta gtagatgcac tttggctgca tttcagaaat cgtcataaaa 98220
atgataccca tgtatcagat gatgaaatct ccatgatggt tactcgtgca ctaaatgagc 98280
aaatcatggt caaaacacaa aaatggaagg atgctgttaa tgccaatgta tgattacaag 98340
tgtgaagtct gtggaaaaaa gatagaaatt atgcgtaaaa tttcccatcg tgactatact 98400
gttaactgct ttaaccctaa gtgtgaaggt caaatgaagc gggtggtttc tgctccggca 98460
gttcactacg atggattaaa gagtggtgat tattgatggg aactaaagca cgcattacca 98520
tgaaacccgg agaaatccgg gttattaaag taggtaatat aacttatagg gttaaattga 98580
aatgaaaaag attttaatta cagcgcttgc cttcatgatg attggatgca ctgacgctga 98640
taacgcaact cgagtattag aaaatgcagg attcactgaa gttgatatca ctggatacaa 98700
atttttctca tgttcagaag atgattttca gcataccggg ttcaaagcgg tcggtcctac 98760
cggaaagacg gttaaaggta cagtgtgttc tgggattttc ttgaagaata gtactattcg 98820
ttttgaataa aaaggacctt cgggtccttt agttgtttac acgaatagtc ttctgcggta 98880
ttatagactt ataaactact ggagaataaa acatgaaata catcatctta actttaatcg 98940
cattagttat ctcaattgga gttctggttt ccttagcaga ttctacggaa tcttctaatg 99000
aagttcagaa aagctcaatt ggtattggtg tgaatggaca agttggtgtt aagatttcag 99060
ataatctttg tgttaatcct tctactggtg ctgctgaagt atgcttttaa aatgtattga 99120
tataatgcct ccactaactg aggaaatgta atgattaaga acgaaattaa aattctgagt 99180
gaccgagaac atatcattaa gcgcagcgga atgtacatcg gtagttctgc gtgtgaggca 99240
catgaccgtt ttctttttgg taaattccaa tcagtaaagt atgttcctgg tattattaag 99300

645

645/758

Фиг. 20BBB

sequence.txt

```
cttattgatg aaatcattga taactctgtt gatgaagcaa ttcgtacaaa ttttaaacat    99360
gccaataaaa tttccgttga tatcaaggga aataagatta tcgtaactga taatggtcgt    99420
ggtcttccac aggctccggt agtaactcct gaaggagaaa ctattccagg cccagtcgcc    99480
gcatggactc gtcctcgtgc gggtggtaac tttggcgatg atgctgagcg taaaactggt    99540
ggtatgaacg gtgtcggttc tgcattaact aacatctttt cagtatcttt cactggtgca    99600
acatgtgatg gtaaaaatga aatcattgtc cgttgttcta atggctcaga aaatatctcc    99660
tgggaagaac atccagcaaa agacaaagaa ttcatcaaag ataagactgg tactgtagta    99720
tcattcattc cagatttcag tcactttgaa agcacaggat tgactgatgt tgaccaatca    99780
atcattcacg atcgtctgat gacattagca gtagtttatc ctgatattga attcaaattc    99840
atgggtaaac gtgttcaagg taagtttaaa gcttacgccc agatgtatga tgaaaatgcg    99900
gtagtgcagg attctgatac ttgtgctatt gctattggtc gctcagatga tgggttccgc    99960
cagctttcat atgttaataa cattcacacc aaaaatggtg gtactcacgt tgacctagtt   100020
cttgatgaac tgagcaatga acttattcca gcattaaaac gcaagtacaa actagaagtt   100080
aataaagcac gaattaaaga gtgtctgact gtcattatgt ttattcgtga catgtctaac   100140
atgcgatttg attctcagac taaagagcgt ttgacttctc cttggggcga aattcgtagt   100200
catattgata ttgattacaa gaaacttgct aacgctatta tgaaatctga agatattcat   100260
atgccgatta ttgaggcgat gttagctcgt aaacttgctg cagagaaagc tgcagaaact   100320
aaagccgcca agaaagcgca gaaagctaaa gtagctaagc acatcaaagc caacaaatat   100380
ggtaaagatg ctgacaccac tttattcttg accgaaggtg attctgcgat tggttatcta   100440
ctcacaactc gcgaccgtga acttcatggt ggatatcctc tacgtggtaa gttcatgaat   100500
acatggggaa tgtctgctgc agatgctatg aagaacaagg aagtatttga catttgtgca   100560
atcaccggtt tgacgattgg tgagcctgct gaaaatacta actaccgaaa tattgctatc   100620
atgaccgatg cggatgttga tggtgttggt tcaattttcc caagtctttt agcgtttttc   100680
agtaattggc ctgaactgtt tgaacaaggt agaatccgct ttgtgaaaac tccggttatt   100740
attctcacca aaggtaaaga acaacgttgg ttctattctc ttggcgaata tgaagaccat   100800
aaagatgatt tcaaaggttg gaaacttcgt tatattaaag gtcttggttc tcttgaagaa   100860
gatgaatatg aacgtgttat tcaagacccg gtttatgatg tagtatctct tcctgaaaac   100920
tggaaagaac tgtttgaatt aattatgggt aatgatgctg ctccacgtaa gacctggatg   100980
agtgaataaa tagtacgggt aatattgccc tgctatagaa ggaattacta tgcaacgtta   101040
ttggattact ttggtctcag gcgattacgg atacatgttt gccgaaaaga aacctctccc   101100
tggtacttgg gttactatct gggtggaaaa ctcggatggt tctaaacatg aggtgtatgg   101160
```

646

646/758

Фиг. 20CCC

sequence.txt

```
ccgcgttagc agagtgcatt aatcccgagg ggcttcggcc cctcttttct gaggaaatta   101220
ttatgaagtc aactatcatt tcaatactcc gcactgaggc actaaaatac tcagtcgacc   101280
cctccaatga ataccaagaa cttttaatca aacggttatt aaattctata gctgaccgtt   101340
tggaaagtaa ccagagtgtc cctattaatc acagcctttt tgctatgaaa gtgatacgct   101400
ttttacgtcc tgatattaaa attgctgaca tggtcaaagt gattaaatcg tcaggagcag   101460
taaaatgcta aagaaaagtt atgttccaaa taaagaatta tttgatgatg ctatatatcg   101520
agagtatcgt atcatccaac gtttctttga tatccaagca gcagaggaat tcaaagaccg   101580
ctttaaacaa atcagtgata aaatttttac aactaacacc gctactgctg aagagctcct   101640
tgaagtagca gaaatcatta aacgacacaa ttgataggaa taaaatgaaa attaaatgtg   101700
atgatgaagt aattattggt tcttctgacg ctgaggattc aacgtttacc attaaagctt   101760
caggtaaagc ttttgacatc ttgtcaaaca aactctataa gtataaagtt cgtgcggttg   101820
ttcgtgaact ttctactaac tgtgatgatg ctcataaact gaacggtaat gaaaatcgtc   101880
cattttacat caaagcacca actcgtcttg acccgcgctt tgtaattcgt gattatggtc   101940
caggtcttaa tcataatgac atgatgacga tgtacaaaac gttctttgaa tctacaaaga   102000
ataatagtaa tgatttcatc ggtgctcttg gtcttggttc taaatcgcct ttaagctata   102060
caagtacatt taacgtagta tcatatcata atggtaaagc caccggttat actgtcatga   102120
aaaaccgcgg tgaacctact attcgtccga tgtttgtcga tgatatgaaa gaagacgaag   102180
aaactggtct tgaaattaca gttccggtta aagtagaaga tattgatacc tggcactatg   102240
aaatcgcata tattttgcgt acatttggtg ctgtacctcc aaaggtagat tctcttcgcc   102300
gtgaaattga atatttccca gtagataaaa ctgattggtt tagcgttaat agctcttacg   102360
aaagttatgg cctgtatgca gtttatggaa aaatcgtata tcctatcagc ggtgtagatg   102420
ttaaggcaga ttggctgctt aatcgctatg gtaaggttta tgttcatttc ccactgggtg   102480
aattggatat cactccatct cgtgaagagc tttctcttga cgaagaaaca attgctaata   102540
tccagaagcg tgtgaatgct cttgaagaag aggtaattac cgcagatatt aaagcgtttg   102600
aagcgtatga atctgaccgt gaattcctgc gtgagttcaa taagctgagt tctaaggaac   102660
gctctattct tcagagccgc ggtattacca ttgggaaccg cgatattaaa caagtagttg   102720
cgaagtataa tcttgataaa attcgttcat actatgtaga taacgaagta tcagtttatg   102780
tttcatgcga tgaacctgct cgtcgtaaag tgtcaagcag ttcttggcat cgtcataacc   102840
aagtaaacat ttctgatatt tgcggggttg atagaactaa agcgtttgtt cttattgacg   102900
ataaagcggg taagcgtatt gctacggttc gtgctctgtg taaatctggg ttagttccaa   102960
tctgggcaca cattactgta atcaaagaca atgaagatga attacatgtc attgatgagc   103020
tgaagaaaat catggatact gatgaagttg tagtattccg tgtgtctgaa cttgaagccc   103080
```

647

647/758

Фиг. 20DDD

sequence.txt

agagaaaagc tcttcctgat tacgacactg gtccaaaaga gaaacgtcct aaatcaccaa 103140
atgtttctct gcattggatt gataaagacg ggtactggga agaagaccgt cagactttat 103200
tatcatctga aattactgag cttgaaggtt atgctatcgg tcgcaatcgt gatgaaatcc 103260
acactttccc agataatgtt tggtggtgga atatgagcat cacagatatg cgttctttgg 103320
cagaagcatg tggaattaag aaattctatg caattcgtcc gagtgctatg aaagccgcgg 103380
ccaaagctga tggattgctt tcatttgacc ggtttattat tgaccaatac atcaagtgta 103440
ttgataaggt agactacgac cagtacatgc catcaaatgc tactggaaac cgtatctgtg 103500
gaaatattgc gcattacgat aaattgaatt tcttgtcgag taagtttact gcgtctggaa 103560
tgaaaaatcc gttcctgaca aaactaaaca aaatcgctaa agtttgtcgt acaagtaaaa 103620
tcaaagatga aaatgatgaa aacaatgatt tagctttatg taataaaatt tataataaac 103680
tgtctagtga tgctgagaca atcttctata aaaagattga acagtttaaa gatgattatc 103740
ctgtcatcgc aagtgtcttg gatacttggc ggactgacag caaactcgtc gatgatatcg 103800
taaaaatcat ggagctcctt gatggagctt ctactcaaaa ttctgaaaat aaaggtgaat 103860
aaatggctgt tacctgtctg tctgaaatcc aaaaagatgc aatcgttaaa aacttcaaaa 103920
acggtctgta cactaagaaa gagctcgccg agaattatgg tgtttcccgt gacactattc 103980
ggcgtgtttt taaagagcgt gaagctcgag ctgccgcggc agctgttcct gctaaagtag 104040
aagctccagt tgagcgtgaa tttaaatggg cagcaagttc caaattcatt tcaattactg 104100
aaggccgtac tacttataac gctgatagcc aacatcccgg gtttaaatct gcactgcaga 104160
aacttgtaga tggtgatatc gctggtgcta ttgaccacat taacctggaa caaggcatca 104220
agaaattcgt tcagggtaac gtccgaattg aagatggtac tttgttctat aaagatatcg 104280
agctgaaatc tggtctgact gagcgtatcg ttcgagctat ggaagatggc gaagacttta 104340
aacgttatct gcctttcctg gaaaacctga tgctgaaccc gtctcgtcgt gcagtttatc 104400
gtctgtttga tttcctgaac gcaaacgata tcgacatcac tgatgatggc cacttcattg 104460
gttggaaagt agttcgttcc aattacttcg attgtgcttc aaacacattt gataactctc 104520
cgggtaaaac tgttacgatg ccgcgtaacc aggtagatga agatgatcag cgtacttgtt 104580
ccacaggtct gcatgtctgc tctaaatctt acatcggtca cttcggtagt ggttccgatc 104640
gtatcgtttc agttaaagtt catccgcgtg atgtagtatc tatcccggtt gattacaacg 104700
atgctaaaat gcgtacatgt ggttatgtag tacttgaaga tgtaaccgat cgttggggtt 104760
cagaacttcg ctaattataa ggagccttcg ggctcctctt ttattatggg tgaaacatga 104820
ttaatccatt taacgtatct cattctaaag ttgttaatct tcgtggtact catcatgctg 104880
ctacggtatt ttgccatcat gtagttaaac atgaaggtga tgttcactat gcttggttgc 104940

Фиг. 20EEE

sequence.txt

actgtgatga actcgtagaa cttggtgatg attttgttgt ggaaccagac acatgtaacc 105000
acgacgatcg tgtttatttt ggtgaattac atatcagagg aatttatggc attgatgaac 105060
aaagccctgc agagattgaa ccaactccgg acatttaccc tagatttgaa taagctaagg 105120
ggtgaagcaa aagtaaaaat cattgatact gccagatata gcttagatat cgatccatct 105180
caagatagaa ttgacgttct taaacgatgc agaattgcta taccggcaga gtatgtggta 105240
gcggattttc ttgatggata cgtgaacgat caagttgttg accataataa caacgaccca 105300
tatgaatggg cctgggacgt attagctcat ccacactacc aaggtgttag ggttgaagtt 105360
aaaacacact ttgttcatga ccgagcaaat cataagccat ggattaatgt tacaactggt 105420
aaagacggtc cattcccaga tggaagtgga ataaatctag ggcccatgtt taaacataaa 105480
gtcgcagact gtataattat attcgttgca gaagaagtgt cccagaatgt catacggtac 105540
acaccaatgt ttgccggcgg tatcgaacag ctcatggaag tagtaaaacc ttcacgtgtt 105600
ggagctggcg ggtatatcat gcacaaattt taaaaagttg tttacttccg ggattggcca 105660
tgatactatg gccctacaaa ctgaacggga gtaaaacatg agttacttag agctaaaatc 105720
acttcgagcc aaacgcggaa atgcttctat taaagctgag cttttgaaag agtatagaat 105780
tctcgaatct atgaattggc attatgctat cattgcttgt gataatggcg attcaactta 105840
cggtggattg tatcccaatg gagccgctgc tgcccgtgat gagcataaag ataaagttaa 105900
agccttagaa gaaaaaattc gtaacttgtg catttaacgg tttactttcc tgttcttcgg 105960
tgatactata atcttgttag ctaaactgga gaacaaaaat gaaaaagtta cttacgattt 106020
tgaagaacac ctttgtagta ttctgcctta tcgttacttt cattggtgtt ttcgcatggg 106080
atttagttaa cgtttggatt aatgctttca tctgaggaaa atataatgat tcgtagtagt 106140
tttgatcgtc gctttaactt aatgagaact gttgttctgt cctttatcgt tgcggtagcg 106200
cttggaattg ttgctatatt cgggttcgga atttattttg ctattcaagc ggtagatatt 106260
attcagaccg atggccttaa atctttagta gaaaccgtat gggaaggtca aaaatgaaac 106320
gacacatcgt gtatcgtctg ttggcttcgg gtcttcttgc attttgggtt ggtatcgtga 106380
cagtggtagt agtattttgg taataagagg ggcttcggcc ccttatcgga gaataaactt 106440
taatcaactg aggaaattaa catgcgtaat attatgactt ttgctgatct cgataacgct 106500
ggtgcagaac tgatcggttc tattcgtaac ggtgattggg cagcaggtgc tccatctcgt 106560
gaaattactg agcgtgaagg attttatttc ctgatgttca atgatggcaa agcaggttat 106620
atcggtgcat ctgctcgttt ctttgtagct aaacaacgtt caaaggcagg atttgagagt 106680
gttctttctc atatccgttc tggacgttct cagttgggtc gtacccttcg ttcaaactgt 106740
gtaacatacg gtgtgttctg gattcctgcc aataaaatga aaccgctcac caccggttat 106800
ggcaaaggtc aacttgcact ggcgtttact cgtcagcatt caagcgccgc gcagacctac 106860

649

649/758

Фиг. 20FFF

sequence.txt

tctgaactga atcgtattct gaatgataac ttcatcttta ctttgcagaa atactaatga 106920
gaaccttctt cgtgatgggc tatgtgtttc tgatggccct aatgatttgc tcaggaacat 106980
tcatgtggta tggccttgtg cctaccacta aagtaatcgg aagcattgcg ttcactgcag 107040
catttattat gtttgagcgc atttgtaaaa ttgtaggagt ttacaaatga ttaaaggaat 107100
tgctggcgga atttgggctg ctctatgcgt atcgacattg actaccggtg aaacttctgt 107160
tatttcgcag gcgttagcgc aaggaacttt atcaattatt cttattatag cagccttttc 107220
caatgattaa gaaaattttg attggagcgg ctttagtagc cgctttgctt ttaattttgt 107280
actatggaat gatttacggg atgatttata ttgtgctttt catttccgat gttatagtac 107340
aaatcggctc actaatttgg taggtacaat ggatattttt gacactctat taaaacaagc 107400
aggttctatc gatgatttgg ctaaggcatc aaatcttcgt catcgcgatt tgaaatctat 107460
cattgataat gaagcaaaag agtatgcgat ttacactgta gaaaaccgtg ctattccgaa 107520
cttgattgat gggtttaaac ctgtacagcg ttttgttatt gctcgggctc ttgatttagc 107580
tcgtggtaat aaagaaaaat tccataagct tgcgtctgtc gccggtggtg tagctgattt 107640
aggatatcat catggcgaaa cctctgctca agatgctggt gcattgatgg caaacacatg 107700
gaataacaac tatcctctgt tagatggaca aggtaacttc ggttcgcgtc tggttcaatc 107760
tgctgcggca agtcgttata ttttctgccg gatttctgac aacttccgta aaatctacaa 107820
agacacagaa atcgctccgg tgcataaaga caaagaacat gttccacctg cgtattatct 107880
tccggtaatt ccgactgttc ttctgaatgg cgttcgcggt attgcaacag gttattcaac 107940
ttctattctt ccgcatagtt ttgaatctgt tttggaatgc actaaagcag cacttcgtgg 108000
cgaaatgatg gaacctgaag tacagtttcc taaatttaac ggaaaaatcg ttcaaacaga 108060
agacggttct gttgagctgc acggcgtgta taaagaaact tcacggaact caatctatat 108120
cagtgaaatt ccatacaagt ttgaacgagc ttcttacgtt gaaaaagtac ttgacccgtt 108180
ggaagatgca ggatatatca catatgatga tgactgttct aagactggct ttggctttaa 108240
ggttaaattc cgtaaagact atgctttaag cgaagaccct gagcagcgtc atgctaaaat 108300
catgaaggat tttaaactca ttgagaaaat gagtcaatac attgtggtca tcgatgagaa 108360
tggtaagctg aacgacaagt tcaaaacttc cggtgagctg attcgtcatt ttgtagaagt 108420
ccgtaagaca ttcactgcca aacgaatcga gcataaaatc gctgaaacta agcaggcgtt 108480
taatcttgct caggcaaaag ctcaatttat caaagaggtt atcgcaggta acatcgttat 108540
ccaaggtaaa actcgcaagc aactgactaa agaaattgaa caaaatgaac tattcaaaga 108600
ccattctgaa aaactcgttt caatgaacat ctatcacatc actgatgatg aagcgaagaa 108660
acttgctcag gaagcaaaac gcctagcaca agaggttaag tactgggaaa agacaactcc 108720

650

650/758

Фиг. 20GGG

sequence.txt

tgaagccgag tatctgaaag acctggaaga actatgatag aattttattt aattataggt 108780
tctgtaattg ccgtattagg tttagtttta ttgctcctca gttaatctag ggaacctgga 108840
ggtcatctcc aggtccttcc atataaatct atatccctcc aaaatccttc cttagaatgc 108900
cccaaattat tttcacaaag ttgtttacat gcttactcgg ttgtggtatt atagcaatat 108960
caaaacaaca cggagtaaaa caaaatgatt acatcattaa aatctgatat caaaaacatt 109020
ctttatattt ccactcaagc cgatggcact cgactgagcc actatgtcaa aggtaacatt 109080
gtggtgctcg atgagttcga agttaatcgc gagtatccta tgcgtcaggt aattcaagca 109140
agtaactatg aagacggtga agagtatcaa gtcgttcttt gtgtatatga tgatttctgg 109200
gtgcttaaac ttgagaatgg cgataagttc ttgatcttta acgtataaca tttttactgc 109260
tctttgaaga aaatttttca gagagcagaa taaaatggtt tacaactgct ttaaaccatg 109320
gtattatagt ctcataccaa acaaactgaa taaaacatca tggagaatca caatgtctaa 109380
agtaacttac atcatcaaag cttccgaaga tgctctgaac gaaaaaactg ctgctatcct 109440
ggttcaggta gctaaaaagg atttcatcac ttcttctgaa ctgcgtgaaa tccttgaaga 109500
aaccatgaac gcaagttctg ttaactcaaa catcggcgtt ctgattaaga aaggtctcat 109560
cgagaaatct ggtgacggtt taatcatcac tggtgaagca caggacatca tctctaaagc 109620
ggcagttatc tatgcagaag agaacaagcc tgaacttctt aagaaacgca atactcgtaa 109680
agctcgtcct ctgactgaag atatgaatga gcacaaagac ctgatgatga aacttctcgg 109740
tgagatggaa gatatcttgc ctttgaaaga actgactgtt taccgcagta actatatcgc 109800
agttctggaa aaacgtacct tcggtattcg tagtcttgaa gttaacaaca aaggtacttt 109860
ccgcatcttc ggttacaaga tttctgaaga gcatcagaaa cacttcactg acctcggaat 109920
gtcttgccgt gtagctgcaa caggcaatac ttacttagat atcgcccgta ctgctgaaaa 109980
cattgaaacc atcatccgct ctattaagga actgtaatgg aactttggga aattatatat 110040
gaagatgatg tgaatatcag aggcagcatc ttcattaagg ccctggacaa atatcacgcg 110100
attgaattgt ttgaacagtt acagcaacaa acttatatca atgaatcgcg ttatttaatt 110160
aaactcgcaa tgtttttggt ggaataatga acaagtttaa agtattgaat gagcttcagc 110220
gttgtgttga aaaggttaac ttgaatgcta atatcccaac tgattgttgg gatgtatggt 110280
tccgtggaca ctttatcgga tacattgata agaaattcac aaaatgctat gctatctaca 110340
atgcagatgg taaacatatc atggatgtag ataattacca aaaggccctt gctaaatttg 110400
ttccattagc ggaagctgtt aactcaatgg aatggttaga gaaaatacag ggtgaacctg 110460
ttattcgcca gattggtatt cgtgaaaaga aaagtttgtg gcagaaaatt aaaggattct 110520
ttaaatgagc aagttttccg aacaaatgaa taaatttgtt gatgcttctc gtcacggtgc 110580
tctaattaat gaaccagaag aagttagtat tcctgaaatt tgctttaaag tagctgattg 110640

651

651/758

Фиг. 20HHH

sequence.txt

```
gtgggatgga cgattacttc aacgccgtat cgtttgtgca gcaaatcgtt ttgaattgaa   110700
atctggtgga acaattgtgg ttccaggcac tcgccattat tctgttgata tggcgaacgt   110760
tctagatatg ttccgtgaca aactggtttc tgaccatgtc catggagaca atcaaggatt   110820
tgtcgaccag tggggtgagt acttcacacg tgaagaagca ttaatcatcg ctacacatgc   110880
aggtcaagtt aatacagttc gtcctaaatc aggacccgcc aatgaattat tctcagagga   110940
tttatactaa tgattagtac attaaagaat aacattacgc ttttaaaaat tcaacgtaaa   111000
tcgcttcagc gctcattaga aatgatggac gataattggg gtacatatac caatgaagcc   111060
gggtttaaaa tggcagatag caaattcatg aaaactctca tggataagga atacatctgc   111120
ccgtttagcc atccatttaa tggcggtgct aagccatttc ttgctgaaat gtacaaaata   111180
atgacagaag aaatgattaa agatattgac tattacatca aggaacttga atgcaaggaa   111240
gataaagtgt gagagcaata agcgccaagg cagattactt caatagctta aatcgttcag   111300
aaaaggctca aattaaacgg tttatcttgg aattgggata tgtgcatgcc ggagatttaa   111360
aagcacatat ccaagaatgt ggtattgcta agcgttttga tattacacgc aactgcttaa   111420
atgaggtaat tgcacatgta caacccagta gcgaagaatg actttaacaa aggaggcgcg   111480
cataaagata aaaagcgtgc tgctaaagaa tcaaaacgta agcaaaaaca taaaggtaaa   111540
gacaatgcgc attctgaata attctaaatg tactacttta accattattt gtgatgacct   111600
agaagctctc cataaaaaat taggggacca ttctggatta gtagcagata tccattctga   111660
actaatggaa gacctccaga atgctggata tggggactgg atggtacatg attggaataa   111720
tggtaccttt actgtagcta ttattgctaa cgttgaacct gaagaagttc ttgaacaatt   111780
tcagaaatgc gttgatgctt atgatattgg agattatcta tgaatactga aactttacgc   111840
agagaagatg aagccaaggc atatcataaa cgtgttgaat tactttcagc aattaaagta   111900
gaatacactt tacaagttag gcttaaagtt cttaactctt gggctaatga cttagaagta   111960
aaacatttag aacaagcagt aatgtttacg tttactcagg aagcttctaa accgtttagt   112020
ctatcagcag atttccacac gtatggaatt attactatta aagcaaagga tagaggtgac   112080
attataagtg gagttgagta tattgaaagc attttaggta atcgcggaga ggttgtttta   112140
gcatgagtca taacttagaa tctgtcattg aatcacaaag atatctcgaa gcgttaatga   112200
ataaaatcgc gcttggaagt ctaatcgact tgtcctttca ggaggcaatg gacgtatgtc   112260
actggatgaa tcgtagggtt cgtccaattg gaaaggaatg gtatttaacg gctaaagtaa   112320
aagatggtcg ctacgggctc tggatgtcct ctggtgctga gtatatcact accaaggaag   112380
atttgaattc tcgttgggaa ttggcataaa ctggtttaca acgtggtatc aagatgatac   112440
tataatcaca taatccatta tgttgtagga aaaataatga ctaagtttga aattgtccaa   112500
```

652

652/758

Фиг. 20III

sequence.txt

gaaattgtta ccgttgcttc tattctgact aagttcaatg ctgaacatat catggagaag 112560
cgagatgaat ttattgcgtt cttgaacgaa attggaatca agaacgagca ggggcgtcag 112620
ttaaatcaga gcaacttccg taaaatggtt tctgagttaa ctgacgaaga gaagagaatt 112680
ctcgttgaag aatacaacga gggatttgag tctatctatc gaacaatggc tatgcatagt 112740
aataagtaat cacttagctc ttcctagagc tctaaccgcc tgaccacata tcgatgttag 112800
tctttcgtta gataatgcag gtttggaatt gtaccagtac atttcaacag ttccagcata 112860
aacattgtct aaattgaaat acggacagct aaacatgtac gatatttcag gtggttttct 112920
ttttgtcggt aagaaaacaa attccttatc cgtccaaaaa tatctacccg ataaatgcgt 112980
gctatattca gcagacgttt tgtcgattgg atatcctccc aggtttttag aatctaccgt 113040
gctaggtaaa gtcccctcat aagcaattaa gtctacgaag tagttcaagt ttttaggtct 113100
gaacgtaaag accgcagaaa aatctgcacc acttgagata tgtactatct ggagttgttc 113160
gagtgctgta ttatcaaatc gggtatccct atccttttga accagtttat catacttgtc 113220
atatgtacta tcgacgtaag cagtaataag actatctgac ttataaccag caaacgccaa 113280
caatgctaaa agtatgacaa caaaaacacg ggaaaagaga actcttcccg tggctccatc 113340
tttgaataat agctcgagca acccaagaaa catatcaaaa aatggtattg attgtttgct 113400
tgccatattg ctctccttac agagctattt attgctatct tctagttata agaccttgcc 113460
agtattggtc agttctgtca ctaaaccagt ttttaagctt attagcttcg tcatttgaag 113520
ctatttgata gtttcttaca tctccatcca ttttacctgg agtaaaatca aaggtagtgc 113580
catctgacat cattacccga agatttattg cgtcgccatt tcttattccc aaggttgtac 113640
cttgagggtc accgttccaa tagttaaccc caccttgtcc agatacagac acaaataaag 113700
taacctcttt accttcgaag ttaccttgta ctgtattttt' ggttgtcggt ttagggctcc 113760
agttccagcc accaacttgc catgaacctc tatagtaaat attgttccag ttacgatatt 113820
gcactgttaa actaaagtta aaaacacttc gtcctatcat attagacatc cagaaaggtg 113880
ttcctagtct taatttggct ccggcttggg ccatccacgg ctcgccggtt tcagccttcg 113940
cggaacttcc aacccatggt cctgttactg ccatgatatc tccttaaaga tggggccgaa 114000
gccccatgca ttatttagat ttaagttctt caatttccgc tttaaggcct ttaacctcag 114060
cagaaagctc tttaacagat tcaacaagaa gtgcaattac tgagttgtaa ttcagacgca 114120
ataatccgcc gtccgcttca atatcttgag taactgcttc cggaagaact tcttgaactt 114180
cttgagcaat caacccagca gaacgagtag taccgccaga agtattatga agctcataag 114240
tattaccgct taaggtctct actttttcca aagcgttttc aataacttta atatcagatt 114300
tagctctacg gtcagaacga atctcaacgt tatcaaatga accattgcga gtacagatga 114360
agtcaccgcc agctctgaaa tagaaactgt catctcgacc gaatccatta acattaatga 114420

653

653/758

Фиг. 20JJJ

sequence.txt

```
tagcttggtg gaagttacca acatattctt ggaaatacag agaggcataa gcaccattac   114480
taaatctgct tactaaccca gcggtattgt tatatgtgcc attgggttgt cctgcaggat   114540
aattagtagt gctgctaatt ccgttatagt tagaaatggc tcctgggaat tgacatgaac   114600
cacttgccca gaaattccat actggtccag aagcaccgcc ggctcttata ctaacattac   114660
caggctcatc agcccaaaga agacctttt ctgtaccatc tgctttacgg aagaacacat   114720
ggctattacc ggtgttctga acgttaacag aagtggatac actgaactct tgattaaacc   114780
tagcctttcc atcaacagtt aaaaccccat taacggcagc atctccggta gtccatagag   114840
aagtagtttt cagttgatta cctgtaacta ttaatgtacc agttacagta ccacctgcta   114900
atggaagata agtatcgcca gcattactaa tagcagaagc aaccttatca tcaacatatt   114960
tcttgttggt taggtgcgag ttatcagtag gagcttgacc tgcaataaca aacttaccag   115020
aagcgacgtt gatgtttcca tcagcattaa tcacaccgct gaagcgggaa ttgcctttaa   115080
ctatcaagtc tgagttcaag ttagtattac ttgttactgt aagctgcctg ttaatttggg   115140
catttccgta aacagtttgg tttccgctag catcaacttt gaatatatcg ctaaacgtgt   115200
cagcaggatt aatttggttg ttggtatttg cagataccat aacggtaaat gagttagatt   115260
taccgatggc catttttcct ggcataccgt ttttcttgac taaaccaata tcagagtttt   115320
tgccaagaac gatcattctg ttatcttcag aaacgttcaa gttgcctgtg attttcgagt   115380
tctgggcctc gaactcacca ccgacagtca ttttaccttt ttggtcaata actgtagctt   115440
ggttggaatc atcgccgtta ggtcttaaat gaagagcttg acctgttttt gcgtagataa   115500
caaaagcacc agagtcgttt gaacgaatac ccgggccata ggaccactca agcagaggct   115560
cagaaccgtt agctttaact ctaatctcag acccagaaga atcaccgaat ggtctaaaag   115620
caatatattt cgctgatgct gcggctgtag cagaagctga catgatcaat gcaccagtac   115680
taccaccttg ggcttcacga actactgcgc catttttaaa tgtgatagtt ggatcacttg   115740
ttccgacgcc attaacaact aaccagccga acttcacact ctgtccttca ccaacaccga   115800
ggttattacg agcagcagcc acagaagttg ctccggtacc gcccaagttg attggttgaa   115860
cccctgcaac aacctctttc catgcagacc atgtgccgtt ttggcagtat ctaacatatg   115920
tgccttcaac attaccgttc tttgtagtaa aggtctgctt acacgtccaa tcactgtcag   115980
aaattttacg caaagacaga acttcaagaa caaagttacc atcagatgta ggtttattag   116040
atatattaga accaccacca gatgatacac atttatacag ctgacgagta cctaaatcac   116100
tgcctttaat aaccatgttg ttaaggtcat tagtcttatc agtaatatta attgcatctt   116160
cagtaccgcg atatgtctga ttaaaaacca aatccccttc tacatcaagg ccatcaggct   116220
taactcggat gtacttgctg ggagctggag tagcaactgc atcttgataa ccaaactgca   116280
```

654

654/758

Фиг. 20KKK

sequence.txt

cgtatccttc aggagtaatt ttaagcattg ctacggcagc gccagagcca actttacgtg 116340
caagggtcaa tctgctatac ttatctgagt tctctgaacc taaatcaacc attgatccat 116400
tagggttttc gacttttaag ttagcgttaa tagtcaagtt accggtcatg gtatcaccag 116460
tcttgcttac ttgcttacta tcaccagtgg tgatatcatt tttaatagaa gtcaaatagt 116520
tgttaaggtt accgccaaac attgaaccag aggtaatatt cccgtctttg gttagcattg 116580
ctgctccacc aactttaact gctacaggaa catcaaggcg gccatcagaa cggaagctaa 116640
aatcaccggc agaaacatca ccagtagttt ttgcacgaat attaatctga cccaagtccg 116700
cggtattcgg agttgcccaa attacaccac gctcattacc tcctgttcta aaccatacat 116760
gagcgtttcc gcttcctgcg ttaacatata ctgatgcagt accagtgccg gaagcatgta 116820
aattaggaac agttaaatca ccagtcatgg tatcgccggc tttcttaact tgagtatcgt 116880
ttgtcagatt accaagtccg acatcagcct tagatggttt gtttgctgtg ccgtagagaa 116940
cattagaatt tactcttcca cttgctaaac cgctatcgtt tatagcaaat actctgacgt 117000
tgccagttgc ataatctata ttaagcgcag acattgtatc gccagttcta gaaaagaatc 117060
ctgcgccatg ggagtaataa ggagccccgg tataaccact cgctacgttg gctctaaatg 117120
ttgtaccacc aagagcctta aggcgagtca ttaaatcaac atcagaagta atatctacta 117180
gtgattttcc gttaccgcca ataccaaagg caccaacttc catcacattt ccgctggatt 117240
caccaacatc acgaacagcc gcagttctaa gacctaggtt atttctagca tctcctacgt 117300
tagtagcacc tgtaccacca cggttaaccg gaagagtacc ggtagtatcg ctgaaatctg 117360
gttttgagat actatcaaaa acctgtttca ttgaaacaag aatgcttcca gatggtgtag 117420
tagcaccagt atcttggcca gtttcataga taattacttt accgctatct tggccgttgt 117480
attcagcagt gtttagcact gtaacataaa gtccatttcc gtatcgagga actttagcgt 117540
aaaaatcaaa tgaagcctct gaatctgtag cagcatcatt tttaacaacg taatactctg 117600
gaacgtttcc tttattagga gaaccaatcc tgcgccattc aacccagtta tctaaattgc 117660
tagtgctcca ggatgttaaa ttgcgaccag ataacgtgat aaaatcaaca taatgccttc 117720
cgtgtccaga atcaatgcca ccagtaatca ttaaatctaa ctgcgaagat gcatctcctg 117780
ggtgtttaat tgtagctact ttaacccagc gcggagttcc agcggttgca gcagaaatta 117840
cgtattgcca tgcctgacgg ttgttttcta cattcgtcag aagagtaccg gatttaccag 117900
gacctcttcc gttcatggcg taataaacct gtgaatttct gaatgtcaga ttactgtcat 117960
tggttaattg aagaacacct acgcctcgtt ggtttttaat gtaagcgtcg ttagagccta 118020
cacccatttc aaggacaagt gtgcttccat tgttaatttt aacagtttta ttagtggata 118080
atcttaaatc accaggaaga gtggtattac ccgagccgtc aagcaagacc agttttcggg 118140
cttcaacgtt gccgcttccg cgttgtacga attgaatagt ttcagcgcca tcgtcaatag 118200

655

655/758

Фиг.20LLL

sequence.txt

taccgatttc aagaataccg ctattgcttg taccacctgc accgatgtac cagccatcgt 118260
tagtagcgca tttgccgacg atatgacgca ctattgctcc gcttaaatca gtggcttcaa 118320
aattgatagc tttattcgga gaaatagtaa cgttgtcttt taatgtagta attccatcaa 118380
cattaagatt acctgcagta tctaagaaag gaacaccttt acctgcaagc tgaacaacgt 118440
tatcggcttc atctttagtg taaatggcaa gagtacgccc gtgtgtattc aacacgattt 118500
cgccacgggc tacgatatct gcacctggtg ctttattctc tgtgctagtt cttttaaatt 118560
gtatttgttt taagttttga tcggccatgg ctacctctta gtatgtgcca aaatctattg 118620
ttaccccgcg tgaaataacc tgatctaatc taggagcata ttcaccggat gttgctttat 118680
ttactataac tacgccagcg ttagctctaa gtacaccggt catggtgtcg ccagctttct 118740
tgactgctgc gttagctacg ttgctaacag tatttattag ctcatcgaca tagtctttgc 118800
gtgttaagtg tgaatttgct gttggagctg cagccgcaac agaaacttga ttgttagaag 118860
tgattccacc tttagtagta atattaccag atcgtaaatc gaatgcgata gttattccgt 118920
ttgaaccaga attagattca aatcccaagc cccaccaagt ttttattttg gcattgacac 118980
catttaaagt ggctccatca actccgccat ttacgagttc catgcccccg gagccagtag 119040
tttgaactct taaacctgtt tcaaacgtta ctgttctaga gtaacttccg ccattagctt 119100
ttgacacaaa gtcgttatct gcggcttgtg gtttatctat ctcagtataa acctttttac 119160
ctctataagt tagggagttt cctgccggca caagaggaaa agtacccgcg tgccaaatag 119220
gatttccgcc aactgttgaa cctgctttta aatcggccat agtttatcct cttatatatt 119280
ttctatttat acgaaaaaag gaagcccgaa ggcttcctta gtctgatgtt tctctgaacg 119340
attgaactgg aataacaccg ctcggatcga cttttgaatt tggaagttcc ataatcatag 119400
tagttcctcc ttcaacgcct ttattcattc ttataccatt cacaccaaac tcctgaataa 119460
cactattcaa ttgttcgcca tgagaagttt gaacaaatac gaggtttttg attttagagt 119520
caccaactac agacgttttt ggatatcgcg ataccacgat agtaaatcca tcagcgtctg 119580
taggaacagc ggtaaatctt tcaaatctta accatctatc agctccattt tttggaactt 119640
ctaatgatac gtttgaagat aataaagatg taccccttgaa ccaccgcaag ctagctctag 119700
tagtagaacc agcatcaaga aggcttttag atgcatacat atcacatact aaaaataccg 119760
aatccccagg agatagtcca taatcagcta ttttgcttat agattcattt tgtactggat 119820
atcgtttata ttcatatcca gtagaatccg agtattcatt ggtatcttca atagaacgat 119880
aaggacaccc agtatatcct acatctccta cattgtcata taccgtatct actttagccc 119940
ttgaatcttc tttaaccttt ccgtcattcc cataaaatga ctcaattaat atacgtcctt 120000
ttgctgctcc gagcactcct acataagcag agtttggaaa tgatttggaa aaatcagaac 120060

656

656/758

Фиг. 20MMM

sequence.txt

ctggccaaga tgcagaccac ttatttttaa accatctgtc tattaacggg ctggattgaa 120120
atcgttcatg cgtcattata atatacaatc ctgaagttaa tccatttgca tattctacaa 120180
acgctttgtt attagcgttg ttgtcatcag tggtaacgtc aaacgtttta aagttaataa 120240
atctgtcacc attaacttga acaacattaa tccccctccg taaggaggag gtcatatcaa 120300
aggcaccgtt aatattcaat tctggcttat tcggaacagc attagaatgt gtagcataag 120360
cttttagcca atacttcaca gagtttgcct cagagaggat tcgtgtttcc acgaaatcct 120420
caccaaaggc tgccattaaa attggatcag ccattaatca cctacccatt caaatttgag 120480
agtttggttt ggacggtctg gccagatttt aactggacca agcttaatcc attccaaaac 120540
ttcaagggtt ttaacctgag ttgatactga gcttggagct ccgatatcag ctgcagttgg 120600
aggagtagca gacgtgaaca ctcgcatcca atcatcaaac ttattaaggt ttggattata 120660
aatcctcatc cacacagtat gcgcgaaacg cttatcagca gtttcggttg ttggaggata 120720
aggtgtccaa agctgataag tgttgtttgt agttacacca acctgagtta aaacaccgcc 120780
agcagcagtt ttttcttcat atccggtcac tactaaagtg cttgggttag cagggtcaat 120840
cggtgttctg attggaacca tataaccacg aagacctttc aatttagtag cgtctttaat 120900
ttcagcagtc caagaacctt gtcgcaatac agtatcatta gtcggcacat accacgattc 120960
agaacctgta atgacgatag ccgaactatt tatgttaaga ttgccggtca tggtatcacc 121020
agctttcttg acataacgac catcagctaa tcttgcgtag tttttggtag ttaaaatcgg 121080
atacgagtta gtattatctc gagcaaaaat ttgcgtatca gcgtcacgag tatcaataaa 121140
cgcagagtga gacctagcac caataatagc attttgggtt tcaatagtta atagaaccgt 121200
atcttttacc ataacagttc cgccaactat tgtatttcca gaagacctca gagttttagt 121260
tgatacttca ttaggaacat ccagcgtgcc gtttccacca aatgtgtagg tctggcttgc 121320
agcagtagtt cctgttccgt ttttgacacg aacttttaaa tttccagctg aagctgtttg 121380
ggtttctgca taaattatac cgcgttcagt tccatctcta ttttgaaaac gaacatgcgc 121440
atttccagtg tcagcagttg gagaaatttt tacttcgcca ccattagcgt ataaaatatt 121500
ctggacagaa atgttgttat taaacacagt atcctggcta aatgtccaag ctccagaaat 121560
tgtctgcgct atatcgcgac gagcatattt gtctggggtt tgaccaccta gcattccggt 121620
gtcatacgct ttaccaagac gaggcaagta atgtttcaac gtgaggttca attcatacgg 121680
agacactgcg acgcccttag aggcataccc gttatccgga agagttgagc cattggtatc 121740
attacctttc cacgttccat cgcctgtaga tagcctgacg gtccctctaa cgctgtctgt 121800
agcttgccat gactctgtta cctgaatagt ttgtttcaag taagcaggag gaacaattct 121860
atcacttaat gtgcctgcat caacttgcgc ctgtgtagca tactgagcaa gaccgatagc 121920
tccttcggtt gctgttttcg cgtgcaacgt ggcagcagta actattttct tggcgtcggt 121980

657

657/758

Фиг. 20NNN

sequence.txt

gccggttctg acctcagcag cagttgcaag agtagttgta cctctttgag aagtacttgc 122040
ttcctgtatg ttgatggtat aatggtccca gaggttccca gtaatagtta agccagaact 122100
agtattaact tggatacgac tagtattagc aaatttatcg aacagtaatt tagggtttac 122160
cattactgta cttgaagtac cagcttcaaa ttcaccctgg gcaccaggtg tcgcgaagcg 122220
agcaatacca gtacgatcgt tagttgctgt acggtcattt aatgttttag gtgtaactgc 122280
tttattagtc acgccaccag cattaacttc tgtctgtgta gctatttgga ttaaaccaat 122340
tgctccatca gtagcaactt ttttatgcaa agattctggt gtaacaaccg taggaatatt 122400
tgaagaagca ggagttccgt ttctaacttc gctatcactt gctaaccaaa ctattcctga 122460
ctgatttaca gtagctttat actcacgaag agtttttgga gtaactgcat ttttgtaatc 122520
agaatgatcg aatataccgg tgccagcaga agaacgatca gcagttgtgt taggagcacc 122580
accagttttt actaactgaa taacacctaa ccgtgaatcc gacgtagtac gataaagcaa 122640
cttcttagga gtaacaattg taaaatcgtc tgttcctgca tccattttag cattagacgc 122700
aatttcagct aaacctctac gagtttcagt agcagatctt tcgttaagct ttttaggagt 122760
aacgattacg ttatccaagt aagaagcagt tgttgcctga ttaacttcgc cggaagttgc 122820
aattcttgct ataccagtct gagtttcagt agaacgacgt ccatttaaag tttctggagt 122880
aattgctaat tctttttctg gatttgactc cgcgttggct tgagcttgcg tagcaagagc 122940
aataacacct aatcgtgctc tggtagtatt gtctttagca tcaacacgtt ctacagtagg 123000
gtcagattca gttacaatcc aatagctttt tccggatgct ttatcttcaa tatatgcaag 123060
ctcaagaaca ggaacatatg acgtagttcc attaaaggta atcgagcttg attgaaccca 123120
tgctgcatca ggtggatact ctgagcgttt tggaaactgc agtaaattca aattactagc 123180
gatggtatca ccatcagaag ctttaattac tactgtctgt cctttacgca tataattcat 123240
tgcgattttg acagtatccc caacagctac gtcagtaggt aaagtaatgt taattgtttt 123300
aactgtacta ttatctgcgc caaatacaga aatatgctca ttaggcatta aagtaacgtc 123360
agaagtaatt attcttacac gtgtacgtaa atcattttca aagatgcgcc atattttgtc 123420
aatagcgtca tacaccaaaa atccactacc tgaagtacgt acttgaattt ccgtttgtcc 123480
aggagtccca attgagatag ttgggtcaaa cgtacgcaca gtcatatggt taatcggcga 123540
tgtaccatca aggtcagtaa aattaatgat atcgtttgaa ttagcgaaca acggcagagt 123600
aataaaaatc tctgagttgg aagtataacg acgaactacg ttatcacctg actgtacctg 123660
ggttggaaca atcccgttcg gaactaccat tttagcagta tcgccaaaat cggttaaact 123720
agcacgccat gcaccattac taaacgtaag cataatttgt gaatacggac gagtaagtct 123780
tacctcacgc agacgcgatt caccaaatac gatagacgca ccagtatctt gtgctttaat 123840

658

658/758

Фиг. 20ООО

sequence.txt

taagattccg ttatagccag gacgacctcc aatatcacga actacaatgg tatcgccttc 123900
gtctggtgct aacggaagaa gtagtgtagc attaccggca gcgttcgagt caacgttgat 123960
gaactgacca gattgaattt caaactctcc tttacggacg gtataaatcc agttcgggtc 124020
aacacgtaaa gaagtccaat tggcctgatt aaattctccg gctggttttg gaatatcttt 124080
gtttgcaatc caaatgcgtc gtccataagt cacagcaaaa tcggtgagat acccacgcgt 124140
cgggtcatat ttttggatag tattttcttg aataacgtac tcgacagaga cgccgtcggt 124200
tttaacgttg cggtcagcga gtgccacatt tataacttta tttccgccgg catccaaacc 124260
gttagttgca cggaaatgtt gtttcagtaa atcgctcata gagtctccta tggggttatg 124320
cttcattata gaagtattta taatggctgt actaactaat tgaacgaggt tcaaatgtct 124380
gatttaaatt gcttattcgc cgaagaagac caagtaaaag aaggtgtcat tctgattgac 124440
ttgtcgcaaa tcgcaatggc gacaattctt catacgtata aagaaggaga taaactaacc 124500
actcctatgg ttcgtcatct tattctttct actttaaaat ttaatgcttt taagtggaag 124560
aaagatgggt acactaaaat tgtcatttgt gttgataacg cagttaatgg atattggcgc 124620
cgagatgtag cgtactacta taaaaagaac cgtgctaaag cccgcgaaga atcaaattgg 124680
gattgggaag gttactttga aggtcttcgt actgtaattg atgaatttaa gcagtatatg 124740
ccttattacg tcattgatat tgataaagca gaagctgatg atagtattgc tgtactgacc 124800
aaaaagttca gtctcgaagg ccatccagtc atgattgttt cttcggatgg tgactttact 124860
caattgcata agtatcctaa tgttaagcaa tggtcaccaa tgcagaagaa attagtgaaa 124920
tctaaaaccg gctctcctgc tttagattgc atggttaaaa ttattaaggg tgataagaaa 124980
gataacgtag cttctattaa agttcgttca gatttttggt acacccatgt tgatggcgag 12 5040
cgtactcctt caacgaaaat gacgtttgtt gaagagtgtc ttgatgctgg cgaaaacatc 125100
aaagatttgc ttaccgaaga acagtataag cgtttcttag aaaaccgagt gttaatcgat 125160
tttgattata tccgtgaaga cattgttgct aacattttag attgttataa taattatcaa 125220
ctaccgggtc gtggtaaaat ttatagctac tttgttaaat ccggtctgtc taaattaatg 125280
aaagaaataa acaactttta aggtgaatat aatggctaag aaagaaaaag agcaagtagt 125340
atttgatgaa gcagtacacg gacaggctct gcgagatatg attaaggaag cctcaggtaa 125400
taagctaaaa gcagaaagct atcttgagct taacaaagac attaaagacc gcgccaagaa 125460
agaacttggc gtagaaggca aattatttaa tcagctgctt gccctgttcc ataaaggtac 125520
acgcgatcgt tttgaaactg aaaaagatga agtggtagaa gcttatgact ctattttcgc 125580
ttaaagatga gggggacaca tccccctccg aatccattaa ccagctgcta gataagcaag 125640
ctaatggatt tgctatcgaa tctatggtaa cagaacttgg aatggggtat ctcgaggcaa 12 5700
cgacacaatg gctagaagaa aattctattc ctgagggaaa cttcagtaga tatattccac 125760

659

659/758

Фиг. 20PPP

sequence.txt

ctgcaatcat agaaaaaatt atgtcagaag cattagaaga aaatatgctt cgaccatcat 125820
ttagtcaaac acataaaacg aatagtctgg atttttttatt atgattcgtc tacgcatgcc 125880
ccaaaacaat aatagatacg ttaacggtaa gagcgtttat cttttatatt taatgctcaa 125940
acaacacttt gccggtcgtt atgatgttgt taagtataat tgggtcatgc gtgtctctga 126000
taaagcttat caaaagcgca gagacaaata cttctttgag aaacttgccg agaagtatac 126060
gctaaaggaa ttgactctga tattcatgag caatcttgta gctaatcaag atgcttggat 126120
tggtgatatc agtgacgctg atgcgttgat attctatcgt gaatacatcg gtaagttgaa 126180
gcaaatcaaa actacattct ctgaagatgt aaagaatatt tactactttg ctaagaaagt 126240
taatgtagat aagcttcatg atatttttga atataatgag aaagtcggaa catcttatgt 126300
gttcaaactt cttcagtcaa acgttatatc tttcgagaca ttcatcatgc ttgactcgtt 126360
tttagatata ataaatacac atgatactgc aacggataac ttagtttgga gtaattactc 126420
cactaaatta aaagcttata aaaaactttt aaacgttgac ggtgctgaag ctaagaaact 126480
ctttattagc ataatcaaat cttgtaaaga aattagtata taattaatct atcgtccagt 126540
tgcaaggacc catgttgcaa caacaactgt taaattaaaa aggtaatcat atgttcaagc 126600
gtaaaaatcc tgctcaactt caacaacaac tggctggtct gaaaggtggt tcttctttct 126660
ctaatgaaga taaaaacgaa tggaaactga agaccgataa tgctggtaat ggtcaagcag 126720
taattcgctt cctgcctggt aaagatgaaa actctctacc gtttgtaaaa ctgatcaatc 126780
acggtttcaa acatgctggt aaatggtaca tcgaaaattg tacttctacc cacggtgatt 126840
ttgattcttg cccggtttgt gctcatctga gcaaaaacga ttcttataac agcaacccag 126900
ctgaatataa actgctgaaa cgtaaaactt ctttctggtc taacatcctg gttattaaag 126960
acccggctaa cccagaaaac gaaggtaaag tatttaaatt ccgtttcggt cagaaaatta 127020
tggacaaaat caacgcgatg gttgaagtcg atgttgatat gggtgaaact ccggttgatg 127080
taacttgtgt gtatgaaggt gcaaacttcg tcatgaaagt taagaaagtc ggtggtttcc 127140
agaactatga tgaatgtaaa ttccttggtc agtccgagat tgcaaacatc aatgatgaag 127200
aaactcagaa attcctgacc gaaaatatgg ctgacctcag cgaaattgtg gctccatctc 127260
agtttaaatc gtttgaagtt aacgaagcta aatttaaaca gattatgggt acagcagctc 127320
ttggtggtgc cgcggcaaaa gcagcagctc aagccgataa aattggtgat gacctggatt 127380
cctttgacaa agacctgtct gattttgaat ccaaaccgac ctcttctcgt tccgcagacg 127440
atatcatggg cgatgctggt gacagtgttg gcgatgacga tctgaatgat attttgaacg 127500
acctctaata taaagggacc ttcgggtccc tttttcttta tccctccaaa aatattttca 127560
caaaattgtt tacaagccag ttgatgagtg atactatatc tacatcgaaa caaaacgagt 127620

660

660/758

Фиг. 20QQQ

sequence.txt

agaggaaaac atcatgggta aattaaacat tgatatcgtg gcagaacctt acatcaataa 127680
atcaggattt tgtactgatt taatttttga agatggttca cgtttttatg acactgacca 127740
tggtattgat tttgatttag ttatcaaaga aggccctggt ggtggttggc caaatattga 127800
cctccgcggt tctaaagaag cagttcgtgc ttggttagaa gcaaacgagt gggaagatat 127860
tgatttgatg atggaagact ggaaagagta attacctttg gggacttcgg tccccacttt 127920
gaggaaatga taatggcaca ggttactgta gaaatatatg attatgaaca cttcattgaa 127980
accattgaaa aatacggttt gattgaagtt agtaacaagt ctgccccatg gggaggaaac 128040
gaaatcactg tagaaggtga tactcctacc ctatggttat ggcttgaaca agaatatttt 128100
cctggcatgg atgatgaatg ccgtgaagat acattaacga cttttagcgg gtaaattatg 128160
aaactgaaca cagaatatcg cattatccca agtcttgctg ccgagtggga cctttcatct 128220
agcggaaatc gccggatgcg cttgatgatt gaagaacatg gtggttcgtt ctttcctact 128280
aaaatgctcg acgaagataa tagtttcatc acagaagtaa aatttaaaga tggaacaact 128340
gctgacgctg aaggatttgg agatgcatac tttgaaatat ctgattatga attcaaatac 128400
ttcgaaccag tatatgaaat tggtagtgca atccaacctg gtcctactcg cttggacttg 128460
atcgttaccc cagaaaatgc agaagaaatg attgacttga tcaaaaaagt tttcaaaaag 128520
tagtttacac ggagctatgc ttgtgatagt atagctccat aatctactgg agaataaaaa 128580
tgaaacttca acgtcaaagc attaaacttg gttctgaata tcgtggtaaa tggaatttct 128640
gcatttgcga taaaaaccca gaagaattag agcgtgttga agaagtactg tgccaaatgg 128700
aagctccatt cactatgggt ggtgaaactg tctattggaa tgattactgt gataactgcc 128760
catgctatga agatgggtat ggctcaggct tctggattcc agttgaagat gttgaagaat 128820
tcaaaaaagc atttaaactt gctaaggcca agaaatgatt gaggctgaat tagtagtttt 128880
gttaatttct gttactgtcg cttttattag cggcgttata ttaggattat ttttatatgt 128940
ctaaatttag tgtaacggga tatcctcgcg ttaatattcg ctgccagttt gatgaaattc 129000
ctggagtaac tcatattgag ctcgtatttg accctcattc gcgatgcaat caggtttcag 129060
gtaaaattga ttcagcgtat ggcgaatttt taattaatga ccaagttgtg gtttcagcta 129120
tttctggtga acaagcaggt tcgttgtata ttctgaaaag ggaagtattt gaggaaattt 129180
cagaagccat aaaagaaggg tttaaaactc ttcagagcat gattaaagct agtgagtaca 129240
agtcatgtgg attttaactg actgggattg taagtactgt ggcggtagct tatggcaatt 129300
aggtggccgg tgttttaagt gtggaatgag gcaaggttaa tggaaaattt cgcagtagat 129360
gattacgatg atttgatttg gtgggacggc cgtgaatggg taactatctg cgcaatgtcc 129420
aatatcgata gcgctatcaa acgtctccaa gagcttcaac agaagtggga agacggtaat 129480
gttgaacggg ttgaatttta ttgaggttta aatgattcaa atagtttatg cctttgctcc 129540

661

661/758

Фиг. 20RRR

sequence.txt

tacaaaaact gtagacggca aaaatgaaaa tgctttcggt ttaggcgatg gtcttccatg 129600
gaaacatatt tcccaggaca tgaaaaactt tgctaatcgt actcgagata ctatcttgat 129660
ttgcggagca aagactttta tgagttttcc tgaacctctt cctgggcgta agacaatcgt 129720
tgtccaagac atgagtcgtg cgttggcaac tgctaaaaat ggcttctttg cagatgctta 129780
tgtaagtgaa ttagaattta tcggtttctt gggtggtgac attatggccg ctcatacttc 129840
ttacaacagt actatcactt ttaatagaga ccttaattat tctatcatag gtggtgccgg 129900
aatcatccag aaggcatatc catacgcgga tagggttatc caaacaatca ttagaaaaag 129960
tcatagagtg aattctgatg tcactctacc tgctgaattt gtaacagctc ctacttggcc 130020
agaatcagga ttcattacta aagaaaatca ctggtatcat attgatgaag tgactaacat 130080
ttcagaggtg gtctatgagc gcaaactatg atatcactca gctatcagaa gacaaagtcc 130140
aaaagaggtg gaaaagattt ccatttaagc atggtattca tcttctagtt ttcagttata 130200
atggtcttag cacttataac ggttcaacta cagtatataa ccgaaatgga aatataccta 130260
ttgaaattga acgtgattat aagaagatgt tcatcggaat gtcacacggt aatgtgacgg 130320
ttaatgatga tgtagtgtct attattgggc gatttgaaaa gcgtggtgat cagcttttct 130380
ttacacctct tcaggaaaaa tttaatgcgt gaataccaag aattaattaa agacattttt 130440
gaaaacggct atgagacgga tgaccgtact ggtaccggta ctattgcaaa gtttggtact 130500
caacaccggt ttgatttaca agaaggattt ccggcagtaa ctaccaagcg tcttgcgtgg 130560
aaagcgtgca ttgcggagct gatttggttc atgtgtgggt ctactaatgt gcatgaatta 130620
cgtcttattc agcatgactc attactagaa ggtaaaactg tctgggacga caactatgaa 130680
aaccaggcaa aagacatggg gtattccggt ggtgagctag gtcctgtgta tggtaagcaa 130740
tggcgtgatt tcatgggtgt tgaccaactg aaattgatca ttgatcgtat caagcaactt 130800
ccatatgacc gtcgtcagat tgtgactgct tggaacccgg ttgatttgga taagatggca 130860
ttgccaccat gtcatttgct gtatcaattt aacgttcgtc aggggcatct tgacctccaa 130920
tggtatcagc gttctgtaga tgtattcctt ggcctcccct tcaatattgc gtcatatgca 130980
gcattggttc atatcattgc taaaatgaca aatcttaaac ctgggcattt ggtattcact 131040
ggtggtaaca ctcatattta cctgaaccat attgagcaat gtaaagaaat cttgcgtcga 131100
gagccaaaag agttgtgtga acttgaaatt gcattcccag atacgtatga aacttggcag 131160
actagttctc agattcgttg gttagaacaa tttgcacgtc ctcatcattt tgaactagtt 131220
gggtataaat cccatccaac aattaagggg aaaatggcta tatgaatatt cgatttgttc 131280
gtaaaggaca tcagtctaaa accgtattag gagaaatgca ggacgcattc tctagtgatt 131340
tgcctgaggt taatgacacg atagtttttg acggaaccga acaacgtgtt ttatctgtca 131400

662

662/758

Фиг. 20SSS

sequence.txt

ttaaatcata tgaatggtct attggcaaaa cacaattaat ctgctggttt gaagttgata 131460
taacatgaag atatgtcggg tggttaataa ataccattcc gacttcgatg taaatatcca 131520
acgtggaaca atgtggggaa attacgtcgg taaagattgc gataatcgtc ctgatgctat 131580
tgcggcattt aaggacgatt ttattgctaa gattcggaac ggagaaataa agcgagagca 131640
cttagaaact ttaagaggaa tgagattagg atgcacctgc aaaccgcttc cttgccatgg 131700
tgatataata gctcttgtag tgaataaact ttttaaagat acatttgaat tagaggactt 131760
atgcaagtaa ttaagagctc aggtgttagt caagaatttg acatgcagaa aatcattaaa 131820
gtcctcgaat gggcgtgcga aggaactaaa gtagacccat acgagttgta tgaaattatt 131880
aaatctcatc tgcgtgatgg catgagcact gcagatatcc agaagactat cgttaaggta 131940
gcggcgaata gcatttctat tgatgagcca gattatcaat atgtagcatc caatgcagca 132000
atgtttgaaa tccgtaaacg tgtttatgga cagtttgaac cgcctgcatt tattgaccac 132060
atttcacgtt gtgttaacgc aaataagtac gataaagaaa ttctaagtaa gtggtctgca 132120
gaagaaatta ctttgcttga ttcttatatt aagcatgagc gtgatttcac tatgacttat 132180
gctggaacaa tgcagcttat cgagaagtat ctcgtaaaag accgtcatac tggtgaattg 132240
tatgaaactc cacagtttgc ctttatgctg atcggtatgt gcttgcacca agatgatggc 132300
gaaaatcgtt tagcaaacgt tattcgtttc tatgatgcag tttctactaa aaagatttca 132360
ttgccaacac caattatgtc tggtgttcgt actccgacac gccagttcag ttcatgcgtg 132420
gttattgaag gtggtgacag tcttaattca attaacgaag ctgctgcgtc aattacgaaa 132480
tacatcagta agcgtgcagg tattggtatt aatgcaggca tgattcgcgc agagggttca 132540
aaaattggat ttggtgaagt caaacatact ggagttattc ctttctggaa acacttccag 132600
acagcagtta aatcctgctc ccaaggtgga gtccgtggtg gcgcggcgac actgtactat 132660
ccaatctggc acttggaagt tgaaaacctc ctcgtactta agaacaacaa aggtgtagat 132720
gaaaaccgta ttcgtcattt agattatggt gttcagatta ataacctaat gattgaacgc 132780
ttgattaaga atgattacat cactctgttt agtcccgatg tatgtcttgg cgcgctgtac 132840
acagaatact tccgtgatgc acaagcgttc cgtactttat acgaagagct ggaaaagaac 132900
ccagatataa gaaagaaacg tattaaagcc cgtgaactgt ttgagttgtt ccttactgag 132960
cgtgctggta ctgctcgaat ttacccgtac atggtagata acgttggtga atatggtcct 133020
tttattcgtg atgtggctac ggttaagcaa tcaaacctct gcctcgaaat tgcgttacca 133080
acttcggatg ttggccaaga agatggcgaa atcgcgctgt gtacactcgc agcattcgtg 133140
ctcgacaact tcaactggca agaccaagaa gaagttaacg aaatcgcaga agtaatggta 133200
agagctttgg ataacctttt ggattaccaa gattatccag tagacaaagc gttaaaagca 133260
aaagaccgca gagcattagg tgttggcatt actaactatg cagcttggtt agcaagtaac 133320

663

663/758

Фиг. 20TTT

sequence.txt

```
tttgcttcat acgcagatgc taatgatatt actcacgaaa tgatggaacg tattcaatat   133380
gcactcatca aagcctcagt taaacttgct agcgaaaaag gtccgtgcgc gctttacaaa   133440
gaaacacgat atggacgtgg cgaactgcct attgactggt acaataaacg aattgaccaa   133500
ctcgcagctc caaactatgt ctgtgactgg gaactcctgc gagaagacct caagcgatac   133560
ggtatccgaa attcaacgtt atctgcgctt atgccatgcg aatcgtctag tcaggtatca   133620
aactctacca acggtattga accaccacgt ggaccagtgt cagttaaaga atcaaaagaa   133680
ggaagcttca accaagtcgt tccaaatgtt gaacacaatg cttcccttta tgattatgcc   133740
tggcagctcg cgaaacaggg taataagcct tatctgaacc aggttctgat tatgcagaaa   133800
tttgtagacc aaagcatctc tgctaatact tattacgacc cggcgaattt ccctaaaggt   133860
aaagttgaaa tgtcggtaat gatggacgac ttgctttatt tctggtactt tggcggtaag   133920
actctttact atcataacac ccgtgatggt tccggtaacg atgatatgat tcaagactct   133980
gctgactgcg cggcctgtaa attataatga attatcaaaa cgtatataat agtttaatct   134040
cccgggctag agcccgggaa tctttattag gatataaaga gactcatcat ataattccta   134100
gatgcatagg aggttctgat gataaagaaa acttagttga attaacaggt agagaacatt   134160
ttatagcgca ctggctttta tgtaaaatat atgaagcgcc gggattaaag aaagcctttg   134220
gtttaatgtg tttgaccggt aaaaatcgct catataaagt ttcctctcaa ttgtatgaat   134280
taggcaaacg gcgtttatct gaagctgcta caggacgtaa agcttctata gaaaccagag   134340
aaaagataag caaatctctt aaaggaaggg aatttaccga agagcattta gccaacatga   134400
gaaagcctaa aactgaagaa accaaaaaga atatagctgc tgctaaagtg ggcgtgctta   134460
atcctatgta tggtaaaatt tctccaacaa gagatgttcc ccatactaaa gaaacccgtg   134520
atgtgatttc tttgagaact aagcaaggta cagagtatcc accttgtcca cattgcggca   134580
agaaagttaa taaaggtaat gctcttcgtt ggcattatga taaatgtaaa tttaaggacc   134640
ctaaatgagt acagttttta ataaagaacc cgtagacatt atgaacgaac cgatgttctt   134700
aggctctggt ctaggaatcg ctcgttatga tgtccaacgg cacaaagtat ttgaagaact   134760
tattgagaag tctttatcat ttttctggcg tcctgaagaa gttaacgtta tgatggaccg   134820
tggtcagttt gaaaaactcc cagaacacca gcgtaatatc ttcactgata acttgaagta   134880
ccaatctctt cttgattcaa ttcaaggacg agctccagca gcagttttat ctgcacttat   134940
ttctgaccca agcctagata cttggaacca gacttggacg ttcagtgaaa ctattcacag   135000
ccgttcgtac acgcatatca tgcgtaacct ttatgtagac ccagctaaaa tctttgatga   135060
aatcgttctt gacgaagcaa tcatgaaacg cgctgagtca attggtgttt actatgatga   135120
tgttatagcg aagactcgcg catgggaaaa tgccaaaaat cgctgcttta atcaagataa   135180
```

664

664/758

Фиг. 20UUU

sequence.txt

```
tatcgaaatt aaagaagcta aacgtgattt aatgaaatct ctttatcttt gcttacatgt   135240
tattaacgca ttagaagcta ttcgtttcta tgttagtttt gcatgtacct tcaacttcca   135300
taaaaatatg gaaatcatgg aaggtaatgc taaaatcatg aagttcattg ctcgcgatga   135360
acaacttcat ctgaagggca cacagtacat tctgcgtcaa cttcaaactg gaactgatgg   135420
cgaagaatgg gttgagattg ctaaagagtg tgaacaagaa gcaattgaaa tcttcatgga   135480
agttaaccgc caagaaaaag attgggctat tcatcttttc cgcaatggtg gtcttccggg   135540
tctgaatgtt aaaattcttc atgacttcat tgactatctg actgtatctc gtatgcgtag   135600
ttgtggtctt ccttgtccga ttactgatgc accaactcgt catcctattc cttggattcg   135660
cgaatatctt aactctgatg cagtccaatc tgctcctcag gaagttgaga taagttctta   135720
tctggtagct cagattgaca atgatgtcac tgatgatgtt ctaattggat ttaaaaggta   135780
cttataagga aaggggcttc ggcccctctt tattatgaat gatattgcta acgagttttc   135840
ttttataaaa tatgttcaac ttgagttaga accagatttc agtattaaac ctgttttggt   135900
agcaaacaag ttgaatgtag tttatgccat cgcagttgat gatgaactag tttacattgg   135960
taagactaaa aatcttcgta aacgtataaa ttattataga actgctatta atcggaaaga   136020
ccaaacctct gattcggcta aatctgccaa gatttttgaa gcactaatgg ctggcaaaaa   136080
agtagagttc tatgctcgtc agtgttttaa tcttttgatt aataatgaac ttggcgagat   136140
gtcaatatcc actatggact tggaagaacc gatgtttatt aaaaagttca atcctccatg   136200
gaacacacaa cataaggtaa agaaatgtta gagctatata aaaatttaat gaatctatgt   136260
gaaagctcag aagttgcaaa attcttttat aaagatttta ccggtcctat ggatggtaag   136320
ttcagagtgt tttcatacca ctatgcaagc tacagtgagt ggttaaaacc tgatgctctt   136380
gagtgccgcg gtatcatgtt tgagatggat ggcgataccc caattcgaat tgcttcgcgt   136440
ccgatggaaa aattcttcaa tttgaatgaa aacccactaa cgatgggaat tgatattagt   136500
gatgtagaat acattatgga taaggctgat ggttctctag tatcatctta tgtcgatgat   136560
gggtatctat accttaagtc aaaaacatct ctctacagtg accaggcaag acaagcttca   136620
gctttgctta acagtgaaga atattcttcg cttcatcagg ttattcttga gctagcgcta   136680
gatggttata cggtaaacat ggaatttgtt tcacctaata atcgcgttgt tttagcatat   136740
caggagccac agctgtttgt gttaaacgtc cgtaataaca caactggcga gtatattaaa   136800
tatgatgatt tgtacgctaa tgctaagatt cgtccttatt taattaatgc ttacggaatt   136860
tctgatccca caacttgggt tgaaggtgtt cgtgaacttg aaggcgtaga agggtacatt   136920
gcagttctaa acactgggca gagatttaag gttaaaaccg aatggtattc tgctcttcat   136980
cacactaaag actcaataac gtcaaatgaa agactgtttg cgtctgtcgt atctgcaaat   137040
tccgacgatt tgcgttctct ttttgctgga gatgaataca caattaagaa aatttctgcg   137100
```

665

665/758

Фиг. 20VW

sequence.txt

```
tttgagcaag cttatctaga ttacctcgga aagtcacttg agctgtgtca gtcattctat   137160
gatgaataca gaggtcgtgc tcgtaaagat tatgctattg ctgctcagaa agcaacggtt   137220
aatcagcgcc atctttttgg tgttatcatg aacatgtacg aaggaactgt agatgtagat   137280
aaactgctta aagacctcga aagggtgttc ttgaagtact gggcaggata tgttccaaaa   137340
gagtacgaaa aggaaattga aatttccgaa gaataattgt ttacatcctc atcagggtgt   137400
gataccatag acttacacca actgatgagg ataatgaaat ggatatgcaa gcaattactt   137460
tagatatggt tgttaacaaa tacggtactc attctgacgg gatttttgtg tggaatggta   137520
ccaagaaagt gggattcgtc actgatctac gtacccatat ggctcgcaag gaagctgctc   137580
gtaagaagca aaaagagtac actaatcgtg tgaacgagca gcgtgccgaa gcccttcctg   137640
aagccgtaga tgaaatgatt gatttcctag ataatcatct cgcgaagtat ggtgcagagg   137700
tgttcaagaa catcacccag ccaaacgttc atgctaacgg gtgcaaatgc tatgtaatcg   137760
ttgacccgat ttatggtaag catcgtcttg gtattatgca tcgtgagctg aattattctg   137820
agatggcaga atatgtagaa gcgtgcttca agtgttctcc ttcggaaagt tctgatcgtc   137880
acatcctcat ttcgggatta tcccgtgatg atatcgtaga ggttatcctt aaactatgct   137940
caaaataaac acaacttggt tgttgattgg agtgttagca ttatccgcag gaggattgaa   138000
atatctttcg tggcgggtag aaaatcttaa agctgacctc aaagtcgtcc aagatgaatc   138060
tgatcgacaa gcaaaagaaa tagaaaatat tggtgtttct ataaaaaatc tgcagacaac   138120
atataaaggc tatcaggaaa accgagcagc tcgtgatact tctaacgcta agatgaataa   138180
agattctaag cgtggaaacg tagttgcagc caaacctgga ttagttgaaa aacagattaa   138240
tgcaagcttc aataagtttg cagaagatat ccaggaggct accagatgaa acgaagtcta   138300
ttagccatgt gtattatcag cttattagct ggatgctctt ctagtgcccc agatgttccg   138360
gttttacatc ctgagtggcc agatccaatt caaaaatggg aaggacattg ggaagtaaaa   138420
gtaattgacg gtaaagcctg ggttggtatg ccgtttgaag agtcgcaaga atatcgtatc   138480
tggatgaatg acattttacg atatactaaa gatgctaatg gaatgatatg ttattatcgt   138540
tctgaactta aagaacctcg ttgcgttaag taaactaaac aagaggaaaa tattatggaa   138600
ccgtcacatt tttattctta ctttgtaaaa gacgcatcgc atcttttatc gattaaaaat   138660
acacagctca gaaatatgct agctgttggg tcgtgccagt taactcctct tgctaagaaa   138720
gctactgtta taccggaaaa tatttctaat ggatatgttt atacagtccg tgttagtgtg   138780
cctggcgctt taaaagaaag attgtttgag cttaatgacc aaacacgaat ttcgtttgat   138840
gtgtggttta aactattcat ggtagaattc atgtatcctg atttcttgaa gtttgttcag   138900
cgtaaagagg cattgaagga agcaatttct gaattggaag atgcctcaat tgaatttggt   138960
```

666

666/758

Фиг. 20WWW

sequence.txt

aaggcactcc aatttgtaga aagtggcggt gtagagcaag atgctgttaa cgggtttttg 139020
aagaaatatg gaaagcgccg ctcattggcg catcgtaatc tttctaaaat ggtgatgtag 139080
tgaatcaaga acagtatgaa acacttaaag gattaattgc tgaaaatgaa ttggcgtgca 139140
tcgtgtttgg acgcgcagct gaaaattatg acaaaaatga tatactgtca atgaataagc 139200
cattgcgagc aattaaagaa aaatatcgtg ctaattgggg tgaaaagtct aaggctcttc 139260
atgattttat tgacactctt aaggacgtat aatgaaaaaa ttggttttga cacagggggc 139320
tccaggctct ggtaaaacaa cctgggctaa cgaatacgta gcagctaatc caggttggta 139380
tgttttgtct cgtgatgatt tgcgtgaagg catctttggc cttgataagc gtaatgatta 139440
caaatattct aagcttcgtg agaagtccgt atctgtatgc cagttttcta tggcgaagac 139500
tctactcgag atggaaacca ctaaaggtgt catcattgct gatactaacc ttaatccaac 139560
gactatcaag aagtggcaag agttggcata tgaaattgat ggtgtcaagt gggaaattaa 139620
acgctttgac gttccttgga ctgaactagt taagcgtaac ctctatcgtg gcgcgaatgc 139680
agttcctatt gaagtgctcc gtagcttcta ctctaagatg catccgtatg atttgtacat 139740
tccagatgaa tcattgccaa aagcagttat ctttgacctt gatggcacgt tagcagataa 139800
caatcatcgt tctccttatg acttggccaa atgtggtaaa gaccatccaa aggaaatggt 139860
aattgaattt cttaaaatgc ttcgtaacaa aggatataaa attcttactg tttctggtag 139920
agagtctgga actaaagaag accctacagt ttatcaacgt attacgaaga aatggctgtt 139980
ggaccatgtt ggcgaaacag gcgaacactt ccaacgtaag caaggcgatt cacgcaaaga 140040
cgatgtggta aaagaagaaa tcttctggga ccgaattgct gatcgttata atgtaaaact 140100
tgcagtagat gacagggcgc aggtagttga aatgtggcgt cgtatcggtg ttgaatgctg 140160
gcaagtagcc cacggtgatt tttagaggaa agtataatgt ttccaaagta ttctgaagta 140220
gtaaaagtat catttacgca agttgttgct aatcatttaa cagatgagtt tactccggct 140280
gaagtagcca aaatgcatgc agagttttta tctgccatga atgcacttat tccaaatggc 140340
gaagttgtta aattttcaat tgaccgtcta ggcggttcgt ctgaaattaa aatttcttgt 140400
ggcgaaggtg aacacgactg gtttatcgtt ggaattattg ctaattttga aacccaacag 140460
gttgagactt atgttgtctg acgctaaatt ttcacatgat gaatttattt cgaaggttaa 140520
aatcttcgca caggaagtag caaaccgggt tcctggaagt aaagtgactc tccgacgaga 140580
gtcatccttt aactatgttg atgcttatat cattacagtt aataatggaa agagcaatca 140640
acatactcaa ttggctttaa ctggaacagg ccaagttgaa atgactaaca ttttaggaca 140700
tatctaatga ctttacgtga agcggtagaa gctcttttaa ttgaacatgc tcgtggcatt 140760
aaagcagaaa tcagcccaaa tggtattcgg ctgatcagtg ctgttattgg ttctgaccaa 140820
ggtgtttggt caattccacg cgaagaatat gatgctattt tgtacagtaa cgttaatgtc 140880

667

667/758

Фиг. 20XXX

sequence.txt

aaggaaggac aacctatgta tggttatgtc ttctctgact cgcttgaacg aggaaaccat 140940
ccgtttccag atggcacagg cattcgtact tctcgagtag agagttttgc ttctcctacc 141000
gacgagttaa aattggttaa aacaaataac acaacttatc tggtgattta aatgaaagcg 141060
tcgacggtac tacaaattgc gtatctcgta tctcaagagt caaaatgctg ctcgtggaaa 141120
gtcggcgcag taattgaaaa gaacggacga attatttcta ctggctataa cggttcacct 141180
tctggtggtg tgaactgttg tgaccatgca gcagaacaag gttggattgg tgaaattcct 141240
tacaaatcta cgggattgcg tcaagacgga ttccaagtca aaaaagtcgg attgctcaaa 141300
gaacatcgag cagcccactc tgcatggtct aaagtcaatg aaatccatgc tgagcttaat 141360
gctattcttt ttgctgcccg gaacggcagt agtattgatg gagcaacaat gtatgtcaca 141420
ctgtctccat gtccagattg tgcaaaagcc atcgctcagt ctggtattaa aaaattagta 141480
tactgtgaaa catacgacaa gaacgaacct ggctgggacg atattcttcg ttctgctgga 141540
atcgaggtgt tcaatgttcc aaaacgtaat ttggataagt tgaattggta taacattaaa 141600
gaattctgtg gaattgaata atgaaactta gaattgttga aattaataaa cttaacctaa 141660
gtggtgatgt tgttatatca tactcagtag aacgccggta ttggtttaaa tggaaaccat 141720
tagcaacatt taaatttgaa gatcaagcag ttcgattatt aaaagaatta tccaagcgca 141780
aatctgtaat tatcaaaact attaaagaga catcaaaatg aaactgacta ctgaacaaaa 141840
catccatatt cgtgaaactc tgaaggctgt gctgagcatg ggcgaatccc agattgtgtt 141900
tgaaaaagct gatggcacta ttcgtactct gcgctgtact cgtgataaag acattattcc 141960
atctgatttg gtagaaagca ctactaaatc tgctcgagca gaaagcacta cttcacttcc 142020
agtatatgat accgagaaag aaggttggcg ctcatttgcc tttgataaac tgatctcggt 142080
aaatggtatg aaagttgagc atctgctgca gatgatcggt aagtaatttg ctttaaactg 142140
accatgttaa tataactaca tggtcaaaca ataaaggtaa cacatggaac ttccaattaa 142200
agctctaggc gagtatgtaa ttctcgtatc tgaacctgca cagcaaggtg atgaaattgt 142260
ttctccttct ggtattattc ttggtaaaga agaacaagga caactgccgg atatgtgtga 142320
aatctattct atcggtgatg atgtaccgaa aggatttgtc gaggtcggtg atttgactcc 142380
gttgcctgtt ggtaatatca gaaacgtacc tcatccgtta gtagcagcag gtgtgaagaa 142440
acccaaagaa attcggcaga agtttgtgac ttgtcattat aagtcccttg catgcgtata 142500
taaataataa tatgaattgg gcgtcggaca attagttacc cgagcaattc tacgtggtgg 142 560
atgcccgagc taaacctcgg ttaccgtcca ccaaatttta acctcatttg aggaacgatt 142620
caatgaacaa acaacttact aaagctctgg aactccaacg taatgcatgg aattccggtc 142680
acgaaaacta cggtgcttca atcgatatct atgcagaagc actggaagtt ctgaaagggt 142740

668

668/758

Фиг. 20YYY

sequence.txt

ttaaacacct gaacccagca caagctgaat ttcgtgatac tttagaagcg atggacgaac 142800
tgaagtatgc taagcatctt ggttctgctg ctcgcaaagc tgttcgccac tttgtggtaa 142860
cgctgaagta atttgtacgc ccaccatgtg tacgcatggg taacgtatga tgtggacgtt 142920
gttggttatc cccacgtaaa acatccgaaa ccaacggtga tttgctacca aagtgcagct 142980
agaaataaac ggcaagtgca tgctaccccg aggcgatggc caatcgggag tacgcctcaa 143040
ggcctataca tccatcggtg tatatcttat ccccgataaa tcggacccgg aacctttaag 143100
ctaacggtgt gcaacagata agagtttaaa cgtacccctt gagggctttc gggagctaca 143160
accgaaagaa ctgtcgaaag aagttgaacc tcggaagaac gtgctcccat gtatttctcc 143220
aaaatggaag atgataaaat ggctaaacaa gctaaagcaa aaactgcagt aaaagaagtt 143280
gttggtacct ctaaacgcgc tggctacaag cgtgggtcga acaagcgtat caatcagacg 143340
gttgagaaaa tcatgcgtcg agctcgtgcg gttcttcgcg atgatgcttc tcgttttggt 143400
aagccgaaag cataagttca gggactcctt cgggagtccc ttttttattt tccacagaat 143460
gaaaaaagtt gtttacttct aggctcaaca aggttactat agacctgtac cacccaaacg 143520
gacaacggag aataaaatga acttcactaa cttcaaccgc aaatacgtac agaacaatgc 143580
ctgggacgtc tctactactt tgctgtggga acacaacaac ggcacagtgg ctcaaatcga 143640
tatgtactgg gaagataact acgtattttt cagctttgaa aatggtccta ctctggatat 143700
tcagttcaac ggttctgaaa tcaaagttgg attccatgat gaagttcgta aacgtgattt 143760
atcttcacat ccgtcttgga acacaaatcg tcagctgctt gttaaaattt atctgcgcca 143820
catcctcggt cgtaaaacaa ccgaagaaca acgtgaagca atctgggata tcgtttcaaa 143880
cgaaataaag ttttaactaa ctcggggctt cggccccact attgaggaaa tgataatgga 143940
aaaaggtaaa ttctataagc ttaaaaagac tccaagcttg tctccaggcg ctcttatcaa 144000
gggtgttttt gagcaaatcg gtaataatcc aattaaaatt accagaacct ttaaatatgc 144060
ggaaaacact ggattagttg aatttgaaat cattaagccc gatggggaat acaaacgcgt 144120
tagtatagat gaagttcgct tttctcgcat gtggtgtatt attactaatc aagagtttca 144180
gcattatttt gaagaaacca cccacaaaga acctgaaccg aagaccgatg acggaagcaa 144240
tgattggggt gtttggacct caaataaagg aaatgatacc tacaaaggtg gattaacaaa 144300
ggaagaagct gttaatcttg caaaagtaca acgcctgaat gcaactaaag acacaaaagt 144360
tgtaatcatg caacctttg ctgtccctgt ggttcacgtt aatattcgcc cgttttaaga 144420
ggaaattgaa atgattgtat cagctttcta tgattcacga aagaaaaaag ttgaaaccat 144480
tatcagcgat acccgcgatg gtacacctgc taataaaaat ggtgtgaaag catacattga 144540
taagtattgc cctcctgaat ttcgtatgat tgacggtgta gattctctga gcattaacat 144600
tataaatgct aaaattgaat ttattaatga aactgtgcca attgggtatt ctgacggtga 144660

669

669/758

Фиг. 20ZZZ

sequence.txt

```
tggctcaaat gctaaaatgc cgaaagaaaa attcataact aaattttgag gaaatcaaca   144720
tgattgtatc cgtgcctaaa tctaaagatg gtatttttc ttgcggcttg aaaaaccacc   144780
caatggttga tatcatgtca gctaacgtta aacaacacac cgttgagtat gaaattgatg   144840
ctccggattt ctttgaattg cctgaatggg cagtgaggct tgatgcatga aatatcatat   144900
cttcaataca gtaagattag caaatggaat tcctggagtt gtatgtgata cggctccagc   144960
cattaaagcc tactcggttg aaccttggta tgaagttaat tgggttgatg gcaatcgttc   145020
aatccatgca gaatccgagc tttatccaat tactcaatta agggctgcta acgacgatgt   145080
ctattaatcc tcacttcggt catatggttg cccgacgtat caccagggaa atgctaaaga   145140
ctgctgagta ttataatata gaattaattg atatagaacc ctcggacgct ccagggttaa   145200
tctggttcaa tttcaccggt gccgcaaata gcgtcgccaa atttaaacaa gcattgagga   145260
atttccccga atgtcaaaac cagtaatcgc aaccgatgtt gatggaatca tcgttaagtg   145320
gcaaagtggt ctgccttact ttgcccaaaa atataacctt ccggtagagc atatccttga   145380
tatgatgact actgaaaaat tcattaaacc cgctgagctg tttgattgtg aagaagacct   145440
ggctgttaag cttcttctga aatataacaa cagtgatttt attcgttatc tggcgccgta   145500
tgcggatgct ttagctacag ttaataagct caaagaaaaa tacgattttg tcgctatcac   145560
ggctcttggt aattcagtag atgctaacct taatcgtcgt ttcaatctga atgctttgtt   145620
ccctgatgca tttacagaaa tcatggtctg cgattatgat gaatctaaag atgctttact   145680
ggaaaaggct aaagtaaaat acggcgatcg catcgtctgc tatgtagatg atttgcctaa   145740
acatattgct gcggccagca aagtatttga agacactgaa acccgtgtgt tctatatgcc   145800
tcgtggtgag cgagagggtt cagtgactgc tcctggaatt atggttgaag attggcatca   145860
aattgtaact tgcctggaat ctttggaatc tgttaagaaa ccgcagaagt ctctttctag   145920
attgtgggaa gaagctatca aagaccaaat tcgtaaagag caacatcctt ttaattggcc   145980
tccacggcaa gttccaggag attggtggaa acaacctatc attccgttta gtcctagtcc   146040
gcatgttcct cctggaaacg actggtggaa taacggtcgt attacatgtg ataaccacca   146100
aattaattgc taacacactg ggtatggtat aatagccata ccctaggagg aaatatgttt   146160
gtagttcata ctaaggtagg taaacgttgg ttatcatgtg attatggcca tgttaatcag   146220
ttttatcgtt ggaatccaat ttggcgtgaa gcaaaggcgt gcccgatttg gaatgaatgc   146280
atcaataacg ggtttgttta tatcgatgga ttaacttatc atcgtagcgt aagcgaactt   146340
tcaaaagaat taggtgaata atgatttttg atatcatcaa agcgattgaa gatgctaagg   146400
gttctaaagc caaaacccaa attctcattg acaataaaga taacgttgat ttaaaacgag   146460
cttatctgct ggcgtattcc gggcgattta agttctttat taagaaagtt ccagaatata   146520
```

670

670/758

Фиг. 20AAAA

sequence.txt

ctcccgttaa atatccaaat gttccttcaa agacgttttc tgatggtcta gattacctcc 146580
aagacattct ggcagcacga gtacttactg gtaatatggc aatccagggg ctagtagatt 146640
tgctctctaa gatgaacgag ggtgatgcta gtgtactggt ccgtgtactt cttaaggata 146700
tgcgttgcgg cgcttcaggt tctattgcta acaaggtatg gaagaagtta attcctgaga 146760
tgccacagat gttagcatca gcttattctg agaaagcgct atcgtatatt aagttccctg 146820
catttgctca gcttaaagcc gatggagccc ggtgcttcgc tgaaatccgc ggagatgatt 146880
tagatgatgt aactcttctt actcgttccg gtaatgaata cctgggtcta gataaactta 146940
agcgtcaact tatcgagatg accaaagaag cccgagaacg ccatcctaat ggtgtgatga 147000
ttgatggcga gttggtatat catgtcgaag tgaaagaaga agaaaacgac ctgtttgata 147060
tgtttaaaga gcctgagctt cctgaactaa gtaaagctaa ggaattccaa cagacggctc 147120
gtacagaatc aaacggcttg gctaataagg ccattaaagg aacaatctct gccgaagaag 147180
cagaaggcat gagattccaa gtttgggatt atgttccgct tgatgtagta tattccgaag 147240
gtaaagttcc tggatttgct tatgatgtac gcttccgtgc actggaaatg atgagcaaag 147300
gctatgacaa gattattcta attgaaaatc atgtcgtaca caacatccat gaagctcgtg 147360
ctatctataa gacatatgta gaccaaggtc tcgaaggtat tatccttaag aatatcggtg 147420
cttattggga agataagcgt tctaagaacc tcgttaaatt taaagaggtt atcactgtag 147480
atttgaaatg tgtcggttcg tacgagcata gaaaacaacc tggtaaaatg ggcggcttga 147540
tgttcgtatc agaatgtggt cgtattcgtg ttaacgctgg gtcaggtctt aaagataagc 147600
ccgaagaact gcacgagctt gaccgtactc atctatggaa aattagagat tctcttccag 147660
gaactatctg ggaacttgaa tgtaatggtt gggtaactgc tgaaggtcgt gatgatggta 147720
cggtaggatt gttcttgcct atcattaaac agcgcagata tgataaagaa gtggctaata 147780
cattcgaagc cgcatttggc gtgaacttta cagaggcaac aggaataaaa tgaaagtatt 147840
atacgaagta attgctaaaa ctgatgatgg gcgaggaggt atttccgtcc ataccgaagt 147900
tcttgatttt gataatatcg atgtattcaa aaacttcaaa gaaaacattg aagagtatga 147960
gtctgtaaat ggattacagg tttggcgtac tgccacaata attaattaaa ggccttcggg 148020
ccttttttcg tataaataga ataaacaaac gaggatatgt catggaactt ttaaatgaag 148080
ttttcgatga agagaatagc aaaatctatc ctgtcgagaa cgttaaacca aaactaaagg 148140
tgcctcaggt atttctgatt aaggtgccgg gtaataacaa tctaatgatt cgcttagtac 148200
atgggtcagg tcaaggtgat gcagttaaga atatcaaaat gggtgataaa ttcattcagg 148260
tatatgtttt ctctgtgtca gaaaaaggta atattggagc cctcaagggt gggttaggac 148320
aagacccgat tggtgctatc aatacaatct ttgaaactgt caacaaagta gttaaacaaa 148380
ttaaagccga tgcagtaatg ttccgcttta atccaaagaa aatgcaagga caagataaag 148440

671

671/758

Фиг. 20BBBB

sequence.txt

```
ctattcaacg cattcttgct cggttgatta ctactcgcac cggtggtcgg ttcaatctaa   148500
tgaaagatat ggcttactat aaaggtaagt atgcttattc cattatggtt cacaaaggta   148560
agaagcttga agagattgaa ggaattcctg aaatttcaga tgagttatac acaaaggttg   148620
aatccaaagt aggtgaaatt tatgtgtcta aagaaaccgg cgaaagcgtt accaaagccg   148680
aagcattggc taattctatt ggcgaaaaag aagacaagaa atctgaactc gctgtaatga   148740
gtaaaatgaa agtgtctcga aaagatttaa tccgagcaca gtacggcaaa tttgtttcat   148800
atgttgatga agattggcca gaaaataaac gcgaacgttg gtacgaatta actactaaca   148860
ctccagtact aaacgcagaa ggcgatacgg tagacctcca aaaagatatc aaagccggat   148920
tagaaaaatc aattcctttt tatgttgatg atatcaagca ctatcgtgtt cgtggcggat   148980
atggaagtaa ttttggcgat gcagttgaga gattatttgt aggccaaatg tcgagaatgc   149040
atgacgactg gaaggttttc attccttcgg gttcagacaa aatgaaaatc gctgaacaac   149100
gaatttcaga cgttgctgac gttattgctc aagctaaaaa tcctgcatct atggaaacaa   149160
tgcgtaaaat cgttgaagta gctactcgtg gatttgatat gcctccagct gacgatttcg   149220
gagctttgcg tcaataccaa aatcttgtca attatatgat atccgcttat gtgtcaattg   149280
ttggcgattc tatatccaaa gcaattgaat ataaccgtga aatgcaatct cgtttaagcg   149340
aagaagaaag agatgcaata catcattact gtggttctgg ttattcattt gttaataact   149400
atcttattgg tatggaaagc ttaggcgatc cgattattga caagaaaatt cgtccgctcg   149460
attctgcctt tgaaaaaggt ttgcgtcttg aaccaggcac tcttttgtat cgtggtcagc   149520
gaggaaaata tgaagacttt aaagataaca ttgagtctaa aatgttttat ttccagaact   149580
atgtttctac ttcgttaagt ccaattatct ttggtgctta ttcaaatgct ggtgattcat   149640
taatgccaga cgcacctagt tctgatttag aaaacaaaga aacaactgct aatgcggtat   149700
cttctgttat tggaacagac aacttggaaa gagttgatag aggcgaggaa gttgcctatg   149760
gcgatgagtt taagtttgga ttcgttattc atggggctga taaagttaag gtagttatcc   149820
caggtgtctt gtcaagcttt agcgatgagg ctgaagttat tcttcctcgc gggttggcaa   149880
tgaaagtcaa caaagtatgg ggaactcctt ttagaaatgg agttggtgta gcgaataaca   149940
agacattcat ggtagaaatg acggtagttc cgccagagca aatcgatgaa tccgttcatc   150000
tctatgatgg tgacatcttg atggaacaag gaaaagtgga acctcttgaa gaaagcaagt   150060
tcaaaggctt tttaaatgag atttacttttt cgccagaccg ttctacagat aaggttagct   150120
acacacgtac catggagcta ctggctggtg ctatcaacct ggatggtatc ccagaaaaac   150180
ttgcataaag ttgtttactt atcacaagga cgtgatacta tagacttaca caaaccaatg   150240
aggaaattga tatgaaacac gtattccgct ttaacggtat tgaatggtct gctgatgtta   150300
```

672

672/758

Фиг. 20CCCC

sequence.txt

aagatgcaga gaagttcaat gaagaagttc ttatcatgct tgaagggttt aacgaaggta 150360
ctccgacggt tcttattcaa gatatcttcc gtaagccaac tgaaccatcg tttgttgaag 150420
cggttctaaa cggtaaagca gaaggtatta ttccggtcaa agtagtttgg actactaaag 150480
aaatgaaact tcttcgtact gagccagggt ttattggctg cattgcataa aacaaagggg 150540
ccataaggcc cctaaattat tctgcttgtt gaagtagtga tattagaaat tccaccacct 150600
gccccgccta aacgagacaa tcttgaagca gacgtactca agccctgatt tggattaatc 150660
gtctcaattt tctgaatagt tttatcttct aaccaatcca ttgcggcttg ttttccgact 150720
gaacctgttt gcatgctgcg ataagcaaac gtgacatcaa acacagctat tgtgttttct 150780
ccatcgtaag taaattcggg agctccacat gctacaggca tagcccctga gaacaggcat 150840
acagtatgtg gtaatccatt tctagcatga aggttaactt ggatatcaca ttctacgtct 150900
tgtggcaatc ctcgcagacc agtcaccggg tcttcaactg catttaccca atcttgcatt 150960
gctctatagt tgcttgcttc tgggtccatc ctaaatgaaa gaaccaacgg ctccatatct 151020
cttccagtga tttttatgtt aggagcgtta tggaacttat ccatttcata tgacagtcta 151080
ttctctggta ttttagcaga atacaccatc aagcctgctg tcggaaatgc catgttaaag 151140
aaatcaagca gataagtacc tactgtgaat tcacctaaca acgactgtac aacacgctgt 151200
gtcattgcgc caatcataaa tgtattcaca cctgatttgc gaacaacctg tcgagttcct 151260
tgtgtcacta tggttgttat accctgattg aattcacctg gtgtcaatcc aagccaattt 151320
ccatctaaac ccatattatt atacagctct ccgccaaagt cgtttagaag agcctgggtt 151380
ttactagagg gtacagtagc gaatacaaca gagaacatat tagttctctg gaaatcgatg 151440
tcagcagctt gactcttaaa ttcttcgaga gtaaacatta ttcaatacct ccgatataaa 151500
cgttccctct attaagagta agtatttcac gcatagtaat ttcaagcgta aacgtgcttg 151560
gaaggttagg agcgattgct aacccattaa aatgaccgtt cggtgtttta tcaaagcgga 151620
tgctctgaat ttggcacgga ccaaatatat cctctctacc atccattgat gtagaatatc 151680
caaaattacg aacagtccaa atcgttgggt tagaaactac aataacattg cttaaaaacg 151740
atgttatttg ctcaaacaca gtgttttcta ctttagctcc atccggtgct gccgatttaa 151800
gtgttccttt ataccattca tcaatagcag ctttaacttc ttttgcatat gatgaattcc 151860
ccgtcacacc gtaagaatag tagttaaaaa tttcatagat gcgaataatt tgtataaggt 151920
catctgcaga cctaggagtt aaatcccaag taaacacttt cgttctatta tcaggtccgg 151980
catacatact acgggcagtg ttataaattt gctcaccgtt atcggccatt aatccctgcg 152040
ttaaagattc tatcgaccca aacaccgcag tagaagccac gttgcttaat acaccagtag 152100
cagtaccgct gccgcgagta acaagagaat cgccaacatc attaaattta tggctaaccg 152160
aatcaacgtc tgacttagac cgtggtaata gaatattagc taccggcgca gtacttgtag 152220

673

673/758

Фиг. 20DDDD

sequence.txt

```
tagaacttga tgaattagcc agtgctgaca ttggtgaatc gaatacagac gataacatta   152280
catctcgtct aaatgaacgc aaatcaggag tagttcttcc tttaaaatca tatgctgtga   152340
ataataatcc gttacgatac aagtcatgta ctctcatatc ttgtgcggaa tcgtttccgg   152400
ctgagcgttc ggccggaaac tgcgccacct tagtggtagg cgcattcgtc agtttagatt   152460
taccttggga aattcgagtt cctgattttt tgatgttttc aaggccatcg gccagttctt   152520
caaaaatcat tgtttttcct taagaggttt tcatagcgcc ttgcattcca ggagcagctg   152580
ttgaagtctg tggaggcgtt ctataaacgt atgtgctatt cttatttaca gcggtattaa   152640
cctgaatagg ttgcgactgt gtattagatt cacgtgtacg agctgcttca cgactatctg   152700
cggcggcttt aatagaagca gactgcttaa cctcaggctg ttctgttgca ggtatagctt   152760
cggcagttgg agcaggttct gatattttag aatcaagaag cttttgcaat tggtctaatt   152820
caacctttaa atcttttgca acttctggag ataatttctc caattcttta tatctggtgg   152880
ttgtgctttg tactgcatcc ttagcagagt ctaatcgagt ggaatcagat gcatcagttt   152940
tttcaacata tgcttttgta cgcttgagtt ctgcctcagc attattacga gctgtgatga   153000
ttttgaggcg ttcgtcttct ggcaagtctg catacgctga ctgctttttc tctccgctca   153060
gcaatttatt atattcatcg tcatcaatct gaccggtgaa tttttggaat ttagcagaaa   153120
gctttctttt ccattcaggt tgttcgtcat attctctttc ttgacggtca acatattttg   153180
ctctcatttt agcatcttct tcatctagtt ctgccccagt aacagtttga aatctgtcta   153240
aagcagcgcc ttcaatgtta tctgccgaat cgttaaatcc taatgcgcgt aacattccag   153300
cgagaagctt actcattccg agcataatag tttctccgag cttgtcaatt acatcaacca   153360
agccagaacc aatggcttta gctaatccgc cccaatcccc tttgacgaat gattttacta   153420
tttcattcga catctcgctt attgctgtta atagcggacc ccattctttg gcttgcttgt   153480
taaattcaac aaagttcttt tcgaacagtt tagtccaata attaaaatga actttaatta   153540
aatctataag cattatcacg cccaaaacca tggcggcagt tttcgccatt tgagccaaag   153600
cgctaacagt atagctaaat agcatgctgc taattttatc tgttaatgaa atagtttttc   153660
caaaaccaga tttaacactt ttaattaatt ctccaaattt taggccaaga aacttttttat  153720
tcttatcctc agtttctttg ttaggttctt ttctttcctc ttgctcttct gtgttaggaa   153780
agaaatccgc gtcaggacgt ctatcatcct gtggaggaat aagcctttcg agtaattcct   153840
ctagcggctg ctgaaccgga gcatcaggta cttgttccgt tattgtttct aacgatgttc   153900
cagtaccagt cttttggaca tcttgctgaa catcatgctt tttagataac aagtcggcaa   153960
gtttcgtgag cttatcatta attaacgatg ctgtatcatt tagtttagag acagcatctg   154020
ttgtgcgttc tgaagcttca gcagttaatt caacaccagc tgaaacatct tctactgatt   154080
```

674

674/758

Фиг. 20EEEE

sequence.txt

```
tgataatttc atttgattta gtttctatta catccgaaat caaatcagta gacgcttgtt   154140
ggtcgtctaa gcgacgacca atatcttcta gcgtattaat ctgagcatca gcttgagact   154200
cagccttttt ctgtggagcc gagtcagcaa taactcttct acgcattgaa ttcatttctg   154260
atttcttagt cattcaaata tttccattac gttaagcatg cctttgattg gtccttcagg   154320
tccatcaatg gctatagtgt ttactaagtc atcagcccac tttgttacaa aagctggaag   154380
cttcataaag tttatatcca ttggttttcc atctactgat tcaagaaatt cgcttaaaat   154440
tgaatctact gaacctagtt tggaataacg aggaggagct ctgaatttga attctttacc   154500
atctaaccgc tgagttaatc gttggcaaat gtaaacttta ttcaaatcgt aggtaaaatc   154560
atctttaaca accgtttctt ttattcggtt gttaaatgct aataaatgta gtacaacgat   154620
atcggattcg gctgccgtta atcctgggca aattgaatct aaaagaagat tcatgttttc   154680
gtctggtccc ttaacatctt tcatcagatt atggtgcttt aatccaagtt ttggaattga   154740
tatcgtcttt tcgtttatta ctattttctt aataggaaga atcacgttta agttcatttt   154800
tcaccttaat caaatctaca ggttcaaggg cagagccatt tgtgaacata tataagttag   154860
ttatagatgt gttatttgat atttcatgga taacttcatc tacataaaag tcagttctga   154920
actggtcctt taaatcaaca aaattgattt tcattccagg agttagttca aaattaccgt   154980
aacatttagt ttgagcatac ccgtcatatt gagccatcgt agaaatgcgt agtgcttctt   155040
catagccatt tctaaaaatc atgtcagaat atccgcctga cctattaatg aatacgctgt   155100
tttggccttc tccattaata attcgggtaa catctttgtc cacaaacgag tgtgcataaa   155160
atgttgcgtt tttcatggga tttctattat atctgtttga tttaacaagc cattcaaaat   155220
cccatgccaa tggatatttt aatcctgctg caaactgacc tattgtttga ggagctccaa   155280
acatgaatac atttgggttc tgggatatca ttgattcata atccatcatg ttaatcccag   155340
tgatatcttc ccatgcaaaa ataaattggt cgttatcagt agaaatgcct acgtttctaa   155400
cgtatcgcaa gtaatctttg agagtactag tccatggaac tcgtgggacg taggcgttaa   155460
ttccgttgat aggaggagca atcaatggtt ggtcaacata catcgcgcct atcatttctt   155520
ttatagtttc atatgcagaa ctaaaaaacg ctctactgaa cttgagattc attatgtcat   155580
gcagcgttcc aagctgaagg gtgataatgc tatcaccttt atcatcaaca ccgactgtaa   155640
agtgtttaat tccgtaaatt cgagtttgcg ttcttgatgt gttactgttt gcaacagata   155700
tttgaactag ttcatcaccg ttcatacgcg tgtgcatatt tttcgaatca taaaactgaa   155760
gtagaccctc attagtcccg cgtaatgaat ctctcattgt taatgtaata aatgtagctg   155820
ctaattcaac gaatctatta gctagccacg catcatatcc agaatataat tttatgctta   155880
tattaggata tcctaatctt tgtgctgtca tgatttaagg tccttttcaa taagcgataa   155940
ggttatgcca cgttctatag gcagcatttt cattatagaa ttcaaatcgt atttaccctg   156000
```

675

675/758

Фиг. 20FFFF

sequence.txt

agaaaccaat ctatggttaa tctgataaaa tgtgaaaatc tcgtcaggat gtagcaatag 156060
cttaaaaata tcgacaatgt tatcatattt taatattgtc gtggtatcac agcatgatgt 156120
ttttaattca aaattaaagg gcttcatctg tgataaaatc ttttccaagg tttcaacatc 156180
tatagcatcg ataacggtca atttattgct atcgctcaat tcattccatg cgtattcccc 156240
agatgaatcc ttcacagata taatgttatc taaaatcatt ttacctgtat cgtcaattat 156300
ttctatgggt tttttgaact tgagcgttaa tccagcaacc tctacttttg gatttaccaa 156360
tggaggttgg ttaagattaa aaagatactg cttatatttt ccgcattttg ggcacttcat 156420
tctgacaggt attttggttt taccaatact tgaaagaaat accttaagaa atatataagg 156480
acgatactcg gcaggatggt catgaaaata atcatccatt aattctgcta taagttgttt 156540
ttgttcttct tcagacttgg tgttcatgtc gtttctaacc aataaaaggt ctctataatc 156600
ttctactgta aatggcttaa aacgttggac accatctggt aattcgcatc taactatatt 156660
ggccataagg taatcctctt tatactattt ataaataatt gaataagagg agtggatatg 156720
aacatcacat acaaatttga aacaagaata aatggcaaga atatccagtg ccgagctttt 156780
acactagaag aatacgctaa tttaattgca gcgaagaaaa acggcacaat cgatgaatgc 156840
attaaagcat tgctcagaga atgcactaat gccactgaat taaacaaaca ggaatcggaa 156900
ttacttatag ttatactctg ggcccatagt attggcgagg ttaatcacga ggtgacctgg 156960
aattgcacct gcgggcgtaa aattcctgtg ccattaaatt atacacacgc gcaaatcgat 157020
cctccagaag acctctggta tgacttaaag ggatttaaaa taaagttcaa gtatccgagt 157080
ctttttgacg attcagacat tccaatgatg atatcaaaat gcatagatta tatcgtggtt 157140
ggaaatgagc agatttactt taatgattta aacgatgcag aaatcgatga tttatattct 157200
gctattacaa ccgaagatgt agttaacatc aaaaatatgc tattgaagcc gcaggttcaa 157260
ttagcagttc ccattacttg tgaatgcgga atttctcaca ttcatgtaat taaggggctt 157320
aaagaattct ttaagattat gtcatgagca atatcgataa attatattct gaccttgacc 157380
cagagatgcg acttgcttgg gatactgatg tgtcaaaaac ggtaggagca cgatcggtta 157440
aaaatagcct tcttggaata ataaccacca gaaaggggtc tcggccattt gacccagcgt 157500
ttggctgtga tatcacaaac gaattatttg aaaacatgac tccattaact ggtgatacga 157560
taaagcgtaa tatagtctct gccgtgcgta attatgagcc taggattaat cgtctatcgg 157620
ttgatgtgct tccgttatat gacgataatg ctataattgt tacggtgcag ttttctatag 157680
tagacgaccc tgatacgcta gagcgtatac gcatacagat gcgtagtaat gctaactcta 157740
gcagtagagt ataatgggac tagtccttcc aaagaaacag tagagtggag atagaatgag 157800
attagaagaa ttacaggatg aattggataa tgatttgatt atcgaccaga ctaaactaca 157860

676

676/758

Фиг. 20GGGG

sequence.txt

gtatgaagcg gctaataacc ctgttctgta tggtaaatgg gtgcgtaagc actcgacttg 157920
tcgaaaagaa atgttaagat tagatgccct caaaaagcaa aatcttaaag cacgattgga 157980
ttattacact ggccgtggag aggttggtgg tgaagtatgc atggatgtat atgaaaaatc 158040
agaaatgaaa actgttttaa gcgctgataa agaaatcttg ggtgtagata ctaaattgca 158100
atattgggga attcttttgg agttctgtag cgatgcaatg gatgctatca agtcacgagg 158160
ttttagcatt aagcacatta ttgaccttcg tcagtttgaa gctggcgcgt aataaataaa 158220
cttgtaaact aaggagacaa tcatgtcgaa tacggtatgt gtcgtctgta aaggaccaat 158280
cgatgaagca ttggttgtcc aaacagacaa aggcccggtt catcccggag cttgctataa 158340
ttatgcgatt gaattgcctg tcactgaaga cacagaagag caattacaag aaacgcagct 158400
tttaatttag tctagtgttg atgtagccaa ttggctttgc cccttccttt cggttggggc 158460
ttttttatat cagaagtctt cgtcttcgtc atcttcagaa tcagcttcaa gagcctgtct 158520
acgccccgcc aaagcatccc gcacaatgat gtcatcagaa tcagcaagag tagtttcttt 158580
agagcgctta tcgtaatact tctcgagttc tttcagacca tctaaggttt ggcaagcatt 158640
aattttactc atgaagttat cgatagtagc ctcacgaatt gtggcttcgt aaatatcttc 158700
aaatttaatc atagatttac cgttttcatt acgtagttaa atttttcatc agcatatcgt 158760
tgaatacgct ctaatgcatg ttttaagcaa tagtttaaat gtgtgtattt ctttttagca 158820
ttggctgact tcggctttac gcccaggtca tcaatgatat cccacactgt agccaaagat 158880
ttatctttat gcttacgaag aacacgacca atagtttgga gtacgataat cttcgattta 158940
actggatggg ctaaaattac atgatgcagg tttttaacag aaatacctgt agaaaataca 159000
ccgtagcttg cgacgataat aattcccttt ccgttttctg ccatagcctt taaagcatta 159060
cgtgtttcgg tattaacttc gcctgacaca taatatacat gctcatgacc cgcagcttta 159120
atcatctcga acagctcttt accatgagct acatgtttaa acatcacaaa ggcattttcg 159180
tcacgcgctg caagtttagt agcaagatta gcaatccaac gatttctttt cttaacattg 159240
gtgatgaatt taatttcttc ttgatacgtt ttgcctttta aagcgtttgc ggctgcatct 159300
gggtatctta agaagattgt attaatttta agctcagtta cttgtccatc ttccattaac 159360
ttagaagttg atactggacg gaagatttca ccaaacatac caacatattg catgatatta 159420
gctttgccgt ctttaagaga accagacagt ccgtacttaa acatgcaatt tgtaagacct 159480
gcaatgattg ttgaaattga ctttcctgtt gcaagatgac attcatcatt catcatcatg 159540
ccgaattgag aaaaccattc tttaggctgc ttaacagcgg tctgccaggt agatacataa 159600
actaatgcat tcgaatcacg agcagtacca cctcgaatac ccagcatagc attgcgagga 159660
aataaacgat aatcacaaaa atcatcaatc atctggtcaa ctaacgctgt ggtaggaacg 159720
atgataagaa ccttgccttc gtaattttct acataatatc gagcaagtaa tgcctggata 159780

677

677/758

Фиг. 20HHHH

sequence.txt

agagacttac cagcagatgt tggaagatta agaattctac gccgattaac tagaccttca 159840
tatacagcat ctttctgata ccagtgaggt tcaatcttag ttaatcctga ataaatttct 159900
ttagttgata accaattatc aaaatcctcc cgcgaaagag tttcttgctc gaatatagct 159960
ggatcgaaat aaaccttata tccgaattgg tcagcgaatt ttctgatttg gccaacaaga 160020
ccaaacggta agagacgatt ataatctagc agacgaattc gtccatccca atgtccatag 160080
cgatatttcg ggttgaatct gtatccatcg gcttcgaagc taaaatagtc tctgagttca 160140
tagaaaatcg agtcatcaca ctcaatatga acatgactaa aatctttaaa tttgacttgg 160200
atgtcgtgca ctgtactatc ctcagttata aatacaatca tatttataca ttacatgagg 160260
cacacccaat gctagataaa gactatatta aagaaattca ggcactcgat aaaaaagaag 160320
ctaaagataa gctcgacgag tatgcccaaa ctttcggtat taaactgaaa aagacccgtt 160380
catttgacaa tatggttgct gacttagaaa aagaactggc taaattggcc aatgagccta 160440
tgccagaaga taatgatggg ctgtcaattg ctgatttaat tcaagcagat gatgaaattg 160500
agggtaaagc agtatttaaa gatgaagcgt ctgatgaggc aaaactactg tttgacgctc 160560
cagttaatgt tggtattaaa attcatgata ttgacccagg tttttataaa gaaaccccta 160620
aggtaaatga cccagggttt gaagtaaaaa caccttctat caatgataaa ggattttatg 160680
ctgaagctcc tattggagac agcgttattc atatagatga tgaaggacaa gttaccaata 160740
ttccggttag tatcacggac cctgaagaat tctccaaagc aatggacaaa gtagttaaaa 160800
ttattaaaac agacgaaatc attgagcttc ctgaaaactt tagtccaaat atgcaattgc 160860
taggtaagaa cccaggatat attactcttc catggtggat ttaccaatgg attaaagata 160920
acccagattg gaaatctcgg ccaacgtcgt ttgaacaccc atcagcacac cagacactgt 160980
ttagtttaat ctattacatc aaaagaaacg ggtctgttat gattcgtgaa acacgtaatt 161040
cttcatttgt aactttaaaa taaggaacac ctatggctta tagcgtatct attgctcctt 161100
tggctgcttc ggcagtcatt ggagcaacaa ccaattttac tgcaacaact tctggagccg 161160
cagctgaagg cacagaaacg tttgtatgga cagtaaatgg cgtaaaacaa tcttctgtca 161220
ctgcagctat gaattatgtc actgcaggac ctgccggtag taagactgtt aaagtagttg 161280
ctactgttac cccagcagag ggtgaggtag aaaccgctga agcagaaact actttgacag 161340
ttaagaacaa aactatgcct gcgattactt taactttgag cccgacttct gtttctaaag 161400
aaattggaca atcacaagta gtcacggctg atgttactgg cgcaccgtca ggagcaagca 161460
ttgcttatgt ttggaaacgt ggctcttctg ttatttccgg tcaaactggt aaaacaatta 161520
ccttaactga atcaacggaa accagctaca cactgaattg tgaagtgacg gtttctgctc 161580
cagactataa taatggaact gcaactaaag gtattgctgt tgcttttact aaaaagacca 161640

678

678/758

Фиг. 20IIII

sequence.txt

```
tgagtggtgt ttcagttact ttgagcccaa cttctgtttc taaagaaatt ggccagtctc   161700
aggtagttac ggctaacgtt gttggtgctc cagaaggggc aagtattgct tatgtctgga   161760
agcgtggtac tgtcgttatt gaaggtcaga ctgctaaaac gattaccata actgagtcag   161820
cagaggctaa ttatactctg aattgtgaag caacagtttc tgcaccagat tacaatccag   161880
tgactgtaag caaaggtgct agcgtaacca tcactaaaaa gacaatgagt ggtgtttcag   161940
ttactttgac tcctgaatct attacagtcg agcaggggtc tgatgcatct tttaaagccg   162000
acgttatcgg ttctccagaa ggtgcatccg gaacttattc atggaccaaa gacggttccc   162060
ctgttgaagg ttcaactagt actttagtga ttgacacgtc tgatataggg tctcaagtga   162120
ttggggtttc tgttgaggtt tccgcagaag attataactc agtcacagta actacaactg   162180
gtaatgtaac tattaccaaa agggtagctc ctactcctaa cggagagctt ccgtatattc   162240
atcctctgcc gttccgtgaa acagcttata tctggtgcgg ttggtgggta atggatgaaa   162300
tccagcgaat gactgttgag ggcaaagatt ggaaactcga cgaccctgac agcgattatt   162360
acctacaccg atatactctg gctaaaatgc tagacgatta tccagaagtc gatgtacaag   162420
aatctagaaa tggatacatt gttcatcgta ctgcgctgga agcaggtatt atctatcctt   162480
aatattcggg agccttcggg ctccctttt gctattcata gactggttta atatgtcttc   162540
atcacataga tgaggttatt atgaaagcaa tacaagctca cttgatgcat gaaagtggta   162600
aagatttcca agaaattgcg agagcattag atatcactcc agcggaagct gctaaattgt   162660
gggtctcagt tgagaaagca cacgaacggt ttaagcaaaa agaaaaagtc gtatatcgga   162720
aacgcttaac aaacgttggt ataaaatctc gtcataagaa acttgttaaa cacatgagga   162780
ctttatgatg tctaaagtag acccaattgt agtagaacga tttgaagaaa tgctttctaa   162840
gaaatttacg ccagctgcta atggggtaaa tgtctggttg tttgcatcta aatttgttag   162900
taaaatgatg gctgttcaga gttcttacta ctataaaagt ggtgcacgta aaataacgga   162960
tttgattaat gaacggtatg gaaaaattga ttggatgctg atggataaag atattccatt   163020
agtacttgag gttggaagca aaagtcaatt tgaaatcatg ctaactaaaa gcggatatat   163080
catgtatcgc ttcgtgccga gcggttatta attgctttaa aaatcgatgt ggtataatgg   163140
gctcagggga aatcctctga taccattatc cttatcccaa gatagatgga ctcctggttt   163200
tatattattt attgagagaa aaattatgaa ccttgcagat agaatggcta atacagctat   163260
taatgttgct acagaagaat tgagtgcagc aaaagaagaa gtattaaccc agattgagaa   163320
aaccgcttta gcgggtaagc gtgagctaat tatgtatcct agcagtttag ttaagaaaca   163380
tatcacaaac gttcttaatt atttgcatga tgaaggattt gttacaaatt ataccagtgc   163440
ccagcgtaat ggtgatactg actttatgaa aatcacattc taaggaaatt ataatgtttg   163500
caaaatattc tagtctcgag aaccattaca acaataagtt catcgagaag attcgtggtg   163560
```

679

679/758

Фиг. 20JJJJ

sequence.txt

ctggttttga tatgcatact gttgagtggg tggctcgtga gaaaattcat ggcactaact 163620
tcagtgtgat tattacccct accgaaattg ttccggctaa gcgtactggt cctattttag 163680
aaggtgaaag cttctttggt catgagatta tcatgaagaa gtacaaggat tctttcgtta 163740
agatgcagaa catgctgaac accatggatt tagtatctgt tcaaatcttc ggtgaatttg 163800
ctggcggtgg tattcagaaa ggcgtagatt atggtgataa agatttctac gtgtttgata 163860
tcctgtcgga ttccggtaac gaaaaagttt attgggacga ttatgtagta gaatcgtttg 163920
ctactggtct tggtcttaaa ttagctccac tgcttggtcg tggttcattc gctgagctat 163980
ctcagtatgt aaatgacttt aaatctattg tcaattacta taatgaactt gttgacacga 164040
ctgaccttga acatgcaaat aaacatgtgt tcggtccaca ggcttcttct gaaaccggtg 164100
tagctgaagg ctatgttctt aaaccggtta atcctaaatt ctttaataac ggtacccgtg 164160
tagctattaa gtgtaagaat tctaagttca gcgagaaagc taaatctgat aagcctatta 164220
aagctaaggt tgaactcact gatactgata agcgtgttct ggaaatcttt tccgagtatg 164280
taacctggaa ccgtgtaagt aacgttctgt ctcatattgg tactgtaact gccaaagatt 164340
ttggtcgagt tatgggactg actatgaaag atatcattaa cgaagcagct cgtgaaggtc 164400
atgacatgct attcgctgat aatccttctg ctgttaagaa agaactgact actttaattc 164460
aaaacactat tcgtagcaaa tggcatgagg ttttagaata atgaggctgg cgctgattgg 164520
ttcaagagaa gcgccacgca gagttctgag tctaatgact ataatcggtc aacgcctctc 164580
ggaagagggg cattttcat attcaggtgg agctccgggt tcagatgaag cgtggttggc 164640
gaaatacgat aggtcaaatt cttgtaggat tattccttat tctggctttt gtggccatgt 164700
tcctgataca ggtgttgttg tatggtctga attatcaaac gaagccaaaa tcaaaagcat 164760
cattaaggcg agagaagtta cgtcgtactg ggatgaatgc tcgaagatag tacagacact 164820
atttgcacgg aattctatgc aggtattggg cctagaatgc actgagcctg tagataaggt 164880
attatattgg gcgcctgaaa aaagatgtgg gagtgtatct ggagggacga gagtagctgt 164940
tgatatagcc cgtagacatg gaatagaatg cgtcaacctc tatgataaga atgtgtttaa 165000
atccctcgag gaggaatact ccccgaggtt tgacatattt agtttataac aaaaagggga 165060
gccgaagctc cccataaatt agtccgcaat aagcttaggt aacttaacac cgagcagtac 165120
agacatctta cttcttcctg ccatcttatc catatccgca gcattaatca cacgagcttc 165180
gtcctcgtcc aatcctacag tatatgggtt aactgacaat gcatatcgta ccagtaaagc 165240
aacagaaggc tgcaagctag ctgggtcaac aataacttta aatgcaccaa catgctcagg 165300
gtcgtctaaa tccaagcctt cggtatatgg cgcataaaat aaagaaccta cagtttcctt 165360
cccaccaaat tctgccttaa caccaacaat aacgtaatca accggactgt tagtatcaca 165420

680

680/758

Фиг. 20KKKK

sequence.txt

```
ataaagaggt aaaccgttat tcagcatacc gtatgcgttt tccggaatac ttccatcatt   165480
cttctgtgtt aaccaaccgg aagctgcaag caccgcagca caacgagtag atgctactgc   165540
ataagtacca gaataagaag tattacgttg aactgctgaa ttcatttcac aaatgaaacg   165600
atacagagta cgaccttgtt ccggagcaga atcttgttta gttaaatcta atacacccct   165660
atcggataca ccagctactt taaaccgaga agaaaccgta atcaatgatt gcaagatgtc   165720
tttattaatg tcttctgcca tttcagtagc aagtaaatca tcaataagtt ctggagcatc   165780
gaacccatta gcttctaaat cttgagctaa ttctaccgtt aaatctgttt taagcttacg   165840
tgatttaacc tgggtctgcc atttatcaat tttaaaactg gcttcggtga ttgggtctga   165900
atcgggtcct tcaaattttt cagtgactgc agcatctgac aacatacgaa tattattagc   165960
tgctactgct tcagacacaa ttccaaattc atcggtttct gctgtatcgg taaacgggct   166020
atctttaagt actttaaaga ccacattctg atatttgaac atatcgtctt tattgaatga   166080
gtctttattt gccatagtga gttcttcaat tgactcacgt tctggcgccc cgatttgacc   166140
tgcataagtt gcacccgtat taaacgtcag gtcaccatta gggttaagat atttgatacc   166200
atatagcgct gctacaggct gtttagtacg ctgtgtagca acaagatcgg tatagattaa   166260
tttagtagtt gcgcgcgtta atgcaacgag attagggcga ccaattaagt tgctactcgt   166320
tgtagttgac tcgcgcagaa gttcgttgat tttagccatt gcgctttcct ctgtggattt   166380
ataagtttat ttatatccat taaaacaact aaagggagcc cgaaggctcc cttattggta   166440
ttagatacct ttaacccata cacgacggaa gtaagcattc ttaccaacag agttgacgat   166500
agaaggcata ccagaggtaa tacgaccttt cggctgttga gcagcagaat cggcgaacgg   166560
gttaataccg ataccgtaac gggttttgaa ccccatgacc ggttggaagt tcttcggatc   166620
ggaaccacgc agcggggtca gtgcaacata cggagcatag tagataccag catccattt    166679
```

681

681/758

Фиг. 21A

sequence.txt

<210> 1074
<211> 144994
<212> ДНК
<213> Неизвестен

<220>
<223> Описание неизвестного организма: бактериофаг F125/10

<400> 1074

ctttgttcaa attcctatat ttagtttaat accaatacta aggtataaat tagaagaaca 60

aggtatagga ttaatagaaa cagaagaatc ctacacaagt aaaacgtctt ttattgataa 120

tgaaaaacca atcaaacata atgtttataa aggtaaaaga gtaaaaagag gtctctttaa 180

aacagaagag ggtagaatat taaatgctga tgtaaatggt gcatttcaaa taatgaaaaa 240

agtattccct gatgtagaaa taccaaggga taatgggttt gtgtataacc cattcttaat 300

aaattgttaa aaaaacaaca aaataagaaa aaatttctca aaaagtagca ttatgtgaag 360

agaagtgtta cattattatc gagaattcaa taataaagca tagggaaggc tttttctatg 420

tcttatagaa tgctttaaaa tagattacta aaataaagat tggagattaa gcttatggct 480

aaaaagaatg ttaatgatgt attacaacaa gaatctgtta cagtagcaga taagtattta 540

caagttaaag ttaaccgtga cggttatact cgtacacatg aaggacaata tgcgtacaaa 600

gtagtttcag agggagaaga actattctta taccctgtac aaacagatgg taaaggtaca 660

ttaaatgtaa tgaagaaatc acctattgct tacactgatg gggacaatat ccatttcgta 720

gtaaacacag tagtagaccc ttataatcac tcatttatcc gtactgaaga tatcaaagga 780

ttagataaag gtaaacaact tattcaagct ttcttagctt tcgttgaaga ccgtttcaaa 840

tttggtgttt ataacgtatt tgttgcaaac agcaaagagg atgtattatc tattgtagac 900

cctacagata atgatgcaga tgaagttaaa gatagtttag agcacgcaca tgaagatgta 960

attgcggatt tccctgctag ccctgctcgt aaggacgtta aaggcgtaga ttcaggagaa 1020

ggtcaaggag acacttcaga accatcagca cctaagaacg ttcaagttac tcctaaggaa 1080

682

682/758

Фиг. 21B

sequence.txt

```
gacggagcag acgtatcagc agaataatat atagataagg atggtaaatt tggctaagtt 1140
aaatttatac aaaggtaatg agttactaaa cagcgtagag aaaacagaag gaaaatcaac 1200
aatcacgatt gagaatttag atgctaatac ggattatcct aaaggtactt ttaaagtatc 1260
attctcaaat gattcaggag agtcagagaa ggtcgatgtc cctcagttta agacaaaagc 1320
aattaaagtt atttcagtta cccttgacgt tgatagttta gaccttacag ttggagatac 1380
tcaccaacta tcaacaacta tcacgcctag tgaagcatct aacaaaaatg tgtcatttga 1440
atcagacaaa tcaggtgttg ctagcgtaac atcagaaggc ttaattgaag cagttagtgc 1500
aggaacagct aatgttactg taactactga agatggtagt cacactgata ttgttgctgt 1560
aacagttaag gaacctattc ctgaagcacc tgcagacgta acagttgaac ctggtgaaaa 1620
tagcgcagat attactgcat aggaggacaa taaagaatgg aaaagacatt aaaagtttat 1680
agtaatggtg aagttgtagg ctctcaagta gctaataacg atggagctac tacagtatct 1740
attacgggct tagaagccgg aaaaacttat gctaagggag cttttaaagt agcatttgct 1800
aatgattcag gtgaatcaga aaaagtagat gttcctgaat ttacaactaa aactcctact 1860
gaagaacctt caggagaagc atagtaatta agaccaacta aaaagttggt ctttttttat 1920
tgacaattta taatatctat gatacactat ataagaatta agaaaaggag ggaaagtaat 1980
ggatattcca acaatattat ttagaaatcc atatgattat acgaaagtaa aaaaactaat 2040
ggaaaacaaa gagcagtaca ttgtagtaaa gtttgattct gtttctgttc ataatttaaa 2100
tgttcaaggt atgatgaatg tcatccaaga ttacctacac atctatggtt atagggttaa 2160
agagtacggg caagaaaatg cttctaaaga tgatgaaaga gacgttaaag gttacttata 2220
tgaaagagta ggtgagtagg atatgggaat tatagtaaac tccaaccata ttcaatcaga 2280
cactttatat gagtatgata gctttttga tattgagaaa gtagatacat ttgaagaagg 2340
attgctttca atacaagatg aaccaactgt tttagcagga ttcatctatg atgacatcac 2400
atttaataag gttattaatt ctaattcaga tattgatgat tatattaaga ataatgatat 2460
ttattatgtc tctgatatag ggttactccc tgatactttt atcactgttg attctgataa 2520
aaaatattat tcattattac aacaggtagt tgagttaagt aaagaccctt ttcctaaatg 2580
ggtagaggat gatgcaaaag gcttaactaa gtattataac tttcaagact ttgaagatgt 2640
atttgattta aatagttttt acaaaaaaga agttgacatg gtaagagaaa agtgctataa 2700
taatggtaat gtatatttat tatatgaggt tctgcctgat tataaattac ctctagctta 2760
tagtttactt tcaaacaaag agcatggtat tgttattatc ggttcacaga cacgttctaa 2820
taatgatata ctgacttttt atgttaaagg tatggatgct aaagcaatag ctagtatgtt 2880
caatgtagaa catgattatg attctaatat tttccataca tttgtaaaca gtcacattaa 2940
tattttagga aatcaaataa ctaagtttat aagagagaaa ggaagcagtt atgagtaact 3000
```

683

683/758

Фиг. 21C

sequence.txt

ataaaacaat agaagaagta caagcagtta ttattggggt attatttaaa gatgaaggta 3060
aaattgtaac atctaagttt aataaaatta ctaaagagtt tggtttagat agaatcggta 3120
aagatgacct taaagaaatt gtagaggata ttagacaaga cgcttatcta aatgaactta 3180
aaaacaaagc aattaaaggt aaagtaacgt taggtgattt aaaagatgtt gcagataacc 3240
aagtattcga aggtaataac taccatgaag aagtatctac ttacgtagta gctaaagaaa 3300
aagaattgtc tcacttaaga gaacagcgta agcacaatag gcatactgca taccctcaaa 3360
ttatgtttga tgaacttaaa gaacatatgg ttaaagaatt acaaggggaa acattagtag 3420
aacatcatgg aagtaaagct aatattaatg atacagagct aattgtgtta ttatcagatt 3480
tccatattgg aagtattgta tctgatatga ctaatggtaa atatgatttt gaagttctta 3540
aagcaagatt aaatcatttt attaatacaa cagttaaaga aattgaagat agagaaattt 3600
ctaatgtaac tgtttacttt gttggggact tagtagaaca tattaatatg agagatgtta 3660
accaagcatt tgaaacagag tttactttag cagaacaaat ttctaaaggt actcgattac 3720
ttattgatat tctgaatgta ctatctaatg tagtttcagg agaattaaga tttggtatta 3780
ttggtggtaa ccacgaccgt atgcaaggta acaagaatca gaagatttat aatgataata 3840
ttgcttatgt agtgttagat tctt.tattat tattccaaga acaaggatta ctaaatggtg 3900
tagatattat tgataaccgt gaagatattt atactattag agataccttt ggcggtaaat 3960
ctattatcat taatcacgga gatgggttaa aaggtaaagg taatcatatc aataaattta 4020
tcctagatag tcatatcgac ttattaatta caggtcatgt acatcatttc tcagtaaaac 4080
aagaagattt taatagaatg catatcgtag cttcatctcc aatgggatat aataactatg 4140
ctaaagagtt acatttatca aaaactaaac cttcacagca gttattattt gtaaataagg 4200
aaaataaaga tattgatatt aaaacagtat ttttagatta aggatggtta ataaatggat 4260
acaatttttа ttataggtgt agcgtttata acttttgcaa catttaacat agtctttaga 4320
ctatttgatt tatggactac cgagaaaaaa atggtaagtc aaggacaacc cccgctaagt 4380
aattttgagt actatcatgt gatagtacct tacttagtag gtgttattgt tattacacta 4440
agtattattt ttagagattc cttgtattcc gcacaatcag ggttcggtat tattattaca 4500
agctttattt acatgctagt ttatgttata attggtcttg tagggtcatt tatacttaca 4560
atattccaag ctagaaaagc tagacagtat caaacacagg aggataataa tgaagttcaa 4620
tgatatttat gagcaattaa ttaaaaatga tacagtacaa aacattcatg agtctcaaga 4680
tgacaaagga aatatttata caatccaatt tgataaaggt aatgataagt atttatttaa 4740
tgttattaat gatggattct tgaaagaaat gacaaacggt atggtagacc atcctgaagg 4800
tcagccatac tcagtaagtt taatcaataa agaaacacct agtatgtcag tgaaacaata 4860

684

684/758

Фиг. 21D

sequence.txt

tttaacagat	gtagaagata	ttgtacctac	tattagaaaa	atggaaaagg	atttcttata	4920
gagtcaagtc	tttacttgac	tctttttact	atatatggta	tattaatata	gaggtgactt	4980
aaaaatggat	tttaatttta	gtgcttttga	taatagctca	ttagcaatga	gaattagtga	5040
gggtgtatac	tatttcaatg	atactcctta	ttactttatt	gagcatgtag	aagaagaaat	5100
gtctgagtat	gttattgtgt	atgacataca	tgacagagag	gaaaaagaaa	atcctcagaa	5160
gaaatataga	atagaacctt	accaacgtac	aatacctggg	ggaacacctc	ttagtaactt	5220
aattaagagt	atgatgcctc	aacgtaagta	tcctaagaag	gttacagaag	accctatatt	5280
tgtagctaat	gttattcctt	taggaacaga	tacagtaaca	ggtaaaaccg	gtaaaggatt	5340
ttttgaaaga	gataaggata	gaactatcta	ttctcaaaag	gaaccaacta	aagtcgttca	5400
tggtcaatat	acaggtgttt	ttataggtct	aacaagtgtt	aagtggaata	gaacatatac	5460
ccctctagaa	agtgttgttg	agtactacaa	aagggttaaa	ggggataggt	taaatgtcta	5520
atgatgtagt	taagttttat	gaaaaagata	ttaaagacct	tatcagaact	aaaaaacaca	5580
tgttcaaaga	cgatgaaata	actagtgata	taaacgatat	acgaatcttt	aatgagaaag	5640
tcatttgtca	aggtaagtgc	agaacagatt	gtttagtact	agaccgtaat	ggtacagtaa	5700
tgggtataga	gataaaaaca	gaacgagact	ctacacagag	actaaataac	caattaaagt	5760
attatagtct	agtatgtaag	tatgtatatg	taatgtgtca	tgataaacat	gtacctaaag	5820
tagaacaaat	acttaaaagg	tataaacata	atcatgtagg	tataatgagc	tacattagtt	5880
ttaaaggcaa	acctgttgta	ggtaaatata	aagatgctac	accatcacca	catagaagcc	5940
cttatcatac	aatgaatata	ttatggaaga	caaacttaat	gacaatactt	agattgatta	6000
gagaccctca	tacgtataga	acagggtata	gctataatgc	tagtggtaga	tatagtggcg	6060
gagaaggtaa	tttctcccaa	acaactcaaa	gtaaaagaat	gaaaaaacct	gctattatta	6120
atcaaataat	tcattatgta	ggggtagata	atacttataa	actctttaca	agaggtgtta	6180
tctatggtta	taataatagg	tgggaagtta	tagaagaaga	tttctttaat	actatgaaga	6240
atggggtaag	agtaatcaat	gagcaaagac	aaaccaaata	gacgtaaaga	gatacaacat	6300
cagcctgtta	actttgcccc	tatgaatact	ctaacagggg	ctaataatag	tttctttgct	6360
aaaaagcctt	cagagcctaa	ggatgcaaca	tctgttattg	aatatcgtat	actatttatt	6420
aaaagatttg	ataacgtaac	aagtacagat	gtgaaattac	agaaaaagta	tgcactaaat	6480
cttattagtg	aagcacttga	tgttaaagaa	acttacttgt	ctcttaagca	aaaaggaaaa	6540
aaaacagaat	ctattttgca	tacagataga	gtttattatg	ttcatagagg	taaaaaactt	6600
attggaaagt	gtagtatcag	agaacaaaga	acatttaaag	gtaaacattt	gatatttata	6660
ttcaaaacaa	gacatagagt	taaagcagaa	aggaaagata	aataatgtta	aaaggatttt	6720
cagaacatgt	agacaaacct	acaactacta	agaccttata	caagacctta	acaagtggta	6780

685

685/758

Фиг. 21E

sequence.txt

aagtagaatt actaggtgta tcctacgata gtgattactt cccttcaggt gttacagtac 6840
aatcttacat tgaggatata ggtaatgaag atgagggtct acagtttgtt aataagataa 6900
atgtagtaga atcaatgaaa caggctgtag taggtatgaa taatcagtta ggttcttcag 6960
gtcttggcta tgtgagaact gaacaactta aaaaagagtt agaagagact ggactaatga 7020
cagatttact tgctagaggt actaacttaa cctctactaa gaaagtagat attgtaagta 7080
cttttattga gcctgaggta acataccagg atattactat agctaaagat attaaactac 7140
gtttgtataa attagaagaa gaatcaccat taaatggtta cactcatatt gtatacttac 7200
ttactacaga aaagctatat gatggtcaaa cactattcgg tatgctctct aaaaaagata 7260
agttatctaa aggagatact gataaattat tagcattctt cagaaacaat agcttaataa 7320
gtaaaagtgt attttgtgtt aagttattaa gtaaagacta ctactttaat ttatataaca 7380
cacatgagac agggatattc tttttagaag acacagatgt tattactatt gcttgtggtc 7440
agtcatatgt taaagttaat actaaagata ttaaatctag ttatgttaaa attgaagaca 7500
agactcataa attaactgag ctagtaatta acttaaaagg tgacgacaca ttaactattt 7560
tattctaaga gaatgttata aatatgtgat aattaagtat aaatatacgt tatatgagaa 7620
gttttcataa tgtttttaat acagaaacta gttaagtttt ttctacttgc tctagtttct 7680
gtgaaattat atttatgaaa agttaaaata tcttttaggt aaaggctttg taaatagtta 7740
aaaaatatat taaaatttta tacaaagtag ttaataaaat tatattacat ttatatatta 7800
tgaaataata acagaaattg tgatatatta tatagtgtaa ccttgaaaca gttgatgttg 7860
tagggtttgt ttatgttcgt taaactggtt tcagaacacc agttaccata aataaatgac 7920
agttaaggag agctatataa tggctagaaa aaagaattta cgaaataaaa acagtgatat 7980
aaaagttgtt cctgataaag aaaaagaaag catattatct aagctatatc ataataaatt 8040
actacgctca aaggtagata atgcattaga tgaagatatg agttatgatg atattataga 8100
attatgtaaa gaatatgatt tagaattgtc taagtcagct attacaagat ataaaagtaa 8160
aagaaaagaa gctattgaaa acggttggga tttagaagaa ttaattgata aacgtaaaaa 8220
aacaagtgta aaagatatta aggaaaaaga aactcctata ttagaagagg agcaactttc 8280
tccatttgaa caatcaaaac atcacacaca aacaatttac gatgatattc aagtactaga 8340
tatgattatt tctaaaggtg caaaaggact agaatttgta gaaactttag accctgcgtt 8400
gatgatacgt gcaatggaaa caaaagataa gattaccgga aaccaattaa aaggtatgtc 8460
atttattgga cttagagagt tacaattaaa acaaacagct caagatacag ctatgagtga 8520
agtattatta gaatttatac ctgaagagaa acatgaagag gtattacaac gattagaaga 8580
actacaaaat gaattctaca aaaacctaga tttagatgag gaaagtagaa aattaaaaga 8640

686

686/758

Фиг. 21F

sequence.txt

```
agctcttgat agagtaggct acacaattta gatagtgagg ttagagtaat ggcagatgag     8700
attagtttaa atccaataca agatgctaag ccaattgatg atatagtaga gattatgaca     8760
tatttaaaag acggaagagt actgagagtt aagcaagaca accaagggga tatccttgtt     8820
agaatgagcc cagggaaaca caaatttact gaagtatcta gagacttaga taaagaatca     8880
ttctactata aaagacattg ggttctctat aatgtatctg ttaactctct tataacattt     8940
gatgtttatc tagatgaaga atattcagaa acaactaagg ttaagtatcc taaagatact     9000
attgtagaat atacaagaga agaccaagaa aaagatgttg ctatgattaa agaaatactt     9060
acagataata atggtaatta tttctatgca cttacaggag aaacaatgct ctttgatgaa     9120
aataaattaa ataaagttaa agattagggt tgacagcttc tatagtttat gatatagtat     9180
atgtatacta aaaataaagg agctaacaat tatgtttatt tcattaaatc aagaagagaa     9240
agaattatta actaaagagg aaagtaaata cacaccacta gaaacatcaa gagagtttaa     9300
cacacctaaa gaagaattca ttgtaacaag ttataacgaa ggtaaacctt tagattacat     9360
tgcaaaagaa gctaaggtaa gtatgggatt aatttacaca gttctaaact actataaagt     9420
aggtaagcgt aataagaaat cacctgtaga agaaagaatt gcacatatct taaaagataa     9480
aaacttagtc aaagagatta ttaaggatta ccaatatatg aatttacagg acatttatag     9540
taaatataat cttcataaga atggtttata ttacatctta gatttatacc atgtagaaag     9600
aaaatctgaa cttaaggaca aagcattaga agaggataat attgtcgttg agtaagtaaa     9660
gaggttataa tatgagaaat aaaaaatcat ttcaagagca gttaaatgac atgcgtaata     9720
aagagaaatg ggtatctgaa gaggagttca ctgaagaagt ggctccttct gaagaacctg     9780
aagtagaaga agaaaaacta tatactttaa atgagttaaa agagaactta ctagatgctc     9840
aaggattaaa agatgttgta gctgattttc ctgcatctaa agatttatat gaacctaata     9900
aactatatat ctgtacaata cctaaaggat atcagtctac tgaagtacaa ccaggacaat     9960
atattggtat tagtactgga ttattatcag agtcagaaga cttcagtcat ttaagaggtc    10020
aaatgcctag aaatctttat gaaacttctc atgttttaaa acctttagtc cgtattaata    10080
atacaagtat cgaatatcaa cagcatgagt tacttgaaga tattaaagaa gacaagaatg    10140
tatatgatgt tgaattagaa gacttgagat tagcaacagg agaagaaatt tcttatttag    10200
agattgttga tagtaagttt tttgaaagtc gtattaatga agttcttgat ttttaccatg    10260
aactaacgga ttccgatgat ttgcttgagt attataacaa attacgagag ttagtcggaa    10320
atgatagaat gatttattgt ccgcttttaa ataaatgtgt taaaattata gattaatagt    10380
agtctcctct tatattataa ctgtaagagg agacattttt gtatagaggt gttaattatg    10440
tcaagaaaag caagtatatt ttatatacta gtggttattg ttttggcttt ctctatctca    10500
tcttattata tatcttcttt catgtatcac gacaaagcaa aaaatgaagt ctctactgag    10560
```

687

687/758

Фиг. 21G

sequence.txt

```
ttatcgaaca caggaaagat taaagaagaa aagaacgtag aatttgttgg tgactacaca   10620
ttgaaaaaag tggaagataa taaagcttat tttatggaaa cattacctac ttacctacca   10680
ggtagaacag gagataacag catagatatg aggtactaca aaacaagtag atttaaggaa   10740
ggggtaaatt tcaagcttat tagggtatat actgaagatg gagaagataa tccaattcat   10800
aagtataggt ttgaagcagt accaaccaaa aagtaataag gaggtgactt aaatgacaac   10860
attaattgtc gtcatcttta ttgctatcat ttattactta tggaacagtg attgagtcaa   10920
gttaattctt gactctcttt ttgttttatg gtatattaat atatagaaag gagagattaa   10980
ttatggaaat ggcagattta gaaagatttg atgcatttgt aagactaatt tcagatgatg   11040
agctttcgga ggaaagaata ctggagttaa gcgtagactt actaaacccg atactagaag   11100
gaggtacagc ttacagagct aaaaaacgta ttaaaagtaa atttggtaag ttagaagcaa   11160
aaaactttaa acgaaactat aaattcttac ttaagtcgat agctcaaata gaccaaagga   11220
gataggacaa tgacagaaag ggaaaaatta attaaagaga ttgaagaggc taacagagac   11280
atacagttac agttaaaaga agtagataat tataaggata gtatacgctc taaaggaaca   11340
agaaattata tctctacaaa ggtattagat tctattacgg ttggtttcat agttagtttt   11400
ttaatactca ttataatgcg tgtacttgaa tactttgtaa caggtaatgc tgtttattca   11460
cctttagcgc ctgcagttat cattatgttt gttttagcac tcggtacatg gaaagtaagt   11520
aagatgaaca aaatagtatc ttatagagga actattaaga tgtactggga gctaagtaat   11580
gctgagcaaa aacaagctaa ggtatttaag tatcctaatg atgaagtaga tattgtatca   11640
aaacataact taaggcaaat aacttttagt gagattaata tacttcatct taaatatatg   11700
agatataata aagcagtaga acagcatact aaattatcta aagaactttt taaaaaagat   11760
aaagaaacgg ttgacaagaa taaataagtg tagtatagta ttactaaagg aggagagata   11820
ttatggttat acctagtatt aaagcacaaa acaaattcaa gaatgaatta gagtattata   11880
aacaaggtca cattagtgaa agtaaaatgt tagaattagc ttttgattac atccaagaat   11940
tagaacaaaa taacgaatac gttactaatt tgctagaaga ggagagatat ggtgagtaaa   12000
tttatcggag tgtacttatt taatttacta gtggtagctc tagtttacac agtaggattt   12060
ttattctttt atggtgtagc tagcttagtt attattttaa ctcatgctac tattgacccg   12120
ttcgtattag ctactttctt aggaatagga ttcttagtta ttagaactgc acacagaatt   12180
atggcacgag taatcaatga cgcagtagcc caagccatta aggataaaga aaatgaataa   12240
aggggaattt attatggata aaacattacc aaagtttagt gtatatgaag ttattgtaaa   12300
gactgtaatt atgacaccaa cagaaggaag ttctgaccta gaatcatttt acttttcaac   12360
tagagagtta gcagaaagat ttgttgaaga gaacacagtg gaaacaaaaa acggtaaacg   12420
```

688

688/758

Фиг. 21H

sequence.txt

```
tgtatctttt gctgttaaag aacgtaaagt aaatcaacca ggctaacatt aatttgttag   12480
ctttttttta ttgacaaatc attttatata gtgtatagta atattataca gaaaaggagg   12540
aattattatg aaagtttcag aagaagtaaa acagagttac ctagagaata aagctaatac   12600
taaaatggat aagataagtt ggtctgagtt aaaagctagt cctttaggta ttaccttagg   12660
tgatattata ttttatagtg tagttattat agataacatt atagctatta ttttaacttt   12720
aaccttgata ggtactatta ctgactcaat tgagagtact ttagcccaaa taatcgtagg   12780
ggtgttcata atcattacta tatatggaat cctatcagcg ttaataccta ttctaattca   12840
taaagctgta tcaccgggat ggagttatac tgaatggaat gaatcctatt acatcagatt   12900
acctggggaa gagaactaca aatactatag taaatggtat ttagatttat taggagttaa   12960
agaattttac tataaaagag atagtggaga agaagtaaaa gaaaaaaata tatcatgggc   13020
ttttcaagct gaagtgaaaa gacctgaaga tgttaaccac tggaaaaacc agttgcttac   13080
taatagacct ttaacaattt tagaatataa aaaattaaag aaattagata aggaaagtga   13140
aattaggaaa caagaagatt tagaagaata caaacaatac aatagtaatt aaagaggtgg   13200
aaagcaatga taagctcatt tgatagtata ctacttgtca tatacattat tatagctttt   13260
gcagtagcta tggcaattat ctacttagta tttaaaggta tgactatttt actagataaa   13320
ctaatgatgt tattattaag taaaactaca ttagatgtag aagcttgttc tatgataatg   13380
gcagtcatca gtacaattgt gtttggaatt attgtacttt taatatggct agcagtaaac   13440
aatattttac tataaggagt tttattatgg attttaatga ttttataaac agtgaatcgg   13500
atagagtagg taatcctaaa caaaagaaga aggtagagaa taagctacct tcttctattc   13560
ctattgaaga tagagaaaag aaattaaaag agataagaaa gaaatcatta tatattgatt   13620
taaggagaaa aagaaatgac taaagaaaca aatgtacttt acaaagataa gtatagagat   13680
tatactatag ttgtaagact agcaggtaat attattgtta ctgaggtaga taagaaacat   13740
aaaacagcat ttacacctat tatatttgac aatggtgtag aaggcgtaga gcttgtaatg   13800
cgtataggtt ctgtagagct tagcatgaca gatttacgtg agttcacaaa ggaagtatct   13860
acagctcaga aagctttaga atattttaat aaaaaacttt acattaaagg cttgacagat   13920
gaagcatttt aatatatact aaaagtataa ataaaataaa gaaaagagga atgattatta   13980
tgttattagg aattttatgg tttatatggg gatttgtatc gtactttgta ttgatgtttg   14040
gaattgagtt ttgtaaagat agatggatgc caggtgttat cggagcagga gccttactac   14100
tattcttatt ttggattatg aaatctatcc ataatgctat gacagtagta tacttgtatt   14160
aggaggttgt atagatggat atactaatta ttcattataa agaaacaaat aaacgagttt   14220
taaaagaaac aatacaaaca atacaaaatc atttaaatga tgaacatggt ttggttaaga   14280
tgacagcaac aaaacttagc agagagaata tagagaaaag atttaataac tataatatag   14340
```

689

689/758

Фиг. 21I

sequence.txt

tcattgcaga agatgaccct gataattcgt atcattacag tgaagctgta gaagaagcag 14400
attttattat agacatacca atttcatatt tagatataca tgcaggagta gaatgggatg 14460
ttgataatcc tgtagatatg ctagatagga atccggattt tatagaagct gtaaataaat 14520
taaatgaaga cttaatgtta taaggaggaa atagaatgct aaatgaaaaa ctaaaaaacc 14580
tggaagatac aaaagtatac atgattaata gtattgcaag tttactaagc gcaagtacag 14640
gaaaatcaag taaagtattt tttgatgaag gaactattaa aattgtaagt ggtgaaacaa 14700
aagcagtaga agttattgat aacttagttc acccacactc aggacgttta cctattaaaa 14760
caacagaacg tattgcgcta ggtagattaa cagattcttt acagtttgtt atttcagaaa 14820
tagaagtagt taaagaccaa attatagatg aagaaaatga agcttacatt gattttgtga 14880
tggaagactg ggactgggat taatacctat ggacttatta actattgctt ctgttgcttt 14940
tatagctgta gtcattattg atttgattaa tgatgatatg agctatatgc ttactggtac 15000
tgcaatctta ataaatattt gggcaggatt ttatggatgg tttttcttac tacaagcagg 15060
tatgttactt ttcttactat tagctaggaa agttaaagat gataaggagt caatactata 15120
ctctagtgct tcattaatat gtgcactagg aatgataata aatcttcttt cattttctta 15180
aaaataagta ttgacacctt tgtacttttg tattatactt agtatataac aagtacagga 15240
gatgattaat atgagtaaag aaacaatcag aagacaattt tcaaacgcaa ttgagattat 15300
ggcaacaact aaggaatggt ggaattttcc taaaagtttt aatacaagta aagagtttaa 15360
aattaaaact tttaaaaatg acacacttgt atttgaagtt agggaaggta gtagaaattt 15420
aggaagcttt gtaattttta caaacattga ttttgattac gataaactag aaggaacttc 15480
aacacaatat atgattaatt actttgctaa gaaattaact aaagatatgt ttaactatca 15540
taagttacaa ttatagtagg aggtggaaag atgagagaag agttaaaacc ttttaatagg 15600
aaacaagtta atgttaaggg ttacttagat gatgttaagt attcaaagcg tagaagacat 15660
aaaggtaatc aacatgggtg tgttaaaatc acagttactg atgtaaagat taatggtata 15720
cctattgacc acgttaacat tgaagttggt atctctttct acgaaaaact aaaggagctt 15780
caaggaaaga gaattcaatt tgtaggtact gtttataagt atgttaaaca tgctagaggg 15840
cgcaaaggta gaattaaagg attttataaa gaggattata gcgtaacttt agataagaag 15900
ttacaaaagg aggaaaaata atgattaaaa gaagaaaaca tttagaccac tcattacagc 15960
ctgagaaagg atggagaaca gtacctttta atgggtatta tgaagcgcat cctacgggtt 16020
taattagaaa taaagtaacg aaaaagttaa ttaaaggtac acagacaaga aagaaccatc 16080
ctaagtggac tgctcatgag attgtatact taattaaccc taagaaaaca agttattcta 16140
ggggagtagt tattgcacat acattccctg aaatgattag ccaatcaaga ggagacctta 16200

690

690/758

Фиг. 21J

sequence.txt

agaacggtca tgtgtgtttt aaagatggtg accgaagtaa ttgtcatgta gacaacatgt 16260
ttattggtaa aggtaatgtt aacaaaaata tctataaatt aaatgattct tatttaacta 16320
gaaaagatat tgaagaggat gttaataatt tagttaatga aagattattc tctcaattag 16380
aattattgat taagaaaaat gaaccggaaa gaattacacc tagtaatcac tttattaaaa 16440
gagataataa tgtgttcagt atcacagatt tatctaaaaa ctcactagta gagtttgagt 16500
tagaaatcaa gaatattaag taaggtggtt atataaatga atgagtggta tgctttatgt 16560
tattacgaca aagtaggtaa aaagaaaata cctaggcaaa ttaaagctca cagggatgta 16620
tctgtattag aggatttaaa agatagatta gaagaacaaa atcctaaaga agaatacaag 16680
attaaaacaa caaaagaatt tgataaggag agataattaa tgttaacacc tcaacaaaag 16740
gattcattaa aagagcaaca aaaaaaatta agtaaaaaga agaaataagt cttgacaatt 16800
gagtatacat aggttatact taagttaaca aataaagagg aggtatgacc tatgttattc 16860
gtaattttta tattggcagt actgtttgta cttggattta tgaatggatg gaactcagaa 16920
gactagataa ggagtggttg taatgaagtt agaagataaa gtgttagaga gaattgattc 16980
tcttggaaat aaagcaggta acttaagtaa tcaagcaatg gagtcattag taaagtatca 17040
aattacgtac ggtattatag atattgttgt aagtatttta gttattgcac taacaatatt 17100
tttaggtaag gtttaccttа aagaatataa gaaggttaaa atggatttaa aagaaagctt 17160
attgtatgat gactacgata ttctctcttt acgcaatagt tgcaggtata ccaactgata 17220
ttatgagatt aattaatccg gaagtttatg cagtaaaaga tttaattgag caagttaaag 17280
gaggaaattg atatgaagca gagagatttt gaatttgaag aggattttgt attaacttac 17340
gagtgtgagg attgtaagca ttttgaagac tggggtcatg atgaagagcc tgaagaatgt 17400
agtgaatgtg gaagtagtga cttaatcaat aatacaagtc atgaagatac tgagtgtgat 17460
atgtgtcgag gatatattga tatgtggcaa gatggatata gatatatggg agataataaa 17520
gagtatattg aaaaagagga atcaggttta atttgtgaag attgttatga gaaattagat 17580
atttaataag gaggaaatta atatgaataa agcagtagaa caagcaagta atgcattagg 17640
tcaaggattt tcagctatgg tatggcatca agtattagca gggttagggt ttattttatt 17700
aggattggta ttatctttac tggtttgggt attagtaaaa aaattccatg tacctttaa 17760
tcacccgaca gcttttgtag tgtactcaat tatgttagtt agtattgttg ctagttttat 17820
ttggggcggt ttacatgtaa ttaaccctga gtattatgct attttagaac ttaaaggttt 17880
tataaagtag gaggaattct atgactaaag aagagttaga gcaaaaagta aaagaacttg 17940
aagcagagaa taaagagctt aaaaaacaaa tagaacgttt tgaagacgaa ggaggaaaaa 18000
caaaagatga acagtagaca aaagaaaatt ttaacattaa cagtaagtaa ctttttaatt 18060
ctagccttag atactgtagc actaattaga tataaaaaag gtaaaattaa acaagagaat 18120

691

691/758

Фиг. 21K

sequence.txt

tataacacag ggcaaattac aagaatgata gctacaacag ctaactcatt aggtattctt 18180
tacttagaag agcaagagcg taaagaagtt aaagatatta aagtaggtac ttttgaaatt 18240
ggagccttaa aaagatttac aaataataaa taaaaaaagt ttaagaaacc tattgacatt 18300
aggtttcttt tattatatac taatattata agaaataagg aggttaactt atgaaaggta 18360
ttatcatatt ttacaaggaa gagaccaaag aggatttagg atattttctt gggtttataa 18420
actttaagct agaaggatta tcttacacaa ctgaaggtac tttagtagat aatgatgtag 18480
tagttttaaa ggataaccaa attaatgagg ataatttaga gcagtttagt atgtcaaaca 18540
ataatttagt tattggaata ctaggtcatt catctctttc agtacgcatc tatgaaaaag 18600
gtattagaca agagtttgat agagtagaag aatatttaga ggagttgaga caataatgat 18660
atttatatta atttttggtt tactatttat tttatcttta ctaggtattt ttatttattt 18720
tatagtttta cgaaagaaaa aacaattaat agaagaaaga gaatcatttg gtatttataa 18780
tagaacaaaa gaaaaactgg gtgatgtaac acgtttaggg tatgaggaag atgtatataa 18840
gttaatccat aaccaatcta ataaaacaat catagaggat aaaaagagta aagttgtaga 18900
tacaattaaa aagatgtatg agctagaatt aacgtcagta gatgtttcta aggtagaagg 18960
attatctcca cttgatacag aacctatgac aaatatgaaa ttactttcat ataagctaga 19020
tagagaagga ttatatagtt taagtaaatt tatttaggag tgatacaatg gaatttatag 19080
ataaaaataa tgtaattaaa gcttatgata taccaaatgt ttatttaaaa ggttatgtat 19140
tacaggcatg tgataaaaat ggagatacaa cagcttatga tggttatgac caaatacact 19200
ataaagaagg tagagtatta acattccctt ttgataaacc attaagaaag ataaatgtac 19260
tatcaggata ttacaaacta tttaaaaagg aggacataat atgatttatt ttgttagtga 19320
tttacatttc ggtcatgata atattagaga attcgaagca cctacaagaa gtcactggaa 19380
ctcagtagaa gaaatgaatg aaggtttaat tgagttgtgg aataatacaa ttacaaataa 19440
cgatattgtt tataacattg gagacttctt tttcaatatg aaaccttcta aagtagaaga 19500
tatacttaat agactaaatt ataaagagat gatactgatt gcaggtaacc atgaccataa 19560
gaaacttata aaactatatg aacgtaatgg tattacagta aagtacgcag acatgattaa 19620
aaaggatggt aagagatttt atctaagcca ttatcctaca ctaataggta gaaaaaacat 19680
gtttaatatt catggtcata tacactcaca attaatgggt actgaatatc acatcaatgt 19740
aggttatgat gtagagggta aaattgccta tagttttgat gatattataa gtagagcagg 19800
tgaatataat ggagaaattc aaaggtaaag atttatataa aactagaatt agaaaacaaa 19860
caattaaaaa tttagttata aaaacagaga agctacataa taaacacgga aagtatagac 19920
ctattggtca tgtttattac tatccgaaaa caaaagagtt tactttatct aagcctgaac 19980

692

692/758

Фиг. 21L

sequence.txt

aaaagatatt tatagagtat atgaaagaat taggttttaa tgtaaaacac aggagacgta 20040
agaaaacact tattatttat aagaatgcat tcactgaata cattagtatg tatcatgaag 20100
caatagagca gattgaagga gggacataat ggaatattta tttttattta taggtattgg 20160
catgataatt tggggtttca tagcacctta tcttgcattt gtagtttact ataaacatgt 20220
aagagaaaat cataatggat tcagtgatga ggaatctcta gaagaggcta cagtacttgg 20280
tatgggattc atgtttatag catttattcc tataggtata ctagttgtaa ttgaagaaat 20340
taagatttta ttcttttaag tgttgacaac tacaatatag tgtgttacag tataaaaaag 20400
gaggttaact aatgaagcat tttattttaa ttttagggat tgtaatccta gttattgcat 20460
tagggattgt aatcctagtt attgcattag gtattgtttt accggcatgg attttacagc 20520
tagtattatc tgcattcgga gttaaagtaa gtatttgggt atgtatcgga atatttattt 20580
taatcagtgc aataggaagt atgtttagta gaaattaaag gaggaattac aaatggcaaa 20640
atatgaatca aatattaatg gagagaatta tattgcaaca ccgtcacaag ctttaagaga 20700
agcactagca aaattaataa ctgaggaaaa gagctttgca gagtaccaaa ctaaaggtgg 20760
ggaacagtat gaatcacagt tacaactaag acactttgat gcaatgatat ctcagtatga 20820
ggaagctatt agagtactag aagataaata tagacctcag atttttattc cgaaagataa 20880
taaggaggaa aattaattat gaaagcagaa tcaatagcaa gatttttaa tgacaaagta 20940
ttacaaatag aaggttataa agtaagattt ccgcaggcta gttcatctta tattttagat 21000
atagatactg tagatgaatc agtattgttt ttagacgctc aagtatctac actttcaggt 21060
aagcatttat tagatacagc tattacaatt gagagacctg aaacattaag tgctaaagag 21120
ttatatacag aaattagtaa taaactgcaa gctattgtag gagaccaaac taaaacaact 21180
atagaactat caagatattt taaggaggaa aaataagtgt ctaataaaac tattacaaat 21240
catttattaa atttaaaagg aataaacatt gaaacgtata gtattattgc tcgtatcaag 21300
aaacaaacta gttggggtga taaaggagat tcttttgaaa taagcataag ttataaagct 21360
gataaagacc ctagaacagt gagatatatt acaactgaaa ttactattga ttatagtagt 21420
aataatccaa aagaaatttt attacaatta aaagataaga ttttttctat tgttgaggaa 21480
caggtagaga ctgacaatga ttttattgaa tctattaaag aaattaattc aactaaagca 21540
ttagaaaaac taaagcctta tatcaataat gaatattatt caatgtttaa atcttctatt 21600
gaaaaggaaa tacctgtagc tttatcttct gaagtactca atagatgtac aggtaaaaca 21660
agcacattag cttatttagc actagaaaag gatttaccct tagtagtgtc aaatgaacct 21720
atgagaaaaa tgcttaaaaa taaattccct caccttagag tatcttctgc tgaagattat 21780
tcaaattatg atattaaagg tgaaattgta ttaatagatg aagtagatat tgaccagtta 21840
tatagtgctg ataaagtatc tgttgatgca ctattagtag gtatcattaa aaattaaata 21900

693

693/758

Фиг. 21M

sequence.txt

aatttataaa tacctgttga caacaggtat tttttatagt atactttaga tataaagaaa 21960
aaggaggtaa tataatgata cctataatag ttatacttat tggactcata ttatttttat 22020
ctagtggtta taagttggta ttaggtaagt actatgatga tgtagattta aaaatactat 22080
ttaccatatt tggtgttggg attgcattac tacttggagg atttatatta taaaggagga 22140
aacaataaat gaattatgaa gaggtactaa gaactattaa ggaaaataaa ccctgtaaag 22200
ttagattcac aggaaatatt ttagcaattg ttaatgagga atttaatgca gatactgata 22260
aaggagtttt acagcttgat gtatcgaata tcaacaaaga gggctatata agattacagc 22320
aatattgttt agaaagagat gactatacgg tagtaggagc tattttattt taaggagagg 22380
taaatatgaa ttatagagat tttattacag attgtattag cggtggttac aacgtacaca 22440
tcagtgttac agaaaaaaga gtgcacatca tttctgagat gacatcagca tcttatccta 22500
aaaaggaaat taacttagat gaactacaag cttatgtgta ctatatgaat aactttggaa 22560
gtcaaattac aacggagggg ttataaatgg aattggttat taatattgta gcagtattgg 22620
tcggtatgta tgctatttat ttctatgtta caaaatttag tactggctta tcaggtattt 22680
taattgtttt agggatggct attggtcttt acttctactt agactattta aatgtcagag 22740
aaaatgttat tcgattagtt tcagtaatgt ttggagcttt cctatttagt attgaaatga 22800
tttataataa aattatgttc gaaattaaaa aaagcaatgt tcagaagact gttagagtgt 22860
atgataaaga gcagtaatga tttttaccat aaagagtatc taaattactt taagtgctct 22920
ctatggtacc ttaaaatagc ttagaattga aattaaggag atgaatattt atgtatcctg 22980
aaatagatgt agaaaaatta gcgtacaagc taaaaagtac gagagaatat ttagaaagca 23040
ttaaaataaa agaagtagaa atttatgaaa tctatcatct taaaacaggt aagttagttt 23100
ttaaaggtga atatattgaa gtaaaagaat tactgaggaa aatgtataaa gagaatttaa 23160
cacttgtaga tgtagataca atgttaagta ttggtaaagg atttattgat gtaattaaga 23220
atatatcagc agaaaatgta ttccaaataa catataaaaa ggagctctca acaaaatgat 23280
taaaatattt tcagaagtag ataaagaata caaacccatt attactgaaa agtttcctaa 23340
tggtgagatt aattttaaat acgatgattt aaagtattta gtagaagaga acttaagatt 23400
tgatgttttc tttaaatggg aaaatgacgc agatttaatg catttgtata tgtttactaa 23460
gtatttagag caactaggta ttaaagataa agctgaattt ttagagattg catatctacc 23520
ttatagcaga atggatagag tagaagaagg gcataataat atgttcagtc ttaaatacat 23580
tacagaattt attaataacc ttaattataa atcggtatgg gtagtagaac ctcatagtcc 23640
tgtaacagaa gaattactta ctaattctgt tgctattgat gttacactta aattattaaa 23700
tcagtatatt gaaatgtccg aagagcctgt aacaatagta ctacctgata aaggggcata 23760

694

694/758

Фиг. 21N

sequence.txt

cgatagatat ctatttgatg tagaacgtat cttaatggaa tctaatattg aatcatattc 23820
aattgtatat ggtgagaaga aacgagattt tgaaacaggt aagattaaag gtattaaaat 23880
aattaaagat aaaaatactt tatatgataa ttgtattata ctagatgact taacaagtta 23940
cggcgggaca tttgtaggtt gtaaaaaagc ccttgacaaa cttaaggtaa gtagtgtatc 24000
attaatattg actcatgcag aacgagcttt tgcagaagga gcattactta gctcaggatt 24060
taaagatatt attgtaacag actctatgtt ccctaaaaat aattgggaaa aagctattgc 24120
taaacataga gctagaatca acggaactga attacaaata aaagatatcg aaagatattt 24180
ataaaaggag aaaaacaaat tatgctaaac ccaactttaa tgtgtgactt ctataaacta 24240
agtcacagag aacaatatcc tgaaggtaca gaaattgtat atagtacatt agtacctaga 24300
agtaataaat attatgaaca cagtgataat attgtagtat tcggtattca atcacttgtt 24360
aaaaaatatt ttattgatat gtttaataaa gagttcttta acagacctaa agaggaagtt 24420
attaatgaat acaaacgtac agttaaattt acactaggac aagaaaatcc tgatgctaaa 24480
cacttagaac aattacatga cttaggttat ttacctattg atgtaagagc tttaaaagaa 24540
ggtactgttg ttcatcctaa cacacctgtt atgacaattg aaaatactca ctcagatttc 24600
ttttggttaa ctaattactt agaaacgatt attagtactc aaacatggca agcaatgact 24660
agtgctacac tagcatatga tatgcgtaaa atgctagata aatatgcaat ggaaacagta 24720
ggtaatattg aagcagtgga tttccagggt catgacttca gtatgcgtgg tatgagttct 24780
ttagaaacag ctcaattaag ttcagcaggt catgcaatta gttttaaagg cagtgataca 24840
gtacctgtag tggatttctt agaatcatat tacaatgcag acgtagagaa ggaaatggtt 24900
gttgcttcta tccctgctac tgagcactca gtaatgtgcg caaatggtaa ttatgaaacc 24960
atggatgagt atgaaacata taaacgtatg ttaacagaaa tatatccaac aggaattttc 25020
tctattgtat ctgatacttg ggacttttgg ggtaatatga ctaaaacttt acctagatta 25080
aaggatatta ttatggaacg tgatggtaaa gtagtaatca gacctgatag tggagaccct 2 5140
gttaaaatta tttgcggaga ccctgatgca gatactgaat atgaacgtaa aggtgcagta 25200
gaagtacttt gggatacctt tggaggtact gaaactgaaa aagggtacaa agtattagat 25260
gaacatgtag gattaattta cggagactct attaactatg aacgtgctca acaaatttgt 25320
gaaggattaa aagaaaaagg ttttgcaagt attaatgttg tattaggtgt aggtagtttc 25380
tcttaccaat ttaatactcg tgatactcac gggtttgcaa tcaaagcaac gtatgctaag 2 5440
attaaaaatg aagaaaaact tatctataaa aatcctaaaa cagatagtgg taaacgttca 25500
cataaaggtc gagtagctgt atataaagac ggttcatggg aagataactt aaccttacat 25560
caatggctaa acaaacaaaa tgttaatcaa ttagaaagag tatttgaaga tggtaagctt 25620
tatagagacc agtcgttaag tgaaattaga gaaataatta aaaataatta ataaatattt 25680

695

695/758

Фиг. 21O

sequence.txt

aaactcccta ttgacaaagg gagtttttta ttatatagta gggttatagt aaataaagga 25740
gtgaaagaaa tgatttataa aatatcaaaa cataattact atagtaggtt tgaatattca 25800
tcttatttac ctgatgaagg atttgcatac atagattatg tagatgtcat tcttataggt 25860
gtagataatc cgaggaagag aaaagttatt actttaaaag cagatgagtt taatcctagt 25920
gattttaagg ttggtcataa atataatatt ataaaaatac tatggtttga gaaatgggaa 25980
tggttacagc catagggagg agaggtatac aatgattata gataaattaa atggagttaa 26040
attagagatt ggcggtcatg ttgtatcatt tagtgtaagc aaatttaaaa cgattaatgg 26100
tgagagacaa ttacttgatt accaccatat caaaagacgt aaacagaaat attttagaac 26160
tactgaagaa ttctataatg agtacaaaga aataaaaccc gataagaatg aaatagatga 26220
aatgtttgaa tctttaggtt atgtagatac taaactagaa gatgtagtaa gaaaccaaga 26280
gaaagtgaca gagatattag gagttagtga acaatactta aaccaattgt cttataaggc 26340
tatagaggaa tatgtagaca aaatagttac cttagaaatt aaagaattaa aaggagaaaa 26400
atagtatgag taatagttgg gaaaaagaag gagttaacta ctgggaaaat gaagattgcc 26460
ctagagaata cttagagaaa gcatttatag aattagttga atacgtagaa ggtgttacag 26520
taccatctag agatgttcag cagttgagag aggataagct tagagaagat attggatttt 26580
atgagtatgt agcagataaa taaatacaca tctacctatt gacttaggta gatacttatt 26640
atataatagt atacaaggag atgaagtatg atgaatggaa aacaaattta tgtattttta 26700
agtgaccagt atagtaaaga tatactcagt ttacaattag gacttattaa ggaatggtct 26760
agaagagaac taacttattc agatgatgtc gggtcagatg cagatgttgt tatttgtact 26820
gatatagtaa gagatgattt cgtaaaaaaa ctaagtaaaa ataatagcaa tgcattattt 26880
gtgtttatta gttctttta ttggataggt tataaaggcg gagaattttt tgttgcagtt 26940
caagactatg tgaaaggtat gtaagatatg aaaaaattat taatattatt tacattagct 27000
agtactttac tattagcagg atgtacaccg gataatcatg aaggaaaagt tttaggaaca 27060
ggagaatata gagagccaac tacttatatc aagtcaggaa gtgttactgt accagttatt 27120
ggtgaaatga aatactatgt agatttagaa acagataaag gtgaagaccg tgtttatctt 27180
aatagagaag tttatcataa atttgataaa ggtgatgatt tctctaatgt aggtaaaaaa 27240
gtatataaaa atgatgaatt aatatataaa ggggactaat tagtatgaaa caatttatac 27300
atgataaaaa agatagttat aatagtacaa atcgtaattt tgatattcaa tattataaag 27360
gtataccttt acaacaaatt gataggggat atggtcaagc aagagctagg agatttacaa 27420
taaataatac gaaccaaaat atatggatac ctatgacata tttaaaacct aatggtactc 27480
ttaaaaataa cattgatata gattggatac ttgttaaaga aaaatgtagt ttaaagaaag 27540

696

696/758

Фиг. 21P

sequence.txt

caggattagt aataaaaata aaaattacag gagatgtatt ataatgtata tattagaaag 27600
aacaattaga ggttttgccg gtcaaacaga agatatttta ccttattact ttaaaagtaa 27660
gaaagaaatt gttaattttt taaaactaat ggagttcctt aaagaagaaa caaattattg 27720
ggttaaaaag aacggtaatt atactattat aatcagggct aaaaggatat tatacattga 27780
agaacatata cagaagttaa aggagtggga gaatgactta tgatgtttat gtattatata 27840
aaagaggaga acctattgca caaggtagta tggaacattg cttagatgtc tattattggg 27900
aaagggtaca cggttatagt aataaaggtt atgaactatt acctatggga tatgaacagg 27960
aggaataact aatgataaat atagaacatg attatacaat aagaactgta gataatagaa 28020
agtatactta ctatagtaaa catgaatctc cagttacttt atataaaaat attataggta 28080
aagattgtat tgaagtaact aaatacggga aagataaaaa agttattata gctactaaat 28140
atattgtatc tattgaacga tggtaaataa ggaggtataa ctaatgaatg ctaggaaagc 28200
acgtaagaac actaaaaact ataaggactc taatgtagta actaaagagc aacacctaac 28260
ttatatttat aataagttaa actacttgat tgcaaataat agtagtcagg gtaaaacata 28320
tgtggtaatg aacctaagaa cagattatcc tgatgagttt tctttatcta aattaaaata 28380
tctaaaagaa attaaacagc actataaaga cctagtattt aatgtgaaaa cgcaagtaag 28440
gaaggcacag tggtcagaga aaagtataat caggtactac tttaacctag gctatataga 28500
cagcgtgtta gtacctatta tacacattag ttggtaatta caaggagagg tagttatgtt 28560
ttttaaaaaa aagaagttaa gcaatgtaga gaaacaaata agacaaaacc gtaataaaga 28620
agacaaagaa agaaaagaac atcaagataa gttagataca gatatgtata aaacatatga 28680
attagataaa attgtagaag aacatttaag aaagttaaac actatatccc ttgaagaatt 28740
ataattaact tcagtgtgtt tagggacaag acttgtttat tattactcaa taggtaagga 28800
ttggaataaa caagtatata gtttaaacga attagaatat atgaagaaga aatttaagaa 28860
attaggattt gaaactcaga taacaaacga agatataggg tttcaacctt atatttattt 28920
aagattatta tgggatgcat aagtaattat tattaaagga gggatagttg gtgctgtacc 28980
tctaatgact attattattg cacagttaat tacagattat catgatagac attaagtatt 29040
gaatactgtt gactaataag gaggatatat taagaagtta aagttacctg gtaatattgt 29100
tgactagcaa gaagaagaaa atattattac tattaagtac ctgggaaaac ttttacctct 29160
ctcactcagc ctattactta ctaccgactt ccctaactac ttattctata gttataatat 29220
tcatttatta tacaatggta aactatagta ttccacctgt aaactatgct gaagcggtag 29280
taatctattg ttattatata ataatcttat ataatggtac gttaatctag tatattacat 29340
tagaatgatt ctaatctagg attttaatct ttagacccta ggaaaagtgg tactaaaata 29400
taaaacccta taggtatggg attcttattt ttaaaattac taaaaagtat taggttttcc 29460

697

697/758

Фиг. 21Q

sequence.txt

ctagggcaaa gttttaatgt acctaaaata gtaagtagct ccttatcatt tagggttcta 29520
taattgagaa tattgaaagc taatccgctt caattgtaat taattgttga caactatgaa 29580
gtgggtatgt tatacttagt atataaaata ataggaggaa ttaataatga atctgacatt 29640
tgaagataag ttagaagact tactaaaaaa ggtacgtagt ggtgagatag aacctatcga 29700
gtactctcaa gttaatgatg agcaccctaa tggtaaaact acttgtggcg ttacttttaa 29760
gtttgatatc gacacaccaa ctaaatagga atatgaagcg gttaattccg cttctcttac 29820
ttagagtata taagtaactg tatattgtaa gtaggagtaa tcaaatttag gagatgagat 29880
agatgataat attatttacg caggattatg ataaaaccct aatgaaagtg atattagggg 29940
atattaatac tatgagacct aattggaagt acagtgttaa ccatcctgag aaagaagagg 30000
atgttcatat acaagcttat gaaggggaag atatatttga tgatatagag gagttatcag 30060
atagtacaca ggatatagtt ataggtgtta ctgaagatga ttgtatatca gagtctcctt 30120
atgactttaa tggtgggctt agattagtca ctaaacatat taaggaacat atagagaaat 30180
tcttataggg agtgataata tgattgatat atacttagga gaaggttata ataaagaata 30240
cttgtctaag gcactcagat taatcaatga ccatgctcct agggagttaa gttatgattt 30300
taataatgta gaagcggatg ttaatattca cacgatgtta tatgttaaac ctgaagatag 30360
gtatgtctat aaggatatat cttatgactt cccgggtgat ttaattattt gtatagttga 30420
agatgatgct attgtgtatc accaaggtaa acaggtttca ggtattagta ttttaagaat 30480
aatagaagag ctcatttaag aagcagttaa gtaaaaaagg ataaattgta ctagaaaatg 30540
tataccgctt ctgtatggaa ggctgagagg gcttagaatt gaaaggggag atataatgat 30600
agagatatac cttagtgaaa attatgataa ggatttatta aaagcggaat taaaatggat 30660
taaggagacc gcttcaagag aactaactta tgatgttaat aggaatccta acttagatgt 30720
acatgttagc ccatttagat atactaaaga tgaagtaaaa gaaataagtt tacatcctca 30780
atttgaagac gatgtatgtg tatttatagc ggagacgtgg atacatgaat accatagagg 30840
taaatcaata ggcgtagata gtatggaaga atatgtaaag gagatgtaag tatgtttaaa 30900
gtatattaca cagtctacca taaaggtagt atgaaaacaa ttaaagataa gctagataga 30960
agtagtttaa tatacttctt gtatgatact tggtataaag atattagtaa tgtattccct 31020
aatcactata ataaagagtt tggaagtaat agtgatgata tagacataga taaacttatt 31080
gaagcggtta atgaggaggg tatattactt atcaatagag gtaattatgt tacaataaga 31140
gaatggtagg ataggataaa cttaggatag aaaataattt aggatgagtt acgataggat 31200
aggatacgat aggataggat acgataggat aggatacgat aggataggat agggggttaa 31260
gttaggatgg ttactttaac atacactatt attcataaag aatctgatag ggtaatagct 31320

698

698/758

Фиг. 21R

sequence.txt

agtggtttag atgagttaga ggttataaac ttagttcaaa ggatggtaaa tactaatcta 31380
gttactgata tatcattaga tgattatata cgcagaccaa gtggagatat agatgtactc 31440
aatttactag tagatattag aagacaaggc gtatttgatt tcaatcacac ttggcacgta 31500
ggataggagg gataggatga tagttatata tacagatgtt tctaaggatt atttaaaaga 31560
cgagttctta ccttggctta atgaaaggga tagatactta gaagactata aagatgaatt 31620
acctgaggat atagattcct cttatattgt atcagttgta tactgtaagg atatggaagg 31680
tctattagaa agaaaagaca ttgttattgg taatagctat aatgaacctg tagctttatt 31740
aggtgttcct gagtttttg gtaattatag taattatttc tactatagag gagaaagtat 31800
tagtaaacat gacctaggag aaattgttag gttaaaagct tggcaacgta tgggcggaga 31860
ttgactaagt agctctccct aatttcacta agtagctccc taggaattgc ctaagtagct 31920
cggtatgatt ttaccctaag tagctccctc tgttttctac tagtttattt taaccgcttc 31980
aggtgtctat atatagacgg ttggaataat agcagaccgc aaaaataaat acactaggat 32040
attattccca gtgtattata taatttttt atttaaatct ttttatattt ctatttattg 32100
ttattctact tacattatac atatttgata attcttcttg tgtaaaacct ttttcagtat 32160
ataatttata aatatttttt ctttcattat ctgttaatga tttaccacgt ttaaaattgt 32220
ttattgtttc atctttatga tgtaaattat tatgttctgt agggctaata cattgtaaat 32280
tatttatatg gttattttgt ttattgccat ctatatggtg tatatgataa tcttgattaa 32340
aatcattgcc aaaatattca tatactaaac gatgtataga atgatgttta taattaattt 32400
taactatttt atagccttgc ttatgattat gaggttttac taacttttca atcatataat 32460
aattaccgtg tctttttatt ctaccatagt tagatactga ataattaaat atattattaa 32520
tattattttc tatgcgtttc catttctcat taggtaaatt attaatacta ttataatctt 32580
ttaaattgta ttgtaataaa gtatcaattt taacttttct tgccttgttt atatcatctg 32640
tcatacgata aaagttattt ttatcttttt ttaattcctt atttgttttc tttgaatata 32700
ctttgttttc ttttatatag tattttgaaa acatttcaat gttatttata ttatgtttca 32760
tcttctcaac tccttaacta tattctacta tataataggt aatttgtcaa gttaaaaaag 32820
tttttaaaaa cctattgact tattacttttt tagggtgtaa tatagatact gtaataaata 32880
acacgaaggg aattgatgaa aatggaaatc aaagaaattg ccgatacaat tatgtattta 32940
tttaatatgg atggttacag atgtgcagaa cctccattat atgaaagcac actaaaccac 33000
acacgcacac acacggcgtt aattgtttct attaagggaa actatgacac agtgcagatg 33060
ttccgcaaaa cgcctataat gagcatgaga gggcaaagcc aaccggctag tatgttagta 33120
aatgtaattg atgatgtaat tataatagta tatgaaaatg tagtgtacgg agttcaaaac 33180
aaagaaataa aattcattga agaaatttaa aaataggggt tgcaatcctc aagcatctat 33240

699

699/758

Фиг. 21S

sequence.txt

agtaatataa taggtgtagg ggatagcaac acacctcaaa aaaacttttt aaaaaagtta 33300
aagaaaagtg ttgacacctt ataagataca tgttattatt aagataacaa ataagacaag 33360
ccacttagca aataacgaaa ttaaataaaa aaattataga ataggatttg attattatga 33420
caaacaaaaa ttacttatac gaagaaactc acacagtaca agggcaagac attacggctt 33480
tcagaattcc aaacgacaca aacggcaacc cacgttatgt agtgcatttc atggatttaa 33540
atattaaact agcagactat gacaacatca ataaactata cggatttaat aaatatcgtg 33600
ctaaatggtt tggcggtggt gtagtattcc aaagctataa tatagaagat acattaaatt 33660
ttgcactaga taaagttaaa gaaatagaag cggttaagaa ttaaaaccgc ttctgaatta 33720
aataaaaaaa ttatataaaa aggatatgat aatatgatat tagaaataga aactaaacca 33780
gttaaaacat tgaaagcaat taaagacgat acaaaaaata ttaaaaatag tatagcagaa 33840
catttaggat taaatagaga acaatttaaa ttatcaaatg gtttaataac tttaaaaggt 33900
tattcagaag aatttaaatg ttggtataat ttaactagca caattggtaa ttttcctaaa 33960
tatttaaaat cagaattata taatgaatat aaattatatt gtaatgtaga attaaaaact 34020
aaataaatta aataaaaaaa ttatacaatt ccctaggatt agatttctag ggatttttat 34080
ttattttaat ttatataaaa aatttattta ttaaataaat tagtgtaaaa ttgactattg 34140
acaaggttgt attttttatg gtataatgaa gtgaagacct tttttagtat aaaaaaatta 34200
ttatataaaa aatttatatt aaatgatttt agaaccgctc tttctcgtta cctcgtcatt 34260
tatatagcgc aagggatagg caacttagcg ctttgtttta ctttctatat atagtatact 34320
atgaataatg gtaattgtca acacctttca gaaacttttt ttactttctt ttattattat 34380
ataaaaaaat tatacatatt ttatggctcc acttccatta tataataatt cagtcttaat 34440
gtcaatagat aaatgtaaaa aagtttttta aattaatttc attaaatcta ttgacttgtg 34500
tttctttcta tagtaatata taggtatacc aacaagggag gcaatacaaa tgctaaaatt 34560
caaatggaaa aacaaaacaa ttaaatcaac tcaaaaaacg gataacattc tattacttat 34620
tataggtggt ttagttgcaa caatcacacc taaacttgta aactggtttt tactactaca 34680
agataatata aatatttttt taagataact attgacaacc tagaaacaac atgttaatat 34740
taagatacaa ggtaagggaa gcggttgacc gcttccaacc taaataaaaa aagtttaaaa 34800
aaactattga cagtcacttg aaaccatgat attattaaga taacaaaaaa caaacagaaa 34860
aggaattgat gaaaatgttc aaattacaaa ataaagtgga aattatcgta cctaaggaag 34920
ataacaacgg cgttgagatt gcagacaaac gtattaaaga atatgtaaac agtatcacaa 34980
tggaagcggg cggttgcact attacagaaa ttaaggggca atggtattca gaagatgaaa 35040
agcgtatcat ggaagataac aacttaaatc ttgaatggta ctacattcca gaccgtgcaa 35100

700

700/758

Фиг. 21T

sequence.txt

aattcatgac agttgaatta aaaggcattg taagacgttt aattgaagtt tacggacaag 35160
aggcaatcag tattaaagtt aatggcacat tgtacattgt agaccaatca gacattgaag 35220
aattacacac aacattatta aatatcatga aataaaaaat ttatataaac cgcttcggat 35280
taaattcttg aagcggtttt tttatgtaaa atttatgctt gacaaatgta ttaaaaaatg 35340
agataataga gtgacgactt tttttagtat aaaaataata ttatataaaa aagttataga 35400
gtttttaagg ctccaagtcc attatatcaa ttttgctact ggttgtcaat actttctttt 35460
tttatataat aatttaatta tcttaaagat accgtccact tccattatct caaattttcc 35520
cccaaagtca agaactttct ttcaaataat ttatttaaaa aagtttacaa aaagggttga 35580
cttattttgt actatagtgt aatatataaa gtgtagtaag gaagcggagg aaataaccta 35640
aaaaaagaat ttaaaaaaac ttttaaaaag gtgttgacaa acttccaaat acatgataat 35700
attaagatag ttaaaaaaac aaaaaaacga aaaggaattg ataattatga acagattaga 35760
aatagtaaaa gatacggcaa tggaatatat ccttatgatg gataacagtg ttatggacgg 35820
agttatgaca caagaggaat acaacgaagc ggttagcttt gaaaaggtgt atgactacac 35880
tctatcagaa gcaaataaag aatgtaaatt cttaggcggt aaagttttaa ctttcctagt 35940
acatgaagca atcgaagaat acgcataaaa aaacttaata aaaggggttg acattcaacc 36000
cctaccatgt taatattaat atataccaaa tgagaggaat tgataattat gagatacgaa 36060
attgtaacgc tagttaatca agaattgttt atgtatgcaa cattcaacaa gcaggaagca 36120
gaagcaaaat atagtgaatg gtgtgaactg tacggtcaag aaaatgtaag catggaaaaa 36180
aattaaaata agctgttgac aaactaaccg cttcatgata atattaaact atactaaaga 36240
aaaggaaatg atacaaatga aattattaaa ccaagaaaac caaatcgtaa ttagcatagc 36300
aacattagag agtgtcaaac aagccctaat ttgggaatac atcgaccaca tagattataa 36360
catctggaac aatgaacttg atgacacaga agcggttgta aaaatttctg gtattcttca 36420
atcaatcaaa tttgcagaca ctatggaaga cctgcaggaa tatattgggg atattggttg 36480
gaaattaatt taaaagaatt tcaaataact gttgacacct tagcagatag atggtaacat 36540
tagggtagtt aaaaaatact aaatgaaaag gatttgattt attatgaaaa aaaatgttaa 36600
agcaagcact attgaatggt tagaattgac tcaagggcat ggggagtttg atggtttcga 36660
tgaagaagat atggacttca gaaaactaga tgatgaagat attaaatggt attttgaaaa 36720
ttggtacttt acagaggaaa aacaagaaca gattatagac gaaataggtc aagaggaatt 36780
tgaagaagcc tattcagatg atattaaaga atacaacaat taatacagga agcacacaga 36840
gacacacaga gaagcttaac cgcttctcta atattaaact attaggagat gtttataatg 36900
acaaaattta aattgattga taaaaatagc ttttacgtaa atgacaatta caataacgaa 36960
acttatttaa cttctcaaat tgttctatca ggtgaagcgg gtagattgtt agatgatatg 37020

701

701/758

Фиг. 21U

sequence.txt

atagaagatt gtgaagacga acacgacaaa gacaattaca agaaactaga cactaacaat 37080
attgatgata ttgattatat attggaatgt gctaacgttt atatttaccc ttacaataaa 37140
acggaattta aatattaaaa taggagatgt tgaatatgaa cacaagacgg gcaaataaag 37200
cgttaaacga agcggttaga ttattagata agcaaataga agacacacag aagaccatgc 37260
aggagctaaa caaacaacta gaacaacaaa taaaagctaa acaggaacta atgacactag 37320
ttgacgttat gactggtgat gatgagtaat gaacattaaa gaagctcaca aggtcgttag 37380
gagtgcaaag agcaaactcc tgcaggagca ggagcacata acaaaccata tcatagagga 37440
ctacatcata gaggagcttc acagacgcac acagggaagc ggaacaatac agatgaacaa 37500
taacaccgct tcatatagca atggctcata tggtagctta gaagagctta gagaagctta 37560
tgacctatcg tcattatcta ctggtgagat taaagaattg cttgaaacat ttgtttaaat 37620
ttatttaaaa aagtttagtc aaaactattg caatatcttc agaatactgt ataatagtac 37680
ttgtaagata aataaaacaa agaaaaggaa tgattaatta tgaaagaaca aatcaaacaa 37740
tttgagaaag aattagaaat ggcggtaaat aacttattcg tattacatga ttgtggcgta 37800
tcacaagcaa agattgaaga acaaaaccaa aaagttgtgt accttaaagc tatcgttgag 37860
aacatgaaag cctacgaaga aatcagagtt gagccaaaga gtgaagagca atttttcaaa 37920
gaacttgaag aagaacttga agaagaagaa aaaattttaa aaggaattta agaggagggc 37980
aaacgccctt ctttatttttt atcctattat ataatttttt tatattatac gggggcaggg 38040
gtaaaatgcc actcaatggg ggtgggtcta tataccccta cggtctaccc aggtacttat 38100
tttttggagg aaattatgaa aataaatatt taaaagtcaa caccctatat gataagtcaa 38160
cattataacc ctaccctgta agtcaacaat ttatagtata aataagaagc ccttaaatat 38220
aaagtcaaca tatctaaaat aaaaaaagag aaagaatatt attcttcctc tgaggtatta 38280
ttaataactt ctaattcatg aatagtaatc atatcttctc taaataatgg tacatcttct 38340
atattatctt tataatagta agtatacccg tcttgaaggt atccgcttat tttttcttca 38400
tagccttctg ctttaatacg tttaattaag ttctccttat ttgtgtaaac tttatcttct 38460
ctgtaagaat agttatcttc atagggttca caattatcgt gttctacttg atatagtttc 38520
atattagtta tcctcccttt cataagacca ttcaccgtat tctgcactaa agtgggctgt 38580
gtctgtaccc tcatcttcat attctacact ataccatgca tcttcttctg tttctgcatc 38640
tatatatctt acttcttctg tagtaataat acgttttacc ttaaatctct ccatttgttt 38700
ttcctccttt atattttcct ctagtatttg ttttaatgtt tggcagtctt tttggtctag 38760
agtatcccaa ctctctagat tttgtaattg ataaagtaac tcatttacaa tttcatcgaa 38820
ggcttctgct tttctatata cttcttctag ttctgtttct gctaattttc tatccccttt 38880

702

Фиг. 21V

sequence.txt

aatttgttct gctttagtta ctaagatatg ggctttattc atttcctcta taataaagtt 38940
tttatagttt tccattatta tttatcccttctattttcta tccgttgttt tatctcttcc 39000
ctattgcggt ggtgctcctt actcatttct ttacgttcct tatttgttaa ccttattcta 39060
taaacaaggt aattaatgta tagggtgccg gctgaccata gtagcaagaa tgttattaga 39120
taagtccatg agatactaat ttctatcatt gtgattcctc cttatctatt gtaaaggatt 39180
tacctgttct agagaatagt ttaaacattt cttcttcaaa atgcccatca ctcatatctt 39240
tatctttcag catttcacag agtttgtccc atgcttctgc tttattataa attgtttcta 39300
cttctctatc tgtttcatca ctataatttt catatataat ttgtaataca aaatccttct 39360
catcgtaaca tttttcatta atatcatatc tcattataat tcctccttat attctttata 39420
gctcttgatg gctattttac aaatacctct atttacagca acaaatacta taaatgataa 39480
tagtgttata actgctctta catctcctgt aaaaggtaat aattggaaga gcaaatagct 39540
ttctaaaaca ctaatagctg taatggtagt tagatataat atagatagta agtaatcctt 39600
taattttagt ttaacaaatg gttttttgtg ctcatctgtt cttacaatac cataaagtat 39660
tataaaccac ataacaggta ctaactgtat aataaaatca ttatctatat tcaatgcatg 39720
tagagcgtaa ataataactg caggaatacc tataatgaat gctaggaata cagaaaatat 39780
aattaacatt atagggaggg ctacaagaaa acctagcccc tgttttgaat actctaatgt 39840
gtttttacct aggaacttaa aaaatgtttt attcatcttc ttcctccctg gaattacttt 39900
ctgtaattgt aatttctaac atattattgt aataatcatt cttttgattg atattatagt 39960
tatcattgta ttcattaaag tctacataaa tatattcatt tgcgtcattt tcataaataa 40020
tatctatagc tgtaatatct gaatatgctg taatcatttc ataagcgttc gtattatcag 40080
gataagcaaa accaacttga ggtatttcca taggcttatc aataagaata ccaaaataag 40140
tacagtgacg tgttcggctt atatttgaag tctctttata tgtaccgtag taatctatac 40200
cttctgtaat acctgatata tggaacctgc ttacgtcttt agattctaat cttacaacat 40260
cgcaattttc taatactaaa tcaatatatt tgatattcat tttaactctc cttttatatt 40320
aataattctt tccattcttt atcaaccttt ttaagttctt ttttattata gtctccatct 40380
ttagttacta cagtgttcca ttgaaacttc tgtaataagc taaaattatt tataatccat 40440
atattacttt tactataata catattatct tcaaatctta tatcttttc tataaaatat 40500
ttatatattt tatatcttct ttcatctgca cctgatattt taataatttc attagtattt 40560
aattgagtgg ataactggaa gataacatct tttactttca ataggtcttt aacattacct 40620
ctacctacat ggtcattata ataatcgtac ttaacttttt tcttttgttt tctatcatta 40680
actacaatga atatattata tacgatataa gctttaaaat gggtataggt agtaggtgct 40740
tctgaatcat cacattcttt tcttaggtct gtacattgta tttttaacat aatattattt 40800

703

703/758

Фиг. 21W

sequence.txt

gatatgttga ctacggtaga accatcatgt tttttattga gatttatctt atccatttta 40860
taattaccta cttattgtag atacaatgta ctcgaacatc ttccattact ttgcctaata 40920
gattctgacc tttccagtta ctttgctcta atattttagg gtcatttgct ttaagaccta 40980
ctccccatat tttatcataa ggtgaagctt ctacgaaatc tttacgtaca tctgtgtcta 41040
atattctttg ctttaggtgt gtagtcataa atttatcttt aactacttct accataatat 41100
catatcttac tttattccat tgctcttcat taaaattacg aactttacga cctaaacttt 41160
tagcatggtt tggattctta gcatttagta tttcacctgc tatttgaaag tcattaaagt 41220
atcttgcttt acgccacata aaggcttgct ctgagttatt aaatgttctt ccttgatgtt 41280
taaactttat agggtagaag ttagaataaa tatcctcttt accccaaaac ataatatatt 41340
cacttgtttc tctcataata tttctccttt aattccatag tgatggtaat acaattttaa 41400
aattatctaa tattttactt tgtacctgtt caagctcatc atatttatcc atatcaaaat 41460
catccatttc tttatgataa tattttatta agcttaaaat atgttttatc atatctattt 41520
gtgttctttc tttgccgtct acatctacaa aagtatggta ttccatatcc acatggttac 41580
tactctctac aaatgcgttt aagtcagcgt ataactggat aaagaaggac atgtcataat 41640
tccaatactt aggctcattt ctacctagtt ttttcttcat tttcttatat tttttattct 41700
tttttagtcc aaaaacttct ttttcaaagt catttaattt aagaccttta aaatattttt 41760
tcttcatttc ttaacctcca atttaataaa tggaaaatca atgtttctaa atactgcgcc 41820
gacatcacac attaatatgt ctccattaat ttctacttct ccactgtcag ttggtgtatg 41880
accacataca taggtaaaac catcttttct aggttgaaaa tctcttgacc atattaattg 41940
gtcaattgtt tgttcttcta caggcttcca actaacccca cctgaatgag agaatatata 42000
cttgtcttct ttatagtact ttctacaatt aaccataagt attttaaatt ttctatagtc 42060
gtctgattct ttaagtttct ttagttcact tttaataaaa tcataattat ttcttagatt 42120
ttcctctaca ctactatatt ttaaagttac cgtactcaca ccgtaagagt taagtgtttc 42180
tatacaatat cttgagagcc attcaatatc atagatactt aatcggtcta cgttttccat 42240
aatattataa aactcatcat catggttccc taacagagtt actacattat catcattaga 42300
cattaaatca aatatatagt taacaacatc ttttgacctt ttacctctat ctacataatc 42360
tcctaaaaat actattgttt cttcaggttt tctttcatta tttatttttat ccataattgt 42420
taataatttt tggtattctc cgtgaatatc gggaacaacg tatatagcca tctaatctcc 42480
tccttattgt atataactat cttaccatac ttagtaaaaa aagtcaataa aaaaacctac 42540
cttagtaggt aggtaattaa aattatttat atgttaattt aatttcaaca tttttatact 42600
ttttacgacc atctgttcct gttgactcta gtgtaagaac agatacaaaa tctttaacct 42660

704

704/758

Фиг. 21X

sequence.txt

ccggtgttct gttattagtt gtaccttccg ttgcagtagg tactgttaac cagtaagggg 42720
agttagatgc taagcttgta ttattaacta gtgttttgcc attatattct aacttagtaa 42780
cagacttacc tgttaaatct aacttagttt tatctatatt aatcatgaaa ctttggtctt 42840
ctttccagta tatagctgtt ggtgtgaatg ttgctgtata cgtaccatca ccattactta 42900
caggtgttat agttcctgat gtatctcctg ttggtggtgt actggctgta gtatctttgt 42960
aacctacttg agtatattcc cctacaatat tagtttttgt tttatctaca tagataactt 43020
taatgtaatc tctcataaac tctagtcctt gagcattatc atctatagtt atgaaagcat 43080
ttaagaagtt ttgaacttcg gaaattctat tatatttgtt accatcttca taagcaggta 43140
aagtatacca gtaaggtgaa ttagatgtgt agccttcggg gtttatcaag ctcttaccat 43200
tataagaaac atttaatatc ttattagcag ttaagtctat atcatctgta ctcatgttca 43260
taacaaagct tgtatctttc ttccatctca ttccagttgg tctgattaat ttagaataaa 43320
caccattacc taaatcctta acagaagtgt caatagatgg tgggcttgct atagcaccta 43380
cagtaccttt actttctaag aatgattgta tagtgtatga tataaattca tgacctttag 43440
cattaggatg taagccatcc tccatgcctt ctttccaagc aaagaatgtt ttatttacat 43500
tgttatccca tactctaata ttactctccc tatataagtc taatacagga aatgaaaatt 43560
gttttgctat ttcttttata acatctacca attgtcctaa agtatatcct tgtccgtttt 43620
caacttcttt aaaaggatta ctttcaatcc taggtgttgg tgttagaaca acaataggta 43680
ctgtaggaaa aaccttagat agttgataat aagtataata gattgaacct gctactgtag 43740
tgtaagagtg ttctttagct gttcctaggg gttttgtttt acccccaact aaaccatagt 43800
catttgtacc taacataacg caaattaaat caggtttatc tgtaatagtg taggctacgt 43860
ttttacggtc ttggtagcct gttccacttg tacctttatt aacatttatt aatcctgttc 43920
tgtcagcaat aaattggtgg tagtttttg ttgttcttgc atttacttcc gtaatactat 43980
ctcctatgaa tataactttc ttatctttca aaggtgagat agttgttgta cttggttgtt 44040
gtgttggttt attatcagct ataagcttat ttatttctgc cataaattct tcttttatat 44100
ggtcgttaaa ttgggtatct ataacatcct gtaaacctat aatattttct gcttttatat 44160
tcataggttc tacttcatta taagtaacaa taataagttt gtcctgggat gatgttaagg 44220
taacaaattt tggtatatct acttttattg attcttcacc attaatatcc caacaaattt 44280
taaagtgccc tgcttcgtat gttgtatcag gatttaaatt ctctataact atttgaccta 44340
ttgaatcttc tatgttttca cttgatttta aaagattatt ttcatagtca taaagcttca 44400
atttcttagt catatttact tctcctttta ttgaattttg tacaactata atatatcaaa 44460
aaaaatttaa aaaaacacct atttaactta aataggtgtc cgacagagct cccgtactta 44520
gattacggtt aataatattt tacgacaatt atatgagacc ctctgtcgtt gaaacgctcg 44580

705

705/758

Фиг. 21Y

sequence.txt

tcactgcgtt atacctcaca agatattttg acagttagct tgtgagaaga agattgtttt 44640
ttattgtact tagtttatac actctcaaaa gtacatgtgt actatatatt tatacaccaa 44700
gcgtttggtg ttagatacgg aatggaggga cactaccatc cggagtctac ggtcagatac 44760
aaagcctctg ccgggcaaca tacggtatct ctcgtacatc aggttgacta aacctttaga 44820
gcttttcact ccttctctta taaccagtaa cttaagagaa ataggtttta cttagtagat 44880
atgaaacaat aaatccacat acaatattaa atcatagtca agtgattgca catatgtcta 44940
atacctataa gttttctgct agcctggtat atggactctg caggactcga acctacagtc 45000
aaaccgttat gagcggttgg ctttacctttaagctaagag tcctagaaat atcctgagag 45060
aggactcgaa cctcaacgac taggtagcta catctagcca atgccattac tcaggattgc 45120
tagtaacgct aaatagaatt ataacgttac cgtagacctt ttctacgctt ggtagatagg 45180
taaaatataa tgatttcaaa gtacccatat agttaggctc ttactctcat tatcaggtta 45240
aaaaggctaa ctgtatttag cattatataa gaggctttag ttaactacta tactaataat 45300
ataccataaa ttatacttaa tgtcaagtta atttatcaat tgaatctata atttttgatg 45360
tgctacgtat atccgcttct ctactatgtt taaggagata ttttaatttc attaaaaaag 45420
aatttttttc tttttctata atatcttctt tatcattgta ttctgaaaac ataatgaatt 45480
ctatacctat actatttcta ttatgtgaaa acatatttat agaaaaaggt gaatcaaaat 45540
ttttatcatc tttattaata ctaaagtctt cagtaacatg taattcattt atttcagata 45600
tttcaaagta cccattaact cttttaagtt caagataact attatatcta aaataacgct 45660
gttcttctat taacttctct tttgttagat aaggatactc atttataaat ataggattac 45720
ttgttccata gttatctcta atatattctg cgtcctctaa agaatcagta taacctaaaa 45780
cttcataact tgttgtatac actgtatctt cttcccacaa gtcatagtcc atttcctcta 45840
tttcttcttc taatatataa attttttcca tatattactc ccaaatacca ataagatttt 45900
taagcttagc tataacctct tcttctgttt gataagaaaa taccctgta atatgttcat 45960
agttacctac aatttcataa tcttgtgtac catgtttatc tactaagtat gagttattca 46020
taacatttaa actatcttct gagtaactaa aatttatgtt atagtctact aaaaaattaa 46080
taatattttt catttacata acctctccta tcggatattg tcctagcatt cttgttccat 46140
tttcattata aaaagtatat tctactacaa taatattcat catatctaca tatatagctt 46200
ctatatatgg tgtaatattt tcctcttctt gtatgtgctt acctatgata tcatataata 46260
attctgagtg tattctttta tctctcatta tagacctccg taaggaatgc tacagttttg 46320
tctttcaaag atttttctac taattccata gcatctttat agtgtttgat attagattca 46380
ttatacttaa gtttatcttt tacttcttga attagaggct ctactttatt aaccaaatct 46440

706

706/758

Фиг. 21Z

sequence.txt

ttttctttt caatacttac attgcttctc ttattgtcta atacttcttt tggcatatat 46500
ttaacttttg caaagtcttt atagctaaca tttaagttat ctaaatcatc taataaatca 46560
ttatagtatt ctaaatgatt atagaatgta taaaacttaa caaggtcttt accagttaat 46620
tctccttttt ttagtatgtt attaatatta ccgataaccg aatatgctat aggcttaaaa 46680
ttagctctaa cataagttaa aaatataaaa tcatcataaa ataaatctaa aacagtttta 46740
ttaaatctag tatttttagc ttgctctaat tgagcacata aattaagaac attatcaaac 46800
ccacttttta gcactaaaga gataaatctt tctactgcat agtatcttga tacttctgta 46860
tgcttacttg ctttttcatt attcctaaat atagtatctg ataaaggttg aacaactaaa 46920
ctcatgtaat ctttatctga atgctcatct gatgttcctt gataagtact tccaaattct 46980
attgttgata ataagaaact tttttctagg ttcattataa catcctcctt ttatttgtta 47040
tttaaataat aacatatatt gataataatg tcaatactta tatatcttct tctgtatcaa 47100
cttcatcttg tttatactta aagtgttcat agactttaaa tagtataatc cctagtgtta 47160
ttaatcctaa aatatatttc atagtaatcc tccttaataa ccatgtttag ttacccatcc 47220
tgctaaagca tccatagcca tatcatattc ttcttcattt ttaattctta taattttctc 47280
tatttcttcc tttgctttct tagaactaat aaaatcaata tcagtatcct ctaggttagt 47340
taattctaaa ttttctctaa taaaattctt ttgacttggt gttatagaat taactcttac 47400
attttcgtga tttagaaatt ggtaaaagtc catattactc atccttttta acgtattctg 47460
ccatatcttt taaaatactt agtacatact ctaaatctct atattggtca tctaatgacc 47520
ctataatagc atatggtgtc atatcccagg catgtgcaca gtcaaaccct aatactctct 47580
taccctcata gtcataatca tcgtaagtga tacctctatg agcacgtctt tctaaggagt 47640
catattcttt ttcattgata tctgaaggta aagttatata tccatttaga tgaccagttt 47700
cagggtgtct cttaacagtt agtttaactc ctttataata aatatcaaga cttaaatctt 47760
ctcctagaat attgttttct ttttctactt tttccataat gtattgaggt gctttttaa 47820
acataatcag tcatctcctt tttatttata tctttactat acactatttt ttctattttg 47880
tcaacaaaaa aaggctacta attaaagtag cctaaatact aattatttag cattgtattt 47940
ccattgccaa taaccatttt tctgtgagaa ctcaaagtga aaaccatcat agtcaaattc 48000
aatattatag tctccatctt gaagtggttt tgaatttagt acaggactat tactctttgc 48060
caattctgct agaaactcat gatttacttt ttccataggg tttactcctc ctaattattc 48120
ttacagtact aatatatcat aggtcttttt ctaagtcatt tttaaaagtt tcctcgtagg 48180
aactagcgta agtaacctca taacccacta cgttagtata tcctacatat aatgacttat 48240
aattagattt tatcttaata tcttctgatt gttctagctt atttaagact tcatttaaat 48300
catctgagga atagtgttca ttatctattg ttattgtttt tccttgggta tagatatcaa 48360

707

707/758

Фиг. 21AA

sequence.txt

```
tttcttgtat catcatttca tccttttgat tattcattat ttgattataa gtttctaaat   48420
catcaatgtt atctgtatct gaacctttta ctaaccattc tcctctcttc ttaaggaggt   48480
catcaaactt ctcatgctct ttaattatct tttctacctc acttggtatt aacacagccc   48540
tagcatagtt tatatgccac atagacatat tatcaataag ataattaacc attcttataa   48600
tctctttttc atttgccata taccaacctc cttatatcta ttattaatat aagagaaaag   48660
cagacttatt aaaagtctgc ttctttacct aattctaatc ttctattttt catatgagga   48720
atcgtttttt tatttcctgt taataatgat aattctctag ctttttcttt agataatgtt   48780
agtagtccat tataattatc tactttacta ttatattgtc tgactaagta ctctagttca   48840
tcttctatac ctgctagttc tcctgattta actccaagta actttctata catgtcataa   48900
tcttcagaaa gactttctac tttgttttta gatacagaat cataaactgc ttgtaaatta   48960
ccttcttcaa taagtttaaa attatattca ccaatgatta attctttttc agaagagtca   49020
agggtaacta aaccacttgt attacctgta aagtcacctt tataatctac aacaattcct   49080
tcagttattt tatctcctaa ttcaatagtc ccatcttcat tttctttaaa tttatgagca   49140
tcataaactt ctactttgtc acctaatctc aaatcttgag ttaagttatg tttaccgata   49200
attctatcca ttacttaacc tctcctttat taatagggtc t'tgtgttaag aacatttcta   49260
agttctcttt tgtaataggt aaccaaaaat atttactttc cggaattgta actgtataga   49320
agtcttcatc attattaact ttgatgttaa catctgtaaa ctcatcttgc attaaccaat   49380
gagttacagt taagttatat gacccatcac taacataccc taaatcaata tcatgtctaa   49440
aagccaaatc ttctaaatgt tctaataaat cattcttttc attatgtttt tcttcttctg   49500
tattattttt aattgggtta attaactctg tacaaacgat atcgtacaat tcaccatctg   49560
taacctcata gttcttttca attaatacat cttgtatttt attgattgaa tttgtaacta   49620
ctttcccata ttcttcttct gtaaatttac atttatctaa atcaacatct gtaattaatt   49680
ctgcaatcca tttatttaaa attgatactg ccattgttct agaaataata ctatcgtata   49740
ccatatttat ttaatctcct tatttaggtg aatgtggtct tctaatgaaa aatcaaaagg   49800
cgctacacca tttcttttat tatttgtttc ttttttaagt ataacataag ttagtgaaaa   49860
agtcaagata gttactacag ctattgataa aagtttaatc gggtttttca tagttactct   49920
aactccttaa gtttatttttt tactttctct ttatcgtact tataatcttt actagagttt   49980
tcatttttttt ctttctcttc ttcattaagt tctctatact gagcttcttc tacctcttgt   50040
tctttattat cgttattttc ttctgctttt tgaatttcta catttttact attaccacca   50100
tttacctttt ttctaaaaag aaaccaaagt attaataaaa tgatgagtaa aataataatg   50160
cttaatacaa cagcccaaat attattagcc attacaacct acctccgaat agtttttta    50220
```

708

708/758

Фиг. 21BB

sequence.txt

```
cagctcttaa attttcagat gaatcgttat ttatatcaat ccctacgcta gaatcaaaaa 50280
ttacagcatt atcaagtata tgctctgtta atttattacc ataactactt ttacttacca 50340
cactaccata accatgatta gttaggtcaa ccatatcagg ttcaacttct agtactctaa 50400
aagatattct acgtaagaat gaaggattta ctaagtaaaa ggaagattta aaaacattta 50460
atctttgata agaatgtttt atattaacaa caaaccctgt taacttatct tcataccctg 50520
aatttgataa tttacctaag taaaggttta tactatatcc ttttgtttct aatgtttgaa 50580
tagcacttaa cattatagca cctctataag caagattttc agggtcttcc ctccaactaa 50640
tactagaatt ataaaataca tcaataactt tcttctctgc tttaactctt tgctgagaca 50700
tcatagaatt aggtaatcct tttatagcat taggtacgtg aggttgatat ccttccggag 50760
ctacgacagg ttttcttttt actgacttat ccattctaaa taatgcatct gtcatttttt 50820
taagtttaac taccatatca tatgactctc tatcacccct aaccattaag ttataggctt 50880
cttgaaaact atgagtccct gtaaaatcat agctacctgt atcggatgaa ttatctctac 50940
ctgaaactct attctttttt aaagcagaaa agaaatcagg tagaccatca tatttaatta 51000
catttaattc tgagttatct attaatcgtc tacccattga tttgcctcct attctaatcc 51060
taatttatcc ataattgtat caaaatccat tgaatctttt gatgtactat cagattttct 51120
aggttcctgc ttaggctctt gttgcatacc taaaagcttt cttgttgctt ctgtgtatct 51180
gttaccttca ggtaaagagc taataaattg attaatctca tctttcggta cagatttaaa 51240
gataatactt tctacaacaa actcatcttc cattactcca tctaatttac taccattaat 51300
aattgcacgc attgagaata cataaggtaa tccttttca tcattctcat gtcttaattg 51360
ttgtacaaag tttactaggt cttcattgct tgatagttga tgttccacct tagtatcata 51420
gtcaaattca acttgagcaa agcggtctaa tgtagctccg tctaattgtt gtctacctac 51480
ataaatatgg tctgctcctg ttcccatagt attacctgct gacacaactc tgaaatcttc 51540
atgagctgtt acacgtccaa tagggaagtc aaagtattta tttgcaatag ctgaattaag 51600
aattaatagt acttcaggaa tagatgcatc catttcatct aagaagaata acccaccttt 51660
tgtaaatgct ttatagaatt gagtttcatg aaacttacca tttgcatcaa taaatcctgt 51720
taatttaaat tcttgcgtaa ttgcattact aaaatagaaa tctaaatcta gggcttctgc 51780
tacttgttcc aatacatggt tcttacctga acctgctcca ccttttaaaa atactggaat 51840
attttggtta actagcttta gtatatcttg gtatctataa tgaaagattc ctgagatatc 51900
tttaattgtt tttccttctt gttgtaattc aattttaact ggtaaattac taagttgttc 51960
ttctacatat tcttcaattt gtttttaac gtcagtaata ataatttctc tactctcagt 52020
tcctgctttc tcaacaattg catctacaat tgcttgttcg tacggattag agtttttctc 52080
tcctagtttt tttgctaaat ctgctgttgt ttccatttgt tgctctacca atctctctaa 52140
```

709

709/758

Фиг. 21CC

sequence.txt

tctttcaata gtatcttgct ttgccatatt tatcattctc ctttgatttg ttatacattt 52200
attatattac aagtatttga atttgtcaac aactttctaa aacttttttt agttgctaat 52260
aaaaaaatac cttacaccta taacttaaca tagggtaagg taattgtcaa cacttttgtt 52320
aaaaatacat taatttaaaa aaatcatcaa tatctttagt ttcatgtgta tccatatcat 52380
acataaacat acaattatat gtatgattat tcattatttc taacatgtta tgcatagaag 52440
ttgcattatt gaattcctct aaatcaatag ttaccgtaag ttcttgacct tcataaagta 52500
tgtttgctat ataatatttc ttaacacctt ccattgttcc atgagaagtt tcattatgat 52560
taagtacttc tacacctagt gaaggtaaat attctgaaaa gtaatattta cagaaatata 52620
taaaattgtc tgttctttta gacacgagta ctatctccgt actttatatt tctttctaat 52680
cgtacataat atgttttaat tttttgtact tctttatcta ctgcatcctt tcttcctaac 52740
cttgtagtat attttacaat attaaatatc atagaatcaa caaagccatc ataagaaaaa 52800
tgttcttcta gaaaagaaat aacatccttg ctacctttat agtgctcagg taaatgtgca 52860
tctacttgta tattataata attttctaaa agacctatac tctcaccaag actagacaaa 52920
gcgtaaccta aatcatttga atcattagac cattccttag atactgatag tgcatcttct 52980
ataattgtta cttttaattt atctaaataa tcttctactt gagcttgtgt tttcataaat 53040
tcttttgcgt tcatgtaata ccctcctaaa ttatataaaa aaacaccctg cttggctaca 53100
agcaaggtga aaaaggaaag atattatgga agtgtactat ctaagtacac ctcataatat 53160
aacagttttc cttgctagtt attacttatt ttttaaggtc ttcttctttt acaaacactc 53220
cattaataag cttacctttt ctgtctttta tctcatcata agccatatca atacactctt 53280
caatatctat atctaactgt aagcatagta ctgttaatac tacaaaaata tccccaacac 53340
tatctcttgt tacatggtca ttacttttag caatacctga agctaattct cctgcttctt 53400
ctaataattt tagcatttga ccctcgggtt tacctgtttg taagtttcta tcttttgccc 53460
attgtttaat aagttctact ttttccatta ttctatatct cctttaattt ctgtatcttt 53520
gataattagg ctatcagagt cacttgttac atttaaatta tcttcaacta attcatgtaa 53580
attattagta atatcttctt catacctata acctacacga acataagctt taactctgat 53640
atctatatta acataatctt cttggaattt ttccatttct aacttccttt attgtatcat 53700
attattatac tattgtcaat taatctgagt agtttccttt agcaagttga tacttttttgt 53760
gtaattcttc atataattct ctcatacctt cgtagtttct catatcatct tccaagaaac 53820
taagataatc taataatact tttacatcct caggttctaa agttataact ggttttacca 53880
ttaggcaacc tccttaaatt cttctttatt tattttctta atatcttttt ctaatgcttc 53940
ttttaattca ttaggtaatt tataggcatc aattgattgt tgttgcccta gtacatatcc 54000

710

710/758

Фиг. 21DD

sequence.txt

```
attatctgta atacgtattt caactgtaaa ccatgaatta tctaaatctt cttctagtct    54060
tgctaacaat attaagcaac tgttctttat aattcgatta gcatacccgc caacacaatg    54120
agatagcatt ttaccttcat ttttcagttt acttacggta tctgcaggaa ggaattttac    54180
ttttctacca tcttttaatt tataagtttt atcaattatt ttttctaatt tattttcata    54240
tttagattta agctctgcat catctaattg ttgttgaata gattgtttct cgtctgtaac    54300
tatatcatgt tctaatttta gagagaatgg tgttaagtta acactttcta atgttctata    54360
accttctcgt attaatattg ataaatcatg aagataatct aaatagtagc tatccagtgc    54420
atatcctgtt atacgttgtc tatcttgagc atctacatct aaataatgag tcatttttt     54480
gtaattagca aaagatatag ataatatttc atttacaata ggttttactt ttaaagcatc    54540
tgtaacattt cttacatcct gaaccattaa aaatgtatca tcaaatagtt gatgtagatt    54600
aacttcattg tgtaaatgat tatagtaatt atacaatgta tctgaaaatc ttaaataatt    54660
actctgttca aaattattta atgttagtaa ttttttatac gtttgctttg taagattaaa    54720
tgcttcatgt attttccact taggattttt aggtatatga aatagtaatg aatttctttc    54780
aaataattca aattcctcta agttatttat tttgtcaata tttttaacaa tatctgttaa    54840
gattgttaag taattagaag ttgaattttc tcctttgagt ggtttatatt tgtttcctcc    54900
ataatttaca cgcccatata catcaacctc atcaaggcac caactagaaa gtccaaaacc    54960
atcatttctt aatgtttctt caattatttt aataataaca ttcttactta aattaggtgt    55020
tgaataattt tttaaaataa catttaataa aacagccaaa tttaattcat ttttatattc    55080
acttttacta atatcgtctt tgtatagatt taaagttatt tctttattaa caagactgtc    55140
tgttaagaaa accttaactt ctcctgtttt aacatcaaat gaacttttat tttctaaaac    55200
ccatctattt cccatattat atttatctct aatgtgtcta actttaagac caaaagatga    55260
actattctca gtacttggat gcatgtacca agtactactg tacaatgaat ctgatatttc    55320
cttataatac ttactagagc ctttttctgt atcttcatta agtctggaag taatagatga    55380
ctttattaaa ccgtacttac cttggtataa gatatccata atatcattat tcaaactatc    55440
tactacttcc ttatactcat ctaattgtct agattcatac caccttaaac gggtttcatt    55500
ttctaattct ttaatttttt cttctacata acctttagat tttatttgtg ttatacgttt    55560
actaccatat aaaggaaatt cttttctttc ttctctactg gatgcaatat attctttgta    55620
acttcttcct ttatttttctt caattacacc ttcaactaat ttttcaattg tttcataagg    55680
attacctgta aagtttgtta cttctttatt accacatagt gctaagaata aatgtatttc    55740
tgtagcagta tcaaaactaa atatattatg aatatctcta aatagttcct tagagcctaa    55800
gttaattata ttatttttct tcttcttaag gaatacatct tcttctccta tatagataca    55860
tcctttatta actttaggta aattaataat ttcttgttct gttaatcctt tttgtttata    55920
```

711

711/758

Фиг. 21EE

sequence.txt

```
tgttattgcc atttaaaatc actccttatt tgttatgtac taatcatacc atagtaaata    55980
atatttgtca acaaaaaaag aagaactttt taaagttctt ctaagtgagt ttcgtagata    56040
acctttgaa ttttatttaa tggtttcaaa tctaaattac gaataagttt ttcgtacttt    56100
ctagaatttt taaaattgat agtatttggc atagcaagag cctcatcaat gtctttagta    56160
tagcttataa catctgaata aatatctact tcttttacat atagaccttg agttaaactt    56220
ttaaatacta cctcattatg tgctacaact tcttctttct tttctatgct cattttgta    56280
aacctcctgg tctattctac acaaacaagt acgtactcta aactagttaa tgttactgat    56340
ttaatattat ttaattcttg taatttctta atatctacac catagttttt acttatagtc    56400
cataatgtct ctcctgctct tactttatgg taatacttat tcccttcttt aataaggtca    56460
ttcaatatta cctacctcct tgagtaatag ttagcttgta gataacatat aagtataaga    56520
acaaagttta caaattcagt agctataatg tgaacataag tatgtgataa aaccatactt    56580
aatattaatg aagctaatcc taatccaata ataaggaata gaaatctgtt tgttccttct    56640
gcacttttag ttttatagaa tgttgttatc tgagttacat acgcaaggat aatagtaata    56700
gttgcaatag tttgtgttaa ggctgtaaag tcacttaata aaaatagtaa cactgagaac    56760
acaataataa aaggtataga gaaataatcc ttttttctat acgaagctac taataagcaa    56820
acaataccaa gagttaaatt aacaccaact gatactactt gaaacattgt agcgtcagtt    56880
ataagtaaat tgtaaaagct aatacctact gtagctacaa ttaaatacca aaaataacta    56940
ctaactcctt taacactatc tgatttaact aaagctatta gacctggtat ataacctact    57000
gtaactaata tagcatataa tatacttaag taatgtgata agttatccat cttgtcctcc    57060
taatttctct agtcttttta aaacttcttc ccaagaaata aacccttctc cattagttag    57120
gcttagcaca catccgtaaa taaattggtt cgtactaaat tcagccctat cagggtcatc    57180
ataacctttt ccatgtcctt gacgaatatc agagcaatag attaaaacag gtttatttac    57240
aatattataa gcttctaaaa tatcatattg tgttaagggc tctaagtctc taaagtctat    57300
atcttcatat ttatcaataa ttttttgagc ttggtgtttc attcctaata aaataccaag    57360
ttctgcaatc gttcctagcc cctcattaag aatgtcaaat acaaaaatat ctgattcttg    57420
catagcttta aaatcattgt ttaagatacg ttcagctaat ccagtttgtt ctgcattagc    57480
tttatcgttg attgatttgt cctgatgagg gctataagga gttactccta caataccctc    57540
tacttgttcg tgttgtttag ttctatattc taccatagct tggttaagta gatgacctcc    57600
catgtaacaa accttatctt tagtataatt aaccatctat agtatctcct ttttcttcta    57660
gaatacctct taaaatgtgt ggcatctttt tcttaatttg tttttctata attttcatca    57720
tattttcttt ttcttcttcc atgatatcat caacaaaatt ttgacctact tgtttcataa    57780
```

712

712/758

Фиг. 21FF

sequence.txt

ttaaaccaaa attttccaat tctaaatcat ctttagacaa tctgttttct tctatagctc 57840
taaaaatcat tttttccatt cttgattttg tgatagcata atctgctaca gaatcattac 57900
ttctaacttc tgatttcatt ttcttacgac taaactcttt aaattcctta gatactaatt 57960
taaaataatc atcatgttct gatttaccat ctaaatattt aataacaata ccttctcctg 58020
tattaggttt aacagtcata tctgattttc ctactaaatc ttgaatttct tgagggttta 58080
atttattaag ataaaaagat ggttctataa tcattaaagt ttttacagtt ttcaaaccta 58140
atgtttctga taaagaaatg acttctgaat aaggtaaata ggtttcacta tccttatcgt 58200
atacatcgaa tacataaaaa ttattataac actcttcttt ataatttacc ttatgtttaa 58260
ctaaccattc tccaaatata ataatacctt ctaatataga taaatctaat ttatctgtca 58320
tgttttcatg tacccaatta taaaaaccgt ttaatgtttc gttttcattt aatttttttc 58380
tacgagagaa acatactaac tcaccattct ctgtagtaaa acttgcgttg cttccatcta 58440
atttttcttg aactacaaaa cctctatctt taaatttgtc taaagataat cctttatttt 58500
ttactttagt ataagatttc attaattagt tatcctcctt tgaattatgt actattgaaa 58560
ataaaataag acttacactt gccaaaaatg ctaatactac taaaccaggt aaatttagaa 58620
ctgttgataa gaataatgct actgcactta taacataaac tagaccgcct aataataaag 58680
ttaataatac aattgttata agttttacca accagttatt attaataaat actttagcta 58740
aataattcat aaaaaagcct ccttagttat tataatataa gtataccata tctaaggagg 58800
tttgtcaaca tattatttta ccatttgaaa ttatctgcgt attgggctaa cttagaacgg 58860
aaattaactg taaaattatg gaatactgca ccatcatatt ttttaaaata ctccatgtaa 58920
tccccaaaac ctgatttact ttcatttttt aaatctattt gtttaaagtt accttctact 58980
attacagtag aatttttttgt atgaaccctt gtaagaactt ttttaagttc actacgttta 59040
aagttctgtg cttcatttat aattatagta gaatctctta gatttccacc tcttaggaat 59100
agatgtgata tttgagatac ccaacaatct cctagtttat cttctttaac attatcttcc 59160
atcattaaca tttcagttat ttgttgttca ggattcatat taagttcaat aagggcatcg 59220
tgtaatccca tgaaataagc catttctttt tctgtctgat tacctggtct gcttcctaaa 59280
tcctctgata ctggtgaaat tataaatact agctttctat ctttattaag atagtctgcg 59340
taagcacagg ctactgagca cattgtttta cctgtaccgg cttgactctc attccaaagt 59400
atttcaacat tatcattaaa gaaatcctca cagaaatcta actgctcggt tgtagctttt 59460
tcaaggaatt cattaaagac tagatgttct cccatgttgt atcttacatt aggataatct 59520
tttaacttaa agtctaactc ttttagttgt attgccatat tttaaagttc ccctatctat 59580
aaatagtttt actctctttt aatatagtac taatttccga tatattctcc tgttgaagag 59640
caataattac tacattcaca ttcagggtag ttatcacaaa cttcttcgtc ttctacatca 59700

713

713/758

Фиг. 21GG

sequence.txt

tcataaccaa tatcataatt attataatta aaatctacaa tacaattttc actattacct 59760
ttagataatc ctgtataaat aatatcatcc acagaatccc aatcgttatc tgccaaataa 59820
tttacgctat ctaatactga ttcattatca ggtaaataaa tactaccgtc tgaaaattta 59880
attagaatat caccttgagg taaagtatca ttaattaaat caatctttgt ttcttcttca 59940
atagtgaata cagttccttc taatctttcc ggtgtagtat gcgttaaatg ttttacagta 60000
tctcctgatt cttcatagaa tcctactgca ttcatatctt tattatattt tgcaataaat 60060
ttaccattgt cacttaccaa atattgacta gttgaattat agtcgtttgc gtcatctact 60120
gtcatgcaag ggttataatc tttaacataa taactaattt tcctaacatc tgttgtttgt 60180
actttcttac cttcaccttt aattactgaa ttaatttttt tcataatatt ttctcctttt 60240
tatatatcaa ttgatttttt tgcaagatta tcggcatagt cattccattt atcatttgaa 60300
tggctcttta cttttacaaa atttatatct attacttttt ggtattctct tatcatattg 60360
atatatgttt tacttagaat atttcttgca gaccaagtac cttcatacca atgtattaaa 60420
ccaatataat ctatataaac tattgcctga ttgtatccta gttttatagc ctcttcaata 60480
ccataacaac aagccaatat ttcacctgca acattattat actttattaa tcctggtttg 60540
tcaacacttt tactaatttc cgctattata tttccttctt tacttaccaa gacagcacct 60600
gagcctactt tacctttatt atatgaggag ctaccatctg tgtatatatt tacactatcc 60660
tgcatattta taatcctcca taaattgagg gaattcacaa tctgagtata cttctctaca 60720
aaaagatact gagatataat taaaatcaaa acatttgaaa cagtgttctt gaacttcttt 60780
tttatcttta gcaatcacat taaatttaaa accatcagct attactgtaa atactccttt 60840
tttcataaaa caaatacctc caccaatttt attttaaatt aataactaat tcaataaatg 60900
atttaatagt tttatttttа ccttcatcaa tatctgaaaa gaagttaatt aaactatcat 60960
cctcatcaaa taaatcttca acatcatcaa atttatttaa tatgtctgta acactataac 61020
cttcttctga tatatactca tgcaagtctt ctccatcttc tgacagtgtt gcttctattt 61080
taccattttt actttcaatt aaatataaag tatttaacac tttaacagaa tctacaacta 61140
cactgtagtt actaatagta ggatattctg tataaagtat ttctacatta gtattcatat 61200
aactatcaat tacagagtta actgtatctc tttttagctc agatacatta tgttttcgta 61260
tagtagggaa ttcttcatca tattctacta attcttttct atctgtgttc aataacttgt 61320
ctaaagaaga caacaatact attttatact ggttatcagg gagactatct gtaatttcca 61380
ttattgttaa aaacgtatct tcacctagaa ctttgtttat atcttgtaac tcaaatgaat 61440
ctaccatttc aatagtatca tctatatcat ctgtagtcat taaaaaatta actaaattat 61500
tattctccat catcttcctc caattctttg aataactctt ttcctggagt atttaacgct 61560

714

714/758

Фиг. 21HH

sequence.txt

```
ttctctaacc gcattaaatt agcgcttctt ggtttctttt ttccatactc ccaataagat    61620
ataagagagt aatgaacacc tatctcagaa gctaggctcc ttaatgtatg tccttttttct    61680
actctaattt tttgaaggtt tagaggttta ctttcctttt tttcatccat aattatttct    61740
cctctacttt taaaaattta aaatcctcag atgcttttgc attttttagt atatactcgt    61800
gtgacttatc tcttgcctct gccttgcttt tagcatataa ctctatatga aatacatgag    61860
gtttttttaa agacggtgat tcatatctcc aataaacttt aaaaagtagt gtttcttttt    61920
ttaaaacatt aattcgaaac catcttttaa atttattcat tcattatcct cctttattta    61980
tttgttaaac taattatagc atagttaact tatgaagtca actataatat acaaaaaaga    62040
ctaagaaatt aatcttagtc taaatcgtta ctaatagttt ccgttggcat tatggaagtt    62100
taaagctcct gatgttgaac cgtaacggtc aatcatatat tgttttgcac ctttagtttg    62160
ttctgctata gaaccaccac tccatgattt acctaatcct tggaataacc cttgggctcc    62220
tgatgttgga ttaacagcat tcgggttcaa tgtagattca cgcatagcaa tttcaatcat    62280
tgcttcatct ccgcctgctt gtctaatctg ttctgctaca gaaccacctg tacttttagt    62340
agctgtagtc ttagtttcta ctttaggagc ttctactgac ttaggagctt cttgagtagt    62400
tgtttcttgt ttaggttgtt ctactgcttt attttgtgta tcaaattgtg cttgttgttg    62460
gtctactttt tgttcaggtg tttgctcttc tcctgctaat ctagatactg tattatctac    62520
ttgagttgaa cctgaatgat attcataacc aaagttacca ttataattat agaaatgata    62580
agtaaattca ccatcactaa atgagaaatc ataattacct tcttgaattg gttttgtatt    62640
aacttctact gaatttgatt tagcttgttc tgctaactta ttatagtcaa tttcgtctgc    62700
actagcttcg tttgtagcca tacctccaaa agtaatagct gtacctaatg ctaatgttgc    62760
aaaaattgtt ttcttcataa atttaaaact ccttaaataa ttttttagaa ttgtttattt    62820
gtaaaccgac ataagtaatc ataacatata tctttaaata acgcaagtat aatatagcac    62880
taattagtgt aatattatta aggttttatt acaaacatta cagttatcag ataattaaat    62940
acaaaaaaga gaggtattaa cctatctaat ttattatttt cctgttacat ctacaatagt    63000
tccgtctccg ccaatttgaa taggttgttt tccatcccat ttttcaatta gctgttgttg    63060
taaaacttca tctgttaatg attcacttct gatatcatta gctttcttct caccttttgc    63120
ttctacttct tttttcttag cattttcttc agctatctgt ttatcgactt ttgtacgttc    63180
taattcttga tttgctttta ctctttcgtc aattgctttt tgagtattct tatctgcttt    63240
aggactagat aatgcaatat cttcaattac aaatccttgt ttttctaaat tatcatttaa    63300
gctatctaaa gtatcttttt taatttgtcc tgttttaaca ccaaatgcat caattactga    63360
gtacttagat actgattgac gtacattatc ttgtacacga gaacgtaagt aacctttttc    63420
taattcttca atgtcagcac taccaaaacg attaaataag tctacagctt tagttgcatc    63480
```

715

715/758

Фиг. 21II

sequence.txt

```
tactttatat gaaacatcaa tatccatttg taaattctta ccgtctgaag ttgccacgtt    63540
taaatcttta tatttatgtg tttgtgtttt agttggatat ttgtttacct tatcaaaagg    63600
tgctgttaag tgccaacctg gtgatttagt atcttcctta acaccattta ctgagtacac    63660
aactccaaca tgaccttgtg gaatctttgt aatacacatt aataaaataa taaatcctat    63720
aattgctaaa aaccctatta ctcctgaaat aactactgac ttcctcattt acatttctcc    63780
tttttctatc tcttttatta aactatttaa agctttttcc tctttgtcta tttcctgttt    63840
gtctgctttg gtaacaagag attgcctacg gtcatttaag aattgttttt tatattttac    63900
atattgttct aaaccgtatt cttctaatgt accttgccta actaattccc tgtattgttt    63960
tcttatgtta cttttcttct ctctcattga aagaaaatca aatacgtaac tcataccaaa    64020
acctacaagg actagaaaaa caataaaaat agcaaagtat gttaaaaata atgccatgta    64080
attcctcctt tatttgatta catatataac tatacactat gtattacgtt ttgtcaacac    64140
ttttttgcaa aaaaaataga cggatttaaa atccgtctaa atttatactt tatttaaata    64200
ttgttatact tttagtttct tcatactctt tcaacattct atctctaaga tttattgctt    64260
cttttatact atctacttga tatgattggt accttatatt atttcttgtt atagaaactc    64320
tatatttacc attagttctt tcttgtatgt tttttaatcc ttctagttta gagggtctat    64380
taactatatt ttcacttcta gtagtccatc tacaattttc cggagaatag ttaccatcat    64440
tatcttttct atctaattgg tatttatcag aaggtctttt acccatatca tataaaaaag    64500
attcgaaaga gtttttccat ctatcacaaa cttcaatacc tcttcctcca taatatggat    64560
aactgtcttg atttttgtta tagcatcttt ctttcatttt tctccatact gtatactcag    64620
gatgtttttt agaaccatta cgtgatttca tacaaccaca acttttataa tagtataatt    64680
gacttttaga taaaactcta tccataccgc aatcacataa gcataaatat aatttacctt    64740
taatcttatc tgaacctaca tattcttcaa caaataattt ttctattttt ttacctataa    64800
tattttccat aaaatctctc ctttgaaaat attataacat atatataagg ggtattgcaa    64860
ccccttttatt tattaaccttt tgaatacacc ccaggcaact ccaggtacat gtgaaggtgg    64920
aacaccttga caagttctaa cagggcaata tactctgtta ccattgtaag cattataacc    64980
tatccaaata tgacctgctt ggatacaaac ttcgtcatat acaattgtag cccctgccgg    65040
taagttaccg cctactggag catttaagaa tggagaacct attctagtta ctataggttg    65100
gttaccatta acaaatgttg cattttccgg tttataccaa gttccgtact ggttcttttt    65160
ccaagagcct gtaactggtc tagttgccgg tgtacttgcg ctacttgttt ttccatcttt    65220
aactactgta gaacttgaag tccctttatc catgtagttt ttaatttgtt taatgaaata    65280
atcttttaat ttattcatta ttgcttgtga tggtcttcct tgtgttactg gattaaatcc    65340
```

716

716/758

Фиг. 21JJ

sequence.txt

tgtatgaaga accatagaac ggtgagggca ggcagttggt acaaattcca tatgcaatct 65400
tacagtttta cggttaggag taagacccca ttctttaaat ttctccgctg taaattggaa 65460
tactgcttgt tcatttttaa ggaattgagc atcactagca ctcattgatt gacagacttc 65520
aatacctgca aatctaaagt tacctgagtt tgctcctgtt ccatctcctg tgtgccaagc 65580
aatttgattc ttagcatcta ttgcttccca tacataacct tcagagccgt agtaatgagc 65640
aataccatta gcgtatctag cataacctgc attagctaat gaattctcgt attgttgtcc 65700
tgaagaacga cctgcatcgt tgtgtattac cattccttca ggtttttac cacgtttatc 65760
cattgtatag ttaatgtgat tcttagaaac ttttagtgtt gctttctttt taggtgcagg 65820
agttttactt gcgcttttct tagctgtttc ttttttaaca gtagttcctg cttttacagg 65880
tatttcaatg aagtgagtta atccgtaata attatctaca cgttttgtag gttttttatt 65940
agcataacca ttccagtttt gctctaaaat agtaaacgta gaagtattac ctccatcata 66000
tacaatacct atgtgacccc actgttcata actaccggat gtaaataccg caatccaacc 66060
ttttttaggt acagtagaag gtttattttc atgtatttta aatccagtac cataactctg 66120
tttaatttgg tctttagcat taccccaagt tctaacttta ttatctgtta accataaaac 66180
atagtctgta ataaggtctt gacactgagc gtgatagtaa ccatctgcgt caatggctcc 66240
tgcttccatt acaccaaatg atgggtcata acttgtagct tttttaactc tgtaagggct 66300
atctactgtt ccttttgcat aagcgtctaa acgtttattt atttctgctt gagtcttagc 66360
cattacttaa cttcctcctc tgcaaatact ttaccatgtt cctcggtatc ttcttcatct 66420
tgagaaggtg ctgaaccacc atcaatttca tcttcaatag caggtacttc atcactatca 66480
tctgtgtcag gttctgcatt gttttcgtag ctgtctatct caaaagtact agcgttattt 66540
gcatttgctt gccattgaac gaattcatta gggtctttac tatcacgagg tttaagatag 66600
tctgtttgaa caatatcact atctttaaga cctttagtat tattatcaac aataatacct 66660
aaacctgcta atagtgttag tatagaacct acaatattta caccttgctc aatttgagct 66720
gagtagtcta aaccgaaagc acctgtaatt tggttagcaa ataatgctac tgctgatata 66780
attgctaccc aaaatgtttt gctcttagtt cttgtgctaa ggtttattcc tccaacaact 66840
ttaggttgtt tagtttcatt agccattaaa aaaccgacct ttctattata tttatttcta 66900
acaataatat aacagtaggt cggtcatgtt tatctatatt aatttaacac ttactcatta 66960
atttggttta gttttttgat aacttcagac atttgtttgt tatctaaatc ttctaattta 67020
gtttcaggaa gtagctctaa cttatcccaa acttcttctt tattagatac tttattatta 67080
ataattgcct taccaactaa actttccgta taatataatt gttttgctga tgccatttgt 67140
atctctcctt ttaaatatgt aaagtatata gctagtatcg tatcctagga acaaacactt 67200
gcgctatata ctcaatgaaa tcctaccctc attcgaggac acagcaaacc ggttcgtcaa 67260

717

717/758

Фиг. 21KK

sequence.txt

ccgcacatat gaattctcag atttcattta tgtaaaacac accctctttg atttgcacaa 67320
agactaaggg ttttggagac ccttgtacta ctaattatac taagggtgtt tattatggtt 67380
tctattggat ttgaaccaat gacacctaga gcttcaatct agtgctctac catctgagct 67440
aagaaacctt aaaacgaccc atacgagact cgaactcgta ctctctgccg tgacagggca 67500
gtgtgttaac cagttacacc aatgagccaa aattataatg ctatacccta accttacctt 67560
aatgtatagc aggtttttat ataagctcga agcaacgatt attaccactc ataacaacta 67620
tatattaagt gaaaggaggt gaaatgaaca aaacgtggta attggtactt atataggaaa 67680
tatgtataat ctacaaggag taagttattg gttcataaag gagtgtgaac aataaataca 67740
tgaaagagtg aaagtttact ccctgtagat tctttttaa ttatcaatca aaggaggaaa 67800
ctgataattg ttaataataa actataaaga ggaaaatatt tatagtcaca ttctgatata 67860
atgcaactaa atatccaagc ataacccgtc tcacgaggaa cctacctata agacctgtta 67920
ttaagtgaat cactacgatt gactctatta aggagctacc ttaagtccat ctcacgcaat 67980
ttaaaaggga cttacaaacc gtaaaacggt aataagttta ttaaataatg tgatattaac 68040
atattagtta ataactttca catggtcgaa gaaaagtaaa tttatttgat taccaaatta 68100
tttttatcaa atatagctct tttgaacctg tagatttatg ctactcatac tgataacctc 68160
tattatctaa cacatttctg tgctccaact acagttagtc gttacagcgt atctttctag 68220
gattccgcta agaccctaga aagaaattaa accctagccg ttatcatact ctacagacct 68280
tataagtaag taccaagtat accaatcgta tttaacaata ctaatgacga cccatcctac 68340
cgatatatct ccgataggtt ttgattcgtt tgattatctt gtaccttatg actaccaaat 68400
cattattcag tcactatgct cagatattta gttgtattat ttatatatta attataacat 68460
aatttttatt acttgtcaag ttaattttaa aaaaaattat agaagtaggg acgtttacct 68520
acttccattt aatttacaca aggatgataa cattgttatt gttttatact ggaaaacaat 68580
gtaataaaaa cagtgatgtg taaggtattt gttttattgt taattacatt atagcatata 68640
ctgatacctt tgtcaagtta atttaatact ttttttaaaa tattagttat cttttgttaa 68700
ttcttcctga atagcatccc atcttctttc tgcttcacta cgattatctt ctatatgctt 68760
tgtagtttta caacatttaa tacaatatat atctttgata tgaccttctt ctcttttatt 68820
tgctcttttt cttggtactt tgaatacatt tccacattct ttacatatta aacttgagta 68880
aaacattttt tgtcttttca taattaatca attccttttc tcttttattt gataatttaa 68940
ctatatacta tactgataaa taagtcaaca gttttctaaa aaataattta aattattttg 69000
aagaatcctt taatatcagt acttacaaga gaaaaagtac gtatttagaa aataaggagt 69060
actcctatta tatataatta tattctgata tacagtaatt aataatatta aatatataat 69120

718

718/758

Фиг. 21LL

sequence.txt

tataattaat agggttggga aaattgatat aaacataact gatactgttt ataaatactc 69180
agtataaaag taaaatccct tagtatcagt acttacaggc aaaaaagtac gtatttagaa 69240
aataaggagc tctcctatta tagttatata tatatattta ttactattat taattactat 69300
ttaaatatat aattataatt aacaatgtta gaaagtcaac aatagcataa ataaaaaagt 69360
gactacttaa agtcactcaa taattagaat actattttaa aagattctat tctgtttgga 69420
ttaatatata cttgaggtga agttatagca ctttcagtat atacttttat agaggtttca 69480
tccattcctc ttaacatata atctatatct tgcctattgt aactcttttc atcagtagat 69540
actaaaaagt atttagctcc acttgacatt gttatttcaa tatgttttga catctacaat 69600
ctctcctatg caaatttgtt aaagacaaag gataatatag ctcctagaac aagtaaaaga 69660
accttctcag ttgtatcctt tttcttagta tccttagttt ttgtactttc agcaagttct 69720
gaaatctttt catcaagtct ttctaattgg acgtaaattg ctgattgttt ttcactattg 69780
acagctacat ctttatctat actaactatc atttttctta gttcagctac ctcaacttct 69840
aaatctttga aagttcctct atctatataa ttaccttctt gtatcttaga cttaatagtt 69900
tctacttgag aaacaaggtt gtttatctcc ttatccaact agaatcacct ctaaggtcta 69960
accgtttcag attcagaatg gatatcataa ttttctaaga aatcattgat aatctccata 70020
taattatccg taacgacttt tccgtaagat gtttttgtat caatttcgaa tctaagttta 70080
ccgaagtctt ggaggtctaa ctcttttatt acaatattcg ggtcatcaga aggaaggtaa 70140
taatagtcga agtatataat tgagccattt attagtagac ggtctattct atacatatga 70200
aagaatcttc tgtctcgttt gaaatgagct agtgaatctt taaactctaa cttaagtata 70260
tccttatatt tagtcaaagt ggtaacctcc ttactattaa tttttaaatt tacttatttt 70320
gtgttataat agttatgata aaggcagtta ttataattat attaagaata aagataataa 70380
ttatttttc tgagaaaata agccaaatac tacaaacaga taaaacatag atagctgata 70440
gatatactat attaatagtt accttacttt tatcttttct atagatagaa taacctaaag 70500
aagttgtaac accactaagt ataaaataat agaaacaaaa aagaggtata gacagaaaaa 70560
aagatacgat aatcattgtt aaacacctat ttctttttga cctattattt ctagaacttt 70620
tagattatac cactaatata acattaaaag ccagtcataa aagtcaattg ttagattaat 70680
aatataataa aaaaagacaa taggaggtta aagtggttga ataataacat agctatattc 70740
atattcaaaa cattggttat cattatattc ttactgctat ttttgtctgt tgttaattcc 70800
ttatccctta tttactcaat aagaccgagt gtagttatgg catactttac ctttggaggt 70860
attgtttctg atgtcgcact tactatgaca gataagttct tacttaagaa agaagaccct 70920
ctacctgagt atgttcttaa aaaagtagag ataaatgata aagaaataag cataattaag 70980
aaaatcatag aaagtaatta tgatataaca tcagaagaga taaaagttag agctaaagca 71040

719

719/758

Фиг. 21MM

sequence.txt

caacagagat tagaggaaga tagcaaagag gaagataacg atgaaaacga agaaagaaat 71100
taaagaacaa aggaaagaac ttaaagacgg tgctacaact gtttctttag taaaaaaagg 71160
ggataagaga atagctagcc ctagtagaat ttgtagttta tgtggtcagc agttatcagg 71220
tatgagttac actaaaggaa aagcattatc aaaagttaat cattttcatt tacagtactc 71280
taagtacatt tattttgata tttgtgcaga tattaacaat tgttataaaa atttaagaaa 71340
acgaggtgaa atggattgag tgcagaaaat attagagata taattaataa gaaaaagtta 71400
gaagaagagg atacaagaaa atatatagct gatggattta tgaatggtat cggtaaatta 71460
atgtatgaat tcaataaaaa agtagataat aaagaaatag aagttaaaga ccctaacgat 71520
ttatataaac tatttgtgat attctctcaa atgcagaata tggttaatga aacttctgaa 71580
ggtggagcaa tacctcaact atctagacct caacaagaat tatttgaaga gattacaact 71640
gaagatagta atggggagtc tactgtagac ttacaaaaaa tatcagaaat gtcagcagaa 71700
gatattacag aaatgatttc tgaaaaagag aaagtaatga atgaggaaaa ttcaaaaaca 71760
ttctaagggg aaagatataa catggatgga aaagaactaa ttaaaatagc acaagaaaca 71820
tttcaaacag aaaaaataac aagagagcag atagaccata taatcaatat gttaaaccct 71880
tctacctata tgcttaagta tcacacgcta agaggtcacc ctataacttt cagtattcct 71940
aatagggata gaagtaaagc acaagcacac cgaccttggc aagtccgtaa acatactatg 72000
cggactataa acctttttcta aaattggaaa ctcctaacaa gtgaagttga ggacaatcaa 72060
ttgctaaatc gtaactaaga taaatatttt aattacgtaa atgcctaacg actaaatttc 72120
caagtaagca ataaaatggt attgtgtaga attggaagag agggaaaccg taacgaaaag 72180
gacttttacg cctaactgta aaagtatgat atagtctaat cccctaataa atatcgggaa 72240
accgagggta gtaaatgata gtaaatgaca ctcatccaaa caaagcagtt attaaaagca 72300
gacaattggg gcttagtgag atgggtgtaa tggaaatggt tcattttgca gatatgcata 72360
gctatgccaa tgcaaaatgt ttatatacct ttaattagag aggcttcacg tagcaatgcg 72420
tgttgaaaaa ccttgttaaa cggggaaacc cctaacgtaa agacgagggc aatcccgtgc 72480
taaatgttga ctaacctaat attatatgat atattagtta tagtcagcta aatgccgaac 72540
gactaaattt ctaggtaggt atctaaatgg aggtactgag aactagataa aaaaactact 72600
taaaataatt agacttaaaa aaatactgtt ggaaggagga tatttaatgg gaaaaaaatt 72660
aactaatact gagtttttaa atagagtatt tcagttagtt agtgatgaat actcattttt 72720
agaagagtat aaagggagac ataccaaatt aagatgtaaa cataatttat gtagttacga 72780
gtgggatgta gaacctggag ctttttttagg taataagaac aaagcaggaa gtagatgtcc 72840
tagttgttat ggtaatgtta ctaaaacaac agataaattt aaaaaagaaa tatacaattt 72900

720

720/758

Фиг. 21NN

sequence.txt

aactaaagat gaatataggt tactttctga gtatattaat gctaaaacaa aagtaaaaat 72960
taaacattct aaatgtggta atacttttc tatgacacct aatactttta taaatggaag 73020
tagatgtcct gaatgtaacc ctcaaaaacc gtataataca gattctgcta aagataggat 73080
aaataaagaa acgaatggta cttttgaact agttagtgaa tacaaaggtt gttatgagct 73140
tatgaagtta aagcatcatg aatgtggaaa tattgtagaa ataaatatgc agagtattga 73200
tagcaataga ctaaattgtc cttattgtta taataggtct agaggtgaat tactagtatc 73260
ctcatttctt ctttcaaaaa acataccatt cgaagtccaa aaaagatttg atgggtttaa 73320
gaaatatcct tatgattttt atatagctga ttataatacg gttatagaat atcatggaga 73380
acaacattat aaacctatta agttttatgg tggagaagat agattggtaa ggcagaaaaa 73440
tatagattta aagaagaaaa attttgttga gggtaaaggt ataaattact tagaaatacc 73500
ttacacatta aacaatcaaa ataaagtaaa tgagttttta attaattatt ttaagtagaa 73560
gtaaagcaag gaacccttaa ccaaacttaa gggttatgat atagtctaaa ccgtatataa 73620
atactaggaa actagcggta taattgtcct acaaatgaac aaatgaagaa atttgttcag 73680
tctcgtttaa atcctgtatt agaaaaagaa tattttaggg atattgttga ttgggataaa 73740
gactctttag gttttaaaaa gataagaaat tctagtttat tctttagaac aagttctaaa 73800
gcaagtactg tagagggtgt ggatattgac tatttatctt tagatgagta tgacagggta 73860
aacttattag cagaatcgtc tgcactagaa tcaatgtctt catcaccttt taagattgtg 73920
agaagatgga gcacaccttc tgtaccgggg atgggtatac acaaattata ccaacaatca 73980
gaccaatggt attacggtca tagatgtcaa cattgtgatt acttaaatga aatgagttat 74040
aatgattaca accctgataa tcttgaagaa agtggaaata tgttatgtgt taatcctgaa 74100
ggggtagatg agcaagctaa aacagtacaa aatggtagtt accaatttgt ttgccaaaaa 74160
tgtggtaaac cactagatag atggtataat ggtgagtggc attgtaagta ccctgagcgt 74220
acaaaaggta ataaaggggt acgaggatac ctaataacac aaatgaacgc tgtatggatt 74280
tctgctgatg aattaaaaga gaaagaaatg aatacagaat ctaaacaagc attctacaac 74340
tatattttag gttatccttt tgaagatgtt aaacttagag ttaatgaaga agatgtttat 74400
ggtaacaaat cacctattgc agaaacacaa ttaatgaaac gagatagata ttctcatata 74460
gctattggta tagattgggg aaatactcac tggataactg ttcatggtat gttacctaat 74520
ggcaaggtag acttaatacg attattctct gttaaaaaaa tgacaagacc tgatttagtt 74580
gaagcagatt tagaaaaaat aatttgggaa atatctaagt acgaccctga tattataatt 74640
gcagataatg gagactcagg taataacgtt ttaaaactca ttaatcattt tggaaaagat 74700
aaagtatttg gatgtactta taaatcttct cctaaatcta caggacaatt aagacctgaa 74760
tttaatgaga acaataatag ggttacagtg gataaattaa tgcagaataa aagatatgta 74820

721

721/758

Фиг. 21OO

sequence.txt

caagcactta agacaaagga tataagtgtt tatagtacag tagatgatga tttaaaaact 74880
ttcttaaaac attggcaaaa tgttgttatt atggatgaag aagatgaaaa aactggagaa 74940
atgtaccaag ttatcaaacg taaaggtgac gaccactatg cacaagcaag tgtttacgcc 75000
tatataggat taacaagaat aaaagaactt cttaaagaag gaaacggtac aagctttggt 75060
tctacatttg tttctactga ttacaatcaa gaaggaaata aacaattcta ctttgatgaa 75120
tagaggtgaa atagacttga cagataaatt attttatggt acaattagta atgaagaaat 75180
taataaaagt gtattgaatt tgttattggg tgaggaatta tccttagatt atgtttctaa 75240
aaatagtgat actttagatg ttaaatatga acatgtctat aaatctctag gattcgataa 75300
tttctttgat tgtttttttat atgctaatag agagcctgaa atagtccaca aaggtggaga 75360
taaaaatctt ggtggactaa ataaggttaa acgtactgtt attcgtaatg gtaaagaaat 75420
ggaaatgaca gtttacgaag acggtaataa agagaacgat agtaaagaaa aacaagaagg 75480
aaaagaagaa gttagtagaa gtgcagtagg agcaagagct atttctaatg gtgaagaagg 75540
aaaggtaaac cctaaaaaag tagcaaattc attatctagt ttaagtaaaa agggtgtaga 75600
tgtatcccat attaatacaa acttatcatt gtataaagag tttgttgatg ataacggtga 75660
tacattagga attacatctt ttaaacgaac tgaaaatgat ataatattag aatcttatgc 75720
aagttcacct gattcagatg gtgtaggagc aagagctatt atggaattat tacgtttaag 75780
tattaaggaa aataaaaatg cagttgtgta tgacatagaa ttacctgaag cagtagagta 75840
tttaaaaact ttaggattta aacctaataa agatgggtac atcttaagaa aaaaagatgt 75900
aaaacaattc ttaggtgatt atagtgattt tatttagcac tatagtcatc tattctattg 75960
tatttattct atatattgta ttaaaaacaa tttatataaa gtctaatatg agtagaatag 76020
ataacacaac tgaattatta aaaatattac aggaagatat tgaaggtaag ataaaaaagg 76080
aaggaagaaa taaatgactt tagaagaaaa taaattaaca ttagaagaat caataactcc 76140
acttagtaaa gaggagaaag aagatagtat taaagaattt agtagtttat tatgtgaaat 76200
ggtaaatagg ctatacaagt cttataatgt atttagacaa gaccctatgg atgaaactca 76260
acgtctagat ggctctttaa tggtctttca aagtagatta aatgaccctt taacaggaga 76320
tttacatgat aagatgtata aacttgcttt ttcaaaacgt attgatattt tcgaagctaa 76380
taagcaattt agaaaagatg tagaagcagg taaagcaatt gagttaggtg atgtagctat 76440
tatagataca gcattaagta acatcctttc aggcaatgag ttccaaggaa gtatttcatt 76500
tatgcttaga aaagactttg aagaaaaaga acgaattaga aaagaagaag aagagaaact 76560
taataactta taaaagggaa gaattatgag actatataaa atgaggtatc ataattgaaa 76620
aagaaaccac aaggcaatga ggtaatcata accataataa cggttatgat agcagtattt 76680

722

722/758

Фиг. 21PP

sequence.txt

gtagtcatta tgaccatatt ttttaataaa tatcaagatg ctaaagaaga taaagataga 76740
tatcaaagat tagtagagat ttataaaaaa gcagatgata atgatggtga gactaaaaag 76800
aaatatgtta aaagattaaa taaggctgaa gaagaactta aaaaagtaaa aaaagaaaca 76860
aattataaag attataataa gaagtcaagt aaagaaagac aaaaagaaga taaagaaact 76920
agagagaaaa tatatgatgt aactggtgat gatgacttaa tattagtaaa aaataatatt 76980
gattttagtg ataaagtaga caagcccgaa atacttatta gtgaagatgg aattggtacg 77040
ataactgttc ctgtagatag tgggtatgaa aaacaaacag taggttctat tattactagt 77100
gtattaggtt ctcctttcct atcacctggt tcaaatagta tagatggttt aagtgttatt 77160
aacgataatg tttatccaaa tacagtagat agcatagtag aagatacaaa accttctatt 77220
aacttaccaa tggataatcc tattataaca aatccggttg aaccaactat accttcagat 77280
actatacctc ctattgataa tccttcagtt ccggtatttc ctgagaatcc agtagataat 77340
aatcaaggaa atacagataa tccaaaccca ccgcctccag gatatacaga tgaagatggt 77400
ggaaggggct ccggtggtgg aggaaattct gaaccaccat caacggaaga accttcggat 77460
aatggtaaca ctggaggagg agattgggaa gaaaaacctg acccaggaga agaaccttca 77520
gataatggta atacaggagg caatggtgga gaagttacgc ctgaacctga ccctacccct 77580
tctgaacctg aacaaccgaa tgaaaattct gatgaaggta atgaagaaaa accatctgaa 77640
ccgtctgaca atcctgatga aaatggagga tgggaaactg aaccaactga acctgagtca 77700
ccttcagagc cggacgataa agtggacgaa gaggataaaa atgaagatac tacagatgat 77760
aaacagccca ctgaacaacc ggacgataac aacatagata atgaagataa aactgaagag 77820
gagtaattac tcctcttttt tgtttgctat attaaataag agttaaatat aaaaaaaatt 77880
gaacattacg gtggtgaaaa ctttgttagg aatgaatatt ataacgtcac tatcagtagt 77940
atttacctgt ttaagtcttt taactttaat gatttttgtt catagtaagt tctctagtaa 78000
aaacgttttt gttttgtatg taatttatgc tataatagga ataggtacat acatagtttt 78060
aactatgttt caaacaacat ctgtacttat taagaatgat gtaatagatt ccatagaaaa 78120
tactgaacat tatattggat tcaatgaccc tataattata tttactataa gttttatagg 78180
tgcaatactt ggaggaattt ggtacaagat gatgaaaatt attaaaaaga gtaactttaa 78240
agataaaaaa taaaaaagac ggtgaatagg ttgatattct ctaaagataa aaaatgggat 78300
gaagcaaaag atttcatcaa aggtcaaggt atgcaagata attggataga gattgtagat 78360
tattatagac agataggtgg aaaacacgta gctgttttta ttgctttaaa caaagtaaaa 78420
tacatgattc tagaagcaac aaaagacaat aaagtaatat tagtagataa agataataat 78480
atactattag aagattatga tattgttatg gaaagtaaga agatgtttta ttacattgaa 78540
gaaccgttcg aggttaaaat aaatatccct caacatatta gagatgtaac ttataataat 78600

723

723/758

Фиг. 21QQ

sequence.txt

actgttgtat taactacagt aagagggagt agaggtgact agtaattggc agatttattt 78660
aagcaattca gattaggtaa agactatggt aataatagta ccattgctca agttcctatt 78720
gatgaaggat tacaagctaa cattaaaaaa atagaacaag acaataaaga gtatcaagat 78780
ttaactaagt ctttatacgg acagcaacag gcttatgcag agccatttat agaaatgatg 78840
gatactaatc ctgaatttag agataagaga agttacatga agaacgaaca taacttacat 78900
gatgttttga aaaagtttgg taataaccct atccttaatg ctatcatact tacacgttca 78960
aatcaagtag ctatgtattg tcaacctgca agatattcag agaaaggttt aggttttgag 79020
gtaagattaa gagacctaga tgcggaacct ggtagaaaag aaaaagaaga aatgaaacgt 79080
atagaagatt ttattgttaa tactggtaaa gataaagatg tagatagaga ttcatttcaa 79140
actttctgta agaaaattgt tagagatact tatatctatg accaagttaa ctttgaaaaa 79200
gtatttaata agaataataa gactagacta gaaaaattca tagcagtaga cccttctact 79260
atttttatg caacagataa aaaaggtaaa attattaagg gtggtaagag atttgttcaa 79320
gtagtagata aaagagtagt agctagtttt acttctagag aattagctat gggtataaga 79380
aaccctagaa ctgaattatc ttcctcagga tatggattat cagaagtaga gatagctatg 79440
aaagagttta ttgcctataa taacactgaa tctttcaatg atagattttt ctcacatggt 79500
ggtactacta gaggtatttt acagatacgt tcagaccaac aacaatcaca acatgcatta 79560
gagaacttta agcgtgaatg gaaatctagt ttatcaggta ttaatggttc atggcaaatt 79620
ccagtagtaa tggcagatga tattaaattt gtcaatatga caccgactgc taatgatatg 79680
caatttgaga aatggttaaa ttaccttatc aatattatat ctgctttata tggtattgac 79740
cctgcagaaa ttggtttccc taatagagga ggagctacag gttctaaagg tggctctact 79800
ttaaatgagg ctgacccagg taaaaaacaa caacaatctc aaaataaagg tttacaacct 79860
ttacttagat ttattgaaga tttagttaat agacatatta tatcagaata tggagataag 79920
tatacattcc aattcgtagg tggagatact aagagtgcta ctgataaact taatattctt 79980
aaactagaga ctcaaatatt taaaacagtt aatgaggcta gagaagagca aggtaagaaa 80040
cctattgaag gtggagacat tattctagat gcttcattct tacaaggaac agcccaatta 80100
caacaagata aacaatataa tgatggtaaa caaaaagaac gtttacaaat gatgatgagt 80160
ttactagaag gagacaatga tgattctgaa gaaggacaat cagcagattc tagtaatgat 80220
gataaaagta accctgaagt aggaactgac tctcaaataa aaggggattc aaacgtttat 80280
agaacagaaa cttctaacaa gggtcaaggt aaaaaagggg aaaagtcttc tgattttaaa 80340
cactaataag gaggtaaaat taaatgtcag ttatatataa agataataat tggattgatt 80400
taactaatgt tccttattta caaaaaggtg atagtggata tcgtaaagat ataccaagga 80460

724

724/758

Фиг. 21RR

sequence.txt

aaaattggaa aaagtgttta aatacagaag taagtttttc ttataaaggt aaaaagggtc 80520
tattttatgt aacttatcgt aaggaagata aaggaaaagt taaagttgaa tatgataagt 80580
atgttaagat aatagaccct catgatttaa agacactaaa tataaataaa atagttaatc 80640
ctcctaataa agctaagtat cgtgagcagg aagtaattaa tggtgatact gtaagaaata 80700
ttagaaaagt taagaataca ggaattgttt atactatgtt atgttcagag tatgaagaag 80760
aatatgatat aagagaaagt gatttattaa gagggagagg tagcccttat aaatcaggta 80820
gaaaagtatg ttataacaat tcattatatt ctgttgaaaa tttgagagaa tatatctgtg 80880
atttagaata tgctaaaact gtaactaagt tttcacataa agatataaaa tgcaagtgcc 80940
ctatatgtag tgaagagaaa gttatgaagg ttaataaatt agttaataac ggtttttctt 81000
gtcatagatg tagctcaact ataacatatc ctgaacgatt aatgatagga ttactagaat 81060
taaataattt aaactatgaa tatcaaaaag tatttaaaga cctacctaat agaaaatttg 81120
atttttattt acctaaatta aatatggtta ttgaaactca tggattacaa cattataggg 81180
aattaaatgg ttacatgaat catgaaaaaa caaaggaatc ggatttagag aagtataact 81240
attgcaagaa taataatata gattatattg aaatagattg tagttacagt gatttatcct 81300
ttatattaag taatgttgag aatagtaagt taaatagcat acttaaaaat aagaattacg 81360
ataatcttag caattatatt ataagaagta aaaatgatga tgttaagtat aatatatatt 81420
tggattactg caaaggatta agcaagaaag aattgaaaga taaatataat aaaacgagtt 81480
attatataaa caggtctatt gagatattta aacattaatt aataagccta gaataaatct 81540
aggctttgtt tatttttttt gtaatttaat tttgataaat gtaataacta tggtatacta 81600
tatgtaattg atattaatac ataaaaaata ttaatatttc acttacaagt tattattgtt 81660
atattattaa cgtaaaagta aataaaataa caagtggagg tgtagacacc tttggaagaa 81720
ataaaattta atgcttttgt acctatggat ttgaagaaat ctgtatcaac agcttctgat 81780
actaatgagt attctatcgt ttcaggatgg gctagtactc caagtatgga tttacagaat 81840
gatatagtta atcctaaagg aatagatata gagtatttta agtcacaagg gtacattaat 81900
tatgagcatc aaagtgataa ggttgtaggg atacctacag agaattgcta tgtggatata 81960
gaaaaaggtt tatttattga agcaaagcta tggaagaatg acgaaaatgt tgttaagatg 82020
cttgatttag ctgagaaatt agaaaaatca ggtagtggaa gacgtttagg tttttctatt 82080
gaaggtgcag ttaaaaaacg taatataaat gacaatagag ttattgatga agttatgata 82140
accggagttg cattagttaa aaaccctgct aatcctgaag caacatggga aagctttatg 82200
aaatcatttt taactggtca tggtacatca cctgacactc aagttgatgc aggagcttta 82260
agaaaagaag aaatagcatc tagcattaca aatttagctt acgtcactaa gattaaagat 82320
ttaaaagagt ttaatgatgt atggaatggc gttgttgaag atttgagtaa atctaatagt 82380

725

725/758

Фиг. 21SS

sequence.txt

atgggatatg aggaatcagt ccttacgtta caactagcta aaggtttatc tcgtaaagat 82440
gcagaactag cagtaatgga tataaacaaa caaaaactag aataggtaag gagaatacat 82500
tctatgagta aagaaatgca aaatatttta gaagagtatg ataagttaaa tgctcaagag 82560
gcagtttcga aatctgtaga agatgatgaa aagaatacag tagaatctac cgaagagcaa 82620
gtagcagaaa caactgaaga acctgctaaa gaacctgaaa aagtatctga ggaagatgct 82680
aaagaagcac aagagcaagg tgaaaaagtt gaatctgaag aggtagcaga ggacaatgaa 82740
gatgaggaag ttgaaaaatc agctaaagaa tcaaaagacc ctgtagacca aaaagatact 82800
aagacagaaa ataaagacaa cgagaaacgt aaaaataaaa aagataaaaa agaagattct 82860
gattctgacg atgaagataa agatactgac gatgataaag ataagaaaga agataagaag 82920
gaaaaaactt ctaaatcaat ttctgatgaa gatatcacaa cagtatttaa atctatctta 82980
acatcttttg aaaacttaaa taaagagaaa gaaaactttg ctactaaaga agatttaagt 83040
gaagttagta aatctattaa tgagttatca gcaaaaattt ctgaaatcca agctgaagat 83100
gtttctaaat cagtagacac tgatgaagaa gctgtagaaa aatcagtaac atctacaaat 83160
ggagagcaag aaaaagtaga aggttatgtt tctaaatcag tagacactga agaacaagct 83220
gaaactggtg aagcaaaatc agaagaagct gaagaagtac aagaagataa cacatttaaa 83280
ggattaagtc aagaagaacg aactaagttc atggattctt acaaagcaca agctaaagac 83340
cctagagctt ctaaacatga cttacaatca gcttaccaat cttacttgaa cattaacact 83400
gaccctacta acgcatcaga gaaagatatt aaaactgtaa aagactttgc acaaatttaa 83460
ttaatgcaca aagttgtgtt atattatacg gtgtaactaa agaatataaa tagggtacat 83520
tttactgtac cctacataaa ataaaaagaa cacaaatgaa aggtgataaa tttatatgac 83580
tatcgaaaag aacctgtcag acgttcaaca aaagtacgct gaccaattcc aagaagacgt 83640
agtaaagtca ttccaaactg gttatggaat cactcctgat acacaaattg acgcaggagc 83700
tttacgtaga gaaattttag atgaccaaat cacaatgtta acatggacta atgaagattt 83760
aatcttctat cgtgatatct cacgccgtcc tgctcaatct acagtagtaa aatacgacca 83820
atatttacgt catggtaacg taggtcactc tcgtttcgtt aaagaaatcg gagtagcacc 83880
agtatctgac ccaaatatcc gtcaaaaaac tgtatcaatg aaatacgttt ctgatactaa 83940
aaacatgtca attgcatcag gtttagtaaa taacattgct gacccatcac aaatccttac 84000
agaagatgct atcgcagttg ttgcaaaaac aattgagtgg gcttcattct acggtgacgc 84060
ttcattaact tctgaagttg aaggtgaagg tttagagttt gatggtttag ctaaattgat 84120
tgacaaaaat aacgtaatta acgctaaagg taaccaatta actgagaaac acttaaatga 84180
ggcggcggta cgtatcggta aaggtttcgg tacagctaca gatgcttaca tgcctatcgg 84240

726

726/758

Фиг. 21TT

sequence.txt

```
tgtacacgca gacttcgtta actcaatctt aggtcgtcaa atgcaattaa tgcaagacaa    84300
cagcggtaac gttaacactg gttacagcgt aaatggtttc tactcatctc gtggattcat    84360
taaattacat ggttctacag taatggaaaa tgaattaatc ttagatgaat cattacaacc    84420
attaccaaat gctccacaac ctgctaaagt tacagctact gttgaaacta agcaaaaagg    84480
tgcttttgaa aatgaagaag accgtgcagg attatcatat aaagtagtag ttaactcaga    84540
tgacgctcaa tcagctcctt ctgaagaagt aacagctaca gtatctaacg tagacgatgg    84600
tgttaaactt tcaattagtg ttaacgctat gtaccaacaa caaccacaat tcgtttctat    84660
ctaccgtcaa ggtaaagaaa caggtatgta cttcctaata aaacgtgtac cagttaaaga    84720
tgcacaagaa gatggaacaa tcgtattcgt agataagaac gaaacattgc ctgaaacagc    84780
agacgtattt gttggtgaaa tgtcaccaca agtagttcac ttattcgaat tacttccaat    84840
gatgaaatta ccattagctc aaattaatgc ttctattaca tttgcagtat tatggtatgg    84900
tgcattagca ttacgtgctc ctaaaaaatg ggctcgtatt aaaaacgttc gttatatcgc    84960
agtttaatag aataagaaaa actgaataca agagaatagg gataaactta gggtttatcc    85020
ctttttttatt aaaataaact tgaagggatt taataaatat gttatactat aagaaactat    85080
tagataaaaa aatggctact gtttatggta cagtggagat tgacaaagat ggagtagtta    85140
aaggattaac taaagagcaa gaaaaagaat ttgcaaatgt tccaggtttt gaatttgaag    85200
aagaaaagaa aactactaga aaacaatcag cttctactag taaagaagaa gagcctaagg    85260
aagaggaaaa gaaagcctct actagaaaaa ctacaagtac tactagaaaa tctacagcac    85320
gtaaaacaac agccaaaaaa gatgaaaata agtaaagggt gaattaaatg gttaactcaa    85380
tgtttggagg ggacttagac ccttatgaaa aatcattaaa ctatgaatat ccttatcatc    85440
ctagtggtaa tcctaaacat atagacgtaa gtgagataga taatttaaca ttagctgatt    85500
atggatggtc accggatgca gttaaagcat atatgttcgg tatcatagtt caaaatcctg    85560
atacaggaca acctatgggt gatgagtttt ataaccatat attagaaaga gcggtaggta    85620
aagctgaaag agcattagat atatctatac tacctgacac tcaacatgag atgagagatt    85680
atcatgagac agagtttaat agttatatgt ttgtacatgc ttatagaaaa cctatattac    85740
aggtagagaa cttacagcta cagtttaatg gtagaccgat atataaatac cctgctaact    85800
ggtggaaagt agagcatcta gcaggacatg ttcaattatt ccctacagca cttatgcaaa    85860
caggacaatc aatgtcatat gatgcggtat tcaatggata ccctcaatta gcaggtgtat    85920
acccaccatc aggagcaaca tttgcacctc aaatgatacg attagaatat gtatcaggta    85980
tgcttccacg taaaaaagca ggaagaaata aaccttggga aatgcctcct gagttagaac    86040
aattagttat aaaatatgca ttgaaagaaa tataccaagt atggggtaac ttaatcattg    86100
gtgccggtat tgctaataaa acattagaag tagacggtat tacagagaca ataggtacca    86160
```

727

727/758

Фиг. 21UU

sequence.txt

ctcaatcagc tatgtatggt ggagctagtg ctcagatact tcaaataaat gaagatataa 86220
aagaactatt agatggttta agagcttact ttggatataa tatgatagga ttataaggag 86280
ggttagaaaa tggaaaaacc gtatatgata ggagccaact ctaaccctaa tgttattaat 86340
aagtcaacaa catatactac tacaacacaa gcagatgaac aagataaacc taagtatact 86400
actagactag agtttgatac gattgacatg attaggttta ttaatgaccg aggtataaaa 86460
gtattatggg aagaagcata tttctgccct tgtcttaatc ctgatacagg acatcctaga 86520
gtcgattgtc ctagatgtca tggtaaaggg attgcatatc tacctcctaa agagactata 86580
atggcaatac agtctcaaga gaaaggaact aaccagttag atataggtat attagacaca 86640
ggtactgcaa taggtaccac tcaattagaa aagaggattt cctatagaga caggtttact 86700
gttcctgagg tattgatgcc tcaacaaatg atttattttg tgaataaaga tagaattaaa 86760
aaaggtatac ctctatacta cgatgtaaaa gaagtaactt atatagccac tcaagatggt 86820
acagtctatg aagaagatta tgaaattaag aataatagat tgtatttaaa tgaaaaatat 86880
gagaatcata cagtaacttt aaagatactt atgactttaa gatatgtagt atcagatata 86940
ctaaaagaaa gtcgttacca atatactaag tttaatcaac ctaaatcaaa atttgaaaac 87000
ttacctcaaa aattacttct taaaagggaa gatgttattg tactacaaga ccccttataaa 87060
gttaatgatg gtatagaaga agacctagaa attcaagtag atgaccctaa ggcttcggca 87120
tctaatccta gtaatttagg tggattcttc ggaggtgcat ttaaataatg ccagttcacg 87180
gaaagagacc taatttattt aaaaataaaa actataagca ggtaggtaag agaacaattg 87240
atggtatgcg ttcagaagtt cttgataaat tacaagcaac agcacagcaa gtagagaata 87300
ctagtattaa acgtatgcct acttacctac aaataacaga gaaaaagctt gaaaaagaag 87360
gagtagtaga ccttaaaaaa gcttttgctc actcatctaa aaagaaaact agtaaagatg 87420
gcggatggta tttaactgta ccaatccgca tcaaaactag tagaatgaat aacagtactt 87480
accaagatat gagaacttta aaagtagata aaggtacagg ttcagtctct aagataactg 87540
attacctaga aggacgtaga aagaatgtaa gccacccttc aatgaagcct gagcctatga 87600
ctcataatat gactaaagtt aaaagaggaa agcaatcttc ttactttata tttagaactg 87660
tttctagtaa gtcacctgct agttcttgga tacttaacag agataaagtt aatgaagata 87720
acttctctaa aacaactcta aaaactgtta agcaattaat gaactggaag atgaaaaatt 87780
taaattaaga ggagggatag tattaaatgg caataacatc agttgattca tatttattat 87840
cagaaataaa gcctagactt aacactgtgc tagagaattg ttatattata gatgaagttt 87900
taaaagactt tgattatcaa actagagaga gctttaaaga agctttctgt ggtaagaatg 87960
cacaacatga agtaacggta ggatttaact tcccaaaatt taaaaataac tatgaagctc 88020

728

728/758

Фиг. 21W

sequence.txt

attacttgat acaattaggt caaggacaag agacaaaaaa ctctttaggg agtattcagt 88080
catcttactt tgaggcaaca ggagatacct tagtcgaatc ttctacagca ataagagaag 88140
atgataagtt agtttttact gtttctaaac caataggaga gttaataaag gtagaagata 88200
tagagtttgc taaatacgat aatcttcaag ttgaaggtaa taaggtatca tttaagtatc 88260
aaacaaatga agattatgag aactacaatg ctaacattat atttaccgaa aagaaaaatg 88320
attctaaagg tttagtaaaa ggattcacag ttgaagaaca agtaacagtt gtaggtcttt 88380
catttaatgt agacgttgca agatgtttgg atgctgtact gaaaatgatt ttaatatcta 88440
tgagagatag tatagaagag caacaaacat tccaattaca gaatttgtct tttggtgata 88500
ttgcaccaat aatagaagat ggtgactcaa tgatttttgg tagaccaaca attattaagt 88560
acacaagttc tctagatttg gattatacta ttacacaaga tattaataaa ctaactttta 88620
aagaaagaaa ggattggaag taggatggct agaaaaaaga cacctgaaaa taacactcct 88680
aaatttaatg gttatgttca tatagataca ttccttgata ctgcaaaaac ccttttaat 88740
atgaaggatt cacaagtagc aggatttaaa gcttatatgg aaggtagtca ttatttgttt 88800
agtgagcaag aattcttacc atcattagag aagtatctag gtaggaaatt agatatataa 88860
taacattcag ataaggagaa ttaaatatgg cagtagaacc attcccaaga agacctatta 88920
cccgtcctca tgcatctatt gaagtagata cttcaggtat cggtggctca gcaggttcaa 88980
gtgaaaaagt attttgctta atcggtcagg ctgaaggcgg agaaccaaat acagtttatg 89040
aattacgtaa ctatgcacaa gctaaacgtt tattccgttc aggagaatta cttgatgcaa 89100
tagaattagc atggggttct aaccctaact atacagcagg taagatttta gctatgcgta 89160
tagaagatgc taaacctgct tcagcggaaa tcggtggatt aaaagtaaca tctaaaatct 89220
atggtaatgt tgctaacaac attcaagtag gattagaaaa gaatacatta agtgattcat 89280
tacgtttaag agtaatcttc caagatgacc gtttcaatga ggtttatgat aatatcggta 89340
atatcttcac aatcaagtac aaaggagaag aagctaacgc aactttctct gtagaacatg 89400
atgaagaaac tcaaaaagca agtcgtttag tattaaaagt tggagaccaa gaagttaagt 89460
catatgattt aactggtgga gcttatgact acactaatgc tattattaca gacattaatc 89520
aattacctga tttcgaagct aaattatcac ctttcggaga taagaactta gaatctagta 89580
aattagataa aattgaaaat gcaaatatca aagataaagc tgtatatgta aaagcagttt 89640
ttggtgactt agaaaaacaa acagcttaca acggtatcgt atctttcgag caacttaatg 89700
cagaaggaga agtaccaagt aatgtagagg ttgaagcagg agaagaatca gctacagtaa 89760
ctgctacttc acctattaaa actattgagc cgtttgagtt aactaagtta acgggcggta 89820
ctaatggaga accacctgct acatgggcag acaagttaga taaatttgca catgaaggcg 89880
gatactacat tgtcccatta tcatctaaac aatcagttca tgcagaggta gcttcttttg 89940

729

729/758

Фиг. 21WW

sequence.txt

ttaaagaacg ttctgatgca ggggaaccaa tgagagctat tgttggtgga ggattcaatg 90000
aatctaaaga acaattgttc ggtagacaag catcattatc taatccacga gtatcattag 90060
tagctaactc aggtactttt gttatggatg atggacgtaa aaaccacgta cctgcttaca 90120
tggtagccgt agctctaggt ggtcttgcaa gtggtttaga aatcggtgaa tcaatcacat 90180
tcaaaccact acgtgtaagt tcattagacc aaatctatga gtcaatagat ttagatgaat 90240
taaatgaaaa tggtattatt agtatcgagt ttgttcgtaa ccgtactaat acattcttca 90300
gaatcgttga tgacgtaact acattcaatg ataaatcaga cccagttaag gctgaaatgg 90360
ctgttgggga agctaatgac ttcttagtaa gtgagcttaa agttcaactt gaagaccaat 90420
ttattggtac tcgtactatc aatacaagtg cttcaatcat taaagacttt atccaatctt 90480
acttgggtcg taagaaacgt gataatgaaa ttcaagactt ccctgctgaa gacgtacaag 90540
ttattgttga aggtaacgaa gcaagaattt caatgacagt ttacccaatc agaagcttca 90600
agaaaatctc tgttagcttg gtttacaagc aacagacatt acaagcctag tctaggtgac 90660
ggagtacctg gattaggtac tcctattaat ataatttgaa tactttagga gagtgaatac 90720
agatggcatc agaagctaaa caaaccgtcc atactggtaa taccgtccta cttatgatta 90780
aaggtaaacc ggtaggaaga gcacaatcag catcaggtca acgtgaatac ggtacaactg 90840
gtgtatacga aatcggttct atcatgcctc aagaacacgt atacttacgt tatgaaggta 90900
caattacagt agaacgttta cgtatgaaaa aagaaaactt tgcagattta ggatatgctt 90960
cacttggtga agaaattctt aagaaagata tcattgatat tttagtggta gataacttaa 91020
cgaaacaagt tattatctca tatcatggtt gctctgcaaa taactacaat gaaacttggc 91080
agacaaatga aattgtaaca gaagaaatcg agttcagtta cctttaacta atagaggcta 91140
tgtttggtga caagcataga aaacacttta aattgcgtga aagtcttaaa gactagataa 91200
ctacaacgta actcgaaagg gtaagcgtga atgttgagaa atcagaaaaa atatctagta 91260
tagtataagg ttaaatccta agtacagtaa aatagatgat acgcaggcaa gcctacaaat 91320
gtgggaagct tcaacgacta taataggtga gtcttagtta cacattaaga ttatggtata 91380
gtctactccc tttaaaatat atcgaaagat agggtacaaa ggacagcatc agataaagct 91440
agaacttaaa tttcttatta agaccaacaa taaaagttgg tcttatattt tatacttgct 91500
ttgtctgagg cagtgtgcta taattaaaat acaaggaggt aataatatgg gaaaaaatca 91560
atatacattt aatattaaag aaaataaaaa taaatggtat gaatggtgta aactacaaaa 91620
cgtaaaacct ttagtagaat atgaaaatgc acaacaaata ttttattttg aatttcttga 91680
aggtaaattt aaaggactaa taggaaaaac atattgggct agtataaata gaggttctaa 91740
tatgcgtatg agttgtttaa catcagaaag taaagataaa tatttaaaaa atttaggaaa 91800

730

730/758

Фиг. 21XX

sequence.txt

aagaaaaggt atagaggtag tagaagacta taagggtggc agaaaattaa aacataaatt 9186C
tatagtttta gaaggtaagt accaaggatg tgaaggatat ataactttaa atgatttaga 9192C
gaatttaggt agagtagata atagaagttt atctgaaaaa ggaaggaaac aatactttga 9198C
taaacaggca agacttagag attgtattat tctagagtac cctaaagact atagaataaa 9204C
aactaaagat aagatagtag taaaagataa agaagggcat gttcataata ttattgttca 92 ICC
ggacttttt gagaaatcat ctttattgga gttatcttgt gctagtgaag gagagaaaat 9216C
agttaaagaa atacttacta aaaattctat aaaatttgaa aaagaaaaat catttagaaa 9222C
caaagaaggt aaagtacaaa gatttgattt ttatattaat gaaaataata aagaatatgc 9228C
aatagagtac aatggtgcac agcactacat agattctaca ggatatctta aagatacttt 9234C
ggaaacaacc cagaaaagag ataaactaaa aaaagaatac agtaaagata aaggtataaa 9240C
tttattaatt attccttaca caataacaga taagaaagaa atggaaaaaa ttattttaaa 9246C
ttttttaaac aaataaccct tgacactccc tcaagggata tgttattata ataacaggtt 9252C
aggagtaata agtatgaata ataggcaagc taaaataaaa ggatataacc aatttcatta 9258C
ttatgatttt ccaacaacta aaggtaagtt taaagatata atgaaaagaa aatctagaac 9264C
agaacttaaa aaagatttac aaaaagaaag gaagtattat cttgacaaat aagagaaaaa 9270C
cgataggtaa gatgagtaac acaagagcaa catggaatat taatccggta actaaagtta 92760
aaaaagataa aacaaaatat tctagaaaaa ataaacataa aggtcttgac aattataatt 9282C
aactaaggta tattattagt ataacaaaaa aggagatggg tatatgagta cattttggtc 9288C
agaaagaaga acaactaata aagataggca agttaaaaaa cattatactc aaatgagtat 92940
gtatgaaaga aagaaatgtg tagagttatt acaagagaca attactgaaa atagaattat 93000
taattttaca cgacatagtg caaagaaagt taaaggtaaa ccaacaacaa atatacctaa 93060
attaataggt tttatttttа aaaataagtt tgcctacgaa aatatcatag aatacaataa 93120
cacagattat aatggtaata ttgagaggag aattgttgtt aaacatccta aagttataac 93180
tgtagaagga aaacctagct atcagttttt gacaattagt cttgaagatg ctagagttat 93240
tacagtatgg tacaacagtg tagatgatac acatagaaca ctagatttaa attattatag 93300
taaagacttg acaattcaat aaggaggtat tataatgggt atcacaatag taaatagtta 93360
ttttattctg tctaacatct tcctcatcat attaaccata ttaaatggta agggtactgt 93420
tacaagggaa tcactaacta tgagtaaaat attagtagta ataacatcaa ttcaattttt 93480
agcatgttta attattaatg gtatttattg gtcactaaaa ttttagaata aaagtattga 93540
caaattaaaa ctaataaatt ataataaagg tataacaaat taaaggagaa gatataaaat 93600
gtcacaagat aaattaagag caatttacac agaaatgaaa gtagaattac acaaatttcc 93660
taaagaggta gatataacaa gtaaatcaac tgcaattgca atcaatcaga ttttagataa 93720

731

731/758

Фиг. 21YY

sequence.txt

attcaaaaca ttaacagaac aagcaggaaa gattactaga aaatatttag aaggtcaaga 93780
aatattaact attgattatg agtattatga ttcattacaa gaatactata tttacctact 93840
tagaaatagt gaaaagattg aacaaagttt acaagaaatt actaagcgca caggtgaata 93900
tgtaaagtaa ttttgattta aaaacaaaat atgatatact atgtttaaag tagtaagcct 93960
acactagtcc gtgttatatt aatattgaat cggataagcg taggctttat taatatttaa 94020
aaaaggaagg tatatcatat tatggcagaa gaaattaaaa aggaacaaga tgtacaagaa 94080
acaactaaag aagaaaaaaa agatgttagt aaaatgacac cggaagaaat agataaatta 94140
aaatatcaag acaaacaaga aaaagaacaa gttattaaca aagttattaa aggtgttaat 94200
gatacttggg aaaaagaata taactttgaa gaattagact taagatttaa agttaaaatt 94260
aaattaccta atgcacgaga acaaggtaat atatttgcgt tacgttctgc ttacttaggt 94320
ggtatggata tgtaccaaac agaccaagta attagagcat atcaaatgtt agctacatta 94380
caggaagtag gtattgaagt tcctaaggaa ttccaagacc ctgacgatat ttataactta 94440
tatcctttaa ctgttatgta tgaagattgg ttaggattct taaactcctt tcgttactaa 94500
tagtatagaa acattagata aagatataga acgattgggc ggtatggaat caattgttaa 94560
acaaccttta tctagaaatc tatgggctat tatgaaagag tttaatgttt tacctactga 94620
gcaaagattt aaggacttag atgattatca gatagagttt attattggga atatgaacag 94680
agatgtttat gaacataaca aacaacttaa acaagctcaa aaaggtggaa aattcgatag 94740
tcaattcgaa gatgatgata gtagttggtg gaatgaatct catgaagact ttgacccagt 94800
acctgatttc ttagatgctg atgatttagc acaacaggtg gaagctaaat tatccgatag 94860
agataaggaa gaaagagcta agagaaacga tgcggagtta aatgatgaaa cagaaggact 94920
tactacacaa catctagcta tgatggaata catcagacag aaacaacaag aattagatga 94980
tgaagtagga aatggtaaga ctagtgaaga ggatgctact atatcacaag atagcgttaa 95040
taaagcacta gaagacctag atgatgactg gtatatgtaa agggtggtag gtgatactac 95100
catccttatt tttttaaaat ggatggtgaa taatgatggc aatgaatgac gattatagat 95160
tggtcttgtc cggtgatagt tcggatttag agaatagtct gaaggcaata gaactttata 95220
tggattcttt agagtctaag aatattgatg ctcctttaga taatttctta aaaaaattaa 95280
aagtaattgc taaagaagtt aaaaatgtac agaacgcaat ggataaacaa gatggtaaat 95340
ctgttatatc ttctaaagac atggatgaat ctattaaatc cactcaatct gctacaaaga 95400
atataaatga attaaagaaa gctttagatg accttcaaaa agagaatata tctaaaggta 95460
ttgcacctga ccctgaagtt gaaaaagcat atgctaagat gggtaaagtt gtagatgaaa 95520
ctcaagaaaa acttgagaaa atgtcttcac aaaaaatagg ttctgatgct agtattcaaa 95580

732

732/758

Фиг. 21ZZ

sequence.txt

atagaattaa ggaaatgaaa accttaaatc aagtaactga agaatacaat aaaataagta 95640
aagattctag cgcaactaaa gattatacaa aacgattaag agctaatcgt aatatgacta 95700
gaggttacat ggagcgttca gaaggaacag gacgtttgac atatgaccaa ggtgcacgag 95760
ttagaagtga actaggtaaa ataagttctt atgagagcca aagaaaacaa aaccaacgta 95820
atttaggaca agcaagagag caatatagca actatagaaa ccaacaacaa gacttgacta 95880
aacgtagagc tagcggtcaa attaataagg cacaatatga acaagaatta gcttctatta 95940
aacaggaaat gaaagctaga gaagaactta tatctaacta cgagaaacta ggagcagaac 96000
ttgataaaac agtccagtat tataagggtt cagttcaaaa ggatttccaa tctagagatg 96060
tagaccaaca acgaggaaca tttggtagaa tggttcaaga acgtttgcca tctattggtt 96120
ctcatgctat gatgggtact acagctatgg ctacaggttt atacatgaag ggtgcctcat 96180
taagtgaaac taatagaccg atggttacat cattaggtca aaattccgat aatatggata 96240
tagattctgt aagaaatgca tatggagact tgtcaattga caacaaatta ggttataata 96300
gtactgacat gttaaaaatg gctacttcat atgaagcatc agtagggcat aaaagtgacg 96360
aggacacaat ggcaggaact aaacaacttg ctattggagg acgttcttta ggtattagag 96420
accaagaagc ttatcaagag tctatgggtc aaatcatgca tactggtgga gtaaattctg 96480
ataacatgaa ggaaatgcaa gatgcattcc taggtggtat taaacaatca ggcatggttg 96540
gtcgtcaaga tgaacaactt aaagcactag gttctatagc ggaacaatca ggagaaggaa 96600
gaactctaac taaagaccaa atgagtaatc ttactgccat gcaatctact tttgcagagt 96660
caggaagtaa aggattacaa ggtgaacaag gtgccaatgc tattaacagt atagaccaag 96720
gacttaaaaa tggtatgaat agttcttatg ctcgtatagc aatgggatgg ggaacacaat 96780
accaaggtct tgaaggtgga tatgatttac aaaaacgtat ggatgaaggt atatctaatc 96840
ctgaaaactt gacagatatg gctgatatgg ctactcaaat gggtggcagt gaaaaagaac 96900
aaaaatacct atttaataga agtatgaaag aaataggcgc taacctaact atggagcaat 96960
ctgatgaaat atttaaagat gctcaatccg gaaaactatc taaagaagag ttagctaaga 97020
aagctaagaa aatggaaaaa gaaggtaaaa aagaaggaga agataacgcc actgattata 97080
aagaatctaa atcaggaaaa aatgaccaaa ataaatctaa gactgatgat aaagcagaag 97140
atacttatga tatggctcaa ccattaagag atgctcatag tgctttagca ggtcttcctg 97200
cccctatata tttagctata ggagctatag gagcatttac agcttcacta attgcatctg 97260
caagtcaatt tggagcaggt cacttaattg gtaaaggagc caaaggactt agaaataaat 97320
ttggtagaaa taagggtggt agctccggcg gtaatcctat ggcaggtgga atgcctagtg 97380
gtggtggttc acctaagggc ggaggctcac ctaaaggtgg aggcactcgt tctactggag 97440
gaaaaatact tgatagcgct aaaggtcttg gaggattcct agtaggtggc gcaggatgga 97500

733

733/758

Фиг. 21AAA

sequence.txt

aaggtatgtt tggtggggag tctaaaggta aaggctttaa acaaacatct aaagaagcct 97560
ggtcaggtac tagaaaagta tttaatagag ataatggtag aaaagccatg gataaatcta 97620
aagacatagc taaaggtact ggtagtggtc ttaaagatat ctataatgat agtatatttg 97680
gtaaagaaag aagacaaaac ctaggagaaa aagctaaagg ttttggtggc aaagctaaag 97740
gtctttatgg taaatttgct gataagtttg gtgacggagg taaaaatggt atcctttcac 97800
aatcaccaaa agcaggtgga agtggcatag ggaaacttgg aaaacttgca ggtggacttg 97860
gaaaaggagc cggagtttta ggtgttgcta cgtctgcctt atcattaata cctgctttag 97920
cttccggaga tagtaaagct atcggcggtg gaataggctc tatgggtgga ggaatggcag 97980
gtgcatcagc aggagcttct ataggagctt tatttggtgg tgtaggtgca atacctggag 98040
ctttaatagg tggagctata ggttccttcg gaggaggagc tgttggtgaa aaagtcggag 98100
acatggctaa aaaagctaac actaaagaag gatggaacct aggatggact aatggagata 98160
aagatggtaa gaataaattc caagattctt tattaggaaa acctatatct aaagcatgga 98220
gcggtataac aggtctcttt gataatgacg ctgaagcatc cgaagaagat agtaaagata 98280
agaaaaaagg tgttaaaggc gttaaaggag atactaagaa gaaagaaaaa atgacagcag 98340
aacaacttag agaaaagaat aaccaatctg aaactaagaa tcttaaaatc tatagtgatt 98400
tacttgacag agctcagaaa attattgaga gtgctaaagg tattaatata gatggaggaa 98460
cttctgatag tggttctgat agtggaggct ctgcatctga tgtaggtgga gaaggtgcag 98520
agaagatgta caagttcctt aaaggaaaag gactatctga taatcaggta ggagctgtta 98580
tggggaactt acaacaagaa tctaatcttg accctaatgc taagaatgct tctagtggag 98640
catttggtat tgctcagtgg ttaggagcta gaaaaacagg attagaaaac tttgctaaat 98700
ctaaaggtaa aaaatctagt gacatggatg ttcaattaga ttacctatgg aaagaaatgc 98760
agtctgatta tgaaagcaat aatcttaaaa atgcaggttg gagcaaaggt ggaagcttag 98820
aacagaatac aaaagcattt gctactggat ttgaacgtat gggagcaaac gaggctatga 98880
tgggtactcg tgttaacaat gctaaggaat tcaagaagaa atatggaggc tccggtggcg 98940
gaggtggtgg aggagcttta tcctctactt atcaagaagc tatgagtaat cctgtattaa 99000
ctactggttc taattataga ggctctaatg atgcttctaa tgcttctaca actaacagaa 99060
taacagtcaa tgttaatgtt caaggtggaa ataatcctga agaaactgga gacattatcg 99120
gaggaagaat tagagaagtt ctagatagta atatggatat ctttgcaaat gaacataaga 99180
gaagttatta gtaattttgt attgacacaa gagtagtatc atagtatact actcttatac 99240
atataaaaaa taaaaggaag tatgtgtata tgcgtagaat aagaagacct aaggtaagaa 99300
tagaaatcgt tacagatgat aatacattta cattgagatt tgaagataca cgtgactata 99360

734

734/758

Фиг. 21BBB

sequence.txt

```
atggtgatga gtttggagct aaacttttag gattccaaac taaaaactct atggaagatg   99420
atagttcagt tttccaaata aatatggcag gagatactta ttgggataag ctagttatgg   99480
ctaatgatat cataagaata tttattacac ctaatgatga ccccaacgat aaagaaggaa   99540
gacaagaacg acttatccag gtaggtatgg tttctcaagt atcaaaagta ggtagttacg   99600
gtaatgacca aactcaattt agaataacag gtcaatcttt tgtaaaacct tttatgaaat   99660
ttggattagg cgttattcag gaagttcaag ctgtattgcc tgaagtaggt tggcttattg   99720
atggtgatgg agataatgaa gtaaaattta ctggtagctc agctcatgaa gtaatgactg   99780
gcattatacg tagatttata ccttatatga aatataacta tactgaaaaa acatataata   99840
caattgataa ctatcttgat tatgatgatt taagtagttg ggatgagttt gaaaaactta   99900
cagaagtttc agcctttact aattttgacg ggtcattaaa acagttaatg gatatggtaa   99960
cagctagacc ttttaatgag ttattcttca aaaattcaga aaaaacacct ggaaaggctc  100020
aacttgtatt aagaaagacc ccttttaatc ctactgagtg gagagcttta gatatgatta  100080
aagtacctac tgaggatttt atagaagagg atgtaggtaa aagtgatgta gagacatatt  100140
ctatatttac agcaacacct gcaggtatgt tgaaagagct taacggtgat gtattttcca  100200
aaccacaatt ccatcctgaa ttaactgata gatacggtta taccaaattt gaagtagaaa  100260
atatttatct tagtacaaaa tcaggttcag ccactgagga ttcagattct tcaggtgatg  100320
ataatggtac agaacgagga acttactcta aaattatgaa agatttaagt aactatggaa  100380
gagataatat atctaaaggt atagataagt atacaagtaa attatcttca aaatataaaa  100440
acttaaaaaa agcccaagct aaaaaaatta tagagaagtt tgtcaaagaa ggaaaagtaa  100500
cagaaaaaga atatgaaaaa ataacaggta ataaggtaga tgatgaatta acatcagata  100560
acagaccgaa gttgacaaaa gataaattaa agagtatact aaaagagaag tttaaaacac  100620
aagatgattt taataattct aagaaaaaga aaaaagctaa gacagatgca cttaaagaat  100680
tgacaactaa atatcgtttt ggtaataaaa cacatgctac aactttgtta gatgaatata  100740
ttaaatacaa aggagaaccg cctaatgatg aggcttttga taaatatctt aaagctattg  100800
aaggtgttag taacgtagct acagacacag gttcagatgc aagtgatagc cctctagtta  100860
tgttttctag aatgttattt aattggtatc atggtaaccc taacttctat gcaggagata  100920
ttattgtttt aggagaccct aagtatgacc taggtaaaag attatttatt gaggataagc  100980
aacgaggaga cacatgggag ttctatattg aatctgtaga acataaattc gattataaac  101040
aagggtatta tacaactgta ggagtaacta gaggtttaaa agacgctatt ctagaagatg  101100
gtaaaggtag tcctcataga tttgcaggat tatggaatca atcatcagac ttcatgggag  101160
gtcttatggg tgaagatact tctaaagaac ttaaagaaaa aggtgtagca gagaaacaaa  101220
gtagtggagg taaagatggt ggttctgata gtggcggagc tcaagatggt ggctctttag  101280
```

735

735/758

Фиг. 21CCC

sequence.txt

attcacttaa aaaatataac ggcaaacttc ctaaacatga cccaagtttt gttcaacctg 101340
gtaaccgaca ttataagtat cagtgtacat ggtatgctta taatagaaga ggtcaattag 101400
gcattcctgt gcctttatgg ggggacgccg ccgactggat aggcggtgct aaaggagcag 101460
gttatggtgt aggtagaaca cctaaacaag gtgcttgtgt tatatggcaa agaggagttc 101520
aaggaggtag cccacaatat ggtcacgtag cttttgtaga gaaagtatta gatggaggta 101580
aaaaaatatt tatctctgaa cataactatg ctacccctaa tggatatggt actagaacaa 101640
tagatatgag ttcagccata ggtaagaatg ctcaattcat ttacgataag aaataaagga 101700
ggatagtcta tggcaacaga taaagaagct aaagatgtta ttgataaatt tatagacaat 101760
gtatttaatt ttgatgtact tacaaaagaa agaataaaag aaaaagatga agaaattaaa 101820
aaaataacta cagatgatat gtatgaaaag gttgtgtata tacgacccta cgttggagta 101880
atacaaagtc ttaaccctca acatgtgcag tatgaatcat tttctaataa tggttatgat 101940
atagaggcag aattaagttt caggaaagta agttatttag ttgataaagg gtctatacct 102000
acagattctt tatctacttt aacagttcac ttagtagaac gaaatcaaga actattaata 102060
gattactttg atgagataca agatgtgttg tatggagaat atatggaaga agaatatgta 102120
tttgatgaag atgtaccatt aagtacgata ctagcattag acttaaatga taatcttaaa 102180
tccttatcaa atataaagta tatgttcaaa ggtgctccta aagagaatcc atttggaaca 102240
gataaagatg tttatataga tacttataac ttattatact ggttatattt aggtgaagat 102300
gaagagttag cataccctat gaatattaat tacttcttta cagagggaag attctttact 102360
atattcggta aaggacataa gtataaggta gatgttagta aatttatagt tggagatata 102420
ttattctttg gtagaagtga tactaatata ggtatttatg taggagatgg ggagtttata 102480
tctatgatgg gtaaattccc taaagatgaa acacctatag gaaaatataa acttgatgat 102540
tactggaatg aatttaacgg aagagttatg agattcgatg aagaggtgta tatttaatgg 102600
tagtaagatt ccaatcttcc atggggagaa gtttaaaaag agtagattca gatgatttaa 102660
atgtaaaagg attagtttta gctacagtta gtaaaattaa ttataaatat caatcagtag 102720
aagttaaagt taacaactta actctaggaa gccgtatagg tgacgatggt agcttagctg 102780
taccttatcc taaatctttc ataggaagaa cacctgaagg aagcgtattc ggtacaaaac 102840
ctcttattac tgaaggttct gtagtattaa taggatttct aaatgatgat ataaatagtc 102900
ctattatttt aagtgtttat ggtgataatg aacaaaataa aatgattaat accaatcctt 102960
tagatggggg taagtttgat acagaaagtg tctataaata tagtagttca ctatatgaaa 103020
ttttaccatc tttaaattat aaatatgatg atggagaagg aacaagtatt aggacttata 103080
atggtaaatc atttttctct atgacatcag gtgaagaaga gaaacctcag gcaacagatt 103140

736

736/758

Фиг. 21DDD

sequence.txt

```
tttatactgg aactgagtat caagatttat ttacttctta ttatggtaat aagacattaa   103200
ttgagcctag aatacaaaag gctcctaata tgttatttaa acatcaaggc gtttttatg    103260
atgatggcac gccggataat catataacta ctttatttat atctgaaaga ggggatataa   103320
gagcctcagt tttaaataca gaaacacaga aaagaaccac acaggaaatg tcaagtgatg   103380
ggtcttatag ggttataaaa caagatgacg atttaatgtt ggatgaagct caagtttgga   103440
ttgagtatgg tattagtgaa gataataaat tctatattaa aaatgacaag cataaatttg   103500
aatttactga tgagggaatt tatatagatg ataagcctat gttagaaaac ttagatgaga   103560
gtatagcaga ggctatgaag aatttgaatg aaatacaaaa agaactcgat gatataaatt   103620
accttctcga gggtgtaggt aaggataact tagaagaatt aatagagtct acaaaagagt   103680
ctatagaagc ttctaaaaaa gcaacttcag atgtcaatag acttacaact cagatagcag   103740
aagttagtgg tagaactgaa ggtattataa cacagttcca aaaatttaga gatgagactt   103800
ttaaagattt ttatgaagat gcttctactg ttattaatga agtaaatcag aatttcccta   103860
ctatgaaaac agatgttaag accttaaaga ctaaagttga taacctagag aaaactgaaa   103920
taccaaatat taaaactaga ttaacagaac tagagaacaa taataacaat gctgataaaa   103980
taatatcaga tagaggagaa catataggtg ctatgataca gttagaggaa aatgtcactg   104040
tacctatgag aaaatatatg ccaataccat ggagcaaagt tacttataat aatgcagagt   104100
tttgggattc taataatcct actcgattag tagtacctaa aggaataaca aaagtaagag   104160
ttgcaggtaa tgttttgtgg gactctaacg ccacaggaca acgtatgttg agaatattga   104220
aaaatggtac ttatagtata ggattacctt atacaagaga tgtagctata tctacagcac   104280
ctcagaatgg tactagtgga gttattcctg ttaaagaagg agattacttt gagtttgaag   104340
ctttccaaga ctcagaaggt gacagacaat tcagagcaga cccttataca tggtttagta   104400
ttgaagctat agaattagaa actgaaacta tggagaaaga ctttatgctt ataggacata   104460
gaggagcaac cggatacaca gatgagcaca cgataaaagg atatcaaatg gctttagata   104520
aaggtgcaga ttatatagaa ttagatttac aattaacaaa agataataag ttattgtgta   104580
tgcatgattc tactatagac agaacaacaa caggaacagg taaggtagga gatatgacct   104640
tatcttatat acaaactaac tttacatccc tcaatggtga gccgatacca tctcttgatg   104700
atgtactaaa tcattttgga acaaaagtta aatattatat agaaactaaa cgtccgtttg   104760
atgctaatat ggataaagaa ttattaactc aattaaaagc aaaaggatta ataggaatag   104820
gttcagagag attccaagta attattcaat catttgctag agaatcgtta attaatattc   104880
ataatcaatt ctctaatata cctttagctt acttaacaag tacattctct gaaagtgaaa   104940
tggatgattg tttaagttat ggttcttatg ctattgcgcc taaatataca actataacta   105000
aagaattagt agatttagct catagtaaag ggcttaaagt ccacgcatgg acggtaaata   105060
```

737

737/758

Фиг. 21EEE

sequence.txt

caaaagaaga aatgcaaagc ttaatacaaa tgggtgtaga tggattcttt acaaactacc 105120
tagatgaata taaaaagatt taatattaaa gacctattaa tttaggtctt tttttagttg 105180
taatttaaac tagttcgtga tatattagta gtatgagatt tatatacata ctgaaaagga 105240
gaggataaaa tgccacaatc agatggaata agtaatcttc atagaatagc tttacgtttc 105300
cctaaagaag gcggtggtta tgatatgtat agatttaaag ttaaccctga gaactacaca 105360
atagattcac cacaacgtac gacagcaatt aaaacaaaat cagatatcgt aatagaagat 105420
tatggtaaag atatagaagt tattaacttc acaggtacaa ctggttttag acctgttaga 105480
gaagcagatg ggttaaaaac aggtaagcag aaaatggaag agttacaaag tagagttagt 105540
gaatatgcta tgcaaggtgg cagtggtaat gtaagtggtt cttacttaca attttttaac 105600
tttacagatg atagttatta taaagttcat ttagctcctc aggggttaaa gataactagg 105660
tctaaagatg aaccattact ttttagatat gaaataacat tagtagttat tggttcatta 105720
acagaagcag atagaagtgc tgtaactact gaagagtttg gtaatgttaa acctaatgct 105780
tctcaaagag tagatgaagg tataaaagaa ttagataaaa atgctcgtaa aacgagagat 105840
agaaacaatc aagaaatatc tagaagagaa aatacaatac ctaaatccac aggagataat 105900
acgaacgagg gtaatagact taagcaaagc ttccctagta gttctatata taatcctaga 105960
caatctacta atggattaaa aggtaatatt gacaatatgg ctctgataat aggttacggt 106020
gatggaggtg tatctagcta atgaataatt ttataccaca acctcaaggt ctacttagat 106080
ttttaaatgc cctagataca gatttaactt cttctcatat gaatttactg gatgaagagg 106140
tatcatttgt atctaaattt tatacaccac agttacaatt aagtgaatta gcaaaaaaag 106200
tattgacaaa tataaagaca gatgatatac ctgtattaga aagggaattt aatgataata 106260
caattatcca taaagctaac gatacattac taaaagtaca ggctccaaga atgtatatga 106320
ttctacagtc tattgtactt gaagcatatg ctattgttaa ttgctttgta gaaaatccaa 106380
gttctttaaa atacttaact gaagaagatg ttagtataac acgagaaaac ttaaattatg 106440
tagctgacta cttaggtaac tatgatgact acaatagtgt tgtattagac ttaagagatt 106500
tagacttatg ttttagtgct atagaattac aattacctct aattaaaaag gaggctaacg 106560
tataatgaga tttaagaagc acgtagttca acatgaagaa acgatgcaag caatagcaca 106620
gagatactat ggtgatgtta gttattggat agacctagta gagcataata atttaaagta 106680
tccctattta gtagaaactg atgaagaaaa aatgaaagac ccggaacgat tagcttctac 106740
cggtgataca ctgattatac ctatagaatc tgatttaaca gatgtatcag caaaagaaat 106800
taattctaga gataaagatg tactagttga attagcttta ggaagagatt taaatattac 106860
tgcagatgaa aagtatttta atgaacatgg tactagtgat aatatactag cattcagcac 106920

738

738/758

Фиг. 21FFF

sequence.txt

aaatggtaat ggagatttag atactgtaaa aggcatagat aatatgaaac agcaattaca 106980
ggcacgttta ttaactccta gaggttcctt aatgttacat cctaattacg gttcagattt 107040
gcataattta tttggtctta atatacctga acaagctacg cttatagaaa tggaagtatt 107100
gagaacatta acatcagata atagagtaaa atctgctaat ttaattgatt ggaaaatata 107160
aggtaatgtt tattcaggtc aattttcagt ggaaataaaa tctgttgaag aatcaataaa 107220
ttttgtctta ggacaagatg aggaaggaat ttttgcttta tttgaatagg aaaggattaa 107280
attatgaaaa ctagaaaatt aactaacata ctatcaaaat taatagataa gacaatggca 107340
ggtacaagca agataacaga ctttactcct ggttcagctt cccgttcatt attagaagct 107400
gtatcattag agatagagca attctatatt ctaacaaaag aaaatattga ttggggtata 107460
caagaaggta tcattgaagc ttttgatttt caaaaaagac aatctaaaag agcttatggt 107520
gatgttacta ttcaattcta ccaaccctta gatatgagaa tgtatatacc tgcaggaaca 107580
acttttactt caacacgaca agaataccct cagcaatttg aaacattagt tgattattat 107640
gcagagcctg attctactga gattgttgtt gaagtttatt gtaaagaaac aggggttgca 107700
ggtaatgttc ctgaaggaac gattaatact atagcatcag gttctagttt gattagaagt 107760
gttaataatg agtattcttt taatacagga actaaagaag aaagtcagga agactttaaa 107820
cgtagattcc actcttttgt agaatctaga ggtagagcaa ctaataaatc agtaagatat 107880
ggtgcactgc agatacctga tgtagaaggt gtttatgttt atgaagaaac agggcatatt 107940
acagtatttg ctcatgatag aaacggtaat ttatcagata ccttaaaaga agatataatt 108000
gatgctttac aagactatag accaagtggt ataatgttag atgttacagg tgtagaaaaa 108060
gaagaagtta atgtttctgc tacagtaact atatctaata aatctagaat tggtgataca 108120
ttacaaaaac atatcgaaag tgttattaga agctatttaa ataatttaaa aacttctgat 108180
gacctaataa ttacagacct tattcaagct ataatgaata ttgatgacgt attaatatat 108240
gatgtgtcat ttgataactt agatgagaac attatagtac caccacaagg gattattaga 108300
gcgggagaaa taaaagtaga attaaagtaa agagaggtga aacttaagtc gtggctaatt 108360
ttttaaagaa tcttcatcca ttattaagaa gagatagaaa taaaaaagat aatcaagacc 108420
ctaactttgc tctgatagat gcactcaatg aagagatgaa tcaagtggag aaagatgcta 108480
tagaaagtaa attacaatcc tctctaaaga catctacaag tgaatattta gataagtttg 108540
gggattggtt tggagtttat cgtaagaccg atgagaacga tgatgtttat agagcaagaa 108600
ttataaaata tttactcttg aaaagaggaa ctaataatgc tataatagat gctataaaag 108660
attatttagg tagagatgat attgatgtaa gtgtatatga gccctttaca aatatttttt 108720
atacgaacaa atcacattta aatggtgaag accatttaat gggatactat tatagatttg 108780
ctgttattaa tgtatctata ggtgattatt ttcctgtaga gattatagat gtaattaatg 108840

739

739/758

Фиг. 21GGG

sequence.txt

```
aattcaaacc tgcaggtgta actctatatg tcacttatga tggagcttct actattagag   108900
gtggagcaat tattaagtgg ttagatgggt tacctaaaat agaaacatac caagagtttg   108960
atagatttac aggttatgat gatacattct atggtcatat taatatgaat caaagtaaag   109020
atactgataa cagttcatca gatattttta aaacaaatca tagcttaatt aatagtttag   109080
atgttttaac aggttcatct agtgtaggta gacagtatat taactatgga tatgtaacat   109140
catatgttta taatccaggt atgacatcct ctgtaaacca aataagtgct agtacagaag   109200
gtagaggtca agaagtacct actgattact atatgtatac tagtactaag aataacaata   109260
cagtagaact tagtatgcaa actacttccg gtgtgtctta tttatataat aactttaatt   109320
ttagagatta tatgagtaaa tatagacctc aagtagattt acaatctgat gaggctagaa   109380
gaattgtatc tgattatata aaagaattaa gtattgatta ctatcttagt gctgtgatac   109440
ctcctgatga aagtatagaa attaaactac aagtttatga tttttctatt aatagatggc   109500
ttacagtatc aattaataac ttatctttct atgaaaaaaa tattgggagt aatatagggt   109560
atataaaaga ctatctaaac agtgaattaa atatgtttac taggttagag ataaatgcag   109620
gtaaaagaga ttcagtagat attaaagtta attacttaga tttaatgttt tattactatg   109680
aacgaggtat ttatacaata aaaccttata aagcattaat agaaaattat ttagatatat   109740
ctagagagac ttatgtagaa gcatttaaaa tagcatcatt atctaatgga gatattataa   109800
ctaaaacagg ttttcagcct atagggtatt taaaactagt tggtaattat gaaaatacaa   109860
gacctagcac aataaatata gtagctaaag atacagataa taaccctata gaatctaatg   109920
aattagatgt atataataca gtagagaata gaaatctatt acaatcttat aaaggtgcaa   109980
atacgatagc tagagaaata acttctacaa aagagtttac tgtatcagga tgggctaaag   110040
agatatactc aactaattat ctttctaaag tattaaaacc aggtaaagtg tatacgttat   110100
cttttgatat agaaataaca ggtaatgacc taactcttaa atcttattct gataatcatg   110160
gtatatattt atacagtaat actaagggaa ttgttgttaa tggtgttaaa tctatggaac   110220
gtactatagg taacaaagta tccgtaactc aaacttttac agcccctact attactgacc   110280
atagattatt aatatatact ggaagatata catctgatgg taaagcatca actcctccag   110340
tgttctttaa tacagttaaa attacggaat taaaattgtc tgagggtacc tctaatctag   110400
agtactcacc tgctccggaa gataaaccta acgtaataga aaaaggaatt aaatttaata   110460
atatcctaac taatatacag actttaagta ttaattcgga tactatctta aaaaatgtaa   110520
ctttatatta ttcttactat ggtgataatt gggtagaact aaagactcta ggaaatatta   110580
gtactggaga aacaacagaa accaataact taatagattt atatggatta cagacagtag   110640
attattctaa tataaatcca atgtctaaag tatcattacg ttccatttgg aatgttaaac   110700
```

740

740/758

Фиг. 21HHH

sequence.txt

taggtgaatt	gaacaatcaa	gaaggttctt	tatctaatat	gcctaatgat	tactttaatg	110760
ctgtatggca	ggatatagat	aaattatcag	atattgagat	aggttctatg	agaatggtta	110820
aagacactga	gggtggagta	ttcgatggag	ctacaggtga	aattattaag	gctactctat	110880
ttaatgtcgg	ttcttatact	gatttagaca	tgttagctta	tactttgact	aactatactg	110940
aaccgttaac	tttaggctct	agtcgattaa	taagtgagtt	aaaagaagaa	cttctaacat	111000
cagaatcatt	taatgttgat	aatagaatta	aagtaattga	ctcaatatat	gaggagttac	111060
caaatacaag	cattattaaa	aatggatttg	ttgaaagaga	ggttacaggc	tctaaatatt	111120
tagattatgg	tttatatgag	cctatagaag	atggtactag	atataaactt	attgtcgaag	111180
gagaatttaa	agataatata	gaatttatat	atttatacaa	ttctaaccct	aactttaatg	111240
aaacatttat	atatccatca	gagataatta	atggagttgc	tgaaaaagaa	tttattgcaa	111300
aaccatccac	cgaagacaaa	ccaaggttaa	atacagatgt	tagaatatat	atacgacctt	111360
atgattcaac	tatctctaaa	gtaagaagag	tagaattaag	gaaagtttaa	taaataagtt	111420
gacagaaagt	taataatatg	gtatacttat	aaagtaatat	ttagtgggta	taccatgtta	111480
tattaataaa	gaaaacaaca	gatgaaagga	attaaaaaat	atggcaattg	caacgtataa	111540
ttctcatgtt	gagttagcaa	aatatctagt	tagtaaagct	gattcagttt	acttaacaat	111600
tggaaagagc	acaccgtggt	ctaatgaaac	aaacccaccg	caacctgatg	aaaatgcaac	111660
agtattacag	gaggttattg	gatacaaaaa	agctactaaa	gttactttag	ttagaccttc	111720
taaatcacct	gaagatgata	ataagaattt	aatttcttat	ggtaataaat	catgggtaga	111780
agtaacacct	gaaaatgcta	aagctgaagg	agctaaatgg	gtttacttag	aaagtagtat	111840
tgttggtgac	gaactgcctc	ttggaacata	tagacaggta	ggatttgtta	tggacttagt	111900
agcaaaaagt	ggtattagta	aatttaactt	agtacctagt	gaagtagaat	caactggaac	111960
attattattc	tttgataata	aacaattcca	aaatagaagt	gagcagacaa	ctgctaaaga	112020
aagatttatt	gtagaagttt	aaagaaaggg	agataattct	aaatggcaat	taattttaaa	112080
ggttcacctt	atttagatag	atttgacccg	tctaaagata	gaacaaaagt	attatttaat	112140
cctgatagac	ctctacaaca	ggcagaatta	aatgaaatgc	agtctataga	ccaatattat	112200
ttaaaaaatc	taggagacgc	tatttttaaa	gacggagata	aacagtcagg	acttggattc	112260
acattgtctg	aagataatgt	attgacagta	aatcctggtt	atgtatatat	caacggtaaa	112320
ataagatatt	acgataatga	cgattcagtt	aaaataactg	gcgtaggtaa	agaaactatc	112380
ggtattaagt	taacagaacg	tattgttaca	cctgatgaag	atgctagtct	attagaccaa	112440
actagtggag	taccaagtta	cttctctaaa	ggtgcagata	gattagaaga	aaagatgtca	112 500
ttaacagtta	atgaccctac	atcagcaact	atttatactt	tcatggatgg	agatttatat	112560
attcaatcaa	ctaatgctga	aatggataaa	atcaataaag	tattagctga	acgtacttat	112620

741

741/758

Фиг. 21III

sequence.txt

```
gatgagtcag gttcatataa agtaaatggt tttgagttat tctcagaagg taatgctgaa   112680
gatgatgacc acgtttctgt agttgtagat gcaggtaaag cttatgtaaa aggttttaaa   112740
gtagataaac ctgtatcaac aagaattagt gtacctaaat cttatgactt aggaacagca   112800
gaaaatgaaa gtactatctt taataagtct aataattcta ttagtttagc taatagccct   112860
gtaaaagaaa ttagacgtgt tacaggtcaa gtacttattg aaaaagaacg agttacaaga   112920
ggagcccaag gtgatgggca agattttctt tcaaataata cagcatttga aattgtaaaa   112980
gtttggactg aaacaagccc tggtgttact acaaaagagt ataaacaagg agaagacttc   113040
agattaacag acggtcaaac gattgattgg tcacctcaag gtcaagaacc ttcaggaggt   113100
acttcatact acgtttctta taaatataac aaacgtatgg aagccggtaa agattatgaa   113160
gtaacaactc aaggtgaagg tttgagtaag aaatggtaca ttaacttcac accttcaaat   113220
ggtgctaaac ctattgacca aacagtagta ttagtagact atacttacta cttggctcgt   113280
aaagattcag tgtttattaa taaatatggt gatattgcaa tattacctgg tgaacctaat   113340
attatgagat tagttacacc accattaaac acagaccctg agaatttaca attaggtaca   113400
gttacagtat tacctgattc agatgaagca gtatgtattt catttgcaat cactagattg   113460
tctatggaag acttacagaa agttaaaaca agagtagata acttagagta taaccaagca   113520
gtaaatgctc tagatgatgg tgctatggaa ggacagaacc cactaacatt acgttcagta   113580
tttagtgaag ggttcattag tcttgacaaa gcagatatta cacatcctga cttcggaatt   113640
gtatttagtt ttgaagatgc agaagctact ttggcttata cagaagcagt taaccaacct   113700
aagattattc caggagatac aacagctcat atttggggta gattaatttc agcaccattt   113760
actgaggaac gtacaatcta tcaaggtcaa gcatcagaaa cattaaatgt taacccttat   113820
aatattccta acaaacaagg tgtgttaaag ttaacaccta gtgaggataa ctggattgat   113880
actgaaaatg ttacaatcac tgaacaaaaa actaaaaaag taactatgaa acgattttgg   113940
agacataatg agagttacta tggtgagact gagcattact tgtattctaa cttacagtta   114000
gatgcaggac aaaagtggaa aggtgaaact tacgcttatg atagagagca tggacgtact   114060
ggtactttat tagaatcagg aggacaacgt actctagaag aaatgattga attcattaga   114120
atcagagatg tatccttcga agttaaagga ctaaacccta atgataataa cttatattta   114180
ttatttgatg gggtaagatg cgctataaca cctgcaactg gttatagaaa aggctctgaa   114240
gatggtacga taatgacaga tgctaaagga acagctaaag gtaaatttac tattcctgca   114300
ggtattcgtt gtggtaaccg agaagttaca cttaagaatg ctaactctac aagtgctaca   114360
acttacacag cccaaggacg taaaaaaacc gttcaagata ttattatcag aactcgtgta   114420
acagtaaact tagtagaccc attagcacaa tcattccaat atgatgagaa cagaactata   114480
```

742

742/758

Фиг. 21JJJ

sequence.txt

```
tcatcattag gattatactt tgcttctaaa ggtgataaac aatctaatgt tgttatccaa 114540
attagaggta tgggtgacca aggttatcct aataaaacaa tctatgcaga aacagttatg 114600
aatgctgatg atattaaagt atctaataat gctagtgctg aaactagagt atactttgat 114660
gaccctatga tggctgaagg cggtaaggaa tacgctattg ttattattac tgagaacagt 114720
gattatacaa tgtgggtagg tactagaact aagcctaaga ttgataaacc taatgaggtt 114780
atctcaggta acccatacct tcaaggtgta ttattcagtt catcaaatgc atcaacatgg 114840
actcctcatc aaaactctga ccttaaattt ggtatttata cttctaaatt taatgagaca 114900
gcaacaattg aattcgaacc aattaaagat gtatcggcag atagaatagt tcttatgtct 114960
acgtacttaa ctcctgagag aacaggatgt acatgggaaa tgaaattaat tctagatgat 115020
atggcatctt ctacaacatt cgaccaatta aaatgggagc ctatcggtaa ctaccaagat 115080
ttagatgttt taggtctagc aagacaagtt aagttaagag caactttcga atctaataga 115140
tatatctcac cattaatgag ctctagtgat ttaacattca ctacattctt aacagagtta 115200
acaggttcat atgttggtag agctattgat atgacagagg ctccttacaa tacagtaaga 115260
tttagttatg aagctttctt acctaaaggt actaaagttg ttcctaagta ttctgcggat 115320
gatggaaaaa cttggaaaac atttactaaa tcccctacaa ctactagagc caataatgag 115380
tttacacgct atgtcattga cgagaaagta aaatcatcag gaacaaatac taaactacaa 115440
gttagattag atttatcaac tgaaaatagc tttttacgtc ctcgtgttcg tagacttatg 115500
gttactacta gggatgaata aactagaggg gttgattgac ccctctttat ttaataagga 115560
gagatttata tgcctagaga agttagagac ccttattctc aagctaaatt atttatacct 115620
acagttgaag aaaaatcaat taaggaatta gaaaaaacat acaaagaaaa aattgatgaa 115680
gctactaagt taatcaatga attaaagaaa gagagaggag aaaaatagat ggcatttaac 115740
tacacgcctc ttactgaaac acagaagtta aaagatatgt atcctaaagt taatgatata 115800
ggtaactttt taaaaacaga agttaacctt agtgatgtaa aacaaatatc acaacccgac 115860
tttaataata ttttagcatc tatacctgat agtggtaact actatgtaac taattcaaaa 115920
ggtgctccta gtggagaagc tacggcagga tttgtaagat tggataaacg aaatgtaaat 115980
tattataaaa tttactattc accatatagt agtaataaaa tgtatatcaa gacttatgct 116040
aatggtactg tatatgattg gattagtttt aaattagatg aaggtaactt atacaatgaa 116100
ggtaatactt taaatgtaaa ggaacttact gaatctacaa ctcaatatgc aacactagtt 116160
aatcctccaa aagagaactt aaatacaggt tgggttaatt acaaagaaag taaaaatggt 116220
gtttcttctt tagtagaatt taacccggtt aactccactt caacttttaa gatgataaga 116280
aagttaccag tacaagaaca aaagcctaac ttattgaaag atagtttatt tgtttatcct 116340
gaaactagct attctaatat taaaacagat aactgggata cgcctccatt ttggggatat 116400
```

743

743/758

Фиг.21KKK

sequence.txt

```
tcttctaata gtggtcgttc aggagttaga tttagaggag agaatacagt acagatagat   116460
gatgggtcta atacgtaccc tttagtagtt tctaataggt ttaaaatggg taaagaactt   116520
tctgtaggtg atactgtaac ggtatcagta tatgctaaaa ttaatgaccc tgctttactt   116580
aaagataact tagtttactt tgaattagca ggatacgata ctgtagatga tactagtaaa   116640
aatccttata caggaggacg tagagaaata acagcaagtg agataacaac tgagtggaaa   116700
aaatactctt tcacatttac gatacctgaa aatacaatcg gagcatcagg cgttaaagtt   116760
aattacgtat ctttactact aagaatgaat tgttcatcta gtaaaggtaa tggtgctgta   116820
gtatactatg ccttacctaa attagaaaaa tcacctaaag ttacaccatt tattacacat   116880
gaaaatgatg ttcgtaaata tgatgagatt tggtctaatt ggcaagaagt tattagtaaa   116940
gatgaattaa aaggtcactc tcctgtagat attgaatata atgattattt taaatatcag   117000
tggtggaaat ctgaagttaa tgaaaagagt ttaaaagatt tagctatgac agtacctcaa   117060
ggatatcata cattttattg tcaaggctct attgccggga cgcctaaggg acgttctatt   117120
agaggaacca ttcaggtaga ttatgacaaa ggtgacccct acagagctaa taagtttgtt   117180
aaattattgt ttactgacac agaaggtata ccttatacat tatactacgg agggtataat   117240
caaggttgga aactcttaaa gcaatcagaa acttctactt tactatggga aggtacttta   117300
gattttgggt ctacggaagc tgttaactta aatgactcat tagataatta tgatttaatt   117360
gaggtaactt attggactcg ttcagcagga cattttcta caaaaagatt agatataaaa   117420
aatacatcaa atttactgta tattagagac tttaatattt caaatgatag tacaggttct   117480
agtgtagact tttttgaagg gtattgcact ttccctacta gagcatcagt acaacctggt   117540
atggtaaaat ctataacttt agacgggtct acaaatacaa caaaagtagc atcatggaat   117600
gaaaaggaac gtataaaggt atacaatatt atgggaatta atagaggata aagaaaggtg   117660
gaataaaaaa ctatggctgt taaatatgat ataggtaata atgagatagt attacactta   117720
agagaaggta aatatataac agggtttaca acagtaggag ggtatgacaa ggagttaggg   117780
caagtaaaag ttaatagaga aatcttacct gcttacttct ttgataattt tgcctatgaa   117840
agatatttgt attatagtaa acctgaagag gttatagaaa ataaaaacta tgtaccacca   117900
caaatcaatg atgatgagga atcccaacaa attactgtac ctaaagaaca atatgatagt   117960
ttaaaagaag agctagagct tatgagaaaa caacaagaag ctatgatgga aatgcttcaa   118020
aagctcttag gtcaaaaggg gtaattataa atggcattaa attttactac aataacggaa   118080
aacaatgtta ttagagacct gactactcag gtcaataaca ttggagaaga attaacaaaa   118140
gaaagaaata tatttgacat taccgatgat ttagtttata attttaataa atcacagaaa   118200
attaaactaa ctgatgataa aggattaact aaatcttatg gaaacataac agcccttaga   118260
```

744

744/758

Фиг. 21LLL

sequence.txt

```
gatataaaag aacctggtta ttactatata ggtgctagaa cattagcaac attattagat   118320
agacctgata tggaatctct tgatgttgtt ttacatgtag tacctcttga tacttctagt   118380
aaggtagttc aacatttata tacactatct actaacaata accaaattaa aatgttatat   118440
agatttgtct cagggaactc tagttcagaa tggcaattta ttcaaggatt acctagtaat   118500
aaaaatgctg ttatatcggg cactaatatt ctagatatag cttcaccagg tgtttacttt   118560
gttatgggaa tgacaggagg aatgcctagt ggagtaagct ccggattttt agacttaagt   118620
gtagatgcta atgataatag attagctaga ctaactgatg ctgaaactgg taaagaatat   118680
actagcatta agaaacctac aggaacatac acatcttgga aaaaagaatt tgagccaaaa   118740
gatatggaga aatatttact aagtagtatc agagacgatg gtagtgcatc attcccactc   118800
ctagtttata ctagtgataa taaaacgttt caacaagcta ttatagacca tatagataga   118860
acaggtcaaa caacctttac tttctacgtt caaggtggtg tatcaggttc ccctatgtct   118920
aatagttgtc gaggtctatt catgtcagat acacctaaca cttctagttt acatggtgtc   118980
tataatgcta taggtacaga tggtagaaat gtaacaggtt cagtggtagg aggtaattgg   119040
acttcaccaa agacatcacc ttcccataaa gaattatgga cgggagcaca atcattccta   119100
tctgtaggta ctactaagaa tctagcagat gatattagta attactctta tgtagaggtt   119160
tatactaaac ataagacagt agagaagact aaaggtaatg atgactcggg tacaatttgc   119220
cacaagttct acttagatgg tagcggtact tacgtttgct caggaacttt tgtttcagga   119280
gatagaacag atacaaaacc acctgttaca gagttctata gagtaggtgt atctttcaaa   119340
ggttcaacat ggacgcttgt agatagtgca gtacaaaata gtaaaactca atacgttaca   119400
agaattatag gtattaatat gccatagact aggataagtt tcctagtctt tttttcttga   119460
cttgaaaagg attctatggt atactataac tcgtgtaagg atataaggag attaaaatga   119520
gattaagaat taagaactta tatacctatg tagaatttga ggaggatgat aaatacttaa   119580
aagatatatt tttaaagaga gtccatacta ctataggagc aaggcaagaa ggttttcaat   119640
atagccctgc gtacaaaaga ggtagttggg atggttatgt agacttttat gtttatgagg   119700
aagataaatt ccctactgga cttttattta aaattgagtt attattaggt gagttacaat   119760
caaggtataa cttccagttt gaaacaattg atgagcgtga tgaaagtttc ttatctgaag   119820
aagatattga tgatgagata acattgcttg ataataatgt cggtcaaatt accttaagag   119880
attaccaata tgaagcagtg tacaatagct taacatttta caatggtatt gctcacttag   119940
ctactaatgg tggtaaaact gaggttgcta gtggtattat agaccaacta ttacctcaat   120000
tagaaaaagg tgaaagagta gcgttcttca caggctctac ggagatattt catcagtctg   120060
cggatagact acaagaacgt ttaaatattc ctattggtaa agtaggtgca ggtaaatttg   120120
atgttaaaca ggttacagtt gtaatgatac ctactttaaa tgcaaacctt aaagacccaa   120180
```

745

745/758

Фиг. 21MMM

sequence.txt

cacaaggggt aaaggttaca cctaaacaaa atattagtaa aaagattgct caagagatat 120240
tacctaaatt tgaaggtgga acaaatcaaa agaaattact aaaagtatta cttgataaca 120300
caacacctaa aacaaaagta gaacaaaacg tattaagtgc cttagagata atttaccaaa 120360
atagtaagac agatgcagaa gttttattaa acttaagaaa tcataatgca cattttcaaa 120420
aaattgttag agaaaagaac gaaaagaaat atgataaata tcaagatatg agagattttt 120480
tagactcagt tacagttatg atagttgatg aggcacacca ttctaaatct gattcttggt 120540
acaataatct aatgacatgt gaaaaagctt tatatcgaat tgcattaaca gggtctatag 120600
ataaaaaaga tgaattactt tggatgagat tacaggctct atttggtaat gttattgcac 120660
gaactactaa taagttttta attgatgaag gtcattctgc tagaccaaca ataaatatta 120720
tacctatagc taatcctaat gacatagata gaattgatga ttatagggaa gcttacgata 120780
gaggtataac aaataatgat tttagaaata aacttattgc aaaactaaca gaaaagtggt 120840
ataatcaaga taaaggtaca ttgattattg taaacttcat tgaacatgga gacacgatat 120900
cagaaatgtt aaatgattta gatgtagagc actacttctt acatggagaa atagactctg 120960
aaactaggag agaaaaatta aatgatatga gaagtggtaa gcttaaagta atgatagcta 121020
catcacttat tgatgagggt gtagatatat ccggtattaa tgcactaata ttaggtgcag 121080
gaggtaagtc attaagacaa acattacaac gtattggtcg tgctttacgt aagaaaaaag 121140
acgataatac aacacaaata tttgatttta atgatatgac aaatagattt ttatatactc 121200
atgctaatga gcgtaggaaa atttatgaag aggaagattt tgaaataaaa gacttaggaa 121260
aataggaggg taagagatgg caacaaaaac acaaagaaag ctataccaat atctagagga 121320
aaatgctaca gaaaataaat ttcatatttc tactaagaaa gagctagcag attctctagg 121380
tgtttccatc tctgctttat ccaataacct taaaaagtta gaagaagaaa ataaagtcgt 121440
tactgtttct aaaagaggaa aaaacggcgg agtaataata actttagtta gagagtatga 121500
tacagaagaa ttgaaagaat ttaataattc tacagataat attattactt ccgatttaca 121560
gtatgctaag gcattaagag aaaagcactt cccttcttat agatatgaga gaaaagaaca 121620
acgtagacgt actaaaatag aaatggcaca atacaatgcc attaaggatg agaagagaag 121680
aattatagca gatatgaact tctattcaga aggtcttcct tatccttcta aagatatttt 121740
taatatgtct tatgacccgg aagggtttta taaagcatac atcttatgta agttatacga 121800
ccaatatgct atttctcata tggatgctaa acatacaagt catcttaaag caatgagtaa 121860
ggcaacaact aaagatgaat atgactatca tcaacatatg tctgaatact atagaaataa 121920
aatgattcaa aatttaccta gaaatagcgt tagtgataat ttctttggta gtaaaatgtt 121980
taataccttt tataattttt atttaaaaat aaaagataaa aatattaatg tatttaaata 122040

746

746/758

Фиг. 21NNN

sequence.txt

```
tatgcaaaac gtatttaaaa atgtaacatt ttattatgag aatggtatgc aacctaatcc   122100
aataccttct cctaacttct ttagttcaga taagtatttt aaaaactata ataattatat   122160
taaaggaata aaaaaaggtg ttaacagtac gaatagacac ctaggtgata cagacagcat   122220
cattaattca tcagactacg tgaaaaaccc tgctgtatta catctacacc aactatatac   122280
tacaggatta aattctactt tacatgatat tgatactatg tttgaacaag ccttagacct   122340
tgaaaatgcc tcctatggac tatttggaga tatgaaacat attattttac tacagtataa   122400
ttctatgatt gaagaagaaa ttaagaattt acctagagaa gaaaaggata ttattaataa   122460
atatgtaaaa caatgcataa ttaatgatta ttcaccaaca agtatttcac catctgcaag   122520
gttatcaatg tttactatgc agaaagagca tatagtttac aataagcagt taaataaggg   122580
aatcaagaga gaggatttat taccattaag tctaggaggt atagtgaata aagattcatt   122640
gagtggtatg gatatacaaa acttagaaca gaatggtaat gaatacctgt atatgagaca   122700
acatacttca acttattata tattaagaat gtttggtgac tatttaggat atgaggtaaa   122760
cttaagagaa gtaaaatata ttgtagagaa atataattta attgataaaa taccattgac   122820
aaaagagggt atgttggatt ataataaact tatacattta gtagaggaag aggttaataa   122880
ctatgagtaa gaagataaag gagcttatcc ttcataaatc aatgaaggat atacattttg   122940
caagagaagt attagataac ttacctaaga atctattttc agcagagtct gaggacatgg   123000
gttacttatt tacagctata aagagaacag cacatatttc cgataagatg tcaaatgaag   123060
cattagcaat taaagtagaa cagcttatgg gtaataataa ggaagatgaa gagaaagtaa   123120
ccaagacatt aacttactta gaagatttat ataaagtaga cgttaatgaa aaagatgaat   123180
ctgttaatta tgaaatagag aagtatatta aaacagaaat gtcaaaagaa gttttagtta   123240
aatttattgc agaaaataaa caagaagact ctgataatct acatgaactt gtagacaaac   123300
taaagcaaat agaagtaagt gacatctcag gaggtaatgg agagtttatt gacttctttg   123360
aagatacaga aaagaaacaa gaactattga gtaatttagc tacaaataaa ttctctactg   123420
gatttacttc tattgacaac catattgaag gtggtatagc aagaggagaa gttggattaa   123480
ttatagctcc tactggtaga ggtaaatcat taatggcttc aaacttagct aagaattatg   123540
ttaaaagtgg attaagtgtt ttatatattg ccttagagga aaaaatggat agaatggttt   123600
tgcgtgctga gcaacaaatg gcaggagcag aaaagagtca aattgtaaat caggatatgt   123660
ctttaaataa taaagtttat gatgcaatac aaaatcatta tcagaagaat agaaagttat   123720
taggtgactt ttatatttct aaacatatgc caggtgaagt tacaccaaac caattagagc   123780
aaattattgt taatacaaca attaagaagg ataaaaatat tgatgttgtt attattgact   123840
atcctcactt aatgagaaat ccttatgcta aatatcattc agaatcagat gcaggaggaa   123900
aattgtttga agatattcgt agattatcac agcaatatgg atttgtttgt tggacgttag   123960
```

747

747/758

Фиг. 21OOO

sequence.txt

ctcaaactaa ccgtggtgct tatggttcag atgttattac aagtgagcat gtagaaggtt 124020
ctcgtaagat tgtcaatgct gttgaggtgt ctttagcagt aaaccaaaaa gatgaagaat 124080
tcaagagtgg tttcttaaga ttatatttag ataaaattcg taatagctcc aacacaggag 124140
aacgatttgt taatcttaaa gtagaaccaa ctaagatgat tgtaagagat gaaacacctg 124200
aagaaaaaca agagcatata caattgctat cagataatgg aaaagaagac acaagtaaat 124260
ttcaaaataa agataataaa atagaagcta taaataacac attcggagga ttaccgggag 124320
tttaattttt taaaatatac cacttgacat tttatatgtt aggtggtata attattttat 124380
aaagaataaa ggagagatta ataatgaaat ttgtattctt tacagatagt cattttcacc 124440
tatttactaa ctacgctaaa cctgataatg aatttgtgaa tgatagattt aaagaacaga 124500
tagaagcatt acagaaagtt tttgatattg ctaaaaaaga agaagcaaca gttatatttg 124560
gtggagattt atttcataaa cgtaactcgg tagatactag agtatacaac aaagtattta 124620
gtacatttgc caaaaatgat gaggttcctg tattattact tagaggtaat catgatgcta 124680
caactaattc attatatact gattcaagta tagatacatt tgagtatcta cctaatgtaa 124740
gtgtaataaa atcattaaat acaattttaa aagataatgt taatattgtg tttactgctt 124800
atggggatga gacgaaggaa ataaagacat acattaatag taattacgat aaagatatgg 124860
tcaatatact agtaggtcac ttaggtgtag aaggttcatt aactggaaaa ggctctcata 124920
gattagaagg ggcatttgga taccaggatt tattacctga taaatatgat ttcattttac 124980
taggtcatta tcaccgtaga cagtatttcc aaaatccgaa tcatttttat ggtggctcat 125040
taatgcaaca atcattttct gatgaacaag aagctaatgg tgttcattta atagatacag 125100
aaaaaatgac tacagaattc atcccaattc atacacgtag atttattact attcaaggag 125160
aagatattcc tgagaacttt gaacagttaa tcgaggaagg taattttatt agggttatcg 125220
gtacagcaaa tcatgctaag gttttagaaa tggatgacag tatgaaagat aagaatgttg 125280
aagttcaaat taaaaaagaa tatactgtag agaaacgtat tgatagtgat gtatctgatg 125340
acccctttaac aattgctagt acctatgcta aacaatactc acctgaatca gaacaagaaa 12 5400
tacttgagtg tttgaaggag gttttataat gaaaaaatat agagaatacc taaataagac 12 5460
agatgcagaa aatttagcag aggattggga gaaagtaacc gaagatttat ggaaagtgtt 125520
taaagatatg aaacctaaaa ttaatacatt agatattagt aatgtagaaa gtaaaaactt 125580
agataaaagt aaacctatac tacaattcca agattcagat ggagtaatag agaatatttg 125640
taatgttgag ggtttagaag atggtttaag taaaatgaaa aaggtttttg atgatagtaa 125700
ctttgaaaag cattattata gtagagtcgt agaccatgat gagtattact ggattgatta 125760
tggttctcat cattgtttct ttagagttac gaaaggggat aagtaatggt tgtatttaaa 125820

748

748/758

Фиг. 21PPP

sequence.txt

caagtagaag ttaataattt tttagcaatt aaagaagcta cgctagagtt agacaataga 125880
ggattaattc taattgaagg tgagaataaa tccaatgagt catttcattc aaacggttca 125940
ggaaaatcaa ctttaatatc tgccattact tacgctttat atggtaaaac tgaaaaagga 126000
ctaaaagcag acgatgtagt aaataatatt gagaagaaaa atacatctgt taaacttaag 126060
tttgatattg gggaagatag ctatttaatt gaacgttatc gtaaggacaa agagaataag 126120
aataaagtaa aattatttgt taatgaaaaa gagattacag gttcaacaaa tgacgttact 126180
gataaacaaa tacaagactt atttggtatt gagtttaata cttacgttaa tgctatcatg 126240
tatggtcaag gagatatccc tatgttctcc caagcaacag ataaaggtaa gaaagaaatt 126300
cttgaatcta ttactaagac agatgtatat aaacaagcgc aagatgtagc aaaagagaaa 126360
gttaaagaag tagaagaaca acaaaataac ataagacagg aaatctataa actaggttat 126420
cagttatcta caaaagatga gtacttccaa agagaaatag aacagtacaa ccagtataaa 126480
gaacaattgg ttcagataga aaacagtaat aaggaaaaag atagattaag agaacaagag 126540
gagaagcaaa tagaagctca aatagagcaa ttagcttcac agataccaac aatacctgaa 126600
gatgaattta agcactcaga ggagtataat aaagcttctc aaagcctaga tttactttct 126660
aataaattaa cggagctaaa tcaagtatac tcagaatata ataccaaaga acaagtacta 126720
aaatctgaaa tagctacatt aagcaatagt ctaaataagt tagatacaaa tgaccattgt 126780
cctgtttgtg gctcccctat agataattct cataaattaa aagaacagga aaatattaat 126840
aatcagattg agaataagaa acaagagatt actagtgtat tagaaatgaa agatacgtat 126900
aaagaagcta ttgataaagt aaaagataaa tcacaagaaa ttaaagataa aatgtcacag 126960
gaagaccaac aagaacggga gcacaataat aagattaaca gtataattca agaggcttct 127020
aggattaaat cagacattag ctcattagag aataataaaa cttatttaaa agtgaaatac 127080
caacatcaat ctgttcaagg attagagaga gaagaaccaa gtaaagaaaa acatgaggaa 127140
gataaaaaag aattacaaga atctattgac aaacatgaag agaatatagt acaattagaa 127200
actaagaaag gtaaatatca acaagctgta gatgctttta gtaataaagg tatacgttca 127260
gtagtgttag actttattac accattctta aatgagaaag caaatgagta ccttcaaact 127320
ttatcaggtt cagatattga aatagagttc caaactcaag tgaagaatgc taaaggagaa 127380
ctaaaagata agtttgatgt tattgttaag aatagcaagg gtggaggctc atacaaatct 127440
aattcagcag gagaacaaaa acgtattgat ttagcaatta gttttgcaat tcaggattta 127500
attatgagta aagatgagat atctacgaac attgcacttt acgatgagtg ttttgatggg 127560
ttagatacta tcggttgtga aaacgtgatt aaattattaa aagatagact taatacagta 127620
ggaacgatat ttgtaattac tcataatacc gaacttaaac cactatttga acaaacaatt 127680
aaaatagtaa aagaaaatgg agtatcaaaa ctggaggaaa aataatgaaa ttaaagattt 127740

749

749/758

Фиг. 21QQQ

sequence.txt

tagataaaga taatgcaaca cttaatgtgt ttcatcgtaa taaggagcac aaaacgatag 127800
ataatgtacc aactgctaac ttagttgatt ggtaccctct aagtaatgct tatgaataca 127860
agttaagtag aaatggagaa tatttagaat taaaaagatt acgttctact ttaccttcat 127920
cttatggttt agatgataat aaccaagata ttattagaga taataaccat agatgtaaaa 127980
taggttattg gtacaaccct gcagtacgca aagataattt aaagattata gagaaagcta 128040
aacaatatgg attacctgtt ataacagaag aatatgatgc taatactgta gagcaaggat 128100
ttagagatat tggagttata ttccaaagtc ttaaaactat tgttgttact agatatctag 128160
aaggtaaaac agaggaagaa ttaagaatat ttaacatgaa atcagaggaa tcacaattga 128220
atgaagcact taaagagagt gatttttctg tagacttaac ttatagtgat ttaggacaaa 128280
tttataatat gttgttatta atgaaaaaaa ttagtaaata gtaaggaagg atattatgag 128340
gtttgaagac tttttaaccc aagaattagg agaaccaaaa gaaaatacta taggtgagct 128400
aagatactgt tgtccgtttt gtggagaaaa aagttataag ttctatgtta agcaagccct 128460
agactctagt aatggtcagt atcattgtaa aaaatgtgat gaatcaggta atcctattac 128520
atttatgaag acttattata acattacagg taagcaagct tttgatttat tagagtctaa 128580
gaatatagat atagagagag ccccttttact tacaaccaat aataaggatt taacagaatc 128640
agagaaactt atattaatgc ttagaggtgt gcatcaagat aagggaacta ctagtattaa 128700
acctcctcga ttacctgaag gatataaatt attaaaagat aacttaaata ataaagagat 128760
tatacctttt ttaaaatact taaaaggtag aggtataact ttagaacaaa tcattaataa 128820
caatataggt tatgttatta atgggagctt ttataaagtt gacggggaat ccaaagtatc 128880
attaaggaat agtattatat tttttactta tgataatgat ggaaactacc agtactggaa 128940
tacaagaagt atagagaaga acccttatat taaatctatt aatgctcctg ctaaacaaga 129000
tgaagtaggt agaaaagatg tcatatttaa tttgaatata gcaagaaaga aaaagttctt 129060
agttataact gagggtgtat ttgatgcttt aacctttcat gagtatggag tagcaacatt 129120
aggtaaacaa gtaactgaga atcaaataaa aaaaataatt gattatgtta gtatagatac 129180
atcaatatat attatgttag acactgatgc attagataat aatatagact tagcttataa 129240
gttaaaaaca cattttaaca aagtttactt tgtaccacat ggtgatgaag atgcaaatga 129300
tatgggaaca aggaaagctt ttgagttatt aaaacagaac cgggtgttag taacacctga 129360
aagtatacag agttacaaaa tacaacaaaa acttaaactt taggcttgac cttagagaag 129420
ttttatgtta tactagtaat taagtaatta ataaaggaga aaaaaataat gtcaaataat 129480
aaaaaagata ttttagaatt tgtagatgaa tacattacag ctttaagagt tggtaatgag 129540
caacgacaac atcaattaga agaaatgggt aaagaagaaa cagcaacatt aacagatgta 129600

750

750/758

Фиг. 21RRR

sequence.txt

gctaaagcta ttactaacct tatgttaggt gttaatgagc agatgacaga cttagaatat 129660
aataacgagt taaacttaaa tattttaatt gatgctttat ataaagcaga gcttattaat 129720
gaagatgtat tagactacat tcaagaatca attgataaat cacaagaaga acctaaaaat 129780
gaagaagaaa aaggagaaca agaataatgg aaaaaaatat tagcacacac acaaaaggta 129840
ttagtcaagc agacatggag aaatggattg aagctgtagt acaaggaact gttgatggta 129900
aacaagttga tgagaaaaca gctaaacaat tagatagaat tggttcacga agtgtttctt 129960
tagaagaagc aactcgtatt gctaaagtcc ttaatgctgt aacagctcaa gaggttacag 130020
gagactttaa tgatgcattt aatgcaattg acttaatgat gattatcatg gaagatgagt 130080
taggagtaac tcaagaaaaa gtaggtaaag ctaaagataa actaaatgaa aaacgagaag 130140
cttacctaaa agagaaacaa gaagaattac gtcaaaaaca acaagaagag gcacaaaaag 130200
aaactgaatc tgacagcaat gaaaaagtaa ttcagttgaa gaaaaatgac gaacagtaag 130260
aaaaaagggg atacattcga acgtaaaata gctaaagaat taactgcttg gtggggatac 130320
caattcaata ggtctcctca atcaggtggt gcttcatggg gtaaagataa taatgctgtc 130380
ggagatatag tagtacccca ggaagctaat tttcctttag tagtagaatg taaacataga 130440
gaagaatgga ctatagataa cgttctttta aacaacagag agccacacac atggtgggag 130500
caagtcatta atgatagtag taaggtgaat aagacacctt gcttaatatt tactagaaat 130560
agagctcaga gttatgttgc tttaccttat aatgaaaaag tatatgaaga tttaagaaat 130620
aatgaatacc ctgtcatgag aacagatttt attattgata atattagaaa agataaattt 130680
ttttatgatg tccttataac taccatgaat gggttgacct catttacacc ttcttatatt 130740
atatcttgct acgacaaaaa agatataaaa ccatacaaga aggtcgagtc taatttatct 130800
gaggtaagta agcatgaaga tgaattgatt aatgaccttc ttagtgatat ataaggaagg 130860
taagataagt atgacaagca aagaaagacc attaatcgta tatttttcag gtacaggaca 130920
aacagaaaga ttagtaaaca aaattaatat taataattca tttgaaacat ttagggttaa 130980
gagtggaaaa gaaaaagtaa ataaaccttt tatactaata acacctactt ataagaaagg 131040
tgcaatacct aaacaaatag aaagattcct agaaattaat gggagcccta aagaagttat 131100
tggcacagga aataaacaat ggggctctaa tttctgtgga gcaagtaaaa agatttcaga 131160
gatgtttaag attcctttaa ttgctaaagt agagcaatca ggacacttta acgagataca 131220
accaatatta gaacacttta gtaataaata taaagtagcg taaaggatga gagatatatg 131280
gcaacatatg gaaaatggat tgagttaaat aatgaaataa ctcaattaga tgacaatgga 131340
aaaaataaac tctataaaga ccaagaagct ttagatgagt atttaaaata tattgaagac 131400
aatacaagaa agtttaatag tgaagtagaa agaattagag tattgacaaa agaaggaaca 131460
tatgataaaa tatttgacaa ggttcctgac actattattg atgagatgac taagttagct 131520

751

751/758

Фиг. 21SSS

sequence.txt

tacagtttta attttaaatt ccctagtttc atggcaggac aaaagtttta tgaatcttac 131580
gcatcaaaac agtatgatga aaacaaaaaa cctatttttg ttgaagacta tgaacaacat 131640
aatgttcgag tagctttata tttatttcaa aatgactatg taaaggctag agaattacta 131700
gtacaactta tggagcaaac attccaacca tctacaccta cgtataataa ctcaggtcaa 131760
gctaatagag gtgaactaag ctcatgttat ctatttgtag tagatgattc aattgagtct 131820
ttaaactttg ttgaggatag cgtagctaat gctagttcta atggtggcgg agttgcaatt 131880
gatttaacta gaattagacc taaaggagct ccagtacgta atagacctaa ttcaagtaaa 131940
ggtgttattg cttttgctaa agctattgaa cataaagtta gtatttatga ccagggcggt 132000
gtaagacaag gtagtggtgc tgtttaccta aatatattcc acaatgatat cttggattta 132060
ttaagctcta agaaaatcaa tgccagtgaa tctgttagac tagataaatt atctattggt 132120
gttacaatcc ctaacaaatt tatggagtta gttaaagaag gtagaccttt ctatactttt 132180
gatacttacg acattaataa agtgtatggt aagtatttag atgagctaaa cattgatgaa 132240
tggtatgata agttactaga taatgatagt atcggtaaag taaaacatga tgctagagaa 132300
gttatgacag atattgctaa aacgcaatta gaatcaggat acccttatgt attctatatt 132360
gataatgcta atgataatca tccattgaaa aacctaggta aagttaaaat gagtaactta 132420
tgtacagaaa tttcacaatt acaagaggta tcagaaattt atccgtactc ttacagtaat 132480
aagaatgtta ttaatagaga tgttgtttgt acattaggtt ctcttaactt ggttaatgtg 132540
gttgaaaaag gtttattgaa tgaatctgta gatattggta caagagcatt aacaaaagtt 132600
actgatatta tggatttacc ttacttacct agtgttcaaa aagcaaatga tgatattaga 132660
gctatcggtt taggttcaat gaatttacat ggacttttag ctaagaatat gattagttat 132720
ggttctagag aagcattaga cctagtaaac agtttatata gtgctattaa cttccagtct 132780
attaagacat ctatgttaat ggctaaagaa acaggaaaac catttaaagg atttgagaag 132840
tccgattacg ctacaggtga atactttgta agatatatta gagaatccaa tcaacctaag 132900
acagataaag ctaagaaagt cctagataag gtttatattc caacacaaga tgattgggat 132960
gaattagcta aagcagtaaa agtacatggc ttgtataatg gttatagaaa agcagaagca 133020
cctactcaat ctatatctta tgtacagaat gctacaagtt ctattatgcc agttcctagt 133080
gctatagaga atagacaata tggagatatg gagacatatt acccaatgcc ttacctaagt 133140
cctataactc agttcttcta tgaaggagaa acagcttata agattgacaa taaacgtatt 133200
attaatacaa gcgcagttgt tcagaaacat acagaccaag cagtatctac aatcctttat 133260
gtagagtcag aaatacctac taataaacta gtatcattat actattatgc ttgggaacaa 133320
ggattaaaat cattatacta tacacgttca cgtaaacttt ctgttattga atgtgaaaca 133380

752

752/758

Фиг. 21TTT

sequence.txt

```
tgttcggttt agaaaggaaa tagatatgga tattacacaa aaagtaaaac aacataataa 133440
aaatgctgta ttaaaagcaa caaactggaa tattgaagat gacgggatgt ctgatattta 133500
ttgggagcaa ggaatttccc aattttggac tcctgaagag tttgatgtat caagagattt 133560
aagttcttgg aatagtttaa ctgaaagtga aaagaacact tataagaaag tccttgcagg 133620
gctcacaggg ctcgatacca agcaaggagg agaaggtatg aacttagtat cctaccacga 133680
accaagacct aaataccaag ctgtatttgc gtttatgggt ggtatggaag agatacatgc 133740
taaatcctat agtcatatct ttacaacatt actaagtaat aaagaaacaa gctatctatt 133800
agatacttgg gtcgaagaaa acgacttttt aaaagtaaaa gctcagttta tcggatatta 133860
ctatgaccaa ctattaaaac ctaaccctac tgtatttgat agatacatgg ctaaagtagc 133920
tagtgccttt ttagaaagtg cactattcta ctcaggattt tattatcctt tacttcttgc 133980
agggagagga cagatgacac aatcaggagc tattatttat aaaattactc aagatgaagc 134040
ttaccatggt tcagcagtag gattaacagc tcaatatgat tataatcttc taacagaaga 134100
agagaaaaaa caagcagata aagaaactta tgaattatta gatattcttt acactaatga 134160
agtagcgtat acacatagtc tatatgaccc attagaatta agtgaagacg taattaacta 134220
cgttcagtat aattttaata gagctcttca aaaccttgga agagaggact attttaatcc 134280
tgaaccttat aaccctattg tagaaaatca aactaatgta gacagattac gaaatgttga 134340
tttctttagt ggtaaagcag actatgaaaa atctacaaat attaaagata ttaaagatga 134400
agatttttca ttcttagata gtaaagaata cagtactgcc aaggaattcc tataaaaagg 134460
agaaaagata ttatggatag aaaagaagca atggatttac taagtaaagc agaaatatta 134520
tttaaaaaac atgatgagtt ttcatgtgta agtgatatca atgaccctat gaagttattc 134580
agtaactcta aggatgctaa agctgatgat acgtctaagt cttttcagtt agagtttatg 134640
catgatatga ccatgtatac tttatcttat ggctcaggac agttaaaact tattgattta 134700
gcagaaggtt atgaagcaca aaaagctaca gtagttaact catttcccga aattattaaa 134760
acattagaaa aggatgattc agaagatgga aaaaatgaat agtttagtag atttaaatac 134820
agcaattaga caaaagaaag atgttattgt catgattaca caagataatt gtggtaagtg 134880
tgagatttta aaaagtgtaa tccctatgtt tcaagagtca ggtgacatta aaaaacctat 134940
cttaacatta aatctagatg ctgaagatgt agatagagaa aaagctgtta agttattcga 135000
tatcatgagt acaccagtat taattggata taaagatggt cagttagtta aaaagtatga 135060
agaccaagtt acacctatgc aattacaaga attagagtca ctttaatttg gaatttccta 135120
ctatctgtgc tatactataa tagtacaagg tagtaggatt ttttaatgga aggaagatga 135180
catatcgcaa agaataaaac attaacgata tataatagtg atagatattt taatatacac 135240
acaaaagata aagataaaat taatgaggct attaaagtca cacatggtaa tgaagaagaa 135300
```

753

753/758

Фиг. 21UUU

sequence.txt

```
attgaaaaga atatggatga attaatatct aagtctagac gatatatcat gagagatgaa   135360
aatcattaca tgttatttaa tgaaaagtac aataatgata gacttataga aaaagtatgt   135420
aaacacggtg gcaaagttac atactatact gattcagtat taccctatta tgttttaaaa   135480
gacttatcta gtcaccctga ctcagaagtc gtttatcgta tgcgcaatgg ttttactgca   135540
aaagaagtag ataatatagc tttgtcattt atgggtacaa aagttattat tgatatttct   135600
gtagtatttc cttatgtaaa cccttatgat attattagaa gtttacatga tattaaaaca   135660
aatgtagatg aagttcattt atcatttcca cgaatattag aagtagatga aaaacaagaa   135720
aaattttatt tctttgatgg tgaagcttat gatttaaaac ctgagtataa agtagatttt   135780
gcggataaaa ttagagtatc tttatcagta tggaaaatgt atatctatat cttaacaagt   135840
agtcgtgatt ttgaggatgt agacaatgta attacgaaac taaaacaaca acgaaagatt   135900
aagatataag gtgattatat gagtacagca aatagaagag atatagcaag aaagatatca   135960
gagaatacag gttactatat ccaggatgta gaggaaatac taagtgcaga gacagatgct   136020
atttctgact tactagaaga aggatatact aaagtaaaga atcataaatt tatgcaaata   136080
gaagttattg aaagaaaagg taaaaaagcg tgggatggtc tgaataaaga atacttccat   136140
ttacctaata gaaaagctat aaaattcaaa ccactaaaag aactagaaga ggttattgat   136200
agacttaatg aagaagagaa ataattctct tctttttta ttgacaaggt ttaaaatata   136260
tggtatagta ttattaagtt aaaaaaggag aggaattaaa tgaaagtatt aatcttattt   136320
gaccacatta gagaagagca tttttctgta agtaaagatg ggagtgtgaa atctaatgta   136380
ctaaatacac ctaatggaaa aacacttaag aaattacttg agaagtgttc taatttaaag   136440
agagataaaa caaacagaga ttatgatatt gattttctct acaatgcagt acctacacct   136500
atcagaaatg actatggtaa aattattaaa tatcaagatg ttaaacaagc agaagtaaag   136560
ccatactatg agagaatgaa taatattatt attgataatt cttatgatat gataattcct   136620
gtaggtaaac taggcgttaa atacttatta aatgttacag ctattggtaa agtaagaggt   136680
gtaccaagta aagtaactat tgaaaatgga acatcttctc atgacgtgtg ggtattacct   136740
acttacagta ttgaatatac taatgtaaat aaaaatagtg aacgtcatgt agtatcagat   136800
ttacaaacag ttggtaagtt tgtagagcaa ggagaagagg catttaaacc taaggaagta   136860
tcttacgagt tggtagataa cattgaaaga gtaagagaaa tattcaataa ggaagtaaag   136920
aatgataatt atgatggcgt agatattacc gcatgggact tagagactaa ctcattaaaa   136980
cctgataaag aaggaagtaa acctttagta ctatctctat catggagaaa tggtcaaggt   137040
gtaactatac ctttatacaa atcagacttt aactgggaaa acggtcaaga tgatattgat   137100
gaagtcttag aattacttaa gaactggtta gctagtaaag aagatattaa agtagcacat   137160
```

754

754/758

Фиг. 21VW

sequence.txt

aatggtaagt acgatattaa attcttgatg agtactgaga actttaaaga ttttgagagt 137220
attcaagata ctaaagtagg ttggtaccta gctgttaccc aagaagttaa agaatcttta 137280
agattatctg atttagctta tgaggttaca gatgtcggag gttatgataa accattagaa 137340
gattttaaat tatggtttgt tactaagtta ttaagattct tctcagataa aattaaagag 137400
atacagaaag aaaataaaaa gattgctaag aaggagtatg atgttaaagc tcccgaatat 137460
aaagaatggc tagagaataa actaaatgaa acagtagtag aactagatga tactgagaag 137520
aaatttagag ttagtgaatt agagaaaaag tatattcaac taggtctttc acctgaaatt 137580
gtaaatatga atttagttat gaataacgat gagttcataa gtattgcaga acaatcacct 137640
gagtacatgg ggttatctga ctatgctaag tcttacacat taaatactgc aattaattta 137700
attaatgagt atagagatgt aaaagatgta gttaatgata ttgatggagg taactttaat 137760
tatgattggt tccctattga attaatgcat ccatacgcat caggagatac tgatgtatgt 137820
agaagaattc attgtgatgt agttaagaaa cttaaagaac aagatagacc taaatcaatg 137880
catttattag aagttaatta cccaagactt actaagtctt tagctagaat tgaatcaaat 137940
ggtttatatt gtgacttaga ttatatgaaa gaaaatgatg agtcatacga gtctgagatg 138000
gctaaaaatc atgctacaat gagagagcac tgggctgtta aagaatttga agaataccaa 138060
tacaatcttt accaaatggc gttagaagaa catgagaaaa agccaaaaga tagagataaa 138120
gatatccatc agtatagaga taaatttaaa gatggtaaat ggatgttttc cccaagttcc 138180
ggagaccata aaggtagagt aatttatgat attttaggaa ttcaattacc ttatgataaa 138240
gaatatgtta aggaaaaacc atttaatgct aatgttaaag aagcagacct tacttggcag 138300
gactataaaa cagacaagaa agctattggt tatgcgttag ataatttaga attaaaagat 138360
gatgttagag aacttcttga gttacttaaa tatcatgcta gtatgcagac aaaacgtaat 138420
tcatttacta agaaattacc taatatgatt aataaacaaa aacgaacatt acatggttct 138480
ttttctgaga caggtacaga gacatcaaga ctaagtagta gtaaccctaa cttgcaaaac 138540
ttaccggcac acacatcaga tgtaaacaag tttgattaca aacatccaat taaacgttca 138600
tttgtttcta gatttgaaaa tggagtacta ctgggagccg actatagcgc cctagagatg 138660
cgtattattg gattatttac taaagaccct gatatgctac aatcattctt aaatggggaa 138720
gatattcata aggctactgc aagtattgtt tataataaac cagtagaaga ggtaactaag 138780
gaagaacgac aagcaactaa agcagttaac ttcgggttag ccttcggtga atcacccttc 138840
tcatttgcag gtaaaaataa tatggaagta agtgaagcag aagaaatatt tgaaaagtac 138900
ttccaaacaa aaccaagtgt aaaaacttct attgacaatg tacatgagtt tgtgcaacaa 138960
tatggttatg ttgatacaat gcacggacat agaagattta tccgttcagc ccaatcaaca 139020
gataaaaaga taaaaaatga aggtctaaga cagtcattta acactattat ccaaggttca 139080

755

755/758

Фиг. 21 WWW

sequence.txt

ggcagtttct taacaaacat gtctttaact tacttagatg attttatcca atctcgtaac 139140
ttaaaatcaa aagttattgc cacagtacat gatagtatct taattgattg tcctcctgaa 139200
gaagctaaaa ttatggctaa agtgacaatt catattatgg aaaacttacc atttgatttc 139260
ttaaaagcag aaattgatgg aaaagaagta caatatccta ttgaagctga tatggaaatt 139320
gggttaaact ataatgatat ggttgaatat gatgaggaag aaatagatac atttaattct 139380
taccaaggtt atattaagta tatgatgaat ttacagacct tagaagatta taaagagtca 139440
ggtaaactaa cagatgaaca atttgaaaag gctactaatg ttgttaaaag tgaaaaacat 139500
atttaccaag aaatttaata aaagtattga caatacattt aacttatgtt atactatata 139560
ggtaataaat ataaggagga aaacagagtg aatacaggag agattagatt taatcgttct 139620
atggatgaat ggattataac aagtatgtac caggatgagc taggtgagat gaatattgtt 139680
gttacattct ataatagaga agaaaataaa catggttcta cagttttacc aacagagtca 139740
tctactggag aagtagcaga ggaattggca agtcttgaag aagaatatcc tctagcttta 139800
cctttaagta gtatctcagt taatatttaa aaggaggaac tgataaatgg aaatacacat 139860
tgattcccta gattttacaa actttactat taaagataga aatgggaact cacaagagtt 139920
tgatattaca gatgagttaa gaattacaga gtatacaata caagaggact ttatgcaaca 139980
atcagctaaa tatgcttttt gggcttctat attagagaag gtaagagcat attctgaaat 140040
ggaacaaaga aatctagaaa caattggtag taagctaaac cttacaatta gacaagagta 140100
cgaacaacaa ggtaaaaagc ctactaaaga tatgattgaa tctagtgttt atattcatga 140160
ttcttaccaa caacaactta aagttgttga ggcttggaat tataaagtta aacaacttca 140220
atatgttgta aaagcttttg agacaagaag agatatgatg attcaattag gtgcagaatt 140280
acgacaaaca aataaaaatg gtggaattac taatccattt tcacattaaa aaataaagta 140340
aagaatataa ttgacaaata taaaaaacta tgttataata aataagtaaa ttaattaaaa 140400
ggagaaaaga taattatgga tttcaatcaa tttattaaca atgaggcaag caaattagaa 140460
agcaataaca gttcttttaa caataatgta gagagctaca aacctaaaaa ccctgtacta 140520
cgtttaggta atattaaaga tgcaaacgga aataaggttg ttaaagaaaa tgcttttgta 140580
cgagtattac ctcctgcaca aggaacaaat gttttcttta aagaatttag aacaacaggt 140640
attaactatt ctaagaaaga tggttctcaa ggattcacag gattaacatt acctgcagaa 140700
gaaggttcat ctgtccttga cccgtacatt caggactgga taacaaatgg tgttcaattt 140760
agtagattcc ctaataaacc aggagtacgc tattacattc atgtgattga atactttaat 140820
aacaatggtc aaattcaacc aaaaacggat gctcaaggaa atgtaatgat tcaacctatg 140880
gaattatcta acacaggata taaagaatta ttagctaact taaaagatac tatgttaaaa 140940

756

Фиг. 21XXX

sequence.txt

```
ccatcaccta atgcacctca tagctttatc tcagcaaatg aagcattctt agttaatatt   141000
gttaaagcta agaaaggtga aatgtcatgg aaagtaagtg tttatcctaa tgctccttta   141060
ggtgcgttac cgcaaggttg ggaacaacaa ttatctgacc tagaccaatt agcaaaacca   141120
acagaagaac aaaatcctaa ttttgttaac ttcttaatca ataatgttaa taacacagag   141180
ttaagtcatg ataactttaa atttaaccgt gaaacaaatg tcttaggtga agaaccttca   141240
gagcctaaac aagcacctac gcaacaagat gtagatagtc aaatgccaag taatatggga   141300
ggacaaccta atcagcctca gcaaggtcaa gtaggtcagt atgcacaaca aggtcaaagt   141360
aatggtcaag gacagcagtt acaaggtaca caacaaccta tcaataacac gcaatttggt   141420
caaggaactc cttcaggaca acaaccaagt aacacaggtt ctgttgattg ggataactta   141480
gcgcaacaac aatcacaacc tgattcaaac ccattcaatg attttgatgt tagcagtgtt   141540
gatgattcac aggtaccttt tgagacacaa cctcaaaata cacaacaagc acctgaacca   141600
caccaaacta cacaagagcc tccaaaacaa aaacaaacac aaagtattga cgatgtatta   141660
ggtggtctag acttagataa cctataagat atagagtgcc ttagagcact cttttattta   141720
agatatataa ttactaggag gatattaaat ggcaagagca aaaaaaggta aagaagtaga   141780
tttaacagat ttaaatacaa ttgatttagg taaagaatta ggattaacat tattatcgga   141840
tagcaataga gcagacatta aaaatattgt acctactatg gttcctcagt atgatagaat   141900
tctaggagga ggcatcccat taggtagatt gacagaggtt tacggattaa caggttcagg   141960
taaatcaagt tttgcagtcc atctctctag aatttcaaca cagttaggtg ttataactat   142020
ttggattgat attgaaggta ctgcggacaa taatcgtatg gaacagcttg gcgtagatgt   142080
ttcaaaacta ttctctattc aggcaggtga aggtagactt aaaaatacag tagagttatc   142140
tgtagagact gtaggtaagg aattagatta ctggatagat actttcaacg agaaagcccc   142200
tggagtacct attttattta tttgggattc attaggagca acaagaactc aagcggagat   142260
tgaagaagga gtagaccata ggaaattagg gacaaaagcc acagctactc aaaaagttat   142320
caacgcagta tctcctaaat taaatgatac aaatacagga ttaattgtta ttaatcaagc   142380
tagagataac ttgaatatgt ctaaccctta tgatgaccct attaagtcca caggagggcg   142440
tgcgttcgag catggagcca gtctaagact taaaattact aaaggtaaag agtccgacct   142500
taaacaatct gattcaatga caggtaaacc tacctataaa ggtcatgtga tgagagtaga   142560
gactaaaaaa tctaaactat ctagaccagg acaaaaagca gaagcagact tactatcagg   142620
atatgaggta ggttctggtt cggatattac ccaactaaat ggaattgacc cttaccatac   142680
tatctataag gaagcagttg aaagaggtct aattacgaaa gggacttgga gaaattatat   142740
cacacttaat ggggaggaaa ttaaacttta tgataaagat tgggttcctc gtttaataga   142800
tgaccatgag ttatacttgg aattatttag tagagtctat ggagaacatt tccctaatgg   142860
```

757

757/758

Фиг. 21YYY

sequence.txt

```
ttattcacca ttacttaata ctaaagtaat tgtaactcag ttagaagaat atcaagcatt   142920
agagaattac tatgaagagt gggctaaaga taataaacaa gaagaacaag aggaagaatc   142980
aaaaggagaa tctcaagaaa aggattctga ataatagatg tataatttaa tagataaaaa   143040
catgagacag gtaaaagaat ctttggggaa tgcaaattcc tcagatgttc ttcctttacc   143100
ttataaagac atagcaaaga aatttgaaga agtaaaagaa aaaggtgaat caattatcat   143160
tgaagagggt ggattccctt acacagattc tacagtgatg tatatagaac atgtaacaga   143220
tagatgggca ggaggatact ccctaattag gcatgaaggt gaagaggtta aagtacctaa   143280
aactatccat ttctctgata tatatgttaa ggataaatca cataaagtaa gaataatctt   143340
cgagggggct aatccttatg aagaaggcta aaaatggtaa tagatatgta atagatatag   143400
atggtattcc tgttgatttt gaaagagact tggatagttt acttaacagg tataaaaacc   143460
ttaggtggtc attatatcat aagtacgcag ggattttatc taatgatttt gaaagacaag   143520
aactaagaga atatattgat gagcaattta ttaaattagt taaagaatat aatattagaa   143580
gtaaagtgga ttttcctgga tatattaaag ctaaactaac tttaagagtt caaaatagtt   143640
atgttaagaa gaatgaaaaa tataaacgta ctgaaattat tggtaaaaaa gattatacag   143700
tagagtcctt aacagaagat ttaaatgaag acttcgagga taatcaaatt atgagttacg   143760
tatttgatga tatagaattt acagaagttc aaagtgagtt acttaaagaa ttacttatta   143820
atcctgaaag agaagatgat gcctttatcg tttctcaagt agcggaaaag tttgatatga   143880
aaagaaaaga agtagcaagt gagttgacag aactcagaga ctatgttaga tttaaaataa   143940
atgcatacca tgagtactat gctaagaaag aattaaataa ccatagagtt aatactgaaa   144000
atcatatttg ggaaaactag ttacagtgcc ttccttgtgt tatataagta ctactaataa   144060
tattattagt agtacttttg atatattatt tatgtagaag agaagtgaaa atagtgagaa   144120
tagaaaagca taaaataaag aataataaag taattaatga aatgtctata acagcaaata   144180
acctctataa tcatgctaat tttattttaa gacaaaattt ctttaataat aagactaata   144240
aaggatacag aaagttttta aattataata ctattcatag aatattaaaa aatatgaatg   144300
aagagaatta tattaaactc ccaagacaaa catctcaaca agtattaagg gatttaatta   144360
ataactggtc tagttttaga aaatcagaaa aagattattt taaaaaccct aataaataca   144420
gaaatagacc aaaaccacct aaatataaag ctaaaggcgg taaaggaaca attaagttta   144480
ctaatcaaca atgtagaatt cataaaaaag atggtttaat acatttacct acacctttac   144540
aagatataac tataaaacct tataaagcta agaatataag agaacttgtt tgtattccta   144600
aaagtgatta ttttgaagtt ttagtatgtt ataaagaaga aaatagtaat aaaacactaa   144660
atgataacga aaacatagca agtattgatt taggtttaga taacttgata accatggttt   144720
```

758

758/758

Фиг. 21ZZZ

sequence.txt

ctattgtaga taaaccaata attataaatg gtaaaggtct aaaatctaaa aataaatatt	144780
ttaataaaaa aataaggtat tatcaaagtc tattacaaaa caatagttac tcttcgaaaa	144840
gaatattaaa atattgggaa aaaagacaca atattatact agattacttt cataaagcaa	144900
caaacgaagt tgttaaatac tgcgtaaaaa atgatattag taaagtagtt atagggtata	144960
ataaacagca aaagtataaa tctaaattaa aaaa	144994