(19) 대한민국특허청(KR)
(12) 공개특허공보(A)

(11) 공개번호 10-2025-0028508
(43) 공개일자 2025년02월28일

(51) 국제특허분류(Int. Cl.)
C12N 15/86 (2006.01) *A61K 48/00* (2006.01)
A61P 31/00 (2006.01) *A61P 35/00* (2006.01)
A61P 37/00 (2006.01)
(52) CPC특허분류
C12N 15/86 (2013.01)
A61K 48/00 (2024.01)
(21) 출원번호 10-2025-7004957(분할)
(22) 출원일자(국제) 2018년06월13일
심사청구일자 없음
(62) 원출원 특허 10-2020-7000972
원출원일자(국제) 2018년06월13일
심사청구일자 2021년06월11일
(85) 번역문제출일자 2025년02월14일
(86) 국제출원번호 PCT/US2018/037379
(87) 국제공개번호 WO 2018/232017
국제공개일자 2018년12월20일
(30) 우선권주장
62/518,898 2017년06월13일 미국(US)
(뒷면에 계속)

(71) 출원인
플래그쉽 파이어니어링 이노베이션스 브이, 인크.
미국 02142 매사추세츠주 캠브리지 8쓰 플로어 캠브리지 파크웨이 55
(72) 발명자
카베지안, 아바크
미국 02142 메사추세츠주 캠브릿지 스위트 800이 8쓰 플로어 캠브릿지 파크웨이 55
와인스타인, 에리카 가브리엘
미국 02142 메사추세츠주 캠브릿지 스위트 800이 8쓰 플로어 캠브릿지 파크웨이 55
(뒷면에 계속)
(74) 대리인
양영준, 이상남

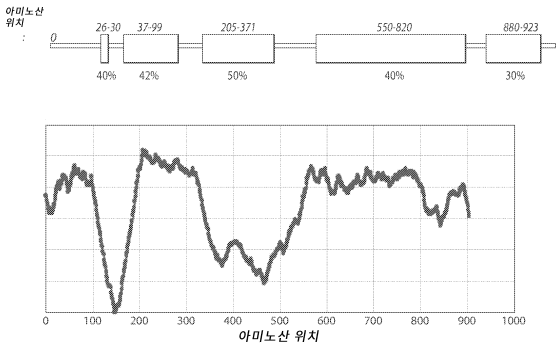
전체 청구항 수 : 총 1 항

(54) 발명의 명칭 **큐론을 포함하는 조성물 및 그의 용도**

(57) 요 약

본 발명은 일반적으로 큐론의 약제학적 조성물 및 제제, 및 그의 용도에 관한 것이다.

대 표 도



(52) CPC특허분류
A61P 31/00 (2018.01)
A61P 35/00 (2018.01)
A61P 37/00 (2018.01)
C12N 2750/00022 (2013.01)
C12N 2750/00043 (2013.01)

(72) 발명자
플루기스, 니콜라스 맥카트니
미국 02142 메사추세츠주 캠브릿지 스위트 800이 8쓰 플로어 캠브릿지 파크웨이 55
레보, 케빈 제임스
미국 02142 메사추세츠주 캠브릿지 스위트 800이 8쓰 플로어 캠브릿지 파크웨이 55
디아즈, 페르난도 마틴
미국 02142 메사추세츠주 캠브릿지 스위트 800이 8쓰 플로어 캠브릿지 파크웨이 55
나완다, 다난자이 마니클랄
미국 02142 메사추세츠주 캠브릿지 스위트 800이 8쓰 플로어 캠브릿지 파크웨이 55

(30) 우선권주장
62/597,387 2017년12월11일 미국(US)
62/676,730 2018년05월25일 미국(US)

명 세 서

청구범위

청구항 1

합성 큐론의 용도.

발명의 설명

기 술 분 야

[0001] 관련 출원

[0002] 본 출원은 2017년 6월 13일자 출원된 미국 특허 제62/518,898호, 2017년 12월 11일자 출원된 미국 특허 제62/597,387호 및 2018년 5월 25일자 출원된 미국 특허 제62/676,730호에 대한 우선권을 주장하며, 이들 출원 각각은 그의 전문이 본원에 참조로 포함된다.

[0003] 서열 목록

[0004] 본 출원은 ASCII 형식으로 전자 제출된 서열 목록을 포함하며, 그의 전문이 본원에 참조로 포함된다. 2018년 6월 13일자 생성된 상기 ASCII 카피는 명칭이 V2057-7000WO_SL.txt이며, 1,066,292 바이트 크기이다.

배 경 기 술

[0005] 치료제를 운반하기 위한 기존의 바이러스 시스템은 질병 또는 장애와 연관될 수 있으며 고도로 면역원성일 수 있는 바이러스를 사용한다. 실질적으로 비-면역원성이며 비-병원성인 개선된 운반 비히클이 해당 분야에 필요하다.

[0006] 선행기술문헌 목록

[0007] - 선행문헌 1: Kincaid *et al.*, "A Human Torque Teno Virus Encodes a MicroRNA That Inhibits Interferon Signaling," PLOS PATHOGENS, vol. 9, no. 12 (2013.12.19.)

[0008] - 선행문헌 2: Johanna *et al.*, "Potential implication of new torque teno mini viruses in parapneumonic empyema in children," EUROPEAN RESPIRATORY JOURNAL, VOL. 42, NR. 2 (2013.8.)

[0009] - 선행문헌 3: US 6 395 472 B1 (2002.5.28.)

[0010] - 선행문헌 4: Jianming *et al.*, "Human circovirus TT virus genotype 6 expresses six proteins following transfection of a full-length clone," JOURNAL OF VIROLOGY, THE AMERICAN SOCIETY FOR MICROBIOLOGY, US, vol. 79, no. 10 (2005.5.1.)

[0011] - 선행문헌 5: Shigeo *et al.*, "Torque teno virus (TTV): current status," REVIEWS IN MEDICAL VIRO, CHICHESTER, GB, vol. 17, no. 1 (2007.1.1.)

발명의 내용

[0012] 본 개시내용은 예를 들어, 치료제를 진핵 세포로 운반하기 위한 운반 비히클로서 사용될 수 있는 큐론(curon), 예를 들어, 합성 큐론을 제공한다. 일부 실시형태에서, 큐론은 단백질성 외부에 캡슐화된 유전 요소를 포함하는 입자를 포함하며, 이는 유전 요소를 세포(예를 들어, 인간 세포) 내로 도입할 수 있다. 일부 예에서, 유전 요소는 페이로드(payload)를 포함하며, 예를 들어, 그것은 세포에서 발현되는 외인성 이펙터(예를 들어, 핵산 이펙터, 예컨대 비-코딩 RNA 또는 폴리펩티드 이펙터, 예를 들어, 단백질)를 인코딩한다. 예를 들어, 큐론은 세포와 접촉하고, 외인성 이펙터를 인코딩하는 유전 요소를 세포 내로 도입하여, 외인성 이펙터가 세포에 의해 제조되거나 발현되게 함으로써 외인성 이펙터를 세포 내로 운반할 수 있다. 외인성 이펙터는 일부 예에서 세포의 기능을 조절하거나, 세포 내에서 표적 분자의 활성 또는 수준을 조절할 수 있다. 예를 들어, 외인성 이펙터는 (예를 들어, 실시예 22에 기재된 바와 같이) 암 세포의 생존력을 감소시키거나, (예를 들어, 실시예 3 및 4에 기재된

바와 같이) 세포 내에서 표적 단백질, 예를 들어, 인터페론의 수준을 감소시킬 수 있다. 또 다른 예에서, 외인성 이펙터는 (예를 들어, 실시예 9에 기재된 바와 같이) 세포에 의해 발현되는 단백질일 수 있다.

[0013] 합성 큐론은 야생형 바이러스에 비하여 적어도 하나의 구조적 차이, 예를 들어, 야생형 바이러스에 비하여 결실, 삽입, 치환, 효소적 변형을 갖는다. 일반적으로, 합성 큐론은 유전 요소 또는 거기에 인코딩되는 이펙터 (예를 들어, 외인성 이펙터 또는 내인성 이펙터)(예를 들어, 폴리펩티드 또는 핵산 이펙터)를 진핵 세포 내로 운반하기 위한 실질적으로 비-면역원성인 비히클로서 사용될 수 있는 단백질성 외부 내에 봉입된(enclosed) 외인성 유전 요소를 포함한다. 큐론은 예를 들어, 치료제를 요망되는 세포 또는 조직에 운반함으로써 질병 및 장애의 치료를 위해 사용될 수 있다. 본 개시내용의 합성 큐론의 유전 요소는 환형 단일-가닥 DNA 분자일 수 있으며, 일반적으로 단백질성 외부 또는 이에 부착된 폴리펩티드에 결합하는 단백질 결합 서열을 포함하며, 이는 단백질성 외부 내의 유전 요소의 봉입 및/또는 단백질성 외부 내의 다른 핵산에 비한 유전 요소의 농축을 용이하게 할 수 있다.

[0014] 일 양태에서, 본 발명은 (i) 프로모터 요소, 외인성 이펙터(예를 들어, 페이로드)를 인코딩하는 서열 및 단백질 결합 서열(예를 들어, 외부 단백질 결합 서열, 예를 들어, 패키징 신호)을 포함하는 유전 요소를 포함하는 합성 큐론을 특징으로 한다. 일부 실시형태에서, 유전 요소는 단일-가닥 DNA이다. 대안적으로 또는 조합하여, 유전 요소는 하기의 특성 중 하나 또는 둘 모두를 갖는다: 환형이고/환형이거나, 세포에 유입되는 유전 요소의 약 0.001%, 0.005%, 0.01%, 0.05%, 0.1%, 0.5%, 1%, 1.5% 또는 2% 미만의 빈도로 진핵 세포의 게놈 내로 통합됨; 및 (ii) 단백질성 외부. 일부 실시형태에서, 유전 요소는 단백질성 외부 내에 봉입된다. 일부 실시형태에서, 합성 큐론은 유전 요소를 진핵 세포 내로 운반할 수 있다.

[0015] 일 양태에서, 본 발명은 (i) 프로모터 요소 및 외인성 이펙터(예를 들어, 페이로드)를 인코딩하는 서열, 및 단백질 결합 서열(예를 들어, 외부 단백질 결합 서열)을 포함하는 유전 요소; 및 (ii) 단백질성 외부를 포함하는 합성 큐론을 특징으로 하며, 유전 요소는 단백질성 외부 내에 봉입되며, 합성 큐론은 유전 요소를 진핵 세포 내로 운반할 수 있다. 일부 실시형태에서, 유전 요소는 야생형 아넬로바이러스(Anellovirus)의 서열(예를 들어, 야생형 토르크 테노(Torque Teno) 바이러스(TTV), 토르크 테노 미니 바이러스(TTMV) 또는 TTMDV 서열, 예를 들어, 표 1, 3, 5, 7, 9, 11 또는 13 중 임의의 것에 열거된 것과 같은 야생형 아넬로바이러스 서열)과 적어도 75%(예를 들어, 적어도 75, 76, 77, 78, 79, 80, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99 또는 100%) 서열 동일성을 갖는 핵산 서열(예를 들어, 300 내지 4000개 뉴클레오티드, 예를 들어, 300 내지 3500개 뉴클레오티드, 300 내지 3000개 뉴클레오티드, 300 내지 2500개 뉴클레오티드, 300 내지 2000개 뉴클레오티드, 300 내지 1500개 뉴클레오티드의 핵산 서열)을 포함한다. 일부 실시형태에서, 유전 요소는 야생형 아넬로바이러스의 서열(예를 들어, 야생형 토르크 테노 바이러스(TTV), 토르크 테노 미니 바이러스(TTMV) 또는 TTMDV 서열, 예를 들어, 표 1, 3, 5, 7, 9, 11, 또는 13 중 임의의 것에 열거된 것과 같은 야생형 아넬로바이러스 서열)과 적어도 75%(예를 들어, 적어도 75, 76, 77, 78, 79, 80, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99 또는 100%) 서열 동일성을 갖는 핵산 서열(예를 들어, 적어도 300개 뉴클레오티드, 500개 뉴클레오티드, 1000개 뉴클레오티드, 1500개 뉴클레오티드, 2000개 뉴클레오티드, 2500개 뉴클레오티드, 3000개 뉴클레오티드 또는 그 이상의 핵산 서열)을 포함한다.

[0016] 일 양태에서, 본 발명은 대상체에서의 질병 또는 장애의 치료 방법을 특징으로 하며, 당해 방법은 예를 들어, 본원에 기재된 바와 같은 큐론, 예를 들어, 합성 큐론을 대상체에게 투여하는 단계를 포함한다. 일부 실시형태에서, 큐론은 (i) 프로모터 요소 및 이펙터, 예를 들어, 페이로드를 인코딩하는 서열, 및 외부 단백질 결합 서열을 포함하는 유전 요소를 포함한다. 일부 실시형태에서, 유전 요소는 단일-가닥 DNA이며, 유전 요소는 환형이고/환형이거나 세포에 유입되는 유전 요소의 약 0.001%, 0.005%, 0.01%, 0.05%, 0.1%, 0.5%, 1%, 1.5% 또는 2% 미만의 빈도로 통합되며; (ii) 단백질성 외부; 유전 요소는 단백질성 외부 내에 봉입되며; 큐론은 유전 요소를 진핵 세포 내로 운반할 수 있다.

[0017] 일 양태에서, 본 발명은 세포, 조직 또는 대상체로 페이로드를 운반하는 방법을 특징으로 하며, 당해 방법은 예를 들어, 본원에 기재된 바와 같은 큐론, 예를 들어, 합성 큐론을 대상체에게 투여하는 단계를 포함하며, 큐론은 페이로드를 인코딩하는 핵산 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, 큐론은 (i) 프로모터 요소 및 이펙터, 예를 들어, 페이로드를 인코딩하는 서열, 및 외부 단백질 결합 서열을 포함하는 유전 요소를 포함한다. 일부 실시형태에서, 유전 요소는 단일-가닥 DNA이며, 유전 요소는 환형이고/환형이거나 세포에 유입되는 유전 요소의 약 0.001%, 0.005%, 0.01%, 0.05%, 0.1%, 0.5%, 1%, 1.5% 또는 2% 미만의 빈도로 통합되며; (ii) 단백질성 외부; 유전 요소는 단백질성 외부 내에 봉입되며; 큐론은 유전 요소를 진핵 세포 내로 운반할 수 있다. 실시형태들에

서, 페이로드는 핵산이다. 실시형태들에서, 페이로드는 단백질이다.

[0018] 일 양태에서, 본 발명은 본원에 기재된, 예를 들어, 본원의 임의의 양태(예를 들어, 이전의 양태)의 합성 큐론을 세포, 예를 들어, 진핵 세포, 예를 들어, 포유동물 세포와 접촉시키는 단계를 포함하는, 세포로 합성 큐론을 운반하는 방법을 특징으로 한다.

[0019] 일 양태에서, 본 발명은 본원에 기재된 바와 같은 큐론(예를 들어, 합성 큐론)을 포함하는 약제학적 조성물을 특징으로 한다. 실시형태들에서, 약제학적 조성물은 약제학적으로 허용되는 담체 또는 부형제를 추가로 포함한다. 실시형태들에서, 약제학적 조성물은 킬로그램당 약 10^5 내지 10^{14} 게놈 당량의 큐론을 포함하는 용량을 포함한다.

[0020] 일 양태에서, 본 발명은 프로모터 요소 및 이펙터, 예를 들어, 페이로드를 인코딩하는 서열, 및 외부 단백질 결합 서열을 포함하는 유전 요소를 포함하는 핵산 분자를 특징으로 한다. 실시형태들에서, 유전 요소는 단일-가닥 DNA이며, 유전 요소는 환형이고/환형이거나 세포에 유입되는 유전 요소의 약 0.001%, 0.005%, 0.01%, 0.05%, 0.1%, 0.5%, 1%, 1.5% 또는 2% 미만의 빈도로 통합된다. 실시형태들에서, 이펙터는 TTV로부터 기원하지 않으며, SV40-miR-S1이 아니다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 TTMV-LY의 폴리뉴클레오티드 서열을 포함하지 않는다. 실시형태들에서, 프로모터 요소는 진핵 세포 내에서 이펙터의 발현을 지시할 수 있다.

[0021] 일 양태에서, 본 발명은 (i) 프로모터 요소 및 이펙터, 예를 들어, 페이로드를 인코딩하는 서열로서, 이펙터가 야생형 아넬로바이러스 서열에 비하여 외인성인 서열; (ii) 야생형 아넬로바이러스 서열에 대하여 적어도 75% (예를 들어, 적어도 75, 76, 77, 78, 79, 80, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99 또는 100%) 서열 동일성을 갖는 적어도 72개의 인접 뉴클레오티드(예를 들어, 적어도 72, 73, 74, 75, 76, 77, 78, 79, 80, 90, 100 또는 150개의 뉴클레오티드); 또는 야생형 아넬로바이러스 서열에 대하여 적어도 72%(예를 들어, 적어도 72, 73, 74, 75, 76, 77, 78, 79, 80, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99 또는 100%) 서열 동일성을 갖는 적어도 100개(예를 들어, 적어도 300, 500, 1000, 1500개)의 연속 뉴클레오티드; 및 (iii) 단백질 결합 서열, 예를 들어, 외부 단백질 결합 서열 중 1, 2 또는 3개를 포함하는 유전 요소를 특징으로 하며, 핵산 구축물은 단일-가닥 DNA이며; 핵산 구축물은 환형이고/환형이거나 세포에 유입되는 유전 요소의 약 0.001%, 0.005%, 0.01%, 0.05%, 0.1%, 0.5%, 1%, 1.5% 또는 2% 미만의 빈도로 통합된다.

[0022] 일 양태에서, 본 발명은 하기를 포함하는 합성 큐론 조성물의 제조 방법을 특징으로 한다:

[0023] a) 예를 들어, 본원에 기재된 바와 같은 큐론, 예를 들어, 합성 큐론의 하나 이상의 성분(예를 들어, 모든 성분)을 포함하는, 예를 들어, 발현하는 숙주 세포를 제공하는 단계;

[0024] b) 숙주 세포로부터 큐론의 제제를 생성하여, 그에 의해 합성 큐론의 제제를 제조하는 단계로서, 제제의 합성 큐론이 단백질성 외부, 및 프로모터 요소, 외인성 이펙터(예를 들어, 페이로드)를 인코딩하는 서열 및 단백질 결합 서열(예를 들어, 외부 단백질 결합 서열, 예를 들어, 패키징 신호)을 포함하는 유전 요소를 포함하는 단계; 및

[0025] c) 예를 들어, 대상체로의 투여에 적합한 약제학적 조성물로서, 합성 큐론의 제제를 제형화하는 단계.

[0026] 일 양태에서, 본 발명은 a) 복수의 본원에 기재된 합성 큐론 또는 본원에 기재된 약제학적 조성물을 제공하는 단계; 및 b) 합성 큐론을 예를 들어, 대상체로의 투여에 적합한 약제학적 조성물로서 제형화하는 단계를 포함하는 합성 큐론 조성물의 제조 방법을 특징으로 한다.

[0027] 일 양태에서, 본 발명은 합성 큐론을 포함하는 숙주 세포, 예를 들어, 제1 숙주 세포 또는 생성자 세포(예를 들어, 도 12에 나타낸 바와 같음), 예를 들어, 제1 숙주 세포의 집단의 제조 방법을 특징으로 하며, 당해 방법은 예를 들어, 본원에 기재된 바와 같이 유전 요소를 숙주 세포에 도입하는 단계 및 숙주 세포를 합성 큐론의 생성에 적합한 조건 하에 배양하는 단계를 포함한다. 실시형태들에서, 방법은 헬퍼, 예를 들어, 헬퍼 바이러스를 숙주 세포에 도입하는 단계를 추가로 포함한다. 실시형태들에서, 도입하는 단계는 합성 큐론을 사용한 숙주 세포의 트랜스펙션(예를 들어, 화학적 트랜스펙션) 또는 전기천공법을 포함한다.

[0028] 일 양태에서, 본 발명은 예를 들어, 본원에 기재된 바와 같은 합성 큐론을 포함하는 숙주 세포, 예를 들어, 제1 숙주 세포 또는 생성자 세포(예를 들어, 도 12에 나타낸 바와 같음)를 제공하는 단계 및 숙주 세포로부터 큐론을 정제하는 단계를 포함하는 합성 큐론의 제조 방법을 특징으로 한다. 일부 실시형태에서, 당해 방법은 제공하는 단계 이전에, 숙주 세포를 예를 들어, 본원에 기재된 바와 같은 합성 큐론과 접촉시키는 단계 및 숙주 세포를 합성 큐론의 생성에 적합한 조건 하에서 인큐베이션시키는 단계를 추가로 포함한다. 실시형태들에서, 숙주

세포는 상기 숙주 세포의 제조 방법에 기재된 제1 숙주 세포 또는 생성자 세포이다. 실시형태들에서, 숙주 세포로부터 큐론을 정제하는 단계는 숙주 세포를 용해시키는 것을 포함한다.

[0029] 일부 실시형태에서, 당해 방법은 제1 숙주 세포 또는 생성자 세포에 의해 생성되는 합성 큐론을 제2 숙주 세포, 예를 들어, 허용 세포(예를 들어, 도 12에 나타낸 바와 같음), 예를 들어, 제2 숙주 세포의 집단과 접촉시키는 제2 단계를 추가로 포함한다. 일부 실시형태에서, 당해 방법은 제2 숙주 세포를 합성 큐론의 생성에 적합한 조건 하에 인큐베이션시키는 단계를 추가로 포함한다. 일부 실시형태에서, 당해 방법은 제2 숙주 세포로부터 합성 큐론을 정제하여, 예를 들어, 그에 의해, 큐론 씨드 집단을 생성하는 단계를 추가로 포함한다. 실시형태들에서, 제1 숙주 세포의 집단으로부터보다 제2 숙주 세포의 집단으로부터 적어도 약 2 내지 100배 이상의 합성 큐론이 생성된다. 실시형태들에서, 제2 숙주 세포로부터 큐론을 정제하는 단계는 제2 숙주 세포를 용해시키는 것을 포함한다.

[0030] 일부 실시형태에서, 당해 방법은 제2 숙주 세포에 의해 생성되는 합성 큐론을 제3 숙주 세포, 예를 들어, 허용 세포(예를 들어, 도 12에 나타낸 바와 같음), 예를 들어, 제3 숙주 세포의 집단와 접촉시키는 제2 단계를 추가로 포함한다. 일부 실시형태에서, 당해 방법은 제3 숙주 세포를 합성 큐론의 생성에 적합한 조건 하에 인큐베이션시키는 단계를 추가로 포함한다. 일부 실시형태에서, 당해 방법은 제3 숙주 세포로부터 합성 큐론을 정제하여, 예를 들어, 그에 의해 큐론 원액(stock) 집단을 생성하는 단계를 추가로 포함한다. 실시형태들에서, 제3 숙주 세포로부터 큐론을 정제하는 단계는 제3 숙주 세포를 용해하는 것을 포함한다. 실시형태들에서, 제2 숙주 세포의 집단으로부터보다 제3 숙주 세포의 집단으로부터 적어도 약 2 내지 100배 이상의 합성 큐론이 생성된다.

[0031] 일부 실시형태에서, 당해 방법은 큐론 씨드 집단 또는 큐론 원액 집단으로부터의 하나 이상의 합성 큐론을 하나 이상의 품질 관리 파라미터, 예를 들어, 순도, 역가, 효력(예를 들어, 큐론 입자당 게놈 당량) 및/또는 예를 들어, 합성 큐론에 포함되는 유전 요소로부터의 핵산 서열에 대하여 평가하는 단계를 추가로 포함한다. 일부 실시형태에서, 평가되는 핵산 서열은 외인성 이펙터를 인코딩하는 핵산 서열을 포함한다.

[0032] 일 양태에서, 본 발명은 예를 들어, 큐론 씨드 집단 또는 큐론 원액 집단으로부터의 하나 이상의 합성 큐론을 하나 이상의 품질 관리 파라미터, 예를 들어, 순도, 역가, 효력 및/또는 예를 들어, 합성 큐론에 포함되는 유전 요소로부터의 핵산 서열에 대하여 평가하는 단계를 포함한다. 일부 실시형태에서, 평가되는 핵산 서열은 외인성 이펙터를 인코딩하는 핵산 서열을 포함한다.

[0033] 일 양태에서, 본 발명은 본원에 기재된 합성 큐론 및 헬퍼 바이러스를 포함하는 반응 혼합물을 특징으로 하며, 헬퍼 바이러스는 폴리뉴클레오티드, 예를 들어, 외부 단백질(예를 들어, 외부 단백질 결합 서열에 결합할 수 있는 외부 단백질 및 선택적으로 지질 외피)을 인코딩하는 폴리뉴클레오티드, 복제 단백질(예를 들어, 중합효소)을 인코딩하는 폴리뉴클레오티드 또는 그의 임의의 조합을 포함한다.

[0034] 일부 실시형태에서, 큐론(예를 들어, 합성 큐론)은 단리되며, 예를 들어, 숙주 세포로부터 단리되고/단리되거나 용액(예를 들어, 상청액) 중 다른 구성성분으로부터 단리된다. 일부 실시형태에서, 큐론(예를 들어, 합성 큐론)은 예를 들어, 용액(예를 들어, 상청액)으로부터 정제된다. 일부 실시형태에서, 큐론은 용액 중 다른 구성성분에 비하여 용액 중에서 농축된다.

[0035] 상기 큐론, 조성물 또는 방법 중 임의의 것의 일부 실시형태에서, 유전 요소는 예를 들어, 실시예 9에 기재된 방법에 따라 확인되는 바와 같은, 최소 큐론 게놈을 포함한다. 일부 실시형태에서, 최소 큐론 게놈은 (예를 들어, 숙주 세포에서) 큐론의 복제에 충분한 최소 아넬로바이러스 게놈을 포함한다. 실시형태들에서, 최소 큐론 게놈은 TTV-tth8 핵산 서열의 뉴클레오티드 3436 내지 3707 중 적어도 10%, 20%, 30%, 40%, 50%, 60%, 70%, 80%, 90%, 95%, 99% 또는 100%의 결실을 갖는 TTV-tth8 핵산 서열, 예를 들어, 표 5에 나타낸 TTV-tth8 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 최소 큐론 게놈은 TTMV-LY2 핵산 서열의 뉴클레오티드 574 내지 1371, 1432 내지 2210, 574 내지 2210 및/또는 2610 내지 2809 중 적어도 10%, 20%, 30%, 40%, 50%, 60%, 70%, 80%, 90%, 95%, 99% 또는 100%의 결실을 갖는 TTMV-LY2 핵산 서열, 예를 들어, 표 11에 나타낸 TTMV-LY2 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 최소 큐론 게놈은 자가-복제할 수 있고/있거나 자가-증폭할 수 있는 최소 큐론 게놈이다. 실시형태들에서, 미니 큐론 게놈은 헬퍼, 예를 들어, 헬퍼 바이러스의 존재 하에 복제하거나 증폭될 수 있는 최소 큐론 게놈이다.

[0036] 상기 큐론, 조성물 또는 방법 중 임의의 것의 추가의 특징은 하기 열거된 실시형태 중 하나 이상을 포함한다.

[0037] 당업자는 단지 일상적인 실험을 사용하여, 본원에 기재된 본 발명의 특정 실시형태의 다수의 등가물을 인식하거

나 확인할 수 있을 것이다. 그러한 등가물은 하기 열거된 실시형태에 의해 포함되는 것으로 의도된다.

[0038] **열거된 실시형태**

[0039] 1. (i) 프로모터 요소, 외인성 이펙터(예를 들어, 페이로드)를 인코딩하는 핵산 서열(예를 들어, DNA 서열) 및 단백질 결합 서열(예를 들어, 외부 단백질 결합 서열, 예를 들어, 패키징 신호)을 포함하는 유전 요소로서, 유전 요소가 단일-가닥 DNA이며, 하기의 특성 중 하나 또는 둘 모두를 갖는 유전 요소: 환형이고/환형이거나, 세포에 유입되는 유전 요소의 약 0.001%, 0.005%, 0.01%, 0.05%, 0.1%, 0.5%, 1%, 1.5% 또는 2% 미만의 빈도로 진핵 세포의 게놈 내로 통합됨; 및

[0040] (ii) 단백질성 외부를 포함하는 합성 큐론으로서,

[0041] 유전 요소가 단백질성 외부 내에 봉입되며;

[0042] 합성 큐론이 진핵 세포 내로 유전 요소를 운반할 수 있는, 합성 큐론.

[0043] 2. (i) 프로모터 요소 및 외인성 이펙터(예를 들어, 페이로드)를 인코딩하는 핵산 서열(예를 들어, DNA 서열) 및 단백질 결합 서열(예를 들어, 외부 단백질 결합 서열)을 포함하는 유전 요소로서,

[0044] 유전 요소가 야생형 아넬로바이러스 서열(예를 들어, 야생형 토르크 테노 바이러스(TTV), 토르크 테노 미니 바이러스(TTMV) 또는 TTMDV 서열, 예를 들어, 표 1, 3, 5, 7, 9, 11, 또는 13 중 임의의 것에 열거된 것과 같은 야생형 아넬로바이러스 서열)에 대하여 적어도 75%(예를 들어, 적어도 75, 76, 77, 78, 79, 80, 85, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99 또는 100%) 서열 동일성을 갖는 유전 요소; 및

[0045] (ii) 단백질성 외부를 포함하는 합성 큐론으로서,

[0046] 유전 요소가 단백질성 외부 내에 봉입되며;

[0047] 합성 큐론이 유전 요소를 진핵 세포 내로 운반할 수 있는, 합성 큐론.

[0048] 3. (i) 프로모터 요소 및 이펙터(예를 들어, 외인성 이펙터 또는 내인성 이펙터, 예를 들어 내인성 miRNA)를 인코딩하는 핵산 서열(예를 들어, DNA 서열) 및 단백질 결합 서열(예를 들어, 외부 단백질 결합 서열)을 포함하는 유전 요소로서,

[0049] 유전 요소가 야생형 아넬로바이러스 서열(예를 들어, 야생형 토르크 테노 바이러스(TTV), 토르크 테노 미니 바이러스(TTMV) 또는 TTMDV 서열, 예를 들어, 표 1, 3, 5, 7, 9, 11, 또는 13 중 임의의 것에 열거된 것과 같은 야생형 아넬로바이러스 서열)에 대하여 적어도 75%(예를 들어, 적어도 75, 76, 77, 78, 79, 80, 85, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99 또는 100%) 서열 동일성을 가지며;

[0050] 유전 요소가 자연 발생 서열이 아닌(예를 들어, 야생형 아넬로바이러스 서열(예를 들어, 야생형 토르크 테노 바이러스(TTV), 토르크 테노 미니 바이러스(TTMV) 또는 TTMDV 서열, 예를 들어, 표 1, 3, 5, 7, 9, 11, 또는 13 중 임의의 것에 열거된 것과 같은 야생형 아넬로바이러스 서열)에 비하여 결실, 치환 또는 삽입을 포함하는) 유전 요소;

[0051] (ii) 단백질성 외부를 포함하는 합성 큐론으로서,

[0052] 유전 요소가 단백질성 외부 내에 봉입되며;

[0053] 합성 큐론이 유전 요소를 진핵 세포 내로 운반할 수 있는, 합성 큐론.

[0054] 4. (i) 프로모터 요소 및 외인성 이펙터(예를 들어, 페이로드)를 인코딩하는 핵산 서열(예를 들어, DNA 서열) 및 단백질 결합 서열(예를 들어, 외부 단백질 결합 서열)을 포함하는 유전 요소로서,

[0055] 단백질 결합 서열이 표 16-1에 나타낸 컨센서스 5' UTR 서열 또는 표 16-2에 나타낸 컨센서스 GC-풍부 서열, 또는 표 16-1에 나타낸 컨센서스 5' UTR 서열 및 표 16-2에 나타낸 컨센서스 GC-풍부 서열 둘 모두에 대하여 적어도 75%(예를 들어, 적어도 75, 76, 77, 78, 79, 80, 85, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99 또는 100%) 서열 동일성을 갖는 유전 요소; 및

[0056] (ii) 단백질성 외부를 포함하는 합성 큐론으로서;

[0057] 유전 요소가 단백질성 외부 내에 봉입되며;

[0058] 합성 큐론이 유전 요소를 진핵 세포 내로 운반할 수 있는, 합성 큐론.

[0059] 5. (i) 프로모터 요소 및 외인성 이펙터를 인코딩하는 핵산 서열, 및 단백질 결합 서열을 포함하는 유전 요소로서, 유전 요소가 하기 중 하나 또는 둘 모두를 포함하는 유전 요소:

[0060] (a) 표 11의 핵산 서열의 뉴클레오티드 323 내지 393의 아넬로바이러스 5' UTR 보존된 도메인 뉴클레오티드 서열에 대하여 적어도 85% 서열 동일성을 갖는 서열, 또는

[0061] (b) 표 11의 핵산 서열의 뉴클레오티드 2868 내지 2929의 아넬로바이러스 GC-풍부 영역에 대하여 적어도 85% 서열 동일성을 갖는 서열; 및

[0062] (ii) 단백질성 외부를 포함하는 합성 큐론으로서; 유전 요소가 단백질성 외부 내에 봉입되며;

[0063] 합성 큐론이 유전 요소를 진핵 세포 내로 운반할 수 있는, 합성 큐론.

[0064] 6. (i) 프로모터 요소 및 외인성 이펙터를 인코딩하는 핵산 서열, 및 단백질 결합 서열을 포함하는 유전 요소로서, 유전 요소가 하기 중 하나 또는 둘 모두를 포함하는 유전 요소:

[0065] (a) 표 1, 3, 5, 7, 9 또는 13의 핵산 서열의 아넬로바이러스 5' UTR 보존된 도메인에 대하여 적어도 85% 서열 동일성을 갖는 서열; 또는

[0066] (b) 표 1, 3, 5, 7, 9 또는 13의 핵산 서열의 아넬로바이러스 GC-풍부 영역에 대하여 적어도 85% 서열 동일성을 갖는 서열; 및

[0067] (ii) 단백질성 외부를 포함하는 합성 큐론으로서; 유전 요소가 단백질성 외부 내에 봉입되며;

[0068] 합성 큐론이 유전 요소를 진핵 세포 내로 운반할 수 있는, 합성 큐론.

[0069] 7. 프로모터 요소가 RNA 중합효소 II-의존성 프로모터, RNA 중합효소 III-의존성 프로모터, PGK 프로모터, CMV 프로모터, EF-1α 프로모터, SV40 프로모터, CAGG 프로모터 또는 UBC 프로모터, TTV 바이러스 프로모터, 조직 특이적, U6(pollIII), 활성화 단백질(TetR-VP16, Gal4-VP16, dCas9-VP16 등)에 대한 상류 DNA 결합 부위를 갖는 최소 CMV 프로모터를 포함하는, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 합성 큐론.

[0070] 8. 프로모터 요소가 TATA 박스(box)를 포함하는, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 합성 큐론.

[0071] 9. 프로모터 요소가 야생형 아넬로바이러스, 예를 들어, 표 1, 3, 5, 6, 9, 11 또는 13 중 임의의 것에 열거된 바와 같은 야생형 아넬로바이러스 서열에 대하여 내인성인, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 합성 큐론.

[0072] 10. 프로모터 요소가 야생형 아넬로바이러스에 대하여 외인성인, 실시형태 1 내지 실시형태 8 중 어느 한 실시형태의 합성 큐론.

[0073] 11. 외인성 이펙터가 치료제, 예를 들어, 치료적 펩티드 또는 폴리펩티드 또는 치료적 핵산을 인코딩하는, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 합성 큐론.

[0074] 12. 외인성 이펙터가 조절 핵산, 예를 들어, miRNA, siRNA, mRNA, lncRNA, RNA, DNA, 안티센스 RNA, gRNA; 형광 태그 또는 마커, 항원, 펩티드, 천연-생물활성 펩티드로부터의 합성 또는 유사체 펩티드, 효능제 또는 길항제 펩티드, 항-미생물 펩티드, 포어(pore)-형성 펩티드, 바이사이클릭 펩티드, 표적화 또는 세포독성 펩티드, 분해 또는 자가-파괴 펩티드, 소분자, (예를 들어, 면역 반응/신호에 대한 감수성에 영향을 미치는) 면역 이펙터, 사멸 단백질(예를 들어, 아폽토시스 또는 괴사의 유도제), 종양의 비-용해 저해제(예를 들어, 종양단백질의 저해제), 후성적 변형제, 후성적 효소, 전사 인자, DNA 또는 단백질 변형 효소, DNA-삽입제(intercalating agent), 유출 펌프 저해제, 핵 수용체 활성화제 또는 저해제, 프로테아좀 저해제, 효소에 대한 경쟁적 저해제, 단백질 합성 이펙터 또는 저해제, 뉴클레아제, 단백질 단편 또는 도메인, 리간드, 항체, 수용체, 또는 CRISPR 시스템 또는 성분을 포함하는, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 합성 큐론.

[0075] 13. 외인성 이펙터가 miRNA를 포함하는, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 합성 큐론.

[0076] 14. 이펙터, 예를 들어, miRNA가 숙주 유전자를 표적화하는, 예를 들어, 유전자의 발현을 조절하는, 예를 들어, 유전자의 발현을 증가시키거나 감소시키는, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 합성 큐론.

[0077] 15. 외인성 이펙터가 miRNA를 포함하며, 숙주 유전자의 발현을 감소시키는, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 합성 큐론.

[0078] 16. 외인성 이펙터가 약 20 내지 200개, 30 내지 180개, 40 내지 160개, 50 내지 140개 또는 60 내지 120개 뉴

클레오티드 길이의 핵산 서열을 포함하는, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 합성 큐론.

[0079] 17. 외인성 이펙터를 인코딩하는 핵산 서열이 약 20 내지 200개, 30 내지 180개, 40 내지 160개, 50 내지 140개 또는 60 내지 120개 뉴클레오티드 길이인, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 합성 큐론.

[0080] 18. 외인성 이펙터를 인코딩하는 서열이 적어도 약 100개 뉴클레오티드의 크기를 갖는, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 합성 큐론.

[0081] 19. 외인성 이펙터를 인코딩하는 서열이 약 100 내지 약 5000개 뉴클레오티드의 크기를 갖는, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 합성 큐론.

[0082] 20. 외인성 이펙터를 인코딩하는 서열이 약 100 내지 200개, 200 내지 300개, 300 내지 400개, 400 내지 500개, 500 내지 600개, 600 내지 700개, 700 내지 800개, 800 내지 900개, 900 내지 1000개, 1000 내지 1500개 또는 1500 내지 2000개의 뉴클레오티드 크기를 갖는, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 합성 큐론.

[0083] 21. 외인성 이펙터를 인코딩하는 서열이 (예를 들어, ORF1 유전자좌의 C-말단에서) ORF1 유전자좌, miRNA 유전자좌, TATA 박스의 상류 5' 비코딩 영역, 5' UTR, 폴리-A 영역의 하류 3' 비코딩 영역, 또는 유전 요소의 GC-풍부 영역의 상류 비코딩 영역 중 하나 이상(예를 들어, 이에 대하여 5' 또는 3')에, 또는 그 내에 또는 그에 인접하게 위치하는, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 합성 큐론.

[0084] 22. 외인성 이펙터를 인코딩하는 서열이 유전 요소의 폴리-A 영역과 GC-풍부 영역 사이에 위치하는, 실시형태 21의 합성 큐론.

[0085] 23. (예를 들어, 단백질성 외부에) 표 12의 ORF2, ORF2/2, ORF2/3, ORF1, ORF1/1 또는 ORF1/2로부터 선택되는 아미노산 서열 또는 그와 적어도 85% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열 중 하나 이상을 포함하는, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 합성 큐론.

[0086] 24. (예를 들어, 단백질성 외부에) 표 2, 4, 6, 8, 10 또는 14 중 임의의 것의 ORF2, ORF2/2, ORF2/3, ORF2t/3, ORF1, ORF1/1 또는 ORF1/2로부터 선택되는 아미노산 서열 또는 그와 적어도 85% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열 중 하나 이상을 포함하는, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 합성 큐론.

[0087] 25. 단백질 결합 서열이 야생형 아넬로바이러스의 5' UTR 보존된 도메인 또는 GC-풍부 도메인, 예를 들어, 표 1, 3, 5, 6, 9, 11, 13, A 또는 B 중 임의의 것에 열거된 바와 같은 야생형 아넬로바이러스 서열에 대하여 적어도 75%(예를 들어, 적어도 75, 76, 77, 78, 79, 80, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99 또는 100%) 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함하는, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 합성 큐론.

[0088] 26. 유전 요소, 예를 들어, 유전 요소의 단백질 결합 서열이 표 16-1에 나타낸 컨센서스 5' UTR 핵산 서열에 대하여 적어도 약 75%(예를 들어, 적어도 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100%) 동일성을 포함하는, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 합성 큐론.

[0089] 27. 유전 요소, 예를 들어, 유전 요소의 단백질 결합 서열이 표 16-1에 나타낸 예시적인 TTV 5' UTR 핵산 서열에 대하여 적어도 약 75%(예를 들어, 적어도 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100%) 동일성을 포함하는, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 합성 큐론.

[0090] 28. 유전 요소, 예를 들어, 유전 요소의 단백질 결합 서열이 표 16-1에 나타낸 TTV-CT30F 5' UTR 핵산 서열에 대하여 적어도 약 75%(예를 들어, 적어도 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100%) 동일성을 포함하는, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 합성 큐론.

[0091] 29. 유전 요소, 예를 들어, 유전 요소의 단백질 결합 서열이 표 16-1에 나타낸 TTV-HD23a 5' UTR 핵산 서열에 대하여 적어도 약 75%(예를 들어, 적어도 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100%) 동일성을 포함하는, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 합성 큐론.

[0092] 30. 유전 요소, 예를 들어, 유전 요소의 단백질 결합 서열이 표 16-1에 나타낸 TTV-JA20 5' UTR 핵산 서열에 대하여 적어도 약 75%(예를 들어, 적어도 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100%) 동일성을 포함하는, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 합성 큐론.

[0093] 31. 유전 요소, 예를 들어, 유전 요소의 단백질 결합 서열이 표 16-1에 나타낸 TTV-TJN02 5' UTR 핵산 서열에 대하여 적어도 약 75%(예를 들어, 적어도 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100%) 동일성을 포함하는, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 합성 큐론.

[0094] 32. 유전 요소, 예를 들어, 유전 요소의 단백질 결합 서열이 표 16-1에 나타낸 TTV-tth8 5' UTR 핵산 서열에 대하여 적어도 약 75%(예를 들어, 적어도 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100%) 동일성을 포함하는, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 합성 큐론.

[0095] 33. 유전 요소, 예를 들어, 유전 요소의 단백질 결합 서열이 표 16-2에 나타낸 컨센서스 GC-풍부 영역에 대하여 적어도 약 75%(예를 들어, 적어도 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100%) 동일성을 포함하는, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 합성 큐론.

[0096] 34. 유전 요소, 예를 들어, 유전 요소의 단백질 결합 서열이 표 16-2에 나타낸 예시적인 TTV GC-풍부 영역에 대하여 적어도 약 75%(예를 들어, 적어도 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100%) 동일성을 포함하는, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 합성 큐론.

[0097] 35. 유전 요소, 예를 들어, 유전 요소의 단백질 결합 서열이 표 16-2에 나타낸 TTV-CT30F GC-풍부 영역에 대하여 적어도 약 75%(예를 들어, 적어도 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100%) 동일성을 포함하는, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 합성 큐론.

[0098] 36. 유전 요소, 예를 들어, 유전 요소의 단백질 결합 서열이 표 16-2에 나타낸 TTV-HD23a GC-풍부 영역에 대하여 적어도 약 75%(예를 들어, 적어도 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100%) 동일성을 포함하는, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 합성 큐론.

[0099] 37. 유전 요소, 예를 들어, 유전 요소의 단백질 결합 서열이 표 16-2에 나타낸 TTV-JA20 GC-풍부 영역에 대하여 적어도 약 75%(예를 들어, 적어도 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100%) 동일성을 포함하는, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 합성 큐론.

[0100] 38. 유전 요소, 예를 들어, 유전 요소의 단백질 결합 서열이 표 16-2에 나타낸 TTV-TJN02 GC-풍부 영역에 대하여 적어도 약 75%(예를 들어, 적어도 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100%) 동일성을 포함하는, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 합성 큐론.

[0101] 39. 유전 요소, 예를 들어, 유전 요소의 단백질 결합 서열이 표 16-2에 나타낸 TTV-tth8 GC-풍부 영역에 대하여 적어도 약 75%(예를 들어, 적어도 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100%) 동일성을 포함하는, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 합성 큐론.

[0102] 40. 단백질 결합 서열의 적어도 60%(예를 들어, 적어도 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95% 또는 100%)가 G 또는 C로 이루어진, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 합성 큐론.

[0103] 41. 유전 요소가 위치의 적어도 70%(예를 들어, 적어도 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100%) 또는 약 70 내지 100%, 75 내지 95%, 80 내지 95%, 85 내지 95% 또는 85 내지 90%에서 G 또는 C로 이루어진 적어도 80, 90, 100, 110, 120, 130 또는 140개 뉴클레오티드 길이의 서열을 포함하는, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 합성 큐론.

[0104] 42. 유전 요소가 표 11의 핵산 서열의 뉴클레오티드 1 내지 393의 아넬로바이러스 5' UTR 보존된 도메인 뉴클레오티드 서열에 대하여 적어도 85% 서열 동일성을 갖는 서열 및 표 11의 핵산 서열의 뉴클레오티드 2868 내지 2929의 아넬로바이러스 GC-풍부 영역에 대하여 적어도 85% 서열 동일성을 갖는 서열을 포함하는, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 합성 큐론.

[0105] 43. 단백질 결합 서열이 외부 단백질, 예를 들어, 캡시드 단백질, 예를 들어, 아넬로바이러스 캡시드 단백질, 예를 들어, 표 1 내지 14, 16 또는 18에 열거된 서열 중 임의의 것에 대하여 적어도 75%(예를 들어, 적어도 75, 76, 77, 78, 79, 80, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99 또는 100%) 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 포함하는 캡시드 단백질에 결합할 수 있는, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 합성 큐론.

[0106] 44. 유전 요소가 표 11의 뉴클레오티드 서열에 대하여 적어도 75% 동일성을 포함하는, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 합성 큐론.

[0107] 45. 단백질 결합 서열이 단백질성 외부의 아르기닌-풍부 영역에 결합하는, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 합성 큐론.

[0108] 46. 단백질성 외부가 단백질 결합 서열에 특이적으로 결합할 수 있는 외부 단백질을 포함하는, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 합성 큐론.

[0109] 47. 외부 단백질이 캡시드 단백질, 예를 들어, 아넬로바이러스 캡시드 단백질, 예를 들어, 표 1 내지 14, 16 또는 18 중 임의의 것에 열거된 서열 또는 표 1 내지 14, 15, 17 또는 19에 열거된 서열 중 임의의 것에 의해 인코딩되는 아미노산 서열 또는 그의 단편 중 임의의 것에 대하여 적어도 75%(예를 들어, 적어도 75, 76, 77, 78, 79, 80, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99 또는 100%) 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 포함하는 캡시드 단백질을 포함하는, 실시형태 46의 합성 큐론.

[0110] 48. 단백질성 외부가 하기 중 하나 이상을 포함하는, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 합성 큐론: 하나 이상의 글리코실화된 단백질, 친수성 DNA-결합 영역, 아르기닌-풍부 영역, 트레오닌-풍부 영역, 글루타민-풍부 영역, N-말단 폴리아르기닌 서열, 가변 영역, C-말단 폴리글루타민/글루탐산염 서열 및 하나 이상의 이황화 가교.

[0111] 49. 단백질성 외부가 하기의 특징 중 하나 이상을 포함하는, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 합성 큐론: 정20면체 대칭, 하나 이상의 숙주 세포 분자와 상호작용하는 분자를 인식하고/인식하거나 이에 결합하여, 숙주 세포로의 유입을 매개함, 지질 분자가 결여됨, 탄수화물이 결여됨, pH 및 온도 안정성임, 세제 저항성임 및 숙주에서 실질적으로 비-면역원성이거나 실질적으로 비-병원성임.

[0112] 50. 단백질성 외부가 하나 이상의 기능, 예를 들어, 종 및/또는 조직 및/또는 세포 선택성, 유전 요소 결합 및/또는 패키징, 면역 회피(실질적인 비-면역원성 및/또는 관용), 약동학, 엔도시토시스 및/또는 세포 부착, 핵 유입, 세포내 조절 및 국소화, 엑소시토시스 조절, 증식 및 핵산 보호를 제공하는 적어도 하나의 작용성 도메인을 포함하는, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 합성 큐론.

[0113] 51. 이펙터를 배제한 유전 요소의 부분이 약 2.5 내지 5 kb(예를 들어, 약 2.8 내지 4kb, 약 2.8 내지 3.2kb, 약 3.6 내지 3.9kb 또는 약 2.8 내지 2.9kb), 약 5kb 미만(예를 들어, 약 2.9kb, 3.2 kb, 3.6kb, 3.9kb 또는 4kb 미만) 또는 적어도 100개 뉴클레오티드(예를 들어, 적어도 1kb)의 조합된 크기를 갖는, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 합성 큐론.

[0114] 52. 유전 요소가 단일-가닥인, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 합성 큐론.

[0115] 53. 유전 요소가 환형인, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 합성 큐론.

[0116] 54. 유전 요소가 DNA인, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 합성 큐론.

[0117] 55. 유전 요소가 음성 가닥 DNA인, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 합성 큐론.

[0118] 56. 유전 요소가 에피솜인, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 합성 큐론.

[0119] 57. 합성 큐론이 중량 기준으로 10%, 5%, 2% 또는 1% 미만의 지질 함량을 갖는, 예를 들어, 지질 이중층을 포함하지 않는, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 합성 큐론.

[0120] 58. 합성 큐론이 외부 지질 이중층을 포함하는 바이러스 입자, 예를 들어, 레트로바이러스에 비하여 세제(예를 들어, 연성 세제, 예를 들어, 담즙염, 예를 들어, 데옥시콜산나트륨)에 의한 분해에 대하여 저항성인, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 합성 큐론.

[0121] 59. 합성 큐론의 적어도 약 50%(예를 들어, 적어도 약 50%, 60%, 70%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99%, 99.5% 또는 99.9%)가 37℃에서 30분 동안의 세제(예를 들어, 중량 기준 0.5%의 세제)와의 인큐베이션 후에 분해되지 않는, 실시형태 58의 합성 큐론.

[0122] 60. 유전 요소가 야생형 써코바이러스과(Circoviridae) 서열 또는 야생형 아넬로바이러스 서열, 예를 들어, 야생형 토르크 테노 바이러스(TTV), 토르크 테노 미니 바이러스(TTMV) 또는 TTMDV 서열, 예를 들어, 표 1, 3, 5, 7, 9, 11, 또는 13 중 임의의 것에 열거된 것과 같은 서열에 대하여 적어도 75%(예를 들어, 적어도 75, 76, 77, 78, 79, 80, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99 또는 100%) 서열 동일성을 갖는, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 합성 큐론.

[0123] 61. 유전 요소가 야생형 아넬로바이러스 서열, 예를 들어, 야생형 TTV 서열 또는 야생형 TTMV 서열에 비하여 적어도 하나의 요소, 예를 들어, 표 1, 3, 5, 7, 9, 11 또는 13 중 임의의 것에 열거된 바와 같은 요소의 결실을 포함하는, 실시형태 60의 합성 큐론.

[0124] 62. 유전 요소가 TTV-tth8 서열의 뉴클레오티드 3436 내지 3607에 상응하는 핵산 서열, 예를 들어, 표 5에 나타낸 핵산 서열을 포함하는 결실을 포함하는, 실시형태 61의 합성 큐론.

[0125] 63. 유전 요소가 TTMV-LY2 서열의 뉴클레오티드 574 내지 1371 및/또는 뉴클레오티드 1432 내지 2210에 상응하는 핵산 서열, 예를 들어, 표 11에 나타낸 핵산 서열을 포함하는 결실을 포함하는, 실시형태 61의 합성 큐론.

[0126] 64. 유전 요소가 TTMV-LY2 서열의 뉴클레오티드 1372 내지 1431에 상응하는 핵산 서열, 예를 들어, 표 11에 나타낸 핵산 서열을 포함하는 결실을 포함하는, 실시형태 61 또는 62의 합성 큐론.

[0127] 65. 유전 요소가 TTMV-LY2 서열의 뉴클레오티드 2610 내지 2809에 상응하는 핵산 서열, 예를 들어, 표 11에 나타낸 핵산 서열을 포함하는 결실을 포함하는, 실시형태 61, 63 또는 64의 합성 큐론.

[0128] 66. 유전 요소가 야생형 아넬로바이러스 서열, 예를 들어, 야생형 토르크 테노 바이러스(TTV), 토르크 테노 미니 바이러스(TTMV) 또는 TTMDV 서열, 예를 들어, 표 1, 3, 5, 7, 9, 11 또는 13 중 임의의 것에 열거된 바와 같은 서열 중 적어도 72개 뉴클레오티드(예를 들어, 적어도 73, 74, 75개 등, 선택적으로 게놈의 전장 미만의 뉴클레오티드)를 포함하는, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 합성 큐론.

[0129] 67. 유전 요소가 하기의 서열 중 하나 이상을 추가로 포함하는, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 합성 큐론: 하나 이상의 miRNA를 인코딩하는 서열, 하나 이상의 복제 단백질을 인코딩하는 서열, 외인성 유전자를 인코딩하는 서열, 치료제를 인코딩하는 서열, 조절 서열(예를 들어, 프로모터, 인핸서), 내인성 유전자를 표적화하는 하나 이상의 조절 서열(siRNA, lncRNA, shRNA)을 인코딩하는 서열, 치료적 mRNA 또는 단백질을 인코딩하는 서열 및 세포용해/세포독성 RNA 또는 단백질을 인코딩하는 서열.

[0130] 68. 합성 큐론이 제2 유전 요소, 예를 들어, 단백질성 외부 내에 봉입된 제2 유전 요소를 추가로 포함하는, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 합성 큐론.

[0131] 69. 제2 유전 요소가 단백질 결합 서열, 예를 들어, 외부 단백질 결합 서열, 예를 들어, 패키징 신호, 예를 들어, 본원에 기재된 바와 같은 예를 들어, 5' UTR 보존된 도메인 또는 GC-풍부 영역을 포함하는, 실시형태 68의 합성 큐론.

[0132] 70. 합성 큐론이 박테리아 세포를 검출 가능하게 감염시키지 않는, 예를 들어, 1%, 0.5%, 0.1% 또는 0.01% 미만의 박테리아 세포를 감염시키는, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 합성 큐론.

[0133] 71. 합성 큐론이 예를 들어, 시험관 내에서 포유동물 세포, 예를 들어, 인간 세포, 예를 들어, 면역 세포, 간세포, 상피 세포를 감염시킬 수 있는, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 합성 큐론.

[0134] 72. 유전 요소가 세포에 유입되는 큐론의 10%, 8%, 6%, 4%, 3%, 2%, 1%, 0.5%, 0.2%, 0.1% 미만의 빈도로 통합되며, 예를 들어, 합성 큐론이 비-통합성인, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 합성 큐론.

[0135] 73. 유전 요소가 예를 들어, 정량적 PCR 검정에 의해 측정시, 세포당 적어도 10^2, 2 x 10^2, 5 x 10^2, 10^3, 2 x 10^3, 5 x 10^3 또는 10^4 게놈 당량의 유전 요소를 복제할 수 있는, 예를 들어, 생성할 수 있는, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 합성 큐론.

[0136] 74. 유전 요소가 예를 들어, 정량적 PCR 검정에 의해 측정시, 세포로의 유전 요소의 운반 이전에 합성 큐론에 존재하였던 것보다 세포에서 적어도 10^2, 2 x 10^2, 5 x 10^2, 10^3, 2 x 10^3, 5 x 10^3 또는 10^4 게놈 당량 더 많은 유전 요소를 복제할 수 있는, 예를 들어, 생성할 수 있는, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 합성 큐론.

[0137] 75. 유전 요소가 복제할 수 없는, 예를 들어, 유전 요소가 복제 원점에서 변경되거나, 복제 원점이 결여된, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 합성 큐론.

[0138] 76. 유전 요소가 자가-복제할 수 없는, 예를 들어, 숙주 세포 게놈 내로의 통합 없이 복제될 수 없는, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 합성 큐론.

[0139] 77. 합성 큐론이 실질적으로 비-병원성이며, 예를 들어, 대상체에서 검출 가능한 유해 증상(예를 들어, 큐론에 노출되지 않는 대상체에 비하여, 예를 들어, 상승된 세포 사멸 또는 독성)을 유도하지 않는, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 합성 큐론.

[0140] 78. 합성 큐론이 실질적으로 비-면역원성이며, 예를 들어, 실시예 4에 기재된 방법에 따라 검출시, 예를 들어, 검출 가능하고/가능하거나 원치 않는 면역 반응을 유도하지 않는, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 합성 큐론.

[0141] 79. 실질적으로 비-면역원성인 큐론이 면역 반응이 결여된 기준 대상체에서의 효능의 적어도 약 10%, 20%, 30%,

40%, 50%, 60%, 70%, 80%, 90%, 95% 또는 100%인 대상체 내의 효능을 갖는, 실시형태 78의 합성 큐론.

[0142] 80. 면역 반응이 큐론에 특이적인 항체; 큐론 또는 큐론을 포함하는 세포에 대한 세포 반응(예를 들어, 면역 이펙터 세포(예를 들어, T 세포- 또는 NK 세포) 반응); 또는 큐론 또는 큐론을 포함하는 세포의 대식구 포획(engulfment) 중 하나 이상을 포함하는, 실시형태 78 또는 79의 합성 큐론.

[0143] 81. 합성 큐론이 AAV보다 면역원성이 더 적거나, 예를 들어, 본원에 기재된 검정에 의해 측정시, 비슷한 양의 AAV에 대하여 검출되는 것 미만의 면역 반응을 유도하거나, 본원에 기재된 검정에 의해 측정시 70% 미만의 항체 보유율(예를 들어, 약 60%, 50%, 40%, 30%, 20% 또는 10% 미만의 항체 보유율)을 유도하거나, 실질적으로 비-면역원성인, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 합성 큐론.

[0144] 82. 적어도 1000개의 합성 큐론의 집단이 적어도 100개 카피의 유전 요소를 진핵 세포 중 하나 이상 내로 운반할 수 있는, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 합성 큐론.

[0145] 83. 합성 큐론의 집단이 적어도 10%, 20%, 30%, 40%, 50%, 60%, 70%, 80%, 90%, 95%, 99% 이상의 진핵 세포의 집단 내로 유전 요소를 운반할 수 있는, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 합성 큐론.

[0146] 84. 합성 큐론의 집단이 세포당 적어도 1, 2, 5, 10, 20, 50, 100, 200, 500, 1000, 2000, 5000, 8,000, 1 x 10^4, 1 x 10^5, 1 x 10^6, 1 x 10^7개 이상의 카피 의 유전 요소를 진핵 세포의 집단으로 운반할 수 있는, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 합성 큐론.

[0147] 85. 합성 큐론의 집단이 세포당 1 x 10^4 내지 1 x 10^5, 1 x 10^4 내지 1 x 10^6, 1 x 10^4 내지 1 x 10^7, 1 x 10^5 내지 1 x 10^6, 1 x 10^5 내지 1 x 10^7 또는 1 x 10^6 내지 1 x 10^7개 카피의 유전 요소를 진핵 세포의 집단으로 운반할 수 있는, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 합성 큐론.

[0148] 86. 합성 큐론이 적어도 2회의 계대 후에 존재하는, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 합성 큐론.

[0149] 87. 합성 큐론이 적어도 2회의 계대를 포함하는 과정에 의해 생성되는, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 합성 큐론.

[0150] 88. 합성 큐론이 외인성 이펙터를 요망되는 세포 유형, 조직 또는 기관(예를 들어, 망막 내의 광수용기, 상피 내벽 또는 췌장)에 선택적으로 운반하는, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 합성 큐론.

[0151] 89. 합성 큐론이 시험관 내에서 폐 상피 암종 세포주(예를 들어, A549)보다 배아 신장 세포주(예를 들어, HEK293T)에 대하여 더 큰 선택성을 보이는, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 합성 큐론.

[0152] 90. 합성 큐론이 다른 기관 또는 조직에 비하여 요망되는 기관 또는 조직에 더 높은 수준으로 존재하는(예를 들어, 우선적으로 축적되는), 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 합성 큐론.

[0153] 91. 요망되는 기관 또는 조직이 골수, 혈액, 심장, GI 또는 피부를 포함하는, 실시형태 90의 합성 큐론.

[0154] 92. 진핵 세포가 포유동물 세포, 예를 들어, 인간 세포인, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 합성 큐론.

[0155] 93. 합성 큐론 또는 그의 카피가 세포 내로의 운반 24시간(예를 들어, 1일, 2일, 3일, 4일, 5일, 6일, 1주, 2주, 3주, 4주, 30일 또는 1개월) 후에 세포에서 검출 가능한, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 합성 큐론.

[0156] 94. 합성 큐론이 예를 들어, 감염성 검정, 예를 들어, 실시예 7에 따른 검정을 사용하여, 감염 3 내지 4일 후에, 예를 들어, 세포를 감염시키기 위해 사용되는 합성 큐론의 양에 비하여, 적어도 약 10^8배(예를 들어, 약 10^5배, 10^6배, 10^7배, 10^8배, 10^9배 또는 10^{10}배)의 게놈 당량/㎖로 세포 펠렛 및 상청액에서 생성되는, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 합성 큐론.

[0157] 95. 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 합성 큐론을 포함하는 조성물.

[0158] 96. 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 합성 큐론 및 약제학적으로 허용되는 담체 또는 부형제를 포함하는 약제학적 조성물.

[0159] 97. 적어도 50%, 60%, 70%, 80%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 이상의 큐론, 예를 들어, 합성 큐론을 포함하는, 실시형태 95 또는 96의 조성물 또는 약제학적 조성물.

[0160] 98. 적어도 10^3, 10^4, 10^5, 10^6, 10^7, 10^8 또는 10^9개의 합성 큐론을 포함하는, 실시형태 95 내지 97 중 어느 한 실시형태의 조성물 또는 약제학적 조성물.

[0161] 99. a) (i) 본원에 기재된 유전 요소, 예를 들어, 프로모터 요소, 외인성 이펙터(예를 들어, 페이로드)를 인코딩하는 핵산 서열(예를 들어, DNA 서열) 및 단백질 결합 서열(예를 들어, 외부 단백질 결합 서열, 예를 들어, 패키징 신호)을 포함하는 유전 요소로서, 유전 요소가 단일-가닥 DNA이며, 하기의 특성 중 하나 또는 둘 모두를 갖는 유전 요소: 환형이고/환형이거나 세포에 유입되는 유전 요소의 약 0.001%, 0.005%, 0.01%, 0.05%, 0.1%, 0.5%, 1%, 1.5% 또는 2% 미만의 빈도로 진핵 세포의 게놈 내로 통합됨; 및

[0162] (ii) 단백질성 외부를 포함하는 적어도 10^3, 10^4, 10^5, 10^6, 10^7, 10^8 또는 10^9개의 큐론(예를 들어, 본원에 기재된 합성 큐론)으로서,

[0163] 유전 요소가 단백질성 외부 내에 봉입되며;

[0164] 합성 큐론이 유전 요소를 진핵 세포 내로 운반할 수 있는 큐론;

[0165] b) 약제학적 부형제, 및 선택적으로,

[0166] c) 사전-결정된 양보다 더 적은 마이코플라스마, 내독소, 숙주 세포 핵산(예를 들어, 숙주 세포 DNA 및/또는 숙주 세포 RNA), 동물-유래 과정 불순물(예를 들어, 혈청 알부민 또는 트립신), 복제-적격 작용제(RCA), 예를 들어, 복제-적격 바이러스 또는 원치 않는 큐론, 유리 바이러스 캡시드 단백질, 외래 작용제 및/또는 응집물을 포함하는 약제학적 조성물.

[0167] 100. a) (i) 본원에 기재된 유전 요소, 예를 들어, 프로모터 요소, 외인성 이펙터(예를 들어, 페이로드)를 인코딩하는 핵산 서열(예를 들어, DNA 서열) 및 단백질 결합 서열(예를 들어, 외부 단백질 결합 서열)을 포함하는 유전 요소로서,

[0168] 유전 요소가 야생형 아넬로바이러스 서열(예를 들어, 야생형 토르크 테노 바이러스(TTV), 토르크 테노 미니 바이러스(TTMV) 또는 TTMDV 서열, 예를 들어, 표 1, 3, 5, 7, 9, 11, 또는 13 중 임의의 것에 열거된 것과 같은 야생형 아넬로바이러스 서열)과 적어도 75%(예를 들어, 적어도 75, 76, 77, 78, 79, 80, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99 또는 100%) 서열 동일성을 갖는 유전 요소; 및

[0169] (ii) 단백질성 외부를 포함하는 적어도 10^3, 10^4, 10^5, 10^6, 10^7, 10^8 또는 10^9개의 큐론(예를 들어, 본원에 기재된 합성 큐론)으로서,

[0170] 유전 요소가 단백질성 외부 내에 봉입되며;

[0171] 합성 큐론이 유전 요소를 진핵 세포 내로 운반할 수 있는 큐론;

[0172] b) 약제학적 부형제, 및 선택적으로,

[0173] c) 사전-결정된 양보다 더 적은 마이코플라스마, 내독소, 숙주 세포 핵산(예를 들어, 숙주 세포 DNA 및/또는 숙주 세포 RNA), 동물-유래 과정 불순물(예를 들어, 혈청 알부민 또는 트립신), 복제-적격 작용제(RCA), 예를 들어, 복제-적격 바이러스 또는 원치 않는 큐론, 유리 바이러스 캡시드 단백질, 외래 작용제 및/또는 응집물을 포함하는, 약제학적 조성물.

[0174] 101. 하기의 특징 중 하나 이상을 갖는, 실시형태 95 내지 100 중 어느 한 실시형태의 조성물 또는 약제학적 조성물:

[0175] a) 약제학적 조성물이 약제학적 또는 우수 제조 기준(GMP) 표준을 충족함;

[0176] b) 약제학적 조성물이 우수 제조 기준(GMP)에 따라 제조됨;

[0177] c) 약제학적 조성물이 사전결정된 기준 값 미만의 병원체 수준을 가짐, 예를 들어, 실질적으로 병원체가 없음;

[0178] d) 약제학적 조성물이 사전결정된 기준 값 미만의 오염물질 수준을 가짐, 예를 들어, 실질적으로 오염물질이 없음;

[0179] e) 약제학적 조성물이 사전결정된 비-감염성 입자의 수준 또는 사전결정된 입자:감염성 유닛의 비(예를 들어, 300:1 미만, 200:1 이하, 100:1 이하 또는 50:1 미만)를 가짐, 또는

[0180] f) 약제학적 조성물이 예를 들어, 본원에 기재된 바와 같이, 낮은 면역원성을 갖거나, 실질적으로 비-면역원성임.

[0181] 102. 약제학적 조성물은 사전결정된 기준 값 미만의 오염물질 수준을 갖는, 예를 들어, 실질적으로 오염물질이 없는, 실시형태 95 내지 101 중 어느 한 실시형태의 조성물 또는 약제학적 조성물.

[0182] 103. 오염물질이 마이코플라스마, 내독소, 숙주 세포 핵산(예를 들어, 숙주 세포 DNA 및/또는 숙주 세포 RNA), 동물-유래 과정 불순물(예를 들어, 혈청 알부민 또는 트립신), 복제-적격 작용제(RCA), 예를 들어, 복제-적격 바이러스 또는 원치 않는 큐론(예를 들어, 요망되는 큐론, 예를 들어, 본원에 기재된 바와 같은 합성 큐론 이외의 큐론), 유리 바이러스 캡시드 단백질, 외래 작용제 및 응집물로 이루어진 군으로부터 선택되는, 실시형태 102의 조성물 또는 약제학적 조성물.

[0183] 104. 오염물질이 숙주 세포 DNA이며, 임계값 양이 약제학적 조성물 용량당 약 500 ng의 숙주 세포 DNA인, 실시형태 103의 조성물 또는 약제학적 조성물.

[0184] 105. 약제학적 조성물이 중량 기준 10% 미만(예를 들어, 약 10%, 5%, 4%, 3%, 2%, 1%, 0.5% 또는 0.1% 미만)의 오염물질을 포함하는, 실시형태 95 내지 104 중 어느 한 실시형태의 조성물 또는 약제학적 조성물.

[0185] 106. 대상체에서 질병 또는 장애를 치료하기 위한 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 합성 큐론, 조성물 또는 약제학적 조성물의 용도.

[0186] 107. 질병 또는 장애가 면역 장애, 인터페론병증(interferonopathy)(예를 들어, I형 인터페론병증), 감염성 질병, 염증성 장애, 자가면역 질환, 암(예를 들어, 고형 종양, 예를 들어, 폐암) 및 위장 장애로부터 선택되는, 실시형태 106의 용도.

[0187] 108. 대상체에서 질병 또는 장애를 치료하는데 사용하기 위한 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 합성 큐론, 조성물 또는 약제학적 조성물.

[0188] 109. 대상체에서의 질병 또는 장애의 치료 방법으로서, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 합성 큐론 또는 실시형태 95 내지 105 중 어느 한 실시형태의 약제학적 조성물을 대상체에게 투여하는 단계를 포함하는 방법.

[0189] 110. 질병 또는 장애가 면역 장애, 인터페론병증(예를 들어, I형 인터페론병증), 감염성 질병, 염증성 장애, 자가면역 질환, 암(예를 들어, 고형 종양, 예를 들어, 폐암) 및 위장 장애로부터 선택되는, 실시형태 109의 방법.

[0190] 111. 대상체에서의 생물학적 기능의 조절, 예를 들어, 향상 방법으로서, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 합성 큐론 또는 실시형태 95 내지 105 중 어느 한 실시형태의 약제학적 조성물을 대상체에게 투여하는 단계를 포함하는 방법.

[0191] 112. 대상체에서의 질병 또는 장애의 치료 방법으로서, 상기 방법이

[0192] (i) 프로모터 요소 및 이펙터, 예를 들어, 페이로드를 인코딩하는 서열, 및 외부 단백질 결합 서열을 포함하는 유전 요소로서;

[0193] 유전 요소가 단일-가닥 DNA이며, 유전 요소가 환형이고/환형이거나 세포에 유입되는 유전 요소의 약 0.001%, 0.005%, 0.01%, 0.05%, 0.1%, 0.5%, 1%, 1.5% 또는 2% 미만의 빈도로 통합되는 유전 요소; 및

[0194] (ii) 단백질성 외부를 포함하는 큐론, 예를 들어, 합성 큐론을 대상체에게 투여하는 단계를 포함하며;

[0195] 유전 요소가 단백질성 외부 내에 봉입되며;

[0196] 큐론, 예를 들어, 합성 큐론이 유전 요소를 진핵 세포 내로 운반할 수 있는 방법.

[0197] 113. 질병 또는 장애가 면역 장애, 인터페론병증(예를 들어, I형 인터페론병증), 감염성 질병, 염증성 장애, 자가면역 질환, 암(예를 들어, 고형 종양, 예를 들어, 폐암) 및 위장 장애로부터 선택되는, 실시형태 112의 방법.

[0198] 114. 이펙터가 SV40-miR-S1이 아니며, 예를 들어, 이펙터가 단백질-인코딩 페이로드인, 실시형태 109 내지 113 중 어느 한 실시형태의 방법.

[0199] 115. 큐론이 외인성 이펙터를 포함하지 않는, 실시형태 109 내지 114 중 어느 한 실시형태의 방법.

[0200] 116. 큐론이 야생형 써코바이러스 또는 야생형 아넬로바이러스, 예를 들어, TTV 또는 TTMV를 포함하는, 실시형태 109 내지 115 중 어느 한 실시형태의 방법.

[0201] 117. 큐론, 예를 들어, 합성 큐론의 투여가 적어도 10%, 20%, 30%, 40%, 50%, 60%, 70%, 80%, 90%, 95%, 99% 이상의 대상체 내의 표적 세포의 집단 내로의 유전 요소의 운반을 초래하는, 실시형태 109 내지 116 중 어느 한 실시형태의 방법.

[0202] 118. 큐론, 예를 들어, 합성 큐론의 투여가 적어도 10%, 20%, 30%, 40%, 50%, 60%, 70%, 80%, 90%, 95%, 99% 이상의 대상체 내의 표적 세포의 집단 내로의 외인성 이펙터의 운반을 초래하는, 실시형태 109 내지 117 중 어느 한 실시형태의 방법.

[0203] 119. 표적 세포가 예를 들어, 시험관 내의 포유동물 세포, 예를 들어, 인간 세포, 예를 들어, 면역 세포, 간 세포, 폐 상피 세포를 포함하는, 실시형태 117 또는 118의 방법.

[0204] 120. 표적 세포가 간 또는 폐에 존재하는, 실시형태 117 내지 119 중 어느 한 실시형태의 방법.

[0205] 121. 유전 요소가 운반되는 표적 세포가 각각 적어도 10, 50, 100, 500, 1000, 10,000, 50,000, 100,000개 이상의 카피의 유전 요소를 제공받는, 실시형태 117 내지 120 중 어느 한 실시형태의 방법.

[0206] 122. 이펙터가 miRNA를 포함하며, miRNA가 예를 들어, 큐론이 운반되는 세포 또는 세포의 집단 내에서 표적 단백질 또는 RNA의 수준을 예를 들어, 적어도 10%, 20%, 30%, 40% 또는 50% 감소시키는, 실시형태 109 내지 121 중 어느 한 실시형태의 방법.

[0207] 123. 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 합성 큐론을 세포, 예를 들어, 진핵 세포, 예를 들어, 포유동물 세포와 접촉시키는 단계를 포함하는, 세포로 합성 큐론을 운반하는 방법.

[0208] 124. 헬퍼 바이러스와 세포를 접촉시키는 단계를 추가로 포함하는 실시형태 123의 방법으로서, 헬퍼 바이러스가 폴리뉴클레오티드, 예를 들어, 외부 단백질, 예를 들어, 외부 단백질 결합 서열에 결합할 수 있는 외부 단백질 및 선택적으로, 지질 외피를 인코딩하는 폴리뉴클레오티드를 포함하는 방법.

[0209] 125. 합성 큐론을 세포와 접촉시키는 단계 이전에, 그와 동시에, 또는 그 이후에 헬퍼 바이러스를 세포와 접촉시키는, 실시형태 124의 방법.

[0210] 126. 헬퍼 폴리뉴클레오티드를 세포와 접촉시키는 단계를 추가로 포함하는, 실시형태 123의 방법.

[0211] 127. 헬퍼 폴리뉴클레오티드가 외부 단백질, 예를 들어, 외부 단백질 결합 서열에 결합할 수 있는 외부 단백질 및 지질 외피를 인코딩하는 서열 폴리뉴클레오티드를 포함하는, 실시형태 126의 방법.

[0212] 128. 헬퍼 폴리뉴클레오티드가 RNA(예를 들어, mRNA), DNA, 플라스미드, 바이러스 폴리뉴클레오티드 또는 그의 임의의 조합인, 실시형태 126의 방법.

[0213] 129. 합성 큐론을 세포와 접촉시키는 단계 이전에, 그와 동시에 또는 그 이후에 헬퍼 폴리뉴클레오티드를 세포와 접촉시키는, 실시형태 126 내지 128 중 어느 한 실시형태의 방법.

[0214] 130. 헬퍼 단백질을 세포와 접촉시키는 단계를 추가로 포함하는, 실시형태 123 내지 129 중 어느 한 실시형태의 방법.

[0215] 131. 헬퍼 단백질이 바이러스 복제 단백질 또는 캡시드 단백질을 포함하는, 실시형태 130의 방법.

[0216] 132. 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 합성 큐론을 포함하는 숙주 세포.

[0217] 133. 프로모터 요소, 이펙터(예를 들어, 페이로드)를 인코딩하는 서열 및 외부 단백질 결합 서열을 포함하는 핵산 분자로서,

[0218] 핵산 분자가 단일-가닥 DNA이며, 핵산 분자가 환형이고/환형이거나 세포에 유입되는 핵산 분자의 약 0.001%, 0.005%, 0.01%, 0.05%, 0.1%, 0.5%, 1%, 1.5% 또는 2% 미만의 빈도로 통합되며;

[0219] 이펙터가 TTV로부터 기원하지 않으며, SV40-miR-S1이 아니며;

[0220] 핵산 분자가 TTMV-LY의 폴리뉴클레오티드 서열을 포함하지 않으며;

[0221] 프로모터 요소가 진핵 세포에서 이펙터의 발현을 지시할 수 있는, 핵산 분자.

[0222] 134. 프로모터 요소 및 외인성 이펙터를 인코딩하는 핵산 서열, 및 단백질 결합 서열을 포함하는 핵산 분자로서, 유전 요소가 하기 중 하나 또는 둘 모두를 포함하는 핵산 분자:

[0223] (a) 표 11의 핵산 서열의 뉴클레오티드 323 내지 393의 아넬로바이러스 5' UTR 보존된 도메인 뉴클레오티드 서열에 대하여 적어도 85% 서열 동일성을 갖는 서열, 또는

[0224] (b) 표 11의 핵산 서열의 뉴클레오티드 2868 내지 2929의 아넬로바이러스 GC-풍부 영역에 대하여 적어도 85% 서열 동일성을 갖는 서열.

[0225] 135. 프로모터 요소 및 외인성 이펙터를 인코딩하는 핵산 서열, 및 단백질 결합 서열을 포함하는 핵산 분자로서, 유전 요소가 하기 중 하나 또는 둘 모두를 포함하는 핵산 분자:

[0226] (a) 표 1, 3, 5, 7, 9 또는 13의 핵산 서열의 아넬로바이러스 5' UTR 보존된 도메인에 대하여 적어도 85% 서열 동일성을 갖는 서열; 또는

[0227] (b) 표 1, 3, 5, 7, 9 또는 13의 핵산 서열의 아넬로바이러스 GC-풍부 영역에 대하여 적어도 85% 서열 동일성을 갖는 서열.

[0228] 136. (i) 프로모터 요소 및 이펙터, 예를 들어, 페이로드를 인코딩하는 서열로서, 이펙터가 야생형 아넬로바이러스 서열에 비하여 외인성인 서열;

[0229] (ii) 야생형 아넬로바이러스 서열에 대하여 적어도 75% 서열 동일성을 갖는 적어도 72개의 인접 뉴클레오티드(예를 들어, 적어도 72, 73, 74, 75, 76, 77, 78, 79, 80, 90, 100 또는 150개의 뉴클레오티드); 또는 야생형 아넬로바이러스 서열에 대하여 적어도 72%(예를 들어, 적어도 72, 73, 74, 75, 76, 77, 78, 79, 80, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99 또는 100%) 서열 동일성을 갖는 적어도 100개의 인접 뉴클레오티드; 및

[0230] (iii) 단백질 결합 서열, 예를 들어, 외부 단백질 결합 서열을 포함하는 유전 요소로서,

[0231] 핵산 구축물이 단일-가닥 DNA이며;

[0232] 핵산 구축물이 환형이고/환형이거나 세포에 유입되는 유전 요소의 약 0.001%, 0.005%, 0.01%, 0.05%, 0.1%, 0.5%, 1%, 1.5% 또는 2% 미만의 빈도로 통합되는 유전 요소.

[0233] 137. a) 합성 큐론, 예를 들어, 본원에 기재된 합성 큐론의 성분을 인코딩하는 하나 이상의 핵산 분자를 포함하는 숙주 세포를 제공하는 단계로서, 합성 큐론이 단백질성 외부 및 유전 요소, 예를 들어, 프로모터 요소, 외인성 이펙터(예를 들어, 페이로드)를 인코딩하는 서열 및 단백질 결합 서열(예를 들어, 외부 단백질 결합 서열, 예를 들어, 패키징 신호)을 포함하는 유전 요소를 포함하는 단계;

[0234] b) 숙주 세포로부터 합성 큐론을 생성하여, 그에 의해 합성 큐론을 제조하는 단계; 및

[0235] c) 합성 큐론을 예를 들어, 대상체로의 투여에 적합한 약제학적 조성물로서 제형화시키는 단계를 포함하는 합성 큐론 조성물의 제조 방법.

[0236] 138. a) 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태에 따른 복수의 합성 큐론 또는 실시형태 95 내지 105 중 어느 한 실시형태의 조성물 또는 약제학적 조성물을 제공하는 단계;

[0237] b) 다음 중 하나 이상에 대하여 복수를 선택적으로 평가하는 단계: 본원에 기재된 오염물질, 광학 밀도 측정치(예를 들어, OD 260), 입자수(예를 들어, HPLC에 의함), 감염성(예를 들어, 입자:감염 유닛 비); 및

[0238] c) 예를 들어, (b)의 파라미터 중 하나 이상이 특정 임계값을 만족한다면, 복수의 합성 큐론을 예를 들어, 대상체로의 투여에 적합한 약제학적 조성물로서 제형화하는 단계를 포함하는 합성 큐론 조성물의 제조 방법.

[0239] 139. 합성 큐론 조성물이 적어도 10^5, 10^6, 10^7, 10^8, 10^9, 10^{10}, 10^{11}, 10^{12}, 10^{13}, 10^{14} 또는 10^{15}개의 합성 큐론을 포함하는, 실시형태 138의 방법.

[0240] 140. 합성 큐론 조성물이 적어도 10 ㎖, 20 ㎖, 50 ㎖, 100 ㎖, 200 ㎖, 500 ㎖, 1 ℓ, 2 ℓ, 5 ℓ, 10 ℓ, 20 ℓ 또는 50 ℓ를 포함하는, 실시형태 138 또는 139의 방법.

[0241] 141. 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 합성 큐론 및 헬퍼 바이러스를 포함하는 반응 혼합물로서, 헬퍼 바이러스가 폴리뉴클레오티드, 예를 들어, 외부 단백질, 예를 들어, 외부 단백질 결합 서열에 결합할 수 있는 외부 단백질 및 선택적으로 지질 외피를 인코딩하는 폴리뉴클레오티드를 포함하는, 반응 혼합물.

[0242] 142. 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 합성 큐론 및 표 12의 ORF2, ORF2/2, ORF2/3, ORF1, ORF1/1 또는 ORF1/2로부터 선택되는 아미노산 서열 또는 이에 대하여 적어도 85% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열 중 하나

이상을 인코딩하는 제2 핵산 서열을 포함하는, 반응 혼합물.

[0243] 143. 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 합성 큐론, 및 표 2, 4, 6, 8, 10 또는 14 중 임의의 것의 ORF2, ORF2/2, ORF2/3, ORF2t/3, ORF1, ORF1/1 또는 ORF1/2로부터 선택되는 아미노산 서열 또는 이에 대하여 적어도 85% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열 중 하나 이상을 인코딩하는 제2 핵산 서열을 포함하는, 반응 혼합물.

[0244] 144. 제2 핵산 서열이 유전 요소의 일부인, 실시형태 142 또는 143의 반응 혼합물.

[0245] 145. 제2 핵산 서열이 유전 요소의 일부가 아니며, 예를 들어, 제2 핵산 서열에 헬퍼 세포 또는 헬퍼 바이러스에 의해 포함되는, 실시형태 144의 반응 혼합물.

[0246] 146. (i) 비-병원성 외부 단백질을 인코딩하는 서열, (ii) 유전 요소를 비-병원성 외부 단백질에 결합시키는 외부 단백질 결합 서열, 및 (iii) 이펙터, 예를 들어, 조절 핵산을 인코딩하는 서열을 포함하는 유전 요소; 및

[0247] 예를 들어, 유전 요소와 회합된, 예를 들어, 이를 둘러싸거나 봉입하는 단백질성 외부를 포함하는, 합성 큐론.

[0248] 147. a) (i) 비-병원성 외부 단백질을 인코딩하는 서열, (ii) 유전 요소를 비-병원성 외부 단백질에 결합시키는 외부 단백질 결합 서열, 및 (iii) 이펙터, 예를 들어, 조절 핵산을 인코딩하는 서열을 포함하는 유전 요소; 및

[0249] 유전 요소와 회합된, 예를 들어, 이를 둘러싸거나 봉입하는 단백질성 외부를 포함하는 큐론; 및

[0250] b) 약제학적 부형제를 포함하는 약제학적 조성물.

[0251] 148. a) (i) 비-병원성 외부 단백질을 인코딩하는 서열, (ii) 유전 요소를 비-병원성 외부 단백질에 결합시키는 외부 단백질 결합 서열, 및 (iii) 이펙터, 예를 들어, 조절 핵산을 인코딩하는 서열을 포함하는 유전 요소; 및

[0252] 유전 요소와 회합된, 예를 들어, 이를 둘러싸거나 봉입하는 단백질성 외부를 포함하는 적어도 10^3, 10^4, 10^5, 10^6, 10^7, 10^8 또는 10^9개의 큐론(예를 들어, 본원에 기재된 합성 큐론);

[0253] b) 약제학적 부형제, 및 선택적으로

[0254] c) 사전-결정된 양보다 더 적은 마이코플라스마, 내독소, 숙주 세포 핵산(예를 들어, 숙주 세포 DNA 및/또는 숙주 세포 RNA), 동물-유래 과정 불순물(예를 들어, 혈청 알부민 또는 트립신), 복제-적격 작용제(RCA), 예를 들어, 복제-적격 바이러스 또는 원치 않는 큐론, 유리 바이러스 캡시드 단백질, 외래 작용제 및/또는 응집물을 포함하는, 약제학적 조성물.

[0255] 149. 하기의 특징 중 적어도 하나를 추가로 포함하는 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 큐론 또는 조성물: 유전 요소가 단일-가닥 DNA임; 유전 요소가 환형임; 큐론이 비-통합성임; 큐론이 아넬로바이러스 또는 기타 비-병원성 바이러스에 기초한 서열, 구조 및/또는 기능을 가짐; 및 큐론이 비-병원성임.

[0256] 150. 단백질성 외부가 비-병원성 외부 단백질을 포함하는, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 큐론 또는 조성물.

[0257] 151. 단백질성 외부가 하기 중 하나 이상을 포함하는, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 큐론 또는 조성물: 하나 이상의 글리코실화된 단백질, 친수성 DNA-결합 영역, 아르기닌-풍부 영역, 트레오닌-풍부 영역, 글루타민-풍부 영역, N-말단 폴리아르기닌 서열, 가변 영역, C-말단 폴리글루타민/글루탐산염 서열 및 하나 이상의 이황화 가교.

[0258] 152. 단백질성 외부가 하기의 특징 중 하나 이상을 포함하는, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 큐론 또는 조성물: 정20면체 대칭, 하나 이상의 숙주 세포 분자와 상호작용하는 분자를 인식하고/인식하거나 이에 결합하여, 숙주 세포로의 유입을 매개함, 지질 분자가 결여됨, 탄수화물이 결여됨, pH 및 온도 안정성임, 세제 저항성임 및 숙주에서 비-면역원성이거나 비-병원성임.

[0259] 153. 비-병원성 외부 단백질을 인코딩하는 서열이 표 15에 열거된 하나 이상의 서열 또는 그의 단편과 적어도 70%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 동일한 서열을 포함하는, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 큐론 또는 조성물.

[0260] 154. 비-병원성 외부 단백질이 표 16 또는 표 17에 열거된 하나 이상의 서열 또는 그의 단편과 적어도 70%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 동일한 서열을 포함하는, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 큐론 또는 조성물.

[0261] 155. 비-병원성 외부 단백질이 하나 이상의 기능, 예를 들어, 종 및/또는 조직 및/또는 세포 향성, 바이러스 게놈 결합 및/또는 패키징, 면역 회피(비-면역원성 및/또는 관용), 약동학, 엔도시토시스 및/또는 세포 부착, 핵 유입, 세포내 조절 및 국소화, 엑소시토시스 조절, 증식 및 핵산 보호를 제공하는 적어도 하나의 작용성 도메인을 포함하는, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 큐론 또는 조성물.

[0262] 156. 이펙터가 조절 핵산, 예를 들어, miRNA, siRNA, mRNA, lncRNA, RNA, DNA, 안티센스 RNA, gRNA; 치료제, 예를 들어 형광 태그 또는 마커, 항원, 펩티드 치료제, 천연-생물활성 펩티드로부터의 합성 또는 유사체 펩티드, 효능제 또는 길항제 펩티드, 항-미생물 펩티드, 포어-형성 펩티드, 바이사이클릭 펩티드, 표적화 또는 세포독성 펩티드, 분해 또는 자가-파괴 펩티드, 소분자, (예를 들어, 면역 반응/신호에 대한 감수성에 영향을 미치는) 면역 이펙터, 사멸 단백질(예를 들어, 아폽토시스 또는 괴사의 유도제), 종양의 비-용해 저해제(예를 들어, 종양단백질의 저해제), 후성적 변형제, 후성적 효소, 전사 인자, DNA 또는 단백질 변형 효소, DNA-삽입제, 유출 펌프 저해제, 핵 수용체 활성화제 또는 저해제, 프로테아좀 저해제, 효소에 대한 경쟁적 저해제, 단백질 합성 이펙터 또는 저해제, 뉴클레아제, 단백질 단편 또는 도메인, 리간드 또는 수용체, 및 CRISPR 시스템 또는 성분을 포함하는, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 큐론 또는 조성물.

[0263] 157. 이펙터가 표 18에 열거된 하나 이상의 miRNA 서열과 적어도 70%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 동일한 서열을 포함하는, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 큐론 또는 조성물.

[0264] 158. 이펙터, 예를 들어, miRNA가 숙주 유전자를 표적화하는, 예를 들어, 유전자의 발현을 조절하는, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 큐론 또는 조성물.

[0265] 159. miRNA가 예를 들어, 표 16에 열거된 하나 이상의 서열에 대하여 적어도 70%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 동일성을 갖는, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 큐론 또는 조성물.

[0266] 160. 유전 요소가 하기의 서열 중 하나 이상을 추가로 포함하는, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 큐론 또는 조성물: 하나 이상의 miRNA를 인코딩하는 서열, 하나 이상의 복제 단백질을 인코딩하는 서열, 외인성 유전자를 인코딩하는 서열, 치료제를 인코딩하는 서열, 조절 서열(예를 들어, 프로모터, 인핸서), 내인성 유전자를 표적화하는 하나 이상의 조절 서열(siRNA, lncRNA, shRNA)을 인코딩하는 서열, 치료적 mRNA 또는 단백질을 인코딩하는 서열 및 세포용해/세포독성 RNA 또는 단백질을 인코딩하는 서열.

[0267] 161. 유전 요소가 하기의 특징 중 하나 이상을 갖는, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 큐론 또는 조성물: 숙주 세포의 게놈과 비-통합성임, 에피솜 핵산임, 단일 가닥 DNA임, 약 1 내지 10 kb임, 세포의 핵 내에 존재함, 내인성 단백질에 의해 결합될 수 있음, 및 숙주 유전자를 표적화하는 마이크로RNA를 생성함.

[0268] 162. 유전 요소가 적어도 하나의 바이러스 서열, 또는 표 19 또는 표 20에 열거된 하나 이상의 서열 또는 그의 단편에 대하여 적어도 70%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 동일성을 포함하는, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 큐론 또는 조성물.

[0269] 163. 바이러스 서열이 단일 가닥 DNA 바이러스(예를 들어, 아넬로바이러스, 비드나바이러스(Bidnavirus), 써코바이러스, 제미니바이러스(Geminivirus), 게노모바이러스(Genomovirus), 이노바이러스(Inovirus), 마이크로바이러스(Microvirus), 나노바이러스(Nanovirus), 파보바이러스(Parvovirus) 및 스피라바이러스(Spiravirus)), 이중 가닥 DNA 바이러스(예를 들어, 아데노바이러스(Adenovirus), 암풀라바이러스(Ampullavirus), 아스코바이러스(Ascovirus), 아스파바이러스(Asfarvirus), 배큘로바이러스(Baculovirus), 푸셀로바이러스(Fusellovirus), 글로불로바이러스(Globulovirus), 구타바이러스(Guttavirus), 하이트로사바이러스(Hytrosavirus), 헤르페스바이러스(Herpesvirus), 이리도바이러스(Iridovirus), 리포트릭스바이러스(Lipothrixvirus), 니마바이러스(Nimavirus) 및 폭스바이러스(Poxvirus)), RNA 바이러스(예를 들어, 알파바이러스(Alphavirus), 푸로바이러스(Furovirus), 간염 바이러스, 호르데이바이러스(Hordeivirus), 토바모바이러스(Tobamovirus), 토브라바이러스(Tobravirus), 트리코르나바이러스(Tricornavirus), 루비바이러스(Rubivirus), 비르나바이러스(Birnavirus), 시스토바이러스(Cystovirus), 파르티티바이러스(Partitivirus) 및 레오바이러스(Reovirus)) 중 적어도 하나로부터의 것인, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 큐론 또는 조성물.

[0270] 164. 바이러스 서열이 하나 이상의 비-아넬로바이러스, 예를 들어, 아데노바이러스, 헤르페스 바이러스, 폭스바이러스, 백시니아 바이러스, SV40, 파필로마 바이러스, RNA 바이러스, 예컨대 레트로바이러스, 예를 들어, 렌티 바이러스, 단일-가닥 RNA 바이러스, 예를 들어, 간염 바이러스, 또는 이중-가닥 RNA 바이러스, 예를 들어, 로타바이러스로부터의 것인, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 큐론 또는 조성물.

[0271] 165. 단백질 결합 서열이 단백질성 외부의 아르기닌-풍부 영역과 상호작용하는, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 큐론 또는 조성물.

[0272] 166. 큐론이 포유동물 세포, 예를 들어, 인간 세포에서 복제 가능한, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 큐론 또는 조성물.

[0273] 167. 큐론이 숙주 세포에서 비-병원성이고/이거나 비-통합성인, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 큐론 또는 조성물.

[0274] 168. 큐론이 숙주에서 비-면역원성인, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 큐론 또는 조성물.

[0275] 169. 큐론이 숙주 또는 숙주 세포에서 하나 이상의 바이러스 특성, 예를 들어, 선택성, 예를 들어, 감염성, 예를 들어, 면역억제/활성화를 저해/향상시키는, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 큐론 또는 조성물.

[0276] 170. 큐론이 (예를 들어, 표현형, 바이러스 수준, 유전자 발현, 기타 바이러스와의 경쟁, 병태 등을 적어도 약 5%, 10%, 15%, 20%, 25%, 30%, 35%, 40%, 45%, 50% 이상) 조절하기에 충분한 양으로 존재하는, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 큐론 또는 조성물.

[0277] 171. 적어도 하나의 바이러스 또는 바이러스의 게놈을 포함하는 벡터, 예를 들어, 큐론의 변이체, 예를 들어, 편리공생/고유 바이러스를 추가로 포함하는, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 조성물.

[0278] 172. 이종 모이어티, 적어도 하나의 소분자, 항체, 폴리펩티드, 핵산, 표적화제, 영상화제, 나노입자 및 그의 조합을 추가로 포함하는, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 조성물.

[0279] 173. (i) 비-병원성 외부 단백질을 인코딩하는 서열, (ii) 유전 요소를 비-병원성 외부 단백질에 결합시키는 외부 단백질 결합 서열, 및 (iii) 이펙터, 예를 들어, 조절 핵산을 인코딩하는 서열을 포함하는 유전 요소를 포함하는 벡터.

[0280] 174. 유전 요소가 숙주 세포의 게놈과 통합되지 못하는 상기 실시형태의 벡터.

[0281] 175. 유전 요소가 포유동물 세포, 예를 들어, 인간 세포에서 복제 가능한, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 벡터.

[0282] 176. 예를 들어 유전자, 예를 들어, 인간 유전자의 발현을 조절하기 위해 선택되는 외인성 핵산 서열을 추가로 포함하는, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 벡터.

[0283] 177. 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 벡터 및 약제학적 부형제를 포함하는 약제학적 조성물.

[0284] 178. 벡터가 숙주 세포에서 비-병원성이고/이거나 비-통합성인, 상기 실시형태의 조성물.

[0285] 179. 벡터가 숙주에서 비-면역원성인, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 조성물.

[0286] 180. 벡터가 (예를 들어, 표현형, 바이러스 수준, 유전자 발현, 기타 바이러스와의 경쟁, 병태 등을 적어도 약 5%, 10%, 15%, 20%, 25%, 30%, 35%, 40%, 45%, 50% 이상) 조절하기에 충분한 양으로 존재하는, 상기 실시형태의 조성물.

[0287] 181. 적어도 하나의 바이러스 또는 바이러스의 게놈을 포함하는 벡터, 예를 들어, 큐론의 변이체, 편리공생/고유 바이러스, 헬퍼 바이러스, 비-아넬로바이러스를 추가로 포함하는, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 조성물.

[0288] 182. 이종 모이어티, 적어도 하나의 소분자, 항체, 폴리펩티드, 핵산, 표적화제, 영상화제, 나노입자 및 그의 조합을 추가로 포함하는, 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 조성물.

[0289] 183. 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 큐론의 생성, 증량 및 수집 방법.

[0290] 184. 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 벡터의 설계 및 제조 방법.

[0291] 185. 유효량의 상기 실시형태들 중 어느 한 실시형태의 조성물을 대상체로에 투여하는 방법.

[0292] 186. 디스비로시스(dysvirosis)의 확인을 필요로 하는 대상체로부터 수득되는 시료로부터 유전 정보를 분석하는 단계로서, 바이러스 유전 정보가 대상체의 유전 정보 및 기타 미생물로부터 분리되는 단계;

[0293] 바이러스 유전 정보를 기준, 예를 들어, 대조군, 건강한 대상체와 비교하는 단계; 및

[0294] 바이러스 유전 정보의 비교가 대상체에서 바이러스 유전 정보의 불균형 또는 비정상적인 비를 제공한다면, 대상체에서 디스비로시스를 확인하는 단계를 포함하는 대상체에서의 디스비로시스의 확인 방법.

[0295] 187. 표적 세포, 조직 또는 대상체로 핵산 또는 단백질 페이로드를 운반하는 방법으로서, 상기 방법이 표적 세포, 조직 또는 대상체를 (a) 바이러스로부터 유래되는 제1 DNA 서열로서, 표적 세포, 조직 또는 대상체를 감염시킬 수 있는 입자의 생성을 가능하게 하기에 충분한 제1 DNA 서열, 및 (b) 핵산 또는 단백질 페이로드를 인코딩하는 제2 DNA 서열을 포함하는 핵산 조성물과 접촉시키는 단계를 포함하며, 개선이 하기를 포함하는 방법:

[0296] 제1 DNA 서열이 표 1, 3, 5, 7, 9, 11 또는 13 중 임의의 것에 열거된 상응하는 서열에 대하여 적어도 80%(적어도 85%, 90%, 95%, 97%, 99%, 100%) 서열 동일성을 갖는 적어도 500(적어도 600, 700, 800, 900, 1000, 1200, 1400, 1500, 1600, 1800, 2000)개의 뉴클레오티드를 포함함, 또는

[0297] 제1 DNA 서열이 표 2, 4, 6, 8, 10, 12 또는 14에 열거된 ORF에 대하여 적어도 80%(적어도 85%, 90%, 95%, 97%, 99%, 100%) 서열 동일성을 갖는 서열을 인코딩함, 또는

[0298] 제1 DNA 서열이 표 14-1에 열거된 컨센서스 서열에 대하여 적어도 90%(적어도 95%, 97%, 99%, 100%) 서열 동일성을 갖는 서열을 포함함.

[0299] 본 발명의 다른 특징, 목적 및 이점이 설명 및 도면, 및 청구범위로부터 명백해질 것이다.

[0300] 달리 정의되지 않는 한, 본원에 사용되는 모든 기술 및 과학 용어는 본 발명이 속하는 분야의 당업자에 의해 통상적으로 이해되는 바와 동일한 의미를 갖는다. 본원에 언급된 모든 간행물, 특허 출원, 특허 및 다른 참고문헌은 그들 전문이 참조로 포함된다. 또한, 물질, 방법 및 실시예는 단지 예시적인 것일 뿐이며, 제한하려는 것이 아니다.

도면의 간단한 설명

[0301] 본 발명의 실시형태의 하기의 상세한 설명은 첨부된 도면과 함께 판독하는 경우 더 잘 이해될 것이다. 본 발명의 예시의 목적을 위하여, 본원에 예시된 실시형태가 도면에 나타나 있다. 그러나, 본 발명이 도면에 나타낸 실시형태의 정확한 배열 및 수단으로 제한되지 않음을 이해해야 한다.

도 1a는 캡시드 단백질 서열의 아미노산 영역의 서열 유사성 백분율을 보여주는 도면이다.

도 1b는 캡시드 단백질 서열의 서열 유사성 백분율을 보여주는 도면이다.

도 2는 큐론의 일 실시형태를 보여주는 도면이다.

도 3은 TTMiniV의 LY1 주("큐론 1")를 인코딩하는 카나마이신 벡터의 개략도를 도시한 것이다.

도 4는 TTMiniV의 LY2 주("큐론 2")를 인코딩하는 카나마이신 벡터의 개략도를 도시한 것이다.

도 5는 293T 및 A549 세포에서의 합성 큐론의 트랜스펙션 효율을 도시한 것이다.

도 6a 및 도 6b는 합성 큐론에 의한 293T 세포의 성공적인 감염을 예시한 정량적 PCR 결과를 도시한 것이다.

도 7a 및 도 7b는 합성 큐론에 의한 A549 세포의 성공적인 감염을 예시한 정량적 PCR 결과를 도시한 것이다.

도 8a 및 도 8b는 합성 큐론에 의한 Raji 세포의 성공적인 감염을 예시한 정량적 PCR 결과를 도시한 것이다.

도 9a 및 도 9b는 합성 큐론에 의한 Jurkat 세포의 성공적인 감염을 예시한 정량적 PCR 결과를 도시한 것이다.

도 10a 및 도 10b는 합성 큐론에 의한 Chang 세포의 성공적인 감염을 예시한 정량적 PCR 결과를 도시한 것이다.

도 11a 및 도 11b는 TTMV-LY2Δ574-1371,Δ1432-2210,2610::nLuc로 트랜스펙션되거나 감염된 세포로부터의 루시퍼라제 발현을 보여주는 일련의 그래프이다. 감염된 세포에서 발광이 관찰되었으며, 이는 성공적인 복제 및 패키징을 나타낸다.

도 11c는 알파토르크바이러스(*alphatorquevirus*)(토르크 테노 바이러스; TTV)의 계통수를 도시한 다이어그램이며, 클레이드가 강조표시되어 있다. 적어도 100개의 아넬로바이러스 주가 표시되어 있으며, 5개의 클레이드로 나뉜다. 5개의 클레이드의 각각으로부터의 예시적인 서열은 본원, 예를 들어, 표 1 내지 14에 제공되어 있다. 상측 칸 = 클레이드 1; 상측 중간 칸 = 클레이드 2; 중간 칸 = 클레이드 3, 하측 중간 칸 = 클레이드 4; 하측 칸 = 클레이드 5.

도 12는 큐론(예를 들어, 본원에 기재된 바와 같은 복제-적격 또는 복제-결함 큐론)의 생성에 대한 예시적인 작업흐름을 보여주는 개략도이다.

도 13은 TTV 및 TTMV 게놈 당량의 정량화를 위해 설계된 프라이머 세트에 대한 프라이머 특이성을 보여주는 그래프이다. SYBR 그린(green) 화학에 기초한 정량적 PCR은 각각의 게놈을 인코딩하는 플라스미드 상에서, 표기된 바와 같은 TTMV 또는 TTV 특이적 프라이머 세트를 사용한 증폭 생성물의 각각에 대한 하나의 별개의 피크를 보여준다.

도 14는 qPCR에 의한 TTV 게놈 당량의 정량화에서 PCR 효율을 보여주는 일련의 그래프이다. 2가지 상이한 상용 qPCR 마스터 믹스와 함께 증가하는 농도의 프라이머 및 고정된 농도의 가수분해 프로브(250 nM)를 사용하였다. 90 내지 110%의 효율이 정량화 동안 최소의 오차 전파를 초래하였다.

도 15는 게놈 당량 농도의 7 log10에 걸친 TTMV(표적 1) 또는 TTV(표적 2)의 선형 증폭에 대한 예시적인 증폭 플롯을 보여주는 그래프이다. 게놈 당량을 높은 PCR 효율 및 직선성(R^2 TTMV: 0.996; R^2 TTV: 0.997)으로 7개의 10배 희석에 걸쳐 정량화하였다.

도 16a 및 도 16b는 큐론 원액 내의 TTMV 게놈 당량의 정량화를 보여주는 일련의 그래프이다. (도 16a) 각각 1:10 희석되고, 2벌로 시행된 2개의 원액의 증폭 플롯. (도 16b) 본원에 직선 범위의 맥락으로 나타난, 도 16a에 나타낸 바와 같은 동일한 2개의 시료. 2가지 대표적인 시료에서 상한 및 하한이 나타나 있다. PCR 효율: 99.58%, R^2: 0988.

도 17a 및 도 17b는 외인성 miRNA, miR-625를 포함하는 합성 큐론의 기능적 효과를 보여주는 일련의 그래프이다. (도 17a) 3개의 상이한 비-소세포 폐암(NSCLC) 세포주(A549 세포, NCI-H40 세포 및 SW900 세포)에서 miR-625를 발현하는 큐론으로 감염되는 경우 NSCLC 세포의 세포 생존력에 대한 영향. (도 17b) HEK293T 세포에 의한 YFP 리포터의 발현에 대한 miR-625를 발현하는 큐론의 영향.

도 17c는 표기된 큐론과 접촉되거나, 처리하지 않고 남겨둔 SW900 세포에 대한 총 단백질에 대하여 정규화된 p65 면역블롯 분석의 정량화를 보여주는 그래프이다.

도 18은 5개의 알파토르크바이러스 클레이드 내의 바이러스 DNA 서열의 정렬에 대한 쌍별 동일성을 보여주는 다이어그램이다. 각각의 TTV 클레이드로부터의 바이러스에 대한 DNA 서열을 정렬하였다. 50-bp 슬라이딩 윈도우에 걸친 쌍별 동일성 백분율이 각각의 클레이드에 대한 정렬의 길이를 따라 나타나 있다. 평균 쌍별 동일성이 나타나 있다.

도 19는 각각의 알파토르크바이러스 클레이드로부터의 대표적인 서열의 정렬에 대한 쌍별 동일성을 보여주는 다이어그램이다. TTV-CT30F, TTV-TJN02, TTV-tth8, TTV-JA20 및 TTV-HD23a에 대한 DNA 서열을 정렬하였다. 50-bp 슬라이딩 윈도우에 걸친 쌍별 동일성 백분율이 정렬의 길이를 따라 나타나 있다. 위의 괄호는 비-코딩 및 코딩 영역을 나타내며, 쌍별 동일성이 나타나 있다. 아래의 괄호는 높은 서열 보존 영역을 나타낸다.

도 20은 5개의 알파토르크바이러스 클레이드에 걸친 추정의 단백질을 위한 아미노산 정렬에 대한 쌍별 동일성을 보여주는 다이어그램이다. TTV-CT30F, TTV-TJN02, TTV-tth8, TTV-JA20 및 TTV-HD23a로부터의 추정의 단백질에 대한 아미노산 서열을 정렬하였다. 50-aa 슬라이딩 윈도우에 걸친 쌍별 동일성 백분율이 각각의 정렬의 길이를 따라 나타나 있다. 오픈 리딩 프레임 DNA 서열 및 단백질 아미노산 서열 둘 모두에 대한 쌍별 동일성이 나타나 있다.

도 21은 5' UTR 내의 도메인이 5개의 알파토르크바이러스 클레이드에 걸쳐 고도로 보존되어 있음을 보여주는 다이어그램이다. 각각의 대표적인 알파토르크바이러스에 대한 71-bp 5'UTR 보존된 도메인 서열을 정렬하였다. 서열은 5개의 클레이드 간에 96.6% 쌍별 동일성을 갖는다. 도 21에 나타낸 서열(각각 출현 순서로, SEQ ID NO 703 내지 708)은 또한, 예를 들어, 본원의 표 16-1에 열거되어 있다.

도 22는 5개의 알파토르크바이러스 클레이드로부터의 GC-풍부 도메인의 정렬을 보여주는 다이어그램이다. 각각의 아넬로바이러스는 70% 초과의 GC 함량을 갖는 ORF의 하류 영역을 갖는다. TTV-CT30F, TTV-TJN02, TTV-tth8, TTV-JA20 및 TTV-HD23a로부터의 GC-풍부 영역의 정렬이 나타나 있다. 영역은 길이가 다양하지만, 그들이 정렬되는 경우, 그들은 81.8% 쌍별 동일성을 보인다. 도 22에 나타낸 서열(각각 출현 순서로, SEQ ID NO 709 내지 714)은 또한, 예를 들어, 본원의 표 16-2에 열거되어 있다.

발명을 실시하기 위한 구체적인 내용

[0302] 정의

[0303] 용어 "치료, 조절 등을 위한 화합물, 조성물, 생성물 등"은 표기된 치료, 조절 등의 목적에 적합한 화합물, 조성물, 생성물 등 그 자체를 지칭하는 것이 이해되어야 한다. 용어 "치료, 조절 등을 위한 화합물, 조성물, 생성물 등"은 추가로 일 실시형태로서, 이러한 화합물, 조성물, 생성물 등이 치료, 조절 등에 사용하기 위한 것임을 개시한다.

[0304] 용어 "...에 사용하기 위한 화합물, 조성물, 생성물 등" 또는 "...를 위한 의약, 약제학적 조성물, 수의학적 조성물, 진단적 조성물 등의 제조에서의 화합물, 조성물, 생성물 등의 용도"는 이러한 화합물, 조성물, 생성물 등이 인간 또는 동물 신체에서 실시될 수 있는 치료적 방법에 사용될 것임을 나타낸다. 그들은 치료 방법 등에 관한 실시형태 및 청구범위의 동등한 개시로서 간주된다. 따라서, 실시형태 또는 청구범위가 "질병을 앓는 것으로 의심되는 인간 또는 동물을 치료하는데 사용하기 위한 화합물"을 지칭한다면, 이것은 또한 "질병을 앓는 것으로 의심되는 인간 또는 동물을 치료하기 위한 의약의 제조에서의 화합물의 용도" 또는 "질병을 앓는 것으로 의심되는 인간 또는 동물로의 화합물의 투여에 의한 치료 방법"의 개시인 것으로 간주된다. 용어 "치료, 조절 등을 위한 화합물, 조성물, 생성물 등"은 표기된 치료, 조절 등의 목적에 적합한 화합물, 조성물, 생성물 등 그 자체를 지칭함을 이해할 것이다.

[0305] 기간, 값, 수 등의 하기의 예가 괄호 안에 제공된다면, 이것은 괄호 안에 언급된 예가 실시형태를 구성할 수 있다는 표시로서 이해해야 한다. 예를 들어, "실시형태들에서, 핵산 분자가 표 1의 아넬로바이러스 ORF1 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 1의 핵산 서열의 뉴클레오티드 571 내지 2613)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다"고 언급된다면, 일부 실시형태는 표 1의 핵산 서열의 뉴클레오티드 571 내지 2613에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함하는 핵산 분자에 관한 것이다.

[0306] 본원에 사용되는 바와 같이, 용어 "큐론"은 단백질성 외부 내에 봉입된 유전 요소, 예를 들어, 에피솜, 예를 들어, 환형 DNA를 포함하는 비히클을 지칭한다. 본원에 사용되는 바와 같이, "합성 큐론"은 일반적으로, 자연 발생이 아닌, 예를 들어, 야생형 바이러스(예를 들어, 본원에 기재된 바와 같은 야생형 아넬로바이러스)에 비하여 변형된 서열을 갖는 큐론을 지칭한다. 일부 실시형태에서, 합성 큐론은 엔지니어링되거나 또는 재조합이며, 예를 들어, 야생형 바이러스 게놈(예를 들어, 본원에 기재된 바와 같은 야생형 아넬로바이러스 게놈)에 비하여 변형을 포함하는 유전 요소를 포함한다. 일부 실시형태에서, 단백질성 외부 내의 봉입은 단백질성 외부에 의한 100% 커버리지, 및 100% 미만, 예를 들어, 95%, 90%, 85%, 80%, 70%, 60%, 50% 또는 그 미만의 커버리지를 포함한다. 유전 요소가 예를 들어, 숙주 세포로의 유입 이전에 단백질성 외부에 보유되는 한, 예를 들어, (예를 들어, 단백질성 외부를 물, 이온, 펩티드 또는 소분자에 대해 투과 가능하게 만드는) 갭 또는 불연속부가 단백질성 외부에 존재할 수 있다. 일부 실시형태에서, 큐론은 정제되며, 예를 들어, 큐론은 그의 원래의 공급원으로부터 분리되고/분리되거나 다른 성분이 실질적으로 없다(50% 초과, 60% 초과, 70% 초과, 80% 초과, 90% 초과).

[0307] 본원에 사용되는 바와 같이, "인코딩"하는 핵산은 아미노산 서열 또는 기능적 폴리뉴클레오티드(예를 들어, 비-코딩 RNA, 예를 들어, siRNA 또는 miRNA)를 인코딩하는 핵산 서열을 지칭한다.

[0308] 본원에 사용되는 바와 같이, 용어 "디스비로시스"는 대상체에서의 바이러스체(virome)의 이상조절을 지칭한다.

[0309] 본원에 사용되는 바와 같은 "외인성" 작용제(예를 들어, 이펙터, 핵산(예를 들어, RNA), 유전자, 페이로드, 단백질)는 상응하는 야생형 바이러스, 예를 들어, 본원에 기재된 바와 같은 아넬로바이러스에 의해 포함되지 않거나, 그에 의해 인코딩되지 않는 작용제를 지칭한다. 일부 실시형태에서, 외인성 작용제, 예컨대, 자연 발생 단백질 또는 핵산에 비하여 (예를 들어, 삽입, 결실 또는 치환에 의해) 변경된 서열을 갖는 단백질 또는 핵산은 자연적으로 존재하지 않는다. 일부 실시형태에서, 외인성 작용제는 숙주 세포에서 자연적으로 존재하지 않는다. 일부 실시형태에서, 외인성 작용제는 숙주 세포에서 자연적으로 존재하지만, 바이러스에 대하여 외인성이다. 일부 실시형태에서, 외인성 작용제는 숙주 세포에서 자연적으로 존재하지만, 요망되는 수준으로 또는 요망되는 시간에 존재하지 않는다.

[0310] 본원에 사용되는 바와 같이, 용어 "유전 요소"는 일반적으로 큐론 내의 핵산 서열을 지칭한다. 유전 요소가 네이키드(naked) DNA로서 생성되고, 선택적으로 추가로 단백질성 외부 내로 어셈블될 수 있는 것이 이해된다. 또한, 큐론은 그의 유전 요소를 세포 내로 삽입하여, 유전 요소가 세포 내에 존재하게 하고, 단백질성 외부가 반

드시 세포에 유입되는 것은 아니라는 점이 이해된다.

[0311] 본원에 사용되는 바와 같이, "실질적으로 비-병원성인" 유기체, 입자 또는 성분은 예를 들어, 숙주 유기체, 예를 들어, 포유동물, 예를 들어, 인간에서 검출 가능한 질병 또는 병원성 질환을 야기하거나 유도하지 않는 유기체, 입자(예를 들어, 본원에 기재된 바와 같은, 예를 들어, 바이러스 또는 큐론) 또는 그의 성분을 지칭한다. 일부 실시형태에서, 대상체로의 큐론의 투여는 치료 기준의 일부로서 허용되는 부차 반응 또는 부작용을 초래할 수 있다.

[0312] 본원에 사용되는 바와 같이, 용어 "비-병원성"은 숙주 유기체, 예를 들어, 포유동물, 예를 들어, 인간에서 검출 가능한 질병 또는 병원성 질환을 야기하거나 유도하지 않는 유기체 또는 그의 성분을 지칭한다.

[0313] 본원에 사용되는 바와 같이, "실질적으로 비-통합성인" 유전 요소는 숙주 세포(예를 들어, 진핵 세포) 또는 유기체(예를 들어, 포유동물, 예를 들어, 인간) 내로 유입되는 유전 요소 중 약 0.01%, 0.05%, 0.1%, 0.5% 또는 1% 미만이 게놈 내로 통합되는 유전 요소, 예를 들어, 본원에 기재된 바와 같은, 예를 들어, 바이러스 또는 큐론 내의 유전 요소를 지칭한다. 일부 실시형태에서, 유전 요소는 예를 들어, 숙주 세포의 게놈 내로 검출 가능하게 통합되지 않는다. 일부 실시형태에서, 게놈 내로의 유전 요소의 통합은 본원에 기재된 바와 같은 기법, 예를 들어, 핵산 서열결정, PCR 검출 및/또는 핵산 혼성화를 사용하여 검출될 수 있다.

[0314] 본원에 사용되는 바와 같이, "실질적으로 비-면역원성인" 유기체, 입자 또는 성분은 예를 들어, 숙주 조직 또는 유기체(예를 들어, 포유동물, 예를 들어, 인간)에서 요망되지 않는 또는 비표적화된 면역 반응을 야기하거나 유도하지 않는 유기체, 입자(예를 들어, 본원에 기재된 바와 같은, 예를 들어, 바이러스 또는 큐론) 또는 그의 성분을 지칭한다. 실시형태들에서, 실질적으로 비-면역원성인 유기체, 입자 또는 성분은 검출 가능한 면역 반응을 생성하지 않는다. 실시형태들에서, 실질적으로 비-면역원성인 큐론은 표 1 내지 14 중 어느 하나에 나타낸 아미노산 서열을 포함하거나, 핵산 서열에 의해 인코딩되는 단백질에 대하여 검출 가능한 면역 반응을 생성하지 않는다. 실시형태들에서, 면역 반응(예를 들어, 요망되지 않는 또는 비표적화된 면역 반응)은 예를 들어, 문헌[Tsuda et al., 1999; *J. Virol. Methods* 77: 199-206](본원에 참조로 포함됨)에 기재된 항-TTV 항체 검출 방법 및/또는 문헌[Kakkola et al., 2008; *Virology* 382: 182-189](본원에 참조로 포함됨)에 기재된 항-TTV IgG 수준의 결정 방법에 따라 대상체에서 항체 존재 또는 수준(예를 들어, 항-큐론 항체의 존재 또는 수준, 예를 들어, 본원에 기재된 바와 같은 합성 큐론에 대한 항체의 존재 또는 수준)을 검정함으로써 검출된다. 아넬로바이러스 또는 그에 기초한 큐론에 대한 항체는 또한 항-바이러스 항체를 검출하기 위한 해당 분야의 방법, 예를 들어, 문헌[Calcedo et al., 2013; *Front. Immunol.* 4(341): 1-7](본원에 참조로 포함됨)에 기재된 바와 같은 예를 들어, 항-AAV 항체의 검출 방법에 의해 검출될 수 있다.

[0315] 본원에 사용되는 바와 같이, 용어 "단백질성 외부"는 주로 단백질인 외부 성분을 지칭한다.

[0316] 본원에 사용되는 바와 같이, 용어 "조절 핵산"은 발현 생성물을 인코딩하는 DNA 서열의 발현, 예를 들어, 전사 및/또는 번역을 변경시키는 핵산 서열을 지칭한다. 실시형태들에서, 발현 생성물은 RNA 또는 단백질을 포함한다.

[0317] 본원에 사용되는 바와 같이, 용어 "조절 서열"은 표적 유전자 생성물의 전사를 변경시키는 핵산 서열을 지칭한다. 일부 실시형태에서, 조절 서열은 프로모터 또는 인핸서이다.

[0318] 본원에 사용되는 바와 같이, 용어 "복제 단백질"은 감염, 바이러스 게놈 복제/발현, 바이러스 단백질 합성 및/또는 바이러스 성분의 어셈블리 동안 사용되는 단백질, 예를 들어, 바이러스 단백질을 지칭한다.

[0319] 본원에 사용되는 바와 같이, "치료", "치료하는" 및 그의 동족어는 질병, 병리학적 질환 또는 장애를 개선하거나, 개량하거나, 안정화시키거나, 예방하거나 치유하기 위한 의도를 갖는 대상체의 의학적 관리를 지칭한다. 이러한 용어는 적극 치료(질병, 병리학적 질환 또는 장애를 개선하고자 하는 치료), 원인 치료(관련 질병, 병리학적 질환 또는 장애의 원인을 향한 치료), 완화 치료(증상의 경감을 위해 설계된 치료), 예방적 치료(관련 질병, 병리학적 질환 또는 장애의 예방, 최소화, 또는 이의 발생을 부분적으로 또는 완전히 억제하고자 하는 치료); 및 보완 치료(또 다른 치료법을 보완하기 위해 사용되는 치료)를 포함한다.

[0320] 본원에 사용되는 바와 같이, 용어 "바이러스체"는 특정 환경, 예를 들어, 신체의 부분 내의, 예를 들어, 유기체 내의, 예를 들어, 세포 내의, 예를 들어, 조직 내의 바이러스를 지칭한다.

[0321] 본 발명은 일반적으로 큐론, 예를 들어, 합성 큐론 및 그의 용도에 관한 것이다. 본 개시내용은 합성 큐론, 합성 큐론을 포함하는 조성물, 및 합성 큐론의 제조 또는 이용 방법을 제공한다. 합성 큐론은 일반적으로 예를 들

어, 치료제를 진핵 세포로 운반하기 위한 운반 비히클로서 유용하다. 일반적으로, 합성 큐론은 단백질성 외부 내에 봉입된 (예를 들어, 외인성 이펙터를 인코딩하는) 외인성 핵산 서열을 포함하는 유전 요소를 포함할 것이다. 합성 큐론은 예를 들어, 세포를 포함하는 대상체에서 질병 또는 장애를 치료하기 위하여, 유전 요소 또는 거기에 인코딩된 이펙터(예를 들어, 본원에 기재된 바와 같은, 예를 들어, 폴리펩티드 또는 핵산 이펙터)를 진핵 세포 내로 운반하기 위한 실질적으로 비-면역원성인 비히클로서 사용될 수 있다.

[0322] **큐론**

[0323] 일부 양태에서, 본원에 기재된 발명은 조성물 및 합성 큐론의 이용 및 제조 방법을 포함한다. 일부 실시형태에서, 큐론은 유전 요소의 나머지에 비하여 적어도 하나의 외인성 요소를 포함하는 유전 요소(예를 들어, 환형 DNA, 예를 들어, 단일 가닥 DNA) 및/또는 단백질성 외부(예를 들어, 본원에 기재된 바와 같은, 예를 들어, 이펙터를 인코딩하는 외인성 요소)를 포함한다. 큐론은 숙주, 예를 들어, 인간 내로의 페이로드에 대한 운반 비히클(예를 들어, 실질적으로 비-병원성인 운반 비히클)일 수 있다. 일부 실시형태에서, 큐론은 진핵 세포, 예를 들어, 포유동물 세포, 예를 들어, 인간 세포에서 복제 가능하다. 일부 실시형태에서, 큐론은 포유동물(예를 들어, 인간) 세포에서 실질적으로 비-병원성이고/이거나 실질적으로 비-통합성이다. 일부 실시형태에서, 큐론은 포유동물, 예를 들어, 인간에서 실질적으로 비-면역원성이다. 일부 실시형태에서, 큐론은 아넬로바이러스(예를 들어, 기재된 바와 같은 아넬로바이러스, 예를 들어, 표 1 내지 14 중 어느 하나에 나타낸 바와 같은 서열을 포함하는 핵산 또는 폴리펩티드를 포함하는 아넬로바이러스) 또는 다른 실질적으로 비-병원성인 바이러스, 예를 들어, 상리공생 바이러스(symbiotic virus), 편리공생 바이러스(commensal virus), 고유 바이러스에 기초한 서열, 구조 및/또는 기능을 갖는다. 일반적으로, 아넬로바이러스-기반의 큐론은 아넬로바이러스에 대하여 외인성인 적어도 하나의 요소, 예를 들어, 외인성 이펙터 또는 큐론의 유전 요소 내에 배치된 외인성 이펙터를 인코딩하는 핵산 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, 큐론은 복제-결함이다. 일부 실시형태에서, 큐론은 복제-적격이다.

[0324] 일 양태에서, 본 발명은 (i) 프로모터 요소, 외인성 이펙터(예를 들어, 페이로드)를 인코딩하는 서열 및 단백질 결합 서열(예를 들어, 외부 단백질 결합 서열, 예를 들어, 패키징 신호)을 포함하는 유전 요소로서, 유전 요소가 단일-가닥 DNA이며, 하기의 특성 중 하나 또는 둘 모두를 갖는 유전 요소: 환형이고/환형이거나 세포에 유입되는 유전 요소의 약 0.001%, 0.005%, 0.01%, 0.05%, 0.1%, 0.5%, 1%, 1.5% 또는 2% 미만의 빈도로 진핵 세포의 게놈 내로 통합됨; 및 (ii) 단백질성 외부를 포함하는 합성 큐론을 포함하며; 유전 요소는 단백질성 외부 내에 봉입되며; 합성 큐론은 유전 요소를 진핵 세포 내로 운반할 수 있다.

[0325] 본원에 기재된 합성 큐론의 일부 실시형태에서, 유전 요소는 세포에 유입되는 유전 요소의 약 0.001%, 0.005%, 0.01%, 0.05%, 0.1%, 0.5%, 1%, 1.5% 또는 2% 미만의 빈도로 통합된다. 일부 실시형태에서, 대상체에 투여되는 복수의 합성 큐론으로부터 약 0.01%, 0.05%, 0.1%, 0.5%, 1%, 2%, 3%, 4% 또는 5% 미만의 유전 요소는 대상체 내의 하나 이상의 숙주 세포의 게놈 내로 통합될 것이다. 일부 실시형태에서, 예를 들어, 본원에 기재된 바와 같은 합성 큐론의 집단의 유전 요소는 유사한 AAV 바이러스의 집단의 것보다 더 낮은 빈도로, 예를 들어, 유사한 AAV 바이러스의 집단보다 약 50%, 60%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 100% 이상 더 낮은 빈도로 숙주 세포의 게놈 내로 통합된다.

[0326] 일 양태에서, 본 발명은 (i) 프로모터 요소 및 외인성 이펙터(예를 들어, 페이로드)를 인코딩하는 서열, 및 단백질 결합 서열(예를 들어, 외부 단백질 결합 서열)을 포함하는 유전 요소로서, 유전 요소가 야생형 아넬로바이러스 서열(예를 들어, 야생형 토르크 테노 바이러스(TTV), 토르크 테노 미니 바이러스(TTMV) 또는 TTMDV 서열, 예를 들어, 표 1, 3, 5, 7, 9, 11 또는 13 중 임의의 것에 열거된 바와 같은 야생형 아넬로바이러스 서열)에 대하여 적어도 75%(예를 들어, 적어도 75, 76, 77, 78, 79, 80, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99 또는 100%) 서열 동일성을 갖는 유전 요소; 및 (ii) 단백질성 외부를 포함하는 합성 큐론을 포함하며; 유전 요소는 단백질성 외부 내에 봉입되며; 합성 큐론은 유전 요소를 진핵 세포 내로 운반할 수 있다.

[0327] 일 양태에서, 본 발명은

[0328] a) (i) 비-병원성 외부 단백질을 인코딩하는 서열, (ii) 유전 요소를 비-병원성 외부 단백질에 결합시키는 외부 단백질 결합 서열, 및 (iii) 조절 핵산을 인코딩하는 서열을 포함하는 유전 요소; 및

[0329] b) 유전 요소와 회합된, 예를 들어, 이를 둘러싸거나 봉입하는 단백질성 외부를 포함하는 합성 큐론을 포함한다.

[0330] 일부 실시형태에서, 큐론은 비-외피, 환형, 단일-가닥 DNA 바이러스로부터의(또는 이와 70% 초과, 75%, 80%,

85%, 90%, 95%, 97%, 98%, 99%, 100%의 상동성을 갖는) 서열 또는 발현 생성물을 포함한다. 동물 환형 단일-가닥 DNA 바이러스는 일반적으로 진핵 비-식물 숙주를 감염시키고, 환형 게놈을 갖는 단일 가닥 DNA(ssDNA) 바이러스의 하위군을 지칭한다. 따라서, 동물 환형 ssDNA 바이러스는 원핵생물을 감염시키는 ssDNA 바이러스(즉, 마이크로바이러스과 및 이노바이러스과) 및 식물을 감염시키는 ssDNA 바이러스(즉, 제미니바이러스과 및 나노바이러스과)와 구별 가능하다. 그들은 또한 비-식물 진핵생물을 감염시키는 선형 ssDNA 바이러스(즉, 파보바이러스과)와 구별 가능하다.

[0331] 일부 실시형태에서, 큐론은 숙주 세포 기능을 예를 들어, 일시적으로 또는 장기간 조절한다. 특정 실시형태에서, 세포 기능은 안정하게 변경되며, 예컨대 조절은 적어도 약 1시간 내지 약 30일, 또는 적어도 약 2시간, 6시간, 12시간, 18시간, 24시간, 2일, 3일, 4일, 5일, 6일, 7일, 8일, 9일, 10일, 11일, 12일, 13일, 14일, 15일, 16일, 17일, 18일, 19일, 20일, 21일, 22일, 23일, 24일, 25일, 26일, 27일, 28일, 29일, 30일, 60일 이상 또는 그 사이의 임의의 시간 동안 지속된다.

[0332] 특정 실시형태에서, 세포 기능은 일시적으로 변경되며, 예를 들어, 예컨대 조절은 약 30분 이하 내지 약 7일 또는 약 1시간 이하, 2시간, 3시간, 4시간, 5시간, 6시간, 7시간, 8시간, 9시간, 10시간, 11시간, 12시간, 13시간, 14시간, 15시간, 16시간, 17시간, 18시간, 19시간, 20시간, 21시간, 22시간, 24시간, 36시간, 48시간, 60시간, 72시간, 4일, 5일, 6일, 7일 또는 그 사이의 임의의 시간 동안 지속된다.

[0333] 일부 실시형태에서, 유전 요소는 프로모터 요소를 포함한다. 실시형태들에서, 프로모터 요소는 RNA 중합효소 II-의존성 프로모터, RNA 중합효소 III-의존성 프로모터, PGK 프로모터, CMV 프로모터, EF-1α 프로모터, SV40 프로모터, CAGG 프로모터 또는 UBC 프로모터, TTV 바이러스 프로모터, 조직 특이적, U6(pollIII), 활성화 단백질(TetR-VP16, Gal4-VP16, dCas9-VP16 등)에 대한 상류 DNA 결합 부위가 있는 최소 CMV 프로모터로부터 선택된다. 실시형태들에서, 프로모터 요소는 TATA 박스를 포함한다. 실시형태들에서, 프로모터 요소는 예를 들어, 본원에 기재된 바와 같은 야생형 아넬로바이러스에 대하여 내인성이다.

[0334] 일부 실시형태에서, 유전 요소는 하기의 특징 중 하나 이상을 포함한다: 단일-가닥, 환형, 음성 가닥 및/또는 DNA. 실시형태들에서, 유전 요소는 에피솜을 포함한다. 일부 실시형태에서, 이펙터를 배제한 유전 요소의 부분은 약 2.5 내지 5 kb(예를 들어, 약 2.8 내지 4kb, 약 2.8 내지 3.2kb, 약 3.6 내지 3.9kb 또는 약 2.8 내지 2.9kb), 약 5kb 미만(예를 들어, 약 2.9kb, 3.2 kb, 3.6kb, 3.9kb 또는 4kb 미만) 또는 적어도 100개의 뉴클레오티드(예를 들어, 적어도 1kb)의 조합된 크기를 갖는다.

[0335] 본원에 기재된 바와 같은 큐론, 큐론을 포함하는 조성물, 이러한 큐론의 사용 방법 등은 일부 예에서 부분적으로, 상이한 이펙터, 예를 들어, (예를 들어, IFN 또는 miR-625에 대한) miRNA, shRNA 등 및 단백질 결합 서열, 예를 들어, 캡시드 단백질, 예컨대 Q99153에 결합하는 DNA 서열을 단백질성 외부, 예를 들어, 문헌[Arch Virol (2007) 152: 1961-1975]에 개시된 캡시드와 조합하여, 이어서 외인성 이펙터를 세포(예를 들어, 동물 세포, 예를 들어, 인간 세포 또는 비-인간 동물 세포, 예컨대 돼지 또는 마우스 세포)로 운반하는데 사용될 수 있는 큐론을 생성하는 방법을 예시하는 실시예에 기초한다. 실시형태들에서, 외인성 이펙터는 인터페론과 같은 인자의 발현을 침묵화시킬 수 있다. 실시예에는 외인성 이펙터를 예를 들어, 아넬로바이러스로부터 유래된 서열 내로 삽입함으로써 큐론이 제조될 수 있는 방법이 추가로 기재된다. 이들 실시예에 기초하여 이하의 설명은 실시예에서 고려되는 특정 발견 및 조합의 다양한 변형을 고려한다. 예를 들어, 당업자는 특정 miRNA가 단지 외인성 이펙터의 예로서 사용되며, 다른 외인성 이펙터가 예를 들어, 다른 조절 핵산 또는 치료적 펩티드일 수 있음을 실시예로부터 이해할 것이다. 유사하게, 실시예에 사용되는 특정 캡시드는 하기 기재되는 실질적으로 비-병원성인 단백질에 의해 대체될 수 있다. 실시예에 기재된 특정 아넬로바이러스 서열은 또한 하기 기재되는 아넬로바이러스 서열에 의해 대체될 수 있다. 이들 고려사항은 단백질 결합 서열, 조절 서열, 예컨대 프로모터 등에 유사하게 적용된다. 그와 독립적으로, 당업자는 특히 실시예와 밀접하게 관련이 있는 실시형태를 고려할 것이다.

[0336] 일부 실시형태에서, 큐론 또는 큐론에 포함되는 유전 요소는 세포(예를 들어, 인간 세포) 내로 도입된다. 일부 실시형태에서, 예를 들어, 실시예 19에 기재된 바와 같이, 예를 들어, 일단 큐론 또는 유전 요소가 세포 내로 도입되면, 예를 들어, 큐론의 유전 요소에 의해 인코딩되는 외인성 이펙터(예를 들어, RNA, 예를 들어, miRNA)는 세포(예를 들어, 인간 세포)에서 발현된다. 실시형태들에서, 세포 내로의 큐론 또는 거기에 포함된 유전 요소의 도입은 예를 들어, (예를 들어, 실시예 22에 기재된 바와 같이) 세포에 의한 표적 분자의 발현 수준을 변경시킴으로써 세포에서 표적 분자(예를 들어, 표적 핵산, 예를 들어, RNA 또는 표적 폴리펩티드)의 수준을 조절한다(예를 들어, 증가시키거나 감소시킨다). 실시형태들에서, 큐론 또는 거기에 포함된 유전 요소의 도입은 예를 들어, 실시예 3 및 4에 기재된 바와 같이, 세포에 의해 생성되는 인터페론의 수준을 감소시킨다. 실시형태들

에서, 세포 내로의 큐론 또는 거기에 포함된 유전 요소의 도입은 세포의 기능을 조절한다(예를 들어, 증가시키거나 감소시킨다). 실시형태들에서, 세포 내로의 큐론 또는 거기에 포함된 유전 요소의 도입은 세포의 생존력을 조절한다(예를 들어, 증가시키거나 감소시킨다). 실시형태들에서, 세포 내로의 큐론 또는 거기에 포함된 유전 요소의 도입은 예를 들어, 실시예 22에 기재된 바와 같이, 세포(예를 들어, 암 세포)의 생존력을 감소시킨다.

[0337] 일부 실시형태에서, 본원에 기재된 큐론(예를 들어, 합성 큐론)은 70% 미만의 항체 출현율(예를 들어, 약 60%, 50%, 40%, 30%, 20% 또는 10% 미만의 항체 출현율)을 유도한다. 실시형태들에서, 항체 출현율은 해당 분야에 공지된 방법에 따라 결정된다. 실시형태들에서, 항체 출현율은 예를 들어, 문헌[Tsuda et al., 1999; *J. Virol. Methods* 77: 199-206](본원에 참조로 포함됨)에 기재된 항-TTV 항체 검출 방법 및/또는 문헌[Kakkola et al., 2008; *Virology* 382: 182-189](본원에 참조로 포함됨)에 기재된 항-TTV IgG 혈청학적 출현율의 결정 방법에 따라 생물학적 시료에서 아넬로바이러스(예를 들어, 본원에 기재된 바와 같음) 또는 그에 기초한 큐론에 대한 항체를 검출함으로써 결정된다. 아넬로바이러스 또는 그에 기초한 큐론에 대한 항체는 또한 항-바이러스 항체를 검출하기 위한 해당 분야의 방법, 예를 들어, 문헌[Calcedo et al., 2013; *Front. Immunol.* 4(341): 1-7](본원에 참조로 포함됨)에 기재된 바와 같은, 예를 들어, 항-AAV 항체의 검출 방법에 의해 검출될 수 있다.

[0338] *아넬로바이러스*

[0339] 일부 실시형태에서, 예를 들어, 본원에 기재된 바와 같은 합성 큐론은 아넬로바이러스로부터 유래된 서열 또는 발현 생성물을 포함한다. 일반적으로, 합성 큐론은 아넬로바이러스에 비하여 외인성인 하나 이상의 서열 또는 발현 생성물을 포함한다. 아넬로바이러스 속은 한때 써코바이러스과 내의 하나의 클레이드로서 분류되었으며, 더욱 최근에는 개별 과로서 분류된 바 있다. 아넬로바이러스는 일반적으로 음의 극성을 갖는 단일-가닥 환형 DNA 게놈을 갖는다. 아넬로바이러스는 임의의 인간 질병과 연관된 바 없다. 그러나, 아넬로바이러스 감염을 인간 질병과 연관시키려는 시도는 대조군 코호트 집단(들)에서의 무증상 아넬로바이러스 바이러스혈증의 높은 유병률, 아넬로바이러스 과 내의 현저한 게놈 다양성, 종래에 시험관 내에서 작용제를 전파할 수 없음, 아넬로바이러스 질병의 동물 모델(들)의 결여에 의해 혼동되었다(문헌[Yzebe et al., Panminerva Med. (2002) 44:167-177]; 문헌[Biagini, P., Vet. Microbiol. (2004) 98:95-101]).

[0340] 아넬로바이러스는 구비강 또는 배변-구강 감염, 모에서 유아로의 전염 및/또는 자궁 내의 전염에 의해 전염되는 것으로 보인다(문헌[Gerner et al., Ped. Infect. Dis. J. (2000) 19:1074-1077]). 감염된 사람은 장기의(수개월 내지 수년) 아넬로바이러스 바이러스혈증이라는 특징이 나타난다. 인간은 한가지 초과의 유전자군 또는 바이러스주로 동시-감염될 수 있다(문헌[Saback, et al., Scad. J. Infect. Dis. (2001) 33:121-125]). 이들 유전자군이 감염된 인간 내에서 재조합될 수 있다는 제안이 존재한다(문헌[Rey et al., Infect. (2003) 31:226-233]). 이중 가닥 아이소폼(복제성) 중간체는 몇몇의 조직, 예컨대 간, 말초 혈액 단핵 세포 및 골수에서 관찰된 바 있다(문헌[Kikuchi et al., J. Med. Virol. (2000) 61:165-170]; 문헌[Okamoto et al., Biochem. Biophys. Res. Commun. (2002) 270:657-662]; 문헌[Rodriguez-Inigo et al., Am. J. Pathol. (2000) 156:1227-1234]).

[0341] 일부 실시형태에서, 본원에 기재된 바와 같은 큐론은 예를 들어, 본원에 기재된 바와 같은 아넬로바이러스 서열 또는 그의 단편에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 서열을 포함하는 하나 이상의 핵산 분자(예를 들어, 본원에 기재된 바와 같은 유전 요소)를 포함한다. 실시형태들에서, 아넬로바이러스 서열은 표 1, 3, 5, 7, 9, 11 또는 13 중 어느 하나에 나타낸 바와 같은 서열로부터 선택된다. 일부 실시형태에서, 본원에 기재된 바와 같은 큐론은 본원에 기재된 아넬로바이러스(예를 들어, 표 1 내지 16 또는 19 중 어느 하나에 주석이 달리거나, 그에 열거된 서열에 의해 인코딩되는 바와 같은 아넬로바이러스 서열) 중 어느 하나의 TATA 박스, 캡 부위, 전사 시작 부위, 5' UTR 보존된 도메인, ORF1, ORF1/1, ORF1/2, ORF2, ORF2/2, ORF2/3, ORF2t/3, 3개의 오픈-리딩 프레임 영역, 폴리(A) 신호, GC-풍부 영역 또는 그의 임의의 조합에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 서열을 포함하는 하나 이상의 핵산 분자(예를 들어, 본원에 기재된 바와 같은 유전 요소)를 포함한다. 일부 실시형태에서, 핵산 분자는 캡시드 단백질을 인코딩하는 서열, 예를 들어, 본원에 기재된 아넬로바이러스(예를 들어, 표 1 내지 16 또는 19 중 어느 하나에 주석이 달리거나, 그에 열거된 서열에 의해 인코딩되는 바와 같은 아넬로바이러스 서열) 중 어느 하나의 ORF1, ORF1/1, ORF1/2, ORF2, ORF2/2, ORF2/3, ORF2t/3 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 아넬로바이러스 ORF1 또는 ORF2 단백질(예를 들어, 표 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14 또는 16 중 어느 하나에 나타낸 바와 같은 ORF1 또는 ORF2 아미노산 서열, 또는 표 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15 또는 19 중 어느 하나에 나타낸 바와 같은 핵산 서열에 의해 인코딩되는 ORF1 또는 ORF2 아미노산 서열)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열

동일성을 갖는 아미노산 서열을 포함하는 캡시드 단백질을 인코딩하는 서열을 포함한다.

[0342] 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 1의 아넬로바이러스 ORF1 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 1의 핵산 서열의 뉴클레오티드 571 내지 2613)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 1의 아넬로바이러스 ORF1/1 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 1의 핵산 서열의 뉴클레오티드 571 내지 587 및/또는 2137 내지 2613)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 1의 아넬로바이러스 ORF1/2 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 1의 핵산 서열의 뉴클레오티드 571 내지 687 및/또는 2339 내지 2659)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 1의 아넬로바이러스 ORF2 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 1의 핵산 서열의 뉴클레오티드 299 내지 691)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 1의 아넬로바이러스 ORF2/2 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 1의 핵산 서열의 뉴클레오티드 299 내지 687 및/또는 2137 내지 2659)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 1의 아넬로바이러스 ORF2/3 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 1의 핵산 서열의 뉴클레오티드 299 내지 687 및/또는 2339 내지 2831)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 1의 아넬로바이러스 ORF2t/3 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 1의 핵산 서열의 뉴클레오티드 299 내지 348 및/또는 2339 내지 2831)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 1의 아넬로바이러스 TATA 박스 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 1의 핵산 서열의 뉴클레오티드 84 내지 90)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 1의 아넬로바이러스 캡 부위 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 1의 핵산 서열의 뉴클레오티드 107 내지 114)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 1의 아넬로바이러스 전사 시작 부위 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 1의 핵산 서열의 뉴클레오티드 114)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 1의 아넬로바이러스 5' UTR 보존된 도메인 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 1의 핵산 서열의 뉴클레오티드 177 내지 247)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 1의 아넬로바이러스 3개의 오픈-리딩 프레임 영역 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 1의 핵산 서열의 뉴클레오티드 2325 내지 2610)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 1의 아넬로바이러스 폴리(A) 신호 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 1의 핵산 서열의 뉴클레오티드 2813 내지 2818)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 1의 아넬로바이러스 GC-풍부 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 1의 핵산 서열의 뉴클레오티드 3415 내지 3570)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다.

[0343] 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 3의 아넬로바이러스 ORF1 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 3의 핵산 서열의 뉴클레오티드 599 내지 2839)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 3의 아넬로바이러스 ORF1/1 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 3의 핵산 서열의 뉴클레오티드 599 내지 727 및/또는 2381 내지 2839)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 3의 아넬로바이러스 ORF1/2 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 3의 핵산 서열의 뉴클레오티드 599 내지 727 및/또는 2619 내지 2813)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 3의 아넬로바이러스 ORF2 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 3의 핵산 서열의 뉴클레오티드 357 내지 731)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 3의 아넬로바이러스 ORF2/2 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 3의 핵산 서열의 뉴클레오티드 357 내지 727 및/또는 2381 내지 2813)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에

서, 핵산 분자는 표 3의 아넬로바이러스 ORF2/3 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 3의 핵산 서열의 뉴클레오티드 357 내지 727 및/또는 2619 내지 3021)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 3의 아넬로바이러스 ORF2t/3 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 3의 핵산 서열의 뉴클레오티드 357 내지 406 및/또는 2619 내지 3021)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 3의 아넬로바이러스 TATA 박스 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 3의 핵산 서열의 뉴클레오티드 89 내지 90)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 3의 아넬로바이러스 캡 부위 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 3의 핵산 서열의 뉴클레오티드 107 내지 114)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 3의 아넬로바이러스 전사 시작 부위 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 3의 핵산 서열의 뉴클레오티드 114)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 3의 아넬로바이러스 5' UTR 보존된 도메인 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 3의 핵산 서열의 뉴클레오티드 174 내지 244)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 3의 아넬로바이러스 3개의 오픈-리딩 프레임 영역 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 3의 핵산 서열의 뉴클레오티드 2596 내지 2810)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 3의 아넬로바이러스 폴리(A) 신호 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 3의 핵산 서열의 뉴클레오티드 3017 내지 3022)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 3의 아넬로바이러스 GC-풍부 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 3의 핵산 서열의 뉴클레오티드 3691 내지 3794)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다.

[0344] 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 5의 아넬로바이러스 ORF1 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 5의 핵산 서열의 뉴클레오티드 599 내지 2830)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 5의 아넬로바이러스 ORF1/1 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 5의 핵산 서열의 뉴클레오티드 599 내지 715 및/또는 2363 내지 2830)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 5의 아넬로바이러스 ORF1/2 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 5의 핵산 서열의 뉴클레오티드 599 내지 715 및/또는 2565 내지 2789)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 5의 아넬로바이러스 ORF2 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 5의 핵산 서열의 뉴클레오티드 336 내지 719)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 5의 아넬로바이러스 ORF2/2 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 5의 핵산 서열의 뉴클레오티드 336 내지 715 및/또는 2363 내지 2789)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 5의 아넬로바이러스 ORF2/3 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 5의 핵산 서열의 뉴클레오티드 336 내지 715 및/또는 2565 내지 3015)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 5의 아넬로바이러스 ORF2t/3 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 5의 핵산 서열의 뉴클레오티드 336 내지 388 및/또는 2565 내지 3015)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 5의 아넬로바이러스 TATA 박스 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 5의 핵산 서열의 뉴클레오티드 83 내지 88)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 5의 아넬로바이러스 캡 부위 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 5의 핵산 서열의 뉴클레오티드 104 내지 111)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 5의 아넬로바이러스 전사 시작 부위 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 5의 핵산 서열의 뉴클레오티드 111)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 5의 아넬로바이러스 5' UTR 보존된 도메인 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 5의 핵산 서열의 뉴클레오티드 170 내지 240)에 대하여 적

어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 5의 아넬로바이러스 3개의 오픈-리딩 프레임 영역 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 5의 핵산 서열의 뉴클레오티드 2551 내지 2786)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 5의 아넬로바이러스 폴리(A) 신호 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 5의 핵산 서열의 뉴클레오티드 3011 내지 3016)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 5의 아넬로바이러스 GC-풍부 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 5의 핵산 서열의 뉴클레오티드 3632 내지 3753)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다.

[0345] 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 7의 아넬로바이러스 ORF1 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 7의 핵산 서열의 뉴클레오티드 590 내지 2899)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 7의 아넬로바이러스 ORF1/1 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 7의 핵산 서열의 뉴클레오티드 590 내지 712 및/또는 2372 내지 2899)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 7의 아넬로바이러스 ORF1/2 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 7의 핵산 서열의 뉴클레오티드 590 내지 712 및/또는 2565 내지 2873)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 7의 아넬로바이러스 ORF2 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 7의 핵산 서열의 뉴클레오티드 354 내지 716)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 7의 아넬로바이러스 ORF2/2 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 7의 핵산 서열의 뉴클레오티드 354 내지 712 및/또는 2372 내지 2873)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 7의 아넬로바이러스 ORF2/3 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 7의 핵산 서열의 뉴클레오티드 354 내지 712 및/또는 2565 내지 3075)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 7의 아넬로바이러스 ORF2t/3 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 7의 핵산 서열의 뉴클레오티드 354 내지 400 및/또는 2565 내지 3075)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 7의 아넬로바이러스 TATA 박스 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 7의 핵산 서열의 뉴클레오티드 86 내지 90)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 7의 아넬로바이러스 캡 부위 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 7의 핵산 서열의 뉴클레오티드 107 내지 114)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 7의 아넬로바이러스 전사 시작 부위 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 7의 핵산 서열의 뉴클레오티드 114)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 7의 아넬로바이러스 5' UTR 보존된 도메인 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 7의 핵산 서열의 뉴클레오티드 174 내지 244)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 7의 아넬로바이러스 3개의 오픈-리딩 프레임 영역 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 7의 핵산 서열의 뉴클레오티드 2551 내지 2870)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 7의 아넬로바이러스 폴리(A) 신호 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 7의 핵산 서열의 뉴클레오티드 3071 내지 3076)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 7의 아넬로바이러스 GC-풍부 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 7의 핵산 서열의 뉴클레오티드 3733 내지 3853)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다.

[0346] 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 9의 아넬로바이러스 ORF1 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 9의 핵산 서열의 뉴클레오티드 577 내지 2787)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 9의 아넬로바이러스 ORF1/1 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 9의 핵산 서열의 뉴클레오티드 577 내지 699 및/또는 2311 내지 2787)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을

포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 9의 아넬로바이러스 ORF1/2 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 9의 핵산 서열의 뉴클레오티드 577 내지 699 및/또는 2504 내지 2806)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 9의 아넬로바이러스 ORF2 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 9의 핵산 서열의 뉴클레오티드 341 내지 703)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 9의 아넬로바이러스 ORF2/2 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 9의 핵산 서열의 뉴클레오티드 341 내지 699 및/또는 2311 내지 2806)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 9의 아넬로바이러스 ORF2/3 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 9의 핵산 서열의 뉴클레오티드 341 내지 699 및/또는 2504 내지 2978)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 9의 아넬로바이러스 ORF2t/3 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 9의 핵산 서열의 뉴클레오티드 341 내지 387 및/또는 2504 내지 2978)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 9의 아넬로바이러스 TATA 박스 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 9의 핵산 서열의 뉴클레오티드 83 내지 87)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 9의 아넬로바이러스 캡 부위 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 9의 핵산 서열의 뉴클레오티드 104 내지 111)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 9의 아넬로바이러스 전사 시작 부위 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 9의 핵산 서열의 뉴클레오티드 111)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 9의 아넬로바이러스 5' UTR 보존된 도메인 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 9의 핵산 서열의 뉴클레오티드 171 내지 241)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 9의 아넬로바이러스 3개의 오픈-리딩 프레임 영역 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 9의 핵산 서열의 뉴클레오티드 2463 내지 2784)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 9의 아넬로바이러스 폴리(A) 신호 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 9의 핵산 서열의 뉴클레오티드 2974 내지 2979)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 9의 아넬로바이러스 GC-풍부 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 9의 핵산 서열의 뉴클레오티드 3644 내지 3758)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다.

[0347] 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 11의 아넬로바이러스 ORF1 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 11의 핵산 서열의 뉴클레오티드 612 내지 2612)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 11의 아넬로바이러스 ORF1/1 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 11의 핵산 서열의 뉴클레오티드 612 내지 719 및/또는 2274 내지 2612)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 11의 아넬로바이러스 ORF1/2 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 11의 핵산 서열의 뉴클레오티드 612 내지 719 및/또는 2449 내지 2589)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 11의 아넬로바이러스 ORF2 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 11의 핵산 서열의 뉴클레오티드 424 내지 723)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 11의 아넬로바이러스 ORF2/2 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 11의 핵산 서열의 뉴클레오티드 424 내지 719 및/또는 2274 내지 2589)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 11의 아넬로바이러스 ORF2/3 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 11의 핵산 서열의 뉴클레오티드 424 내지 719 및/또는 2449 내지 2812)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 11의 아넬로바이러스 TATA 박스 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 11의 핵산 서열의 뉴클레오티드 237 내지 243)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 11의 아넬로바이러스 캡 부위 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표

11의 핵산 서열의 뉴클레오티드 260 내지 267)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 11의 아넬로바이러스 전사 시작 부위 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 11의 핵산 서열의 뉴클레오티드 267)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 11의 아넬로바이러스 5' UTR 보존된 도메인 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 11의 핵산 서열의 뉴클레오티드 323 내지 393)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 11의 아넬로바이러스 3개의 오픈-리딩 프레임 영역 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 11의 핵산 서열의 뉴클레오티드 2441 내지 2586)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 11의 아넬로바이러스 폴리(A) 신호 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 11의 핵산 서열의 뉴클레오티드 2808 내지 2813)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 11의 아넬로바이러스 GC-풍부 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 11의 핵산 서열의 뉴클레오티드 2868 내지 2929)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다.

[0348] 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 13의 아넬로바이러스 ORF1 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 13의 핵산 서열의 뉴클레오티드 432 내지 2453)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 13의 아넬로바이러스 ORF1/1 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 13의 핵산 서열의 뉴클레오티드 432 내지 584 및/또는 1977 내지 2453)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 13의 아넬로바이러스 ORF1/2 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 13의 핵산 서열의 뉴클레오티드 432 내지 584 및/또는 2197 내지 2388)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 13의 아넬로바이러스 ORF2 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 13의 핵산 서열의 뉴클레오티드 283 내지 588)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 13의 아넬로바이러스 ORF2/2 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 13의 핵산 서열의 뉴클레오티드 283 내지 584 및/또는 1977 내지 2388)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 13의 아넬로바이러스 ORF2/3 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 13의 핵산 서열의 뉴클레오티드 283 내지 584 및/또는 2197 내지 2614)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 13의 아넬로바이러스 TATA 박스 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 13의 핵산 서열의 뉴클레오티드 21 내지 25)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 13의 아넬로바이러스 캡 부위 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 13의 핵산 서열의 뉴클레오티드 42 내지 49)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 13의 아넬로바이러스 전사 시작 부위 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 13의 핵산 서열의 뉴클레오티드 49)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 13의 아넬로바이러스 5' UTR 보존된 도메인 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 13의 핵산 서열의 뉴클레오티드 117 내지 187)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 13의 아넬로바이러스 3개의 오픈-리딩 프레임 영역 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 13의 핵산 서열의 뉴클레오티드 2186 내지 2385)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 13의 아넬로바이러스 폴리(A) 신호 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 13의 핵산 서열의 뉴클레오티드 2676 내지 2681)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 13의 아넬로바이러스 GC-풍부 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 13의 핵산 서열의 뉴클레오티드 3054 내지 3172)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다.

[0349] 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 2의 아넬로바이러스 ORF1 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%,

85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 인코딩하는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 2의 아넬로바이러스 ORF1/1 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 인코딩하는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 2의 아넬로바이러스 ORF1/2 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 인코딩하는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 2의 아넬로바이러스 ORF2 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 인코딩하는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 2의 아넬로바이러스 ORF2/2 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 인코딩하는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 2의 아넬로바이러스 ORF2/3 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 인코딩하는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 2의 아넬로바이러스 ORF2t/3 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 인코딩하는 핵산 서열을 포함한다.

[0350] 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 4의 아넬로바이러스 ORF1 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 인코딩하는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 4의 아넬로바이러스 ORF1/1 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 인코딩하는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 4의 아넬로바이러스 ORF1/2 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 인코딩하는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 4의 아넬로바이러스 ORF2 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 인코딩하는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 4의 아넬로바이러스 ORF2/2 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 인코딩하는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 4의 아넬로바이러스 ORF2/3 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 인코딩하는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 4의 아넬로바이러스 ORF2t/3 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 인코딩하는 핵산 서열을 포함한다.

[0351] 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 6의 아넬로바이러스 ORF1 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 인코딩하는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 6의 아넬로바이러스 ORF1/1 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 인코딩하는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 6의 아넬로바이러스 ORF1/2 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 인코딩하는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 6의 아넬로바이러스 ORF2 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 인코딩하는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 6의 아넬로바이러스 ORF2/2 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 인코딩하는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 6의 아넬로바이러스 ORF2/3 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 인코딩하는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 6의 아넬로바이러스 ORF2t/3 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 인코딩하는 핵산 서열을 포함한다.

[0352] 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 8의 아넬로바이러스 ORF1 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 인코딩하는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 8의 아넬로바이러스 ORF1/1 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 인코딩하는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 8의 아넬로바이러스 ORF1/2 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 인

코딩하는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 8의 아넬로바이러스 ORF2 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 인코딩하는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 8의 아넬로바이러스 ORF2/2 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 인코딩하는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 8의 아넬로바이러스 ORF2/3 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 인코딩하는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 8의 아넬로바이러스 ORF2t/3 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 인코딩하는 핵산 서열을 포함한다.

[0353] 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 10의 아넬로바이러스 ORF1 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 인코딩하는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 10의 아넬로바이러스 ORF1/1 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 인코딩하는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 10의 아넬로바이러스 ORF1/2 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 인코딩하는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 10의 아넬로바이러스 ORF2 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 인코딩하는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 10의 아넬로바이러스 ORF2/2 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 인코딩하는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 10의 아넬로바이러스 ORF2/3 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 인코딩하는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 10의 아넬로바이러스 ORF2t/3 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 인코딩하는 핵산 서열을 포함한다.

[0354] 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 12의 아넬로바이러스 ORF1 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 인코딩하는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 12의 아넬로바이러스 ORF1/1 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 인코딩하는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 12의 아넬로바이러스 ORF1/2 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 인코딩하는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 12의 아넬로바이러스 ORF2 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 인코딩하는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 12의 아넬로바이러스 ORF2/2 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 인코딩하는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 12의 아넬로바이러스 ORF2/3 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 인코딩하는 핵산 서열을 포함한다.

[0355] 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 14의 아넬로바이러스 ORF1 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 인코딩하는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 14의 아넬로바이러스 ORF1/1 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 인코딩하는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 14의 아넬로바이러스 ORF1/2 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 인코딩하는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 14의 아넬로바이러스 ORF2 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 인코딩하는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 14의 아넬로바이러스 ORF2/2 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 인코딩하는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 핵산 분자는 표 14의 아넬로바이러스 ORF2/3 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또

는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 인코딩하는 핵산 서열을 포함한다.

[0356] 실시형태들에서, 본원에 기재된 큐론은 표 2의 아넬로바이러스 ORF1 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 갖는 단백질을 포함한다. 실시형태들에서, 본원에 기재된 큐론은 표 2의 아넬로바이러스 ORF1/1 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 갖는 단백질을 포함한다. 실시형태들에서, 본원에 기재된 큐론은 표 2의 아넬로바이러스 ORF1/2 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 갖는 단백질을 포함한다. 실시형태들에서, 본원에 기재된 큐론은 표 2의 아넬로바이러스 ORF2 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 갖는 단백질을 포함한다. 실시형태들에서, 본원에 기재된 큐론은 표 2의 아넬로바이러스 ORF2/2 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 갖는 단백질을 포함한다. 실시형태들에서, 본원에 기재된 큐론은 표 2의 아넬로바이러스 ORF2/3 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 갖는 단백질을 포함한다. 실시형태들에서, 본원에 기재된 큐론은 표 2의 아넬로바이러스 ORF2t/3 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 갖는 단백질을 포함한다.

[0357] 실시형태들에서, 본원에 기재된 큐론은 표 4의 아넬로바이러스 ORF1 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 갖는 단백질을 포함한다. 실시형태들에서, 본원에 기재된 큐론은 표 4의 아넬로바이러스 ORF1/1 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 갖는 단백질을 포함한다. 실시형태들에서, 본원에 기재된 큐론은 표 4의 아넬로바이러스 ORF1/2 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 갖는 단백질을 포함한다. 실시형태들에서, 본원에 기재된 큐론은 표 4의 아넬로바이러스 ORF2 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 갖는 단백질을 포함한다. 실시형태들에서, 본원에 기재된 큐론은 표 4의 아넬로바이러스 ORF2/2 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 갖는 단백질을 포함한다. 실시형태들에서, 본원에 기재된 큐론은 표 4의 아넬로바이러스 ORF2/3 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 갖는 단백질을 포함한다. 실시형태들에서, 본원에 기재된 큐론은 표 4의 아넬로바이러스 ORF2t/3 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 갖는 단백질을 포함한다.

[0358] 실시형태들에서, 본원에 기재된 큐론은 표 6의 아넬로바이러스 ORF1 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 갖는 단백질을 포함한다. 실시형태들에서, 본원에 기재된 큐론은 표 6의 아넬로바이러스 ORF1/1 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 갖는 단백질을 포함한다. 실시형태들에서, 본원에 기재된 큐론은 표 6의 아넬로바이러스 ORF1/2 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 갖는 단백질을 포함한다. 실시형태들에서, 본원에 기재된 큐론은 표 6의 아넬로바이러스 ORF2 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 갖는 단백질을 포함한다. 실시형태들에서, 본원에 기재된 큐론은 표 6의 아넬로바이러스 ORF2/2 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 갖는 단백질을 포함한다. 실시형태들에서, 본원에 기재된 큐론은 표 6의 아넬로바이러스 ORF2/3 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 갖는 단백질을 포함한다. 실시형태들에서, 본원에 기재된 큐론은 표 6의 아넬로바이러스 ORF2t/3 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 갖는 단백질을 포함한다.

[0359] 실시형태들에서, 본원에 기재된 큐론은 표 8의 아넬로바이러스 ORF1 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 갖는 단백질을 포함한다. 실시형태들에서, 본원에 기재된 큐론은 표 8의 아넬로바이러스 ORF1/1 아미노산 서열에 대하여 적어

도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 갖는 단백질을 포함한다. 실시형태들에서, 본원에 기재된 큐론은 표 8의 아넬로바이러스 ORF1/2 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 갖는 단백질을 포함한다. 실시형태들에서, 본원에 기재된 큐론은 표 8의 아넬로바이러스 ORF2 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 갖는 단백질을 포함한다. 실시형태들에서, 본원에 기재된 큐론은 표 8의 아넬로바이러스 ORF2/2 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 갖는 단백질을 포함한다. 실시형태들에서, 본원에 기재된 큐론은 표 8의 아넬로바이러스 ORF2/3 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 갖는 단백질을 포함한다. 실시형태들에서, 본원에 기재된 큐론은 표 8의 아넬로바이러스 ORF2t/3 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 갖는 단백질을 포함한다.

[0360] 실시형태들에서, 본원에 기재된 큐론은 표 10의 아넬로바이러스 ORF1 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 갖는 단백질을 포함한다. 실시형태들에서, 본원에 기재된 큐론은 표 10의 아넬로바이러스 ORF1/1 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 갖는 단백질을 포함한다. 실시형태들에서, 본원에 기재된 큐론은 표 10의 아넬로바이러스 ORF1/2 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 갖는 단백질을 포함한다. 실시형태들에서, 본원에 기재된 큐론은 표 10의 아넬로바이러스 ORF2 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 갖는 단백질을 포함한다. 실시형태들에서, 본원에 기재된 큐론은 표 10의 아넬로바이러스 ORF2/2 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 갖는 단백질을 포함한다. 실시형태들에서, 본원에 기재된 큐론은 표 10의 아넬로바이러스 ORF2/3 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 갖는 단백질을 포함한다. 실시형태들에서, 본원에 기재된 큐론은 표 10의 아넬로바이러스 ORF2t/3 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 갖는 단백질을 포함한다.

[0361] 실시형태들에서, 본원에 기재된 큐론은 표 12의 아넬로바이러스 ORF1 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 갖는 단백질을 포함한다. 실시형태들에서, 본원에 기재된 큐론은 표 12의 아넬로바이러스 ORF1/1 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 갖는 단백질을 포함한다. 실시형태들에서, 본원에 기재된 큐론은 표 12의 아넬로바이러스 ORF1/2 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 갖는 단백질을 포함한다. 실시형태들에서, 본원에 기재된 큐론은 표 12의 아넬로바이러스 ORF2 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 갖는 단백질을 포함한다. 실시형태들에서, 본원에 기재된 큐론은 표 12의 아넬로바이러스 ORF2/2 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 갖는 단백질을 포함한다. 실시형태들에서, 본원에 기재된 큐론은 표 12의 아넬로바이러스 ORF2/3 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 갖는 단백질을 포함한다.

[0362] 실시형태들에서, 본원에 기재된 큐론은 표 14의 아넬로바이러스 ORF1 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 갖는 단백질을 포함한다. 실시형태들에서, 본원에 기재된 큐론은 표 14의 아넬로바이러스 ORF1/1 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 갖는 단백질을 포함한다. 실시형태들에서, 본원에 기재된 큐론은 표 14의 아넬로바이러스 ORF1/2 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 갖는 단백질을 포함한다. 실시형태들에서, 본원에 기재된 큐론은 표 14의 아넬로바이러스 ORF2 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 갖는 단백질을 포함한다. 실시형태들에서, 본원에 기재된 큐론은 표 14의 아넬로바이러스 ORF2/2 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열

동일성을 갖는 아미노산 서열을 갖는 단백질을 포함한다. 실시형태들에서, 본원에 기재된 큐론은 표 14의 아넬로바이러스 ORF2/3 아미노산 서열에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 갖는 단백질을 포함한다.

[0363] [표 1]

예시적인 아넬로바이러스 핵산 서열(알파토르크바이러스(Alphatorquevirus), 클레이드 1)

명칭	TTV-CT30F
속/클레이드	알파토르크바이러스, 클레이드 1
수탁 번호	AB064597.1

전체 서열: 3570 bp

```
1         10         20         30         40         50
|         |          |          |          |          |
ATTTTGTGCAGCCCGCCAATTCTCGTTCAAACAGGCCAATCAGGAGGCTC
TACGTACACTTCCTGGGGGTGTGTCTTCGAAGAGTATATAAGCAGAGGCGG
TGACGAATGGTAGAGTTTTTCCTGGCCCGTCCGCGGCGAGAGCGCGAGCG
GAGCGAGCGATCGAGCGTCCCGTGGGCGGGTGCCGTAGGTGAGTTTACAC
ACCGCAGTCAAGGGGCAATTCGGGCTCGGGACTGGCCGGGCTATGGGCAA
GATTCTTAAAAAATTCCCCCGATCCCTCTGTCGCCAGGACATAAAAACAT
GCCGTGGAGACCGCCGGTGCATAGTGTCCAGGGGCGAGAGGATCAGTGGT
TCGCGAGCTTTTTTCACGGCCACGCTTCATTTTGCGGTTGCGGTGACGCT
GTTGGCCATCTTAATAGCATTGCTCCTCGCTTTCCTCGCGCCGGTCCACC
AAGGCCCCCTCCGGGGGCTAGAGCAGCCTAACCCCCCGCAGCAGGGCCCGG
CCGGGCCCGGAGGGCCGCCCGCCATCTTGGCGCTGCCGGCTCCGCCCGCG
GAGCCTGACGACCCGCAGCCACGGCGTGGTGGTGGGGACGGTGGCGCCGC
CGCTGGCGCCGCAGGCGACCGTGGAGACCGAGACTACGACGAAGAAGAGC
TAGACGAGCTTTTCCGCGCCGCCGCCGAAGACGATTTGTAAGTAGGAGAT
GGCGCCGGCCTTACAGGCGCAGGAGGAGACGCGGGCGACGCAGACGCAGA
CGCAGACGCAGACATAAGCCCACCCTAGTACTCAGACAGTGGCAACCTGA
CGTTATCAGACACTGTAAGATAACAGGACGGATGCCCCTCATTATCTGTG
GAAAGGGGTCCACCCAGTTCAACTACATCACCCACGCGGACGACATCACC
CCCAGGGGAGCCTCCTACGGGGGCAACTTCACAAACATGACTTTCTCCCT
GGAGGCAATATACGAACAGTTTCTGTACCACAGAAACAGGTGGTCAGCCT
CCAACCACGACCTCGAACTCTGCAGATACAAGGGTACCACCCTAAAACTG
TACAGGCACCCAGATGTAGACTACATAGTCACCTACAGCAGAACGGGACC
CTTTGAGATCAGCCACATGACCTACCTCAGCACTCACCCCCTTCTCATGC
TGCTAAACAAACACCACATAGTGGTGCCCAGCCTAAAGACTAAGCCCAGG
GGCAGAAAGGCCATAAAAGTCAGAATAAGACCCCCCAAACTCATGAACAA
CAAGTGGTACTTCACCAGAGACTTCTGTAACATAGGCCTCTTCCAGCTCT
GGGCCACAGGCTTAGAACTCAGAAACCCCTGGCTCAGAATGAGCACCCTG
AGCCCCTGCATAGGCTTCAATGTCCTTAAAAACAGCATTTACACAAACCT
CAGCAACCTACCTCAGCACAGAGAAGACAGACTTAACATTATTAACAACA
CATTACACCCACATGACATAACAGGACCAAACAATAAAAAATGGCAGTAC
ACATATACCAAACTCATGGCCCCCATTTACTATTCAGCAAACAGGGCCAG
```

[0364]

```
CACCTATGACTTACTACGAGAGTATGGCCTCTACAGTCCATACTACCTAA
ACCCCACAAGGATAAACCTTGACTGGATGACCCCCTACACACACGTCAGG
TACAATCCACTAGTAGACAAGGGCTTCGGAAACAGAATATACATACAGTG
GTGCTCAGAGGCAGATGTAAGCTACAACAGGACTAAATCCAAGTGTCTCT
TACAAGACATGCCCCTGTTTTTCATGTGCTATGGCTACATAGACTGGGCA
ATTAAAAACACAGGGGTCTCCTCACTAGCGAGAGACGCCAGAATCTGCAT
CAGGTGTCCCTACACAGAGCCACAGCTGGTGGGCTCCACAGAAGACATAG
GGTTCGTACCCATCACAGAGACCTTCATGAGGGGCGACATGCCGGTACTT
GCACCATACATACCGTTGAGCTGGTTTTGCAAGTGGTATCCCAACATAGC
TCACCAGAAGGAAGTACTTGAGGCAATCATTTCCTGCAGCCCCTTCATGC
CCCGTGACCAGGGCATGAACGGTTGGGATATTACAATAGGTTACAAAATG
GACTTCTTATGGGGCGGTTCCCCTCTCCCCTCACAGCCAATCGACGACCC
CTGCCAGCAGGGAACCCACCCGATTCCCGACCCCGATAAGCACCCTCGCC
TCCTACAAGTGTCGAACCCGAAACTGCTCGGACCGAGGACAGTGTTCCAC
AAGTGGGACATCAGACGTGGGCAGTTTAGCAAAAGAAGTATTAAAAGAGT
GTCAGAATACTCATCGGATGATGAATCTCTTGCGCCAGGTCTCCCATCAA
AGCGAAACAAGCTCGACTCGGCCTTCAGAGGAGAAAACCCAGAGCAAAAA
GAATGCTATTCTCTCCTCAAAGCACTCGAGGAAGAAGAGACCCCAGAAGA
AGAAGAACCAGCACCCCAAGAAAAAGCCCAGAAAGAGGAGCTACTCCACC
AGCTCCAGCTCCAGAGACGCCACCAGCGAGTCCTCAGACGAGGGCTCAAG
CTCGTCTTTACAGACATCCTCCGACTCCGCCAGGGAGTCCACTGGAACCC
CGAGCTCACATAGAGCCCCCACCTTACATACCAGACCTACTTTTTCCCAA
TACTGGTAAAAAAAAAAAATTCTCTCCCTTCGACTGGGAAACGGAGGCCC
AGCTAGCAGGGATATTCAAGCGTCCTATGCGCTTCTATCCCTCAGACACC
CCTCACTACCCGTGGTTACCCCCCAAGCGCGATATCCCGAAAATATGTAA
CATAAACTTCAAAATAAAGCTGCAAGAGTGAGTGATTCGAGGCCCTCCTC
TGTTCACTTAGCGGTGTCTACCTCTTAAAGTCACCAAGCACTCCGAGCGT
CAGCGAGGAGTGCGACCCTCCACCAAGGGGCAACTTCCTCGGGGTCCGGC
GCTACGCGCTTCGCGCTGCGCCGGACGCCTCGGACCCCCCCCCCGACCCGA
ATCGCTCGCGCGATTCGGACCTGCGGCCTCGGGGGGGGTCGGGGGCTTTA
CTAAACAGACTCCGAGTTGCCACTGGACTCAGGAGCTGTGAATCAGTAAC
GAAAGTGAGTGGGGCCAGACTTCGCCATAGGGCCTTTAACTTGGGGTCGT
CTGTCGGTGGCTTCCGGGTCCGCCTGGGCGCCGCCATTTTAGCTTTAGAC
GCCATTTTAGGCCCTCGCGGGCACCCGTAGGCGCGTTTTAATGACGTCAC
GGCAGCCATTTTGTCGTGACGTTTGAGACACGTGATGGGGGCGTGCCTAA
ACCCGGAAGCATCCCTGGTCACGTGACTCTGACGTCACGGCGGCCATTTT
GTGCTGTCCGCCATCTTGTGACTTCCTTCCGCTTTTTCAAAAAAAAAGAG
GAAGTATGACAGTAGCGGCGGGGGGGCGGCCGCGTTCGCGCGCCGCCCAC
CAGGGGGTGCTGCGCGCCCCCCCCCCGCGCATGCGCGGGGCCCCCCCCCGG
GGGGGCTCCGCCCCCCCGGCCCCCCCCCGTGCTAAACCCACCGCGCATGC
GCGACCACGCCCCCGCCGCC (SEQ ID NO: 1)
```

주석:

추정의 도메인	*염기 범위*
TATA 박스	84 – 90
캡 부위	107 – 114
전사 시작 부위	114
5' UTR 보존된 도메인	177 – 247
ORF2	299 – 691
ORF2/2	299 – 687 ; 2137 – 2659

[0365]

ORF2/3	299 – 687 ; 2339 – 2831
ORF2t/3	299 – 348 ; 2339 – 2831
ORF1	571 – 2613
ORF1/1	571 – 687 ; 2137 – 2613
ORF1/2	571 – 687 ; 2339 – 2659
3개의 오픈-리딩 프레임 영역	2325 – 2610
폴리(A) 신호	2813 – 2818
GC-풍부 영역	3415 – 3570

[0366]

[0367] [표 2]

예시적인 아넬로바이러스 아미노산 서열(알파토르크바이러스, 클레이드 1)

TTV-CT30F (알파토르크바이러스 클레이드 1)	
ORF2	MPWRPPVHSVQGREDQWFASFFHGHASFCGCGDAVGHLNSIAPRFPRAGPPRPPPG LEQPNPPQQGPAGPGGPPAILALPAPPAEPDDPQPRRGGGDGGAAAGAAGDRGDRD YDEEELDELFRAAAEDDL (SEQ ID NO: 2)
ORF2/2	MPWRPPVHSVQGREDQWFASFFHGHASFCGCGDAVGHLNSIAPRFPRAGPPRPPPG LEQPNPPQQGPAGPGGPPAILALPAPPAEPDDPQPRRGGGDGGAAAGAAGDRGDRD YDEEELDELFRAAAEDDFQSTTPASREPTRFPTPISTLASYKCRTRNCSDRGQCSTSG TSDVGSLAKEVLKECQNTHRMMNLLRQVSHQSETSSTRPSEEKTQSKKNAILSSKH SRKKRPQKKKNQHPKKKPRKRSYSTSSSSRDATSESSDEGSSSSLQTSSDSARESTGT PSSHRAPTLHTRPTFSQYW (SEQ ID NO: 3)
ORF2/3	MPWRPPVHSVQGREDQWFASFFHGHASFCGCGDAVGHLNSIAPRFPRAGPPRPPPG LEQPNPPQQGPAGPGGPPAILALPAPPAEPDDPQPRRGGGDGGAAAGAAGDRGDRD YDEEELDELFRAAAEDDLSPIKAKQARLGLQRRKPRAKRMLFSPQSTRGRRDPRRR RTSTPRKSPERGATPPAPAPETPPASPQTRAQARLYRHPPTPPGSPLEPRAHIEPPPYIP DLLFPNTGKKKKFSPFDWETEAQLAGIFKRPMRFYPSDTPHYPWLPPKRDIPKICNIN FKIKLQE (SEQ ID NO: 4)
ORF2t/3	MPWRPPVHSVQGREDQWSPIKAKQARLGLQRRKPRAKRMLFSPQSTRGRRDPRRR RTSTPRKSPERGATPPAPAPETPPASPQTRAQARLYRHPPTPPGSPLEPRAHIEPPPYIP DLLFPNTGKKKKFSPFDWETEAQLAGIFKRPMRFYPSDTPHYPWLPPKRDIPKICNIN FKIKLQE (SEQ ID NO: 5)
ORF1	TAWWWGRWRRRWRRRRPWRPRLRRRRARRAFPRRRRRRFVSRRWRRPYRRRRR RGRRRRRRRRRHKPTLVLRQWQPDVIRHCKITGRMPLIICGKGSTQFNYITHADDIT PRGASYGGNFTNMTFSLEAIYEQFLYHRNRWSASNHDLELCRYKGTTLKLYRHPD

[0368]

	VDYIVTYSRTGPFEISHMTYLSTHPLLMLLNKHHIVVPSLKTKPRGRKAIKVRIRPPK LMNNKWYFTRDFCNIGLFQLWATGLELRNPWLRMSTLSPCIGFNVLKNSIYTNLSN LPQHREDRLNIINNTLHPHDITGPNNKKWQYTYTKLMAPIYYSANRASTYDLLREY GLYSPYYLNPTRINLDWMTPYTHVRYNPLVDKGFGNRIYIQWCSEADVSYNRTKSK CLLQDMPLFFMCYGYIDWAIKNTGVSSLARDARICIRCPYTEPQLVGSTEDIGFVPIT ETFMRGDMPVLAPYIPLSWFCKWYPNIAHQKEVLEAIISCSPFMPRDQGMNGWDITI GYKMDFLWGGSPLPSQPIDDPCQQGTHPIPDPDKHPRLLQVSNPKLLGPRTVFHKW DIRRGQFSKRSIKRVSEYSSDDESLAPGLPSKRNKLDSAFRGENPEQKECYSLLKALE EEETPEEEEPAPQEKAQKEELLHQLQLQRRHQRVLRRGLKLVFTDILRLRQGVHWN PELT (SEQ ID NO: 6)
ORF1/1	TAWWWGRWRRRWRRRRPWRPRLRRRRARRAFPRRRRRRFPIDDPCQQGTHPIPDP DKHPRLLQVSNPKLLGPRTVFHKWDIRRGQFSKRSIKRVSEYSSDDESLAPGLPSKR NKLDSAFRGENPEQKECYSLLKALEEEETPEEEEPAPQEKAQKEELLHQLQLQRRH QRVLRRGLKLVFTDILRLRQGVHWNPELT (SEQ ID NO: 7)
ORF1/2	TAWWWGRWRRRWRRRRPWRPRLRRRRARRAFPRRRRRRFVSHQSETSSTRPSEE KTQSKKNAILSSKHSRKKRPQKKKNQHPKKKPRKRSYSTSSSSRDATSESSDEGSSS SLQTSSDSARESTGTPSSHRAPTLHTRPTFSQYW (SEQ ID NO: 8)

[0369]

[0370] [표 3]

예시적인 아넬로바이러스 핵산 서열(알파토르크바이러스, 클레이드 2)

명칭	TTV-TJN02
속/클레이드	알파토르크바이러스, 클레이드 2
수탁 번호	AB028669.1

전체 서열: 3794 bp

```
        1         10         20         30         40         50
        |         |          |          |          |          |
CCCGAAGTCCGTCACTAACCACGTGACTCCTGTCGCCCAATCAGAGTGTA
TGTCGTGCATTTCCTGGGCATGGTCTACATCCTGATATAACTAAGTGCAC
TTCCGAATGGCTGAGTTTTCCACGCCCGTCCGCAGCGAGGGAGCGACGGA
GGAGCTCCCGAGCGTCCCGAGGGCGGGTGCCGGAGGTGAGTTTACACACC
GCAGTCAAGGGGCAATTCGGGCTCGGGACTGGCCGGGCTATGGGCAAGGC
TCTTAGGGTCTTCATTCTTAATATGTTTCTTGGCAGAGTTTACCGCCACA
AGAAAAGGAAAGTGCTACTGTCCACACTGCGAGCTCCACAGGCGTCTCGC
AGGGCTATGAGTTGGCGACCCCCGGTACACGATGCACCCGGCATCGAGCG
CAATTGGTACGAGGCCTGTTTCAGAGCCCACGCTGGAGCTTGTGGCTGTG
GCAATTTTATTATGCACCTTAATCTTTTGGCTGGGCGTTATGGTTTTACT
CCGGGGTCAGCGCCGCCAGGTGGTCCTCCTCCGGGCACCCCGCAGATAAG
GAGAGCCAGGCCTAGTCCCGCCGCACCAGAGCAGCCCGCTGCCCTACCAT
GGCATGGGGATGGTGGAGATGGCGGCGCCGCTGGCCCGCCAGACGCTGGA
GGAGACGCCGTCGCCGGCGCCCCGTACGGAGAACAAGAGCTCGCCGACCT
GCTCGACGCTATAGAAGACGACGAACAGTAAGAACCAGGCGAAGGCGGTG
GGGGCGCAGACGGTACAGACGGGGCTGGAGACGCAGGACTTATGTGAGAA
```

[0371]

```
AGGGGCGACACAGAAAAAAGAAAAAGAGACTGATACTGAGACAGTGGCAA
CCAGCCACAAGACGCAGATGTACCATAACTGGGTACCTGCCCATAGTGTT
CTGCGGCCACACTAGGGGCAATAAAAACTATGCACTACACTCTGACGACT
ACACCCCCCAAGGACAACCATTTGGAGGGGCTCTAAGCACTACCTCATTC
TCTTTAAAAGTACTATTTGACCAGCATCAGAGAGGACTAAACAAGTGGTC
TTTTCCAAACGACCAACTAGACCTCGCCAGATATAGAGGCTGCAAATTTA
TATTTTATAGAACAAAACAAACTGACTGGGTGGGCCAGTATGACATATCA
GAACCCTACAAGCTAGACAAATACAGCTGCCCCAACTATCACCCTGGAAA
CATGATTAAGGCAAAGCACAAATTTTTAATACCAAGCTATGACACTAATC
CTAGAGGCAGACAAAAAATTATAGTTAAAATTCCCCCCCCCAGACCTCTTT
GTAGACAAGTGGTACACTCAAGAGGATCTGTGTTCCGTTAATCTTGTGTC
ACTTGCGGTTTCTGCGGCTTCCTTTCTCCACCCATTCGGCTCACCACAAA
CTGACAACCCTTGCTACACCTTCCAGGTGTTGAAAGAGTTCTACTATCAG
GCAATAGGCTTCTCTGCAAGCACACAAGCAATGACATCAGTATTAGACAC
GCTATACACACAAAACAGTTATTGGGAATCTAATCTAACTCAGTTTTATG
TACTTAATGCAAAAAAAGGCAGTGATACAACACAGCCTTTAACTAGCAAT
ATGCCAACTCGTGAAGAGTTTATGGCAAAAAAAAATACCAATTACAACTG
GTATACATACAAGGCCGCGTCAGTAAAAAATAAACTACATCAAATGAGAC
AAACCTATTTTGAGGAGTTAACCTCTAAGGGGCCACAAACAACAAAAAGT
GAGGAAGGCTACAGTCAGCACTGGACCACCCCCTCCACAAACGCCTACGA
ATATCACTTAGGAATGTTTAGTGCAATATTTCTAGCCCCAGACAGGCCAG
TACCTAGATTTCCATGCGCCTACCAAGATGTAACTTACAACCCCTTAATG
GACAAAGGGGTGGGAAACCACATTTGGTTTCAGTACAACACAAAGGCAGA
CACTCAGCTAATAGTCACAGGAGGGTCCTGCAAAGCACACATACAAGACA
TACCACTGTGGGCGGCCTTCTATGGATACAGTGACTTTATAGAGTCAGAA
CTAGGCCCCTTTGTAGATGCAGAGACGGTAGGCTTAGTGTGTGTAATATG
CCCTTATACAAAACCCCCCATGTACAACAAGACAAACCCCGCCATGGGCT
ACGTGTTCTATGACAGAAACTTTGGTGACGGAAAATGGACTGACGGACGG
GGCAAAATAGAGCCCTACTGGCAAGTTAGGTGGAGGCCCGAAATGCTTTT
CCAAGAAACTGTAATGGCAGACCTAGTTCAGACTGGGCCCTTTAGCTACA
AAGACGAACTTAAAAACAGCACCCTAGTGTGCAAGTACAAATTCTATTTC
ACCTGGGGAGGTAACATGATGTTCCAACAGACGATCAAAAACCCGTGCAA
GACGGACGGACAACCCACCGACTCCAGTAGACACCCTAGAGGAATACAAG
TGGCGGACCCGGAACAAATGGGACCCCGCTGGGTGTTCCACTCCTTTGAC
TGGCGAAGGGGCTATCTTAGCGAGAAAGCTCTCAAACGCCTGCAAGAAAA
ACCTCTTGACTATGACGAATATTTTACACAACCAAAAAGACCTAGAATCT
TTCCTCCAACAGAATCAGCAGAGGGAGAGTTCCGAGAGCCCGAAAAAGGC
TCGTATTCAGAGGAAGAAAGGTCGCAAGCCTCTGCCGAAGAGCAGACGCA
GGAGGCGACAGTACTCCTCCTCAAGCGACGACTCAGAGAGCAACAGCAGC
TCCAGCAGCAGCTCCAATTCCTCACCCGAGAAATGTTCAAAACGCAAGCG
GGTCTCCACCTAAACCCTATGTTATTAAACCAGCGATAAACCAAGTGTAC
CTGTTTCCAGAGAGGGCCCCAAAACCCCCTCCTAGCAGCCAAGACTGGCA
GCAGGAGTACGAGGCCTGCGCAGCCTGGGACAGGCCCCCTAGATACAATC
TGTCCTCTCCTCCTTTCTACCCCAGCTGCCCTTCAAAATTCTGTGTAAAA
TTCAGCCTTGGCTTTAAATAAATGGCAACTTTACTGTGCAAGGCCGTGGG
AGTTTCACTGGTCGGTGTCTACCTCTAAAGGTCACTAAGCACTCCGAGCG
TTAGCGAGGAGTGCGACCCTTCCCCCTGACTCAACTTCTTCGGAGCCGCG
CGCTACGCCTTCGGCTGCGCGCGGCACCTCAGACCCCCGCTCGTGCTGAC
ACGCTCGCGCGTGTCAGACCACTTCGGGCTCGCGGGGGTCGGGAATTTTG
CTAAACAGACTCCGAGTTGCTCTTGGACACTGAGGGGGCATATCAGTAAC
GAAAGTGAGTGGGGCCAGACTTCGCCATAAGGCCTTTATCTTCTTGCCAT
TGGATAGTATCGAGGGTTGCCATAGGCTTCGACCTCCATTTTAGGCCTTC
CGGACTACAAAAATGGCCGTTTTAGTGACGTCACGGCCGCCATTTTAAGT
AAGGCGGAAGCAGCTCGGCGTACACAAAATGGCGGCGGAGCACTTCCGGC
TTGCCCAAAATGGTGGGCAACTTCTTCCGGGTCAAAGGTCACAGCTACGT
CACAAGTCACGTGGGGAGGGTTGGCGTTTAACCCGGAAGCCAATCCTCTT
ACGTGGCCTGTCACGTGACTTGTACGTCACGACCACCATTTTGTTTTACA
```

[0372]

AAATGGCCGACTTCCTTCCTCTTTTTTAAAAATAACGGTTCGGCGGCGGC
GCGCGCGCTACGCGCGCGCGCCGGGGGGGCTGCCGCCCCCCCCCCCGCGCAT
GCGCGGGGCCCCCCCCCCGCGGGGGGCTCCGCCCCCCGGCCCCCC (SEQ ID NO: 9)

주석:

추정의 도메인	*염기 범위*
TATA 박스	89 – 90
캡 부위	107 – 114
전사 시작 부위	114
5' UTR 보존된 도메인	174 – 244
ORF2	357 – 731
ORF2/2	357 – 727 ; 2381 – 2813
ORF2/3	357 – 727 ; 2619 – 3021
ORF2t/3	357 – 406 ; 2619 – 3021
ORF1	599 – 2839
ORF1/1	599 – 727 ; 2381 – 2839
ORF1/2	599 – 727 ; 2619 – 2813
3개의 오픈-리딩 프레임 영역	2596 – 2810
폴리(A) 신호	3017 – 3022
GC-풍부 영역	3691 – 3794

[0373]

[0374] [표 4]

예시적인 아넬로바이러스 아미노산 서열(알파토르크바이러스, 클레이드 2)

TTV-TJN02 (알파토르크바이러스 클레이드 2)	
ORF2	MSWRPPVHDAPGIERNWYEACFRAHAGACGCGNFIMHLNLLAGRYGFTPGSAPPG GPPPGTPQIRRARPSPAAPEQPAALPWHGDGGDGGAAGPPDAGGDAVAGAPYGEQ ELADLLDAIEDDEQ (SEQ ID NO: 10)
ORF2/2	MSWRPPVHDAPGIERNWYEACFRAHAGACGCGNFIMHLNLLAGRYGFTPGSAPPG GPPPGTPQIRRARPSPAAPEQPAALPWHGDGGDGGAAGPPDAGGDAVAGAPYGEQ ELADLLDAIEDDEQRSKTRARRTDNPPTPVDTLEEYKWRTRNKWDPAGCSTPLTGE GAILARKLSNACKKNLLTMTNILHNQKDLESFLQQNQQRESSESPKKARIQRKKGR KPLPKSRRRRRQYSSSSDDSESNSSSSSSSNSSPEKCSKRKRVST (SEQ ID NO: 11)
ORF2/3	MSWRPPVHDAPGIERNWYEACFRAHAGACGCGNFIMHLNLLAGRYGFTPGSAPPG GPPPGTPQIRRARPSPAAPEQPAALPWHGDGGDGGAAGPPDAGGDAVAGAPYGEQ ELADLLDAIEDDEHRGRVPRARKRLVFRGRKVASLCRRADAGGDSTPPQATTQRAT AAPAAAPIPHPRNVQNASGSPPKPYVIKPAINQVYLFPERAPKPPPSSQDWQQEYEA

[0375]

	CAAWDRPPRYNLSSPPFYPSCPSKFCVKFSLGFK (SEQ ID NO: 12)
ORF2t/3	MSWRPPVHDAPGIERNCRGRVPRARKRLVFRGRKVASLCRRADAGGDSTPPQATT QRATAAPAAAPIPHPRNVQNASGSPPKPYVIKPAINQVYLFPERAPKPPPSSQDWQQ EYEACAAWDRPPRYNLSSPPFYPSCPSKFCVKFSLGFK (SEQ ID NO: 13)
ORF1	MAWGWWRWRRRWPARRWRRRRRRRPVRRTRARRPARRYRRRRTVRTRRRRWG RRRYRRGWRRRTYVRKGRHRKKKKRLILRQWQPATRRRCTITGYLPIVFCGHTRG NKNYALHSDDYTPQGQPFGGALSTTSFSLKVLFDQHQRGLNKWSFPNDQLDLARY RGCKFIFYRTKQTDWVGQYDISEPYKLDKYSCPNYHPGNMIKAKHKFLIPSYDTNP RGRQKIIVKIPPPDLFVDKWYTQEDLCSVNLVSLAVSAASFLHPFGSPQTDNPCYTF QVLKEFYYQAIGFSASTQAMTSVLDTLYTQNSYWESNLTQFYVLNAKKGSDTTQPL TSNMPTREEFMAKKNTNYNWYTYKAASVKNKLHQMRQTYFEELTSKGPQTTKSE EGYSQHWTTPSTNAYEYHLGMFSAIFLAPDRPVPRFPCAYQDVTYNPLMDKGVGN HIWFQYNTKADTQLIVTGGSCKAHIQDIPLWAAFYGYSDFIESELGPFVDAETVGLV CVICPYTKPPMYNKTNPAMGYVFYDRNFGDGKWTDGRGKIEPYWQVRWRPEMLF QETVMADLVQTGPFSYKDELKNSTLVCKYKFYFTWGGNMMFQQTIKNPCKTDGQ PTDSSRHPRGIQVADPEQMGPRWVFHSFDWRRGYLSEKALKRLQEKPLDYDEYFT QPKRPRIFPPTESAEGEFREPEKGSYSEEERSQASAEEQTQEATVLLLKRRLREQQQL QQQLQFLTREMFKTQAGLHLNPMLLNQR (SEQ ID NO: 14)
ORF1/1	MAWGWWRWRRRWPARRWRRRRRRRPVRRTRARRPARRYRRRRTTIKNPCKTDG QPTDSSRHPRGIQVADPEQMGPRWVFHSFDWRRGYLSEKALKRLQEKPLDYDEYF TQPKRPRIFPPTESAEGEFREPEKGSYSEEERSQASAEEQTQEATVLLLKRRLREQQQ LQQQLQFLTREMFKTQAGLHLNPMLLNQR (SEQ ID NO: 15)
ORF1/2	MAWGWWRWRRRWPARRWRRRRRRRPVRRTRARRPARRYRRRRTQRESSESPKK ARIQRKKGRKPLPKSRRRRRQYSSSSDDSESNSSSSSSSNSSPEKCSKRKRVST (SEQ ID NO: 16)

[0376]

[0377] [표 5]

예시적인 아넬로바이러스 핵산 서열(알파토르크바이러스, 클레이드 3)

명칭	TTV-tth8
속/클레이드	알파토르크바이러스, 클레이드 3
수탁 번호	AJ620231.1

전체 서열: 3753 bp

```
1         10         20         30         40         50
|         |          |          |          |          |
TGCTACGTCACTAACCCACGTGTCCTCTACAGGCCAATCGCAGTCTATGT
CGTGCACTTCCTGGGCATGGTCTACATAATTATATAAATGCTTGCACTTC
CGAATGGCTGAGTTTTTGCTGCCCGTCCGCGGAGAGGAGCCACGGCAGGG
```

[0378]

GATCCGAACGTCCTGAGGGCGGGTGCCGGAGGTGAGTTTACACACCGAAG
TCAAGGGGCAATTCGGGCTCAGGACTGGCCGGGCTTTGGGCAAGGCTCTT
AAAAATGCACTTTTCTCGAATAAGCAGAAAGAAAAGGAAAGTGCTACTGC
TTTGCGTGCCAGCAGCTAAGAAAAAACCAACTGCTATGAGCTTCTGGAAA
CCTCCGGTACACAATGTCACGGGGATCCAACGCATGTGGTATGAGTCCTT
TCACCGTGGCCACGCTTCTTTTTGTGGTTGTGGGAATCCTATACTTCACA
TTACTGCACTTGCTGAAACATATGGCCATCCAACAGGCCCGAGACCTTCT
GGGCCACCGGGAGTAGACCCCAACCCCCACATCCGTAGAGCCAGGCCTGC
CCCGGCCGCTCCGGAGCCCTCACAGGTTGATTCGAGACCAGCCCTGACAT
GGCATGGGGATGGTGGAAGCGACGGAGGCGCTGGTGGTTCCGGAAGCGGT
GGACCCGTGGCAGACTTCGCAGACGATGGCCTCGATCAGCTCGTCGCCGC
CCTAGACGACGAAGAGTAAGGAGGCGCAGACGGTGGAGGAGGGGGAGACG
AAAAACAAGGACTTACAGACGCAGGAGACGCTTTAGACGCAGGGGACGAA
AAGCAAAACTTATAATAAAACTGTGGCAACCTGCAGTAATTAAAAGATGC
AGAATAAAGGGATACATACCACTGATTATAAGTGGGAACGGTACCTTTGC
CACAAACTTTACCAGTCACATAAATGACAGAATAATGAAAGGCCCCTTCG
GGGGAGGACACAGCACTATGAGGTTCAGCCTCTACATTTTGTTTGAGGAG
CACCTCAGACACATGAACTTCTGGACCAGAAGCAACGATAACCTAGAGCT
AACCAGATACTTGGGGGCTTCAGTAAAAATATACAGGCACCCAGACCAAG
ACTTTATAGTAATATACAACAGAAGAACCCCTCTAGGAGGCAACATCTAC
ACAGCACCCTCTCTACACCCAGGCAATGCCATTTTAGCAAAACACAAAAT
ATTAGTACCAAGTTTACAGACAAGACCAAAGGGTAGAAAAGCAATTAGAC
TAAGAATAGCACCCCCCACACTCTTTACAGACAAGTGGTACTTTCAAAAG
GACATAGCCGACCTCACCCTTTTCAACATCATGGCAGTTGAGGCTGACTT
GCGGTTTCCGTTCTGCTCACCACAAACTGACAACACTTGCATCAGCTTCC
AGGTCCTTAGTTCCGTTTACAACAACTACCTCAGTATTAATACCTTTAAT
AATGACAACTCAGACTCAAAGTTAAAAGAATTTTTAAATAAAGCATTTCC
AACAACAGGCACAAAAGGAACAAGTTTAAATGCACTAAATACATTTAGAA
CAGAAGGATGCATAAGTCACCCACAACTAAAAAAACCAAACCCACAAATA
AACAAACCATTAGAGTCACAATACTTTGCACCTTTAGATGCCCTCTGGGG
AGACCCCATATACTATAATGATCTAAATGAAAACAAAAGTTTGAACGATA
TCATTGAGAAAATACTAATAAAAAACATGATTACATACCATGCAAAACTA
AGAGAATTTCCAAATTCATACCAAGGAAACAAGGCCTTTTGCCACCTAAC
AGGCATATACAGCCCACCATACCTAAACCAAGGCAGAATATCTCCAGAAA
TATTTGGACTGTACACAGAAATAATTTACAACCCTTACACAGACAAAGGA
ACTGGAAACAAAGTATGGATGGACCCACTAACTAAAGAGAACAACATATA
TAAAGAAGGACAGAGCAAATGCCTACTGACTGACATGCCCCTATGGACTT
TACTTTTTGGATATACAGACTGGTGTAAAAAGGACACTAATAACTGGGAC
TTACCACTAAACTACAGACTAGTACTAATATGCCCTTATACCTTTCCAAA
ATTGTACAATGAAAAAGTAAAAGACTATGGGTACATCCCGTACTCCTACA
AATTCGGAGCGGGTCAGATGCCAGACGGCAGCAACTACATACCCTTTCAG
TTTAGAGCAAAGTGGTACCCCACAGTACTACACCAGCAACAGGTAATGGA
GGACATAAGCAGGAGCGGGCCCTTTGCACCTAAGGTAGAAAAACCAAGCA
CTCAGCTGGTAATGAAGTACTGTTTTAACTTTAACTGGGGCGGTAACCCT
ATCATTGAACAGATTGTTAAAGACCCCAGCTTCCAGCCCACCTATGAAAT
ACCCGGTACCGGTAACATCCCTAGAAGAATACAAGTCATCGACCCGCGGG
TCCTGGGACCGCACTACTCGTTCCGGTCATGGGACATGCGCAGACACACA
TTTAGCAGAGCAAGTATTAAGAGAGTGTCAGAACAACAAGAAACTTCTGA
CCTTGTATTCTCAGGCCCAAAAAAGCCTCGGGTCGACATCCCAAAACAAG
AAACCCAAGAAGAAAGCTCACATTCACTCCAAAGAGAATCGAGACCGTGG
GAGACCGAGGAAGAAAGCGAGACAGAAGCCCTCTCGCAAGAGAGCCAAGA
GGTCCCCTTCCAACAGCAGTTGCAGCAGCAGTACCAAGAGCAGCTCAAGC
TCAGACAGGGAATCAAAGTCCTCTTCGAGCAGCTCATAAGGACCCAACAA
GGGGTCCATGTAAACCCATGCCTACGGTAGGTCCCAGGCAGTGGCTGTTT
CCAGAGAGAAAGCCAGCCCCAGCTCCTAGCAGTGGAGACTGGGCCATGGA
GTTTCTCGCAGCAAAAATATTTGATAGGCCAGTTAGAAGCAACCTTAAAG
ATACCCCTTACTACCCATATGTTAAAAACCAATACAATGTCTACTTTGAC

[0379]

CTTAAATTTGAATAAACAGCAGCTTCAAACTTGCAAGGCCGTGGGAGTTT
CACTGGTCGGTGTCTACCTCTAAAGGTCACTAAGCACTCCGAGCGTAAGC
GAGGAGTGCGACCCTCCCCCCTGGAACAACTTCTTCGGAGTCCGGCGCTA
CGCCTTCGGCTGCGCCGGACACCTCAGACCCCCCCTCCACCCGAAACGCT
TGCGCGTTTCGGACCTTCGGCGTCGGGGGGGTCGGGAGCTTTATTAAACG
GACTCCGAAGTGCTCTTGGACACTGAGGGGGTGAACAGCAACGAAAGTGA
GTGGGGCCAGACTTCGCCATAAGGCCTTTATCTTCTTGCCATTTGTCAGT
GTCCGGGGTCGCCATAGGCTTCGGGCTCGTTTTTAGGCCTTCCGGACTAC
AAAAATCGCCATTTTGGTGACGTCACGGCCGCCATCTTAAGTAGTTGAGG
CGGACGGTGGCGTGAGTTCAAAGGTCACCATCAGCCACACCTACTCAAAA
TGGTGGACAATTTCTTCCGGGTCAAAGGTTACAGCCGCCATGTTAAAACA
CGTGACGTATGACGTCACGGCCGCCATTTTGTGACACAAGATGGCCGACT
TCCTTCCTCTTTTTCAAAAAAAAGCGGAAGTGCCGCCGCGGCGGCGGGGG
GCGGCGCGCTGCGCGCGCCGCCCAGTAGGGGGAGCCATGCGCCCCCCCCC
GCGCATGCGCGGGGCCCCCCCCCGCGGGGGGCTCCGCCCCCCGGCCCCCC
CCG (SEQ ID NO: 17)

주석:

추정의 도메인	*염기 범위*
TATA 박스	83 – 88
캡 부위	104 – 111
전사 시작 부위	111
5' UTR 보존된 도메인	170 – 240
ORF2	336 – 719
ORF2/2	336 – 715 ; 2363 – 2789
ORF2/3	336 – 715 ; 2565 – 3015
ORF2t/3	336 – 388 ; 2565 – 3015
ORF1	599 – 2830
ORF1/1	599 – 715 ; 2363 – 2830
ORF1/2	599 – 715 ; 2565 – 2789
3개의 오픈-리딩 프레임 영역	2551 – 2786
폴리(A) 신호	3011 – 3016
GC-풍부 영역	3632 – 3753

[0380]

[0381] [표 6]

예시적인 아넬로바이러스 아미노산 서열(알파토르크바이러스, 클레이드 3)

TTV-tth8 (알파토르크바이러스 클레이드 3)	
ORF2	MSFWKPPVHNVTGIQRMWYESFHRGHASFCGCGNPILHITALAETYGHPTGPRPSG PPGVDPNPHIRRARPAPAAPEPSQVDSRPALTWHGDGGSDGGAGGSGSGGPVADFA DDGLDQLVAALDDEE (SEQ ID NO: 18)
ORF2/2	MSFWKPPVHNVTGIQRMWYESFHRGHASFCGCGNPILHITALAETYGHPTGPRPSG

[0382]

	PPGVDPNPHIRRARPAPAAPEPSQVDSRPALTWHGDGGSDGGAGGSGSGGPVADFA DDGLDQLVAALDDEELLKTPASSPPMKYPVPVTSLEEYKSSTRGSWDRTTRSGHGT CADTHLAEQVLRECQNNKKLLTLYSQAQKSLGSTSQNKKPKKKAHIHSKENRDRG RPRKKARQKPSRKRAKRSPSNSSCSSSTKSSSSSDRESKSSSSSS (SEQ ID NO: 19)
ORF2/3	MSFWKPPVHNVTGIQRMWYESFHRGHASFCGCGNPILHITALAETYGHPTGPRPSG PPGVDPNPHIRRARPAPAAPEPSQVDSRPALTWHGDGGSDGGAGGSGSGGPVADFA DDGLDQLVAALDDEEPKKASGRHPKTRNPRRKLTFTPKRIETVGDRGRKRDRSPLA REPRGPLPTAVAAAVPRAAQAQTGNQSPLRAAHKDPTRGPCKPMPTVGPRQWLFP ERKPAPAPSSGDWAMEFLAAKIFDRPVRSNLKDTPYYPYVKNQYNVYFDLKFE (SEQ ID NO: 20)
ORF2t/3	MSFWKPPVHNVTGIQRMWPKKASGRHPKTRNPRRKLTFTPKRIETVGDRGRKRDR SPLAREPRGPLPTAVAAAVPRAAQAQTGNQSPLRAAHKDPTRGPCKPMPTVGPRQ WLFPERKPAPAPSSGDWAMEFLAAKIFDRPVRSNLKDTPYYPYVKNQYNVYFDLK FE (SEQ ID NO: 21)
ORF1	MAWGWWKRRRRWWFRKRWTRGRLRRRWPRSARRRPRRRRVRRRRRWRRGRRK TRTYRRRRRFRRRGRKAKLIIKLWQPAVIKRCRIKGYIPLIISGNGTFATNFTSHINDR IMKGPFGGGHSTMRFSLYILFEEHLRHMNFWTRSNDNLELTRYLGASVKIYRHPDQ DFIVIYNRRTPLGGNIYTAPSLHPGNAILAKHKILVPSLQTRPKGRKAIRLRIAPPTLFT DKWYFQKDIADLTLFNIMAVEADLRFPFCSPQTDNTCISFQVLSSVYNNYLSINTFN NDNSDSKLKEFLNKAFPTTGTKGTSLNALNTFRTEGCISHPQLKKPNPQINKPLESQ YFAPLDALWGDPIYYNDLNENKSLNDIIEKILIKNMITYHAKLREFPNSYQGNKAFC HLTGIYSPPYLNQGRISPEIFGLYTEIIYNPYTDKGTGNKVWMDPLTKENNIYKEGQS KCLLTDMPLWTLLFGYTDWCKKDTNNWDLPLNYRLVLICPYTFPKLYNEKVKDY GYIPYSYKFGAGQMPDGSNYIPFQFRAKWYPTVLHQQQVMEDISRSGPFAPKVEKP STQLVMKYCFNFNWGGNPIIEQIVKDPSFQPTYEIPGTGNIPRRIQVIDPRVLGPHYSF RSWDMRRHTFSRASIKRVSEQQETSDLVFSGPKKPRVDIPKQETQEESSHSLQRESR PWETEEESETEALSQESQEVPFQQQLQQQYQEQLKLRQGIKVLFEQLIRTQQGVHV NPCLR (SEQ ID NO: 22)
ORF1/1	MAWGWWKRRRRWWFRKRWTRGRLRRRWPRSARRRPRRRRIVKDPSFQPTYEIPG TGNIPRRIQVIDPRVLGPHYSFRSWDMRRHTFSRASIKRVSEQQETSDLVFSGPKKPR VDIPKQETQEESSHSLQRESRPWETEEESETEALSQESQEVPFQQQLQQQYQEQLKL RQGIKVLFEQLIRTQQGVHVNPCLR (SEQ ID NO: 23)
ORF1/2	MAWGWWKRRRRWWFRKRWTRGRLRRRWPRSARRRPRRRRAQKSLGSTSQNKK

[0383]

	PKKKAHIHSKENRDRGRPRKKARQKPSRKRAKRSPSNSSCSSSTKSSSSSDRESKSSS SSS (SEQ ID NO: 24)

[0384]

[0385] [표 7]

예시적인 아델로바이러스 핵산 서열(알파토르크바이러스, 클레이드 4)

명칭	TTV-JA20
속/클레이드	알파토르크바이러스, 클레이드 4
수탁 번호	AF122914.3

전체 서열: 3853 bp

```
1         10         20         30         40         50
|         |          |          |          |          |
GGCTTAGTGCGTCACCACCCACGTGACCCGCCTCCGCCAATTAACAGGTA
CTTCGTACACTTCCTGGGCGGGCTTATAAGACTAATATAAGTAGCTGCAC
TTCCGAATGGCTGAGTTTTCCACGCCCGTCCGCAGCGGTGAAGCCACGGA
GGGAGCTCAGCGCGTCCCGAGGGCGGGTGCCGGAGGTGAGTTTACACACC
GCAGTCAAGGGGCAATTCGGGCTCGGGACTGGCCGGGCTTTGGGCAAGGC
TCTTAAAAAAGCTATGTTTATTGGCAGGCACTACCGAAAGAAAAGGGCGC
TGCTACTGCTATCTGTGCATTCTACAAAGACAAAAGGGAAACTTCTAATA
GCTATGTGGACTCCCCCACGCAATGATCAACAATACCTTAACTGGCAATG
GTACACTTCTGTACTTAGCTCCCACTCTGCTATGTGCGGGTGTTCCGACG
CTATCGCTCATCTTAATCATCTTGCTAATCTGCTTCGTGCCCCGCAAAAT
CCGCCCCCGCCTGATAATCCAAGACCCCTACCCGTGCGAGCACTGCCTGC
TCCCCCGGCTGCCCACGAGGCAGCCGGTGATCGAGCACCATGGCCTATGG
GTGGTGGAGGAGACGCCGGAGGCGCTGGCGCAGGTGGAGACGCCGACCAT
GGAGGCGCCGCTGGAGGACCCGCAGACGCAGACCTGCTAGACGCCGTGGC
CGCCGCAGAAACGTAAGGAGACGGCGCAGAGGGAGGTGGAGAAGGAGGTA
CAGGAGGTGGAAAAGAAAGGGCAGACGTAGAAGAAAAGCAAAAATAATAA
TAAGACAGTGGCAGCCAAACTACAGAAGAAGATGTAATATAGTGGGCTAC
CTCCCTATACTTATCTGTGGTGGAAATACTGTTTCTAGAAACTATGCCAC
ACACTCAGACGATACTAACTATCCAGGACCCTTTGGGGGAGGCATGACCA
CAGACAAATTCAGCCTTAGAATACTATATGATGAATACAAAAGATTTATG
AACTACTGGACAGCCTCAAATGAGGACCTAGATCTCTGTAGATATCTAGG
ATGCACTTTTTACTTCTTTAGACACCCTGAAGTAGACTTTATTATAAAAA
TAAACACCATGCCCCCATTCTTAGATACAACCATAACAGCACCTAGCATA
CACCCAGGCCTCATGGCCCTAGACAAAAGAGCCAGATGGATTCCTTCTCT
TAAAAATAGACCAGGTAAAAAACACTATATAAAAATTAGAGTAGGGGCTC
CTAAAATGTTCACAGATAAATGGTACCCTCAAACAGACCTCTGTGACATG
ACACTGCTAACTATCTATGCAACCGCAGCGGATATGCAATATCCGTTCGG
CTCACCACTAACTGACACTGTGGTTGTTAACTCCCAAGTTCTGCAATCCA
TGTATGATGAAACAATTAGCATATTACCTGATGAAAAAACTAAAAGAAAT
AGCCTTCTTACTTCTATAAGAAGCTACATACCTTTTTATAATACTACACA
AACAATAGCTCAATTAAAACCATTTGTAGATGCAGGAGGACACACAACAG
GCTCAACAACAACTACATGGGGACAACTATTAAACACAACTAAATTTACC
ACTACCACAACAACCACATACACATACCCTGGCACCACAAATACAGCAGT
AACATTTATAACAGCCAATGATACCTGGTACAGGGGAACAGCATATAAAG
ATAACATTAAAGATGTACCACAAAAAGCAGCACAATTATACTTTCAAACA
ACACAAAAACTACTAGGAAACACATTCCATGGCTCAGATGAAACACTTGA
ATACCATGCAGGCCTATACAGCTCTATCTGGCTATCACCAGGTAGATCCT
ACTTTGAAACACCAGGTGCATACACAGACATTAAATATAACCCTTTTACA
GACAGAGGAGAAGGCAACATGCTGTGGATAGACTGGCTAAGTAAAAAAAA
CATGAAATATGACAAAGTGCAAAGTAAGTGCCTAGTAGCAGACCTACCAC
TGTGGGCAGCAGCATATGGTTATGTAGAATTCTGCTCTAAAAGCACAGGA
```

[0386]

GACACAAACATACACATGAATGCCAGACTACTAATAAGAAGTCCTTTTAC
AGACCCCCAGCTAATAGTACACACAGACCCCACTAAAGGCTTTGTACCCT
ATTCTTTAAACTTTGGAAATGGTAAAATGCCAGGAGGTAGCAGCAATGTT
CCCATAAGAATGAGAGCTAAGTGGTACCCCACTTTATCCCACCAACAAGA
AGTTCTAGAGGCCTTAGCACAGTCAGGACCCTTTGCTTATCACTCAGACA
TTAAAAAAGTATCTCTAGGCATAAAATACCGTTTTAAGTGGATCTGGGGT
GGAAACCCCGTTCGCCAACAGGTTGTTAGAAATCCCTGCAAGGAACCCCA
CTCCTCGGGCAATAGAGTCCCTAGAAGCATACAAATCGTTGACCCGAGAT
ACAACTCACCGGAACTTACCATCCATGCCTGGGACTTCAGACGTGGCTTC
TTTGGCCCGAAAGCTATTCAAAGAATGCAACAACAACCAACTGCTACTGA
ATTTTTTTCAGCAGGCCGCAAGAGACCCAGAAGGGACACAGAAGTGTATC
AGTCCGACCAAGAAAAGGAGCAAAAAGAAAGCTCGCTTTTCCCCCCAGTC
AAGCTCCTCCGAAGAGTCCCCCCGTGGGAGGACTCGGAACAGGAGCAAAG
CGGGTCGCAAAGCTCAGAGGAAGAGACGGCGACCCTCTCCCAGCAGCTCA
AACAGCAGCTGCAGCAGCAGCGAGTCTTGGGAGTCAAACTCAGACTCCTG
TTCAACCAAGTCCAAAAAATCCAACAAAATCAAGATATCAACCCTACCTT
GTTACCAAGGGGGGGGGATCTAGTATCCTTCTTTCAGGCTGTACCATAAA
TATGTTTCCAGACCCTAAACCTTACTGCCCCTCCAGCAATGACTGGAAAG
AAGAGTATGAGGCCTGTAAATATTGGGATAGACCTCCCAGACACAACCTT
AGAGACCCCCCCTTTTACCCCTGGGCCCCTAAAAACAATCCTTGCAATGT
AAGCTTTAAACTTGGCTTCAAATAAACTAGGCCGTGGGAGTTTCACTTGT
CGGTGTCTACCTCTATAAGTCACTAAGCACTCCGAGCGCAGCGAGGAGTG
CGACCCTTCCCCCTGGTGCAACGCCCTCGGCGGCCGCGCGCTACGCCTTC
GGCTGCGCGCGGCACCTCGGACCCCCGCTCGTGCTGACACGCTTGCGCGT
GTCAGACCACTTCGGGCTCGCGGGGGTCGGGAAATTTGCTAAACAGACTC
CGAGTTGCCATTGGACACTGTAGCTATGAATCAGTAACGAAAGTGAGTGG
GGCCAGACTTCGCCATAAGGCCTTTATCTTCTTGCCATTTGTCAGTATTG
GGGGTCGCCATAAACTTTGGGCTCCATTTTAGGCCTTCCGGACTACAAAA
ATCGCCATATTTGTGACGTCAGAGCCGCCATTTTAAGTCAGCTCTGGGGA
GGCGTGACTTCCAGTTCAAAGGTCATCCTCACCATAACTGGCACAAAATG
GCCGCCAACTTCTTCCGGGTCAAAGGTCACTGCTACGTCATAGGTGACGT
GGGGGGGGACCTACTTAAACACGGAAGTAGGCCCCGACACGTCACTGTCA
CGTGACAGTACGTCACAGCCGCCATTTTGTTTTACAAAATAGCCGACTTC
CTTCCTCTTTTTTAAAAAAAGGCGCCAAAAAACCGTCGGCGGGGGGGCCG
CGCGCTGCGCGCGCGGCCCCCGGGGGAGGCACAGCCTCCCCCCCCCGCGC
GCATGCGCGCGGGTCCCCCCCCCTCCGGGGGGCTCCGCCCCCCGGCCCCC
CCC (SEQ ID NO: 25)

주석:

추정의 도메인	*엄기 범위*
TATA 박스	86 – 90
캡 부위	107 – 114
전사 시작 부위	114
5' UTR 보존된 도메인	174 – 244
ORF2	354 – 716
ORF2/2	354 – 712 ; 2372 – 2873
ORF2/3	354 – 712 ; 2565 – 3075
ORF2t/3	354 – 400 ; 2565 – 3075
ORF1	590 – 2899

[0387]

ORF1/1	590 – 712 ; 2372 – 2899
ORF1/2	590 – 712 ; 2565 – 2873
3개의 오픈-리딩 프레임 영역	2551 – 2870
폴리(A) 신호	3071 – 3076
GC-풍부 영역	3733 – 3853

[0388]

[0389] [표 8]

예시적인 아넬로바이러스 아미노산 서열(알파토르크바이러스, 클레이드 4)

TTV-JA20 (알파토르크바이러스 클레이드 4)	
ORF2	MWTPPRNDQQYLNWQWYTSVLSSHSAMCGCSDAIAHLNHLANLLRAPQNPPPPD NPRPLPVRALPAPPAAHEAAGDRAPWPMGGGGDAGGAGAGGDADHGGAAGGPA DADLLDAVAAAET (SEQ ID NO: 26)
ORF2/2	MWTPPRNDQQYLNWQWYTSVLSSHSAMCGCSDAIAHLNHLANLLRAPQNPPPPD NPRPLPVRALPAPPAAHEAAGDRAPWPMGGGGDAGGAGAGGDADHGGAAGGPA DADLLDAVAAAETLLEIPARNPTPRAIESLEAYKSLTRDTTHRNLPSMPGTSDVASL ARKLFKECNNNQLLLNFFQQAARDPEGTQKCISPTKKRSKKKARFSPQSSSSEESPR GRTRNRSKAGRKAQRKRRRPSPSSSNSSCSSSESWESNSDSCSTKSKKSNKIKISTLP CYQGGGI (SEQ ID NO: 27)
ORF2/3	MWTPPRNDQQYLNWQWYTSVLSSHSAMCGCSDAIAHLNHLANLLRAPQNPPPPD NPRPLPVRALPAPPAAHEAAGDRAPWPMGGGGDAGGAGAGGDADHGGAAGGPA DADLLDAVAAAETPQETQKGHRSVSVRPRKGAKRKLAFPPSQAPPKSPPVGGLGTG AKRVAKLRGRDGDPLPAAQTAAAAAASLGSQTQTPVQPSPKNPTKSRYQPYLVTK GGGSSILLSGCTINMFPDPKPYCPSSNDWKEEYEACKYWDRPPRHNLRDPPFYPWA PKNNPCNVSFKLGFK (SEQ ID NO: 28)
ORF2t/3	MWTPPRNDQQYLNWQWPQETQKGHRSVSVRPRKGAKRKLAFPPSQAPPKSPPVG GLGTGAKRVAKLRGRDGDPLPAAQTAAAAAASLGSQTQTPVQPSPKNPTKSRYQP YLVTKGGGSSILLSGCTINMFPDPKPYCPSSNDWKEEYEACKYWDRPPRHNLRDPP FYPWAPKNNPCNVSFKLGFK (SEQ ID NO: 29)
ORF1	MAYGWWRRRRRRWRRWRRRPWRRRWRTRRRRPARRRGRRRNVRRRRRGRWRR RYRRWKRKGRRRRKAKIIIRQWQPNYRRRCNIVGYLPILICGGNTVSRNYATHSDD TNYPGPFGGGMTTDKFSLRILYDEYKRFMNYWTASNEDLDLCRYLGCTFYFFRHPE VDFIIKINTMPPFLDTTITAPSIHPGLMALDKRARWIPSLKNRPGKKHYIKIRVGAPK MFTDKWYPQTDLCDMTLLTIYATAADMQYPFGSPLTDTVVVNSQVLQSMYDETISI LPDEKTKRNSLLTSIRSYIPFYNTTQTIAQLKPFVDAGGHTTGSTTTTWGQLLNTTKF

[0390]

	TTTTTTTYTYPGTTNTAVTFITANDTWYRGTAYKDNIKDVPQKAAQLYFQTTQKLL GNTFHGSDETLEYHAGLYSSIWLSPGRSYFETPGAYTDIKYNPFTDRGEGNMLWID WLSKKNMKYDKVQSKCLVADLPLWAAAYGYVEFCSKSTGDTNIHMNARLLIRSPF TDPQLIVHTDPTKGFVPYSLNFGNGKMPGGSSNVPIRMRAKWYPTLSHQQEVLEAL AQSGPFAYHSDIKKVSLGIKYRFKWIWGGNPVRQQVVRNPCKEPHSSGNRVPRSIQI VDPRYNSPELTIHAWDFRRGFFGPKAIQRMQQQPTATEFFSAGRKRPRRDTEVYQS DQEKEQKESSLFPPVKLLRRVPPWEDSEQEQSGSQSSEEETATLSQQLKQQLQQQR VLGVKLRLLFNQVQKIQQNQDINPTLLPRGGDLVSFFQAVP (SEQ ID NO: 30)
ORF1/1	MAYGWWRRRRRRWRRWRRRPWRRRWRTRRRRPARRRGRRRNVVRNPCKEPHSS GNRVPRSIQIVDPRYNSPELTIHAWDFRRGFFGPKAIQRMQQQPTATEFFSAGRKRP RRDTEVYQSDQEKEQKESSLFPPVKLLRRVPPWEDSEQEQSGSQSSEEETATLSQQL KQQLQQQRVLGVKLRLLFNQVQKIQQNQDINPTLLPRGGDLVSFFQAVP (SEQ ID NO: 31)
ORF1/2	MAYGWWRRRRRRWRRWRRRPWRRRWRTRRRRPARRRGRRRNAARDPEGTQKCI SPTKKRSKKKARFSPQSSSSEESPRGRTRNRSKAGRKAQRKRRRPSPSSSNSSCSSSE SWESNSDSCSTKSKKSNKIKISTLPCYQGGGI (SEQ ID NO: 32)

[0391]

[0392] [표 9]

예시적인 아넬로바이러스 핵산 서열(알파토르크바이러스, 클레이드 5)

명칭	TTV-HD23a
속/클레이드	알파토르크바이러스, 클레이드 5
수탁 번호	FR751500.1

전체 서열: 3758 bp

```
1         10         20         30         40         50
|         |          |          |          |          |
AAAGTACGTCACTAACCACGTGACTCCCACAGGCCAACCACAGTCTACGT
CGTGCATTTCCTGGGCATGGTCTACATCATAATATAAGAAGGCGCACTTC
CGAATGGCTGAGTTTTCCACGCCCGTCCGCAGCGAGAACGCCACGGAGGG
AGATCCTCGCGTCCCGAGGGCGGGTGCCGGAGGTGAGTTTACACACCGCA
GTCAAGGGGCAATTCGGGCTCGGGACTGGCCGGGCCCTGGGCAAGGCTCT
TAAAAAATGCGCTTTCGCAGGGTTGCGGAGAAAAGGAAAGTGCTTCTGCA
AACTCTGCGAGCTGCAAAGCAGGCTAGGCGGCTTCTAGGTATGTGGCAGC
CCCCCGCGCACAATGTCCCCGGCATCGAGAGAAACTGGTACGAGAGCTGC
TTCAGGTCTCACGCTGCTGTTTGTGGCTGTGGCGACTTTGTTGGCCATAT
TAATCATTTGGCAACTACTCTGGGTCGTCCTCCGCGTCCTGGGCCCCCAG
GCGGACCCCGCACGCCGCAAATAAGAAACCTGCCAGCGCTCCCGGCGCCC
CAGGGCGAGCCCGGTGACAGAGCGCCATGGCGTGGGGTTTCTGGGGCCGA
CGCCGCCGGTGGAGACGGTGGAGAGCGCGGCGCAGACGGTGGAGACCCCG
GAGACGTAGGAGACGACGCCCTGCTCGCCGCTTTCGAGCTCGTCGAAGAG
TAAGGAGACGCGGGGGGAGGTGGCGCAGACGCTACAGAAAATGGCGACGG
GGCAGACGCAGACGGACTCACAGAAAAAAGATAATTATAAAACAGTGGCA
ACCAAACTTTATTAGACGCTGCTACATAATAGGATGCCTACCTCTCGTTT
TCTGTGGCGAAAATACAACCGCCCAGAACTATGCCACTCACTCAGACGAT
```

[0393]

```
ATGATAAGCAAAGGACCGTACGGGGGGGGCATGACTACCACGAAATTCAC
TCTGAGAATACTGTACGACGAGTTTACCAGGTTTATGAACTTTTGGACTG
TCAGTAACGAAGACCTAGACCTGTGTAGATACGTGGGCTGCAAACTGATA
TTTTTTAAACACCCCACGGTGGACTTTATGGTACAGATAAACACTCAGCC
TCCTTTCTTAGACACAAGCCTCACCGCGGCCAGCATACACCCGGGCATCA
TGATGCTCAGCAAGAGACGCATATTAATACCCTCTCTAAAGACCCGGCCG
AGCAGAAAACACAGGGTGGTCGTCAGGGTGGGCGCCCCAAGACTTTTTCA
GGACAAGTGGTACCCCCAGTCAGACCTATGTGACACAGTTCTGCTTTCCA
TATTTGCAACCGCCCGCGACTTGCAATATCCGTTCGGCTCACCACTAACT
GACAACCCTTGCGTCAACTTCCAGATCCTGGGGCCCCAGTACAAAAAACA
CCTTAGTATTAGCTCCACTATGGATGATACTAACAAACAGCACTATAACA
GCAACTTATTTAATAAAACTGCACTATACAACACCTTTCAAACCATAGCC
CGGCTTAAAGAGACAGGACAAACTGCAAACATTAGTCCAAGTTGGAGTGA
AGTACAAAACACAAAACTACTAGATCACACAGGTGCTAATGCAACTGCCA
GCAGAGACACTTGGTACAAGGGAAACACATACAATGACTACATACAACAG
TTAGCAGAGAAAACAAGAGAAAGGTTTAAAAAAGCAACAATGTCAGCACT
ACCAAACTACCCCACAATAATGTCCACAGACTTATACGAATACCACTCAG
GCATATACTCCAGCATATTTCTATCAGCTGGCAGGAGCTACTTTGAAACC
ACTGGGGCCTACTCTGACATTATATACAACCCTTTGACAGACAAAGGCAC
AGGCAACATAATCTGGATAGACTACCTTACAAAAGACGACACAATCTTTG
TAAAAAACAAAAGCAAATGTGAGATAATGGACATGCCCCTGTGGGCGGCC
GGCACAGGATACACAGAGTTTTGTGCAAAGTACACAGGAGACTCTGCCAT
TATTTACAATGCCAGAATACTCATAAGATGCCCATACACTGAACCCATGC
TAATAGACCACTCAGACCCAAACAAAGGCTTTGTACCGTACTCATTTAAC
TTTGGCAACGGAAAGATGCCGGGAGGCAGCTCCAACGTGCCCATAAGAAT
GAGAGCCAAGTGGTACGTAAACATATTCCACCAAAAAGAAGTATTGGAGA
GCATAGTACAGTCCGGACCGTTCGGGTACAGGGGCGACATAAAATCAGCT
GTACTGTCCATGAAATACAGATTTCACTGGAAATGGGGCGGAAACCCTAT
ATCCAAACAGGTCGTCAGGAATCCCTGCTCCAACTCCAGCACCTCCGCGG
CCCATAGAGGACCTCGCAGCGTACAAGCGGTTGACCCGAAATACAATACC
CCAGAAGTCACTTGGCACTCGTGGGACATCAGACGAGGACTCTTTGGCAA
AGCAGGTATTAAAAGAATGCAACAAGAATCAGATGCTCTTTACGTTCCTG
CAGGACCACTCAAGAGGCCTCGCAGAGACACCAACGCCCAAGACCCGGAA
AAGCAAAACGAAAGCTCACGTTTCGGAGTCCAGCAGCGACTCCCGTGGGT
CCACTCCAGCCAAGAGACGCAAAGCTCCGAAGAAGAGACGCAGGCGCAGG
GGTCGGTACAAGACCAACTACTCCTCCAGCTCCGAGAGCAGCGAGTACTC
CGACTCCAGCTCCAACAACTCGCACCCCAAGTCCTCAAAGTTCAAGCAGG
ACACAGCCTACACCCCCTATTATCCTCCCAAGCATAAACAAAGCCTATAT
GTTTGAACCCCAGGGTCCTAAACCCATACAGGGGTACAACGATTGGCTAG
AGGAGTACACTAGTTGCAAGTTCCGGGGACAGACCCCCGAGAATGCTACAC
ACAGACTTACCCTTTTACCCCTGGGCACCAAAACCCCAAGACCAAGTCAG
GGTAACCTTTAAACTCAACTTTCAATAAAAATTCTAGGCCGTGGGACTTT
CACTTGTCGGTGTCTGCTTCTTAAGGTCGCCAAGCACTCCGAGCGTCAGC
GAGGAGTGCGACCCCCCCCCTCGGTAGCAACGCCTTCGGAGCCGCGCGCT
ACGCCTTCGGCTGCGCGCGGCACCTCAGACCCCCCCTCCACCCGAAACGC
TTGCGCGTTTCGGACCTTCGGCGTCGGGGGGGTCGGGAGCTTTATTAAAC
AGACTCCGAGTTGCCATTGGACACTGGAGCTGTGAATCAGTAACGAAAGT
GAGTGGGGCCAGACTTCGCCATAGGGCCTTTATCTTCTCGCCATTGGATA
GTGTCCGGGGTTGCCGTAGGCTTCGGCCTCGTTTTTAGGCCTTCCGGACT
ACAAAAATGGCGGATTTTGTGACGTCACGGCCGCCATTTTAAGTAAGGCG
GAAGCAGCTCCACCCTCTCACATAATGGCGGCGGAGCACTCCCGGCTTGC
CCAAAATGGCGGGCAAGCTCTTCCGGGTCAAAGGTTGGCAGCTACGTCAC
AAGTCACCTGACTGGGGAGGAGTTACATCCCGGAAGTTCTCCTCGGTCAC
GTGACTGTACACGTGACTGCTACGTCATTGACGCCATCTTGTGTCACAAA
ATGGCGGTGCACTTCCGCTTTTTTGAAAAAAGGCGCGAAAAAACGGCGGC
GGCGGCGCGCGCGCTGCGCGCGCGCCGGGGGGGCGCCAGCGCCCCCCC
CCCCGCGCATGCACGGGTCCCCCCCCCCACGGGGGGCTCCGCCCCCCGGC
```

[0394]

CCCCCCCC (SEQ ID NO: 33)

주석:

추정의 도메인	*엮기 범위*
TATA 박스	83– 87
캡 부위	104 – 111
전사 시작 부위	111
5' UTR 보존된 도메인	171 – 241
ORF2	341 – 703
ORF2/2	341 – 699 ; 2311 – 2806
ORF2/3	341 – 699 ; 2504 – 2978
ORF2t/3	341 – 387 ; 2504 – 2978
ORF1	577 – 2787
ORF1/1	577 – 699 ; 2311 – 2787
ORF1/2	577 – 699 ; 2504 – 2806
3개의 오픈-리딩 프레임 영역	2463 – 2784
폴리(A) 신호	2974 – 2979
GC-풍부 영역	3644 – 3758

[0395]

[0396] [표 10]

예시적인 아넬로바이러스 아미노산 서열(알파토르크바이러스, 클레이드 5)

TTV-HD23a (알파토르크바이러스 클레이드 5)	
ORF2	MWQPPAHNVPGIERNWYESCFRSHAAVCGCGDFVGHINHLATTLGRPPRPGPPGGP RTPQIRNLPALPAPQGEPGDRAPWRGVSGADAAGGDGGERGADGGDPGDVGDDA LLAAFELVEE (SEQ ID NO: 34)
ORF2/2	MWQPPAHNVPGIERNWYESCFRSHAAVCGCGDFVGHINHLATTLGRPPRPGPPGGP RTPQIRNLPALPAPQGEPGDRAPWRGVSGADAAGGDGGERGADGGDPGDVGDDA LLAAFELVEESSGIPAPTPAPPRPIEDLAAYKRLTRNTIPQKSLGTRGTSDEDSLAKQ VLKECNKNQMLFTFLQDHSRGLAETPTPKTRKSKTKAHVSESSSDSRGSTPAKRRK APKKRRRRRGRYKTNYSSSSESSEYSDSSSNNSHPKSSKFKQDTAYTPYYPPKHKQS LYV (SEQ ID NO: 35)
ORF2/3	MWQPPAHNVPGIERNWYESCFRSHAAVCGCGDFVGHINHLATTLGRPPRPGPPGGP RTPQIRNLPALPAPQGEPGDRAPWRGVSGADAAGGDGGERGADGGDPGDVGDDA LLAAFELVEETTQEASQRHQRPRPGKAKRKLTFRSPAATPVGPLQPRDAKLRRRDA GAGVGTRPTTPPAPRAASTPTPAPTTRTPSPQSSSRTQPTPPIILPSINKAYMFEPQGPK

[0397]

	PIQGYNDWLEEYTSCKFRDRPPRMLHTDLPFYPWAPKPQDQVRVTFKLNFQ (SEQ ID NO: 36)
ORF2t/3	MWQPPAHNVPGIERNWTTQEASQRHQRPRPGKAKRKLTFRSPAATPVGPLQPRDA KLRRRDAGAGVGTRPTTPPAPRAASTPTPAPTTRTPSPQSSSRTQPTPPIILPSINKAY MFEPQGPKPIQGYNDWLEEYTSCKFRDRPPRMLHTDLPFYPWAPKPQDQVRVTFKL NFQ (SEQ ID NO: 37)
ORF1	MAWGFWGRRRRWRRWRARRRRWRPRRRRRRRPARRFRARRRVRRRGGRWRRR YRKWRRGRRRRTHRKKIIIKQWQPNFIRRCYIIGCLPLVFCGENTTAQNYATHSDDM ISKGPYGGGMTTTKFTLRILYDEFTRFMNFWTVSNEDLDLCRYVGCKLIFFKHPTVD FMVQINTQPPFLDTSLTAASIHPGIMMLSKRRILIPSLKTRPSRKHRVVVRVGAPRLF QDKWYPQSDLCDTVLLSIFATARDLQYPFGSPLTDNPCVNFQILGPQYKKHLSISST MDDTNKQHYNSNLFNKTALYNTFQTIARLKETGQTANISPSWSEVQNTKLLDHTG ANATASRDTWYKGNTYNDYIQQLAEKTRERFKKATMSALPNYPTIMSTDLYEYHS GIYSSIFLSAGRSYFETTGAYSDIIYNPLTDKGTGNIIWIDYLTKDDTIFVKNKSKCEI MDMPLWAAGTGYTEFCAKYTGDSAIIYNARILIRCPYTEPMLIDHSDPNKGFVPYSF NFGNGKMPGGSSNVPIRMRAKWYVNIFHQKEVLESIVQSGPFGYRGDIKSAVLSMK YRFHWKWGGNPISKQVVRNPCSNSSTSAAHRGPRSVQAVDPKYNTPEVTWHSWDI RRGLFGKAGIKRMQQESDALYVPAGPLKRPRRDTNAQDPEKQNESSRFGVQQRLP WVHSSQETQSSEEETQAQGSVQDQLLLQLREQRVLRLQLQQLAPQVLKVQAGHSL HPLLSSQA (SEQ ID NO: 38)
ORF1/1	MAWGFWGRRRRWRRWRARRRRWRPRRRRRRRPARRFRARRRVVRNPCSNSSTS AAHRGPRSVQAVDPKYNTPEVTWHSWDIRRGLFGKAGIKRMQQESDALYVPAGPL KRPRRDTNAQDPEKQNESSRFGVQQRLPWVHSSQETQSSEEETQAQGSVQDQLLLQ LREQRVLRLQLQQLAPQVLKVQAGHSLHPLLSSQA (SEQ ID NO: 39)
ORF1/2	MAWGFWGRRRRWRRWRARRRRWRPRRRRRRRPARRFRARRRDHSRGLAETPTP KTRKSKTKAHVSESSSDSRGSTPAKRRKAPKKRRRRRGRYKTNYSSSSESSEYSDSS SNNSHPKSSKFKQDTAYTPYYPPKHKQSLYV (SEQ ID NO: 40)

[0398]

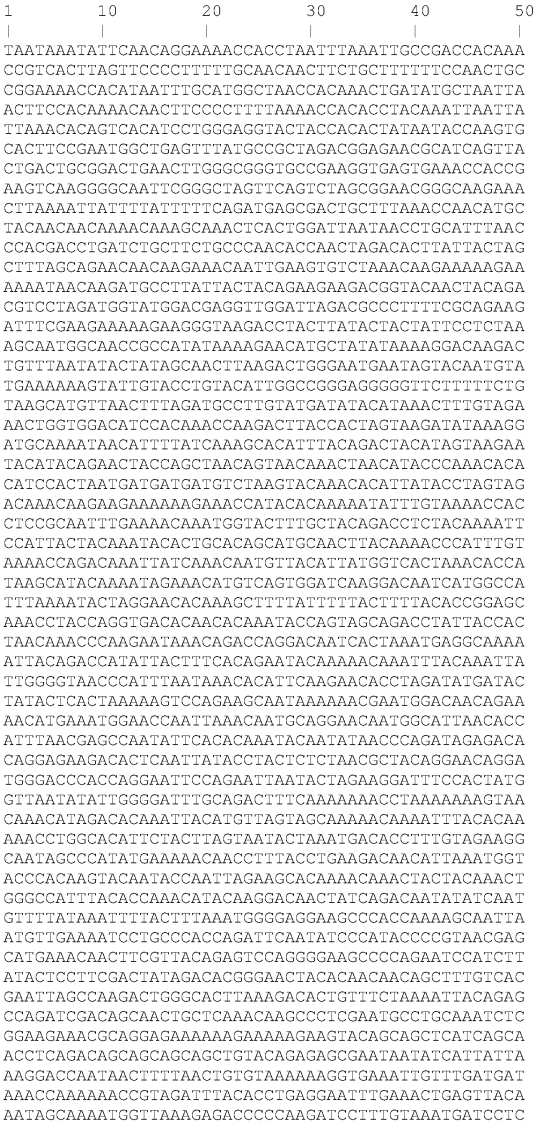
[0399] [표 11]

예시적인 아넬로바이러스 핵산 서열(베타토르크바이러스)

명칭	TTMV-LY2
속/클레이드	베타토르크바이러스
수탁 번호	JX134045.1

전체 서열: 2797 bp

[0400]


1 10 20 30 40 50
TAATAAATATTCAACAGGAAAACCACCTAATTTAAATTGCCGACCACAAA
CCGTCACTTAGTTCCCCTTTTTGCAACAACTTCTGCTTTTTTTCCAACTGC
CGGAAAACCACATAATTTGCATGGCTAACCACAAACTGATATGCTAATTA
ACTTCCACAAAACAACTTCCCCTTTTAAAACCACACCTACAAATTAATTA
TTAAACACAGTCACATCCTGGGAGGTACTACCACACTATAATACCAAGTG
CACTTCCGAATGGCTGAGTTTATGCCGCTAGACGGAGAACGCATCAGTTA
CTGACTGCGGACTGAACTTGGGCGGGTGCCGAAGGTGAGTGAAACCACCG
AAGTCAAGGGGCAATTCGGGCTAGTTCAGTCTAGCGGAACGGGCAAGAAA
CTTAAAATTATTTTATTTTTCAGATGAGCGACTGCTTTAAACCAACATGC
TACAACAACAAAACAAAGCAAACTCACTGGATTAATAACCTGCATTTAAC
CCACGACCTGATCTGCTTCTGCCCAACACCAACTAGACACTTATTACTAG
CTTTAGCAGAACAACAAGAAACAATTGAAGTGTCTAAACAAGAAAAAGAA
AAAATAACAAGATGCCTTATTACTACAGAAGAAGACGGTACAACTACAGA
CGTCCTAGATGGTATGGACGAGGTTGGATTAGACGCCCTTTTCGCAGAAG
ATTTCGAAGAAAAAGAAGGGTAAGACCTACTTATACTACTATTCCTCTAA
AGCAATGGCAACCGCCATATAAAAGAACATGCTATATAAAAGGACAAGAC
TGTTTAATATACTATAGCAACTTAAGACTGGGAATGAATAGTACAATGTA
TGAAAAAAGTATTGTACCTGTACATTGGCCGGGAGGGGGTTCTTTTTCTG
TAAGCATGTTAACTTTAGATGCCTTGTATGATATACATAAACTTTGTAGA
AACTGGTGGACATCCACAAACCAAGACTTACCACTAGTAAGATATAAAGG
ATGCAAAATAACATTTTATCAAAGCACATTTACAGACTACATAGTAAGAA
TACATACAGAACTACCAGCTAACAGTAACAAACTAACATACCCAAACACA
CATCCACTAATGATGATGATGTCTAAGTACAAACACATTATACCTAGTAG
ACAAACAAGAAGAAAAAAGAAACCATACACAAAAATATTTGTAAAACCAC
CTCCGCAATTTGAAAACAAATGGTACTTTGCTACAGACCTCTACAAAATT
CCATTACTACAAATACACTGCACAGCATGCAACTTACAAAACCCATTTGT
AAAACCAGACAAATTATCAAACAATGTTACATTATGGTCACTAAACACCA
TAAGCATACAAAATAGAAACATGTCAGTGGATCAAGGACAATCATGGCCA
TTTAAAATACTAGGAACACAAAGCTTTTATTTTTACTTTTACACCGGAGC
AAACCTACCAGGTGACACAACACAAATACCAGTAGCAGACCTATTACCAC
TAACAAACCCAAGAATAAACAGACCAGGACAATCACTAAATGAGGCAAAA
ATTACAGACCATATTACTTTCACAGAATACAAAAACAAATTTACAAATTA
TTGGGGTAACCCATTTAATAAACACATTCAAGAACACCTAGATATGATAC
TATACTCACTAAAAAGTCCAGAAGCAATAAAAAACGAATGGACAACAGAA
AACATGAAATGGAACCAATTAAACAATGCAGGAACAATGGCATTAACACC
ATTTAACGAGCCAATATTCACACAAATACAATATAACCCAGATAGAGACA
CAGGAGAAGACACTCAATTATACCTACTCTCTAACGCTACAGGAACAGGA
TGGGACCCACCAGGAATTCCAGAATTAATACTAGAAGGATTTCCACTATG
GTTAATATATTGGGGATTTGCAGACTTTCAAAAAAACCTAAAAAAAGTAA
CAAACATAGACACAAATTACATGTTAGTAGCAAAAACAAAATTTACACAA
AAACCTGGCACATTCTACTTAGTAATACTAAATGACACCTTTGTAGAAGG
CAATAGCCCATATGAAAAACAACCTTTACCTGAAGACAACATTAAATGGT
ACCCACAAGTACAATACCAATTAGAAGCACAAAACAAACTACTACAAACT
GGGCCATTTACACCAAACATACAAGGACAACTATCAGACAATATATCAAT
GTTTTATAAATTTTACTTTAAATGGGGAGGAAGCCCACCAAAAGCAATTA
ATGTTGAAAATCCTGCCCACCAGATTCAATATCCCATACCCCGTAACGAG
CATGAAACAACTTCGTTACAGAGTCCAGGGGAAGCCCCAGAATCCATCTT
ATACTCCTTCGACTATAGACACGGGAACTACACAACAACAGCTTTGTCAC
GAATTAGCCAAGACTGGGCACTTAAAGACACTGTTTCTAAAATTACAGAG
CCAGATCGACAGCAACTGCTCAAACAAGCCCTCGAATGCCTGCAAATCTC
GGAAGAAACGCAGGAGAAAAAAGAAAAAGAAGTACAGCAGCTCATCAGCA
ACCTCAGACAGCAGCAGCAGCTGTACAGAGAGCGAATAATATCATTATTA
AAGGACCAATAACTTTTAACTGTGTAAAAAAGGTGAAATTGTTTGATGAT
AAACCAAAAAACCGTAGATTTACACCTGAGGAATTTGAAACTGAGTTACA
AATAGCAAAATGGTTAAAGAGACCCCCAAGATCCTTTGTAAATGATCCTC

[0401]

CCTTTTACCCATGGTTACCACCTGAACCTGTTGTAAACTTTAAGCTTAAT
TTTACTGAATAAAGGCCAGCATTAATTCACTTAAGGAGTCTGTTTATTTA
AGTTAAACCTTAATAAACGGTCACCGCCTCCCTAATACGCAGGCGCAGAA
AGGGGGCTCCGCCCCCTTTAACCCCCAGGGGGCTCCGCCCCCTGAAACCC
CCAAGGGGGCTACGCCCCCTTACACCCCC (SEQ ID NO: 41)

주석:

추정의 도메인	*염기 범위*
TATA 박스	237– 243
캡 부위	260 – 267
전사 시작 부위	267
5' UTR 보존된 도메인	323 – 393
ORF2	424 – 723
ORF2/2	424 – 719 ; 2274 – 2589
ORF2/3	424 – 719 ; 2449 – 2812
ORF1	612 – 2612
ORF1/1	612 – 719 ; 2274 – 2612
ORF1/2	612 – 719 ; 2449 – 2589
3개의 오픈-리딩 프레임 영역	2441 – 2586
폴리(A) 신호	2808 – 2813
GC-풍부 영역	2868 – 2929

[0402]

[0403] [표 12]

예시적인 아넬로바이러스 아미노산 서열(베타토르크바이러스)

TTMV-LY2(베타토르크바이러스)	
ORF2	MSDCFKPTCYNNKTKQTHWINNLHLTHDLICFCPTPTRHLLLALAEQQETIEVSKQE KEKITRCLITTEEDGTTTDVLDGMDEVGLDALFAEDFEEKEG (SEQ ID NO: 42)
ORF2/2	MSDCFKPTCYNNKTKQTHWINNLHLTHDLICFCPTPTRHLLLALAEQQETIEVSKQE KEKITRCLITTEEDGTTTDVLDGMDEVGLDALFAEDFEEKEGFNIPYPVTSMKQLRY RVQGKPQNPSYTPSTIDTGTTQQQLCHELAKTGHLKTLFLKLQSQIDSNCSNKPSNA CKSRKKRRRKKKKKYSSSSATSDSSSSCTESE (SEQ ID NO: 43)
ORF2/3	MSDCFKPTCYNNKTKQTHWINNLHLTHDLICFCPTPTRHLLLALAEQQETIEVSKQE KEKITRCLITTEEDGTTTDVLDGMDEVGLDALFAEDFEEKEGARSTATAQTSPRMP ANLGRNAGEKRKRSTAAHQQPQTAAAAVQRANNIIIKGPITFNCVKKVKLFDDKPK NRRFTPEEFETELQIAKWLKRPPRSFVNDPPFYPWLPPEPVVNFKLNFTE (SEQ ID NO: 44)
ORF1	MPYYYRRRRYNYRRPRWYGRGWIRRPFRRRFRRKRRVRPTYTTIPLKQWQPPYKR

[0404]

	TCYIKGQDCLIYYSNLRLGMNSTMYEKSIVPVHWPGGGSFSVSMLTLDALYDIHKL CRNWWTSTNQDLPLVRYKGCKITFYQSTFTDYIVRIHTELPANSNKLTYPNTHPLM MMMSKYKHIIPSRQTRRKKKPYTKIFVKPPPQFENKWYFATDLYKIPLLQIHCTACN LQNPFVKPDKLSNNVTLWSLNTISIQNRNMSVDQGQSWPFKILGTQSFYFYFYTGA NLPGDTTQIPVADLLPLTNPRINRPGQSLNEAKITDHITFTEYKNKFTNYWGNPFNK HIQEHLDMILYSLKSPEAIKNEWTTENMKWNQLNNAGTMALTPFNEPIFTQIQYNP DRDTGEDTQLYLLSNATGTGWDPPGIPELILEGFPLWLIYWGFADFQKNLKKVTNID TNYMLVAKTKFTQKPGTFYLVILNDTFVEGNSPYEKQPLPEDNIKWYPQVQYQLEA QNKLLQTGPFTPNIQGQLSDNISMFYKFYFKWGGSPPKAINVENPAHQIQYPIPRNE HETTSLQSPGEAPESILYSFDYRHGNYTTTALSRISQDWALKDTVSKITEPDRQQLLK QALECLQISEETQEKKEKEVQQLISNLRQQQQLYRERIISLLKDQ (SEQ ID NO: 45)
ORF1/1	MPYYYRRRRYNYRRPRWYGRGWIRRPFRRRFRRKRRIQYPIPRNEHETTSLQSPGE APESILYSFDYRHGNYTTTALSRISQDWALKDTVSKITEPDRQQLLKQALECLQISEE TQEKKEKEVQQLISNLRQQQQLYRERIISLLKDQ (SEQ ID NO: 46)
ORF1/2	MPYYYRRRRYNYRRPRWYGRGWIRRPFRRRFRRKRRSQIDSNCSNKPSNACKSRK KRRRKKKKKYSSSSATSDSSSSCTESE (SEQ ID NO: 47)

[0405]

[0406] [표 13]

예시적인 아넬로바이러스 핵산 서열(감마토르크바이러스)

명칭	TTMDV-MD1-073
속/클레이드	감마토르크바이러스
수탁 번호	AB290918.1

전체 서열: 3242 bp

```
1         10         20         30         40         50
|         |          |          |          |          |
AGGTGGAGACTCTTAAGCTATATAACCAAGTGGGGTGGCGAATGGCTGAG
TTTACCCCGCTAGACGGTGCAGGGACCGGATCGAGCGCAGCGAGGAGGTC
CCCGGCTGCCCGTGGGCGGGAGCCCGAGGTGAGTGAAACCACCGAGGTCT
AGGGGCAATTCGGGCTAGGGCAGTCTAGCGGAACGGGCAAGAAACTTAAA
AATATTTCTTTTACAGATGCAAAACCTATCAGCCAAAGACTTCTACAAAC
CATGCAGATACAACTGTGAAACTAAAAACCAAATGTGGATGTCTGGCATT
GCTGACTCCCATGACAGTTGGTGTGACTGTGATACTCCTTTTGCTCACCT
CCTGGCTAGTATTTTTCCTCCTGGTCACACAGATCGCACACGAACCATCC
AAGAAATACTTACCAGAGATTTTAGGAAAACATGCCTTTCTGGTGGGGCC
GACGCAACAAATTCTGGTATGGCCGAAACTATAGAAGAAAAAAGAGAAGA
TTTCCAAAAAGAAGAAAAAGAAGATTTTACAGAAGAACAAAATATAGAAG
ACCTGCTCGCCGCCGTCGCAGACGCAGAAGGAAGGTAAGAAGAAAAAAAA
AAACTCTTATAGTAAGACAATGGCAGCCAGACTCTATTGTACTCTGTAAA
ATTAAAGGGTATGACTCTATAATATGGGGAGCTGAAGGCACACAGTTTCA
ATGTTCTACACATGAAATGTATGAATATACAAGACAAAAGTACCCTGGGG
GAGGAGGATTTGGTGTACAACTTTACAGCTTAGAGTATTTGTATGACCAA
TGGAAACTTAGAAATAATATATGGACTAAAACAAATCAACTCAAAGATTT
GTGTAGATACTTAAAATGTGTTATGACCTTTTACAGACACCAACACATAG
```

[0407]

```
ATTTTGTAATTGTATATGAAAGACAACCCCCATTTGAAATAGATAAACTA
ACATACATGAAATATCATCCATATATGTTATTACAAAGAAAGCATAAAAT
AATTTTACCTAGTCAAACAACTAATCCTAGAGGTAAATTAAAAAAAAAGA
AAACTATTAAACCTCCCAAACAAATGCTCAGCAAATGGTTTTTTCAACAA
CAATTTGCTAAATATGATCTACTACTTATTGCTGCAGCAGCATGTAGTTT
AAGATACCCTAGAATAGGCTGCTGCAATGAAAATAGAATGATAACCTTAT
ACTGTTTAAATACTAAATTTTATCAAGATACAGAATGGGGAACTACAAAA
CAGGCCCCCCACTACTTTAAACCATATGCAACAATTAATAAATCCATGAT
ATTTGTCTCTAACTATGGAGGTAAAAAAACAGAATATAACATAGGCCAAT
GGATAGAAACAGATATACCTGGAGAAGGTAATCTAGCAAGATACTACAGA
TCAATAAGTAAAGAAGGAGGTTACTTTTCACCTAAAATACTGCAAGCATA
TCAAACAAAAGTAAAGTCTGTAGACTACAAACCTTTACCAATTGTTTTAG
GTAGATATAACCCAGCAATAGATGATGGAAAAGGCAACAAAATTTACTTA
CAAACTATAATGAATGGCCATTGGGGCCTACCTCAAAAAACACCAGATTA
TATAATAGAAGAGGTCCCTCTTTGGCTAGGCTTCTGGGGATACTATAACT
ACTTAAAACAAACAAGAACTGAAGCTATATTTCCACTACACATGTTTGTA
GTGCAAAGCAAATACATTCAAACACAACAAACAGAAACACCTAACAATTT
TTGGGCATTTATAGACAACAGCTTTATACAGGGCAAAAACCCATGGGACT
CAGTTATTACTTACTCAGAACAAAAGCTATGGTTTCCTACAGTTGCATGG
CAACTAAAAACCATAAATGCTATTTGTGAAAGTGGACCATATGTACCTAA
ACTAGACAATCAAACATATAGTACCTGGGAACTAGCAACTCATTACTCAT
TTCACTTTAAATGGGGTGGTCCACAGATATCAGACCAACCAGTTGAAGAC
CCAGGAAACAAAAACAAATATGATGTGCCCGATACAATCAAAGAAGCATT
ACAAATTGTTAACCCAGCAAAAAACATTGCTGCCACGATGTTCCATGACT
GGGACTACAGACGGGGTTGCATTACATCAACAGCTATTAAAAGAATGCAA
CAAAACCTCCCAACTGATTCATCTCTCGAATCTGATTCAGACTCAGAACC
AGCACCCAAGAAAAAAAGACTACTACCAGTCCTCCACGACCCACAAAAGA
AAACGGAAAAGATCAACCAATGTCTCCTCTCTCTCTGCGAAGAAAGTACA
TGCCAGGAGCAGGAAACGGAGGAAAACATCCTCAAGCTCATCCAGCAGCA
GCAGCAGCAGCAGCAGAAACTCAAGCACAACCTCTTAGTACTAATCAAGG
ACTTAAAAGTGAAACAAAGATTATTACAACTACAAACGGGGGTACTAGAA
TAACCCTTACCAGATTTAAACCAGGATTTGAGCAAGAAACTGAAAAAGAG
TTAGCACAAGCATTTAACAGACCCCCTAGACTGTTCAAAGAAGATAAACC
CTTTTACCCCTGGCTACCCAGATTTACACCCCTTGTAAACTTTCACCTTA
ATTTTAAAGGCTAGGCCTACACTGCTCACTTAGTGGTGTATGTTTATTAA
AGTTTGCACCCCAGAAAAATTGTAAAATAAAAAAAAAAAAAAAAAAATAAA
AAATTGCAAAAATTCGGCGCTCGCGCGCGCTGCGCGCGCGAGCGCCGTCA
CGCGCCGGCGCTCGCGCGCCGCGCGTATGTGCTAACACACCACGCACCTA
GATTGGGGTGCGCGCGTAGCGCGCGCACCCCAATGCGCCCCGCCCTCGTT
CCGACCCGCTTGCGCGGGTCGGACCACTTCGGGCTCGGGGGGGCGCGCCT
GCGGCGCTTATTTACTAAACAGACTCCGAGTCGCCATTGGGCCCCCCCTA
AGCTCCGCCCCCCCTCATGAATATTCATAAAGGAAACCACAAAATTAGAAT
TGCCGACCACAAACTGCCATATGCTAATTAGTTCCCCTTTTACACAGTAA
AAAGGGGAAGTGGGGGGGCAGAGCCCCCCCACACCCCCCGCGGGGGGGGC
AGAGCCCCCCCCGCACCCCCCCTACGTCACAGGCCACGCCCCCGCCGCCA
TCTTGGGTGCGGCAGGGCGGGGACTAAAATGGCGGGACCCAATCATTTTA
TACTTTCACTTTCCAATTAAAACCCGCCACGTCACACAAAAG (SEQ ID NO: 48)
```

주석:

추정의 도메인	*엄기 범위*
TATA 박스	21– 25
캡 부위	42 – 49
전사 시작 부위	49

[0408]

5' UTR 보존된 도메인	117 – 187
ORF2	283 – 588
ORF2/2	283 – 584 ; 1977 – 2388
ORF2/3	283 – 584 ; 2197 – 2614
ORF1	432 – 2453
ORF1/1	432 – 584 ; 1977 – 2453
ORF1/2	432 – 584 ; 2197 – 2388
3개의 오픈-리딩 프레임 영역	2186 – 2385
폴리(A) 신호	2676 – 2681
GC-풍부 영역	3054 – 3172

[0409]

[0410] [표 14]

예시적인 아넬로바이러스 아미노산 서열(감마토르크바이러스)

TTMDV-MD1-073 (감마토르크바이러스)	
ORF2	MWMSGIADSHDSWCDCDTPFAHLLASIFPPGHTDRTRTIQEILTRDFRKTCLSGGAD ATNSGMAETIEEKREDFQKEEKEDFTEEQNIEDLLAAVADAEGR (SEQ ID NO: 49)
ORF2/2	MWMSGIADSHDSWCDCDTPFAHLLASIFPPGHTDRTRTIQEILTRDFRKTCLSGGAD ATNSGMAETIEEKREDFQKEEKEDFTEEQNIEDLLAAVADAEGRYQTNQLKTQETK TNMMCPIQSKKHYKLLTQQKTLLPRCSMTGTTDGVALHQQLLKECNKTSQLIHLSN LIQTQNQHPRKKDYYQSSTTHKRKRKRSTNVSSLSAKKVHARSRKRRKTSSSSSSSS SSSSRNSSTTS (SEQ ID NO: 50)
ORF2/3	MWMSGIADSHDSWCDCDTPFAHLLASIFPPGHTDRTRTIQEILTRDFRKTCLSGGAD ATNSGMAETIEEKREDFQKEEKEDFTEEQNIEDLLAAVADAEGRTSTQEKKTTTSPP RPTKENGKDQPMSPLSLRRKYMPGAGNGGKHPQAHPAAAAAAAETQAQPLSTNQ GLKSETKIITTTNGGTRITLTRFKPGFEQETEKELAQAFNRPPRLFKEDKPFYPWLPRF TPLVNFHLNFKG (SEQ ID NO: 51)
ORF1	MPFWWGRRNKFWYGRNYRRKKRRFPKRRKRRFYRRTKYRRPARRRRRRRRKVR RKKKTLIVRQWQPDSIVLCKIKGYDSIIWGAEGTQFQCSTHEMYEYTRQKYPGGGG FGVQLYSLEYLYDQWKLRNNIWTKTNQLKDLCRYLKCVMTFYRHQHIDFVIVYER QPPFEIDKLTYMKYHPYMLLQRKHKIILPSQTTNPRGKLKKKKTIKPPKQMLSKWFF QQQFAKYDLLLIAAAACSLRYPRIGCCNENRMITLYCLNTKFYQDTEWGTTKQAPH YFKPYATINKSMIFVSNYGGKKTEYNIGQWIETDIPGEGNLARYYRSISKEGGYFSPK ILQAYQTKVKSVDYKPLPIVLGRYNPAIDDGKGNKIYLQTIMNGHWGLPQKTPDYII EEVPLWLGFWGYYNYLKQTRTEAIFPLHMFVVQSKYIQTQQTETPNNFWAFIDNSFI

[0411]

	QGKNPWDSVITYSEQKLWFPTVAWQLKTINAICESGPYVPKLDNQTYSTWELATH YSFHFKWGGPQISDQPVEDPGNKNKYDVPDTIKEALQIVNPAKNIAATMFHDWDY RRGCITSTAIKRMQQNLPTDSSLESDSDSEPAPKKKRLLPVLHDPQKKTEKINQCLLS LCEESTCQEQETEENILKLIQQQQQQQQKLKHNLLVLIKDLKVKQRLLQLQTGVLE (SEQ ID NO: 52)
ORF1/1	MPFWWGRRNKFWYGRNYRRKKRRFPKRRKRRFYRRTKYRRPARRRRRRRRKISD QPVEDPGNKNKYDVPDTIKEALQIVNPAKNIAATMFHDWDYRRGCITSTAIKRMQQ NLPTDSSLESDSDSEPAPKKKRLLPVLHDPQKKTEKINQCLLSLCEESTCQEQETEEN ILKLIQQQQQQQQKLKHNLLVLIKDLKVKQRLLQLQTGVLE (SEQ ID NO: 53)
ORF1/2	MPFWWGRRNKFWYGRNYRRKKRRFPKRRKRRFYRRTKYRRPARRRRRRRRKISD QPVEDPGNKNKYDVPDTIKEALQIVNPAKNIAATMFHDWDYRRGCITSTAIKRMQQ NLPTDSSLESDSDSEPAPKKKRLLPVLHDPQKKTEKINQCLLSLCEESTCQEQETEEN ILKLIQQQQQQQQKLKHNLLVLIKDLKVKQRLLQLQTGVLE (SEQ ID NO: 54)

[0412]

[0413] 일부 실시형태에서, 합성 큐론은 예를 들어, 실시예 9에 기재된 방법에 따라 확인된 바와 같은 최소의 아넬로바이러스 게놈을 포함한다. 일부 실시형태에서, 합성 큐론은 실시예 13에 기재된 바와 같은 아넬로바이러스 서열 또는 그의 부분을 포함한다.

[0414] 일부 실시형태에서, 합성 큐론은 예를 들어, 표 14-1에 나타낸 바와 같은 컨센서스 아넬로바이러스 모티프를 포함하는 유전 요소를 포함한다. 일부 실시형태에서, 합성 큐론은 예를 들어, 표 14-1에 나타낸 바와 같은 컨센서스 아넬로바이러스 ORF1 모티프를 포함하는 유전 요소를 포함한다. 일부 실시형태에서, 합성 큐론은 예를 들어, 표 14-1에 나타낸 바와 같은 컨센서스 아넬로바이러스 ORF1/1 모티프를 포함하는 유전 요소를 포함한다. 일부 실시형태에서, 합성 큐론은 예를 들어, 표 14-1에 나타낸 바와 같은 컨센서스 아넬로바이러스 ORF1/2 모티프를

포함하는 유전 요소를 포함한다. 일부 실시형태에서, 합성 큐론은 예를 들어, 표 14-1에 나타낸 바와 같은 컨센서스 아넬로바이러스 ORF2/2 모티프를 포함하는 유전 요소를 포함한다. 일부 실시형태에서, 합성 큐론은 예를 들어, 표 14-1에 나타낸 바와 같은 컨센서스 아넬로바이러스 ORF2/3 모티프를 포함하는 유전 요소를 포함한다. 일부 실시형태에서, 합성 큐론은 예를 들어, 표 14-1에 나타낸 바와 같은 컨센서스 아넬로바이러스 ORF2t/3 모티프를 포함하는 유전 요소를 포함한다. 일부 실시형태에서, 표 14-1에 나타낸 바와 같은 X는 임의의 아미노산을 나타낸다. 일부 실시형태에서, 표 14-1에 나타낸 바와 같은 Z는 글루탐산 또는 글루타민을 나타낸다. 일부 실시형태에서, 표 14-1에 나타낸 바와 같은 B는 아스파르트산 또는 아스파라긴을 나타낸다. 일부 실시형태에서, 표 14-1에 나타낸 바와 같은 J는 류신 또는 이소류신을 나타낸다.

[0415] [표 14-1]

아넬로바이러스의 오픈 리딩 프레임(ORF) 내의 컨센서스 모티프

컨센서스 임계값	오픈 리딩 프레임	위치	모티프	**SEQ ID NO:**
50	ORF1	79	LIJRQWQPXXIRRCXIXGYXPLIXC	55
50	ORF1	111	NYXXHXD	56
50	ORF1	135	FSLXXLYDZ	57
50	ORF1	149	NXWTXSNXDLDLCRYXGC	58
50	ORF1	194	TXPSXHPGXMXLXKHK	59
50	ORF1	212	IPSLXTRPXG	60
50	ORF1	228	RIXPPXLFXDKWYFQXDL	61
50	ORF1	250	LLXIXATA	62
50	ORF1	260	LXXPFXSPXTD	63
50	ORF1	448	YNPXXDKGXGNXIW	64
50	ORF1	519	CPYTZPXL	65
50	ORF1	542	XFGXGXMP	66
50	ORF1	569	HQXEVXEX	67
50	ORF1	600	KYXFXFXWGGNP	68
50	ORF1	653	HSWDXRRG	69
50	ORF1	666	AIKRXQQ	70
50	ORF1	750	XQZQXXLR	71
50	ORF1/1	73	PRXJQXXDP	72
50	ORF1/1	91	HSWDXRRG	73
50	ORF1/1	105	AIKRXQQ	74
50	ORF1/1	187	QZQXXLR	75
50	ORF1/2	97	KXKRRRR	76
50	ORF2/2	158	PIXSLXXYKXXTR	77
50	ORF2/2	189	LAXQLLKECXKN	78
50	ORF2/3	39	HLNXLA	79
50	ORF2/3	272	DRPPR	80

[0416]

50	ORF2/3	281	DXPFYPWXP	81
50	ORF2/3	300	VXFKLXF	82
50	ORF2t/3	4	WXPPVHBVXGIERXW	83
50	ORF2t/3	37	AKRKLX	84
50	ORF2t/3	140	PSSXDWXXEY	85
50	ORF2t/3	156	DRPPR	86
50	ORF2t/3	167	PFYPW	87
50	ORF2t/3	183	NVXFKLXF	88
50	ORF1	84	JXXXXWQPXXXXXCXIXGXXXJWQP	89
50	ORF1	149	NXWXXXNXXXXLXRY	90
50	ORF1	448	YNPXXDXG	91

[0417]

[0418] *유전 요소*

[0419] 일부 실시형태에서, 큐론은 유전 요소를 포함한다. 일부 실시형태에서, 유전 요소는 하기의 특징 중 하나 이상을 갖는다: 실질적으로 숙주 세포의 게놈과 비-통합성임, 에피솜 핵산임, 단일 가닥 DNA임, 환형임, 약 1 내지

10 kb임, 세포의 핵 내에 존재함, 내인성 단백질에 의해 결합될 수 있음 및 숙주 유전자를 표적화하는 마이크로RNA를 생성함. 일 실시형태에서, 유전 요소는 실질적으로 비-통합성인 DNA이다. 일부 실시형태에서, 유전 요소는 예를 들어, 본원에 기재된 바와 같은(예를 들어, 표 1 내지 14 중 어느 하나에 기재된 바와 같은) 아넬로바이러스 서열 또는 그의 단편에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는다. 실시형태들에서, 유전 요소는 외인성 이펙터(예를 들어, 페이로드), 예를 들어, 폴리펩티드 이펙터(예를 들어, 단백질) 또는 핵산 이펙터(예를 들어, 비-코딩 RNA, 예를 들어, miRNA, siRNA, mRNA, lncRNA, RNA, DNA, 안티센스 RNA, gRNA)를 인코딩하는 서열을 포함한다.

[0420] 일부 실시형태에서, 유전 요소는 20kb 미만(예를 들어, 약 19kb, 18kb, 17kb, 16kb, 15kb, 14kb, 13kb, 12kb, 11kb, 10kb, 9kb, 8kb, 7kb, 6kb, 5kb, 4kb, 3kb, 2kb, 1kb 또는 그 미만)의 길이를 갖는다. 일부 실시형태에서, 유전 요소는 독립적으로 또는 부가적으로 1000b 초과(예를 들어, 적어도 약 1.1kb, 1.2kb, 1.3kb, 1.4kb, 1.5kb, 1.6kb, 1.7kb, 1.8kb, 1.9kb, 2kb, 2.1kb, 2.2kb, 2.3kb, 2.4kb, 2.5kb, 2.6kb, 2.7kb, 2.8kb, 2.9kb, 3kb, 3.1kb, 3.2kb, 3.3kb, 3.4kb, 3.5kb, 3.6kb, 3.7kb, 3.8kb, 3.9kb, 4kb, 4.1kb, 4.2kb, 4.3kb, 4.4kb, 4.5kb, 4.6kb, 4.7kb, 4.8kb, 4.9kb, 5kb 또는 그 초과)의 길이를 갖는다. 일부 실시형태에서, 유전 요소는 약 2.5 내지 4.6, 2.8 내지 4.0, 3.0 내지 3.8 또는 3.2 내지 3.7 kb의 길이를 갖는다.

[0421] 일부 실시형태에서, 유전 요소, 예를 들어, 실질적으로 비-병원성인 단백질을 인코딩하는 서열, 단백질 결합 서열, 조절 핵산을 인코딩하는 하나 이상의 서열, 하나 이상의 조절 서열, 복제 단백질을 인코딩하는 하나 이상의 서열 및 다른 서열은 본원에 기재된 특징 중 하나 이상을 포함한다.

[0422] 일 실시형태에서, 본 발명은 (i) 실질적으로 비-병원성인 외부 단백질, (ii) 유전 요소를 실질적으로 비-병원성인 외부 단백질에 결합시키는 외부 단백질 결합 서열, 및 (iii) 조절 핵산을 인코딩하는 핵산 서열(예를 들어, DNA 서열)을 포함하는 유전 요소를 포함한다. 이러한 실시형태에서, 유전 요소는 고유 바이러스 서열에 대한 뉴클레오티드 서열 중 어느 하나에 대하여 적어도 약 60%, 70% 80%, 85%, 90% 95%, 96%, 97%, 98% 및 99% 뉴클레오티드 서열 동일성을 갖는 하나 이상의 서열을 포함할 수 있다.

[0423] 단백질, 예를 들어, 실질적으로 비-병원성인 단백질

[0424] 일부 실시형태에서, 유전 요소는 단백질, 예를 들어, 실질적으로 비-병원성인 단백질을 인코딩하는 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 실질적으로 비-병원성인 단백질은 큐론의 단백질성 외부의 주요 성분이다. 다수의 실질적으로 비-병원성인 단백질 분자는 단백질성 외부를 구성하는 20면체 형성으로 자가-어셈블될 수 있다. 실시형태들에서, 단백질은 단백질성 외부에 존재한다.

[0425] 일부 실시형태에서, 단백질, 예를 들어, 실질적으로 비-병원성인 단백질 및/또는 단백질성 외부 단백질은 하나 이상의 글리코실화된 아미노산, 예를 들어, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10개 이상을 포함한다.

[0426] 일부 실시형태에서, 단백질, 예를 들어, 실질적으로 비-병원성인 단백질 및/또는 단백질성 외부 단백질은 적어도 하나의 친수성 DNA-결합 영역, 아르기닌-풍부 영역, 트레오닌-풍부 영역, 글루타민-풍부 영역, N-말단 폴리아르기닌 서열, 가변 영역, C-말단 폴리글루타민/글루탐산염 서열 및 하나 이상의 이화화 가교를 포함한다.

[0427] 일부 실시형태에서, 유전 요소는 캡시드 단백질 또는 캡시드 단백질의 단편을 인코딩하는 뉴클레오티드 서열, 또는 본원에 기재된, 예를 들어, 표 1 내지 16 또는 19 중 임의의 것에 열거된 바와 같은 캡시드 단백질을 인코딩하는 뉴클레오티드 서열 중 어느 하나에 대하여 적어도 약 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90% 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 뉴클레오티드 서열 동일성을 갖는 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, 유전 요소는 캡시드 단백질 또는 캡시드 단백질의 기능적 단편을 인코딩하는 뉴클레오티드 서열, 또는 본원에 기재된, 예를 들어, 표 1 내지 16 또는 19 중 임의의 것에 열거된 바와 같은 뉴클레오티드 서열 중 어느 하나에 대하여 적어도 약 60%, 70% 80%, 85%, 90% 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 뉴클레오티드 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, 실질적으로 비-병원성인 단백질은 캡시드 뉴클레오티드 서열 또는 본원에 기재된, 예를 들어, 표 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13 또는 15 중 임의의 것에 열거된 바와 같은 뉴클레오티드 서열 중 어느 하나에 대하여 적어도 약 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90% 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 뉴클레오티드 서열 동일성을 갖는 서열에 의해 인코딩되는 캡시드 단백질 또는 캡시드 단백질의 기능적 단편을 포함한다.

[0428] [표 15]

바이러스 단백질, 예를 들어, 캡시드 단백질을 인코딩하는 바이러스 서열의 예

수탁 번호 (단백질 서열)	수탁 번호 (뉴클레오티드 서열)	서열	SEQ ID NO:
AAD45640.1	AF122917.1	ATGCACTTTTCTAGGATATCCAGGAAGAAAAGGCTACTGCTACTGC ACACAGTGCCAACTCCACAGAAAACTCTCAAACTTTTAAGAGGTAT GTGGAGTCCTCCCACTGACGATGAACGTGTCCGCGAGCGAAAATG GTTTCTCGCAACTGTCTATTCTCACTCTGCTTTCTGTGGCTGCAAT GATCCTGTCGGTCACCTCTGTCGCCTGGCTACTCTCTCTAACCGT CCGGAGAACCCGGGACCCTCCGGGGGACGTCGTGCTCCTTCGAT CGGGGTCCTACCCGCTCTCCCGGCTGCTACCGAGCAGCCAGGTG ATCGAGCACCATGGCCTATGGGTGGTGGAGGAGACGCCGCAGAA GGTGGAAGAGATGGAGGAGAAGGCCCAGGTGGAGACGCCCATGG AGGACCCGCAGACGCAGACCTGCTAGACGCCGTGGACGCCGCGG AACAGTAA	92
AAD45641.1	AF122917.2	ATGGCCTATGGGTGGTGGAGGAGACGCCGCAGAAGGTGGAAGAG ATGGAGGAGAAGGCCCAGGTGGAGACGCCCATGGAGGACCCGCA GACGCAGACCTGCTAGACGCCGTGGACGCCGCGGAACAGTAAGG AGACGGAGGCGCGGGAGGTGGAGGAGGCGCTATAGGAGGTGGA GGAGAAAGGGCAGACGCAGGAGAAAAAAGAAACTTATAATAAGAC AATGGCAGCCAAACTATACCAGAAAGTGCAACATAGTAGGCTACAT GCCAGTAATCATGTGTGGAGAAAACACTCTAATAAGAAACTATGCC ACACACGCAGACGACTGCTACTGGCCGGGACCCTTTGGGGGCGG CATGGCCACCCAGAAATTCACACCCAGAATCCTGTACGATGACTA CAAGAGGTTTATGAACTACTGGACCTCCTCAAACGAGGACCTAGA CCTCTGTAGATACAGGGGAGTCACCCTGTACTTTTTCAGACACCCA GATGTAGACTTTATCATCTTAATAAACACCACACCTCCATTCGTAGA TACAGAGATCACAGGACCCAGCATACATCCGGGCATGATGGCCCT GAACAAGAGAGCCAGGTTCATCCCCAGCCTAAAGACTAGACCTGG CAGAAGACACATAGTAAAGATTAGAGTGGGGGCCCCCAAACTGTA CGAGGACAAGTGGTACCCCCAGTCAGAACTCTGTGACGTGCCCCT GCTAACCGTCTACGCGACCGCAGCGGATATGCAATATCCGTTCGG CTCACCACTAACTGACACTCCTGTTGTAACCTTCCAAGTGTTGCGC AGCATGTACAACGACGCCCTCAGCACACTTCCCTCTAACTTTGAAA ACGCAAGCAGTCCAGGCCAAAAACTTTACAAAGAAATATCTACATA TTTACCATACTACAACACCACAGAAACAATAGCACAACTAAAGAGA TATGTAGAAAATACAGAAAAAAATGGCACAACGCCAAACCCGTGG CAATCAAAATATGTAAACACTACTGCCTTCACCACTGCACTAAATGT TACAACTGAAAAACCATACACCACCTTCTCAGACAGCTGGTACAGG GGCACAGTATACAAAGAAACAATCACTGAAGTGCCACTTGCCGCA GCAAAACTCTATCAAAACCAAACAAAAAAGCTGCTGTCTACAACAT TTACAGGAGGGTCCGAGTACCTAGAATACCATGGAGGCCTGTACA GCTCCATATGGCTATCAGCAGGCCGATCCTACTTTGAAACAAAGG GAGCATACACAGACATCTGCTACAACCCCTACACAGACAGAGGAG AGGGCAACATGGTGTGGATAGACTGGCTATCAAAAACAGACTCCA GATATGACAAAACCCGCAGCAAATGCCTTATAGAAAAGCTACCCCT	93

[0429]

		ATGGGCAGCAGTATACGGGTACCCAGAATACTGTGCCAAGAGCAC CGGAGACTCAAACATAGACATGAACGCCAGAGTAGTAATAAGGTG CCCCTACACCGTCCCCCAGATGATAGACACCAGCGACGAACTAAG GGGCTTCATAGTATACAGCTTTAACTTTGGCAGGGGCAAAATGCC CGGAGGCAGCAGCGAGGTACCCATAAGAATGAGAGCCAAGTGGT ACCCCTGCCTGTTTCACCAAAAAGAAGTTCTAGAAGCCTTGGGACA GTCGGGCCCCTTCGCCTACCACTGCGACCAAAAAAAAGCAGTGCT AGGTCTAAAATACAGATTTCACTGGATATGGGGCGGAAGCCCCGT GTTTCCACAGGTTGTTAGAAACCCCTGCAAAGACACACACGGTTC CTCGGGCCCTAGAAAGCCTCGCTCAATACAAATCATTGACCCGAA GTACAACACACCAGAGCTCACAATCCACGCGTGGGATTTCAGACG TGGCTTCTTTGGCTCAAAAGCTATTAAAAGAATGCAACAACAACCA ACAGATGCTGAACTTCTTCCACCAGGCCGCAAGAGGAGCAGGCGA GACACAGAAGCCCTCCAAAGCAGCCAAGAAAAGCAAAAAGAAAGC TTACTTTTCAAACACCTCCAGCTCCAGCGACGAATACCCCCATGGG AAAGCTCGCAGGCCTCGCAGACAGAGGCAGAGAGCGAAAAAGAG CAAGAGGGCAGTCTCTCCCAGCAGCTCCGAGAGCAGCTTTACCAG CAAAAGCTCCTCGGCAAGCAGCTCAGGGAAATGTTCCTACAACTC CACAAAATCCAACAAAATCAACACGTCAACCCTACCTTATTGCCAA GGGATCAGGCTTTAATCTGCTGGTCTCAGATTCAGTAA	
AAD45642.1	AF122917.1	ATGTTTGGAGACCCTAAACCATACAAACCCTCCAGCAACGACTGG AAAGAGGAGTACGAGGCCGCTAAGTATTGGGACAGGCCCCCCAG ATCTAACCTTAGAGATAACCCCTTCTATCCCTGGGCCCCCCCAAGC AATCCCTACAAAGTAAACTTTAAACTAGGCTTCCAATAA	94
AAD45646.1	AF122919.1	ATGCACTTTTCTAGGATATCCAGAAAGAAAAGGCTACTGCTACTGC AAACAGAGCCAGCTCCACAGAAGACTCTCAAACTTTTAAAAGGTAT GTGGAGTCCTCCCACTGACGATGAACGTGTCCGCGAGCGAAAATG GTTCCTCGCCACTGTTTATTCTCACTCTGCTTTCTGTGGCTGCAAT GATCCTGTCGGCCACCTCTGTCGCTTGGCTACTCTATCTAACCGTC CGGAGAACCCGGGACCCTCCGGGGGACGTCGTGCTCCTTCGATC GGGATCCTACCCGCTCTCCCGGCTGCTACCGAGCAGCCCGGTGA TCGAGCACCATGGCCTATGGGTGGTGGAGGAGACGCCGCAGAAG GTGGAAGAGATGGAGGAGAAGGCCCAGGTGGAGACGCCCATGGA GGACCCGCAGACGCAGACCTGCTAGACGCCGTGGACGCCGCAGA ACAGTAA	95
AAD45647.1	AF122919_2	ATGGCCTATGGGTGGTGGAGGAGACGCCGCAGAAGGTGGAAGAG ATGGAGGAGAAGGCCCAGGTGGAGACGCCCATGGAGGACCCGCA GACGCAGACCTGCTAGACGCCGTGGACGCCGCAGAACAGTAAGG AGACGGAGGCGCGGGAGGTGGAGGAGGCGCTATAGGAGGTGGA GGAGAAAGGGCAGACGCGGGAGAAAAAAGAAACTTATAATAAAAC AATGGCAGCCAAACTATACCAGAGAGTGCAACATAGTAGGCTACA TGCCAGTAATCATGTGTGGAGAGAACACTCTAATAAGAAACTATGC CACACACGCAGACGACTGCTACTGGCCGGGACCCTTTGGGGGCG GCATGGCCACCCAGAAATTCACACTCAGAATCCTGTACGATGACTA CAAGAGGTTTATGAACTACTGGACCTCCTCAAACGAGGACCTAGA CCTCTGTAGATACAGGGGAGTCACCCTGTACTTTTTCAGAAACCCA	96

[0430]

		GATGTAGACTTTATCATCCTCATAAACACCACACCTCCGTTCGTAG ATACAGAGATCACAGGACCCAGCATACATCCGGGCATGATGGCCC TCAACAAAAGAGCCAGGTTCATCCCCAGCCTAAAAACTAGACCTG GCAGAAGACACATAGTAAAGATTAAAGTGGGGGCCCCCAAACTGT ACGAGGACAAGTGGTACCCCCAGTCAGAACTCTGTGACATGCCCC TACTAACCGTCTACGCCACCGCAGCGGATATGCAATATCCGTTCG GCTCACCACTAACTGACACTCCTGTTGTAACCTTCCAAGTGTTGCG CAGCATGTACAACGACGCCCTTAGCATACTTCCCTCTAACTTTCAA AGCCCAGACAGTCCAGGCCAAAAACTTTACGAACAAATATCTAAGT ATTTACCATACTACAACACCACAGAAACAATGGCACAACTAAAGAG ATATATAGAAAATACAGAAAAAAATACCACATCGCCAAACCCATGG CAAACAAAATATGTAAACACTACTGCCTTCACCACTCCACAAACTG TTACAACTCAACAGCCATACACCAGCTTCTCAGACAGCTGGTACAG GGGCACAGTATACACAAACGAAATCACTAAGGTGCCACTTGCCGC AGCAAAAGTGTATGAAACTCAAACAAAAAACCTGCTGTCTACAACA TTTACAGGAGGGTCAGAGTACCTAGAATACCATGGAGGCCTGTAC AGCTCCATATGGCTATCAGCAGGCCGATCCTACTTTGAAACAAAG GGAGCATACACAGACATCTGCTACAACCCCTACACAGACAGAGGA GAGGGCAACATGGTGTGGATAGACTGGCTATCAAAAACAGACTCC AGATATGACAAAACCCGCAGCAAATGCCTTATAGAAAAGCTACCCC TATGGGCAGCAGTATACGGGTACGCAGAATACTGTGCCAAGAGCA CCGGAGACTCAAACATAGACATGAACGCCAGAGTAGTAATTAGGT GCCCCTACACCACCCCCCAGATGATAGACACCAGCGACGAACTAA GGGGCTTCATAGTATACAGCTTTAACTTTGGCAGGGGCAAAATGC CCGGAGGCAGCAGCGAGGTACCCATTAGAATGAGAGCCAAGTGG TACCCCTGCCTACTTCACCAAAAAGGAGTTCTAGAAGCCTTAGGAC AGTCAGGCCCCTTCGCCTACCACCGCGACCAAAAAAAAGCAGTGC TAGGTCTAAAATACAGATTTCACTGGATATGGGGCGGAAACCCCG TGTTTCCACAGGTTGTTAGAAACCCCTGCAAAGACACACACGGTTC CTCGGGCCCTAGAAAGCCTCGCTCAATACAAATCATTGACCCGAA GTACAACACACCAGAGCTCACAATCCACGCGTGGGATTTCAGACG TGGCTTCTTTGGCCCAAAAGCTATTAAGAGAATGCAACAACAACCA ACAGATGCTGAACTTCTTCCACCAGGCCGCAAGAGGAGCAGGCGA GACACCGAAGCCCTCCAAAGCAGCCAAGAAAAGCAGAAAGAAAGC TTACTTTTCAAACAGCTCCAGCTCCGGCGACGAGTACCCCCGTGG GAAAGCTCGCAGGCCTCGCAGACAGAGGCAGAGAGCGAAAAAGA GCAAGAGGACAGTCTCTCCCAGCAGCTCCGAGAGCAGCTTCACCA GCAAAAGCTCCTCGGCAAGCAGCTCAGGGAAATGTTCCTACAACT CCACAAAATCCAACAAAATCAACACGTCAACCCTACCCTATTGCCA AAAGATCAGGCTTTAATATGCTGGTCTCAGATTCAGTAA	
AAD45648.1	AF122919_3	ATGTTCGGAGACCCTAAACCATACAAACCCTCCAGCAACGACTGG AAAGAGGAGTACGAGGCCGCTAAATATTGGGACAGGCCCCCCAG ATTTGACCTTAGAGATAAGCCCTTCTATCCCTGGGCCCCCCCAAG CAATCCCTACAAAGTAAACTTTAAACTAGGCTTTCAATAA	97
AAG16247.1	AF298585_1	ATGGCTGAGTTTTCCACGCCCGTCCGCAGCGGTGAAGCCACGGA GGGACCTCAGCGCGTCCCGAGGGCGGGTGCCGAAGGTGAGTTTA	98

[0431]

		CACACCGCAGTCAAGGGGCAATTCGGGCTCGGGACTGGCCGGGC TATGGGCAAGGCTCTTAA	
AAG16248.1	AF298585_2	ATGTTTCTCGGTAAACTTTACAGAAAGAAAAGGAAAGTGCTTCTGC AGACTGTGCCAGACCCACAGAAGGCTAGGCGGCTTCTGATTATGT GGCAGCCCCCCGTGCACAAAGTACCCGGGATCGAGAGAAACTGG TACGAGAGTTGCTTTCGATCCCATGCTGCTGTGTGTGGCTGTGGC GACTTTGTTGGCCATCTTAATCATCTGGCAGCTACTCTGGGTCGCC CTCCGCGTTCTCGGCACCCCGGGGGCCCCGGCACTCCGCAGATA AGAAACCTGCCAGCGCTCCCGGCACCCCAGGGTGAGCCCGGTGA CAGAGCGCCATGGCCTACGGATGGTGGGGCCGCCGGCGCCGCT GGAGAAGATGGAGGACGCGGCGCAGACCGTGGAGAACCAGGAG ACGTAGAAGACGACGCGCTCCTCGCCGCTTTCGACCTCGTCGAAG AGTAA	99
AAG16249.1	AF298585_3	ATGGCCTACGGATGGTGGGGCCGCCGGCGCCGCTGGAGAAGATG GAGGACGCGGCGCAGACCGTGGAGAACCAGGAGACGTAGAAGAC GACGCGCTCCTCGCCGCTTTCGACCTCGTCGAAGAGTAAGGAGG CGCAGGGGGCGGTGGCGCAGACGGTATAGAAAATGGAGGAGACG CAGGGGCAGACGGACGCACAGAAAAAAGATAATCATAAAACAGTG GCAGCCGAACTTTATAAGACGCTGCTACATAATAGGCTACCTGCCT CTCATATTCTGTGGCGAGAACACCACCGCCAATAACTTTGCCACCC ACTCGGACGACATGATAGCCAAAGGACCGTGGGGGGGGGGCATG ACTACCACTAAGTTCACTTTGAGAATCCTGTACGACGAGTTTACCA GGTTTATGAACTTCTGGACTGTCAGTAACGAAGACCTAGACCTGTG TAGATACGTGAGCTGCAAACTGATATTCTTTAAGCACCCCACGGTA GACTTTATAGTCAGGATAAACACAGAGCCTCCGTTCCTAGACACTA ACCTGACCGCGGCACAGATTCACCCGGGCATCATGATGCTAAGCA AAAAACACATACTCATACCCTCTCTAAAGACCAGGCCTAGCAGAAA ACACAGGGTGGTCGTCAGGGTGGGCCCACCTAGACTGTTTCAAGA CAAGTGGTACCCCCAGTCAGACCTGTGTGACACAGTTCTGCTTTC CGTGTTTGCAACGGCCTGTGACTTGCAATATCCGTTCGGCTCACC ACTAACTGACAACCCTTGCGTCAACTTCCAGATTCTGGGGCACCA GTACAAAAACCACCTTAGTATTAGCTCCACAAACGATACCACTAAC AAACAACACTATGACAACACTTTATTTAACAAAATAGTATTATATAA CACTTTTCAAACAATAGCTCAGCTCAAAGAAACAGGACAACTCACA AACTTATGGAACGAAGTACAAAACACAACAGCACTGTCACCAAAAG GCACAAATGCAACTATAAGCAAAGACACCTGGTACAAAGGAAACA CATACAAAGACAAGATTAAAGAGTTAGCAGAAAAAACTCGAAGTAG ATTTGCAGCTGCAACAAAAGCAGCCCTGCCAAACTACCCTACAATC ATGTCCACAGACCTGTATGAGTACCACTCAGGCATATACTCCAGCA TATTCCTAGCAGCAGGCAGGAGCTACTTTGAGACCCCGGGGGCCT ACACAGACGTCATATACAACCCTTTTACAGACAAAGGCACAGGAAA CATGGTCTGGATAGACTACCTCACAAAACCAGACTCCATATACACA AAGAACAAAAGCAAATGCGAGATATTTGACGTACCCCTGTGGGCC ACCTTCACAGGATACTCAGAATTCTGTTCAAAAGTTACAGGAGACA CCGCCATTCACCTAACTGCCAGAGTAGTAGTCAGATGCCCCTACA CCGAGCCCATGCTAATAGACCACTCAGACCCCAACAGGGGCTTTG	100

[0432]

		TACCATACTCCTTTAACTTTGGAGAGGGCAAGATGCCCGGAGGCT CCTCAAAAGTACCCATAAGAATGAGAGCCAAGTGGTACGTGAACA TGTTTCACCAGCAAGAATTCATGGAGGCCATAGTTGAGAGCGGAC CGCTTGCTTACAAGGGCGACATAAAATCAGCGGTACTCACCATGA AATACAGATTCCACTGGAAATGGGGCGGAAACCCTATATCCAAACA GGTCGTCCGGAATCCCTGCTCCACCTCCAGCACCTCCGCGGGCC ATCGAGGACCTCGCAGCATACAAGTCGTTGACCCGAAGCACGTTA CCCCGGAAGTCACCTGGCACTCGTGGGACATCAAGCGAGGTCTCT TTGGCAAAGCAGGTATTAAGAGAATGCAACAAGAATCAGATGCTCT TTACATTCCTACAGGACCACTCAAGAGGCCACGGAGGGACACCAA CGCCCAAGACCCAGAAGAGCAAAACGAAAGCTCAGGTTTCAGAGT CCAGCAGCGACTCCCCTGGGTCCACTCCAGCCAAGAAACGCAAA GCTCCCAAGAGGAGATGCAAGCGGAGGGGACGGTACAAGAACAA CTCCTCCTCCAGCTCCGAGAGCAGCGAGTACTCCGGTTCCAGCTC CAACAGCTCGCCAGCCAAGTCCTCAAAGTGCAAGCAGGGCAAGG CCTACACCCCCTATTATCTTCCCAAGCGTAA	
AAG16250.1	AF298585_4	ATGTTTGAGCCCCAGGGTCCCAAACCCATACAGGGCTACAACGAT TGGTTAGAAGAGTACACCTGCTGTAAATTCTGGGACAGGCCTCCC AGAAAGCTACACACAGATACACCCTTTTACCCCTGGGCACCAAAAC CCCCAGACCAAGTGAGAGTCTCCTTTAAACTTAACTTCCAATAA	101
AAL37158.1	AF315076_2	ATGTTTCTTGGCAGGGCCTGGAGAAAGAAAAGGCAAGTGCCACTG CCGACACTGCCAGTGGTGCCGCTTCCACAACCTTCACCTATGAGC AGCCAGTGGAGACCCCCGGTTCACAATGTCCAGGGGCTGGAGCG CAATTGGTGGGAGTGCTTCTTCCGTTCTCATGCTTGTTTTTGTGGC TGTGGTGATGCTATTACTCATATTAATCATCTGGCGACTCGTTTTG GACGTCCTCCTACTACCTCAACTCCCCGAGGACCGCAGGCACCTC CAGTGACTCCGTACCCGGCCCTGCCGGCCCCAGAGCCTAGCCCT GAGCCATGGCGTGGCGCCGGTGGCGATGGCGGCCGTGGTGGAG ACGCCGGAGGCGCCGCCGGTGGAGAAGGAGACGGAGGAGACCC AGACGACGCCGCCCTTATCGACGCCGTCGACCTCGCAGAGTAA	102
AAL37157.1	AF315076_1	ATGGCGTGGCGCCGGTGGCGATGGCGGCCGTGGTGGAGACGCC GGAGGCGCCGCCGGTGGAGAAGGAGACGGAGGAGACCCAGACG ACGCCGCCCTTATCGACGCCGTCGACCTCGCAGAGTAAGGAGGC GCAGGGGGCGGTGGAGGCGCGCGTACAGACGTTGGGGGCGACG CAGACGCAGACGCAGGCACAAAAAGAAACTTGTACTGACTCAGTG GCAACCAGCAGTAGTTAAGAGGTGCCTAATAGTGGGCTTTGACCC CCTTATAATATGTGGCATTAACAGAACAATATTTAACTACACTACAC ACTCTGAAGACTTTACTTTTAACAACGACAGCTTTGGAGGGGGGCT CTGTACCGCTCAGTACACACTAAGAATCCTTTTCCAAGAAAAGCTG GCCCAGCACAACTTCTGGTCAGCTAGCAACGAAGACCTAGACCTT GCCAGGTACCTAGGAGCCACAATAGTACTTTACAGACACCCTACA GTAGACTTCTTAGTTAGAATTCGCACCAGTCCTCCCTTTGAGGACA CAGACATGACAGCCATGACACTACATCCAGGCATGATGATGCTAG CTAAAAAGACAATTAAAATTCCCAGTCTTAAAACAAGACCGTCCAG AAAACACGTAGTAAGGATTAGAGTAGGGGCCCCTAAACTATTTGAA GACAAGTGGTACCCCCAGAACGAGCTATGTGATGTAACTCTGCTA	103

[0433]

[0434]

		ACCATACAGGCAACCACAGCTGATTTCCAATATCCGTTCGGCTCAC CACTAACGAACTCCCCCTGTTGCAACTTCCAGGTTCTTAACAGTAA CTATGACAATGCACATTCCATACTTAACTTGTCAAACGAACCAACA AACAAATGGCACACCTATAGAAATAACTGCTATAAATTTCTACTAGA ACAGTACAGCTACTACAACACTAAACAAGTAGTAGCACAACTTAAA TATAAATGGAACCCTAATCAAAACCCTACTATGCCAAATACAAGCA ATGCATCACTTTCTAAAAAACCTGATGACCTTACTAAAACCAAAACA ACAAACGAGTATCCACATTGGGACACCCTATATGGTGGTTTAGCAT ATGGACACAGCACTGTAACACCTGGCACTACCTCATCACCAACAG ACCTAAAAACACAAATGCTTACAGGCAACGAATTTTATACAACAGC AGGCAAAAAGTTAATAGATACATTTCACCCAATTCCTTACTATGAAA ACGGATCTTCTAAAGCCAACACCAACATATTTGACTACTACACAGG CATGTACAGTAGTATTTTCCTGTCTTCAGGCAGATCAAACCCAGAA GTAAAGGGCAGCTACACAGACATCTCTTACAACCCTCTGACAGAC AAGGGAGTAGGTAACATGATTTGGATAGACTGGCTCACTAAAGGA GACACAGTATACGACCCCAAAAAAAGCAAGTGCCTACTCTCAGACT TTCCATTGTGGTCACTTTGTTATGGATACCCAGACTACTGCAGAAA ACAAACCGGAGACTCAGGTATTTACTATGACTACAGAGTACTTATA AGATGTCCATACACATACCCTCAATTAATAAAACACAACGACAAAT ACTTTGGCTTCGTAGTGTACAGCGAAAACTTTGGACTGGGGCGAC TACCAGGAGGCAACCCTAACCCCCCAACTAGAATGAGACTGCACT GGTACCCTAATATGTTCCACCAAACAGAAGTACTAGAGTGCATAGC TCAAAGCGGACCGTTTGCTTATCATGGAGACGAGAGAAAAGCTGT TCTGACTGCCAAATACAAGTTCAGATGGAAGTGGGGAGGCAATCC TGTGTTTCAACAGGTTCTCCGAGACCCCTGCACCGGAGGTGCCGT GGCGCCCCACACCAGTCGACACCCTCGTGCAATACAAGTCCATGA CCCGAAGTATCAGGCCCCGGAGTACCTCTTCCACAAATGGGACTT CAGAAGGGGACTGTTTAGCACTAAAGGTATTAAGAGAGTGTCAGA ACAACCAGTACATGATGAGTATTTTACAGGGAGCAGCAAGAGACC CAAGAAAGACACCAACCCAAGCCCCCAAGGAGAAGAGCAAAAAGA AGGCTCGCGTTTCAGAGTCCCAGAGCTCAGACCCTGGCTCCCCTC CAGCCAGGAAACGCAGAGCCAAAGCGAGCAAGAAGAAACAGCCC CGAAAACGGTCCAAGAGCAGCTACAAGAACAACTCCAGCAGCAGC AGCTCATGGGAATCCAGCTCAGAAACGTCTGTCTCCAGCTCGCAA GAGTCCAAGCGGGGCACAGTCTCCACCCCGTTTTCCAATGCCATG CATAA	
AAL37159.1	AF315076_3	ATGACCCGAAGTATCAGGCCCCGGAGTACCTCTTCCACAAATGGG ACTTCAGAAGGGGACTGTTTAGCACTAAAGGTATTAAGAGAGTGTC AGAACAACCAGTACATGATGAGTATTTTACAGGGAGCAGCAAGAG ACCCAAGAAAGACACCAACCCAAGCCCCCAAGGAGAAGAGCAAAA AGAAGGCTCGCGTTTCAGAGTCCCAGAGCTCAGACCCTGGCTCCC CTCCAGCCAGGAAACGCAGAGCCAAAGCGAGCAAGAAGAAACAG CCCCGAAAACGGTCCAAGAGCAGCTACAAGAACAACTCCAGCAGC AGCAGCTCATGGGAATCCAGCTCAGAAACGTCTGTCTCCAGCTCG CAAGAGTCCAAGCGGGGCACAGTCTCCACCCCGTTTTCCAATGCC ATGCATAAACAAAGTTTTTATTTTCCCTGA	104

AAL37160.1	AF315077_1	ATGTTTCTCGGTAAACTTTACAGAAAGAAAAGGAAACTGCTACTGC AAGCTGTGCGAGCTCCACAGGCGCCATCTTCCATGAGCTCCTCCT GGCGAGTGCCCCGCGGCGATGTCTCCGCCCGCGAGCTATGTTGG TACCGCTCAGTTCGAGAGAGCCACGATGCTTTTTGTGGCTGTCGT GATCCTGTTTTTCATCTTTCTCGTCTGGCTGCACGTTCTAACCATCA GGGACCTCCGACGCCCCCCACGGACGAGCGCCCGTCGGCGTCTA CCCCAGTGAGGCGCCTGCTGCCGCTGCCCTCCTACCCCGGCGAG GGTCCCCAGGCTAGATGGCCTGGTGGAGATGGAGAAGGCGCTGG TGACGCCCGCGGAGGCGCTGGAGATGGCGGCGCCCGCGCAGGC GAAGAAGAGTACCGGCCCGAAGACCTCGACGAGCTGTTCGGCGC TACCGAACAAGAACAGTAA	105
AAL37161.1	AF315077_2	ATGCCAGTTATCTGGGCGGGCATGGGCACGGGGGGCCAAAACTA CGCCGTCCGCTCAGATGACTTTGTAGTAGACAAGGGCTTCGGGGG CTCCTTCGCTACAGAGACTTTCTCCTTGAGAGTACTGTATGACCAG CACCAGAGGGGCTTTAACCGGTGGTCCCACACCAACGAGGACCTA GACCTTGCCCGTTACAGGGGATGCAAATGGACCTTTTACAGACAC CCAGACACTGACTTTATAGTGTACTTCACTAACAATCCCCCCATGA AAACTAACCAGTACACTGCCCCTCTCACCACTCCTGGAATGCTCAT GAGAAGCAAATATAAGATACTAATACCTAGTTTTAAAACAAAACCCA AGGGAAAAAAGACAATAAGCTTCAGAGCCAGACCCCCAAAACTAT TCCAAGACAAGTGGTACACTCAACAAGACCTCTGCCCTGTGCCCC TCATCCAACTGAACTTAACCGCAGCTGATTTCACACATCCGTTCGG CTTACCACTAACTGACTCTCCTTGCGTAAGGTTCCAAGTCCTCGGA GACTTGTACAATAACTGTCTCAATATAGACCTTCCGCAATTTGATGA CAAGGGTACAATTTCAGACGCATCCTCTTACAGTAGAGATAATAAG CAGCAGTTAGAAGAATTATATAAAACTCTATTTGTTAAAAAGGGCTG CGGACACTACTGGCAAACATTCATGACCAATAGCATGGTAAAAGCA CACATAGATGCTGCACAGGCACAAAACCATCAACAAGACACCTCA GGCCCTCAAAGTGCAAAAGATCCATTTCCAACAAAACCTGACAGAA ACCAATTTGAACAATGGAAAAACAAATTCACAGACCCCAGAGACAG CAACTTTCTCTTTGCCACTTATCACCCAGAAAACATTACACAGACTA TCAAAACAATGAGAGACAATAACTTTGCTCTAGAAACTGGAAAGAA TGACCTTTATGGTGATTATCAGGCCCAGTATACTAGAAACACTCAC CTTCTAGACTACTACCTGGGCTTCTACAGCCCCATATTCTTGTCCA GTGGCAGATCCAATACTGAATTCTTTACTGCCTACAGAGACATAAT ATACAATCCACTACTAGACAAAGGCACAGGTAATATGATTTGGTTC CAATACCACACAAAGACTGACAACATATTTAAAAAACCAGAGTGCC ACTGGGAAATACTAGACATGCCCCTGTGGGCCCTCTGCAACGGCT ACAAAGAGTACCTAGAGAGCCAAATAAAATATGGTGATATCTTAGT AGAAGGCAAAGTCCTCATAAGATGCCCATACACCAAACCTCCCCTA GCAGACCCCAACAACAGTCTAGCAGGATATGTAGTCTACAACACA AACTTTGGACAAGGCAAGTGGATCGACGGCAAGGGCTACATACCC CTAAGACACAGGAGCAAGTGGTATGTCATGCTCATGTACCAGACG GACGTACTCCATGACCTAGTGACTTGTGGACCCTGGCAATACAGA GACGATAATAAGAACTCTCAACTGATAGCCAAGTATAGATTTACTTT CTACTGGGGAGGTAACATGGTACATTCTCAGGTCATCAGGAACCC	106

[0435]

		GTGCAAAGACACCCAAGTATCCGGCCCCCGTCGACAGCCTAGAGA GATACAAGTCGTTGACCCGCAACTCATCACCCCGCCGTGGGTCCT CCACTCGTTCGACCAGAGACGAGGAATGTTTACTGAGACAGCTAT CAGACGTCTGCTCAGACAACCACTACCTGGCGAGTATGCTCCTCC AGCACTCAGGGTCCCGCTCCTCTTTCCCTCCTCAGAGTTCCAACG AGAGGGAGAAGGTGCAGAAAGCGACTTATCTTCCCCGGCCAAAAG ACCACGACTCTGGCAAGAAGAGGACAGCGAGACGCAGACGCAGT CCTCGGAGGGGCCGGCGGAGACGACGAGGGAGCTCCTCGAGCG AAAGCTCAGAGAGCAGCGAGTCCTCAACCTCCAACTCCAGCAATT CGCCGTACAACTCGCCAAGACCCAAGCGAACCTCCACATAAACCC CTTATTATACTCCCAGCAGTAA	
AAL37162.1	AF315077_3	ATGCTCCTCCAGCACTCAGGGTCCCGCTCCTCTTTCCCTCCTCAG AGTTCCAACGAGAGGGAGAAGGTGCAGAAAGCGACTTATCTTCCC CGGCCAAAAGACCACGACTCTGGCAAGAAGAGGACAGCGAGACG CAGACGCAGTCCTCGGAGGGGCCGGCGGAGACGACGAGGGAGC TCCTCGAGCGAAAGCTCAGAGAGCAGCGAGTCCTCAACCTCCAAC TCCAGCAATTCGCCGTACAACTCGCCAAGACCCAAGCGAACCTCC ACATAA	107
CAF05717.1	AJ620212.1	ATGTACTTTTCCAGAAAAAGAAGACCCAAGAAGGAGAGGCCGCTG CCACTGCGATACGTGTGTGGCCTACCGCCTAGCAGGCCTGATCCG ATGAGCTGGCGTCCACCTGCCCACGATGTCCCAGGACAAGAGGG CCTGTGGTACCGATCAGTTTTTACTTCTCATGGCGCTTTTTGTGGT TGCGGTGATTTTGTGGGTCATCTTCAGAGACTTAGCGAACGCCTG GGTAGACCCCAACCACCAAGACCACCGGGCGAGCCGCCGGGCCC TGCTGTGAGAGTTCTGCCTGCCCTGCCGCCTCCAGTACCTGAACC AAGAAGACACGTCCAGAGAGAGAACCCGGGATGTGGTGGTGGAG ACGCCGCAGATGGAGGGCCCCATGGAGAAGGAGGCGATGGAGAC GACGCAGACCTCGGACCAGAAGATTTAGACGAGCTGCTCGACGTC CTAGACGCCCCAGAGTAA	108
CAF05718.1	AJ620212.1	ATGTGGTGGTGGAGACGCCGCAGATGGAGGGCCCCATGGAGAAG GAGGCGATGGAGACGACGCAGACCTCGGACCAGAAGATTTAGAC GAGCTGCTCGACGTCCTAGACGCCCCAGAGTAAGGAGACCTCGG CGCCGCAGGGGGTGGGCTCGTAGATATAGACTTAGAAGGAGGCG AAGGAGGAGAAGAAGGAGAAAGCTTATACTAACACAATGGCAGCC AGCAAAAATAAGAAAATGTCTAGTAATAGGTTATCTTGCTCTAGTAC TATGTGGGAACGGGACATTCAGTAAAAACTATGCCTCCCACTCAGA TGACTATGTACAGAAAGGACCCTTTGGAGGGGGACTGAGCAGCAT GAGATTTAACATGAGAATACTATATGATCAATTTAAAAGACACCTTA ACTTCTGGACACACACAAACCAGGACCTAGACCTAGTTAGATACAG AGGCTGCACCATGACATTTTATAGACACCCAGAGGTGGACTTCATA GTAAAATTCAACAGAAAACCTCCATTCCTAGACACAATAGTATCAG GTCCAGCCATGCACCCAGGCATGCTAATGACAACAAAACACAAAA TACTAGTAAAAAGCTTTAAAACAAAACCCAAAGGAAAAGGCACAGT AAAGGTGCGCATTCGCCCCCCCACACTCTTTGACGACCGTTGGTA CTTTCAACATGACATCTGCAAAACCACACTGTTCACCATTAGCGCA ACACCATGTGACCTGCGGTTTCCGTTCTGCTCACCACAAACTGACA	109

[0436]

		ACCCTTGCGTCAACTTCCTAGTTCTTGCAGGAGTGTATAACGGCAA ACTTAGCATAGAACCCACAAACGTAGAATCACAATATAATTCACTA CTTTCAGCTATAGAGACACACACCCAAGGCACTCTATTTAATACAT TTAAAACACCAGAAATGATAAAGTGCCCCCCAGCAGTAAAAGCCC CAGAAACTGGAGACATATCCACAAACTGCTACAAAAAACTAGACAT CGCCTGGGGAGACACTATATGGAACCAAAGCACCATAGGCAACTT TAAAAAGAACACAGAGAACTTGTGGAATGCAAGACACAATCAAACA ATGACTGGTAGCAAATACCTAAACTACAGAACAGGAATATACAGTG CCATATTCCTTTCAGCAGGCAGACTGTCACCAGACTTTCCAGGACT ATACAATGACATAGTATACAATCCCACCACAGACGAAGGCATAGGA AACATTGTGTGGATAGACTGGTGTACAAAAGCAGACTGCAACTTCA ATGAGACACAGTCCAAAGGAGTAATAAAAGACATTCCACTGTGGG CAGCACTGTTTGGCTATGTAGACTTTCTAAAAAAGACATTTAAAGA CGACCAGCTAGACAAAACTGCCAGACTCACTCTCATAAGCCCCTAT ACAAAGCCTCAACTAATAGGACCTACACAACCCAACAAAGGGTTTG TTCCGTACGACTACAACTTTGGCAGAGCACACATGCCCTCCGGAG AATCCTACATACCTATGTACTACAGATTTAGATGGTACATCTGCCTA TTTCACCAACAAAAGTTTATAGACGACATTGTAAGCAGCGGGCCCT TCGCATACCACGGCTCACAGCCCTCAGCAACTCTCACCACTAAATA CAAATTCCACTTTCTCTTTGGGGGCAACCCCGTTCCCCAACAGACT GTCAGAGACCCTTGTAACCAACCAGTCTTTGACATTCCCGGAGCC GGTGGACTCCCTCGTCCGATACAAGTCGTTGACCCGAAATACGTC AACGAAGGCTACACGTTCCACGCCTGGGACTTCCGTAGAGGGCTC TTTGGCCAAGCAGCTATTAAAAGAGTGTCGGGAGAACAAACAAAT GCTTCACTTTATTCATCAGGTCCAAAACGGCCAAGAACAGAAATTC CTCCAGAAAATGCAGAAGAAGGCTCATATTCCAGGGAACAAAAAC TCCAGCCCTGGCTCGACTCGAGCGACCAGGAAGAGAGCGAGACA GAAGCCCCAGAAGAAGAAGCGACCTCGCCGCCGTCGCTACAGCT CCAGCTCAAGCAGCAGATCAGGGAGCAGCGACAACTCAGATGTG GAATCCAACACCTCTTCCAGCAACTAGTGAAAACCCAGCAAAACTT GCATATCGACCCATGCCTACAATAG	
CAF05719.1	AJ620213.1	ATGTACTTTTCCAGAAAAAGAAGACCCAAGAAGGAGAGGCCGCTG CCACTGCGATACGTGTGTGGCCTACCGCCTAGCAGGCCTGATCCG ATGAGCTGGCGTCCACCTGCCCACGATGTCCCAGGACAAGAGGG CCTGTGGTACCGATCAGTTTTTACTTCTCATGGCGCTTTTTGTGGT TGCGGTGATTTTGTGGGTCATCTTCAGAGACTTAGCGAACGCCTG GGTAGACCCCAACCACCAAGACCACCGGGCGGACCGCCGGGCCC TGCTGTGAGAGCTCTGCCTGCCCTGCCGCCTCCGGAACCTGAACC AAGAAGACACGTCCAGAGAGAGAACCCGGGATGTGGTGGTGGAG ACGCCGCAGATGGAGGGCCCCATGGAGAAGGAGGCGATGGAGAC GACGCAGACCTCGGACCAGAAGATTTAGACGAGCTGCTCGACGTC CTAGACGCCCCAGAGTAA	110
CAF05720.1	AJ620213.1	ATGTGGTGGTGGAGACGCCGCAGATGGAGGGCCCCATGGAGAAG GAGGCGATGGAGACGACGCAGACCTCGGACCAGAAGATTTAGAC GAGCTGCTCGACGTCCTAGACGCCCCAGAGTAAGGAGACCTCGG CGCCGCAGGGGGTGGGCTCGTAGATATAGACTTAGAAGGAGGCG	111

[0437]

		GAGGAGGAGAAGAAGGAGAAAGCTTATACTAACACAATGGCAGTC AGCAAAAATAAGAAAATGTCTAGTAATAGGTTATCTTGCTCTAGTAC TATGTGGAAACGGGACATTCAGTAAAAACTATGCCTCGCACTCAGA TGACTATGTACAGAAAGGACCCTTTGGAGGGGGACTAAGCAGCAT GAGATTTAACATGAGAATACTATATGATCAATTTAAAAGACACCTTA ACTTCTGGACACACACAAACCAGGACCTAGACCTAGTTAGATACAG AGGCTGCACCATGACATTTTATAGACACCCAGAGGTGGACTTCATA GTAAAATTCAACAGAAAACCTCCATTCCTAGACACAATAGTATCAG GTCCAGCCATGCACCCAGGCATGCTAATGACAACAAAACACAAAA TACTAGTAAAAAGCTTTAAAACAAAACCCAAAGGAAAAGGCACAGT AAAGGTGCGCATTCGCCCCCCCACACTCTTTGACGACCGTTGGTA CTTTCAACATGACATCTGCAAAACCACACTGTTCACCATTAGCGCA ACACCATGTGACCTGCGGTTTCCGTTCTGCTCACCACAAACTGACA ACCCTTGCGTCAACTTCCTAGTTCTTGCAGGAGTGTATAACGGCAA ACTTAGCATAGAAGCCACAAAGTTAGAATCACAATATAATTCACTA GTTTCATCTATAGAAATACCCACCCAAGGCACTCTATTTAATACATT TAAAACACCAGAAATGATAAAGTGCCCCCCAGCAGTAAAAGCCTTA GAACATTCAGACGTAAACAGAAGCTGCTACAAAAAACTAGACAGC GCCTGGGGAGACACTATATGGAACCAGAACACCATACAGAACTTT AAAGAAAACACAGACAAGTTGTGGGAAGCAAGAGGCAACCAAACA ATGACTGGTAGCAAATACCTAAACTACAGAACAGGAATATACAGTG CCATATTCCTTTCAGCAGGCAGACTGTCACCAGACTTTGGGGGAC TATACAATGACATAGTATACAATCCCACCACAGACGAAGGCATAGG AAACATTGTGTGGATAGACTGGTGTACAAAAGCAGACTGCAACTTC AATGAGACACAGTCCAAAGGAGTAATAAAAGACATTCCACTGTGG GCAGCACTGTTTGGCTATGTAGACTTTCTAAAAAAGACATTTAAAG ACGAACAGCTAGACAAAATTGCCAGACTCACTCTCATAAGCCCCTA TACAAAGCCTCAACTAATAGGACCTACACAACCCAACAAAGGGTTT GTTCCGTACGACTACAACTTTGGCAGAGCACACATGCCCTCCGGA GAATCCTACATACCTATGTACTACAGATTTAGATGGTACATCTGCC TATTTCACCAACAAAAGTTTATAGACGACATTGTAAGCAGCGGGCC CTTCGCATACCACGGCTCACAGCCCTCAGCAACTCTCACCACTAA ATACAAATTCCACTTTCTCTTTGGGGGCAACCCCGTTCCCCAACAG ACTGTCAGAGACTCTTGTAACCAACCAGTCTTTGACATTCCCGGAG CCGGTGGACTCCCTCGTCCGATACAAGTCGTTGACCCGAAATACG TCAACGAAGGCTACACGTTCCACGCCTGGGACTTCCGTAGAGGGC TCTTTGGCCAAGCAGCTATTAAAAGAGTGTCGGGAGAACAAACAAA TGCTTCACTTTATTCATCAGGTCCAAAACGGCCAAGAACAGAAATT CCTCCACAAAATGCAGAAGAAGGCTCATATTCCAGGGAACAAAAA CTCCAGCCCTGGCTCGACTCGAGCGACCAGGAAGAGAGCGAGAC AGAAGCCCCAGAAGAAGAAGCGACCTCGCCACCGTCGCTACAGC TCCAGCTCAAGCAGCAGATCAGGGAGCAGCGACAACTCAGATGTG GAATCCAACACCTCTTCCAGCAACTAGTGAAAACCCAGCAAAACTT GCATATCAATCCATGCCTACAGTAG	
CAF05775.1	AJ620214.1	ATGTACTTTTCCAGAAAAAGAAGACCCAAGAAGGAGAGGCCGCTG CCACTGCGATACGTGTGTGGCCTACCGCCTAGCAGGCCTGATCCG	112

[0438]

		ATGAGCTGGCGTCCACCTGCCCACGATGTCCCAGGACAAGAGGG CCTGTGGTACCGATCAGTTTTTACTTCTCATGGCGCTTTTTGTGGT TGCGGTGATTTTGTGGGTCATCTTCAGAGACTTAGCGAACGCCTG GGTAGACCCCAACCACCAAGACCACCGGGCGGACCGCCGGGCCC TGCTGTGAGAGCTCTGCCTGCCCTGCCGCCTCCGGAGCCTGAAC CAAGAAGACACGTCCAGAGAGAGAACCCGGGATGTGGTGGTGGA GACGCCGCAGATGGAGGGCCCCATGGAGAAGGAGGCGATGGAG ACGACGCAGACCTCGGACCAGAAGATTTAGACGAGCTGCTCGACG TCCTAGACGCCCCAGAGTAA	
CAF05776.1	AJ620214.1	ATGTGGTGGTGGAGACGCCGCAGATGGAGGGCCCCATGGAGAAG GAGGCGATGGAGACGACGCAGACCTCGGACCAGAAGATTTAGAC GAGCTGCTCGACGTCCTAGACGCCCCAGAGTAAGGAGACCTCGG CGCCGCAGGGGGTGGGCTCGTAGATATAGACTTAGAAGGAGGCG GAGGAGGAGAAGAAGGAGAAAGCTTATACTAACACAATGGCAGCC AGCAAAAATAAGAAAATGTCTAGTAATAGGTTATCTTGCTCTAGTAC TATGTGGAAACGGGACATTCAGTAAAAACTATGCCTCGCACTCAGA TGACTATGTACAGAAAGGACCCTTTGGAGGGGGACTAAGCAGCAT GAGATTTAACATGAGAATACTATATGATCAATTTAAAAGACACCTTA ACTTCTGGACACACACAAACCAGGACCTAGACCTAGTTAGATACAG AGGCTGCACCATGACATTTTATAGACACCCAGAGGTGGACTTCATA GTAAAATTCAACAGAAAACCTCCATTCCTAGACACAATAGTATCAG GTCCAGCCATGCACCCAGGCATGCTAATGACAACAAAACACAAAA TACTAGTAAAAAGCTTTAAAACAAAACCCAAAGGAAAAGGCACAGT AAAGGTACGCATTCGCCCCCCCCACACTCTTTGA	113
CAF05777.1	AJ620214.1	ATGATAAAGTGCCCCCCAGCAGTAAAAGCCTTAGAACATTCAGAC GTAAACAGAAACTGCTACAAAAAACTAGACAGCGCCTGGGGAGAC ACTATATGGAACCAGAACACCATACAGAACTTTAAAGAAAACACAG ACAAGTTGTGGGAAGCAAGAGGCAACCAAACAATGACTGGTAGCA AATACCTAAACTACAGAACAGGAATATACAGTGCCATATTCCTTTCA GCAGGCAGACTGTCACCAGACTTTGGGGGACTATACAATGACATA GTATACAATCCCACCACAGGCGAAGGCATAGAAAACATTGTGTGG ATAGACTGGTGTACAAAAGCAGACTGCAACTTCAATGAGACACAGT CCAAAGGAGTAATAAAAGACATTCCACTGTGGGCAGCACTGTTTG GCTATGTAGACTTTCTAAAAAAGACATTTAAAGACGAACAGCTAGA CAAAATTGCCAGACTCACTCTCATAAGCCCCTATACAAAGCCTCAA CTAATAGGACCTACACAACCCAACAAAGGGTTTGTTCCGTACGACT ACAACTTTGGCAGAGCACACATGCCCTCCGGAGAATCCTACATAC CTATGTACTACAGATTTAGATGGTACACCTGCCTATTTCACCAACA AAAGTCTATAGACGACATTGTAAGCAGCGGGCCCTTCGCATACCA CGGCTCACAGCCCTCAGCAACTCTCACCACTAAATACAAATTCCAC TTTCTCTTTGGGGGCAACCCCGTTCCCCAACAGACTGTCAGAGAC CCTTGTAACCAACCAATCTTTGACATTCCCGGAGCCGGTGGACTC CCTCGTCCGATACAAGTCGTTGACCCGAAATACGTCAACGAAGGC TACACGTTCCACGCCTGGGACTTCCGTAGAGGGCTCTTTGGCCAA GCAGCTATTAAAAGAGTGTCGGGAGAACAAACAAATGCTTCACTTT ATTCATCAGGTCCAAAACGGCCAAGAACAGAAATTCCTCCACAAAA	114

[0439]

		TGCAGAAGAAGGCTCATATTCCAGGGAACAAAAACTCCAGCCCTG GCTCGACTCGAGCGACCAGGAAGAAAGCGAGACAGAAGCCCCAG AAGAAGAAGCGACCTCGCCACCGTCGCTACAGCTCCAGCTCAAGC AGCAGATCAGGGAGCAGCGACAACTCAGATGTGGAATCCAACACC TCTTCCAGCAACTAGTGAAAACCCAGCAAAACTTGCATATCAACCC ATGCCTACAATAG	
CAF05721.1	AJ620215.1	ATGTACTTTTCCAGAAAAAGAAGACCCAAGAAGGAGAGGCCGCTG CCACTGCGATACGTGTGTGGCCTACCGCCTAGCAGGCCTGATCCG ATGAGCTGGCGTCCACCTGCCCACGATGTCCCAGGACAAGAGGG CCTGTGGTACCGATCAGTTTTTACTTCTCATGGCGCTTTTTGTGGT TGCGGTGATTTTGTGGGTCATCTTCAGAGACTTAGCGAACGCCTG GGTAGACCCCAACCACCAAGACCACCGGGCGGACCGCCGGGCCC TGCTGTGAGAGCTCTGCCTGCCCTGCCGCCTCCGGAGCCTGAAC CAAGAAGACACGTCCAGAGAGAGAACCCGGGATGTGGTGGTGGA GACGCCGCAGATGGAGGGCCCCATGGAGAAGAAGGCGATGGAGA CGACGCAGACCTCGGGCCAGAAGATTTAGACGAGCTGCTCGACG TCCTAGACGCCCCAGAGTAA	115
CAF05722.1	AJ620215.1	ATGTGGTGGTGGAGACGCCGCAGATGGAGGGCCCCATGGAGAAG AAGGCGATGGAGACGACGCAGACCTCGGGCCAGAAGATTTAGAC GAGCTGCTCGACGTCCTAGACGCCCCAGAGTAAGGAGACCTCGG CGCCGCAGGGGGTGGGCTCGTAGATATAGACTTAGAAGGAGGCG GAGGAGGAGAAGAAGGAGAAAGCTTATACTAACACAATGGCAGCC AGCAAAAATAAGAAAATGTCTAGTAATAGGTTATCTCGCTCTAGTA CTATGTGGAAACGGGACATTCAGTAAAAACTATGCCACGCACTCA GATGACTATGTACAGAAAGGACCCTTTGGAGGGGGACTAAGCAGC ATGAGATTTAACATGAGAATACTATATGATCAATTTAAAAGACACCT TAACTTCTGGACACACACAAACCAGGACCTAGACCTAGTTAGATAC AGAGGCTGCACCATGACATTTTATAGACACCCAGAGGTGGACTTC ATAGTAAAATTCAACAGAAAACCTCCATTCCTAGACACAATAGTATC AGGTCCAGCCATCCACCCAGGCATGCTAATGACAACAAAACACAA AATACTAGTAAAAAGCTTTAAAACAAAACCCAAAGGAAAAGGCACA GTAAAGGTGCGCATTCGCCCCCCCACACTCTTTGACGACCGTTGG TACTTTCAACATGACATCTGCAAAACCACACTGTTCACCATTAGCG CAACACCATGTGACCTGCGGTTTCCGTTCTGCTCACCACAAACTGA CAACCCTTGCGTCAACTTCCTAGTTCTTGCAGGAGTGTATAACGGC AAACTTAGCATAGAAGCCACAAAGTTAGAATCACAATATAATTCACT AGTTTCATCTATAGAAATACCCACCCAAGGCACTCTATTTAATACAT TTAAAACACCAGAAATGATAAAGTGCCCCCCAGCAGTAAAAGCCTT AGAACATTCAGACGTAAACAGAAACTGCTACAAAAAACTAGACAGC GCCTGGGGAGACACTATATGGAACCAGAACACCATACAGAACTTT AAAGAAAACACAGACAAGTTGTGGGAAGCAAGAGGCAACCAAACA ATGACTGGTAGCAAATACCTAAACTACAGAACAGGAATATACAGTG CCATATTCCTTTCAGCAGGCAGACTGTCACCAGACTTTGGGGGAC TATACAATGACATAGTATACAATCCCACCACAGACGAAGGCATAGG AAACATTGTGTGGATAGACTGGTGTACAAAAGCAGACTGCAACTTC AATGAGACACAGTCCAAAGGAGTAATAAAAGACATTCCACTGTGG	116

[0440]

		GCAGCACTGTTTGGCTATGTAGACTTTCTAAAAAAGACATTTAAAG ACGAACAGCTAGACAAAATTGCCAGACTCACTCTCATAAGCCCCTA TACAAAGCCTCAACTAATAGGACCTACACAACCCAACAAAGGGTTT GTTCCGTACGACTACAACTTTGGCAGAGCACACATGCCCTCCGGA GAATCCTACATACCTATGTACTACAGATTTAGATGGTACATCTGCC TATTTCACCAACAAAAGTTTATAGACGACATTGTAAGCAGCGGGCC CTTCGCATACCACGGCTCACAGCCCTCAGCAACTCTCACCACTAA ATACAAATTCCACTTTCTCTTTGGGGGCAACCCCGTTCCCCAACAG ACTGTCAGAGACCCTTGTAACCAACCAGTCTTTGACATTCCCGGAG CCGGTGGACTCCCCCGTCCGATACAAGTCGTTGACCCGAAATACG TCAACGAAGGCTACACGTTCCACGCCTGGGACTTCCGTAGAGGGC TCTTTGGCCAAGCAGCTATTAAAAGAGTGTCGGGAGAACAAACAAA TGCTTCACTTTATTCATCAGGTCCAAAACGGCCAAGAACAGAAATT CCTCCACAAAATGCAGAAGAAGGCTCATATTCCAGGGAACAAAAA CTCCAGCCCTGGCTCGACTCGAGCGACCAGGAAGAGAGCGAGAC AGAAGCCCCAGAAGAAGAAGCGACCTCGCCACCGTCGCTACAGC TCCAGCTCAAGCAGCAGATCAGGGAGCAGCGACAACTCAGATGTG GAATCCAACACCTCTTCCAGCAACTAGTGAAAACCCAGCAAAACTT GCATATCAATCCATGCCTACAGTAG	
CAF05723.1	AJ620216.1	ATGTACTTTTCCAGAAAAAGAAGACCCAAGAAGGAGAGGCCGCTG CCACTGCGATACGTGTGTGGCCTACCGCCTAGCAGGCCTGATCCG ATGAGCTGGCGTCCACCTGCCCACGATGTCCCAGGACAAGAGGG CCTGTGGTACCGATCAGTTTTTACTTCTCATGGCGCTTTTTGTGGT TGCGGTGATTTTGTGGGTCATCTTCAGAGACTTAGCGAACGCCTG GGTAGACCCCAACCACCAAGACCACCGGGCGAACCGCCGGGCCC TGCTGTGAGAGTTCTGCCTGCCCTGCCGCCTCCGGTACCTGAACC AAGAAGACACGTCCAGAGAGAGAACCCGGGATGTGGTGGTGGAG ACGCCGCAGATGGAGGGCCCCATGGAGAAGGAGGCGATGGAGAC GACGCAGACCTCGGACCAGAAGATTTAGACGAGCTGCTCGACGTC CTAGACGCCCCAGAGTAA	117
CAF05724.1	AJ620216.1	ATGTGGTGGTGGAGACGCCGCAGATGGAGGGCCCCATGGAGAAG GAGGCGATGGAGACGACGCAGACCTCGGACCAGAAGATTTAGAC GAGCTGCTCGACGTCCTAGACGCCCCAGAGTAAGGAGACCTCGG CGCCGCAGGGGGTGGGCTCGTAGATATAGACTTAGAAGGAGGCG AAGGAGGAGAAGAAGGAGAAAGCTTATACTAACACAATGGCAGCC AGCAAAAATAAGAAAATGTCTAGTAATAGGTTATCTTGCTCTAGTAC TATGTGGGAACGGGACATTCAGTAAAAACTATGCCTCCCACTCAGA TGACTATGTACAGAAAGGACCCTTTGGAGGGGGACTAAGCAGCAT GAGATTTAACATGAGAATACTATATGATCAATTTAAAAGACACCTTA ACTTCTGGACACACACGAACCAGGACCTAGACCTAGTTAGATACA GAGGCTGCACCATGACATTTTATAGACACCCAGAGGTGGACTTCA TAGTAAAATTCAACAGAAAACCTCCATTCCTAGACACAATAGTATCA GGTCCAGCCATGCACCCAGGCATGCTAATGACAACAAAACACAAA ATACTAGTAAAAAGCTTTAAAACAAAACCCAAAGGAAAAGGCACAG TAAAGGTGCGCATTCGCCCCCCCACACTCTTTGACGACCGTTGGT ACTTTCAACATGACATCTGCAAAACCACACTGTTCACCATTAGCGC	118

[0441]

		AACACCATGTGACCTGCGGTTTCCGTTCTGCTCACCACAAACTGAC AACCCTTGCGTCAACTTCCTAGTTCTTGCAGGAGTGTATAACGGCA AACTTAGCATAGAACCCACAAACGTAGAATCACAATATAATTCACTA CTTTCAGCTATAGAGACGAACACCCAAGGCACTCTATTTAATACAT TTAAAACACCAGAAATGATAAAGTGCCCCGCAGCAGGAAAAGCCC CAGAAACTGGAGACATATCCACAAACTGCTACAAAAAACTAGACAG CGCCTGGGGAGACACTATATGGAACCAAAACACCATAGCCAACTT TAAAAAGAACACAGACAACTTGTGGAATGCAGGACACAATCAAACA ATGACTGGTAGCAAATACCTAAACTACAGAACAGGAATATACAGTG CCATATTCCTTTCAGCAGGCAGACTGTCACCAGACTTTCCAGGACT ATACGATGACATAGTATACAATCCCACCACAGACGAAGGCATAGG AAACATTGTGTGGATAGACTGGTGTACAAAAGCAGACTGCAACTTC AATGAGACACAGTCCAAAGGAGTAATAAAAGACATTCCACTGTGG GCAGCACTGTTTGGCTATGTAGACTTTCTAAAAAAGACATTTAAAG ACGACCAGCTAGACAAAACTGCCAGACTCACTCTCATAAGCCCCT ATACAAAGCCTCAACTAATAGGACCTACACAACCCAACAAAGGGTT TGTTCCGTACGACTACAACTTTGGCAGAGCACACATGCCCTCCGG AGAATCCTACATACCTATGTACTACAGATTTAGATGGTACATCTGC CTATTTCACCAACAAAAGTTTATAGACAACATTGTAAGCAGCGGGC CCTTCGCATACCACGGCTCACAGCCCTCAGCAACTCTCACCACTA AATACAAATTCCACTTTCTCTTTGGGGGCAACCCCGTTCCCCAACA GACTGTCAGAGACCCTTGTAACCAACCAGTCTTTGACATTCCCGGA GCCGGTGGACTCCCTCGTCCGATACAAGTCGTTGACCCGAAATAC GTCAACGAAGGCTACACGTTCCACGCCTGGGACTTCCGTAGAGGG CTCTTTGGCCAAGCAGCTATTAAAAGAGTGTCGGGAGAACAAACA AATGCTTCACTTTATTCATCAGGCCCAAAACGGCCAAGAACAGAAA TTCCTCCAGAAAATGCAGAAGAAGGCTCATATTCCAGGGAACAAAA ACTCCAGCCCTGGCTCGACTCGAGCGACCAGGAAGGGAGCGAGA CAGAAGCCCCAGAAGAAGAAGCGACCTCGCCGCCGTCGCTACAG CTCCAGCTCAAGCAGCAGATCAGGGAGCAGCGACAACTCAGATGT GGAATCCAACACCTCTTCCAGCAACTAGTGAAAACCCAGCAAAACT TGCATATCAACCCATGCCTACAATAG	
CAF05725.1	AJ620217.1	ATGTACTTTTCCAGAAAAAGAAGACCCAAGAAGGAGAGGCCGCTG CCACTGCGATACGTGTGTGGCCTACCGCCTAGCAGGCCTGATCCG ATGAGCTGGCGTCCACCTGCCCACGATGTCCCAGGACAAGAGGG CCTGTGGTACCGATCAGTTTTTACTTCTCATGGCGCTTTTTGTGGT TGCGGTGATTTTGTGGGTCATCTTCAGAGACTTAGCGAACGCCTG GGTAGACCCCAACCACCAAGACCACCGGGCGGACCGCCGGGCCC TGCTGTGAGAGCTCTGCCTGCCCTGCCGCCTCCGGAGCCTGAAC CAAGAAGACACGTCCAGAGAGAGAACCCGGGATGTGGTGGTGGA GACGCCGCAGATGGAGGGCCCCATGGAGAAGGAGGCGATGGAG ACGACGCAGACCTCGGACCAGAAGATTTAGACGAGCTGCTCGACG TCCTAGACGCCCCAGAGTAA	119
CAF05726.1	AJ620217.1	ATGTGGTGGTGGAGACGCCGCAGATGGAGGGCCCCATGGAGAAG GAGGCGATGGAGACGACGCAGACCTCGGACCAGAAGATTTAGAC GAGCTGCTCGACGTCCTAGACGCCCCAGAGTAAGGAGACCTCGG	120

[0442]

		CGCCGCAGGGGGTGGGCTCGTAGATATAGACTTAGAAGGAGGCG GAGGAGGAGAAGAAGGAGAAAGCTTATACTAACACAATGGCAGCC AGCAAAAATAAGAAAATGTCTAGTAATAGGTTATCTTGCTCTAGTAC TATGTGGAAACGGGACATTCAGTAAAAACTATGCCTCGCACTCAGA TGACTATGTACAGAAAGGACCCTTTGGAGGGGGACTAAGCAGCAT GAGATTTAACATGAGAGTACTATATGATCAATTTAAAAGACACCTTA ACTTCTGGACACACACAAACCAGGACCTAGACCTAGTTAGATACAG AGGCTGCACCATGACATTTTATAGACACCCAGAGGTGGACTTCATA GTAAAATTCAACAGAAAACCTCCATTCCTAGACACAATAGTATCAG GTCCAGCCATGCACCCAGGCATGCTAATGACAACAAAACACAAAA TACTAGTAAAAAGCTTTAAAACAAAACCCAAAGGAAAAGGCACAGT AAAGGTGCGCATTCGCCCCCCCACACTCTTTGACGGCCGTTGGTA CTTTCAACATGACATCTACAAAACCACACTGTTCACCATTAGCGCA ACACCGTGTGACCTGCGGTTTCCGTTCTGCTCACCACAAACTGAC AACCCTTGCGTCAACCTCCTAGTTCTTGCAGGAGTGTATAACGGCA AACTTAGCATAGAAGCCACAAAGTTAGAATCACAATATAATTCACTA GTTTCATCTATAGAAATACCCACCCAAGGCACTCTATTTAATACATT TAAAACACCAGAAATGATAAAGTGCCCCCCAGCAGTAAAAGCCTC AGAACATTCAGACGTAAACAGAAACTGCTACAAAAAACTAGACAGC GCCTGGGGAGACACTATATGGAACCCGAGCACCATACAGAACTTT AAAGAAAACACAGAGAAGTTGTGGGAAGCAAGAGGCAACCAAACA ATGACTGGTAGCAAATACCTAAACTACAGAACAGGAATATACAGTG CCATATTCCTTTCAGCAGGCAGACTGTCACCAGACTTTGGGGGAC TATACAATGACATAGTATACAATCCCACCACAGACGAAGGCATAGG AAACATTGTGTGGATAGACTGGTGTACAAAAGCAGACTGCAACTTC AATGAGACACAGTCCAAAGGGGTAATAAAAGACATTCCACCGTGG GCAGCACTGTTTGGCTATGTAGACTTTCTAAAAAAGACATTTAAAG ACGAACAGCTAGACAAAATTGCCAGACTCACTCTCATAAGCCCCTA TACAAAGCCTCAACTAATAGGACCTACACAACCCAACAAAGGGTTT GTTCCGTACGACTACAACTTTGGCAGAGCACACATGCCCTCCGGA GAATCCTACATACCTATGTACTACAGATTTAGATGGTACATCTGCC TATTTCACCAACAAAAGTTTATAGACGACATTGTAAGCAGCGGGCC CTTCGCATACCACGGCTCACAGCCCTCAGCAACTCTCACCACTAA ATACAAATTCCACTTTCTCTTTGGGGGCAACCCCGTTCCCCAACAG ACTGTCAGAGACCCTTGTAACCAACCAGTCTTTGACATTCCCGGAG CCGGTGGACTCCCTCGTCCGATACAAGTCGTTGACCCGAAATACG TCAACGAAGGCTACACGTTCCACGCCTGGGACTTCCGTAGAGGGC TCTTTGGCCAAGCAGCTATTAAAAGAGTGTCGGGAGAACAAACAAA TGCTTCACTTTATTCATCAGGTCCAAAACGGCCAAGAACAGAAATT CCTCCACAAAATGCAGAAGAAGGCTCATATTCCAGGGAACAAAAA CTCCAGCCCTGGCTCGACTCGAGCGACCAGGAAGAGAGCGAGAC AGAAGCCCCAGAAGAAGAAGCGACCTCGCCACCGTCGCTACAGC TCCAGCTCAAGCAGCAGATCAGGGAGCAGCGACAACTCAGATGTG GAATCCAACACCTCTTCCAGCAACTAGTGAAAACCCAGCAAAACTT GCATATCAACCCATGCCTACAATAG	
CAF05727.1	AJ620218.1	ATGCGTTTTCGCAGGGTTGCCCAGAAAAGGAAAGTGCTTTTGCAA	121

[0443]

		ACTGTGCCAGCTGCAAAGAAGGCTAGGCGGCTTCTAGGTATGTGG CAGCCCCCCACGCACAATGTCCCGGGCATCGAGAGAAACTGGTA CGAGAGCTGTTTTAGATCCCACGCTGCTGTTTGTGGCTGTGGCGA TTTTGTTGGCCATCTTAATCATCTGGCAACTACTCTGGGTCGTCCT CCGCGTCCTGGGCCCCCAGGCGGACCCCGCACGCCGCAAATAAG AAACCTGCCAGCGCTCCCGGCGCCCCAGGGCGAGCCCGGTGACA GAGCGTCATGGCGTGGGGCTTCTGGGGCCGACGCCGCCGGTGG AGACGATGGAGAGCGCGGCGCAGACGGTGGAGACCCCGCAGAC GTAGGAGACGACGCCCTCCTCGCCGCTTTCGAGCTCGTCGAAGA GTAA	
CAF05728.1	AJ620218.1	ATGGCGTGGGGCTTCTGGGGCCGACGCCGCCGGTGGAGACGAT GGAGAGCGCGGCGCAGACGGTGGAGACCCCGCAGACGTAGGAG ACGACGCCCTCCTCGCCGCTTTCGAGCTCGTCGAAGAGTAAGGAG GCGCGGGGGGAGGTGGCGCAGACGCTACAGAAAATGGCGACGG GGCAGACGCAGACGGACTCACAGAAAAAAGATAGTCATAAAACAG TGGCAACCTAACTTTATAAGACGCTGCTACATCATAGGGTACTTAC CACTTATATTCTGCGGCGAAAATACAACCGCCCAGAACTTTGCCAC TCACTCGGACGACATGATAAGCAAAGGACCGTACGGGGGGGGCA TGACTACCACCAAATTCACTCTGAGAATACTGTACGACGAGTTTAC CAGGTTTATGAACTTTTGGACTGTCAGTAACGAAGACCTAGACCTG TGTAGATACGTGGGCTGCAAACTAATATTTTTTAAACACCCCACGG TGGACTTTATAGTACAGATAAACACTCAGCCTCCTTTCTTAGACAC GCACCTCACCGCGGCCAGCATACACCCGGGCATCATGATGCTCA GCAAGAGACACATACTAATACCCTCTCTAAAGACCCGGCCCAGCA GAAAACACAGGGTGGTCGTCAGGGTGGGCGCCCCAAGACTTTTTC AGGACAAGTGGTACCCCCAGTCAGACCTGTGTGACACAGTTCTGC TTTCCATATTCGCAACCGCCTGCGACTTGCAATATCCGTTCGGCTC ACCACTAACTGACAACCCTTGCGTCAACTTCCAGATCCTGGGGCC CCAGTACAAAAAACACCTTAGTATTAGCTCCACTATGGATGACACT AACAAAGCACATTATGAAGAAAACTTATTTAAGAAAATTGAACTATA CAACACCTTTCAAACCATAGCTCAGCTTAAAGAGACAGGAACAATT TCAGGCATGCAACCTTCTTGGACTGAAGTCCAGAATTCAAAAACAC TTAATGAAACAGGTAGCAATGCCACTGAGAGTAGAGACACTTGGTA TAAAGGAAATACATACAACGACAAGATACACCAGTTAGCAGAAAAA ACCAGAAAGAGATTTAAAAATGCAACAAAAGCAGCACTACCAAACT ACCCCACAATAATGTCCGCAGACTTATATGAATACCACTCAGGCAT ATACTCCAGCATATATCTATCAGCTGGCAGGAGCTACTTTGAAACC ACCGGGGCCTACTCTGACATTATATACAACCCTTTCACAGACAAGG GCACAGGCAACATAATCTGGATAGACTACCTCACAAAAGAAGACA CCATTTTTGTAAAAAACAAAAGCAAATGCGAGATAATGGACATGCC CCTGTGGGCGGCCTGCACAGGATACACAGAGTTTTGTGCAAAGTA TACAGGCGACTCTGCCATTATTTACAATGCAAGAATAGTCATAAGA TGCCCATACACTGAGCCCATGTTAATAGACCACTCAGACCCAAACA AAGGCTTCGTTCCCTACTCATTTAGCTTTGGCAACGGAAAGATGCC CGGAGGCAGCTCCAACGTGCCCATAAGAATGAGAGCCAAGTGGTA CGTGAACATATTCCACCAAAAAGAAGTATTGGAGAGCATAGTACAG	122

[0444]

		TCCGGACCGTTTGGGTACAAGGGCGACATAAAATCAGCTGTACTA GCCATGAAATACAGATTTCACTGGAAGTGGGGCGGAAACCCTATA TCCAAACAGGTCGTCAGGAATCCCTGCTCCAACTCCAGCTCATCC GCGGCCCATAGAGGACCTCGCAGCGTACAAGCGGTTGACCCGAA ATACAATACCCCAGAGGTCACGTGGCACTCGTGGGACATTAGACG AGGACTCTTTGGCAAAGCAGGTATTAAAAGAATGCAACAGGAATCA GATGCTCTTTACATTCCTCCAGGACCAATCAAGAGACCTCGCAGG GACACCAACGCCCAAGACCCAGAAGAGCAAAACGAAAGCTCAGGT TTCAGAGTCCAGCAGCGACTCCCGTGGGTCCACTCCAGCCAAGAG ACGCAAAGCTCCCAAGAAGAGACGGAGGCGCAGGGGTCGGTACA AGACCAACTACTCCTCCAGCTCCGAGAGCAGCGAGTTCTCCGACT CCAGCTCCAGCAACTCGCAACCCAAGTCCTCAAAGTCCAAGCAGG GCACAGCCTACACCCCCTATTATCTTCCCAAGCATAA	
CAF05729.1	AJ620219.1	ATGCGTTTTCGCAGGGTTGCCCAGAAAAGGAAAGTGCTTTTGCAA ACTGTGCCAGCTGCAAAGAAGGCTAGGCGGCTTCTAGGTATGTGG CAGCCCCCCACGCATAATGTCCCGGGCATCGAGAGAAACTGGTAC GAGAGCTGTTTTAGATCCCACGCTGCTGTTTGTGGCTGTGGCGAT TTTGTTGGCCATCTTAATCATCTGGCAACTACTCTGGGTCGTCCTC CGCGTCCTGGGCCCCCAGGCGGACCCCGCACGCCGCAAATAAGA AACCTGCCAGCGCTCCCGGCGCCCCAGGGCGAGCCCGGTGACA GAGCGTCATGGCGTGGGGCTTCTGGGGCCGACGCCGCCGGTGG AGACGATGGAGAGCGCGGCGCAGACGGTGGAGACCCCGCAGAC GTAGGAGACGACGCCCTCCTCGCCGCTTTCGAGCTCGTCGAAGA GTAA	123
CAF05730.1	AJ620219.1	ATGGCGTGGGGCTTCTGGGGCCGACGCCGCCGGTGGAGACGAT GGAGAGCGCGGCGCAGACGGTGGAGACCCCGCAGACGTAGGAG ACGACGCCCTCCTCGCCGCTTTCGAGCTCGTCGAAGAGTAAGGAG GCGCGGGGGGAGGTGGCGCAGACGCTACAGAAAATGGCGACGG GGCAGACGCAGACGGACTCACAGAAAAAAGATAGTCATAAAACAG TGGCAACCTAACTTTATAAGACGCTGCTACATCATAGGGTACTTAC CACTTATATTCTGCGGCGAAAATACAACCGCCCAGAACTTTGCCAC TCACTCGGACGACATGATAAGCAAAGGACCGTACGGGGGGGGGCA TGACTACCACCAAATTCACTCTGAGAATACTGTACGACGAGTTTAC CAGGTTTATGAACTTTTGGACTATCAGTAACGAAGACCTAGACCTG TGTAGATACGTGGGCTGCAAACTAATATTTTTTAAACACCCCACGG TGGACTTTATAGTACAGATAAACACTCAGCCTCCTTTCTTAGACAC GCACCTCACCGCGGCCAGCATACACCCGGGCATCATGATGCTCA GCAAGAGACACATACTAATACCCTCTCTAAAGACCCGGCCCAGCA GAAAACACAGGGTGGTCGTCAGGGTGGGCGCCCCAAGACTTTTTC AGGACAAGTGGTACCCCCAGTCAGACCTGTGTGACACAGTTCTGC TTTCCATATTCGCAACCGCCTGCGACTTGCAATATCCGTTTGGCTC ACCACTAACTGACAACCCTTGCGTCAACTTCCAGATCCTGGGGCC CCAGTACAAAAAACACCTTAGTATTAGCTCCACTATGGATGAAAGT AACATATCACATTATAAAGAAAACTTATTTAAGAAAACTGAACTATA CAACACCTTTCAAACCATAGCTCAGCTTAAAGAGACAGGAAACATT TCAGGCATTAGTCCTAATTGGACTGAAGTCCAGAATTCAACAACAC	124

[0445]

		TTAATCAAACAGGTGACAATGCCACTAACAGTAGAGACACTTGGTA TAAAGGAAATACATACAACCACAAGATATGCGACTTAGCAGAAAAA ACCAGAAACAGATTTAAAAATGCAACCAAAGCAGCACTACCAAACT ACCCCACAATAATGTCCACAGACCTATATGAATACCACTCAGGCAT ATACTCCAGCATATATTTATCAGCTGGCAGGAGCTACTTTGAAACC ACCGGGGCCTACTCTGACATTATATACAACCCTTTCACAGACAAAG GCACAGGCAACATAATCTGGATAGACTACCTCACAAAAGAAGACA CCATTTTTGTAAAAAACAAAAGCAAATGCGAGATAATGGACATGCC CCTGTGGGCGGCCTGCACAGGATACACAGAGTTTTGTGCAAAGTA TACAGGCGACTCTGCCATTATCTACAATGCAAGAATACTCATAAGA TGCCCATACACTGAGCCCATGTTAATAGACCACTCAGACCCAAACA AAGGCTTCGTTCCCTACTCATTTAACTTTGGCAACGGAAAGATGCC CGGAGGCAGCTCCAACGTACCCATAAGAATGAGAGCCAAATGGTA CGCGAACATATTCCACCAAAAGGAGGTTCTAGAGGCTATAGTACAA AGCGGACCGTTCGGGTACAAGGGCGACATAAAATCAGCTGTACTA GCCATGAAATACAGATTTCACTGGAAGTGGGGCGGAAACCCTATA TCCAAACAGGTCGTCAGGAATCCCTGCTCCAACTCCAGCTCATCC GCGGCCCATAGAGGACCTCGCAGCGTACAAGCGGTTGACCCGAA ATACAATACCCCAGAGGTCACGTGGCACTCGTGGGACATTAGACG AGGACTCTTTGGCAAAGCAGGTATTAAAAGAATGCAACAGGAATCA GATGCTCTTTACATTCCTCCAGGACCAATCAAGAGACCTCGCAGG GACACCAACGCCCAAGACCCAGAAGAGCAAAACGAAAGCTCAGGT TTCAGAGTCCAGCAGCGACTCCCGTGGGTCCACTCCAGCCAAGAG ACGCAAAGCTCCCAAGAAGAGACGGAGGCGCAGGGGTCGGTACA AGACCAACTACTCCTCCAGCTCCGAGAGCAGCGAGTTCTCCGACT CCAGCTCCAGCAACTCGCAGCCCAAGTCCCCAAAGTCCAAGCAGG GCACAGCCTACACCCCCTATTATCTTCCCAAGCATAA	
CAF05731.1	AJ620220.1	ATGCGTTTTCGCAGGGTTGCCCAGAAAAGGAAAGTGCTTTTGCAA ACTGTGCCAGCTGCAAAGAAGGCTAGGCGGCTTCTAGGTATGTGG CAGCCCCCCACGCACAATGTCCCGGGCATCGAGAGAAACTGGTA CGAGAGCTGTTTTAGATCCCACGCTGCTGTTTGTGGCTGTGGCGA TTTTGTTGGCCATCTTAATCATCTGGCAACTACTCTGGGTCGTCCT CCGCGTCCTGGGCCCCCAGGCGGACCCCGCACGCCGCAAATAAG AAACCTGCCAGCGCTCCCGGCGCCCCAGGGCGAGCCCGGTGACA GAGCGTCATGGCGTGGGGCTTCTGGGGCCGACGCCGCCGGTGG AGACGATGGAGAGCGCGGCGCAGACGGTGGAGACCCCGCAGAC GTAGGAGACGACGCCCTCCTCGCCGCTTTCGAGCTCGTCGAAGA GTAA	125
CAF05732.1	AJ620220.1	ATGGCGTGGGGCTTCTGGGGCCGACGCCGCCGGTGGAGACGAT GGAGAGCGCGGCGCAGACGGTGGAGACCCCGCAGACGTAGGAG ACGACGCCCTCCTCGCCGCTTTCGAGCTCGTCGAAGAGTAAGGAG GCGCGGGGGGAGGTGGCGCAGACGCTACAGAAAATGGCGACGG GGCAGACGCAGACGGACTCACAGAAAAAAGATAGTCATAAAACAG TGGCAACCAAACTTTATAAGACGCTGCTACATCATAGGGTACTTAC CACTTATATTCTGCGGCGAAAATACAACCGCCCAGAACTTTGCCAC TCACTCGGACGACATGATAAGCAAAGGACCGTACGGGGGGGGCA	126

[0446]

		TGACTACCACCAAATTCACTCTGAGAATACTGTACGACGAGTTTAC CAGGTTTATGAACTTTTGGACTGTCAGTAACGAAGACCTAGACCTG TGTAGATACGTGGGCTGCAAACTAATATTTTTTTAAACACCCCACGG TGGACTTTATAGTACAGATAAACACTCAGCCTCCTTTCTTAGACAC GCACCTCACCGCGGCCAGCATACACCCGGGCATCATGATGCTCA GCAAGAGACACATACTAATACCCTCTCTAAAGACCCGGCCCAGCA GAAAACACAGGGTGGTCGTCAGGGTGGGCGCCCCAAGACTTTTTC AGGACAAGTGGTACCCCCAGTCAGACCTGTGTGACACAGTTCTGC TTTCCATATTCGCAACCGCCTGCGACTTGCAATATCCGTTCGGCTC ACCACTAACTGACAACCCTTGCGTCAACTTCCAGATCCTGGGGCC CCAGTACAAAAAACACCTTAGTATTAGCTCCACTATGGATGACACT AACAAAGCACATTATGAAGAAAACTTATTTAATAAAACTGAACTATA CAACACCTTTCAAACCATAGCTCAGCTTAGAGACACAGGACAAACT ACAAACGCTAGTCCTAATTGGAATCAGGTCCAGAATACAGCAGCA CTTGAGTTATCAGGTGCAAATGCCACTAGCAGCAAAGACACTTGGT ATAAAGGTAATACATACACGAAAGACATATCAAAGTTAGCAGAAAA AACCAGACAAAGATTTAAAGCTGCAACAATAGCAGCACTACCAAAC TACCCCACAATAATGTCCACAGACCTATATGAATACCACTCAGGCA TATACTCCAGCATATATTTATCAGCTGGCAGGAGCTACTTTGAAAC CACCGGGGCCTACTCTGACATTATATACAACCCTTTCACAGACAAA GGCACAGGCAACATAATCTGGATAGACTACCTCACAAAAGAAGAC ACCATTTTTGTAAAAAACAAAAGCAAATGCGAGATAATGGACATGC CCCTGTGGGCGGCCTGCACAGGATACACAGAGTTTTGTGCAAAGT ATACAGGCGACTCTGCCATTATCTACAATGCAAGAATACTCATAAG ATGCCCACACACTGAGCCCATGTTAATAGACCACTCAGACCCAAA CAAAGGCTTCGTTCCCTACTCATTCGACTTTGGCAATGGAAAGATG CCCGGAGGCAGCTCCAACGTACCGATAAGAATGAGGGCCAAATG GTACGTGAACATATTCCACCAAAAGGAGGTTCTAGAGGCTATAGTA CAAAGCGGACCGTTCGGGTACAAGGGCGACATAAAATCAGCTGTA CTAGCCATGAAATACAGATTTCACTGGAAGTGGGGCGGAAACCCT ATATCCAAACAGGTCGTCAGGAATCCCTGCTCCAACTCCAGCTCAT CCGCGGCCCATAGAGGACCTCGCAGCGTACAAGCGGTTGACCCG AAATACAATACCCCAGAGGTCACGTGGCACTCGTGGGACATTAGA CGAGGACTCTTTGGCAAAGCAGGTATTAAAAGAATGCAACAGGAA TCAGATGCTCTTTACATTCCTCCAGGACCAATCAAGAGACCTCGCA GGGACACCAACGCCCAAGACCCAGAAGAGCAAAACGAAAGCTCA GGTTTCAGAGTCCAGCAGCGACTCCCGTGGGTCCACTCCAGCCAA GAGACGCAAAGCTCCCAAGAAGAGACGGAGGCGCAGGGGTCGGT ACAAGACCAACTACTCCTCCAGCTCCGAGAGCAGCGAGTTCTCCG ACTCCAGCTCCAGCAACTCGCAACCCAAGTCCTCAAAGTCCAAGC AGGGCACAGCCTACACCCCCTATTATCTTCCCAAGCATAA	
CAF05733.1	AJ620221.1	ATGCGTTTTCGCAGGGTTGCCCAGAAAAGGAAAGTGCTTTTGCAA ACTGTGCCAGCTGCAAAGAAGGCTAGGCGGCTTCTAGGTATGTGG CAGCCCCCCACGCACAATGTCCCGGGCATCGAGAGAAACTGGTA CGAGAGCTGTTTTAGATCCCACGCTGCTGTTTGTGGCTGTGGCGA TTTTGTTGGCCATCTTAATCATCTGGCAACTACTCTGGGTCGTCCT	127

[0447]

		CCGTGTCCTGGGCCCCCAGGCGGACCCCGCACGCCGCAAATAAG AAACCTGCCAGCGCTCCCGGCGCCCCAGGGCGAGCCCGGTGACA GAGCGCCATGGCGTGGGGCTTCTGGGGCCGACGCCGCCGGTGG AGACGATGGAGAGCGCGGCGCAGACGGTGGAGACCCCGCAGAC GTAGGAGACGACGCCCTACTCGCCGCTTTCGAGCTCGTCGAAGA GTAA	
CAF05734.1	AJ620221.1	ATGGCGTGGGGCTTCTGGGGCCGACGCCGCCGGTGGAGACGAT GGAGAGCGCGGCGCAGACGGTGGAGACCCCGCAGACGTAGGAG ACGACGCCCTACTCGCCGCTTTCGAGCTCGTCGAAGAGTAAGGAG GCGCGGGGGGAGGTGGCGCAGACGCTACAGAAAATGGCGACGG GGCAGACGCAGACGGACTCATAGAAAAAAGATAGTCATAAAACAG TGGCAACCAAACTTTATAAGACGCTGCTACATCATAGGGTACTTAC CACTTATATTCTGCGGCGAAAATACAACCGCCCAGAACTTTGCCAC TCGCTCGGACGACATGATAAGCAAAGGACCGTACGGGGGGGGCA TGACTACCACCAAATTCACTCTGAGAATACTGTACGACGAGTTTAC CAGGTTTATGAACTTTTGGACTGTCAGTAACGAAGACCTAGACCTG TGTAGATACGTGGGCTGCAAACTAATATTTTTTAAACACCCCACGG TGGACTTTATAGTACAGATAAACACTCAGCCTCCTTTCTTAGACAC GCACCTCACCGCGGCCAGCATACACCCGGGCATCATGATGCTCA GCAAGAGACACATACTAATACCCTCTCTAAAGACCCGGCCCAGCA GAAAACACAGGGTGGTCGTCAGGGTGGGCGCCCCAAGACTTTTTC AGGACAAGTGGTACCCCCAGTCAGACCTGTGTGACACAGTTCTGC TTTCCATATTCGCAACCGCCTGCGACTTGCAATATCCGTTCGGCTC ACCACTAACTGACAACCCTTGCGTCAACTTCCAGATCCTGGGGCC CCAGTACAAAAAACACCTTAGTATTAGCTCCACTATGGATGAAAGT AACAAAGCACATTATGAACAAAACTTATTTAAGAAAACTGAACTATA CAACACCTTTCAAACCATAGCTCAGCTTAAAGAGACAGGAAACATT TCAGGCATTACTCCTACTTGGACTGAAGTCCAGAATTCAACAACAC TTAATCAAGCAGGTAACAATGCCACTGACAGTAGAGACACTTGGTA TAAAGGAAATACATACAACGAGAAGATATCCGAGTTAGCACAAATA ACCAGAAACAGATTTAAAAATGCAACCAAAACAGCACTACCAAACT ACCCCACAATAATGTCCACAGACCTATATGAATACCACTCAGGCAT ATACTCCAGCATATATTTATCAGCTGGCAGGAGCTACTTTGAAACC ACCGGGGCCTACTCTGACATTATATACAACCCTTTCACAGACAAAG GCACAGGCAACATAATCTGGATAGACTACCTCACAAAAGAAGACA CCATTTTTGTAAAAAACAAAAGCAAATGCGAGATAATGGACATGCC CCTGTGGGCGGCCTGCACAGGATACACAGAGTTTTGTGCAAAGTA TACAGGCGACTCTGCCATTATTTACAATGCAAGAATAGTCATAAGA TGCCCATACACTGAGCCCATGTTAATAGACCACTCAGACCCAAACA AAGGCTTCGTCCCCTACTCATTTAACTTTGGCAACGGAAAGATGCC CGGAGGCAGCTCCAACGTGCCCATAAGAATGAGAGCCAAGTGGTA CGTGAACATATTCCACCAAAAAGAAGTATTGGAGAGCATAGTACAG TCCGGACCGTTTGGGTACAAGGGCGACATAAAATCAGCTGTACTA GCCATGAAATACAGATTTCACTGGAAGTGGGGCGGAAACCCTATA TCCAAACAGGTCGTCAGGAATCCCTGCTCCAACTCCAGCTCATCC GCGGCCCATAGAGGACCTCGCAGCGTACAAGCGGTTGACCCGAA	128

[0448]

		ATACAATACCCCAGAGGTCACGTGGCACTCGTGGGACATTAGACG AGGACTCTTTGGCAAAGCAGGTATTAAAAGAATGCAACAGGAATCA GATGCTCTTTACATTCCTCCAGGACCAATCAAGAGACCTCGCAGG GACACCAACGCCCAAGACCCAGAAGAGCAAAACGAAAGCTCAGGT TTCAGAGTCCAGCAGCGACTCCCGTGGGTCCACTCCAGCCAAGAG ACGCAAAGCTCCCAAGAAGAGACGGAGGCGCAGGGGTCGGTACA AGACCAACTACTCCTCCAGCTCCGAGAGCAGCGAGTTCTCCGACT CCAGCTCCAGCAACTCGCAACCCAAGTCCTCAAAGTCCAAGCAGG GCACAGCCTACACCCCCTATTATCTTCCCAAGCATAA	
CAF05735.1	AJ620222.1	ATGCGTTTTCGCAGGGTTGCCCAGAAAAGGAAAGTGCTTTTGCAA ACTGTGCCAGCTGCAAAGAAGGCTAGGCGGCTTCTAGGTATGTGG CAGCCCCCCACGCACAATGTCCCGGGCATCGAGAGAAACTGGTA CGAGAGCTGTTTTAGATCCCACGCTGCTGTTTGTGGCTGTGGCGA TTTTGTTGGCCATCTTAATCATCTGGCAACTACTCTGGGTCGTCCT CCGCGTCCTGGGCCCCCAGGCGGACCCCGCACGCCGCAAATAAG AAACCTGCCAGCGCTCCCGGCGCCCCAGGGCGAGCCCGGTGACA GAGCGCCATGGCATGGGGCTTCTGGGGCCGACGCCGCCGGTGG AGACGATGGAGAGCGCGGCGCAGACGGTGGAGACCCCGCAGAC GTAGGAGACGACGCCCTACTCGCCGCTTTCGAGCTCGTCGAAGA GTAA	129
CAF05736.1	AJ620222.1	ATGGCATGGGGCTTCTGGGGCCGACGCCGCCGGTGGAGACGATG GAGAGCGCGGCGCAGACGGTGGAGACCCCGCAGACGTAGGAGA CGACGCCCTACTCGCCGCTTTCGAGCTCGTCGAAGAGTAAGGAG GCGCGGGGGGAGGTGGCGCAGACGCTACAGAAAATGGCGACGG GGCAGACGCAGACGGACTCATAGAAAAAAGATAGTCATAAAACAG TGGCAACCAAACTTTATAAGACGCTGCTACGTCATAGGGTACTTAC CACTTATATTCTGCGGCGAAAATACAACCGCCCAGAACTTTGCCAC TCACTCGGACGACATGATAAGCAAAGGACCGTACGGGGGGGGCA TGACTACCACCAAATTCACTCTGAGAATACTGTACGACGAGTTTAC CAGGTTTATGAACTTTTGGACTGTCAGTAACGAAGACCTAGACCTG TGTAGATACGTGGGCTGCAAACTAATATTTTTTAAACACCCCACGG TGGACTTTATAGTACAGATAAACACTCAGCCTCCTTTCTTAGACAC GCACCTCACCGCGGCCAGCATACACCCGGGCATCATGATGCTCA GCAAGAGACACATACTAATACCCTCTCTAAAGACCCGGCCCAGCA GAAAACACAGGGTGGTCGTCAGGGTGGGCGCCCCAAGACTTTTTC AGGACAAGTGGTACCCCCAGTCAGACCTGTGTGACACAGTTCTGC TTTCCATATTTGCAACCGCCTGCGACTTGCAATATCCGTTCGGCTC ACCACTAACTGACAACCCTTGCGTCAACTTCCAGATCCTGGGGCC CCAGTACAAAAAACACCTTAGTATTAGCTCCACTATGGATCAAACT AACGAAAACCATTATAAAGAAAACTTATTTAACAAAACTGAACTATA CAACACCTTTCAAACCATAGCTCAGCTTAAAGAGACAGGACACATT TCAGGCATTAGTCCTACTTGGAATGAAGTCCAGAATTCAACAACAC TTACTAAAGGAGGTGACAATGCCACTCAGAGTAGAGACACTTGGT ATAAAGGAAATACATACAACGAGAAGATATGCGAGTTAGCACAAAT AACCAGAAACAGATTTAAAAATGCAACCAAAGGAGCACTACCAAAC TACCCCACAATAATGTCCACAGACCTATATGAATACCACTCAGGCA	130

[0449]

		TACACTCCAGCATATATCTATCAGCTGGCAGGAGCTACTTTGAAAC CACCGGGGCCTACTCTGACATTATATACAACCCTTTCACAGACAAA GGCACAGGCAACATAATCTGGATAGACTACCTCACAAAAGAAGAC ACCATTTTTGTGAAAAACAAAAGCAAATGCGAGATAATGGACATGC CCCTGTGGGCGGCCTGCACAGGATACACAGAGTTTTGTGCAAAGT ATACAGGCGACTCTGCCATTATCTACAATGCAAGAATACTCATAAG ATGCCCATACACTGAGCCCATGTTAATAGACCACTCAGACCCAAAC AAAAGCTTCGTTCCCTACTCATTTAACTTTGGCAACGGAAAGATGC CCGGAGGCAGCTCCAACGTGCCCATAAGAATGAGAGCCAAGTGG TACGTGAACATATTCCACCAAAAAGAAGTATTAGAGAGCATAGTAC AGTCCGGACCGTTTGGGTACAAGGGCGACATAAGATCAGCTGTAC TAGCCATGAAATACAGATTTCACTGGAAGTGGGGCGGAAACCCTA TATCCAAACAGGTCGTCAGGAATCCCTGCTCCAACTCCAGCTCCT CCGCGGCCCATAGAGGACCTCGCAGCGTACAAGCGGTTGACCCG AAATACAATACCCCAGAGGTCACGTGGCACTCGTGGGACATTAGA CGAGGACTCTTTGGCAAAGCAGGTATTAAAAGAATGCAACAGGAA TCAGATGCTCTTTACATTCCTCCAGGACCAATCAAGAGACCTCGCA GGGACACCAACGCCCAAGACCCAGAAGAGCAAAACGAAAGCTCA GGTTTCAGAGTCCAGCAGCGACTCCCGTGGGTCCACTCCAGCCAA GAGACGCAAAGCTCCCAAGAAGAGACGGAGGCGCAGGGGTCGGT ACAAGACCAACTACTCCTCCAGCTCCGAGAGCAGCGAGTTCTCCG ACTCCAGCTCCAGCAACTCGCAACCCAAGTCCTCAAAGTCCAAGC AGGGCACAGCCTACACCCCCTATTATCTTCCCAAGCATAA	
CAF05737.1	AJ620223.1	ATGCGTTTTCGCAGGGTTGCCCAGAAAAGGAAAGTGCTTTTGCAA ACTGTGCCAGCTGCAAAGAAGGCTAGGCGGCTTCTAGGTATGTGG CAGCCCCCCACGCACAATGTCCCGGGCATCGAGAGAAACTGGTA CGAGAGCTGTTTTAGATCCCACGCTGCTGTTTGTGGCTGTGGCGA TTTTGTTGGCCATCTTAATCATCTGGCAACTACTCTGGGTCGTCCT CCGCGTCCTGGGCCCCCAGGCGGACCCCGCACGCCGCAAATAAG AAACCTGCCAGCGCTCCCGGCGCCCCAGGGCGAGCCCGGTGACA GAGCGCCATGGCATGGGGCTTCTGGGGCCGACGCCGCCGGTGG AGACGATGGAGAGCGCGGCGCAGACGGTGGAGACCCCGCAGAC GTAGGAGACGACGCCCTACTCGCCGCTTTCGAGCTCGTCGAAGA GTAA	131
CAF05738.1	AJ620223.1	ATGGCATGGGGCTTCTGGGGCCGACGCCGCCGGTGGAGACGATG GAGAGCGCGGCGCAGACGGTGGAGACCCCGCAGACGTAGGAGA CGACGCCCTACTCGCCGCTTTCGAGCTCGTCGAAGAGTAAGGAG GCGCGGGGGGAGGTGGCGCAGACGCTACAGAAAATGGCGACGG GGCAGACGCAGACGGACTCATAGAAAAAAGATAGTCATAAAACAG TGGCAACCAAACTTTATAAGACGCTGCTACATCATAGGGTACTTAC CACTTATATTCTGCGGCGAAAATACAACCGCCCAGAACTTTGCCAC TCACTCGGACGACATGATAAGCAAAGGACCGTACGGGGGGGGCA TGACTACCACCAAATTCACTCTGAGAATACTGTACGACGAGTTTAC CAGGTTTATGAACTTTTGGACTGTCAGTAACGGAGACCTAGACCTG TGTAGATACGTGGGCTGCAAACTAATATTTTTTAAACACCCCACGG TGGACTTTATAGTACAGATAAACACTCAGCCTCCTTTCTTAGACAC	132

[0450]

		GCACCTCACCGCGGCCAGCATACACCCGGGCATCATGATGCTCA GCAAGAGACACATACTAATACCCTCTCTAAAGACCCGGCCCAGCA GAAAACACAGGGTGGTCGTCAGGGTGGGCGCCCCAAGACTTTTTC AGGACAAGTGGTACCCCCAGTCAGACCTGTGTGACACAGTTCTGC TTTCCATATTTGCAACCGCCTGCGACTTGCAATATCCGTTCGGCTC ACCACTAACTGACAACCCTTGCGTCAACTTCCAGATCCTGGGGCC CCAGTACAAAAAACACCTTAGTATTAGCTCCACTATGGATCAAACT AACGAAAACCATTATAAAGAAAACTTATTTAACAAAACTGAACTATA CAACACCTTTCAAACCATAGCTCAGCTTAAAGAGACAGGACACATT TCAGGCATTAGTCCTACTTGGAATGAAGTCCAGAATTCAACAACAC TTACTAAAGAAGGTGACAATGCCACTCAGAGTAGAGACACTTGGTA TAAAGGAAATACATACAACGGTAAGATATGCCAGTTAGCACAAATA ACCAGAAACAGGTTTAAAAATGCAACCAAAGGAGCACTACCAAACT ACCCCACAATAATGTCCACAGACCTATATGAATACCACTCAGGCAT ATACTCCAGCATATGTCTATCAGCTGGCAGGAGCTACTTTGAAACC ACCGGGGCCTACTCTGACATTATATACAACCCTTTCACAGACAAAG GCACAGGCAACATAATCTGGATAGACTACCTCACAAAAGAAGACA CCATTTTTGTGAAAAACAAAAGCAAATGCGAGATAATGGACATGCC CCTGTGGGCGGCCTGCACAGGATACACAGAGTTTTGTGCAAAGTA TACAGGCGACTCTGCCATTATCTACAATGCAAGAATACTCATAAGA TGCCCATACACTGAGCCCATGTTAATAGACCACTCAGACCCAAACA AAGGCTTCGTTCCCTACTCATTTAACTTTGGCAACGGAAAGATGCC CGGAGGCAGCTCCAACGTGCCCATAAGAATGAGAGCCAAGTGGTA CGTGAACATATTCCACCAAAAAGAAGTATTAGAGAGCATAGTACAG TCCGGACCGTTTGGGTACAAGGGCGACATAAAATCAGCTGTACTA GCCATGAAATACAGATTTCACTGGAAGTGGGGCGGAAACCCTATA TCCAAACAGGTCGTCAGGAATCCCTGCTCCAACTCCAGCTCCTCC GCGGCCCATAGAGGACCTCGCAGCGTACAAGCGGTTGACCCGAA ATACAATACCCCAGAGGTCACGTGGCACTCGTGGGACATTAGACG AGGACTCTTTGGCAAAGCAGGTATTAAAAGAATGCAACAGGAATCA GATGCTCTTTACATTCCTCCAGGACCAATCAAGAGACCTCGCAGG GACACCAACGCCCAAGACCCAGAAGAGCAAAACGAAAGCTCAGGT TTCAGAGTCCAGCAGCGACTCCCGTGGGTCCACTCCAGCCAAGAG ACGCAAAGCTCCCAAGAAGAGACGGAGGCGCAGGGGTCGGTACA AGACCAACTACTCCTCCAGCTCCGAGAGCAGCGAGTTCTCCGACT CCAGCTCCAGCAACTCGCAACCCAAGTCCTCAAAGTCCAAGCAGG GCACAGCCTACACCCCCTATTATCTTCCCAAGCATAA	
CAF05778.1	AJ620224.1	ATGCGTTTTCGCAGGGTTGCCCAGAAAAGGAAAGTGCTTTTGCAA ACTGTGCCAGCTGCAAAGAAGGCTAGGCGGCTTCTAGGTATGTGG CAGCCCCCCACGCACAATGTCCCGGGCATCGAGAGAAACTGGTA CGAGAGCTGTTTTAGATCCCACGCTGCTGTTTGTGGCTGTGGCGA TTTTGTTGGCCATCTTAATCATCTGGCAACTACTCTGGGTCGTCCT CCGCGTCCTGGGCCCCCAGGCGGACCCCGCACGCCGCAAATAAG AAACCTGCCAGCGCTCCCGGCGCCCCAGGGCGAGCCCGGTGACA GAGCGCCATGGCATGGGGCTTCTGGGGCCGACGCCGCCGGTGG AGACGATGGAGAGCGCGGCGCAGACGGTGGAGATCCCGCAGAC	133

[0451]

		GTAGGAGACGACGCCCTACTCGCCGCTTTCGAGCTCGTCGAAGA GTAA	
CAF05779.1	AJ620224.1	ATGGCATGGGGCTTCTGGGGCCGACGCCGCCGGTGGAGACGATG GAGAGCGCGGCGCAGACGGTGGAGATCCCGCAGACGTAGGAGA CGACGCCCTACTCGCCGCTTTCGAGCTCGTCGAAGAGTAAGGAG GCGCGGGGGGAGGTGGCGCAGACGCTACAGAAAATGGCGACGG GGCAGACGCAGACGGACTCATAGAAAAAAGATAGTCATAAAACAG TGGCAACCAAACTTTATAAGACGCTGCTACATCATAGGGTACTTAC CACTTATATTCTGCGGCGAAAATACAACCGCCCAGAACTTTGCCAC TCACTCGGACGACATGATAAGCAAAGGACCGTACGGGGGGGGCA TGACTACCACCAAATTCACTCTGAGAATACTGTACGACGAGTTTAC CAGGTTTATGAACTTTTGGACTGTCAGTAACGAAGACCTAGACCTG TGTAGATACGTGGGCTGCAAACTAATATTTTTTAAACACCCCACGG TGGACTTTATAGTACAGATAAACACTCAGCCTCCTTTCTTAGACAC GCACCTCACCGCGGCCAGCATACACCCGGGCATCATGATGCTCA GCAAGAGACACATACTAATACCCTCTCTAAAGACCCGGCCCAGCA GAAAGCACAGGGTGGTCGTCAGGGTGGGCGCCCCAAGACTTTTT CAGGACAAGTGGTACCCCCAGTCAGACCTGTGTGACACAGTTCTG CTTTCCATATTTGCAACCGCCTGCGACTTGCAATATCCGTTCGGCT CACCACTAACTGACAACCCTTGCGTCAACTTCCAGATCCTGGGGC CCCAGTACAAAAAACACCTTAGTATTAGCTCCACTATGGATCAAAC TAACGAAAACCATTATAAAGAAAACTTATTTAACAAAACTGAACTAT ACAACACCTTTCAAACCATAGCTCAGCTTAAAGAGACAGGACACAT TTCAGGCATTAGTCCTACTTGGAATGAAGTCCAGAATTCAACAACA CTTACTAAAGGAGGTGACAATGCCACTCAGAGTAGAGACACTTGG TATAAAGGAAATACATACAACGAGAACATATGCAAGTTAGCAGAGG TAACCAGAAACAGATTTAAAAATGCAACCAAAGGAGCACTACCAAA CTACCCCACAATAATGTCCACAGACCTATATGAATACCACTCAGGC ATATACTCCAGCATATATCTATCAGCGGGCAGGAGCTACTTTGAAA CCACCGGGGCCTACTCTGACATTATATACAACCCTTTCACAGACAA AGGCACAGGCAACATAATCTGGATAGACTACCTCACAAAAGAAGA CACCATTTTTGTGAAAAACAAAAGCAAATGCGAAATAATGGACATG CCCCTGTGGGCGGCCTGCACGGGATACACAGAGTTTTGTGCAAAG TATACAGGCGACTCTGCCATTATCTACAATGCAAGAATACTCATAA GATGCCCATACACTGAGCCCATGTTAATAGACCACTCAGACCCAAA CAAAGGCTTCGTTCCCTACTCATTTAACTTTGGCAACGGAAAGATG CCCGGAGGCAGCTCCAACGTGCCCATAAGAATGAGAGCCAAGTG GTACGTGAACATATTCCACCAAAAAGAAGTATTAGAGAGCATAGTA CAGTCCGGACCGTTTGGGTACAAGGGCGACATAAAATCAGCTGTA CTAGCCATGAAATACAGATTTCACTGGAAGTGGGGCGGAAACCCT ATATCCAAACAGGTCGTCAGGAATCCCTGCTCCAACTCCAGCCCC TCCGCGGCCCATAGAGGACCTCGCAGCGTACAAGCGGTTGACCC GAAATACAATACCCCAGAGGTCACGTGGCACTCGTGGGACATTAG ACGAGGACTCTTTGGCAAAGCAGGTATTAAAAGAATGCAACAGGA ATCAGATGCTCTTTACATTCCTCCAGGACCAATCAAGAGACCTCGC AGGGACACCAACGCCCAAGACCCAGAAGAGCAAAACGAAAGCTC	134

[0452]

		AGGTTTCAGGGTCCAGCAGCGACTCCCGTGGGTCCACTCCAGCC AAGAGACGCAAAGCTCCCAAGAAGAGACGGAGGCGCAGGGGTCG GTACAAGACCAACTACTCCTCCAGCTCCGAGAGCAGCGAGTTCTC CGACTCCAGCTCCAGCAACTCGCAACCCAAGTCCTCAAAGTCCAA GCAGGGCACAGCCTACACCCCCTATTATCTTCCCAAGCATAA	
CAF05739.1	AJ620225.1	ATGCGTTTTCGCAGGGTTGCCCAGAAAAGGAAAGTGCTTTTGCAA ACTGTGCCAGCTGCAAAGAAGGCTAGGCGGCTTCTAGGTATGTGG CAGCCCCCCACGCACAATGTCCCGGGCATCGAGAGAAACTGGTA CGAGAGCTGTTTTAGATCCCACGCTGCTGTTTGTGGCTGTGGCGA TTTTGTTGGCCATCTTAATCATCTGGCAACTACTCTGGGTCGTCCT CCGCGTCCTGGGCCCCCAGGCGGACCCCGCACGCCGCAAATAAG AAACCTGCCAGCGCTCCCGGCGCCCCAGGGCGAGCCCGGTGACA GAGCGTCATGGCGTGGGGCTTCTGGGGCCGACGCCGCCGGTGG AGACGATGGAGAGCGCGGCGCAGACGGTGGGGACCCCGCAGAC GTAGGAGACGACGCCCTCCTC	135
CAF05740.1	AJ620225.1	ATGGCGTGGGGCTTCTGGGGCCGACGCCGCCGGTGGAGACGAT GGAGAGCGCGGCGCAGACGGTGGGGACCCCGCAGACGTAGGAG ACGACGCCCTCCTCGCCGCTTTCGAGCTCGTCGAAGAGTAAGGAG GCGCGGGGGGAGGTGGCGCAGACGCTACAGAAAATGGCGACGG GGCAGACGCAGACGGACTCACAGAAAAAAGATAGTCATAAAACAG TGGCAACCAAACTTTATAAGACGCTGCTACATCATAGGGTACTTAC CACTTATATTCTGCGGCGAAAATACAACCGCCCAGAACTTTGCCAC TCACTCGGACGACATGATAAGCAAAGGACCGTACGGGGGGGGCA TGACTACCACCAAATTCACTCTGAGAATACTGTACGACGAGTTTAC CAGGTTTATGAACTTTTGGACTGTCAGTAACGAAGACCTAGACCTG TGTAGATACGTGGGCTGCAAACTAATATTTTTTAAACACCCCACGG TGGACTTTATAGTACAGATAAACACTCAGCCTCCTTTCTTAGACAC GCACCTCACCGCGGCCAGCATACACCCGGGCATCATGATGCTCA GCAAGAGACACATACTAATACCCTCTCTAAAGACCCGGCCCAGCA GAAAACACAGGGTGGTCGTCAGGGTGGGCGCCCCAAGACTTTTTC AGGACAAGTGGTACCCCCAGTCAGACCTGTGTGACACAGTTCTGC TTTCCATATTCGCAACCGCCTGCGACTTGCAATATCCGTTCGGCTC ACCACTAACTGACAACCCTTGCGTCAACTTCCAGATCCTGGGGCC CCAGTACAAAAAACACCTTAGTATTAGCTCCACTATGGATGACACT AACAAAGCACATTATGAAGAAAACTTATTTAATAAAACTGAACTATA CAACACCTTTCAAACCATAGCTCAGCTTAGAGACACAGGACAAACT GCAAACGCTAGTCCTAATTGGAATGAGGTCCAGAATACAGCAGCA CTTCAGTTATCAGGTGCAAATGCCACTAGCAGCAAAGACACTTGGT ATAAAGGTAATACATACACGAAAGACATATCAAAGTTAGCAGAAAA AACCAGACAAAGATTTAAAGCTGCAACAATAGCAGCACTACCAAAC TACCCCACAATAATGTCCACAGACCTATATGAATACCACTCAGGCA TATACTCCAGCATATATTTATCAGCTGGCAGGAGCTACTTTGAAAC CACCGGGGCCTACTCTGACATTATATACAACCCTTTCACAGACAAA GGCACAGGCAACATAATCTGGATAGACTACCTCACAAAAGAAGAC ACCATTTTTGTAAAAAACAAAAGCAAATGCGAGATAATGGACATGC CCCTGTGGGCGGCCTGCACAGGATACACAGAGTTTTGTGCAAAGT	136

[0453]

		ATACAGGCGACTCTGCCATTATCTACAATGCAAGAATACTCATAAG ATGCCCATACACTGAGCCCATGTTAATAGACCACTCAGACCCAAAC AAAGGCTTCGTTCCCTACTCATTTAACTTTGGCAACGGAAAGATGC CCGGAGGCAGCTCCAACGTACCGATAAGAATGAGAGCCAAATGGT ACGTGAACATATTCCACCAAAAGGAGGTTCTAGAGGCTATAGTACA AAGCGGACCGTTCGGGTACAAGGGCGACATAAAATCAGCTGTACT AGCCATGAAATACAGATTTCACTGGAAGTGGGGCGGAAACCCTAT ATCCAAACAGGTCGTCAGGAATCCCTGCTCCAACTCCAGCTCATC CGCGGCCCATAGAGGACCTCGCAGCGTACAAGCGGTTGACCCGA AATACAATACCTCAGAGGTCACGTGGCACTCGTGGGACATTAGAC GAGGACTCTTTGACAAAGCAGGTATTAAAAGAATGCAACAGGAATC AGATGCTCTTTACATTCCTCCAGGACCAATCAAGAGACCTCGCAG GGACACCAACGCCCAAGACCCAGAAGAGCAAAACGAAAGCTCAG GTTTCAGAGTCCAGCAGCGACTCCCGTGGGTCCACTCCAGCCAAG AGACGCAAAGCTTCCAAGAAGAGACGGAGGCGCAGGGGTCGGTA CAAGACCAACTACTCCTCCAGCTCCGAGAGCAGCGAGTTCTCCGA CTCCAGCACCAGCAACTCGCAACCCAAGTCCTCAAAGTCCAAGCA GGGCACAGCCTACACCCCCTATTATCTTCCCAAGCATAA	
CAF05741.1	AJ620226.1	ATGCGTTTTTCCAGGATTGCTCGCTCGAAAAGGAAAGTGCCACTG CCAACACTGCCAATACCACCGCCGCCTGGGACTATGAGCTGGCG CCCTCCGGTCCACAATGCCGCTGGAATCGACCGTAACTGGTTCGA ATCCTGTTTCAGATCTCACGCTAGCAGTTGCGGCTGTGGAAATTTT ATTGGCCATCTTAATACTCTCGCTACTCGCTACGGCTTTACTCCTG GGCCCGCGCCGCCGCCTGGTGGTCCAGGCCCGCGGCCGCCAGT ACCAGTGAGGCCCCGGCACCTGGCCGGAGACGGTAACCAGCCCA GGGCCCTGCCATGGCGTGGGGATGGTGGAGACGCAGACGCTGG CCCACCTACAGAAGGTGGCGGCGCTGGAGACGCCGCAGGAGAGT ACCGCGACGAAGACCTCGAAGAGCTGTTCGCCGCTATGGAAAGA GACGAGTAA	137
CAF05742.1	AJ620226.1	ATGGTGGAGACGCAGACGCTGGCCCACCTACAGAAGGTGGCGGC GCTGGAGACGCCGCAGGAGAGTACCGCGACGAAGACCTCGAAGA GCTGTTCGCCGCTATGGAAAGAGACGAGTAAGGAGGCGCCGGTG GGGAGGCGGCGGTACCGAAGGGGCTACAGACGCAGGGTCGCGG TCAGACTGAGACGCAGACGCAGACGGGGACGTAAGAGACTTGTA CTTACTCAGTGGCAGCCCCAGACCCGTAGAAAGTGCACCATCACC GGGTACCTCCCGGTGGTATGGTGCGGCTACCTCCGGGCCGCCAA AAACTATGCCTACCACTCTGACGACTCCACAAAGCAGCCGGACCC CTTTGGGGGCGCGCTGAGCACTACCTCCTTTAACCTTAAGGTGCT GTACGACCAGCACCAGAGAGGACTCAACAGGTGGTCTTTCCCTAA CGACCAACTGGACCTAGCTCGCTACAGGGGGTGCACACTTACGTT CTACAGACAGAAAGCCACTGACTTTATAGCTATTTATGACATCTCC GCCCCATACAAACTAGACAAGTACAGCTCTCCCAGCTATCACCCC GGCAACATGATAATGCAGAAAAAGAAAATTCTCATTCCCAGCTACG ACACTAACCCCAGGGGCCGCCAAAAAATAGTAGTTAAAATCCCCC CCCCTAAACTGTTCGTGGATAAGTGGTATGCACAGGAGGACCTGT GCGACGTTAATCTTGTGACACTTGCGGTCAGCGCAGCTTCCTTTAC	138

[0454]

		ACATCCGTTCGGCTCACCACTAACGAACAACCCTTGTGTAACCTTC CAGGTACTTGACTCAATATACTATTCCGTAATAGGTTACGGTTCCT CAGATCAGAAAAAAAAACAAGTACTTGAAACTCTCTATAACGAAAA TGCATACTGGGCCTCACACTTAACTCCTTACTTTACCACTGGCCTT AAAATTCCATATCCAGATACTAAGAATCCCAGCACTACTGCATCTG TTACTCCAAACACGCTATTTACAACAGGTAGCTACGACTCAAACAT TAAAATAGCAGGAGACAGCAACTACAACTGGTACCCCTACAACCTT AAAAACAAAATAGACAAACTTCATAAAATTAGAGAACAATACTTTAA ATGGGAAACAGATGAAGGCCCCCAAGCCACATCTGATTATGGCAA ACACCACACTTGGACTAAACCCACCGATGACTACTACGAATACCAC CTAGGTTTATTTAGTCCCATATTCATAGGACCCACCAGAAGCAACA AACTATTTGCAACCGCCTACCAGGACGTTACTTACAACCCCCTAAA CGACAAGGCGGTGGGAAACAAGTTCTGGTTTCAGTACAACACAAA AGCAGACACCCAGGTGGCCAAACAAGGCTGCTACTGCATGCTAGA AGACATTCCCCTCTGGGCCGCCATGTATGGCTACTCTGACTTTATA GAGACCGAGCTAGGCCCCTTCCAAGACGCAGAGACGGTGGGCTA TATCTGTGTAATATGCCCCTACACCGAGCCCCCCATGTACAACAAA CACAATCCCATGCAGGGTTACGTGTTTTATGACTCGTTTTTTGGCA ATGGCAAGTGGATAGACGGACGGGGACACATAGAGCCTTACTGG CTCTGCCGCTGGAGGCCAGAAATGCTTTTCCAGCAGCAGGTTATG AGAGACATTGTGCAGACCGGGCCCTGGAGCTATAAAGACGAAAGC AAAAACTGTGTTCTGCCCATGAAGTATAAGTTCAGATTCACATGGG GCGGCAATATGGTCTCCCAACAGACAATCAGAAACCCCTGCAAGA CTGACGGACAACTTGCCCCCTCCGGTAGACAGCCTAGAGAAGTAC AAGTTGTTGACCCACTCACCATGGGTCCCCGCTGGGTTTTCCACT CCTGGGACTGGAGACGTGGCTACCTTAGTGAGACAGCTCTCAGAC GCCTGCGAGAAAAACCACTCGACTATGAGGCGTATATGCAAAAAC CAAAAAGACCTAGACTGTTCCCTGTTACAGAGGGCGACGACCAGT CCCCGCAGCAAGGCGACGACTGGTGTTCAGAGGAAGAAAAGTCG CCGCAGTTTACCGAAGAGACGACGCAGACGCTACAGCTCCAGCTC CAGCGCCAGCTCCGGCGACAGCAGCGACTCGGAGAGCAGCTCCA ACTCCTACAACACCACCTCCTCAAAACGCAAGCGGGCCTCCAAAT AAACCCATTATTATTGGTCCGGCAGTAA	
CAF05743.1	AJ620227.1	ATGCACTTTTCTCGAATAAGCAGAAAGAAAGGGAAAGTGCTACTGC TTTGCGTGCCAGCAGTTAAGAAAAAACCAACTGCTATGAGCTTCTG GAGACCTCCGATGCACAATGTCACGGGGATCCAACGCCTGTGGTA CGAGTCCTTTCACCGTGGCCATGCTGCTTTTTGTGGTTGTGGGGA TCCTGTACTTCACATTACTGCACTTGCTGAGACATATGGCCATCCA ACAGGCCCGAGACCTTCTGGGTCATCGGGAATAGATCCCACTCCG CCCATCCGTAGAGCCAGGCCTGCCCCGGCCGCTCCGGAACCCCC ACAGGTTGACTCCAGACCGGCCCTGCCATGGCATGGAGATGGTG GAAGCGACGGAGGCGCTGGTGGCTCCGCAAGCGGTGGACCCGT GGCAGACTTCGCAGACGATGGCCTAGACCAGCTCGTCGCCGCCC TAGACGACGAAGAGTAA	139
CAF05744.1	AJ620227.1	ATGGCATGGAGATGGTGGAAGCGACGGAGGCGCTGGTGGCTCCG CAAGCGGTGGACCCGTGGCAGACTTCGCAGACGATGGCCTAGAC	140

[0455]

		CAGCTCGTCGCCGCCCTAGACGACGAAGAGTAAGGAGACGCAGA CGGTGGAGGAGGGGGCGACCCAGACGCAGGCTGTACCGACGCT ACAGACGCAAAAAACGTAGGAGACGAAAGCCCAAAATAATCTTAAA ACAATGGCAGCCAGACATTGTAAAGAGGTGCTACATAGTGGGCTA CATTCCTGCCATAATATGTGGGGCGGGCACCTGGTCTCACAACTA CACCAGCCACCTCCTAGACATTATCCCCAAAGGACCCTTTGGAGG AGGGCACAGCACTATGAGGTTCTCCCTAAAAGTACTCTTTGAAGAA CACCTCAGACACTTAAACTTTTGGACAAAAAGCAACCAGGACCTAG AACTCATAAGATACTTTAGATGCTCCTTTAAATTCTATAGAGACCAA GACACAGACTACATAGTACACTACAGCAGAAAAACTCCCCTGGGA GGAAACAGACTAACAGCGCCTAGCCTACACCCCGGTGTACAGATG CTTAGCAAAAACAAAATATTAGTACCTAGCTATGCTACAAAACCCAA GGGTGGGAGCTATGTAAAAGTAACCATAGCACCCCCCACACTACT AACTGACAAGTGGTACTTTAGCAAAGACATTTGTGACACAACCTTG GTTAACTTAGACGTTGTACTCTGCAACTTGCGGTTTCCGTTCTGCT CACCACAAACTGACAACCCTTGCATCACATTCCAAGTTCTGCATTC CTTGTACAACGACTTCCTCTCCATAGTAGATACTGAAAATTACAAAA CCACTTTTGTTACTACACTGACAACAAAATTAGGTACAACATGGGG TTCAAGACTAAATACATTTAGAACAGAAGGCTGCTACTCACACCCT AAACTACCTAAAAAACAACTAATTGCTGCAAATGACACAACATACTT TACATCACCTGATGGGCTCTGGGGAGACGCAGTTTTCGACATCTC AAAACCTCAAGTAATTACCGAAAATATGGAGTCTTACGCTAACTCA GCCAAACAAAGAGGGGTGAACGGAGACCCCGCTTTTTGCCACCTA ACAGGAATATACTCACCTCCCTGGCTAACACCAGGCAGAATATCC CCTGAAACCCCAGGACTTTACACAGACGTGACTTACAACCCATAC GCTGACAAAGGAGTAGGCAACAGAATATGGGTCGACTACTGCAGT AAAAAAGGCAACAAATATGACAATACAAGTAAATGCCTTTTAGAAG ACATGCCACTATGGATGGTATGCTTTGGATACGTAGACTGGGTAAA AAAAGAGACTGGCAACTGGGGTATTCCACTATGGGCTAGAGTACT TATCAGAAGCCCATACGCTGTTCCAAAACTGTATAATGAAGCAGAC CCAAACTATGGATGGGTACCTATTTCTTACTACTTTGGAGAAGGCA AAATGCCAAACGGAGACATGTACGTACCATTTAAAATAAGAATGAA ATGGTACCCTTCAATGTGGAACCAAGAGCCAGTGTTAAATGACTTA GCAAAGAGCGGACCGTTTGCATACAAAAACACAAAAACAAGCGTG ACTGTGACTGCCAAATATAAATTTACATTTAACTTCGGGGGCAACC CCGTACCCTCACAGATTGTACAAGATCCCTGCACACAGTCCACCTA CGACATCCCCGGCACCGGTAACCTGCCTCGCAGAACACAAGTCAT TGACCCGAAATTCCTCGGTCCCCACTATTCCTTCCACCGGTGGGA CTTCAGGCGTGGCCTCTTTGGCTCACAAGCTATTAAGAGAGTGTC AGAACAACCAACAACTTCTGAGTTTTTATTCTCAGGCCCAAAGAGA CCCAGAATCGATCAAGGTCCTTACATCCCGCCAGAAAAAGACTCA GGTTCACTCCAAAGAGAATCGAGACCGTGGAGCAGCTCGGAGAC CGAGGCAGAGACAGAAGCCCCCTCGGAAGAAGAGCCGGAGAACC AAGAAGAACAAGTACTCCAGTTGCAGCTCAGACAGCAGCTTCGAG AACAGCGAAAACTCAGACAGGGAATCCAGTGCCTATTCGAGCAAC TGATAACAACCCAACAGGGGGTCCACAAAAACCCATTGTTAGAGTA	

[0456]

		G	
CAF05745.1	AJ620228.1	ATGCACTTTTCTCGAATAAGCAGAAAGAAAAGGAAAGTGCTACTGC TTTGCGTGCCAGCAGTTAAGAAAAAACCAACTGCTATGAGCTTCTG GAGACCTCCGATGCACAATGTCACGGGGATCCAACGCCTGTGGTA CGAGTCCCTTCACCGTGGCCATGCTGCTTTTTGTGGTTGTGGGGA TCCTGTACTTCACATTACTGCACTTGCTGAGACATATGGCCATCCA ACAGGCCCGAGACCTTCTGGGTCATCGGGAATAGATCCCACTCCG CCCATCCGTAGAGCCAGGCCTGCCCCGGCCGCTCCGGAACCCCC ACAGGTTGACTCCAGACCGGCCCTGCCATGGCATGGAGATGGTG GGAGCGACGGAGGCGCTGGTGGCTCCGCAAGCGGTGGACCCGT GGCAGACTTCGCAGACGATGGCCTAGACCAGCTCGTCGCCGCCC TAGACGACGAAGAGTAA	141
CAF05746.1	AJ620228.1	ATGGCATGGAGATGGTGGGAGCGACGGAGGCGCTGGTGGCTCCG CAAGCGGTGGACCCGTGGCAGACTTCGCAGACGATGGCCTAGAC CAGCTCGTCGCCGCCCTAGACGACGAAGAGTAAGGAGACGCAGA CGGTGGAGGAGGGGGCGACCCAGACGCAGACTGTACCGACGCTA CAGACGCAAAAAACGTAGGAGACGAAAGCCCAAAATAATCTTAAAA CAATGGCAGCCAGACATTGTAAAGAGGTGCTACATAGTGGGCTAC ATTCCTGCCATAATATGTGGGGCGGGCACCTGGTCTCACAACTAC ACCAGCCACCTCCTAGACATTATCCCCAAAGGACCCTTTGGAGGA GGGCACAGCACTATGAGGTTCTCCCTAAAAGTACTCTTTGAAGAAC ACCTCAGACACTTAAACTTTTGGACAAAAAGCAACCAGGACCTAGA ACTCATAAGATACTTTAGATGCTCCTTTAAATTCTATAGAGACCAAG ACACAGACTACATAGTACACTACAGCAGAAAAACTCCCCTGGGAG GAAACAGACTAACAGCGCCTAGCCTACACCCCGGTGTACAGATGC TTAGCAAAAACAAAATATTAGTACCTAGCTATGCTACAAAACCCAA GGGTGGGAGCTATGTAAAAGTAACCATAGCACCCCCCACACTACT AACTGACAAGTGGTACTTTAGCAAAGACATTTGTGACACAACCTTG GTTAACTTAGACGTTGTACTCTGCAACTTGCGGTTTCCGTTCTGCT CACCACAAACTGACAACCCTTGCATCACATTCCAAGTTCTGCATTC CTTGTACAACGACTTCCTCTCTATAGTAGATACTGAAAATTACAAAA CCACTTTTGTTACTACACTGACAACAAAATTAGGTACAACATGGGG TTCAAGACTAAATACATTTAGAACAGAAGGCTGCTACTCACACCCT AAACTACCTAAAAAACAACTAATTGCTGCAAATGACACAACATACTT TACATCACCTGATGGGCTCTGGGGAGACGCAGTTTTCGACATCTC AAAACCTCAAGTAATTACCGAAAATATGGAGTCTTACGCTAACTCA GCCAAACAAAGAGGGGTGAACGGAGACCCCGCTTTTTGCCACCTA ACAGGAATATACTCACCTCCCTGGCTAACACCAGGCAGAATATCC CCTGAAACCCCAGGACTTTACACAGACGTGACTTACAACCCATAC GCTGACAAAGGAGTAGGCAACAGAATATGGGTCGACTACTGCAGT AAAAAAGGCAACAAATATGACAATACAAGTAAATGCCTTTTAGAAG ACATGCCACTATGGATGGTATGCTTTGGATACGTAGACTGGGTAAA AAAAGAGACTGGCAANTGGGGTATTCCACTATGGGCTAGAGTACT TATCAGAAGCCCATACACTGTTCCAAAACTGTATAATGAAGCAGAC CCAAACTATGGATGGGTACCTATTTCTTACTACTTTGGAGAAGGCA AAATGCCAAACGGAGACATGTACGTACCATTTAAAATGAGAATGAA	142

[0457]

		ATGGCACCCTTCAATGTGGAACCAAGAGCCAGTGTTAAATGACTTA GCAAAGAGCGGACCGTTTGCATACAAAAACACAAAAACAAGCGTG ACTGTGACTGCCAAATATAAATTTACATTTAACTTCGGGGGCAACC CCGTACCCTCACAGATTGTACAAGGTCCCTGCACACAGTCCACCT ACGACATCCCCGGCACCGGTAACCTGCCTCGCAGAATACAGGTCA TTGACCCGAAATTCCTCGGTCCCCACTATTCCTTCCACCGGTGGG ACTTCAGGCGTGGCCTCTTTGGCTCACAAGCTATTAAGAGAGTGT CAGAACAACCAACAACTTCTGAGTTTTTATTCTCAGGCCCAAAGAG ACCCAGAATCGATCAAGGTCCTTACATCCCGCCAGAAAAAGACTC AGGTTCACTCCAAAGAGAATCGAGACCGTGGAGCAGCTCGGAGAC CGAGGCAGAGACAGAAGCCCCCTCGGAAGAAGAGCCGGAGAACC AAGAAGAACAAGTACTCCAGTTGCAGCTCAGACAGCAGCTTCGAG AACAGCGAAAACTCAGACAGGGAATCCAGTGCCTATTCGAGCAAC TGATAACAACCCAACAGGGGGTCCACAAAAACCCATTGTTAGAGTA G	
CAF05747.1	AJ620229.1	ATGCACTTTTCTCGAATAAGCAGAAAGAAAAGGAAAGTGCTACTGC TTTGCGTGCCAGCAGTTAAGAAAAAACCAACTGCTATGAGCTTCTG GAGACCTCCGATGCACAATGTCACGGGGATCCAACGCCTGTGGTA CGAGTCCCTTCACCGTGGCCATGCTGCTTTTTGTGGTTGTGGGGA TCCTGTACTTCACATTACCGCACTTGCTGAGACATATGGCCATCCA ACAGGCCCGAGACCTTCTGGGTCATCGGGAATAGATCCCACTCCG CCCATCCGTAGAGCCAGGCCTGCCCCGGCCGCTCCGGAACCCCC ACAGGTTGACTCCAGACCGGCCCTGCCATGGCATGGAGATGGTG GAAGCGACGGAGGCGCTGGTGGCTCCGCAAGCGGTGGACCCGT GGCAGACTTCGCAGACGATGGCCTAGACCAGCTCGTCGCCGCCC TAGACGACGAAGAGTAA	143
CAF05748.1	AJ620229.1	ATGGCATGGAGATGGTGGAAGCGACGGAGGCGCTGGTGGCTCCG CAAGCGGTGGACCCGTGGCAGACTTCGCAGACGATGGCCTAGAC CAGCTCGTCGCCGCCCTAGACGACGAAGAGTAAGGAGACGCAGA CGGTGGAGGAGGGGGCGACCCAGACGCAGACTGTACCGACGCTA CAGACGCAAAAAACGTAGGAGACGAAAGCCCAAAATAATCTTAAAA CAATGGCAGCCAGACATTGTAAAGAGGTGCTACATAGTGGGCTAC ATTCCTGCCATAATATGTGGGGCGGGCACCTGGTCTCACAACTAC ACCAGCCACCTCCTAGACATTATCCCCAAAGGACTCTTTGGAGGA GGGCACAGCACTATGAGGTTCTCCCTAAAAGTACTCTTTGAAGAAC ACCTCAGACACTTAAACTTTTGGACAAAAAGCAACCAGGACCTAGA ACTCATAAGATACTTTAGATGCTCCTTTAAATTCTATAGAGACCAAG ACACAGACTACATAGTACACTACAGCAGAAAAACTCCCCTGGGAG GAAACAGACTAACAGCGCCTAGCCTACACCCCGGTGTACAGTTGC TTAGCAAAAACAAAATATTAGTACCTAGCTATGCTACAAAACCCAA GGGTGGGAGCTATGTAAAAGTAACCATAGCACCCCCCACACTACT AACTGACAAGTGGTACTTTAGCAAAGACATTTGTGACACAACCTTG GTTAACTTAGACGTTGTACTCTGCAACTTGCGGTTTCCGTTCTGCT CACCACAAACTGACAACCCTTGCATCACATTCCAAGTTCTGCATTC CTTGTACAACGACTTCCTCTCTATAGTAGATACTGAAAATTACAAAA CCACTTTTGTTACTACACTGACAACAAAATTAGGTACAACATGGGG	144

[0458]

		TTCAAGACTAAATACATTTAGAACAGAAGGCTGCTACTCACACCCT AAACTACCTAAAAAACAACTAATTGCTGCAAATGACACAACATACTT TACATCACCTGATGGGCTCTGGGGAGACGCAGTTTTCAACATCTC AAAACCTCAAGTAATTACCGAAAATATGGAGTCTTACGCTAACTCA GCCAAACAAAGAGGGGTGAACGGAGACCCCGCTTTTTGCCACCTA ACAGGAATATACTCACCTCCCTGGCTAACACCAGGCAGAATATCC CCTGAAACCCCAGGACTTTACACAGACGTGACTTACAACCCATAC GCTGACAAAGGAGTAGGCAACAGAATATGGGTCGACTACTGCAGT AAAAAAGGCAACAAATATGACAATACAAGTAAATGCCTTTTAGAAG ACATGCCACTATGGATGGTATGCTTTGGATACGTAGACTGGGTAAA AAAAGAGACTGGCAACTGGGGTATTCCACTATGGGCTAGAGTACT TATCAGAAGCCCATACACTGTTCCAAAACTGTATAATGAAGCAGAC CCAAACTATGGATGGGTACCTATTTCTTACTACTTTGGAGAAGGCA AAATGCCAAACGGAGACATGTACGTACCATTTAAAATAAGAATGAA ATGGCACCCTTCAATGTGGAACCAAGAGCCAGTGTTAAATGACTTA GCAAAGAGCGGACCGTTTGCATACAAAAACACAAAAACAAGCGTG ACTGTGACTGCCAAATATAAATTTACATTTAACTTCGGGGGCAACC CCGTACCCTCACAGATTGTACAAGATCCCTGCACACAGTCCACCTA CGACATCCCCGGCACCGGTAACCTGCCTCGCAGAATACAAGTCAT TGACCCGAAATTCCTCGGTCCCCACTATTCCTTCCACCGGTGGGA CTTCAGGCGTGGCCTCTTTGGCTCACAAGCTATTAAGAGAGTGTC AGAACAACCAACAACTTCTGAGTTTTTATTCTCAGGCCCAAAGAGA CCCAGAATCGATCAAGGTCCTTACATCCCGCCAGAAAAAGACTCA GGTTCACTCCAAAGAGAATCGAGACCGTGGAGCAGCTCGGAGAC CGAGGCAGAGACAGAAGCCCCCTCGGAAGAAGAGCCGGAGAACC AAGAAGAACAAGTACTCCAGTTGCAGCTCAGACAGCAGCTTCGAG AACAGCGAAAACTCAGACAGGGAATCCAGTGCCTATTCGAGCAAC TGATAACAACCCAACAGGGGGTCCACAAAAACCCATTGTTAGAGTA G	
CAF05780.1	AJ620230.1	ATGCACTTTTCTCGAATAAGCAGAAAGAAAAGGAAAGTGCTACTGC TTTGCGTGCCAGCAGCTAAGAAAAAACCAACTGCTATGAGCTTCTG GAAACCTCCGGTACACAATGTCACGGGGATCCAACGCATGTGGTA TGAGTCCTTTCACCGTGGCCACGCTTCTTTTTGTGGTTGTGGGAAT CCTATACTTCACATTACTGCACTTGCTGAAACATATGGCCATCCAA CAGGCCCGAGACCTTCTGGGCCACCGGGAGTAGACCCCAACCCC CACATCCGTAGAGCCAGGCCTGCCCCGGCCGCTCCGGGGCCCTC ACAGGTTGATTCGAGACCAGCCCTGACATGGCATGGGGATGGTG GAAGCGACGGAGGCGCTGGTGGTTCCGGAAGCGGTGGACCCGT GGCAGACTTCGCAGACGATGGCCTCGATCAGCTCGTCGCCGCCC TAGACGACGAAGAGTAA	145
CAF05781.1	AJ620230.1	ATGGCATGGGGATGGTGGAAGCGACGGAGGCGCTGGTGGTTCCG GAAGCGGTGGACCCGTGGCAGACTTCGCAGACGATGGCCTCGAT CAGCTCGTCGCCGCCCTAGACGACGAAGAGTAAGGAGGCGCAGA CGGTGGAGGAGGGGGAGACGAAAAACAGGGACTTACAGACGCAG GAGACGCTTTAGACGCAGGAGACGAAAAGCAAAACTTATAATAAAA CTGTGGCAACCTGCAGTAATTAAAAGATGCAGAATAAAGGGATACA	146

[0459]

		TACCACTGATTATAAGTGGGAACGGTACCTTTGCCACAAACTTTAC CAGTCACATAAATGACAGAATAATGAAAGGCCCCTTCGGGGGAGG ACACAGCACTATGAGGTTCAGCCTCTACATTTTGTTTGAGGAGCAC CTCAGACACATGAACTTCTAG	
CAF05782.1	AJ620230.1	ATGGCAGTTGAGGCTGACTTGCGGTTTCCGTTCTGCTCACCACAA ACTGACAACACTTGCATCAGCTTCCAGGTCCTTAGTTCCGTTTACA ACAACTACCTCAGTATTAATACCTTTAATAATGACAACTCAGACTCA AAGTTAAAAGAATTTTTAAATAAAGCATTTCCGACAACAGGCACAAA AGGAACAAGTTTAAATGCACTAAATACATTTAGAACAGAAGGATGC ATAAGTCACCCACAACTAAAAAAACCAAACCCACAAATAAACAAAC CATTAGAGTCACAATACTTTGCACCTTTAGATGCCCTCTGGGGAGA CCCCATATACTATAATGATCTAAATGAAAACAAAAGTTTGAACGATA TCATTGAGAAAATACTAATAAAAAACATGATTACATACCATGCAAAA CTAAGAGAATTTCCAAATTCATACCAAGGAAACAAGGCCTTTTGCC ACCTAACAGGCATATACAGCCCACCATACCTAAACCAAGGCAGAAT ATCTCCAGAAATATTTGGACTGTACACAGAAATAATTTACAACCCTT ACACAGACAAAGGAACTGGAAACAAAGTATGGATGGACCCACTAA CTAAAGAGAACAACATATATAAAGAAGGACAGAGCAAATGCCTACT GACTGACATGCCCCTATGGACTTTACTTTTTGGATATACAGACTGG TGTAAAAAGGACACTAATAACTGGGACTTACCACTAAACTACAGAC TAGTACTAATATGCCCTTATACCTTTCCAAAATTGTACAATGAAAAG GTAAAAGACTATGGGTACATCCCGTACTCCTACAAATTCGGAGCG GGTCAGATGCCAGACGGCAGCAACTACATACCCTTTCAGTTTAGA GCAAAGTGGTACCCCACAGTACTACACCAGCAACAGGTAATGGAG GACATAAGCAGGAGCGGGCCCTTTGCACCTAAGGTAGAAAAACCA AGCACTCAGCTGGTAATGAAGTACTGTTTTAACTTTAACTGGGGCG GTAACCCTATCATTGAACAGATTGTTAAAGACCCCAGCTTCCAGCC CACCTATGAAATACCCGGTACCGGTAACATCCCTAGAAGAATACAA GTCATCGACCCGCGGGTCCTGGGACCGCACTACTCGTTCCGGTC ATGGGACATGCGCAGACACACATTTAGCAGAGCAAGTATTAAGAG AGTGTCAGAACAACAAGAAACTTCTGACCTTGTATTCTCAGGCCCA AAAAAGCCTCGGGTCGACATCCCAAAACAAGAAACCCAAGAAGAA AGCTCACATTCACTCCAAAGAGAATCGAGACCGTGGGAGACCGAG GAAGAAAGCGAGACAGAAGCCCTCTCGCAAGAGAGCCAAGAGGT CCCCTTCCAACAGCAGTTGCAGCAGCAGTACCAAGAGCAGCTCAA GCTCAGACAGGGAATCAAAGTCCTCTTCGAGCAGCTCATAAGGAC CCAACAAGGGGTCCATGTAAACCCATGCCTACAGTAG	147
CAF05749.1	AJ620231.1	ATGCACTTTTCTCGAATAAGCAGAAAGAAAAGGAAAGTGCTACTGC TTTGCGTGCCAGCAGCTAAGAAAAAACCAACTGCTATGAGCTTCTG GAAACCTCCGGTACACAATGTCACGGGGATCCAACGCATGTGGTA TGAGTCCTTTCACCGTGGCCACGCTTCTTTTTGTGGTTGTGGGAAT CCTATACTTCACATTACTGCACTTGCTGAAACATATGGCCATCCAA CAGGCCCGAGACCTTCTGGGCCACCGGGAGTAGACCCCAACCCC CACATCCGTAGAGCCAGGCCTGCCCCGGCCGCTCCGGAGCCCTC ACAGGTTGATTCGAGACCAGCCCTGACATGGCATGGGGATGGTG GAAGCGACGGAGGCGCTGGTGGTTCCGGAAGCGGTGGACCCGT	148

[0460]

		GGCAGACTTCGCAGACGATGGCCTCGATCAGCTCGTCGCCGCCC TAGACGACGAAGAGTAA	
CAF05750.1	AJ620231.1	ATGGCATGGGGATGGTGGAAGCGACGGAGGCGCTGGTGGTTCCG GAAGCGGTGGACCCGTGGCAGACTTCGCAGACGATGGCCTCGAT CAGCTCGTCGCCGCCCTAGACGACGAAGAGTAAGGAGGCGCAGA CGGTGGAGGAGGGGGAGACGAAAAACAAGGACTTACAGACGCAG GAGACGCTTTAGACGCAGGGGACGAAAAGCAAAACTTATAATAAA ACTGTGGCAACCTGCAGTAATTAAAAGATGCAGAATAAAGGGATAC ATACCACTGATTATAAGTGGGAACGGTACCTTTGCCACAAACTTTA CCAGTCACATAAATGACAGAATAATGAAAGGCCCCTTCGGGGGAG GACACAGCACTATGAGGTTCAGCCTCTACATTTTGTTTGAGGAGCA CCTCAGACACATGAACTTCTGGACCAGAAGCAACGATAACCTAGA GCTAACCAGATACTTGGGGGCTTCAGTAAAAATATACAGGCACCC AGACCAAGACTTTATAGTAATATACAACAGAAGAACCCCTCTAGGA GGCAACATCTACACAGCACCCTCTCTACACCCAGGCAATGCCATTT TAGCAAAACACAAAATATTAGTACCAAGTTTACAGACAAGACCAAA GGGTAGAAAAGCAATTAGACTAAGAATAGCACCCCCCACACTCTTT ACAGACAAGTGGTACTTTCAAAAGGACATAGCCGACCTCACCCTTT TCAACATCATGGCAGTTGAGGCTGACTTGCGGTTTCCGTTCTGCTC ACCACAAACTGACAACACTTGCATCAGCTTCCAGGTCCTTAGTTCC GTTTACAACAACTACCTCAGTATTAATACCTTTAATAATGACAACTC AGACTCAAAGTTAAAAGAATTTTTAAATAAAGCATTTCCAACAACAG GCACAAAAGGAACAAGTTTAAATGCACTAAATACATTTAGAACAGA AGGATGCATAAGTCACCCACAACTAAAAAAACCAAACCCACAAATA AACAAACCATTAGAGTCACAATACTTTGCACCTTTAGATGCCCTCT GGGGAGACCCCATATACTATAATGATCTAAATGAAAACAAAAGTTT GAACGATATCATTGAGAAAATACTAATAAAAAACATGATTACATACC ATGCAAAACTAAGAGAATTTCCAAATTCATACCAAGGAAACAAGGC CTTTTGCCACCTAACAGGCATATACAGCCCACCATACCTAAACCAA GGCAGAATATCTCCAGAAATATTTGGACTGTACACAGAAATAATTT ACAACCCTTACACAGACAAAGGAACTGGAAACAAAGTATGGATGG ACCCACTAACTAAAGAGAACAACATATATAAAGAAGGACAGAGCAA ATGCCTACTGACTGACATGCCCCTATGGACTTTACTTTTTGGATAT ACAGACTGGTGTAAAAAGGACACTAATAACTGGGACTTACCACTAA ACTACAGACTAGTACTAATATGCCCTTATACCTTTCCAAAATTGTAC AATGAAAAAGTAAAAGACTATGGGTACATCCCGTACTCCTACAAAT TCGGAGCGGGTCAGATGCCAGACGGCAGCAACTACATACCCTTTC AGTTTAGAGCAAAGTGGTACCCCACAGTACTACACCAGCAACAGG TAATGGAGGACATAAGCAGGAGCGGGCCCTTTGCACCTAAGGTAG AAAAACCAAGCACTCAGCTGGTAATGAAGTACTGTTTTAACTTTAA CTGGGGCGGTAACCCTATCATTGAACAGATTGTTAAAGACCCCAG CTTCCAGCCCACCTATGAAATACCCGGTACCGGTAACATCCCTAG AAGAATACAAGTCATCGACCCGCGGGTCCTGGGACCGCACTACTC GTTCCGGTCATGGGACATGCGCAGACACACATTTAGCAGAGCAAG TATTAAGAGAGTGTCAGAACAACAAGAAACTTCTGACCTTGTATTC TCAGGCCCAAAAAAGCCTCGGGTCGACATCCCAAAACAAGAAACC	149

[0461]

		CAAGAAGAAAGCTCACATTCACTCCAAAGAGAATCGAGACCGTGG GAGACCGAGGAAGAAAGCGAGACAGAAGCCCTCTCGCAAGAGAG CCAAGAGGTCCCCTTCCAACAGCAGTTGCAGCAGCAGTACCAAGA GCAGCTCAAGCTCAGACAGGGAATCAAAGTCCTCTTCGAGCAGCT CATAAGGACCCAACAAGGGGTCCATGTAAACCCATGCCTACGGTA G	
CAF05751.1	AJ620232.1	ATGCACTTTTCTCGAATAAGCAGAAAGAAAAGGAAAGTGCTACTGC TTTGCGTGCCAGCAGCTAAGAAAAAACCAACTGCTATGAGCTTCTG GAAACCTCCGGTACACAATGTCACGGGGATCCAACGCATGTGGTA TGAGTCCTTTCACCGTGGCCACGCTTCTTTTTGTGGTTGTGGGAAT CCTATACTTCACATTACTGCACTTGCTGAAACATATGGCCATCCAA CAGGCCCGAGACCTTCTGGGCCACCGGGAGTAGACCCCAACCCC CACATCCGTAGAGCCAGGCCTGCCCCGGCCGCTCCGGAGCCCTC ACAGGTTGATTCGAGACCAGCCCTGACGTGGCATGGGGATGGTG GAAGCGACGGAGGCGCTGGTGGTTCCGGAAGCGGTGGACCCGT GGCAGACTTCGCAGACGATGGCCTCGATCAGCTCGTCGCCGCCC TAGACGACGAAGAGTAA	150
CAF05752.1	AJ620232.1	ATGAAAGGCCCCTTCGGGGGAGGACACAGCACTATGAGGTTCAG CCTCTACATTTTGTTTGAGGAGCGCCTCAGACACATGAACTTCTGG ACCAGAAGCAACGATAACCTAGAGCTAACCAGATACTTGGGGGCT TCAGTAAAAATATACAGGCACCCAGACCAAGACTTTATAGTAATAT ACAACAGAAGAACCCCTCTAGGAGGCAACATCTACACAGCACCCT CTCTACACCCAGGCAATGCCATTTTAGCAAAACACAAAATATTAGT ACCAAGTTTACAGACAAGACCAAAGGGTAGAAAAGCAATTAGACTA AGAATAGCACCCCCCACACTCTTTACAGACAAGTGGTACTTTCAAA AGGACATAGCCGACCTCACCCTTTTCAACATCATGGCAGTTGAGG CTGACTTGCGGTTTCCGTTCTGCTCACCACAAACTGGCAACACTTG CATCAGCTTCCAGGTCCTTAATTCCGTTTACAACAACTACCTCAGT ATTAATACCTTTAATAATGACAACTCAGACTCAAAGTTAAAAGAATT TTTAAATAAAGCATTTCCAACAACAGGCACAAAAGGAACAAGTTTA AATGCACTAAATACATTTAGAACAGAAGGATGCATAAGTCACCCAC AACTAAAAAAAACCAAACCCACAAATAAACAAACCATTAGATTCACAA TACTTTGCACCTTTAGACGCCCTCTGGGGAGACCCCATATACTATA ATGATCTAAATGAAAAGAAAAGTTTGAAGGATATCATTGAGAACAT ACTAATAAAAAACATGATTACATACCATGAAAAACTAAGAGAGTTTC CAAATTCATACCAAGGAAACAAGGCCTTTTGCCACCTAACAGGCAT ATACAGCCCACCATACCTAAACCAAGGCAGAATATCTCCAGAAATA TTTGGACTGTACACAGAAATAATTTACAACCCTTACACAGACAAAG GAACTGGAAACAAAGTATGGATGGACCCACTAACTAAAGAGAACA ACATATATAAAGAAGGACAGAGCAAATGCCTACTGACTGACATGCC CCTATGGACTTTACTTTTTGGATATACAGACTGGTGTAAAAAGGAC ACTAATAACTGGGACTTACCACTAAACTACAGACTAGTACTAATAT GCCCTTATACCTTTCCAAAATTGTACAATGAAAAGGTAAAAGACTAT GGGTACATCCCGTACTCCTACAAATTCGGAGCGGGTCAGATGCCA GACGGCAGCAACTACATACCCTTTCAGTTTAGAGCAAAGTGGTAC CCCACAGTACTACACCAGCAACAGGTAATGGAGGACATAAGCAGG	151

[0462]

		AGCGGGCCCTTTGCACCTAAGGTAGAAAAACCAGGCACTCAGCTG GTAATGAAGTACTGTTTTAACTTTAACTGGGGCGGTAACCCTATCA TTGAACAGATTGTTAAAGACCCCAGCTTCCAGCCCACCTATGAAAT ACCCGGTACCGGTGACATCCCTAGAAGAATACAAGTCATCGACCC GCGGGTCCTGGGACCGCACTACTCGTTCCGGTCATGGGACACGC GCAGACACACATTTAGCAGAGCAAGTATTAAGAGAGTGTCAGAAC AACAAGAAGCTTCTGACCTTGTATTCTCAGGCCCAAAAAAGCCTCG GGTCGACATCCCAAAACAAGAAACCCAAGAAGAAAGCTCACATTC ACTCCAAAGAGAATCGAGACCGTGGGAGACCGAGGAAGAAAGCG AGACAGAAGCCCTCTCGCAAGAGAGCCAAGAGGTCCCCTTCCAAC AGCAGTTGCAGCAGCAGTACCAAGAGCAGCTCAAGCTCAGACAGG GAATCAAAGTCCTCTTCGAGCAGCTCATAAGGACCCAACAAGGGG TCCATGTAAACCCATGCCTACAGTAG	
CAF05753.1	AJ620233.1	ATGCACTTTTCTCGAATAAGCAGAAAGAAAAGGAAAGTGCTACTGC TTTGCGTGCCAGCAGCTAAGAAAAAACCAACTGCTATGAGCTTCTG GAAACCTCCGGTACACAATGTCACGGGGATCCAACGCATGTGGTA TGAGTCCTTTCACCGTGGCCACGCTTCTTTTTGTGGTTGTGGGAAT CCTATACTTCACATTACTGCACTTGCTGAAACATATGGCCGTCCAA CAGGCCCGAGACCTTCTGGGCCACCGGGAGTAGACCCCAACCCC CACATCCGTAGAGCCAGGCCTGCCCCGGCCGCTCCGGAGCCCTC ACAGGTTGATTCGAGACCAGCCCTGACATGGCATGGGGATGGTG GAAGCGACGGAGGCGCTGGTGGTTCCGGAAGCGGTGGACCCGT GGCAGACTTCGCAGACGATGGCCTCGATCAGCTCGTCGCCGCCC TAGACGACGAAGAGTAA	152
CAF05754.1	AJ620233.1	ATGGCATGGGGATGGTGGAAGCGACGGAGGCGCTGGTGGTTCCG GAAGCGGTGGACCCGTGGCAGACTTCGCAGACGATGGCCTCGAT CAGCTCGTCGCCGCCCTAGACGACGAAGAGTAAGGGGGCGCAGA CGGTGGAGGAGGGGGAGACGAAAAACAAGGACTTACAGACGCAG GAGACGCTTTAGACGCAGGAGACGAAAAGCAAAACTTATAGTAAA ACTGTGGCAACCTGCAGTAATTAAAAGATGCAGAATAAAGGGATAC ATACCACTGATTATAGGTGGGAACGGTACCTTTGCCACAAACTTTA CCAGTCACATAAATGACAGAATAATGAAAGGCCCCTTCGGGGGAG GACACAGCACTATGAGGTTCAGCCTCTACATTTTGTTTGAGGAGCA CCTCAGACACATGAACTTCTGGACCAGAAGCAACGATAACCTAGA GCTAACCAGATACTTGGGGGCTTCAGTAAAAATATACAGGCACCC AGACCAAGACTTTATAGTAATATACAACAGAAGAACCCCTCTAGGA GGCAACATCTACACAGCACCCTCTCTACACCCAGGCAATGCCATTT TAGCAAAACACAAAATATTAGTACCAAGTTTACAGACAAGACCAAA GGGTAGAAAAGCAATTAGACTAAGAATAGCACCCCCCACACTCTTT ACAGACAAGTGGTACTTTCAAAAGGACATAGCCGACCTCACCCTTT TCAACATCATGGCAGTTGAGGCTGACTTGCGGTTTCCGTTCTGCTC ACCACAAACTGACAACACTTGCATCAGCTTCCAGGTCCTTAGTTCC GTTTACAACAACTACCTCAGTATTAATACCTTTAATAATGACAACTC AGACTCAAAGTTAAAAGAATTTTTAAATAAAGCATTTCCAACAACAG GCACAAAAGGAACAAGTTTAAATGCACTAAATACATTTAGAACAGA AGGATGCATAAGTCACCCACAACTAAAAAAACCAAACCCACAAATA	153

[0463]

[0464]

		AACAAACCATTAGAGTCACAATACTTTGCACCTTTAGATGCCCTCT GGGGAGACCCCATATACTATAATGATCTAAATGAAAACAAAAGTTT GAACGATATCATTGAGAAAATACTAATAAAAAACATGATTACATACC ATGCAAAACTAAGAGAATTTCCAAATTCATACCAAGGAAACAAGGC CTTTTGCCACCTAACAGGCATATACAGCCCACCATACCTAAACCAA GGCAGAATATCTCCAGAAATATTTGGACTGTACACAGAAATAATTT ACAACCCTTACACAGACAAAGGAACTGGAAACAAAGTATGGATGG ACCCACTAACTAAAGAGAACAACATATATAAAGAAGGACAGAGCAA ATGCCTACTGACTGACATGCCCCTATGGACTTTACTTTTTGGATAT ACAGACTGGTGTAAAAAGGACACTAATAACTGGGACTTACCACTAA ACTACAGACTAGTACTAATATGCCCTTATACCTTTCCAAAATTGTAC AATGAAAAGGTAAAAGACTATGGGTACATCCCGTACTCCTACAAAT TCGGAGCGGGTCAGATGCCAGACGGCAGCAACTACATACCCTTTC AGTTTAGAGCAAAGTGGTACCCCACAGTACTACACCAGCAACAGG TAATGGAGGACATAAGCAGGAGCGGGCCCTTTGTACCTAAGGTAG AAAAACCAAGCACTCAGCTGGTAATGAAGTACTGTTTTAACTTTAA CTGGGGCGGTAACCCTATCATTGAACAGATTGTTAAAGACCCCAG CTTCCAGCCCACCTATGAAATACCCGGTACCGGTAACATCCCTAG AAGAATACAAGTCATCGACCCGCGGGTCCTGGGACCGCACTACTC GTTCCGGCCATGGGACATGCGCAGACACACATTTAGCAGAGCAAG TATTAAGAGAGTGTCAGAACAACAAGAAACTTCTGACCTTGTATTC TCAGGCCCAAAAAAGCCTCGGGTCGACATCCCAAAACAAGAAACC CAAGAAGAAAGCTCACATTCACTCCAAAGAGAATCGAGACCGTGG GAGACCGAGGAAGAAAGCGAGACAGAAGCCCTCTCGCAAGAGAG CCAAGAGGTCCCCTTCCAACAGCAGTTGCAGCAGCAGTACCAAGA ACAGCTCAAGCTCAGACAGGGAATCAAAGTCCTCTTCGAGCAGCT CATAAGGACCCAACAAGGGGTCCATGTAAACCCATGCCTACAGTA G	
CAF05755.1	AJ620234.1	ATGCACTTTTCTCGAATAAGCAGAAAGAAAAGGAAAGTGCTACTGC TTTGCGTGCCAGCAGCTAAGAAAAAACCAACTGCTATGAGCTTCTG GAAACCTCCGGTACACAATGTCACGGGGATCCAACGCATGTGGTA TGGGTCCTTTCACCGTGGCCACGCTTCTTTTTGTGGTTGTGGGAAT CCTATACTTCACATTACTGCACTTGCTGAAACATATGGCCATCCAA CAGGCCCGAGACCTTCTGGGCCACCGGGAGTAGACCCCAACCCC CACATCCGTAGAGCCAGGCCTGCCCCGGCCGCTCCGGAGCCCTC ACAGGTTGATTCGAGACCAGCCCTGACATGGCATGGGGATGGTG GAAGCGACGGAGGCGCTGGTGGTCCCGGAAGCGGTGGACCCGT GGCAGACTTCGCAGACGATGGCCTCGATCAGCTCGTCGCCGCCC TAGACGACGAAGAGTAA	154
CAF05756.1	AJ620234.1	ATGGCATGGGGATGGTGGAAGCGACGGAGGCGCTGGTGGTCCCG GAAGCGGTGGACCCGTGGCAGACTTCGCAGACGATGGCCTCGAT CAGCTCGTCGCCGCCCTAGACGACGAAGAGTAAGGAGGCGCAGA CGGTGGAGGAGGGGGAGACGAAAAACAAGGACTTACAGACGCAG GAGACGCTTTAGACGCAGGAGACGAAAAGCAAAACTTATAATAAAA CTGTGA	155
CAF05757.1	AJ620234.1	ATGAAAGGCCCCTTCGGGGGAGGACACAGCACTATGAGGTTCAG	156

[0465]

		CCTCTACATTTTGTTTGAGGAGCACCTCAGACACATGAACTTCTGG ACCAGAAGCAACGATAACCTAGAGCTAACCAGATACTTGGGGGCT TCAGTAAAAATATACAGGCACCCAGACCAAGACTTTATAGTAATAT ACAACAGAAGAACCCCTCTAGGAGGCAACATCTACACAGCACCCT CTCTACACCCAGGCAATGCCATTTTAGCAAAACACAAAATATTAGT ACCAAGTTTACAGACAAGACCAAAGGGTAGAAAAGCAATTAGACTA AGAATAGCACCCCCCACACTCTTTACAGACAAGTAG	
CAF05758.1		ATGGCAGTTGAGGCTGACTTGCGGTTTCCGTTCTGCTCACCACAA ACTGACAACACTTGCATCAGCTTCCAGGTCCTTAGTTCCGTTTACA ACAACTACCTCAGTATTAATACCTTTAATAATGACAACTCAGACTCA AAGTTAAAAGAATTTTTAAATAAAGCATTTCCAACAACAGGCACAAA AGGAACAAGTTTAAATGCACTAAATACATTTAGAACAGAAGGATGC ATAAGTCACCCACAACTAAAAAAACCAAACCCACAAACAAACAAAC CATCAGAGTCACAATACTTTGCACCTTTAGATGCCCTCTGGGGAGA CCCCATATACTATAATGATCTAAATGAAAAGAAAAGTTTCAAGAATA TCATTGAGAACATACTAATAAAAAACATGATTACATACCATGAAAAA CTAACAGAATTTCCAAATTCATACCAAGGAAACAAGGCCTTTTGCC ACCTAACAGGCATATACAGCCCACCATACCTAAACCAAGGCAGAAT ATCTCCAGAAATATTTGGACTGTACACAGAAATAATTTACAACCCTT ACACAGACAAAGGAACTGGAAACAAAGTATGGATGGACCCACTAA CTAAAGAGAACAACATATATAAAGAAGGACAGAGCAAATGCCTACT GACTGACATGCCCCTATGGACTTTACTTTTTGGATATACAGACTGG TGTAAAAAGGACACTAATAACTGGGACTTACCACTAAACTACAGAC TAGTACTAATATGCCCTTATACCTTTCCAAAATTGTACAATGAAAAG GTAAAAGACTATGGGTACATCCCGTACTCCTACAAATTCGGAGCG GGTCAGATGCCAGACGGCAGCAACTACATACCCTTTCAGTTTAGA GCAAAGTGGTACCCCACAGTACTACACCAGCAACAGGTAATGGAG GACATAAGCAGGAGCGGGCCCTTTGCACCTAAGGTAGAAAAACCA AGCACTCAGCTGGTAATGAAGTACTGTTTTAACTTTAACTGGGGCG GTAACCCTATCATTGAACAGATTGTTAAAGACCCCAGCTTCCAGCC CACCTATGAAATACCCGGTACCGGTAACATCCCTAGAAGAATACAA GTCATCGACCCGCGGGTCCTGGGACCGCACTACTCGTTCCGGTC ATGGGACATGCGCAGACACACATTTAGCAGAGCAAGTATTAAGAG AGTGTCAGAACAACAAGAAACTTCTGACCTTGTATTCTCAGGCCCA AAAAAGCCTCGGGTCGACATCCCAAAACAAGAAACCCAAGAAGAA AGCTCACATTCACTCCAAAGAGAATCGAGACCGTGGGAGACCGAG GAAGAAAGCGAGACAGAAGCCCTCTCGCAAGAGAGCCAAGAGGT CCCCTTCCAACAGCAGTTGCAGCAGCAGTACCAAGAGCAGCTCAA GCTCAGACAGGGAATCAAAGTCCTCTTCGAGCAGCTCATAAGGAC CCAACAAGGGGTCCATGTAAACCCATGCCTACAGTAG	157
CAF05759.1		ATGCACTTTTCTCGAATAAGCAGAAAGAAAAGGAAAGTGCTACTGC TTTGCGTGCCAGCAGCTAAGAAAAAACCAACTGCTATGAGCTTCTG GAAACCTCCGGTACACAATGTCACGGGGATCCAACGCATGTGGTA TGAGTCCTTTCACCGTGGCCACGCTTCTTTTTGTGATTGTGGGAAT CCTATACTTCACATTACTGCACTTGCTGAAACATATGGCCATCCAA CAGGCCCGAGACCTTCTGGGCCACCGGGAGTAGACCCCAACCCC	158

		CACATCCGTAGAGCCAGGCCTGCCCCGGCCGCTCCGGAGCCCTC ACAGGTTGATTCGAGACCAGCCCTGACATGGCATGGGGATGGTG GAAGCGACAGAGGCGCTGGTGGTTCCGGAAGCGGTGGACCCGTG GCAGACTTCGCAGACGATGGCCTCGATCAGCTCGTTGCCGCCCTA GACGACGAAGAGTAA	
CAF05760.1	AJ620234.1	ATGGCATGGGGATGGTGGAAGCGACAGAGGCGCTGGTGGTTCCG GAAGCGGTGGACCCGTGGCAGACTTCGCAGACGATGGCCTCGAT CAGCTCGTTGCCGCCCTAGACGACGAAGAGTAAGGAGGCGCAGA CGGTGGAGGAGGGGGAGACGAAAAACAAGGACTTACAGACGCAG GAGACGCTTTAGACGCAGGAGACGAAAAGCAAAACTTATAATAAAA CTGTGGCAACCTGCAGTAATTAAAAGATGCAGAATAAAGGGATACA TACCACTGATTATAAGTGGGAACGGTACCTTTGCCACAAACTTTAC CAGTCACATAAATGACAGAATAATGAAGGGCCCCTTCGGGGGAGG ACACAGCACTATGAGGTTCAGTCTCTACATTTTGTTTGAGGAGCAC CTCAGACACATGAACTTCTGGACCAGAAGCAACGATAACCTAGAG CTAACCAGATACTTGGGGGCTTCAGTAAAAATATACAGGCACCCA GACCAAGACTTTATAGTAATATACAACAGAAGAACCCCTCTAGGAG GCAACATCTACACAGCACCCTCTCTACACCCAGGCAATGCCATTTT AGCAAAACACAAAATATTAGTACCAAGTTTACAGACAAGACCAAAG GGTAGAAAAGCAATTAGACTAAGAATAGCACCCCCCACACTCTTTA CAGACAAGTGGTACTTTCAAAAGGACATAGCCGACCTCACCCTTTT CAACATCATGGCAGTTGAGGCTGACTTGCGGTTTCCGTTCTGCTC ACCACAAACTGACAACACTTGCATCAGCTTCCAGGTCCTTAGTTCC GTTTACAACAACTACCTCAGTATTAATACCTTTAATAATGACAACTC AGACTCAAAGTTAAAAGAATTTTTAAATAAAGCATTTCCAACAACAG GCACAAAAGGAACAAGTTTAAATGCACTAAATACATTTAGAACAGA AGGATGCATAAGTCACCCACAACTAAAAAAACCAAACCCACAAATA AACAAACCATTAGAGTCACAATACTTTGCACCTTTAGATGCCCTCT GGGGAGACCCCATATACTATAATGATCTAAATGAAAACAAAAGTTT GAACGATATCATTGAGAAAATACTAATAAAAAACATGATTACATACC ATGCAAAACTAAGAGAATTTCCAAATTCATACCAAGGAAACAAGGC CTTTTGCCACCTAACAGGCATATACAGCCCACCATACCTAAACCAA GGCAGAATATCTCCAGAAATATTTGGACTGTACACAGAAATAATTT ACAACCCTTACACAGACAAAGGAACTGGAAACAAAGTATGGATGG ACCCACTAACTAAAGAGAACAACATATATAAAGAAGGACAGAGCAA ATGCCTACTGACTGACATGCCCCTATGGACTTTACTTTTTGGATAT ACAGACTGGTGTAAAAAGGACACTAATAACTGGGACTTACCACTAA ACTACAGACTAGTACTAATATGCCCTTATACCTTTCCAAAATTGTAC AATGAAAAGGTAAAAGACTATGGGTACATCCCGTACTCCTACAAAT TCGGAGCGGGTCAGATGCCAGACGGCAGCAACTACATACCCTTTC AGTTTAGAGCAAAGTGGTACCCCACAGTACTACACCAGCAACAGG TAATGGAGGACATAAGCAGGAGCGGGCCCTTTGCACCTAAGGTAG AAAAACCAAGCACTCAGCTGGTAATGAAGTACTGTTTTAACTTTAA CTGGGGCGGTAACCCTATCATTGAACAGATTGTTAAAGACCCCAG CTTCCAGCCCACCTATGAAATACCCGGTACCGGTAACATCCCTAG AAGAATACAAGTCATCGACCCGCGGGTCCTGGGACCGCACTACTC	159

[0466]

		GTTCCGGTCATGGGACATGCGCAGACACACATTTAGCAGAGCAAG TATTAAGAGAGTGTCAGAACAACAAGAAACTTCTGACCTTGTATTC TCAGGCCCAAAAAAGCCTCGGGTCGACATCCCAAAACAAGAAACC CAAGAAGAAAGCTCACATTCACTCCAAAGAGAATCGAGACCGTGG GAGACCGAGGAAGAAAGCGAGACAGAAGCCCTCTCGCAAGAGAG CCAAGAGGTCCCCTTCCAACAGCAGTTGCAGCAGCAGTACCAAGA GCAGCTCAAGCTCAGACAGGGAATCAAAGTCCTCTTCGAGCAGCT CATAAGGACCCAACAAGGGGTCCATGTAAACCCATGCCTACAGTA G	
AAC28465.1	AF079173.1	ATGGCCTATGGCTGGTGGCGCCGAAGGAGAAGACGGTGGCGCAG GTGGAGACCCAGACCATGGAGGCCCCGCTGGAGGACCCGAAGAC GCAGACCTGCTAGACGCCGTGGCCACCGCAGAAACGTAAGAAGA CGCCGCAGAGGAGGGAGGTGGAGGAGGAGATATAGGAGATGGAA AAGAAAGGGCAGGCGCAGAAAAAAAGCTAAAATAATAATAAGACA ATGGCAACCAAACTACAGAAGGAGATGTAACATAGTAGGCTACATC CCTGTACTAATATGTGGCGAAAATACTGTCAGCAGAAACTATGCCA CACACTCAGACGATACCAACTACCCAGGACCCTTTGGGGGGGGTA TGACTACAGACAAATTTACTTTAAGAATTCTGTATGACGAGTACAAA AGGTTTATGAACTACTGGACAGCATCTAACGAAGACCTAGACCTTT GTAGATATCTAGGAGTAAACCTGTACTTTTTCAGACACCCAGATGT AGATTTTATCATAAAAATTAATACCATGCCTCCTTTTCTAGACACAG AACTCACAGCCCCTAGACTACACCCAGGCATGCTAGCCCTAGACA AAAGAGCAAGATGGATACCTAGCTTAAAATCTATACCAGGAAAAAA ACACTATATTAAAATAAGAGTAGGGGCACCAAAAATGTTCACTGAT AAATGGTACCCCCAAACAGATCTTTGTGACATGGTGCTTCTAACTG TCTATGCAACCGCAGCGGATATACCATATCCGTTCGGCTCACCACT AACTGACTCTGTGGTTGTGAACTTCCAGGTTCTGCAATCCATGTAT GATAAATACATTAGCATATTACCAGACCAAAAGTCACAAAGTAAGT CACTACTTAGTAACATAGCAAATTACATTCCCTTTTATAATACCACA CAAACTATAGCCCAATTAAAGCCATTTATAGATGCAGGCAATATAA CATCAGGCACAGCAGCAACAACATGGGGATCATACATAAACACAA CCAAATTTACTACAACAGCCACAACAACTTATACATATCCAGGCAC TACAACTAACACAGTTACTATGTATTCCTCTAATGACTCCTGGTACA GAGGAACAGTATATAACAATCAAATTAAAGAGTTACCAAAAAAAGC AGCTGAATTATACTCAAAAGCAACAAAAACCTTGCTAGGAAACACC TTCACAACTGAAGACTGCACACTAGAATACCATGGAGGACTATACA GCTCAATATGGCTATCCCCTGGTAGATCTTACTTTGAAACACCAGG AGCATACACAGACATAAAGTACAATCCATTCACAGACAGAGGAGAA GGCAACATGTTATGGATAGACTGGCTAAGCAAAAAAAACATGAACT ATGACAAAGTACAAAGTAAATGCTTAGTATCAGACCTACCTCTATG GGCATCAGCATATGGATATGTAGAATTTTGTGCAAAAAGTACAGGA GACCAGAACATACACATGAATGCCAGGCTACTAATAAGAAGTCCCT TTACAGACCCACAGCTACTAGTACACACAGACCCCACAAAAGGCTT TGTTCCCTACTCTTTAAACTTTGGAAATGGTAAAATGCCAGGAGGT AGTAGTAATGTGCCTATTAGAATGAGAGCTAAATGGTATCCAACAT TGTTTCACCAACAAGAAGTACTAGAGGCCTTAGCACAGTCAGGCC	160

[0467]

		CCTTTGCATACCACTCAGACATTAAAGAAGTATCTCTGGGTATGAA ATACCGTTTTAAGTGGATCTGGGGTGGAAACCCCGTTCGCCAACA GGTTGTTAGAAATCCCTGCAAAGAAACCCACTCCTCGGGCAATAG AGTCCCTAGAAGCTTACAAATCGTTGACCCGAAATACAACTCACCG GAACTCACATTCCATACCTGGGACTTCAGACGTGGCCTCTTTGGC CCGAAAGCTATTCAGAGAATGCAACAACAACCAACAACTACTGACA TTTTTTCAGCAGGCCGCAAGAGACCCAGGAGGGACACCGAGGTGT ACCACTCCAGCCAAGAAGGGGAGCAAAAAGAAAGCTTACTTTTCC CCCCAGTCAAGCTCCTCAGACGAGTCCCCCCGTGGGAAGACTCG CAGCAGGAGGAAAGCGGGTCGCAAAGCTCAGAGGAAGAGACGCA GACCGTCTCCCAGCAGCTCAAGCAGCAGCTGCAGCAACAGCAAAT CCTGGGAGTCAAACTCAGACTCCTGTTCGACCAAGTCCAAAAAATC CAACAAAATCAAGATATCAACCCTACCTTGTTACCAAGGGGGGGG GATCTAGCATCGTTATTTCAAATAGCACCATAA	
AAD20024.1	AF129887.1	ATGGCCTATGGGTTGTGGAGGAGACGGCGAAGGAGGTGGAAGAG GTGGAGACGCAGACGGTGGAGACGCCGCTGGAGGACCCGCCGA CGCAGACCTGCTGGACGCCGTAGACGCCGCAGAACAGTAAGGAG ACGGCGCAGGCGCGGGAGGTGGAGGAGGAGATATAGGAGATGG AGGCGAAAAGGCAGACGCAGGAAAAAGAAAAAACTCATAATAAGA CAATGGCAGCCAAACTATACCAGAAAGTGCAACATTGTGGGTTATA TGCCAGTTATAATGTGTGGCGAAAATACTGTCAGCAGAAACTATGC CACACACTCAGACGATACCAACTACCCAGGACCCTTTGGGGGGGG TATGACTACAGACAAATTTACTTTAAGAATTCTGTATGACTGGTACA AAAGGTTTATGAACTACTGGACAGCATCTAACGAAGACCTAGACCT TTGTAGATATCTAGGAGTGAACCTGTACTTTTTCAGACACCCAGAT GTAGATTTTATCATAAAAATTAATACCATGCCTCCTTTTCTAGACAC AGAACTCACAGCCCCTAGCATACACCCAGGCATGCTAGCCCTAGA CGAAAGAGCAAGATGGATACCTAGCTTAAAATCTAGACCAGGAAA AAAACACTATATTAAAATAAGAGTAGGGGCACCAAAAATGTTCACT GATAAATGGTACCCCCAAACAGATCTTTGTGACATGGTGCTTCTAA CTGTCTATGCAACCGCAGCGGATATGCAATATCCGTTCGGCTACC CACTAACTGACTCTGTGGTTGTGAACTTCCAGGTTCTGCAATCCAT GTATGATAAATACATTAGCATATTACCAGACCAAAAGTCACAAAGA GAGTCACTACTTAGTAACATAGCAAATTACATTCCCTTTTATAATAC CACACAAACTATAGCCCAATTAAAGCCATTTATAGATGCAGGCAAT ATAACATCAGGCACAACAGCAACAACATGGGGATCATACATAAACA CAACCAAATTTACTACAACAGCCACAACAACTTATACATATCCAGG CACTACAACTAACACAGTTACTATGTTAACCTCTAATGACTCCTGGT ACAGAGGAACAGTATATAACAATCAAATTAAAGAGTTACCAAAAAA AGCAGCTGAATTATACTCAAAAGCAACAAAAACCTTGCTAGGAAAC ACCTTCACAACTGAAGACTGCACACTAGAATACCATGGAGGACTAT ACAGCTCAATATGGCTATCCCCTGGTAGATCTTACTTTGAAACACC AGGAGCATACACAGACATGAAGTACAACCCATTCACAGACAGAGG AGAAGGCAACATGTTATGGATAGACTGGCTAAGCAAAAAAAACATG AACTATGACAAAGTACAAAGTAAATGCTTAGTATCAGACCTACCTC TATGGGCAGCAGCATATGGTTATTTAGAATTCTGCTCTAAAAGCAC	161

[0468]

		AGGAGACACAAACATACACATGAATGCCAGACTACTAATAAGAAGT CCTTTTACAGACCCCCAGCTAATAGCACACACAGACCCCACTAAAG GCTTTGTACCCTATTCCTTAAACTTTGGAAATGGTAAAATGCCAGG AGGTAGCAGCAATGTTCCCATAAGAATGAGAGCTAAGTGGTACCC CACTTTATTCCACCAACAAGAAGTTCTAGAGGCCTTAGCACAGTCA GGACCCTTTGCTTATCACTCAGACATTAAAAAAGTATCTCTAGGCA TAAAATACCGTTTTAAGTGGATCTGGGGTGGAAACCCCGTTCGCC AACAGGTTGTTAGAAACCCCTGCAAGGAACCCCACTCCTCGGTCA ATAGAGTCCCTAGAAGCATACAAATCGTTGACCCGAAATACAACTC ACCGGAACTTACCATCCATGCCTGGGACTTCAGACGTGGCTTCTTT GGCCCGAAAGCTATTCAAAGAATGCAACAACAACCAACTGCTACT GAATTTTTTTCAGCAGGCCGCAAGAGACCCAGAAGGGACACAGAA GTGTATCAGTCCGACCAAGAAAAGGAGCAAAAAGAAAGCTCGCTT TTCCCCCCAGTCAAGCTCCTCCGAAGAGTCCCCCCATGGGAGGAC TCGGAACAGGAGCAAAGCGGGTCGCAAAGCTCAGAGGAAGAGAC CCACACCGTCTCCCAGCAGCTCAAACAGCAGCTTCAGCAGCAGCG GATCCTCGGCGTCAAGCTCAGAGTCCTGTTCCACCAAGTCCACAA AATCCAACAAAATCAACATATCAACCCTACCTTATTGCCAAGGGGT GGGGCCCTAGCATCCTTGTCTCAGATTGCACCATAA	
AAD29634.1	AF116842.1	ATGGCCTATGGCTTGTGGCACCGAAGGAGAAGACGGTGGCGCAG GTGGAAACGCACACCATGGAAGCGCCGCTGGAGGACCCGAAGAC GCAGACCTGCTAGACGCCGTGGCCGCCGCAGAAACGTAAGGAGA CGCCGCAGAGGAGGGAGGTGGAGGAGGAGATATAGGAGATGGAA AAGAAAGGGCAGGCGCAGAAAAAAAGCTAAAATAATAATAAGACA ATGGCAACCAAACTACAGAAGGAGATGTAACATAGTAGGCTACATC CCTGTACTAATATGTGGCGAAAATACTGTCAGCAGAAATTATGCCA CACACTCAGACGATACCAACTACCCAGGACCCTTTGGGGGGGGTA TGACTACAGACAAATTTACTTTAAGAATTCTGTGTGACGAGTACAAA AGGTTTATGAACTACTGGACAGCATCTAACGAAGACCTAGACCTTT GTAGATATCTAGGAGTAAACCTGTACTTTTTCAGACACCCAGATGT AGATTTTATCATAAAAATTAATACCATGCCTCCTTTTCTAGACACAG AACTCACAGCCCCTAGCATACACCCAGGCATGCTAGCCCTAGACA AAAGAGCAAGATGGATACCTAGCTTAAAATCTAGACCAGGAAAAAA ACACTATATTAAAATAAGAGTAGGGGCACCAAAAATGTTCACTGAT AAATGGTACCCCCAAACAGATCTCTGTGACATGGTGCTTCTAACTG TCTATGCAACCACAGCGGATATGCAATATCCGTTCGGCTCACCACT AACTGACTCTGTGGTTGTGAACTTCCAGGTTCTGCAATCCATGTAT GATAAAACAATTAGCATATTACCAGACGAAAAATCACAAAGAGAAA TTCTACTTAACAAGATAGCAAGTTACATTCCCTTTTATAATACCACA CAAACTATAGCCCAATTAAAGCCATTTATAGATGCAGGCAATGTAA CATCAGGCGCAACAGCAACAACATGGGCATCATACATAAACACAA CCAAATTTACTACAGCAACCACAACAACTTATGCATATCCAGGCAC CAACAGACCCCCAGTAACTATGTTAACCTGTAATGACTCCTGGTAC AGAGGAACAGTATATAACACACAAATTCAACAGTTACCAATAAAAG CAGCTAAATTATACTTAGAGGCAACAAAAACCTTGCTAGGAAACAA CTTCACAAATGAGGACTACACACTAGAATATCATGGAGGACTGTAC	162

[0469]

		AGCTCAATATGGCTATCCCCTGGTAGATCTTACTTTGAAACAACAG GAGCATACACAGACATAAAGTACAATCCATTCACAGACAGAGGAG AAGGCAACATGTTATGGATAGACTGGCTAAGCAAAAAAAACATGAA CTATGACAAAGTACAAAGTAAATGCTTAGTACGAGACCTACCTCTA TGGGCAGCAGCATATGGATATGTAGAATTCTGTGCAAAAAGTACAG GAGACAAGAACATATACATGAATGCCAGGCTACTAATAAGAAGTCC CTTTACAGACCCACAACTACTAGTACACACAGACCCCACAAAAGGC TTTGTTCCTTACTCTTTAAACTTTGGAAATGGTAAAATGCCAGGAG GTAGTAGTAATGTGCCTATTAGAATGAGAGCTAAATGGTATCCAAC ATTATTTCACCAGCAAGAAGTACTAGAGGCCTTAGCACAGTCAGGC CCCTTTGCATACCACTCAGACATTAAAAAAGTATCTCTGGGTATGA AATACCGTTTTAAGTGGATCTGGGGTGGAAACCCCGTTCGCCAAC AGGTTGTTAGAAATCCCTGCAAAGAAACCCACTCCTCGGGCAATA GAGTCCCTAGAAGCTTACAAATCGTTGACCCGAAATACAACTCACC GGAACTCACATTCCATACCTGGGACTTCAGACGTGGTCTCTTTGG CCCAAGAGCTATTCAAAGAATGCAACAACAACCAACAACTACTGAC ATTCTTTCAGCAGGCCGCAAGAGACCCAGAAAGGACACGGAGGTG TACCACCCCAGCCAAGAAGGGGAGCAAAAAGAAAGCTTACTTTTC CCCCCAGTCAAGCTCCTCAGACGAGTCCCCCCGTGGGAAGACTC GCAGCAGGAGGAAAGCGGGTCGCAAAGCTCAGAGGAAGAGACGC AGACCGTCTCCCAGCAGCTCAAGCAGCAGCTGCAGCAACAGCAAA TCCTGGGAGTCAAACTCAGACTCCTGTTCGACCAAGTCCAAAAAAT CCAACAAAATCAAGATATCAACCCTACCTTGTTACCAAGGGGGGG GGATCTAGCATCGTTATTTCAAATAGCACCATAA	
BAA85662.1	AB026345.1	ATGGCCTATGGCTGGTGGCGCCGAAGGAGAAGACGGTGGCGCAG GTGGAGACGCAGACCATGGAGGCGCCGCTGGAGGACCCGAAGAC GCAGACCTGCTAGACGCCGTGGCCGCCGCAGAAACGTAAGGAGA CGCCGCAGAGGAGGGAGGTGGAGGAGGAGATATAGGAGATGGAA AAGAAAGGGCAGGCGCAGAAAAAAAGCTAAAATAATAATAAGACA ATGGCAACCAAACTACAGAAGGAGATGTAACATAGTAGGCTACATC CCTGTACTAATATGTGGCGAAAATACTGTCAGCAGAAACTATGCCA CACACTCAGACGATACTAACTACCCAGGACCCTTTGGGGGGGGTA TGACTACAGACAAATTTACTTTAAGAATTCTGTATGACGAGTACAAA AGGTTTATGAACTACTGGACAGCATCTAACGAAGACCTAGACCTTT GTAGATATCTAGGAGTAAACCTATACTTTTTCAGACACCCAGATGT AGATTTTATTATAAAAATTAATACCATGCCTCCTTTTCTAGACACAG AACTCACAGCCCCTAGCATACACCCAGGCATGCTAGCCCTAGACA AAAGAGCAAGATGGATACCTAGCTTAAAATCTAGACCAGGAAAAAA ACACTATATTAAAATAAGAGTAGGGGCACCAAAAATGTTCACTGAT AAATGGTACCCCCAAACAGATCTTTGTGACATGGTGCTTCTAACTG TCTATGCAACCGCAGCGGATATGCAATATCCGTTCGGCTCACCAC TAACTGACTCTGTGGTTGTGAACTTCCAGGTTCTGCAATCCATGTA TGATGAAAAAATTAGCATATTACCAGACCAAAAATCACAAAGAGAA AGCCTACTTACTAGCATAGCAAATTACATTCCCTTTTATAATACCAC ACAAACTATAGCCCAATTAAAGCCATTTATAGATGCAGGCAATGTA ACATCAGGCACAACAGCAACAACATGGGGGTCATACATAAACACA	163

[0470]

[0471]

		ACCAAGTTTACTACAACAGCCACAACAACTTATACATATCCAGGCA CCACCACAACCACAGTAACTATGTTAACCTCTAATGACTCCTGGTA CAGAGGAACAGTATATAACAACCAAATTAAAGACTTACCAAAAAAA GCAGCTGAATTATACTCAAAAGCAACAAAAACCTTGCTAGGAAACA CCTTCACAACTGAAGACTACACACTAGAATACCATGGAGGACTGTA CAGCTCAATATGGCTATCCCCTGGTAGATCTTACTTTGAAACACCA GGAGCATATACAGACATAAAGTACAATCCATTTACAGACAGAGGAG AAGGCAACATGTTATGGATAGACTGGCTAAGCAAAAAAAACATGAA CTACGACAAAGTACAGAGTAAATGCTTAATATCAGACCTACCTCTA TGGGCAGCAGCATATGGATATGTAGAATTTTGTGCAAAAAGTACAG GAGACCAGAACATACACATGAATGCCAGGCTACTAATAAGAAGTC CCTTTACAGACCCACAACTACTAGTACACACAGACCCCACAAAAGG CTTTGTTCCTTACTCTTTAAACTTTGGAAATGGTAAAATGCCAGGAG GTAGTAGTAATGTGCCTATTAGAATGAGAGCTAAATGGTATCCAAC ATTATTTCACCAGCAAGAAGTACTAGAGGCCTTAGCACAGTCAGGC CCCTTTGCATACCACTCAGACATTAAAAAAGTATCTCTGGGTATGA AATACCGTTTTAAGTGGATCTGGGGTGGAAACCCCGTTCGCCAAC AGGTTGTTAGAAATCCCTGCAAAGAAACCCACTCCTCGGGCAATA GAGTCCCTAGAAGCTTACAAATCGTTGACCCGAAATACAACTCACC GGAACTCACATTCCATACCTGGGACTTCAGACGTGGCCTCTTTGG CCCGAAAGCTATTCAGAGAATGCAACAACAACCAACAACTACTGAC ATTTTTTCAGCAGGCCGCAAGAGACCCAGGAGGGACACCGAGGT GTACCACTCCAGCCAAGAAGGGGAGCAAAAAGAAAGCTTACTTTT CCCCCCAGTCAAGCTCCTCAGACGAGTCCCCCCGTGGGAAGACT CGCAGCAGGAGGAAAGCGGGTCGCAAAGCTCAGAGGAAGAGACG CAGACCGTCTCCCAGCAGCCCAAGCAGCAGCTGCAGCAACAGCG AATCCTGGGAGTCAAACTCAGACTCCTGTTCAACCAAGTCCAAAAA ATCCAACAAAATCAAGATATCAACCCTACCTTGTTACCAAGGGGGG GGGATCTAGCATCCTTATTTCAAGTAGCACCATAA	
BAA85664.1	AB026346.1	ATGGCCTATGGCTGGTGGCGCCGAAGGAGAAGACGGTGGCGCAG GTGGAGACGCAGACCATGGAGGCGCCGCTGGAGGACCCGAAGAC GCAGACCTGCTAGACGCCGTGGCCGCCGCAGAAACGTAAGGAGA CGCCGCAGAGGAGGGAGGTGGAGGAGGAGATATAGGAGATGGAA AAGAAAGGGCAGGCGCAGAAAAAAAGCTAAAATAATAATAAGACA ATGGCAACCAAACTACAGAAGGAGATGTAACATAGTAGGCTACATC CCTGTACTAATATGTGGCGAAAATACTGTCAGCAGAAACTATGCCA CACACTCAGACGATACCAACTACCCAGGACCCTTTGGGGGGGGTA TGACTACAGACAAATTTACTTTAAGAATTCTGTATGACGAGTACAAA AGGTTTATGAACTACTGGACAGCATCTAACGAAGATCTAGACCTTT GTAGATATCTAGGAGTAAACCTGTACTTTTTCAGACACCCAGATGT AGATTTTATCATAAAAATTAATACCATGCCTCCTTTTCTAGACACAG AACTCACAGCCCCTAGCATACACCCAGACATGCTAGCCCTAGACA AAAGAGCAAGATGGATACCTAGCTTAAAATCTAGACCGGGAAAAAA ACACTATATTAAAATAAGAGTTGGGGCACCAAAAATGTTCACTGAT AAATGGTACCCCCAAACAGATCTTTGTGACATGGTGCTTCTAACTG TCTATGCAACCACAGCGGATATGCAATATCCGTTCGGCTCACCACT	164

[0472]

		AACTGACTCTGTGGTTGTGAACTTCCAGGTTCTGCAATCCATGTAT GATGAAAACATTAGCATATTACCAACCGAAAAATCAAAAAGAGATG TCCTACATAGTACTATAGCAAATTACACTCCCTTTTATAATACCACA CAAATTATAGCCCAATTAAGGCCATTTGTAGATGCAGGCAATCTAA CATCAGCGTCAACAACAACAACATGGGGATCATACATAAACACAAC CAAGTTTAATACAACAGCCACAACAACTTATACATATCCAGGCAGC ACGACAACCACAGTAACTATGTTAACCTGTAATGACTCCTGGTACA GAGGAACAGTATATAACAATCAAATTAGCAAGTTACCAAAACAAGC AGCTGAATTTTACTCAAAAGCAACAAAAACCTTGCTAGGAAACACG TTCACAACTGAGGACCACACACTAGAATACCATGGAGGACTGTAC AGCTCAATATGGCTATCCGCTGGTAGATCTTACTTTGAAACACCAG GAGCATATACAGACATAAAGTATAATCCATTCACAGACAGAGGAGA AGGCAACATGTTATGGATAGACTGGCTAAGCAAAAATAACATGAAC TATGACAAAGTACAAAGTAAATGCTTAATATCAGACCTACCTCTATG GGCAGCAGCATATGGATATGTAGAATTTTGTGCAAAAAGTACAGGA GACCAGAACATACACATGAATGCCAGACTACTAATAAGAAGTCCCT TTACAGACCCACAACTACTAGTACACACAGACCCCACAAAAGGCTT TGTTCCTTACTCTTTAAACTTTGGAAATGGTAAAATGCCAGGAGGT AGTAGTAATGTGCCTATTAGAATGAGAGCTAAATGGTATCCAACAT TATTTCACCAGCAAGAAGTACTAGAGGCCTTAGCACAGTCAGGCC CCTTTGCATACCACTCAGACATTAAAAAAGTATCTCTGGGTATGAA ATACCGTTTTAAGTGGATCTGGGGTGGAAACCCCGTTCGCCAACA GGTTGTTAGAAATCCCTGCAAAGAAACCCACTCCTCGGGCAATAG AGTCCCTAGAAGCTTACAAATCGTTGACCCGAAATACAACTCACCG GAACTCACATTCCATACCTGGGACTTCAGACGTGGCCTCTTTGGC CCGAAAGCTATTCAGAGAATGCAACAACAACCAACAACTACTGACA TTTTTTCAGCAGGCCGCAAGAGACCCAGGAGGGACACCGAGGTGT ACCACTCCAGCCAAGAAGGGGAGCAAAAAGAAAGCTTACTTTTCC CCCCAGTCAAGCTCCTCAGACGAGTCCCCCCGTGGGAAGACTCG CAGCAGGAGGAAAGCGGGTCGCAAAGCTCAGAGGAAGAGACGCA GACCGTCTCCCAGCAGCTCAAGCAGCAGCTGCAGCAACAGCGAAT CCTGGGAGTCAAACTCAGACTCCTGTTCAACCAAGTCCAAAAAATC CACCAAAATCAAGATATCAACCCTACCTTGTTACCAAGGGGGGGG GATCTAGCATCCTTATTTCAAATAGCACCATAA	
BAA85666.1	AB026347.1	ATGGCCTATGGCTGGTGGCGCCGAAGGAGAAGACGGTGGCGCAG GTGGAGACGCAGACCATGGAGGCGCCGCTGGAGGACCCGAAGAC GCAGACCTGCTAGACGCCGTGGCCGCCGCAGAAACGTAAGGAGA CGCCGCAGAGGAGGGAGGTGGAGGAGGAGATATAGGAGATGGAA AAGAAAGGGCAGGCGCAGAAAAAAAGCTAAAATAATAATAAGACA ATGGCAACCAAACTACAGAAGGAGATGTAACATAGTAGGCTACATC CCTGTACTAATATGTGGCGAAAATACTGTCAGCAGAAACTATGCCA CACACTCAGACGATACCAACTACCCAGGACCCTTTGGGGGGGGTA TGACTACAGACAAATTTACTTTAAGAATTCTGTATGACGAGTACAAA AGGTTTATGAACTACTGGACAGCATCTAACGAAGATCTAGACCTTT GTAGATATCTAGGAGTAAACCTGTACTTTTTCAGACACCCAGATGT AGATTTTATCATAAAAATTAATACCATGCCTCCTTTTCTAGACACAG	165

[0473]

		AACTCACAGCCCCTAGCATACACCCAGGCATGCTAGCCCTAGACA AAAGAGCAAGATGGATACCTAGCTTAAAATCTAGACCGGGAAAAAA ACACTATATTAAAATAAGAGTTGAGGCACCAAAAATGTTCACTGATA AATGGTACCCCCAAACAGATCTTTGTGACATGGTGCTTCTAACTGT CTATGCAACCACAGCGGATATGCAATATCCGTTCGGCTCACCACTA ACTGACTCTGTGGTTGTGAACTTCCAGGTTCTGCAATCCATGTATG ATCAAAACATTAGCATATTACCAACCGAAAAATCAAAGAGAACACA ACTACATGATAATATAACAAGGTACACTCCCTTTTATAATACCACAC AAACTATAGCCCAATTAAAGCCATTTGTAGATGCAGGCAATGTAAC ACCAGTGTCACCAACAACAACATGGGGATCATACATAAACACAACC AAGTTTACTACAACAGCCACAACAACTTATACATATCCAGGCACCA CGACAACCACAGTAACTATGTTAACCTGTAATGACTCCTGGTACAG AGGAACAGTATATAACAATCAAATTAGCCAGTTACCAAAAAAAGCA GCTGAATTTTACTCAAAAGCAACAAAAACCTTGCTAGGAGACACGT TCACAACTGAGGACTACACACTAGAATACCATGGAGGACTGTACA GCTCAATATGGCTATCCGCTGGTAGATCTTACTTTGAAACACCAGG AGTATATACAGACATAAAGTATAATCCATTCACAGACAGAGGAGAA GGCAACATGTTATGGATAGACTGGCTAAGCAAAAAAAACATGAACT ATGACAAAGTACAAAGTAAATGCTTAATATCAGACCTACCTCTATG GGCAGCAGCATATGGATATGTAGAATTTTGTGCAAAAAGTACAGGA GACCAAAACATACACATGAATGCCAAACTACTAATAAGAAGTCCCT TTACAGACCCACAACTACTAGTACACACAGACCCCACAAAAGGCTT TGTTCCTTACTCTTTAAACTTTGGAAATGGTAAAATGCCAGGAGGT AGTAGTAATGTGCCTATTAGAATGAGAGCTAAATGGTATCCAACAT TATTTCACCAGCAAGAAGTACTAGAGGCCTTAGCACAGTCAGGCC CCTTTGCATACCACTCAGACATTAAAAAAGTATCTCTGGGTATGAA ATACCGTTTTAAGTGGATCTGGGGTGGAAACCCCGTTCGCCAACA GGTTGTTAGAAATCCCTGCAAAGAAACCCACTCCTCGGGCAATAG AGTCCCTAGAAGCTTACAAATCGTTGACCCGAAATACAACTCACCG GAACTCACATTCCATACCTGGGACTTCAGACGTGGCCTGTTTGGC CCGAAAGCTATTCAGAGAATGCAACAACAACCAACAACTACTGACA TTTTTTCAGCAGGCCGCAAGAGACCCAGGAGGGACACCGAGGTGT ACCACTCCAGCCAAGAAGGGGAGCAAAAAGAAAGCTTACTTTTCC TCCCAGTCAAGCTCCTCAGACGAGTCCCCCCGTGGGAAGACTCGC AGCAGGAGGAAAGCGGGTCGCAAAGCTCAGAGGAAGAGACGCAG ACCGTCTCCCAGCAGCTCAAGCAGCAGCTGCAGCAACAGCGAATC CTGGGAGTCAAACTCAGACTCCTGTTCAACCAAGTCCAAAAAATCC AACAAAATCAAGATATCAACCCTACCTTGTTACCAAGGGGGGGGG ATCTGGCATCCTTATTTCAAATAGCACCATAA	
BAA90406.1	AB030487.1	ATGGCCTATGGGTGGTGGAGGAGACGCCGCAGAAGGTGGAAGAG ATGGAGGAGAAGGCCCAGGTGGAGACGCCCATGGAGGACCCGCA GACGCAGACCTGCTAGACGCCGTGGACGCCGCAGAACAGTAAGG AGACGGGAGCGCGGGAGGTGGAGGAGGCGCTATAGGAGGTGGA GGAAAAAGGGCAAACGCAGGATAAAAAAGAAACTTATAATAAGACA GTGGCAGCCAAACTATACCAGAAAGTGCGACATATTAGGCTACAT GCCTGTAATCATGTGTGGAGAGAACACTCTAATAAGAAACTATGCC	166

[0474]

		ACACACGCAAACGACTGCTACTGGCCGGGACCCTTTGGGGGCGG CATGGCCACCCAGAAATTCACACTCAGAATCCTGTACGATGACTAC AAGAGGTTTATGAACTACTGGACCTCCTCAAACGAGGACCTAGAC CTCTGTAGATACAGGGGAGTCACCCTGTACTTTTTCAGACACCCAG ATGTAGACTTTATCATCCTGATAAACACCACACCTCCGTTCGTAGA TACAGAGATCACAGGACCCAGCATACATCCTGGCATGATGGCCCT CAACAAGAGAGCCAGGTTCATCCCCAGCCTAAAAACTAGACCTGG CAGAAGACACATAGTAAAGATTAGAGTGGGGGCCCCCAAACTGTA CGAGGACAAATGGTACCCCCAGTCAGAACTCTGTGACATGCCCCT GCTAACCGTCTACGCGACCGCAGCGGATATGCAATATCCGTTCGG CTCACCACTAACTGACACTCCTGTTGTAACCTTCCAAGTGTTGCGC AGCATGTACAACGACGCCCTTAGCATACTTCCCTCTAACTTTGAAC AGGACGACAATGCAGGCCAAAAACTTTACAATGAAATATCATCATA TTTACCATACTACAACACCACAGAAACAATAGCACAACTAAAGAGA TATGTAGAAAATACAGAAAAAATTTCCACAACACCAAACCCATGGC AATCAAATTATGTAAACACTATTACCTTCACCACTGCACAAAGTATT ACAACTACAACCCCATACACCACCTTCTCAGACAGCTGGTACAGG GGCACAGTATACAAAAACGCAATCACTAAAGTGCCACTTGCCGCA GCTAAACTTTATGAAACCCAAACAAAAAACCTGCTGTCTCCAACAT TTACAGGAGGGTCCGAGTACCTAGAATACCATGGAGGCCTGTACA GCTCCATATGGCTATCAGCAGGCCGATCCTACTTTGAAACAAAGG GAGCATACACAGACATATGCTACAACCCCTACACAGACAGGGGAG AAGGGAACATGTTGTGGATAGACTGGCTATCCAAAGGAGATTCCA GATATGACAAAGCACGCAGCAAATGTCTAATAGAAAAACTACCTAT GTGGGCCGCAGTATATGGGTACGCAGAATACTGTGCAAAAGCCAC AGGAGACTCTAACATAGACATGAACGCCAGAGTAGTAATGAGGTG TCCATACACCGTACCCCAAATGATAGACACAAGCGATCCCCTCAG AGGCTTTATACCCTATAGCTTTAACTTTGGAAAGGGAAAAATGCCT GGAGGAACAAATCAAGTCCCCATAAGAATGAGAGCTAAGTGGTAC CCTTGTCTCTTTCACCAAAAAGAAGTTCTAGAAGCTATAGGACAGT CAGGCCCCTTCGCCTACCATAGTGATCAGAAAAAAGCAGTACTAG GCCTAAAATACAGATTTCACTGGATATGGGGTGGAAACCCCGTGTT TCCACAGGTTGTTAGAAACCCCTGCAAAGACACCCAAGGTTCCAC AGGCCCTAGAAAGCCTCGCTCAGTACAAATCATTGACCCGAAGTA CAACACACCAGAGCTTACCATCCACGCGTGGGATTTCAGACGTGG CTTCTTTGGCCCAAAAGCTATTAAAAGAATGCAACAACAACCAACA GATGCTGAACTTCTTCCACCAGGCCGCAAGAGGAGCAGGAGAGA CACCGAAGTCCTGCAAAGCAGCCAAGAAAGGCAAAAAGAAAGCTT ACTTTTACAACAGCTCCACCTCCAGGGACGAGTACCCCCGTGGGA AAGCTTGCAAGGGTTGCAGACAGAAACAGAAAGCCAAAAAGAGCA CGAGGGCACCCTTTCCCAGCAGATCAGAGAGCAGGTTCAGCAGC AGAAGCTCCTCGGGAGACAGCTCAGAGAAATGTTCTTACAACTCC ACAAAATCCTACAAAATCAACACGTCAACCCTACCTTATTGCCAAG GGATCAGGGTTTAATTTGGTGGTTTCAGATTCAGTAA	
BAA90409.1	AB030488.1	ATGGCTTATGGGTGGTGGAGGAGACGCCGCAGGAGGTGGAAGAG ATGGAGGAGAAGGCCCAGGTGGAGACGCCCATGGAGGACCCGCA	167

[0475]

		GACGCAGACCTGCTGGACGCCGTGGACGCCGCAGAACAGTAAGG AGACGGAGGCGCGGGAGGTGGAGGAGGCGCTATAGGAGGTGGA GGAAAAAGGGCAGACGCAGGAGAAAAAAGAAACTTATAATAAGAC AATGGCAGCCAAACTATACCAGAAAGTGCAACATAGTTGGTTACAT GCCAGTCATCATGTGTGGAGAGAACACTCTAATCAGAAACTATGCC ACACACGCATACAACTGCTCCTGGCCGGGACCCTTTGGGGGCGG CATGGCCACCCAAAAATTTACTCTGAGAATACTGTACGATGACTAC AAAAGATTTATGAACTACTGGACCTCCTCAAACGAGGACCTAGACC TGTGCAGATATAGAGGAGCTACACTGTACTTTTTCAGAGACCCAGA TGTAGACTTTATTATACTGATAAACACCACTCCTCCATTTGTAGACA CAGAGATTACAGGGCCCAGCATACATCCCGGCATGCTGGCACTCA ACAAGAGAGCAAGATTTATACCCAGCTTAAAGACTAGACCCAGCA GAAGACACATAGTAAAGATCAGAGTGGGGGCCCCCAAACTGTATG AGGACAAGTGGTACCCCCAGTCAGAACTTTGTGACATGCCCCTGC TAACCGTCTATGCGACCGCAACGGATATGCAATATCCGTTCGGCT CACCACTAACTGACACTCCTATTGTAACCTTCCAAGTGTTGCGCAG CATGTACAACGACGCCCTTAGCATACTTCCCTCTAACTTTGAAGGT GACGACAGTGCAGGCGCAAAACTTTACAAACAAATATCAGAATACA TACCATACTATAACACCACAGAAACAATAGCACAGTTAAAGGGATA TGTAGAAAACACAGAAAAAACCCAAACAACACCTAATCCATGGCAA TCAAAATATGTAAACACAAAACCATTTGACACTGCACAAACAATTAC AAACCAAAAGCCATACACTCCATTCGCAGACACATGGTACAGGGG CACAGCATACAAAGAAGAAATTAAAAATGTACCACTAAAAGCAGCC GAACTGTATGAATTACATACTACACACCTGTTATCTACAACATTCAC AGGAGGGTCCAAATACTTAGAATACCATGGAGGCTTATACAGCTC CATATGGCTGTCAGCAGGCCGCTCCTACTTTGAAACAAAAGGAGC ATACACAGACATTTGCTACAACCCCTACACAGACAGGGGAGAAGG CAACATGGTGTGGATAGACTGGCTAGTAAAGACAGACTCTAGATAT GACAAGACACGCAGCAAATGCCTTATAGAAAAACTACCTCTATGGG CTGCAGTATACGGGTACGCAGAGTACTGCGCCAAGGCCACAGGA GACTCTAACATAGACATGAACGCCAGAGTAGTTATCAGGAGCCCC TACACTACACCTCAAATGATAGACACCAACGACTCTCTAAGAGGCT TTATAGTATACAGCTTTAACTTTGGAAAGGGAAAAATGCCTGGAGG AACAAATCAAGTCCCCATAAGAATGAGAGCTAAGTGGTACCCTTGC CTCTTTCACCAAAAAGAAGTTCTAGAAGCTATAGGACAGTCAGGCC CCTTCGCCTACCATAGTGATCAGAAAAAAGCAGTACTAGGCCTAAA ATACAGATTTCACTGGATATGGGGTGGAAACCCCGTGTTTCCACA GGTTGTTAGAAACCCCTGCAAAGACACCCAAGGTTCCACAGGCCC TAGAAAGCCTCGCTCAGTACAAATCATTGACCCGAAGTACAACACA CCAGAGCTTACCATCCACGCGTGGGATTTCAGACGTGGCTTCTTT GGCCCAAAAGCTATTAAAAGAATGCAACAACAACCAACAGATGCT GAACTTCTTCCACCAGGCCGCAAGAAGAGCAGGAGAGACACCGAA GTCCTGCAAAGCAGCCAAGAAAGGCAAAAAGAAAGCTTACTTTTCC AACAGCTCCAGCTCCAGCGACGAGTACCCCCGTGGGAAAGCTCG CAAGGGTCGCAGACAGAAACAGAAAGCCAAAAAGAGCAGGAGGG CACCCTCTCCCAGCAGCTCAGAGAGCAGCTTCAGCAGCAGAAGCT	

		CCTCGGCAGACAGCTCAGGGAAATGTTCCTACAAATCCACAAAAT CCTACAAAATCAACAAGTCAACCCTATTTTATTGCCAAGGGATCAG GCTTTAATTTCCTGGTTTCAGATTCAGTAA	
BAA90412.1	AB030489.1	ATGGCCTATGGGTGGTGGAGGAGACGCCGCAGGAGGTGGAAGAG ATGGAGGAGAAGGCCCAGGTGGAGACGCCGCTGGAGGACCCGC AGACGCAGACCTGCTGGACGCCGTAGACGCCGCAGAACAGTAAG GAGACGCAGGCGCGGGAGGTGGAGGAGCAGATATAGGAGATGGA GGCGAAAGGGCAGACGCAGGCGAAAAGAAAAACTAATAATAAGAC AATGGCAGCCAAACTATACCAGAAAGTGCAACATTGTGGGTTACAT GCCAGTAATCATGTGTGGAGAAAATACTGTTATCAGAAACTATGCC ACACACACATACGACTGCTCCTGGCCAGGACCCTTTGGGGGCGG CATGGCCACCCAAAAATTTACTCTGAGAATACTGTACGATGACTAC AAAAGATTTATGAACTACTGGACCTCCTCAAACGAGGACCTAGATC TCTGCAGATACAGAGGAGCAACCCTATACTTTTTCAGAGACCCAGA TGTAGACTTTATTATACTTATAAACACTACTCCTCCATTTGTAGACA CAGAAATAACAGGGCCCAGCATACACCCAGGCATGCTGGCACTAA ACAAAAGAGCTAGATTCATTCCCAGTCTAAAAACCAGACCAGGCAG GAGACACATAGTAAAAATAAAAGTAGGGGCCCCTAGAATGTATGAA GACAAGTGGTACCCCCAGTCAGAACTTTGTGACATGCCCCTCCTA ACGATCTATGCAACCGCAACGGATATGCAACATCCGTTCGGCTCA CCACTAACTGACACTCCTGTTGTAACCTTCCAAGTGTTGCGCAGCA TGTACAACGACGCCCTTAGCATACTTCCCTCTAACTTTGAAGACGA TTCAAGTCCAGGGGCTGCACTTTACAAACAAATATCAGAATACATA CCATACTATAACACCACAGAAACAATAGCACAGCTAAAGAGATATG TAGAAAACACAGAAAAAACCCAAACAACACTTAATCCATGGCAATC AAGATATGTAAACACAACACTATTTAACACTGCAGAAACAATTGCA AACCAAAAGCCATACACTAAATTCGCAGACACATGGTACAGGGGC ACAGCATACAAAGACGCAATTAAAGACATACCACTAAAAGCAGCC GAATTGTATGTAAACCAAACCAAATACCTGTTATCTACAACATTCAC AGGAGGGTCCAAATACTTAGAATACCATGGAGGCTTATACAGCTC CATATGGCTGTCAGCAGGCCGCTCCTACTTTGAAACAAAAGGAGC ATACACAGACATTTGCTACAACCCCTACACAGACAGGGGAGAAGG CAACATGGTGTGGATAGACTGGCTATCGAAAACAGACTCAAAATAT GACAAGACCCGCAGCAAATGCCTTATAGAAAAACTGCCGCTATGG GCATCGGTATACGGGTACGCAGAATACTGTGCCAAGGCCACAGGA GACTCTAACATAGACATGAACGCCAGAGTAGTTATAAGATGCCCCT ACACTACACCTCAAATGATAGACACCACCGACCCAACTAGAGGGT TCATAGTATACAGCTTTAACTTTGGTAAGGGCAAAATGCCGGGAGG TAGCAATGAAGTACCCATAAGAATGAGAGCCAAATGGTACCCCTG CCTCTTTCACCAAAAAGAGGTCCTAGAAGCCATAGGCCAGTCAGG CCCCTTTGCTTATCACAGCGATCAAAAAAAAGCAGTTTTAGGTTTA AAATACAAATTTCACTGGATATGGGGTGGAAACCCCGTGTTCCCAC AGGTTATTAAAAACCCCTGCAAAAACACTCAATTTTCCACAGGCCC TAGAAAGCCTCGCTCATTACAAATCATTGACCCGAATTACAACACA CCAAAGCTTACCATCCACGCTTGGGATTTCAGACTTGGCTTCTTTG GCCCAAAAGCTATTAAAAGAATGCAACAACAACCAACAGATGCTGA	168

[0476]

		ACTTCTTCCACCAGGCCGCAAGAGGAGCAGGAGAGACACCGAAG TCCTGCAAAGCAGCCAAGAAAGGCAAAAAGGAAACTTACTTTTCCA ACAGTTCCAGCTCCAGCGACGAGTACCCCCGTGGGAAAGCTCGC AAGGGTCGCAGACAGGAACACAAAGCCAAAAAGAGCAGGAGGGC ACCCTCTCCCAGCAGCTCAGAGAGCAGCTTCAGCAGCAGAAGCTC CTCGGCAGACAGCTCAGGGAAATGTTCCTACAACTCCACAAAATC CAACAAAATCAACACGTCAACCCTACCTTATTGCCAAGGGATCAGG CTTTAATTTGCTGGTTTCAGATTCAGTAA	
BAA90825.1	AB038340.1	ATGGCCTATGGCTGGTGGCGCCGAAGGAGAAGACGGTGGCGCAG GTGGAGACGCAGACCATGGAGGCGCCGCTGGAGGACCCGAAGAC GCAGACCTGCTAGACGCCGTGGCCGCCGCAGAAACGTAAGGAGA CGCCGCAGAGGAGGGAGGTGGAGGAGGAGATATAGGAGATGGAA AAGAAAGGGCAGGCGCAGAAAAAAAGCTAAAATAATAATAAGACA ATGGCAACCAAACTACAGAAGGAGATGTAACATAGTAGGCTACATC CCTGTACTAATATGTGGCGAAAATACTGTCAGCAGAAACTATGCCA CACACTCAGACGATACTAACTACCCAGGACCCTTTGGGGGGGGTA TGACTACAGACAAATTTACTTTAAGAATTCTGTATGACGAGTACAAA AGGTTTATGAACTACTGGACAGCATCTAACGAAGACCTAGACCTTT GTAGATATCTAGGAGTAAACCTATACTTTTTCAGACACCCAGATGT AGATTTTATTATAAAAATTAATACCATGCCTCCTTTTCTAGACACAG AACTCACAGCCCCTAGCATACACCCAGGCATGCTAGCCCTAGACA AAAGAGCAAGATGGATACCTAGCTTAAAATCTAGACCAGGAAAAAA ACACTATATTAAAATAAGAGTAGGGGCACCAAAAATGTTCACTGAT AAATGGTACCCCCAAACAGATCTTTGTGACATGGTGCTTCTAACTG TCTATGCAACCGCAGCGGATATGCAATATCCGTTCGGCTCACCAC TAACTGACTCTGTGGTTGTGAACTTCCAGGTTCTGCAATCCATGTA TGATGAAAAAATTAGCATATTACCAGACCAAAAATCACAAAGAGAA AGCCTACTTACTAGCATAGCAAATTACATTCCCTTTTATAATACCAC ACAAACTATAGCCCAATTAAAGCCATTTATAGATGCAGGCAATGTA ACATCAGGCACAACAGCAACAACATGGGGGTCATACATAAACACA ACCAAGTTTACTACAACAGCCACAACAACTTATACATATCCAGGCA CCACCACAACCACAGTAACTATGTTAACCTCTAATGACTCCTGGTA CAGAGGAACAGTATATAACAACCAAATTAAAGACTTACCAAAAAAA GCAGCTGAATTATACTCAAAAGCAACAAAAACCTTGCTAGGAAACA CCTTCACAACTGAAGACTACACACTAGAATACCATGGAGGACTGTA CAGCTCAATATGGCTATCCCCTGGTAGATCTTACTTTGAAACACCA GGAGCATATACAGACATAAAGTACAATCCATTTACAGACAGAGGAG AAGGCAACATGTTATGGATAGACTGGCTAAGCAAAAAAAACATGAA CTACGACAAAGTACAGAGTAAATGCTTAATATCAGACCTACCTCTA TGGGCAGCAGCATATGGATATGTAGAATTTTGTGCAAAAAGTACAG GAGACCAGAACATACACATGAATGCCAGGCTACTAATAAGAAGTC CCTTTACAGACCCACAACTACTAGTACACACAGACCCCACAAAAGG CTTTGTTCCTTACTCTTTAAACTTTGGAAATGGTAAAATGCCAGGAG GTAGTAGTAATGTGCCTATTAGAATGAGAGCTAAATGGTATCCAAC ATTATTTCACCAGCAAGAAGTACTAGAGGCCTTAGCACAGTCAGGC CCCTTTGCATACCACTCAGACATTAAAAAAGTATCTCTGGGTATGA	169

[0477]

[0478]

		AATACCGTTTTAAGTGGATCTGGGGTGGAAACCCCGTTCGCCAAC AGGTTGTTAGAAATCCCTGCAAAGAAACCCACTCCTCGGGCAATA GAGTCCCTAGAAGCTTACAAATCGTTGACCCGAAATACAACTCACC GGAACTCACATTCCATACCTGGGACTTCAGACGTGGCCTCTTTGG CCCGAAAGCTATTCAGAGAATGCAACAACAACCAACAACTACTGAC ATTTTTTCAGCAGGCCGCAAGAGACCCAGGAGGGACACCGAGGT GTACCACTCCAGCCAAGAAGGGGAGCAAAAAGAAAGCTTACTTTT CCCCCCAGTCAAGCTCCTCAGACGAGTCCCCCCGTGGGAAGACT CGCAGCAGGAGGAAAGCGGGTCGCAAAGCTCAGAGGAAGAGACG CAGACCGTCTCCCAGCAGCCCAAGCAGCAGCTGCAGCAACAGCG AATCCTGGGAGTCAAACTCAGACTCCTGTTCAACCAAGTCCAAAAA ATCCAACAAAATCAAGATATCAACCCTACCTTGTTACCAAGGGGGG GGGATCTAGCATCCTTATTTCAAGTAGCACCATAA	
BAA93586.1	AB038622.1	ACGGCTTGGTGGTGGGGCAGATGGAGGCGCCGCTGGAGGCCTC GCTATCGCAGACGCACCTGGAGGGTACGAAGAAGACGACCTAGA CGAACTTTTCGCCGCCGCCGCCGAGGACGATATGTGAGTAGGCG GAGGCGCCGCCGCTACTACAGGCGCAGACTGAGACGGGGCAGAC GCAGAGGGCGACGAAAGAGACACAGACAGACTCTAGTCCTCAGA CAGTGGCAACCAGACATTGTCAGACACTGTAAAATTACAGGATGG ATGCCCCTTATCATCTGTGGCTCAGGGAGCACACAGAACAATTTTA TAACTCACATGGACGACTTTCCTCCCATGGGCTACTCCTTCGGGG GCAACTTTACAAACCTCTCCTTCTCCTTAGAGGGCATTTATGAACA ATTTCTGTACCACAGAAACAGGTGGTCTCGCTCCAACCATGACCTA GACCTAGCCAGATACAAAGGCACAACTCTAAAACTCTACAGACACC ACACCTTAGACTACATAGTCAGCTACAACAGAACAGGCCCTTTCCA GATCAGTGACATGACCTACCTCAGCACACACCCTGCACTCATGCT ACTCCAGAAACACAGAATAGTAGTACCCAGCCTACTCACTAAACCT AAAGGCAAGAGATCCATAAAAGTTAGAATAAAGCCACCAAAACTCA TGCTCAACAAATGGTACTTCACCAAAGACATATGCAGCATGGGCCT CTTCCAACTACAGGCCACAGCATGCACCCTATACAACCCCTGGCT CAGAGACACCACAAAAAGCCCAGTCATAGGCTTCAGAGTACTTAAA AACAGTATTTATACAAACCTCAGCAACCTACCAGAACATGATCAAA CCAGACAAGCCATTAGACGAAAACTACACCCAGACTCCTTAACAG GATCAACTCCATATCAAAAAGGCTGGGAATACAGCTACACAAAACT AATGGCTCCAATATACTATCAAGCAAATAGAAACAGCACATACAAC TGGCTAAATTATCAAACAAACTATGCTCAAACATTCACCAAATTTAA AGAAAAAATGAATGAAAACCTTGCACTAATTCAAAAAGAGTATTCAT ACCACTATCCCAACAATGTCACTACAGACCTTATTGGCAAAAACAC CCTCACACATGACTGGGGTATATACAGTCCCTACTGGCTAACACC CACCAGAATAAGCCTAGACTGGGAAACACCCTGGACATATGTCAG ATACAATCCACTAGCAGACAAGGGCATAGGCAATGCTGTCTATGC ACAATGGTGCTCAGAACAGACCAGTAAATTAGATACAAAAAAGAGC AAGTGCATAATGAAAGACCTGCCACTGTGGTGCATATTTTATGGCT ATGTAGATTGGATAATAAAATCCACAGGAGTCAGCAGCGCAGTCA CTGACATGAGAGTAGCCATCATCAGCCCCTACACCGAACCAGCAC TTATAGGGTCAAGTCCAGACGTAGGCTACATTCCAGTAAGTGACAC	170

[0479]

		CTTTTGCAATGGAGACATGCCGTTTCTTGCTCCATACATCCCTGTG GGCTGGTGGATCAAATGGTACCCTATGATTGCACACCAAAAGGAA GTGTTTGAGGCAATAGTTAACTGTGGACCGTTTGTGCCCAGAGAC CAGACCACTCCCAGTTGGGAAATTACCATGGGTTACAAAATGGACT GGTTATGGGGTGGCTCTCCCCTGCCTTCACAGGCAATCGACGACC CCTGCCAGAAGCCCACCCACGAACTACCCGATCCCGATAGACACC CTCGCATGTTACAAGTCTCTGACCCGACAAAGCTCGGACCGAAGA CAGTGTTCCACAAATGGGACTGGAGACGTGGGATGCTTAGCAAAA GAAGTATTAAAAGAGTCCAGGAGGACTCAACAGATGATGAATATGT TGCAGGGCCTTTACCAAGAAAAAGAAACAAATTCGATACCAGAGC CCAAGGGCTGCAAACCCCCGAAAAAGAAAGCTACACTTTACTCCA AGCCCTCCAAGAGTCGGGGCAAGAGACCAGCTCAGAAGACCAAG AACAAGCACCCCAAGAAAAAGAGGGTCAGAAGGAAGCGCTCATG GAGCAGCTCCAGCTCCAGAAACAGCACCAGCGAGTCCTCAAGCG AGGCCTCAAACTCCTCCTCGGAGACGTCCTCCGACTCCGGAGAG GAGTCCACTGGGACCCCCTCCTGTCATAA	
BAA93589.1	AB038623.1	ACGGCGTGGTGGTGGGGCAGATGGAGGCGTCGATGGAGGCCTC GCTATCGCAAACGCACCTGGAGATTACGGAGACGACGACCTAGAC GAACTTTTCGCCGCCGCCGCCGAAGACAATATGTGAGTAGGCGGA GGCGCCGCCGCTACTACAGGCGCAGACTGAGACGGGGCAGACG CAGAGGGCGACGAAAGAGACACAGACAGACTCTAGTCCTCAGACA ATGGCAACCAGACGTTGTTAGACACTGTAAAATTACAGGATGGATG CCCCTTATCATCTGTGGCTCCGGGAGCACACAGAACAATTTTATAA CTCACATGGACGACTTTCCTCCCATGGGCTACTCCTTTGGGGGCA ACTTTACAAACCTCACCTTCTCCTTAGAGGGCATATATGAACAATTT CTGTACCACAGAAACAGGTGGTCTCGCTCCAACCATGACCTAGAC CTAGCCAGATACAAAGGCACAACTCTAAAACTCTACAGACACCACA CCTTAGACTACATAGTCAGCTACAACAGAACAGGCCCCTTCCAGAT CAGTGACATGACCTACCCCAGCACACACCCTGCACTTATGCTACT CCAGAAACACAGAATAGTAGTGCCCAGCGTACTCACTAAACCTAAA GGCAAGAGATCCATAAAGGTCAGAATAAAGCCACCAAAACTCATG CTTAACAAGTGGTACTTCACCAAAGACATATGCAGCATGGGCCTTT TTCAACTACAGGCCACAGCATGCACCCTATACAATCCCTGGCTCA GAGACACCACAAAAAGCCCAGTCATAGGCTTCAGGGTACTTAAAA ACAGTATCTATACAAACCTCAGCAACCTACCAGACCATGAGGGTTC CAGAGAAGCCATAAGAAAAAAACTACACCCACAATCCTTAACAGGA CACTCTCCCAACCAAAAAGGCTGGGAATACAGCTATACTAAACTAA TGGCTCCAATATACTACTCTGCCAACAGAAACAGTACATATAACTG GCTAAACTATCAAGACAACTATGTAGCCACATATACTAAATTCAAAG TCAAAATGACAGACAACTTACAACTAATACAAAAAGAATACTCATAC CACTATCCCAACAATACCACTACAGACCTTATTAAGAACAACACCC TTACACATGACTGGGGCATATACAGTCCCTACTGGCTAACACCCAC CAGAATAAGCCTAGACTGGGAAACACCCTGGACATATGTAAGATA CAACCCACTGGCAGACAAAGGCATAGGCAATGCTGTCTACGCACA GTGGTGCTCAGAACAGACAAGCAAATTAGACCCAAAAAAGAGCAA GTGCATAATGAGAGACCTGCCACTGTGGTGCATATTTTATGGCTAT	171

[0480]

		GTAGATTGGATAGTAAAATCCACAGGAGTCAGCAGCGCAGTCACT GACATGAGAGTAGCCATTAGAAGCCCCTACACTGAACCAGCACTT ATAGGGTCAACTGAAGATGTAGGCTTCATTCCAGTAAGTGACACCT TTTGCAACGGAGACATGCCGTTTCTTGCTCCATACATTCCTGTGGG CTGGTGGATCAAGTGGTACCCCATGATTGCACACCAAAAGGAAGT GTTTGAGCAAATAGTAAACTGTGGACCGTTTGTGCCCAGAGACCA GACCACTCCCAGTTGGGAAATTACCATGGGTTACAAAATGGACTG GTTATGGGGTGGCTCTCCCCTGCCTTCACAGGCAATCGACGACCC CTGCCAGAAGCCCACCCACGAACTACCCGATCCCGATAGACACCC TCGCATGTTACAAGTCTCTGACCCGACAAAGCTCGGACCGAAGAC AGTGTTCCACAGATGGGACTGGAGACGTGGGATGCTTAGCAAAAG AAGTATTAAAAGAGTCCAGGAGGACTCAACAGATGATGAATATGTT GCAGGGCCTTTACCAAGAAAAAGAAACAAGTTCGATACCAGAGCC CAAGGGCTCCAAAGCCCCGAAAAAGAAAGCTACACTTTACTCCAA GCCCTCCAAGAGTCGGGGCAAGAGAGCAGCTCAGAAGACCAAGA ACAAGCACCCCAAGAAAAAGAGGGTCAGAAGGAAGCGCTCATGG AGCAGCTCCAGCTCCAGAAACAGCACCAGCGAGTCCTCAAGCGA GGCCTCAAACTCCTCCTCGGAGACGTTCTCCGACTCCGGAGAGGA GTACACTGGGACCCCCTCCTGTCATAA	
BAA93592.1	AB038624.1	ACGGCGTGGTGGTGGGGCAGATGGAGGCGCCGCTGGAGGCCTC GCTATCGCAGACGCACCTGGAGGGTACGCAGAAGACGACCTAGA CGAACTTTTCGCCGCCGCCGCCGAGGACGATATGTGAGTAGGCG GAGGCGCCGCCGCTACTACAGGCGCAGACTCAGACGGGGCAGAC GCAGAGGGCGACGAAAGAGACACAGACAGACTCTAGTCCTCAGA CAATGGCAACCAGACGTTCTTAGACGCTGTAAAATTACAGGATGGA TGCCCCTTATCATCTGTGGCTCCGGAAGCACACAGAACAATTTTAT AACTCACATGGACGACTTTCCTCCCATGGGCTACTCCTACGGGGG CAACTTTACAAACCTCACCTTCTCCTTAGAGGGCATATATGAACAA TTTCTGTACCACAGAAACAGGTGGTCTCGCTCCAACCATGACCTAG ACCTAGCCAGATACAAAGGCACAACTCTAAAACTCTACAGACACCA CACCTTAGACTACATAGTGAGCTACAATAGAACAGGCCCTTTCCAG ATCAGTGACATGACCTACCTCAGCACACACCCTGCACTTATGCTAC TCCAGAAACACAGAATAGTAGTGCCCAGCCTACTCACTAAACCTAA AGGCAAGAGATCCATAAAAGTTAGAATAAAACCACCAAAACTCATG CTTAACAAGTGGTACTTCACCAAAGACATATGCAGCATGGGCCTTT TTCAACTACAGGCCACAGCATGCACCCTATACAACCCCTGGCTCA GAGACACCACAAAAAGCCCAGTCATAGGCTTCAGGGTACTTAAAA ACAGTATTTATACAAACCTCAGCAACCTACCAGACCATGAAGGAGC CAGAGAGGCCATAAGAAAAAAACTACACCCACAATCCTTAACAGG ATCTGTCCCAAACCAAAAAGGTTGGGAATACAGCTACACAAAACTA ATGGCTCCCATTTACTACCAAGCCATTAGAAACAGCACATACAACT GGCTAAACTATCAACAAAATTACTCACAAACATACCAAACCTTTAAA CAAAAAATGCAAGACAACTTACAACTAATACAAAAAGAATACATGTA CCACTACCCAAACAATGTAACAACAGACATACTAGGCAAAAACACA CTTACACATGACTGGGGCATATACAGTCCCTACTGGCTAACACCCA CCAGAATCAGCCTAGACTGGGAAACACCTTGGACATATGTTAGATA	172

		CAATCCACTAGCAGACAAGGGCATAGGCAATGCTGTCTATGCACA GTGGTGCTCAGAACAGACCAGTAACTTAGATACAAAAAAGAGCAA GTGCATAATGAAAGACCTGCCACTGTGGTGCATATTTTATGGCTAT GTAGATTGGGTAGTAAAATCCACAGGCGTCAGCAGCGCAGTGACT GACATGAGAGTAGCCATCATTAGCCCCTACACTGAACCAGCACTTA TAGGGTCAAGTCCAGAGGTAGGCTACATTCCAGTAAGTGACACCT TTTGCAATGGAGACACGCCGTTTCTTGCTCCATACATCCCTGTGGG CTGGTGGATCAAGTGGTACCCCATGATTGCACACCAAAAGGAAGT GTTTGAGGCAATAGTAAACTGTGGACCGTTTGTGCCCAGAGACCA GACCACTCCCAGTTGGGAAATTACCATGGGTTACAAAATGGACTG GTTATGGGGTGGCTCTCCCCTGCCTTCACAGGCAATCGACGACCC CTGCCAGAAGCCCACCCACGAACTACCCGATCCCGATAGACACCC TCGCATGTTACAAGTCTCTGACCCGACAAAGCTCGGACCGAAGAC AGTGTTCCACAAATGGGACTGGAGACGTGGGATGCTTAGCAAAAG AAGTATTAAAAGAGTCCAGGAGGACTCAACAGATGATGAATATGTT GCAGGGCCTTTACCAAGAAAAAGAAACAAGTTCGATACCAGAGCC CAAGGGCTCCAAAGCCCCGAAAAAGAAAGCTACACTTTACTCCAA GCCCTCCAAGAGTCGGGGCAAGAGACGAGCTCAGAAGACCAAGA ACAAGCACCCCAAGAAAAAGAGGGTCAGAAGGAAGCGCTCATGG AGCAGCTCCAGCTCCAGAAACAGCACCAGCGAGTCCTCAAGCGA GGCCTCAAACTCCTCCTCGGAGACGTTCTCCGACTCCGGAGAGGA GTACACTGGGACCCCCTCCTGTCATAA	
AAF71533.1	AF254410.1	ATGGCACAGGGGAGGCGCAGATACAGACGGGGTTGGCAACGCAG GGTGTATCTGAGACGCAGGAGACGCAGGAGACGAAAGAGACTTG TACTGACTCAGTGGCACCCCGCAGTTAGGAGAAAATGCACCATCA CGGGGTACATGCCCGTGGTGTGGTGCGGACACGGCAGGGCCAG CTACAACTACGCCTGGCATTCAGATGACTGTATAAAACAGCCCTGG CCCTTTGGAGGGTCTCTGTCCACCGTGTCCTTTAACCTTAAAGTAC TGTATGACGAAAACCAGAGGGGACTTAACAGATGGACGTACCCCA ACGATCAGCTAGACCTCGGCCGCTACAAGGGCTGCAAACTAACAT TCTACAGAACCAAAAATACCAACTACCCAGGACCCTTTGGGGGGG GTATGACTACAGACAAATTTACTTTAAGAATTCTGTATGACGAGTAC AAAAGGTTTATGAACTACTGGACAGCATCTAACGAAGACCTAGACC TTTGTAGATATTTAGGAGTAAACCTGTACATTTTCAGACACCCAGAT GTAGATTTTATCATAAAAATTAATACCATGCCTCCTTTTCTAGACAC AGAAATCACAGCCGCTAGCATACACCCAGGCATACTAGCCCTAGA CAAAAGAGCAAGATGGATACCTAGCTTAAAATCTAGACCAGGAAAA AAACACTATATTAAAATAAGAGTAGGGGCACCAAAAATGTTCACTG ATAAATGGTACCCCCAAACAGATCTCTGTGACATGGTGCTTCTAAC TATCTATGCAACCGCAGCGGATATGCAATATCCGTTCGGCTCACCA CTAACTGACACTGTGGTTGTGAACTTCCAGGTTCTGCAATCCATGT ATGATGAAAACATTAGCATATTACCAGACCAAAAGACACAAAGAGA GAAACTACTTACTAGCATATCAAACTACATTCCCTTTTATAATACCA CACAAACTATAGCCCAATTGAAGCCATTTGTAGATGCAGGCAATAA AGTATCAGGCACAACAACAACAACATGGGCATCATACATAAACACA ACCAGATTTACTACAACAGCCACAACAACTTATACATATCCAGGCT	173

[0481]

		CTACCACTAACACAGTAACTATGTTAACCTCTAATGACTCCTGGTA CAGAGGAACAGTATATAACAATCAAATTAAAAACTTACCAAAACAA GCAGCTGAATTATACTCAAAAGCAACAAAAACCTTGCTAGGAAACA CCTTCACAACTGAAGACTACACACTAGAATACCATGGAGGACTGTA CAGCTCAATATGGCTATCCCCTGGTAGATCTTACTTTGAAACACCA GGAGCATACACAGATATAAAGTACAATCCATTTACAGACAGAGGAG AAGGCAACATGTTATGGATAGACTGGCTAAGCAAAAAAAACATGAA CTATGACAAAGTACAAAGTAAATGCTTAGTATCAGACCTACCTCTAT GGGCAGCAGCATATGGATATGTAGAATTTTGTGCAAAAAGTACAG GAGACCAGAACATACACATGAATGCCAGGCTACTAATAAGAAGTC CCTTTACAGACCCACAGCTACTAGTACACACAGACCCCACAAAAG CCTTTGTTCCCTACTCTTTAAACTTTGGAAATGGTAAAATGCCAGG AGGTAGTAGTAATGTGCCTATTAGAATGAGAGCTAAATGGTATCCC ACTTTATTCCACCAACAAGAAGTTCTAGAGGCTTTAGCGCAGTCAG GACCCTTCGCTTATCACTCAGACATTAAAAAAGTATCTCTAGGCAT AAAATACCGTTTTAAGTGGATCTGGGGTGGAAACCCCGTTCGCCA ACAGGTTGTTAGAAATCCCTGCAAGGAACCCCACTCCTCGGGCAA TAGAGTCCCTAGAAGCATACAAATCGTTGACCAGAAATACAACTCA CCGGAACTTACCATCCATTCCTGGGACTTCAGACGTGGCTTCTTTG GCCCGAAAGCTATTCAAAGAATGCAACAACAACCAACTGCTACTGA ATTTTTTTCAGCAGGCCGCAAGAGACCCAGAAGGGACACAGAAGT ATATCAGTCCGACCAAGAAAAGGAGCAAAAAGAAAGCTCGCTTTTC CCCCCAGTCAAGCTCCTCCGAAGAGTCCCCCCGTGGGAGGACTC GGACAGGAAGCAAAGCGGGTCGCAAAGCTCAGAGGAAGAGACGC AGACCGTCTCCCAGCAGCTCAAGCAGCAGCTGCAGCAACAGCGA ATCCTGGGAGTCAAACTCAGACTCCTGTTCTACCAAATCCAAAGAA TCCAACAAAATCAAGATATCAACCCTACCTTGTTACCAAGGGGGGG GGATCTAGCATCCTTATTTCAAATAGCATAA	
BAB19928.1	AB050448.1	ATGGCGTGGACCTGGTGGTGGCAGAGGAGGCGCCGAAGGTGGC CGTGGAGAAGGAGAAGGTGGAGAAGACTACGCACAAGAAGACCT AGACGCCTTGTTCGACGCCGTCGCAAGAGATACAGAGTAAGGAGA CGGAGGCGGTGGGGAAGGAGACGTGGGCGACGCACATACCTTAG ACGCGGACTTAAAAAGAGAAAAAGGAGAAAAAAACTCAGACTGAC TCAGTGGAACCCTAGCACAATTAGGGGATGTACAATTAAGGGAAT GGCGCCCCTAATAGTGTGCGGCCACACCATGGCTGGCAATAACTT TGCCATCCGAATGGAGGACTATGTATCTCAGATTAAACCGTTCGGA GGGTCCTTCAGTACCACCACCTGGAGCTTAAAAGTACTGTGGGAC GAGCACACCAGATTCCACAACACCTGGAGCTACCCAAACACTCAG CTAGACTTAGCCAGGTTCAAAGGAGTAACCTTCTACTTCTACAGAG ACAAAGACACAGACTTTATTATAACCTATAGCTCCGTGCCACCTTTT AAAATAGACAAATACTCCTCAGCCATGCTACACCCAGGCATGCTTA TGCAGAGAAAAAAGAAGATATTATTACCCAGCTTTACAACCAGACC TAGGGGCAGAAAAAAAGTTAAAGTACACATAAAACCTCCTGTCTTA TTTGAAGACAAATGGTACACCCAGCAGGACCTGTGCGACGTTAAT CTTTTGTCACTTGCGGTTTCTGCGGCTTCCTTTAGACATCCGTTCT GCCCACCACAAACTGACAACATTTGCATAACCTTCCAGGTGTTGAA	174

[0482]

		AGACAAGTATTACACACAAATGTCAGTTACACCAGATACCGCAGGT ACAAAAAAAGACGACGAAATTCTTGACCACTTATACTCAACTGCAG AATACTATCAAACTGTTCACACACAAGGAATAATTAACAAAACACAA AGAGTAGCTAAATTCTCCACCTCTAATAATACCCTAGGTGACCAAA GTGAGATATCATTATATTTAAACCAACCAACAACAACTAACATAGGA AACACGTTATCCACAGGCCATAACTCAGTGTATGGCTTTCCATCAT ACAACCCACAAAAAGACAAACTTAGAAAAATAGCAGACTGGTTTTG GACACAGGAAGCCAACAAAGAGAATGTAGTTACAGGCTCATACTC AATGCCTACTAACAAAGCAGTAGGCTATCACCTAGGAAAATATAGC CCTATATTCCTAAGTTCATACAGAACCAACCTACAATTTAGAACAGC ATACACAGACGTTACATACAACCCACTAAATGACAAAGGTAAAGGC AATGAAATTTGGGTACAATATGTAACAAAACCAGACACTGTGTTCA ACCCCACACAGTGTAAATGCCATGTAATAGATTTACCCTTGTGGTC AGCATTCCATGGATACATAGACTTTGTACAAAGTGAACTAGGAATT CAAGAAGAAATACTAAACATTGCCATTATAGTAGTTATATGTCCATA CACAAAACCTAAACTAGTACATGAGACAAACCCAAAACAAGGCTTT GTATTCTATGACACTCAATTTGGAGACGGTAAAATGCCAGAGGGCT CAGGCCTAGTACCGATATACTACCAAAACAGATGGTATCCTAGAAT AAAGTTTCAGAGTCAAGTAGTGCATGACTTTATACTAACAGGCCCC TTTAGCTACAAAGATGACCTAAAAAGCACAGTACTAACAGTAGAAT ACAAGTTCAAATTCTTATGGGGCGGCAATATGATTCCCGAACAGGT TATCAGAAACCCTTGTAAAACAGAAGGACACGATCTCCCTCACACC AGTAGACTCCATCGCGACTTACAAGTTGTTGACCCACACACCGTG GGCCCCCAATGGGCGCTCCACACCTGGGACTGGCGACGTGGACT CTTTGGTTCAGAGGCTATCAAAAGAGTGTCTGAACAACAAGTACAT GATGAACTGTATTACCCACCTTCAAAGAAACCTCGATTCCTCCCTC CAATATCAGGCCTCCAAGAGCAAGAAAGAGACTACAGTTCGCAGG AGGAGAAAGAACAGTCCTCCTCAGAAGAAGAGACGGACCCGAAG AAAAAAGAGCAAAAACAGCAGCAGCGACTCCACCTCCAGTTCCAA GAGCAGCAGCGACTCGGAAACCAACTCCGACTCATCTTCCGAGAG CTACAGAAAACCCAAGCGGGTCTCCACTTAAATCCTATGTTATCAA ACCGGCTGTAA	
AAK01940.1	AY026465.1	ATGGCATGGGGATGGTGGAAGCGACGGCGGCGCTGGTGGTTCCG GAAGCGGTGGACCCGTGGCAGACTTCGCAGACGATGGCCTAGAC CAGCTCGTCGGCGCCCTAGACGACGAAGAGTAAGGAGACGCAGA CGATGGAGGAGGGGGCGACCTAGACGCAGACTGTACCGACGCTA CAGACGCAAAAAACGTAGGAGACGAAAGCCCAAAATAATCTTAAAA CAATGGCAGCCAGACATTGTAAAGAGGTGCTACATAGTGGGCTAC ATTCCTGCCATAATATGCGGGGCGGGCACCTGGTCCCACAACTAC ACCAGCCACCTTCTAGACATTATCCCCAAAGGACCCTTTGGAGGG GGACACAGCACCATGAGATTCTCTCTAAAAGTGCTCTTCGAAGAG CACCTCAGACACCTAAACTTTTGGACACGTAGTAACCAGGATCTAG AACTTGTAAGATACTTCAGATGCTCCTTTAGGTTTTACAGAGACCA ACACACAGACTACTTAGTGCACTACAACAGAAAAACACCCCTGGG AGGCAACAGACTGACAGCACCTAGCCTTCACCCAGGGGTGCAGAT GCTAAGCAAAAACAAAATAATAGTACCCAGCTATGATACTAAACCT	175

[0483]

		AAGGGCAAAAGCTATGTAAAAGTAACTATAGCACCCCCCACTCTAC TAACTGACAAGTGGTACTTTGCTAAAGACGTTTGTGACACAACCTT GGTTAACTTAGACGTTGTACTCTGCAACTTGCGGTTTCCGTTCTGC TCACCACAAACTGACAACCCTTGCATCACTTTCCAAGTTCTCCATT CTATCTATAACGACTTCCTCTCTATAGTAGATACTCAAGAATATAAA AATAATTTTGTTACTACCTTATCTACAAAACTAGGCACAACATGGGG GTCAAGACTTAACACCTTTAGAACAGAAGGGTGCTACAGTCACCCA AAACTACCTAAAAAACAGGTTACAGCTGCTAATGACAGTACATACT TTACACAACCAGACGGACTATGGGGAGATGCAGTTTTCGAGACTA AAGATACTACTATTATTACCAAAAACATGGAATCATATGCAACATCA GCCAAACAAAGGGGAGTGAACGGAGACCCCGCATTTTGCCATCTT ACAGGCATATACTCACCTCCCTGGCTAACACCAGGAAGAATATCC CCAGAAACCCCAGGACTTTACACAGACGTGACTTACAACCCATAC GCAGACAAAGGAGTGGGAAACCGAATATGGGTAGACTACTGCAGT AAAAAAGGCAATAAATATGACAATACAAGTAAATGCCTTTTAGAAG ACATGCCACTATGGATGGTCACCTTTGGCTACGTAGACTGGGTAA AAAAAGAGACTGGCAACTGGGGCATTCCACTATGGGCCAGAGTAC TAATAAGAAGCCCCTACACAGTGCCAAAACTTTACAACGAAGCAGA CCCCTCCTACGGATGGGTTCCTATCTCCTATTATTTTGGAGAAGGA AAAATGCCAAACGGAGACATGTACGTACCCTTCAAAGTTAGAATGA AGTGGTACCCGTCCATGTGGAACCAAGAACCAGTACTAAATGACTT AGCAAAGAGCGGACCGTTTGCATACAAAGACACAAAAACCAGTGT GACTGTGACTACTAAATACAAATTTACATTTAACTTCGGGGGCAAC CCCGTACCCTCACAGATTGTACAAGATCCCTGCACCCAGCCCACC TATGACATCCCCGGCACCGGTAACCTGCCTCGCAGAATACAAGTC ATTGACCCGAAAGTCCTCGGTCCCCACTACTCATTCCACCGGTGG GACTTCAGGCGTGGCCTCTTTGGCCAACAAGCTATTAAGAGAGTG TCAGAACAACAAACAACTTCTGAGTTTTTATTCTCAGGTCCAAAGA GACCCAGAATCGATCAAGGGCCTTACATCCCGCCAGAAAAAGGCT CAGATTCACTCCAAAGAGAATCGAGACCGTGGAGCACCTCGGAGA GCGAGGCAGAGACAGAAGCCCCCTCGGAAGAAGAGCCGGAGAAC CAAGAAGAGCAAGTACTCCAGTTGCAGCTCCGACAGCAGCTCCGA GAACAGCGAAAACTCAGACAGGGAATCCAGTGCCTCTTCGAGCAA CTGATAACAACCCAGCAGGGGGTGCACAAAAACCCATTGTTAGAG TAG	
AAK01942.1	AY026466.1	ATGGCCTATGGCTGGTGGGCCCGGAGACGGAGACGCTGGCGCC GCTGGAAGCGCAGGCCCTGGAGACGCCGATGGAGGACCCGCAG ACGCAGACCTCGTCGCCGCTATAGACGCCGCAGACATGTAAGGA GACGGAGACGTGGGAGGTGGAGGAGGAGGTACAGAAAATGGCGC AGAAAAGGCAGGAGAAGGGGCAAAAAAAAGATTATAATAAGACAG TGGCAGCCCAACTACAGGAGACGCTGCAACATAATAGGCTACATG CCCGTGCTTATCTGTGGCAACAATACTGTGTCCAGAAACTATGCCA CACACTCAGATGACTCCTACCTGCCAGGACCCTTTGGAGGGGGCA TGACCACTGATAAATTCACCCTAAGAATACTCTATGATGAGTACTG TAGATTCATGAACTACTGGACAGCCTCTAACGAGGACCTGGACCT CTGCAGATACAGAGGCTGTACTCTGTGGTTCTTCAGACACCCAGA	176

[0484]

		TGTAGACTTTATTATCCTTATAAACACCATGTCGCCCTTCCTCGACA CCCAGCTCACAGGCCCCAGCATACACCCGGGACTAATGGCCCTTA ACAAGAGAGCCAGATGGATCCCCAGCCTAAAAAGCAGACCGGGTA GAAAGCACGTAGTTAAAATTAGAGTAGGCGCTCCCAGAATGTTCAC AGATAAATGGTACCCCCAGTCAGATCTGTGTGACCTCCCCCTACTA ACTATCTTTGCCAGTGCAGCGGATATGCAATATCCGTTCGGCTCAC CACTAACTGACTCTGTGGTTGTGGGTTTCCAGGTTCTGCAATCCAT GTACAATGACTGCCTTAGCATACTTCCTGAAAATTTTAACGGCAAT GGCAAAGGCAAAGCTTTACATGACAACATAACTAAGTATCTCCCTA ACTATAACACTACTCAAACACTAGCTCAGCTAAAACCGTACATAGA TAACACATCCACAGGAAGCACAAATAACTGGAGCAGCTATGTAAAT ACATCAAAATTTACAACTGCTTCAAAAACCATTACAACCTCAGCAGA AGGCCCATACTATACTTTCGCAGATACCTGGTACAGAGGCACTGC ATACAACAATAGCATTACGAACGTTCCTTTACAGGCAGCACAACTA TATCACGACACAACCAAAAAACTACTAGGCACAACATTTACAGGAG GGTCCCCCTACCTAGAATACCACGGAGGCCTTTACTCCTCCATTTG GCTATCTGCAGGTCGCTCCTACTTTGAAACAAAAGGCACATACACA GATATAACCTACAACCCTTTTACAGACAGAGGACAAGGTAACATGG TATGGATAGACTGGGTATCCAAATATGACTCAGTTTACTCTAAAAC ACAAAGCAAATGCCTTATAGAAAACCTGCCACTGTGGGCATCAGTA TATGGATACGCAGAATACTGCAGCAAATCCACAGGAGACACAAAC ATAGAACAAAACTGCAGAGTAGTTATAAGAAGCCCCTTCACTAACC CTCAGCTGCTAGACCATAACAACCCACTAAGAGGGTACGTTCCCT ACTCCATAAACTTTGGCAACGGAAAAATGCCTGGGGGAAGCAGTC AGGTCCCCATAAGAATGAGAAGCAAGTGGTACCCTACTCTATTTCA CCAAAAAGAAGTGTTAGAGGCCATAGCGCAGGCGGGCCCCTTCG CGTACCACAGTGATCAGATGAAAGTGTCACTAGGCATGAAATACG CCTTTAAGTGGGTGTGGGGTGGCAACCCCGTATCCCAACAGGTTG TTAGAAACCCCTGCAAGGACACCGGTGTTTCCTCGGGCAATAGAG TCCCTCGATCAGTACAAATCGTTGACCCGAAGTACAACACTCCAGA ACTTGCAATACATGCCTGGGACTTCAGACGTGCCTGTTTGGCCCA AAAGCTATTAAGAGAATGCAAACAGAACCGTACCCTACTGAACTTC TTTCGCCAGGGCGAAAAAGATACAGGAGAGACACAGAAGCTCTAC TCCCCAGCCAAGAAGAACAACAAAAAGAAAACTTATTTTTCCTCCC AATCAAGCAGCTCCGACCAATCCCCCGTTGGAGGAGTCGGACCAA AGCCAAAGCGAGGAAGAGGGGGTCCAACAAGAGACGCAGACACT CTCCCAGCAGCTCCAGCAGCAGCTCAAGGAGCAGCAGCTCATGG GGGTCCAACTCCGAGCCCTGTACCAACAATTACAACGGGTCCAAC AAAACACACATATCGACCCTACCTTTTTGCAAGGGGGGCGGGCGT AACATCTTTATTTCAAACAGCGTAG	
AAK11696.1	AF345521.1	ATGGCGTGGTGGGGCAGATGGAGAAGGTGGCCGCGGCGCCGGT GGAGGAGATGGCGGCGCCGCCGTAGAAGGAGACTACCAACAAGA AGAACTCGACGAGCTGTTCGCGGCCTTGGAAGACGACCAAGAAAG ACGGTAAGGAGACGCCGGCGCCGACCCAGACGCACTTACCGACG GGGGTGGCGACGCAGACGGTACATAAGACGCAGGAGGGGACGC AGAAAGAAACTGACTCTGACTATGTGGAACCCCAACATAGTGAGG	177

[0485]

[0486]

		AGATGTAACATAGAGGGAGGGCTGCCTCTAATACTGTGTGGAGAA AACAGGGCCGCATTTAACTACGCCTACCACTCAGAGGACTACACA GAGCAGCCATTCCCCTTCGGTGGAGGAATGAGCACCACCACATTC TCACTGAGAGGCCTCTATGACCAGTACACAAAACACATGAACAGAT GGACGTTCTCAAACGACCAGCTAGACCTCGCCAGATACAGGGGCT GCAAATTCAGGTTTTACAGACACCCCACCTGTGACTTTATAGTGCA CTACAACCTGGTTCCTCCTCTAAAGATGAACCAGTTCACCAGTCCC AACACGCACCCGGGACTCCTCATGCTGACTAAACACAAAATAATAA TACCCAGCTTCTTAACAAGACCAGGGGGTCGCAGATTCGTAAAGA TCAGACTGCCCCCCCCTAAGCTGTTTGAAGACAAGTGGTACACCC AGCAGGACTTGTGCAAACAACCGTTAGTTACTCTAACCGCAACCG CAGCTTCCTTGCGGTATCCGTTCTGCTCACCACAAACGAACAACC CCAACTGTACCTTCCAGGTACTGCGCAAAAATTACCACAAAGTAAT AGGTACTTCCTCAACAAACAGTGAGGACGTGACCCCCTTTGAAAA CTGGCTATATAATACAGCCTCACACTATCAAACTTTTGCCACCGAG GCACAAGTTGGTAGAATACCAAGCTTTAACCCAGACGGTACAAAAA ATACAAAAGAATCTGAATGGCAAAATTACTGGTCCAAAAAAGGTGA ACCATGGAACCCTAATAGTAGTTACCCACATACAACTACAAATCAA ATGTACAAAATACCTTTTGACAGCAACTATGGCTTTCCAACTTACAA ACCAATAAAAGAATACATGTTACAAAGAAGAGCATGGAGTTTCAAA TATGAAACAGACAACCCAGTTAGCAAAAAGATCTGGCCACAACCTA CCACAACAAAACCAACAATAGACTACTATGAATACCACGCAGGCTG GTTCAGTAACATCTTCATAGGCCCCAACAGACACAGCTTACAATTC CAAACAGCATACGTAGACACCACATACAACCCACTGAATGACAAA GGAAAGGGCAACAAGATATGGTTTCAGTATCACAGCAAAGTAAAC ACAGACCTCAGAGACAGAGGCATCTACTGCCTCCTAGAAGACATG CCCCTGTGGTCTATGACCTTTGGATACAGTGACTATGTCAGCACAC AGCTAGGCCCAAACGTGGACCACGAGACTCAAGGCCTTGTGTGCA TAATATGCCCGTACACTGAGCCCCCAATGTATGACAAGACCAATCC AAACAGTGGCTATGTAGCATATGACACAAACTTTGGAAATGGCAAG ATGCCGTCAGGCAGAAGCCAGGTACCCGTGTACTGGCAGTGCAG ATGGAGGCCCATGTTGTGGTTCCAGCAGCAAGTACTGAATGACAT CTCAAAAAGTGGACCGTACGCATACAGAGACGAACTGAAAAACTG TTGCCTGACTGCTTACTACAACTTCATTTTTGACTGGGGGGGCGAC ATGTATTACCCGCAGGTCATTAAAAACCCCTGCGCAGACAGCGGA CTCGTACCCGGTACCAGTAGATTCACTCGAGAAGTACAAGTCGTTA GCCCGCTGTCCATGGGCCCCCAGTACATCCTCCATCTCTTCGACC AAAGACGCGGGTTCTTTAGTTCAAACGCTCTTAAAAGAATGCAACA ACAACAAGAATTTGATGAGTCTTTTACAGTCAAACCTAAGCGACCC AAACTTTCTACAGCCGCCCACGTCGAGCAGCAAGAAGAAGACTCG AGTTCAAGGGAAAGAAAATCGGGGTCCTCACAAGAAGAAGTCCAG GAAGAAGTCCTCCAGACGCCGGAGATCCAGCTTCACCTCCAGCGA AACATCAGAGAACAGCTGCACATCAAGCAGCAGCTCCAACTCCTG TTACTCCAATTATTCAAAACACAAGCAAATATCCACCTGAACCCAC GTTTTATAAGCCCATAA	
AAK11698.1	AF345522.1	ATGGCGTGGCGCCGGTGGCGATGGCGGCCGTGGTGGAGACGCC	178

[0487]

		GGAGGCGCCGCCGGTGGAGAAGGAGACGGAGGAGACCCAGACG ACGCCGCCCTTATCGACGCCGTCGACCTCGCAGAGTAAGGAGGC GCAGGGGGCGGTGGAGGCGCGCGTACAGACGTTGGGGGCGACG CAGACGCAGACGCAGGCACAAAAAGAAACTTGTACTGACTCAGTG GCAACCAGCAGTAGTTAAGAGGTGCCTAATAGTGGGCTTTGACCC CCTTATAATATGTGGCATTAACAGAACAATATTTAACTACACTACAC ACTCTGAAGACTTTACTTTTAACAACGACAGCTTTGGAGGGGGGCT CTGTACCGCTCAGTACACACTAAGAATCCTTTTCCAAGAAAAGCTG GCCCAGCACAACTTCTGGTCAGCTAGCAACGAAGACCTAGACCTT GCCAGGTACCTAGGAGCCACAATAGTACTTTACAGACACCCTACA GTAGACTTCTTAGTTAGAATTCGCACCAGTCCTCCCTTTGAGGACA CAGACATGACAGCCATGACACTACATCCAGGCATGATGATGCTAG CTAAAAAGACAATTAAAATTCCCAGTCTTAAAACAAGACCGTCCAG AAAACACGTAGTAAGGATTAGAGTAGGGGCCCCTAAACTATTTGAA GACAAGTGGTACCCCCAGAACGAGCTATGTGATGTAACTCTGCTA ACCATACAGGCAACCACAGCTGATTTCCAATATCCGTTCGGCTCAC CACTAACGAACTCCCCCTGTTGCAACTTCCAGGTTCTTAACAGTAA CTATGACAATGCACATTCCATACTTAACTTGTCAAACGAACCAACA AACAAATGGCACACCTATAGAAATAACTGCTATAAATTTCTACTAGA ACAGTACAGCTACTACAACACTAAACAAGTAGTAGCACAACTTAAA TATAAATGGAACCCTAATCAAAACCCTACTATGCCAAATACAAGCA ATGCATCACTTTCTAAAAAACCTGATGACCTTACTAAAACCAAAACA ACAAACGAGTATCCACATTGGGACACCCTATATGGTGGTTTAGCAT ATGGACACAGCACTGTAACACCTGGCACTACCTCATCACCAACAG ACCTAAAAACACAAATGCTTACAGGCAACGAATTTTATACAACAGC AGGCAAAAAGTTAATAGATACATTTCACCCAATTCCTTACTATGAAA ACGGATCTTCTAAAGCCAACACCAACATATTTGACTACTACACAGG CATGTACAGTAGTATTTTCCTGTCTTCAGGCAGATCAAACCCAGAA GTAAAGGGCAGCTACACAGACATCTCTTACAACCCTCTGACAGAC AAGGGAGTAGGTAACATGATTTGGATAGACTGGCTCACTAAAGGA GACACAGTATACGACCCCAAAAAAAGCAAGTGCCTACTCTCAGACT TTCCATTGTGGTCACTTTGTTATGGATACCCAGACTACTGCAGAAA ACAAACCGGAGACTCAGGTATTTACTATGACTACAGAGTACTTATA AGATGTCCATACACATACCCTCAATTAATAAAACACAACGACAAAT ACTTTGGCTTCGTAGTGTACAGCGAAAACTTTGGACTGGGGCGAC TACCAGGAGGCAACCCTAACCCCCCAACTAGAATGAGACTGCACT GGTACCCTAATATGTTCCACCAAACAGAAGTACTAGAGTGCATAGC TCAAAGCGGACCGTTTGCTTATCATGGAGACGAGAGAAAAGCTGT TCTGACTGCCAAATACAAGTTCAGATGGAAGTGGGGAGGCAATCC TGTGTTTCAACAGGTTCTCCGAGACCCCTGCACCGGAGGTGCCGT GGCGCCCCACACCAGTCGACACCCTCGTGCAATACAAGTCCATGA CCCGAAGTATCAGGCCCCGGAGTACCTCTTCCACAAATGGGACTT CAGAAGGGGACTGTTTAGCACTAAAGGTATTAAGAGAGTGTCAGA ACAACCAGTACATGATGAGTATTTTACAGGGAGCAGCAAGAGACC CAAGAAAGACACCAACCCAAGCCCCCAAGGAGAAGAGCAAAAAGA AGGCTCGCGTTTCAGAGTCCCAGAGCTCAGACCCTGGCTCCCCTC	

		CAGCCAGGAAACGCAGAGCCAAAGCGAGCAAGAAGAAACAGCCC CGAAAACGGTCCAAGAGCAGCTACAAGAACAACTCCAGCAGCAGC AGCTCATGGGAATCCAGCTCAGAAACGTCTGTCTCCAGCTCGCAA GAGTCCAAGCGGGGCACAGTCTCCACCCCGTTTTCCAATGCCATG CATAA	
AAK11704.1	AF345525.1	ATGGCATGGGGATGGTGGAGACGAAGGCGCAAGTGGTGGTGGAG ACGCCGGTTCGCCCGAAGCAGACTTCGCAGACGACGGATTAGAC GCCCTCGTCGCCGCACTCGACGAAGAACAGTAAGGAGGCGCAGA CAATGGAGGAGGGGGCGACCCAGACGCAGACTGTTTAAGAGAAA GAGACGCTTTAAGAGACGCAGACGAAAAGCTAAGATAAAAATAACT CAGTGGCAGCCTAGCTCAGTGAAGAGATGTTTTGTTATAGGATACT TTCCATTAGTAATATGTGGACCCGGAAGGTGGTCAGAAAACTTTAC TAGTCACATAGAAGACAAAATAAGCAAAGGACCCTTTGGGGGAGG GCATAGTACTAGCAGATGGTCCTTAAAAGTACTGTACGAAGAGTTC CAAAGACACCACAACTTTTGGACAAGAAGCAACAAAGACCTAGAG TTAGTTAGATTCTTTGGAAGTAGTTGGAGATTTTACAGACACGAGG ACACTGACTATATAGTGTACTACTCTAGAAAGGCTCCCCTTGGAGG TAACCTTCTAACAGCACCCAGCCTACACCCAGGAGCAGCCATGCT TAGCAAACACAAAATAGTAGTACCCAGTTTTAAAACCAGACCCGGT GGAAAACCCACCGTTAAAATTAATATTAAACCCCCTACAACACTAAT AGACAAATGGTACTTCCAGAAAGACATTTGTGACACAACCTTCCTT AACTTGAACGTTGTACTCTGCAACCTGCGGTTTCCGTTCTGCTCAC CACAAACTGACAACATTTGTGTAACCTTCCAGATATTGCATGAGGT TTACCACAATTACATAAGCATAACTGCAAAAGAGTTACTTACAGGC ACAGAATGGAGACAGTACTACAAAAACTTTTTAAACGCAGCACTAC CAAATGACAGATCTGTAAATAAATTAAACACTTTTAGCACAGAAGG AGCCTACAGCCACCCACAAATAAAAAAACATACAGAAAATATAACA GGTTCAGGAGACAAATACTTTAGAAAAAAAGATGGACTGTGGGGA GATGCTATTCACATTACAGACCAACAAAACAGAACAGAAGTTATAG ACTTAATATTAAAAAATGCAGAAAACTACCTCAAAAAAGTACAACAG GAATACCAAGGACAGGAAAATTTAAAAAACCTTATACATCCCGTCT TTTGTCAGTACGTAGGCATATTTGGGCAGCCCACTACTAAACTACC ACAGAATAAGCCCAGAAATTCCAGGCCTGTACAAAGACATAATATA TAA	179
AAK11708.1	AF345527.1	ATGTCCTGGTGGGGATGGCGCCGCCGATGGTGGTGGAAGCCACG GAGGCGATGGAGACGCAGGAGGGCGCGCCGCCCGAGACGACTA CCGCGACGACGATATAGAAGACCTACTCGCCGCTATCGAGGCAGA CGAGTAAGGAGGCGCCGCGCGGGGGGCTGGCGGGGGCGACGCA GATACTCCCGACGCTATAGCAGACGACTGACTGTCAGACGAAAGA AAAAGAAACTAACTCTTAAGATCTGGCAGCCACAGAATATCAGGAG ATGTAAGATAAGGGGTCTACTGCCCCTCCTGATATGCGGACACAC CCGATCTGCCTTTAACTATGCCATCCACTCGGATGACAAGACCCC CCAACAGCAGAGTTTCGGGGGTGGGCTCAGCACCGTTAGCTTCTC CCTGAAAGTCCTATTCGACCCGAACCAGAGGGGACTTAACAGGTG GTCGGCCAGCAACGACCAGCTTGACCTCGCCCGGTACACGGGCT GCACGTTCTGGTTCTACAGACACAAAAAGACTGACTTTATAGTGCA	180

[0488]

		GTATGATGTCAGCGCCCCCTTCAAACTAGACAAAAACAGTTGTCCC AGCTACCACCCCTTCATGCTCATGAAGGCCAAACACAAGGTCCTC ATCCCCAGTTTTGACACTAAACCCAAAGGCAGAGAAAAGATAAAAC TAAGGATACAGCCCCCCAAGATGTTCATAGATAAGTGGTACACTCA GGAGGACCTATGCCCCGTTATTCTTGTGACACTTGTGGCGACCGC AGCTTCCTTTACACATCCGTTCTGCTCACCACAAACTGCCAACCCT TGCATCACCTTCCAGGTTTTGAAAGAATTCTATTACCAAGCCATGG GGTACGGCACACCAGAAACCACAATGAGCACAATATGGAACACCC TCTACACAACTAGCACCTACTGGCAGTCACACTTAACCCCACAGTT TGTCAGAATGCCCAAAAACAATCCTGATAACACTGCGAACACTGAG GCCAATAAGTTTAATGAGTGGGTTGACAAAACGTTTAAAACAGGCA AGTTAGTTAAATACAACTATAACCAGTATAAACCTGACATAGAGAAA CTAACCCTACTAAGACAATACTACTTTCGATGGGAGACACAGCATA CAGGGGTCGCAGTCCCACCTACGTGGACTACCCCCACAACAGACA GATACGAGTACCACGTAGGCATGTTCAGTCCCATCTTCCTCACCC CTTATAGATCAGCGGGCCTAGACTTTCCGTACGCCTACGCAGACG TCACATACAATCCCCTCACAGACAAAGGGGTGGGCAACCGCATGT GGTACCAGTACAACACTAAGATAGACACCCAGTTCGACGCCAAAT GCTGTAAGTGCGTCCTAGAGGACATGCCCCTCTATGCCATGGCCT TCGGCCACGCAGACTTTCTAGAACAGGAGATAGGAGAGTACCAGG ACCTAGAGGCCAACGGATACGTGTGTGTTATCAGTCCCTACACCA AGCCCCCCATGTTCAACAAACACAACCCTCAGCAGGGATACGTGT TCTATGACTCACAGTGGGGCAATGGCAAATGGATAGACGGCACCG GGTTCGTCCCAGTGTACTGGCTGACCAGATGGAGAGTAGAACTGC TATTTCAAAAGCAAGTACTCTCAGACCTCGCCATGTCAGGGCCCTT CAGCTATCCAGACGAACTTAAGAACACAGTACTGACGGCCAAGTA CAGATTTGACTTTAAGTGGGGTGGCAATCTCTTCCACCAACAGACC ATTAGAAACCCCTGCAAACCCGAAGAGACCTCGACCGGTAGAATC CCTCGCGATGTACAAGTCGTTGACCCGGTCACCATGGGCCCCCGA TTCGTCTTTCACTCCTGGGACTGGAGGAGAGGGTTCCTTAGTGAC AGAGCTCTCAAAAGAATGTTTGAGAAACCGCTCGATTTTGAGGGAT TTACAGCGACTCCAAAACGACCTCGCATACTCCCTCCCACAGAGG GACAGCTCGCCCGAGAGCAAAAAGAGCAAGAAGAAAGCTCAGATT CGCAGGAAGAAAGCAGCCTTACCCCGCTCGAAGAAGTCCCGCAA GAGACGAAGCTACGACTCCACCTCAGAAAGCAGCTCCGAGAGCA GCGAAGCATCAGACACCAACTCAGAACCATGTTCCAGCAGCTTGT CAAGACGCAAGCGGGCCTACACCTAAACCCCCTTTTATCTTCCCA GCTGTAA	
AAK11710.1	AF345528.1	ATGTGGAATCCATCCACAATTAGAGCATGTAACATAAAGGGTGCTA TAAACCTTGTAATGTGCGGACACACTCAGGCAGGCAGAAACTATG CCATTAGAAGTGAAGACTTTTATCCTCAAATACAAAGCTTTGGTGG GTCATTTAGTACAACTACATGGAGCCTTAGAGTACTGTTTGATGAA TACCAAAAGTTCCACAACTTTTGGACATATCCTAATACTCAGCTAGA TCTATGTAGATATAAATATGCTATATTTACCTTTTACAGAGACCCTA AAGTAGACTACATTGTTATATACAACACAAATCCACCATTTAAAATT AACAAATACAGTAGTCCCTTTTTACACCCCGGACTTATGATGTTAC	181

[0489]

[0490]

		AAAAAAAAAAAATACTAATACCTAGCTTTCAAACAAAACCAGGGGG CAAATCTAGAATTAAGGTTAAAATTAAGCCCCCTGCTCTATTTGAAG ACAAGTGGTACACTCAACAAGACTTGTGTCCAGTAAACCTGTTGTC ACTTGCGGTTTCCGCCTGCAGCTTTATACATCCGTTCTGCTCACCA GAAAGTGACACAATATGCATGACATTTCAGGTATTGCGAGAGTTTT ACTACACACACCTAACTGTCACTCCAACCACAACTACCTCCACACC AGAAAAAGACAAAAAAATATTTAATGACCAATTATACTCCAACGCTA ACTTTTATCAATCGCTACACGCATCAGCGTTCTTAAACATTGCTCA GGCACCTGCTATACATGGCCACAATGGAATACCAAACAACAGTAG GTATTTAAGTTCCACAGGTACAGAAACAAGTTTTAGAACTGGAAAC AATAGTATATATGGACAACCAAATTATAAACCAATTCCAGAGAAATT AACAGAAATAAGAAAGTGGTTTTTCAAACAAGCTACAACACCTAAT GAAATTCATGGCACATATGGAAAACCAACATATGATGCAGTAGACT ACCACTTAGGCAAATACAGTCCAATATTCTTAAGTCCATACAGAAC TAACACACAATTTCCCACTGCATACATGGATGTAACTTATAATCCAA ATGTAGATAAAGGAAAAGGCAACAAAATATGGCTTCAATCAGTAAC AAAAGAAACATCTGATTTTGACTCACGTAGCTGCAGATGTATAATA GAAAACTTACCCATGTGGGCCATGGTTAACGGGTACTCAGACTTT GCAGAGTCTGAATTAGGATCTGAAGTACACGCTGTATATGTTTGCT GTATTATTTGTCCTTACACAAAACCTATGCTATATAACAAAACAAAC CCAGCAATGGGCTATATATTTTATGATACTTTATTTGGCGACGGAA AACTACCATCAGGTCCAGGTCTTGTTCCATTTTATTGGCAAAGCAG ATGGTATCCAAAACTAGCTTGGCAACAACAAGTACTACATGATTTTT ATTTGTGTGGCCCCTTTAGCTACAAAGATGACCTCAAAAGCTTTAC TATAAACACAACTTACAAGTTTAAATTCTTATGGGGTGGAAATATGA TTCCCGAACAGGTTATCAAAAACCCGTGCAAAACAACAGATCCAAC ATACACCCTGTCCGATAGACAGCGTCGCGACCTACAAGTTGTTGA CCCAATTACCATGGGCCCGCAGTGGGAATTCCACACCTGGGACTG GCGACGCGGACTGTTTGGACAAAATGCTCTTAGAAGAGTGTCAGA AAAACCAGGAGATGATGCAGAGTATTATGCGCCTCCAAAAAAACCT AGATTTTTCCCACCAACAGACCTCGAAGAGCAAGAAAAAGACTCAG ATTCACAGGAGGAGACGAGACTCCTATTCCACCCGTCGCCGCCAA GGAGCCAAGAAGAGATCCAGCAAGAGCAGCAGCGAGACATCCAC CTCAGACTCGGACAACAACTCAGAATCAGACAGCAGCTCCAGCAA GTGTTCTTACAAGTCCTCAAAACGCAAGCGAACCTCCACATAAATC CATTATTCTTAAACCAACAATAA	
AAK11712.1	AF345529.1	ATGGCATGGGGATGGTGGAGACGGTGGCGCCGGTGGCCCACCA GACGCTGGAGGAGACGCCGTCGCCGGCGCCCCGTACGGAGAAC AAGAGCTCGCCGACCTGCTCGACGCTATAGAAGACGACGAACAGT AAGAACCAGGCGGAGGCGGTGGGGGCGCAGACGGTACAGACGG GGCTGGAGACGAAGGACTTATGTAAGGAAGGGGCGACACAGAAA AAAGAAAAAGAGACTCGTACTGAGACAGTGGCAGCCAGCCACCAG ACGCAGATGCACTATAACTGGGTACCTGCCCATAGTGTTCTGCGG ACACACTAAGGGCAATAAAAACTATGCACTACACTCTGACGACTAC ACCCCCCAAGGACAGCCATTTGGAGGGGCCCTTAGCACTACCTCT TTCTCCCTAAAAGTGTTGTATGACCAGCACCAGAGGGGACTAAACA	182

		AGTGGTCTTTTCCCAACGACCAGCTAGACCTTGCCAGATACAGAG GCTGCAAATTCTACTTCTATAGAACCAAACAGACTGACTGGGTGGG CCAGTATGACATATCAGAACCCTACAAGCTAGACAAGTACAGCTGC CCTAACTACCACCCGGGAAACATGATTAAGGCAAAGCACAAATTTT TAATTCCAAGCTATGATACTAATCCCAGAGGGAGACAAAAAATTAT AGTTAAAATTCCCCCCCCAGACCTTTTTGTAGACAAGTGGTACACT CAGGAAGACCTGTGTGACGTTAATCTTGTGTCATTTGCGGTTTCTG CGGCTTCCTTTCTCCACCCATTCGGCTCACCACAAACTGACAACCC TTGCTACACCTTCCAGGTGTTGAAAGAATTCTACTATCAGGCAATA GGCTTTAGTGCAACAGAGGAAAAAATACAAAATGTTTTTAACATATT ATACGAAAACAACTCATACTGGGAATCAAACATAACTCCCTTTTATG TAATTAATGTTAAAAAAGGGTCTAACACAGCACAGTACATGTCACC TCAAATTTCAGACGCAGATTTTAGAAATAAAGTAAATACTAACTACA ACTGGTATACCTACAATGCCAAAACCCATAAAGAAAAATTAAAAAC GCTAAGACAAGCATACTTTAAACAATTAACCTCTGAAGGTCCGCAA CACACATCCTCTCACGCAGGCTACGCCACTCAGTGGACCACCCCC AGCACAGACGCCTACGAATACCACCTAGGCATGTTTAGTACCATCT TTCTAGCCCCAGACAGACCAGTACCTCGCTTTCCCTGCGCCTACC AAGATGTCACCTACAATGCCTTAATGGACAAAGGGGTGGGCAACC ACGTGTGGTTTCAGTACAACACAAAGGCAGACACTCAACTAATACT CACCGGAGGGTCCTGCAAAGCACACATAGAAAACATACCCCTGTG GGCAGCCTTCTATGGCTACAGCGACTTCATAGAGTCAGAGCTAGG CCCCTTTGTAGACGCAGAGACAGTAGGCCTTATATGTGTAATCTGC CCCTACACTAAACCCCCCATGTACAACAAGACAAATCCCATGATGG GGTACGTGTTTTATGACAGAAATTTTGGTGACGGCAAATGGACTGA CGGACGGGGCAAAATAGAGCCCTACTGGCAGGTTAGGTGGAGGC CAGAAATGCTTTTTCAAGAGACTGTAATGGCAGACATAGTTCAAAC CGGGCCCTTTAGCTACAAGGACGAACTTAAAAACAGCACACTAGT GTGCAAATACAAATTCTATTTCACCTGGGGAGGTAACGTGATGTTC CAACAGACGATCAAAAACCCATGCAAGACGGACGAACAACCCACC GACTCCGGTAGACACCCTAGAGGAATACAAGTGGCGGACCCGGA ACAAATGGGACCCCGTTGGGTGTTCCACTCCTTTGACTGGCGAAG GGGCTATCTTAGCGAGAAAGCTCTCAAACGCCTGCAAGAAAAACC TCTTGACTATGACGAATATTTTACACAACCAAAAAGACCTAGAATGT TTCCTCCAACAGAATCAGCAGAAGGAGAGTTCCGAGAGCCCGAAA AAGGCTCGTATTCAGAGGAAGAAAGGTCGCAAGCCTCTGCCGAAG AGCAGACGAAAGAGGCGACAGTACTTCTCCTTAAACGACGACTCA GAGAGCAACAGCAGCTCCAGCAGCAGCTCCAATTTCTCACCCGAG AAATGTTCAAAACGCAAGCGGGTCTCCACCTAAACCCTATGTTATT AAACCAGCGGTGA	
AAK54731.1	AF371370.1	ATGCGCTTTTCCAGAATCTACAGGCCAAAGAAAGGGCCACTGCCA CTGCCTCTGGTGCGAGCAGAACAGAAAAAACAGCCTAGTGATATG AGTTGGCGCCCTCCGCTTCACAATGGGGCAGGAATCGAGCGTCA GTTTTTCGAAGGCTGCTTTCGATTCCACGCTAGTTGTTGCGGCTGT GGCAATTTTGTTACTCATATTACTCTACTGGCTGCTCGCTATGGTTT TACTGGGGGGCCGACGCCGCCAGGTGGTCCTGGGGCGCTACCCT	183

[0491]

		CGCTAAGGAGAGCGCTGCCACCTCCTCCGGCCCCCAAGACCAG GCTGAACCAGAGCTATGGCGTGGTCGTGGTGGTGGAGGCGAAGG AAACGCTGGTGGCCGCGCAGAAGGAGGCGATGGAGAAGGCTACG AACCCGAAGAACTGGAAGAGCTGTTCCGCGCCGCCGCCGCCGAC GACGAGTAA	
BAB69916.1	AB060596.1	ATGGCGTTCCGGTGGTGGTGGTGGAGACGCCGCCCGCAGCGACG ATGGACCCGGCGCCGATGGAGGAGACTACGAACCCGCCGACCTA GACGCACTGTACGACGCCGTCGCCGCAGACCAAGAGTAAGGAGA AGGCGGTGGGGCAGGAGACGTGGGCGACGCAGACTGTACAGAC GCACATATAGAAAAAGGCGCAAAAGACGAAAAAAAATGACCTTAAA AATGTGGAATCCATCCACAATTCGCGCCTGTAACATTAGGGGCTTC ATAGCACTAGTAGTCTGTGGACACACTCGTGCAGGCTGTAACTAT GCCATACACAGCGAAGACTACATACCTCAACTAAGACCCTACGGA GGGTCTTTCAGCACTACTACTTGGAGTCTAAAACTACTATTTGACG AATATCTGAAATTTAGAAACAAATGGAGCTACCCCAACACAGAACT AAACCTTGCTAGATACAGGGGAGCCACATTTACATTTTACAGAGAC CCCAAAGTAGACTATATAGTAGTATACAACACAGTACCTCCATTTAA ACTTAACAAATACAGCTGCCCCATGCTGCACCCAGGTATGATGATG CAGTACAAAAAGAAAGTTTTAATACCAAGCTATCAGACAAAACCAA AGGGAAAAGCCAAAATAAGACTTAGAATAAAACCTCCAGTTTTATTT GAAGACAAATGGTACACCCAGCAAGACCTGTGTCCCGTTAATCTTT TGTCACTTGCGGTTAGCGCATGTTCCTTCCTGCATCCGTTTATACC ACCAGAAAGTGACAACATATGCATAACGTTCCAGGTGTTGCGAGA CTTTTATTACACACAAATGTCAGTTACACCCACAACAACCACTTCCC TAAATCAGAAAGATGAAAAAATATTTAGTGACCACTTATATAAAAAC CCTGAATACTGGCAATCACATCACACAGCTGCTAGACTATCTACCT CTCAAAAACCTGCACTACGAAATAAAGAAGAAATACCTAATGATCA CGGATACTTAAACACAACACCAACTGACAGTACTTTTAGAACTGGA AACAATACAATATATGGCCAACCAAGCTACAGACCAAACTATACCA AACTAACTAAGATTAGAGAATGGTACTTTACACAAGAAAACACAGA CAACCCAATACATGGCAGCTACTTAAAACCAACACTAAACTCTGTA GACTACCACCTAGGAAAATACAGTGCTATATTCTTAAGTCCCTATA GAACAAACACTCAATTTGATACAGCATACCAAGATGTAACCTACAA TCCTAACACAGACAAAGGCAAAGGCAATAAAATATGGATTCAGAGC TGTACAAAAGAATCCACCATACTAGACAACGCATGCAGATGTGTAA TAGAAGACATGCCATTATGGGCTATGGTAAATGGCTACTTAGAATT CTGTGACTCAGAGCTTCCAGGAGCCAACATCTACAATACATACATA GTAGTTGTTATATGCCCTTACACCAAACCTCAACTACTAAACAAAAC TAATCCAAAACAAGGCTATGTATTTTATGACACTCTATTTGGAGACG GAAAAATGCCCACAGGAACAGGCCTAGTACCGTTCTGGCTGCAGA GCAGATGGTACCCCAGAGCAGAGTTCCAACAACAAGTACTACATG ACCTTTACCTTACAGGCCCATTTAGCTACAAAGATGACCTAAAATC CTTTAGCTTTAATGCTAAATACAAATTCTCATTCTTATGGGGCGGCA ATATGATTCCCCAACAGATTATCAAAAACCCGTGTAAAAAAGAAGA ATCCACATTCACCTATCCCAGTAGAGAGCCTCGCGACCTACAAGTT GTTGACCCACTCACCATGGGCCCAGAATGGGTCTTCCACACATGG	184

[0492]

		GACTGGAGACGTGGACTTTTTGGTAAAAATGCTGTCGACAGAGTG TCAAAAAAACCAGACGATGATGCAGAATATTATCCAGTACCAAAAA GGCCTCGATTCTTCCCTCCAACAGACACACAGTCAGAGCCAGAAA AAGACTTCGGTTTCACACCGGAGAGCCAAGAGTTACAGCAAGAAG ACTTACGAGCACCCCAAGAAGAAAGCCAAGAGGTACAGCAGCAGC GACTGCTCCAGCTCAGACTCTCACAGCAGTTCAGACTCAGACAGC AGCTCCAGCACCTGTTCGTACAAGTCCTCAAAACCCAAGCAGGTC TCCACATAAACCCATTATTTTTAAACCATGCATAA	
BAB69900.1	AB060592.1	ATGGCGTGGACCTGGTGGTGGCAGAGGAGGCGCCGAAGGTGGC CGTGGAGAAGGAGAAGGTGGAGAAGACTACGCACCAGAAGACCT AGACGACTTGTTCGCCGCCGTCGCAAGAGATACAGAGTAAGGAGA CGGAGGCGGTGGGGAAGGAGACGTGGGCGACGCACATACCTTAG ACGCAGACTTAAAAAAAGAAAGAGACGCAAAAAGCTAAGACTGAC TCAATGGAACCCTAGCACAATTAGAGGATGTACAATTAAGGGAATG GCTCCCCTAATTATCTGTGGCCACACTATGGCAGGCAATAACTTTG CCATCCGAATGGAGGACTATGTCTCTCAAATTAGACCATTCGGAG GGTCGTTTAGCACCACAACCTGGAGCCTTAAAGTACTTTGGGACG AGCACACCAGATTCCATAACACCTGGAGCTACCCAAACACTCAGC TAGATCTCGCAAGGTTTAAAGGAGTAAACTTTTACTTCTACAGAGA CAAAGACACAGACTTTATAGTAACATACAGCTCAGTCCCGCCATTT AAAATGGACAAATACTCATCAGCCATGCTACATCCAGGCACGCTCA TGCAGAGAAAGAAAAAGATATTAATACCCAGCTTTACAACAAGACC AAGGGGCCGAAAAAAAGTTAAACTGCATATAAAACCTCCTGTTTTA TTTGAAGACAAATGGTACACCCAGCAGGACCTCTGCGACGTTAAT CTTTTGTCACTTGCGGTTTCTGCGGCTTCCTTTAGACATCCGTTCT GCCCACCACAAACTGACAACATTTGCATCACTTTCCAGGTGTTGAA AGACTTCTATTACACACAAATGTCAGTTACACCGGACACAGCAGGC CAAGAAAAAGACATTGAAATATTTGAAAAACACTTATTTAAAAATCC ACAATTCTATCAAACTGTCCACACACAAGGAATAATTAGCAAAACA CGAAGAACAGCTAAATTTTCAACCTCAAATAATACCCTAGGAAGTG ACACGAATATAACGCCATACCTAGAACAACCAACAGCAACAAACCA CAAAAACACATTATCCACAGGTAACAACTCAATATATGGCCTTCCA TCTTACAACCCAATACCAGATAAACTTAAAAAAATTCAAGAATGGTT TTGGAAACAAGAAACTGACAAAGAAAATTTAGTTACTGGCTCCTAT CAAACACCTACTAACAAATCAGTAAGCTACCATCTAGGAAAATACA GCCCCATATTTTTAAGCTCATATAGAACTAATCTACAGTTTATAACT GCATACACAGATGTAACATACAATCCCCTAAATGACAAAGGAAAAG GCAACCAAATATGGGTACAGTATGTAACAAAACCAGATACTATATT TAATGAAAGACAGTGCAAATGCCACATAGTAGATATTCCTTTGTGG GCAGCATTCCATGGCTATATTGACTTTATACAAAGTGAACTAGGCA TACAAGAAGAAATACTAAACATTGCCATAATAGTAGTTATATGTCCA TACACAAAACCCAAACTAGTACACGACCCACCAAACCAAAACCAAG GCTTTGTATTCTATGACACACAATTTGGAGACGGTAAAATGCCAGA GGGCTCGGGCCTAGTACCCATATACTACCAAAACAGATGGTATCC TAGAATAAAGTTCCAGAGTCAAGTAGTGCATGACTTTATACTAACA GGCCCCTTTAGCTACAAAGATGATCTAAAGAGCACAGTACTAACAG	185

[0493]

		TAGAATACAAGTTTAAATTCTTATGGGGCGGCAATATGATTCCCGA ACAGGTTATCAGAAACCCTTGTAAAACAGAAGGACACGATCTCCCT CACACCAGTAGACTCCATCGCGACTTACAAGTTGTTGACCCACACA CCGTGGGCCCCCAATGGGCGCTCCACACCTGGGACTGGCGACGT GGACTCTTTGGTTCAGAGGCTATCAAAAGAGTGTCTGAACAACAAG TACATGATGAACTGTATTACCCAGCTTCAAAGAAACCTCGATTCCT CCCTCCAATATCAGGCCTCCAAGAGCAAGAAAGAGACTACAGTTC GCAGGAGGAAAAAGACCAGTCCTCCTCAGAAGAAGAGAAGGACC CGAAGAAAAAAGAGCAAAAACAGCAGCAGCGACTCCACCTCCAGT TCCAAGAGCAGCAGCGACTCGGAAACCAACTCCGACTCATCTTCC GAGAGCTACAGAAAACCCAAGCGGGTCTCCACATAAATCCTATGTT ATCAAACCGGCTATAA	
BAB69904.1	AB060593.1	ATGGCCTGGAGATGGTGGTGGAGACGGCGCTGGAAGCCAAGAAG GCGGCCAGCGTGGACCAAGTACCGCAGACGCAGGTGGAGACGAC TTCGACCCCGCAGACCTAGAAGACTTGCTCGCGGCCGTCGAAGAA GACGAACAGTAAGGAGGCGGAGGGTCAGGAGACTCAGACGGAGG AGGGGGTGGACTAGGAGACGGTACTTGAGACGCAGAAAGAGACG AAAGCTAATACTGACTCAGTGGAACCCCAATATTGTCAGACGATGC TCTATAAAGGGTATAATCCCCCTCACAATGTGCGGCGCTAACACC GCCAGTTTTAACTATGGGATGCACAGCGACGACAGCACCCCTCAG CCAGAGAAATTTGGGGGAGGCATGAGCACAGTGACCTTTAGCCTG TATGTACTGTATGACCAGTTCACTAGACACATGAACCGGTGGTCTT ATTCCAACGACCAGCTAGACCTGGCCAGATACAGGGGCTGCTCAT TCAAACTGTACAGAAACCCCACAACTGACTTTATAGTGCAGTATGA CAATAATCCTCCTATGAAAAACACTATACTGAGCTCACCTAACACT CACCCAGGTATGCTCATGCAGCAGAAACACAGGATACTAGTGCCC AGCTGGCAGACCTTTCCCAGGGGGAGAAAATATGTTAAAGTTAAG ATACCCCCACCTAAACTCTTTGAGGACCACTGGTACACTCAGCCA GACTTATGCAAAGTTCCGCTCGTTACTCTGCGGTCAACCGCAGCT GACTTCAGACATCCGTTCTGCTCACCACAAACGAACAACCCTTGCA CCACCTTCCAGGTGTTGCGAGAGAACTATAACGAAGTCCTAGGAC TTCCCTATGCTAACACCGGGTCTAACAATGAAGTCAAAATTAAAATT GATAACTTTGAAAACTGGCTTTATAACTCCAGTGTACACTATCAAAC ATTCCAAACAGAGCAAATGTTCAGACCCAAACAATACAATGCAGAT GGCTCTACCTGGAAAGACTACAAAAGCATGTTATCTACATGGACAT CACAAATATATAACAAGAAAACAGACAGCAACTATGGGTATGCCTC CTATGACTTTAGTAAAGGTAAAGAGTTTGCTACACAAATGAGACAG CATTACTGGGTACAACTAACACAACTAACAGCCACAGTCCCACACA TAGGACCTACTTACAGCAACACAACCACACCAGAATACGAATATCA CGCAGGCTGGTACTCTCCAGTGTTCATAGGCCCCAACAGACACAA CATACAGTTCAGAACAGCATACATGGACGTTACCTACAACCCACTA AATGACAAAGGCCAGTTTAACAGAGTATGGTTCCAGTACAGCACTA AACCCACCACAGACTTCAACAACACACAGTGCAAATGTGTTCTAGA AAACATTCCACTGTGGTCAGCCCTATTTGGATACTCTGAATATGTA GAGAGCCAGCTAGGCCCCTTCCAGGACCACGGGACCGTGGGTGT AGTAGTAGTACAATGTCCTTACACAGTGCCACCCATGTATAACAAA	186

[0494]

[0495]

		GAGAAACCAGACATGGGCTACGTATTCTATGACACACATTTTGGCA ATGGCAAATTGGGCAACGGCAGCGGCCAGGTACCCAGGTACTGG CAGATGAGATGGTACCCCATACTCAAAAGACAAAAACAAGTAATGA ATGACATTTGCAAGACTGGACCGTTCAGCTACAGAGACGAACTGC TTCAGGTGGACTTAGCAAGCCCCTACACCTTCAGATTTAACTGGG GGGGCGACTTACTCTACCACCAGGTCATCAAAGACCCGTGCAGCT CCTCAGGACTGGCACCTACCGACTCCAGTAGATTCAAGCGGGATG TACAAGTCGTTAGCCCGCTCACAATGGGGCCCCGACTGCTATTCC ACTCGTTCGACCAAAGACGAGGGTTCTTTACTCCAGGAGCTATCAA ACGAATGCATGATGAACAAATTAATGTTCCAGACTTTACACAAAAA CCTAAAATCCCGCGAATTTTCCCACCAGTCGAGCTCCGAGAAAGA GCAGAAGCCGAAGAAGACTCAGGTTCGGAAAAAGCGTCGTTCACC TCGTCGCAAGAGAGAGAAGCCGAAGCCCAAGAAAAGTTACCGATA CAGCTCCAGCTCAGACAGCAGCTCAGACAACAACAGCAGCTCCGA GTCCACTTGCAGCAAGTCTTCCTCCAACTCCAAAAAACGAAGGCA CATTTACATATAAACCCACTATTTTTGGCCCAAGGGAACATGTAA	
BAB69912.1	AB060595.1	ATGGCCTACTCCTACTGGTGGCGCCGCCGGAGGTGGCCGTGGAG AGGCCGATGGAGGCGCTGGAGGCGCCGCAGACGAATACCGCGC CGAAGACCTAGACGACCTGTTCGCCGCTATCGAAGGAGACCAGTA AGGAGAAAGCGTCGGTGGGGGAGGCGAGGGCGACGGCGCCGGT ACACTAGACGGTACAGACGCAGACTGACTGTCAGACGAAAGAGAA ACAAACTCAGACTGAGCGTATGGCAGCCCCAGAATATCAGATACT GTGCCATAAAAGGCCTCTTTCCCATCCTCATCTGCGGGCACGGAA AGAGCGCCGGCAACTATGCCATCCACTCGGATGACTTTATCACAA GCAGATTCTCTTTCGGAGGTGGTCTCAGCACGACCTCCTACTCTCT GAAGCTGCTATTCGACCAAAACCTCAGGGGACTAAACAGATGGAC CGCTAGCAACGACCAGCTAGACCTAGCTAGGTACCTGGGGGCCAT ATTCTGGTTCTACAGAGACCAGAAAACAGACTACATAGTCCAGTAT GACATCTCAGAGCCCTTCAAGATAGACAAAGACAGCTCCCCTTCCT TCCATCCAGGCATACTGATGAAAAGCAAACACAAAGTACTGGTACC CAGCTTCCAGACTTGGCCCAAGGGTCGCTCTAAAGTAAAGCTAAA GATAAAGCCCCCCAAGATGTTCGTTGACAAATGGTACACACAAGA GGATCTCTGTACCGTTACTCTTGTGTCACTTGTGGTCAGCCTAGCT TCCTTTCAACATCCGTTCTGCCGACCACTAACTGACAACCCTTGCG TCACCTTCCAAGTTCTGCAAAATTTCTACAACAACGTAATAGGCTA CTCCTCATCAGACACACTAGTAGATAATGTCTTTACGAGTCTGTTAT ACTCTAAAGCCTCCTTCTGGCAGAGCCATCTGACCCCCTCTTATGT CAAAAAAATTAACAACAACCCCGATGGCAGCTCAATTAGTCAGCGA GTAGGCACAATGCCTGACATGACGGAGTATAACAAGTGGGTATCC AACACAAATATAGGAACAGGATTCGTAAACTCAAATGTTAGTGTAC ACTATAATTATTGTCAGTACAACCCTAACCATACTCATTTAACAACA CTGAGACAGTACTACTTCTTTTGGGAAACACACCCAGCAGCGGCC AACAAAACACCTGTAACACACGTCCCCATCACCACCACAAAACCCA CCAAAGACTGGTGGGAGTACAGATTAGGCCTGTTCAGTCCCATCT TCCTATCTCCACTCAGAAGCAGCAACATAGAGTGGCCCTTCGCATA CAGAGACATAATATACAACCCACTCATGGACAAGGGGGTAGGTAA	187

[0496]

		CATGATGTGGTACCAGTACAACACAAAACCAGATACCCAGTTCTCC CCCACCTCTTGCAGAGCAGTGCTAGAAGACAAACCCATATGGTCC ATGGCATATGGGTATGCAGACTTTCTGCTGTCCATACTAGGTGAAC ACGACGATGTAGACTTCCATGGATTAGTCTGTATCATATGCCCCTA CACCAGACCGCCCCTCTTCGACAAGGATAACCCCAAGATGGGCTA TGTCTTCTACGATGCTAAATTTGGCAATGGCAAATGGATAGACGGT ACGGGATTCATCCCGGTAGAGTTCCAGAGTAGATGGAAACCAGAG CTGGCCTTCCGGAAAGACGTACTGACTGACTTAGCCATGTCAGGC CCCTTCTCCTACAGCGACGACCTTAAAAACACCACAATCCAGGCC AAGTACAAATTCAAATTCAAATGGGGCGGTAATCTCTCTTACCACC AGACGATCAGAAACCCGTGCACCTCGGACGGACAGACGCCCACA ACCAGTAGACAGTCTAGAGAGGTACAAATCGTTGACCCGCTCACC ATGGGACCCCGATACGTATTCCACTCGTGGGACTGGCGACGTGG GTGGCTTAATGACAGAACTCTCAAACGCTTGTTCCAAAAACCGCTC GATTTTGAAGAGTATCCAAAATCTCCAAAGAGACCTAGAATTTTCC CACCCACAGAGCAGCTCCAAGAAGACCCGCAAGAGCAAGAAAGA GACTCCTCTTCTTCGGAAGAAAGTCTCCCTACATCGTCAGAAGAGA CACCGCCAGCCCACCTACTCAGAGTACACCTCAGAAAGCAGCTCC GGCAACAGCGAGACCTCCGAGTCCAGCTCAGAGCCCTGTTCGCC CAAGTCCTCAAAACGCAAGCGGGCCTACACATAAACCCCCTCTTAT TGGCCCCGCAGTAA	
BAB79314.1	AB064596.1	ACGGCCTGGTGGTGGGGAAGACGGTGGCGACGCCGCCCGTGGG GCCGCTGGCGCCGCCGAAGGCGCGTATGGAGAAGAAGACCTAGA ACTGCTGTTCGCCGCCGCCGAGGAAGACGATATGTGAGTAGAAG GCGCCGCTACAGGCGCAGACTCAGACGAAGGGGCAGACGGAGAT ACAGGGGGCGACGAAAGAAGAGACAGACCCTAGTACTCAAACAAT GGCAACCCGACGTTAACAGACTGTGCAGAATCACAGGATGGCTAC CTCTTATAGTTTGTGGCACCGGCAGGGCCCAGGACAACTTTATAG TACACTCAGAGGACATAACCCCCCGAGGAGCCGCCTACGGGGGC AACCTCACACACATAACATGGTGCTTAGAAGCTATATACCAAGAAT TCCTCATGCACAGAAACAGATGGTCCAGAAGTAACCATGACCTGG ACCTCTGCAGATACCAAGGAGTAGTTTTTAAGGCCTATAGACACCC CAAAGTTGACTACATACTAGCATACACAAGAACACCTCCATTTCAA GCAACAGAACTTAGCTACATGTCCTGCCATCCACTACTCATGCTGA CAGCAAAACACAGGATAGTAGTAAAGAGCCAAGAGACCAAAAAAG GGGGCAAAAAATATGTAAAATTTAGAATAAAGCCCCCCAGACTAAT GTTAAACAAGTGGTACTTCACTCATGACTTTTGTAAAGTCCCACTAT TCAGCATGTGGGCCTCAGCCTGTGATCTAAGAAATCCCTGGCTAA GAGAGGGAGCCCTAAGCCCCACAGTAGGCTTTTTTGCCTTAAAGC CTGACTTCTACCCTAATTTAAGCATTTTACCAAATGAAGTCAGTCAA CAATTCGACTTCTTTTTAAACTCTGCTCACCCACCAAGCATACAATC AGAAAAAGATGTTAGATGGGAATATACATACACAAACTTAATGAGG CCTATATACAACCAGACCCCATCACTAAAGGCCTCCACATATGACT GGCAAAACTATAGCAATCCAAACAACTATCAAGCATGCCACCAACA ATTCATAGCATTTAAAGCACAAAGATTTGCCAAAATTAAAGCAGAAT ATCAAACAGTATATCCTACACTAACAACACAGACACCCCAATCAGA	188

[0497]

		AGCACTAACACAAGAATTTGGACTATACTCTCCATACTATTTAACAC CAACAAGAATCAGCCTAGACTGGCACACAGTATTCCACCACATCA GATACAACCCGATGGCAGACAAAGGCCTAGGAAACATGATTTGGG TCGACTGGTGTTCCAGAAAAGAAGCCACCTACGACCCCACAAGAT CCAAGTGCATGCTAAAAGACCTACCACTATACATGCGCTTCTATGG CTACTGTGACTGGGTAACTAAATCAATAGGCTCAGAAACAGCCTG GAGAGACATGAGATTAATGGTGGTCTGCCCTTATACAGAACCCCA ACTAATGAAAAAAAATGACAAAACCTGGGGCTATGTAATCTATGGC TACAACTTTGCAAACGGAAACATGCCGTGGTTACAGCCATATATCC CAATCTCGTGGTTTTGCCGTTGGTTCCCTTGCATCACTCACCAACG TGAAGCAATGGAGTCAGTTGTGGCCACAGGACCGTTCATGGTCAG AGACCAAGACCGCAACAGTTGGGACATAACTATAGGCTACAAATTC TTATGGAGATGGGGGGGCTCTCCTCTGCCCACTCAGGCAATCGAC GACCCCTGCCAGCAGGGAACCCACCCGCTTCCCGAGCCCGGTAC GTTGCCTAGAATCTTACAAGTCAGCGACCCGACGCAACTCGGACC GAAAACCATATTCCACCTCTGGGACCAGAGGCGTGGACTTTTTAG CAAAAGAAGTATTGAAAGAATGTCAGAATACAAAGGAACTGATGAC TTATTTTCACCAGGTCGCCCAAAGCGCCCAAAGCTCGACACACGT CCCGAAGGACTACCAGAGGAGCAAAGAGGAGCTTACAATTTACTC CAAGCCCTCGAAGACTCAGCCCAGTCGGAAGAAAGCGACCAAGA AGAAATGCCTCCCCTCGAAGAAGAACAAGTACTCCACGAGCAAAA GAAAGAGGCGCTCCTCCAGCAGCTCCAGCAGCAGAAACACCACC AGCGAGTCCTCAAGCGAGGCCTCAGACTCCTCCTCGGAGACGTC CTGAAACTCCGCCGGGGTCTACACATAGACCCGGTCCTTACATAG	
BAB79318.1	AB064597.1	ACGGCGTGGTGGTGGGGACGGTGGCGCCGCCGCTGGCGCCGCA GGCGACCGTGGAGACCGAGACTACGACGAAGAAGAGCTAGACGA GCTTTTCCGCGCCGCCGCCGAAGACGATTTGTAAGTAGGAGATGG CGCCGGCCTTACAGGCGCAGGAGGAGACGCGGGCGACGCAGAC GCAGACGCAGACGCAGACATAAGCCCACCCTAGTACTCAGACAGT GGCAACCTGACGTTATCAGACACTGTAAGATAACAGGACGGATGC CCCTCATTATCTGTGGAAAGGGGTCCACCCAGTTCAACTACATCAC CCACGCGGACGACATCACCCCCAGGGGAGCCTCCTACGGGGGCA ACTTCACAAACATGACTTTCTCCCTGGAGGCAATATACGAACAGTT TCTGTACCACAGAAACAGGTGGTCAGCCTCCAACCACGACCTCGA ACTCTGCAGATACAAGGGTACCACCCTAAAACTGTACAGGCACCC AGATGTAGACTACATAGTCACCTACAGCAGAACGGGACCCTTTGA GATCAGCCACATGACCTACCTCAGCACTCACCCCCTTCTCATGCT GCTAAACAAACACCACATAGTGGTGCCCAGCCTAAAGACTAAGCC CAGGGGCAGAAAGGCCATAAAAGTCAGAATAAGACCCCCCAAACT CATGAACAACAAGTGGTACTTCACCAGAGACTTCTGTAACATAGGC CTCTTCCAGCTCTGGGCCACAGGCTTAGAACTCAGAAACCCCTGG CTCAGAATGAGCACCCTGAGCCCCTGCATAGGCTTCAATGTCCTT AAAAACAGCATTTACACAAACCTCAGCAACCTACCTCAGCACAGAG AAGACAGACTTAACATTATTAACAACACATTACACCCACATGACATA ACAGGACCAAACAATAAAAAATGGCAGTACACATATACCAAACTCA TGGCCCCCATTTACTATTCAGCAAACAGGGCCAGCACCTATGACTT	189

[0498]

		ACTACGAGAGTATGGCCTCTACAGTCCATACTACCTAAACCCCACA AGGATAAACCTTGACTGGATGACCCCCTACACACACGTCAGGTAC AATCCACTAGTAGACAAGGGCTTCGGAAACAGAATATACATACAGT GGTGCTCAGAGGCAGATGTAAGCTACAACAGGACTAAATCCAAGT GTCTCTTACAAGACATGCCCCTGTTTTTCATGTGCTATGGCTACAT AGACTGGGCAATTAAAAACACAGGGGTCTCCTCACTAGCGAGAGA CGCCAGAATCTGCATCAGGTGTCCCTACACAGAGCCACAGCTGGT GGGCTCCACAGAAGACATAGGGTTCGTACCCATCACAGAGACCTT CATGAGGGGCGACATGCCGGTACTTGCACCATACATACCGTTGAG CTGGTTTTGCAAGTGGTATCCCAACATAGCTCACCAGAAGGAAGTA CTTGAGGCAATCATTTCCTGCAGCCCCTTCATGCCCCGTGACCAG GGCATGAACGGTTGGGATATTACAATAGGTTACAAAATGGACTTCT TATGGGGCGGTTCCCCTCTCCCCTCACAGCCAATCGACGACCCCT GCCAGCAGGGAACCCACCCGATTCCCGACCCCGATAAGCACCCT CGCCTCCTACAAGTGTCGAACCCGAAACTGCTCGGACCGAGGACA GTGTTCCACAAGTGGGACATCAGACGTGGGCAGTTTAGCAAAAGA AGTATTAAAAGAGTGTCAGAATACTCATCGGATGATGAATCTCTTG CGCCAGGTCTCCCATCAAAGCGAAACAAGCTCGACTCGGCCTTCA GAGGAGAAAACCCAGAGCAAAAAGAATGCTATTCTCTCCTCAAAG CACTCGAGGAAGAAGAGACCCCAGAAGAAGAAGAACCAGCACCC CAAGAAAAAGCCCAGAAAGAGGAGCTACTCCACCAGCTCCAGCTC CAGAGACGCCACCAGCGAGTCCTCAGACGAGGGCTCAAGCTCGT CTTTACAGACATCCTCCGACTCCGCCAGGGAGTCCACTGGAACCC CGAGCTCACATAG	
BAB79326.1	AB064599.1	ACGGCGTGGTGGAGATACAGACGGAGACCGTGGAGAAGATGGAG GAGACGCCGCTGGGGCCTACGAACCCGAAGACCTAGAAGAACTTT TCGCCGCCGCCGAGCAAGACGATATGTGAGTAGAGGGCGGCGCC GCCGATACAGGCGCAGACGCAGACGGGGGCGACGCAGACGGGG ACGCAGACGCAGGCACAGAAAGACTCTCATTGTCAGGCAATGGCA ACCAGACGTTATAAAGAGATGCTTTATCACAGGGTGGCTGCCCCT CATTATCTGTGGAAACGGACACACCCAATTTAACTTTATAACTCACA TGGATGACATTCCACCCAAGAATGCATCCTACGGGGGCAACTTCA CCAACTTGACCTTTAACCTAGCCTGCTTCTATGACGAATTCATGCA CCACAGAAACAGATGGTCAGCCTCTAACCATGACCTAGAGCTAGT GAGATACATCAGAACCAGCCTTAAACTCTACAGACACGAGTCAGTA GACTATATAGTGTGCTACACCACCACAGGCCCCTTCGAGACAAAT GAAATGTCCTACATGCTCACTCACCCTCTGGCCATGCTCCTCAGCA AAAGACACGTAGTTGTGCCTAGCCTAAAAACAAAACCACACGGCA GAAAGTACAAAAAGATAACAATTAAGCCCCCAAAACTGATGCTAAA CAAGTGGTACTTTGCTACAGACCTCTGCCACATAGGCCTCTTCCAG CTCTGGGCCACAGGCCTAGAGCTTAGAAATCCATGGCTCAGATCA GGCACAAACAGCCCTGTTATAGGCTTCTATGTCCTTAAAAACCAAG TTTACAAAAACAGATACAGCAACCTAAACACAACAGAAGCACACAA CGCCAGACAAGACGCATGGAACGAACTAACCCAAACAAAAACTAA CGACAAATGGTACAATTGGCAATATACATACAATAAACTTATGAAG CCAATTTACTATGCAGCTTCAAATGAAAGTAGTAATTCAGCCATGA	190

[0499]

		AAGGAAAAACATATAATTGGAAACATTACAAAGAATATTTTAGCAAC ACACAAACTAAGTGGAAAACAATTATTAAAGACGCCTATGACTTAG TAAGAGAGGAATACCAACAATTATACACCACAACTATGGCATATCC ACCACCATGGCAATCAACCACTTCTAATACAGGCAGACAATACCTA GAACATGACTGTGGCATTTACAGCCCATACTTTCTAACACCACAAA TATATAGCCCAGAATGGCACACAGCCTGGTCCTACATCAGATACAA TCCCCTCACAGACAAAGGCATAGGAAACAGAGTCTGTGTCCAGTA CTGCAGCGAGGCCAGCAGCGACTACAACCCAATAAAGAGCAAGTG TATGTTACAAGACATGCCCTTGTGGATGATGCTGTATGGCTACGCA GACTATGTAGTAAAGAGCACAGGCATACAGTCAGCCTGGACAGAC ATGAGAGTGGCCATCAGATGTCCCTACACAGACCCTAAGCTTGTG GGCAGCACAGAAAACACCATGTTTATCCCCATAGGCCTAGAATTCA TGAACGGAGACATTCCAGACAAAAGGCCCTACATTCCGTTAACCT GGTGGTTTAAGTGGTACCCCATGATTACACACCAGAAAACCGCAAT TGAGGCAATAGTTTCCTGCAGCCCCTTCATGCCCAGAGATCAGGA ACAAGCTAGTTGGGACATAACTGTAGGTTACAAAGCAACCTTCTTA TGGGGCGGGTCCCCGTTACCTCCACAGCCCATTGACGACCCCTG CCAAAAAGGAAAACACGACATTCCCGACCCCGATACAAACCCTCC AAGAATACAAATATCAGACCCGCAACACCTCGGACCGGCGACGCT GTTCCACTCGTGGGACCTCAGACGTGGATATATTAATACAAAAAGT ATTAAAAGAATCTCAGAACACCTCGATGCTAATGAATATTTTTCGAC AGGCGTCGTGTCCAAAAAACCCCGATTCGACACTCCCCACCACGG GCAGCTATCAAACCAAGAAGAAGACGCCTTGTCTATCCTCAGACAA CCCCAAAAAGAGCAAGAAGAGACCACCTCCGAGGAAGAACAAGCA CTCCAAAAAGAAGAGGAGCAAAAAGAAAAGCTCCTACAGCAACTC AGAGTCCAGCGACAGCACCAGCGAGTCCTCAGACAGGGAATCAAA CACCTCATGGGAGACGTCCTCCGACTCAGACAGGGAGTCCACTG GAACCCAGTCCTATAA	
BAB79330.1	AB064600.1	ACGGCCTGGGGATGGTACCGGAGAAGAAGATGGCGCCCATGGAG AAGGAGAAGGTGGGCGATACGCAGAAGAAGACCTAGAAGAACTG TTCGCCGCCGCGGCAGAAGACGATATGTGAGTAGATGGCCGCGC CGCCGATACAGGCGCAGACGCAGACGAACCAGACGTAGGGGGG GACGCAAAAGGAGACACAGACAGACTCTTATACTCAGACAGTGGC AACCAGATGTTATGAAAAAATGTTTTATTACTGGCTGGATGCCCCT CATTATATGTGGCACTGGGAACACTCAATTTAACTTTATAACCCATG AAGACGATGTGCCACCAAAAGGAGCCTCCTATGGAGGCAACCTCA CTAACCTCACCTTCACTCTAGAAGGACTGTATGACGAACACCTACT CCACAGAAACAGGTGGTCCAGATCAAACTTTGATCTAGACCTCAG CAGATACCTCTACACTATAATAAAGCTATACAGACACGAGTCTGTA GACTACATAGTCACCTACAACAGAACAGGCCCCTTTGAAATAAGCC CACTCAGCTACATGAACACACACCCTATGCTAATGCTCCTAAACAA GCACCACGTAGTGGTGCCAAGCCCAAAAACAAAGCCCAAAGGCAA GAGGGCCATTAAAATTAAAATAAAGCCACCTAAACTAATGCTAAAC AAATGGTACTTTGCAAGAGACACGTGTAGAATAGGCCTCTTTCAGC TCTATGCCACAGGGGCTAACCTAACAAACCCCTGGCTCAGGTCAG GCACAAACAGCCCTGTAGTGGGATTCTATGTAATTAAAAACTCCAT	191

[0500]

		ATATCAAGACGCCTTTGATAACCTGGCAGACACAGAACATACAAAC CAAAGAAAAAATGTATTTGAAAACAAACTATATCCCACTACAACAAC TAACAAAGACAACTGGCAATACACATACACATCCCTCATGAAAAAC ATATACTTTAAAACAAAACAAGAAGCAGAAAACCAAACAATGAGTA GCACATACAACTTTGACACATACAAAACAAACTATGACAAAGTAAG AACTAAATGGATAAAAATAGCTGAAGATGGCTATAAACTAGTATCA AAAGAATACAAAGAAATATACATCAGTACAGCCACATACCCTCCAC AATGGAATTCAAGAAACTACCTTAGCCATGACTATGGCATTTATAG TCCTTACTTTTTAACACCCCAAAGATACAGCCCCCAATGGCACACA GCATGGACATATGTCAGATACAACCCACTAACAGACAAAGGCATA GGCAACAGAATATTTGTTCAGTGGTGCTCAGAAAAAAACAGCTCAT ACAACAGCACAAAAAGCAAGTGCATGCTACAAGACATGCCCCTTTT TATGCTAACCTATGGGTACCTAGACTATGTACTAAAATGCGCAGGC TCTAAATCAGCCTGGACAGACATGAGAGTCTGTATCAGAAGCCCAT ACACAGAACCACAGCTTACAGGCAACACAGATGATATTAGTTTTGT TATAATATCAGAGGCCTTCATGAACGGGGACATGCCCTACCTAGCT CCACACATACCCGTTAGTCTGTGGTTTAAGTGGTACCCCATGATAT TACACCAGAAGGCAGCTTTAGAAACCATAGTTTCCTGTGGACCGTT TATGCCCAGAGACCAGGAAGCCAACTCTTGGGACATAACCGCAGG TTACAAAGCAGTTTTTAAGTGGGGTGGGTCCCCTCTGCCTCCACA GCCTATCGACGACCCCTACCAAAAACCCACCCACGAAATACCCGA CCCCGATAAGCACCCTCCAAGACTACAAATTGCAGACCCGAAAAT CCTCGGACCGTCGACAGTCTTCCACACATGGGACATCAGACGTGG CCTCTTTAGCACAGCAAGTCTTAAGAGAGTGTCAGAATACCAACCG CCTGATGACCTTTTTTCAACAGGCGTCGCATCCAAAAGACCCCGAT TCGACACTCCAGTCCAAGGGCAGCTCGAAAGCCAAGAAGAAGAAA GCTATCGTTTACTCAGAGCACTCCAAAAAGAGCAAGAGACAAGCA GCTCGGAAGAGGAGCAGCCACAAAACCAAGAGATCCAAGAAAAAC TACTCCTCCAGCTCCAGCAGCAGCGACAACAGCAGCGACTCCTCG CAAAGGGAATCAAGCACCTCCTCGGAGATGTCCTCCGACTCCGAA AAGGAGTCCACTGGGACCCGGTCCTTACATAG	
BAB79334.1	AB064601.1	ACGGCGTGGTACAGAAGAAGAAGGTGGAGACCGTGGAGAAGACG CCGCAGACCGTGGACCCTACGCAGAAGAAGAGCTAGAAGATTTGT TCGCCGCCGCCCGAGAAGACGATATGTGAGTAGATGGCGGCGCC GCCGATACAGGCGCAGACTAAGACGGGGGAGACGACGAAGGGG ACGCAGACGCAGAAAAGAAACTATAATAGTGAGACAGTGGCAGCC AGATGTAATGAGAAACTGTTATATTACTGGCTTCCTACCTCTCATAG TCTGTGGCTCAGGCAACACTCAATTTAACTTTATCACACATGAGAA TGACATACCCCCAAGGGGAGCCTCCTATGGGGGCAACCTCACCAA CATAACCTTCACCCTAGCGGCACTATATGACCAGTACTTGCTACAC AGAAACAGGTGGTCCAGGTCAAACTTTGACCTAGACCTAGCCAGA TACATTAACACAAAACTAAAACTATACAGACATGACTCAGTAGACTA CATAGTAACCTACAACAGAACAGGTCCCTTTGAGGTGAATCCACTA ACATACATGCACACTCACCCCCTACTCATGCTCGTGAACAGGCAC CACATAGTGGTGCCCAGTTTAAAAACAAAACCCAGAGGCAAAAGA TACATAAAAGTAAAAATAAAGCCTCCAAAACTAATGCTAAACAAGT	192

[0501]

		GGTACTTTGCGAAAGACATCTGCCCACTAGGCCTCTTCCAGCTATA TGCTACCGGCCTAGAACTCAGAAACCCCTGGATCAGAGAGGGCAC AAACAGCCCCATAGTAGGGTTTTATGTTTTAAAACCCTCACTATATA ATGGAGCCATGTCAAACTTAGCAGACACAGAACATTTAAACCAAAG ACAAACCCTATTTAACAAACTACTTCCAACACAAAACCAAAAAGAC GAATGGCAATACACATACAACAAACCAATGCAAAAAATATATTATG AAGCAGCAAACAAGCAAGATAGTGGCTTTAAAAATACAACATATAA CTGGACAAACTACAAAACTAACTACCAAAAAGTACAATCACAATGG CAAACTGTAGCACAACAAAACTACAACCAAGTATACAATGAATTTA AAGAGGTATACCCACTAACAGCTACATGGCCACCGCAATGGAATG CTAGACAATACATGTCACACGACTTTGGCATATACAGCCCATACTT TTTGTCACCTGCAAGATTTACAGACTACTGGCACAGTGCATACACC TATGTCAGATACAACCCCATGTCAGACAAAGGCATAGGTAACATAA TCTGCATACAATGGTGCAGTGAAAAAAACAGTGAATTTAATGAGAC TAAAAACAAGTGCATACTAAGAGACATGCCACTTTACATGCTAACA TATGGCTACCTAGACTATACCACAAAATGCACAGGCTCCAACTCCA TCTGGACAGACGCCAGAGTAGCCATCAGATGTCCATACACAGATC CCCCACTATCAAATCCAACTAACAAAAACACACTTTATATTCCACTA TCTACATCTTTCATGCAAGGAGACATGCCCTGGCCAACCACAAACA TTCCGTTAAAGATGTGGTTTAAGTGGTATCCCATGATCATGCACCA GAGGGCCTGTTTAGAAACCATAGTTTCCTGTGGACCGTTTATGCCC AGAGACCAAACCGCAAGCAGTTGGGACATAACTATTGCATACAGA GCCTTTTTTAAATGGGGTGGCAATCCTCTGCCTCCACAGCCCATC GACGACCCCTGCCAAAAAGACACCCACGAAATACCCGACCCCGAT AAACACCCTAGAGGAATACAAATATCAGACCCGAAGGTACTCGGA CCACCCACAGTCTTCCACACATGGGACATCAGACGTGGACTGTTT AGCTCGACGAGTCTTAAAAGAGTGTCAGAATACCAACCGCCTGAT GACCCTTTTTCAACAGGCGTCGTCTTCAAAAGACCCCGACTGGAA ACCCAGTACAAAGGAACCCAAGAAACCCCAGAAGAAGACGCCTAC ACTTTACTCAAAGCACTCCAAAAAGAGCAAGAGAGCAGCAGCTCG GAAGAAGAACTCCCACAAGAAGAGCAAGAGATCCAAAAAACACAA CTCCTCAAGCAGCTCCAACTCCAGCAGCAGCAACAGCGAATCCTC AAGAGGGGAATCAGACACCTCTTCGGAGACGTCCTCCGACTCAGA AAAGGAGTCCACTCCAACCCAGACCTATTATAA	
BAB79338.1	AB064602.1	ACGGCCTGGTACCGGTACAGAAGAAGGCCATGGCGCCGAAGGAG GCGACCGAGGTGGGGCCTACGCAGAAGAAGATTTAGAAGATCTTT TCGCGGCCGCGGAAGAAGACGATATGTGAGTAGATGGTCGCGCC GCCGATACAGGCGCAGACGGAGAAGGGGGCGACGTAGACGGGG ACGCAGACGAAGAAAGAGACAGACTCTTATACCGAGACAGTGGCA GCCAGATGTTACTAAAAAGTGCTTCATTACTGGCTGGATGCCCTTA ATAATCTGTGGGACTGGACACACACAATTTAACTTTATAACCCACG AAGAGGATATCCCCGGTGCAGGAGCCTCCTATGGAGGAAACCTTA CAAACATTACCATTACTCTGGGAGGGCTATATGAACAATATATGCT TCACAGAAACCACTGGTCCAGAAGCAACTATGACCTAGAGCTGGC CAGATACCTAGGCTTCACCCTAAAATGCTACAGACATGCAACAGTA GACTATATACTTACATACAGCAGAACAACACCCTTTGAGACCAATG	193

[0502]

		AACTGAGCCACATGCTAACTCACCCCTTACTAATGCTACTAAACAA ACATCACAGAGTAATACCCAGCTTAAAAACAAGGCCAAAAGGAAAA AGGTCAGTTAGAATCCACATTAAACCCCCAAAACTAATGATAAACA AATGGTACTTTGCAAAAGACCTCTGTAACATAGGACCCTGTCAAAT ATATGCCACAGGCCTAGAACTCTCAAACCCCTGGCTAAGATCAGG CACAAACAGCCCTGTAATAGGCTTTTGGGTACTTAAAAATCACCTA TATGATGGCAACCTCTCAAACATAGCCTCAGGTGAACAATTAACAG CCAGACAAACTCTATTTACAACTAAATTACTCCCAAGTAATAACACC AAAGACGAATGGCAATACGCCTATACCCCACTAATGAAAACATTCT ACACACAAGCAGCCAACACAGCAGCACATAACATAACAGACAAAA CATACAACTGGAAAAACTACAAAACTCACTATGACAAAGTACAACA AACATGGACAACAAAAGCACAATTTAATTATGACTTAGTTAAAGAA GAATACAAAACGGTATATCCAACCACAGCTACATTCCCACCAGAGT GGTCAAACAGACAATATCTAGAACATGACTATGGCTTATTCAGCCC TTATTTTCTAACACCAAACAGATACAGCACAGAGTGGCACATGCCA ATTACCTATGTTAGATACAACCCACTAGCAGACAAAGGCATAGGCA ACAGAATATACATGCAGTGGTGCTCAGAAAGCAGCAGCAGCTTTG AGCCCACCAAAAGCAAGTGCATGCTACAAGACATGCCACTATACAT GCTCACATATGGATACCTAGACTATGTTGTTAAATGCACAGGTGTT AAATCAGCCTGGACAGACATGAGAGTGGCCATTAGAAGCCCCTAC ACCTTTCCTCAACTAATAGGCAGCACAGATAAAGTGGGCTTCATCC CCCTAGGTGAAAAATTCATGAGCGGAGACACAGACCCCGTTAAAA ACTTTATACCGTTAAAGTATTGGTACAGATGGTATCCGTTTGCGGC TAACCAAAAGTCAGTTTTAGAAACCATAGTTTCCTGTGGCCCCTTC ATGCCCAGAGATCAGGAAGCAGGCTCTTGGGACATAACTGTAGGT TACAAAGCAACCTTTAAACGGGGGGGCTCCCCTCTACCTCCACAG CCCATCGACGACCCATGCCAAAAGCCCACCCACGACCTTCCCGAC CCCGATAGACACCCCCCAAGAATACAAATCTCGGACCCGGCAAGA CTCGGACCGGAGACGCTCTTCCACTCATGGGACATCAGACGTGGA TACATTAACACAAAAGCTATTAAAAGAATCTCAGATTACACAGAATC TAATGACTATTTTTCAACAGGCGTCGTGTCAAAAAGACCCCGATTG GAAACCCAGTACCACGGCCAACACGAAAGCCAAGAAGAAGACGC CTATCTTTTACTCAAACAACTCCAGGAAGAGCAAGAAACGAGCAGT TCGGAGGGAGAACAAGCACCCCAAGAAAAAACACTCCAAAAAGAA AAGCTCCTCAAGCAGCTGCAGCTCCACAAGCAGCAGCAGCAACTC CTCAGAAAAGGAATCAGACACCTCCTCGGGGACGTCCTCCGACTC AGACGGGGAGTCCACTGGGACCCAGGCCTATAG	
BAB79342.1	AB064603.1	ACGGCGTGGTGGTGGGGCCGATGGAGACAGCGCCGCTGGGGCC GCCGCCGCCGCAGACCATGGAGGGTACGACGAAGGAGACCTAGA AGATCTTTTCGCCGCCGCCGCCGAGGACGATATGTGAGTAGGCG GAGGCGCCGCCGCTACTACAGGCGCAGACTAAGACGGGGCAGAC GCAGAGGGCGACGAAAGAGACACAGACCGACCCTAATACTGAGG CAGTGGCAACCTGACGTTGTTAAACACTGTAAGATAACAGGATGG ATGCCCCTCATTATCTGTGGCTCTGGCAGCACACAGATGAACTTTA TAACCCACATGGACGATACTCCTCCCATGGGATACACCTACGGGG GCAACTTTGTAAATGTGACTTTCAGCTTAGAGGCCATCTATGAACA	194

[0503]

		GTTCCTATATCACAGAAACAGATGGTCCAGATCTAACCATGACTTA GACCTAGCCAGGTACCAAGGAACCACCTTAAAACTCTACAGACAC GCCACAGTAGACTACATACTTTCCTACAACAGGACAGGACCCTTCC AGATCAGTGAGATGACATACATGAGCACTCACCCAGCAATAATGCT ACTAATGAAACACAGAATAGTTGTGCCCAGCCTTAGAACAAAGCCT AAAGGCAGGCGCTCCATAAAAATTAGAATAAAGCCCCCCAAACTTA TGCTAAACAAGTGGTACTTTACCAAAGACATATGCTCCATGGGCCT CTTCCAACTAATGGCCACCGGAGCAGAACTCACTAACCCCTGGCT CAGAGACACCACAAAAAGCCCAGTAATAGGCTTCAGAGTTCTAAAA AACAGTGTTTACACCAACTTATCTAACCTAAAAGACGTATCCATATC AGGAGAAAGAAAATCCATCTTAAACAAAATTCACCCAGAAACTCTC ACAGGATCAGGCAATGCATCTAAAGGGTGGGAATACTCATACACA AAACTAATGGCGCCCATATACTATTCAGCAGTTAGAAACAGCACAT ACAACTGGCAAAACTACCAAACACACTGCGCAACAACAGCTATCAA ATTTAAAGAAAAACAAACCAGTACTCTAACTCTTATTAAAGCAGAGT ACTTATACCACTACCCAAACAATGTCACACAGGTAGACTTCATAGA TGACCCCACACTCACACATGACTTTGGCATATACAGCCCATACTGG ATAACACCTACCAGAATAAGCCTAGACTGGGACACACCATGGACA TATGTCAGATACAACCCACTCTCAGACAAAGGCATAGGCAACAGAA TCTATGCACAGTGGTGCTCAGAAAAAAGCAGCAAATTAGACACCAC AAAGAGCAAATGCATACTAAAAGACTTTCCACTATGGTGCATGGCC TATGGCTACTGTGACTGGGTAGTAAAATGTACAGGAGTGTCCAGT GCATGGACAGACATGAGAGTAGCCATCATCTGCCCGTACACAGAA CCGGCACTTATAGGGTCAGATGAAAATGTAGGCTTTATTCCAGTAA GTGACACCTTTTGCAACGGAGACATGCCGTTTCTTGCACCATACAT CCCTATTACATGGTGGATCAAGTGGTACCCCATGATTACACACCAA AAGGAAGTTCTTGAGGCAATAGTAAACTGTGGACCGTTTGTCCCC CGAGACCAAAGTTCCCCAGCTTGGGAAATCACCATGGGTTACAAA ATGGATTGGAAATGGGGCGGCTCTCCCCTGCCTTCACAGGCAATC GACGACCCCTGCCAGAAGCCCACCCATGAGCTACCCGATCCCGAT AGACACCCTCGCATGTTACAAGTCTCTGACCCGACAAAGCTCGGA CCGAAGACAGTGTTCCACAAATGGGACTGGAGACGTGGGCAACTT AGCAAAAGAAGTATTAAAAGAGTCCAAGAAGACTCAACGGATGAT GAATATGTTACAGGGCCTTTATCAAGAAAAAGAAACAAGCTCGACA CAAAGATGCCAGGCCCCCCAACCCCCGAAAAAGAAAGCTACACTT TACTCCAAGCCCTCCAAGAGTCGGGCCAGGAGAGCAGCTCCCAG GACGAAGAACAAGCACCCCAAAAAGAAGAGAACCAGAAAGAAGCG CTCGTGGAGCAGCTCCAGCTCCAGAAACAGCACCAGCGAGTCCTC AAGCGAGGCCTCAAACTCCTCTTGGGAGACGTCCTCCGACTCCGC CGCGGAGTCCACTGGGACCCCCTCCTATCCTAA	
BAB79346.1	AB064604.1	ATGGCATGGGGATGGTGGAAACGAAAGCGGCGCTGGTGGTGGAG AAAGCGGTGGACCCGTGGCCGACTTCGCAGACGATGGCCTAGAC GATCTCGTCGCCGCCCTCGACGAAGAAGAGTAAGGAGGCGGAGG AGGTGGAGGAGAGGGCGACCGAGACGCAGACTGTACAGACGCG GGAGACGGTACAGACGAAAACGGAAGAGGGCTAAGATAACTATAA GACAATGGCAGCCAGCCATGACGAGACGCTGTTTTATAAGGGGAC	195

[0504]

		ACATGCCCGCTTTAATATGTGGCTGGGGGGCGTACGCCAGCAACT ACACCAGCCACCTGGAGGACAAAATAGTTAAAGGACCCTACGGAG GGGGACACGCCACTTTTAGATTCTCCCTACAAGTACTGTGCGAGG AGCATCTAAAACACCACAATTACTGGACTAGAAGTAACCAAGACCT AGAACTAGCTCTGTACTACGGAGCCACTATTAAATTTTACAGAAGC CCAGACACAGACTTTATAGTAACATACCAGAGAAAATCCCCCCTTG GAGGCAACATACTAACAGCTCCTTCACTACACCCAGCAGAGGCCA TGCTAAGCAAAAACAAAATACTAATACCGAGCTTACAAACAAAACC CAAAGGAAAAAAGACTGTAAAAGTTAACATACCACCCCCCACCCTT TTTGTACATAAGTGGTACTTTCAGAAGGACATATGTGACCTAACAC TGTTTAACTTGAACGTTGTTGCGGCTGACTTGCGGTTTCCGTTCTG CTCACCACAAACTGACAACGTTTGCATCACCTTCCAGGTACTAGCC GCAGAGTACAACAACTTCCTCTCTACAACTTTAGGCACTACAAATG AATCCACTTTTATAGAAAACTTTTTAAAAGTTGCATTTCCAGATGAC AAACCTAGGCATTCAAACATTTTAAACACATTTAGAACAGAAGGAT GCATGTCTCACCCCCAACTACAAAAATTTAAACCACCAAACACAGG ACCAGGCGAAAACAAATACTTTTTTACACCAGACGGACTATGGGGA GACCCCATATACATATACAATAACGGAGTACAACAACAAACTGCAC AACAAATTAGAGAAAAAATTAAAAAAAACATGGAAAATTACTATGCC AAAATAGTAGAAGAAAACACAATAATAACAAAAGGATCAAAAGCAC ACTGCCATCTAACAGGCATATTTTCACCACCATTCTTAAACATAGGT AGAGTAGCCAGAGAATTTCCAGGACTATACACAGACGTTGTCTATA ATCCATGGACAGATAAAGGCAAAGGAAACAAAATATGGTTAGACA GCCTAACAAAAAGCGACAATATATATGACCCAAGACAAAGCATTCT ACTAATGGCAGACATGCCACTATACATAATGTTAAATGGATATATA GACTGGGCAAAAAAAGAAAGAAACAACTGGGGCTTAGCTACACAA TACAGACTACTACTAACATGTCCCTACACATTCCCAAGACTATACG TAGAAACAAACCCAAACTATGGATATGTACCATATTCAGAATCATTT GGAGCAGGCCAAATGCCAGACAAAAACCCCTACGTACCAATTACA TGGAGAGGCAAATGGTACCCTCACATACTTCATCAAGAGGCAGTT ATAAATGACATAGTAATATCAGGCCCATTCACACCAAAAGACACAA AACCAGTAATGCAATTAAACATGAAATACTCGTTTAGATTCACATGG GGCGGCAATCCTATTTCCACACAGATTGTTAAAGACCCCTGCACC CAGCCCACCTTTGAAATACCCGGTGGCGGTAACATCCCTCGCAGA ATACAAGTCATCAATCCGAAAGTCCTCGGACCCAGCTACAGTTTCA GATCCTTTGACCTCAGACGTGACATGTTTAGCGGCTCGAGTCTTAA AAGAGTCTCAGAACAACAAGAGACTTCTGAGTTTTTATTCTCCGGC GGCAAACGCCCCAGGATCGACCTTCCCAAGTACGTCCCGCCAGAA GAAGACTTCAATATCCAAGAGAGACAACAAAGAGAACAGAGACCG TGGACGAGCGAAAGCGAGAGCGAAGCAGAAGCCCAAGAAGAGAC GCAGGCGGGCTCGGTCCGAGAGCAGCTCCAGCAGCAGCTCCAAG AGCAGTTTCAACTCCGAAGAGGGCTCAAGTGCCTCTTCGAGCAGT TAGTCAGAACCCAACAGGGAGTCCACGTAGATCCCTGCCTCGTGT AG	
BAB79354.1	AB064606.1	ATGGCATGGGGATGGTGGAAGCGACGGCGGCGCTGGTGGTTCCG GAAGCGGTGGACCCGTGGCAGACTTCGCAGACGATGGCCTCGAT	196

[0505]

		CAGCTCGTCGCCGCCCTAGACGACGAAGAGTAAGGAGACGCAGA CGATGGAGGAGGGGGCGACCTAGACGCAGACTGTACCGACGCTA CAGACGCAAAAAACGTAGGAGACGAAAGCCCAAAACAGTTTTAAA ACAATGGCAGCCAGACATTACAAAGAGGTGCTACATAATAGGCTA CATTCCTGCCATAATATGCGGGGCGGGCACCTGGTCTCACAACTA CACCAGCCACCTGCTAGATATTATCCCCAAGGGACCGTTTGGAGG GGGACACAGCACCATGAGATTCTCCCTAAAAGTGCTCTTCGAAGA GCACCTGAGACACCTAAACTTTTGGACACGTAGTAACCAGGATTTA GAACTTGTAAGATACTTTAGATGCTCCTTTAGGTTCTACAGAGACC AACACACAGACTATCTTGTACACTACAGCAGAAAAACACCCCTGGG AGGCAACAGACTGACAGCACCTAGCCTTCACCCAGGGGTACAGAT GCTAAGCAAAAACAAAATAATAGTACCCAGCTATGATACTAAACCT AAGGGCAAAAGCTATGTAAAAGTAACTATAGCACCCCCCACTCTAC TAACTGACAAGTGGTACTTTAGCAAAGACATTTGTGACACAACCTT GGTTAACTTAGACGTTGTACTCTGCAACTTGCGGTTTCCGTTCTGC TCACCACAAACTGACAACCCTTGCATCACGTTTTCCGTTCTTCACT CCATCTACAACGACTTCCTCTCTATAGTAGATACTGGAAACTATAAA ACACAATTTGTGTCAAACTTATCTACAAAAGTAGGTACTGACTGGG GAAAAAGACTAAACACATTTAGAACAGAAGGCTGCTACTCTCACCC TAAATTACCCAAAAAGGCAGTAACACCTGGAAATGACAAAACATAC TTTACTGTACCCGATGGCTTATGGGGAGACGCTGTATTTAATGCAG AGGCAAGCAATATAATTACTAAAAACATGGAGTCATACAGCGAGTC TGCAAAAGCCAGAGGAGTGCAAGGAGACCCTGCATTTTGCCACCT TACAGGCATATACTCACCTCCCTGGCTAACACCAGGTAGAATATCC CCGGAGACTCCAGGACTTTACACAGACGTGACTTACAACCCATAC GCAGACAAAGGAGTGGGTAACAGAATATGGGTTGACTACTGCAGT AAAAAAGGCAATAAATATGACAATACAAGTAAATGCCTTTTAGAAG ACATGCCACTATGGATGGTCACCTTTGGCTATGTAGACTGGGTAAA AAAAGAAACTGGCAACTGGGGTATTCCACTGTGGGCCAGAGTACT GATAAGATGCCCTTACACAGTACCAAAACTTTACAATGAAGCAGAC CCAAACTACGGATGGGTCCCTTACTCCTACTACTTTGGAGAAGGAA AAATGCCAAACGGAGACCTGTACGTACCCTTTAAAATTAGAATGAA GTGGTACCCGTCCATGTGGAACCAAGAACCAGTACTAAATGACTTA GCAAAGAGCGGACCGTTTGCATACAAAGACACAAAAACCAGTGTG ACTGTGACTGCTAAATACAAATTTACATTTAACTTCGGGGGCAACC CCGTACCCTCACAGATTGTACAAGATCCCTGCACACAGTCCACCTA TGACATCCCCGGCACCGGTAACTTGCCTCGCAGAATACAAGTCAT TGACCCGAAAGTCCTCGGTCCCCACTACTCATTCCACCGCTGGGA CTTCAGGCGTGGCCTCTTTGGCCAACAAGCTATTAAGAGAGTGTC AGAACAACCAACAACTTCTGAGTTTTTATTCTCAGGTCCAAAGAGA CCCAGAATCGATCAAGGGCCTTACATCCCGCCAGAAAAAGGCTCA GATTCACTCCAAAGAGAATCGAGACCGTGGAGCAACTCGGAGACC GAGGCAGAGACAGAAGCCCCCTCGGAAGAAGAGCCGGAGAACCA AGAAGAACAAGTACTCCAGTTGCAGCTCCGACAGCAGCTCCGAGA ACAGCGAAAACTCAGACAGGGAATCCAGTGCCTCTTCGAGCAACT GATAACAACCCAACAGGGGGTTCACAAAAACCCATTGCTAGAGTA	

[0506]

		G	
ABD34286.1	DQ186994.1	ATGGCGTGGTCGTGGTGGTGGAGGCGACGGAAACGCTGGTGGCC GCGCAGAAGGAGGCGATGGAGGAGATTTCGCACCCGAAGAGCTA GACGAGCTGTTCCGCGCCGTCGCCGCCGACGAAGAGTAAGGAGG CGCCGGTGGGGGAGGCGAAGACGTAGGAGACGGGTTTTTTATAA GAGACGCAGACGAAAGACTGGCAGACTGTACAGAAAGCCCAAAAA GAAACTAGTACTGACTCAGTGGCACCCCACTACCGTCCGCAACTG CTCCATCCGAGGCCTTGTGCCTCTAGTACTCTGCGGACACACTCA GGGCGGCAGAAACTTTGCTCTCAGGAGCGATGACTACCCCAAGCA GGGGTCTCCTTACGGAGGCAGTTTTAGCACTACAACCTGGAACTT GAGGGTCCTTTTTGACGAACACCAAAAACACCACAACACGTGGAG CTACCCCAATAACCAGCTAGACCTGGGCAGATACAAGGGCTGCAC CTTCTACTTTTACAGAGACAAAAAGACAGACTACATAGTAAAGTTTC AGAGGAGGGGACCCTTTAAAATAAACAAGTACAGCAGTCCCATGG CCCATCCGGGCATGATGATGCTAGATAAGATGAAAATCCTGGTGC CCAGCTTTGATACCAGGCCCGGGGGTCGCAGAAGAGTAAAAGTAA CTATCCGCCCCCCCACTCTGTTAGAGGACAAGTGGTACACCCAGC AAGACCTGGCGCCCGTTAATCTTGTGTCACTTGTGGTTTCTGCGG CTAGCTTCATACATCCGTTTAGCCAACCACAAACGAACAACATTTG CACAACCTTCCAGGTGTTGAAAGACATGTACTATGACTGCATAGGA ATTAATTCCACTTTAACAACCAAGTATGAAAACTTATTTAATAAACTA TATTCCAAATGCTGCTACTTTGAAACCTTTCAAACAATAGCCCAGCT AAATCCTGGCTTTAAAGCTGCTAAAAAGACTACTAATGGTTCTGGT TCTACAGCTGCAACACTAGGAGACGCAGTAACTGAACTTAAAAACC CAAATGGTACTTTTTACACAGGCAACAATAGCACCTTTGGCTGCTG CACATATAAACCCACTAAAGAAATAGGTAGTAATGCCAATAAGTGG TTCTGGCATCAGTTAACAGCCACAGATTCAGACACACTAGGCCAAT ACGGCCGTGCCTCCATTAAGTATATGGAGTACCACACAGGCATTTA CAGCTCAATTTTTCTTAGCCCACTAAGAAGCAATCTAGAATTCCCTA CAGCATACCAAGATGTAACATATAATCCACTAACTGACAGAGGTAT AGGTAACAGAATCTGGTACCAGTACAGTACCAAAGAAAACACTACA TTTAATGAAACACAGTGCAAATGTGTACTATCAGACTTGCCACTGT GGAGCATGTTTTATGGCTATGTAGATTTTATAGAGTCAGAACTAGG CATCTCAGCAGAGATACACAACTTTGGCATAGTATGTGTCCAGTGC CCCTACACGTTTCCCCCAATGTTTGACAAATCCAAACCAGATAAAG GCTACGTGTTCTATGACACCCTTTTTGGCAACGGAAAGATGCCAGA CGGGAGCGGACACGTACCCACCTACTGGCAGCAGAGGTGGTGGC CCAGATTCAGCTTCCAGAGACAAGTGATGCACGACATTATCCTCAC CGGGCCCTTCAGCTACAAAGATGACTCTGTAATGACTGGCATAAC CGCAGGCTACAAGTTTAAATTCTCATGGGGCGGTGATATGGTCTC CGAACAGGTCATTAAAAACCCAGAGAGAGGGGACGGACGAGACT CCACCTATCCCGATAGACAGCGCCGCGACTTACAAGTTGTTGACC CACGCTCCATGGGCCCCCAATGGGTATTCCACACCTTTGACTACA GACGGGGGCTTTTTGGAAAGGACGCTATTAAGCGAGTGTCAGAAA AACCGACAGATCCTGACTACTTTACAACACCTTACAAAAAACCAAG ATTTTTCCCTCCAACAGCAGGAGAAGAAAAACTGCAAGAAGAAGA	197

		CTCCGCTTTACAGGAGAAAAGAAGCCCGCTCTCGTCAGAAGAGGG GCAGACGAGGGCGCAAGTCCTCCAGCAGCAGGTCCTCCAGTCGG AGCTCCAGCAGCAGCAGGAGCTCGGGGAGCAGCTCAGATTCCTC CTCAGGGAAATGTTCAAAACCCAAGCGGGCATACACATGAACCCC CGCGCATTTCAGGAGCTGTAA	
ABD34288.1	DQ186995.1	ATGGCGTGGTCGTGGTGGTGGAGGCGACGGAAACGCTGGTGGCC GCGCAGAAGGAGGCGATGGAGGAGATTTCGCACCCGAAGAGCTA GACGAGCTGTTCCGCGCCGTCGCCGCCGACGAAGAGTAAGGAGG CGCCGGTGGGGGAGGCGAAGACGTAGGAGACGGGTTTTTTATAA GAGACGCAGACGAAAGACTGGCAGACTGTACAGAAAGCCCAAAAA GAAACTAGTACTGACTCAGTGGCACCCCACTACCGTCCGCAACTG CTCCATCCGAGGCCTTGTGCCTCTAGTACTCTGCGGACACACTCA GGGCGGCAGAAACTTTGCTCTCAGGAGCGATGACTACCCCAAGCA GGGGTCTCCTTACGGAGGCAGTTTTAGCACTACAACCTGGAACTT GAGGGTCCTTTTTGACGAACACCAAAAACACCACAACACGTGGAG CTACCCCAATAACCAGCTAGACCTGGGCAGATACAAGGGCTGCAC CTTCTACTTTTACAGAGACAAAAAGACAGACTACATAGTAAAGTTTC AGAGGAGGGGACCCTTTAAAATAAACAAGTACAGCAGTCCCATGG CCCATCCGGGCATGATGATGCTAGATAAGATGAAAATCCTGGTGC CCAGCTTTGATACCAGGCCCGGGGGTCGCAGAAGAGTAAAAGTAA CTATCCGCCCCCCCACTCTGTTAGAGGACAAGTGGTACACCCAGC AAGACCTGGCGCCCGTTAATCTTGTGTCACTTGTGGTTTCTGCGG CTAGCTTCATACATCCGTTTAGCCAACCACAAACGAACAACATTTG CACAACCTTCCAGGTGTTGAAAGACATGTACTATGACTGCATAGGA ATTAATTCCACTTTAACAACCAAGTATGAAAACTTATTTAATAAACTA TATTCCAAATGCTGCTACTTTGAAACCTTTCAAACAATAGCCCAGCT AAATCCTGGCTTTAAAGCTGCTAAAAAGACTACTAATGGTTCTGGT TCTACAGCTGCAACACTAGGAGACGCAGTAACTGAACTTAAAAACC CAAATGGTACTTTTTACACAGGCAACAATAGCACCTTTGGCTGCTG CACATATAAACCCACTAAAGAAATAGGTAGTAATGCCAATAAGTGG TTCTGGCATCAGTTAACAGCCACAGATTCAGACACACTAGGCCAAT ACGGCCGTGCCTCCATTAAGTATATGGAGTACCACACAGGCATTTA CAGCTCAATTTTTCTTAGCCCACTAAGAAGCAATCTAGAATTCCCTA CAGCATACCAAGATGTAACATATAATCCACTAACTGACAGAGGTAT AGGTAACAGAATCTGGTACCAGTACAGTACCAAAGAAAACACTACA TTTAATGAAACACAGTGCAAATGTGTACTATCAGACTTGCCACTGT GGAGCATGTTTTATGGCTATGTAGATTTTATAGAGTCAGAACTAGG CATCTCAGCAGAGATACACAACTTTGGCATAGTATGTGTCCAGTGC CCCTACACGTTTCCCCCAATGTTTGACAAATCCAAACCAGATAAAG GCTACGTGTTCTATGACACCCTTTTTGGCAACGGAAAGATGCCAGA CGGGAGCGGACACGTACCCACCTACTGGCAGCAGAGGTGGTGGC CCAGATTCAGCTTCCAGAGACAAGTGATGCACGACATTATCCTCAC CGGGCCCTTCAGCTACAAAGATGACTCTGTAATGACTGGCATAAC CGCAGGCTACAAGTTTAAATTCTCATGGGGCGGTGATATGGTCTC CGAACAGGTCATTAAAAACCCAGAGAGAGGGGACGGACGAGACT CCACCTATCCCGATAGACAGCGCCGCGACTTACAAGTTGTTGACC	198

[0507]

[0508]

		CACGCTCCATGGGCCCCCAATGGGTATTCCACACCTTTGACTACA GACGGGGGCTTTTTGGAAAGGACGCTATTAAGCGAGTGTCAGAAA AACCGACAGATCCTGACTACTTTACAACACCTTACAAAAAACCAAG ATTTTTCCCTCCAACAGCAGGAGAAGAAAAACTGCAAGAAGAAGA CTCCGCTTTACAGGAGAAAAGAAGCCCGCTCTCGTCAGAAGAGGG GCAGACGAGGGCGCAAGTCCTCCAGCAGCAGGTCCTCCAGTCGG AGCTCCAGCAGCAGCAGGAGCTCGGGGAGCAGCTCAGATTCCTC CTCAGGGAAATGTTCAAAACCCAAGCGGGCATACACATGAACCCC CGCGCATTTCAGGAGCTGTAA	
ABD34290.1	DQ186996.1	ATGGCATGGGGATGGTGGAGATGGCGGCGCCGCTGGCCCGCCA GACGCTGGAGGAGACGCCGTCGCCGGCGCCCCGTACGGAGAAC AAGAGCTCGCCGACCTGCTCGACGCTATAGAAGACGACGAACAGT AAGAACCAGGCGGAGGCGGTGGGGGCGCAGACGGTACAGACGG GGCTGGAGACGCAGGACTTATGTGAGGAAGGGGCGACACAGAAA AAAGAAAAAGAGACTCATACTGAGACAGTGGCAGCCCGCCACCAG ACGCAGATGCACCATAACAGGGTACCTGCCCATAGTGTTCTGCGG CCACACTAAGGGCAATAAAAACTACGCCCTACACTCTGACGACTAC ACCCCCCAAGGACAGCCATTTGGAGGGGCTCTAAGCACTACCTCA TTCTCTTTAAAAGTACTGTTTGACCAGCATCAGAGAGGACTGAATA AGTGGTCGTTCCCCAACGACCAACTAGACCTGGCCAGATACAGGG GCTGCAAATTCTACTTTTACAGGACAAAACAGACTGACTGGATAGG CCAGTATGATATATCAGAGCCCTACAAGCTAGACAAGTACAGCTGC CCCAACTACCACCCGGGAAACATGATTAAAGCAAAGCACAAATTTT TAATTCCCAGCTATGACACTAATCCCAGGGGCAGACAAAAAATTAT AGTTAAAATTCCCCCCCCAGACCTCTTTGTAGACAAGTGGTACACT CAGGAAGACCTGTGTTCCGTTAATCTTGTGTCACTTGCGGTTTCTG CGGCTTCCTTTCTCCACCCATTCGGCTCACCACAAACTGACAACCC TTGCTACACCTTCCAGGTGTTGAAAGAGTTCTACTACCAGGCAATA GGCTTCTCAGCAACAGATCAACAAAGAGAAAAAGTTTTTGATATAT TATACAAAAACAACTCATACTGGGAATCAAACATAACTCCCTTTTAT GTAATTAATGTTAAAAAAGGGTCTAACACAACACAGTACATGTCAC CTCAAATTTCAGACTCATCTTTTAGAAAGAAAGTAAATACTAACTAC AACTGGTATACCTACGATGCCAAAACTAATGCATCACAATTAAAGC AACTAAGAAATGCATACTTTAAACAATTAACCTCTGAAGGCCCACA ACACACATACTCTGACAATGGCTACGCCAGTCAGTGGACCACCCC CAGCACAGACGCCTACGAATACCACTTAGGCATGTTTAGTACTATA TTTTTAGCCCCAGACAGACCAGTACCTCGCTTTCCCTGCGCTTACC AAGATGTTACTTACAACCCACTAATGGACAAAGGAGTGGGCAACC ATGTATGGTTTCAATACAACACAAAGGCAGACACACAGCTAATAGT TACAGGAGGGTCCTGCAAAGCACACATACAAGACATACCCCTATG GGCAGCCTTCTATGGATACAGTGACTTTATAGAGTCAGAGCTAGG CCCCTTTGTAGACGCAGACACAGTAGGCCTTATCTGTGTAATATGC CCTTACACTAAACCTCCCATGTACAACAAGACAAATCCCATGATGG GGTACGTGTTTTATGACAGAAACTTTGGTGACGGCAAATGGACTGA CGGACGGGGCAAAATAGAGCCCTACTGGCAAGTTAGGTGGAGGC CCGAAATGCTTTTCCAAGAAACTGTAATGGCAGACATAGTACAGAC	199

		AGGGCCCTTTAGCTACAAAGATGAACTTAAAAACAGCACACTAGTA TGCAAGTACAAATTCTATTTTACCTGGGGAGGTAACATGATGTTCC AACAGACGATCAAAAACCCGTGCAAGACGGACGGACAACCCACC GACTCCAGTAGACACCCTAGAGGAATACAAGTGGCGGACCCGGAA CAAATGGGACCCCGCTGGGTGTTCCACTCCTTTGACTGGCGAAGG GGCTATCTTAGCGAGAAAGCTCTCAAACGCCTGCAAGAAAAACCT CTTGACTATGACGAATATTTTACACAACCAAAAAGACCTAGAATCTT TCCTCCAACAGAATCAGCAGAGGGAGAGTTCCGAGAGCCCGAAAA AGGCTCGTATTCAGAGGAAGAAAGGTCGCAAGCCTCTGCCGAAGA GCAGACGGAGGAGGCGACAGTACTCCTCCTCAAGCGACGACTCA GAGAGCAACAGCAGCTCCAGCAGCAGCTCCAATTCCTCACCCGAG AAATGTTCAAAACGCAAGCGGGTCTCCACATAAACCCTATGTTATT AAACCAGCGATAA	
ABD34292.1	DQ186997.1	ATGGCATGGGGATGGTGGAGATGGCGGCGCCGCTGGCCCGCCA GACGCTGGAGGAGACGCCGTCGCCGGCGCCCCGTACGGAGAAC AAGAGCTCGCCGACCTGCTCGACGCTATAGAAGACGACGAACAGT AAGAACCAGGCGGAGGCGGTGGGGGCGCAGACGGTACAGACGG GGCTGGAGACGCAGGACTTATGTAAGGAAGGGGCGACACAGAAA AAAGAAAAAGAGACTGATACTGAGACAGTGGCAGCCCGCCACCAG ACGCAGATGCACCATAACAGGGTACCTGCCCATAGTGTTCTGCGG CCACACTAAGGGCAATAAAAACTACGCCCTACACTCTGACGACTAC ACCCCCCAAGGACAGCCATTTGGAGGGGCTCTAAGCACTACCTCA TTCTCTTTAAAAGTACTGTTTGACCAGCATCAGAGAGGACTGAATA AGTGGTCGTTCCCCAACGACCAACTAGACCTGGCCAGATACAGGG GCTGCAAATTCTACTTTTACAGGACAAAACAGACTGACTGGATAGG CCAGTATGATATATCAGAGCCCTACAAGCTAGACAAGTACAGCTGC CCCAACTACCACCCGGGAAACATGATTAAAGCAAAGCACAAATTTT TAATTCCCAGCTATGACACTAATCCCAGGGGCAGACAAAAAATTAT AGTTAAAATTCCCCCCCCAGACCTCTTTGTAGACAAGTGGTACACT CAGGAAGACCTCTGTTCCGTTAATCTTGTGTCACTTGCGGTTTCTG CGGCTTCCTTTCTCCACCCATTCGGCTCACCACAAACTGACAACCC TTGCTACACCTTCCAGGTGTTGAAAGAGTTCTACTACCAGGCAATA GGCTTCTCAGCAACAGATGAACAAAGAGAAAAAGTTTTTGATATAT TATACAAAAACAACTCATACTGGGAATCAAACATAACTCCCTTTTAT GTAATTAATGTTAAAAAAGGGTGTAACACAACACAGTACATGTCAC CTCAAATTTCAGACTCATCTTTTAGAAAGAAAGTAAATACTAACTAC AACTGGTATACCTACGATGCCAAAACTAATGCATCACAATTAAAGC AACTAAGAAATGCATACTTTAAACAATTAACCTCTGAAGGCCCACA ACACACATACTCTGACAATGGCTACGCCAGTCAGTGGACCACCCC CAGCACAGACGCCTACGAATACCACTTAGGCATGTTTAGTACTATA TTTTTAGCCCCAGACAGACCAGTACCTCGCTTTCCCTGCGCTTACC AAGATGTTACTTACAACCCACTAATGGACAAAGGAGTGGGCAACC ATGTATGGTTTCAGTACAACACAAAGGCAGACACACAGCTAATAGT TACAGGAGGGTCCTGCAAAGCACACATACAAGACATACCCCTATG GGCAGCCTTCTATGGATACAGTGACTTTATAGAGTCAGAGCTAGG CCCCTTTGTAGACGCAGACACAGTAGGCCTTATCTGTGTAATATGC	200

[0509]

[0510]

		CCTTACACTAAACCCCCCATGTACAACAAGACAAATCCCATGATGG GGTACGTGTTTTATGACAGAAACTTTGGTGACGGCAAATGGACTGA CGGACGGGGCAAAATAGAGCCCTACTGGCAAGTTAGGTGGAGGC CCGAAATGCTTTTCCAAGAAACTGTAATGGCAGACATAGTACAGAC AGGGCCCTTTAGCTACAAAGATGAACTTAAAAACAGCACACTAGTA TGCAAGTACAAATTCTATTTTACCTGGGGAGGTAACATGATGTTCC AACAGACGATCAAAAACCCGTGCAAGACGGACGGACAACCCACC GACTCCAGTAGACACCCTAGAGGAATACAAGTGGCGGACCCGGAA CAAATGGGACCCCGCTGGGTGTTCCACTCCTTTGACTGGCGAAGG GGCTATCTTAGCGAGAAAGCTCTCAAACGCCTGCAAGAAAAACCT CTTGACTATGACCAATATTTTACACAACCAAAAAGACCTAGAATCTT TCCTCCAACAGAATCAGCAGAGGGAGAGTTCCGAGAGCCCGAAAA AGGCTCGTATTCAGAGGAAGAAAGGTTGCAAGCCTCTGCCGAAGA GCAGACGGAGGAGGCGACAGTACTCCTCCTCAAGCGACGACTCA GAGAGCAACAGCAGCTCCAGCAGCAGCTCCAATTCCTCACCCGAG AAATGTTCAAAACGCAAGCGGGTCTCCACATAAACCCTATGTTATT AAACCAGCGATAA	
ABD34294.1	DQ186998.1	ATGGCATGGGGATGGTGGAGATGGCGGCGCCGCTGGCCCGCCA GACGCTGGAGGAGACGCCGTCGCCGGCGCCCCGTACGGAGAAC AAGAGCTCGCCGACCTGCTCGACGCTATAGAAGACGACGAACAGT AAGAACCAGGCGGAGGCGGTGGGGGCGCAGACGGTACAGACGG GGCTGGAGACGCAGGACTTATGTAAGGAAGGGGCGACACAGAAA AAAGAAAAAGAGACTGATACTGAGACAGTGGCAGCCCGCCACCAG ACGCAGATGCACCATAACAGGGTACCTGCCCATAGTGTTCTGCGG CCACACTAAGGGCAATAAAAACTACGCCCTACACTCTGACGACTAC ACCCCCCAAGGACAGCCATTTGGAGGGGCTCTAAGCACTACCTCA TTCTCTTTAAAAGTACTGTTTGACCAGCATCAGAGAGGACTGAATA AGTGGTCGTTCCCCAACGACCAACTAGACCTGGCCAGATACAGGG GCTGCAAATTCTACTTTTACAGGACAAAACAGACTGACTGGATAGG CCAGTATGATATATCAGAGCCCTACAAGCTAGACAAGTACAGCTGC CCCAACTACCACCCGGGAAACATGATTAAAGCAAAGCACAAATTTT TAATTCCCAGCTATGACACTAATCCCAGGGGCAGACAAAAAATTAT AGTTAAAATTCCCCCCCCAGACCTCTTTGTAGACAAGTGGTACACT CAGGAAGACCTGTGTTCCGTTAATCTTGTGTCACTTGCGGTTTCTG CGGCTTCCTTTCTCCACCCATTCGGCTCACCACAAACTGACAACCC TTGCTACACCTTCCAGGTGTTGAAAGAGTTCTACTACCAGGCAATA GGCTTCTCAGCAACAGATGAACAAAGAGAAAAAGTTTTTGATATAT TATACAAAAACAACTCATACTGGGAATCAAACATAACTCCCTTTTAT GTAATTAATGTTAAAAAAGGGTGTAACACAACACAGTGCATGTCAC CTCAAATTTCAGACTCATCTTTTAGAAAGAAAGTAAATACTAACTAC AACTGGTATACCTACGATGCCAAAACTAATGCATCACAATTAAAGC AACTAAGAAATGCATACTTTAAACAATTAACCTCTGAAGGCCCACA ACACACATACTCTGACAATGGCTACGCCAGTCAGTGGACCACCCC CAGCACAGACGCCTACGAATACCACTTAGGCATGTTTAGTACTATA TTTTTAGCCCCAGACAGACCAGTACCTCGCTTTCCCTGCGCGTAC CAAGATGTTACTTACAACCCACTAATGGACAAAGGAGTGGGCAAC	201

[0511]

		CATGTATGGTTTCAGTACAACACAAAGGCAGACACACAGCTAATAG TTACAGGAGGGTCCTGCAAAGCACACATACAAGACATACCCCTAT GGGCAGCCTTCTATGGATACAGTGACTTTATAGAGTCAGAGCTAG GCCCCTTTGTAGACGCAGACACAGTAGGCCTTATCTGTGTAATATG CCCTTACACTAAACCCCCCATGTACAACAAGACAAATCCCATGATG GGGTACGTGTTTTATGACAGAAACTTTGGTGACGGCAAATGGACT GACGGACGGGGCAAAATAGAGCCCTACTGGCAAGTTAGGTGGAG GCCCGAAATGCTTTTCCAAGAAACTGTAATGGCAGACATAGTACAG ACAGGGCCCTTTAGCTACAAAGATGAACTTAAAAACAGCACACTAG TATGCAAGTACAAATTCTATTTTACCTGGGGAGGTAACATGATGTT CCAACAGACGATCAAAAACCCGTGCAAGACGGACGGACAACCCAC CGACTCCAGTAGACACCCTAGAGGAATACAAGTGGCGGACCCGG AGCAAATGGGACCCCGCTGGGTGTTCCACTCCTTTGACTGGCGAA GGGGCTATCTTAGCGAGAAAGCTCTCAAACGCCTGCAAGAAAAAC CTCTTGACTATGACCAATATTTTACACAACCAAAAAGACCTAGAATC TTTCCTCCAACAGAATCAGCAGAGGGAGAGTTCCGAGAGCCCGAA AAAGGCTCGTATTCAGAGGAAGAAAGGTCGCAAGCCTCTGCCGAA GAGCGGACGGAGGAGGCGACAGTACTCCTCCTCAAGCGACGACT CAGAGAGCAACAGCAGCTCCAGCAGCAGCTCCAATTCCTCACCCG AGAAATGTTCAAAACGCAAGCGGGTCTCCACATAAACCCTATGTTA TTAAACCAGCGATAA	
ABD34296.1	DQ186999.1	ATGGCATGGAGATGGTGGAAGCGACGGAGGCGCTGGTGGTTCCG CAAGCGGTGGACCCGTGGCAGACTTCGCAGACGATGGCCTCGAC CAGCTCGTCGCCGACCTAGACGACGAAGAGTAAGGAGACGCAGA CGTTGGAGGAGGGGGCGACCCAGACGTAGACTGTACCGACGCTA CAGACGCAAAAAACGTAGGAGACGAAAGCCCAAAATAATCTTAAAA CAATGGCAGCCAGACATTGTAAAGAGGTGCTACATAGTGGGCTAC ATTCCTGCCATAATATGTGGGGCGGGCACCTGGTCTCACAACTAC ACCAGCCACCTTCTAGACATTATCCCCAAGGGACCCTTTGGAGGA GGGCACAGCACTATGAGGTTCTCCCTAAAAGTACTCTCTGAAGAA CACCTCAGACACTTAAACTTTTGGACAAAGAGTAACCAGGACCTAG AACTGATAAGATACTTTAGATGCTCCTTTAAATTTTATAGAGACCAA GACACAGACTACATAGTACACTACAGCAGAAAAACTCCCCTGGGA GGCAACAGACTGACAGCACCTAACCTGCACCCAGGGGTACAAATG CTTAGCAAAAACAAAATAATAGTACCTAGCTATGCTACAAAACCCA AGGGTCCTAGCTATATAAAAGTAACCATAGCACCCCCCACACTGCT AACTGACAAGTGGTACTTTAGCAAAGACGTTTGTGACACAACCTTG GTTAACTTAGACGTTGTACTCTGCAACCTGCGGTTTCCGTTCTGCT CACCACAAACTGACAACCCTTGCATCACATTCCAAGTTCTGCATTC CATCTACAACGACTTCCTCTCTATAGTAGATACTAACAACTATAAAG AATCTTTTGTTAGTGCATTACCAACAAAAGTATCTACTGACTGGGG CAAAAGACTAAACACCTTTAGAACAGAAGGATGCTATTCACACCCC AAATTACATAAAAAAGCTGTAACAGCTGCTACAGATACAGAATACTT TACAAAGCCAGATGGTCTGTGGGGAGACACTATATTTGATGTAGAA AATGGACAAAAAATTATAAAAAATATGGAGTCATATGCTAAGTCAG CCAAAGAAAGAGGGATCAATGGAGACCCTGCTTTCTGTCACTTAAC	202

[0512]

		AGGAATATACTCACCTCCCTGGTTAACACCAGGGAGAATATCTCCA GAAACACCTGGACTTTACACAGACGTGACTTACAACCCTTACGCTG ACAAAGGAGTGGGCAACAGAATATGGGTTGACTACTGCAGTAAAA AAGGCAACAAATATGACAATACAAGTAAATGCCTTTTAGAAGACAT GCCACTATGGATGGTATGCTTTGGCTATGTAGACTGTGTAAAAAAA GAAACCGGCAACTGGGGCATTCCACTATGGGCTAGAGTACTTATA AGAAGCCCATATACTGTTCCCAAACTATATAATGAAGCAGACCCAA ACTATGGATGGGTACCTATTTTTTACTATTTTGGAGAAGGCAAAAT GCCAAACGGAGACATGTACATACCATTTAAAATAAGAATGAAATGG TACCCTTCAATGTGGAACCAAGAGCCAGTATTAAATGACTTAGCAA AGAGCGGACCGTTTGCATACAAAAACACCAAAACAAGTGTGACTG TGACTGCCAAATATAAATTCACATTTAACTTCGGTGGCAACCCCGT ACCCTCACAGATTGTACAAGATCCCTGCACACAGCCCACCTACGA CATCCCCGGCACCGGTAACCTGCCTCGCAGAATACAAGTCATTGA CCCGAAAGTCCTCAGTCCCCACTATTCCTTCCACCGGTGGGACTT CAGACGTGGCCTGTTTGGCTCACAAGCTATTAAGAGAGTGTCAGA ACAATCAACAACTTCTGAGTTTTTATTCTCAGGCCCAAAGAAACCC AGAATCGATCAAGGTCCTTACATCCCGCCAGAAAAAGGCTCAGGT TCACTCCAAAGAGAACCGAGACCGTGGAGCAGCTCGGAGACCGA GGCAGAGACAGAAGCCCCCTCGGAAGAAGAGCCGGAGAACCAAG AAGAACAAGTACTCCAGTTGCAGCTCAGACAGCAGCTCCGAGAAC AGCGAAAACTCAGACAGGGAATCCAGTGCCTATTCGAGCAACTAA TAACAACTCAGCAGGGGGTCCACAAAAACCCATTGTTAGAGTAG	
ABD34298.1	DQ187000.1	ATGGCATGGAGATGGTGGAAGCGACGGAGGCGCTGGTGGTTCCG CAAGCGGTGGACCCGTGGCAGACTTCGCAGACGATGGCCTCGAC CAGCTCGTCGCCGACCTAGACGACGAAGAGTAAGGAGACGCAGA CGTTGGAGGAGGGGGCGACCCAGACGTAGACTGTACCGACGCTA CAGACGCAAAAAACATAGGAGACGAAAGCCCAAAATAATCTTAAAA CAATGGCAGCCAGACATTGTAAAGAGGTGCTACATAGTGGGCTAC ATTCCTGCCATAATATGTGGGGCGGGCACCTGGTCTCACAACTAC ACCAGCCACCTTCTAGACATTATCCCCAAGGGACCCTTTGGAGGA GGGCACAGCACTATGAGGTTCTCCCTAAAAGTACTCTTTGAAGAAC ACCTCAGACACTTAAACTTTTGGACAAAGAGTAACCAGGACCTAGA ACTGATAAGATACTTTAGATGCTCCTTTAAATTTTATAGAGACCAAG ACACAGACTACATAGTACACTACAGCAGAAAAACTCCCCTGGGAG GCAACAGACTGACAGCACCTAACCTGCACCCAGGGGTACAAATGC TTAGCAAAAACAAAATAATGGTACCTAGCTATGCTACAAAACCCAA GGGTCCTAGCTATATAAAAGTAACCATAGCACCCCCCACACTGCTA ACTGACAAGTGGTACTTTAGCAAAGACGTTTGTGACACAACCTTGG TTAACTTAGACGTTGTACTCTGCAACCTGCGGTTTCCGTTCTGCTC ACCACAAACTGACAACCCTTGCATCACATTCCAAGTTCTGCATTCC ATCTACAACGACTTCCTCTCTATAGTAGATACTAACAACTATAAAGA ATCTTTTGTTAGTGCATTACCAACAAAAGTATCTACTGACTGGGGC AAAAGACTAAACACCTTTAGAACAGAAGGATGCTATTCACACCCCA AATTACATAAAAAAGCTGTAACAGCTGCTACAGATACAGAATACTTT ACAAAGCCAGATGGTCTGTGGGGAGACACTATATTTGATGTAGAAA	203

[0513]

		ATGGACAAAAAATTATAAAAAATATGGAGTCATATGCTAAGTCAGC CAAAGAAAGAGGGATCAATGGAGACCCTGCTTTCTGTCACTTAACA GGAATATACTCACCTCCCTGGTTAACACCAGGGAGAATATCTCCAG AAACACCTGGACTTTACACAGACGTGACTTACAACCCTTACGCTGA CAAAGGAGTGGGCAACAGAATATGGGTTGACTACTGCAGTAAAAA AGGCAACAAATATGACAATACAAGTAAATGCCTTTTAGAAGACATG CCACTATGGATGGTATGCTTTGGCTATGTAGACTGGGTAAAAAAAG AAACCGGCAACTGGGGCATTCCACTATGGGCTAGAGTACTTATAA GAAGCCCATATACTGTTCCCAAACTATATAATGAAGCAGACCCAAA CTATGGATGGGTACCTATTTCTTACTATTTTGGAGAAGGCAAAATG CCAAACGGAGACATGTACATACCATTTAAAATAAGAATGAAGTGGT ACCCTTCAATGTGGAACCAAGAGCCAGTATTAAATGACTTAGCAAA GAGCGGACCGTTTGCATACAAAAACACCAAAACAAGTGTGACTGT GACTGCCAAATATAAATTCACATTTAACTTCGGTGGCAACCCCGTA CCCTCACAGATTGTACAAGATCCCTGCACACAGCCCACCTACGAC ATCCCCGGCACCGGTAACCTGCCTCGCAGAATACAAGTCATTGAC CCGAAAGTCCTCGGTCCCCACTATTCCTTCCACCGGTGGGACTTC AGACGTGGCCTGTTTGGCTCACAAGCTATTAAGAGAGTGTCAGAA CAATCAACAACTTCTGAGTTTTTATTCTCAGGCCCAAAGAAACCCA GAATCGATCAAGGTCCTTACATCCCGCCAGAAAAAGGCTCAGGTT CACTCCAAAGAGAACCGAGACCGTGGAGCAGCTCGGAGACCGAG GCAGAGACAGAAGCCCCCTCGGAAGAAGAGCCGGAGAACCAAGA AGAACAAGTACTCCAGTTGCAGCTCAGACAGCAGCTCCGAGAACA GCGAAAACTCAGACAGGGAATCCAGTGCCTATTCGAGCAACTAAT AACAACTCAGCAGGGGGTCCACAAAAACCCATTGTTAGAGTAG	
ABD34300.1	DQ187001.1	ATGGCACGGAGATGGTGGAAGCGACGGAGGCGCTGGTGGTTCCG CAAGCGGTGGACCCGTGGCAGACTTCGCAGACGATGGCCTCGAC CAGCTCGTCGCCGACCTAAACGACGAAGAGTAAGGAGACGCAGA CGTTGGAGGAGGGGGCGACCCAGACGTAGACTGTACCGACGCTA CAGACGCAAAAAACGTAGGAGACGAAAGCCCAAAATAATCTTAAAA CAATGGCAGCCAGACATTGTAAAGAGGTGCTACATAGTGGACTAC ATTCCTGCCATAATATGTGGGGCGGGCACCTGGTCTCGCAACTAC ACCAGCCACCTTCTAGACATTATCCCCAAGGGACCCTTTGGAGGA GGGCACAGCACTATGAGGTTCTCCCTAAAAGTACTCTTTGAAGAAC ACCTCAGGCACTTAAACTTTTGGACAAAGAGTAACCAGGACCTAGA ACTGATAAGATACTTTAGATGCTCCTTTAAATTTTATAGAGACCAAG ACACAGACCACATAGTACACTACAGCAGAAAAACTCCCCTGGGAG GCAACAGACTGACAGCACCTAACCTGCACCCAGGGGTACAAATGC TTAGCAAAAACAAAATAATAGTACCTAGCTATGCTACAAAACCCAA GGGTCCTAGCTATATAAAAGTAACCATAGCACCCCCCACACTGCTA ACTGACAAGTGGTACTTTAGCAAAGACGTTTGTGACACAACCTTGG TTAACTTAGACGTTGTACTCTGCAACCTGCGGTTTCCGTTCTGCTC ACCACAAACTGACAACCCTTGCATCACATTCCAAGTTCTGCATTCC ATCTACAACGACTTCCTCTCTATAGTAGATACTAACAACTATAAAGA ATCTTTTGTTGCTGCATTACCAACAAAAGTATCTACTGACTGGGGC AAAAGACTAAACACCTTTAGAACAGAGGGATGCTATTCACACCCCA	204

[0514]

		AATTACATAAAAAAGCTGTAACAGCTGCTACAGATACAGAATACTTT ACAAAGCCAGATGGTCTGTGGGGAGACACTATATTTGATGTAGAAA ATGGACAAAAAATTATAAAAAATATGGAATCATATGCTAAGTCAGC CAAAGAAAGAGGGATCAATGGAGACCCTGCTTTCTGTCACTTAACA GGAATATACTCACCTCCCTGGTTAACACCAGGGAGAATATCTCCAG AAACACCTGGACTTTACACAGACGTGACTTACAACCCTTACGCTGA CAAAGGAGTGGGCAACAGAATATGGGTTGACTACTGCAGTAAAAA AGGCAACAAATATGGCAATACAAGTAAATGCCTTTTAGAAGACATG CCACTATGGATGGTATGCTTTGGCTATGTAGACTGGGTAAAAAAAG AAACCGGCAACTGGGGCATTCCACTATGGGCTAGAGTACTTATAA GAAGCCCATATACTGTTCCCAAACTATATAATGAAGCAGACCCAAA CTATGGATGGGTACCTATTTCTTACTATTTTGGAGAAGGCAAAATG CCAAACGGAGACATGTACGTACCATTTAAAATAAGAATGAAATGGT ACCCTTCAATGTGGAACCAAGAGCCAGTATTAAATGACTTAGCAAA GAGCGGACCGTTTGCATACAAAAACACCAAAACAAGTGTGACTGT GACTGCCAAATATAAATTCACATTTAACTTCGGGGGCAACCCCGTA CCCTCACAGATTGTACAAGATCCCTGCACACAGCCCACCTACGAC ATCCCCGGCACCGGTAACCTGCCTCGCAGAATACAAGTCATTGAC CCGAAAGTCCTCGGTCCCCACTATTCCTTCCACCGGTGGGACTTC AGACGTGGCCTGTTTGGCTCACAAGCTATTAAGAGAGTGTCAGAA CAATCAACAACTTCTGAGTTTTTATTCTCAGGCCCAAAGAAACCCA GAATCGATCAAGGTCCTTACATCCCGCCAGAAAAAGGCTCAGGTT CACTCCAAAGAGAACCGAGACCGTGGAGCAGCTCGGAGACCGAG GCAGAGACAGAAGCCCCCTCGGAAGAAGAGCCGGAGAACCAAGA AGAACAAGTACTCCAGTTGCAGCTCAGACAGCAGCTCCGAGAACA GCGAAAACTCAGACAGGGAATCCAGTGCCTATTCGAGCAACTAAT AACAACTCAGCAGGGGGTCCACAAAAACCCATTGTTAGAGTAG	
ABD34302.1	DQ187002.1	ATGGCATGGAGATGGTGGAAGCGACGGAGGCGCTGGTGGTTCCG CAAGCGGTGGACCCGTGGCAGACTTCGCAGACGATGGCCTCGAC CAGCTCGTCGCCGACCTAAACGACGAAGAGTAAGGAGACGCAGA CGTTGGAGGAGGGAGCGACCCAGACGTAGACTGTACCGACGCTA CAGACGCAAAAAACGTAGGAGACGAAAGCCCAAAATAATCTTAAAA CAATGGCAGCCAGACATTGTAAAGAGGTGCTACATAGTGGGCTAC ATTCCTGCCATAATATGTGGGGCGGGCACCTGGTCTCACAACTAC ACCAGCCACCTTCTAGACATTATCCCCAAGGGACCCTTTGGAGGA GGGCACAGCACTATGAGGTTCTCCCTAAAAGTACTCTTTGAAGAAC ACCTCAGGCACTTAAACTTTTGGACAAAGAGTAACCAGGACCTAGA ACTGATAAGATACTTTAGATGCTCCTTTAAATTTTATAGAGACCAAG ACACAGACTACATAGTACACTACAGCAGAAAAACTCCCCTGGGAG GCAACAGACTGACAGCACCTAACCTGCACCCAGGGGTACAAATGC TTAGCAAAAACAAAATAATAGTACCTAGCTATGCTACAAAACCCAA GGGTCCTAGCTATATAAAGTAACCATAGCACCCCCCACACTGCTA ACTGACAAGTGGTACTTTAGCAAAGACGTTTGTGACACAACCTTGG TTAACTTAGACGTTGTACTCTGCAAGCTGCGGTTTCCGTTCTGCTC ACCACAAACTGACAACCCTTGCATCACATTCCAAGTTCTGCATTCC ATCTACAACGACTTCCTCTCTATAGTAGATACTAACAACTATAAAGA	205

[0515]

		ATCTTTTGTTGCTGCATTACCAACAAAAGTATCTACTGACTGGGGC AAAAGACTAAACACCTTTAGAACAGAAGGATGCTATTCACACCCCA AATTACATAAAAAAGCTGTAACAGCTGCTACAGATACAGAATACTTT ACAAAGCCAGATGGTCTGTGGGGAGACACTATATTTGATGTAGAAA ATGGACAAAAAATTATAAAAAATATGGAATCATATGCTAAGTCAGC CAAAGAAAGAGGGATCAATGGAGACCCTGCTTTCTGTCACTTAACA GGAATATACTCACCTCCCTGGTTAACACCAGGGAGAATATCTCCAG AAACACCTGGACTTTACACAGACGTGACTTACAACCCTTACGCTGA CAAAGGAGTGGGCGACAGAATATGGGTTGACTACTGCAGTAAAAA AGGCAACAAATATGACAATACAAGTAAATGCCTTTTAGAAGACATG CCACTATGGATGGTATGCTTTGGCTATGTAGACTGGGTAAAAAAAG AAACCGGCAACTGGGGCATTCCACTATGGGCTAGAGTACTTATAA GAAGCCCATATACTGTTCCCAAACTATATAATGAAGCAGACCCAAA CTATGGATGGGTACCTATTTCTTACTATTTTGGAGAAGGCAAAATG CCAAACGGAGACATGTACGTACCATTTAAAATAAGAATGAAATGGT ACCCTTCAATGTGGAACCAAGAGCCAGTATTAAATGACTTAGCAAA GAGCGGACCGTTTGCATACAAAAACACCAAAACAAGTGTGACTGT GACTGCCAAATATAAATTCACATTTAACTTCGGGGGCAACCCCGTA CCCTCACAGATTGTACAAAATCCCTGCACACAGCCCACCTACGAC ATCCCCGGCACCGGTAACCTGCCTCGCAGAACACAAGTCATTGAC CCGAAAGTCCTCGGTCCCCACTATTCCTTCCACCGGTGGGACTTC AGGCGCGGCCTGTTTGGCTCACAAGCTATTAAGAGAGTGTCAGAA CAATCAACAACTTCTGAGTTTTTATTCTCAGGCCCAAAGAAACCCA GAATCGATCAAGGTCCTTACATCCCGCCAGAAAAAGGCTCAGGTT CACTCCAAAGAGAACCGAGACCGTGGAGCAGCTCGGAGACCGAG GCAGAGACAGAAGCCCCCTCGGAAGAAGAGCCGGAGAACCAAGA AGAACAAGTACTCCAGTTGCAGCTCAGACAGCAGCTCCGAGAACA GCGAAAACTCAGACAGGGAATCCAGTGCCTATTCGAGCAACTAAT AACAACTCAGCAGGGGGTCCACAAAAACCCATTGTTAGAGTAG	
ABD34305.1	DQ187004.1	ATGGCCTGGGGATGGTGGAAACGCAGACGGCGCCGATGGTGGAG AGGCCTCTGGAGGAGACGCCGCTTTGCCAGAAGACGACCTAGAC GGCCTGCTCGCCGCCCTAGACGACGAAGAGTAAGGAGACGCAGA CGGTGGAGGAGGGGGCGACTAAGGAGGCGCGTGTACAACAGGA GACGCAGGATCAGACGAAAGAGACGCAGACAGAAACTGACAATAA GACAGTGGCAGCCTGACAAACGCAGGATATGTAGAATTAAAGGCT ACCTTCCTGCCATTATATATGGAGACGGGACGTTTTCTAAAAACTA TACAAGTCACTTAGAGGACAGAATCTCCAAAGGACCGTTTGGGGG AGGGCACGGGACTGCTAGAATGTCTCTTAAAGTACTGTATGACGA CCACCTAAAAGGACTTAACATATGGACGTATAGTAACAAGGACTTG GAACTGGTCAGATACATGCACACCACAATTACATTTTACAGACACC CAGACACAGACTTTATAGCAGTATACAACAGAAAAACACCACTAGG TGGCAACAGATACACAGCACCCTCACTGCACCCTGGTAACATGAT GCTGCAGAGAACTAAAATACTAATCCCTAGCTTTAAAACCAAACCC AGAGGGAGCGGCAAAATTAGAGTAGTAATAAAACCCCCCACTCTG TTAGTAGATAAGTGGTACTTTCAAAAGGACATATGCGACGTTACAC TGTTTAACCTCAACATTACAGCAGCTAGCCTGCGGTTTCCGTTCTG	206

[0516]

		CTCACCACAAACGAACAACCCTTGTGTAACATTCCAAGTTCTGCAT TCTGTGTATGACAAAGCATTAGGCATTAACACATTTGGTACCAAAG AAACACCAGAAGATCAGCAAATGGAAGATATTAAAAACTGGCTTAC CAAAGCTCTAAATACTGCAGGCTTTACTGTACTAAATACATTTAGAA CAGAAGGTATATACTCACACCCACAACTAAAAAAACCACCTGAAGG AAGTAACAAACCTAGTGCAGAACAGTACTTTGCTCCACTAGACAGC TTATGGGGAGACAAGATATATGTAAATAATAATACTAGTCCTTCACA AACAGAAGCAACAATTCCAGGTATATTAGCCAGAAATGCTTGCACA TACTATCAAAAAGCTAAAACAAGCACACTAAGGCAGCACCTAGGC GCTATGGCACACTGTCACCTAACAGGAATTTTTAACCCTGCACTAC TAACACAGGGCAGACTATCACCAGAATTTTTTGGCCTATACAAAGA AATTATTTATAACCCCTATGATGACAAAGGCAAAGGAAACAGAATA TGGATAGACCCATTAACAAAACCTGACAACATATTTGATGCTAGAA GTAAAGTAGAACTAGAAGATATGCCTCTTTGGATGGCATGCTTTGG ATATAATGACTGGTGTAAAAAAGAGCTAAATAACTGGGGCCTAGAA GTAGAATACAGAGTACTACTAAGATGCCCTTACACATATCCAAAAC TGTACAATGATGCTAACCCAAACTATGGCTATGTACCTATATCCTA CAACTTTAGTGCAGGAAAAACTGTAGAAGGGGATCTTTATGTTCCA ATAATGTGGAGAACTAAATGGCATCCAACAATGTACAATCAATCTC CAGTACTAGAAGATTTAGCCATGGCAGGGCCTTTTGCTCCAAAAGA AAAAATACCTAGCAGCACACTTACAATAAAATACAAAGCTAAATTTA TATTCGGGGGCAATCCTATATCTGAACAGATTGTCAAGGACCCCTG CACCCAGCCCACCTACGAAATTCCCGGAGGCGGTACGCTCCCTC GCAGAATACAAGTCATTAACCCGGAATACATCGGGCCACACTACT CATTCAAAAGCTTCGACATCAGACGTGGGTACTTTAGCGCGAAGA GTGTTAAAAGAGTGTCAGAACAATCAGACATTACTGAGTTTATATTC TCAGGTCCAAAAAAGCCAAGGATCGACCAAGACAGGTACCAAGAA GCAGAAGAACACTCAGATTCTCGACTCCGAGAAGAGAAACCGTGG GAGAGCTCGCAAGAAACAGAGAGCGAAGCCCAAGAAGAAGAGAT ACAAGAGACAAACATCCAGCTCCAGCTGCAGCACCAGCTCAAAGA GCAACTGCAGCTCAGACGGGGAATCCAGTGCCTCTTCGAGCAACT AACCAAAACCCAGCAGGGAGTCCACATAAACCCTTCCCTCGTGTA G	
ABD34307.1	DQ187005.1	ATGTCTCTTAAAGTACTGTATGACGACCACCTAAAAGGACTTAACA TATGGACGTATAGTAACAAGGACTTGGAACTGGTCAGATACATGCA CACCACAATTACATTTTACAGACACCCAGACACAGACTTTATAGCA GTATACAACAGAAAAACACCACTAGGTGGCAACAGATACACAGCA CCCTCACTGCACCCTGGTAACATGATGCTGCAGAGAACTAAAATAC TAATCCCTAGCTTTAAAACCAAACCCAGAGGGAGCGGCAAAATTAG AGTAGTAATAAAACCCCCCACTCTGTTAGTAGATAAGTGGTACTTT CAAAAGGACATATGCGACGTTACACTGTTTAACCTCAACATTACAG CAGCTAGCCTGCGGTTTCCGTTCTGCTCACCACAAACGAACAACC CTTGTGTAACATTCCAAGTTCTGCATTCTGTGTATGACAAAGCATTA GGCATTAACACATTTGGTACCAAAGAAACACCAGAAGATCAGCAAA TGGAAGATATTAAAAACTGGCTTACCAAAGCTCTAAATACTGCAGG CTTTACTGTACTAAATACATTTAGAACAGAAGGTATATACTCACACC	207

[0517]

		CACAACTAAAAAAACCACCTGAAGGAAGTAACAAACCTAGTGCAGA ACAGTACTTTGCTCCACTAGACAGCTTATGGGGAGACAAGATATAT GTAAATAATAATACTAGTCCTTCACAAACAGAAGCAACAATTCCAG GTATACTAGCCAGAAATGCTTGCACATACTATCAAAAAGCTAAAAC AAGCACACTAAGGCAGCACCTAGGCGCTATGGCACACTGTCACCT AACAGGAATTTTTAACCCTGCACTACTAACACAGGGCAGACTATCA CCAGAATTTTTTGGCCTATACAAAGAAATTATTTATAACCCCTATGA TGACAAAGGCAAAGGAAACAGAATATGGATAGACCCATTAACAAAA CCTGACAACATATTTGATGCTAGAAGTAAAGTAGAACTAGAAGATA TGCCTCTTTGGATGGCATGCTTTGGATATAATGACTGGTGTAAAAA AGAGCTAAATAACTGGGGCCTAGAAGTAGAATACAGAGTACTACTA AGATGCCCTTACACATATCCAAAACTGTACAATGATGCTAACCCAA ACTATGGCTATGTACCTATATCCTACAACTTTAGTGCAGGAAAAAC TGTAGAAGGGGATCTTTATGTTCCAATAATGTGGAGAACTAAATGG TATCCAACAATGTACGATCAATCTCCAGTACTAGAAGATTTAGCCA TGGCAGGGCCTTTTGCTCCAAAAGAAAAAATACCTAGCAGCACACT TACAATAAAATACAAAGCTAAATTTATATTCGGGGCAATCCTATATC TGAACAGATTGTCAAGGACCCCTGCACCCAGCCCACCTACGAAAT TCCCGGAGGCGGTACGCTCCCTCGCAGAATACAAGTCATTAACCC GGAATACATCGGGCCACACTACTCATTCAAAAGCTTCGACATCAGA CGTGGGTACTTTAGCGCGAAGAGTGTTAAAAGAGTGTCAGAACAA TCAGACATTACTGAGTTTATATTCTCAGGTCCAAAAAAGCCAAGGA TCGACCAAGACAGGTACCAAGAAGCAGAAGAACACTCAGATTCTC GACTCCGAGAAGAGAAACCGTGGGAGAGCTCGCAAGAAACAGAG AGCGAAGCCCAAGAAGAAGAGATACAAGAGACAAACATCCAGCTC CAGCTGCAGCACCAGCTCAAAGAGCAACTGCAGCTCAGACGGGG AATCCAGTGCCTCTTCGAGCAACTAA	
ABD61942.1	DQ361268.1	ATGGCCTGGAGATGGTGGTGGAGACGCAGGCGCCCGTGGCGATG GAGATGGAGGCGAAGGAGACGACCAGCTAGACGCCGAAGACGTA GAAGACCTGCTCGGCGTGCTAGACGACCCAGAGTAAGGAGATGG CGCAGGCGCAGGGTGTGGGCGCCCAGGCCATACATAAGAAGGCG CAGGCGAAGCTTCCGTAGAAAAAAAATTAAAATAACTCAGTGGAAC CCCGCTGTTACTAAAAAATGTACTGTAACTGGGTACCTACCAGTTA TATACTGTGGAACCGGGGACATAGGAACCACTTTTCAGAACTTTGG CTCTCATATGAATGAGTACAAACAGTATAACGCTGCGGGAGGGGG CTTTAGCACAATGCTTTTTACCATGCAAAACCTGTATGAAGAGTAC CAAAAACATAGATGCAGATGGTCTAAAAGCAATCAAGACCTAGACC TGTGTAGATATCTAGACTGTAAACTAACATTTTACAGATCCCCTAAC ACAGACTTTATAGTTGGCTACAATAGAAAGCCTCCCTTTATAGACA CTCAAATAACAAGATGTACTTTACATCCAGGAATGCTAATACAAGA AAGAAAAAAAGTAATAATACCTAGCTTCCAAACCAGGCCAAAAGGT AGAATAAAACGCAAAATTAAAGTAAGGCCCCCCACCTTATTCACAG ACAAATGGTACTTTCAGAGAGACCTCTGTAAAGTTCCTCTTGTAAC GGTTTCCGCTTCTGCGGCGAGCCTGCGGTTTCCGTTCGGCTCACC ACAAACAGAAAACTATTGCATATACTTCCAGGTTTTAGATCCCTGG TACCACACCCGCCTGAGCATAACTGGTGGAAAGCCAGCTGAATAT	208

[0518]

		TGGACACAGCTAAAAGCTTATTTAACTCAAGGCTGGGGCAGGTCA ACAAATAATGCAGGATATCAACATGGTCCACTAGGTACTTACTTTA ATACACTTAAAACATCAGAACATATTAGACAACCCCCAGCAGATAA CTACAAACAAGCAAATAAAGATACTACATACTATGGAAGAGTAGAC AGTCACTGGGGAGATCATGTATACCAACAAACAATAATACAAGCCA TGGAAGAAAACCAAAGCAACATGTACACAAAAAGAGCACTTCACAC ATTCTTAGGCAGTCAATATCTAAACTTTAAATCAGGTCTATTTAGCA GTATATTTCTAGATAATGCCAGACTAAGCCCAGACTTTAAAGGTAT GTACCAAGAAGTTGTTTATAACCCCTTTAATGACAGAGGAGTAGGC AACAAAGTATGGGTTCAGTGGTGCACAAACGAGGACACAATATTTA AAGACCTACCAGGCAGAGTTCCTGTGGTAGATTTACCATTGTGGT GCGCGTTAATGGGCTACTCAGACTACTGCAAAAAATATTTCCACGA CGATGGCTTCTTAAAAGAGGCCAGAATAACTATAATCAGCCCATAC ACAAATCCTCCACTAATTAACAACAAAAATACAAATGAGGGCTTTGT ACCCTACAGTTTCTACTTTGGAAAAGGCAGAATGCCAGACGGCAAT GGGTACATACCCATAGACTTTAGATTTAACTGGTACCCTTGCATAT TTCACCAAACAAACTGGATAAATGACATGGTTCAATGCGGACCCTT TGCCTACCACGGAGATGAAAAGAACTGTTCTCTCACTATGAAATAC AAGTTTAAATTTCTATTTGGGGGCAATCCTATCTCACAACAGACTAT CAAAGACCCTTGCCAACAACCCGACTGGCAACTTCCCGGTTCCGG TAGATTCCCTCGCGATGTACAAGTATCGAACCCGCGCTTGCAAAC CGAAGGGTCCACGTTCCACGCGTGGGACTTCAGACGGGGTTTCTA TGGCAAAAGAGCTATTGAAAGACTGCAGGGACAACAAGATGATGT TACATATATTGCAGGACCTCCAAAAAGGCCCCGCTTCGAGGTCCC AGCCCTGGCTGCCGAAGGAAGCTCAAATACACGCCGATCAGAGTT GCCATGGCAAACCTCAGAAGAAGAAAGCTCGCAAGAAGAAAACTC AGAAGAGACAGAAGAAGAAACCTCGTTATCGCAGCAGCTCAAGCA GCAGTGCATCGAGCAGAAGCTCCTCAAGCGAACGCTCCACCAACT CGTCAAGCAATTAGTAAAGACCCAGTATCACCTACACGCCCCCATT ATCCACTAA	
ABU55887.1	EF538879.1	ATGGCATGGAGATGGTGGAAGCGACGGAGGCGCTGGTGGTTCCG CAAGCGGTGGACCCGTGGCAGACTTCGCAGACGATGGCCTCGAC CAGCTCGTCGCCGCCCTAGACGACGAAGAGTAAGGAGACGCAGA CGGTGGAGGAGGGGGCGACCCAGACGCAGACTGTACCGACGCTA CAGACGCAAAAAACGTAGGAGACGAAAGCCCAAAATAATCTTAAAA CAATGGCAGCCAGACATTGTAAAAAGATGCTATATAATAGGCTACA TTCCTGCCATAATATGTGGGGCTGGCACCTGGTCCCACAACTACA CCAGCCACCTGTTAGACATTATCCCCAAGGGACCCTTTGGAGGAG GGCACAGCACTATGAGATTCTCCCTAAAAGTACTCTTTGAAGAACA CCTCAGACACTTAAACTTTTGGACAAAAAGCAACCAGGACCTAGAA CTTATAAGATACTTTAGATGCTCCTTTAAATTCTATAGAGACCAAGA CACAGACTACATAGTACACTACAGCAGAAAGACTCCCCTAGGAGG CAACAGACTGACAGCACCTAGCCTACACCCCGGGGTACAGATGCT TAGCAAAAACAAAATATTAGTACCTAGCTATGCTACAAAACCCAAG GGTGGTAGCTATGTAAAAGTAACCATAGCACCCCCACACTACTAA CTGACAAGTGGTACTTTAGCAAAGACGTTTGTGACACAACCTTGGT	209

[0519]

		TAACTTAGACGTCGTACTCTGCAACTTGCGGTTTCCGTTCTGCTCA CCACAAACTGACAACCCTTGCATCACATTCCAAGTTCTGCATTCTT ACTACAACGACTACCTCTCTATAGTAGACACCGCCTTATACAAAAC CAGCTTTGTAAACAATTTAAGTACAAAACTAGGTACAACATGGGCA AACAGACTAAACACATTTAGAACAGAAGGCTGCTACTCACATCCAA AATTGCTCAAAAAAACAGTAACAGCTGCAAATGACACCAAATATTTT ACTACACCAGACGGACTCTGGGGAGATGCAGTATTTGATGTTTCA GACGCAAAAAAACTAACTAAAAACATGGAAAGTTATGCTGCCTCTG CTAACGAAAGAGGCGTACAAGGAGACCCTGCCTTTTGCCACCTAA CAGGCATATTCTCACCTCCCTGGCTAACACCAGGCAGAATATCTCC TGAAACCCCAGGACTTTACACAGACGTGACTTACAACCCATACGCA GACAAAGGAGTGGGCAACAGAATATGGGTTGACTACTGTAGTAAA AAAGGCAATAAATATGACAATACAAGTAAATGCGTGTTAGAAGACA TGCCACTATGGATGTTATGCTTTGGCTATGTAGACTGGGTAAAAAA AGAGACTGGCAACTGGGGCATTCCACTATGGGCCAGAGTACTTAT AAGAAGCCCATATACTGTCCCAAAACTATACCATGAAAACGACCCT GACTACGGATGGGTTCCAATTTCCTACTACTTTGGAGAAGGCAAAA TGCCAAACGGAGACATGTACGTACCATTTAAAGTAAGAATGAAATG GTACCCTTCAATGTGGAACCAAGAGCCAGTTTTAAATGACTTAGCA AAGAGCGGACCGTTTGCATACAAGAACACCAAAACAAGCGTGACT GTGACTGCCAAATATAAATTCACATTTAACTTCGGGGGCAACCCCG TACCCTCACAGATTGTACAAGATCCCTGCACACAGCCCACCTACG ACATCCCCGGCACCGGTAACCTGCCTCGCAGAATACAAGTCATTG ACCCGAAAGTCCTCGGTCCCCACTATTCCTTCCACCGGTGGGACT TCAGGCGTGGCCTCTTTGGCACACAAGCTATTAAAAGAGTGTCAG AACAATCAACAACTTCTGAGTTTTTATTCTCAGGCCCAAAGAAACC CAGAATCGATCAAGGCCCTTACATCCCGCCAGAAAAAGGCTCAGG TTCACTCCAAAGAGAATCGAGACCGTGGAGCAGCTCGGAGACCGA GGCAGAGACAGAAGCCCCCTCGGAAGAGGAGCCGGAGAACCAAG AAGAACAAGTACTCCAGTTGCAGCTCAGACAGCAGCTCCGAGAAC AGCGAAAACTCAGACAGGGAATCCAGTGCCTATTCGAGCAACTGA TAACAACCCAGCAGGGGGTCCACAAAAACCCATTGTTAGAGTAG	
ABY26045.1	EU305675.1	ATGGCCTGGTGGGGACGGTGGAGAAGATGGCGCTGGAGGCCCC GTCGCTGGCGGCGCCGTCGCAGACGCCGAGTACCAAGAAGAAGA GCTCAACGCTCTGTTCGACGCCGTCGAGCAAGAAGAGTAAGGAG GAGGCGATGGGGGAGGCGGAGGTGGAGACGGGGGTACAGACGC AGACTGAGACTAAGACGCAAACGCAAACGAAAACGCAGACTTGTA CTGACTCAGTGGCACCCCGCTAAAGTAAGGAGGTGCAGAATATCT GGGGTCCTACCCATGATACTGTGCGGTGCTGGCAGGAGTAGCTTT AACTACGGGCTGCACAGCGATGACTTTACTAAACAGAAACCAAACA ATCAGAACCCGCACGGCGGGGGCATGAGCACTGTGACTTTTAACC TAAAGGTGCTCTTTGACCAATACGAAAGATTTATGAACAAGTGGTC GTACCCCAACGACCAACTAGACCTCGCCAGATACAAAGGCTGTAA ATTCACCTTCTACAGACACCCAGAAGTTGACTTTCTAGCTCAATAT GACAACGTTCCCCCTATGAAAATGGACGAACTGACTGCCCCTAAC ACTCACCCCGCACTGCTGCTACAGAGCAGACACAGGGTAAAGATA	210

[0520]

		TACAGCTGGAAAACCAGGCCATTTGGCTCTAAAAAAGTAACAGTAA AAATAGGACCCCCCAAACTGTTTGAAGACAAGTGGTACAGCCAGT CTGACTTGTGCAAAGTTTCCCTTGTCAGTTGGCGGTTAACCGCATG TGACTTCAGGTTTCCGTTCTGCTCACCACAAACTGACAACCCTTGT GTAACCTTCCAGGTGCTAGGAGAACAGTATTACGAAGTCTTTGGAA CTTCCGTATTGGACGTTCCTGCATCCTATAACTCACAAATAACTAC ATTTGAACAATGGCTATATAAAAAATGCACCCACTATCAAACATTCG CCACAGACACCAGATTAGCCCCCCAAAAGAAAGCAACCACATCCA CCAACCACACATATAACCCCAGTGGCAACACTGAATCATCAACATG GACACAAAGTAACTACTCCAAATTTAAACCAGGCAACACAGACAGC AACTATGGCTACTGCAGTTATAAAGTAGACGGCGAAACATTTAAGG CCATTAAAAATTACAGAAAGCAAAGATTCAAATGGCTAACCGAATA CACAGGAGAGAATCACATAAACAGCACATTTGCAAAGGGCAAATAT GATGAATACGAGTACCACCTAGGGTGGTACTCTAACATATTTATAG GCAACCTTAGACACAACCTGGCATTCCGCTCAGCATACATAGATGT AACTTACAACCCCACAGTAGACAAAGGCAAAGGCAACATAGTGTG GTTCCAGTACCTGACAAAACCCACCACACAGCTGATAAGAACACA GGCAAAATGCGTTATAGAAGACCTGCCACTTTACTGTGCCTTTTTT GGCTACGAGGACTATATACAGAGAACACTAGGCCCTTACCAGGAC ATAGAGACAGTAGGCGTCATCTGCTTTATAAGCCCCTACACAGAAC CTCCATGTATTAGAAAAGAAGAGCAAAAAAAGGACTGGGGCTTTGT ATTTTATGACACCAACTTTGGAAACGGAAAAACACCAGAGGGCATA GGCCAAGTTCACCCCTACTGGATGCAGAGGTGGAGAGTAATGGCC CAGTTTCAAAAAGAAACTCAAAACAGAATTGCCAGGAGCGGACCG TTTAGCTACAGAGACGACATACCCTCAGCCACACTGACTGCCAACT ACAAGTTCTACTTTAACTGGGGGGGCGACTCTATATTTCCACAGAT TATTAAGAACCCCTGCCCCGACACCGGGCTGCGACCCAGTGGCC ATAGAGAGCCTCGCTCAGTACAAGTCGTTAGCCCGCTCACCATGG GACCAGAGTTCATATTCCACCGCTGGGACTGGCGACGGGGGTTCT ATAATCCAAAAGCTCTCAAACGAATGCTTGAAAAATCAGATAATGAT GCAGAGTCTTCAACAGGCCCAAAAGTGCCTCGGTGGTTTCCAGCA CACCACGACCAAGAGCAAGAAAGCGACTTCGATTCACAAGAGACA AGGTCGCAGTCCTCGCAAGAAGAAGCCGCTCAAGAAGCCCTCCAA GACGTCCAAGAGACGTCGGTACAGCAGTACCTCCTCAAGCAGTTC CGAGAGCAGCGGCTACTCGGACAGCAACTCCGCCTCCTCATGCTC CAACTCACCAAGACGCAAAGCAATCTCCACATAAATCCCCGTGTCC TTGACCATGCATAA	
ABY26046.1	EU305676.1	ATGTTCTGGTGGGGATGGCGCCGCCGATGGTGGTGGAAGCCACG GAGGCGATGGAGACGCAGGAGGGCGCGCCGCCCGAGACGAGTA CCGCGAAGACGATATAGAAGAGCTGCTCGCCGCTATCGAGGCAG ACGAGTAAGGAGGCGCCGCGCGGGGGGCTGGCGGGGGCGACGT AGATACTCCCGACACTATAGCAGACGACTGACTGTCAGGCGAAAG AAAAAGAAACTGACTCTTAAGATCTGGCAGCCACAGAATATCAGGA AATGTAGAATAAGGGGTCTCCTGCCCCTCCTGATATGCGGGCACA CCCGTTCGGCCTTTAACTATGCCATCCACTCGGATGACAAGACCC CCCAACAGGAGAGTTTCGGGGGCGGCCTCAGCACCGTCAGCTTC	211

[0521]

		TCCTTAAAAGTACTGTTTGACCAGAACCAGAGGGGACTTAATAGGT GGTCGGCCAGCAACGACCAACTGGACCTTGCTCGGTACCTGGGG TGCACTTTCTGGTTCTACAGAGACAAAAAGACTGATTTTATAGTGC AGTATGATATCAGCGCCCCCTTCAAGCTGGACAAAAACAGCAGTC CCAGCTACCACCCCTTCATGCTCATGAAGGCAAAACACAAGGTGC TAATTCCCAGCTTTGACACTAAACCCAAGGGCAGGGAAAAAATTAA AGTTAGAATACAGCCCCCCAAAATGTTCATAGACAAGTGGTACACA CAAGAGGACCTGTGTCCCGTTATTCTTGTGTCACTTGCGGTTAGC GTAGCTTCCTTTACACATCCGTTCTGCTCACCACAAACTGCCAATC CTTGCATCACCTTCCAGGTTTTGAAAGAGTTCTATTACCCAGCCAT GGGCTATGGGGCCCCTGAAACAACTGTCACTTCTGTATTTAACACT TTATATACCACAGCCACCTACTGGCAGTCTCACCTTACCCCCCAGT TTGTCAGAATGCCCACCAAAAACCCAGACAATACTGAAAACAACCA AGCTCAAGCCTTTAATACCTGGGTTGATAAAGATTTCAAAACAGGC AAGTTAGTAAAGTATAACTTTCCCCAGTATGCTCCTTCAATAGAGAA ACTAAAACAATTAAGAACATACTACTTTGAATGGGAAACTAAACACA CTGGGGTTGCAGCACCACCTACCTGGACCACCCCTACCTCAGACA GATACGAGTACCATATGGGAATGTTCAGTCCCACTTTCCTCACACC GTTCAGGTCAGCTGGCCTAGACTTTCCCGGAGCCTACCAGGACGT CACCTACAATCCCCTCACAGACAAGGGGGTGGGCAACAGAATGTG GTTCCAATACAACACCAAGATAGACACTCAGTTCGACGCCAGGTC CTGCAAGTGCGTACTAGAGGACATGCCCCTGTACGCCATGGCCTA CGGGTATGCAGACTTTTTAGAGCAAGAGATAGGAGAGTACCAGGA CCTAGAGGCCAACGGGTACGTCTGTGTAATAAGCCCCTACACCAA ACCCCCAATGTTCAACAAACACAACCCGCAACAGGGGTACGTATT CTATGACTCTCAGTGGGGCAACGGCAAGTGGATAGACGGAACCG GGTTCGTGCCCGTCTACTGGCTGACCAGATGGAGAGTAGAGCTGC TATTTCAGAAAAAAGTACTGTCAGACATCGCCATGTCAGGCCCCTT CAGCTACCCAGACGAACTTAAAAACACTGTACTGACGGCCAAATAC AGATTTGACTTTAAGTGGGGTGGCAATCTCTTCCACCAGCAGACCA TTAGAAACCCCTGCAAACCAGAAGAGACCTCGACCGGTAGAGTCC CTCGCGATGTACAAGTCGTTGACCCGGTCACCATGGGCCCCAGAT TCGTCTTTCACTCCTGGGACTGGAGGCGAGGGTTCCTTAGTGACA GAGCTCTCAAAAGAATGTTTGAAAAACCGCTCGATCTTGAGGGATT TGCAGCGTCTCCAAAACGACCTCGCATATTCCCTCCCACAGAGGG ACAGCTCGCCCGAGAGCAAAAAGAGCAAGAAGAAAGCTCAGATTC GCAGGAAGAAAGCAGCCTTACCTCGCTCGAAGAAGTCCCGGAAGA GACGAAGCTACGACTCCACCTCAGAAAGCAGCTCAGAGAGCAGC GAAGCATCAGACAGCAACTCCGAACCATGTTCCAGCAACTTGTCA AGACGCAAGCGGGCCTACACCTAAACCCCCTTTTATCTTCCCAGC TGTAA	
ACK44071.1	FJ426280.1	ATGGCCTGGCGATGGTGGTGGCAGAGACGATGGCGCCGCCGCCC GTGGCCCCGCAGACGGTGGAGACGCCTACGACGCCGGAGACCTC GACGACCTGTTCGCCGCCGTCGAAGACGAGCAACAGTAAGGAGG CGGAGGTGGAGGGGCAGACGTGGGCGACGCACATACACCCGAC GCGCGGTCAGACGCAGACGCAGACCCAGAAAGAGATTTGTACTGA	212

[0522]

		CTCAGTGGAGCCCCCAGACAGCCAGAAACTGTTCAATAAGGGGCA TAGTGCCCATGGTAATATGCGGACACACCAGAGCAGGTAGAAACT ATGCCCTTCACAGCGAGGACTTTACCACTCAGATAAGACCCTTTGG AGGCAGCTTCAGCACAACCACCTGGTCCCTAAAAGTACTGTGGGA CGAACACCAGAAATTCCAAAACAGATGGTCCTACCCAAACACACA GCTGGACCTAGCCAGGTACAGGGGGGTCACCTTCTGGTTCTACAG AGACCAGAAAACAGACTATATAGTACAATGGAGCAGAAATCCTCCC TTTAAACTAAACAAATACAGCAGCCCCATGTACCACCCTGGAATGA TGATGCAGGCAAAAAAGAAACTGGTGGTCCCCAGTTTCCAGACCA GACCTAAAGGCAAAAAGAGATACAGAGTCAGAATAAGACCCCCCA ACATGTTCAATGACAAGTGGTACACTCAAGAGGACCTTTGTCCAGT ACCTCTTGTGCAAATTGTGGTTTCTGCGGCTACCCAGACAAAAAAG AACTGCTCACCACAAACGAACAACCCTTGCATCACTTTCCAGGTTT TGAAAGACAAGTACTTAAACTACATAGGAGTTAACTCTTCCGAGAC CCGAAGAAACAGTTATAAAACTCTACAAGAGAAACTTTACTCACAA TGCACATACTTTCAAACCACACAAGTTTTAGCTCAATTATCTCCAGC ATTTCAGCCCGCAAAGAAACCTAACAGAACCAACAACTCAACCAG CACAACACTAGGCAACAAAGTCACAGACCTAAAATCCAACAATGG CAAATTCCACACAGGCAACAACCCAGTGTTTGGCATGTGTTCATAT AAACCCAGCAAGGACATACTATATAAAGCAAACGAATGGTTGTGG GACAATCTCATGGTTGAAAATGATTTACATTCCACATATGGCAAGG CAACCCTTAAATGCATGGAGTACCACACAGGCATTTACAGCTCCAT ATTCCTAAGTCCTCAAAGGTCCCTAGAATTCCCAGCAGCATACCAA GATGTCACATACAACCCAAACTGTGACAGAGCCATAGGCAACCGT GTATGGTTCCAATATGGCACAAAAATGAACACAAACTTTAATGAAC AACAGTGTAAGTGTGTGTTAACAAACATTCCCCTGTGGGCGGCCTT TAACGGCTACCCAGACTTTATAGAACAAGAACTCGGTATCAGCACA GAGGTACACAACTTTGGCATAGTATGTTTCCAGTGCCCCTACACCT TTCCCCCACTCTATGACAAAAAGAACCCAGATAAAGGCTACGTATT TTATGACACCACCTTTGGGAACGGAAAAATGCCAGACGGGTCAGG CCACATTCCCATCTACTGGCAGCAGAGATGGTGGATCAGACTAGC CTTTCAAGTACAAGTCATGCATGACTTTGTACTCACTGGCCCCTTT AGCTACAAAGATGACCTAGCAAACACTACACTAACAGCCAGGTAC AAGTTCAGATTCAAATGGGGCGGTAATATCATCCCCGAACAGATTA TCAAGAACCCGTGTAAGAGAGAACAGTCCCTCGGTTCCTACCCCG ATAGACAACGTCGCGACCTACAAGTTGTTGACCCATCAACCATGG GCCCGATCTACACCTTCCACACATGGGACTGGCGACGGGGGCTTT TTGGTGCAGATGCTATCCAGAGAGTGTCACAAAAACCGGAAGATG CTCTCCGCTTTACAAACCCTTTCAAGAGACCCAGATATCTTCCCCC GACAGACGGAGAAGACTACCGACAAGAAGAAGACTTCGCTTTACA GGAAAGAAGACGGCGCACATCCACAGAAGAAGTCCAGGACGAGG AGAGCCCCCCGCAAAACGCGCCGCTCCTACAGCAGCAGCAGCAG CAGCGGGAGCTCTCAGTCCAGCACGCGGAGCAGCAGCGACTCGG AGTCCAACTCCGATACATCCTCCAAGAAGTCCTCAAAACGCAAGC GGGTCTCCACCTAAACCCCCTATTATTAGGCCCGCCACAAACAAG GTGTATATCTTTGAGCCCCCCAGAGGCCTACTCCCCATAG	

[0523]

ACR20257.1	FJ392105.1	ATGGCAGCCTGGTGGTGGGGCAGGCGGAGACGCTGGCGCAGGT GGAGGCGCCGCCGCCTCCCTCGCCGCCGCCGCTGGCGACGGAG GAGACGGTGGCCCAGAAGACGCAGGCGGAGATGGCCGCGCAGA CGCAGACGTCGCAGACCTGCTCGCCGCCCTAGAAGGAGACGCAG ACGCCGAAGGGTAAGGAGACCTCGCCGGCGCCAAAAACTGGTAC TGACTCAGTGGAACCCTCAGACAGTTAGAAAGTGCATTATCAGAG GGTTCGTGCCGCTGTTCCAGTGCAGCAGAACTGCCTACCACAGGA ACTTTGTAGACCACATGGACGACGTGTACACCACGGGTCCCTTCG GGGGCGGCACGGGGTCCATGCTTTTCACCCTGAGCTTCTTCTACC ACGAGTTTAAAAAGCACCACTGCAAGTGGTCCGCCAGCAACAGAG ACTTTGACTTGTGTAGATACAGGGGCACGGTTCTAAAGTTTTATAG ACATCCAGACGTAGACTACATAGTTTGGCTGAACAGAAACCCCCCT TTCCAGGAAAACCTATTAGACGCCATGAGCAGACAGCCCCTCATA ATGTTACAGACTCACAAGTGCATACTGGTGAGGAGCTTTAAAACGC ACCCCAGGGGACCCTCGTACGTCAGAATGAAAGTTAGACCCCCGA GACTACTTACAGACAAGTGGTACTTTCAGTCAGACTTCTGCAACGT TCCGCTTTTCCAGCTACAGTTTGCTCTTGCGGAACTGCGGTTTCCG ATCGGCTCACCACAAACGAACACCACTTGTGTAAACTTCCTGGTGT TAGATAACAGGTACCACTTATTTTTAGATAACAAACCACAACAGTCA GACAACTCACAAAGAGAAGAGAGGGGGCACGGTTATCCCTTTAAC GGTAGTGAGGGAGAAGCTGATAGACTAAAATTCTGGCACAGTTTG TGGAATACAGGCAGATTCCTAAACACCACTCACATTAACACCCTAC AGCCAAACATCTCTAAATTACAAGAACATAAAGCTGAAGACACAGA GGCAAAAACTACCTATAAAAGTTTAATTAACGGTAACAAAAAGGTA TATAACGATAGTCAATACATGCAAAACGTTTGGGCACAAAACAAAA TAAATACCCTTTATGAGGCTATAGCAGAAGAACAATACAGAAAAAT ACAAAAGTACTATAACACCACATACGGGCAGTACCAAAGGCAACTA TTTACAGGCAAGAAGTACTGGGACTACAGAGTAGGCATGTTCAGT CCCACCTTCCTAAGTCCCAGCAGACTAAATCCAGAGATGCCAGGT GCCTACACAGAGATAGCCTATAACCCCTGGACAGACGAGGGCACG GGCAACGTTGTGTGCCTGCAGTACCTAACAAAAGAAACCTCAGAC TACAAGCCACACGCAGGTAGCAAATTCACCATAGAGGACGTACCC CTGTGGATAGCCATGAATGGGTACGTGGACATATGTAAAAAAGAG GGCAAAGATCCAGGCATAAGACTAAACTGCCTTATGTGTATAAGGT GCCCGTACACCAGGCCCAAACTTTACAACCCCAGATACCCCAAAG AACTGTTTGTAGTGTACTCTTACAACTTTGCCCACGGGCGCATGCC CGGGGGGGACAAATACATACCCATGGAGTTTAAGGACAGGTGGTA CCCGTCGCTCATGCACCAGGAAGAGGTCATAGAGGACATAGTCAG GAGCGGCCCCTTTGCCCTAAAAGACCAGACAGAGATGGTTACTTG CATGATGAGGTACTCGGCCCTGTTTAACTGGGGCGGTAATATTATC CGCGAACAGGCCGTGGAAGACCCCTGTAAAAAGAACACCTTTGCC CTTCCCGGAGCCAGTGGAGTCGCTCGCCTACTACAAGTCAGCAAC CCGATCAGGCAGACCCCCAGCACCACCTGGCACTCGTGGGACTG GAGAAGGTCCCTCTTTACACAAACGGGTATTAAAAGAATGCGCGA ACAACAACCGTATGATGAAATTACTTATGCAGGGCCTAAGAGGCCA AAACTCACAGTTCCCGCAGGACCCACCCTCGCTGCCGGAGACGC	213

[0524]

		CTACAACTACTGGGAAAGAAAACCGCTCACCTCGCCCGGAGAGAC GCTCCCGACCCAGACGGAGACAGAGACAGAAGCCCCAGAGGAAG AAGCCCAGCAAGAAGAAGTCCAGGAGGGCCTCCAGCTCCAGCAG CTCTGGGAGCAGCAACTCCAGCAAAAGCGACAGCTGGGAGTCAT GTTCCAGCAACTCCTCCGACTCAGAACGGGGGCGGAAATACACCC GGCCCTCGCATAG	
ACR20260.1	FJ392107.1	ATGGCAGCCTGGTGGTGGGGCAGGCGGAGACGCTGGCGCAGGT GGAGGCGCCGCCGCCTCCCTCGCCGCCGCCGCTGGCGACGGAG GAGACGGTGGCCCAGAAGACGCAGGCGGAGATGGCCGCGCAGA CGCAGACGTCGCAGACCTGCTCGCCGCCCTAGAAGGAGACGCAG ACGCCGAAGGGTAAGGAGACCTCGCCGGCGCCAAAAACTGGTAC TGACTCAGTGGAACCCTCAGACAGTTAGAAAGTGCATTATCAGAG GGTTCGTGCCGCTGTTCCAGTGCAGCAGAACTGCCTGCCACAGGA ACTTTGTAGACCACATGGACGACGTGTACACCACGGGTCCCTTCG GGGGCGGCACGGGGTCCATGCTTTTCACCCTGAGCTTCTTCTACC ACGAGTTTAAAAAGCACCACTGCAAGTGGTCCGCCAGCAACAGAG ACTTTGACTTGTGTAGATACAGGGGCACGGTTCTAAAGTTTTATAG ACATCCAGACGTAGACTACATAGTTTGGCTGAACAGAAACCCCCCT TTCCAGGAAAACCTATTAGACGCCATGAGCAGACAGCCCCTCATA ATGTTACAGACTCACAAGTGCATACTGGTGAGGAGCTTTAAAACGC ACCCCAGGGGACCCTCGTACGTCAGAATGAAAGTTAGACCCCCGA GACTACTTACAGACAAGTGGTACTTTCAGTCAGACTTCTGCAACGT TCCGCTTTTCCAGCTACAGTTTGCTCTTGCGGAACTGCGGTTTCCG ATCGGCTCACCACAAACGAACACCACTTGTGTAAACTTCCTGGTGT TAGATAACAGGTACCACTTATTTTTAGATAACAAACCACAACAGTCA GAGAACCTACAAAGAAAAGAGAGGGGGCACGGTTATTCCTTTACG GGTAATGAGGGAGAAGTTGATAGACTAAAATTCTGGCACAGTTTGT GGAATACAGGCAGATTCCTAAACACCACTCACATTAACACCCTACT GCCAAACATCTCTAAATTACAAGAACATAAAGCTGAAGACAGACAG GCAAATGCTAAGTATAAAAATTTAATTAACGGTAACAAAAAGGTATA TAACGATAGTCAATACATGCAAAACGTTTGGGAAGAAAACAAAATA AATACCCTTTATGACGCTATAGCAGAAGAACAATACAGAAAAATAC AAAAGTACTATAACACCACATACGGGCAGTACCAAAGGCAACTATT TACAGGCAAGAAGTACTGGGACTACAGAGTAGGCATGTTCAGTCC CACCTTCCTAAGTCCCAGCAGACTAAATCCAGAGATGCCAGGTGC CTACACAGAGATAGCCTATAACCCCTGGACAGACGAGGGCACGG GCAACGTTGTGTGCCTGCAGTACCTAACAAAAGAAACCTCAGACTA CAAGCCACACGCAGGTAGCAAATTCACCATAGAGGACGTACCCCT GTGGATAGCCATGAACGGGTACGTGGACATATGTAAAAAAGAGGG CAAAGATCCAGGCATAAGACTAAACTGCCTTATGTGTATAAGGTGT CCGTACACCAGGCCCAAACTTTACAACCCCAGATACCCCGAAGAA CTGTTTGTAGTGTACTCTTACAACTTTGCCCACGGGCGCATGCCC GGGGGGGACAAATACATACCCATGGAGTTTAAGGACAGGTGGTAC CCGTCGCTCATGCACCAGGAAGAGGTCATAGAGGACATAGTCAGG AGCGGCCCCTTTGCCCTAAAAGACCAGACAGAGATGGTTACTTGC ATGATGAGGTACTCGGCCCTGTTTAACTGGGGCGGTAATATTATCC	214

[0525]

		GCGAACAGGCCGTGGAAGACCCCTGTAAAAAGAACACCTTTGCCC TTCCCGGAGCCAGTGGAGTCGCTCGCCTACTACAAGTCAGCAACC CGATCAGGCAGACCCCCAGCACCACCTGGCACTCGTGGGACTGG AGAAGGTCCCTCTTTACACAAACGGGTATTAAAAGAATGCGCGAAC AACAACCGTATGATGAAATTACTTATGCAGGGCCTAAGAGGCCAAA ACTCACAGTTCCCGCAGGGCCCACCCTCGCTGCCGGAGACGCCT ACAACTACTGGGAAAGAAAACCGCTCACCTCGCCCGGAGAGACGC TCCCGACCCAGACGGATACAGAGACAGAAGCCCCAGAGGAAGAA GCCCAGCAAGAAGAAGTCCAGGAGGGCCTCCAGCTCCAGCAGCT CTGGGAGCAGCAACTCCAGCAAAAGCGACAGCTGGGAGTCATGTT CCAGCAACTCCTCCGACTCAGAACGGGGGCGGAAATACACCCGG CCCTCGCATAG	
ACR20262.1	FJ392108.1	ATGGCAGCCTGGTGGTGGGGCAGGCGGAGACGCTGGCGCAGGT GGAGGCGCCGCCGCCTCCCTCGCCGCCGCCGCTGGCGACGGAG GAGACGGTGGCCCAGAAGACGCAGGCGGAGATGGCCGCGCAGA CGCAGACGTCGCAGACCTGCTCGCCGCCCTAGAAGGAGACGCAG ACGCCGAAGGGTAAGGAGACCTCGCCGGCGCCAAAAACTGGTAC TGACTCAGTGGAACCCTCAGACAGTTAGAAAGTGCATTATCAGAG GGTTCGTGCCGCTGTTCCAGTGCAGCAGAACTGCCTACCACAGGA ACTTTGTAGACCACATGGACGACGTGTACACCACGGGTCCCTTCG GGGGCGGCACGGGGTCCATGCTTTTCACCCTGAGCTTCTTCTACC ACGAGTTTAAAAAGCACCACTGCAAGTGGTCCGCCAGCAACAGAG ACTTTGACTTGTGTAGATACAGGGGCACGGTTCTAAAGTTTTATAG ACATCCAGACGTAGACTACATAGTTTGGCTGAACAGAAACCCCCCT TTCCAGGAAGACCTATTAGACGCCATGAGCAGACAGCCCCTCATA ATGTTACAGACTCACAAGTGCATACTGGTGAGGAGCTTTAAAACGC ACCCCAGGGGACCCTCGTACGTCAGAATGAAAGTTAGACCCCCGA GACTACTTACAGACAAGTGGTACTTTCAGTCGGACTTCTGCAACGT TCCGCTTTTCCAGCTACAGTTTGCTCTTGCGGAACTGCGGTTTCCG ATCGGCTCACCACAAACGAACACCACTTGTGTAAACTTCCTGGTGT TAGATAACAGGTACCACTTATTTTTAGATAACAAACCACAACAGTCA GACAACCCACAAAGAAAAGAGAGGGGGCACGGTTATTCCTTTACG GGTAATGAGGGAGAAATGGATAGAGAAAGATTCTGGCACAGTTTG TGGAGTACAGGCAGATTCCTAAACACCACTCACATTAACACCCTAC TGCCAAACATCTCTAAATTACAAGACCATAAAGCTGAAGACAAAGA CGCAAAAACTACCTATAAAAGTTTAATTAACGATAACAAAAAGGTAT ATAACGATAGTCAATACATGCAAAACGTTTGGGACCAAAACAAAAT ACATACCCTTTATATGGCTATAGCAGAAGAACAATACAGAAAAATA CAAAAGTACTATAACACCACATACGGGCAGTACCAAAGGCAACTAT TTACAGGCAAGAAGTACTGGGACTACAGAGTAGGCATGTTCAGTC CCACCTTCCTAAGTCCCAGCAGACTAAATCCAGAGATGCCAGGTG CCTACACAGAGATAGCCTATAACCCCTGGACAGACGAGGGCACGG GCAACGTTGTGTGCCTGCAGTACCTAACAAAAGAAACCTCAGACTA CAAGCCACACGCAGGTAGCAAATTCACCATAGAGGACGTACCCCT GTGGATAGCCATGAACGGGTACGTGGACATATGTAAAAAAGAGGG CAAAGATCCAGGCATAAGACTAAACTGCCTTATGTGTATAAGGTGT	215

[0526]

		CCGTACACCAGGCCCAAACTTTACAACCCCAGATACCCCGAAGAA CTGTTTGTAGTGTACTCTTACAACTTTGCCCACGGGCGCATGCCC GGGGGGGACAAATACATACCCATGGAGTTTAAGGACAGGTGGTAC CCGTCGCTCATGCACCAGGAAGAGGTCATAGAGGACATAGTCAGG AGCAGCCCCTTTGCCCTAAAAGACCAGACAGAGATGGTTACTTGC ATGATGAGGTACTCGGCCCTGTTTAACTGGGGCGGTAATATTATCC GCGAACAGGCCGTGGAAGACCCCTGTAAAAAGAACACCTTTGCCC TTCCCGGAGCCAGTGGAGTCGCTCGCCTACTACAAGTCAGCAACC CGATCAGGCAGACCCCCAGCACCACCTGGCACTCGTGGGACTGG AGAAGGTCCCTCTTTACACAAACGGGTATTAAAAGAATGCGCGAAC AACAACCGTATGATGAAATTACTTATGCAGGGCCTAAGAGGCCAAA ACTCACAGTTCCCGCAGGGCCCACCCTCGCTGCCGGAGACGCCT ACAACTACTGGGAAAGAAAACCGCTCACCTCGCCCGGAGAGACGC TCCCGACCCAGACGGAGACAGAGACAGAAGCCCCAGAGGAAGAA GCCCAGCAAGAAGAAGTCCAGGAGGGCCTCCAGCTCCAGCAGCT CTGGGAGCAGCAACTCCAGCAAAAGCGACAGCTGGGAGTCATGTT CCAGCAACTCCTCCGGCTCAGAACGGGGGCGGAAATACACCCGG CCCTCGCATAG	
ACR20267.1	FJ392111.1	ATGGCAGCCTGGTGGTGGGGCAGGCGGAGACGCTGGCGCAGGT GGAGGCGCCGCCGCCTCCCTCGCCGCCGCCGCTGGCGACGGAG GAGACGGTGGCCCAGAAGACGCAGGCGGAGATGGCCGCGCAGA CGCAGACGTCGCAGACCTGCTCGCCGCCCTAGAAGGAGACGCAG ACGCCGAAGGGTAAGGAGACCTCGCCGGCGCCAAAAACTGGTAC TGACTCAGTGGAACCCTCAGACAGTTAGAAAGTGCATTATCAGAG GGTTCGTGCCGCTGTTCCAGTGCAGCAGAACTGCCTACCACAGGA ACTTTGTAGACCACATGGACGACGTGTACACCACGGGTCCCTTCG GGGGCGGCGCGGGGTCCATGCTTTTCACCCTGAGCTTCTTCTACC ACGAGTTTAAAAAGCACCACTGCAAGTGGTCCGCCAGCAACAGAG ACTTTGACTTGAGTAGATACAGGGGCGCGGTTCTAAAGTTCTATAG ACATCCAGACGTAGACTACATAGTTTGGCTGAACAGAAACCCCCCT TTCCAGGAAAACCTATTAGACGCCATGAGCAGACAGCCCCTCATA ATGTTACAGACTCACAAGTGCATACTGGTGAGGAGCTTTAAAACGC ACCCCAGGGGACCCTCGTACGTCAGAATGAAAGTTAGACCCCCGA GACTACTTACAGACAAGTGGTACTTTCAGTCAGACTTCTGCAACGT TCCGCTTTTCCAGCTACAGTTTGCTCTTGCGGAACTGCGGTTTCCG ATCGGCTCACCACAAACGAACACCACTTGTGTAAACTTCCTGGTGT TAGACAACAGGTACCACTCATTTTTAGATAACAAACCACAACAGTC AGAGAACTCACAAAGAAAAGAGAGGGGGCACGGTTATTCCTTTAC GGGTAAAGAGGGAGAACAGGATAGACTAACATTCTGGCAGAGTTT GTGGAATACAGGCAGATTCCTAAACACCACTCACATTAACACCCTA CTGCCAAACATCTCTAAATTACAAGACCATAAAGCTGAAGACACAG ACGCAAATCCTGACTATAAAAGTTTAATTAACGGTAACAAAAAGGT ATATAACGATAGTCAATACATGCAAAACGTTTGGCAACAAGGCAAA ATAAATACCCTTTGTAACGCTATAGCACAGGAACAATACAGAAAAA TACAAAAGTACTATAACACCACATACGGGCAGTACCAAAGGCAACT ATTTACAGGCAAGAAATACTGGGACTACAGAGTAGGCACGTTCAG	216

		TCCCACCTTCCTAAGTCCCAGCAGACTAAATCCAGAGATGCCAGG TGCCTACACAGAGATAGCCTATAACCCCTGGACAGACGAGGGCAC GGGCAACGTTGTGTGCCTGCAGTACCTAACAAAAGAAACCTCAGA CTACAAGCCACACGCAGGTAGCAAATTCACCATAGAGGACGTACC CCTGTGGATAGCCATGAACGGGTACGTGGACATATGTAAAAAAGA GGGCAAAGATCCAGGCATAAGACTAAACTGCCTTATGTGTATAAG GTGTCCGTACACCAGGCCCAAACTTTACAACCCCAGATACCCCGA AGAACTGTTTGTAGTGTACTCTTACAACTTTAGCCACGGGCGCATG CCCGGGGGGGACAAATACATACCCATGGAGTTTAAGGACAGGTG GTACCCGTCGCTCATGCACCAGGAAGAGGTCATAGAGGACATAGT CAGGAGCGGCCCCTTTGCCCTAAAAGACCAGACAGACATGGTTAC TTGCATGATGAGGTACTCGGCCCTGTTTAACTGGGGCGGTAATATT ATCCGCGAACAGGCCGTGGAAGACCCCTGTAAAAAGAACACCTTT GCCCTTCCCGGAGCCAGTGGAGTCGCTCGCCTACTACAAGTCAGC AACCCGATCAGGCAGACCCCCAGCACCACCTGGCACTCGTGGGA CTGGAGAAGGTCCCTCTTTACACAAACGGGTATTAAAAGAATGCG CGAACAACAACCGTATGATGAAATTACTTATGCAGGGCCTAAGAG GCCAAAACTCACAGTTCCCGCAGGGCCCACCCTCGCTGCCGGAG ACGCCTACAACTACTGGGAAAGAAAACCGCTCACCTCGCCCGGAG AGACGCTCCCGACCCAGACGGAGACAGAGACAGAAGCCCCAGAG GAAGAAGCCCAGCAAGAAGAAGTCCAGGAGGGCCTCCAGCTCCA GCAGCTATGGGAGCAGCAACTCCAGCAAAAGCGACAGCTGGGAG TCATGTTCCAGCAACTCCTCCGACTCAGAACGGGGGCGGAAATAC ACCCGGCCCTCGCATAG	
ACR20269.1	FJ392112.1	ATGGCAGCCTGGTGGTGGGGCAGGCGGAGACGCTGGCGCAGGT GGAGGCGCCGCCGCCTCCCTCGCCGCCGCCGCTGGCGACGGAG GAGACGGTGGCCCAGAAGACGCAGGCGGAGATGGCCGCGCAGA CGCAGACGTCGCAGACCTGCTCGCCGCCCTAGAAGGAGACGCAG ACGCCGAAGGGTAAGGAGACCTCGCCGGCGCCAAAAACTGGTAC TGACTCAGTGGAACCCTCAGACAGTTAGAAAGTGCATTATCAGAG GGTTCGTGCCGCTGTTCCAGTGCAGCAGAACTGCCTACCACAGGA ACTTTGTAGACCACATGGACGACGTGTACACCACGGGTCCCTTCG GGGGCGGCACGGGGTCCATGCTTTTCACCCTGAGCTTCTTCTACC ACGAGTTTAAAAAGCACCACTGCAAGTGGTCCGCCAGCAACAGAG ACTTTGACTTGTGTAGATACAGGGGCACGGTTCTAAAGTTTTATAG ACATCCAGACGTAGACTACATAGTTTGGCTGAACAGAAACCCCCCT TTCCAGGAAAACCTATTAGACGCCATGAGCAGACAGCCCCTCATA ATGTTACAGACTCACAAGTGCATACTGGTGAGGAGCTTTAAAACGC ACCCCAGGGGACCCTCGTACGTCAGAATGAAAGTTAGACCCCCGA GACTACTTACAGACAAGTGGTACTTTCAGTCAGACTTCTGCAACGT TCCGCTTTTCCAGCTACAGTTTGCTCTTGCGGAACTGCGGTTTCCG ATCGGCTCACCACAAACGAACACCACTTGTGTAAACTTCCTGGTGT TAGATAACAGGTACCACTTATTTTTAGATAACAAACCACGACAGTC AGAGAACTTACAAAGAAAAGAGAGGGGGCACGGTTATGTCTTTAC GGGTAATGAGGGAGAAGATGATAGACTAAAATTCTGGCACAGTTT GTGGAGTACAGGCAGATTCCTAAACACCACTCACATTAACACCCTA	217

[0527]

[0528]

		CTGCCAAACATCTCTAAATTACAAGACCATGAAGCTGAAGACACAC AGGCAAAAACTGACTATAAAAGTTTAATTAACGGTAACAAAAAGGT ATATAACGATAGTCAATACATGCAAGACGTTTGGGAACAAAAGAAA ATACAAACCCTTTATAAGGTTATAGCAGAAGAACAATACAGAAAAA TAGAAAAGTACTATAACACCACATACGGGCAGTACCAAAGGCAACT ATTTACAGGCAAGAAGTACTGGGACTACAGAGTAGGCATGTTCAG TCCCACCTTCCTAAGTCCCAGCAGACTAAATCCAGAGATGCCAGG TGCCTACACAGAGATAGCCTATAACCCCTGGACAGACGAGGGCAC GGGCAACGTTGTGTGCCTGCAGTACCTAACAAAAGAAACCTCAGA CTACAAGCCACACGCAGGTAGCAAATTCACCATAGAGGACGTACC CCTGTGGATAGCCATGAACGGGTACGTGGACATATGTAAAAAAGA GGGCAAAGATCCAGGCATAAGACTAAACTGCCTTATGTGTATAAG GTGTCCGTACACCAGGCCCAAACTTTACAACCCCAGATACCCCGA AGAACTGTTTGTAGTGTACTCTTACAACTTTGCCCACGGGCGCATG CCCGGGGGGGGACAAATACATACCCATGGAGTTTAAGGACAGGTG GTACCCGTCGCTCATGCACCAGGAAGAGGTCATAGAGGACATAGT CAGGAGCGGCCCCTTTGCCCTAAAAGACCAGACAGAGATGGTTAC TTGCATGATGAGGTACTCGGCCCTGTTTAACTGGGGCGGTAATATT ATCCGCGAACAGGCCGTGGAAGACCCCTGTAAAAAGAACACCTTT GCCCTTCCCGGAGCCAGTGGAGTCGCTCGCCTACTACAAGTCAGC AACCCGATCAGGCAGACCCCCAGCACCACCTGGCACTCGTGGGA CTGGAGAAGGTCCCTCTTTACACAAACGGGTATTAAAAGAATGCG CGAACAACAACCGTATGATGAAATTACTTATGCAGGGCCTAAGAG GCCAAAACTCACAGTTCCCGCAGGGCCCACCCTCGCTGCCGGAG ACGCCTACAACTACTGGGAAAGAAAACCGCTCACCTCGCCCGGAG AGACGCTCCCGACCCAGACGGAGACAGAGACAGAAGCCCCAGAG GAAGAAGCCCAGCAAGAAGAAGTCCAGGAGGGCCTCCAGCTCCA GCAGCTCTGGGAGCAGCAACTCCAGCAAAAGCGACAGCTGGGAG TCATGTTCCAGCAACTCCTCCGACTCAGAACGGGGGCGGAAATAC ACCCGGCCCTCGCATAG	
ACR20272.1	FJ392114.1	ATGGCTGCCTGGTGGTGGGGCAGGAGGCGGCGATGGCGCCGGT GGAGACGGCGCCGTCTCCCTCGCCGCCGCCGCTGGCGACGGAG GAGACGGTGGCCCAGGAGGCGTAGGCGGAGATGGCCGCGGAGA CGCAGACGTCGCGGACCTGCTCGCCGCCTTAGAAGGAGACGTCG ACGCAGAAGGGTAAGGAGACCTCGCCGGCGCCAAAAACTCGTAC TGACTCAGTGGAACCCCCAGACCCAGAGAAAGTGCGTGGTCAGG GGGTTTCTGCCCCTGTTCTTTTGCGGACAGGGAGCCTATCACAGA AACTTTGTGGAACACATGGACGACGTGTTCCCCAAGGGACCCTCG GGAGGGGGCTTTGGCAGCATGGTGTGGAACCTAGATTTTTTGTAC CAAGAGTTTAAAAAGCATCACAACAAGTGGTCTTCCAGCAACAGG GACTTTGACCTAGTGAGGTGCCACGGCACGGTGATTAAATTCTAC AGACACTCTGACTTTGACTACCTGGTGCACGTCACCAGGACCCCT CCTTTCAAGGAGGACCTCCTCACCATCGTCAGCCACCAGCCGGGG CTCATGATGCAGAACTACAGGTGCATACTCGTAAAGAGTTACAAGA CGCACCCCGGGGGGCGACCCTACATAACACCTAAAATAAGGCCC CCCAGACTCCTGACGGACAAGTGGTACTTTCGGCCCGACTTCTGC	218

[0529]

		GGAGTTCCTCTTTTCAAACTGTACGTTACTCTTGCAGAGTTGCGGT TTCCGATCTGCTCACCACAAACTGACACCAATTGTGTCACCTTCCT GGTGTTAGACAACACCTACTACGACTACTTAGACAATACTGCAGAC ACCACTAGAGACCATGAAAGACAGCAGAAATGGACAAACATGAAA ATGACACCCAGATACCATCTCACCAGTCACATAAATACATTGTTTA GTGGAACACAACAGATGCAAAGCGCAAAAGAAACAGGCAAAGACA GTCAGTTTAGAGAAAACATCTGGAAAACAGCTGAGGTTGTTAAAAT TATTAAAGATATAGCCTCAAAAAACATGCAAAAACAACAAACCTACT ACACAAAAACCTATGGCGCCTATGCCACCCAGTATTTTACTGGAAA ACAATACTGGGACTGGAGGGTGGGCCTGTTCAGCCCCATATTCCT CAGTCCCAGCAGACTGAACCCACAAGAGCCAGGGGCCTACACAG AAATAGCTTACAATCCATGGACTGACGAGGGCACGGGCAACATAG TGTGCATTCAGTACCTAACAAAGAAAGACAGTCACTACAAGCCGG GTGCCGGTAGCAAATTCGCAGTGACGGACGTTCCCCTGTGGGCC GCCCTGTTCGGGTACTACGACCAGTGTAAGAAAGAAAGCAAAGAC GCGAACATAAGACTAAACCGCTTGCTGTTAGTCAGGTGCCCTTACA CCAGGCCTAAACTGTACAATCCCAGAGACCCGGACCAACTGTTTG TAATGTACAGCTACAACTTTGGGCACGGACGCATGCCGGGGGGC GACAAGTACGTGCCCATGGAATTTAAGGACAGGTGGTACCCGTGC ATGCTGCACCAAGAAGAAGTAGTGGAGGAGATAGTAAGGTGCGG GCCCTTTGCTCCCAAAGACATGACTCCCTCGGTAACATGCATGGC CAGATACTCATCCCTGTTCACCTGGGGGGGCAATATCATTCGCGA ACAGGCCGTGGAGGACCCCTGTAAAAAATCCACGTTTGCCATTCC CGGAGCCGGTGGACTCGCTCGCATTCTACAAGTCAGCAACCCGCA GAGGCAAGCCCCCACCACCACCTGGCACTCGTGGGGCTGGCGCC GATCCCTCTTTACAGAGACGGGTCTTAAGCGAATGCAGGAACAAC AACCTTACGATGAAATGTCCTATACAGGCCCTAAAAGGCCAAAACT GTCTGTTCCCCCAGCAGCAGAAGGAAACCTCGCTGCAGGAGGAG GCTTATTCTTCAGGGACGGAAAACAGCCTGCCTCGCCAGGAGGCA GTCTCCCGACGCAGTCGGAGACAGAAGCAGAAGCCGAAGACGAA GAAGCCCACCAAGAAGAGACGGAGGAGGGAGCGCAGCTCCAGCA GCTCTGGGAGCAGCAACTCCAACAGAAGCGAGAGCTGGGAATCG TTTTCCAACACCTCCTCCGACTCCGACAGGGGGCGGAAATCCACC CGGGCCTCGTATAA	
ACR20274.1	FJ392115.1	ATGGCTGCYTGGTGGTGGGGCAGGAGGCGGCGATGGCGCCGGT GGAGACGGCGCCGTYTCCCTCGCCGCCGCCGCTGGCGACGGAG GAGACGGTGGCCCAGGAGGCGTAGGCGGAGATGGCCGCGGAGA CGCAGACGTCGCAGACCTGCTCGCCGCCTTAGAAGGAGACGTCG ACGCAGAAGGGTAAGGAGACCTCGCCGGCGCCAAAAACTCGTAC TGACTCAGTGGAACCCCCAGACCCAGAGAAAGTGCGTGGTCAGG GGGTTTCTGCCCCTGTTCTTCTGCGGACAGGGAGCCTATCACAGA AACTTTGTGGAACACATGGACGACGTGTTCCCCAAGGGACCCTCG GGAGGGGGCTTTGGCAGCATGGTGTGGAACCTAGATTTTTTGTAC CAAGAGTTTAAAAAGCATCACAACAGGTGGTCTTCCAGCAACAGG GACTTTGACCTAGTGAGGTACCACGGCACGGTGATTAAATTCTACA GACACTCTGACTTTGACTACCTGGTGCACGTCACCAGGACCCCTC	219

[0530]

		CTTTCAAGGAGGACCTCCTCACCATCGTCAGCCACCAGCCGGGGC TCATGATGCAGAACTACAGGTGCATACTCGTAAAGAGTTACAAGAC GCACCCCGGGGGGCGACCCTACATAACACTTAAAATAAGGCCCCC CAGACTCCTGACGGACAAGTGGTACTTTCAGCCCGACTTCTGCGG AGTTCCTCTTTTCAAACTGTACGTTACTCTTGCAGAGTTGCGGTTT CCGATCTGCTCACCACAAACTGACACCAATTGTGTCACCTTCCTGG TGTTAGACAACACCTACTACGACTACTTAGACAGTACTGCAGACAC CACTAGAGACAATGAAAGACACCAGAAATGGAAAAACATGATAATG ACACCCAGATACCATCTCACCAGTCACATAAATACATTGTTTAGTG GAACACAACAGATGCAAAACGCAAAAGAAACAGGCAAAGACAGTC AGTTTAGAGAAAACATCTGGAAAACAGAAGAGGTTGTTAAAATTAT TCACGATATAGCCTCTAGAAACATGCAAAAACAAATAACCTACTAC ACAAAAACCTATGGCGCCTATGCCACCCAGTATTTTACTGGAAAAC AATACTGGGACTGGAGGGTGGGCCTGTTCAGCCCCATATTCCTCA GTCCCAGCAGACTGAACCCACAAGAGCCAGGGGCCTACACAGAA ATAGCTTACAATCCATGGACTGACGAGGGCACGGGCAACATAGTG TGCATTCAGTACCTAACAAAGAAAGACAGTCACTACAAGCCGGGT GCCGGTAGCAAATTCGCAGTGACGGACGTTCCCCTGTGGGCCGC CCTGTTCGGGTACTACGACCAGTGTAAGAAAGAAAGCAAAGACGC GAACATAAGACTAAACTGCTTGCTGTTAGTCAGGTGCCCTTACACC AGGCCTAAACTGTACAATCCCAGAGACCCGGACCAACTGTTTGTA ATGTACAGCTACAACTTTGGGCACGGACGCATGCCGGGGGGCGA CAAGTACGTGCCCATGGAATTTAAGGACAGGTGGTACCCGTGCAT GCTGCACCAAGAAGAAGTAGTGGAGGAGATAGTAAGGTGCGGGC CCTTTGCTCCCAAAGACATGACTCCCTCGGTAACATGCATGGCCA GATACTCATCCCTGTTCACCTGGGGGGGCAATATCATTCGCGAAC AGGCCGTGGAGGACCCCTGTAAAAAATCCACGTTTGCCATTCCCG GAGCCGGTGGACTCGCTCGCATTCTACAAGTCAGCAACCCGCAGA GGCAAGCCCCCACGACCACGTGGCACTTGTGGGACTGGCGCCGA TCCCTCTTTACAGAGACGGGTCTTAAGCGAATGCAGGAACAACAA CCTTACGATGAAATGTCTTATACAGGCCCTAAAAGGCCAAAACTGT CCGTTCCCCCAGCAGCAGAAGGAAACCTCGCTGCAGGAGGAGGC TTATTCTTCCGGGACAGAAAACAGCCCACCTCGCCAGGAGGCAGT CTCCCGACGCAGTCGGAGACAGAAGCAGAAGCGGAAGACGAAGA AGCCCACCAAGAAGAGACGGAGGAGGGAGCGCAGCTCCAGCAGC TCTGGGAGCAGCAACTCCAACAGAAGCGAGAGCTGGGAATCGTTT TCCAACACCTCCTCCGACTCCGACAGGGGGCGGAAATCCACCCG GGCCTCGTATAA	
ACR20277.1	FJ392117.1	ATGGCATGGTGGTGGTGGAGAAGGAGACGCCGCCCGTGGAGAAG GCGCTGGCGCTGGAAGAGACGAGCCCGAGTACGAACCAGGAGAC CTAGACGCGCTGTTCGCCGCCGTCGAAGAAGAGTAAGGAGGCGG AGGAGGGGGTGGAGGAGACTATACAGACGATGGCGACGAAAGGG CAGACGCAGACGCAGACGCAAAAAGTTAGTAATGAAACAGTGGAA CCCCTCCACTGTCAGCAGATGCTATATTGTTGGATACCTGCCTATT ATTATTATGGGACAGGGGACTGCATCCATGAACTATGCATCTCACT CAGACGACGTGTACTACCCCGGACCGTTTGGGGGGGGAATAAGC	220

[0531]

		TCTATGAGGTTTACTTTAAGAATACTGTATGACCAGTTTATGAGAG GACAGAACTTCTGGACTAAGACAAACGAGGACTTGGACCTAGCTA GATTTCTAGGCAGCAAATGGAGGTTCTATAGACACAAAGATGTGGA CTTTATAGTGACTTACGAGACCTCAGCCCCCTTTACAGACTCCCTA GAGTCAGGACCACACCAACACCCAGGCATACAGATGCTAATGAAA AACAAAATACTAATCCCTAGCTTTGCCACCAAACCAAAAGGAAGGT CTAGCATTAAAGTTAGAATACAGCCCCCAAAGCTAATGATAGACAA GTGGTACCCACAAACTGACTTCTGTGAAGTAACGCTGCTAACCATA CATGCAACCGCCTGCAACTTGCGGTTTCCGTTCTGCTCACCACAA ACTGACACTTCCTGTGTTCAGTTTCAAGTGTTGTCATACAACGCTT ACAGGCAGAGAATTTCAATACTTCCTGAATTATGTACTAGAGAAAA GCTTAGGGAGTTTATTAAACAAGTAGTAAAACCAAATTTAACATGCA TAAACACTCTAGCTACTCCATGGTGCTTTAAATTCCCAGAGCTAGA CAAACTACCACCAGTGGCAAACAATGCAACAGGCTGGTCAGTTAA CCCAGATAGCGGAGACGGAGATGTAATATACCAGGAAACTACATT AGAAACCAAATGGATTGCTAACAATGATGTGTGGCATACAAAAGAC CAAAGAGCACACAACAACATACATAGCCAATATGGCATGCCACAAT CAGACGCATTAGAACACAAAACAGGTTACTTCAGTCCAGCATTATT AAGCCCACAAAGACTAAACCCACAGATACCAGGCCTATACATAAAC ATAGTCTACAATCCACTAACAGACAAAGGAGAAGGCAACAAAATTT GGTGTGACCCACTAACAAAAAACACATTTGGCTATGATCCCCCTAA AAGTAAATTCCTTATAGAAAATCTGCCACTGTGGTCTGCAGTAACA GGATACGTAGACTACTGCACGAAAGCCAGCAAAGATGAAAGCTTT AAATACAACTACAGAGTACTTATCCAGACCCCATACACAGTACCAG CACTATACAGTGACTCTGAAACCACCAAAAACAGAGGCTACATTCC CATAGGCACAGACTTTGCATACGGCCGCATGCCTGGGGGAGTACA ACAAATACCAATTAGATGGAGAATGAGGTGGTACCCCATGCTATTT AATCAACAACCAGTACTAGAAGACCTATTCCAGTCAGGCCCCTTTG CATACCAAGGAGATGCTAAATCAGCCACACTAGTCGGCAAATATG CCTTTAAATGGCTATGGGGTGGCAATCGTATCTTCCAACAGGTGGT CAGAGACCCGCGCTCACACCAGCAAGACCAATCAGTTGGTCCCAG TAGACAGCCTAGAGCAGTACAAGTCTTTGACCCGAAGTACCAAGC ACCACAATGGACATTCCACGCGTGGGACATCAGACGTGGTCTGTT TGGCAGACAGGCTATTAAAAGAGTGTCAGCAAAACCAACACCTGA TGAGCTTATATCAACAGGCCCAAAAAGACCTCGGCTGGAAGTCCC CGCGTTCCAAGAAGAGCAAGAAAAAGACTTACTTTTCAGACAGAGA AAACACAAAGCCTGGGAGGACACAACGGAGGAAGAGACAGAAGC CCCCTCAGAAGAGGAGGAAGAGAACCAAGAGCTCCAGCTCGTCA GACGCCTCCAGCAGCAACGAGAGCTGGGACGAGGCCTCAGATGC CTCTTCCAGCAACTAACCCGCACACAGATGGGGCTGCATGTAGAC CCCCAACTATTGGCCCCTGTATAA	
ADO51761.1	GU797360.1	ATGGCATGGGGATGGTGGAAACGAAGGCGCAAGTGGTGGTGGAG ACGACGCTGGACTCGTGGCCGACTTCGCAAACGACGGGCTAGAC GAGCTGGTCGCCGCCCTCGACGAAGAAGAGTAAGGAGACGGAGG GCTTGGAGGCGTGGGCGACGAAAGAGACGGACTTTCAGACGCAG ACGCAGACGAAAGGGTAGGAGACACAGAACCAGACTTATAATAAG	221

[0532]

		ACAATGGCAGCCAGAAATAGTGAGAAAGTGCCTCATAATAGGCTA CTTTCCCATGATTATATGTGGCCAGGGACGCTGGTCAGAGAACTA CAGCAGCCACCTAGAGGACCGTGTAGTAAAACAGGCCTTCGGTGG GGGACACGCGACTACCAGGTGGTCTCTAAAAGTACTGTACGAGGA GAACCTCAGACACTTGAACTTTTGGACCTGGACTAACAGAGACTTA GAACTGGCCAGGTACCTCAAAGTGACGTGGACCTTTTACAGACAC CAAGATGTAGACTTTATAATATACTTTAACAGAAAGAGCCCCATGG GAGGCAACATATACACAGCACCCATGATGCATCCGGGAGCCCTAA TGCTCAGCAAACACAAGATACTAGTAAAAAGCTTTAAAACAAAACC CAAGGGCAAAGCAACAGTTAAAGTGACTATTAAGCCCCCCACTCTA CTAGTAGACAAGTGGTACTTTCAAAAGGACATTTGCGACATGACAC TGTTAAACCTCAATGCCGTTGCGGCTGACTTGCGGTTTCCGTTCTG CTCACCACAAACTGACAACCCTTGCATCAACTTCCAGGTTCTGTCC TCAGTGTATAACAACTTCCTCTCTATAACTGACAATAGACTAACACC AGTCACAGATGATGGCCAGGCTTATTATAAAGCTTTTCTAGACGCT GCATTTACCAAAGACAGAGACTTTAATGCTGTTAATACGTTTAGAA CAATATCTAACTTTTCCCACCCACAACTAGAACTTCCAACTAAAACC ACCAACACATCCCAAGATCAATACTTTAACACTCTAGATGGGTACT GGGGAGACCCCATATATGTACACACACAAAATATAAAACCTGACCA AAACCTTGATAAATGCAAAGAAATACTTACAAACAACATGAAAAACT GGCATAAAAAAGTAAAGTCAGAAAACCCAAGTAGCCTGAACCACA GCTGCTTTGCCCACAATGTAGGCATATTCAGCAGCTCATTCCTATC CGCAGGCAGACTAGCACCAGAAGTTCCAGGCCTGTACACAGATGT TATTTACAACCCATACACAGACAAGGGAAAGGGAAACATGCTATGG GTGGATTACTGTAGCAAAGGAGACAACCTATACAAAGAAGGCCAA AGCAAGTGTCTACTTGCCAACCTACCCCTCTGGATGGCCACAAAC GGTTATATAGACTGGGTAAAAAAAGAAACAGATAACTGGGTTATAA ACACTCAAGCCAGAGTACTCATGGTATGTCCCTACACTTACCCAAA ACTATACCATGAAATACAGCCATTATATGGCTTTGTAGTATACTCAT ATAACTTTGGAGAGGGAAAAATGCCAAACGGGGCCACATACATAC CCTTTAAGTTTAGAAACAAGTGGTATCCAACCATATACATGCAGCA AGCAGTACTAGAAGATATATCCAGATCGGGCCCCTTTGCACTTAAA CAACAGATACCCAGCGCCACACTTACTGCCAAATACAAATTCAAAT TCTTATTTGGCGGTAACCCTACTTCTGAACAGGTTGTTAGAGACCC CTGCACTCAGCCCACCTTCGAACTGCCCGGAGCCAGTACGCAGC CTCCACGAATACAAGTCACGGACCCGAAACTCCTCGGTCCCCACT ACTCATTCCACTCGTGGGACCTCAGACGTGGCTACTATAGCACAA AGAGTATTAAACGAATGTCAGAACACGAAGAACCTTCTGAGTTTAT TTTCCCAGGTCCCAAAAAACCCAGGGTCGACCTCGGGCCAATCCA ACAGCAAGAAAGGCCCTCCGATTCACTCCAAAGAGAATCGAGGCC GTGGGAGACCAGCGAAGAAGAGAGCGAAGCAGAAGTCCAGCAAG AAGAGACGGAGGAGGTGCCCCTCAGACAGCAACTCCTCCACAAC CTCAGAGAGCAGCAGCAACTCCGAAAGGGCCTCCAGTGCGTCTTC CAGCAGCTAATAAAGACGCAGCAGGGGGTTCACATAGACCCATCC CTACTGTAG	
AAX94182.1	DQ003341.1	ATGGCGTGGTCGTGGTGGTGGAGGCGACGGAAACGCTGGTGGCC	222

		GCGCAGAAGGAGGCGATGGAGGAGATTTCGCACCCGAAGAGCTA GACGAGCTGTTCCGCGCCGTCGCCGCCGACGAAGAGTAAGGAGG CGCCGGTGGGGGAGGCGAGGACGTAGGAGACGGGTTTTTTATAA GAGACGCAGACGAAAGACTGGCAGACTGTACAGAAAGCCCAAAAA GAAACTAGTACTGACTCAGTGGCACCCCACTACCGTCCGCAACTG CTCCATCCGAGGCCTTGTGCCTCTAGTACTCTGCGGACACACTCA GGGCGGCAGAAACTTTGCTCTCAGGAGCGATGACTACCCCAAGCA GGGGTCTCCTTACGGAGGCAGTTTTAGCACTACAACCTGGAACTT GAGGGTCCTTTTTGACGAACACCAAAAACACCACAACACGTGGAG CTACCCCAATAACCAGCTAGACCTGGGCAGATACAAGGGCTGCAC CTTCTGCTTTTACAGAGGCAAAAAGACGGACTACATAGTAAAGTTT CAGAGGAGGGGACCCTTTAAAATAAACAAGTACAGCAGTCCCATG GCCCATCCGGGCATGATGATGCTAGATAAGATGAAAATCCTGGTG CCCAGCTTTGATACCAGGCCCGGGGGTCGCTGA	
AAX94185.1	DQ003342.1	ATGGCGTGGTCGTGGTGGTGGAGGCGACGGAAACGCTGGTGGCC GCGCAGAAGGAGGCGATGGAGGAGATTTCGCACCCGAAGAGCTA GACGAGCTGTTCCGCGCCGTCGCCGCCGACGAAGAGTAAGGAGG CGCCGGTGGGGGAGGCGAGGACGTAGGAGACGGGTTTTTTATAA GAGACGCAGACGAAAGACTGGCAGACTGTACAGAAAGCCCAAAAA GAAACTAGTACTGACTCAGTGGCACCCCACTACCGTCCGCAACTG CTCCATCCGAGGCCTTGTGCCTCTAGTACTCTGCGGACACACTCA GGGCGGCAGAAACTTTGCTCTCAGGAGCGATGACTACCCCAAGCA GGGGTCTCCTTACGGAGGCAGTTTTAGCACTACAACCTGGAACTT GAGGGTCCTTTTTGACGAACACCAAAAACACCACAACACGTGGAG CTACCCCAATAACCAGCTAGACCTGGGCAGATACAAGGGCTGCAC CTTCTGCTTTTACAGAGGCAAAAAGACGGACTACATAGTAAAGTTT CAGAGGAGGGGACCCTTTAAAATAAACAAGTACAGCAGTCCCATG GCCCATCCGGGCATGATGATGCTAGATAAGATGAAAATCCTGGTG CCCAGCTTTGATACCAGGCCCGGGGGTCGCTGA	223
AAX94188.1	DQ003343.1	ATGGCGTGGTCGTGGTGGTGGAGGCGACGGAAACGCTGGTGGCC GCGCAGAAGGAGGCGATGGAGGAGATTTCGCACCCGAAGAGCTA GACGAGCTGTTCCGCGCCGTCGCCGCCGACGAAGAGTAAGGAGG CGCCGGTGGGGGAGGCGAAGACGTAGGAGACGGGTTTTTTATAA GAGACGCAGACGAAAGACTGGCAGACTGTACAGAAAGCCCAAAAA GAAACTAGTACTGACTCAGTGGCACCCCACTACCGTCCGCAACTG CTCCATCCGAGGCCTTGTGCCTCTAGTACTCTGCGGACACACTCA GGGCGGCAGAAACTTTGCTCTCAGGAGCGATGACTACCCCAAGCA GGGGTCTCCTTACGGAGGCAGTTTTAGCACTACAACCTGGAACTT GAGGGTCCTTTTTGACGAACACCAAAAACACCACAACACGTGGAG CTACCCCAATAACCAGCTAGACCTGGGCAGATACAAGGGCTGCAC CTTCTACTTTTACAGAGACAAAAAGACAGACTACATAGTAAAGTTTC AGAGGAGGGGACCCTTTAAAATAAACAAGTACAGCAGTCCCATGG CCCATCCGGGCATGATGATGCTAGATAAGATGAAAATCCTGGTGC CCAGCTTTGATACCAGGCCCGGGGGTCGCTGA	224
AAX94191.1	DQ003344.1	ATGGCGTGGTCGTGGTGGTGGAGGCGACGGAAACGCTGGTGGCC GCGCAGAAGGAGGCGATGGAGGAGATTTCGCACCCGAAGAGCTA	225

[0533]

		GACGAGCTGTTCCGCGCCGTCGCCGCCGACGAAGAGTAAGGAGG CGCCGGTGGGGGAGGCGAAGACGTAGGAGACGGGTTTTTTATAA GAGACGCAGACGAAAGACTGGCAGACTGTACAGAAAGCCCAAAAA GAAACTAGTACTGACTCAGTGGCACCCCACTACCGTCCGCAACTG CTCCATCCGAGGCCTTGTGCCTCTAGTACTCTGCGGACACACTCA GGGCGGCAGAAACTTTGCTCTCAGGAGCGATGACTACCCCAAGCA GGGGTCTCCTTACGGAGGCAGTTTTAGCACTACAACCTGGAACTT GAGGGTCCTTTTTGACGAACACCAAAAACACCACAACACGTGGAG CTACCCCAATAACCAGCTAGACCTGGGCAGATACAAGGGCTGCAC CTTCTACTTTTACAGAGACAAAAAGACAGACTACATAGTAAAGTTTC AGAGGAGGGGACCCTTTAAAATAAACAAGTACAGCAGTCCCATGG CCCATCCGGGCATGATGATGCTAGATAAGATGAAAATCCTGGTGC CCAGCTTTGATACCAGGCCCGGGGGTCGCTGA	
AAX94183.1	DQ003341.1	ATGTACTATGGCTGCATAGGAATTAATTCCACTTTAACAACCAAGTA TGAAAACTTATTTAATAAACTATATTCCAAATGCTGCTACTTTGAAA CCTTTCAAACAATAGCCCAGCTAAATCCTGGCTTTAAAGCTGCTAA AAAGACTACTAATGGTTCTGGTTCTACAGCTGCAACACTAGGAGAC GCAGTAACTGAACTTAAAAACCCAAATGGTACTTTTTACACAGGCA ACAATAGCACCTTTGGCTGCTGCACATATAAACCCACTAAACAAAT AGGTAGTAATGCCAATAAGTGGTTCTGGCATCAGTTAACAGCCACA GATTCAGACACACTAGGCCAATACGGCCGTGCCTCCATTCAGTAT ATGGAGTACCACACAGGCATTTACAGCTCAATTTTTCTTAGCCCAC TAAGAAGCAATCTAGAACTCCCTACAGCATACCAAGATGTAACATA TAATCCACTAACTGACAGAGGTATAGGTAACAGAATCTGGTACCAG TACAGTACCAAAGAAAACACTACATTTAATGAAACACAGTGCAAAT GTGTACTATCAGACTTGCCACTGTGGAGCATGTTTTATGGCTATGT AGATTTTATAGAGTCAGAACTAGGCATCTCAGCAGAGATACACAAC TTTGGCATAGTATGTGTCCAGTGCCCCTACACGTTTCCCCCAATGT TTGACAAATCCAAACCAGATAAAGGCTACGTGTTCTATGACACCCT TTTTGGCAACGGAAAGATGCCAGACGGGAGCGGACACGTACCCA CCTACTGGCAGCAGAGGTGGTGGCCCAGATTCAGCTTCCAGAGAC AAGTGATGCACGACATTATCCTCACCGGGCCCTTCAGCTACAAAG ATGACTCTGTAATGACTGGCATAACCGCAGGCTACAAGTTTAAATT CTCATGGGGCGGTGATATGGTCTCCGAACAGGTCATTAAAAACCC AGAGAGAGGGGACGGACGAGACTCCACCTATCCCGATAGACAGC GCCGCGACTCACAAGTTGTTGACCCACGCTCCATGGGCCCCCAAT GGGTGTTCCACACCTTTGACTACAGACGGGGGCTTTTTGGAAAGG ACGCTATTAAGCGAGTGTCAGAAAAACCGACAGATCCTGACTACTT TACAACACCTTACAAAAAACCAAGATTTTTCCCTCCAACAGCAGGA GAAGAAAAACTGCAAGAAGAAGACTCCGCTTTACAGGAGAAAAGA AGCCCGCTCTCGTCAGAAGAGGGGCAGACGAGGGCGCAAGTCCT CCAGCAGCAGGTCCTCCAGTCGGAGCTCCAGCAGCAGCAGGAGC TCGGGGAGCAGCTCAGATTCCTCCTCAGGGAAATGTTCAAAACCC AAGCGGGCATACACATGAACCCCCGCGCATTTCAGGAGCTGTAA	226
AAX94186.1	DQ003342.1	ATGTACTATGGCTGCATAGGAATTAATTCCACTTTAACAACCAAGTA TGAAAACTTATTTAATAAACTATATTCCAAATGCTGCTACTTTGAAA	227

[0534]

[0535]

		CCTTTCAAACAATAGCCCAGCTAAATCCTGGCTTTAAAGCTGCTAA AAAGACTACTAATGGTTCTGGTTCTACAGCTGCAACACTAGGAGAC GCAGTAACTGAACTTAAAAACCCAAATGGTACTTTTTACACAGGCA ACAATAGCACCTTTGGCTGCTGCACATATAAACCCACTAAACAAAT AGGTAGTAATGCCAATAAGTGGTTCTGGCATCAGTTAACAGCCACA GATTCAGACACACTAGGCCAATACGGCCGTGCCTCCATTCAGTAT ATGGAGTACCACACAGGCATTTACAGCTCAATTTTTCTTAGCCCAC TAAGAAGCAATCTAGAACTCCCTACAGCATACCAAGATGTAACATA TAATCCACTAACTGACAGAGGTATAGGTAACAGAATCTGGTACCAG TACAGTACCAAAGAAAACACTACATTTAATGAAACACAGTGCAAAT GTGTACTATCAGACTTGCCACTGTGGAGCATGTTTTATGGCTATGT AGATTTTATAGAGTCAGAACTAGGCATCTCAGCAGAGATACACAAC TTTGGCATAGTATGTGTCCAGTGCCCCTACACGTTTCCCCCAATGT TTGACAAATCCAAACCAGATAAAGGCTACGTGTTCTATGACACCCT TTTTGGCAACGGAAAGATGCCAGACGGGAGCGGACACGTACCCA CCTACTGGCAGCAGAGGTGGTGGCCCAGATTCAGCTTCCAGAGAC AAGTGATGCACGACATTATCCTCACCGGGCCCTTCAGCTACAAAG ATGACTCTGTAATGACTGGCATAACCGCAGGCTACAAGTTTAAATT CTCATGGGGCGGTGATATGGTCTCCGAACAGGTCATTAAAAACCC AGAGAGAGGGGACGGACGAGACTCCACCTATCCCGATAGACAGC GCCGCGACTCACAAGTTGTTGACCCACGCTCCATGGGCCCCCAAT GGGTGTTCCACACCTTTGACTACAGACGGGGGCTTTTTGGAAAGG ACGCTATTAAGCGAGTGTCAGAAAAACCGACAGATCCTGACTACTT TACAACACCTTACAAAAAACCAAGATTTTTCCCTCCAACAGCAGGA GAAGAAAAACTGCAAGAAGAAGACTCCGCTTTACAGGAGAAAAGA AGCCCGCTCTCGTCAGAAGAGGGGCAGACGAGGGCGCAAGTCCT CCAGCAGCAGGTCCTCCAGTCGGAGCTCCAGCAGCAGCAGGAGC TCGGGGAGCAGCTCAGATTCCTCCTCAGGGAAATGTTCAAAACCC AAGCGGGCATACACATGAACCCCCGCGCATTTCAGGAGCTGTAA	
AAX94189.1	DQ003343.1	ATGTACTATGACTGCATAGGAATTAATTCCACTTTAACAACCAAGTA TGAAAACTTATTTAATAAACTATATTCCAAATGCTGCTACTTTGAAA CCTTTCAAACAATAGCCCAGCTAAATCCTGGCTTTAAAGCTGCTAA AAAGACTACTAATGGTTCTGGTTCTACAGCTGCAACACTAGGAGAC GCAGTAACTGAACTTAAAAACCCAAATGGTACTTTTTACACAGGCA ACAATAGCACCTTTGGCTGCTGCACATATAAACCCACTAAACAAAT AGGTAGTAATGCCAATAAGTGGTTCTGGCATCAGTTAACAGCCACA GATTCAGACACACTAGGCCAATACGGCCGTGCCTCCATTCAGTAT ATGGAGTACCACACAGGCATTTACAGCTCAATTTTTCTTAGCCCAC TAAGAAGCAATCTAGAATTCCCTACAGCATACCAAGATGTAACATA TAATCCACTAACTGACAGAGGTATAGGTAACAGAATCTGGTACCAG TACAGTACCAAAGAAAACACTACATTTAATGAAACACAGTGCAAAT GTGTACTATCAGACTTGCCACTGTGGAGCATGTTTTATGGCTATGT AGATTTTATAGAGTCAGAACTAGGCATCTCAGCAGAGATACACAAC TTTGGCATAGTATGTGTCCAGTGCCCCTACACGTTTCCCCCAATGT TTGACAAATCCAAACCAGATAAAGGCTACGTGTTCTATGACACCCT TTTTGGCAACGGAAAGATGCCAGACGGGAGCGGACACGTACCCA	228

		CCTACTGGCAGCAGAGGTGGTGGCCCAGATTCAGCTTCCAGAGAC AAGTGATGCACGACATTATCCTCACCGGGCCCTTCAGCTACAAAG ATGACTCTGTAATGACTGGCATAACCGCAGGCTACAAGTTTAAATT CTCATGGGGCGGTGATATGGTCTCCGAACAGGTCATTAAAAACTC AGAGAGAGGGGACGGACGAGACTCCACCTATCCCGATAGACAGC GCCGCGACTTACAAGTTGTTGACCCACGCTCCATGGGCCCCCAAT GGGTATTCCACACCTTTGACTACAGACGGGGGCTTTTTGGAAAGG ACGCTATTAAGCGAGTGTCAGAAAAACCGACAGATCCTGACTACTT TACAACACCTTACAAAAAACCAAGATTTTTCCCTCCAACAGCAGGA GAAGAAAAACTGCAAGAAGAAGACTCCGCTTTACAGGAGAAAAGA AGCCCGCTCTCGTCAGAAGAGGGGCAGACGAGGGCGCAAGTCCT CCAGCAGCAGGTCCTCCAGTCGGAGCTCCAGCAGCAGCAGGAGC TCGGGGAGCAGCTCAGATTCCTCCTCAGGGAAATGTTCAAAACCC AAGCGGGCATACACATGAACCCCCGCGCATTTCAGGAGCTGTAA	
AAX94192.1	DQ003344.1	ATGTACTATGACTGCATAGGAATTAATTCCACTTTAACAACCAAGTA TGAAAACTTATTTAATAAACTATATTCCAAATGCTGCTACTTTGAAA CCTTTCAAACAATAGCCCAGCTAAATCCTGGCTTTAAAGCTGCTAA AAAGACTACTAATGGTTCTGGTTCTACAGCTGCAACACTAGGAGAC GCAGTAACTGAACTTAAAAACCCAAATGGTACTTTTTACACAGGCA ACAATAGCACCTTTGGCTGCTGCACATATAAACCCACTAAACAAAT AGGTAGTAATGCCAATAAGTGGTTCTGGCATCAGTTAACAGCCACA GATTCAGACACACTAGGCCAATACGGCCGTGCCTCCATTCAGTAT ATGGAGTACCACACAGGCATTTACAGCTCAATTTTTCTTAGCCCAC TAAGAAGCAATCTAGAATTCCCTACAGCATACCAAGATGTAACATA TAATCCACTAACTGACAGAGGTATAGGTAACAGAATCTGGTACCAG TACAGTACCAAAGAAAACACTACATTTAATGAAACACAGTGCAAAT GTGTACTATCAGACTTGCCACTGTGGAGCATGTTTTATGGCTATGT AGATTTTATAGAGTCAGAACTAGGCATCTCAGCAGAGATACACAAC TTTGGCATAGTATGTGTCCAGTGCCCCTACACGTTTCCCCCAATGT TTGACAAATCCAAACCAGATAAAGGCTACGTGTTCTATGACACCCT TTTTGGCAACGGAAAGATGCCAGACGGGAGCGGACACGTACCCA CCTACTGGCAGCAGAGGTGGTGGCCCAGATTCAGCTTCCAGAGAC AAGTGATGCACGACATTATCCTCACCGGGCCCTTCAGCTACAAAG ATGACTCTGTAATGACTGGCATAACCGCAGGCTACAAGTTTAAATT CTCATGGGGCGGTGATATGGTCTCCGAACAGGTCATTAAAAACTC AGAGAGAGGGGACGGACGAGACTCCACCTATCCCGATAGACAGC GCCGCGACTTACAAGTTGTTGACCCACGCTCCATGGGCCCCCAAT GGGTATTCCACACCTTTGACTACAGACGGGGGCTTTTTGGAAAGG ACGCTATTAAGCGAGTGTCAGAAAAACCGACAGATCCTGACTACTT TACAACACCTTACAAAAAACCAAGATTTTTCCCTCCAACAGCAGGA GAAGAAAAACTGCAAGAAGAAGACTCCGCTTTACAGGAGAAAAGA AGCCCGCTCTCGTCAGAAGAGGGGCAGACGAGGGCGCAAGTCCT CCAGCAGCAGGTCCTCCAGTCGGAGCTCCAGCAGCAGCAGGAGC TCGGGGAGCAGCTCAGATTCCTCCTCAGGGAAATGTTCAAAACCC AAGCGGGCATACACATGAACCCCCGCGCATTTCAGGAGCTGTAA	229

[0536]

[0537] 일부 실시형태에서, 유전 요소는 캡시드 단백질 또는 캡시드 단백질의 기능적 단편 또는 본원에, 예를 들어, 표 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14 또는 16 중 어느 하나에 기재된 아미노산 서열 중 어느 하나에 대하여 적어도 약 60%, 70% 80%, 85%, 90% 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 서열을 인코딩하는 뉴클레오티드 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, 실질적으로 비-병원성인 단백질은 캡시드 단백질 또는 캡시드 단백질의 기능적 단편 또는 본원에, 예를 들어, 표 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14 또는 16 중 어느 하나에 기재된 아미노산 서열 중 어느 하나에 대하여 적어도 약 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90% 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 서열을 포함한다.

[0538] [표 16]

실질적으로 비-병원성인 단백질, 예를 들어, 캡시드 단백질의 아미노산 서열의 예

수탁 번호 (뉴클레오티드 서열)	수탁 번호 (단백질 서열)	단백질 서열	SEQ ID NO:
AF079173.1	AAC28465.1	MAYGWWRRRRRRWRRWRPRPWRPRWRTRRRRPARR RGHRRNVRRRRRGGRWRRRYRRWKRKGRRRKKAKIIIR QWQPNYRRRCNIVGYIPVLICGENTVSRNYATHSDDTNY PGPFGGGMTTDKFTLRILYDEYKRFMNYWTASNEDLDLC RYLGVNLYFFRHPDVDFIIKINTMPPFLDTELTAPRLHPGM LALDKRARWIPSLKSIPGKKHYIKIRVGAPKMFTDKWYPQ TDLCDMVLLTVYATAADIPYPFGSPLTDSVVVNFQVLQSM YDKYISILPDQKSQSKSLLSNIANYIPFYNTTQTIAQLKPFID AGNITSGTAATTWGSYINTTKFTTTATTTYTYPGTTTNTVT MYSSNDSWYRGTVYNNQIKELPKKAAELYSKATKTLLGN TFTTEDCTLEYHGGLYSSIWLSPGRSYFETPGAYTDIKYN PFTDRGEGNMLWIDWLSKKNMNYDKVQSKCLVSDLPLW ASAYGYVEFCAKSTGDQNIHMNARLLIRSPFTDPQLLVHT DPTKGFVPYSLNFGNGKMPGGSSNVPIRMRAKWYPTLF HQQEVLEALAQSGPFAYHSDIKEVSLGMKYRFKWIWGG NPVRQQVVRNPCKETHSSGNRVPRSLQIVDPKYNSPELT FHTWDFRRGLFGPKAIQRMQQQPTTTDIFSAGRKRPRR DTEVYHSSQEGEQKESLLFPPVKLLRRVPPWEDSQQEE SGSQSSEEETQTVSQQLKQQLQQQQILGVKLRLLFDQV QKIQQNQDINPTLLPRGGDLASLFQIAP*	230
AF129887.1	AAD20024.1	MAYGLWRRRRRRWKRWRRRRWRRRWRTRRRRPAGR RRRRRTVRRRRRRGRWRRRYRRWRRKGRRRKKKKLII RQWQPNYTRKCNIVGYMPVIMCGENTVSRNYATHSDDT NYPGPFGGGMTTDKFTLRILYDWYKRFMNYWTASNEDL DLCRYLGVNLYFFRHPDVDFIIKINTMPPFLDTELTAPSIHP	231

[0539]

		GMLALDERARWIPSLKSRPGKKHYIKIRVGAPKMFTDKW YPQTDLCDMVLLTVYATAADMQYPFGYPLTDSVVVNFQV LQSMYDKYISILPDQKSQRESLLSNIANYIPFYNTTQTIAQL KPFIDAGNITSGTTATTWGSYINTTKFTTTATTTYTYPGTT TNTVTMLTSNDSWYRGTVYNNQIKELPKKAAELYSKATK TLLGNTFTTEDCTLEYHGGLYSSIWLSPGRSYFETPGAYT DMKYNPFTDRGEGNMLWIDWLSKKNMNYDKVQSKCLV SDLPLWAAAYGYLEFCSKSTGDTNIHMNARLLIRSPFTDP QLIAHTDPTKGFVPYSLNFGNGKMPGGSSNVPIRMRAK WYPTLFHQQEVLEALAQSGPFAYHSDIKKVSLGIKYRFK WIWGGNPVRQQVVRNPCKEPHSSVNRVPRSIQIVDPKY NSPELTIHAWDFRRGFFGPKAIQRMQQQPTATEFFSAGR KRPRRDTEVYQSDQEKEQKESSLFPPVKLLRRVPPWED SEQEQSGSQSSEEETHTVSQQLKQQLQQQRILGVKLRV LFHQVHKIQQNQHINPTLLPRGGALASLSQIAP*	
AF116842.1	AAD29634.1	MAYGLWHRRRRRWRRWKRTPWKRRWRTRRRRPARR RGRRRNVRRRRRGGRWRRRYRRWKRKGRRRKKAKIIIR QWQPNYRRRCNIVGYIPVLICGENTVSRNYATHSDDTNY PGPFGGGMTTDKFTLRILCDEYKRFMNYWTASNEDLDLC RYLGVNLYFFRHPDVDFIIKINTMPPFLDTELTAPSIHPGM LALDKRARWIPSLKSRPGKKHYIKIRVGAPKMFTDKWYP QTDLCDMVLLTVYATTADMQYPFGSPLTDSVVVNFQVLQ SMYDKTISILPDEKSQREILLNKIASYIPFYNTTQTIAQLKPF IDAGNVTSGATATTWASYINTTKFTTATTTTYAYPGTNRP PVTMLTCNDSWYRGTVYNTQIQQLPIKAAKLYLEATKTLL GNNFTNEDYTLEYHGGLYSSIWLSPGRSYFETTGAYTDIK YNPFTDRGEGNMLWIDWLSKKNMNYDKVQSKCLVRDLP LWAAAYGYVEFCAKSTGDKNIYMNARLLIRSPFTDPQLLV HTDPTKGFVPYSLNFGNGKMPGGSSNVPIRMRAKWYPT LFHQQEVLEALAQSGPFAYHSDIKKVSLGMKYRFKWIWG GNPVRQQVVRNPCKETHSSGNRVPRSLQIVDPKYNSPE LTFHTWDFRRGLFGPRAIQRMQQQPTTTDILSAGRKRPR KDTEVYHPSQEGEQKESLLFPPVKLLRRVPPWEDSQQE ESGSQSSEEETQTVSQQLKQQLQQQQILGVKLRLLFDQV QKIQQNQDINPTLLPRGGDLASLFQIAP*	232
AB026345.1	BAA85662.1	MAYGWWRRRRRRWRRWRRRPWRRRWRTRRRRPARR RGRRRNVRRRRRGGRWRRRYRRWKRKGRRRKKAKIIIR QWQPNYRRRCNIVGYIPVLICGENTVSRNYATHSDDTNY PGPFGGGMTTDKFTLRILYDEYKRFMNYWTASNEDLDLC RYLGVNLYFFRHPDVDFIIKINTMPPFLDTELTAPSIHPGM LALDKRARWIPSLKSRPGKKHYIKIRVGAPKMFTDKWYP	233

[0540]

		QTDLCDMVLLTVYATAADMQYPFGSPLTDSVVVNFQVLQ SMYDEKISILPDQKSQRESLLTSIANYIPFYNTTQTIAQLKP FIDAGNVTSGTTATTWGSYINTTKFTTTATTTYTYPGTTTT TVTMLTSNDSWYRGTVYNNQIKDLPKKAAELYSKATKTLL GNTFTTEDYTLEYHGGLYSSIWLSPGRSYFETPGAYTDIK YNPFTDRGEGNMLWIDWLSKKNMNYDKVQSKCLISDLPL WAAAYGYVEFCAKSTGDQNIHMNARLLIRSPFTDPQLLV HTDPTKGFVPYSLNFGNGKMPGGSSNVPIRMRAKWYPT LFHQQEVLEALAQSGPFAYHSDIKKVSLGMKYRFKWIWG GNPVRQQVVRNPCKETHSSGNRVPRSLQIVDPKYNSPE LTFHTWDFRRGLFGPKAIQRMQQQPTTTDIFSAGRKRPR RDTEVYHSSQEGEQKESLLFPPVKLLRRVPPWEDSQQE ESGSQSSEEETQTVSQQPKQQLQQQRILGVKLRLLFNQV QKIQQNQDINPTLLPRGGDLASLFQVAP*	
AB026346.1	BAA85664.1	MAYGWWRRRRRRWRRWRRRPWRRRWRTRRRRPARR RGRRRNVRRRRRGGRWRRRYRRWKRKGRRRKKAKIIIR QWQPNYRRRCNIVGYIPVLICGENTVSRNYATHSDDTNY PGPFGGGMTTDKFTLRILYDEYKRFMNYWTASNEDLDLC RYLGVNLYFFRHPDVDFIIKINTMPPFLDTELTAPSIHPDM LALDKRARWIPSLKSRPGKKHYIKIRVGAPKMFTDKWYP QTDLCDMVLLTVYATTADMQYPFGSPLTDSVVVNFQVLQ SMYDENISILPTEKSKRDVLHSTIANYTPFYNTTQIIAQLRP FVDAGNLTSASTTTTWGSYINTTKFNTTATTTYTYPGSTT TTVTMLTCNDSWYRGTVYNNQISKLPKQAAEFYSKATKT LLGNTFTTEDHTLEYHGGLYSSIWLSAGRSYFETPGAYT DIKYNPFTDRGEGNMLWIDWLSKNNMNYDKVQSKCLISD LPLWAAAYGYVEFCAKSTGDQNIHMNARLLIRSPFTDPQ LLVHTDPTKGFVPYSLNFGNGKMPGGSSNVPIRMRAKW YPTLFHQQEVLEALAQSGPFAYHSDIKKVSLGMKYRFKW IWGGNPVRQQVVRNPCKETHSSGNRVPRSLQIVDPKYN SPELTFHTWDFRRGLFGPKAIQRMQQQPTTTDIFSAGRK RPRRDTEVYHSSQEGEQKESLLFPPVKLLRRVPPWEDS QQEESGSQSSEEETQTVSQQLKQQLQQQRILGVKLRLLF NQVQKIHQNQDINPTLLPRGGDLASLFQIAP*	234
AB026347.1	BAA85666.1	MAYGWWRRRRRRWRRWRRRPWRRRWRTRRRRPARR RGRRRNVRRRRRGGRWRRRYRRWKRKGRRRKKAKIIIR QWQPNYRRRCNIVGYIPVLICGENTVSRNYATHSDDTNY PGPFGGGMTTDKFTLRILYDEYKRFMNYWTASNEDLDLC RYLGVNLYFFRHPDVDFIIKINTMPPFLDTELTAPSIHPGM LALDKRARWIPSLKSRPGKKHYIKIRVEAPKMFTDKWYPQ TDLCDMVLLTVYATTADMQYPFGSPLTDSVVVNFQVLQS	235

[0541]

		MYDQNISILPTEKSKRTQLHDNITRYTPFYNTTQTIAQLKP FVDAGNVTPVSPTTTWGSYINTTKFTTTATTTYTYPGTTT TTVTMLTCNDSWYRGTVYNNQISQLPKKAAEFYSKATKT LLGDTFTTEDYTLEYHGGLYSSIWLSAGRSYFETPGVYTD IKYNPFTDRGEGNMLWIDWLSKKNMNYDKVQSKCLISDL PLWAAAYGYVEFCAKSTGDQNIHMNAKLLIRSPFTDPQLL VHTDPTKGFVPYSLNFGNGKMPGGSSNVPIRMRAKWYP TLFHQQEVLEALAQSGPFAYHSDIKKVSLGMKYRFKWIW GGNPVRQQVVRNPCKETHSSGNRVPRSLQIVDPKYNSP ELTFHTWDFRRGLFGPKAIQRMQQQPTTTDIFSAGRKRP RRDTEVYHSSQEGEQKESLLFLPVKLLRRVPPWEDSQQ EESGSQSSEEETQTVSQQLKQQLQQQRILGVKLRLLFNQ VQKIQQNQDINPTLLPRGGDLASLFQIAP*	
AB030487.1	BAA90406.1	MAYGWWRRRRRRWKRWRRRPRWRRPWRTRRRRPAR RRGRRRTVRRRERGRWRRRYRRWRKKGKRRIKKKLIIR QWQPNYTRKCDILGYMPVIMCGENTLIRNYATHANDCY WPGPFGGGMATQKFTLRILYDDYKRFMNYWTSSNEDLD LCRYRGVTLYFFRHPDVDFIILINTTPPFVDTEITGPSIHPG MMALNKRARFIPSLKTRPGRRHIVKIRVGAPKLYEDKWYP QSELCDMPLLTVYATAADMQYPFGSPLTDTPVVTFQVLR SMYNDALSILPSNFEQDDNAGQKLYNEISSYLPYYNTTET IAQLKRYVENTEKISTTPNPWQSNYVNTITFTTAQSITTTT PYTTFSDSWYRGTVYKNAITKVPLAAAKLYETQTKNLLSP TFTGGSEYLEYHGGLYSSIWLSAGRSYFETKGAYTDICY NPYTDRGEGNMLWIDWLSKGDSRYDKARSKCLIEKLPM WAAVYGYAEYCAKATGDSNIDMNARVVMRCPYTVPQMI DTSDPLRGFIPYSFNFGKGKMPGGTNQVPIRMRAKWYP CLFHQKEVLEAIGQSGPFAYHSDQKKAVLGLKYRFHWIW GGNPVFPQVVRNPCKDTQGSTGPRKPRSVQIIDPKYNTP ELTIHAWDFRRGFFGPKAIKRMQQQPTDAELLPPGRKRS RRDTEVLQSSQERQKESLLLQQLHLQGRVPPWESLQGL QTETESQKEHEGTLSQQIREQVQQQKLLGRQLREMFLQ LHKILQNQHVNPTLLPRDQGLIWWFQIQ*	236
AB030488.1	BAA90409.1	MAYGWWRRRRRRWKRWRRRPRWRRPWRTRRRRPAG RRGRRRTVRRRRRGRWRRRYRRWRKKGRRRRKKKLII RQWQPNYTRKCNIVGYMPVIMCGENTLIRNYATHAYNCS WPGPFGGGMATQKFTLRILYDDYKRFMNYWTSSNEDLD LCRYRGATLYFFRDPDVDFIILINTTPPFVDTEITGPSIHPG MLALNKRARFIPSLKTRPSRRHIVKIRVGAPKLYEDKWYP QSELCDMPLLTVYATATDMQYPFGSPLTDTPIVTFQVLRS MYNDALSILPSNFEGDDSAGAKLYKQISEYIPYYNTTETIA	

[0542]

[0543]

		QLKGYVENTEKTQTTPNPWQSKYVNTKPFDTAQTITNQK PYTPFADTWYRGTAYKEEIKNVPLKAAELYELHTTHLLST TFTGGSKYLEYHGGLYSSIWLSAGRSYFETKGAYTDICY NPYTDRGEGNMVWIDWLVKTDSRYDKTRSKCLIEKLPLW AAVYGYAEYCAKATGDSNIDMNARVVIRSPYTTPQMIDT NDSLRGFIVYSFNFGKGKMPGGTNQVPIRMRAKWYPCL FHQKEVLEAIGQSGPFAYHSDQKKAVLGLKYRFHWIWG GNPVFPQVVRNPCKDTQGSTGPRKPRSVQIIDPKYNTPE LTIHAWDFRRGFFGPKAIKRMQQQPTDAELLPPGRKKSR RDTEVLQSSQERQKESLLFQQLQLQRRVPPWESSQGSQ TETESQKEQEGTLSQQLREQLQQQKLLGRQLREMFLQIH KILQNQQVNPILLPRDQALISWFQIQ*	
AB030489.1	BAA90412.1	MAYGWWRRRRRRWKRWRRRPRWRRRWRTRRRRPAG RRRRRRTVRRRRRGRWRSRYRRWRRKGRRRRKEKLII RQWQPNYTRKCNIVGYMPVIMCGENTVIRNYATHTYDCS WPGPFGGGMATQKFTLRILYDDYKRFMNYWTSSNEDLD LCRYRGATLYFFRDPDVDFIILINTTPPFVDTEITGPSIHPG MLALNKRARFIPSLKTRPGRRHIVKIKVGAPRMYEDKWYP QSELCDMPLLTIYATATDMQHPFGSPLTDTPVVTFQVLRS MYNDALSILPSNFEDDSSPGAALYKQISEYIPYYNTTETIA QLKRYVENTEKTQTTLNPWQSRYVNTTLFNTAETIANQK PYTKFADTWYRGTAYKDAIKDIPLKAAELYVNQTKYLLST TFTGGSKYLEYHGGLYSSIWLSAGRSYFETKGAYTDICY NPYTDRGEGNMVWIDWLSKTDSKYDKTRSKCLIEKLPLW ASVYGYAEYCAKATGDSNIDMNARVVIRCPYTTPQMIDTT DPTRGFIVYSFNFGKGKMPGGSNEVPIRMRAKWYPCLF HQKEVLEAIGQSGPFAYHSDQKKAVLGLKYKFHWIWGG NPVFPQVIKNPCKNTQFSTGPRKPRSLQIIDPNYNTPKLTI HAWDFRLGFFGPKAIKRMQQQPTDAELLPPGRKRSRRD TEVLQSSQERQKGNLLFQQFQLQRRVPPWESSQGSQT GTQSQKEQEGTLSQQLREQLQQQKLLGRQLREMFLQLH KIQQNQHVNPTLLPRDQALICWFQIQ*	238
AB038340.1	BAA90825.1	MAYGWWRRRRRRWRRWRRRPWRRRWRTRRRRPARR RGRRRNVRRRRRGGRWRRRYRRWKRKGRRRKKAKIIIR QWQPNYRRRCNIVGYIPVLICGENTVSRNYATHSDDTNY PGPFGGGMTTDKFTLRILYDEYKRFMNYWTASNEDLDLC RYLGVNLYFFRHPDVDFIIKINTMPPFLDTELTAPSIHPGM LALDKRARWIPSLKSRPGKKHYIKIRVGAPKMFTDKWYP QTDLCDMVLLTVYATAADMQYPFGSPLTDSVVVNFQVLQ SMYDEKISILPDQKSQRESLLTSIANYIPFYNTTQTIAQLKP FIDAGNVTSGTTATTWGSYINTTKFTTTATTTYTYPGTTTT	239

[0544]

		TVTMLTSNDSWYRGTVYNNQIKDLPKKAAELYSKATKTLL GNTFTTEDYTLEYHGGLYSSIWLSPGRSYFETPGAYTDIK YNPFTDRGEGNMLWIDWLSKKNMNYDKVQSKCLISDLPL WAAAYGYVEFCAKSTGDQNIHMNARLLIRSPFTDPQLLV HTDPTKGFVPYSLNFGNGKMPGGSSNVPIRMRAKWYPT LFHQQEVLEALAQSGPFAYHSDIKKVSLGMKYRFKWIWG GNPVRQQVVRNPCKETHSSGNRVPRSLQIVDPKYNSPE LTFHTWDFRRGLFGPKAIQRMQQQPTTTDIFSAGRKRPR RDTEVYHSSQEGEQKESLLFPPVKLLRRVPPWEDSQQE ESGSQSSEEETQTVSQQPKQQLQQQRILGVKLRLLFNQV QKIQQNQDINPTLLPRGGDLASLFQVAP*	
AB038622.1	BAA93586.1	TAWWWGRWRRRWRPRYRRRTWRVRRRRPRRTFRRR RRGRYVSRRRRRRYYRRRLRRGRRRGRRKRHRQTLVL RQWQPDIVRHCKITGWMPLIICGSGSTQNNFITHMDDFP PMGYSFGGNFTNLSFSLEGIYEQFLYHRNRWSRSNHDL DLARYKGTTLKLYRHHTLDYIVSYNRTGPFQISDMTYLST HPALMLLQKHRIVVPSLLTKPKGKRSIKVRIKPPKLMLNK WYFTKDICSMGLFQLQATACTLYNPWLRDTTKSPVIGFR VLKNSIYTNLSNLPEHDQTRQAIRRKLHPDSLTGSTPYQK GWEYSYTKLMAPIYYQANRNSTYNWLNYQTNYAQTFTK FKEKMNENLALIQKEYSYHYPNNVTTDLIGKNTLTHDWGI YSPYWLTPTRISLDWETPWTYVRYNPLADKGIGNAVYAQ WCSEQTSKLDTKKSKCIMKDLPLWCIFYGYVDWIIKSTGV SSAVTDMRVAIISPYTEPALIGSSPDVGYIPVSDTFCNGD MPFLAPYIPVGWWIKWYPMIAHQKEVFEAIVNCGPFVPR DQTTPSWEITMGYKMDWLWGGSPLPSQAIDDPCQKPTH ELPDPDRHPRMLQVSDPTKLGPKTVFHKWDWRRGMLS KRSIKRVQEDSTDDEYVAGPLPRKRNKFDTRAQGLQTPE KESYTLLQALQESGQETSSEDQEQAPQEKEGQKEALME QLQLQKQHQRVLKRGLKLLLGDVLRLRRGVHWDPLLS*	240
AB038623.1	BAA93589.1	TAWWWGRWRRRWRPRYRKRTWRLRRRRPRRTFRRR RRRQYVSRRRRRRYYRRRLRRGRRRGRRKRHRQTLVL RQWQPDVVRHCKITGWMPLIICGSGSTQNNFITHMDDFP PMGYSFGGNFTNLTFSLEGIYEQFLYHRNRWSRSNHDL DLARYKGTTLKLYRHHTLDYIVSYNRTGPFQISDMTYPST HPALMLLQKHRIVVPSVLTKPKGKRSIKVRIKPPKLMLNK WYFTKDICSMGLFQLQATACTLYNPWLRDTTKSPVIGFR VLKNSIYTNLSNLPDHEGSREAIRKKLHPQSLTGHSPNQK GWEYSYTKLMAPIYYSANRNSTYNWLNYQDNYVATYTK FKVKMTDNLQLIQKEYSYHYPNNTTTDLIKNNTLTHDWGI YSPYWLTPTRISLDWETPWTYVRYNPLADKGIGNAVYAQ	241

[0545]

		WCSEQTSKLDPKKSKCIMRDLPLWCIFYGYVDWIVKSTG VSSAVTDMRVAIRSPYTEPALIGSTEDVGFIPVSDTFCNG DMPFLAPYIPVGWWIKWYPMIAHQKEVFEQIVNCGPFVP RDQTTPSWEITMGYKMDWLWGGSPLPSQAIDDPCQKPT HELPDPDRHPRMLQVSDPTKLGPKTVFHRWDWRRGML SKRSIKRVQEDSTDDEYVAGPLPRKRNKFDTRAQGLQSP EKESYTLLQALQESGQESSSEDQEQAPQEKEGQKEALM EQLQLQKQHQRVLKRGLKLLLGDVLRLRRGVHWDPLLS*	
AB038624.1	BAA93592.1	TAWWWGRWRRRWRPRYRRRTWRVRRRRPRRTFRRR RRGRYVSRRRRRRYYRRRLRRGRRRGRRKRHRQTLVL RQWQPDVLRRCKITGWMPLIICGSGSTQNNFITHMDDFP PMGYSYGGNFTNLTFSLEGIYEQFLYHRNRWSRSNHDL DLARYKGTTLKLYRHHTLDYIVSYNRTGPFQISDMTYLST HPALMLLQKHRIVVPSLLTKPKGKRSIKVRIKPPKLMLNK WYFTKDICSMGLFQLQATACTLYNPWLRDTTKSPVIGFR VLKNSIYTNLSNLPDHEGAREAIRKKLHPQSLTGSVPNQK GWEYSYTKLMAPIYYQAIRNSTYNWLNYQQNYSQTYQTF KQKMQDNLQLIQKEYMYHYPNNVTTDILGKNTLTHDWGI YSPYWLTPTRISLDWETPWTYVRYNPLADKGIGNAVYAQ WCSEQTSNLDTKKSKCIMKDLPLWCIFYGYVDWVVKSTG VSSAVTDMRVAIISPYTEPALIGSSPEVGYIPVSDTFCNGD TPFLAPYIPVGWWIKWYPMIAHQKEVFEAIVNCGPFVPRD QTTPSWEITMGYKMDWLWGGSPLPSQAIDDPCQKPTHE LPDPDRHPRMLQVSDPTKLGPKTVFHKWDWRRGMLSK RSIKRVQEDSTDDEYVAGPLPRKRNKFDTRAQGLQSPEK ESYTLLQALQESGQETSSEDQEQAPQEKEGQKEALMEQ LQLQKQHQRVLKRGLKLLLGDVLRLRRGVHWDPLLS*	242
AF254410.1	AAF71533.1	MAQGRRRYRRGWQRRVYLRRRRRRRRKRLVLTQWHP AVRRKCTITGYMPVVWCGHGRASYNYAWHSDDCIKQP WPFGGSLSTVSFNLKVLYDENQRGLNRWTYPNDQLDLG RYKGCKLTFYRTKNTNYPGPFGGGMTTDKFTLRILYDEY KRFMNYWTASNEDLDLCRYLGVNLYIFRHPDVDFIIKINT MPPFLDTEITAASIHPGILALDKRARWIPSLKSRPGKKHYI KIRVGAPKMFTDKWYPQTDLCDMVLLTIYATAADMQYPF GSPLTDTVVVNFQVLQSMYDENISILPDQKTQREKLLTSIS NYIPFYNTTQTIAQLKPFVDAGNKVSGTTTTTWASYINTT RFTTTATTTYTYPGSTTNTVTMLTSNDSWYRGTVYNNQI KNLPKQAAELYSKATKTLLGNTFTTEDYTLEYHGGLYSSI WLSPGRSYFETPGAYTDIKYNPFTDRGEGNMLWIDWLS KKNMNYDKVQSKCLVSDLPLWAAAYGYVEFCAKSTGDQ NIHMNARLLIRSPFTDPQLLVHTDPTKAFVPYSLNFGNGK	243

		MPGGSSNVPIRMRAKWYPTLFHQQEVLEALAQSGPFAY HSDIKKVSLGIKYRFKWIWGGNPVRQQVVRNPCKEPHSS GNRVPRSIQIVDQKYNSPELTIHSWDFRRGFFGPKAIQR MQQQPTATEFFSAGRKRPRRDTEVYQSDQEKEQKESSL FPPVKLLRRVPPWEDSDRKQSGSQSSEEETQTVSQQLK QQLQQQRILGVKLRLLFYQIQRIQQNQDINPTLLPRGGDL ASLFQIA*	
AB050448.1	BAB19928.1	MAWTWWWQRRRRRWPWRRRRWRRLRTRRPRRLVRR RRKRYRVRRRRRWGRRRGRRTYLRRGLKKRKRRKKLR LTQWNPSTIRGCTIKGMAPLIVCGHTMAGNNFAIRMEDY VSQIKPFGGSFSTTTWSLKVLWDEHTRFHNTWSYPNTQL DLARFKGVTFYFYRDKDTDFIITYSSVPPFKIDKYSSAMLH PGMLMQRKKKILLPSFTTRPRGRKKVKVHIKPPVLFEDK WYTQQDLCDVNLLSLAVSAASFRHPFCPPQTDNICITFQV LKDKYYTQMSVTPDTAGTKKDDEILDHLYSTAEYYQTVH TQGIINKTQRVAKFSTSNNTLGDQSEISLYLNQPTTTNIGN TLSTGHNSVYGFPSYNPQKDKLRKIADWFWTQEANKEN VVTGSYSMPTNKAVGYHLGKYSPIFLSSYRTNLQFRTAY TDVTYNPLNDKGKGNEIWVQYVTKPDTVFNPTQCKCHVI DLPLWSAFHGYIDFVQSELGIQEEILNIAIIVVICPYTKPKLV HETNPKQGFVFYDTQFGDGKMPEGSGLVPIYYQNRWYP RIKFQSQVVHDFILTGPFSYKDDLKSTVLTVEYKFKFLWG GNMIPEQVIRNPCKTEGHDLPHTSRLHRDLQVVDPHTVG PQWALHTWDWRRGLFGSEAIKRVSEQQVHDELYYPPSK KPRFLPPISGLQEQERDYSSQEEKEQSSSEEETDPKKKE QKQQQRLHLQFQEQQRLGNQLRLIFRELQKTQAGLHLN PMLSNRL*	244
AY026465.1	AAK01940.1	MAWGWWKRRRRWWFRKRWTRGRLRRRWPRPARRRP RRRRVRRRRRWRRGRPRRRLYRRYRRKKRRRRKPKIIL KQWQPDIVKRCYIVGYIPAIICGAGTWSHNYTSHLLDIIPK GPFGGGHSTMRFSLKVLFEEHLRHLNFWTRSNQDLELV RYFRCSFRFYRDQHTDYLVHYNRKTPLGGNRLTAPSLHP GVQMLSKNKIIVPSYDTKPKGKSYVKVTIAPPTLLTDKWY FAKDVCDTTLVNLDVVLCNLRFPFCSPQTDNPCITFQVLH SIYNDFLSIVDTQEYKNNFVTTLSTKLGTTWGSRLNTFRT EGCYSHPKLPKKQVTAANDSTYFTQPDGLWGDAVFETK DTTIITKNMESYATSAKQRGVNGDPAFCHLTGIYSPPWLT PGRISPETPGLYTDVTYNPYADKGVGNRIWVDYCSKKGN KYDNTSKCLLEDMPLWMVTFGYVDWVKKETGNWGIPLW ARVLIRSPYTVPKLYNEADPSYGWVPISYYFGEGKMPNG DMYVPFKVRMKWYPSMWNQEPVLNDLAKSGPFAYKDT	245

[0546]

		KTSVTVTTKYKFTFNFGGNPVPSQIVQDPCTQPTYDIPGT GNLPRRIQVIDPKVLGPHYSFHRWDFRRGLFGQQAIKRV SEQQTTSEFLFSGPKRPRIDQGPYIPPEKGSDSLQRESR PWSTSESEAETEAPSEEEPENQEEQVLQLQLRQQLREQ RKLRQGIQCLFEQLITTQQGVHKNPLLE*	
AY026466.1	AAK01942.1	MAYGWWARRRRRWRRWKRRPWRRRWRTRRRRPRRR YRRRRHVRRRRRGRWRRRYRKWRRKGRRRGKKKIIIRQ WQPNYRRRCNIIGYMPVLICGNNTVSRNYATHSDDSYLP GPFGGGMTTDKFTLRILYDEYCRFMNYWTASNEDLDLC RYRGCTLWFFRHPDVDFIILINTMSPFLDTQLTGPSIHPGL MALNKRARWIPSLKSRPGRKHVVKIRVGAPRMFTDKWY PQSDLCDLPLLTIFASAADMQYPFGSPLTDSVVVGFQVL QSMYNDCLSILPENFNGNGKGKALHDNITKYLPNYNTTQ TLAQLKPYIDNTSTGSTNNWSSYVNTSKFTTASKTITTSA EGPYYTFADTWYRGTAYNNSITNVPLQAAQLYHDTTKKL LGTTFTGGSPYLEYHGGLYSSIWLSAGRSYFETKGTYTDI TYNPFTDRGQGNMVWIDWVSKYDSVYSKTQSKCLIENLP LWASVYGYAEYCSKSTGDTNIEQNCRVVIRSPFTNPQLL DHNNPLRGYVPYSINFGNGKMPGGSSQVPIRMRSKWYP TLFHQKEVLEAIAQAGPFAYHSDQMKVSLGMKYAFKWV WGGNPVSQQVVRNPCKDTGVSSGNRVPRSVQIVDPKY NTPELAIHAWDFRRACLAQKLLRECKQNRTLLNFFRQGE KDTGETQKLYSPAKKNNKKKTYFSSQSSSSDQSPVGGV GPKPKRGRGGPTRDADTLPAAPAAAQGAAAHGGPTPSP VPTITTGPTKHTYRPYLFARGAGVTSLFQTA*	246
AF345521.1	AAK11696.1	MAWWGRWRRWPRRRWRRWRRRRRRRLPTRRTRRAV RGLGRRPRKTVRRRRRRPRRTYRRGWRRRRYIRRRRG RRKKLTLTMWNPNIVRRCNIEGGLPLILCGENRAAFNYAY HSEDYTEQPFPFGGGMSTTTFSLRGLYDQYTKHMNRWT FSNDQLDLARYRGCKFRFYRHPTCDFIVHYNLVPPLKMN QFTSPNTHPGLLMLTKHKIIIPSFLTRPGGRRFVKIRLPPP KLFEDKWYTQQDLCKQPLVTLTATAASLRYPFCSPQTNN PNCTFQVLRKNYHKVIGTSSTNSEDVTPFENWLYNTASH YQTFATEAQVGRIPSFNPDGTKNTKESEWQNYWSKKGE PWNPNSSYPHTTTNQMYKIPFDSNYGFPTYKPIKEYMLQ RRAWSFKYETDNPVSKKIWPQPTTTKPTIDYYEYHAGWF SNIFIGPNRHSLQFQTAYVDTTYNPLNDKGKGNKIWFQY HSKVNTDLRDRGIYCLLEDMPLWSMTFGYSDYVSTQLGP NVDHETQGLVCIICPYTEPPMYDKTNPNSGYVAYDTNFG NGKMPSGRSQVPVYWQCRWRPMLWFQQQVLNDISKS GPYAYRDELKNCCLTAYYNFIFDWGGDMYYPQVIKNPCA	247

[0547]

[0548]

		DSGLVPGTSRFTREVQVVSPLSMGPQYILHLFDQRRGFF SSNALKRMQQQQEFDESFTVKPKRPKLSTAAHVEQQEE DSSSRERKSGSSQEEVQEEVLQTPEIQLHLQRNIREQLHI KQQLQLLLLQLFKTQANIHLNPRFISP*	
AF345522.1	AAK11698.1	MAWRRWRWRPWWRRRRRRWRRRRRRPRRRRPYR RRRPRRVRRRRGRWRRAYRRWGRRRRRRRHKKKLVLT QWQPAVVKRCLIVGFDPLIICGINRTIFNYTTHSEDFTFNN DSFGGGLCTAQYTLRILFQEKLAQHNFWSASNEDLDLAR YLGATIVLYRHPTVDFLVRIRTSPPFEDTDMTAMTLHPGM MMLAKKTIKIPSLKTRPSRKHVVRIRVGAPKLFEDKWYPQ NELCDVTLLTIQATTADFQYPFGSPLTNSPCCNFQVLNSN YDNAHSILNLSNEPTNKWHTYRNNCYKFLLEQYSYYNTK QVVAQLKYKWNPNQNPTMPNTSNASLSKKPDDLTKTKT TNEYPHWDTLYGGLAYGHSTVTPGTTSSPTDLKTQMLT GNEFYTTAGKKLIDTFHPIPYYENGSSKANTNIFDYYTGM YSSIFLSSGRSNPEVKGSYTDISYNPLTDKGVGNMIWIDW LTKGDTVYDPKKSKCLLSDFPLWSLCYGYPDYCRKQTG DSGIYYDYRVLIRCPYTYPQLIKHNDKYFGFVVYSENFGL GRLPGGNPNPPTRMRLHWYPNMFHQTEVLECIAQSGPF AYHGDERKAVLTAKYKFRWKWGGNPVFQQVLRDPCTG GAVAPHTSRHPRAIQVHDPKYQAPEYLFHKWDFRRGLF STKGIKRVSEQPVHDEYFTGSSKRPKKDTNPSPQGEEQK EGSRFRVPELRPWLPSSQETQSQSEQEETAPKTVQEQL QEQLQQQQLMGIQLRNVCLQLARVQAGHSLHPVFQCHA *	248
AF345525.1	AAK11704.1	MAWGWWRRRRKWWWRRRFARSRLRRRRIRRPRRRTR RRTVRRRRQWRRGRPRRRLFKRKRRFKRRRRKAKIKIT QWQPSSVKRCFVIGYFPLVICGPGRWSENFTSHIEDKISK GPFGGGHSTSRWSLKVLYEEFQRHHNFWTRSNKDLELV RFFGSSWRFYRHEDTDYIVYYSRKAPLGGNLLTAPSLHP GAAMLSKHKIVVPSFKTRPGGKPTVKINIKPPTTLIDKWYF QKDICDTTFLNLNVVLCNLRFPFCSPQTDNICVTFQILHEV YHNYISITAKELLTGTEWRQYYKNFLNAALPNDRSVNKLN TFSTEGAYSHPQIKKHTENITGSGDKYFRKKDGLWGDAI HITDQQNRTEVIDLILKNAENYLKKVQQEYQGQENLKNLI HPVFCQYVGIFGQPTTKLPQNKPRNSRPVQRHNI*	249
AF345527.1	AAK11708.1	MSWWGWRRRWWWKPRRRWRRRRARRPRRLPRRRY RRPTRRYRGRRVRRRRAGGWRGRRRYSRRYSRRLTVR RKKKKLTLKIWQPQNIRRCKIRGLLPLLICGHTRSAFNYAI HSDDKTPQQQSFGGGLSTVSFSLKVLFDPNQRGLNRWS ASNDQLDLARYTGCTFWFYRHKKTDFIVQYDVSAPFKLD	250

[0549]

		KNSCPSYHPFMLMKAKHKVLIPSFDTKPKGREKIKLRIQP PKMFIDKWYTQEDLCPVILVTLVATAASFTHPFCSPQTAN PCITFQVLKEFYYQAMGYGTPETTMSTIWNTLYTTSTYW QSHLTPQFVRMPKNNPDNTANTEANKFNEWVDKTFKTG KLVKYNYNQYKPDIEKLTLLRQYYFRWETQHTGVAVPPT WTTPTTDRYEYHVGMFSPIFLTPYRSAGLDFPYAYADVT YNPLTDKGVGNRMWYQYNTKIDTQFDAKCCKCVLEDMP LYAMAFGHADFLEQEIGEYQDLEANGYVCVISPYTKPPM FNKHNPQQGYVFYDSQWGNGKWIDGTGFVPVYWLTRW RVELLFQKQVLSDLAMSGPFSYPDELKNTVLTAKYRFDF KWGGNLFHQQTIRNPCKPEETSTGRIPRDVQVVDPVTM GPRFVFHSWDWRRGFLSDRALKRMFEKPLDFEGFTATP KRPRILPPTEGQLAREQKEQEESSDSQEESSLTPLEEVP QETKLRLHLRKQLREQRSIRHQLRTMFQQLVKTQAGLHL NPLLSSQL*	
AF345528.1	AAK11710.1	MWNPSTIRACNIKGAINLVMCGHTQAGRNYAIRSEDFYP QIQSFGGSFSTTTWSLRVLFDEYQKFHNFWTYPNTQLDL CRYKYAIFTFYRDPKVDYIVIYNTNPPFKINKYSSPFLHPG LMMLQKKKILIPSFQTKPGGKSRIKVKIKPPALFEDKWYTQ QDLCPVNLLSLAVSACSFIHPFCSPESDTICMTFQVLREF YYTHLTVTPTTTTSTPEKDKKIFNDQLYSNANFYQSLHAS AFLNIAQAPAIHGHNGIPNNSRYLSSTGTETSFRTGNNSIY GQPNYKPIPEKLTEIRKWFFKQATTPNEIHGTYGKPTYDA VDYHLGKYSPIFLSPYRTNTQFPTAYMDVTYNPNVDKGK GNKIWLQSVTKETSDFDSRSCRCIIENLPMWAMVNGYSD FAESELGSEVHAVYVCCIICPYTKPMLYNKTNPAMGYIFY DTLFGDGKLPSGPGLVPFYWQSRWYPKLAWQQQVLHD FYLCGPFSYKDDLKSFTINTTYKFKFLWGGNMIPEQVIKN PCKTTDPTYTLSDRQRRDLQVVDPITMGPQWEFHTWDW RRGLFGQNALRRVSEKPGDDAEYYAPPKKPRFFPPTDLE EQEKDSDSQEETRLLFHPSPPRSQEEIQQEQQRDIHLRL GQQLRIRQQLQQVFLQVLKTQANLHINPLFLNQQ*	251
AF345529.1	AAK11712.1	MAWGWWRRWRRWPTRRWRRRRRRRPVRRTRARRPA RRYRRRRTVRTRRRRWGRRRYRRGWRRRTYVRKGRH RKKKKRLVLRQWQPATRRRCTITGYLPIVFCGHTKGNKN YALHSDDYTPQGQPFGGALSTTSFSLKVLYDQHQRGLN KWSFPNDQLDLARYRGCKFYFYRTKQTDWVGQYDISEP YKLDKYSCPNYHPGNMIKAKHKFLIPSYDTNPRGRQKIIV KIPPPDLFVDKWYTQEDLCDVNLVSFAVSAASFLHPFGS PQTDNPCYTFQVLKEFYYQAIGFSATEEKIQNVFNILYEN NSYWESNITPFYVINVKKGSNTAQYMSPQISDADFRNKV	252

		NTNYNWYTYNAKTHKEKLKTLRQAYFKQLTSEGPQHTSS HAGYATQWTTPSTDAYEYHLGMFSTIFLAPDRPVPRFPC AYQDVTYNALMDKGVGNHVWFQYNTKADTQLILTGGSC KAHIENIPLWAAFYGYSDFIESELGPFVDAETVGLICVICP YTKPPMYNKTNPMMGYVFYDRNFGDGKWTDGRGKIEP YWQVRWRPEMLFQETVMADIVQTGPFSYKDELKNSTLV CKYKFYFTWGGNVMFQQTIKNPCKTDEQPTDSGRHPRG IQVADPEQMGPRWVFHSFDWRRGYLSEKALKRLQEKPL DYDEYFTQPKRPRMFPPTESAEGEFREPEKGSYSEEER SQASAEEQTKEATVLLLKRRLREQQQLQQQLQFLTREMF KTQAGLHLNPMLLNQR*	
AF371370.1	AAK54731.1	MRFSRIYRPKKGPLPLPLVRAEQKKQPSDMSWRPPLHN GAGIERQFFEGCFRFHASCCGCGNFVTHITLLAARYGFT GGPTPPGGPGALPSLRRALPPPPAPQDQAEPELWRGRG GGGEGNAGGRAEGGDGEGYEPEELEELFRAAAADDE*	253
AB060596.1	BAB69916.1	MAFRWWWWRRRPQRRWTRRRWRRLRTRRPRRTVRR RRRRPRVRRRRWGRRRGRRRLYRRTYRKRRKRRKKMT LKMWNPSTIRACNIRGFIALVVCGHTRAGCNYAIHSEDYI PQLRPYGGSFSTTTWSLKLLFDEYLKFRNKWSYPNTELN LARYRGATFTFYRDPKVDYIVVYNTVPPFKLNKYSCPMLH PGMMMQYKKKVLIPSYQTKPKGKAKIRLRIKPPVLFEDK WYTQQDLCPVNLLSLAVSACSFLHPFIPPESDNICITFQVL RDFYYTQMSVTPTTTTSLNQKDEKIFSDHLYKNPEYWQS HHTAARLSTSQKPALRNKEEIPNDHGYLNTTPTDSTFRT GNNTIYGQPSYRPNYTKLTKIREWYFTQENTDNPIHGSYL KPTLNSVDYHLGKYSAIFLSPYRTNTQFDTAYQDVTYNPN TDKGKGNKIWIQSCTKESTILDNACRCVIEDMPLWAMVN GYLEFCDSELPGANIYNTYIVVVICPYTKPQLLNKTNPKQ GYVFYDTLFGDGKMPTGTGLVPFWLQSRWYPRAEFQQ QVLHDLYLTGPFSYKDDLKSFSFNAKYKFSFLWGGNMIP QQIIKNPCKKEESTFTYPSREPRDLQVVDPLTMGPEWVF HTWDWRRGLFGKNAVDRVSKKPDDDAEYYPVPKRPRF FPPTDTQSEPEKDFGFTPESQELQQEDLRAPQEESQEV QQQRLLQLRLSQQFRLRQQLQHLFVQVLKTQAGLHINPL FLNHA*	254
AB060592.1	BAB69900.1	MAWTWWWQRRRRRWPWRRRRWRRLRTRRPRRLVRR RRKRYRVRRRRRWGRRRGRRTYLRRRLKKRKRRKKLR LTQWNPSTIRGCTIKGMAPLIICGHTMAGNNFAIRMEDYV SQIRPFGGSFSTTTWSLKVLWDEHTRFHNTWSYPNTQL DLARFKGVNFYFYRDKDTDFIVTYSSVPPFKMDKYSSAM LHPGTLMQRKKKILIPSFTTRPRGRKKVKLHIKPPVLFEDK	255

[0550]

		WYTQQDLCDVNLLSLAVSAASFRHPFCPPQTDNICITFQV LKDFYYTQMSVTPDTAGQEKDIEIFEKHLFKNPQFYQTVH TQGIISKTRRTAKFSTSNNTLGSDTNITPYLEQPTATNHKN TLSTGNNSIYGLPSYNPIPDKLKKIQEWFWKQETDKENLV TGSYQTPTNKSVSYHLGKYSPIFLSSYRTNLQFITAYTDV TYNPLNDKGKGNQIWVQYVTKPDTIFNERQCKCHIVDIPL WAAFHGYIDFIQSELGIQEEILNIAIIVVICPYTKPKLVHDPP NQNQGFVFYDTQFGDGKMPEGSGLVPIYYQNRWYPRIK FQSQVVHDFILTGPFSYKDDLKSTVLTVEYKFKFLWGGN MIPEQVIRNPCKTEGHDLPHTSRLHRDLQVVDPHTVGPQ WALHTWDWRRGLFGSEAIKRVSEQQVHDELYYPASKKP RFLPPISGLQEQERDYSSQEEKDQSSSEEEKDPKKKEQK QQQRLHLQFQEQQRLGNQLRLIFRELQKTQAGLHINPML SNRL*	
AB060593.1	BAB69904.1	MAWRWWWRRRWKPRRRPAWTKYRRRRWRRLRPRRP RRLARGRRRRRTVRRRRVRRLRRRRGWTRRRYLRRRK RRKLILTQWNPNIVRRCSIKGIIPLTMCGANTASFNYGMH SDDSTPQPEKFGGGMSTVTFSLYVLYDQFTRHMNRWSY SNDQLDLARYRGCSFKLYRNPTTDFIVQYDNNPPMKNTIL SSPNTHPGMLMQQKHRILVPSWQTFPRGRKYVKVKIPPP KLFEDHWYTQPDLCKVPLVTLRSTAADFRHPFCSPQTNN PCTTFQVLRENYNEVLGLPYANTGSNNEVKIKIDNFENWL YNSSVHYQTFQTEQMFRPKQYNADGSTWKDYKSMLST WTSQIYNKKTDSNYGYASYDFSKGKEFATQMRQHYWVQ LTQLTATVPHIGPTYSNTTTPEYEYHAGWYSPVFIGPNRH NIQFRTAYMDVTYNPLNDKGQFNRVWFQYSTKPTTDFN NTQCKCVLENIPLWSALFGYSEYVESQLGPFQDHGTVGV VVVQCPYTVPPMYNKEKPDMGYVFYDTHFGNGKLGNGS GQVPRYWQMRWYPILKRQKQVMNDICKTGPFSYRDELL QVDLASPYTFRFNWGGDLLYHQVIKDPCSSSGLAPTDSS RFKRDVQVVSPLTMGPRLLFHSFDQRRGFFTPGAIKRMH DEQINVPDFTQKPKIPRIFPPVELRERAEAEEDSGSEKAS FTSSQEREAEAQEKLPIQLQLRQQLRQQQQLRVHLQQVF LQLQKTKAHLHINPLFLAQGNM*	256
AB060595.1	BAB69912.1	MAYSYWWRRRRWPWRGRWRRWRRRRRIPRRRPRRP VRRYRRRPVRRKRRWGRRGRRRRYTRRYRRRLTVRRK RNKLRLSVWQPQNIRYCAIKGLFPILICGHGKSAGNYAIHS DDFITSRFSFGGGLSTTSYSLKLLFDQNLRGLNRWTASN DQLDLARYLGAIFWFYRDQKTDYIVQYDISEPFKIDKDSS PSFHPGILMKSKHKVLVPSFQTWPKGRSKVKLKIKPPKM FVDKWYTQEDLCTVTLVSLVVSLASFQHPFCRPLTDNPC	257

[0551]

[0552]

		VTFQVLQNFYNNVIGYSSSDTLVDNVFTSLLYSKASFWQ SHLTPSYVKKINNNPDGSSISQRVGTMPDMTEYNKWVSN TNIGTGFVNSNVSVHYNYCQYNPNHTHLTTLRQYYFFWE THPAAANKTPVTHVPITTTKPTKDWWEYRLGLFSPIFLSP LRSSNIEWPFAYRDIIYNPLMDKGVGNMMWYQYNTKPDT QFSPTSCRAVLEDKPIWSMAYGYADFLLSILGEHDDVDF HGLVCIICPYTRPPLFDKDNPKMGYVFYDAKFGNGKWID GTGFIPVEFQSRWKPELAFRKDVLTDLAMSGPFSYSDDL KNTTIQAKYKFKFKWGGNLSYHQTIRNPCTSDGQTPTTS RQSREVQIVDPLTMGPRYVFHSWDWRRGWLNDRTLKR LFQKPLDFEEYPKSPKRPRIFPPTEQLQEDPQEQERDSS SSEESLPTSSEETPPAHLLRVHLRKQLRQQRDLRVQLRA LFAQVLKTQAGLHINPLLLAPQ*	
AB064596.1	BAB79314.1	TAWWWGRRWRRRPWGRWRRRRRVWRRRPRTAVRRR RGRRYVSRRRRYRRRLRRRGRRRYRGRRKKRQTLVLK QWQPDVNRLCRITGWLPLIVCGTGRAQDNFIVHSEDITP RGAAYGGNLTHITWCLEAIYQEFLMHRNRWSRSNHDLDL CRYQGVVFKAYRHPKVDYILAYTRTPPFQATELSYMSCH PLLMLTAKHRIVVKSQETKKGGKKYVKFRIKPPRLMLNKW YFTHDFCKVPLFSMWASACDLRNPWLREGALSPTVGFF ALKPDFYPNLSILPNEVSQQFDFFLNSAHPPSIQSEKDVR WEYTYTNLMRPIYNQTPSLKASTYDWQNYSNPNNYQAC HQQFIAFKAQRFAKIKAEYQTVYPTLTTQTPQSEALTQEF GLYSPYYLTPTRISLDWHTVFHHIRYNPMADKGLGNMIW VDWCSRKEATYDPTRSKCMLKDLPLYMRFYGYCDWVTK SIGSETAWRDMRLMVVCPYTEPQLMKKNDKTWGYVIYG YNFANGNMPWLQPYIPISWFCRWFPCITHQREAMESVV ATGPFMVRDQDRNSWDITIGYKFLWRWGGSPLPTQAID DPCQQGTHPLPEPGTLPRILQVSDPTQLGPKTIFHLWDQ RRGLFSKRSIERMSEYKGTDDLFSPGRPKRPKLDTRPEG LPEEQRGAYNLLQALEDSAQSEESDQEEMPPLEEEQVL HEQKKEALLQQLQQQKHHQRVLKRGLRLLLGDVLKLRR GLHIDPVLT*	258
AB064597.1	BAB79318.1	TAWWWGRWRRRWRRRRPWRPRLRRRRARRAFPRRR RRRFVSRRWRRPYRRRRRRGRRRRRRRRRRHKPTLVLR QWQPDVIRHCKITGRMPLIICGKGSTQFNYITHADDITPR GASYGGNFTNMTFSLEAIYEQFLYHRNRWSASNHDLELC RYKGTTLKLYRHPDVDYIVTYSRTGPFEISHMTYLSTHPL LMLLNKHHIVVPSLKTKPRGRKAIKVRIRPPKLMNNKWYF TRDFCNIGLFQLWATGLELRNPWLRMSTLSPCIGFNVLK NSIYTNLSNLPQHREDRLNIINNTLHPHDITGPNNKKWQY	259

[0553]

		TYTKLMAPIYYSANRASTYDLLREYGLYSPYYLNPTRINLD WMTPYTHVRYNPLVDKGFGNRIYIQWCSEADVSYNRTK SKCLLQDMPLFFMCYGYIDWAIKNTGVSSLARDARICIRC PYTEPQLVGSTEDIGFVPITETFMRGDMPVLAPYIPLSWF CKWYPNIAHQKEVLEAIISCSPFMPRDQGMNGWDITIGYK MDFLWGGSPLPSQPIDDPCQQGTHPIPDPDKHPRLLQVS NPKLLGPRTVFHKWDIRRGQFSKRSIKRVSEYSSDDESL APGLPSKRNKLDSAFRGENPEQKECYSLLKALEEEETPE EEEPAPQEKAQKEELLHQLQLQRRHQRVLRRGLKLVFTD ILRLRQGVHWNPELT*	
AB064599.1	BAB79326.1	TAWWRYRRRPWRRWRRRRWGLRTRRPRRTFRRRRAR RYVSRGRRRRYRRRRRRGRRRRGRRRRHRKTLIVRQW QPDVIKRCFITGWLPLIICGNGHTQFNFITHMDDIPPKNAS YGGNFTNLTFNLACFYDEFMHHRNRWSASNHDLELVRYI RTSLKLYRHESVDYIVCYTTTGPFETNEMSYMLTHPLAML LSKRHVVVPSLKTKPHGRKYKKITIKPPKLMLNKWYFATD LCHIGLFQLWATGLELRNPWLRSGTNSPVIGFYVLKNQV YKNRYSNLNTTEAHNARQDAWNELTQTKTNDKWYNWQ YTYNKLMKPIYYAASNESSNSAMKGKTYNWKHYKEYFSN TQTKWKTIIKDAYDLVREEYQQLYTTTMAYPPPWQSTTS NTGRQYLEHDCGIYSPYFLTPQIYSPEWHTAWSYIRYNPL TDKGIGNRVCVQYCSEASSDYNPIKSKCMLQDMPLWMM LYGYADYVVKSTGIQSAWTDMRVAIRCPYTDPKLVGSTE NTMFIPIGLEFMNGDIPDKRPYIPLTWWFKWYPMITHQKT AIEAIVSCSPFMPRDQEQASWDITVGYKATFLWGGSPLP PQPIDDPCQKGKHDIPDPDTNPPRIQISDPQHLGPATLFH SWDLRRGYINTKSIKRISEHLDANEYFSTGVVSKKPRFDT PHHGQLSNQEEDALSILRQPQKEQEETTSEEEQALQKEE EQKEKLLQQLRVQRQHQRVLRQGIKHLMGDVLRLRQGV HWNPVL*	260
AB064600.1	BAB79330.1	TAWGWYRRRRWRPWRRRRWAIRRRRPRRTVRRRGRR RYVSRWPRRRYRRRRRRTRRRGGRKRRHRQTLILRQW QPDVMKKCFITGWMPLIICGTGNTQFNFITHEDDVPPKGA SYGGNLTNLTFTLEGLYDEHLLHRNRWSRSNFDLDLSRY LYTIIKLYRHESVDYIVTYNRTGPFEISPLSYMNTHPMLML LNKHHVVVPSPKTKPKGKRAIKIKIKPPKLMLNKWYFARD TCRIGLFQLYATGANLTNPWLRSGTNSPVVGFYVIKNSIY QDAFDNLADTEHTNQRKNVFENKLYPTTTTNKDNWQYT YTSLMKNIYFKTKQEAENQTMSSTYNFDTYKTNYDKVRT KWIKIAEDGYKLVSKEYKEIYISTATYPPQWNSRNYLSHD YGIYSPYFLTPQRYSPQWHTAWTYVRYNPLTDKGIGNRI	261

		FVQWCSEKNSSYNSTKSKCMLQDMPLFMLTYGYLDYVL KCAGSKSAWTDMRVCIRSPYTEPQLTGNTDDISFVIISEA FMNGDMPYLAPHIPVSLWFKWYPMILHQKAALETIVSCG PFMPRDQEANSWDITAGYKAVFKWGGSPLPPQPIDDPY QKPTHEIPDPDKHPPRLQIADPKILGPSTVFHTWDIRRGL FSTASLKRVSEYQPPDDLFSTGVASKRPRFDTPVQGQLE SQEEESYRLLRALQKEQETSSSEEEQPQNQEIQEKLLLQ LQQQRQQQRLLAKGIKHLLGDVLRLRKGVHWDPVLT*	
AB064601.1	BAB79334.1	TAWYRRRRWRPWRRRRRPWTLRRRRARRFVRRRPRR RYVSRWRRRRYRRRLRRGRRRRGRRRRKETIIVRQWQ PDVMRNCYITGFLPLIVCGSGNTQFNFITHENDIPPRGAS YGGNLTNITFTLAALYDQYLLHRNRWSRSNFDLDLARYIN TKLKLYRHDSVDYIVTYNRTGPFEVNPLTYMHTHPLLMLV NRHHIVVPSLKTKPRGKRYIKVKIKPPKLMLNKWYFAKDIC PLGLFQLYATGLELRNPWIREGTNSPIVGFYVLKPSLYNG AMSNLADTEHLNQRQTLFNKLLPTQNQKDEWQYTYNKP MQKIYYEAANKQDSGFKNTTYNWTNYKTNYQKVQSQW QTVAQQNYNQVYNEFKEVYPLTATWPPQWNARQYMSH DFGIYSPYFLSPARFTDYWHSAYTYVRYNPMSDKGIGNII CIQWCSEKNSEFNETKNKCILRDMPLYMLTYGYLDYTTK CTGSNSIWTDARVAIRCPYTDPPLSNPTNKNTLYIPLSTSF MQGDMPWPTTNIPLKMWFKWYPMIMHQRACLETIVSCG PFMPRDQTASSWDITIAYRAFFKWGGNPLPPQPIDDPCQ KDTHEIPDPDKHPRGIQISDPKVLGPPTVFHTWDIRRGLF SSTSLKRVSEYQPPDDPFSTGVVFKRPRLETQYKGTQET PEEDAYTLLKALQKEQESSSSEEELPQEEQEIQKTQLLKQ LQLQQQQQRILKRGIRHLFGDVLRLRKGVHSNPDLL*	262
AB064602.1	BAB79336.1	TAWYRYRRRPWRRRRRPRWGLRRRRFRRSFRGRGRR RYVSRWSRRRYRRRRRGRRRRGRRRRKRQTLIPRQW QPDVTKKCFITGWMPLIICGTGHTQFNFITHEEDIPGAGA SYGGNLTNITITLGGLYEQYMLHRNHWSRSNYDLELARY LGFTLKCYRHATVDYILTYSRTTPFETNELSHMLTHPLLM LLNKHHRVIPSLKTRPKGKRSVRIHIKPPKLMINKWYFAKD LCNIGPCQIYATGLELSNPWLRSGTNSPVIGFWVLKNHLY DGNLSNIASGEQLTARQTLFTTKLLPSNNTKDEWQYAYT PLMKTFYTQAANTAAHNITDKTYNWKNYKTHYDKVQQT WTTKAQFNYDLVKEEYKTVYPTTATFPPEWSNRQYLEH DYGLFSPYFLTPNRYSTEWHMPITYVRYNPLADKGIGNRI YMQWCSESSSSFEPTKSKCMLQDMPLYMLTYGYLDYVV KCTGVKSAWTDMRVAIRSPYTFPQLIGSTDKVGFIPLGEK FMSGDTDPVKNFIPLKYWYRWYPFAANQKSVLETIVSCG	263

[0554]

		PFMPRDQEAGSWDITVGYKATFKRGGSPLPPQPIDDPC QKPTHDLPDPDRHPPRIQISDPARLGPETLFHSWDIRRG YINTKAIKRISDYTESNDYFSTGVVSKRPRLETQYHGQHE SQEEDAYLLLKQLQEEQETSSSEGEQAPQEKTLQKEKLL KQLQLHKQQQQLLRKGIRHLLGDVLRLRRGVHWDPGL*	
AB064603.1	BAB79342.1	TAWWWGRWRQRRWGRRRRRPWRVRRRRPRRSFRRR RRGRYVSRRRRRRYYRRRLRRGRRRGRRKRHRPTLILR QWQPDVVKHCKITGWMPLIICGSGSTQMNFITHMDDTPP MGYTYGGNFVNVTFSLEAIYEQFLYHRNRWSRSNHDLDL ARYQGTTLKLYRHATVDYILSYNRTGPFQISEMTYMSTHP AIMLLMKHRIVVPSLRTKPKGRRSIKIRIKPPKLMLNKWYF TKDICSMGLFQLMATGAELTNPWLRDTTKSPVIGFRVLKN SVYTNLSNLKDVSISGERKSILNKIHPETLTGSGNASKGW EYSYTKLMAPIYYSAVRNSTYNWQNYQTHCATTAIKFKE KQTSTLTLIKAEYLYHYPNNVTQVDFIDDPTLTHDFGIYSP YWITPTRISLDWDTPWTYVRYNPLSDKGIGNRIYAQWCS EKSSKLDTTKSKCILKDFPLWCMAYGYCDWVVKCTGVSS AWTDMRVAIICPYTEPALIGSDENVGFIPVSDTFCNGDMP FLAPYIPITWWIKWYPMITHQKEVLEAIVNCGPFVPRDQS SPAWEITMGYKMDWKWGGSPLPSQAIDDPCQKPTHELP DPDRHPRMLQVSDPTKLGPKTVFHKWDWRRGQLSKRSI KRVQEDSTDDEYVTGPLSRKRNKLDTKMPGPPTPEKES YTLLQALQESGQESSSQDEEQAPQKEENQKEALVEQLQ LQKQHQRVLKRGLKLLLGDVLRLRRGVHWDPLLS*	264
AB064604.1	BAB79346.1	MAWGWWKRKRRWWWRKRWTRGRLRRRWPRRSRRR PRRRRVRRRRRWRRGRPRRRLYRRGRRYRRKRKRAKI TIRQWQPAMTRRCFIRGHMPALICGWGAYASNYTSHLED KIVKGPYGGGHATFRFSLQVLCEEHLKHHNYWTRSNQD LELALYYGATIKFYRSPDTDFIVTYQRKSPLGGNILTAPSL HPAEAMLSKNKILIPSLQTKPKGKKTVKVNIPPPTLFVHKW YFQKDICDLTLFNLNVVAADLRFPFCSPQTDNVCITFQVL AAEYNNFLSTTLGTTNESTFIENFLKVAFPDDKPRHSNILN TFRTEGCMSHPQLQKFKPPNTGPGENKYFFTPDGLWGD PIYIYNNGVQQQTAQQIREKIKKNMENYYAKIVEENTIITKG SKAHCHLTGIFSPPFLNIGRVAREFPGLYTDVVYNPWTDK GKGNKIWLDSLTKSDNIYDPRQSILLMADMPLYIMLNGYID WAKKERNNWGLATQYRLLLTCPYTFPRLYVETNPNYGY VPYSESFGAGQMPDKNPYVPITWRGKWYPHILHQEAVIN DIVISGPFTPKDTKPVMQLNMKYSFRFTWGGNPISTQIVK DPCTQPTFEIPGGGNIPRRIQVINPKVLGPSYSFRSFDLR RDMFSGSSLKRVSEQQETSEFLFSGGKRPRIDLPKYVPP	265

[0555]

		EEDFNIQERQQREQRPWTSESESEAEAQEETQAGSVRE QLQQQLQEQFQLRRGLKCLFEQLVRTQQGVHVDPCLV*	
AB064606.1	BAB79354.1	MAWGWWKRRRRWWFRKRWTRGRLRRRWPRSARRRP RRRRVRRRRRWRRGRPRRRLYRRYRRKKRRRRKPKTV LKQWQPDITKRCYIIGYIPAIICGAGTWSHNYTSHLLDIIPK GPFGGGHSTMRFSLKVLFEEHLRHLNFWTRSNQDLELV RYFRCSFRFYRDQHTDYLVHYSRKTPLGGNRLTAPSLHP GVQMLSKNKIIVPSYDTKPKGKSYVKVTIAPPTLLTDKWY FSKDICDTTLVNLDVVLCNLRFPFCSPQTDNPCITFSVLHS IYNDFLSIVDTGNYKTQFVSNLSTKVGTDWGKRLNTFRTE GCYSHPKLPKKAVTPGNDKTYFTVPDGLWGDAVFNAEA SNIITKNMESYSESAKARGVQGDPAFCHLTGIYSPPWLTP GRISPETPGLYTDVTYNPYADKGVGNRIWVDYCSKKGNK YDNTSKCLLEDMPLWMVTFGYVDWVKKETGNWGIPLWA RVLIRCPYTVPKLYNEADPNYGWVPYSYYFGEGKMPNG DLYVPFKIRMKWYPSMWNQEPVLNDLAKSGPFAYKDTK TSVTVTAKYKFTFNFGGNPVPSQIVQDPCTQSTYDIPGTG NLPRRIQVIDPKVLGPHYSFHRWDFRRGLFGQQAIKRVS EQPTTSEFLFSGPKRPRIDQGPYIPPEKGSDSLQRESRP WSNSETEAETEAPSEEEPENQEEQVLQLQLRQQLREQR KLRQGIQCLFEQLITTQQGVHKNPLLE*	266
DQ186994.1	ABD34286.1	MAWSWWWRRRKRWWPRRRRRWRRFRTRRARRAVPR RRRRRRVRRRRWGRRRRRRRVFYKRRRRKTGRLYRKP KKKLVLTQWHPTTVRNCSIRGLVPLVLCGHTQGGRNFAL RSDDYPKQGSPYGGSFSTTTWNLRVLFDEHQKHHNTW SYPNNQLDLGRYKGCTFYFYRDKKTDYIVKFQRRGPFKI NKYSSPMAHPGMMMLDKMKILVPSFDTRPGGRRRVKVT IRPPTLLEDKWYTQQDLAPVNLVSLVVSAASFIHPFSQPQ TNNICTTFQVLKDMYYDCIGINSTLTTKYENLFNKLYSKCC YFETFQTIAQLNPGFKAAKKTTNGSGSTAATLGDAVTELK NPNGTFYTGNNSTFGCCTYKPTKEIGSNANKWFWHQLT ATDSDTLGQYGRASIKYMEYHTGIYSSIFLSPLRSNLEFPT AYQDVTYNPLTDRGIGNRIWYQYSTKENTTFNETQCKCV LSDLPLWSMFYGYVDFIESELGISAEIHNFGIVCVQCPYTF PPMFDKSKPDKGYVFYDTLFGNGKMPDGSGHVPTYWQ QRWWPRFSFQRQVMHDIILTGPFSYKDDSVMTGITAGYK FKFSWGGDMVSEQVIKNPERGDGRDSTYPDRQRRDLQ VVDPRSMGPQWVFHTFDYRRGLFGKDAIKRVSEKPTDP DYFTTPYKKPRFFPPTAGEEKLQEEDSALQEKRSPLSSE EGQTRAQVLQQQVLQSELQQQQELGEQLRFLLREMFKT QAGIHMNPRAFQEL*	267

[0556]

DQ186995.1	ABD34288.1	MAWSWWWRRRKRWWPRRRRRWRRFRTRRARRAVPR RRRRRRVRRRRWGRRRRRRRRVFYKRRRRKTGRLYRKP KKKLVLTQWHPTTVRNCSIRGLVPLVLCGHTQGGRNFAL RSDDYPKQGSPYGGSFSTTTWNLRVLFDEHQKHHNTW SYPNNQLDLGRYKGCTFYFYRDKKTDYIVKFQRRGPFKI NKYSSPMAHPGMMMLDKMKILVPSFDTRPGGRRRVKVT IRPPTLLEDKWYTQQDLAPVNLVSLVVSAASFIHPFSQPQ TNNICTTFQVLKDMYYDCIGINSTLTTKYENLFNKLYSKCC YFETFQTIAQLNPGFKAAKKTTNGSGSTAATLGDAVTELK NPNGTFYTGNNSTFGCCTYKPTKEIGSNANKWFWHQLT ATDSDTLGQYGRASIKYMEYHTGIYSSIFLSPLRSNLEFPT AYQDVTYNPLTDRGIGNRIWYQYSTKENTTFNETQCKCV LSDLPLWSMFYGYVDFIESELGISAEIHNFGIVCVQCPYTF PPMFDKSKPDKGYVFYDTLFGNGKMPDGSGHVPTYWQ QRWWPRFSFQRQVMHDIILTGPFSYKDDSVMTGITAGYK FKFSWGGDMVSEQVIKNPERGDGRDSTYPDRQRRDLQ VVDPRSMGPQWVFHTFDYRRGLFGKDAIKRVSEKPTDP DYFTTPYKKPRFFPPTAGEEKLQEEDSALQEKRSPLSSE EGQTRAQVLQQQVLQSELQQQQELGEQLRFLLREMFKT QAGIHMNPRAFQEL*	268
DQ186996.1	ABD34290.1	MAWGWWRWRRRWPARRWRRRRRRRPVRRTRARRPA RRYRRRRTVRTRRRRWGRRRYRRGWRRRTYVRKGRH RKKKKRLILRQWQPATRRRCTITGYLPIVFCGHTKGNKNY ALHSDDYTPQGQPFGGALSTTSFSLKVLFDQHQRGLNK WSFPNDQLDLARYRGCKFYFYRTKQTDWIGQYDISEPYK LDKYSCPNYHPGNMIKAKHKFLIPSYDTNPRGRQKIIVKIP PPDLFVDKWYTQEDLCSVNLVSLAVSAASFLHPFGSPQT DNPCYTFQVLKEFYYQAIGFSATDQQREKVFDILYKNNSY WESNITPFYVINVKKGSNTTQYMSPQISDSSFRKKVNTNY NWYTYDAKTNASQLKQLRNAYFKQLTSEGPQHTYSDNG YASQWTTPSTDAYEYHLGMFSTIFLAPDRPVPRFPCAYQ DVTYNPLMDKGVGNHVWFQYNTKADTQLIVTGGSCKAHI QDIPLWAAFYGYSDFIESELGPFVDADTVGLICVICPYTKP PMYNKTNPMMGYVFYDRNFGDGKWTDGRGKIEPYWQV RWRPEMLFQETVMADIVQTGPFSYKDELKNSTLVCKYKF YFTWGGNMMFQQTIKNPCKTDGQPTDSSRHPRGIQVAD PEQMGPRWVFHSFDWRRGYLSEKALKRLQEKPLDYDEY FTQPKRPRIFPPTESAEGEFREPEKGSYSEEERSQASAE EQTEEATVLLLKRRLREQQQLQQQLQFLTREMFKTQAGL HINPMLLNQR*	269
DQ186997.1	ABD34292.1	MAWGWWRWRRRWPARRWRRRRRRRPVRRTRARRPA	270

[0557]

		RRYRRRRTVRTRRRRWGRRRYRRGWRRRTYVRKGRH RKKKKRLILRQWQPATRRRCTITGYLPIVFCGHTKGNKNY ALHSDDYTPQGQPFGGALSTTSFSLKVLFDQHQRGLNK WSFPNDQLDLARYRGCKFYFYRTKQTDWIGQYDISEPYK LDKYSCPNYHPGNMIKAKHKFLIPSYDTNPRGRQKIIVKIP PPDLFVDKWYTQEDLCSVNLVSLAVSAASFLHPFGSPQT DNPCYTFQVLKEFYYQAIGFSATDEQREKVFDILYKNNSY WESNITPFYVINVKKGCNTTQYMSPQISDSSFRKKVNTNY NWYTYDAKTNASQLKQLRNAYFKQLTSEGPQHTYSDNG YASQWTTPSTDAYEYHLGMFSTIFLAPDRPVPRFPCAYQ DVTYNPLMDKGVGNHVWFQYNTKADTQLIVTGGSCKAHI QDIPLWAAFYGYSDFIESELGPFVDADTVGLICVICPYTKP PMYNKTNPMMGYVFYDRNFGDGKWTDGRGKIEPYWQV RWRPEMLFQETVMADIVQTGPFSYKDELKNSTLVCKYKF YFTWGGNMMFQQTIKNPCKTDGQPTDSSRHPRGIQVAD PEQMGPRWVFHSFDWRRGYLSEKALKRLQEKPLDYDQ YFTQPKRPRIFPPTESAEGEFREPEKGSYSEEERLQASA EEQTEEATVLLLKRRLREQQQLQQQLQFLTREMFKTQAG LHINPMLLNQR*	
DQ186998.1	ABD34294.1	MAWGWWRWRRRWPARRWRRRRRRRPVRRTRARRPA RRYRRRRTVRTRRRRWGRRRYRRGWRRRTYVRKGRH RKKKKRLILRQWQPATRRRCTITGYLPIVFCGHTKGNKNY ALHSDDYTPQGQPFGGALSTTSFSLKVLFDQHQRGLNK WSFPNDQLDLARYRGCKFYFYRTKQTDWIGQYDISEPYK LDKYSCPNYHPGNMIKAKHKFLIPSYDTNPRGRQKIIVKIP PPDLFVDKWYTQEDLCSVNLVSLAVSAASFLHPFGSPQT DNPCYTFQVLKEFYYQAIGFSATDEQREKVFDILYKNNSY WESNITPFYVINVKKGCNTTQCMSPQISDSSFRKKVNTN YNWYTYDAKTNASQLKQLRNAYFKQLTSEGPQHTYSDN GYASQWTTPSTDAYEYHLGMFSTIFLAPDRPVPRFPCAY QDVTYNPLMDKGVGNHVWFQYNTKADTQLIVTGGSCKA HIQDIPLWAAFYGYSDFIESELGPFVDADTVGLICVICPYT KPPMYNKTNPMMGYVFYDRNFGDGKWTDGRGKIEPYW QVRWRPEMLFQETVMADIVQTGPFSYKDELKNSTLVCKY KFYFTWGGNMMFQQTIKNPCKTDGQPTDSSRHPRGIQV ADPEQMGPRWVFHSFDWRRGYLSEKALKRLQEKPLDY DQYFTQPKRPRIFPPTESAEGEFREPEKGSYSEEERSQA SAEERTEEATVLLLKRRLREQQQLQQQLQFLTREMFKTQ AGLHINPMLLNQR*	271
DQ186999.1	ABD34296.1	MAWRWWKRRRRWWFRKRWTRGRLRRRWPRPARRRP RRRRVRRRRRWRRGRPRRRLYRRYRRKKRRRRKPKIIL	272

[0558]

[0559]

		KQWQPDIVKRCYIVGYIPAIICGAGTWSHNYTSHLLDIIPK GPFGGGHSTMRFSLKVLSEEHLRHLNFWTKSNQDLELIR YFRCSFKFYRDQDTDYIVHYSRKTPLGGNRLTAPNLHPG VQMLSKNKIIVPSYATKPKGPSYIKVTIAPPTLLTDKWYFS KDVCDTTLVNLDVVLCNLRFPFCSPQTDNPCITFQVLHSI YNDFLSIVDTNNYKESFVSALPTKVSTDWGKRLNTFRTE GCYSHPKLHKKAVTAATDTEYFTKPDGLWGDTIFDVENG QKIIKNMESYAKSAKERGINGDPAFCHLTGIYSPPWLTPG RISPETPGLYTDVTYNPYADKGVGNRIWVDYCSKKGNKY DNTSKCLLEDMPLWMVCFGYVDCVKKETGNWGIPLWAR VLIRSPYTVPKLYNEADPNYGWVPIFYYFGEGKMPNGDM YIPFKIRMKWYPSMWNQEPVLNDLAKSGPFAYKNTKTSV TVTAKYKFTFNFGGNPVPSQIVQDPCTQPTYDIPGTGNLP RRIQVIDPKVLSPHYSFHRWDFRRGLFGSQAIKRVSEQS TTSEFLFSGPKKPRIDQGPYIPPEKGSGSLQREPRPWSS SETEAETEAPSEEEPENQEEQVLQLQLRQQLREQRKLR QGIQCLFEQLITTQQGVHKNPLLE*	
DQ187000.1	ABD34298.1	MAWRWWKRRRRWWFRKRWTRGRLRRRWPRPARRRP RRRRVRRRRRWRRGRPRRRLYRRYRRKKHRRRKPKIIL KQWQPDIVKRCYIVGYIPAIICGAGTWSHNYTSHLLDIIPK GPFGGGHSTMRFSLKVLFEEHLRHLNFWTKSNQDLELIR YFRCSFKFYRDQDTDYIVHYSRKTPLGGNRLTAPNLHPG VQMLSKNKIMVPSYATKPKGPSYIKVTIAPPTLLTDKWYF SKDVCDTTLVNLDVVLCNLRFPFCSPQTDNPCITFQVLHS IYNDFLSIVDTNNYKESFVSALPTKVSTDWGKRLNTFRTE GCYSHPKLHKKAVTAATDTEYFTKPDGLWGDTIFDVENG QKIIKNMESYAKSAKERGINGDPAFCHLTGIYSPPWLTPG RISPETPGLYTDVTYNPYADKGVGNRIWVDYCSKKGNKY DNTSKCLLEDMPLWMVCFGYVDWVKKETGNWGIPLWA RVLIRSPYTVPKLYNEADPNYGWVPISYYFGEGKMPNGD MYIPFKIRMKWYPSMWNQEPVLNDLAKSGPFAYKNTKTS VTVTAKYKFTFNFGGNPVPSQIVQDPCTQPTYDIPGTGNL PRRIQVIDPKVLGPHYSFHRWDFRRGLFGSQAIKRVSEQ STTSEFLFSGPKKPRIDQGPYIPPEKGSGSLQREPRPWS SSETEAETEAPSEEEPENQEEQVLQLQLRQQLREQRKLR QGIQCLFEQLITTQQGVHKNPLLE*	273
DQ187001.1	ABD34300.1	MARRWWKRRRRWWFRKRWTRGRLRRRWPRPARRRP KRRRVRRRRRWRRGRPRRRLYRRYRRKKRRRRKPKIIL KQWQPDIVKRCYIVDYIPAIICGAGTWSRNYTSHLLDIIPK GPFGGGHSTMRFSLKVLFEEHLRHLNFWTKSNQDLELIR YFRCSFKFYRDQDTDHIVHYSRKTPLGGNRLTAPNLHPG	274

		VQMLSKNKIIVPSYATKPKGPSYIKVTIAPPTLLTDKWYFS KDVCDTTLVNLDVVLCNLRFPFCSPQTDNPCITFQVLHSI YNDFLSIVDTNNYKESFVAALPTKVSTDWGKRLNTFRTE GCYSHPKLHKKAVTAATDTEYFTKPDGLWGDTIFDVENG QKIIKNMESYAKSAKERGINGDPAFCHLTGIYSPPWLTPG RISPETPGLYTDVTYNPYADKGVGNRIWVDYCSKKGNKY GNTSKCLLEDMPLWMVCFGYVDWVKKETGNWGIPLWA RVLIRSPYTVPKLYNEADPNYGWVPISYYFGEGKMPNGD MYVPFKIRMKWYPSMWNQEPVLNDLAKSGPFAYKNTKT SVTVTAKYKFTFNFGGNPVPSQIVQDPCTQPTYDIPGTG NLPRRIQVIDPKVLGPHYSFHRWDFRRGLFGSQAIKRVS EQSTTSEFLFSGPKKPRIDQGPYIPPEKGSGSLQREPRP WSSSETEAETEAPSEEEPENQEEQVLQLQLRQQLREQR KLRQGIQCLFEQLITTQQGVHKNPLLE*	
DQ187002.1	ABD34302.1	MAWRWWKRRRRWWFRKRWTRGRLRRRWPRPARRRP KRRRVRRRRRWRRERPRRRLYRRYRRKKRRRRKPKIIL KQWQPDIVKRCYIVGYIPAIICGAGTWSHNYTSHLLDIIPK GPFGGGHSTMRFSLKVLFEEHLRHLNFWTKSNQDLELIR YFRCSFKFYRDQDTDYIVHYSRKTPLGGNRLTAPNLHPG VQMLSKNKIIVPSYATKPKGPSYIKVTIAPPTLLTDKWYFS KDVCDTTLVNLDVVLCKLRFPFCSPQTDNPCITFQVLHSI YNDFLSIVDTNNYKESFVAALPTKVSTDWGKRLNTFRTE GCYSHPKLHKKAVTAATDTEYFTKPDGLWGDTIFDVENG QKIIKNMESYAKSAKERGINGDPAFCHLTGIYSPPWLTPG RISPETPGLYTDVTYNPYADKGVGDRIWVDYCSKKGNKY DNTSKCLLEDMPLWMVCFGYVDWVKKETGNWGIPLWA RVLIRSPYTVPKLYNEADPNYGWVPISYYFGEGKMPNGD MYVPFKIRMKWYPSMWNQEPVLNDLAKSGPFAYKNTKT SVTVTAKYKFTFNFGGNPVPSQIVQNPCTQPTYDIPGTG NLPRRTQVIDPKVLGPHYSFHRWDFRRGLFGSQAIKRVS EQSTTSEFLFSGPKKPRIDQGPYIPPEKGSGSLQREPRP WSSSETEAETEAPSEEEPENQEEQVLQLQLRQQLREQR KLRQGIQCLFEQLITTQQGVHKNPLLE*	275
DQ187004.1	ABD34305.1	MAWGWWKRRRRRWWRGLWRRRRFARRRPRRPARRP RRRRVRRRRRWRRGRLRRRVYNRRRRIRRKRRRQKLTI RQWQPDKRRICRIKGYLPAIIYGDGTFSKNYTSHLEDRIS KGPFGGGHGTARMSLKVLYDDHLKGLNIWTYSNKDLELV RYMHTTITFYRHPDTDFIAVYNRKTPLGGNRYTAPSLHPG NMMLQRTKILIPSFKTKPRGSGKIRVVIKPPTLLVDKWYFQ KDICDVTLFNLNITAASLRFPFCSPQTNNPCVTFQVLHSV	276

[0560]

[0561]

		YDKALGINTFGTKETPEDQQMEDIKNWLTKALNTAGFTVL NTFRTEGIYSHPQLKKPPEGSNKPSAEQYFAPLDSLWGD KIYVNNNTSPSQTEATIPGILARNACTYYQKAKTSTLRQHL GAMAHCHLTGIFNPALLTQGRLSPEFFGLYKEIIYNPYDD KGKGNRIWIDPLTKPDNIFDARSKVELEDMPLWMACFGY NDWCKKELNNWGLEVEYRVLLRCPYTYPKLYNDANPNY GYVPISYNFSAGKTVEGDLYVPIMWRTKWHPTMYNQSP VLEDLAMAGPFAPKEKIPSSTLTIKYKAKFIFGGNPISEQIV KDPCTQPTYEIPGGGTLPRRIQVINPEYIGPHYSFKSFDIR RGYFSAKSVKRVSEQSDITEFIFSGPKKPRIDQDRYQEAE EHSDSRLREEKPWESSQETESEAQEEEIQETNIQLQLQH QLKEQLQLRRGIQCLFEQLTKTQQGVHINPSLV*	
DQ187005.1	ABD34307.1	MSLKVLYDDHLKGLNIWTYSNKDLELVRYMHTTITFYRHP DTDFIAVYNRKTPLGGNRYTAPSLHPGNMMLQRTKILIPS FKTKPRGSGKIRVVIKPPTLLVDKWYFQKDICDVTLFNLNI TAASLRFPFCSPQTNNPCVTFQVLHSVYDKALGINTFGTK ETPEDQQMEDIKNWLTKALNTAGFTVLNTFRTEGIYSHP QLKKPPEGSNKPSAEQYFAPLDSLWGDKIYVNNNTSPSQ TEATIPGILARNACTYYQKAKTSTLRQHLGAMAHCHLTGI FNPALLTQGRLSPEFFGLYKEIIYNPYDDKGKGNRIWIDPL TKPDNIFDARSKVELEDMPLWMACFGYNDWCKKELNNW GLEVEYRVLLRCPYTYPKLYNDANPNYGYVPISYNFSAG KTVEGDLYVPIMWRTKWYPTMYDQSPVLEDLAMAGPFA PKEKIPSSTLTIKYKAKFIFGAILYLNRLSRTPAPSPPTKFP EAVRSLAEYKSLTRNTSGHTTHSKASTSDVGTLARRVLK ECQNNQTLLSLYSQVQKSQGSTKTGTKKQKNTQILDSEK RNRGRARKKQRAKPKKKRYKRQTSSSSCSTSSKSNCSS DGESSASSSN*	277
DQ361268.1	ABD61942.1	MAWRWWWRRRRPWRWRWRRRRRPARRRRRRRPAR RARRPRVRRWRRRRVWAPRPYIRRRRRSFRRKKIKITQ WNPAVTKKCTVTGYLPVIYCGTGDIGTTFQNFGSHMNEY KQYNAAGGGFSTMLFTMQNLYEEYQKHRCRWSKSNQD LDLCRYLDCKLTFYRSPNTDFIVGYNRKPPFIDTQITRCTL HPGMLIQERKKVIIPSFQTRPKGRIKRKIKVRPPTLFTDKW YFQRDLCKVPLVTVSASAASLRFPFGSPQTENYCIYFQVL DPWYHTRLSITGGKPAEYWTQLKAYLTQGWGRSTNNAG YQHGPLGTYFNTLKTSEHIRQPPADNYKQANKDTTYYGR VDSHWGDHVYQQTIIQAMEENQSNMYTKRALHTFLGSQ YLNFKSGLFSSIFLDNARLSPDFKGMYQEVVYNPFNDRG VGNKVWVQWCTNEDTIFKDLPGRVPVVDLPLWCALMGY SDYCKKYFHDDGFLKEARITIISPYTNPPLINNKNTNEGFV	278

		PYSFYFGKGRMPDGNGYIPIDFRFNWYPCIFHQTNWIND MVQCGPFAYHGDEKNCSLTMKYKFKFLFGGNPISQQTIK DPCQQPDWQLPGSGRFPRDVQVSNPRLQTEGSTFHAW DFRRGFYGKRAIERLQGQQDDVTYIAGPPKRPRFEVPAL AAEGSSNTRRSELPWQTSEEESSQEENSEETEEETSLS QQLKQQCIEQKLLKRTLHQLVKQLVKTQYHLHAPIIH*	
EF538879.1	ABU55887.1	MAWRWWKRRRRWWFRKRWTRGRLRRRWPRPARRRP RRRRVRRRRRWRRGRPRRRLYRRYRRKKRRRRKPKIIL KQWQPDIVKRCYIIGYIPAIICGAGTWSHNYTSHLLDIIPKG PFGGGHSTMRFSLKVLFEEHLRHLNFWTKSNQDLELIRY FRCSFKFYRDQDTDYIVHYSRKTPLGGNRLTAPSLHPGV QMLSKNKILVPSYATKPKGGSYVKVTIAPPTLLTDKWYFS KDVCDTTLVNLDVVLCNLRFPFCSPQTDNPCITFQVLHSY YNDYLSIVDTALYKTSFVNNLSTKLGTTWANRLNTFRTEG CYSHPKLLKKTVTAANDTKYFTTPDGLWGDAVFDVSDAK KLTKNMESYAASANERGVQGDPAFCHLTGIFSPPWLTPG RISPETPGLYTDVTYNPYADKGVGNRIWVDYCSKKGNKY DNTSKCVLEDMPLWMLCFGYVDWVKKETGNWGIPLWA RVLIRSPYTVPKLYHENDPDYGWVPISYYFGEGKMPNGD MYVPFKVRMKWYPSMWNQEPVLNDLAKSGPFAYKNTK TSVTVTAKYKFTFNFGGNPVPSQIVQDPCTQPTYDIPGTG NLPRRIQVIDPKVLGPHYSFHRWDFRRGLFGTQAIKRVSE QSTTSEFLFSGPKKPRIDQGPYIPPEKGSGSLQRESRPW SSSETEAETEAPSEEEPENQEEQVLQLQLRQQLREQRKL RQGIQCLFEQLITTQQGVHKNPLLE*	279
EU305675.1	ABY26045.1	MAWWGRWRRWRWRPRRWRRRRRRRVPRRRAQRSV RRRRARRVRRRRWGRRRWRRGYRRRLRLRRKRKRKR RLVLTQWHPAKVRRCRISGVLPMILCGAGRSSFNYGLHS DDFTKQKPNNQNPHGGGMSTVTFNLKVLFDQYERFMNK WSYPNDQLDLARYKGCKFTFYRHPEVDFLAQYDNVPPM KMDELTAPNTHPALLLQSRHRVKIYSWKTRPFGSKKVTV KIGPPKLFEDKWYSQSDLCKVSLVSWRLTACDFRFPFCS PQTDNPCVTFQVLGEQYYEVFGTSVLDVPASYNSQITTF EQWLYKKCTHYQTFATDTRLAPQKKATTSTNHTYNPSG NTESSTWTQSNYSKFKPGNTDSNYGYCSYKVDGETFKAI KNYRKQRFKWLTEYTGENHINSTFAKGKYDEYEYHLGW YSNIFIGNLRHNLAFRSAYIDVTYNPTVDKGKGNIVWFQY LTKPTTQLIRTQAKCVIEDLPLYCAFFGYEDYIQRTLGPYQ DIETVGVICFISPYTEPPCIRKEEQKKDWGFVFYDTNFGN GKTPEGIGQVHPYWMQRWRVMAQFQKETQNRIARSGP FSYRDDIPSATLTANYKFYFNWGGDSIFPQIIKNPCPDTGL	280

[0562]

		RPSGHREPRSVQVVSPLTMGPEFIFHRWDWRRGFYNPK ALKRMLEKSDNDAESSTGPKVPRWFPAHHDQEQESDFD SQETRSQSSQEEAAQEALQDVQETSVQQYLLKQFREQR LLGQQLRLLMLQLTKTQSNLHINPRVLDHA*	
EU305676.1	ABY26046.1	MFWWGWRRRWWWKPRRRWRRRRARRPRRVPRRRY RRAARRYRGRRVRRRRAGGWRGRRRYSRHYSRRLTVR RKKKKLTLKIWQPQNIRKCRIRGLLPLLICGHTRSAFNYAI HSDDKTPQQESFGGGLSTVSFSLKVLFDQNQRGLNRWS ASNDQLDLARYLGCTFWFYRDKKTDFIVQYDISAPFKLDK NSSPSYHPFMLMKAKHKVLIPSFDTKPKGREKIKVRIQPP KMFIDKWYTQEDLCPVILVSLAVSVASFTHPFCSPQTANP CITFQVLKEFYYPAMGYGAPETTVTSVFNTLYTTATYWQ SHLTPQFVRMPTKNPDNTENNQAQAFNTWVDKDFKTGK LVKYNFPQYAPSIEKLKQLRTYYFEWETKHTGVAAPPTW TTPTSDRYEYHMGMFSPTFLTPFRSAGLDFPGAYQDVTY NPLTDKGVGNRMWFQYNTKIDTQFDARSCKCVLEDMPL YAMAYGYADFLEQEIGEYQDLEANGYVCVISPYTKPPMF NKHNPQQGYVFYDSQWGNGKWIDGTGFVPVYWLTRWR VELLFQKKVLSDIAMSGPFSYPDELKNTVLTAKYRFDFKW GGNLFHQQTIRNPCKPEETSTGRVPRDVQVVDPVTMGP RFVFHSWDWRRGFLSDRALKRMFEKPLDLEGFAASPKR PRIFPPTEGQLAREQKEQEESSDSQEESSLTSLEEVPEE TKLRLHLRKQLREQRSIRQQLRTMFQQLVKTQAGLHLNP LLSSQL*	281
FJ426280.1	ACK44071.1	MAWRWWWQRRWRRRPWPRRRWRRLRRRRPRRPVR RRRRRATVRRRRWRGRRGRRTYTRRAVRRRRRPRKRF VLTQWSPQTARNCSIRGIVPMVICGHTRAGRNYALHSED FTTQIRPFGGSFSTTTWSLKVLWDEHQKFQNRWSYPNT QLDLARYRGVTFWFYRDQKTDYIVQWSRNPPFKLNKYS SPMYHPGMMMQAKKKLVVPSFQTRPKGKKRYRVRIRPP NMFNDKWYTQEDLCPVPLVQIVVSAATQTKKNCSPQTN NPCITFQVLKDKYLNYIGVNSSETRRNSYKTLQEKLYSQC TYFQTTQVLAQLSPAFQPAKKPNRTNNSTSTTLGNKVTD LKSNNGKFHTGNNPVFGMCSYKPSKDILYKANEWLWDN LMVENDLHSTYGKATLKCMEYHTGIYSSIFLSPQRSLEFP AAYQDVTYNPNCDRAIGNRVWFQYGTKMNTNFNEQQC KCVLTNIPLWAAFNGYPDFIEQELGISTEVHNFGIVCFQCP YTFPPLYDKKNPDKGYVFYDTTFGNGKMPDGSGHIPIYW QQRWWIRLAFQVQVMHDFVLTGPFSYKDDLANTTLTAR YKFRFKWGGNIIPEQIIKNPCKREQSLGSYPDRQRRDLQV VDPSTMGPIYTFHTWDWRRGLFGADAIQRVSQKPEDAL	282

[0563]

		RFTNPFKRPRYLPPTDGEDYRQEEDFALQERRRRTSTEE VQDEESPPQNAPLLQQQQQQRELSVQHAEQQRLGVQL RYILQEVLKTQAGLHLNPLLLGPPQTRCISLSPPEAYSP*	
FJ392105.1	ACR20257.1	MAAWWWGRRRRWRRWRRRRLPRRRRWRRRRRWPR RRRRRWPRRRRRRRPARRPRRRRRRRRVRRPRRRQK LVLTQWNPQTVRKCIIRGFVPLFQCSRTAYHRNFVDHMD DVYTTGPFGGGTGSMLFTLSFFYHEFKKHHCKWSASNR DFDLCRYRGTVLKFYRHPDVDYIVWLNRNPPFQENLLDA MSRQPLIMLQTHKCILVRSFKTHPRGPSYVRMKVRPPRL LTDKWYFQSDFCNVPLFQLQFALAELRFPIGSPQTNTTC VNFLVLDNRYHLFLDNKPQQSDNSQREERGHGYPFNGS EGEADRLKFWHSLWNTGRFLNTTHINTLQPNISKLQEHK AEDTEAKTTYKSLINGNKKVYNDSQYMQNVWAQNKINTL YEAIAEEQYRKIQKYYNTTYGQYQRQLFTGKKYWDYRVG MFSPTFLSPSRLNPEMPGAYTEIAYNPWTDEGTGNVVCL QYLTKETSDYKPHAGSKFTIEDVPLWIAMNGYVDICKKEG KDPGIRLNCLMCIRCPYTRPKLYNPRYPKELFVVYSYNFA HGRMPGGDKYIPMEFKDRWYPSLMHQEEVIEDIVRSGPF ALKDQTEMVTCMMRYSALFNWGGNIIREQAVEDPCKKN TFALPGASGVARLLQVSNPIRQTPSTTWHSWDWRRSLF TQTGIKRMREQQPYDEITYAGPKRPKLTVPAGPTLAAGD AYNYWERKPLTSPGETLPTQTETETEAPEEEAQQEEVQE GLQLQQLWEQQLQQKRQLGVMFQQLLRLRTGAEIHPAL A*	283
FJ392107.1	ACR20260.1	MAAWWWGRRRRWRRWRRRRLPRRRRWRRRRRWPR RRRRRWPRRRRRRRPARRPRRRRRRRRVRRPRRRQK LVLTQWNPQTVRKCIIRGFVPLFQCSRTACHRNFVDHMD DVYTTGPFGGGTGSMLFTLSFFYHEFKKHHCKWSASNR DFDLCRYRGTVLKFYRHPDVDYIVWLNRNPPFQENLLDA MSRQPLIMLQTHKCILVRSFKTHPRGPSYVRMKVRPPRL LTDKWYFQSDFCNVPLFQLQFALAELRFPIGSPQTNTTC VNFLVLDNRYHLFLDNKPQQSENLQRKERGHGYSFTGN EGEVDRLKFWHSLWNTGRFLNTTHINTLLPNISKLQEHKA EDRQANAKYKNLINGNKKVYNDSQYMQNVWEENKINTL YDAIAEEQYRKIQKYYNTTYGQYQRQLFTGKKYWDYRVG MFSPTFLSPSRLNPEMPGAYTEIAYNPWTDEGTGNVVCL QYLTKETSDYKPHAGSKFTIEDVPLWIAMNGYVDICKKEG KDPGIRLNCLMCIRCPYTRPKLYNPRYPEELFVVYSYNFA HGRMPGGDKYIPMEFKDRWYPSLMHQEEVIEDIVRSGPF ALKDQTEMVTCMMRYSALFNWGGNIIREQAVEDPCKKN TFALPGASGVARLLQVSNPIRQTPSTTWHSWDWRRSLF	284

[0564]

		TQTGIKRMREQQPYDEITYAGPKRPKLTVPAGPTLAAGD AYNYWERKPLTSPGETLPTQTDTETEAPEEEAQQEEVQ EGLQLQQLWEQQLQQKRQLGVMFQQLLRLRTGAEIHPA LA*	
FJ392108.1	ACR20262.1	MAAWWWGRRRRWRRWRRRRLPRRRRWRRRRRWPR RRRRRWPRRRRRRRPARRPRRRRRRRRVRRPRRRQK LVLTQWNPQTVRKCIIRGFVPLFQCSRTAYHRNFVDHMD DVYTTGPFGGGTGSMLFTLSFFYHEFKKHHCKWSASNR DFDLCRYRGTVLKFYRHPDVDYIVWLNRNPPFQEDLLDA MSRQPLIMLQTHKCILVRSFKTHPRGPSYVRMKVRPPRL LTDKWYFQSDFCNVPLFQLQFALAELRFPIGSPQTNTTC VNFLVLDNRYHLFLDNKPQQSDNPQRKERGHGYSFTGN EGEMDRERFWHSLWSTGRFLNTTHINTLLPNISKLQDHK AEDKDAKTTYKSLINDNKKVYNDSQYMQNVWDQNKIHTL YMAIAEEQYRKIQKYYNTTYGQYQRQLFTGKKYWDYRV GMFSPTFLSPSRLNPEMPGAYTEIAYNPWTDEGTGNVV CLQYLTKETSDYKPHAGSKFTIEDVPLWIAMNGYVDICKK EGKDPGIRLNCLMCIRCPYTRPKLYNPRYPEELFVVYSYN FAHGRMPGGDKYIPMEFKDRWYPSLMHQEEVIEDIVRSS PFALKDQTEMVTCMMRYSALFNWGGNIIREQAVEDPCK KNTFALPGASGVARLLQVSNPIRQTPSTTWHSWDWRRS LFTQTGIKRMREQQPYDEITYAGPKRPKLTVPAGPTLAAG DAYNYWERKPLTSPGETLPTQTETETEAPEEEAQQEEV QEGLQLQQLWEQQLQQKRQLGVMFQQLLRLRTGAEIHP ALA*	285
FJ392111.1	ACR20267.1	MAAWWWGRRRRWRRWRRRRLPRRRRWRRRRRWPR RRRRRWPRRRRRRRPARRPRRRRRRRRVRRPRRRQK LVLTQWNPQTVRKCIIRGFVPLFQCSRTAYHRNFVDHMD DVYTTGPFGGGAGSMLFTLSFFYHEFKKHHCKWSASNR DFDLSRYRGAVLKFYRHPDVDYIVWLNRNPPFQENLLDA MSRQPLIMLQTHKCILVRSFKTHPRGPSYVRMKVRPPRL LTDKWYFQSDFCNVPLFQLQFALAELRFPIGSPQTNTTC VNFLVLDNRYHSFLDNKPQQSENSQRKERGHGYSFTGK EGEQDRLTFWQSLWNTGRFLNTTHINTLLPNISKLQDHK AEDTDANPDYKSLINGNKKVYNDSQYMQNVWQQGKINT LCNAIAQEQYRKIQKYYNTTYGQYQRQLFTGKKYWDYRV GTFSPTFLSPSRLNPEMPGAYTEIAYNPWTDEGTGNVVC LQYLTKETSDYKPHAGSKFTIEDVPLWIAMNGYVDICKKE GKDPGIRLNCLMCIRCPYTRPKLYNPRYPEELFVVYSYNF SHGRMPGGDKYIPMEFKDRWYPSLMHQEEVIEDIVRSG PFALKDQTDMVTCMMRYSALFNWGGNIIREQAVEDPCK	286

[0565]

		KNTFALPGASGVARLLQVSNPIRQTPSTTWHSWDWRRS LFTQTGIKRMREQQPYDEITYAGPKRPKLTVPAGPTLAAG DAYNYWERKPLTSPGETLPTQTETETEAPEEEAQQEEV QEGLQLQQLWEQQLQQKRQLGVMFQQLLRLRTGAEIHP ALA*	
FJ392112.1	ACR20269.1	MAAWWWGRRRRWRRWRRRRLPRRRRWRRRRRWPR RRRRRWPRRRRRRRPARRPRRRRRRRRVRRPRRRQK LVLTQWNPQTVRKCIIRGFVPLFQCSRTAYHRNFVDHMD DVYTTGPFGGGTGSMLFTLSFFYHEFKKHHCKWSASNR DFDLCRYRGTVLKFYRHPDVDYIVWLNRNPPFQENLLDA MSRQPLIMLQTHKCILVRSFKTHPRGPSYVRMKVRPPRL LTDKWYFQSDFCNVPLFQLQFALAELRFPIGSPQTNTTC VNFLVLDNRYHLFLDNKPRQSENLQRKERGHGYVFTGN EGEDDRLKFWHSLWSTGRFLNTTHINTLLPNISKLQDHEA EDTQAKTDYKSLINGNKKVYNDSQYMQDVWEQKKIQTLY KVIAEEQYRKIEKYYNTTYGQYQRQLFTGKKYWDYRVGM FSPTFLSPSRLNPEMPGAYTEIAYNPWTDEGTGNVVCLQ YLTKETSDYKPHAGSKFTIEDVPLWIAMNGYVDICKKEGK DPGIRLNCLMCIRCPYTRPKLYNPRYPEELFVVYSYNFAH GRMPGGDKYIPMEFKDRWYPSLMHQEEVIEDIVRSGPFA LKDQTEMVTCMMRYSALFNWGGNIIREQAVEDPCKKNT FALPGASGVARLLQVSNPIRQTPSTTWHSWDWRRSLFT QTGIKRMREQQPYDEITYAGPKRPKLTVPAGPTLAAGDA YNYWERKPLTSPGETLPTQTETETEAPEEEAQQEEVQE GLQLQQLWEQQLQQKRQLGVMFQQLLRLRTGAEIHPAL A*	287
FJ392114.1	ACR20272.1	MAAWWWGRRRRWRRWRRRRLPRRRRWRRRRRWPR RRRRRWPRRRRRRGPARRLRRRRRRRRVRRPRRRQKL VLTQWNPQTQRKCVVRGFLPLFFCGQGAYHRNFVEHM DDVFPKGPSGGGFGSMVWNLDFLYQEFKKHHNKWSSS NRDFDLVRCHGTVIKFYRHSDFDYLVHVTRTPPFKEDLLT IVSHQPGLMMQNYRCILVKSYKTHPGGRPYITPKIRPPRL LTDKWYFRPDFCGVPLFKLYVTLAELRFPICSPQTDTNCV TFLVLDNTYYDYLDNTADTTRDHERQQKWTNMKMTPRY HLTSHINTLFSGTQQMQSAKETGKDSQFRENIWKTAEVV KIIKDIASKNMQKQQTYYTKTYGAYATQYFTGKQYWDWR VGLFSPIFLSPSRLNPQEPGAYTEIAYNPWTDEGTGNIVCI QYLTKKDSHYKPGAGSKFAVTDVPLWAALFGYYDQCKK ESKDANIRLNRLLLVRCPYTRPKLYNPRDPDQLFVMYSY NFGHGRMPGGDKYVPMEFKDRWYPCMLHQEEVVEEIV RCGPFAPKDMTPSVTCMARYSSLFTWGGNIIREQAVEDP	288

[0566]

		CKKSTFAIPGAGGLARILQVSNPQRQAPTTTWHSWGWR RSLFTETGLKRMQEQQPYDEMSYTGPKRPKLSVPPAAE GNLAAGGGLFFRDGKQPASPGGSLPTQSETEAEAEDEE AHQEETEEGAQLQQLWEQQLQQKRELGIVFQHLLRLRQ GAEIHPGLV*	
FJ392115.1	ACR20274.1	MAAWWWGRRRRWRRWRRRRXPRRRRWRRRRRWPR RRRRRWPRRRRRRRPARRLRRRRRRRRVRRPRRRQKL VLTQWNPQTQRKCVVRGFLPLFFCGQGAYHRNFVEHM DDVFPKGPSGGGFGSMVWNLDFLYQEFKKHHNRWSSS NRDFDLVRYHGTVIKFYRHSDFDYLVHVTRTPPFKEDLLT IVSHQPGLMMQNYRCILVKSYKTHPGGRPYITLKIRPPRL LTDKWYFQPDFCGVPLFKLYVTLAELRFPICSPQTDTNCV TFLVLDNTYYDYLDSTADTTRDNERHQKWKNMIMTPRYH LTSHINTLFSGTQQMQNAKETGKDSQFRENIWKTEEVVKI IHDIASRNMQKQITYYTKTYGAYATQYFTGKQYWDWRVG LFSPIFLSPSRLNPQEPGAYTEIAYNPWTDEGTGNIVCIQY LTKKDSHYKPGAGSKFAVTDVPLWAALFGYYDQCKKES KDANIRLNCLLLVRCPYTRPKLYNPRDPDQLFVMYSYNF GHGRMPGGDKYVPMEFKDRWYPCMLHQEEVVEEIVRC GPFAPKDMTPSVTCMARYSSLFTWGGNIIREQAVEDPCK KSTFAIPGAGGLARILQVSNPQRQAPTTTWHLWDWRRSL FTETGLKRMQEQQPYDEMSYTGPKRPKLSVPPAAEGNL AAGGGLFFRDRKQPTSPGGSLPTQSETEAEAEDEEAHQ EETEEGAQLQQLWEQQLQQKRELGIVFQHLLRLRQGAEI HPGLV*	289
FJ392117.1	ACR20277.1	MAWWWWRRRRRPWRRRWRWKRRARVRTRRPRRAVR RRRRRVRRRRRGWRRLYRRWRRKGRRRRRRKKLVMK QWNPSTVSRCYIVGYLPIIIMGQGTASMNYASHSDDVYY PGPFGGGISSMRFTLRILYDQFMRGQNFWTKTNEDLDLA RFLGSKWRFYRHKDVDFIVTYETSAPFTDSLESGPHQHP GIQMLMKNKILIPSFATKPKGRSSIKVRIQPPKLMIDKWYP QTDFCEVTLLTIHATACNLRFPFCSPQTDTSCVQFQVLSY NAYRQRISILPELCTREKLREFIKQVVKPNLTCINTLATPW CFKFPELDKLPPVANNATGWSVNPDSGDGDVIYQETTLE TKWIANNDVWHTKDQRAHNNIHSQYGMPQSDALEHKTG YFSPALLSPQRLNPQIPGLYINIVYNPLTDKGEGNKIWCDP LTKNTFGYDPPKSKFLIENLPLWSAVTGYVDYCTKASKDE SFKYNYRVLIQTPYTVPALYSDSETTKNRGYIPIGTDFAYG RMPGGVQQIPIRWRMRWYPMLFNQQPVLEDLFQSGPFA YQGDAKSATLVGKYAFKWLWGGNRIFQQVVRDPRSHQ QDQSVGPSRQPRAVQVFDPKYQAPQWTFHAWDIRRGL	290

[0567]

[0568]

		FGRQAIKRVSAKPTPDELISTGPKRPRLEVPAFQEEQEKD LLFRQRKHKAWEDTTEEETEAPSEEEEENQELQLVRRLQ QQRELGRGLRCLFQQLTRTQMGLHVDPQLLAPV*	
GU797360.1	ADO51761.1	MAWGWWKRRRKWWWRRRWTRGRLRKRRARRAGRR PRRRRVRRRRAWRRGRRKRRTFRRRRRRRKGRRHRTRL IIRQWQPEIVRKCLIIGYFPMIICGQGRWSENYSSHLEDRV VKQAFGGGHATTRWSLKVLYEENLRHLNFWTWTNRDLE LARYLKVTWTFYRHQDVDFIIYFNRKSPMGGNIYTAPMM HPGALMLSKHKILVKSFKTKPKGKATVKVTIKPPTLLVDK WYFQKDICDMTLLNLNAVAADLRFPFCSPQTDNPCINFQ VLSSVYNNFLSITDNRLTPVTDDGQAYYKAFLDAAFTKDR DFNAVNTFRTISNFSHPQLELPTKTTNTSQDQYFNTLDGY WGDPIYVHTQNIKPDQNLDKCKEILTNNMKNWHKKVKSE NPSSLNHSCFAHNVGIFSSSFLSAGRLAPEVPGLYTDVIY NPYTDKGKGNMLWVDYCSKGDNLYKEGQSKCLLANLPL WMATNGYIDWVKKETDNWVINTQARVLMVCPYTYPKLY HEIQPLYGFVVYSYNFGEGKMPNGATYIPFKFRNKWYPTI YMQQAVLEDISRSGPFALKQQIPSATLTAKYKFKFLFGGN PTSEQVVRDPCTQPTFELPGASTQPPRIQVTDPKLLGPH YSFHSWDLRRGYYSTKSIKRMSEHEEPSEFIFPGPKKPR VDLGPIQQQERPSDSLQRESRPWETSEEESEAEVQQEE TEEVPLRQQLLHNLREQQQLRKGLQCVFQQLIKTQQGVH IDPSLL*	291
DQ003341.1	AAX94182.1	MAWSWWWRRRKRWWPRRRRRWRRFRTRRARRAVPR RRRRRRVRRRRWGRRGRRRRVFYKRRRRKTGRLYRKP KKKLVLTQWHPTTVRNCSIRGLVPLVLCGHTQGGRNFAL RSDDYPKQGSPYGGSFSTTTWNLRVLFDEHQKHHNTW SYPNNQLDLGRYKGCTFCFYRGKKTDYIVKFQRRGPFKI NKYSSPMAHPGMMMLDKMKILVPSFDTRPGGR*	292
DQ003342.1	AAX94185.1	MAWSWWWRRRKRWWPRRRRRWRRFRTRRARRAVPR RRRRRRVRRRRWGRRGRRRRVFYKRRRRKTGRLYRKP KKKLVLTQWHPTTVRNCSIRGLVPLVLCGHTQGGRNFAL RSDDYPKQGSPYGGSFSTTTWNLRVLFDEHQKHHNTW SYPNNQLDLGRYKGCTFCFYRGKKTDYIVKFQRRGPFKI NKYSSPMAHPGMMMLDKMKILVPSFDTRPGGR*	293
DQ003343.1	AAX94188.1	MAWSWWWRRRKRWWPRRRRRWRRFRTRRARRAVPR RRRRRRVRRRRWGRRRRRRRVFYKRRRRKTGRLYRKP KKKLVLTQWHPTTVRNCSIRGLVPLVLCGHTQGGRNFAL RSDDYPKQGSPYGGSFSTTTWNLRVLFDEHQKHHNTW SYPNNQLDLGRYKGCTFYFYRDKKTDYIVKFQRRGPFKI NKYSSPMAHPGMMMLDKMKILVPSFDTRPGGR*	294

DQ003344.1	AAX94191.1	MAWSWWWRRRKRWWPRRRRRWRRFRTRRARRAVPR RRRRRRVRRRRWGRRRRRRRVFYKRRRRKTGRLYRKP KKKLVLTQWHPTTVRNCSIRGLVPLVLCGHTQGGRNFAL RSDDYPKQGSPYGGSFSTTTWNLRVLFDEHQKHHNTW SYPNNQLDLGRYKGCTFYFYRDKKTDYIVKFQRRGPFKI NKYSSPMAHPGMMMLDKMKILVPSFDTRPGGR*	295
DQ003341.1	AAX94183.1	MYYGCIGINSTLTTKYENLFNKLYSKCCYFETFQTIAQLNP GFKAAKKTTNGSGSTAATLGDAVTELKNPNGTFYTGNNS TFGCCTYKPTKQIGSNANKWFWHQLTATDSDTLGQYGR ASIQYMEYHTGIYSSIFLSPLRSNLELPTAYQDVTYNPLTD RGIGNRIWYQYSTKENTTFNETQCKCVLSDLPLWSMFYG YVDFIESELGISAEIHNFGIVCVQCPYTFPPMFDKSKPDKG YVFYDTLFGNGKMPDGSGHVPTYWQQRWWPRFSFQR QVMHDIILTGPFSYKDDSVMTGITAGYKFKFSWGGDMVS EQVIKNPERGDGRDSTYPDRQRRDSQVVDPRSMGPQW VFHTFDYRRGLFGKDAIKRVSEKPTDPDYFTTPYKKPRFF PPTAGEEKLQEEDSALQEKRSPLSSEEGQTRAQVLQQQ VLQSELQQQQELGEQLRFLLREMFKTQAGIHMNPRAFQ EL*	296
DQ003342.1	AAX94186.1	MYYGCIGINSTLTTKYENLFNKLYSKCCYFETFQTIAQLNP GFKAAKKTTNGSGSTAATLGDAVTELKNPNGTFYTGNNS TFGCCTYKPTKQIGSNANKWFWHQLTATDSDTLGQYGR ASIQYMEYHTGIYSSIFLSPLRSNLELPTAYQDVTYNPLTD RGIGNRIWYQYSTKENTTFNETQCKCVLSDLPLWSMFYG YVDFIESELGISAEIHNFGIVCVQCPYTFPPMFDKSKPDKG YVFYDTLFGNGKMPDGSGHVPTYWQQRWWPRFSFQR QVMHDIILTGPFSYKDDSVMTGITAGYKFKFSWGGDMVS EQVIKNPERGDGRDSTYPDRQRRDSQVVDPRSMGPQW VFHTFDYRRGLFGKDAIKRVSEKPTDPDYFTTPYKKPRFF PPTAGEEKLQEEDSALQEKRSPLSSEEGQTRAQVLQQQ VLQSELQQQQELGEQLRFLLREMFKTQAGIHMNPRAFQ EL*	297
DQ003343.1	AAX94189.1	MYYDCIGINSTLTTKYENLFNKLYSKCCYFETFQTIAQLNP GFKAAKKTTNGSGSTAATLGDAVTELKNPNGTFYTGNNS TFGCCTYKPTKQIGSNANKWFWHQLTATDSDTLGQYGR ASIQYMEYHTGIYSSIFLSPLRSNLEFPTAYQDVTYNPLTD RGIGNRIWYQYSTKENTTFNETQCKCVLSDLPLWSMFYG YVDFIESELGISAEIHNFGIVCVQCPYTFPPMFDKSKPDKG YVFYDTLFGNGKMPDGSGHVPTYWQQRWWPRFSFQR QVMHDIILTGPFSYKDDSVMTGITAGYKFKFSWGGDMVS EQVIKNSERGDGRDSTYPDRQRRDLQVVDPRSMGPQW	298

[0569]

		VFHTFDYRRGLFGKDAIKRVSEKPTDPDYFTTPYKKPRFF PPTAGEEKLQEEDSALQEKRSPLSSEEGQTRAQVLQQQ VLQSELQQQQELGEQLRFLLREMFKTQAGIHMNPRAFQ EL*	
DQ003344.1	AAX94192.1	MYYDCIGINSTLTTKYENLFNKLYSKCCYFETFQTIAQLNP GFKAAKKTTNGSGSTAATLGDAVTELKNPNGTFYTGNNS TFGCCTYKPTKQIGSNANKWFWHQLTATDSDTLGQYGR ASIQYMEYHTGIYSSIFLSPLRSNLEFPTAYQDVTYNPLTD RGIGNRIWYQYSTKENTTFNETQCKCVLSDLPLWSMFYG YVDFIESELGISAEIHNFGIVCVQCPYTFPPMFDKSKPDKG YVFYDTLFGNGKMPDGSGHVPTYWQQRWWPRFSFQR QVMHDIILTGPFSYKDDSVMTGITAGYKFKFSWGGDMVS EQVIKNSERGDGRDSTYPDRQRRDLQVVDPRSMGPQW VFHTFDYRRGLFGKDAIKRVSEKPTDPDYFTTPYKKPRFF PPTAGEEKLQEEDSALQEKRSPLSSEEGQTRAQVLQQQ VLQSELQQQQELGEQLRFLLREMFKTQAGIHMNPRAFQ EL*	299

[0570]

[0571] 일부 실시형태에서, 유전 요소는 아미노산 서열 또는 그의 기능적 단편 또는 본원, 예를 들어, 표 17에 기재된 아미노산 서열 중 어느 하나에 대하여 적어도 약 60%, 70% 80%, 85%, 90% 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 서열을 인코딩하는 뉴클레오티드 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, 실질적으로 비-병원성인 단백질은 아미노산 서열 또는 그의 기능적 단편 또는 본원에 기재된, 예를 들어, 표 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16 또는 17 중 임의의 것에 열거된 바와 같은 아미노산 서열 중 어느 하나에 대하여 적어도 약 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90% 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 서열을 포함한다.

[0572] 일부 실시형태에서, 유전 요소는 본원에 기재된, 예를 들어, 표 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16 또는 17 중 임의의 것에 열거된 또는 도 1에 나타낸 바와 같은 아미노산 서열의 위치 약 1 내지 위치 약 150(예를 들어, 또는 각

범위 내의 아미노산의 임의의 하위세트, 예를 들어, 위치 약 20 내지 위치 약 35, 위치 약 25 내지 위치 약 30, 위치 약 26 내지 약 30), 위치 약 150 내지 위치 약 390(예를 들어, 또는 각 범위 내의 아미노산의 임의의 하위세트, 예를 들어, 위치 약 200 내지 위치 약 380, 위치 약 205 내지 위치 약 375, 위치 약 205 내지 약 371), 약 390 내지 위치 약 525, 위치 약 525 내지 위치 약 850(예를 들어, 또는 각 범위 내의 아미노산의 임의의 하위세트, 예를 들어, 위치 약 530 내지 위치 약 840, 위치 약 545 내지 위치 약 830, 위치 약 550 내지 약 820), 약 850 내지 위치 약 950(예를 들어, 또는 각 범위 내의 아미노산의 임의의 하위세트, 예를 들어, 위치 약 860 내지 위치 약 940, 위치 약 870 내지 위치 약 930, 위치 약 880 내지 약 923)를 갖는 아미노산 서열 또는 그의 기능적 단편을 인코딩하는 뉴클레오티드 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, 실질적으로 비-병원성인 단백질은 본원에 기재된, 예를 들어, 표 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16 또는 17 중 임의의 것에 열거된 바와 같은 또는 도 1에 나타낸 바와 같은 아미노산 서열 또는 그의 기능적 단편 또는 상기 아미노산 서열의 위치 약 1 내지 위치 약 150(예를 들어, 또는 본원에 기재된 바와 같은 각 범위 내의 아미노산의 임의의 하위세트), 위치 약 150 내지 위치 약 390, 위치 약 390 내지 위치 약 525, 위치 약 525 내지 위치 약 850, 위치 약 850 내지 위치 약 950에 대하여 적어도 약 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90% 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 서열을 포함한다.

[0573] 일부 실시형태에서, 실질적으로 비-병원성인 단백질은 아미노산 서열 또는 그의 기능적 단편 또는 본원에 기재된, 예를 들어, 표 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16 또는 17 중 임의의 것에 열거된 또는 도 1에 나타낸 바와 같은 아미노산 서열 또는 아미노산의 범위 중 어느 하나에 대하여 적어도 약 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90% 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 서열을 포함하며, 서열은 작용성 도메인이며, 기능, 예를 들어, 종 및/또는 조직 및/또는 세포 향성, 바이러스 게놈 결합 및/또는 패키징, 면역 회피(비-면역원성 및/또는 관용), 약동학, 엔도시토시스 및/또는 세포 부착, 핵 유입, 세포내 조절 및 국소화, 엑소시토시스 조절, 증식, 핵산 보호 및 그의 조합을 제공한다. 일부 실시형태에서, 서열 동일성이 더 낮은 아미노산의 범위는 본원에 기재된 특성 중 하나 이상 및 세포/조직/종 특이성(예를 들어, 향성)의 차이를 제공할 수 있다.

[0574] 단백질 결합 서열

[0575] 많은 바이러스에 의해 사용되는 전략은 바이러스 캡시드 단백질이 그의 게놈 내의 특정 단백질 결합 서열을 인식하는 것이다. 예를 들어, 비세그먼트화된 게놈을 갖는 바이러스, 예컨대 효모의 L-A 바이러스에서, 게놈의 5' 말단에 이차 구조(스템-루프) 및 특정 서열이 존재하며, 이는 둘 모두 바이러스 캡시드 단백질에 결합하는데 사용된다. 그러나, 세그먼트화된 게놈을 갖는 바이러스, 예컨대 레오바이러스과, 오르쏘믹소바이러스과(*Orthomyxoviridae*)(인플루엔자), 부니아바이러스(*Bunyaviruse*) 및 아레나바이러스(*Arenaviruse*)는 게놈 세그먼트의 각각을 패키징할 필요가 있다. 일부 바이러스는 세그먼트의 상보성 영역을 사용하여, 바이러스가 각각의 게놈 분자 중 하나를 포함시키는 것을 보조한다. 다른 바이러스는 상이한 세그먼트의 각각에 대하여 특이적인 결합 부위를 갖는다. 예를 들어, 문헌[Curr Opin Struct Biol. 2010 Feb; 20(1): 114-120]; 및 문헌[Journal of Virology (2003), 77(24), 13036-13041]을 참조한다.

[0576] 일부 실시형태에서, 유전 요소는 실질적으로 비-병원성인 단백질에 결합하는 단백질 결합 서열을 인코딩한다. 일부 실시형태에서, 단백질 결합 서열은 단백질성 외부로의 유전 요소의 패키징을 용이하게 한다. 일부 실시형태에서, 단백질 결합 서열은 실질적으로 비-병원성인 단백질의 아르기닌-풍부 영역에 특이적으로 결합한다. 일부 실시형태에서, 유전 요소는 실시예 8에 기재된 바와 같은 단백질 결합 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, 유전 요소는 (예를 들어, 표 1, 3, 5, 7, 9, 11 또는 13 중 어느 하나에 나타낸 바와 같은) 아넬로바이러스 서열의 5' UTR 보존된 도메인 또는 GC-풍부 도메인에 대하여 적어도 70%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는 단백질 결합 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 단백질 결합 서열은 표 1의 아넬로바이러스 5' UTR 보존된 도메인 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 1의 핵산 서열의 뉴클레오티드 177 내지 247)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는다. 실시형태들에서, 단백질 결합 서열은 표 1의 아넬로바이러스 GC-풍부 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 1의 핵산 서열의 뉴클레오티드 3415 내지 3570)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는다. 실시형태들에서, 단백질 결합 서열은 표 3의 아넬로바이러스 5' UTR 보존된 도메인 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 3의 핵산 서열의 뉴클레오티드 174 내지 244)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는다. 실시형태들에서, 단백질 결합 서열은 표 3의 아넬로바이러스 GC-풍부 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 3의 핵산 서열의 뉴클레오티드 3691 내지 3794)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는다. 실시형태들에서, 단백질 결합 서열은 표 5의 아넬로바이러스 5' UTR 보존된 도메인 뉴클레오

티드 서열(예를 들어, 표 5의 핵산 서열의 뉴클레오티드 170 내지 240)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는다. 실시형태들에서, 단백질 결합 서열은 표 5의 아넬로바이러스 GC-풍부 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 5의 핵산 서열의 뉴클레오티드 3632 내지 3753)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는다. 실시형태들에서, 단백질 결합 서열은 표 7의 아넬로바이러스 5' UTR 보존된 도메인 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 7의 핵산 서열의 뉴클레오티드 174 내지 244)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는다. 실시형태들에서, 단백질 결합 서열은 표 7의 아넬로바이러스 GC-풍부 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 7의 핵산 서열의 뉴클레오티드 3733 내지 3853)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는다. 실시형태들에서, 단백질 결합 서열은 표 9의 아넬로바이러스 5' UTR 보존된 도메인 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 9의 핵산 서열의 뉴클레오티드 171 내지 241)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는다. 실시형태들에서, 단백질 결합 서열은 표 9의 아넬로바이러스 GC-풍부 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 9의 핵산 서열의 뉴클레오티드 3644 내지 3758)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는다. 실시형태들에서, 단백질 결합 서열은 표 11의 아넬로바이러스 5' UTR 보존된 도메인 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 11의 핵산 서열의 뉴클레오티드 323 내지 393)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는다. 실시형태들에서, 단백질 결합 서열은 표 11의 아넬로바이러스 GC-풍부 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 11의 핵산 서열의 뉴클레오티드 2868 내지 2929)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는다. 실시형태들에서, 단백질 결합 서열은 표 13의 아넬로바이러스 5' UTR 보존된 도메인 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 13의 핵산 서열의 뉴클레오티드 117 내지 187)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는다. 실시형태들에서, 단백질 결합 서열은 표 13의 아넬로바이러스 GC-풍부 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 표 13의 핵산 서열의 뉴클레오티드 3054 내지 3172)에 대하여 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 서열 동일성을 갖는다.

[0577] 일부 실시형태에서, 유전 요소(예를 들어, 유전 요소의 단백질-결합 서열)는 표 16-1 및/또는 도 21에 나타낸 핵산 서열에 대하여 적어도 약 75%(예를 들어, 적어도 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100%) 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, 유전 요소(예를 들어, 유전 요소의 단백질-결합 서열)는 표 16-1에 나타낸 컨센서스 5' UTR 서열의 핵산 서열을 포함하며, X_1, X_2, X_3, X_4 및 X_5는 각각 독립적으로, 임의의 뉴클레오티드이며, 예를 들어, X_1 = G 또는 T이며, X_2 = C 또는 A이며, X_3 = G 또는 A이며, X_4 = T 또는 C이며, X_5 = A, C 또는 T이다. 실시형태들에서, 유전 요소(예를 들어, 유전 요소의 단백질-결합 서열)는 표 16-1에 나타낸 컨센서스 5' UTR 서열에 대하여 적어도 약 75%(예를 들어, 적어도 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100%) 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 유전 요소(예를 들어, 유전 요소의 단백질-결합 서열)는 표 16-1에 나타낸 예시적인 TTV 5' UTR 서열에 대하여 적어도 약 75%(예를 들어, 적어도 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100%) 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 유전 요소(예를 들어, 유전 요소의 단백질-결합 서열)는 표 16-1에 나타낸 TTV-CT30F 5' UTR 서열에 대하여 적어도 약 75%(예를 들어, 적어도 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100%) 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 유전 요소(예를 들어, 유전 요소의 단백질-결합 서열)는 표 16-1에 나타낸 TTV-HD23a 5' UTR 서열에 대하여 적어도 약 75%(예를 들어, 적어도 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100%) 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 유전 요소(예를 들어, 유전 요소의 단백질-결합 서열)는 표 16-1에 나타낸 TTV-JA20 5' UTR 서열에 대하여 적어도 약 75%(예를 들어, 적어도 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100%) 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 유전 요소(예를 들어, 유전 요소의 단백질-결합 서열)는 표 16-1에 나타낸 TTV-TJN02 5' UTR 서열에 대하여 적어도 약 75%(예를 들어, 적어도 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100%) 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 유전 요소(예를 들어, 유전 요소의 단백질-결합 서열)는 표 16-1에 나타낸 TTV-tth8 5' UTR 서열에 대하여 적어도 약 75%(예를 들어, 적어도 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100%) 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다.

[0578] [표 16.1]

아넬로바이러스로부터의 예시적인 5' UTR 서열

공급원	서열	SEQ ID NO:
컨센서스	CGGGTGCCGX$_1$AGGTGAGTTTACACACCGX$_2$AGT CAAGGGGCAATTCGGGCTCX$_3$GGACTGGCCGGG CX$_4$X$_5$TGGG X$_1$ = G 또는 T X$_2$ = C 또는 A X$_3$ = G 또는 A X$_4$ = T 또는 C X$_5$ = A, C 또는 T	715
예시적인 TTV 서열	CGGGTGCCGGAGGTGAGTTTACACACCGCAGTC AAGGGGCAATTCGGGCTCGGGACTGGCCGGGCT WTGGG	703
TTV-CT30F	CGGGTGCCGTAGGTGAGTTTACACACCGCAGTC AAGGGGCAATTCGGGCTCGGGACTGGCCGGGCT ATGGG	704
TTV-HD23a	CGGGTGCCGGAGGTGAGTTTACACACCGCAGTC AAGGGGCAATTCGGGCTCGGGACTGGCCGGGCC CTGGG	705
TTV-JA20	CGGGTGCCGGAGGTGAGTTTACACACCGCAGTC AAGGGGCAATTCGGGCTCGGGACTGGCCGGGCT TTGGG	706
TTV-TJN02	CGGGTGCCGGAGGTGAGTTTACACACCGCAGTC AAGGGGCAATTCGGGCTCGGGACTGGCCGGGCT ATGGG	707
TTV-tth8	CGGGTGCCGGAGGTGAGTTTACACACCGAAGTC AAGGGGCAATTCGGGCTCAGGACTGGCCGGGCT TTGGG	708

[0579]

[0580] 일부 실시형태에서, 유전 요소(예를 들어, 유전 요소의 단백질-결합 서열)는 표 16-2 및/또는 도 22에 나타낸 핵산 서열에 대하여 적어도 약 75%(예를 들어, 적어도 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100%) 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 유전 요소(예를 들어, 유전 요소의 단백질-결합 서열)는 표 16-1에 나타낸 컨센서스 GC-풍부 서열의 핵산 서열을 포함하며, X_1, X_4, X_5, X_6, X_7, X_{12}, X_{13}, X_{14}, X_{15}, X_{20}, X_{21}, X_{22}, X_{26}, X_{29}, X_{30} 및 X_{33}은 각각 독립적으로 임의의 뉴클레오티드이며, X_2, X_3, X_8, X_9, X_{10}, X_{11}, X_{16}, X_{17}, X_{18}, X_{19}, X_{23}, X_{24}, X_{25}, X_{27}, X_{28}, X_{31}, X_{32} 및 X_{34}는 각각 독립적으로 부재이거나, 임의의 뉴클레오티드이다. 일부 실시형태에서, X_1 내지 X_{34} 중 하나 이상(예를 들어, 이들 전부)는 각각 독립적으로 표 16-2에 특정된 뉴클레오티드(또는 부재)이다. 실시형태들에서, 유전 요소(예를 들어, 유전 요소의 단백질-결합 서열)는 표 16-1에 나타낸 컨센서스 GC-풍부 서열에 대하여 적어도 약 75%(예를 들어, 적어도 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100%) 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 유전 요소(예를 들어, 유전 요소의 단백질-결합 서열)는 표 16-1에 나타낸 예시적인 TTV GC-풍부 서열(예를 들어, 전체 서열, 단편 1, 단편 2, 단편 3 또는 그의 임의의 조합, 예를 들어, 순서대로 단편 1 내지 3)에 대하여 적어도 약 75%(예를 들어, 적어도 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100%) 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 유전 요소(예를 들어, 유전 요소의 단백질-결합 서열)는 표 16-1에 나타낸 TTV-CT30F GC-풍부 서열(예를 들어, 전체 서열, 단편 1, 단편 2, 단편 3, 단편 4, 단편 5, 단편 6, 단편 7, 단편 8 또는 그의 임의의 조합, 예를 들어, 순서대로 단편 1 내지 7)에 대하여 적어도 약 75%(예를 들어, 적어도 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100%) 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 유전 요소(예를 들어, 유전 요소의 단백질-결합 서열)는 표 16-1에 나타낸 TTV-HD23a GC-풍부 서열(예를 들어, 전체 서열, 단편 1, 단편 2, 단편 3, 단편 4, 단편 5, 단편 6 또는 그의 임의의 조합, 예를 들어, 순서대로 단편 1 내지 6)에 대하여 적어도 약 75%(예를 들어, 적어도 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100%) 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 유전 요소(예를 들어, 유전 요소의 단백질-결합 서열)는 표 16-1에 나타낸 TTV-JA20 GC-풍부 서열(예를 들어, 전체 서열, 단편 1, 단편 2 또는 그의 임의의 조합, 예를 들어, 순서대로 단편 1 및 2)에 대하여 적어도 약 75%(예를 들어, 적어도 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100%) 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 유전 요소(예를 들어, 유전 요소의 단백질-

결합 서열)는 표 16-1에 나타낸 TTV-TJN02 GC-풍부 서열(예를 들어, 전체 서열, 단편 1, 단편 2, 단편 3, 단편 4, 단편 5, 단편 6, 단편 7, 단편 8 또는 그의 임의의 조합, 예를 들어, 순서대로 단편 1 내지 8)에 대하여 적어도 약 75%(예를 들어, 적어도 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100%) 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다. 실시형태들에서, 유전 요소(예를 들어, 유전 요소의 단백질-결합 서열)는 표 16-1에 나타낸 TTV-tth8 GC-풍부 서열(예를 들어, 전체 서열, 단편 1, 단편 2, 단편 3, 단편 4, 단편 5, 단편 6 또는 그의 임의의 조합, 예를 들어, 순서대로 단편 1 내지 6)에 대하여 적어도 약 75%(예를 들어, 적어도 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100%) 동일성을 갖는 핵산 서열을 포함한다.

[0581] [표 16-2]

아넬로바이러스로부터의 예시적인 GC-풍부 서열

공급원	서열	SEQ ID NO:
컨센서스	CGGCGGX$_1$GGX$_2$GX$_3$X$_4$X$_5$CGCGCTX$_6$CG CGCGCX$_7$X$_8$X$_9$X$_{10}$CX$_{11}$X$_{12}$X$_{13}$X$_{14}$GGGGX$_{15}$ X$_{16}$X$_{17}$X$_{18}$X$_{19}$X$_{20}$X$_{21}$GCX$_{22}$X$_{23}$X$_{24}$X$_{25}$CCCCC CCX$_{26}$CGCGCATX$_{27}$X$_{28}$GCX$_{29}$CGGGX$_{30}$CC CCCCCCCX$_{31}$X$_{32}$X$_{33}$GGGGGGCTCCGX$_{34}$C CCCCCGGCCCCCC X$_1$ = G 또는 C X$_2$ = G, C 또는 부재 X$_3$ = C 또는 부재 X$_4$ = G 또는 C X$_5$ = G 또는 C X$_6$ = T, G 또는 A X$_7$ = G 또는 C X$_8$ = G 또는 부재 X$_9$ = C 또는 부재 X$_{10}$ = C 또는 부재 X$_{11}$ = G, A 또는 부재 X$_{12}$ = G 또는 C X$_{13}$ = C 또는 T X$_{14}$ = G 또는 A X$_{15}$ = G 또는 A X$_{16}$ = A, G, T 또는 부재 X$_{17}$ = G, C 또는 부재 X$_{18}$ = G, C 또는 부재 X$_{19}$ = C, A 또는 부재 X$_{20}$ = C 또는 A X$_{21}$ = T 또는 A X$_{22}$ = G 또는 C X$_{23}$ = G, T 또는 부재 X$_{24}$ = C 또는 부재 X$_{25}$ = G, C 또는 부재 X$_{26}$ = G 또는 C X$_{27}$ = G 또는 부재	743

[0582]

[0583]

		X_{28} = C 또는 부재 X_{29} = G 또는 A X_{30} = G 또는 T X_{31} = C, T 또는 부재 X_{32} = G, C, A 또는 부재 X_{33} = G 또는 C X_{34} = C 또는 부재	
예시적인 TTV 서열	전체 서열	GCCGCCGCGGCGGCGGSGGNGNSGCG CGCTDCGCGCGCSNNNCRCCRGGGGGN NNNCWGCSNCNCCCCCCCCCCGCGCAT GCGCGGGKCCCCCCCCCCNNCGGGGGG CTCCGCCCCCCGGCCCCCCCCCGTGCT AAACCCACCGCGCATGCGCGACCACG CCCCCGCCGCC	709
	단편 1	GCCGCCGCGGCGGCGGSGGNGNSGCG CGCTDCGCGCGCSNNNCRCCRGGGGGN NNNCWGCSNCNCCCCCCCCCCGCGCAT	716
	단편 2	GCGCGGGKCCCCCCCCCCNNCGGGGGG CTCCG	717
	단편 3	CCCCCCGGCCCCCCCCCGTGCTAAACC CACCGCGCATGCGCGACCACGCCCCCG CCGCC	718
TTV-CT30F	전체 서열	GCGGCGG-GGGGGCG-GCCGCG- TTCGCGCGCCGCCCACCAGGGGGTG-- CTGCG-CGCCCCCCCCCGCGCAT GCGCGGGGCCCCCCCCC-- GGGGGGGCTCCGCCCCCCCGGCCCCCC CCCGTGCTAAACCCACCGCGCATGCGC GACCACGCCCCCGCCGCC	710
	단편 1	GCGGCGG	719
	단편 2	GGGGGCG	720
	단편 3	GCCGCG	721
	단편 4	TTCGCGCGCCGCCCACCAGGGGGTG	722
	단편 5	CTGCG	723

[0584]

	단편 6	CGCCCCCCCCCGCGCAT	724
	단편 7	GCGCGGGGCCCCCCCCC	725
	단편 8	GGGGGGGCTCCGCCCCCCCGGCCCCCC CCCGTGCTAAACCCACCGCGCATGCGC GACCACGCCCCCGCCGCC	726
TTV-HD23a	전체 서열	CGGCGGCGGCGGCG-CGCGCGCTGCGCGCGCG---CGCCGGGGGGGCGCCAGCG-CCCCCCCCCCCGCGCAT GCACGGGTCCCCCCCCCCACGGGGGGC TCCG CCCCCCGGCCCCCCCCC	711
	단편 1	CGGCGGCGGCGGCG	727
	단편 2	CGCGCGCTGCGCGCGCG	728
	단편 3	CGCCGGGGGGGCGCCAGCG	729
	단편 4	CCCCCCCCCCCGCGCAT	730
	단편 5	GCACGGGTCCCCCCCCCCACGGGGGGC TCCG	731
	단편 6	CCCCCCGGCCCCCCCCC	732
TTV-JA20	전체 서열	CCGTCGGCGGGGGGGCCGCGCGCTGC GCGCGCGGCCC-CCGGGGGAGGCACAGCCTCCCCCCCCC GCGCGCATGCGCGCGGGTCCCCCCCCC TCCGGGGGGCTCCGCCCCCCGGCCCCC CCC	712
	단편 1	CCGTCGGCGGGGGGGCCGCGCGCTGC GCGCGCGGCCC	733
	단편 2	CCGGGGGAGGCACAGCCTCCCCCCCCC GCGCGCATGCGCGCGGGTCCCCCCCCC TCCGGGGGGCTCCGCCCCCCGGCCCCC CCC	734
TTV-TJN02	전체 서열	CGGCGGCGGCG-CGCGCGCTACGCGCGCG---CGCCGGGGGG----CTGCCGC-	713

		CCCCCCCCCGCGCAT GCGCGGGGCCCCCCCCC- GCGGGGGGCTCCG CCCCCCGGCCCCCC	
	단편 1	CGGCGGCGGCG	735
	단편 2	CGCGCGCTACGCGCGCG	736
	단편 3	CGCCGGGGGG	737
	단편 4	CTGCCGC	738
	단편 5	CCCCCCCCCGCGCAT	739
	단편 6	GCGCGGGGCCCCCCCCC	740
	단편 7	GCGGGGGGCTCCG	741
	단편 8	CCCCCCGGCCCCCC	742
TTV-tth8	전체 서열	GCCGCCGCGGCGGCGGGGG- GCGGCGCGCTGCGCGCGCCGCCCAGTA GGGGGAGCCATGCG--- CCCCCCCCCGCGCAT GCGCGGGGCCCCCCCCC- GCGGGGGGCTCCG CCCCCCGGCCCCCCCCG	714
	단편 1	GCCGCCGCGGCGGCGGGGG	744
	단편 2	GCGGCGCGCTGCGCGCGCCGCCCAGTA GGGGGAGCCATGCG	745
	단편 3	CCCCCCCCCGCGCAT	746
	단편 4	GCGCGGGGCCCCCCCCC	747
	단편 5	GCGGGGGGCTCCG	748
	단편 6	CCCCCCGGCCCCCCCCG	749

[0585]

[0586] 이펙터

[0587] 일부 실시형태에서, 유전 요소는 기능적 핵산, 예를 들어, 외인성 이펙터, 예를 들어, 치료제, 예를 들어, 조절 핵산, 예를 들어, 세포독성 또는 세포용해 RNA 또는 단백질을 인코딩하는 하나 이상의 서열을 포함할 수 있다. 일부 실시형태에서, 기능적 핵산은 비-코딩 RNA이다.

[0588] 일부 실시형태에서, 외인성 이펙터를 인코딩하는 서열은 예를 들어, 실시예 10, 12 또는 22에 기재된 바와 같이 삽입 부위에서 유전 요소 내로 삽입된다. 실시형태들에서, 외인성 이펙터를 인코딩하는 서열은 비코딩 영역, 예를 들어, 오픈 리딩 프레임의 3'에, 그리고 유전 요소의 GC-풍부 영역의 5' 에 배치된 비코딩 영역에서, TATA 박스의 상류의 5' 비코딩 영역 내에서, 5' UTR 내에서, 폴리-A 신호의 하류 또는 GC-풍부 영역의 상류의 3' 비코딩 영역에서 유전 요소 내로 삽입된다. 실시형태들에서, 외인성 이펙터를 인코딩하는 서열은 예를 들어, 본원에 기재된 바와 같이 TTV-tth8 플라스미드의 뉴클레오티드 약 3588에서, 또는 예를 들어, 본원에 기재된 바와 같이 TTMV-LY2 플라스미드의 뉴클레오티드 약 2843에서 유전 요소 내로 삽입된다. 실시형태들에서, 외인성 이펙터를 인코딩하는 서열은 예를 들어, 본원에 기재된 바와 같이 TTV-tth8 플라스미드의 뉴클레오티드 336 내지 3015에 또는 그 내에, 또는 예를 들어, 본원에 기재된 바와 같이 TTV-LY2 플라스미드의 뉴클레오티드 242 내지 2812에 또는 그 내에 유전 요소 내로 삽입된다. 일부 실시형태에서, 외인성 이펙터를 인코딩하는 서열은 오픈 리딩 프레임(예를 들어, 본원에 기재된 바와 같은 ORF, 예를 들어, 표 1 내지 14 중 어느 하나에 나타낸 바와 같은 ORF1, ORF1/1, ORF1/2, ORF2, ORF2/2, ORF2/3 및/또는 ORF2t/3)의 부분 또는 전부를 대체한다.

[0589] 일부 실시형태에서, 외인성 이펙터를 인코딩하는 서열은 100 내지 2000개, 100 내지 1000개, 100 내지 500개, 100 내지 200개, 200 내지 2000개, 200 내지 1000개, 200 내지 500개, 500 내지 1000, 500 내지 2000 또는 1000 내지 2000개의 뉴클레오티드를 포함한다. 일부 실시형태에서, 외인성 이펙터는 예를 들어, 실시예 11에 기재된 바와 같이 핵산 또는 단백질 페이로드이다.

[0590] *조절 핵산*

[0591] 일부 실시형태에서, 조절 핵산은 내인성 유전자 및/또는 외인성 유전자의 발현을 변경시킨다. 일 실시형태에서, 조절 핵산은 숙주 유전자를 표적화한다. 조절 핵산은 내인성 유전자(예를 들어, 본원의 다른 곳에 기재된 바와 같은 miRNA, siRNA, mRNA, lncRNA, RNA, DNA, 안티센스 RNA, gRNA)에 혼성화되는 핵산, 외인성 핵산, 예컨대 바이러스 DNA 또는 RNA에 혼성화하는 핵산, RNA에 혼성화하는 핵산, 유전자 전사를 간섭하는 핵산, RNA 번역을

간섭하는 핵산, RNA를 안정화시키거나, 예컨대 분해에 대한 표적화를 통하여 RNA를 불안정화시키는 핵산, 및 DNA 또는 RNA 결합 인자를 조절하는 핵산을 포함할 수 있지만, 이에 제한되지 않는다. 실시형태들에서, 조절 핵산은 miRNA를 인코딩한다.

[0592] 일부 실시형태에서, 조절 핵산은 전형적으로 5 내지 500개의 염기쌍(특정 RNA 구조에 따라, 예를 들어, miRNA 5 내지 30 bp, lncRNA 200 내지 500 bp)을 함유하는 RNA 또는 RNA-유사 구조를 포함하며, 세포 내의 발현된 표적 유전자의 코딩 서열 또는 세포 내의 발현된 표적 유전자를 인코딩하는 서열과 동일하거나(또는 상보성이거나) 거의 동일한(또는 실질적으로 상보성인) 핵염기 서열을 가질 수 있다.

[0593] 일부 실시형태에서, 조절 핵산은 핵산 서열, 예를 들어, 가이드 RNA(gRNA)를 포함한다. 일부 실시형태에서, DNA 표적화 모이어티는 가이드 RNA 또는 가이드 RNA를 인코딩하는 핵산을 포함한다. gRNA 짧은 합성 RNA는 불완전한 이펙터 모이어티로의 결합에 필요한 "스캐폴드" 서열 및 게놈 표적에 대한 사용자-정의된 약 20개 뉴클레오티드 표적화 서열로 구성될 수 있다. 실시에서, 가이드 RNA 서열은 일반적으로 17 내지 24개의 뉴클레오티드(예를 들어, 19, 20 또는 21개의 뉴클레오티드)의 길이를 갖도록 설계되고 표적화된 핵산 서열에 대하여 상보성이다. 커스텀 gRNA 생성자 및 알고리즘은 효율적인 가이드 RNA의 설계에 사용하기 위하여 상업적으로 이용 가능하다. 유전자 편집은 또한, 자연 발생 crRNA-tracrRNA 복합체를 모방하고 tracrRNA(뉴클레아제에 결합) 및 적어도 하나의 crRNA(뉴클레아제를 편집에 대해 표적화된 서열로 가이드함) 둘 모두를 함유하는 엔지니어링된(합성) 단일 RNA 분자인, 키메라 "단일 가이드 RNA"("sgRNA")를 사용하여 달성되었다. 화학적으로 변형된 sgRNA는 또한, 게놈 편집에서 효율적인 것으로 입증되었으며; 예를 들어, 문헌[Hendel et al. (2015) Nature Biotechnol., 985 - 991]을 참조한다.

[0594] 조절 핵산은 특정 DNA 서열(예를 들어, 프로모터, 유전자의 인핸서, 침묵자 또는 억제자에 인접하거나 그 내의 서열)을 인식하는 gRNA를 포함한다.

[0595] 특정 조절 핵산은 RNA 간섭(RNAi)의 생물학적 과정을 통하여 유전자 발현을 저해할 수 있다. RNAi 분자는 전형적으로 15 내지 50개의 염기쌍(예컨대 약 18 내지 25개의 염기쌍)을 함유하고, 세포 내의 발현된 표적 유전자의 코딩 서열과 동일하거나(상보성이거나) 또는 거의 동일한(실질적으로 상보성인) 핵염기 서열을 갖는 RNA 또는 RNA-유사 구조를 포함한다. RNAi 분자는 짧은 간섭 RNA(siRNA), 이중-가닥 RNA(dsRNA), 마이크로 RNA(miRNA), 짧은 헤어핀 RNA(shRNA), 메로듀플렉스(meroduplex) 및 다이서(dicer) 기질(미국 특허 제8,084,599호, 제8,349,809호 및 제8,513,207호)을 포함하나 이들에 제한되지 않는다.

[0596] 긴 비-코딩 RNA(lncRNA)는 100개 초과의 뉴클레오티드의 비-단백질 코딩 전사물로서 정의된다. 이러한 다소 임의의 제한은 lncRNA를 작은 조절 RNA, 예컨대 마이크로RNA(miRNA), 짧은 간섭 RNA(siRNA) 및 다른 짧은 RNA로부터 구별한다. 일반적으로, 대다수(약 78%)의 lncRNA는 조직-특이적인 것으로 특성화된다. 근처의 단백질-코딩 유전자에 대하여 반대 방향으로 전사되는(포유동물 게놈 내에 총 lncRNA의 유의미한 비율 약 20%를 포함하는) 분지 lncRNA는 아마도 근처의 유전자의 전사를 조절할 수 있다.

[0597] 유전 요소는 내인성 유전자 또는 유전자 생성물(예를 들어, mRNA)의 전부 또는 그의 단편에 실질적으로 상보성이거나, 완전히 상보성인 서열을 갖는 조절 핵산을 인코딩할 수 있다. 조절 핵산은 인트론과 엑손 사이의 경계에서의 서열에 상보성이어서, 특정 유전자의 새로 생성된 핵 RNA 전사물이 전사를 위해 mRNA로 성숙되는 것을 방지할 수 있다. 특정 유전자에 상보성인 조절 핵산은 당해 유전자에 대한 mRNA와 혼성화하고, 그의 번역을 방지할 수 있다. 안티센스 조절 핵산은 DNA, RNA 또는 그의 유도체 또는 혼성물일 수 있다.

[0598] 관심 전사물에 혼성화하는 조절 핵산의 길이는 5 내지 30개의 뉴클레오티드, 약 10 내지 30개의 뉴클레오티드 또는 약 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30개 이상의 뉴클레오티드일 수 있다. 표적화된 전사물에 대한 조절 핵산의 동일성의 정도는 적어도 75%, 적어도 80%, 적어도 85%, 적어도 90% 또는 적어도 95%여야 한다.

[0599] 유전 요소는 조절 핵산, 예를 들어, 표적 유전자의 약 5 내지 약 25개의 인접 뉴클레오티드와 동일한 마이크로RNA(miRNA) 분자를 인코딩할 수 있다. 일부 실시형태에서, miRNA 서열은 mRNA를 표적화하며, 다이뉴클레오티드 AA로 시작하며, 약 30 내지 70%(약 30 내지 60%, 약 40 내지 60% 또는 약 45% 내지 55%)의 GC-함량을 포함하며, 예를 들어, 표준 BLAST 검색에 의해 결정시, 그것이 도입될 포유동물의 게놈 내의 표적 이외의 임의의 뉴클레오티드 서열에 대하여 높은 동일성 백분율을 갖지 않는다.

[0600] 일부 실시형태에서, 조절 핵산은 적어도 하나의 miRNA, 예를 들어, 2, 3, 4, 5, 6개 이상이다. 일부 실시형태에서, 유전 요소는 뉴클레오티드 서열 중 어느 하나에 대하여 적어도 약 75%, 80%, 85%, 90% 95%, 96%, 97%,

98%, 99% 또는 100% 뉴클레오티드 서열 동일성의 miRNA를 인코딩하는 서열 또는 본원에, 예를 들어, 표 18에 기재된 서열에 상보성인 서열을 포함한다.

[0601] [표 18]

조절 핵산, 예를 들어, miRNA의 예

균주의 수탁 번호	예시적인 하위서열 뉴클레오티드	Pre_miRNA	SEQ ID NO:	miRNA_5prime_per_MiRdup	SEQ ID NO:	miRNA_3prime_per_MiRdup	SEQ ID NO:
AB008394.1	AB008394_3475_3551	GCCAUUUUAAGUAGCUGACUCAAGGAUUGACGUAAAGGUUAAAGGUCAUCCUCGGCGGAAGCUACACAAAAUGGU	300	AGUAGCUGACGUCAAGGAUUGAC(5')	395	CAUCCUCGGCGGAAGCUACACAA(3')	490
AB008394.1	AB008394_3579_3657	GCGUACGUCACAAGUCACGUGGAGGGGACCCGCUGUAACCCGGAAGUAGGCCCCGUCACGUGACUUACCACGUGUGUA	301	CAAGUCACGUGGAGGGGACCCG(5')	396	GGCCCCGUCACGUGACUUACCAC(3')	491
AB017613.1	AB017613_3462_3539	GCCAUUUUAAGUAGCUGACUCAAGGAUUGACGUGAAGGUUAAAGGUCAUCCUCGGCGGAAGCUACACAAAAUGGUG	302	AAGUAGCUGACGUCAAGGAUUGACG(5')	397	UCAUCCUCGGCGGAAGCUACACAA(3')	492
AB017613.1	AB017613_3566_3644	GCACACGUCAUAAGUCACGUGGUGGGGACCCGCUGUAACCCGGAAGUAGGCCCCGUCACGUGAUUUGUCACGUGUGUA	303	AUAAGUCACGUGGUGGGGACCCG(5')	398	GGCCCCGUCACGUGAUUUGUCAC(3')	493
AB025946.1	AB025946_3534_3600	CUUCCGGGUCAUAGGUCACACCUACGUCACAAGUCACGUGGGGAGGGUUGGCGUAUAGCCCGGAAG	304	UGGGGAGGGU	399	CCGGGUCAUAUGGCGUAUAGCCCGGA(3')	494
AB025946.1	AB025946_3730_3798	GCCGGGGGGCUGCCGCCCCCCCGGGGAAAGGGGGGGGCCCCCCCGGGGGGGGUUUGCCCCCCGGC	305	CCCCCCCCGGGGGGGGUUUGCCC(3')	400	GGCUGCCGCCCCCCCGGGGAAAGGGGG(5')	495
AB028668.1	AB028668_3537_3615	AUACGUCAUCAGUCACGUGGGGGAAGGCGUGCCUAAACCCGGAAGCAUCCUCGUCCACGUGACUGUGAUGCGUGUGUGGGC	306	AUCAGUCACGUGGGGGAAGGCGUGC(5')	401	AUCCUCGUCCACGUGACUGUGA(3')	496
AB028669.1	AB028669_3440_3513	CAUUUUAAGUAAGGCGGAAGCAGCUCGGCGUACACAAAAUGGCUGGCGGCGGAGCACCUUCCGGCUUGCCCAAAAUGG	307	AAGUAAGGCGGAAGCAGCUCGG(5')	402	GAGCACUUCCGGCUUGCCCAA(3')	497
AB028669.1	AB028669_3548_3619	GUCACAAGUCACGUGGGGAGGGUUGGCGUUUAACCCGGAAGCCAAUCCUCUUACGUGGCCUGUCACGUGAC	308	AGUCACGUGGGGAGGGUUGGC(5')	403	CAAUCCUCUUACGUGGCCUG(3')	498
AB037926.1	AB037926_162_232	CGACCGCGUCCCGAAGGCGGGUACCCGAGGUGAGUUUACACACCGAGGUUAAGGGCCAAUUCGGGCUUGG	309	CCCGAAGGCGGGUACCCGAGGU(5')	404	CGAGGUUAAGGGCCAAUUCGGGCU(3')	499
AB037926.1	AB037926_3454_3513	CGCGGUAUCGUAGCCGACGCGGACCCCGUUUUCGGGGCCCCCGCGGGGCUCUCGGCGCG	310	UAUCGUAGCCGACGCGGACCCCG(5')	405	GGGCCCCCGCGGGGCUCUCGGCG(3')	500
AB037926.1	AB037926_3531_3609	CGCCAUUUUGUGAUACGCGCGUCCCCUCCCGGCUUCCGUACAACGUCAGGCGGGGCGUGGCCGUAUCAGAAAAUGGCG	311	AUUUUGUGAUACGCGCGUCCCCUCCC(5')	406	GCGGGGCGUGGCCGUAUCAGAAAAUGG(3')	501
AB037926.1	AB037926_3637_3714	GCUACGUCAUAAGUCACGUGACUGGGCAGGUACUAAAACCCGGAAGUAUCCUCGGUCACGUGGCCUGUCACGUAGUUG	312	AAGUCACGUGACUGGGCAGGU(5')	407	CCUCGGUCACGUGGCCUGU(3')	502
AB038621.1	AB038621_3511_3591	GGCUSUGACGUCAAAGUCACGUGGGRAGGGUGGCGUUAAACCCGGAAGUCAUCCUCGUCACGUGACCUGACGUCACAGCC	313	UGACGUCAAAGUCACGUGGGRAGGGU(5')	408	CCUCGUCACGUGACCUGACGUCACAG(3')	503
AB038622.1	AB038622_227_293	GCCCGUCCGCGGCGAGAGCGCGAGCGAAGCGAGCGAUCGAGCGUCCCGUGGGCGGGUGCCGAAGGU	314	GAUCGAGCGUCCCGUGGGCGGGU(3')	409	CCGUCCGCGGCGAGAGCGCGAGCGA(5')	504
AB038622.1	AB038622_3510_3591	GGUUGUGACGUCAAAGUCACGUGGGGAGGGCGGCGUUAAACCCGGAAGUCAU	315	UGACGUCAAAGUCACGUGGGGAGGGCGG(5')	410	AUCCUCGUCACGUGACCUGACGUCACG(3')	505

[0602]

[0603]

		CCUCGUCACGUGA CCUGACGUCACGG CC					
AB038623.1	AB038623_228_295	GCCCGUCCGCGGC GAGAGCGCGAGCG AAGCGAGCGAUCG AGCGUCCCGUGGG CGGGUGCCGUAGG UG	316	GAUCGAGCGU CCCGUGGGCG GGU(3')	411	CCGUCCGCGG CGAGAGCGCG AGCGA(5')	506
AB038624.1	AB038624_228_295	GCCCGUCCGCGGC GAGAGCGCGAGCG AAGCGAGCGAUCG AGCGUCCCGUGGG CGGGUGCCGUAGG UG	317	GAUCGAGCGU CCCGUGGGCG GGU(3')	412	CCGUCCGCGG CGAGAGCGCG AGCGA(5')	507
AB038624.1	AB038624_3511_3592	GGCUGUGACGUCA AAGUCACGUGGGG AGGGCGGCGUUAA ACCCGGAAGUCAU CCUCGUCACGUGA CCUGACGUCACGG CC	318	UGACGUCAAA GUCACGUGGG GAGGGCGG(5')	413	AUCCUCGUCA CGUGACCUGA CGUCACG(3')	508
AB041957.1	AB041957_3414_3493	AGACCACGUGGUA AGUCACGUGGGGG CAGCUGCUGUAAA CCCGGAAGUAGCU GACCCGCGUGACU GGUCACGUGACCU G	319	ACGUGGUAAG UCACGUGGGG GCAGCU(5')	414	CUGACCCGCG UGACUGGUCA CGUGA(3')	509
AB049608.1	AB049608_3199_3277	CGCCAUUUUAUAA UACGCGCGUCCCC UCCCGGCUUCCGU ACUACGUCAGGCG GGGCGUGGCCGUA UUAGAAAAUGGUG	320	AUUUUAUAAU ACGCGCGUCC CCUCC(5')	415	CGGGGCGUGG CCGUAUUAGA AAAUGG(3')	510
AB050448.1	AB050448_3393_3465	UAAGUAAGGCGGA ACCAGGCUGUCAC CCUGUGUCAAAGG UCAAGGGACAGCC UUCCGGCUUGCAC AAAAUGG	321	AAGGGACAGC CUUCCGGCUU GC(3')	416	AGUAAGGCGG AACCAGGCUG UCACCCUGU(5')	511
AB054647.1	AB054647_3537_3615	UGCCUACGUCAUA AGUCACGUGGGGA CGGCUGCUGUAAA CACGGAAGUAGCU GACCCGCGUGACU UGUCACGUGAGCA	322	CAUAAGUCAC GUGGGGACGG CUGCU(5')	417	UAGCUGACCC GCGUGACUUG UCAC(3')	512
AB054648.1	AB054648_3439_3511	UUGUGUAAGGCGG AACAGGCUGACAC CCCGUGUCAAAGG UCAGGGGUCAGCC UCCGCUUUGCACC AAAUGGU	323	UAAGGCGGAA CAGGCUGACA CCCC(5')	418	GGUCAGCCUC CGCUUUGCA(3')	513
AB054648.1	AB054648_3538_3617	UACCUACGUCAUAA GUCACGUGGGAAG AGCUGCUGUGAAC CUGGAAGUAGCUG ACCCGCGUGGCUU GUCACGUGAGUGC	324	UACGUCAUAA GUCACGUGGG AAGAGCUG(5')	419	GCUGACCCGC GUGGCUUGUC ACGUGAGU(3')	514
AB064595.1	AB064595_116_191	UUUUCCUGGCCCG UCCGCGGCGAGAG CGCGAGCGAAGCG AGCGAUCGGGCGU CCCGAGGGCGGGU GCCGGAGGUG	325	UCGGGCGUCC CGAGGGCGGG UG(3')	420	GGCCCGUCCG CGGCGAGAGC GCGAG(5')	515
AB064595.1	AB064595_3283_3351	AAAGUGAGUGGGG CCAGACUUCGCCA UAGGGCCUUUAAC UUCCGGGUGCGUC	326	AAAGUGAGUG GGGCCAGACU UCGCC(5')	421	UCCGGGUGCG UCUGGGGGCC GCCAUUU(3')	516

[0604]

		UGGGGGCCGCCAUUUU					
AB064595.1	AB064595_3427_3500	GUGACGUUACUCUCACGUGAUGGGGGCGUGCUCUAACCCGGAAGCAUCCUCGACCACGUGACUGUGACGUCAC	327	CUCUCACGUGAUGGGGGCGUGC(5')	422	AUCCUCGACCACGUGACUGUG(3')	517
AB064595.1	AB064595_41_116	AGCGUCUACUACGUACACUUCCUGGGGUGUGUCCUGCCACUGUAUAUAAACCAGAGGGGUGACGAAUGGUAGAGU	328	UCUACUACGUACACUUCCUGGGGUGUGU(5')	423	AUAAACCAGAGGGGUGACGAAUGGUAGAGU(3')	518
AB064596.1	AB064596_3424_3497	GUGACGUCAAAGUCACGUGGUGACGGCCAUUUUAACCCGGAAGUGGCUGUUGUCACGUGACUUGACGUCACGG	329	UGGCUGUUGUCACGUGACUUGA(3')	424	CAAAGUCACGUGGUGACGGCCAU(5')	519
AB064597.1	AB064597_3191_3253	GCUUUAGACGCCAUUUUAGGCCCUCGCGGGCACCCGUAGGCGCGUUUUAAUGACGUCACGGC	330	AGACGCCAUUUUAGGCCCUCGCGG(5')	425	GUAGGCGCGUUUUAAUGACGUCACGG(3')	520
AB064597.1	AB064597_3221_3294	CACCCGUAGGCGCGUUUUAAUGACGUCACGGCAGCCAUUUUGUCGUGACGUUUGAGACACGUGAUGGGGGCGU	331	UGUCGUGACGUUUGAGACACGUGAU(3')	426	UAGGCGCGUUUUAAUGACGUCACGGCAG(5')	521
AB064597.1	AB064597_3262_3342	GUCGUGACGUUUGAGACACGUGAUGGGGCGUGCCUAAACCCGGAAGCAUCCCUGGUCACGUGACUCUGACGUCACGGCG	332	UGACGUUUGAGACACGUGAUGGGGGCGUGC(5')	427	AUCCCUGGUCACGUGACUCUGACGUCACG(3')	522
AB064598.1	AB064598_3179_3256	CGAAAGUGAGUGGGGCCAGACUUCGCCAUAAGGCCUUUAACUUCCGGGUGCGUGUGGGGGCCGCCAUUUUAGCUUCG	333	AGUGAGUGGGGCCAGACUUCGC(5')	428	GCGUGUGGGGGCCGCCAUUUUAGCUU(3')	523
AB064598.1	AB064598_3323_3399	CUGUGACGUCAAAGUCACGUGGGGAGGGCGGCGUGUAACCCGGAAGUCAUCCUCGUCACGUGACCUGACGUCACGG	334	UGUGACGUCAAAGUCACGUGGGAGGGCGGCGUGUAAC(5')	429	UCAUCCUCGUCACGUGACCUGACGUCACG(3')	524
AB064598.1	AB064598_3412_3485	CUGUCCGCCAUCUUGUGACUUCCUUCCGCUUUUUCAAAAAAAAGAGGAAGUAUGACGUAGCGGCGGGGGGC	335	AAAAGAGGAAGUAUGACGUAGCGGCGG(3')	430	CGCCAUCUUGUGACUUCCUUCCGCUUUUU(5')	525
AB064599.1	AB064599_108_175	GGUAGAGUUUUUUCCGCCCGUCCGCAGCGAGGACGCGAGCGCAGCGAGCGGCCGAGCGACCCGUGGG	336	AGCGAGCGGCCGAGCGACCCG(3')	431	UAGAGUUUUUUCCGCCCGUCCG(5')	526
AB064599.1	AB064599_3389_3469	GCUGUGACGUUUCAGUCACGUGGGGAGGGAACGCCUAAACCCGGAAGCGUCCCUGGUCACGUGAUUGUGACGUCACGGCC	337	UUCAGUCACGUGGGGAGGGAACGC(5')	432	GUCCCUGGUCACGUGAUUGUGAC(3')	527

[0605]

AB064599.1	AB064599_3483_3546	CCGCCAUUUUGUGACUUCCUUCCGCUUUUUCAAAAAAAAGAGGAAGUGUGACGUAGCGGCGG	338	AAAAGAGGAAGUGUGACGUAGCGG(3')	433	CAUUUUGUGACUUCCUUCCGCUUUUU(5')	528
AB064600.1	AB064600_3378_3456	GACUGUGACGUCAAAGUCACGUGGGGAGGGCGGCGUGUAACCCGGAAGUCAUCCUCGUCACGUGACCUGUGACGUCACGG	339	UGUGACGUCAAAGUCACGUGGGGAGGAGGGCGG(5')	434	UCAUCCUCGUCACGUGACCUGACGUCACG(3')	529
AB064600.1	AB064600_3469_3542	CUGUCCGCCAUCUUGUGACUUCCUUCCGCUUUUUCAAAAAAAAAGAGGAAGUAUGACGUGGCGGCGGGGGGC	340	AAAAGAGGAAGUAUGACGUGGCGG(3')	435	CCGCCAUCUUGUGACUUCCUUCCGCUUUUU(5')	530
AB064601.1	AB064601_3318_3398	GGUUGUGACGUCAAAGUCACGUGGGGAGGGCGGCGUGUAACCCGGAAGUCAUCCUCGUCACGUGACCUGUGACGUCACGGCC	341	UGACGUCAAAGUCACGUGGGGAGGGCGG(5')	436	AUCCUCGUCACGUGACCUGACGUCACG(3')	531
AB064601.1	AB064601_3412_3477	CCCGCCAUCUUGUGACUUCCUUCCGCUUUUUCAAAAAAAAAGAGGAAGUGUGACGUAGCGGCGGG	342	AAAAAAGAGGAAGUGUGACGUAGCGGCGG(3')	437	CGCCAUCUUGUGACUUCCUUCCGCUUUUUC(5')	532
AB064602.1	AB064602_125_192	GCCCGUCCGCGGCGAGAGCGCGAGCGAAGCGAGCGAUCGAGCGUCCCGUGGGCGGGUGUCCGUAGGUG	343	GAUCGAGCGUCCCGUGGGCGGGU(3')	438	CCGUCCGCGGCGAGAGCGCGAGCGA(5')	533
AB064602.1	AB064602_3368_3446	GACUGUGACGUCAAGUCACGUGGGGAGGAGGGCGUGUAACCCGGAAGUCAUCCUCGUCACGUGACCUGUGACGUCACGG	344	UGUGACGUCAAAGUCACGUGGGGAGGAGGG(5')	439	UCAUCCUCGUCACGUGACCUGACGUCACG(3')	534
AB064603.1	AB064603_3385_3447	UCGCGUCUUAGUGACGUCACGGCAGCCAUCUUGGUCCUGACGUCACUGUCACGUGGGGAGGG	345	UUGGUCCUGACGUCACUGUCA(3')	440	CUUAGUGACGUCACGGCAGCCAU(5')	535
AB064603.1	AB064603_3422_3498	UGACGUCACUGUCACGUGGGGAGGGAACACGUGAACCCGGAAGUGUCCCUGGUCACGUGACAUGACGUCACGGCCG	346	CGUCACUGUCACGUGGGGAGGGAACAC(5')	441	GUCCCUGGUCACGUGACAUGACGUC(3')	536
AB064604.1	AB064604_3436_3514	CGCCAUUUUAAGUAAGCAUGGCGGGCGGUGAUGUCAAAUGUUAAAGGUCACAGCCGGUCAUGCUUGCACACAAAAUGGCG	347	UAAGUAAGCAUGGCGGGCGGUGAU(5')	442	CACAGCCGGUCAUGCUUGCACAAA(3')	537
AB064605.1	AB064605_3440_3518	CGCCAUUUUAAGUAAGCAUGGCGGGCGGUGACGUGCAAUGUCAAAGGUCACAGCCUGUCAUGCUUGCACACAAAAUGGCG	348	AAGUAAGCAUGGCGGGCGGUGA(5')	443	ACAGCCUGUCAUGCUUGCACAA(3')	538
AB064606.1	AB064606_3377_3449	CCAUCUUAAGUAGUUGAGGCGGACGGUGGCGUCGGUUCAAAGGUCACCAUCAGCCACACCUACUC	349	UAAGUAGUUGAGGCGGACGGUGGC(5')	444	CACCAUCAGCCACACCUACUCAAA(3')	539

[0606]

		AAAAUGG					
AB064607.1	AB064607_3502_3569	GCCUGUCAUGCUUGCACAAAAUGGCGGACUUCCGCUUCCGGGUCGCCGCCAUAUUUGGUCACGUGGAC	350	UCAUGCUUGCACAAAAUGGCGGACUUCCG(5')	445	CGGGUCGCCGCCAUAUUUGGUCACGUGA(3')	540
AF079173.1	AF079173_3475_3551	GCCAUUUUAAGUAGCUGACGUCAAGGAUUGACGUAAAGGUUAAAGGUCAUCCUCGGCGGAAGCUACACAAAAUGGU	351	AGUAGCUGACGUCAAGGAUUGAC(5')	446	CAUCCUCGGCGGAAGCUACACAA(3')	541
AF116842.1	AF116842_3475_3551	GCCAUUUUAAGUAGCUGACGUCAAGGAUUGACGUAAAGGUUAAAGGUCAUCCUCGGCGGAAGCUACACAAAAUGGU	352	AGUAGCUGACGUCAAGGAUUGAC(5')	447	CAUCCUCGGCGGAAGCUACACAA(3')	542
AF116842.1	AF116842_3579_3657	GCAUACGUCACAAGUCACGUGGGGGGGACCCGCUGUAACCCGGAAGUAGGCCCCGUCACGUGACUUACCACGUGUGUA	353	ACAAGUCACGUGGGGGGGACCCG(5')	448	GGCCCCGUCACGUGACUUACCAC(3')	543
AF122913.1	AF122913_3475_3551	GCCAUUUUAAGUAGCUGACGUCAAGGAUUGACGUAAAGGUUAAAGGUCAUCCUCGGCGGAAGCUACACAAAAUGGU	354	AAGUAGCUGACGUCAAGGAUUGACG(5')	449	UCAUCCUCGGCGGAAGCUACACAA(3')	544
AF122913.1	AF122913_3579_3657	GCACACGUCAUAAGUCACGUGGUGGGGACCCGCUGUAACCCGGAAGUAGGCCCCGUCACGUGAUUUGUCACGUGUGUA	355	AUAAGUCACGUGGUGGGGACCCG(5')	450	GGCCCCGUCACGUGAUUUGUCAC(3')	545
AF122914.1	AF122914_3476_3552	GCCAUUUUAAGUCAGCUCUGGGGAGGCGUGACUUCCAGUUCAAAGGUCAUCCUCACCAUAACUGGCACAAAAUGGC	356	AAGUCAGCUCUGGGGAGGCGUGACUU(5')	451	GUCAUCCUCACCAUAACUGGCACAA(3')	546
AF122915.1	AF122915_3475_3551	GCCAUUUUAAGUAGCUGACGUCAAGGAUUGACGUAAAGGUUAAAGGUCAUCCUCGGCGGAAGCUACACAAAAUGGU	357	AGUAGCUGACGUCAAGGAUUGAC(5')	452	CAUCCUCGGCGGAAGCUACACAA(3')	547
AF122915.1	AF122915_3579_3657	GCAUACGUCACAAGUCACGUGGAGGGGACACGCUGUAACCCGGAAGUAGGCCCCGUCACGUGACUUACCACGUGUGUA	358	CAAGUCACGUGGAGGGGACACG(5')	453	GGCCCCGUCACGUGACUUACCAC(3')	548
AF122916.1	AF122916_3458_3537	GCGCCAUGUUAAGUGGCUGUCGCCGAGGAUUGACGUCACAGUUCAAAGGUCAUCCUCGACGGUAACCGCAAACAUGGCG	359	UGUUAAGUGGCUGUCGCCGAGGAUUGA(5')	454	AUCCUCGACGGUAACCGCAAACAUG(3')	549
AF122916.1	AF122916_3565_3641	CAUGCGUCAUAAGUCACAUGACAGGGGUCCACUUAAACACGGAAGUAGGCCCCGACAUGUGACUCGUCACGUGUGU	360	UAAGUCACAUGACAGGGGUCCA(5')	455	GGCCCCGACAUGUGACUCGUC(3')	550

[0607]

AF122916.1	AF122916_91_164	UGGCAGCACUUCCGAAUGGCUGAGUUUUCCACGCCCGUCCGCGGAGAGGGAGCCACGGAGGUGAUCCCGAACG	361	CGGAGAGGGAGCCACGGAGGUG(3')	456	AGCACUUCCGAAUGGCUGAGUUUUCCA(5')	551
AF122917.1	AF122917_3369_3447	GCCAUUUUAAGUCAGCGCUGGGGAGGCAUGACUGUAAGUUCAAAGGUCAUCCUCACCGGAACUGACACAAAAUGGCCG	362	AAGUCAGCGCUGGGGAGGCAUGA(5')	457	AUCCUCACCGGAACUGACACAA(3')	552
AF122918.1	AF122918_3460_3540	GCCAUCUUAAGUGGCUGUCGCCGAGGAUUGACGUCACAGUUCAAAGGUCAUCCUCGGCGGUAACCGCAAAGAUGGCGGUC	363	UCUUAAGUGGCUGUCGCCGAGGAUUGAC(5')	458	CAUCCUCGGCGGUAACCGCAAAGAUG(3')	553
AF122918.1	AF122918_3566_3642	AUACGUCAUAAGUCACAUGUCUAGGGGUCCACUUAAACACGGAAGUAGGCCCCGACAUGUGACUCGUCACGUGUGU	364	AAGUCACAUGUCUAGGGGUCCACU(5')	459	UAGGCCCCGACAUGUGACUCGU(3')	554
AF122919.1	AF122919_3370_3447	CCAUUUUAAGUAAGGCGGAAGCAGCUGUCCCUGUAACAAAAUGGCGGCGACAGCCUUCCGCUUUGCACAAAAUGGAG	365	AAGUAAGGCGGAAGCAGCUGUCC(5')	460	ACAGCCUUCCGCUUUGCACAA(3')	555
AF122920.1	AF122920_3460_3540	GCCAUCUUAAGUGGCUGUCGCUGAGGAUUGACGUCACAGUUCAAAGGUCAUCCUCGGCGGUAACCGCAAAGAUGGCGGUC	366	AUCUUAAGUGGCUGUCGCUGAGGAUUGAC(5')	461	CAUCCUCGGCGGUAACCGCAAAGAUGG(3')	556
AF122920.1	AF122920_3565_3641	CAUACGUCAUAAGUCACAUGACAGGAGUCCACUUAAACACGGAAGUAGGCCCCGACAUGUGACUCGUCACGUGUGU	367	UAAGUCACAUGACAGGAGUCCACU(5')	462	UAGGCCCCGACAUGUGACUCGUC(3')	557
AF122921.1	AF122921_3459_3540	CGCCAUCUUAAGUGGCUGUCGCCGAGGAUUGGCGUCACAGUUCAAAGGUCAUCCUCGGCGGUAACCGCAAAGAUGGCGGU	368	AAGUGGCUGUCGCCGAGGAUUG(5')	463	UCCUCGGCGGUAACCGCAAA(3')	558
AF122921.1	AF122921_3565_3641	CAUACGUCAUAAGUCACAUGACAGGGGUCCACUUAAACACGGAAGUAGGCCCCGACAUGUGACUCGUCACGUGUGU	369	UAAGUCACAUGACAGGGGUCCA(5')	464	GGCCCCGACAUGUGACUCGUC(3')	559
AF129887.1	AF129887_3579_3657	GCAUACGUCACAAGUCACGUGGGGGGGACCCGCUGUAACCCGGAAGUAGGCCCCGUCACGUGACUUACCACGUGGUGU	370	ACAAGUCACGUGGGGGGGACCCG(5')	465	GGCCCCGUCACGUGACUUACCAC(3')	560
AF247137.1	AF247137_3453_3530	CCGCCAUUUUAGGCUGUUGCCGGGCGUUUGACUUCCGUGUUAAAGGUCAAACACCCAGCGACACCAAAAAUGGCCG	371	AUUUUAGGCUGUUGCCGGGCGUUUGACU(5')	466	UCAAACACCCAGCGACACCAAAAAUGG(3')	561

[0608]

AF247137.1	AF247137_3559_3636	CUACGUCAUAAGUCACGUGACAGGGAGGGGCGACAAACCCGGAAGUCAUCCUCGCCCACGUGACUUACCACGUGGUG	372	AUAAGUCACGUGACAGGGAGGGG(5')	467	CCUCGCCCACGUGACUUACCAC(3')	562
AF247138.1	AF247138_3455_3532	GCCAUUUUAAGUAGGUGACGUCCAGGACUGACGUAAAGUUCAAAGGUCAUCCUCGGCGGAACCUAUACAAAAUGGCG	373	AAGUAGGUGACGUCCAGGACU(5')	468	CCUCGGCGGAACCUAUACAA(3')	563
AF247138.1	AF247138_3561_3637	CUACGUCAUAAGUCACGUGGGGACGGCUGUACUUAAACACGGAAGUAGGCCCCGUCACGUGAUUUACCACGUGGUG	374	CAUAAGUCACGUGGGGACGGCUGU(5')	469	GCCCCGUCACGUGAUUUACCAC(3')	564
AF261761.1	AF261761_3431_3504	GCCAUUUUAAGUAAGGCGGAAGAGCUCUAGCUAUACAAAAUGGCGGCGGAGCACUUCCGCUUUGCCCAAAAUG	375	UAAGUAAGGCGGAAGAGCUCUAGCUA(5')	470	GCGGCGGAGCACUUCCGCUUUGCCCAAA(3')	565
AF351132.1	AF351132_3475_3552	GCCAUUUUAAGUAGCUGACGUCAAGGAUUGACGUAGAGGUUAAAGGUCAUCCUCGGCGGAAGCUACACAAAAUGGUG	376	AGUAGCUGACGUCAAGGAUUGAC(5')	471	CAUCCUCGGCGGAAGCUACACAA(3')	566
AF351132.1	AF351132_3579_3657	GCAUACGUCACAAGUCACGUGGGGGGGACCCGCUGUAACCCGGAAGUAGGCCCCGUCACGUGACUUACCACGUGUGUA	377	ACAAGUCACGUGGGGGGGACCCG(5')	472	GGCCCCGUCACGUGACUUACCAC(3')	567
AF435014.1	AF435014_3344_3426	GGCGCCAUUUUAAGUAAGCAUGGCGGGCGGCGACGUCACAUGUCAAAGGUCACCGCACUUCCGUGCUUGCACAAAAUGGC	378	UAAGUAAGCAUGGCGGGCGGCGAC(5')	473	CACCGCACUUCCGUGCUUGCACAAA(3')	568
AF435014.1	AF435014_3453_3526	UGCUACGUCAUCGAGACACGUGGUGCCAGCAGCUGUAAACCCGGAAGUCGCUGACACACGUGUCUUGUCACGU	379	AUCGAGACACGUGGUGCCAGCAGCU(5')	474	UCGCUGACACACGUGUCUUGUCAC(3')	569
AJ620212.1	AJ620212_3360_3438	GCCAUUUUAAGUAAGCACCGCCUAGGGAUGACGUAUAAGUUCAAAGGUCAUCCUCAGCCGGAACUUACACAAAAUGGU	380	UCAUCCUCAGCCGGAACUUACACAAAAUGG(3')	475	CAUUUUAAGUAAGCACCGCCUAGGGAUGAC(5')	570
AJ620212.1	AJ620212_3470_3542	ACGUCAUAUGUCACGUGGGGAGGCCCUGCUGCGCAAACGCGGAAGUAGGCCCCGUCACGUGUCAUACCACGU	381	AUAUGUCACGUGGGGAGGCCCUGCUG(5')	476	GUAGGCCCCGUCACGUGUCAUACCAC(3')	571
AJ620218.1	AJ620218_3381_3458	CCAUUUUAAGUAAGGCGGAAGCAGCUCCACUUUCUCACAAAAUGGCGGCGGGGCACUUCCGGCUUGCCCAAAAUGGC	382	AAGUAAGGCGGAAGCAGCUCCACUUU(5')	477	GGCGGGGCACUUCCGGCUUGCCCAA(3')	572
AJ620226.1	AJ620226_3451_3523	CCAUUUUAAGUAAGGCGGAAGUUUCU	383	AAGUAAGGCGGAAGUUUCUC	478	CGGCGGAGCACUUCCGGCUU	573

[0609]

		CCACUAUACAAAAU GGCGGCGGAGCAC UUCCGGCUUGCCC AAAAUG		CACU(5')		GCCCAA(3')	
AJ620227.1	AJ620227_3379_3451	CCAUCUUAAGUAG UUGAGGCGGACGG UGGCGUGAGUUCA AAGGUCACCAUCA GCCACACCUACUC AAAAUGG	384	UAAGUAGUUG AGGCGGACGG UGGC(5')	479	CACCAUCAGC CACACCUACU CAAA(3')	574
AJ620231.1	AJ620231_3429_3505	CGCCAUCUUAAGU AGUUGAGGCGGAC GGUGGCGUGAGUU CAAAGGUCACCAU CAGCCACACCUAC UCAAAAUGGUG	385	UAAGUAGUUG AGGCGGACGG UGG(5')	480	ACCAUCAGCC ACACCUACUC AAA(3')	575
AY666122.1	AY666122_3163_3236	UUUCGGACCUUCG GCGUCGGGGGGGU CGGGGGCUUUACU AAACAGACUCCGA GAUGCCAUUGGAC ACUGAGGG	386	GACCUUCGGC GUCGGGGGG GUCGGGGG(5')	481	GACUCCGAGA UGCCAUUGGA CACUGAGG(3')	576
AY666122.1	AY666122_3388_3464	CCAUUUUAAGUAG GUGCCGUCCAGCA CUGCUGUUCCGGG UUAAAGGGCAUCC UCGGCGGAACCUA UACAAAAUGGC	387	AUCCUCGGCG GAACCUAUA(3')	482	AGUAGGUGCC GUCCAGCA(5')	577
AY666122.1	AY666122_3494_3567	CUACGUCAUCGAU GACGUGGGGAGGC GUACUAUGAAACG CGGAAGUAGGCCC CGCUACGUCAUCA UCACGUGG	388	AUCGAUGACG UGGGGAGGCG UACUAU(5')	483	AAGUAGGCCC CGCUACGUCA UCAUCAC(3')	578
AY823988.1	AY823988_3452_3525	CCAUUUUAAGUAA GGCGGAAGAGCUG CUCUAUAUACAAAA UGGCGGAGGAGCA CUUCCGGCUUGCC CAAAAUG	389	UGGCGGAGGA GCACUUCCGG CUUG(3')	484	AAGGCGGAAG AGCUGCUCUA UAU(5')	579
AY823988.1	AY823988_3554_3629	UGCCUACGUAACA AGUCACGUGGGGA GGGUUGGCGUAUA ACCCGGAAGUCAA UCCUCCCACGUGG CCUGUCACGU	390	AACAAGUCAC GUGGGGAGGG UUGGC(5')	485	CAAUCCUCCC ACGUGGCCUG UCAC(3')	580
AY823989.1	AY823989_3551_3623	UAAGUAAGGCGGA ACCAGGCUGUCAC CCCGUGUCAAAGG UCAGGGGUCAGCC UUCCGCUUUACAC AAAAUGG	391	AGGGGUCAGC CUUCCGCUUU A(3')	486	AAGGCGGAAC CAGGCUGUCA CCCCGU(5')	581
AY823989.1	AY823989_3551_3623	UAAGUAAGGCGGA ACCAGGCUGUCAC CCCGUGUCAAAGG UCAGGGGUCAGCC UUCCGCUUUACAC AAAAUGG	392	AGGGGUCAGC CUUCCGCUUU A(3')	487	AAGGCGGAAC CAGGCUGUCA CCCCGU(5')	582
DQ361268.1	DQ361268_3413_3494	GCAGCCAUUUUAA GUCAGCUUCGGGG AGGGUCACGCAAA GUUCAAAGGUCAU CCUCACCGGAACU GGUACAAAAUGGC CG	393	UAAGUCAGCU UCGGGGAGGG UCAC(5')	488	CAUCCUCACC GGAACUGGUA CAAA(3')	583
DQ361268.1	DQ361268_3519_3593	UGCUACGUCAUAA GUGACGUAGCUGG UGUCUGCUGUAAA CACGGAAGUAGGC	394	UCAUAAGUGA CGUAGCUGGU GUCUGCU(5')	489	UAGGCCCCGC CACGUCACUU GUCACG(3')	584

[0610]

[0611]

		CCCGCCACGUCAC UUGUCACGU					

[0612] siRNA 및 shRNA는 내인성 마이크로RNA(miRNA) 유전자의 가공 경로 내의 중간체와 유사하다(문헌[Bartel, Cell 116:281-297, 2004]). 일부 실시형태에서, siRNA는 miRNA로서 기능할 수 있으며, 그 역도 그러하다(문헌[Zeng et al., Mol Cell 9:1327-1333, 2002]; 문헌[Doench et al., Genes Dev 17:438-442, 2003]). siRNA와 같이 마이크로RNA는 RISC를 사용하여, 표적 유전자를 하향조절하지만, siRNA와 달리, 대부분의 동물 miRNA는 mRNA를 절단하지 않는다. 대신에, miRNA는 번역 억제 또는 폴리A 제거 및 mRNA 분해를 통해 단백질 출력물을 감소시킨다(문헌[Wu et al., Proc Natl Acad Sci USA 103:4034-4039, 2006]). 공지된 miRNA 결합 부위는 mRNA 3' UTR 내에 존재하며; miRNA는 miRNA의 5' 말단으로부터 뉴클레오티드 2 내지 8에 대하여 거의 완벽하게 상보성을 갖는 부위를 표적화하는 것으로 보인다(문헌[Rajewsky, Nat Genet 38 Suppl:S8-13, 2006]; 문헌[Lim et al., Nature 433:769-773, 2005]). 이러한 영역은 씨드 영역으로 공지되어 있다. siRNA 및 miRNA가 상호 교환 가능하기 때문에, 외인성 siRNA는 siRNA에 대하여 씨드 상보성을 갖는 mRNA를 하향조절한다(문헌[Birmingham et al., Nat Methods 3:199-204, 2006]). 3' UTR 내의 다수의 표적 부위는 더 강한 하향조절을 제공한다(문헌[Doench et al., Genes Dev 17:438-442, 2003]).

[0613] 공지된 miRNA 서열의 목록은 특히 Wellcome Trust Sanger Institute, Penn Center for Bioinformatics, Memorial Sloan Kettering Cancer Center, 및 European Molecule Biology Laboratory와 같은 연구 기관에 의해 유지되는 데이터베이스에서 확인될 수 있다. 또한, 알려진 효과적인 siRNA 서열 및 동족(cognate) 결합 부위는 관련 문헌에서 잘 나타나 있다. RNAi 분자는 해당 분야에 알려진 기술에 의해 쉽게 설계되고 생성된다. 또한, 효과적이고 특이적인 서열 모티프를 찾는 기회를 증가시키는 실험 도구(computational tool)가 존재한다(문헌[Lagana et al., Methods Mol. Bio., 2015, 1269:393-412]).

[0614] 조절 핵산은 유전자에 의해 인코딩되는 RNA의 발현을 조절할 수 있다. 다수의 유전자가 서로 어느 정도의 서열 상동성을 공유할 수 있기 때문에, 일부 실시형태에서, 조절 핵산은 충분한 서열 상동성을 갖는 유전자의 부류를

표적화하도록 설계될 수 있다. 일부 실시형태에서, 조절 핵산은 상이한 유전자 표적 간에 공유되는 또는 특정 유전자 표적에 특유한 서열에 상보성을 갖는 서열을 함유할 수 있다. 일부 실시형태에서, 조절 핵산은 몇몇의 유전자 간에 상동성을 갖는 RNA 서열의 보존된 영역을 표적화하여, 그에 의해, 유전자 과 내의 몇몇의 유전자(예를 들어, 상이한 유전자 아이소폼, 슬라이스 변이체, 돌연변이 유전자 등)를 표적화하도록 설계될 수 있다. 일부 실시형태에서, 조절 핵산은 단일 유전자의 특정 RNA 서열에 특유한 서열을 표적화하도록 설계될 수 있다.

[0615] 일부 실시형태에서, 유전 요소는 하나 이상의 유전자의 발현을 조절하는 조절 핵산을 인코딩하는 하나 이상의 서열을 포함할 수 있다.

[0616] 일 실시형태에서, 본원의 다른 곳에 기재된 gRNA는 유전자 편집을 위한 CRISPR 시스템의 부분으로서 사용된다. 유전자 편집의 목적을 위하여, 큐론은 요망되는 표적 DNA 서열에 상응하는 하나의 또는 다수의 가이드 RNA 서열을 포함하도록 설계될 수 있으며; 예를 들어, 문헌[Cong et al. (2013) Science, 339:819-823]; 문헌[Ran et al. (2013) Nature Protocols, 8:2281 - 2308]을 참조한다. 적어도 약 16 또는 17개 뉴클레오티드의 gRNA 서열은 일반적으로 Cas9-매개된 DNA 절단이 발생하게 하며; Cpf1에 있어서, 적어도 약 16개 뉴클레오티드의 gRNA 서열이 검출 가능한 DNA 절단을 달성하는데 필요하다.

[0617] *치료적 펩티드 또는 폴리펩티드*

[0618] 일부 실시형태에서, 유전 요소는 치료적 펩티드 또는 폴리펩티드를 인코딩하는 서열을 포함한다. 이러한 치료제는 작은 펩티드, 펩티드모방체(예를 들어, 펩토이드(peptoid)), 아미노산 및 아미노산 유사체를 포함하나 이들에 제한되지 않는다. 이러한 치료제는 일반적으로 몰당 약 5,000 그램 미만의 분자량, 몰당 약 2,000 그램 미만의 분자량, 몰당 약 1,000 그램 미만의 분자량, 몰당 약 500 그램 미만의 분자량, 및 이러한 화합물의 염, 에스테르 및 다른 약제학적으로 허용되는 형태를 갖는다. 이러한 치료제는 신경전달물질, 호르몬, 약물, 독소, 바이러스 또는 미생물 입자, 합성 분자 및 그의 효능제 또는 길항제를 포함할 수 있지만, 이들에 제한되지 않는다.

[0619] 일부 실시형태에서, 유전 요소는 펩티드, 예를 들어, 치료적 펩티드를 인코딩하는 서열을 포함한다. 펩티드는 선형 또는 분지형일 수 있다. 펩티드는 약 5 내지 약 500개 아미노산, 약 15 내지 약 400개 아미노산, 약 20 내지 약 325개 아미노산, 약 25 내지 약 250개 아미노산, 약 50 내지 약 150개 아미노산 또는 그 사이의 임의의 범위의 길이를 갖는다.

[0620] 펩티드의 일부 예는 형광 태그 또는 마커, 항원, 펩티드 치료제, 천연적인 생활성 펩티드로부터의 합성 또는 유사체 펩티드, 효능제 또는 길항제 펩티드, 항-미생물 펩티드, 표적화 또는 세포독성 펩티드, 및 분해 또는 자가-파괴 펩티드들을 포함하지만, 이들에 제한되지 않는다. 본원에 기재된 본 발명에 유용한 펩티드는 또한, 항원-결합 펩티드, 예를 들어, 항원 결합 항체 또는 항체-유사 단편, 예컨대 단일 쇄 항체, 나노바디(예를 들어, 문헌[Steeland et al. 2016. Nanobodies as therapeutics: big opportunities for small antibodies. Drug Discov Today: 21(7):1076-113] 참조)를 포함한다. 이러한 항원 결합 펩티드는 시토졸 항원, 핵 항원 또는 소기관-내 항원에 결합할 수 있다.

[0621] 일부 실시형태에서, 유전 요소는 단백질, 예를 들어, 치료적 단백질을 인코딩하는 서열을 포함한다. 치료적 단백질의 일부 예는 호르몬, 사이토카인, 효소, 항체, 전사 인자, 수용체(예를 들어, 막 수용체), 리간드, 막 수송체, 분비된 단백질, 펩티드, 운반 단백질, 구조 단백질, 뉴클레아제 또는 그의 성분을 포함할 수 있지만, 이들에 제한되지 않는다.

[0622] 일부 실시형태에서, 본원에 기재된 조성물 또는 큐론은 특정 위치, 조직 또는 세포를 표적화할 수 있는 리간드에 연결된 폴리펩티드를 포함한다.

[0623] 조절 서열

[0624] 일부 실시형태에서, 유전 요소는 조절 서열, 예를 들어, 프로모터 또는 인핸서를 포함한다.

[0625] 일부 실시형태에서, 프로모터는 발현 생성물을 인코딩하는 DNA 서열에 인접하여 위치한 DNA 서열을 포함한다. 프로모터는 인접 DNA 서열에 작동 가능하게 연결될 수 있다. 프로모터는 전형적으로 프로모터가 존재하지 않는 경우 발현되는 생성물의 양에 비하여 DNA 서열로부터 발현되는 생성물의 양을 증가시킨다. 하나의 유기체로부터의 프로모터를 사용하여 또 다른 유기체로부터 기원한 DNA 서열로부터의 생성물 발현을 향상시킬 수 있다. 예를 들어, 척추동물 프로모터는 척추동물에서 해파리 GFP의 발현을 위해 사용될 수 있다. 또한, 하나의 프로모터 요소는 텐덤으로 부착된 다수의 DNA 서열에 대하여 발현되는 생성물의 양을 증가시킬 수 있다. 그러므로, 하나의 프로모터 요소는 하나 이상의 생성물의 발현을 향상시킬 수 있다. 다수의 프로모터 요소는 당업자에게 널리 알

려져 있다.

[0626] 일 실시형태에서, 높은 수준의 구성적 발현이 요망된다. 이러한 프로모터의 예는 제한 없이, 레트로바이러스 라우스 육종 바이러스(RSV) 긴 말단 반복부(LTR) 프로모터/인핸서, 사이토메갈로바이러스(CMV) 즉시 조기 프로모터/인핸서(예를 들어, 문헌[Boshart et al, Cell, 41:521-530 (1985)] 참조), SV40 프로모터, 다이하이드로폴레이트 환원효소 프로모터, 세포질 β-액틴 프로모터 및 포스포글리세롤 키나제(PGK) 프로모터를 포함한다.

[0627] 또 다른 실시형태에서, 유도성 프로모터가 요망될 수 있다. 유도성 프로모터는 제한 없이, 아연-유도성 양 메탈로티오닌(MT) 프로모터; 덱사메타손(Dex)-유도성 마우스 유방 종양 바이러스(MMTV) 프로모터; T7 중합효소 프로모터 시스템(WO 98/10088호); 테트라사이클린-억제성 시스템(문헌[Gossen et al, Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 89:5547-5551 (1992)]); 테트라사이클린-유도성 시스템(문헌[Gossen et al., Science, 268:1766-1769 (1995)]; 또한, 문헌[Harvey et al., Curr. Opin. Chem. Biol., 2:512-518 (1998)] 참조); RU486-유도성 시스템(문헌[Wang et al., Nat. Biotech., 15:239-243 (1997)] 및 문헌[Wang et al., Gene Ther., 4:432-441 (1997)]); 및 라파마이신-유도성 시스템(문헌[Magari et al., J. Clin. Invest., 100:2865-2872 (1997)]; 문헌[Rivera et al., Nat. Medicine. 2:1028-1032 (1996)])을 포함하여, 외인적으로 공급되는 화합물에 의해 시스로 또는 트랜스로 조절되는 것들이다. 이러한 맥락에서 유용할 수 있는 다른 유형의 유도성 프로모터는 특정 생리학적 상태, 예를 들어, 온도, 급성 단계에 의해 또는 오직 복제하는 세포에서만 조절되는 것들이다.

[0628] 일부 실시형태에서, 관심 유전자 또는 핵산 서열에 대한 고유 프로모터가 사용된다. 유전자 또는 핵산 서열의 발현이 고유 발현을 모방하는 것이 요망되는 경우에 고유 프로모터가 사용될 수 있다. 유전자 또는 다른 핵산 서열의 발현이 일시적으로 또는 발달적으로, 또는 조직-특이적 방식으로 또는 특정 전사 자극에 반응하여 조절되어야 하는 경우에, 고유 프로모터가 사용될 수 있다. 추가의 실시형태에서, 다른 고유 발현 제어 요소, 예컨대, 인핸서 요소, 폴리아데닐화 부위 또는 코작(Kozak) 컨센서스 서열도 또한 고유 발현을 모방하기 위해 사용될 수 있다.

[0629] 일부 실시형태에서, 유전 요소는 조직-특이적 프로모터에 작동 가능하게 연결된 유전자를 포함한다. 예를 들어, 골격근에서의 발현이 요망되는 경우, 근육에서 활성인 프로모터가 사용될 수 있다. 이들은 골격 α-액틴, 미오신 경쇄 2A, 디스트로핀, 근육 크레아틴 키나제를 인코딩하는 유전자로부터의 프로모터 및 자연-발생 프로모터보다 더 높은 활성을 갖는 합성 근육 프로모터를 포함한다. 문헌[Li et al., Nat. Biotech., 17:241-245 (1999)]을 참조한다. 특히 간 알부민, 문헌[Miyatake et al. J. Virol., 71:5124-32 (1997)]; B형 간염 바이러스 코어 프로모터, 문헌[Sandig et al., Gene Ther. 3:1002-9 (1996)]; 알파-태아단백질(AFP), 문헌[Arbuthnot et al., Hum. Gene Ther., 7:1503-14 (1996)], 골(오스테오칼신(osteocalcin), 문헌[Stein et al., Mol. Biol. Rep., 24:185-96 (1997)]; 골 시알로단백질(sialoprotein), 문헌[Chen et al., J. Bone Miner. Res. 11:654-64 (1996)]), 림프구(CD2, 문헌[Hansal et al., J. Immunol., 161:1063-8 (1998)]; 면역글로불린 중쇄; T 세포 수용체 a 쇄), 뉴런(뉴런-특이적 에놀라제(NSE) 프로모터, 문헌[Andersen et al. Cell. Mol. Neurobiol., 13:503-15 (1993)]; 신경필라멘트 경쇄 유전자, 문헌[Piccioli et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 88:5611-5 (1991)]; 뉴런-특이적 vgf 유전자, 문헌[Piccioli et al., Neuron, 15:373-84 (1995)]을 위한 조직-특이적인 프로모터의 예가 알려져 있다.

[0630] 유전 요소는 인핸서, 예를 들어, 유전자를 인코딩하는 DNA 서열에 인접하여 위치한 DNA 서열을 포함할 수 있다. 인핸서 요소는 전형적으로 프로모터 요소의 상류에 위치하거나, 코딩 DNA 서열(예를 들어, 생성물 또는 생성물들로 전사 또는 번역되는 DNA 서열)의 하류에 또는 그 내에 위치할 수 있다. 그러므로, 인핸서 요소는 생성물을 인코딩하는 DNA 서열의 100개 염기쌍, 200개 염기쌍 또는 300개 이상의 염기쌍 상류 또는 하류에 위치할 수 있다. 인핸서 요소는 DNA 서열로부터 발현되는 재조합 생성물의 양을 프로모터 요소에 의해 제공되는 증가된 발현을 초과하여 증가시킬 수 있다. 다중의 인핸서 요소는 당업자에게 용이하게 이용 가능하다.

[0631] 일부 실시형태에서, 유전 요소는 본원에 기재된 발현 생성물을 인코딩하는 서열을 플랭킹하는 하나 이상의 역위 말단 반복부(ITR)를 포함한다. 일부 실시형태에서, 유전 요소는 본원에 기재된 발현 생성물을 인코딩하는 서열을 플랭킹하는 하나 이상의 긴 말단 반복부(LTR)를 포함한다. 사용될 수 있는 프로모터 서열의 예는 시미안 바이러스 40(SV40) 조기 프로모터, 마우스 유방 종양 바이러스(MMTV), 인간 면역결핍 바이러스(HIV) 긴 말단 반복부(LTR) 프로모터, MoMuLV 프로모터, 조류 백혈병 바이러스 프로모터, 엡스테인-바 바이러스 즉시 조기 프로모터 및 라우스 육종 바이러스 프로모터를 포함하나 이들에 제한되지 않는다.

[0632] 복제 단백질

[0633] 일부 실시형태에서, 큐론, 예를 들어, 합성 큐론의 유전 요소는 하나 이상의 복제 단백질을 인코딩하는 서열을 포함할 수 있다. 일부 실시형태에서, 큐론은 회전환 복제 방법에 의해 복제할 수 있으며, 예를 들어, 선도 가닥 및 지연 가닥의 의 합성은 분리된다. 이러한 실시형태에서, 큐론은 3가지의 추가의 요소를 포함한다: i) 개시 단백질을 인코딩하는 유전자, ii) 이중 가닥 원점, 및 iii) 단일 가닥 원점. 복제 단백질을 포함하는 회전환 복제(RCR) 단백질 복합체는 선도 가닥에 결합하며, 복제 원점을 불안정화시킨다. RCR 복합체는 게놈을 절단하여, 유리 3'OH 말단을 생성한다. 세포 DNA 중합효소는 유리 3'OH 말단으로부터 바이러스 DNA 복제를 개시한다. 게놈이 복제된 후에, RCR 복합체는 루프를 공유적으로 폐쇄시킨다. 이는 양성 환형 단일-가닥 모 DNA 분자 및 음성 모체 가닥 및 새로 합성된 양성 가닥으로 구성된 환형 이중-가닥 DNA 분자의 방출을 야기한다. 단일-가닥 DNA 분자는 캡시드화되거나 제2차의 복제에 수반될 수 있다. 예를 들어, 문헌[Virology Journal 2009, 6:60 doi:10.1186/1743-422X-6-60]을 참조한다.

[0634] 유전 요소는 중합효소, 예를 들어, RNA 중합효소 또는 DNA 중합효소를 인코딩하는 서열을 포함할 수 있다.

[0635] 기타 서열

[0636] 일부 실시형태에서, 유전 요소는 생성물(예를 들어, 리보자임, 단백질을 인코딩하는 치료적 mRNA, 외인성 유전자)을 인코딩하는 핵산을 추가로 포함한다.

[0637] 일부 실시형태에서, 유전 요소는 큐론의 종 및/또는 조직 및/또는 세포 향성(예를 들어, 캡시드 단백질 서열), 감염성(예를 들어, 캡시드 단백질 서열), 면역억제/활성화(예를 들어, 조절 핵산), 바이러스 게놈 결합 및/또는 패키징, 면역 회피(비-면역원성 및/또는 관용), 약동학, 엔도시토시스 및/또는 세포 부착, 핵 유입, 세포내 조절 및 국소화, 엑소시토시스 조절, 증식 및 숙주 또는 숙주 세포에서의 큐론의 핵산 보호에 영향을 미치는 하나 이상의 서열을 포함한다.

[0638] 일부 실시형태에서, 유전 요소는 DNA, RNA 또는 인공 핵산을 포함하는 다른 서열을 포함할 수 있다. 다른 서열은 게놈 DNA, cDNA, 또는 tRNA, mRNA, rRNA, miRNA, gRNA, siRNA 또는 다른 RNAi 분자를 인코딩하는 서열을 포함할 수 있지만, 이들에 제한되지 않는다. 일 실시형태에서, 유전 요소는 조절 핵산과 동일한 유전자 발현 생성물의 상이한 유전자좌를 표적화하기 위하여 siRNA를 인코딩하는 서열을 포함한다. 일 실시형태에서, 유전 요소는 조절 핵산과 상이한 유전자 발현 생성물을 표적화하기 위하여 siRNA를 인코딩하는 서열을 포함한다.

[0639] 일부 실시형태에서, 유전 요소는 하기의 서열 중 하나 이상을 추가로 포함한다: 하나 이상의 miRNA를 인코딩하는 서열, 하나 이상의 복제 단백질을 인코딩하는 서열, 외인성 유전자를 인코딩하는 서열, 치료제를 인코딩하는 서열, 조절 서열(예를 들어, 프로모터, 인핸서), 내인성 유전자를 표적화하는 하나 이상의 조절 서열(siRNA, lncRNA, shRNA)을 인코딩하는 서열, 및 치료적 mRNA 또는 단백질을 인코딩하는 서열.

[0640] 다른 서열은 약 2 내지 약 5000개의 뉴클레오티드, 약 10 내지 약 100개의 뉴클레오티드, 약 50 내지 약 150개의 뉴클레오티드, 약 100 내지 약 200개의 뉴클레오티드, 약 150 내지 약 250개의 뉴클레오티드, 약 200 내지 약 300개의 뉴클레오티드, 약 250 내지 약 350개의 뉴클레오티드, 약 300 내지 약 500개의 뉴클레오티드, 약 10 내지 약 1000개의 뉴클레오티드, 약 50 내지 약 1000개의 뉴클레오티드, 약 100 내지 약 1000개의 뉴클레오티드, 약 1000 내지 약 2000개의 뉴클레오티드, 약 2000 내지 약 3000개의 뉴클레오티드, 약 3000 내지 약 4000개의 뉴클레오티드, 약 4000 내지 약 5000개의 뉴클레오티드 또는 그 사이의 임의의 범위의 길이를 가질 수 있다.

[0641] *외인성 유전자*

[0642] 예를 들어, 유전 요소는 신호전달 생화학 경로와 연관된 유전자, 예를 들어, 신호전달 생화학 경로-연관 유전자 또는 폴리뉴클레오티드를 포함할 수 있다. 예에는 질병 연관 유전자 또는 폴리뉴클레오티드가 포함된다. "질병-연관" 유전자 또는 폴리뉴클레오티드는 비 질병 대조군의 조직 또는 세포와 비교하여, 질병-이환된 조직으로부터 유래된 세포에서 전사 또는 번역 생성물을 비정상적인 수준 또는 비정상적인 형태로 제공하는 임의의 유전자 또는 폴리뉴클레오티드를 지칭한다. 그것은 비정상적으로 높은 수준으로 발현되는 유전자일 수 있으며; 비정상적으로 낮은 수준으로 발현되는 유전자일 수 있으며, 여기서, 변경된 발현은 질병의 발생 및/또는 진행과 상호연관된다. 질병-연관 유전자는 또한, 질병의 병인의 직접적인 원인이 되거나, 질병의 병인을 담당하는 유전자(들)와 연관 불균형인 돌연변이(들) 또는 유전적 변이를 지니는 유전자를 지칭한다.

[0643] 질병-연관 유전자 및 폴리뉴클레오티드의 예는 맥쿠식-나탄스(McKusick-Nathans) 유전 의학 기관, 존스 홉킨스 대학(미국 메릴랜드주 볼티모어) 및 국립 생명과학 정보 센터, 국립 의학 도서관(미국 메릴랜드주 베데스다)로

부터 이용 가능하다. 질병-연관 유전자 및 폴리뉴클레오티드의 예는 본원에 그들 전문이 참조로 포함되는 미국 특허 제8,697,359호의 표 A 및 B에 열거되어 있다. 질병 특이적 정보는 맥쿠식-나탄스 유전 의학 기관, 존스 홉킨스 대학(미국 메릴랜드주 볼티모어) 및 국립 생명과학 정보 센터, 국립 의학 도서관(미국 메릴랜드주 베데스다)로부터 이용 가능하다. 신호전달 생화학 경로-연관 유전자 및 폴리뉴클레오티드의 예는 본원에 전문이 참조로 포함되는 미국 특허 제8,697,359호의 표 A 내지 C에 열거되어 있다.

[0644] 또한, 유전 요소는 본원의 다른 곳에 기재된 바와 같이 표적화 모이어티를 인코딩할 수 있다. 이는 예를 들어, 당, 당지질 또는 단백질, 예컨대 항체를 인코딩하는 폴리뉴클레오티드를 삽입함으로써 달성될 수 있다. 당업자는 표적화 모이어티의 추가의 생성 방법을 안다.

[0645] *바이러스 서열*

[0646] 일부 실시형태에서, 유전 요소는 적어도 하나의 바이러스 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, 서열은 단일 가닥 DNA 바이러스, 예를 들어, 아넬로바이러스, 비드나바이러스, 써코바이러스, 제미니바이러스, 게노모바이러스, 이노바이러스, 마이크로바이러스, 나노바이러스, 파보바이러스 및 스피라바이러스로부터의 하나 이상의 서열에 대하여 상동성 또는 동일성을 갖는다. 일부 실시형태에서, 서열은 이중 가닥 DNA 바이러스, 예를 들어, 아데노바이러스, 암풀라바이러스, 아스코바이러스, 아스파바이러스, 배큘로바이러스, 푸셀로바이러스, 글로불로바이러스, 구타바이러스, 하이트로사바이러스, 헤르페스바이러스, 이리도바이러스, 리포트릭스바이러스, 니마바이러스 및 폭스바이러스로부터의 하나 이상의 서열에 대하여 상동성 또는 동일성을 갖는다. 일부 실시형태에서, 서열은 RNA 바이러스, 예를 들어, 알파바이러스, 푸로바이러스, 간염 바이러스, 호르데이바이러스, 토바모바이러스, 토브라바이러스, 트리코르나바이러스, 루비바이러스, 비르나바이러스, 시스토바이러스, 파르티티바이러스 및 레오바이러스로부터의 하나 이상의 서열에 대하여 상동성 또는 동일성을 갖는다.

[0647] 일부 실시형태에서, 유전 요소는 비-병원성 바이러스, 예를 들어, 상리공생 바이러스, 예를 들어, 편리공생 바이러스, 예를 들어, 고유 바이러스, 예를 들어, 아넬로바이러스로부터의 하나 이상의 서열을 포함할 수 있다. 명명법의 최근의 변화는 인간 세포를 감염시킬 수 있는 3가지 아넬로바이러스를 알파토르크바이러스(TT), 베타토르크바이러스(TTM) 및 감마토르크바이러스(TTMD) 속의 아넬로바이러스과의 바이러스로 분류하였다. 현재까지, 아넬로바이러스는 임의의 인간 질병과 연관된 바 없다. 일부 실시형태에서, 유전 요소는 토르크 테노 바이러스(TT), 환형 음성-센스 게놈을 갖는 비-외피, 단일-가닥 DNA 바이러스에 대하여 상동성 또는 동일성을 갖는 서열을 포함할 수 있다. 일부 실시형태에서, 유전 요소는 SEN 바이러스, 센티넬(Sentinel) 바이러스, TTV-유사 미니 바이러스 및 TT 바이러스에 대하여 상동성 또는 동일성을 갖는 서열을 포함할 수 있다. TT 바이러스 유전형 6, TT 바이러스 군, TTV-유사 바이러스 DXL1 및 TTV-유사 바이러스 DXL2를 포함하는 상이한 유형의 TT 바이러스가 기재된 바 있다. 일부 실시형태에서, 유전 요소는 더 작은 바이러스, 토르크 테노-유사 미니 바이러스(TTM) 또는 토르크 테노-유사 미디 바이러스(TTMD)로 지칭되는 TTV와 TTMV 사이의 게놈 크기를 갖는 제3 바이러스에 대하여 상동성 또는 동일성을 갖는 서열을 포함할 수 있다. 일부 실시형태에서, 유전 요소는 본원에, 예를 들어, 표 19에 기재된 뉴클레오티드 서열 중 어느 하나에 대하여 적어도 약 60%, 70% 80%, 85%, 90% 95%, 96%, 97%, 98% 및 99% 뉴클레오티드 서열 동일성을 갖는 비-병원성 바이러스로부터의 하나 이상의 서열 또는 서열의 단편을 포함할 수 있다.

[0648] [표 19]

예를 들어, 캡시드 단백질을 인코딩하는 바이러스 서열의 예. 제1 열은 그의 완전한 게놈 수탁 번호에 의해 바이러스주를 식별한다. 제2 열은 제3 열에 열거된 ORF에 의해 인코딩되는 단백질의 수탁 번호를 식별한다. 제4 열은 제3 열에 열거된 ORF를 인코딩하는 핵산 서열을 보여준다.

균주 번호	수탁 번호	ORF 번호	서열	SEQ ID NO:
AF079173.1	AAC28466.1	ORF2	ATGGCTGAGTTTTCCACGCCCGTCCGCAGCGGTGA AGCCACGGAGGGAGATCACCGCGTCCCGAGGGCG GGTGCCGAAGGTGAGTTTACACACCGAAGTCAAGG GGCAATTCGGGCTCGGGACTGGCCGGGCTATGGGC AAGGCTCTGAAAAAAGCATGTTTATTGGCAGGCATT ACAGAAAGAAAAGGGCGCTGTCACTGTGTGCTGTG CGAACAACAAAGAAGGCTTGCAAACTACTAATAGTA ATGTGGACCCCACCTCGCAATGATCAACAGTACCTT AACTGGCAATGGTACTCAAGTGTACTTAGCCCCCAC GCTGCTATGTGCGGGTGTCCCGACGCTGTCGCTCA TTTTAATCATCTTGCTTCTGTGCTTCGTGCCCCGCAA AACCCACCCCCTCCCGGTCCCCAGCGAAACCTGCC CCTCCGACGGCTGCCGGCTCTCCCGGCTGCGCCAG AGGCGCCCGGAGATAGAGCACCATGGCCTATGGCT GGTGGCGCCGAAGGAGAAGACGGTGGCGCAGGTG GAGACCCAGACCATGGAGGCCCCGCTGGAGGACCC GAAGACGCAGACCTGCTAGACGCCGTGGCCACCGC AGAAACGTAA	585
AF129887.1	AAD20025.1	ORF2	ATGGCTGGGTTTTCCACGCCCGTCCGCAGCGGTGA AGCCACGGAGGGAGCTCAGCGCGTCCCGAGGGCG GGTGCCGAAGGTGAGTTTACACACCGCAGTCAAGG GGCAATTCGGGCTCGGGACTGGCCGGGCTATGGGC AAGACTCTGAAAAATGCATTTTTATCGGCAGGCATTA CAGAAAGAAAAAGGCACTGTCACTGTGTGCAGTGCG AGCAACACAGAAGGCTTGCAAACTTCTAAAAGTTAT GTGGAGCCCTCCCCGCAACGATGAACATTACCTTAA GGGACAATGGTACTCAAGTATACTTAGCTCTCACTC TGCTTTCTGTGGCTGCCCCGATGCTGTCGCTCACTT CAATCATCTTGCTACTGTACTTCGTGCTCCGGAAAA CCCGGGACCCCCCGGGGGACATCGACCTTCTCCGC TCCGGGTCCTACCCGCTCTCCCGGCTGCTCCCGAG GCGCCCGGTGATCGAGCGCCATGGCCTATGGGTTG TGGAGGAGACGGCGAAGGAGGTGGAAGAGGTGGA GACGCAGACGGTGGAGACGCCGCTGGAGGACCCG CCGACGCAGACCTGCTGGACGCCGTAGACGCCGCA GAACAGTAA	586
AF116842.1	AAD29635.1	ORF2	ATGGCTGAGTTTTCCACGCCCGTCCGCAGCGGTGA AGCCACGGAGGGAGATTACCGCGTCCCGAGGGCG GGTGCCGAAGGTGAGTTTACACACCGAAGTCAAGG GGCAATTCGGGCTCGGGACTGGCCGGGCTATGGGC AAGGCTCTGAAAAAAGCATGTTTATTGGCAGGCATT ACAGAAAGAAAAGGGCGCTGTCACTGTGTGCTGTG CGAACAACAAAGAAGGCTTGCAAACTACTAATAGTA ATGTGGACCCCACCTCGCAATGATCAACAGTACCTT AACTGGCAATGGTACTCAAGTGTACTTAACCCCCAC GCTGCTATGTTCGGGTGTCCCGACGCTGTCGCTCAT TTTAATCATCTTGCTTCTGTGCTTCGTGCCCCGCAAA ACCCACCCCCTCCCGGTCCCCAGCGAAACCTGCCC CTCCGACGGGTGCCGGCTCTCCCGGCTGCGCCAGA GGCGCCCGGAGATAGAGCACCATGGCCTATGGCTT GTGGCACCGAAGGAGAAGACGGTGGCGCAGGTGG AAACGCACACCATGGAAGCGCCGCTGGAGGACCCG AAGACGCAGACCTGCTAGACGCCGTGGCCGCCGCA GAAACGTAA	587
AB026345.1	BAA85661.1	ORF2	ATGTTTATTGGCAGGCATTACAGAAAGAAAAGGGCG CTGTCACTGTGTGCTGTGCGAACAACAAAGAAGGCT	588

[0649]

			TGCAAACTACTAATAGTAATGTGGACCCCACCTCGC AATGATCAACAGTACCTTAACTGGCAATGGTACTCAA GTGTACTTAGCTCCCACGCTGCTATGTGCGGGTGTC CCGACGCTGTCGCTCATTTTAATCATCTTGCTTCTGT GCTTCGTGCCCCGCAAAACCCACCCCCTCCCGGTC CCCAGCGAAACCTGCCCCTCCGACGGCTGCCGGCT CTCCCGGCTGCGCCAGAGGCGCCCGGAGATAGAG CACCATGGCCTATGGCTGGTGGCGCCGAAGGAGAA GACGGTGGCGCAGGTGGAGACGCAGACCATGGAG GCGCCGCTGGAGGACCCGAAGACGCAGACCTGCTA GACGCCGTGGCCGCCGCAGAAACGTAA	
AB026346.1	BAA85663.1	ORF2	ATGTTTATTGGCAGGCATTACAGAAAGAAAAGGGCG CTGTCACTGTGTGCTGTGCGAACAACAAAGAAGGCT TGCAAACTACTAATACTAATGTGGACCCCACCTCGC AATGACCAACAGTACCTTAACTGGCAATGGTACTCA AGTATACTTAGCTCCCACGCTGCTATGTGCGGGTGT CCCGACGCTGTCGCTCATTTTAATCATCTTGCGTCT GTGCTTCGTGCCCCGCAAAACCCACCCCCTCCCGG TCCCCAGCGAAACCTGCCCCTCCGACGGCTGCCGG CTCTCCCGGCTGCGCCAGAGGCGCCCGGAGATAGA GCACCATGGCCTATGGCTGGTGGCGCCGAAGGAGA AGACGGTGGCGCAGGTGGAGACGCAGACCATGGA GGCGCCGCTGGAGGACCCGAAGACGCAGACCTGCT AGACGCCGTGGCCGCCGCAGAAACGTAA	589
AB026347.1	BAA85665.1	ORF2	ATGTTTATTGGCAGGCATTACAGAAAGAAAAGGGCG CTGTCACTGTGTGCTGTGCGAACAACAAAGAAGGCT TGCAAACTACTAATACTAATGTGGACCCCACCTCGC AATGACCAACAGTACCTTAACTGGCAATGGTACTCA AGTATACTTAGCTCCCACGCTGCTATGTGCGGGTGT CCCGACGCTGTCGCTCATTTTAATCATCTTGCTTCTG TGCTTCGTGCCCCGCAAAACCCACCCCCTCCCGGT CCCCAGCGAAACCTGCCCCTCCGACGGCTGCCGGC TCTCCCGGCTGCGCCAGAGGCGCCCGGAGATAGAG CGCCATGGCCTATGGCTGGTGGCGCCGAAGGAGAA GACGGTGGCGCAGGTGGAGACGCAGACCATGGAG GCGCCGCTGGAGGACCCGAAGACGCAGACCTGCTA GACGCCGTGGCCGCCGCAGAAACGTAA	590
AB038622.1	BAA93585.1	ORF2	ATGCCGTGGAGACCGCCGGTACATAACGTTCCAGG TCGCGAAAATCAATGGTTTGCAGCGTTTTTTCACTCG CATGCTTCTTTCTGCGGCTGTGGTGACCCTGTTGGG CATATTAACAGCATTGCTCCTCGCTTTCCTAACGCC GGTCCACCGAGACCACCTCCAGGGCTAGAGCAGCA GAACCCCGAGGGCCCGACGGGTCCCGGAGGTCCC CCCGCCATCTTGCCAGCTCTGCCGGCCCCGGCAGA CCCTGAACCGCCGCCACGGCTTGGTGGTGGGGCAG ATGGAGGCGCCGCTGGAGGCCTCGCTATCGCAGAC GCACCTGGAGGGTACGAAGAAGACGACCTAGACGA ACTTTTCGCCGCCGCCGCCGAGGACGATATGTGA	591
AB038623.1	BAA93588.1	ORF2	ATGCCGTGGAGACCGCCGGCACATAACGTTCCGGG TAGGGAAAATCAATGGTTCGCAGCTGTGTTTCACTC GCATGCTTCTTGGTGCGGCTGTGGTGACGTTGTTGG GCATCTTAATACCATTGCTACTCGCTTTCCTAACGCC GGTCCCCCGAGACCACCTCCAGGGCTAGACCAGCA GAACCCCGAGGGCCCGGCGGGTCCCGGAGGTCCC CCCGCCATCTTGCCTGCTCTGCCGGCCCCGGCAGA CCCTGAACCGCCGCCACGGCGTGGTGGTGGGGCA GATGGAGGCGTCGATGGAGGCCTCGCTATCGCAAA CGCACCTGGAGATTACGGAGACGACGACCTAGACG AACTTTTCGCCGCCGCCGCCGAAGACAATATGTGA	592
AB038624.1	BAA93591.1	ORF2	ATGCCGTGGAAACCGCCGCGACATAACGTTCCGGG TAGGGAAAACCAATGGTTTGCAGCAGTGTTTCACTC GCATGCTTCTTGGTGCGGCTGTGCTGACGTTGTTGG	593

[0650]

			CCATCTTAATAGCATTGCTACTCGCTTTCCTAACATC GGTCCCCCGAGACCACCTCCAGGGCTAGACCAGCA GAACCCCGAGGGCCCGGCGGGTCCCGGAGGTCCC CCCGCCATCTTGCCTGCTCTGCCGGCCCCGGCAAA CCCTGAACCGCCGCCACGGCGTGGTGGTGGGGCA GATGGAGGCGCCGCTGGAGGCCTCGCTATCGCAGA CGCACCTGGAGGGTACGCAGAAGACGACCTAGACG AACTTTTCGCCGCCGCCGCCGAGGACGATATGTGA	
AF254410.1	AAF71534.1	ORF2	ATGTTTCCTGGTAGGATCCACAGAAAGAAAAGGAAA GTGCTATTGTCCCCACTGCACCCTGCACCGAAAACT CGCCGGGTTATGAGCTGGTCTCGTCCAATACACGAT GCCCCAGCCATTGAGCGTAACTGGTGGGAATCCAC AGCTCGATCCCACGCATGTTGCTGTGGCTGCGGTAA TTTTGTTAATCATATTAATGTACTGGCTAATCGGTAT GGCTTTACTGGCTCCGCGCACACGCCGGGTGGTCC CCGGCCGAGGCCCCCGACAGTGAGCTCTGGTCCCA GTACTTCCTACCGACACCCCGAGACCGGCTTTACCA TGGCATGGGGATACTGGTGGAGAAGGCGCTTCTGC GACCGAGGAGACGCTGGAAGAAGGTGGCGGCGCC GCCGAGACTACAACCCAGAAGATCTCGACGCTCTGT TCGACGCCCTCGACGAAGAGTAA	594
AB050448.1	BAB19927.1	ORF2	ATGAGCTTTGTAGAACCCTTACTAACCAGCACCCAC AGAGAGATAGCATACTACCATGGCTGTGTTCAGATG CACAAAGCCTTCTGTGGGTGTGACAACTTTCTTACC CACCTGCAACGCATAACAACATACATCTCTGCTAAC CAACACACTCCACCCAGCACACCCTCAAACACCCTC CGTAGAGCCCGGGCCCTGCCCGCGGCTCCGGAGC CAGCTCCATGGCGTGGACCTGGTGGTGGCAGAGGA GGCGCCGAAGGTGGCCGTGGAGAAGGAGAAGGTG GAGAAGACTACGCACAAGAAGACCTAGACGCCTTGT TCGACGCCGTCGCAAGAGATACAGAGTAA	595
AY026465.1	AAK01941.1	ORF2	ATGCACTTTTCTCGAATAAACAGAAAGAAAAAGAAAG TGCTACTGCTTTGCGTGCCAGCAGCTAAGAAAAAAC CAACTGCTATGAGCTTCTGGAGACCTCCGGTGCACA ATGTCACGGGGATCCAGCGCCTGTGGTACGAGTCC TTTCACCGTGGCCATGCTGCTTTTTGTGGTTGTGGG GATCCTATACTTCACATTACTACACTTGCTGAGACAT ATGGCCATCCAACAGGCCCGAGACCTTCTGGGTCAT CGGGAGTAGACCCCGGCCCCAATATCCGTCGAGCC AGGCCTGCCCCGGCCGCTCCGGAGCCCTCACAGGT TGATTCCAGACCGGCCCTGCCATGGCATGGGGATG GTGGAAGCGACGGCGGCGCTGGTGGTTCCGGAAG CGGTGGACCCGTGGCAGACTTCGCAGACGATGGCC TAGACCAGCTCGTCGGCGCCCTAGACGACGAAGAG TAA	596
AY026466.1	AAK01943.1	ORF2	ATGCACTTTTCTAGGATACAAAGAAAGAAAAGGCTAT TGCTACTGCAGACACTGCCAGCTTCAAAGAAAACTA GGCAACTTCTGAGAGGTATGTGGAGCCCACCCACA GACGATGAACGTGTCCGTGAGCGTAAATGGCTCCTC TCAGTTTTTCAGTCTCACTGTGCTTTCTGTGGCTGCA ATGATCCTATCGGTCACCTTTGTCGCTTGGCTACTCT GTCTAACCGCCCGGAGAGCCCGGGGCCCTCCGGA GGACCCCGTACTCCTCAGATCCGGCACCTACCCGC TCTCCCGGCTGCTCCCCAAGAGCCCGGTGATCGAG CACCATGGCCTATGGCTGGTGGGCCCGGAGACGGA GACGCTGGCGCCGCTGGAAGCGCAGGCCCTGGAG ACGCCGATGGAGGACCCGCAGACGCAGACCTCGTC GCCGCTATAGACGCCGCAGACATGTAA	597
AF345521.1	AAK11697.1	Orf2	ATGCACTTTCGCAGAGTCTCAGCGAAAAGGAAACTG CTACTGCTTCCTCTGCACCCTGCATCGCAGACACCT GCCATGAGCTTCAGGGCGCCCTCTCTTAATGCCGGT CAACGAGAGCAGCTATGGTTCGAGTCCATCGTCCGA	598

[0651]

[0652]

			TCCCATGACAGTTATTGCGGGTGTGGTGATACTGTC GCTCATTTTAATAACATTGCTACTCGCTTTAACTATCT GCCTGTTACCTCCTCGCCTCTGGATCCTTCCTCGGG CCCGCCGCGAGGCCGTCCAGCGCTCCGCGCACTC CCGGCTCTGCCAGCGGCACCCTCCACCCCCTCTAC TAGCCGACCATGGCGTGGTGGGGCAGATGGAGAAG GTGGCCGCGGCGCCGGTGGAGGAGATGGCGGCGC CGCCGTAGAAGGAGACTACCAACAAGAAGAACTCG ACGAGCTGTTCGCGGCCTTGGAAGACGACCAAGAA AGACGGTAA	
AF345522.1	AAK11699.1	Orf2	ATGTTTCTTGGCAGGGCCTGGAGAAAGAAAAGGCAA GTGCCACTGCCGACACTGCCAGTGGTGCCGCTTCC ACAACCTTCACCTATGAGCAGCCAGTGGAGACCCCC GGTTCACAATGTCCAGGGGCTGGAGCGCAATTGGT GGGAGTGCTTCTTCCGTTCTCATGCTTGTTTTTGTG GCTGTGGTGATGCTATTACTCATATTAATCATCTGGC GACTCGTTTTGGACGTCCTCCTACTACCTCAACTCC CCGAGGACCGCAGGCACCTCCAGTGACTCCGTACC CGGCCCTGCCGGCCCCAGAGCCTAGCCCTGAGCCA TGGCGTGGCGCCGGTGGCGATGGCGGCCGTGGTG GAGACGCCGGAGGCGCCGCCGGTGGAGAAGGAGA CGGAGGAGACCCAGACGACGCCGCCCTTATCGACG CCGTCGACCTCGCAGAGTAA	599
AF345525.1	AAK11705.1	Orf2	ATGTTTCTTGGTAAAATTTACAGACAGAAAAGGAAAG TGCCACTGTACGGCCTGCCAGCTCCAAAGAAAAAAC CACCTACTGCTATGAGCCACTGGAGCAGACCCGTC CACCATGCAACGGGGATCGAGCACCTCTGGTACCA GTCTGTTATTAACAGCCATTCTGCTAGCTGCGGTTG TGGCGATCCTGTACGCCACTTTACTTATCTTGCTGA GAGGTATGGCTTTGCCCCAACTTCCCGGGCCCCGC CGGTAGCCCCAACGCCCACCATCCGTAGAGCCAGG CCCGCGCCTGCCGCTCCGGAGCCCCGTGCCCTACC ATGGCATGGGGATGGTGGAGACGAAGGCGCAAGTG GTGGTGGAGACGCCGGTTCGCCCGAAGCAGACTTC GCAGACGACGGATTAGACGCCCTCGTCGCCGCACT CGACGAAGAACAGTAA	600
AF345527.1	AAK11709.1	Orf2	ATGTTTCTCGGCAGGCCTTACAGAAAGAAGAGGCAA GTGCCACTGCCTGGCGTGCACCATCCACCGCACCC ACGGCCTAGCATGAGCCACCACTGGCGGGAGCCCA TCGACAATGTCCCCAACCGGGAGAGGCACTGGCTC GGGTCCGTCCTCCGAGGCCACCGAGCTTTTTGTGG TTGTCGGGATCCTGTGCTTCATTTTACTAATCTGGTT GCACGTTACAATCTTCAGGGCGGTGGTCCCTCAGC GGGTAGTCTTAGGGATCCGCCGCCACTGAGGAGGG CGCTGCCGCCACCGCCGTCCCCCCGACCGCCATGT CCTGGTGGGGATGGCGCCGCCGATGGTGGTGGAA GCCACGGAGGCGATGGAGACGCAGGAGGGCGCGC CGCCCGAGACGACTACCGCGACGACGATATAGAAG ACCTACTCGCCGCTATCGAGGCAGACGAGTAA	601
AF345528.1	AAK11711.1	Orf2	ATGCGATTTTCTCGAATTTATCGCAGAAAGAAGAGG CTACTGCCACTGCTACTGGTGCCAACAGAACCGAAA GAACAATTTGTGATGAGCTGGCGCTGTCCCTTAGAA AATGCCTATAAGAGGGAAATTAACTTCCTCAGAGGG TGCCAAATGCTTCACACTTGTTTTTGTGGTTGTGATG ATTTTATTAATCATATTATTCGCCTACAAAATCTTCAC GGGAATTTACACCAACCCACCGGCCCGTCCACACCT CCAGTAGGCCGTAGAGCTCTGGCCCTGCCGGCAGC TCCGGAACCATGGCGTGGAGATGGTGGTGGGCCCG AAGGCGACCGAACCGCCGATGGACCCGCAGACGCT GGAGGAGACTACGCACCCGGAGACCTAGACGACCT GTTCGCCGCCGCCGCCGCCGACCAAGAGTAA	602

[0653]

AF345529.1	AAK11713.1	Orf2	ATGGGCAACGCTCTTAGGGTATTCATTCTTAAAATGT TTATCGGCAGGGCCTACCGCCACAAGAAAAGGAAA GTGCTACTGTCCGCACTGCGAGCTCCACAGGCGTC TCGGAGGGCTATGAGTTGGAGACCCCCTGTACACG ATGCGCCCGGCATCGAGCGCAATTGGTACGAGGCC TGTTTCAGAGCCCACGCTGGAACTTGTGGCTGTGGC AATTTTATTATGCACATTAATCTTCTGGCTGGGCGTT ATGGTTTTACTCCGGTATCAGCACCACCAGGTGGTC CTCCTCCGGGCACCCCGCAGATAAGGAGAGCCAGA CCTAGTCCCGCCGCGCCCGAACAGCCCCAGGCCCT ACCATGGCATGGGGATGGTGGAGACGGTGGCGCC GGTGGCCCACCAGACGCTGGAGGAGACGCCGTCG CCGGCGCCCCGTACGGAGAACAAGAGCTCGCCGAC CTGCTCGACGCTATAGAAGACGACGAACAGTAA	603
AF371370.1	AAK54732.1	ORF2	ATGGCACACCCGGGCATGATGATGCTAAGCAAAATG AAAATACTAGTACCCAGTTCTGACACCAGACCGGGG GGCAGACGCAGAGTAAAAGTTAAAATAAGACCCCCG GCCCTTTTAGAAGACAAGTGGTACACTCAGCAAGAT CTAGCGCCCGTTAATCTTGTGTCACTTGTGGTTTCT GCGACTAGCTTCATACATCCGTTTAGCCAACCACAA ACGAACAACATTTGCACAACTTTTCAGGTGTTGAAAG ACATGTACTATGACTGCATAGGAGTTAGTTCCACTTT AGACGACAAATATAAAAAATTATTTCAAAAATTATACA CTAAATGCTGCTACTTTGAAACATTTCAAACAATAGC CCAGCTAAACCCCGGCTTTAAATCTGCTAAAAAAACT ACAACTGGCTCCGGTAAGGAAGCTGCCACACTAGG CGACGCAGTTACACAATTAAAAAACCAACACGGTAG TTTTTATACTGGAAACAATAGTACTTTTGGCTGCTGT ACATATAACCCCACTGAAGAAATAGGTAAAGCAGCA AATGAGTGGTTCTGGAACCAATTAACTGCAACAGAG TCAGACACACTAGGACAGTACGGACGTGCCTCAATT AAGTACTTTGAATATCACACAGGACTATACAGTTCCA TATTTTTAAGTCCACTAAGGAGCAACCTAGAATTTTC TACAGCATACCAGGATGTAACATACAATCCACTGAC AGACCTAGGCATAGGCAACAGAATCTGGTACCAATA CAGTACCAAGCCAGACACTACATTTAACGAAACACA GTGCAAATGTGTACTAACTGACCTGCCCCTGTGGTC CCTGTTTTATGGATACGTAGACTTTATAGAGTCAGAG CTAGGCATAAGCGCAGAGATACACAACTTTGGCATA GTTTGCGTTCAGTGCCCATACACCTTTCCACCCATG TTCGACAAGTCTAAGCCAGACAAGGGCTACGTATTT TATGACACCCTTTTTGGTAACGGAAAGATGCCAGAC GGTTCCGGACACGTACCTACCTACTGGCAGCAGAG ATGGTGGCCAAGATTTAGCTTCCAGAGACAAGTAAT GCATGACATTATTCTGACTGGACCTTTTAGTTACAAA GATGACTCTGTAATGACTGGACTAACAGCAGGCTAC AAGTTTAAATTCACATGGGGCGGTGATATGATCTCC GAACAGGTCATTAAAAACCCCGACAGAGGTGACGG ACGCGAATCCTCCTATCCCGATAGACAGCGCCGCG ACCTACAAGTTGTTGACCCTCGCTCCATGGGGCCCC AATGGGTATTCCACACCTTTGACTACAGGAGGGGAC TATTTGGAAAGGACGCTATTAAACGAGTGTCAGAAA AACCGACAGATCCTGACTACTTTACAACACCTTACAA AAAACCGAGGTTTTTCCCCCCAACAGCAGGAGAAGA AAGACTGCAAGAAGAAAACTACACTTTACAGGAGAA AAGAGACCCGTTCTCGTCAGAAGAGGGGCCGCAGA GGACGCAAGTCCTCCAGCAGCAGGTCCTCCAGTCG GAGCTCCAGCAGCAGCAGGAGCTCGGGGACCAGCT CAGATTCCTCCTCAGGGAAATGTTCAAAACCCAAGC GGGTATACACATGAACCCCCGCGCATTTCAAGAGCT GTAA	604
AB060596.1	BAB69915.1	ORF2	ATGAGCTGGTGTACTCCAGTTGAAAATGCCTATAAG	605

[0654]

			AGAGAGATCCACTTTCTCAGGGGCTGTCAACTGCTT CACACTAGCTTTTGTGGTTGCGATGATTTTATTAATC ATATTATTCGCCTACAAAATCTTCACGGCAACCTACA CCAGCCCACGGGACCGTCCACACCTCCAGTGACCC GTAGAGCTCTGGCCTTGCCGGCTGCTCCGGAGTCA TGGCGTTCCGGTGGTGGTGGTGGAGACGCCGCCC GCAGCGACGATGGACCCGGCGCCGATGGAGGAGA CTACGAACCCGCCGACCTAGACGCACTGTACGACG CCGTCGCCGCAGACCAAGAGTAA	
AB060592.1	BAB69899.1	ORF2	ATGAGCTTTGTAGAACCGTTACTAAGCAGCACCCAC CGAGAGATAGCATTCTACCATGGCTGTGTTCAAATG CACAAGGCCTTCTGTGGCTGTGACAACTTTCTTACC CACCTGCAGCGCATAACAACATACATCTCTGCTAAT CAACACACTCCACCCAGCACACCCTCAAACACCCTC CGTAGAGCCCGGGCCCTGCCCGCGGCTCCGGAGC CAGCTCCATGGCGTGGACCTGGTGGTGGCAGAGGA GGCGCCGAAGGTGGCCGTGGAGAAGGAGAAGGTG GAGAAGACTACGCACCAGAAGACCTAGACGACTTGT TCGCCGCCGTCGCAAGAGATACAGAGTAA	606
AB060593.1	BAB69903.1	ORF2	ATGAGTCTGTGGCGACCCCCGGTCCACAATGCCCC CGGCAGAGAGAGACTTTGGTTTCAGGCCTGTTACGA ATCTCACAGTGCTTTTTGTGGCTGTGGTAGCTTTATT CTTCATCTTACTAGCTTGGCTGCACGTTTTAATTTTC AGGCCGGGCCACCGCCTCCCGGGGGTCCCCGGGC GGAGACCCCGCCGATTCTGAGGGCGCTGCCGGCAC CCCAGCCGCGCCGCCACCGCCAGACGGAGAACCC CGGGTCTGAGCCATGGCCTGGAGATGGTGGTGGAG ACGGCGCTGGAAGCCAAGAAGGCGGCCAGCGTGG ACCAAGTACCGCAGACGCAGGTGGAGACGACTTCG ACCCCGCAGACCTAGAAGACTTGCTCGCGGCCGTC GAAGAAGACGAACAGTAA	607
AB060595.1	BAB69911.1	ORF2	ATGAATCTCTGGCGACCCCCTCTGAGAAATATCCCC CACAGGGAGAGATGTTGGCTTGAGGCCTGTCTCAG AGCCCACGATTCTTTTTGTGGCTGTCCTAGTCCTATT GTTCATTTTTCTAGTCTGGTTGCACGTTTTAATCTAC AAGGAGGCCCGCCGCCAGAGGATGACTCCCCACAG GGCGCGCCAGTCCTGAGGGCCCTGCCGGCACCGA GCCCCCACAGGCACACCCGCACGGAGAACCCCTCC GGTGAGCCATGGCCTACTCCTACTGGTGGCGCCGC CGGAGGTGGCCGTGGAGAGGCCGATGGAGGCGCT GGAGGCGCCGCAGACGAATACCGCGCCGAAGACCT AGACGACCTGTTCGCCGCTATCGAAGGAGACCAGT AA	608
AB064596.1	BAB79313.1	ORF2	ATGCCGTGGAGACCGCCGGCTCATAACGTCCAGGG GCGAGAGAGCCAGTGGTTCGCGGCTTGTTTTCACG GCCACGCTTCGTTTTGCGGCTGCGGTGACTTTATTG GGCATATTAACAGCCTTGCTCCTCGCTTTCCTAACAA CCAAGGACCCCCGCATCCACCTGCCTTAAACAGGC CACCTGCACAGGGCCCAGAAAGCCCCGGGGGTTCC ATACTACCCCTGCCAGCCCTACCGGCACCACCTGAT CCGCCACCACGGCCTGGTGGTGGGGAAGACGGTG GCGACGCCGCCCGTGGGGCCGCTGGCGCCGCCGA AGGCGCGTATGGAGAAGAAGACCTAGAACTGCTGTT CGCCGCCGCCGAGGAAGACGATATGTGA	609
AB064597.1	BAB79317.1	ORF2	ATGCCGTGGAGACCGCCGGTGCATAGTGTCCAGGG GCGAGAGGATCAGTGGTTCGCGAGCTTTTTTCACGG CCACGCTTCATTTTGCGGTTGCGGTGACGCTGTTGG CCATCTTAATAGCATTGCTCCTCGCTTTCCTCGCGC CGGTCCACCAAGGCCCCCTCCGGGGCTAGAGCAGC CTAACCCCCCGCAGCAGGGCCCGGCCGGGCCCGG AGGGCCGCCCGCCATCTTGGCGCTGCCGGCTCCGC CCGCGGAGCCTGACGACCCGCAGCCACGGCGTGG	610

			TGGTGGGGACGGTGGCGCCGCCGCTGGCGCCGCA GGCGACCGTGGAGACCGAGACTACGACGAAGAAGA GCTAGACGAGCTTTTCCGCGCCGCCGCCGAAGACG ATTTGTAA	
AB064599.1	BAB79325.1	ORF2	ATGCCGTGGTCTCTGCCGAGACATAATATCAGAACG AGAGAAGATCTCTGGGTGCAATCGATTCTTTATTCAC ATGACACTTTTTGTGGCTGTGATAATATTCCTGAGCA TCTTACTGGCCTCCTGGGCGGCGTACGACCAGCTC CACCTAGAAACCCAGGACCCCCTACCATACGGAGC CTGCCGGCACTGCCGCCAGCTCCGGAACCCCCTGA GGAACCACGGCGTGGTGGAGATACAGACGGAGACC GTGGAGAAGATGGAGGAGACGCCGCTGGGGCCTAC GAACCCGAAGACCTAGAAGAACTTTTCGCCGCCGC CGAGCAAGACGATATGTGA	611
AB064600.1	BAB79329.1	ORF2	ATGTCGTGGAGACCGCCGAGCCAAAATTTACTGCAA AGAGAAGAGGCCTGGTACTCAGCTTTTCTTAGCTCG CATTCTACATTTTGCGGTTGTACTGACCCTCTGCTGC ATATTACTCTCATTGCTGGCCGCCTTACTAACCCCGT ACCCGTCACCCGCCAACCGGAGACCCCTCCTAACG GCCTCAGGGGGCTGCCGGCACTGCCAGCACCCCCT GAACCACCAGCACCGCCACCACGGCCTGGGGATGG TACCGGAGAAGAAGATGGCGCCCATGGAGAAGGAG AAGGTGGGCGATACGCAGAAGAAGACCTAGAAGAA CTGTTCGCCGCCGCGGCAGAAGACGATATGTGA	612
AB064601.1	BAB79333.1	ORF2	ATGTCGTGGGCTCCGCCGCTATTCAACTCGAAACAG AGAGAGGACCAGTGGTACCAGTCAATTATTTTCAGC CATAATACTTTTTGCGGCTGCGGTGACCTTGTTAGG CATTTTTGCGTCGTTGCTTCTCGCTTTACTGAGCCTC CTGTAGTGCCGGCCCTACCGGCACCGGTACCGGCA CCGCCACGGCGTGGTACAGAAGAAGAAGGTGGAGA CCGTGGAGAAGACGCCGCAGACCGTGGACCCTACG CAGAAGAAGAGCTAGAAGATTTGTTCGCCGCCGCC CGAGAAGACGATATGTGA	613
AB064602.1	BAB79337.1	ORF2	ATGCCGTGGCATCCACCGGGCTACAACGTTCAACA GAGAGAAGAGCTCTGGGTACAGACAGTTACTACTTC ACATGCTACTTTTTGCGGCTGTGGTGACCCTAGTAG CCATCTTCACCGCATTCTTAGCCGCCTTAATAACAG CAGCCGGCGGCCCCCCGAAACCCCAAACCCCATTC GTGCCCTACCGGCCCTACCGGCACCCCAAGAACCT GAACAGCCGCCATCACGGCCTGGTACCGGTACAGA AGAAGGCCATGGCGCCGAAGGAGGCGACCGAGGT GGGGCCTACGCAGAAGAAGATTTAGAAGATCTTTTC GCGGCCGCGGAAGAAGACGATATGTGA	614
AB064603.1	BAB79341.1	ORF2	ATGTCGTGGCGACCGCCGTTGCATTCTATCCAAGGC AGAGAAGATCAATGGTATGCAGGCATCTTTCATACG CATTTTGCTTTTTGCGGTTGTGGTGACCCTGTTGGG CGTATTAACCGCATTGCTCACCGCTTTCCTAACGCC GGTCCCCCGAGACCACCTCCAGGGCTAGACCAGCC CAACCTCGGAGGGCCGGAAGGTCCAGGAGGTGCC CCTAGAGCCCTGCCAGCCCTGCCGGCCCCGGCAGA GCCAGAGCCGGCACCACGGCGTGGTGGTGGGGCC GATGGAGACAGCGCCGCTGGGGCCGCCGCCGCCG CAGACCATGGAGGGTACGACGAAGGAGACCTAGAA GATCTTTTCGCCGCCGCCGCCGAGGACGATATGTG A	615
AB064604.1	BAB79345.1	ORF2	ATGAGTATTTGGAGGCCTCCACTGCACAATGTCCCG GGACTCGAACACCTCTGGTACGAGTCAGTGCATCGT AGCCATGCTGCTGTTTGTGGCTGTGGGGATCCTGTA CGCCATCTTACTGCTCTTGCTGAAAGATATGGCATT CCGGGAGGGTCGCGGTCTTCTGGGGCACCGGGAG TAGGGGGCAACCACAACCCTCCCCAGATCCGTCGA GCCCGCCACCCGGCGGCTGCTCCGGACCCCCCAG	616

[0655]

			CAGGTAACCAGCCTCCGGCCCTGCCATGGCATGGG GATGGTGGAAACGAAAGCGGCGCTGGTGGTGGAGA AAGCGGTGGACCCGTGGCCGACTTCGCAGACGATG GCCTAGACGATCTCGTCGCCGCCCTCGACGAAGAA GAGTAA	
AB064606.1	BAB79353.1	ORF2	ATGAGCTTCTGGAGACCTCCGGTGCACAATGCCAC GGGGATCCAGCGCCTGTGGTACGAGTCCTTTCACC GTGGCCATGCTGCTTTTTGTGGTTGTGGGGATCCTA TACTTCACATTACTGCACTTGCTGAGACATATGGCCA TCCAACAGGCCCGAGACCTTCTGGGCCACCGCGAG TAGACCCCGATCCCCAGATCCGTAGAGCCAGGCCT GCCCCGGCCGCTCCGGAGCCCTCACAGGTTGAGCC GAGACCTGCCCTGCCATGGCATGGGGATGGTGGAA GCGACGGCGGCGCTGGTGGTTCCGGAAGCGGTGG ACCCGTGGCAGACTTCGCAGACGATGGCCTCGATC AGCTCGTCGCCGCCCTAGACGACGAAGAGTAA	617
DQ003341.1	AAX94181.1	ORF2	ATGGGCAAGGCTCTTAGAGTATTTATTCTTAATATGC GCTTTTCCAGAATTTACAAACAGAAGAAGAGGCCAC TGCCACTGCTTCTGGTGCGAGTTGAACCGAAAGCAT TCGCTAGTGATATGAGTTGGCGCCCTCCCGTTCACA ATGCGGCAGGAATTGAGCGACAGCTCCTTGAGGGC TGCTTTCGATTTCACGCTGCCTGTTGCGGTTGTGGC AGTTTTATTACTCATCTTACTATACTGGCTGCTCGCT ATGGTTTTACTGGGGGGCCGGCGCCGCCAGGTGGT CCTGGGGCGCTGCCATCGCTGAGACGGGCTCAGCC CGCGCCGGCGGCCCCCGAGAACCAGCCTGAACCA GAGCTATGGCGTGGTCGTGGTGGTGGAGGCGACG GAAACGCTGGTGGCCGCGCAGAAGGAGGCGATGG AGGAGATTTCGCACCCGAAGAGCTAGACGAGCTGTT CCGCGCCGTCGCCGCCGACGAAGAGTAA	618
DQ003342.1	AAX94184.1	ORF2	ATGGGCAAGGCTCTTAGAGTATTTATTCTTAATATGC GCTTTTCCAGAATTTACAAACAGAAGAAGAGGCCAC TGCCACTGCTTCTGGTGCGAGTTGAACCGAAAGCAT TCGCTAGTGATATGAGTTGGCGCCCTCCCGTTCACA ATGCGGCAGGAATTGAGCGACAGCTCCTTGAGGGC TGCTTTCGATTTCACGCTGCCTGTTGCGGTTGTGGC AGTTTTATTACTCATCTTACTATACTGGCTGCTCGCT ATGGTTTTACTGGGGGGCCGGCGCCGCCAGGTGGT CCTGGGGCGCTGCCATCGCTGAGACGGGCTCAGCC CGCGCCGGCGGCCCCCGAGAACCAGCCTGAACCA GAGCTATGGCGTGGTCGTGGTGGTGGAGGCGACG GAAACGCTGGTGGCCGCGCAGAAGGAGGCGATGG AGGAGATTTCGCACCCGAAGAGCTAGACGAGCTGTT CCGCGCCGTCGCCGCCGACGAAGAGTAA	619
DQ003343.1	AAX94187.1	ORF2	ATGGGCAAGGCTCTTAGAGTATTCATTCTTAATATGC GCTTTTCCAGAATTTACAAACAGAAGAAGAGGCCAC TGCCACTGCTTCTGGTGCGAGTTGAACCGAAAGCAC TCGCTAGTGATATGAGTTGGCGCCCTCCCGTTCACA ATGCGGCAGGAATTGAGCGACAGCTCCTTGAGGGC TGCTTTCGATTTCACGCTGCCTGTTGCGGTTGTGGC AGTTTTATTACTCATCTTACTATACTGGCTGCTCGCT ATGGTTATACTGGGGGGCCGGCGCCGCCAGGTGGT CCTGGGGCGCTGCCATCGCTGAGACGGGCTCTGCC CGCGCCGGCGGCCCCCGAGAACCAGCCTGAACCA GAGCTATGGCGTGGTCGTGGTGGTGGAGGCGACG GAAACGCTGGTGGCCGCGCAGAAGGAGGCGATGG AGGAGATTTCGCACCCGAAGAGCTAGACGAGCTGTT CCGCGCCGTCGCCGCCGACGAAGAGTAA	620
DQ003344.1	AAX94190.1	ORF2	ATGGGCAAGGCTCTTAGAGTATTCATTCTTAATATGC GCTTTTCCAGAATTTACAAACAGAAGAAGAGGCCAC TGCCACTGCTTCTGGTGCGAGTTGAACCGAAAGCAC TCGCTAGTGATATGAGTTGGCGCCCTCCCGTTCACA	621

[0656]

[0657]

			ATGCGGCAGGAATTGAGCGACAGCTCCTTGAGGGC TGCTTTCGATTTCACGCTGCCTGTTGCGGTTGTGGC AGTTTTATTACTCATCTTACTATACTGGCTGCTCGCT ATGGTTATACTGGGGGGCCGGCGCCGCCAGGTGGT CCTGGGGCGCTGCCATCGCTGAGACGGGCTCTGCC CGCGCCGGCGGCCCCCGAGAACCAGCCTGAACCA GAGCTATGGCGTGGTCGTGGTGGTGGAGGCGACG GAAACGCTGGTGGCCGCGCAGAAGGAGGCGATGG AGGAGATTTCGCACCCGAAGAGCTAGACGAGCTGTT CCGCGCCGTCGCCGCCGACGAAGAGTAA	
DQ186994.1	ABD34285.1	ORF2	ATGGGCAAGGCTCTTAGAGTATTCATTCTTAATATGC GCTTTTCCAGAATTTACAAACAGAAGAAGAGGCCAC TGCCACTGCTTCTGGTGCGAGTTGAACCGAAAGCAC TCGCTAGTGATATGAGTTGGCGCCCTCCCGTTCACA ATGCGGCAGGAATTGAGCGACAGCTCCTTGAGGGC TGCTTTCGATTTCACGCTGCCTGTTGCGGTTGTGGC AGTTTTATTACTCATCTTACTATACTGGCTACTCGCT ATGGTTTTACTGGGGGGCCGGCGCCGCCAGGTGGT CCTGGGGCGCTGCCATCGCTGAGACGGGCTCTGCC CGCGCCGGCGGCCCCCGAGAACCAGCCTGAACCA GAGCTATGGCGTGGTCGTGGTGGTGGAGGCGACG GAAACGCTGGTGGCCGCGCAGAAGGAGGCGATGG AGGAGATTTCGCACCCGAAGAGCTAGACGAGCTGTT CCGCGCCGTCGCCGCCGACGAAGAGTAA	622
DQ186995.1	ABD34287.1	ORF2	ATGGGCAAGGCTCTTAGAGTATTCATTCTTAATATGC GCTTTTCCAGAATTTACAAACAGAAGAAGAGGCCAC TGCCACTGCTTCTGGTGCGAGTTGAACCGAAAGCAC TCGCTAGTGATATGAGTTGGCGCCCTCCCGTTCACA ATGCGGCAGGAATTGAGCGACAGCTCCTTGAGGGC TGCTTTCGATTTCACGCTGCCTGTTGCGGTTGTGGC AGTTTTATTACTCATCTTACTATACTGGCTACTCGCT ATGGTTTTACTGGGGGGCCGGCGCCGCCAGGTGGT CCTGGGGCGCTGCCATCGCTGAGACGGGCTCTGCC CGCGCCGGCGGCCCCCGAGAACCAGCCTGAACCA GAGCTATGGCGTGGTCGTGGTGGTGGAGGCGACG GAAACGCTGGTGGCCGCGCAGAAGGAGGCGATGG AGGAGATTTCGCACCCGAAGAGCTAGACGAGCTGTT CCGCGCCGTCGCCGCCGACGAAGAGTAA	623
DQ186996.1	ABD34289.1	ORF2	ATGGGCAAGGCTCTTAGGGTCTTCATTCTTAATATGT TCCTTGGCAGGGTTTACCGCCACAAGAAAAGGAAAG TGCTACTGTCTACACTGCGAGCTCCACAGGCGTCTC GCAGGGCTATGAGTCGGCGACCCCCGGTACACGAT GCACCCGGCATCGAGCGCAATTGGTACGAGGCCTG TTTCAGAGCCCACGCTGGAGCTTGTGGCTGTGGCA ATTTTATTATGCACCTTAATCTTCTGGCTGGGCGTTA TGGTTTTACTCCGGGGTCAGCGCCGCCAGGTGGTC CTCCTCCGGGCACCCCGCAGATAAGAAGAGCCAGA CCTAGTCCCGCCGCACCCCAAGAGCCCGCTGCTCT ACCATGGCATGGGGATGGTGGAGATGGCGGCGCC GCTGGCCCGCCAGACGCTGGAGGAGACGCCGTCG CCGGCGCCCCGTACGGAGAACAAGAGCTCGCCGAC CTGCTCGACGCTATAGAAGACGACGAACAGTAA	624
DQ186997.1	ABD34291.1	ORF2	ATGGGCAAGGCTCTTAGGGTCTTCATTCTTAATATGT TCCTTGGCAGGGTTTACCGCCACAAGAAAAGGAAAG TGCTACTGTCCACACTGCGAGCTCCACAGGCGTCTC GCAGGGCTATGAGTTGGCGACCCCCGGTACACGAT GCACCCGGCATCGAGCGCAATTGGTACGAGGCCTG TTTCAGAGCCCACGCTGGAGCTTGTGGCTGTGGCA ATTTTATTATGCACCTTAATCTTCTGGCTGGGCGTTA TGGTTTTACTCCGGGGTCAGCGCCGCCAGGTGGTC CTCCTCCGGGCACCCCGCAGATAAGAAGAGCCAGA CCTAGTCCCGCCGCACCCCAAGAGCCCGCTGCTCT	625

			ACCATGGCATGGGGATGGTGGAGATGGCGGCGCC GCTGGCCCGCCAGACGCTGGAGGAGACGCCGTCG CCGGCGCCCCGTACGGAGAACAAGAGCTCGCCGAC CTGCTCGACGCTATAGAAGACGACGAACAGTAA	
DQ186998.1	ABD34293.1	ORF2	ATGGGCAAGGCTCTTAGGGTCTTCATTCTTAATATGT TCCTTGGCAGGGTTTACCGCCACAAGAAAAGGAAAG TGCTACTGTCCACACTGCGAGCTCCACAGGCGTCTC GCAGGGCTATGAGTTGGCGACCCCCGGTACACGAT GCACCCGGCATCGAGGCGCAATTGGTACGAGGCCTG TTTCAGAGCCCACGCTGGGGCTTGTGGCTGTGGCA ATTTTATTATGCACCTTAATCTTCTGGCTGGGCGTTA TGGTTTTACTCCGGGGTCAGCGCCGCCAGGTGGTC CTCCTCCGGGCACCCCGCAGATAAGAAGAGCCAGA CCTAGTCCCGCCGCACCCCAAGAGCCCGCTGCTCT ACCATGGCATGGGGATGGTGGAGATGGCGGCGCC GCTGGCCCGCCAGACGCTGGAGGAGACGCCGTCG CCGGCGCCCCGTACGGAGAACAAGAGCTCGCCGAC CTGCTCGACGCTATAGAAGACGACGAACAGTAA	626
DQ186999.1	ABD34295.1	ORF2	ATGCACTTTTCTCGAATAAGCAGAAAGAAAAGGAAA GTGCTACTGCTTTGCGTGCCAGCAGCTAAGAAAAAA CCAACTGCTATGAGCTTCTGGAGACCTCCGGTGCAC AATGTCACGGGGATCCAGCGCCTGTGGTACGAGTC CTTTCACCGTGGCCATGCTGCTTTTTGTGGTTGTGG GGATCCTATACTTCACATTACTTCACTTGCTGAGACA TATGGCCATCCAACAGGCCCGAGACCTTCTGGGTCA TCGGGAATAGACCCCACTCCGCCCATCCGTAGAGC CAGGCCTGCCCCGGCCGCTCCGGAACCCTCACAGG TTGACTCCAGACCGGCCCTGCCATGGCATGGAGAT GGTGGAAGCGACGGAGGCGCTGGTGGTTCCGCAA GCGGTGGACCCGTGGCAGACTTCGCAGACGATGGC CTCGACCAGCTCGTCGCCGACCTAGACGACGAAGA GTAA	627
DQ187000.1	ABD34297.1	ORF2	ATGCACTTTTCTCGAATAAGCAGAAAGAAAAGGAAA GTGCTACTGCTTTGCGTGCCAGCAGCTAAGAAAAAA CCAACTGCTATGAGCTTCTGGAGACCTCCGGTGCAC AATGTCACGGGGATCCAGCGCCTGTGGTACGAGTC CTTTCACCGTGGCCATGCTGCTTTTTGTGGTTGTGG GGATCCTATACTTCACATTACTTCACTTGCTGAGACA TATGGCCATCCAACAGGCCCGAGACCTTCTGGGTCA TCGGGAATAGACCCCACTCCGCCCATCCGTAGAGC CAGGCCTGCCCCGGCCGCTCCGGAACCCTCACAGG TTGACTCCAGACCGGCCCTGCCATGGCATGGAGAT GGTGGAAGCGACGGAGGCGCTGGTGGTTCCGCAA GCGGTGGACCCGTGGCAGACTTCGCAGACGATGGC CTCGACCAGCTCGTCGCCGACCTAGACGACGAAGA GTAA	628
DQ187001.1	ABD34299.1	ORF2	ATGCACTTTTCTCGAATAAGCAGAAAGAAAAGGAAA GTGCTACTGCTTTGCGTGCCAGCAGCTAAGAAAAAA CCAACTGCTATGAGCTTCTGGAGACCTCCGGTGCAC AATGTCACGGGGATCCAGCGCCTGTGGTACGAGTC CTTTCACCGTGGCCATGCTGCTTTTTGTGGTTGTGG GGATCCTATACTTCACATTACTTCACTTGCTGAGACA TATGGCCATCCAACAGGCCCGAGACCTTCTGGGTCA TCGGGAATAGACCCCACTCCGCCCATCCGTAGAGC CAGGCCTGCCCCGGCCGCTCTGGAACCCTCACAGG TTGACTCCAGACCGGCCCTGCCATGGCACGGAGAT GGTGGAAGCGACGGAGGCGCTGGTGGTTCCGCAA GCGGTGGACCCGTGGCAGACTTCGCAGACGATGGC CTCGACCAGCTCGTCGCCGACCTAAACGACGAAGA GTAA	629
DQ187002.1	ABD34301.1	ORF2	ATGCACTTTTCTCGAATAAGCAGAAAGAAAAGGAAA GTGCTACTGCTTTGCGTGCCAGCAGCTAAGAAAAAA	630

[0658]

			CCAACTGCTATGAGCTTCTGGAGACCTCCGGTGCAC AATGTCACGGGGATCCAGCGCCTGTGGTACGAGTC CTTTCACCGTGGCCATGCTGCTTTTTGTGGTTGTGG GGATCCTATACTTCACATTACTTCACTTGCTGAGACA TATGGCCATCCAACAGGCCCGAGACCTTCTGGGTCA TCGGGAATAGACCCCACTCCGCCCATCCGTAGAGC CAGGCCTGCCCCGGCCGCTCCGGAACCCTCACAGG TTGACTCCAGACCGGCCCTGCCATGGCATGGAGAT GGTGGAAGCGACGGAGGCGCTGGTGGTTCCGCAA GCGGTGGACCCGTGGCAGACTTCGCAGACGATGGC CTCGACCAGCTCGTCGCCGACCTAAACGACGAAGA GTAA	
DQ187003.1	ABD34303.1	ORF2	ATGCACTTTTCTCGAATAAGCAGAAAGAAAAGGAAA GTGCTACTGCTTTGCGTGCCAGCAGCTAAGAAAAAA CCAACTGCTATGAGCTTCTGGAGACCTCCGGTGCAC AATGTCACGGGGATCCAGCGCCTGTGGTACGAGTC CTTTCACCGTGGCCATGCTGCTTTTTGTGGTTGTGG GGATCCTATACTTCACATTACTTCACTTGCTGAGACA TATGGCCATCCAACAGGCCCGAGACCTTCTGGGTCA TCGGGAATAGACCCCACTCCGCCCATCCGTAGAGC CAGGCCTGCCCCGGCCGCTCCGGAACCCTCACAGG TTGACTCCAGACCGGCCCTGCCATGGCATGGAGAT GGTGGAAGCGACGGAGGCGCTGGTGGTTCCGCAA GCGGTGGACCCGTGGCAGACTTCGCAGACGATGGC CTCGACCAGCTCGTCGCCGACCTAGACGACGAAGA GTAA	631
DQ187004.1	ABD34304.1	ORF2	ATGTTTTTCGGTAGACATTGGCGAAAGAAAAGGGCA CTGTTACTGTCTAGCTTGCGAACTTCAAAGAAGAAA CCACCTGCAATGAGCCAGTGGTGCCCGCCTGTGCA CAGCGTTCAGGGTCGCAACCACCAGTGGTATGAAG CCTGCTACCGTGGCCATGCTGCTTATTGTGGCTGTG GCGATTTTATTAGTCACCTTGTTGCTCTGGGTAATCA GTTTGGCTTCAGGCCGGGTCCCCGAGCTCCTGGCG CACCGGGGCTAGGGGGACCCCCCGTTCTGCCCCGT AGAGCCCTGCCGGCACCCCCGGCTGAGGCTCCGG AGCACCAGCAGGGCAACAACAACAACAACCAGCAG CTGCAGAGATGGCCTGGGGATGGTGGAAACGCAGA CGGCGCCGATGGTGGAGAGGCCTCTGGAGGAGAC GCCGCTTTGCCAGAAGACGACCTAGACGGCCTGCT CGCCGCCCTAGACGACGAAGAGTAA	632
DQ187005.1	ABD34306.1	ORF2	ATGTTTTTCGGTAGGCATTGGCGAAAGAAAAGGGCA CTGTTACTGTCTAGCTTGCGAACTTCAAAGAAGAAA CCACCTGCAATGAGCCAGTGGTGCCCGCCTGTGCA CAGCGTTCAGGGTCGCAACCACCAGTGGTATGAAG CCTGCTACCGTGGCCATGCTGCTTATTGTGGCTGTG GCGATTTTATTAGTCACCTTGTTGCTCTGGGTAATCA GTTTGGCTTCGGGCCGGGTCCCCGAGCTCCTGGCG CACCGGGGCTAGGGGGACCCCCCGTTCTGCCCCGT AGAGCCCTGCCGGCACCCCCGGCTGAGGCTCCGG AGCACCAGCAGGGCAACAACAACAACAACCAGCAG CTGCAGAGACGGCCTGGGGATGGTGGAAACGCAGA CGGCGCCGATGGTGGAGAGGCCTCTGGAGGAGAC GCCGCTTTGCCAGAAGACGACCTAGACGGCCTGCT CGCCGCCCTAGACGACGAAGAGTAA	633
DQ187007.1	ABD34309.1	ORF2	ATGTTTTTCGGTAGGCATTGGCGAAAGAAAAGGGCA CTGTTACTGTCTAGCTTGCGAACTTCAAAGAAGAAA CCACCTGCAATGAGCCAGTGGTGCCCGCCTGTGCA CAGCGTTCAGGGTCGCAACCACCAGTGGTATGAAG CCTGCTACCGTGGCCATGCTGCTTATTGTGGCTGTG GCGATTTTATTAGTCACCTTGTTGCTCTGGGTAATCA GTTTGGCTTCAGGCCGGGTCCCCGAGCTCCTGGCG CACCGGGGCTAGGGGGACCCCCCGTTCTGCCCCGT	634

[0659]

[0660]

			AGAGCCCTGCCGGCACCCCCGGCTGAGGCTCCGG AGCACCAGCAGGGCAACAACAACAACAACCAGCAG CTGCAGAGATGGCCTGGGGATGGTGGAAACGCAGA CGGCGCCGATGGTGGAGAGGCCTCTGGAGGAGAC GCCGCTTTGCCAGAAGACGACCTAGACGGCCTGCT CGCCGCCCTAGACGACGAAGAGTAA	
EF538879.1	ABU55886.1	ORF2	ATGCACTTTTCTCGAATAAGCAGAAAGAAAAGGAAA GTGCTACTGCTTTGCGTGCCAGCAGCTAAGAAACAA CCAACTGCTATGAGCTTCTGGAGACCTCCGATACAC AATGTCACGGGGATCCAGCGCCTGTGGTACGAGTC CTTTCACCGTGGCCATGCTGCTTTTTGTGGTTGTGG GGATCCTATACTTCACATTACTGCACTTGCTGAGACA TATGGCCATCCAACAGGCCCGAGACCTTCTGGGTCA TCGGGAATAGACCCCACTCCCCCAATCCGTAGAGC CAGGCCCGCCCCGGCCGCTCCGGAGCCCTCACAG GCTGAGTCCAGACCGGCCCTGCCATGGCATGGAGA TGGTGGAAGCGACGGAGGCGCTGGTGGTTCCGCAA GCGGTGGACCCGTGGCAGACTTCGCAGACGATGGC CTCGACCAGCTCGTCGCCGCCCTAGACGACGAAGA GTAA	635
FJ426280.1	ACK44072.1	ORF2	ATGTTTCTCGGCAGGGTGTGGAGGAAACAGAAAAG GAAAGTGCTTCTGCTGGCTGTGCGAGCTACACAGAA AACATCTTCCATGAGTATCTGGCGTCCCCCTCTCGG GAATGTCTCCTACAGGGAGAGAAATTGGCTTCAGGC CGTCGAAGGATCCCACAGTTCCTTTTGTGGCTGTGG TGATTTTATTCTTCATCTTACTAATTTGGCTGCACGC TTTGCTCTTCAGGGGCCCCCGCCGGAGGGTGGTCC TCCTCGGCCGAGGCCGCCGCTCCTGAGAGCGCTGC CGGCCCCCGAGGTCCGCAGGGAAACGCGCACAGA GAACCCGGGCGCCTCCGGTGAGCCATGGCCTGGC GATGGTGGTGGCAGAGACGATGGCGCCGCCGCCC GTGGCCCCGCAGACGGTGGAGACGCCTACGACGC CGGAGACCTCGACGACCTGTTCGCCGCCGTCGAAG ACGAGCAACAGTAA	636
FJ392105.1	ACR20258.1	ORF2	CTGCCACTGCTACCTGTGCCAGCTACACCGCAAGAA CGGCCTAGTCGTGCGCCCCTGATGGCCTGCGGACC CAGAGGATGGATGCCCCCCAACTTCGGGGGACACG ACAGAGAAAATGCTTGGTGCAAATCTGTTAAATTGTC TCATGATGCTTTCTGTGGCTGCGACGATCCTCTTAC CCATCTTGCTGCTCTGCTACCAAGCAGACAAGCTTC TCGTCAGAATACTCCTTCTGCTCCACCTCCGCGCCC CCCGCCGCCGACCCCGAGGCAGGGCCAGGGCTCT GGGCCGCCTCAGGGGCGAATCAGACCGTCCTGGTC CCTCCCGGTGACCCCACCCGCTGACGAGCCATGGC AGCCTGGTGGTGGGGCAGGCGGAGACGCTGGCGC AGGTGGAGGCGCCGCCGCCTCCCTCGCCGCCGCC GCTGGCGACGGAGGAGACGGTGGCCCAGAAGACG CAGGCGGAGATGGCCGCGCAGACGCAGACGTCGC AGACCTGCTCGCCGCCCTAGAAGGAGACGCAGACG CCGAAGGGTAA	637
FJ392107.1	ACR20261.1	ORF2	GATCCTCTTACCCATCTTGCTGCTCTGCTACCAGGC AGACAAGCTTCTCGTCAGAATACTCCTTCTGCTCCA CCTCCGCGCCCCCCGCCGCCGACCCCGAGGCAGG GCCAGGGCTCTGGGCCGCCTCAGGGGCGAATCAGA CCGTCCTGGTCCCTCCCGGTGACCCCACCCGCTGA CGAGCCATGGCAGCCTGGTGGTGGGGCAGGCGGA GACGCTGGCGCAGGTGGAGGCGCCGCCGCCTCCC TCGCCGCCGCCGCTGGCGACGGAGGAGACGGTGG CCCAGAAGACGCAGGCGGAGATGGCCGCGCAGAC GCAGACGTCGCAGACCTGCTCGCCGCCCTAGAAGG AGACGCAGACGCCGAAGGGTAA	638

[0661]

FJ392108.1	ACR20263.1	ORF2	TCTCATGATGCTTTCTGTGGCTGCGACGATCCTCTT ACCCATCTTGCTGCTCTGCTACCAGGCAGACAAGCT TCTCGTCAGAATACTCCTTCTGCTCCACCTCCGCGC CCCCCGCCGCCGACCCCGAGGCAGGGCCAGGGCT CTGGGCCGCCTCAGGGGCGAATCAGACCGTCCTGG TCCCTCCCGGTGACCCCACCCGCTGACGAGCCATG GCAGCCTGGTGGTGGGGCAGGCGGAGACGCTGGC GCAGGTGGAGGCGCCGCCGCCTCCCTCGCCGCCG CCGCTGGCGACGGAGGAGACGGTGGCCCAGAAGA CGCAGGCGGAGATGGCCGCGCAGACGCAGACGTC GCAGACCTGCTCGCCGCCCTAGAAGGAGACGCAGA CGCCGAAGGGTAA	639
FJ392111.1	ACR20268.1	ORF2	CAAGAACGGCCTAGTCGTGCGCCCCTGATGGCCTG CGGACCCAGAGGATGGATGCCCCCCAACTTCGGGGG GACACGACAGAGAAAATGCTTGGTGCAAATCTGTTA AATTGTCTCATGATGCTTTCTGTGGCTGCGACGATC CTCTTACCCATCTTGCTGCTCTGCTACCAGGCAGAC AAGCTTCTCGCCAGAATACTCCTTCTGCTCCACCTC CGCGCCCCCCGCCGCCGACCCCGAGGCAGGGCCA GGGCTCTGGGCCGCCTCAGGGGCGAATCAGACCGT CCTGGTCCCTCCCGGTGACCCCACCCGCTGACGAG CCATGGCAGCCTGGTGGTGGGGCAGGCGGAGACG CTGGCGCAGGTGGAGGCGCCGCCGCCTCCCTCGC CGCCGCCGCTGGCGACGGAGGAGACGGTGGCCCA GAAGACGCAGGCGGAGATGGCCGCGCAGACGCAG ACGTCGCAGACCTGCTCGCCGCCCTAGAAGGAGAC GCAGACGCCGAAGGGTAA	640
FJ392112.1	ACR20270.1	ORF2	CTGCTACCTGTGCCAGCTACACCGCAAGAACGGCC TAGTCGTGCGCCCCTGATGGCCTGCGGACCCAGAG GATGGATGCCCCCCAACTTCGGGGGACACGACAGA GAAAATGCTTGGTGCAAATCTGTTAAATTGTCTCATG ATGCTTTCTGTGGCTGCGACGATCCTCTTACCCATC TTGCTGCTCTGCTACCAGGCAGACAAGCTTCTCGTC AGAATACTCCTTCTGCTCCACCTCCGCGCCCCCCGC CGCCGACCCCGAGGCAGGGCCAGGGCTCTGGGCC GCCTCAGGGGCGAATCAGACCGTCCTGGTCCCTCC CGGTGACCCCACCCGCTGACGAGCCATGGCAGCCT GGTGGTGGGGCAGGCGGAGACGCTGGCGCAGGTG GAGGCGCCGCCGCCTCCCTCGCCGCCGCCGCTGG CGACGGAGGAGACGGTGGCCCAGAAGACGCAGGC GGAGATGGCCGCGCAGACGCAGACGTCGCAGACCT GCTCGCCGCCCTAGAAGGAGACGCAGACGCCGAAG GGTAA	641
FJ392113.1	ACR20271.1	ORF2	ATGTTCCTCGGCAGGCCGTGGAGAAAGAGGAGGGC GGCCGGGAAGAAAGGGCCACTGCCACTGCAAGCTG TGCGAGCTGCATCGCAGGAACGGTCTGACAGTGCA CCGCTGATGGCCTGCGGACCCCGGGGATGGATGCC CCCGAACTTCGGGGGACACGAGAGAGAAAATGCCT GGAGCCAGTCTGTTGTACTGTCTCATGATGCTTTCT GTGGCTGCGACGATCCTGCTACCCATCTTACTGCTC TGCTATCAGGTAGACAAGCTTCTCGTCAGAGTACTC CTTCTGCTCCACCTCCGCGCCCCCCGCCGCCGTCC CCGAGGCAGGGCCAGGGGTCTCGGTCACCTCCGG GGCGAATCAGACCATCCTGGTCCCTCCCGGTAGCC CCGCCGAGTGAAGGGCCATGGCTGCCTGGTGGTGG GGCAGGAGGCGGCGATGGCGCCGGTGGAGACGGC GCCGTCTCCCTCGCCGCCGCCGCTGGTGACGGAG GAGACGGTGGCCCAGGAGGCGTAGGCGGAGATGG CCGCGGAGACGCAGACGTCGCAGACCTGCTCGCCG CCTTAGAAGGAGACGTCGACGCAGAAGGGTAA	642
FJ392114.1	ACR20273.1	ORF2	ATGTTCCTCGGCAGGCCGTGGAGAAAGAGGAGGGC GGCCGGGAAGAAAGGGCCACTGCCACTGCAAGCTG	643

[0662]

			TGCGAGCTGCATCGCAGGAACGGTCTCACAGTGCA CCGCTGATAGCCTGCGGACCCCGGGGATGGATGCC CCCGAACTTCGGGGGACACGAGAGGGAAAATGCCT GGAGCCAGTCTGTTGTACTGTCTCATGATGCTTTCT GTGGTTGCGACGATCCTGCTACCCATCTTACTACTC TGCTATCACGCAGACAAGCTTCTCGTCAGAGTACTC CTTCTGCTCCACCTCCGCGCCCCCCGCCGCCGTCC CCGAGGCAGGGCCAGGGGTCTCGGTCGCCTCCGG GACGAATCAGACCATCCTGGTCCCTCCCGGTAGCC CCGCCGAGTGAAGGGCCATGGCTGCCTGGTGGTGG GGCAGGAGGCGGCGATGGCGCCGGTGGAGACGGC GCCGTCTCCCTCGCCGCCGCCGCTGGCGACGGAG GAGACGGTGGCCCAGGAGGCGTAGGCGGAGATGG CCGCGGAGACGCAGACGTCGCGGACCTGCTCGCC GCCTTAGAAGGAGACGTCGACGCAGAAGGGTAA	
FJ392115.1	ACR20275.1	ORF2	ATGTTCCTCGGCAGGCCGTGGAGAAAGAGGAGAGC GGCAGGGAAGAAAGGGCCACTGCCACTGCAAGCTG TGCGGGCTGCATCGCAGGAACGGTCTCACAGTGCA CCGCTGATGGCCTGCGGACCCCGGGGATGGATGCC CCCGAACTTCGGGGGACACGAGAGAGAAAATGCCT GGAGCCAGTCTGTTGTACTGTCTCATGATGCTTTCT GTGGTTGCGACGATCCTGCTACCCATCTTACTACTC TGCTATCACGCAGACAAGCTTCTCGTCAGAGTACTC CTTCTGCTCCACCTCCGCGCCCCCCGCCGCCGTCC CCGAGGCAGGGCCAGGGGTCTCGGTCGCCTCCGG GGCGAATCAGACCATCCTGGTCCCTCCCGGTAGCC CCGCCGAGTGAAGGGCCATGGCTGCYTGGTGGTGG GGCAGGAGGCGGCGATGGCGCCGGTGGAGACGGC GCCGTYTCCCTCGCCGCCGCCGCTGGCGACGGAG GAGACGGTGGCCCAGGAGGCGTAGGCGGAGATGG CCGCGGAGACGCAGACGTCGCAGACCTGCTCGCCG CCTTAGAAGGAGACGTCGACGCAGAAGGGTAA	644
GU797360.1	ADO51764.1	ORF2	ATGGCTGAGTTTATGCTGCCCGTCCGCAGAGAGGA GCCACGGCGGGGGATCCGAACGTCCCGAGGGCGG GTGCCGGAGGTGAGTTTACACACCGCAGTCAAGGG GCAATTCGGGCTCGGGACTGGCCGGGCTATGGGCA AGGCTCTTAAAAAAGCCATGTTTCTCGGTAAATTACA CAGAAAGAAGAGGGCACTGTCACTGCACGGCCTGC CAGCTACAAAGAAAAAACCACCTCCTGATATGAACT ACTGGAGGCCGCCTGTGCACAATGTCCCGGGGCTC GAACGCCTCTGGTACGAGTCCGTGCATCGTAGCCAT GCTGCTGTTTGTGGTTGTGGGGATTTTGTACGCCAT ATTACTGCTCTGGCTGAGAGATACGGCCACCCTGG GGGACCGCGCGCGCCTGGGGCACCGGGAATAGGG GGCAATCCCAATTCTCCCCCGATCCGTCGAGCCCG CCACCCGGCGGCCGCTCCGGAGCCCCCAGCAGGT AACCAGCCTCCGGCCCTGCCATGGCATGGGGATGG TGGAAACGAAGGCGCAAGTGGTGGTGGAGACGACG CTGGACTCGTGGCCGACTTCGCAAACGACGGGCTA GACGAGCTGGTCGCCGCCCTCGACGAAGAAGAGTC CCAAAAAACCCAGGGTCGACCTCGGGCCAATCCAA CAGCAAGAAAGGCCCTCCGATTCACTCCAAAGAGAA TCGAGGCCGTGGGAGACCAGCGAAGAAGAGAGCGA AGCAGAAGTCCAGCAAGAAGAGACGGAGGAGGTGC CCCTCAGACAGCAACTCCTCCACAACCTCAGAGAGC AGCAGCAACTCCGAAAGGGCCTCCAGTGCGTCTTC CAGCAGCTAATAAAGACGCAGCAGGGGGTTCACATA GACCCATCCCTACTGTAGGCCCCAGTCAGTGGCTCT TCCCCGAGAGAAAGCCTAAACCCCCTCCATCGGCC GGAGACTGGGCCATGGAGTACCTAGCTTGCAAGAT ATTCAACAGGCCGCCCCGCACTCACCTTACAGACCC TCCTTTCTACCCCTACTGCAAAAACAATTACAATGTA	645

[0663]

			ACCTTTCAGCTCAACTACAAATAA	
GU797360.1	ADO51763.1	ORF2	ATGGCTGAGTTTATGCTGCCCGTCCGCAGAGAGGA GCCACGGCGGGGGATCCGAACGTCCCGAGGGCGG GTGCCGGAGGTGAGTTTACACACCGCAGTCAAGGG GCAATTCGGGCTCGGGACTGGCCGGGCTATGGGCA AGGCTCTTAAAAAAGCCATGTTTCTCGGTAAATTACA CAGAAAGAAGAGGGCACTGTCACTGCACGGCCTGC CAGCTACAAAGAAAAAACCACCTCCTGATATGAACT ACTGGAGGCCGCCTGTGCACAATGTCCCGGGGCTC GAACGCCTCTGGTACGAGTCCGTGCATCGTAGCCAT GCTGCTGTTTGTGGTTGTGGGGATTTTGTACGCCAT ATTACTGCTCTGGCTGAGAGATACGGCCACCCTGG GGGACCGCGCGCGCCTGGGGCACCGGGAATAGGG GGCAATCCCAATTCTCCCCCGATCCGTCGAGCCCG CCACCCGGCGGCCGCTCCGGAGCCCCCAGCAGGT AACCAGCCTCCGGCCCTGCCATGGCATGGGGATGG TGGAAACGAAGGCGCAAGTGGTGGTGGAGACGACG CTGGACTCGTGGCCGACTTCGCAAACGACGGGCTA GACGAGCTGGTCGCCGCCCTCGACGAAGAAGAGTT GTTAGAGACCCCTGCACTCAGCCCACCTTCGAACTG CCCGGAGCCAGTACGCAGCCTCCACGAATACAAGT CACGGACCCGAAACTCCTCGGTCCCCACTACTCATT CCACTCGTGGGACCTCAGACGTGGCTACTATAGCAC AAAGAGTATTAAACGAATGTCAGAACACGAAGAACC TTCTGAGTTTATTTTCCCAGGTCCCAAAAAACCCAGG GTCGACCTCGGGCCAATCCAACAGCAAGAAAGGCC CTCCGATTCACTCCAAAGAGAATCGAGGCCGTGGG AGACCAGCGAAGAAGAGAGCGAAGCAGAAGTCCAG CAAGAAGAGACGGAGGAGGTGCCCCTCAGACAGCA ACTCCTCCACAACCTCAGAGAGCAGCAGCAACTCCG AAAGGGCCTCCAGTGCGTCTTCCAGCAGCTAA	646
GU797360.1	ADO51762.1	ORF2	ATGGCTGAGTTTATGCTGCCCGTCCGCAGAGAGGA GCCACGGCGGGGGATCCGAACGTCCCGAGGGCGG GTGCCGGAGGTGAGTTTACACACCGCAGTCAAGGG GCAATTCGGGCTCGGGACTGGCCGGGCTATGGGCA AGGCTCTTAAAAAAGCCATGTTTCTCGGTAAATTACA CAGAAAGAAGAGGGCACTGTCACTGCACGGCCTGC CAGCTACAAAGAAAAAACCACCTCCTGATATGAACT ACTGGAGGCCGCCTGTGCACAATGTCCCGGGGCTC GAACGCCTCTGGTACGAGTCCGTGCATCGTAGCCAT GCTGCTGTTTGTGGTTGTGGGGATTTTGTACGCCAT ATTACTGCTCTGGCTGAGAGATACGGCCACCCTGG GGGACCGCGCGCGCCTGGGGCACCGGGAATAGGG GGCAATCCCAATTCTCCCCCGATCCGTCGAGCCCG CCACCCGGCGGCCGCTCCGGAGCCCCCAGCAGGT AACCAGCCTCCGGCCCTGCCATGGCATGGGGATGG TGGAAACGAAGGCGCAAGTGGTGGTGGAGACGACG CTGGACTCGTGGCCGACTTCGCAAACGACGGGCTA GACGAGCTGGTCGCCGCCCTCGACGAAGAAGAGTA A	647
AB030487.1	BAA90404.1	ORF2a	ATGGCTGAGTTTTCCACGCCCGTCCGCAGCGAGAT CGCGACGGAGGAGCGATCGAGCGTCCCGAGGGCG GGTGCCGAAGGTGAGTTTACACACCGGAGTCAAGG GGCAATTCGGGCTCGGGACTGGCCGGGCTATGGGC AAGGCTCTTAA	648
AB030488.1	BAA90407.1	ORF2a	ATGGCTGAGTTTTCCATGCCCGTCCGCAGCGGTGAA GCCACGGAGGGAGCTCAGCGCGTCCCGAGGGCGG GTGCCGAAGGTGAGTTTACACACCGAAGTCAAGGG GCAATTCGGGCTCGGGACTGGCCGGGCTATGGGCA AGGCTCTTAA	649
AB030489.1	BAA90410.1	ORF2a	ATGGCTGAGTTTTCTATGCCCGTCCGCAGCGGCGAA	650

[0664]

			GCCACGGAGGGAGCTCAGCGCGTCCCGAGGGCGG GTGCCGGAGGTGAGTTTACACACCGAAGTCAAGGG GCAATTCGGGCTCGGGACTGGCCGGGCTATGGGCA AGGCTCTTAA	
AB030487.1	BAA90405.1	ORF2b	ATGCACTTTTCTAGGATATCCAGAAAGAAAAGGCTA CTGCTACTGCAAACAGTGCCAGCTCCACAGAAAACT TTCAAACTTTTAAGAGGTATGTGGAGTCCTCCCACT GACGATGAACGTGTCCGCGAGCGAAAATGGTTCCT CGCAACTGTTTATTCTCACTCTGCTTTCTGTGGCTGC AATGATCCTGTCGGTCACCTCTGTCGCTTGGCTACT CTTTCTAACCGTCCGGAGAACCCGGGACCCTCCGG GGGACGTCGTGCTCCTTCGATCGGGGTCCTACCCG CTCTCCCGGCTGCTACCGAGCAGCCCGGTGATCGA GCACCATGGCCTATGGGTGGTGGAGGAGACGCCGC AGAAGGTGGAAGAGATGGAGGAGAAGGCCCAGGTG GAGACGCCCATGGAGGACCCGCAGACGCAGACCTG CTAGACGCCGTGGACGCCGCAGAACAGTAA	651
AB030488.1	BAA90408.1	ORF2b	ATGCACTTTTCTAGGATACGCAGAAAGAAAAGGCTA CTGCTACTGCAAACAGTGCCAGCTCCACAGAAAACT CTCAAACTTTTAAAAGGTATGTGGAGTCCTCCCACC GACGATGAACGTGTCCGCGAGCGAAAATGGTTCCT CGCAACTATTTATTCTCACTCTACTTTCTGTGGCTGC AATGATCCTGTCGGTCACTTCTGTCGCCTGGCTACT CTGTCTAACCGCCCGGAAAACCCGGGACCCTCCGG AGGACGTAGTGCTCCTCAGATCGGGCTCCTACCCG CTCTCCCGGCTGCTCCCGAGCAACCCGGTGATCGA GCACCATGGCTTATGGGTGGTGGAGGAGACGCCGC AGGAGGTGGAAGAGATGGAGGAGAAGGCCCAGGT GGAGACGCCCATGGAGGACCCGCAGACGCAGACCT GCTGGACGCCGTGGACGCCGCAGAACAGTAA	652
AB030489.1	BAA90411.1	ORF2b	ATGCACTTTTCTAGGATACACAGAAAGAAAAGGCTA CTGCCACTGCAAACAGTGCCAACTCCACAGAAAACT CTCAAACTTTTAAAAGGTATGTGGAGTCCTCCCACC GACGATGAACGTGTCCGCGAGCGAAAATGGTTCCT CGCAACTATCTATTCTCACTCTACTTTCTGTGGCTGC AATGATCCTGTCGCTCATTTCTGTCGCCTGGCTACT CTCTCTAACCGCCCGGAAAACCCGGGACCCTCCGG AGGACGTAGTGCTCCTCAGATCGGGCTCCTACCCG CTCTCCCGGCTGCTCCCGAGCAACCCGGTGATCGA GCCCCATGGCCTATGGGTGGTGGAGGAGACGCCGC AGGAGGTGGAAGAGATGGAGGAGAAGGCCCAGGT GGAGACGCCGCTGGAGGACCCGCAGACGCAGACC TGCTGGACGCCGTAGACGCCGCAGAACAGTAA	653
AB038340.1	BAA90824.1	ORF2s	ATGTTTATTGGCAGGCATTACAGAAAGAAAAGGGCG CTGTCACTGTGTGCTGTGCGAACAACAAAGAAGGCT TGCAAACTACTAATAGTAATGTGGACCCCACCTCGC AATGATCAACAGTACCTTAACTGGCAATGGTACTCAA GTGTACTTAGCTCCCACGCTGCTATGTGCGGGTGTC CCGACGCTGTCGCTCATTTTAATCATCTTGCTTCTGT GCTTCGTGCCCCGCAAAACCCACCCCCTCCCGGTC CCCAGCGAAACCTGCCCCTCCGACGGCTGCCGGCT CTCCCGGCTGCGCCAGAGGCGCCCGGAGATAGAG CACCATGGCCTATGGCTGGTGGCGCCGAAGGAGAA GACGGTGGCGCAGGTGGAGACGCAGACCATGGAG GCGCCGCTGGAGGACCCGAAGACGCAGACCTGCTA GACGCCGTGGCCGCCGCAGAAACGTAA	654
AB038340.1	BAA90826.1	ORF3	ATGTTTGGTGACCCCAAACCTTACAACCCTTCCAGT AATGACTGGAAAGAGGAGTACGAGGCCTGTAGAATA TGGGACAGACCCCCCAGAGGCAACCTAAGAGACAC CCCTTTCTACCCCTGGGCCCCCAAGGAAAACCAGTA CCGTGTAAACTTTAAACTTGGATTTCAATAA	655

[0665]

AB038622.1	BAA93587.1	ORF3	ATGATGAATATGTTGCAGGGCCTTTACCAAGAAAAA GAAACAAATTCGATACCAGAGCCCAAGGGCTGCAAA CCCCCGAAAAAGAAAGCTACACTTTACTCCAAGCCC TCCAAGAGTCGGGGCAAGAGACCAGCTCAGAAGAC CAAGAACAAGCACCCCAAGAAAAAGAGGGTCAGAA GGAAGCGCTCATGGAGCAGCTCCAGCTCCAGAAAC AGCACCAGCGAGTCCTCAAGCGAGGCCTCAAACTC CTCCTCGGAGACGTCCTCCGACTCCGGAGAGGAGT CCACTGGGACCCCCTCCTGTCATAATTCAGGGCCCC TCTATCCCAGACCTGCTTTTCCCTAA	656
AB038623.1	BAA93590.1	ORF3	ATGATGAATATGTTGCAGGGCCTTTACCAAGAAAAA GAAACAAGTTCGATACCAGAGCCCAAGGGCTCCAAA GCCCCGAAAAAGAAAGCTACACTTTACTCCAAGCCC TCCAAGAGTCGGGGCAAGAGAGCAGCTCAGAAGAC CAAGAACAAGCACCCCAAGAAAAAGAGGGTCAGAA GGAAGCGCTCATGGAGCAGCTCCAGCTCCAGAAAC AGCACCAGCGAGTCCTCAAGCGAGGCCTCAAACTC CTCCTCGGAGACGTTCTCCGACTCCGGAGAGGAGT ACACTGGGACCCCCTCCTGTCATAATTCAGGGCCCC TCTATCCCAGACCTACTTTTCCCTAA	657
AB038624.1	BAA93593.1	ORF3	ATGATGAATATGTTGCAGGGCCTTTACCAAGAAAAA GAAACAAGTTCGATACCAGAGCCCAAGGGCTCCAAA GCCCCGAAAAAGAAAGCTACACTTTACTCCAAGCCC TCCAAGAGTCGGGGCAAGAGACGAGCTCAGAAGAC CAAGAACAAGCACCCCAAGAAAAAGAGGGTCAGAA GGAAGCGCTCATGGAGCAGCTCCAGCTCCAGAAAC AGCACCAGCGAGTCCTCAAGCGAGGCCTCAAACTC CTCCTCGGAGACGTTCTCCGACTCCGGAGAGGAGT ACACTGGGACCCCCTCCTGTCATAATTCAGGGCCCC TCTATCCCAGACCTGCTTTTCCCTAA	658
AB050448.1	BAB19926.1	ORF3	ATGAGCTTTGTAGAACCCTTACTAACCAGCACCCAC AGAGAGATAGCATACTACCATGGCTGTGTTCAGATG CACAAAGCCTTCTGTGGGTGTGACAACTTTCTTACC CACCTGCAACGCATAACAACATACATCTCTGCTAAC CAACACACTCCACCCAGCACACCCTCAAACACCCTC CGTAGAGCCCGGGCCCTGCCCGCGGCTCCGGAGC CAGCTCCATGGCGTGGACCTGGTGGTGGCAGAGGA GGCGCCGAAGGTGGCCGTGGAGAAGGAGAAGGTG GAGAAGACTACGCACAAGAAGACCTAGACGCCTTGT TCGACGCCGTCGCAAGAGATACAGAGTTATCAGAAA CCCTTGTAAAACAGAAGGACACGATCTCCCTCACAC CAGTAGACTCCATCGCGACTTACAAGTTGTTGACCC ACACACCGTGGGCCCCCAATGGGCGCTCCACACCT GGGACTGGCGACGTGGACTCTTTGGTTCAGAGGCT ATCAAAAGAGTGTCTGAACAACAAGTACATGATGAA CTGTATTACCCACCTTCAAAGAAACCTCGATTCCTCC CTCCAATATCAGGCCTCCAAGAGCAAGAAAGAGACT ACAGTTCGCAGGAGGAGAAAGAACAGTCCTCCTCA GAAGAAGAGACGGACCCGAAGAAAAAAGAGCAAAA ACAGCAGCAGCGACTCCACCTCCAGTTCCAAGAGC AGCAGCGACTCGGAAACCAACTCCGACTCATCTTCC GAGAGCTACAGAAAACCCAAGCGGGTCTCCACTTAA	659
AF371370.1	AAK54733.1	ORF3	ATGGCGTGGTCGTGGTGGTGGAGGCGAAGGAAACG CTGGTGGCCGCGCAGAAGGAGGCGATGGAGAAGG CTACGAACCCGAAGAACTGGAAGAGCTGTTCCGCG CCGCCGCCGCCGACGACGAGTAAGGAGGCGCCGG TGGGGGAGGCGACCGCGTAGGAGACGGGTGTACTA TAAGAGACGCAGACGAAAGACTGGCAGACTGTATAG AAAGCCTAAAAAAAAACTAGTACTGACTCAATGGCA CCCCACTACAGTTAGAAACTGCTCCATACGGGGCTT AGTGCCCCTAGTCCTCTGCGGACACACACAGGGAG GCAGAAACTTTGCTTTGAGGAGCGATGACTACCCCA	660

[0666]

			AACAAGGCACCCCATACGGGGGCAGCTTCAGCACT ACAACCTGGAACCTCAGGGTGCTTTTCGACGAGCAC CAAAAACACCACAATACGTGGAGCTATCCAAGCAAT CAACTAGACCTAGCCAGATTTAGAGGCAGCATATTT TACTTTACAGAGACAAAAAAACTGACTACATAG	
AB060596.1	BAB69914.1	ORF3	ATGAGCTGGTGTACTCCAGTTGAAAATGCCTATAAG AGAGAGATCCACTTTCTCAGGGGCTGTCAACTGCTT CACACTAGCTTTTGTGGTTGCGATGATTTTATTAATC ATATTATTCGCCTACAAAATCTTCACGGCAACCTACA CCAGCCCACGGGACCGTCCACACCTCCAGTGACCC GTAGAGCTCTGGCCTTGCCGGCTGCTCCGGAGTCA TGGCGTTCCGGTGGTGGTGGTGGAGACGCCGCCC GCAGCGACGATGGACCCGGCGCCGATGGAGGAGA CTACGAACCCGCCGACCTAGACGCACTGTACGACG CCGTCGCCGCAGACCAAGAATTATCAAAAACCCGTG TAAAAAAGAAGAATCCACATTCACCTATCCCAGTAGA GAGCCTCGCGACCTACAAGTTGTTGACCCACTCACC ATGGGCCCAGAATGGGTCTTCCACACATGGGACTG GAGACGTGGACTTTTTGGTAAAAATGCTGTCGACAG AGTGTCAAAAAAACCAGACGATGATGCAGAATATTAT CCAGTACCAAAAAGGCCTCGATTCTTCCCTCCAACA GACACACAGTCAGAGCCAGAAAAAGACTTCGGTTTC ACACCGGAGAGCCAAGAGTTACAGCAAGAAGACTTA CGAGCACCCCAAGAAGAAAGCCAAGAGGTACAGCA GCAGCGACTGCTCCAGCTCAGACTCTCACAGCAGTT CAGACTCAGACAGCAGCTCCAGCACCTGTTCGTACA AGTCCTCAAAACCCAAGCAGGTCTCCACATAA	661
AB060592.1	BAB69898.1	ORF3	ATGAGCTTTGTAGAACCGTTACTAAGCAGCACCCAC CGAGAGATAGCATTCTACCATGGCTGTGTTCAAATG CACAAGGCCTTCTGTGGCTGTGACAACTTTCTTACC CACCTGCAGCGCATAACAACATACATCTCTGCTAAT CAACACACTCCACCCAGCACACCCTCAAACACCCTC CGTAGAGCCCGGGCCCTGCCCGCGGCTCCGGAGC CAGCTCCATGGCGTGGACCTGGTGGTGGCAGAGGA GGCGCCGAAGGTGGCCGTGGAGAAGGAGAAGGTG GAGAAGACTACGCACCAGAAGACCTAGACGACTTGT TCGCCGCCGTCGCAAGAGATACAGAGTTATCAGAAA CCCTTGTAAAACAGAAGGACACGATCTCCCTCACAC CAGTAGACTCCATCGCGACTTACAAGTTGTTGACCC ACACACCGTGGGCCCCCAATGGGCGCTCCACACCT GGGACTGGCGACGTGGACTCTTTGGTTCAGAGGCT ATCAAAAGAGTGTCTGAACAACAAGTACATGATGAA CTGTATTACCCAGCTTCAAAGAAACCTCGATTCCTCC CTCCAATATCAGGCCTCCAAGAGCAAGAAAGAGACT ACAGTTCGCAGGAGGAAAAAGACCAGTCCTCCTCAG AAGAAGAGAAGGACCCGAAGAAAAAAGAGCAAAAAC AGCAGCAGCGACTCCACCTCCAGTTCCAAGAGCAG CAGCGACTCGGAAACCAACTCCGACTCATCTTCCGA GAGCTACAGAAAACCCAAGCGGGTCTCCACATAA	662
AB060593.1	BAB69902.1	ORF3	ATGAGTCTGTGGCGACCCCCGGTCCACAATGCCCC CGGCAGAGAGAGACTTTGGTTTCAGGCCTGTTACGA ATCTCACAGTGCTTTTTGTGGCTGTGGTAGCTTTATT CTTCATCTTACTAGCTTGGCTGCACGTTTTAATTTTC AGGCCGGGCCACCGCCTCCCGGGGGTCCCCGGGC GGAGACCCCGCCGATTCTGAGGGCGCTGCCGGCAC CCCAGCCGCGCCGCCACCGCCAGACGGAGAACCC CGGGTCTGAGCCATGGCCTGGAGATGGTGGTGGAG ACGGCGCTGGAAGCCAAGAAGGCGGCCAGCGTGG ACCAAGTACCGCAGACGCAGGTGGAGACGACTTCG ACCCCGCAGACCTAGAAGACTTGCTCGCGGCCGTC GAAGAAGACGAACAGTCATCAAAGACCCGTGCAGCT CCTCAGGACTGGCACCTACCGACTCCAGTAGATTCA	663

			AGCGGGATGTACAAGTCGTTAGCCCGCTCACAATG GGGCCCCGACTGCTATTCCACTCGTTCGACCAAAGA CGAGGGTTCTTTACTCCAGGAGCTATCAAACGAATG CATGATGAACAAATTAATGTTCCAGACTTTACACAAA AACCTAAAATCCCGCGAATTTTCCCACCAGTCGAGC TCCGAGAAAGAGCAGAAGCCGAAGAAGACTCAGGT TCGGAAAAAGCGTCGTTCACCTCGTCGCAAGAGAGA GAAGCCGAAGCCCAAGAAAAGTTACCGATACAGCTC CAGCTCAGACAGCAGCTCAGACAACAACAGCAGCT CCGAGTCCACTTGCAGCAAGTCTTCCTCCAACTCCA AAAAACGAAGGCACATTTACATATAA	
AB060595.1	BAB69910.1	ORF3	ATGAATCTCTGGCGACCCCCTCTGAGAAATATCCCC CACAGGGAGAGATGTTGGCTTGAGGCCTGTCTCAG AGCCCACGATTCTTTTTGTGGCTGTCCTAGTCCTATT GTTCATTTTTCTAGTCTGGTTGCACGTTTTAATCTAC AAGGAGGCCCGCCGCCAGAGGATGACTCCCCACAG GGCGCGCCAGTCCTGAGGGCCCTGCCGGCACCGA GCCCCCACAGGCACACCCGCACGGAGAACCCCTCC GGTGAGCCATGGCCTACTCCTACTGGTGGCGCCGC CGGAGGTGGCCGTGGAGAGGCCGATGGAGGCGCT GGAGGCGCCGCAGACGAATACCGCGCCGAAGACCT AGACGACCTGTTCGCCGCTATCGAAGGAGACCAAC GATCAGAAACCCGTGCACCTCGGACGGACAGACGC CCACAACCAGTAGACAGTCTAGAGAGGTACAAATCG TTGACCCGCTCACCATGGGACCCCGATACGTATTCC ACTCGTGGGACTGGCGACGTGGGTGGCTTAATGAC AGAACTCTCAAACGCTTGTTCCAAAAACCGCTCGAT TTTGAAGAGTATCCAAAATCTCCAAAGAGACCTAGAA TTTTCCCACCCACAGAGCAGCTCCAAGAAGACCCGC AAGAGCAAGAAAGAGACTCCTCTTCTTCGGAAGAAA GTCTCCCTACATCGTCAGAAGAGACACCGCCAGCC CACCTACTCAGAGTACACCTCAGAAAGCAGCTCCGG CAACAGCGAGACCTCCGAGTCCAGCTCAGAGCCCT GTTCGCCCAAGTCCTCAAAACGCAAGCGGGCCTAC ACATAA	664
AB064596.1	BAB79312.1	ORF3	ATGCCGTGGAGACCGCCGGCTCATAACGTCCAGGG GCGAGAGAGCCAGTGGTTCGCGGCTTGTTTTCACG GCCACGCTTCGTTTTGCGGCTGCGGTGACTTTATTG GGCATATTAACAGCCTTGCTCCTCGCTTTCCTAACAA CCAAGGACCCCCGCATCCACCTGCCTTAAACAGGC CACCTGCACAGGGCCCAGAAAGCCCCGGGGGTTCC ATACTACCCCTGCCAGCCCTACCGGCACCACCTGAT CCGCCACCACGGCCTGGTGGTGGGGAAGACGGTG GCGACGCCGCCCGTGGGGCCGCTGGCGCCGCCGA AGGCGCGTATGGAGAAGAAGACCTAGAACTGCTGTT CGCCGCCGCCGAGGAAGACGATATGCAATCGACGA CCCCTGCCAGCAGGGAACCCACCCGCTTCCCGAGC CCGGTACGTTGCCTAGAATCTTACAAGTCAGCGACC CGACGCAACTCGGACCGAAAACCATATTCCACCTCT GGGACCAGAGGCGTGGACTTTTTAGCAAAAGAAGTA TTGAAAGAATGTCAGAATACAAAGGAACTGATGACTT ATTTTCACCAGGTCGCCCAAAGCGCCCAAAGCTCGA CACACGTCCCGAAGGACTACCAGAGGAGCAAAGAG GAGCTTACAATTTACTCCAAGCCCTCGAAGACTCAG CCCAGTCGGAAGAAAGCGACCAAGAAGAAATGCCT CCCCTCGAAGAAGAACAAGTACTCCACGAGCAAAAG AAAGAGGCGCTCCTCCAGCAGCTCCAGCAGCAGAA ACACCACCAGCGAGTCCTCAAGCGAGGCCTCAGAC TCCTCCTCGGAGACGTCCTGA	665
AB064597.1	BAB79316.1	ORF3	ATGCCGTGGAGACCGCCGGTGCATAGTGTCCAGGG GCGAGAGGATCAGTGGTTCGCGAGCTTTTTTCACGG CCACGCTTCATTTTGCGGTTGCGGTGACGCTGTTGG	666

[0667]

[0668]

			CCATCTTAATAGCATTGCTCCTCGCTTTCCTCGCGC CGGTCCACCAAGGCCCCCTCCGGGGCTAGAGCAGC CTAACCCCCCGCAGCAGGGCCCGGCCGGGCCCGG AGGGCCGCCCGCCATCTTGGCGCTGCCGGCTCCGC CCGCGGAGCCTGACGACCCGCAGCCACGGCGTGG TGGTGGGGACGGTGGCGCCGCCGCTGGCGCCGCA GGCGACCGTGGAGACCGAGACTACGACGAAGAAGA GCTAGACGAGCTTTTCCGCGCCGCCGCCGAAGACG ATTTGGAACCCACCCGATTCCCGACCCCGATAAGCA CCCTCGCCTCCTACAAGTGTCGAACCCGAAACTGCT CGGACCGAGGACAGTGTTCCACAAGTGGGACATCA GACGTGGGCAGTTTAGCAAAAGAAGTATTAAAAGAG TGTCAGAATACTCATCGGATGATGAATCTCTTGCGC CAGGTCTCCCATCAAAGCGAAACAAGCTCGACTCGG CCTTCAGAGGAGAAAACCCAGAGCAAAAAGAATGCT ATTCTCTCCTCAAAGCACTCGAGGAAGAAGAGACCC CAGAAGAAGAAGAACCAGCACCCCAAGAAAAAGCC CAGAAAGAGGAGCTACTCCACCAGCTCCAGCTCCA GAGACGCCACCAGCGAGTCCTCAGACGAGGGCTCA AGCTCGTCTTTACAGACATCCTCCGACTCCGCCAGG GAGTCCACTGGAACCCCGAGCTCACATAGAGCCCC CACCTTACATACCAGACCTACTTTTTCCCAATACTGG TAA	
AB064599.1	BAB79324.1	ORF3	ATGCCGTGGTCTCTGCCGAGACATAATATCAGAACG AGAGAAGATCTCTGGGTGCAATCGATTCTTTATTCAC ATGACACTTTTTGTGGCTGTGATAATATTCCTGAGCA TCTTACTGGCCTCCTGGGCGGCGTACGACCAGCTC CACCTAGAAACCCAGGACCCCCTACCATACGGAGC CTGCCGGCACTGCCGCCAGCTCCGGAACCCCCTGA GGAACCACGGCGTGGTGGAGATACAGACGGAGACC GTGGAGAAGATGGAGGAGACGCCGCTGGGGCCTAC GAACCCGAAGACCTAGAAGAACTTTTCGCCGCCGC CGAGCAAGACGATATCCCATTGACGACCCCTGCCAA AAAGGAAAACACGACATTCCCGACCCCGATACAAAC CCTCCAAGAATACAAATATCAGACCCGCAACACCTC GGACCGGCGACGCTGTTCCACTCGTGGGACCTCAG ACGTGGATATATTAATACAAAAAGTATTAAAAGAATC TCAGAACACCTCGATGCTAATGAATATTTTTCGACAG GCGTCGTGTCCAAAAAACCCCGATTCGACACTCCCC ACCACGGGCAGCTATCAAACCAAGAAGAAGACGCC TTGTCTATCCTCAGACAACCCCAAAAAGAGCAAGAA GAGACCACCTCCGAGGAAGAACAAGCACTCCAAAAA GAAGAGGAGCAAAAAGAAAAGCTCCTACAGCAACTC AGAGTCCAGCGACAGCACCAGCGAGTCCTCAGACA GGGAATCAAACACCTCATGGGAGACGTCCTCCGACT CAGACAGGGAGTCCACTGGAACCCAGTCCTATAATA CTTCCACCAGAACCAATACCAGACCTCTTATTCCCC AATACTGGTAA	667
AB064600.1	BAB79328.1	ORF3	ATGTCGTGGAGACCGCCGAGCCAAAATTTACTGCAA AGAGAAGAGGCCTGGTACTCAGCTTTTCTTAGCTCG CATTCTACATTTTGCGGTTGTACTGACCCTCTGCTGC ATATTACTCTCATTGCTGGCCGCCTTACTAACCCCGT ACCCGTCACCCGCCAACCGGAGACCCCTCCTAACG GCCTCAGGGGGCTGCCGGCACTGCCAGCACCCCCT GAACCACCAGCACCGCCACCACGGCCTGGGGATGG TACCGGAGAAGAAGATGGCGCCCATGGAGAAGGAG AAGGTGGGCGATACGCAGAAGAAGACCTAGAAGAA CTGTTCGCCGCCGCGGCAGAAGACGATATCCTATC GACGACCCCTACCAAAAACCCACCCACGAAATACCC GACCCCGATAAGCACCCTCCAAGACTACAAATTGCA GACCCGAAAATCCTCGGACCGTCGACAGTCTTCCAC ACATGGGACATCAGACGTGGCCTCTTTAGCACAGCA	668

			AGTCTTAAGAGAGTGTCAGAATACCAACCGCCTGAT GACCTTTTTTCAACAGGCGTCGCATCCAAAAGACCC CGATTCGACACTCCAGTCCAAGGGCAGCTCGAAAG CCAAGAAGAAGAAAGCTATCGTTTACTCAGAGCACT CCAAAAAGAGCAAGAGACAAGCAGCTCGGAAGAGG AGCAGCCACAAAACCAAGAGATCCAAGAAAAACTAC TCCTCCAGCTCCAGCAGCAGCGACAACAGCAGCGA CTCCTCGCAAAGGGAATCAAGCACCTCCTCGGAGAT GTCCTCCGACTCCGAAAAGGAGTCCACTGGGACCC GGTCCTTACATAGCACCTCCAGAACCTATCCCAGAC CTTTTGTTCCCCAGTACTAA	
AB064601.1	BAB79332.1	ORF3	ATGTCGTGGGCTCCGCCGCTATTCAACTCGAAACAG AGAGAGGACCAGTGGTACCAGTCAATTATTTTCAGC CATAATACTTTTTGCGGCTGCGGTGACCTTGTTAGG CATTTTTGCGTCGTTGCTTCTCGCTTTACTGAGCCTC CTGTAGTGCCGGCCCTACCGGCACCGGTACCGGCA CCGCCACGGCGTGGTACAGAAGAAGAAGGTGGAGA CCGTGGAGAAGACGCCGCAGACCGTGGACCCTACG CAGAAGAAGAGCTAGAAGATTTGTTCGCCGCCGCC CGAGAAGACGATATCCCATCGACGACCCCTGCCAAA AAGACACCCACGAAATACCCGACCCCGATAAACACC CTAGAGGAATACAAATATCAGACCCGAAGGTACTCG GACCACCCACAGTCTTCCACACATGGGACATCAGAC GTGGACTGTTTAGCTCGACGAGTCTTAAAAGAGTGT CAGAATACCAACCGCCTGATGACCCTTTTTCAACAG GCGTCGTCTTCAAAAGACCCCGACTGGAAACCCAGT ACAAAGGAACCCAAGAAACCCCAGAAGAAGACGCC TACACTTTACTCAAAGCACTCCAAAAAGAGCAAGAG AGCAGCAGCTCGGAAGAAGAACTCCCACAAGAAGA GCAAGAGATCCAAAAAACACAACTCCTCAAGCAGCT CCAACTCCAGCAGCAGCAACAGCGAATCCTCAAGA GGGGAATCAGACACCTCTTCGGAGACGTCCTCCGA CTCAGAAAAGGAGTCCACTCCAACCCAGACCTATTA TAATACCAGCAGAGGAAATCCCAGACCTGCTTTTCC CCAATACTGGTAA	669
AB064602.1	BAB79336.1	ORF3	ATGCCGTGGCATCCACCGGGCTACAACGTTCAACA GAGAGAAGAGCTCTGGGTACAGACAGTTACTACTTC ACATGCTACTTTTTGCGGCTGTGGTGACCCTAGTAG CCATCTTCACCGCATTCTTAGCCGCCTTAATAACAG CAGCCGGCGGCCCCCCGAAACCCCAAACCCCATTC GTGCCCTACCGGCCCTACCGGCACCCCAAGAACCT GAACAGCCGCCATCACGGCCTGGTACCGGTACAGA AGAAGGCCATGGCGCCGAAGGAGGCGACCGAGGT GGGGCCTACGCAGAAGAAGATTTAGAAGATCTTTTC GCGGCCGCGGAAGAAGACGATATCCCATCGACGAC CCATGCCAAAAGCCCACCCACGACCTTCCCGACCC CGATAGACACCCCCCAAGAATACAAATCTCGGACCC GGCAAGACTCGGACCGGAGACGCTCTTCCACTCAT GGGACATCAGACGTGGATACATTAACACAAAAGCTA TTAAAAGAATCTCAGATTACACAGAATCTAATGACTA TTTTTCAACAGGCGTCGTGTCAAAAAGACCCCGATT GGAAACCCAGTACCACGGCCAACACGAAAGCCAAG AAGAAGACGCCTATCTTTTACTCAAACAACTCCAGG AAGAGCAAGAAACGAGCAGTTCGGAGGGAGAACAA GCACCCCAAGAAAAAACACTCCAAAAAGAAAAGCTC CTCAAGCAGCTGCAGCTCCACAAGCAGCAGCAGCA ACTCCTCAGAAAAGGAATCAGACACCTCCTCGGGGA CGTCCTCCGACTCAGACGGGGAGTCCACTGGGACC CAGGCCTATAGTACTGCCTCCAGAGCCTATTCCAGA CTTGCTTTTCCCAAATACTAA	670
AB064603.1	BAB79340.1	ORF3	ATGTCGTGGCGACCGCCGTTGCATTCTATCCAAGGC AGAGAAGATCAATGGTATGCAGGCATCTTTCATACG	671

[0669]

[0670]

			CATTTTGCTTTTTGCGGTTGTGGTGACCCTGTTGGG CGTATTAACCGCATTGCTCACCGCTTTCCTAACGCC GGTCCCCCGAGACCACCTCCAGGGCTAGACCAGCC CAACCTCGGAGGGCCGGAAGGTCCAGGAGGTGCC CCTAGAGCCCTGCCAGCCCTGCCGGCCCCGGCAGA GCCAGAGCCGGCACCACGGCGTGGTGGTGGGGCC GATGGAGACAGCGCCGCTGGGGCCGCCGCCGCCG CAGACCATGGAGGGTACGACGAAGGAGACCTAGAA GATCTTTTCGCCGCCGCCGCCGAGGACGATATGCA ATCGACGACCCCTGCCAGAAGCCCACCCATGAGCT ACCCGATCCCGATAGACACCCTCGCATGTTACAAGT CTCTGACCCGACAAAGCTCGGACCGAAGACAGTGTT CCACAAATGGGACTGGAGACGTGGGCAACTTAGCA AAAGAAGTATTAAAAGAGTCCAAGAAGACTCAACGG ATGATGAATATGTTACAGGGCCTTTATCAAGAAAAAG AAACAAGCTCGACACAAAGATGCCAGGCCCCCCAA CCCCCGAAAAAGAAAGCTACACTTTACTCCAAGCCC TCCAAGAGTCGGGCCAGGAGAGCAGCTCCCAGGAC GAAGAACAAGCACCCCAAAAAGAAGAGAACCAGAAA GAAGCGCTCGTGGAGCAGCTCCAGCTCCAGAAACA GCACCAGCGAGTCCTCAAGCGAGGCCTCAAACTCC TCTTGGGAGACGTCCTCCGACTCCGCCGCGGAGTC CACTGGGACCCCCTCCTATCCTAATTCAGGGTCCCT CTATCCCAGACCTGCTTTTCCCTAA	
AB064604.1	BAB79344.1	ORF3	ATGAGTATTTGGAGGCCTCCACTGCACAATGTCCCG GGACTCGAACACCTCTGGTACGAGTCAGTGCATCGT AGCCATGCTGCTGTTTGTGGCTGTGGGGATCCTGTA CGCCATCTTACTGCTCTTGCTGAAAGATATGGCATT CCGGGAGGGTCGCGGTCTTCTGGGGCACCGGGAG TAGGGGGCAACCACAACCCTCCCCAGATCCGTCGA GCCCGCCACCCGGCGGCTGCTCCGGACCCCCCAG CAGGTAACCAGCCTCCGGCCCTGCCATGGCATGGG GATGGTGGAAACGAAAGCGGCGCTGGTGGTGGAGA AAGCGGTGGACCCGTGGCCGACTTCGCAGACGATG GCCTAGACGATCTCGTCGCCGCCCTCGACGAAGAA GAATTGTTAAAGACCCCTGCACCCAGCCCACCTTTG AAATACCCGGTGGCGGTAACATCCCTCGCAGAATAC AAGTCATCAATCCGAAAGTCCTCGGACCCAGCTACA GTTTCAGATCCTTTGACCTCAGACGTGACATGTTTAG CGGCTCGAGTCTTAAAAGAGTCTCAGAACAACAAGA GACTTCTGAGTTTTTATTCTCCGGCGGCAAACGCCC CAGGATCGACCTTCCCAAGTACGTCCCGCCAGAAG AAGACTTCAATATCCAAGAGAGACAACAAAGAGAAC AGAGACCGTGGACGAGCGAAAGCGAGAGCGAAGCA GAAGCCCAAGAAGAGACGCAGGCGGGCTCGGTCC GAGAGCAGCTCCAGCAGCAGCTCCAAGAGCAGTTT CAACTCCGAAGAGGGCTCAAGTGCCTCTTCGAGCA GTTAG	672
AB064606.1	BAB79352.1	ORF3	ATGAGCTTCTGGAGACCTCCGGTGCACAATGCCAC GGGGATCCAGCGCCTGTGGTACGAGTCCTTTCACC GTGGCCATGCTGCTTTTTGTGGTTGTGGGGATCCTA TACTTCACATTACTGCACTTGCTGAGACATATGGCCA TCCAACAGGCCCGAGACCTTCTGGGCCACCGCGAG TAGACCCCGATCCCCAGATCCGTAGAGCCAGGCCT GCCCCGGCCGCTCCGGAGCCCTCACAGGTTGAGCC GAGACCTGCCCTGCCATGGCATGGGGATGGTGGAA GCGACGGCGGCGCTGGTGGTTCCGGAAGCGGTGG ACCCGTGGCAGACTTCGCAGACGATGGCCTCGATC AGCTCGTCGCCGCCCTAGACGACGAAGAATTGTACA AGATCCCTGCACACAGTCCACCTATGACATCCCCGG CACCGGTAACTTGCCTCGCAGAATACAAGTCATTGA CCCGAAAGTCCTCGGTCCCCACTACTCATTCCACCG	673

[0671]

			CTGGGACTTCAGGCGTGGCCTCTTTGGCCAACAAG CTATTAAGAGAGTGTCAGAACAACCAACAACTTCTG AGTTTTTATTCTCAGGTCCAAAGAGACCCAGAATCG ATCAAGGGCCTTACATCCCGCCAGAAAAAGGCTCAG ATTCACTCCAAAGAGAATCGAGACCGTGGAGCAACT CGGAGACCGAGGCAGAGACAGAAGCCCCCTCGGAA GAAGAGCCGGAGAACCAAGAAGAACAAGTACTCCA GTTGCAGCTCCGACAGCAGCTCCGAGAACAGCGAA AACTCAGACAGGGAATCCAGTGCCTCTTCGAGCAAC TGA	
FJ426280.1	ACK44073.1	ORF3	ATGCTATCCAGAGAGTGTCACAAAAACCGGAAGATG CTCTCCGCTTTACAAACCCTTTCAAGAGACCCAGAT ATCTTCCCCCGACAGACGGAGAAGACTACCGACAA GAAGAAGACTTCGCTTTACAGGAAAGAAGACGGCG CACATCCACAGAAGAAGTCCAGGACGAGGAGAGCC CCCCGCAAAACGCGCCGCTCCTACAGCAGCAGCAG CAGCAGCGGGAGCTCTCAGTCCAGCACGCGGAGCA GCAGCGACTCGGAGTCCAACTCCGATACATCCTCCA AGAAGTCCTCAAAACGCAAGCGGGTCTCCACCTAA	674
AB050448.1	BAB19925.1	ORF4	ATGAGCTTTGTAGAACCCTTACTAACCAGCACCCAC AGAGAGATAGCATACTACCATGGCTGTGTTCAGATG CACAAAGCCTTCTGTGGGTGTGACAACTTTCTTACC CACCTGCAACGCATAACAACATACATCTCTGCTAAC CAACACACTCCACCCAGCACACCCTCAAACACCCTC CGTAGAGCCCGGGCCCTGCCCGCGGCTCCGGAGC CAGCTCCATGGCGTGGACCTGGTGGTGGCAGAGGA GGCGCCGAAGGTGGCCGTGGAGAAGGAGAAGGTG GAGAAGACTACGCACAAGAAGACCTAGACGCCTTGT TCGACGCCGTCGCAAGAGATACAGAGCCTCCAAGA GCAAGAAAGAGACTACAGTTCGCAGGAGGAGAAAG AACAGTCCTCCTCAGAAGAAGAGACGGACCCGAAG AAAAAAGAGCAAAAACAGCAGCAGCGACTCCACCTC CAGTTCCAAGAGCAGCAGCGACTCGGAAACCAACT CCGACTCATCTTCCGAGAGCTACAGAAAACCCAAGC GGGTCTCCACTTAAATCCTATGTTATCAAACCGGCT GTAAATAAAGTTTACCTTTTTCCTCCCGAGGGGCCTA AACCCATCTCTGGCTACAGAGCATGGGAAGACGAAT TTACCACCTGTAAGTACTGGGACAGGCCTAGTAGAA TTAACCACACAGACCCCCCCTTTTACCCCTGGATGC CTAAATACAATGTAACCTTCAAACTTGGCTGGAAATA A	675
AB060596.1	BAB69913.1	ORF4	ATGAGCTGGTGTACTCCAGTTGAAAATGCCTATAAG AGAGAGATCCACTTTCTCAGGGGCTGTCAACTGCTT CACACTAGCTTTTGTGGTTGCGATGATTTTATTAATC ATATTATTCGCCTACAAAATCTTCACGGCAACCTACA CCAGCCCACGGGACCGTCCACACCTCCAGTGACCC GTAGAGCTCTGGCCTTGCCGGCTGCTCCGGAGTCA TGGCGTTCCGGTGGTGGTGGTGGAGACGCCGCCC GCAGCGACGATGGACCCGGCGCCGATGGAGGAGA CTACGAACCCGCCGACCTAGACGCACTGTACGACG CCGTCGCCGCAGACCAAGAACACACAGTCAGAGCC AGAAAAAGACTTCGGTTTCACACCGGAGAGCCAAGA GTTACAGCAAGAAGACTTACGAGCACCCCAAGAAGA AAGCCAAGAGGTACAGCAGCAGCGACTGCTCCAGC TCAGACTCTCACAGCAGTTCAGACTCAGACAGCAGC TCCAGCACCTGTTCGTACAAGTCCTCAAAACCCAAG CAGGTCTCCACATAAACCCATTATTTTTAAACCATGC ATAAATCAGGTCTTTATGTTTCCACCAGACACCCCCA GACCTATTATAACTAAAGAAGGCTGGGAGGATGAGT TTGTCACCTGCAAACACTGGGATAGGCCAGCTAGAT CATACTACACAGACACACCTACTTACCCTTGGATGC CCAAGGCACCCCCTCAATGCAATGTAAGCTTTAAAC	676

[0672]

			TTGGCTTTAAATAA	
AB060592.1	BAB69897.1	ORF4	ATGAGCTTTGTAGAACCGTTACTAAGCAGCACCCAC CGAGAGATAGCATTCTACCATGGCTGTGTTCAAATG CACAAGGCCTTCTGTGGCTGTGACAACTTTCTTACC CACCTGCAGCGCATAACAACATACATCTCTGCTAAT CAACACACTCCACCCAGCACACCCTCAAACACCCTC CGTAGAGCCCGGGCCCTGCCCGCGGCTCCGGAGC CAGCTCCATGGCGTGGACCTGGTGGTGGCAGAGGA GGCGCCGAAGGTGGCCGTGGAGAAGGAGAAGGTG GAGAAGACTACGCACCAGAAGACCTAGACGACTTGT TCGCCGCCGTCGCAAGAGATACAGAGCCTCCAAGA GCAAGAAAGAGACTACAGTTCGCAGGAGGAAAAAG ACCAGTCCTCCTCAGAAGAAGAGAAGGACCCGAAG AAAAAAGAGCAAAAACAGCAGCAGCGACTCCACCTC CAGTTCCAAGAGCAGCAGCGACTCGGAAACCAACT CCGACTCATCTTCCGAGAGCTACAGAAAACCCAAGC GGGTCTCCACATAAATCCTATGTTATCAAACCGGCT ATAAATAAAGTTTACCTTTTTCCTCCCGAGGGGCCTA AACCCATCTCTGGCTACAGAGCATGGGAAGATGAGT TCACCTGCTGTAAGTACTGGGACAGGCCTAGTAGAA TTAACCACACAGACCCCCCCTTCTACCCCTGGATGC CTAAGTACAATGTAACCTTTAAACTTGGCTGGAAATA A	677
AB060593.1	BAB69901.1	ORF4	ATGAGTCTGTGGCGACCCCCGGTCCACAATGCCCC CGGCAGAGAGAGACTTTGGTTTCAGGCCTGTTACGA ATCTCACAGTGCTTTTTGTGGCTGTGGTAGCTTTATT CTTCATCTTACTAGCTTGGCTGCACGTTTTAATTTTC AGGCCGGGCCACCGCCTCCCGGGGGTCCCCGGGC GGAGACCCCGCCGATTCTGAGGGCGCTGCCGGCAC CCCAGCCGCGCCGCCACCGCCAGACGGAGAACCC CGGGTCTGAGCCATGGCCTGGAGATGGTGGTGGAG ACGGCGCTGGAAGCCAAGAAGGCGGCCAGCGTGG ACCAAGTACCGCAGACGCAGGTGGAGACGACTTCG ACCCCGCAGACCTAGAAGACTTGCTCGCGGCCGTC GAAGAAGACGAACATCGAGCTCCGAGAAAGAGCAG AAGCCGAAGAAGACTCAGGTTCGGAAAAAGCGTCG TTCACCTCGTCGCAAGAGAGAGAAGCCGAAGCCCA AGAAAAGTTACCGATACAGCTCCAGCTCAGACAGCA GCTCAGACAACAACAGCAGCTCCGAGTCCACTTGCA GCAAGTCTTCCTCCAACTCCAAAAAACGAAGGCACA TTTACATATAAACCCACTATTTTTGGCCCAAGGGAAC ATGTAAACATGTTCGGTGAGTACCCAGATAGGAAGC CCACTAAGGAAGATTGGCAGACCGAGTATGAGACCT GCAGAGCCTTTGATAGACCCCCTAGAACCTTACTCA CAGATCCCCCTTTCTACCCCTGGATGCCTAAACAAC CCCCCACCTATCGTGTATCCTTCAAACTTGGCTTTCA ATAA	678
AB060595.1	BAB69909.1	ORF4	ATGAATCTCTGGCGACCCCCTCTGAGAAATATCCCC CACAGGGAGAGATGTTGGCTTGAGGCCTGTCTCAG AGCCCACGATTCTTTTTGTGGCTGTCCTAGTCCTATT GTTCATTTTTCTAGTCTGGTTGCACGTTTTAATCTAC AAGGAGGCCCGCCGCCAGAGGATGACTCCCCACAG GGCGCGCCAGTCCTGAGGGCCCTGCCGGCACCGA GCCCCCACAGGCACACCCGCACGGAGAACCCCTCC GGTGAGCCATGGCCTACTCCTACTGGTGGCGCCGC CGGAGGTGGCCGTGGAGAGGCCGATGGAGGCGCT GGAGGCGCCGCAGACGAATACCGCGCCGAAGACCT AGACGACCTGTTCGCCGCTATCGAAGGAGACCAAG CAGCTCCAAGAAGACCCGCAAGAGCAAGAAAGAGA CTCCTCTTCTTCGGAAGAAAGTCTCCCTACATCGTC AGAAGAGACACCGCCAGCCCACCTACTCAGAGTAC	679

			ACCTCAGAAAGCAGCTCCGGCAACAGCGAGACCTC CGAGTCCAGCTCAGAGCCCTGTTCGCCCAAGTCCT CAAAACGCAAGCGGGCCTACACATAAACCCCCTCTT ATTGGCCCCGCAGTAAACAAGGTCTACTTGTTCCCT GACAGGGCCCCTAAACCTCCACCTAGCTCGGGAGA CTGGGCCACGGAGTACGCGGCGGCCGCCGCCTTC GATAGACCCCCCAGAGGCAACCTGTCAGACAACCC CTTCTATCCCTGGATGCCAACAAACACCAAATTCTCT GTAACCTTTAAACTGGGGTGGAAACCCTGA	
AB064596.1	BAB79311.1	ORF4	ATGCCGTGGAGACCGCCGGCTCATAACGTCCAGGG GCGAGAGAGCCAGTGGTTCGCGGCTTGTTTTCACG GCCACGCTTCGTTTTGCGGCTGCGGTGACTTTATTG GGCATATTAACAGCCTTGCTCCTCGCTTTCCTAACAA CCAAGGACCCCCGCATCCACCTGCCTTAAACAGGC CACCTGCACAGGGCCCAGAAAGCCCCGGGGGTTCC ATACTACCCCTGCCAGCCCTACCGGCACCACCTGAT CCGCCACCACGGCCTGGTGGTGGGGAAGACGGTG GCGACGCCGCCCGTGGGGCCGCTGGCGCCGCCGA AGGCGCGTATGGAGAAGAAGACCTAGAACTGCTGTT CGCCGCCGCCGAGGAAGACGATATGTCGCCCAAAG CGCCCAAAGCTCGACACACGTCCCGAAGGACTACC AGAGGAGCAAAGAGGAGCTTACAATTTACTCCAAGC CCTCGAAGACTCAGCCCAGTCGGAAGAAAGCGACC AAGAAGAAATGCCTCCCCTCGAAGAAGAACAAGTAC TCCACGAGCAAAAGAAAGAGGCGCTCCTCCAGCAG CTCCAGCAGCAGAAACACCACCAGCGAGTCCTCAA GCGAGGCCTCAGACTCCTCCTCGGAGACGTCCTGA AACTCCGCCGGGGTCTACACATAGACCCGGTCCTTA CATAGCACCCCCTCCATACATCCCTGACCTTCTTTTT CCCAACACCCAAAAAAAAAAAAAATTTTCCAACTTCG ATTGGGCTACAGAATACCAGCTTGCTACCGCTTTCG ACCGCCCTCTCCGCCACTACCCCTTAGACCTCCCGC ACTACCCGTGGCTACCAAAAAAGCCCAATACCCACT CTACCTATAGAGTGTCCTTTCAACTAAAAGCCCCCC AATAA	680
AB064597.1	BAB79315.1	ORF4	ATGCCGTGGAGACCGCCGGTGCATAGTGTCCAGGG GCGAGAGGATCAGTGGTTCGCGAGCTTTTTTCACGG CCACGCTTCATTTTGCGGTTGCGGTGACGCTGTTGG CCATCTTAATAGCATTGCTCCTCGCTTTCCTCGCGC CGGTCCACCAAGGCCCCCTCCGGGGCTAGAGCAGC CTAACCCCCCGCAGCAGGGCCCGGCCGGGCCCGG AGGGCCGCCCGCCATCTTGGCGCTGCCGGCTCCGC CCGCGGAGCCTGACGACCCGCAGCCACGGCGTGG TGGTGGGGACGGTGGCGCCGCCGCTGGCGCCGCA GGCGACCGTGGAGACCGAGACTACGACGAAGAAGA GCTAGACGAGCTTTTCCGCGCCGCCGCCGAAGACG ATTTGTCTCCCATCAAAGCGAAACAAGCTCGACTCG GCCTTCAGAGGAGAAAACCCAGAGCAAAAAGAATGC TATTCTCTCCTCAAAGCACTCGAGGAAGAAGAGACC CCAGAAGAAGAAGAACCAGCACCCCAAGAAAAAGC CCAGAAAGAGGAGCTACTCCACCAGCTCCAGCTCC AGAGACGCCACCAGCGAGTCCTCAGACGAGGGCTC AAGCTCGTCTTTACAGACATCCTCCGACTCCGCCAG GGAGTCCACTGGAACCCCGAGCTCACATAGAGCCC CCACCTTACATACCAGACCTACTTTTTCCCAATACTG GTAAAAAAAAAAAATTCTCTCCCTTCGACTGGGAAAC GGAGGCCCAGCTAGCAGGGATATTCAAGCGTCCTA TGCGCTTCTATCCCTCAGACACCCCTCACTACCCGT GGTTACCCCCCAAGCGCGATATCCCGAAAATATGTA ACATAAACTTCAAAATAAAGCTGCAAGAGTGA	681
AB064599.1	BAB79323.1	ORF4	ATGCCGTGGTCTCTGCCGAGACATAATATCAGAACG AGAGAAGATCTCTGGGTGCAATCGATTCTTTATTCAC	682

[0673]

			ATGACACTTTTTGTGGCTGTGATAATATTCCTGAGCA TCTTACTGGCCTCCTGGGCGGCGTACGACCAGCTC CACCTAGAAACCCAGGACCCCCTACCATACGGAGC CTGCCGGCACTGCCGCCAGCTCCGGAACCCCCTGA GGAACCACGGCGTGGTGGAGATACAGACGGAGACC GTGGAGAAGATGGAGGAGACGCCGCTGGGGCCTAC GAACCCGAAGACCTAGAAGAACTTTTCGCCGCCGC CGAGCAAGACGATATGCGTCGTGTCCAAAAAACCCC GATTCGACACTCCCCACCACGGGCAGCTATCAAACC AAGAAGAAGACGCCTTGTCTATCCTCAGACAACCCC AAAAAGAGCAAGAAGAGACCACCTCCGAGGAAGAA CAAGCACTCCAAAAAGAAGAGGAGCAAAAAGAAAAG CTCCTACAGCAACTCAGAGTCCAGCGACAGCACCA GCGAGTCCTCAGACAGGGAATCAAACACCTCATGG GAGACGTCCTCCGACTCAGACAGGGAGTCCACTGG AACCCAGTCCTATAATACTTCCACCAGAACCAATACC AGACCTCTTATTCCCCAATACTGGTAAAAAAAAAAAA TTCTCTCTCTTCGACTGGGAGTGCGAGAGGGATCTA GCATGTGCATTCTGCCGTCCCATGCGCTTCTATCCC TCAGACAACCCAACTTACCCGTGGTTACCCCCCAAG CGAGATATCCCCAAAATATGTAAAGTAAACTTCAAAA TAAATTTCACTGAATGA	
AB064600.1	BAB79327.1	ORF4	ATGTCGTGGAGACCGCCGAGCCAAAATTTACTGCAA AGAGAAGAGGCCTGGTACTCAGCTTTTCTTAGCTCG CATTCTACATTTTGCGGTTGTACTGACCCTCTGCTGC ATATTACTCTCATTGCTGGCCGCCTTACTAACCCCGT ACCCGTCACCCGCCAACCGGAGACCCCTCCTAACG GCCTCAGGGGGCTGCCGGCACTGCCAGCACCCCCT GAACCACCAGCACCGCCACCACGGCCTGGGGATGG TACCGGAGAAGAAGATGGCGCCCATGGAGAAGGAG AAGGTGGGCGATACGCAGAAGAAGACCTAGAAGAA CTGTTCGCCGCCGCGGCAGAAGACGATATGCGTCG CATCCAAAAGACCCCGATTCGACACTCCAGTCCAAG GGCAGCTCGAAAGCCAAGAAGAAGAAAGCTATCGTT TACTCAGAGCACTCCAAAAAGAGCAAGAGACAAGCA GCTCGGAAGAGGAGCAGCCACAAAACCAAGAGATC CAAGAAAAACTACTCCTCCAGCTCCAGCAGCAGCGA CAACAGCAGCGACTCCTCGCAAAGGGAATCAAGCA CCTCCTCGGAGATGTCCTCCGACTCCGAAAAGGAGT CCACTGGGACCCGGTCCTTACATAGCACCTCCAGAA CCTATCCCAGACCTTTTGTTCCCCAGTACTAAAAAAA AAAAGAAATTTTCAAAATTAGACTGGGAGAACGAGG CTCAAATAGCAGGGTGGTTAGACAGGCCTATGAGG CTGTATCCTGGGGACCCCCCCTTCTACCCTTGGCTA CCCCGAAAGCCACCTACCCAGCCTACATGTAGGGTA AGCTTCAAAATAAAGCTAGATGATTAA	683
AB064601.1	BAB79331.1	ORF4	ATGTCGTGGGCTCCGCCGCTATTCAACTCGAAACAG AGAGAGGACCAGTGGTACCAGTCAATTATTTTCAGC CATAATACTTTTTGCGGCTGCGGTGACCTTGTTAGG CATTTTTGCGTCGTTGCTTCTCGCTTTACTGAGCCTC CTGTAGTGCCGGCCCTACCGGCACCGGTACCGGCA CCGCCACGGCGTGGTACAGAAGAAGAAGGTGGAGA CCGTGGAGAAGACGCCGCAGACCGTGGACCCTACG CAGAAGAAGAGCTAGAAGATTTGTTCGCCGCCGCC CGAGAAGACGATATGCGTCGTCTTCAAAAGACCCCG ACTGGAAACCCAGTACAAAGGAACCCAAGAAACCCC AGAAGAAGACGCCTACACTTTACTCAAAGCACTCCA AAAAGAGCAAGAGAGCAGCAGCTCGGAAGAAGAAC TCCCACAAGAAGAGCAAGAGATCCAAAAAACACAAC TCCTCAAGCAGCTCCAACTCCAGCAGCAGCAACAGC GAATCCTCAAGAGGGGAATCAGACACCTCTTCGGAG ACGTCCTCCGACTCAGAAAAGGAGTCCACTCCAACC	684

[0674]

[0675]

			CAGACCTATTATAATACCAGCAGAGGAAATCCCAGA CCTGCTTTTCCCCAATACTGGTAAAAAAAAAAAATTC TCTCCATTCGATTGGGAGACAGAGCAGCAGCTCGCA TGCTGGATGCGGCGCCCCATGCGCTTCTATCCAACA GACCCCCCGTTCTACCCCTGGCTACCCCCCAAGCG AGATATCCCCAATATATGTAAAGTCAACTTCAAAATA AATTACTCAGAGTAA	
AB064602.1	BAB79335.1	ORF4	ATGCCGTGGCATCCACCGGGCTACAACGTTCAACA GAGAGAAGAGCTCTGGGTACAGACAGTTACTACTTC ACATGCTACTTTTTGCGGCTGTGGTGACCCTAGTAG CCATCTTCACCGCATTCTTAGCCGCCTTAATAACAG CAGCCGGCGGCCCCCCGAAACCCCAAACCCCATTC GTGCCCTACCGGCCCTACCGGCACCCCAAGAACCT GAACAGCCGCCATCACGGCCTGGTACCGGTACAGA AGAAGGCCATGGCGCCGAAGGAGGCGACCGAGGT GGGGCCTACGCAGAAGAAGATTTAGAAGATCTTTTC GCGGCCGCGGAAGAAGACGATATGCGTCGTGTCAA AAAGACCCCGATTGGAAACCCAGTACCACGGCCAA CACGAAAGCCAAGAAGAAGACGCCTATCTTTTACTC AAACAACTCCAGGAAGAGCAAGAAACGAGCAGTTCG GAGGGAGAACAAGCACCCCAAGAAAAAACACTCCAA AAAGAAAAGCTCCTCAAGCAGCTGCAGCTCCACAAG CAGCAGCAGCAACTCCTCAGAAAAGGAATCAGACAC CTCCTCGGGGACGTCCTCCGACTCAGACGGGGAGT CCACTGGGACCCAGGCCTATAGTACTGCCTCCAGA GCCTATTCCAGACTTGCTTTTCCCAAATACTAAAAAA AAAAAGAAATTTTCGCCCCTTAGACTGGGAGAACGAG GCTCAAATAGCAGGGTGGTTAGACAGGCCTATGAG GCTGTATCCTGGGGACAACCCCTTCTACCCGTGGCT ACCAAAAAAGCCACCTACCCACCCTACATGTAGAGT AACCTTCAAAATAAAGCTAGATGATTAA	685
AB064603.1	BAB79339.1	ORF4	ATGTCGTGGCGACCGCCGTTGCATTCTATCCAAGGC AGAGAAGATCAATGGTATGCAGGCATCTTTCATACG CATTTTGCTTTTTGCGGTTGTGGTGACCCTGTTGGG CGTATTAACCGCATTGCTCACCGCTTTCCTAACGCC GGTCCCCCGAGACCACCTCCAGGGCTAGACCAGCC CAACCTCGGAGGGCCGGAAGGTCCAGGAGGTGCC CCTAGAGCCCTGCCAGCCCTGCCGGCCCCGGCAGA GCCAGAGCCGGCACCACGGCGTGGTGGTGGGGCC GATGGAGACAGCGCCGCTGGGGCCGCCGCCGCCG CAGACCATGGAGGGTACGACGAAGGAGACCTAGAA GATCTTTTCGCCGCCGCCGCCGAGGACGATATGGC CTTTATCAAGAAAAAGAAACAAGCTCGACACAAAGAT GCCAGGCCCCCCAACCCCCGAAAAAGAAAGCTACA CTTTACTCCAAGCCCTCCAAGAGTCGGGCCAGGAG AGCAGCTCCCAGGACGAAGAACAAGCACCCCAAAA AGAAGAGAACCAGAAAGAAGCGCTCGTGGAGCAGC TCCAGCTCCAGAAACAGCACCAGCGAGTCCTCAAG CGAGGCCTCAAACTCCTCTTGGGAGACGTCCTCCG ACTCCGCCGCGGAGTCCACTGGGACCCCCTCCTAT CCTAATTCAGGGTCCCTCTATCCCAGACCTGCTTTT CCCTAACACTCAAAAAAAACCCAAATTTTCCAACTTC GACTGGGCCACCGAGTACCAAATAGCCAAGTGGCC AGACCGCCCTTTGAGGCACTACCCCTCAGACCTCCC TCACTACCCGTGGCTACCAAAAAAGCCACCTACCCA GCCTACATGTAGAGTAAGTTTCAAATTAAAGCTTGAT GCCTAA	686
AB064604.1	BAB79343.1	ORF4	ATGAGTATTTGGAGGCCTCCACTGCACAATGTCCCG GGACTCGAACACCTCTGGTACGAGTCAGTGCATCGT AGCCATGCTGCTGTTTGTGGCTGTGGGGATCCTGTA CGCCATCTTACTGCTCTTGCTGAAAGATATGGCATT CCGGGAGGGTCGCGGTCTTCTGGGGCACCGGGAG	687

			TAGGGGGCAACCACAACCCTCCCCAGATCCGTCGA GCCCGCCACCCGGCGGCTGCTCCGGACCCCCCAG CAGGTAACCAGCCTCCGGCCCTGCCATGGCATGGG GATGGTGGAAACGAAAGCGGCGCTGGTGGTGGAGA AAGCGGTGGACCCGTGGCCGACTTCGCAGACGATG GCCTAGACGATCTCGTCGCCGCCCTCGACGAAGAA GAAAGAAGACTTCAATATCCAAGAGAGACAACAAAG AGAACAGAGACCGTGGACGAGCGAAAGCGAGAGCG AAGCAGAAGCCCAAGAAGAGACGCAGGCGGGCTCG GTCCGAGAGCAGCTCCAGCAGCAGCTCCAAGAGCA GTTTCAACTCCGAAGAGGGCTCAAGTGCCTCTTCGA GCAGTTAGTCAGAACCCAACAGGGAGTCCACGTAG ATCCCTGCCTCGTGTAGGCCCGGAGCAGTGGCTAC TCCCCGAGAGAAAGCCTAAGCCCGCTCCTACTTCAG GAGACTGGGCTATGGAGTACCTAATGTGCAAAATAA TGAATAGGCCTCCTCGCTCTCAGCTTACTGACCCCC CATTTTACCCTTACTGCAAAAATAATTACAATGTAAC CTTTCAGCTTAACTACAAATAA	
AB064606.1	BAB79351.1	ORF4	ATGAGCTTCTGGAGACCTCCGGTGCACAATGCCAC GGGGATCCAGCGCCTGTGGTACGAGTCCTTTCACC GTGGCCATGCTGCTTTTTGTGGTTGTGGGGATCCTA TACTTCACATTACTGCACTTGCTGAGACATATGGCCA TCCAACAGGCCCGAGACCTTCTGGGCCACCGCGAG TAGACCCCGATCCCCAGATCCGTAGAGCCAGGCCT GCCCCGGCCGCTCCGGAGCCCTCACAGGTTGAGCC GAGACCTGCCCTGCCATGGCATGGGGATGGTGGAA GCGACGGCGGCGCTGGTGGTTCCGGAAGCGGTGG ACCCGTGGCAGACTTCGCAGACGATGGCCTCGATC AGCTCGTCGCCGCCCTAGACGACGAAGAAAAAAGG CTCAGATTCACTCCAAAGAGAATCGAGACCGTGGAG CAACTCGGAGACCGAGGCAGAGACAGAAGCCCCCT CGGAAGAAGAGCCGGAGAACCAAGAAGAACAAGTA CTCCAGTTGCAGCTCCGACAGCAGCTCCGAGAACA GCGAAAACTCAGACAGGGAATCCAGTGCCTCTTCGA GCAACTGATAACAACCCAACAGGGGGTTCACAAAAA CCCATTGCTAGAGTAGGCCCAGAGCAGTGGCTGTTT CCCGAGAGAAAGCCAAAACCACCTCCCACCGCCCA GGACTGGGCGGAGGAGTACACTGCCTGTAAATACT GGGGTAGGCCACCTCGCAAATTCCTCACAGACACG CCATTCTATACTCACTGCAAGACCAATTACAATGTAA CCTTTATGCTTAACTATCAATAA	688
FJ426280.1	ACK44074.1	ORF4	ATGGGACTGGCGACGGGGGCTTTTTGGTGCAGATG CTATCCAGAGAGTGTCACAAAAACCGGAAGATGCTC TCCGCTTTACAAACCCTTTCAAGAGACCCAGATATCT TCCCCCGACAGACGGAGAAGACTACCGACAAGAAG AAGACTTCGCTTTACAGGAAAGAAGACGGCGCACAT CCACAGAAGAAGTCCAGGACGAGGAGAGCCCCCCG CAAAACGCGCCGCTCCTACAGCAGCAGCAGCAGCA GCGGGAGCTCTCAGTCCAGCACGCGGAGCAGCAGC GACTCGGAGTCCAACTCCGATACATCCTCCAAGAAG TCCTCAAAACGCAAGCGGGTCTCCACCTAAACCCCC TATTATTAGGCCCGCCACAAACAAGGTGTATATCTTT GAGCCCCCCAGAGGCCTACTCCCCATAGTGGGAAA AGAAGCCTGGGAGGACGAGTACTGCACCTGCAAGT ACTGGGATCGCCCTCCCAGAACCAACCACCTAGACA CCCCCACTTATCCCTAG	689

[0676]

[0677] 일부 실시형태에서, 유전 요소는 본원, 예를 들어, 표 20에 기재된 뉴클레오티드 서열 중 어느 하나에 대하여 적어도 약 60%, 70% 80%, 85%, 90% 95%, 96%, 97%, 98% 및 99% 뉴클레오티드 서열 동일성을 갖는 실질적으로 비-병원성인 바이러스로부터의 하나 이상의 서열 또는 서열의 단편을 포함할 수 있다.

[0678] [표 20]

아넬로바이러스 및 그들의 서열의 예. 수탁 번호 및 관련 서열 정보는 2017년 6월 12일자로 찾아본 바와 같이 www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/에서 수득될 수 있다.

수탁 번호	설명
AB026345.1	ORF1 및 ORF2에 대한 TT 바이러스 유전자, 완전한 코딩 서열, 단리주:TRM1
AB026346.1	ORF1 및 ORF2에 대한 TT 바이러스 유전자, 완전한 코딩 서열, 단리주:TK16
AB026347.1	ORF1 및 ORF2에 대한 TT 바이러스 유전자, 완전한 코딩 서열, 단리주:TP1-3
AB030487.1	pORF2a, pORF2b, pORF1에 대한 TT 바이러스 유전자, 완전한 코딩 서열, 클론: JaCHCTC19
AB030488.1	pORF2a, pORF2b, pORF1에 대한 TT 바이러스 유전자, 완전한 코딩 서열, 클론: JaBD89
AB030489.1	pORF2a, pORF2b, pORF1에 대한 TT 바이러스 유전자, 완전한 코딩 서열, 클론: JaBD98
AB038340.1	ORF2s, ORF1, ORF3에 대한 TT 바이러스 유전자, 완전한 코딩 서열
AB038622.1	ORF2, ORF1, ORF3에 대한 TT 바이러스 유전자, 완전한 코딩 서열, 단리주: TTVyon-LC011
AB038623.1	ORF2, ORF1, ORF3에 대한 TT 바이러스 유전자, 완전한 코딩 서열, 단리주: TTVyon-KC186
AB038624.1	ORF2, ORF1, ORF3에 대한 TT 바이러스 유전자, 완전한 코딩 서열, 단리주: TTVyon-KC197
AB041821.1	VP1에 대한 TT 바이러스 mRNA, 완전한 코딩 서열
AB050448.1	ORF1, ORF2, ORF3, ORF4에 대한 토르크 테노 바이러스 유전자, 완전한 코딩 서열, 단리주: TYM9
AB060592.1	ORF1, ORF2, ORF3, ORF4에 대한 토르크 테노 바이러스 유전자, 클론: SAa-39
AB060593.1	ORF1, ORF2, ORF3, ORF4에 대한 토르크 테노 바이러스 유전자, 완전한 코딩 서열, 클론: SAa-38
AB060595.1	ORF1, ORF2, ORF3, ORF4에 대한 TT 바이러스 유전자, 완전한 코딩 서열, 클론: SAj-30
AB060596.1	ORF1, ORF2, ORF3, ORF4에 대한 TT 바이러스 유전자, 완전한 코딩 서열, 클론: SAf-09
AB064596.1	토르크 테노 바이러스 DNA, 완전한 게놈, 단리주: CT25F
AB064597.1	토르크 테노 바이러스 DNA, 완전한 게놈, 단리주: CT30F
AB064599.1	토르크 테노 바이러스 DNA, 완전한 게놈, 단리주: JT03F
AB064600.1	토르크 테노 바이러스 DNA, 완전한 게놈, 단리주: JT05F
AB064601.1	토르크 테노 바이러스 DNA, 완전한 게놈, 단리주: JT14F
AB064602.1	토르크 테노 바이러스 DNA, 완전한 게놈, 단리주: JT19F
AB064603.1	토르크 테노 바이러스 DNA, 완전한 게놈, 단리주: JT41F
AB064604.1	토르크 테노 바이러스 DNA, 완전한 게놈, 단리주: CT39F
AB064606.1	토르크 테노 바이러스 DNA, 완전한 게놈, 단리주: JT33F
AF079173.1	TT 바이러스 주 TTVCHN1, 완전한 게놈
AF116842.1	TT 바이러스 주 BDH1, 완전한 게놈
AF122917.1	TT 바이러스 단리주 JA4, 완전한 게놈
AF122919.1	TT 바이러스 단리주 JA10, 미공지된 유전자
AF129887.1	TT 바이러스 TTVCHN2, 완전한 게놈
AF254410.1	TT 바이러스 ORF2 단백질 및 ORF1 단백질 유전자, 완전한 코딩 서열
AF298585.1	TT 바이러스 폴리시(Polish) 단리주 P/1C1, 완전한 게놈
AF315076.1	TTV-유사 바이러스 DXL1 미공지된 유전자
AF315077.1	TTV-유사 바이러스 DXL2 미공지된 유전자
AF345521.1	TT 바이러스 단리주 TCHN-G1 Orf2 및 Orf1 유전자, 완전한 코딩 서열

[0679]

AF345522.1	TT 바이러스 단리주 TCHN-E Orf2 및 Orf1 유전자, 완전한 코딩 서열
AF345525.1	TT 바이러스 단리주 TCHN-D2 Orf2 및 Orf1 유전자, 완전한 코딩 서열
AF345527.1	TT 바이러스 단리주 TCHN-C2 Orf2 및 Orf1 유전자, 완전한 코딩 서열
AF345528.1	TT 바이러스 단리주 TCHN-F Orf2 및 Orf1 유전자, 완전한 코딩 서열
AF345529.1	TT 바이러스 단리주 TCHN-G2 Orf2 및 Orf1 유전자, 완전한 코딩 서열
AF371370.1	TT 바이러스 ORF1, ORF3, 및 ORF2 유전자, 완전한 코딩 서열
AJ620212.1	토르크 테노 바이러스, 단리주 tth6, 완전한 게놈
AJ620213.1	토르크 테노 바이러스, 단리주 tth10, 완전한 게놈
AJ620214.1	토르크 테노 바이러스, 단리주 tth11g2, 완전한 게놈
AJ620215.1	토르크 테노 바이러스, 단리주 tth18, 완전한 게놈
AJ620216.1	토르크 테노 바이러스, 단리주 tth20, 완전한 게놈
AJ620217.1	토르크 테노 바이러스, 단리주 tth21, 완전한 게놈
AJ620218.1	토르크 테노 바이러스, 단리주 tth3, 완전한 게놈
AJ620219.1	토르크 테노 바이러스, 단리주 tth9, 완전한 게놈
AJ620220.1	토르크 테노 바이러스, 단리주 tth16, 완전한 게놈
AJ620221.1	토르크 테노 바이러스, 단리주 tth17, 완전한 게놈
AJ620222.1	토르크 테노 바이러스, 단리주 tth25, 완전한 게놈
AJ620223.1	토르크 테노 바이러스, 단리주 tth26, 완전한 게놈
AJ620224.1	토르크 테노 바이러스, 단리주 tth27, 완전한 게놈
AJ620225.1	토르크 테노 바이러스, 단리주 tth31, 완전한 게놈
AJ620226.1	토르크 테노 바이러스, 단리주 tth4, 완전한 게놈
AJ620227.1	토르크 테노 바이러스, 단리주 tth5, 완전한 게놈
AJ620228.1	토르크 테노 바이러스, 단리주 tth14, 완전한 게놈
AJ620229.1	토르크 테노 바이러스, 단리주 tth29, 완전한 게놈
AJ620230.1	토르크 테노 바이러스, 단리주 tth7, 완전한 게놈
AJ620231.1	토르크 테노 바이러스, 단리주 tth8, 완전한 게놈
AJ620232.1	토르크 테노 바이러스, 단리주 tth13, 완전한 게놈
AJ620233.1	토르크 테노 바이러스, 단리주 tth19, 완전한 게놈
AJ620234.1	토르크 테노 바이러스, 단리주 tth22g4, 완전한 게놈
AJ620235.1	토르크 테노 바이러스, 단리주 tth23, 완전한 게놈
AM711976.1	TT 바이러스 sle1957 완전한 게놈
AM712003.1	TT 바이러스 sle1931 완전한 게놈
AM712004.1	TT 바이러스 sle1932 완전한 게놈
AM712030.1	TT 바이러스 sle2057 완전한 게놈
AM712031.1	TT 바이러스 sle2058 완전한 게놈
AM712032.1	TT 바이러스 sle2072 완전한 게놈
AM712033.1	TT 바이러스 sle2061 완전한 게놈
AM712034.1	TT 바이러스 sle2065 완전한 게놈
AY026465.1	TT 바이러스 단리주 L01 ORF2 및 ORF1 유전자, 완전한 코딩 서열
AY026466.1	TT 바이러스 단리주 L02 ORF2 및 ORF1 유전자, 완전한 코딩 서열
DQ003341.1	토르크 테노 바이러스 클론 P2-9-02 ORF2 (ORF2), ORF1A (ORF1A) 및 ORF1B (ORF1B) 유전자, 완전한 코딩 서열
DQ003342.1	토르크 테노 바이러스 클론 P2-9-07 ORF2 (ORF2), ORF1A (ORF1A) 및 ORF1B (ORF1B) 유전자, 완전한 코딩 서열

[0680]

DQ003343.1	토르크 테노 바이러스 클론 P2-9-08 ORF2 (ORF2), ORF1A (ORF1A) 및 ORF1B (ORF1B) 유전자, 완전한 코딩 서열
DQ003344.1	토르크 테노 바이러스 클론 P2-9-16 ORF2 (ORF2), ORF1A (ORF1A) 및 ORF1B (ORF1B) 유전자, 완전한 코딩 서열
DQ186994.1	토르크 테노 바이러스 클론P601 ORF2 (ORF2) 및 ORF1 (ORF1)유전자, 완전한 코딩 서열
DQ186995.1	토르크 테노 바이러스 클론P605 ORF2 (ORF2)및 ORF1 (ORF1) 유전자, 완전한 코딩 서열
DQ186996.1	토르크 테노 바이러스 클론BM1A-02 ORF2 (ORF2)및 ORF1(ORF1)유전자, 완전한 코딩 서열
DQ186997.1	토르크 테노 바이러스 클론BM1A-09 ORF2 (ORF2)및 ORF1(ORF1)유전자, 완전한 코딩 서열
DQ186998.1	토르크 테노 바이러스 클론 BM1A-13 ORF2 (ORF2)및 ORF1(ORF1)유전자, 완전한 코딩 서열
DQ186999.1	토르크 테노 바이러스 클론 BM1B-05 ORF2 (ORF2)및 ORF1(ORF1)유전자, 완전한 코딩 서열
DQ187000.1	토르크 테노 바이러스 클론 BM1B-07 ORF2 (ORF2)및 ORF1(ORF1)유전자, 완전한 코딩 서열
DQ187001.1	토르크 테노 바이러스 클론BM1B-11 ORF2 (ORF2) 및 ORF1(ORF1) 유전자, 완전한 코딩 서열
DQ187002.1	토르크 테노 바이러스 클론BM1B-14 ORF2 (ORF2) 및 ORF1(ORF1) 유전자, 완전한 코딩 서열
DQ187003.1	토르크 테노 바이러스 클론 BM1B-08 ORF2 (ORF2) 유전자, 완전한 코딩 서열; 비기능적 ORF1 (ORF1) 유전자, 완전한 서열
DQ187004.1	토르크 테노 바이러스 클론 BM1C-16 ORF2 (ORF2)및 ORF1(ORF1)유전자, 완전한 코딩 서열
DQ187005.1	토르크 테노 바이러스 클론 BM1C-10 ORF2 (ORF2)및 ORF1(ORF1)유전자, 완전한 코딩 서열
DQ187007.1	토르크 테노 바이러스 클론 BM2C-25 ORF2(ORF2) 유전자, 완전한 코딩 서열; 비기능적 ORF1 (ORF1) 유전자, 완전한 서열
DQ361268.1	토르크 테노 바이러스 단리주 ViPi04 ORF1 유전자, 완전한 코딩 서열
EF538879.1	토르크 테노 바이러스 단리주 CSC5 ORF2 및 ORF1 유전자, 완전한 코딩 서열
EU305675.1	토르크 테노 바이러스 단리주 LTT7 ORF1 유전자, 완전한 코딩 서열
EU305676.1	토르크 테노 바이러스 단리주 LTT10 ORF1 유전자, 완전한 코딩 서열
EU889253.1	토르크 테노 바이러스 단리주 ViPi08 비기능적 ORF1 유전자, 완전한 서열
FJ392105.1	토르크 테노 바이러스 단리주 TW53A25 ORF2 유전자, 부분 코딩 서열; 및 ORF1 유전자, 완전한 코딩 서열
FJ392107.1	토르크 테노 바이러스 단리주 TW53A27 ORF2 유전자, 부분 코딩 서열; 및 ORF1 유전자, 완전한 코딩 서열
FJ392108.1	토르크 테노 바이러스 단리주 TW53A29 ORF2 유전자, 부분 코딩 서열; 및 ORF1 유전자, 완전한 코딩 서열
FJ392111.1	토르크 테노 바이러스 단리주 TW53A35 ORF2 유전자, 부분 코딩 서열; 및 ORF1 유전자, 완전한 코딩 서열
FJ392112.1	토르크 테노 바이러스 단리주 TW53A39 ORF2 유전자, 부분 코딩 서열; 및 ORF1 유전자, 완전한 코딩 서열
FJ392113.1	토르크 테노 바이러스 단리주 TW53A26 ORF2 유전자, 완전한 코딩 서열; 및 비기능적 ORF1 유전자, 완전한 서열
FJ392114.1	토르크 테노 바이러스 단리주 TW53A30 ORF2 및 ORF1 유전자, 완전한 코딩 서열
FJ392115.1	토르크 테노 바이러스 단리주 TW53A31 ORF2 및 ORF1 유전자, 완전한 코딩 서열
FJ392117.1	토르크 테노 바이러스 단리주 TW53A37 ORF1 유전자, 완전한 코딩 서열
FJ426280.1	토르크 테노 바이러스 주 SIA109, 완전한 게놈
GU797360.1	토르크 테노 바이러스 클론 8-17, 완전한 게놈
HC742700.1	특허 WO2010044889호로부터의 서열 7
HC742710.1	특허 WO2010044889호로부터의 서열 17

[0681]

[0682] 일부 실시형태에서, 유전 요소는 하나 이상의 비-아넬로바이러스, 예를 들어, 아데노바이러스, 헤르페스 바이러스, 폭스 바이러스, 백시니아 바이러스, SV40, 파필로마 바이러스, RNA 바이러스, 예컨대 레트로바이러스, 예를 들어, 렌티 바이러스, 단일-가닥 RNA 바이러스, 예를 들어, 간염 바이러스, 또는 이중-가닥 RNA 바이러스, 예를 들어, 로타바이러스로부터의 하나 이상의 서열에 대하여 상동성 또는 동일성을 갖는 하나 이상의 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, 재조합 레트로바이러스가 결함이 있기 때문에, 감염성 입자를 생성하도록 지원이 제공될 수 있다. 이러한 지원은 예를 들어, LTR 내의 조절 서열의 제어 하에 레트로바이러스의 구조적 유전자의 전부를 인코딩하는 플라스미드를 함유하는 헬퍼 세포주를 사용함으로써 제공될 수 있다. 본원에 기재된 큐론을 복제하는데 적합한 세포주는 해당 분야에 공지된 세포주, 예를 들어, 본원에 기재된 바와 같이 변형될 수 있는 A549 세포를 포함한다. 상기 유전 요소는 선택 가능한 마커를 인코딩하는 유전자를 추가로 함유하여, 요망되는 유전 요소가 확인되게 할 수 있다.

[0683] 일부 실시형태에서, 유전 요소는 서열이 제1 뉴클레오티드 서열에 의해 인코딩되는 폴리펩티드와 적어도 약 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99% 동일하게 유지되거나, 또는 다르게 본 발명을 실시하는데 유용하다면, 인코딩된 폴리펩티드에 아미노산 차이를 초래하는 비-침묵 돌연변이, 예를 들어, 염기 치환, 결실 또는 부가를 포함한다. 이와 관련하여, 일반적으로 전체 단백질 기능을 불활성화시키지 않는 것으로 인식되는 특정 보존적 아미노산 치환이 이루어질 수 있다: 예컨대 양으로 하전된 아미노산(및 그의 역)에 관하여, 라이신, 아르기닌 및 히스티딘; 음으로 하전된 아미노산(및 그의 역)에 관하여, 아스파르트산 및 글루탐산; 및 특정 군의 중성으로 하전된 아미노산(및 모든 경우에, 또한 그의 역)에 관하여, (1) 알라닌 및 세린, (2) 아스파라긴, 글루타민 및 히스티딘, (3) 시스테인 및 세린, (4) 글리신 및 프롤린, (5) 이소류신, 류신 및 발린, (6) 메티오닌, 류신 및 이소류신, (7) 페닐알라닌, 메티오닌, 류신 및 티로신, (8) 세린 및 트레오닌, (9) 트립토판 및 티로신, (10) 및 예를 들어, 티로신, 트립토판 및 페닐알라닌. 아미노산은 물리적 특성 및 이차 및 삼차 단백질 구조에 대한 기여에 따라 분류될 수 있다. 보존적 치환은 하나의 아미노산의 유사한 특성을 갖는 또 다른 아미노산으로의 치환으로서 해당 분야에 인식된다.

[0684] 동일한 또는 특정 백분율의 동일한 뉴클레오티드 또는 아미노산 잔기를 갖는 2개 이상의 핵산 또는 폴리펩티드 서열의 동일성(예를 들어, 비교 윈도우 또는 표기된 영역에 걸쳐 최대 상응성을 위해 비교되고 정렬되는 경우, 특정 영역에 걸쳐 약 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 이

상의 동일성)은 하기 기재된 디폴트 파라미터와 함께 BLAST 또는 BLAST 2.0 서열 비교 알고리즘을 사용하여 또는 수동의 정렬 및 육안의 검사(예를 들어, NCBI 웹 사이트 www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST/ 등 참조)에 의해 측정될 수 있다. 동일성은 또한 시험 서열의 상보물을 지칭할 수 있거나 이에 적용될 수 있다. 동일성은 또한 결실 및/또는 부가를 갖는 서열 및 치환을 갖는 서열을 포함한다. 본원에 기재된 바와 같이, 알고리즘은 갭 등을 설명한다. 동일성은 적어도 약 10개 아미노산 또는 뉴클레오티드 길이, 약 15개 아미노산 또는 뉴클레오티드 길이, 약 20개 아미노산 또는 뉴클레오티드 길이, 약 25개 아미노산 또는 뉴클레오티드 길이, 약 30개 아미노산 또는 뉴클레오티드 길이, 약 35개 아미노산 또는 뉴클레오티드 길이, 약 40개 아미노산 또는 뉴클레오티드 길이, 약 45개 아미노산 또는 뉴클레오티드 길이, 약 50개 아미노산 또는 뉴클레오티드 길이 이상인 영역에 걸쳐 존재할 수 있다.

[0685] 일부 실시형태에서, 유전 요소는 본원에, 예를 들어, 표 19 또는 표 20에 기재된 뉴클레오티드 서열 중 어느 하나에 대하여 적어도 약 75% 뉴클레오티드 서열 동일성, 적어도 약 80%, 85%, 90% 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100% 뉴클레오티드 서열 동일성을 갖는 뉴클레오티드 서열을 포함한다. 유전 암호가 축퇴성이기 때문에, 상동성 뉴클레오티드 서열은 임의의 수의 "침묵" 염기 변경, 즉, 그럼에도 불구하고 동일한 아미노산을 인코딩하는 뉴클레오티드 치환을 포함할 수 있다.

[0686] *유전자 편집 성분*

[0687] 합성 큐론의 유전 요소는 유전자 편집 시스템의 성분을 인코딩하는 하나 이상의 유전자를 포함할 수 있다. 예시적인 유전자 편집 시스템은 클러스터링된 규칙적으로 산재된 짧은 회문 반복부(CRISPR) 시스템, 아연 핑거 뉴클레아제(ZFN) 및 전사 활성화제-유사 이펙터-기반의 뉴클레아제(TALEN)를 포함한다. ZFN, TALEN 및 CRISPR-기반의 방법은 예를 들어, 문헌[Gaj et al. Trends Biotechnol. 31.7(2013):397-405]에 기재되어 있으며; 유전자 편집의 CRISPR 방법은 예를 들어, 문헌[Guan et al., Application of CRISPR-Cas system in gene therapy: Pre-clinical progress in animal model. DNA Repair 2016 Oct;46:1-8. doi: 10.1016/j.dnarep.2016.07.004]; 문헌[Zheng et al., Precise gene deletion and replacement using the CRISPR/Cas9 system in human cells. BioTechniques, Vol. 57, No. 3, September 2014, pp. 115-124]에 기재되어 있다.

[0688] CRISPR 시스템은 원래 박테리아 및 조류에서 관찰되는 적응 방어 시스템이다. CRISPR 시스템은 CRISPR-회합 또는 "Cas" 엔도뉴클레아제(예를 들어, Cas9 또는 Cpf1)로 명명되는 RNA-가이드된 뉴클레아제를 사용하여, 외래 DNA를 절단한다. 전형적인 CRISPR/Cas 시스템에서, 엔도뉴클레아제는 단일- 또는 이중-가닥 DNA 서열을 표적화하는 서열-특이적 비-코딩 "가이드 RNA"에 의해 표적 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 서열-편집될 게놈 내의 부위)에 지향된다. CRISPR 시스템의 3가지 부류(I 내지 III)가 확인된 바 있다. 부류 II CRISPR 시스템은 (다수의 Cas 단백질보다는) 단일의 Cas 엔도뉴클레아제를 사용한다. 하나의 부류 II CRISPR 시스템은 II형 Cas 엔도뉴클레아제, 예컨대 Cas9, CRISPR RNA("crRNA") 및 트랜스-활성화 crRNA("tracrRNA")를 포함한다. crRNA는 "가이드 RNA", 전형적으로 표적 DNA 서열에 상응하는 약 20-뉴클레오티드 RNA 서열을 함유한다. crRNA는 또한, tracrRNA에 결합하여, RNase III에 의해 절단되는 부분 이중-가닥 구조를 형성하여, crRNA/tracrRNA 혼성물을 초래하는 영역을 함유한다. 이어서, crRNA/tracrRNA 혼성물은 Cas9 엔도뉴클레아제가 표적 DNA 서열을 인식하고 절단하게 한다. 표적 DNA 서열은 일반적으로 주어진 Cas 엔도뉴클레아제에 특이적인 "프로토스페이서 인접 모티프"("PAM")에 인접해야 하지만; PAM 서열은 주어진 게놈의 도처에서 나타난다.

[0689] 일부 실시형태에서, 큐론은 CRISPR 엔도뉴클레아제에 대한 유전자를 포함한다. 예를 들어, 다양한 원핵생물 종으로부터 확인되는 일부 CRISPR 엔도뉴클레아제는 독특한 PAM 서열 요건을 가지며; PAM 서열의 예는 5'-NGG(스트렙토코커스 피오게네스(Streptococcus pyogenes)), 5'-NNAGAA(스트렙토코커스 써모필러스(Streptococcus thermophilus) CRISPR1), 5'-NGGNG(스트렙토코커스 써모필러스 CRISPR3) 및 5'-NNNGATT(네이세리아 메닌지디티스(Neisseria meningiditis))를 포함한다. 일부 엔도뉴클레아제, 예를 들어, Cas9 엔도뉴클레아제는 G-풍부 PAM 부위, 예를 들어, 5'-NGG와 회합되며, PAM 부위(이로부터 5')로부터 3개 뉴클레오티드 상류의 위치에서 표적 DNA의 블런트-말단 절단을 수행한다. 또 다른 부류 II CRISPR 시스템은 Cas9보다 더 작은 V형 엔도뉴클레아제 Cpf1을 포함하며; 예에는 AsCpf1(아시드아미노코커스(Acidaminococcus) 종 유래) 및 LbCpf1(라크노스피라세아에(Lachnospiraceae) 종 유래)이 포함된다. Cpf1 엔도뉴클레아제는 T-풍부 PAM 부위, 예를 들어, 5'-TTN과 회합된다. 또한, Cpf1은 5'-CTA PAM 모티프를 인식할 수 있다. Cpf1은 4- 또는 5-뉴클레오티드 5' 오버행을 갖는 오프셋 또는 스태거형 이중-가닥 파단부를 도입함으로써, 예를 들어, 코딩 가닥 상의 PAM 부위(그로부터 3')로부터 18개 뉴클레오티드 하류, 및 상보성 가닥 상의 PAM 부위로부터 23개 뉴클레오티드 하류에 위치한 5-뉴클레오티드 오프셋 또는 스태거형 절단으로 표적 DNA를 절단함으로써 표적 DNA를 절단하며; 이러한 오프셋 절단으로부터 초래되는 5-뉴클레오티드 오버행은 상동성 재조합에 의한 DNA 삽입에 의해 블런트-말단 절단된 DNA

에서의 삽입에 의한 것보다 더욱 정밀한 게놈 편집을 가능하게 한다. 예를 들어, 문헌[Zetsche et al. (2015) Cell, 163:759 - 771]을 참조한다.

[0690] 다양한 CRISPR 회합(Cas) 유전자가 큐론 내에 포함될 수 있다. 유전자의 구체적인 예는 Cas1, Cas2, Cas3, Cas4, Cas5, Cas6, Cas7, Cas8, Cas9, Cas10, Cpf1, C2C1 또는 C2C3을 포함하는 부류 II 시스템으로부터의 Cas 단백질을 인코딩하는 것들이다. 일부 실시형태에서, 큐론은 Cas 단백질, 예를 들어, 다양한 원핵생물 종 중 임의의 것으로부터의 것일 수 있는 Cas9 단백질을 인코딩하는 유전자를 포함한다. 일부 실시형태에서, 큐론은 특정 Cas 단백질, 예를 들어, 특정 프로토스페이서-인접 모티프(PAM) 서열을 인식하도록 선택되는 특정 Cas9 단백질을 인코딩하는 유전자를 포함한다. 일부 실시형태에서, 큐론은 세포, 접합체, 배아 또는 동물 내로 도입되어, 예를 들어, 동일한, 유사한 또는 상이한 PAM 모티프를 포함하는 부위의 인식 및 변형을 가능하게 할 수 있는 2가지 이상의 상이한 Cas 단백질 또는 2가지 이상의 Cas 단백질을 인코딩하는 핵산을 포함한다. 일부 실시형태에서, 큐론은 불활성화된 뉴클레아제를 갖는 변형된 Cas 단백질, 예를 들어, 뉴클레아제-결함 Cas9를 인코딩하는 유전자를 포함한다.

[0691] 야생형 Cas9 단백질이 gRNA에 의해 표적화된 특정 DNA 서열에서 이중-가닥 파단부(DSB)를 생성하는 한편, 변형된 기능을 갖는 수많은 CRISPR 엔도뉴클레아제가 알려져 있으며, 예를 들어, "닉카제" 버전의 Cas9는 오직 단일-가닥 파단만을 생성하며; 촉매적으로 비활성인 Cas9("dCas9")는 표적 DNA를 절단하지 않는다. dCas9를 인코딩하는 유전자를 이펙터 도메인을 인코딩하는 유전자와 융합시켜, 표적 유전자의 발현을 억제(CRISPRi)하거나 활성화(CRISPRa)시킬 수 있다. 예를 들어, 유전자는 전사 침묵화제(예를 들어, KRAB 도메인) 또는 전사 활성화제(예를 들어, dCas9-VP64 융합물)를 갖는 Cas9 융합물을 인코딩할 수 있다. 2개의 gRNA에 상동성인 표적 서열에 DSB를 생성하기 위하여, FokI 뉴클레아제에 융합된 촉매적 비활성 Cas9(dCas9)("dCas9-FokI")를 인코딩하는 유전자가 포함될 수 있다. 예를 들어, 애드진 레포지터리(Addgene repository)(Addgene, 75 Sidney St., Suite 550A, Cambridge, MA 02139; addgene.org/crispr/)에 개시되고, 그로부터 공개적으로 이용 가능한 수많은 CRISPR/Cas9 플라스미드를 참조한다. 각각 개별 가이드 RNA에 의해 유도되는, 2개의 개별 이중-가닥 파단을 도입하는 "이중 닉카제" Cas9는 더욱 정확한 게놈 편집을 달성하는 것으로 문헌[Ran et al. (2013) Cell, 154:1380 - 1389]에 기재되어 있다.

[0692] 진핵생물의 유전자를 편집하기 위한 CRISPR 기술은 미국 특허 출원 공개 제2016/0138008A1호 및 제US2015/0344912A1호에, 그리고 미국 특허 제8,697,359호, 제8,771,945호, 제8,945,839호, 제8,999,641호, 제8,993,233호, 제8,895,308호, 제8,865,406호, 제8,889,418호, 제8,871,445호, 제8,889,356호, 제8,932,814호, 제8,795,965호 및 제8,906,616호에 개시되어 있다. Cpf1 엔도뉴클레아제 및 상응하는 가이드 RNA 및 PAM 부위는 미국 특허 출원 공개 제2016/0208243 A1호에 개시되어 있다.

[0693] 일부 실시형태에서, 큐론은 본원에 기재된 폴리펩티드, 예를 들어, 표적화된 뉴클레아제, 예를 들어, Cas9, 예를 들어, 야생형 Cas9, 닉카제 Cas9(예를 들어, Cas9 D10A), 데드(dead) Cas9(dCas9), eSpCas9, Cpf1, C2C1 또는 C2C3, 및 gRNA를 인코딩하는 유전자를 포함한다. 뉴클레아제 및 gRNA(들)를 인코딩하는 유전자의 선택은 표적화된 돌연변이가 뉴클레오티드의 결실인지, 치환인지 또는 부가인지, 예를 들어, 표적화된 서열에 대한 뉴클레오티드의 결실인지, 치환인지 또는 부가인지에 의해 결정된다. (하나 이상의) 이펙터 도메인(예를 들어, VP64)의 전부 또는 그의 일부(예를 들어, 그의 생물학적 활성 부분)와 테더링된 촉매적 비활성 엔도뉴클레아제, 예를 들어, 데드 Cas9(dCas9, 예를 들어, D10A; H840A)를 인코딩하는 유전자는 하나 이상의 표적 핵산 서열의 활성 및/또는 발현을 조절할 수 있는 키메라 단백질을 생성한다.

[0694] 본원에 사용되는 바와 같이, "이펙터 도메인의 생물학적 활성 부분"은 이펙터 도메인(예를 들어, "최소" 또는 "코어" 도메인)의 기능을 (예를 들어, 완전하게, 부분적으로 또는 최소로) 유지하는 부분이다. 일부 실시형태에서, 큐론은 본원에 기재된 방법에서 유용한 키메라 단백질을 생성하기 위하여 하나 이상의 이펙터 도메인의 전부 또는 일부와 dCas9의 융합물을 인코딩하는 유전자를 포함한다. 따라서, 일부 실시형태에서, 큐론은 dCas9-메틸라제 융합물을 인코딩하는 유전자를 포함한다. 다른 일부 실시형태에서, 큐론은 내인성 유전자를 표적화하기 위하여 부위-특이적 gRNA와 함께 dCas9-효소 융합물을 인코딩하는 유전자를 포함한다.

[0695] 다른 양태에서, 큐론은 dCas9와 융합된 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20개 이상의 이펙터 도메인(모든 또는 생물학적 활성 부분)을 인코딩하는 유전자를 포함한다.

[0696] *단백질성 외부*

[0697] 일부 실시형태에서, 큐론, 예를 들어, 합성 큐론은 유전 요소를 봉입하는 단백질성 외부를 포함한다. 단백질성

외부는 포유동물에서 면역 반응을 유도하지 못하는 실질적으로 비-병원성인 외부 단백질을 포함할 수 있다. 일부 실시형태에서, 합성 큐론은 단백질성 외부 내에 지질이 결여된다. 일부 실시형태에서, 합성 큐론에는 지질 이중층, 예를 들어, 바이러스 외피가 결여된다. 일부 실시형태에서, 합성 큐론의 내부는 단백질성 외부에 의해 완전히 덮인다(예를 들어, 100% 커버리지). 일부 실시형태에서, 합성 큐론의 내부는 단백질성 외부에 의해 100% 미만, 예를 들어, 95%, 90%, 85%, 80%, 70%, 60%, 50% 이하의 커버리지로 덮인다. 일부 실시형태에서, 단백질성 외부는 유전 요소가 큐론에 보유되는 한, 예를 들어, 물, 이온, 펩티드 또는 소분자에 대한 투과 가능성을 허용하는 갭 또는 불연속부를 포함한다.

[0698] 일부 실시형태에서, 단백질성 외부는 숙주 세포 내로의 유전 요소의 유입을 매개하기 위하여 숙주 세포를 특이적으로 인식하고/인식하거나 이에 결합하는 하나 이상의 단백질 또는 폴리펩티드, 예를 들어, 상보성 단백질 또는 폴리펩티드를 포함한다.

[0699] 일부 실시형태에서, 단백질성 외부는 하기 중 하나 이상을 포함한다: 하나 이상의 글리코실화된 단백질, 친수성 DNA-결합 영역, 아르기닌-풍부 영역, 트레오닌-풍부 영역, 글루타민-풍부 영역, N-말단 폴리아르기닌 서열, 가변 영역, C-말단 폴리글루타민/글루탐산염 서열 및 하나 이상의 이황화 가교.

[0700] 일부 실시형태에서, 단백질성 외부는 하기의 특징 중 하나 이상을 포함한다: 정20면체 대칭, 하나 이상의 숙주 세포 분자와 상호작용하는 분자를 인식하고/인식하거나 이에 결합하여, 숙주 세포로의 유입을 매개함, 지질 분자가 결여됨, 탄수화물이 결여됨, pH 및 온도 안정성임, 세제 저항성임 및 숙주에서 실질적으로 비-면역원성이거나 실질적으로 비-병원성임.

[0701] **벡터**

[0702] 본원에 기재된 유전 요소는 벡터에 포함될 수 있다. 적합한 벡터 및 그들의 제조 및 그들의 이용 방법은 종래 기술에 널리 알려져 있다.

[0703] 일 양태에서, 본 발명은 (i) 비-병원성 외부 단백질을 인코딩하는 서열, (ii) 유전 요소를 비-병원성 외부 단백질에 결합시키는 외부 단백질 결합 서열, 및 (iii) 조절 핵산을 인코딩하는 서열을 포함하는 유전 요소를 포함하는 벡터를 포함한다.

[0704] 유전 요소 또는 유전 요소 내의 임의의 서열은 임의의 적합한 방법을 사용하여 수득될 수 있다. 다양한 재조합 방법, 예를 들어, 바이러스 서열을 갖는 세포로부터 라이브러리의 스크리닝, 이를 포함하는 것으로 알려져 있는 벡터로부터 서열의 유도, 또는 표준 기법을 사용한 이를 함유하는 세포 및 조직으로부터의 직접적인 단리가 해당 분야에 알려져 있다. 대안적으로 또는 조합하여, 유전 요소의 일부 또는 전부는 클로닝보다는 합성에 의해 생성될 수 있다.

[0705] 일부 실시형태에서, 벡터는 조절 요소, 표적 유전자에 상동성인 핵산 서열, 및 생존 가능한 세포 내에서 및/또는 세포내 분자가 표적 세포 내에 존재하는 경우 리포터 분자의 발현을 야기하기 위한 다양한 리포터 구축물을 포함한다.

[0706] 잠재적으로 트랜스펙션된 세포를 확인하고, 조절 서열의 기능을 평가하기 위한 리포터 유전자가 사용된다. 일반적으로, 리포터 유전자는 수여자 유기체 또는 조직에 존재하거나 그에 의해 발현되지 않고, 발현이 다소 용이하게 검출 가능한 특성, 예를 들어, 효소 활성에 의해 나타나는 폴리펩티드를 인코딩하는 유전자이다. 리포터 유전자의 발현은 DNA가 수여자 세포 내로 도입된 후 적합한 시간에 검정된다. 적합한 리포터 유전자는 루시퍼라제, 베타-갈락토시다제, 클로람페니콜 아세틸 트랜스퍼라제, 분비된 알칼리성 포스파타제 또는 녹색 형광 단백질 유전자를 인코딩하는 유전자를 포함할 수 있다(예를 들어, 문헌[Ui-Tei et al., 2000 FEBS Letters 479: 79-82]). 적합한 발현 시스템은 널리 알려져 있으며, 공지된 기법을 사용하여 제조되거나 상업적으로 수득될 수 있다. 일반적으로, 가장 높은 리포터 유전자의 발현 수준을 보이는 최소 5' 플랭킹 영역을 갖는 구축물은 프로모터로서 확인된다. 이러한 프로모터 영역은 리포터 유전자에 연결되고, 프로모터-유도 전사를 조절하는 능력에 대하여 작용제를 평가하기 위해 사용될 수 있다.

[0707] 일부 실시형태에서, 벡터는 실질적으로 비-병원성이고/이거나 숙주 세포 내에 실질적으로 비-통합되거나, 숙주에서 실질적으로 비-면역원성이다.

[0708] 일부 실시형태에서, 벡터는 표현형, 바이러스 수준, 유전자 발현, 다른 바이러스와의 경쟁, 병태 등 중 하나 이상을 적어도 약 5%, 10%, 15%, 20%, 25%, 30%, 35%, 40%, 45%, 50% 이상 조절하기에 충분한 양으로 존재한다.

[0709] **조성물**

[0710] 본원에 기재된 합성 큐론 또는 벡터는 또한 예를 들어, 본원에 기재된 바와 같이, 약제학적 부형제와 함께 약제학적 조성물에 포함될 수 있다. 일부 실시형태에서, 약제학적 조성물은 적어도 10^5, 10^6, 10^7, 10^8, 10^9, 10^{10}, 10^{11}, 10^{12}, 10^{13}, 10^{14} 또는 10^{15}개의 합성 큐론을 포함한다. 일부 실시형태에서, 약제학적 조성물은 약 10^5 내지 10^{15}, 10^5 내지 10^{10} 또는 10^{10} 내지 10^{15}개의 합성 큐론을 포함한다. 일부 실시형태에서, 약제학적 조성물은 약 10^8(예를 들어, 약 10^5, 10^6, 10^7, 10^8, 10^9 또는 10^{10}) 게놈 당량/㎖의 합성 큐론을 포함한다. 일부 실시형태에서, 약제학적 조성물은 예를 들어, 실시예 18의 방법에 따라 결정시, 10^5 내지 10^{10}, 10^6 내지 10^{10}, 10^7 내지 10^{10}, 10^8 내지 10^{10}, 10^9 내지 10^{10}, 10^5 내지 10^6, 10^5 내지 10^7, 10^5 내지 10^8 또는 10^5 내지 10^9 게놈 당량/㎖의 합성 큐론을 포함한다. 일부 실시형태에서, 약제학적 조성물은 세포당 큐론에 포함되는 적어도 1, 2, 5 또는 10, 100, 500, 1000, 2000, 5000, 8,000, 1 x 10^4, 1 x 10^5, 1 x 10^6, 1 x 10^7개 이상의 카피의 유전 요소를 진핵 세포의 집단에 운반하기에 충분한 합성 큐론을 포함한다. 일부 실시형태에서, 약제학적 조성물은 세포당 큐론에 포함되는 적어도 약 1 x 10^4, 1 x 10^5, 1 x 10^6, 1 x 또는 10^7 또는 약 1 x 10^4 내지 1 x 10^5, 1 x 10^4 내지 1 x 10^6, 1 x 10^4 내지 1 x 10^7, 1 x 10^5 내지 1 x 10^6, 1 x 10^5 내지 1 x 10^7 또는 1 x 10^6 내지 1 x 10^7개 카피의 유전 요소를 진핵 세포의 집단에 운반하기에 충분한 합성 큐론을 포함한다.

[0711] 일부 실시형태에서, 약제학적 조성물은 하기의 특징 중 하나 이상을 갖는다: 약제학적 조성물이 약제학적 또는 우수 제조 기준(GMP) 표준을 충족하거나; 약제학적 조성물을 우수 제조 기준(GMP)에 따라 제조하거나; 약제학적 조성물이 사전결정된 기준 값 미만의 병원체 수준을 갖거나, 예를 들어, 실질적으로 병원체가 없거나; 약제학적 조성물이 사전결정된 기준 값 미만의 오염물질 수준을 갖거나, 예를 들어, 실질적으로 오염물질이 없거나; 또는 약제학적 조성물이 낮은 면역원성을 갖거나, 예를 들어, 본원에 기재된 바와 같이 실질적으로 비-면역원성임.

[0712] 일부 실시형태에서, 약제학적 조성물은 임계값 미만의 양의 하나 이상의 오염물질을 포함한다. 약제학적 조성물에서 바람직하게는 배제되거나 최소화되는 예시적인 오염물질은 제한 없이, 숙주 세포 핵산(예를 들어, 숙주 세포 DNA 및/또는 숙주 세포 RNA), 동물-유래 성분(예를 들어, 혈청 알부민 또는 트립신), 복제-적격 바이러스, 비-감염성 입자, 유리 바이러스 캡시드 단백질, 외래 작용제 및 응집물을 포함한다. 실시형태들에서, 오염물질은 숙주 세포 DNA이다. 실시형태들에서, 조성물은 용량당 약 500 ng 미만의 숙주 세포 DNA를 포함한다. 실시형태들에서, 약제학적 조성물은 중량 기준 10% 미만(예를 들어, 약 10%, 5%, 4%, 3%, 2%, 1%, 0.5% 또는 0.1% 미만)의 오염물질로 이루어진다.

[0713] 일 양태에서, 본원에 기재된 본 발명은 하기를 포함하는 약제학적 조성물을 포함한다:

[0714] a) (i) 비-병원성 외부 단백질을 인코딩하는 서열, (ii) 유전 요소를 비-병원성 외부 단백질에 결합하는 외부 단백질 결합 서열, 및 (iii) 조절 핵산을 인코딩하는 서열을 포함하는 유전 요소; 및 유전 요소와 회합된, 예를 들어, 이를 봉입하거나 둘러싸는 단백질성 외부를 포함하는 합성 큐론; 및

[0715] b) 약제학적 부형제.

[0716] *소낭*

[0717] 일부 실시형태에서, 조성물은 운반체 성분, 예를 들어, 마이크로입자, 리포좀, 소낭 또는 엑소좀을 추가로 포함한다. 일부 실시형태에서, 리포좀은 내부 수성 구획을 둘러싸는 단일- 또는 다중라멜라 지질 이중층 및 상대적으로 불투과성인 외부 친지성 인지질 이중층으로 구성된 구형 소낭 구조를 포함한다. 리포좀은 음이온성, 중성 또는 양이온성일 수 있다. 리포좀은 일반적으로 생체적합성, 비독성이며, 친수성 및 친지성 약물 분자 둘 모두를 운반하고, 혈장 효소에 의한 분해로부터 그들의 카고(cargo)를 보호하고, 생물학적 막을 가로질러 그들의 로드를 수송할 수 있다(예를 들어, 검토를 위하여 문헌[Spuch and Navarro, Journal of Drug Delivery, vol. 2011, Article ID 469679, 12 pages, 2011. doi:10.1155/2011/469679] 참조).

[0718] 소낭은 몇몇 상이한 유형의 지질로부터 제조될 수 있지만; 약물 담체로서 리포좀을 생성하는 데 인지질이 가장 흔히 사용된다. 소낭은 제한 없이, DOTMA, DOTAP, DOTIM, DDAB를 단독으로 또는 콜레스테롤과 함께 포함하여, DOTMA 및 콜레스테롤, DOTAP 및 콜레스테롤, DOTIM 및 콜레스테롤, 및 DDAB 및 콜레스테롤을 제공할 수 있다. 다중라멜라 소낭 지질의 제조 방법은 해당 분야에 알려져 있다(예를 들어, 다중라멜라 소낭 지질 제제에 관한 교시가 본원에 참조로 포함되는 미국 특허 제6,693,086호 참조). 지질 필름이 수용액과 혼합되는 경우 소낭 형

성은 자발적일 수 있지만, 이는 또한 균질화기, 초음파처리기, 또는 압출 장치를 사용함으로써 진탕 형태로 힘을 가함으로써 더 신속히 처리될 수 있다(예를 들어, 검토를 위해 문헌[Spuch and Navarro, Journal of Drug Delivery, vol. 2011, Article ID 469679, 12 pages, 2011. doi:10.1155/2011/469679] 참조). 압출된 지질은 압출된 지질 제제에 관한 교시가 본원에 참조로 포함되는 문헌[Templeton et al., Nature Biotech, 15:647-652, 1997]에 기재된 바와 같이 감소하는 크기의 필터를 통해 압출시킴으로써 제조될 수 있다.

[0719] 본원에 기재된 바와 같이, 첨가제를 소낭에 첨가하여, 그들의 구조 및/또는 특성을 변형시킬 수 있다. 예를 들어, 콜레스테롤 또는 스핑고미엘린을 혼합물에 첨가하여, 구조의 안정화 및 내부 카고의 누출의 방지를 도울 수 있다. 추가로, 소낭은 수소화된 난(egg) 포스파티딜콜린 또는 난 포스파티딜콜린, 콜레스테롤 및 디세틸 포스페이트로부터 제조될 수 있다(예를 들어, 검토를 위하여 문헌[Spuch and Navarro, Journal of Drug Delivery, vol. 2011, Article ID 469679, 12 pages, 2011. doi:10.1155/2011/469679] 참조). 또한, 소낭은 합성 동안 또는 그 후에 수여자 세포 상의 반응성 기에 상보성인 반응성 기를 포함하도록 표면 변형될 수 있다. 이러한 반응성 기는 제한 없이, 말레이미드 기를 포함한다. 일 예로서, 소낭은 말레이미드 컨쥬게이트된 인지질, 예컨대 제한 없이 DSPE-MaL-PEG2000을 포함하도록 합성될 수 있다.

[0720] 소낭 형성은 주로 천연 인지질 및 지질, 예컨대 1,2-다이스테아로릴-sn-글리세로-3-포스파티딜 콜린(DSPC), 스핑고미엘린, 난 포스파티딜콜린 및 모노시알로강글리오시드로 구성될 수 있다. 인지질만으로 제조된 제형은 혈장에서 덜 안정하다. 그러나, 콜레스테롤을 사용한 지질 막의 조작은 캡슐화된 카고의 신속한 방출을 감소시키거나, 1,2-다이올레오일-sn-글리세로-3-포스포에탄올아민(DOPE)은 안정성을 증가시킨다(예를 들어, 검토를 위하여 문헌[Spuch and Navarro, Journal of Drug Delivery, vol. 2011, Article ID 469679, 12 pages, 2011. doi:10.1155/2011/469679] 참조).

[0721] 실시형태들에서, 지질은 지질 마이크로입자를 형성하기 위해 사용될 수 있다. 지질은 DLin-KC2-DMA4, C12-200 및 공지질 디스테로일포스파티딜 콜린을 포함하지만 이들로 제한되지 않으며, 콜레스테롤 및 PEG-DMG는 자발적 소낭 형성 절차를 사용하여 제형화될 수 있다(예를 들어, 문헌[Novobrantseva, Molecular Therapy-Nucleic Acids (2012) 1, e4; doi:10.1038/mtna.2011.3] 참조). 성분 몰비는 약 50/10/38.5/1.5(DLin-KC2-DMA 또는 C12-200/디스테로일포스파티딜 콜린/콜레스테롤/PEG-DMG)일 수 있다. 테크미라(Tekmira)는 모두가 본 발명에 사용될 수 있고/있거나 조정될 수 있는 지질 마이크로입자 및 지질 마이크로입자 제형의 다양한 양태에 관한, 미국 및 해외에서의 대략 95개의 특허 패밀리의 포트폴리오를 갖는다(예를 들어, 미국 특허 제7,982,027호; 제7,799,565호; 제8,058,069호; 제8,283,333호; 제7,901,708호; 제7,745,651호; 제7,803,397호; 제8,101,741호; 제8,188,263호; 제7,915,399호; 제8,236,943호 및 제7,838,658호 및 유럽 특허 제1766035호; 제1519714호; 제1781593호 및 제1664316호 참조).

[0722] 일부 실시형태에서, 마이크로입자는 무작위 방식으로 배열된 하나 이상의 고형화된 폴리머(들)를 포함한다. 마이크로입자는 생분해성일 수 있다. 생분해성 마이크로입자는 예를 들어, 제한 없이, 용매 증발, 핫 멜트 마이크로캡슐화, 용매 제거 및 분무 건조를 포함하는 해당 분야에 알려져 있는 방법을 사용하여 합성될 수 있다. 마이크로입자를 합성하기 위한 예시적인 방법은 문헌[Bershteyn et al., Soft Matter 4:1787-1787, 2008] 및 US 2008/0014144 A1호에 기재되어 있으며, 마이크로입자 합성에 관한 그의 구체적인 교시는 본원에 참조로 포함된다.

[0723] 생분해성 마이크로입자를 형성하기 위해 사용될 수 있는 예시적인 합성 폴리머는 제한 없이, 지방족 폴리에스테르, 폴리 (락트산)(PLA), 폴리 (글리콜산)(PGA), 락트산 및 글리콜산의 코폴리머(PLGA), 폴리카프로락톤(PCL), 다가무수물(polyanhydride), 폴리(오르쏘)에스테르, 폴리우레탄, 폴리(부티르산), 폴리(발레르산) 및 폴리(락티드-코-카프로락톤) 및 천연 폴리머, 예컨대 알부민, 알긴산염 및 덱스트란 및 셀룰로스를 포함하는 기타 다당류, 콜라겐, 예컨대, 예를 들어, 알킬, 알킬렌과 같은 화학 기의 치환, 부가, 하이드록실화, 산화 및 당업자에 의해 일상적으로 이루어지는 기타 변형를 포함하는 그의 화학적 유도체, 알부민 및 기타 친수성 단백질, 제인 및 기타 프롤라민 및 소수성 단백질, 그의 코폴리머 및 혼합물을 포함한다. 일반적으로, 이들 물질은 효소적 가수분해 또는 물로의 노출에 의해, 표면 또는 벌크 침식에 의해 분해된다.

[0724] 마이크로입자의 직경은 0.1 내지 1000 마이크로미터(㎛) 범위이다. 일부 실시형태에서, 그들의 직경은 크기가 1 내지 750 ㎛, 또는 50 내지 500 ㎛, 또는 100 내지 250 ㎛의 범위이다. 일부 실시형태에서, 그들의 직경은 크기가 50 내지 1000 ㎛, 50 내지 750 ㎛, 50 내지 500 ㎛, 또는 50 내지 250 ㎛의 범위이다. 일부 실시형태에서, 그들의 직경은 크기가 .05 내지 1000 ㎛, 10 내지 1000 ㎛, 100 내지 1000 ㎛, 또는 500 내지 1000 ㎛의 범위이다. 일부 실시형태에서, 그들의 직경은 약 0.5 ㎛, 약 10 ㎛, 약 50 ㎛, 약 100 ㎛, 약 200 ㎛, 약 300 ㎛,

약 350 ㎛, 약 400 ㎛, 약 450 ㎛, 약 500 ㎛, 약 550 ㎛, 약 600 ㎛, 약 650 ㎛, 약 700 ㎛, 약 750 ㎛, 약 800 ㎛, 약 850 ㎛, 약 900 ㎛, 약 950 ㎛ 또는 약 1000 ㎛이다. 마이크로입자 직경의 맥락에서 사용되는 바와 같이, 용어 "약"은 언급된 절대값의 +/-5%를 의미한다.

[0725] 일부 실시형태에서, 리간드는 입자의 표면 상에 존재하고, 부착될 리간드 상에 존재하는 작용성 화학 기(카복실산, 알데히드, 아민, 술프하이드릴 및 하이드록실)를 통해 마이크로입자의 표면에 컨쥬게이트된다. 작용성은 예를 들어, 마이크로입자의 에멀젼 제조 동안 작용성 화학 기를 갖는 안정화제의 혼입에 의해 마이크로입자 내로 도입될 수 있다.

[0726] 작용성 기를 마이크로입자에 도입하는 또 다른 예는 입자 제조 후 동안, 입자 및 리간드를 동종- 또는 이종 이작용성 가교결합제와 직접 가교결합시킴으로써 이루어진다. 이러한 절차는 적합한 화학물질 및 소정의 부류의 가교결합제(하기에 더욱 상세히 논의된 바와 같은 CDI, EDAC, 글루타르알데히드 등) 또는 제조 후에 입자 표면의 화학적 변형을 통해 리간드를 입자 표면에 커플링시키는 임의의 다른 가교결합제를 사용할 수 있다. 이는 또한 양친매성 분자, 예컨대 지방산, 지질 또는 기능적 안정화제가 입자 표면에 수동으로 흡수되고 부착되어, 그에 의해 리간드로의 테더링을 위한 작용성 말단 기를 도입할 수 있는 과정을 포함한다.

[0727] 일부 실시형태에서, 마이크로입자는 그들의 외부 표면 상에 하나 이상의 표적화 기를 포함하도록 합성하여, 특정 세포 또는 조직 유형(예를 들어, 심근세포)을 표적화할 수 있다. 이들 표적화 기는 제한 없이, 수용체, 리간드, 항체 등을 포함한다. 이들 표적화 기는 세포의 표면 상의 그들의 파트너와 결합한다. 일부 실시형태에서, 마이크로입자는 세포 표면을 포함하는 지질 이중층 내로 통합될 것이며, 미토콘드리아는 세포로 운반된다.

[0728] 마이크로입자는 또한, 그들의 최외각 표면 상에 지질 이중층을 포함할 수 있다. 이러한 이중층은 동일하거나 상이한 유형의 하나 이상의 지질로 구성될 수 있다. 예는 인지질, 예컨대 포스포콜린 및 포스포이노시톨을 포함하지만, 이들에 제한되지 않는다. 구체적인 예는 제한 없이, DMPC, DOPC, DSPC 및 다양한 다른 지질, 예컨대 리포좀에 대하여 본원에 기재된 것들을 포함한다.

[0729] 일부 실시형태에서, 담체는 예를 들어, 본원에 기재된 바와 같은 나노입자를 포함한다.

[0730] 일부 실시형태에서, 본원에 기재된 소낭 또는 마이크로입자는 진단제로 작용화된다. 진단제의 예는 양전자 방사 단층촬영(PET), 컴퓨터 보조 단층촬영(CAT), 단일 광자 방출 컴퓨터 단층촬영, x-선, 형광투시법 및 자기 공명 영상화(MRI)에 사용되는 상업적으로 이용 가능한 영상화제; 및 조영제를 포함하지만, 이들에 제한되지 않는다. MRI에서 조영제로서 사용하기에 적합한 물질의 예는 가돌리늄 킬레이트, 및 철, 마그네슘, 망간, 구리 및 크롬을 포함한다.

[0731] *막 투과성 폴리펩티드*

[0732] 일부 실시형태에서, 조성물은 세포 내로 또는 막, 예를 들어, 세포 또는 핵 막을 가로질러 성분을 운반하도록 막 투과성 폴리펩티드(MPP)를 추가로 포함한다. 막을 가로질러 물질의 수송을 용이하게 할 수 있는 막 투과성 폴리펩티드는 세포-투과 펩티드(CPP)(예를 들어, 미국 특허 제8,603,966호 참조), 식물 세포내 운반을 위한 융합 펩티드(예를 들어, 문헌[Ng et al., PLoS One, 2016, 11:e0154081] 참조), 단백질 변환 도메인, 트로얀(Trojan) 펩티드, 및 막 전위 신호(MTS)(예를 들어, 문헌[Tung et al., Advanced Drug Delivery Reviews 55:281-294 (2003)] 참조)를 포함하지만, 이들에 제한되지 않는다. 일부 MPP는 양으로 하전된 측쇄를 갖는 아미노산, 예컨대 아르기닌이 풍부하다.

[0733] 막 투과성 폴리펩티드는 전신 투여 시에 생체 내에서 다중의 조직의 세포 내에서, 성분의 막 투과를 유도하고, 거대분자 전위를 가능하게 하는 능력을 갖는다. 막 투과성 폴리펩티드는 또한, 적절한 조건 하에서 세포와 접촉되는 경우, 외부 환경으로부터 세포질, 세포소기관, 예컨대 미토콘드리아 또는 세포의 핵을 포함하는 세포내 환경에, 수동 확산으로 달성될 것보다 유의미하게 더 큰 양으로 통과하는 펩티드를 지칭할 수 있다.

[0734] 막을 가로질러 수송되는 성분은 막 투과성 폴리펩티드와 가역적으로 또는 비가역적으로 연결될 수 있다. 링커는 화학적 결합, 예를 들어, 하나 이상의 공유 결합 또는 비-공유 결합일 수 있다. 일부 실시형태에서, 링커는 펩티드 링커이다. 이러한 링커는 2 내지 30개 아미노산 이상일 수 있다. 링커는 유연성, 강성 또는 절단 가능한 링커를 포함한다.

[0735] *조합*

[0736] 일 양태에서, 본원에 기재된 합성 큐론 또는 합성 큐론을 포함하는 조성물은 또한, 하나 이상의 이종성 모이어티를 포함할 수 있다. 일 양태에서, 본원에 기재된 큐론 또는 합성 큐론을 포함하는 조성물은 또한, 융합물 내

에 하나 이상의 이종성 모이어티를 포함할 수 있다. 일부 실시형태에서, 이종성 모이어티는 유전 요소와 연결될 수 있다. 일부 실시형태에서, 이종성 모이어티는 큐론의 일부로서 단백질성 외부에 봉입될 수 있다. 일부 실시형태에서, 이종성 모이어티는 합성 큐론과 함께 투여될 수 있다.

[0737] 일 양태에서, 본 발명은 본원에 기재된 합성 큐론 및 이종성 모이어티 중 어느 하나를 포함하는 세포 또는 조직을 포함한다.

[0738] 또 다른 양태에서, 본 발명은 본원에 기재된 합성 큐론 및 이종성 모이어티를 포함하는 약제학적 조성물을 포함한다.

[0739] 일부 실시형태에서, 이종성 모이어티는 바이러스(예를 들어, 이펙터(예를 들어, 약물, 소분자)), 표적화제(예를 들어, DNA 표적화제, 항체, 수용체 리간드), 태그(예를 들어, 형광단, 감광성 작용제, 예컨대 킬러레드(KillerRed)) 또는 본원에 기재된 편집 또는 표적화 모이어티일 수 있다. 일부 실시형태에서, 본원에 기재된 막전위 폴리펩티드는 하나 이상의 이종성 모이어티에 연결된다. 일 실시형태에서, 이종성 모이어티는 소분자(예를 들어, 펩티드 모방체 또는 2000 달톤 미만의 분자량을 갖는 작은 유기 분자), 펩티드 또는 폴리펩티드(예를 들어, 항체 또는 그의 항원-결합 단편), 나노입자, 압타머 또는 약리학적 작용제(pharmacoagent)이다.

[0740] 바이러스

[0741] 일부 실시형태에서, 조성물은 이종성 모이어티로서 바이러스, 예를 들어, 단일 가닥 DNA 바이러스, 예를 들어, 아넬로바이러스, 비드나바이러스, 써코바이러스, 제미니바이러스, 게노모바이러스, 이노바이러스, 마이크로바이러스, 나노바이러스, 파보바이러스 및 스피라바이러스를 추가로 포함할 수 있다. 일부 실시형태에서, 조성물은 이중 가닥 DNA 바이러스, 예를 들어, 아데노바이러스, 암풀라바이러스, 아스코바이러스, 아스파바이러스, 배큘로바이러스, 푸셀로바이러스, 글로불로바이러스, 구타바이러스, 하이트로사바이러스, 헤르페스바이러스, 이리도바이러스, 리포트릭스바이러스, 니마바이러스 및 폭스바이러스를 추가로 포함할 수 있다. 일부 실시형태에서, 조성물은 RNA 바이러스, 예를 들어, 알파바이러스, 푸로바이러스, 간염 바이러스, 호르데이바이러스, 토바모바이러스, 토브라바이러스, 트리코르나바이러스, 루비바이러스, 비르나바이러스, 시스토바이러스, 파르티티바이러스 및 레오바이러스를 추가로 포함할 수 있다. 일부 실시형태에서, 큐론은 이종성 모이어티로서 바이러스와 함께 투여된다.

[0742] 일부 실시형태에서, 이종성 모이어티는 비-병원성, 예를 들어, 상리공생, 편리공생, 고유 바이러스를 포함할 수 있다. 일부 실시형태에서, 비-병원성 바이러스는 하나 이상의 아넬로바이러스, 예를 들어, 알파토르크바이러스(TT), 베타토르크바이러스(TTM) 및 감마토르크바이러스(TTMD)이다. 일부 실시형태에서, 아넬로바이러스는 토르크 테노 바이러스(TT), SEN 바이러스, 센티넬 바이러스, TTV-유사 미니 바이러스, TT 바이러스, TT 바이러스 유전형 6, TT 바이러스 군, TTV-유사 바이러스 DXL1, TTV-유사 바이러스 DXL2, 토르크 테노-유사 미니 바이러스(TTM) 또는 토르크 테노-유사 미디 바이러스(TTMD)를 포함할 수 있다. 일부 실시형태에서, 비-병원성 바이러스는 본원, 예를 들어, 표 19 또는 표 20에 기재된 뉴클레오티드 서열 중 어느 하나에 대하여 적어도 약 60%, 70% 80%, 85%, 90% 95%, 96%, 97%, 98% 및 99% 뉴클레오티드 서열 동일성을 갖는 하나 이상의 서열을 포함한다.

[0743] 일부 실시형태에서, 이종성 모이어티는 대상체에서 결여된 것으로 확인된 하나 이상의 바이러스를 포함할 수 있다. 예를 들어, 디스비로시스를 갖는 것으로 확인된 대상체에는 대상체에서 불균형인 큐론 및 하나 이상의 바이러스 성분 또는 바이러스를 포함하는, 또는 기준 값, 예를 들어, 건강한 대상체와 상이한 비를 갖는 조성물이 투여될 수 있다.

[0744] 일부 실시형태에서, 이종성 모이어티는 하나 이상의 비-아넬로바이러스, 예를 들어, 아데노바이러스, 헤르페스바이러스, 폭스 바이러스, 백시니아 바이러스, SV40, 파필로마 바이러스, RNA 바이러스, 예컨대 레트로바이러스, 예를 들어, 렌티 바이러스, 단일-가닥 RNA 바이러스, 예를 들어, 간염 바이러스 또는 이중-가닥 RNA 바이러스, 예를 들어, 로타바이러스를 포함할 수 있다. 일부 실시형태에서, 큐론 또는 바이러스는 결함이 있거나, 감염성 입자를 생성하기 위하여 지원을 필요로 한다. 이러한 지원은 예를 들어, LTR 내의 조절 서열의 제어 하에 복제 결함 큐론 또는 바이러스의 구조적 유전자 중 하나 이상(예를 들어, 그의 전부)를 인코딩하는, 핵산, 예를 들어, 게놈 내로 통합되는 플라스미드 또는 DNA를 함유하는 헬퍼 세포주를 사용함으로써 제공될 수 있다. 본원에 기재된 큐론을 복제하는데 적합한 세포주는 해당 분야에 공지된 세포주, 예를 들어, 본원에 기재된 바와 같이 변형될 수 있는 A549 세포를 포함한다.

[0745] 이펙터

[0746] 일부 실시형태에서, 조성물 또는 합성 큐론은 이펙터 활성을 갖는 이펙터를 추가로 포함할 수 있다. 이펙터는

생물학적 활성을 조절할 수 있다(예를 들어, 효소 활성, 유전자 발현, 세포 신호전달 및 세포 또는 기관 기능을 증가시키거나 감소시킬 수 있다). 이펙터 활성은 또한 결합 조절 단백질을 포함하여, 조절제의 활성, 예컨대 전사 또는 번역을 조절할 수 있다. 이펙터 활성은 또한, 활성화제 또는 억제제 기능을 포함할 수 있다. 예를 들어, 이펙터는 효소에서 증가된 기질 친화성을 촉발시킴으로써 효소 활성을 유도할 수 있으며, 예를 들어, 프룩토스 2,6-비스포스페이트는 포스포프룩토키나제 1을 활성화시키고, 인슐린에 반응하여 해당 속도를 증가시킨다. 또 다른 예에서, 이펙터는 수용체로의 기질 결합을 저해하고, 그의 활성화를 저해할 수 있으며, 예를 들어, 날트렉손(naltrexone) 및 날록손(naloxone)은 활성화시키지 않고 오피오이드 수용체에 결합하며, 오피오이드에 결합하는 수용체의 능력을 차단한다. 이펙터 활성은 또한, 단백질 안정성/분해 및/또는 전사물 안정성/분해를 조절하는 것을 포함할 수 있다. 예를 들어, 단백질을 폴리펩티드 보조-인자, 유비퀴틴에 의한 분해를 위해 단백질 상으로 표적화하여, 분해를 위해 그들을 표시할 수 있다. 또 다른 예에서, 이펙터는 효소의 활성 부위를 차단함으로써 효소 활성을 저해하며, 예를 들어, 메토트렉세이트는 천연 기질보다 1000배 더 단단하게 다이하이드로폴레이트 환원효소에 결합하고, 뉴클레오티드 염기 합성을 저해하는 효소 다이하이드로폴레이트 환원효소에 대한 보조효소인 테트라하이드로폴레이트의 구조적 유사체이다.

[0747] 표적화 모이어티

[0748] 일부 실시형태에서, 본원에 기재된 조성물 또는 큐론은 표적화 모이어티, 예를 들어, 표적 세포 상에 존재하는 관심 분자에 특이적으로 결합하는 표적화 모이어티를 추가로 포함할 수 있다. 표적화 모이어티는 관심 분자 또는 세포의 특정 기능을 조절하거나, 특정 분자(예를 들어, 효소, 단백질 또는 핵산), 예를 들어, 경로 내의 관심 분자의 하류의 특정 분자를 조절하거나, 표적에 특이적으로 결합하여, 큐론 또는 유전 요소를 국소화시킬 수 있다. 예를 들어, 표적화 모이어티는 특정 관심 분자와 상호작용하여 그의 기능을 증가시키거나, 감소시키거나, 또는 다르게 조절하는 치료제를 포함할 수 있다.

[0749] 태그화 또는 모니터링 모이어티

[0750] 일부 실시형태에서, 본원에 기재된 조성물 또는 합성 큐론은 태그를 추가로 포함하여, 본원에 기재된 큐론 또는 유전 요소를 표지하거나 모니터링할 수 있다. 태그화 또는 모니터링 모이어티는 화학적 작용제 또는 효소적 절단, 예컨대 단백질 분해 또는 인테인 스플라이싱에 의해 제거할 수 있다. 친화성 태그는 친화성 기법을 사용하여 태그화된 폴리펩티드를 정제하는데 유용할 수 있다. 일부 예에는 키틴 결합 단백질(CBP), 말토스 결합 단백질(MBP), 글루타티온-S-트랜스퍼라제(GST) 및 폴리(His) 태그가 포함된다. 가용화 태그는 샤페론-결함 종, 예컨대 에스케리키아 콜라이(*E. coli*)에서 발현되는 재조합 단백질이 단백질에서 적절하게 폴딩되는 것을 지원하는 것을 돕고, 그들이 침전하지 못하게 하는데 유용할 수 있다. 일부 예는 티오레독신(TRX) 및 폴리(NANP)를 포함한다. 태그화 또는 모니터링 모이어티는 감광성 태그, 예를 들어, 형광을 포함할 수 있다. 형광 태그는 시각화에 유용하다. GFP 및 그의 변이체는 형광 태그로서 흔히 사용되는 몇몇의 예이다. 단백질 태그는 특정 효소적 변형(예컨대, 비오틴 리가제에 의한 비오티닐화) 또는 화학적 변형(예컨대 형광 영상화를 위한 FlAsH-EDT2와의 반응)이 일어나게 할 수 있다. 종종 태그화 또는 모니터링 모이어티를 조합하여, 단백질을 다수의 다른 성분과 연결시킨다. 태그화 또는 모니터링 모이어티는 또한 특정 단백질분해 또는 효소적 절단에 의해(예를 들어, TEV 프로테아제, 트롬빈, 인자 Xa 또는 엔테로펩티다제에 의해) 제거될 수 있다.

[0751] 나노입자

[0752] 일부 실시형태에서, 본원에 기재된 조성물 또는 합성 큐론은 나노입자를 추가로 포함할 수 있다. 나노입자는 약 1 내지 약 1000 나노미터, 약 1 내지 약 500 나노미터 크기, 약 1 내지 약 100 nm, 약 50 nm 내지 약 300 nm, 약 75 nm 내지 약 200 nm, 약 100 nm 내지 약 200 nm, 및 그 사이의 임의의 범위의 크기를 갖는 무기 물질을 포함한다. 나노입자는 일반적으로, 나노규모 크기의 복합 구조를 갖는다. 일부 실시형태에서, 나노입자는 전형적으로 구형이지만, 나노입자 조성에 따라 상이한 형태가 가능하다. 나노입자의 외부 환경과 접촉하는 나노입자의 부분은 일반적으로 나노입자의 표면으로서 확인된다. 본원에 기재된 나노입자에서, 크기 제한은 2차원으로 제한될 수 있으며, 이에 따라, 나노입자는 약 1 내지 약 1000 nm의 직경을 갖는 복합 구조를 포함하게 되며, 여기서 특정 직경은 나노입자 조성물 및 실험 설계에 따라 의도된 나노입자의 용도에 좌우된다. 예를 들어, 치료적 응용에 사용되는 나노입자는 전형적으로 약 200 nm 이하의 크기를 갖는다.

[0753] 나노입자의 바람직한 추가의 특성, 예컨대 표면 전하 및 입체적 안정화는 또한, 특정 관심 응용을 고려하여 달라질 수 있다. 임상적 응용, 예컨대 암 치료에 바람직할 수 있는 예시적인 특성은 그의 전문이 각각 본원에 참조로 포함되는 문헌[Davis et al, Nature 2008 vol. 7, pages 771-782]; 문헌[Duncan, Nature 2006 vol. 6, pages 688-701]; 및 문헌[Allen, Nature 2002 vol. 2 pages 750-763]에 기재되어 있다. 추가의 특성은 본 개시

내용의 판독 시에 당업자에 의해 확인 가능하다. 나노입자 치수 및 특성은 해당 분야에 공지된 기법에 의해 검출될 수 있다. 입자 치수를 검출하기 위한 예시적인 기법은 동적 광 산란(DLS) 및 다양한 현미경관찰, 예컨대 투과 전자 현미경관찰(TEM) 및 원자력 현미경관찰(AFM)을 포함하지만, 이들에 제한되지 않는다. 입자 형태를 검출하기 위한 예시적인 기법은 TEM 및 AFM을 포함하지만 이들에 제한되지 않는다. 나노입자의 표면 전하를 검출하기 위한 예시적인 기법은 제타 전위 방법을 포함하지만, 이들에 제한되지 않는다. 다른 화학적 특성을 검출하는데 적합한 추가의 기법은 ^{1}H, ^{11}B 및 ^{13}C 및 ^{19}F NMR, UV/Vis 및 적외선/라만 분광학 및 형광 분광학(나노입자가 형광 표지와 조합하여 사용되는 경우) 및 당업자에 의해 확인 가능한 추가의 기법을 포함한다.

[0754] 소분자

[0755] 일부 실시형태에서, 본원에 기재된 조성물 또는 합성 큐론은 소분자를 추가로 포함할 수 있다. 소분자 모이어티는 작은 펩티드, 펩티드 모방체(예를 들어, 펩토이드), 아미노산, 아미노산 유사체, 합성 폴리뉴클레오티드, 폴리뉴클레오티드 유사체, 뉴클레오티드, 뉴클레오티드 유사체, 일반적으로 몰당 약 5,000 그램 미만의 분자량을 갖는 유기 및 무기 화합물(이종유기 및 유기금속 화합물 포함), 예를 들어, 몰당 약 2,000 그램 미만의 분자량을 갖는 유기 또는 무기 화합물, 예를 들어, 몰당 약 1,000 그램 미만의 분자량을 갖는 유기 또는 무기 화합물, 예를 들어, 몰당 약 500 그램 미만의 분자량을 갖는 유기 또는 무기 화합물, 및 이러한 화합물의 염, 에스테르 및 다른 약제학적으로 허용되는 형태를 포함하지만, 이들에 제한되지 않는다. 소분자는 신경전달물질, 호르몬, 약물, 독소, 바이러스 또는 미생물 입자, 합성 분자, 및 효능제 또는 길항제를 포함할 수 있지만, 이들에 제한되지 않는다.

[0756] 적합한 소분자의 예는 모두 본원에 참조로 포함되는 문헌["The Pharmacological Basis of Therapeutics," Goodman and Gilman, McGraw-Hill, New York, N.Y., (1996), Ninth edition]의 다음과 같은 섹션에 기재된 것들을 포함한다: 시냅스 및 신경이펙터 연결 부위에서 작용하는 약물; 중추신경계에서 작용하는 약물; 오타코이드: 염증의 약물 요법; 물, 염 및 이온; 신장 기능 및 전해질 대사에 영향을 미치는 약물; 심혈관 약물; 위장 기능에 영향을 미치는 약물; 자궁 운동에 영향을 미치는 약물; 기생충 감염의 화학요법; 미생물 질병의 화학요법; 신생물 질병의 화학요법; 면역억제를 위해 사용되는 약물; 혈액-형성 기관에 작용하는 약물; 호르몬 및 호르몬 길항제; 비타민, 피부과학 및 독성학. 소분자의 일부 예는 프리온 약물, 예컨대 타크롤리무스, 유비퀴틴 리가제 또는 HECT 리가제 저해제, 예컨대 헤클린(heclin), 히스톤 변형 약물, 예컨대 부티르산나트륨, 효소적 저해제, 예컨대 5-아자-시티딘, 안트라사이클린, 예컨대 독소루비신, 베타-락탐, 예컨대 페니실린, 항-박테리아제, 화학요법제, 항-바이러스제, 다른 유기체로부터의 조절제, 예컨대 VP64, 및 불충분한 생체 이용 가능성을 갖는 약물, 예컨대 결함이 있는 약동학을 갖는 화학치료제를 포함하지만, 이들에 제한되지 않는다.

[0757] 일부 실시형태에서, 소분자는 후성적 변형제, 예를 들어 문헌[de Groote et al. Nuc. Acids Res. (2012):1-18]에 기재된 것들이다. 예시적인 소분자 후성적 변형제는 예를 들어, 본원에 참조로 포함되는 문헌[Lu et al. J. Biomolecular Screening 17.5(2012):555-71], 예를 들어, 표 1 또는 2에 기재되어 있다. 일부 실시형태에서, 후성적 변형제는 보리노스타트(vorinostat) 또는 로미뎁신(romidepsin)을 포함한다. 일부 실시형태에서, 후성적 변형제는 부류 I, II, III 및/또는 IV 히스톤 데아세틸라제(HDAC)의 저해제를 포함한다. 일부 실시형태에서, 후성적 변형제는 SirTI의 활성화제를 포함한다. 일부 실시형태에서, 후성적 변형제는 가르시놀(Garcinol), Lys-CoA, C646, (+)-JQI, I-BET, BICI, MS120, DZNep, UNC0321, EPZ004777, AZ505, AMI-I, 피라졸 아미드 7b, 벤조[d]이미다졸 17b, 아실화된 답손 유도체(예를 들어, PRMTI), 메틸스타트(methylstat), 4,4'-디카복시-2,2'-비피리딘, SID 85736331, 하이드록사메이트 유사체 8, 타닐사이프로미(tanylcypromie), 비스구아니딘 및 비구아니드 폴리아민 유사체, UNC669, 비다자(Vidaza), 데시타빈(decitabine), 소듐 페닐 부티레이트(SDB), 리포산(LA), 케르세틴(quercetin), 발프로산, 하이드랄라진(hydralazine), 박트림(bactrim), 녹차 추출물(예를 들어, 에피갈로카테킨 갈레이트(EGCG)), 커큐민, 술포르판(sulforphane) 및/또는 알리신(allicin)/디알릴 디술피드를 포함한다. 일부 실시형태에서, 후성적 변형제는 DNA 메틸화를 저해하며, 예를 들어, DNA 메틸트랜스퍼라제의 저해제이다(예를 들어, 5-아자시티딘이고/이거나 데시타빈이다). 일부 실시형태에서, 후성적 변형제는 히스톤 변형, 예를 들어, 히스톤 아세틸화, 히스톤 메틸화, 히스톤 수모화(sumoylation) 및/또는 히스톤 인산화를 변형시킨다. 일부 실시형태에서, 후성적 변형제는 히스톤 데아세틸라제의 저해제이다(예를 들어, 보리노스타트 및/또는 트리코스타틴 A이다).

[0758] 일부 실시형태에서, 소분자는 약제학적 활성 작용제이다. 일 실시형태에서, 소분자는 대사 활성 또는 성분의 저해제이다. 유용한 부류의 약제학적 활성 작용제는 항생제, 항-염증 약물, 혈관신생 또는 혈관작용제, 성장 인자 및 화학치료제(항-신생물)제(예를 들어, 종양 억제제)를 포함하지만, 이들에 제한되지 않는다. 본원에 기재된

범주 및 예로부터의 또는 문헌[(Orme-Johnson 2007, Methods Cell Biol. 2007;80:813-26)]으로부터의 분자 중 하나 또는 조합이 사용될 수 있다. 일 실시형태에서, 본 발명은 항생제, 항-염증 약물, 혈관신생 또는 혈관작용제, 성장 인자 또는 화학치료제를 포함하는 조성물을 포함한다.

[0759] 펩티드 또는 단백질

[0760] 일부 실시형태에서, 본원에 기재된 조성물 또는 합성 큐론은 펩티드 또는 단백질을 추가로 포함할 수 있다. 펩티드 모이어티는 펩티드 리간드 또는 항체 단편(예를 들어, 수용체, 예컨대 세포외 수용체에 결합하는 항체 단편), 신경펩티드, 호르몬 펩티드, 펩티드 약물, 독성 펩티드, 바이러스 또는 미생물 펩티드, 합성 펩티드 및 효능제 또는 길항제 펩티드를 포함할 수 있지만, 이들에 제한되지 않는다.

[0761] 펩티드 모이어티는 선형 또는 분지형일 수 있다. 펩티드는 약 5 내지 약 200개의 아미노산, 약 15 내지 약 150개의 아미노산, 약 20 내지 약 125개의 아미노산, 약 25 내지 약 100개의 아미노산 또는 그 사이의 임의의 범위의 길이를 갖는다.

[0762] 펩티드의 일부 예는 형광 태그 또는 마커, 항원, 항체, 항체 단편, 예컨대 단일 도메인 항체, 리간드 및 수용체, 예컨대 글루카곤-유사 펩티드-1(GLP-1), GLP-2 수용체 2, 콜레시스토키닌(cholecystokinin) B(CCKB) 및 소마토스타틴 수용체, 펩티드 치료제, 예컨대 특정 세포 표면 수용체, 예컨대 G 단백질-커플링된 수용체(GPCR) 또는 이온 채널에 결합되는 것들, 천연적으로 생활성인 펩티드로부터의 합성 또는 유사체 펩티드, 항-미생물 펩티드, 포어-형성 펩티드, 종양 표적화 또는 세포독성 펩티드, 및 분해 또는 자가-파괴 펩티드, 예컨대 아폽토시스-유도 펩티드 신호 또는 감광제 펩티드를 포함하지만 이들에 제한되지 않는다.

[0763] 본원에 기재된 본 발명에서 유용한 펩티드는 또한 작은 항원-결합 펩티드, 예를 들어, 항원 결합 항체 또는 항체-유사 단편, 예컨대 단일 쇄 항체, 나노바디를 포함한다(예를 들어, 문헌[Steeland et al. 2016. Nanobodies as therapeutics: big opportunities for small antibodies. Drug Discov Today: 21(7):1076-113] 참조). 이러한 작은 항원 결합 펩티드는 시토졸 항원, 핵 항원, 세포소기관-내 항원에 결합할 수 있다.

[0764] 일부 실시형태에서, 본원에 기재된 조성물 또는 큐론은 특정 위치, 조직 또는 세포를 표적화할 수 있는 리간드에 연결된 폴리펩티드를 포함한다.

[0765] 올리고뉴클레오티드 압타머

[0766] 일부 실시형태에서, 본원에 기재된 조성물 또는 합성 큐론은 올리고뉴클레오티드 압타머를 추가로 포함할 수 있다. 압타머 모이어티는 올리고뉴클레오티드 또는 펩티드 압타머이다. 올리고뉴클레오티드 압타머는 단백질 및 펩티드를 포함하는 사전-선택된 표적에 높은 친화성 및 특이성으로 결합할 수 있는 단일-가닥 DNA 또는 RNA(ssDNA 또는 ssRNA) 분자이다.

[0767] 올리고뉴클레오티드 압타머는 다양한 분자 표적, 예컨대 소분자, 단백질, 핵산 및 심지어 세포, 조직 및 유기체에 결합하도록 반복된 회차의 시험관내 선택 또는 동등하게, SELEX(지수적 농축에 의한 리간드의 계통 진화)를 통해 엔지니어링될 수 있는 핵산 종이다. 압타머는 차별적인 분자 인식을 제공하며, 화학적 합성에 의해 생성될 수 있다. 또한, 압타머는 바람직한 저장 특성을 갖고, 치료적 응용에서 면역원성을 거의 유도하지 않거나, 전혀 유도하지 않을 수 있다.

[0768] DNA 및 RNA 압타머는 둘 모두 다양한 표적에 대하여 강력한 결합 친화성을 보여줄 수 있다. 예를 들어, DNA 및 RNA 압타머는 t 라이소자임, 트롬빈, 인간 면역결핍 바이러스 트랜스-작용 반응성 요소(HIV TAR),(en.wikipedia.org/wiki/Aptamer - cite_note-10 참조), 헤민(hemin), 인터페론 γ, 혈관 내피 성장 인자(VEGF), 전립선 특이적 항원(PSA), 도파민 및 비-정규 종양유전자, 열 충격 인자 1(HSF1)을 위하여 선택된다.

[0769] 펩티드 압타머

[0770] 일부 실시형태에서, 본원에 기재된 조성물 또는 합성 큐론은 펩티드 압타머를 추가로 포함할 수 있다. 펩티드 압타머는 낮은 분자량, 12 내지 14 kDa을 갖는 펩티드를 포함하는 하나의(또는 그 이상의) 짧은 가변 펩티드 도메인을 갖는다. 펩티드 압타머는 세포에 특이적으로 결합하고, 세포 내측의 단백질-단백질 상호작용을 간섭하도록 설계될 수 있다.

[0771] 펩티드 압타머는 특이적 표적 분자에 결합하도록 선택되거나 엔지니어링된 인공 단백질이다. 이들 단백질은 가변 서열의 하나 이상의 펩티드 루프를 포함한다. 이들은 전형적으로 조합 라이브러리로부터 단리되며, 종종 유도된 돌연변이 또는 가변 영역 돌연변이유발 및 선택의 회차에 의해 후속적으로 개선된다. 생체 내에서, 펩티드

압타머는 세포 단백질 표적에 결합할 수 있고, 그들의 표적화된 분자와 다른 단백질의 정상적인 단백질 상호작용의 간섭을 포함하는 생물학적 효과를 발휘할 수 있다. 특히, 전사 인자 결합 도메인에 부착된 가변 펩티드 압타머 루프는 전사 인자 활성화 도메인에 부착된 표적 단백질에 대해 스크리닝한다. 이러한 선택 전략을 통해 펩티드 압타머의 표적으로의 펩티드 압타머의 생체 내 결합은 하류 효모 마커 유전자의 발현으로서 검출된다. 이러한 실험은 표현형을 유발하기 위해 압타머에 의해 결합되는 특정 단백질 및 압타머가 파괴하는 단백질 상호작용을 확인한다. 또한, 적절한 기능적 모이어티로 유도체화된 펩티드 압타머는 그들의 표적 단백질의 특정 번역-후 변형을 유발할 수 있거나, 표적의 하위세포 국소화를 변경시킬 수 있다.

[0772] 펩티드 압타머는 또한 시험관 내에서 표적을 인식할 수 있다. 그들은 바이오센서에서 항체 대신에 이용되며, 비활성 및 활성 단백질 형태 둘 모두를 함유하는 집단으로부터 단백질의 활성 아이소폼을 검출하기 위해 이용된다. 펩티드 압타머 "헤드"가 독특한 서열의 이중-가닥 DNA "테일(tail)"에 공유적으로 연결된 태드폴(tadpole)로서 알려져 있는 유도체는 (예를 들어, 정량적 실시간 중합효소 연쇄 반응을 사용하여) 그들의 DNA 테일의 PCR에 의해 혼합물 중 드문 표적 분자의 정량화를 가능하게 한다.

[0773] 펩티드 압타머 선택은 상이한 시스템을 사용하여 이루어질 수 있지만, 현재 효모 2-하이브리드 시스템이 가장 많이 사용된다. 펩티드 압타머는 또한 파지 디스플레이 또는 다른 표면 디스플레이 기술, 예컨대 mRNA 디스플레이, 리보좀 디스플레이, 박테리아 디스플레이 및 효모 디스플레이에 의해 구축된 조합 펩티드 라이브러리로부터 선택될 수 있다. 이들 실험 절차는 또한 바이오패닝(biopanning)으로서 알려져 있다. 바이오패닝으로부터 수득되는 펩티드 중에, 미모토프(mimotope)는 펩티드 압타머의 한 종류로서 간주될 수 있다. 조합 펩티드 라이브러리로부터 패닝된 모든 펩티드는 명칭 MimoDB를 갖는 특수 데이터에 저장되어 있다.

[0774] **숙주**

[0775] 본 발명은 추가로 본원에 기재된 합성 큐론을 포함하는 숙주 또는 숙주 세포에 관한 것이다. 일부 실시형태에서, 숙주 또는 숙주 세포는 식물, 곤충, 박테리아, 진균, 척추동물, 포유동물(예를 들어, 인간) 또는 다른 유기체 또는 세포이다. 특정 실시형태에서, 본원에 확인된 바와 같이, 다양한 상이한 숙주 세포를 감염시키는 큐론이 제공된다. 표적 숙주 세포는 중배엽, 내배엽 또는 외배엽 기원의 세포를 포함한다. 표적 숙주 세포는 예를 들어, 상피 세포, 근육 세포, 백혈구 세포(예를 들어, 림프구), 신장 조직 세포, 폐 조직 세포를 포함한다.

[0776] 일부 실시형태에서, 큐론은 숙주에서 실질적으로 비-면역원성이다. 큐론 또는 유전 요소는 숙주의 면역계에 의해 요망되지 않는 상당한 반응을 생성하지 않는다. 일부 면역 반응은 체액성 면역 반응(예를 들어, 항원-특이적 항체의 생성) 및 세포-매개의 면역 반응(예를 들어, 림프구 증식)을 포함하지만, 이들에 제한되지 않는다.

[0777] 일부 실시형태에서, 숙주 또는 숙주 세포는 합성 큐론과 접촉된다(예를 들어, 이로 감염된다). 일부 실시형태에서, 숙주는 포유동물, 예컨대 인간이다. 숙주 내의 큐론의 양은 투여 후 임의의 시간에 측정될 수 있다. 특정 실시형태에서, 배양물 중 큐론 성장의 시간 경과가 결정된다.

[0778] 일부 실시형태에서, 큐론, 예를 들어, 본원에 기재된 바와 같은 큐론은 유전 가능하다. 일부 실시형태에서, 큐론은 유체 및/또는 세포 중에서, 모체에서 유아에게 연속적으로 전달된다. 일부 실시형태에서, 원래의 숙주 세포로부터의 딸 세포는 큐론을 포함한다. 일부 실시형태에서, 모체는 큐론을 적어도 25%, 50%, 60%, 70%, 80%, 85%, 90%, 95% 또는 99%의 효율로 유아에게, 또는 적어도 25%, 50%, 60%, 70%, 80%, 85%, 90%, 95% 또는 99%의 전달 효율로 숙주 세포로부터 딸 세포로 전달한다. 일부 실시형태에서, 숙주 세포 내의 큐론은 감수분열 동안 25%, 50%, 60%, 70%, 80%, 85%, 90%, 95% 또는 99%의 전달 효율을 갖는다. 일부 실시형태에서, 숙주 세포 내의 큐론은 유사분열 동안 적어도 25%, 50%, 60%, 70%, 80%, 85%, 90%, 95% 또는 99%의 전달 효율을 갖는다. 일부 실시형태에서, 세포 내의 큐론은 약 10% 내지 20%, 20% 내지 30%, 30% 내지 40%, 40% 내지 50%, 50% 내지 60%, 60% 내지 70%, 70% 내지 75%, 75% 내지 80%, 80% 내지 85%, 85% 내지 90%, 90% 내지 95%, 95% 내지 99% 또는 그 사이의 임의의 백분율의 전달 효율을 갖는다.

[0779] 일부 실시형태에서, 큐론, 예를 들어, 합성 큐론은 숙주 세포 내에서 복제한다. 일 실시형태에서, 합성 큐론은 포유동물 세포, 예를 들어, 인간 세포에서 복제할 수 있다.

[0780] 일부 실시형태에서, 합성 큐론이 숙주 세포에서 복제되지만, 합성 큐론은 숙주의 게놈 내로, 예를 들어, 숙주의 염색체와 통합되지 않는다. 일부 실시형태에서, 합성 큐론과 숙주의 염색체와의 재조합 빈도는 무시할 수 있는 정도이다. 일부 실시형태에서, 큐론은 예를 들어, 숙주의 염색체와 예를 들어, 약 1.0 cM/Mb, 0.9 cM/Mb, 0.8 cM/Mb, 0.7 cM/Mb, 0.6 cM/Mb, 0.5 cM/Mb, 0.4 cM/Mb, 0.3 cM/Mb, 0.2 cM/Mb, 0.1 cM/Mb 미만의 재조합 빈도

를 갖는다.

[0781] **이용 방법**

[0782] 본원에 기재된 합성 큐론 및 합성 큐론을 포함하는 조성물은 예를 들어, 질병, 장애 또는 질환의 치료를 필요로 하는 대상체(예를 들어, 포유동물 대상체, 예를 들어, 인간 대상체)에서의 질병, 장애 또는 질환의 치료 방법에 사용될 수 있다. 본원에 기재된 약제학적 조성물의 투여는 예를 들어, 비경구(정맥내, 종양내, 복강내, 근육내, 강내 및 피하 포함) 투여로 이루어질 수 있다. 합성 큐론은 단독으로 또는 약제학적 조성물로서 제형화되어 투여될 수 있다.

[0783] 합성 큐론은 단위-용량 조성물, 예컨대 단위 용량 비경구 조성물의 형태로 투여될 수 있다. 이러한 조성물은 일반적으로 혼합에 의해 제조되며, 비경구 투여를 위하여 적합하게 조정될 수 있다. 이러한 조성물은 예를 들어, 주사 및 주입 용액 또는 현탁액 또는 좌제 또는 에어로졸의 형태로 존재할 수 있다.

[0784] 일부 실시형태에서, 예를 들어, 본원에 기재된 바와 같은 합성 큐론 또는 이를 포함하는 조성물의 투여는 합성 큐론에 의해 포함되는 유전 요소가 예를 들어, 대상체 내의 표적 세포로 운반되게 할 수 있다.

[0785] 예를 들어, 외인성 이펙터 또는 페이로드를 포함하는 본원에 기재된 합성 큐론 또는 그의 조성물을 사용하여 외인성 이펙터 또는 페이로드를 세포, 조직 또는 대상체에 운반할 수 있다. 일부 실시형태에서, 합성 큐론 또는 그의 조성물을 사용하여, 외인성 이펙터 또는 페이로드를 골수, 혈액, 심장, GI 또는 피부에 운반한다. 본원에 기재된 합성 큐론 조성물의 투여에 의한 외인성 이펙터 또는 페이로드의 운반은 세포, 조직 또는 대상체에서 비코딩 RNA 또는 폴리펩티드의 발현 수준을 조절할 수 있다(예를 들어, 증가 또는 감소시킬 수 있다). 이러한 방식으로의 발현 수준의 조절은 외인성 이펙터 또는 페이로드가 운반되는 세포에서 기능적 활성의 변경을 초래할 수 있다. 일부 실시형태에서, 조절된 기능적 활성은 성질이 효소적, 구조적 또는 조절적일 수 있다.

[0786] 일부 실시형태에서, 합성 큐론 또는 그의 카피는 세포로의 운반 후 24시간(예를 들어, 1일, 2일, 3일, 4일, 5일, 6일, 1주, 2주, 3주, 4주, 30일 또는 1개월)에 세포에서 검출 가능하다. 실시형태들에서, 합성 큐론 또는 그의 조성물은 표적 세포 상에서 효과를 매개하며, 효과는 적어도 1, 2, 3, 4, 5, 6 또는 7일, 2, 3 또는 4주 또는 1, 2, 3, 6 또는 12개월 동안 지속된다. (예를 들어, 합성 큐론 또는 그의 조성물이 외인성 단백질을 인코딩하는 유전 요소를 포함하는) 일부 실시형태에서, 효과는 1, 2, 3, 4, 5, 6 또는 7일, 2, 3 또는 4주 또는 1, 2, 3, 6 또는 12개월 미만 동안 지속된다.

[0787] 본원에 기재된 합성 큐론 또는 합성 큐론을 포함하는 조성물로 치료될 수 있는 질병, 장애 및 질환의 예는 제한없이, 면역 장애, 인터페론병증(예를 들어, I형 인터페론병증), 감염성 질병, 염증성 장애, 자가면역 질환, 암(예를 들어, 고형 종양, 예를 들어, 폐암, 비-소세포 폐암, 예를 들어, mIR-625, 예를 들어, 카스파제-3에 반응성인 유전자를 발현하는 종양) 및 위장 장애를 포함한다. 일부 실시형태에서, 합성 큐론은 큐론이 접촉되는 세포 내에서 활성 또는 기능을 조절한다(예를 들어, 증가 또는 감소시킨다). 일부 실시형태에서, 합성 큐론은 큐론이 접촉되는 세포에서 분자(예를 들어, 핵산 또는 단백질)의 수준 또는 활성을 조절한다(예를 들어, 증가 또는 감소시킨다). 일부 실시형태에서, 합성 큐론은 큐론이 접촉되는 세포, 예를 들어, 암 세포의 생존력을 예를 들어, 적어도 약 10%, 20%, 30%, 40%, 50%, 60%, 70%, 80%, 90%, 95%, 99% 이상 감소시킨다. 일부 실시형태에서, 합성 큐론은 큐론이 접촉되는 세포, 예를 들어, 암 세포의 생존력을 예를 들어, 적어도 약 10%, 20%, 30%, 40%, 50%, 60%, 70%, 80%, 90%, 95%, 99% 이상 감소시키는 이펙터, 예를 들어, miRNA, 예를 들어, miR-625를 포함한다. 일부 실시형태에서, 합성 큐론은 예를 들어, 카스파제-3 활성을 증가시킴으로써 큐론이 접촉되는 세포, 예를 들어, 암 세포의 아폽토시스를 예를 들어, 적어도 약 10%, 20%, 30%, 40%, 50%, 60%, 70%, 80%, 90%, 95%, 99% 이상 증가시킨다. 일부 실시형태에서, 합성 큐론은 예를 들어, 카스파제-3 활성을 증가시킴으로써, 큐론이 접촉되는 세포, 예를 들어, 암 세포의 아폽토시스를 예를 들어, 적어도 약 10%, 20%, 30%, 40%, 50%, 60%, 70%, 80%, 90%, 95%, 99% 이상 증가시키는 이펙터, 예를 들어, miRNA, 예를 들어, miR-625를 포함한다.

[0788] **추가의 큐론 실시형태**

[0789] 일 양태에서, 본 발명은 (i) 비-병원성 외부 단백질을 인코딩하는 서열, (ii) 유전 요소를 비-병원성 외부 단백질에 결합시키는 외부 단백질 결합 서열, 및 (iii) 이펙터, 예를 들어, 조절 핵산을 인코딩하는 서열을 포함하는 유전 요소; 및 예를 들어, 유전 요소와 회합된, 예를 들어, 이를 둘러싸거나, 이를 봉입하는 단백질성 외부를 포함하는 합성 큐론을 포함한다.

[0790] 일 양태에서, 본 발명은 a) (i) 비-병원성 외부 단백질을 인코딩하는 서열, (ii) 유전 요소를 비-병원성 외부 단백질에 결합시키는 외부 단백질 결합 서열, 및 (iii) 이펙터, 예를 들어, 조절 핵산을 인코딩하는 서열을 포

함하는 유전 요소; 및 유전 요소와 회합된, 예를 들어, 이를 둘러싸거나 이를 봉입하는 단백질성 외부를 포함하는 큐론; 및 b) 약제학적 부형제를 포함하는 약제학적 조성물을 포함한다.

[0791] 본원에 설명된 본 발명의 다양한 양태에서, 본원에 기재된 다양한 실시형태 중 하나 이상이 조합될 수 있다.

[0792] 일부 실시형태에서, 본원에 기재된 큐론 또는 조성물은 하기의 특징 중 적어도 하나를 추가로 포함한다: 유전 요소가 단일-가닥 DNA임; 유전 요소가 환형임; 큐론이 비-통합성임; 큐론이 아넬로바이러스 또는 기타 비-병원성 바이러스에 기초한 서열, 구조 및/또는 기능을 가짐; 및 큐론이 비-병원성임.

[0793] 일부 실시형태에서, 단백질성 외부는 비-병원성 외부 단백질을 포함한다. 일부 실시형태에서, 단백질성 외부는 하기 중 하나 이상을 포함한다: 하나 이상의 글리코실화된 단백질, 친수성 DNA-결합 영역, 아르기닌-풍부 영역, 트레오닌-풍부 영역, 글루타민-풍부 영역, N-말단 폴리아르기닌 서열, 가변 영역, C-말단 폴리글루타민/글루탐산염 서열 및 하나 이상의 이황화 가교. 일부 실시형태에서, 단백질성 외부는 하기의 특징 중 하나 이상을 포함한다: 정20면체 대칭, 하나 이상의 숙주 세포 분자와 상호작용하는 분자를 인식하고/인식하거나 이에 결합하여, 숙주 세포로의 유입을 매개함, 지질 분자가 결여됨, 탄수화물이 결여됨, pH 및 온도 안정성임, 세제 저항성임 및 숙주에서 비-면역원성이거나 비-병원성임. 예를 들어, 본원에 제공되는 데이터는 제공된 큐론이 감염성임을 확인시켜 준다.

[0794] 일부 실시형태에서, 비-병원성 외부 단백질을 인코딩하는 서열은 표 15에 열거된 하나 이상의 서열 또는 그의 단편과 적어도 70%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 동일한 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, 비-병원성 외부 단백질은 표 16 또는 표 17에 열거된 하나 이상의 서열 또는 그의 단편과 적어도 70%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 동일한 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, 비-병원성 외부 단백질은 하나 이상의 기능, 예를 들어, 종 및/또는 조직 및/또는 세포 향성, 바이러스 게놈 결합 및/또는 패키징, 면역 회피(비-면역원성 및/또는 관용), 약동학, 엔도시토시스 및/또는 세포 부착, 핵 유입, 세포내 조절 및 국소화, 엑소시토시스 조절, 증식 및 핵산 보호를 제공하는 적어도 하나의 작용성 도메인을 포함한다.

[0795] 일부 실시형태에서, 이펙터는 조절 핵산, 예를 들어, miRNA, siRNA, mRNA, lncRNA, RNA, DNA, 안티센스 RNA, gRNA; 치료제, 예를 들어 형광 태그 또는 마커, 항원, 펩티드 치료제, 천연-생물활성 펩티드로부터의 합성 또는 유사체 펩티드, 효능제 또는 길항제 펩티드, 항-미생물 펩티드, 포어-형성 펩티드, 바이사이클릭 펩티드, 표적화 또는 세포독성 펩티드, 및 분해 또는 자가-파괴 펩티드, 소분자, (예를 들어, 면역 반응/신호에 대한 감수성에 영향을 미치는) 면역 이펙터, 사멸 단백질(예를 들어, 아폽토시스 또는 괴사의 유도제), 종양의 비-용해 저해제(예를 들어, 종양단백질의 저해제), 후성적 변형제, 후성적 효소, 전사 인자, DNA 또는 단백질 변형 효소, DNA-삽입제, 유출 펌프 저해제, 핵 수용체 활성화제 또는 저해제, 프로테아좀 저해제, 효소에 대한 경쟁적 저해제, 단백질 합성 이펙터 또는 저해제, 뉴클레아제, 단백질 단편 또는 도메인, 리간드 또는 수용체, 및 CRISPR 시스템 또는 성분을 포함한다. 일부 실시형태에서, 이펙터는 표 18에 열거된 하나 이상의 miRNA 서열과 적어도 70%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 동일한 서열을 포함한다. 일부 실시형태에서, 이펙터, 예를 들어, miRNA는 숙주 유전자를 표적화하며, 예를 들어, 유전자의 발현을 조절한다.

[0796] 일부 실시형태에서, 유전 요소는 하기의 서열 중 하나 이상을 추가로 포함한다: 하나 이상의 miRNA를 인코딩하는 서열, 하나 이상의 복제 단백질을 인코딩하는 서열, 외인성 유전자를 인코딩하는 서열, 치료제를 인코딩하는 서열, 조절 서열(예를 들어, 프로모터, 인핸서), 내인성 유전자를 표적화하는 하나 이상의 조절 서열(siRNA, lncRNA, shRNA)을 인코딩하는 서열, 치료적 mRNA 또는 단백질을 인코딩하는 서열, 및 세포용해/세포독성 RNA 또는 단백질을 인코딩하는 서열. 일부 실시형태에서, 유전 요소는 하기의 특징 중 하나 이상을 갖는다: 숙주 세포의 게놈과 비-통합성임, 에피솜 핵산임, 단일 가닥 DNA임, 약 1 내지 10 kb임, 세포의 핵 내에 존재함, 내인성 단백질에 의해 결합될 수 있음, 및 숙주 유전자를 표적화하는 마이크로RNA를 생성함.

[0797] 일부 실시형태에서, 유전 요소는 적어도 하나의 바이러스 서열 또는 표 19 또는 표 20에 열거된 하나 이상의 서열 또는 그의 단편과 적어도 70%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 동일성을 포함한다. 이러한 일 실시형태에서, 바이러스 서열은 단일 가닥 DNA 바이러스(예를 들어, 아넬로바이러스, 비드나바이러스, 써코바이러스, 제미니바이러스, 게노모바이러스, 이노바이러스, 마이크로바이러스, 나노바이러스, 파보바이러스 및 스피라바이러스), 이중 가닥 DNA 바이러스(예를 들어, 아데노바이러스, 암풀라바이러스, 아스코바이러스, 아스파바이러스, 배큘로바이러스, 푸셀로바이러스, 글로불로바이러스, 구타바이러스, 하이트로사바이러스, 헤르페스바이러스, 이리도바이러스, 리포트릭스바이러스, 니마바이러스 및 폭스바이러스), RNA 바이러스(예를 들어, 알파바이러스, 푸로바이러스, 간염 바이러스, 호르데이바이러스, 토바모바이러스, 토브라바이러스, 트리코르나바이러스, 루비바이러스, 비르나바이러스, 시스토바이러스, 파르티티바이러스 및 레오바이러스) 중 적어도 하나로부터의

것이다. 또 다른 실시형태에서, 바이러스 서열은 하나 이상의 비-아넬로바이러스, 예를 들어, 아데노바이러스, 헤르페스 바이러스, 폭스 바이러스, 백시니아 바이러스, SV40, 파필로마 바이러스, RNA 바이러스, 예컨대 레트로바이러스, 예를 들어, 렌티 바이러스, 단일-가닥 RNA 바이러스, 예를 들어, 간염 바이러스 또는 이중-가닥 RNA 바이러스, 예를 들어, 로타바이러스로부터의 것이다.

[0798] 일부 실시형태에서, 단백질 결합 서열은 단백질성 외부의 아르기닌-풍부 영역과 상호작용한다.

[0799] 일부 실시형태에서, 큐론은 포유동물 세포, 예를 들어, 인간 세포에서 복제할 수 있다. 일부 실시형태에서, 큐론은 숙주 세포에서 실질적으로 비-병원성이고/이거나 비-통합성이다. 일부 실시형태에서, 큐론은 숙주에서 실질적으로 비-면역원성이다. 일부 실시형태에서, 큐론은 숙주 또는 숙주 세포에서 하나 이상의 바이러스 특성, 예를 들어, 향성, 예를 들어, 감염성, 예를 들어, 면역억제/활성화를 억제/향상시킨다. 일부 실시형태에서, 큐론은 (예를 들어, 표현형, 바이러스 수준, 유전자 발현, 다른 바이러스와의 경쟁, 병태 등을 적어도 약 5%, 10%, 15%, 20%, 25%, 30%, 35%, 40%, 45%, 50% 이상) 조절하기에 충분한 양으로 존재한다.

[0800] 일부 실시형태에서, 조성물은 적어도 하나의 바이러스 또는 바이러스의 게놈을 포함하는 벡터, 예를 들어, 큐론의 변이체, 예를 들어, 편리공생/고유 바이러스를 추가로 포함한다. 일부 실시형태에서, 조성물은 이종성 모이어티, 예를 들어, 적어도 하나의 소분자, 항체, 폴리펩티드, 핵산, 표적화제, 영상화제, 나노입자 및 그의 조합을 추가로 포함한다.

[0801] 일 양태에서, 본 발명은 (i) 비-병원성 외부 단백질을 인코딩하는 서열, (ii) 유전 요소를 비-병원성 외부 단백질에 결합시키는 외부 단백질 결합 서열, 및 (iii) 이펙터, 예를 들어, 조절 핵산을 인코딩하는 서열을 포함하는 유전 요소를 포함하는 벡터를 포함한다.

[0802] 본원에 설명된 본 발명의 다양한 양태에서, 본원에 기재된 다양한 실시형태 중 하나 이상이 조합될 수 있다.

[0803] 일부 실시형태에서, 유전 요소는 숙주 세포의 게놈과 통합하지 못한다. 일부 실시형태에서, 유전 요소는 포유동물 세포, 예를 들어, 인간 세포에서 복제할 수 있다.

[0804] 일부 실시형태에서, 벡터는 예를 들어, 유전자, 예를 들어, 인간 유전자의 발현을 조절하도록 선택된 외인성 핵산 서열을 추가로 포함한다.

[0805] 일 양태에서, 본 발명은 본원에 기재된 벡터 및 약제학적 부형제를 포함하는 약제학적 조성물을 포함한다.

[0806] 본원에 설명된 본 발명의 다양한 양태에서, 본원에 기재된 다양한 실시형태 중 하나 이상이 조합될 수 있다.

[0807] 일부 실시형태에서, 벡터는 숙주 세포에서 실질적으로 비-병원성이고/이거나 비-통합성이다. 일부 실시형태에서, 벡터는 숙주에서 실질적으로 비-면역원성이다.

[0808] 일부 실시형태에서, 벡터는 (표현형, 바이러스 수준, 유전자 발현, 다른 바이러스와의 경쟁, 병태 등을 적어도 약 5%, 10%, 15%, 20%, 25%, 30%, 35%, 40%, 45%, 50% 이상) 조절하기에 충분한 양으로 존재한다.

[0809] 일부 실시형태에서, 조성물은 적어도 하나의 바이러스 또는 바이러스의 게놈을 포함하는 벡터, 예를 들어, 큐론의 변이체, 편리공생/고유 바이러스, 헬퍼 바이러스, 비-아넬로바이러스를 추가로 포함한다. 일부 실시형태에서, 조성물은 이종성 모이어티, 적어도 하나의 소분자, 항체, 폴리펩티드, 핵산, 표적화제, 영상화제, 나노입자 및 그의 조합을 추가로 포함한다.

[0810] 일 양태에서, 본 발명은 본원에 기재된 큐론의 생성, 증식 및 수집 방법을 포함한다.

[0811] 일 양태에서, 본 발명은 본원에 기재된 벡터의 설계 및 제조 방법을 포함한다.

[0812] 일 양태에서, 본 발명은 하기를 포함하는 대상체에서의 디스비로시스의 확인 방법을 포함한다: 디스비로시스의 확인을 필요로 하는 대상체로부터 수득되는 시료로부터 유전 정보를 분석하는 단계로서, 바이러스 유전 정보가 대상체의 유전 정보 및 다른 미생물로부터 분리되는 단계; 바이러스 유전 정보를 기준, 예를 들어, 대조군, 건강한 대상체와 비교하는 단계; 및 바이러스 유전 정보의 비교가 대상체에서 바이러스 유전 정보의 불균형 또는 비정상적인 비를 제공한다면, 대상체에서 디스비로시스를 확인하는 단계.

[0813] 본원에 설명된 본 발명의 다양한 양태에서, 본원에 기재된 다양한 실시형태 중 하나 이상이 조합될 수 있다.

[0814] 일부 실시형태에서, 대상체에게 바이러스 유전 정보에 표현되지 않는 하나 이상의 바이러스 주를 추가로 포함하는 약제학적 조성물이 투여된다. 일부 실시형태에서, 대상체는 염증성 질환 또는 장애, 자가면역 질환 또는 질

병, 만성/급성 질환 또는 장애, 암, 위장 질환 또는 장애 또는 그의 임의의 조합을 갖는다.

[0815] 실시형태들에서, 합성 큐론은 인터페론 발현을 저해한다.

[0816] **생성 방법**

[0817] *유전 요소의 생성*

[0818] 큐론의 유전 요소의 제조 방법은 예를 들어, 문헌[Khudyakov & Fields, *Artificial DNA: Methods and Applications*, CRC Press (2002)]; 문헌[Zhao, *Synthetic Biology: Tools and Applications*, (First Edition), Academic Press (2013)]; 및 문헌[Egli & Herdewijn, *Chemistry and Biology of Artificial Nucleic Acids*, (First Edition), Wiley-VCH (2012)]에 기재되어 있다.

[0819] 일부 실시형태에서, 유전 요소는 컴퓨터-보조 설계 도구를 사용하여 설계될 수 있다. 큐론은 합성하기에 더욱 용이한 더 작은 중첩하는 조각(예를 들어, 약 100 bp 내지 약 10 kb 범위의 세그먼트, 또는 개별 ORF)으로 나뉠 수 있다. 이들 DNA 세그먼트는 하나의 세트의 중첩하는 단일-가닥 올리고뉴클레오티드로부터 합성된다. 그 후 생성되는 중첩 신톤(synthon)은 더 큰 조각의 DNA, 예를 들어, 큐론으로 어셈블된다. 세그먼트 또는 ORF는 큐론, 예를 들어, 5' 및 3' 말단에서 시험관내 재조합 또는 특유한 제한 부위 내로 어셈블되어, 라이게이션을 가능하게 할 수 있다.

[0820] 유전 요소는 대안적으로 큐론을 올리고-길이 단편으로 분석하는 설계 알고리즘으로 합성하여, 서열 공간의 복잡성을 고려하는 합성을 위한 최적의 설계 조건을 생성할 수 있다. 이어서 올리고는 반도체-기반의 고밀도 칩 상에서 화학적으로 합성되며, 칩마다 200,000개 초과의 개별 올리고가 합성된다. 올리고를 어셈블리 기법, 예를 들어, BioFab®으로 어셈블하여, 더 작은 올리고로부터 더 긴 DNA 세그먼트를 구축한다. 이것은 병렬 방식으로 행해지며, 그래서 수백 내지 수천개의 합성 DNA 세그먼트가 한번에 구축된다.

[0821] 각각의 유전 요소 또는 유전 요소의 세그먼트는 서열이 입증될 수 있다. 일부 실시형태에서, RNA 또는 DNA의 고-처리량 서열결정은 AnyDot.칩(제노복스(Genovoxx), 독일)을 사용하여 일어날 수 있으며, 이는 생물학적 과정(예를 들어, miRNA 발현 또는 대립형질 가변성(SNP 검출))의 모니터링을 가능하게 한다. 특히, AnyDot-칩은 뉴클레오티드 형광 신호 검출의 10x 내지 50x 향상을 가능하게 한다. AnyDot.칩 및 이들의 이용 방법은 부분적으로 국제 공개 출원 WO 02088382호, WO 03020968호, WO 0303 1947호, WO 2005044836호, PCTEP 05105657호, PCMEP 05105655호; 및 독일 특허 출원 DE 101 49 786호, DE 102 14 395호, DE 103 56 837호, DE 10 2004 009 704호, DE 10 2004 025 696호, DE 10 2004 025 746호, DE 10 2004 025 694호, DE 10 2004 025 695호, DE 10 2004 025 744호, DE 10 2004 025 745호 및 DE 10 2005 012 301호에 기재되어 있다.

[0822] 다른 고-처리량 서열결정 시스템은 문헌[Venter, J., et al. Science 16 Feb. 2001]; 문헌[Adams, M. et al, Science 24 Mar. 2000]; 및 문헌[M. J, Levene, et al. Science 299:682-686, January 2003]; 및 미국 공개 출원 제20030044781호 및 제2006/0078937호에 개시된 것들을 포함한다. 전체적으로 이러한 시스템은 핵산 분자에서 측정되는 중합 반응을 통해 염기를 일시적으로 첨가함으로써 복수의 염기를 갖는 표적 핵산 분자를 서열결정하는 것을 포함하며, 즉, 서열결정될 주형 핵산 분자 상의 핵산 중합 효소의 활성이 실시간으로 추적된다. 이어서, 염기 첨가의 서열에서 각 단계에서 핵산 중합 효소의 촉매 활성에 의해 표적 핵산의 성장하는 상보성 가닥 내로 어떤 염기가 혼입되는 지를 확인함으로써 서열을 추론할 수 있다. 표적 핵산 분자 복합체 상의 중합효소는 표적 핵산 분자를 따라 이동하고 활성 부위에서 올리고뉴클레오티드 프라이머를 연장시키기에 적합한 위치에서 제공된다. 복수의 표지된 유형의 뉴클레오티드 유사체가 활성 부위에 근접하여 제공되며, 각각의 구별 가능한 유형의 뉴클레오티드 유사체는 표적 핵산 서열에서 상이한 뉴클레오티드에 상보성이다. 성장하는 핵산 가닥은 중합효소를 사용하여 활성 부위에서 핵산 가닥에 뉴클레오티드 유사체를 부가함으로써 연장되며, 여기서 첨가되는 뉴클레오티드 유사체는 활성 부위에서의 표적 핵산의 뉴클레오티드에 상보성이다. 중합 단계의 결과로서 올리고뉴클레오티드 프라이머에 부가된 뉴클레오티드 유사체가 확인된다. 표지된 뉴클레오티드 유사체를 제공하고, 성장하는 핵산 가닥을 중합하고, 부가된 뉴클레오티드 유사체를 확인하는 단계를 반복하여, 핵산 가닥이 추가로 연장되고 표적 핵산의 서열이 결정되게 한다.

[0823] 일부 실시형태에서, 샷건(shotgun) 서열결정이 수행된다. 샷건 서열결정에서, DNA는 수많은 작은 세그먼트로 무작위로 분해되며, 이를 사슬 종결 방법을 사용하여 서열결정하여, 판독물을 수득한다. 표적 DNA에 대한 다수의 중첩 판독물은 수회차의 이러한 단편화 및 서열결정을 수행함으로써 수득된다. 이어서, 컴퓨터 프로그램은 상이한 판독물의 중첩 말단을 이용하여, 그들을 연속 서열로 어셈블시킨다.

[0824] *합성 큐론의 생성*

[0825] 본원에 기재된 바와 같이 제조된 유전 요소 및 유전 요소를 포함하는 벡터는 적절한 숙주 세포에서 합성 큐론을 발현시키기 위하여 다양한 방식으로 사용될 수 있다. 일부 실시형태에서, 유전 요소 및 유전 요소를 포함하는 벡터를 적절한 숙주 세포에서 트랜스펙션시키고, 생성되는 RNA는 큐론 유전자 생성물, 예를 들어, 비-병원성 단백질 및 단백질 결합 서열의 발현을 높은 수준으로 유도할 수 있다. 높은 수준의 발현을 제공하는 숙주 세포 시스템은 바이러스 기능을 제공하는 연속 세포주, 예컨대 각각 APV 또는 MPV로 중복감염된 세포주, APV 또는 MPV 기능을 보완하도록 엔지니어링되는 세포주 등을 포함한다.

[0826] 일부 실시형태에서, 합성 큐론은 실시예 1, 2, 5, 6 또는 15 내지 17 중 어느 하나에 기재된 바와 같이 생성된다.

[0827] 일부 실시형태에서, 합성 큐론은 시험관 내에서 연속 동물 세포주에서 배양된다. 본 발명의 일 실시형태에 따라, 세포주는 돼지 세포주를 포함할 수 있다. 본 발명의 맥락에서 예상되는 세포주는 불멸화된 돼지 세포주, 예컨대 비제한적으로 돼지 신장 상피 세포주 PK-15 및 SK, 단일골수성(monomyeloid) 세포주 3D4/31 및 정소 세포주 ST를 포함한다. 또한, 다른 포유동물 세포 등, 예컨대 CHO 세포(중국 햄스터 난소), MARC-145, MDBK, RK-13, EEL이 포함된다. 추가로 또는 대안적으로, 본 발명의 방법의 특정 실시형태는 상피 세포주, 즉, 상피 계통의 세포의 세포주인 동물 세포주를 이용한다. 큐론으로의 감염에 감수성인 세포주는 인간 또는 영장류 기원의 세포주, 예컨대 인간 또는 영장류 신장 암종 세포주를 포함하지만, 이들에 제한되지 않는다.

[0828] 일부 실시형태에서, 유전 요소 및 유전 요소를 포함하는 벡터를 바이러스 중합효소 단백질을 발현하는 세포주 내로 트랜스펙션시켜, 큐론의 발현을 달성한다. 이를 위하여, 큐론 중합효소 단백질을 발현하는 형질전환된 세포주는 적절한 숙주 세포로서 이용될 수 있다. 숙주 세포는 다른 바이러스 기능 또는 추가의 기능을 제공하도록 유사하게 엔지니어링될 수 있다.

[0829] 본원에 개시된 합성 큐론을 제조하기 위하여, 본원에 개시된 유전 요소 또는 유전 요소를 포함하는 벡터를 사용하여, 세포를 트랜스펙션시켜, 복제 및 생성에 필요한 큐론 단백질 및 기능을 제공한다. 대안적으로, 세포를 본원에 개시된 유전 요소 또는 유전 요소를 포함하는 벡터에 의한 트랜스펙션 이전에, 그 동안에 또는 그 이후에 헬퍼 바이러스로 트랜스펙션시킬 수 있다. 일부 실시형태에서, 헬퍼 바이러스는 불완전한 바이러스 입자의 생성을 보완하는데 유용할 수 있다. 헬퍼 바이러스는 조건적 성장 결함, 예컨대 숙주 범위 제한 또는 온도 민감성을 가질 수 있으며, 이는 트랜스펙션 바이러스의 이후의 선택을 가능하게 한다. 일부 실시형태에서, 헬퍼 바이러스는 큐론의 발현을 달성하기 위하여 숙주 세포에 의해 사용되는 하나 이상의 복제 단백질을 제공할 수 있다. 일부 실시형태에서, 숙주 세포는 바이러스 단백질, 예컨대 하나 이상의 복제 단백질을 인코딩하는 벡터로 트랜스펙션될 수 있다.

[0830] 본원에 개시된 유전 요소 또는 유전 요소를 포함하는 벡터는 예를 들어, 각각의 전문이 본원에 참조로 포함되는 미국 특허 제4,650,764호; 미국 특허 제5,166,057호; 미국 특허 제5,854,037호; 유럽 특허 공개 제EP 0702085A1호; 미국 특허 출원 제09/152,845호; 국제 특허 공개 PCT WO97/12032호; WO96/34625호; 유럽 특허 공개 EP-A780475호; WO 99/02657호; WO 98/53078호; WO 98/02530호; WO 99/15672호; WO 98/13501호; WO 97/06270호; 및 EPO 780 47SA1호에 기재된 바와 같이, 해당 분야에 알려져 있는 임의의 수의 기법에 의해 큐론 입자로 복제되고 생성될 수 있다.

[0831] 본 발명에 따른 큐론-함유 세포 배양물의 생성은 상이한 규모로, 예컨대 플라스크, 롤러 보틀(roller bottle) 또는 생물반응기에서 수행될 수 있다. 감염될 세포의 배양을 위해 사용되는 배지는 당업자에게 알려져 있으며, 세포 생존성에 필요한 표준 영양물질을 포함할 것이며, 또한 세포 유형에 따라 추가의 영양물질을 포함할 수 있다. 선택적으로, 배지는 단백질-부재일 수 있다. 세포 유형에 따라, 세포는 현탁액 중에서 또는 기판 상에서 배양될 수 있다.

[0832] 합성 큐론의 정제 및 단리는 바이러스 생성에서 당업자에게 알려져 있는 방법에 따라 수행될 수 있으며, 예를 들어, 문헌[Rinaldi, et al., DNA Vaccines: Methods and Protocols (Methods in Molecular Biology), 3rd ed. 2014, Humana Press]에 기재되어 있다.

[0833] 일 양태에서, 본 발명은 본원에 기재된 바와 같은 큐론의 시험관내 복제 및 증식을 위한 방법을 포함하며, 이는 하기의 단계를 포함할 수 있다: (a) 선형화된 유전 요소를 큐론 감염에 감수성인 세포주 내로 트랜스펙션시키는 단계; (b) 세포를 수집하고, 유전 요소의 존재를 나타내는 세포를 단리하는 단계; (c) 단계 (b)에서 수득되는 세포를 실험 조건 및 유전자 발현에 따라, 적어도 3일, 예컨대 적어도 1주 이상 동안 배양하는 단계; 및 (d) 단

계 (c)의 세포를 수집하는 단계.

[0834] **투여/운반**

[0835] 조성물(예를 들어, 본원에 기재된 바와 같은 합성 큐론을 포함하는 약제학적 조성물)은 약제학적으로 허용되는 부형제를 포함하도록 제형화될 수 있다. 약제학적 조성물은 선택적으로 하나 이상의 추가의 활성 물질, 예를 들어, 치료적 및/또는 예방적 활성 물질을 포함할 수 있다. 본 발명의 약제학적 조성물은 멸균 및/또는 발열원-부재일 수 있다. 약제의 제형화 및/또는 제조에서의 일반적인 고려사항은 예를 들어, 문헌[Remington: The Science and Practice of Pharmacy 21st ed., Lippincott Williams & Wilkins, 2005](본원에 참조로 포함됨)에서 찾을 수 있다.

[0836] 본원에 제공되는 약제학적 조성물의 설명이 주로 인간으로의 투여에 적합한 약제학적 조성물에 관한 것이지만, 이러한 조성물이 일반적으로 임의의 다른 동물로의, 예를 들어, 비-인간 동물, 예를 들어, 비-인간 포유동물로의 투여에 적합하다는 것을 당업자라면 이해할 것이다. 조성물이 다양한 동물로의 투여에 적합하게 만들기 위해 인간으로의 투여에 적합한 약제학적 조성물을 변형하는 것이 충분히 이해되며, 숙련된 수의학 약리학자는 존재한다면, 단지 일상적인 실험을 사용하여 이러한 변형을 설계하고/설계하거나 수행할 수 있다. 약제학적 조성물의 투여가 고려되는 대상체는 인간 및/또는 기타 영장류; 포유동물, 예컨대 상업적으로 관련된 포유동물, 예컨대 소, 돼지, 말, 양, 고양이, 개, 마우스 및/또는 랫트; 및/또는 조류, 예컨대 상업적으로 관련된 조류, 예컨대 가금류, 닭, 오리, 거위 및/또는 칠면조를 포함하지만, 이들에 제한되지 않는다.

[0837] 본원에 기재된 약제학적 조성물의 제형은 약리학 분야에 알려져 있거나, 이후에 개발되는 임의의 방법에 의해 제조될 수 있다. 일반적으로, 이러한 제조 방법은 활성 성분이 부형제 및/또는 하나 이상의 다른 보조 성분과 회합되게 한 다음, 필요하면 그리고/또는 바람직하면, 생성물을 나누고/나누거나, 성형하고/성형하거나 패키징하는 단계를 포함한다.

[0838] 일 양태에서, 본 발명은 대상체로 큐론을 운반하는 방법을 특징으로 한다. 당해 방법은 본원에 기재된 바와 같은 큐론을 포함하는 약제학적 조성물을 대상체로 투여하는 단계를 포함한다. 일부 실시형태에서, 투여된 큐론은 대상체에서 복제한다(예를 들어, 대상체의 바이러스체의 일부가 된다).

[0839] 일 양태에서, 본 발명은 디스비로시스를 갖는 대상체로에 큐론을 투여하는 방법을 특징으로 한다. 당해 방법은 본원에 기재된 바와 같은 디스비로시스를 갖는 대상체를 선택하는 단계 및 본원에 기재된 바와 같은 큐론을 포함하는 약제학적 조성물을 대상체에게 투여하는 단계를 포함한다. 일부 실시형태에서, 투여되는 큐론은 대상체에서 복제한다(예를 들어, 대상체의 바이러스체의 일부가 된다).

[0840] 약제학적 조성물은 야생형 또는 고유 바이러스 요소 및/또는 변형된 바이러스 요소를 포함할 수 있다. 큐론은 표 1 내지 20 중 어느 하나의 서열(예를 들어, 핵산 서열 또는 그의 아미노산 서열을 인코딩하는 핵산 서열) 또는 표 1 내지 20 중 어느 하나의 뉴클레오티드 서열 또는 그 서열에 상보성인 서열 중 어느 하나에 대하여 적어도 약 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90% 95%, 96%, 97%, 98% 및 99% 뉴클레오티드 서열 동일성을 갖는 서열 중 하나 이상을 포함할 수 있다. 큐론은 표 1 내지 20 중 어느 하나의 서열 또는 표 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14 또는 16 중 어느 하나의 아미노산 서열 중 어느 하나에 대하여 적어도 약 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90% 95%, 96%, 97%, 98% 및 99% 서열 동일성을 갖는 서열 중 하나 이상을 인코딩할 수 있다. 큐론은 표 19 또는 표 20의 서열, 또는 표 19 또는 표 20의 뉴클레오티드 서열 또는 그 서열에 상보성인 서열 중 어느 하나에 대하여 적어도 약 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90% 95%, 96%, 97%, 98% 및 99% 뉴클레오티드 서열 동일성을 갖는 서열 중 하나 이상을 포함할 수 있다.

[0841] 일부 실시형태에서, 합성 큐론은 내인성 유전자 및 단백질 발현을 기준, 예를 들어, 건강한 대조군에 비하여 예를 들어, 적어도 약 5%, 10%, 15%, 20%, 25%, 30%, 35%, 40%, 45%, 50% 이상 증가(자극)시키기에 충분하다. 특정 실시형태에서, 합성 큐론은 내인성 유전자 및 단백질 발현을 기준, 예를 들어, 건강한 대조군에 비하여 예를 들어, 적어도 약 5%, 10%, 15%, 20%, 25%, 30%, 35%, 40%, 45%, 50% 이상 감소(저해)시키기에 충분하다.

[0842] 일부 실시형태에서, 합성 큐론은 기준, 예를 들어, 건강한 대조군에 비하여, 숙주 또는 숙주 세포에서 하나 이상의 바이러스 특성, 예를 들어, 향성, 감염성, 면역억제/활성화를 적어도 약 5%, 10%, 15%, 20%, 25%, 30%, 35%, 40%, 45%, 50% 이상 저해/향상시킨다.

[0843] 일 양태에서, 본 발명은 디스비로시스의 확인을 필요로 하는 대상체로부터 수득되는 시료로부터 유전 정보를 분석하는 단계로서, 바이러스 유전 정보가 대상체의 유전 정보 및 다른 미생물로부터 단리되는 단계; 바이러스 유전 정보를 기준, 예를 들어, 대조군, 건강한 대조군과 비교하는 단계; 및 바이러스 유전 정보의 비교가 대상체

에서 바이러스 유전 정보의 불균형 또는 비정상적인 비를 제공하면, 대상체에서 디스비로시스를 확인하는 단계를 포함하는 대상체에서의 디스비로시스, 예를 들어, 숙주 내에 존재하는 바이러스 집단의 이상조절의 확인 방법을 포함한다.

[0844] 일 양태에서, 본 발명은 또한, 이환된 대상체에서 디스비로시스를 확인하기 위한 유전 정보의 데이터베이스의 생성 방법을 포함하며, 이는 (i) 건강한 대상체로부터의 시료 내의 숙주 세포 게놈의 뉴클레오티드 서열을 결정하는 단계; (ii) 숙주 세포 게놈에 존재하고/존재하거나 에피솜 형태로 존재하는 바이러스 핵산 서열을 결정하는 단계; (iii) 특정 바이러스 주와 연관된 단계 (ii)에서 결정된 바이러스 핵산 서열의 데이터베이스를 컴파일링하는 단계; 및 (iv) 데이터를 채우도록 복수의 대상체에 대해 단계 (i) 내지 (iii)을 반복하는 단계를 포함할 수 있다.

[0845] 일 양태에서, 본 발명은 본원에 기재된 바와 같은 바이러스 유전 정보를 수득하는 단계 및 본원에 기재된 큐론을 포함하는 약제학적 조성물을 대상체 내에서 바이러스체를 기준, 예를 들어, 건강한 대조군에 비하여 적어도 약 5%, 10%, 15%, 20%, 25%, 30%, 35%, 40%, 45%, 50% 이상 변경시키기에 충분한 용량으로 투여하는 단계를 포함하는 본원에 기재된 약제학적 조성물을 디스비로시스를 갖는 대상체에게 투여하는 방법을 포함한다.

[0846] 일부 실시형태에서, 바이러스 유전 정보에서 표현되지 않는 하나 이상의 바이러스 주를 추가로 포함하는 약제학적 조성물이 대상체에게 투여된다.

[0847] 일부 실시형태에서, 본원에 기재된 큐론을 포함하는 약제학적 조성물은 바이러스 감염을 조절하기에 충분한 용량 및 시간으로 투여된다. 바이러스 감염의 일부 비제한적인 예는 아데노-연관 바이러스, 아이치(Aichi) 바이러스, 호주 박쥐 리사 바이러스(lyssavirus), BK 폴리오마바이러스(polyomavirus), 반나 바이러스(Banna virus), 바르마 포레스트(Barmah forest) 바이러스, 부니아무에라(Bunyamwera) 바이러스, 부니아바이러스 라 크로세(Bunyavirus La Crosse), 부니아바이러스 스노우슈 하레(Bunyavirus snowshoe hare), 세르코피테신 헤르페스바이러스(Cercopithecine herpesvirus), 찬디푸라 바이러스(Chandipura virus), 치쿤구니아 바이러스(Chikungunya virus), 코사바이러스(Cosavirus) A, 우두 바이러스, 콕사키바이러스(Coxsackievirus), 크리민-콩고 출혈성 열 바이러스(Crimean-Congo hemorrhagic fever virus), 뎅기(Dengue) 바이러스, 도리(Dhori) 바이러스, 더그비(Dugbe) 바이러스, 두벤하게(Duvenhage) 바이러스, 동부 말 뇌염 바이러스, 에볼라바이러스, 에코바이러스(Echovirus), 뇌심근염(Encephalomyocarditis) 바이러스, 엡스테인-바 바이러스, 유럽 박쥐 리사바이러스, GB 바이러스 C/G형 간염 바이러스, 한탄(Hantaan) 바이러스, 헨드라(Hendra) 바이러스, A형 간염 바이러스, B형 간염 바이러스, C형 간염 바이러스, E형 간염 바이러스, 간염 델타 바이러스, 마두 바이러스, 인간 아데노바이러스, 인간 아스트로바이러스, 인간 코로나바이러스, 인간 사이토메갈로바이러스, 인간 엔테로바이러스 68, 인간 엔테로바이러스 70, 인간 헤르페스바이러스 1, 인간 헤르페스바이러스 2, 인간 헤르페스바이러스 6, 인간 헤르페스바이러스 7, 인간 헤르페스바이러스 8, 인간 면역결핍 바이러스, 인간 파필로마바이러스 1, 인간 파필로마바이러스 2, 인간 파필로마바이러스 16, 인간 파필로마바이러스 18, 인간 파라인플루엔자, 인간 파보바이러스 B19, 인간 호흡기 융합 바이러스, 인간 리노바이러스, 인간 SARS 코로나바이러스, 인간 스푸마레트로바이러스(spumaretrovirus), 인간 T-림포트로픽 바이러스, 인간 토로바이러스(torovirus), 인플루엔자 A 바이러스, 인플루엔자 B 바이러스, 인플루엔자 C 바이러스, 이스파한(Isfahan) 바이러스, JC 폴리오마바이러스, 일본 뇌염 바이러스, 주닌 아레나바이러스(Junin arenavirus), KI 폴리오마바이러스, 쿤진(Kunjin) 바이러스, 라고스(Lagos) 박쥐 바이러스, 레이크 빅토리아 마르부르그바이러스(Lake Victoria marburgvirus), 란가트(Langat) 바이러스, 라사(Lassa) 바이러스, 로즈데일(Lordsdale) 바이러스, 라우핑 일(Louping ill) 바이러스, 림프구 맥락수막염 바이러스, 마추포(Machupo) 바이러스, 마이아로(Mayaro) 바이러스, MERS 코로나바이러스, 홍역 바이러스, 멘고(Mengo) 뇌심근염 바이러스, 메르켈 세포 폴리오마바이러스(Merkel cell polyomavirus), 모콜라(Mokola) 바이러스, 전염성 연속종 바이러스, 원두 바이러스, 볼거리 바이러스, 무레이 밸리(Murray valley) 뇌염 바이러스, 뉴욕 바이러스, 니파(Nipah) 바이러스, 노르워크(Norwalk) 바이러스, 오뇽-뇽(O'nyong-nyong) 바이러스, 올프(Orf) 바이러스, 오로퓨스(Oropouche) 바이러스, 피친데(Pichinde) 바이러스, 폴리오바이러스, 푼타 토로 플레보바이러스(Punta toro phlebovirus), 푸말라(Puumala) 바이러스, 광견병 바이러스, 리프트계곡열 바이러스, 로사바이러스(Rosavirus) A, 로스 강(Ross river) 바이러스, 로타바이러스 A, 로타바이러스 B, 로타바이러스 C, 풍진 바이러스, 사기야마(Sagiyama) 바이러스, 살리바이러스(Salivirus) A, 모래파리 열 시실리안(Sandfly fever sicilian) 바이러스, 삿포로(Sapporo) 바이러스, 셈리키 포레스트(Semliki forest) 바이러스, 서울(Seoul) 바이러스, 유인원 포미(Simian foamy) 바이러스, 유인원 바이러스 5, 신드비스(Sindbis) 바이러스, 사우샘프턴(Southampton) 바이러스, 세인트 루이스 뇌염(St. louis encephalitis) 바이러스, 틱-본 포와산(Tick-borne powassan) 바이러스, 토르크 테노 바이러스, 토스카나(Toscana) 바이러스, 우우쿠니에미

(Uukuniemi) 바이러스, 백시니아 바이러스, 바리셀라-조스터(Varicella-zoster) 바이러스, 바리올라(Variola) 바이러스, 베네주엘란(Venezuelan) 말 뇌염 바이러스, 수포성 구내염 바이러스, 서부 말 뇌염 바이러스, WU 폴리오마바이러스, 웨스트 나일(West Nile) 바이러스, 야바(Yaba) 원숭이 종양 바이러스, 야바-유사 질병 바이러스, 황열 바이러스 및 지카 바이러스를 포함한다. 특정 실시형태에서, 큐론은 대상체에 이미 존재하는 바이러스를 예를 들어, 기준에 비하여 적어도 약 5%, 10%, 15%, 20%, 25%, 30%, 35%, 40%, 45%, 50% 이상 능가하고/능가하거나 대체하기에 충분하다. 특정 실시형태에서, 큐론은 만성 또는 급성 바이러스 감염과 경쟁하기에 충분하다. 특정 실시형태에서, 큐론은 바이러스 감염으로부터 보호하기 위하여 예방적으로 투여될 수 있다(예를 들어, 바이러스전(provirotic)). 일부 실시형태에서, 큐론은 (예를 들어, 표현형, 바이러스 수준, 유전자 발현, 다른 바이러스와의 경쟁, 병태 등을 적어도 약 5%, 10%, 15%, 20%, 25%, 30%, 35%, 40%, 45%, 50% 이상) 조절하기에 충분한 양으로 존재한다.

[0848] 본원에 언급된 모든 참고문헌 및 간행물은 본원에 참조로 포함된다.

[0849] 하기의 실시예는 본 발명의 일부 실시형태를 추가로 예시하기 위해 제공되지만, 본 발명의 범주를 제한하고자 하지 않으며; 당업자에게 알려져 있는 다른 절차, 방법 또는 기법이 대안적으로 사용될 수 있다는 것이 그들의 예시적인 성질에 의해 이해될 것이다.

[0850] 실시예

[0851] **실시예 1: 큐론의 제조**

[0852] 본 실시예에는 인터페론(IFN) 발현을 저해하는 합성 큐론의 설계 및 합성이 기재되어 있다.

[0853] 큐론(큐론 A)은 1) 비-병원성 패키징 봉입물을 인코딩하는 캡시드 유전자에 대한 DNA 서열(문헌[Arch Virol (2007) 152: 1961-1975]), 수탁 번호: A7XCE8.1(ORF11_TTW3); 2) 숙주 유전자(예를 들어, IFN)를 표적화하는 마이크로RNA를 코딩하는 DNA 서열(문헌[PLOS Pathogen (2013), 9(12), e1003818]), 수탁 번호: AJ620231.1; 및 3) 캡시드 단백질 내의 특정 영역(예를 들어, 수탁 번호: Q99153.1을 갖는 캡시드의 특정 영역)에 결합하는 DNA 서열(문헌[Journal of Virology (2003), 77(24), 13036-13041])로 시작하여 설계된다.

[0854] 이러한 서열에, 1 kb의 비-코딩 DNA 서열을 부가한다(큐론 B). 설계된 큐론(도 2)은 3 kb(전체 크기)로 화학적으로 합성되고, 이를 서열 확인한다.

[0855] 큐론 서열을 제조처에 의해 권고되는 바와 같이 JetPEI 시약(폴리플러스(PolyPlus)-트랜스펙션, 프랑스 일키르히 소재)을 사용하여 인간 배아 신장 293T 세포(12-웰 플레이트 상에서 10_5개 세포당 1 ㎍) 내로 트랜스펙션시킨다. 단독의 벡터, 또는 JetPEI 단독으로 트랜스펙션된 세포를 사용한 대조군 트랜스펙션을 포함시키고, GFP를 인코딩하는 리포터 플라스미드를 사용하여 트랜스펙션 효율을 최적화시킨다. 대조군 트랜스펙션의 형광을 측정하여, 적절하게 트랜스펙션된 세포를 보장한다. 트랜스펙션된 배양물을 37℃ 및 5% 이산화탄소에서 하룻밤 인큐베이션시킨다.

[0856] 18시간 후에, 세포를 PBS로 3회 세척한 후, 신선한 배지를 첨가한다. 상청액을 하기와 같은 큐론의 초원심분리 및 수거를 위해 수집한다. 배지를 30분 동안 4,000 x *g*에 이어서 15분 동안 8,000 x *g*에서의 원심분리에 의하여 투명하게 하여, 세포 및 세포 데브리스를 제거한다. 그 다음, 상청액을 0.45-㎛-포어-크기 필터를 통해 여과한다. 큐론을 5% 수크로스 쿠션(5 ㎖)을 통해 27,000 rpm에서 1시간 동안 펠렛화시키고, 1x 인산염-완충 염수(PBS) + 0.1% 바시트라신(bacitracin) 중에 원래의 부피의 1/100으로 재현탁화시킨다. 농축된 큐론을 24,000 rpm에서 2시간 동안 20 내지 35% 수크로스 단계 기울기를 통해 원심분리한다. 기울기 연결층에서의 큐론 밴드를 수집한다. 그 다음, 큐론을 1x PBS로 희석하고, 27,000 rpm에서 1시간 동안 펠렛화시킨다. 큐론 펠렛을 1x PBS 중에 재현탁화시키고, 20 내지 35% 연속 수크로스 기울기를 통해 추가로 정제한다.

[0857] **실시예 2: 큐론(큐론 A 및/또는 B)의 대규모 생성**

[0858] 본 실시예에는 큐론의 생성 및 증식이 기재된다.

[0859] 실시예 1에 기재된 바와 같은 정제된 큐론을 현탁액 중에 성장하는 생성자 A549 세포가 있는 스피너(spinner) 플라스크에서 대규모 증폭을 위해 제조한다. A549 세포를 F12K 배지, 10% 우태아혈청, 2 mM 글루타민 및 항생제에서 유지한다. A549 세포를 10^6개의 큐론 로드로 큐론으로 감염시켜, 37℃ 및 5% 이산화탄소에서 24시간 동안의 인큐베이션 후에 약 $1x10^7$개의 큐론 입자를 생성한다. 그 다음, 세포를 PBS로 3회 세척하고, 신선한 배지와

함께 6시간 동안 인큐베이션시킨다.

[0860] 큐론 정제를 위하여, 염화세슘 기울기에 기초한 2개의 초원심분리 단계에 이어서 하기와 같은 투석을 수행하였다(문헌[Bio-Protocol (2012) Bio101: e201]). 세포를 원심분리(10분 동안 6000 x g)에 의해 제거하고, 상청액을 0.8에 이어서 0.2 ㎛ 필터를 통해 여과한다. 여액을 필터 막(100,000 mw)을 통과시킴으로써 8 mℓ의 부피로 농축시킨다. 잔류물을 황산세슘 용액 내로 로딩하고, 247,000 x g에서 20시간 동안 원심분리한다. 큐론 밴드를 제거하고, 14,000 mw 컷오프 투석 튜빙에 배치하고, 투석한다. 추가의 농축이 요망된다면, 수행될 수 있다.

[0861] **실시예 3. 시험관 내에서의 큐론(큐론 A)의 영향**

[0862] 본 실시예에는 세포 감염 후의 큐론의 발현 및 이펙터 기능, 예를 들어, miRNA의 발현의 시험관내 평가가 기재된다.

[0863] 실시예 1에 기재된 바와 같은 정제된 큐론의 영향은 내인성 유전자 조절(예를 들어, IFN 신호전달)을 통해 시험관 내에서 평가한다. HEK293T 세포를 이중 루시퍼라제 플라스미드(인터페론-자극된 반응 요소(ISRE) 기반의 프로모터를 갖는 반딧불이 루시퍼라제 및 구성적 프로모터를 갖는 트랜스펙션 대조군 레닐라 루시퍼라제): 루시퍼라제 리포터 믹스(1:4 비의 pcDNA3.1dsRluc 대 pISRE-Luc(클론테크(Clonetech)))(문헌[J Virol (2008), 82: 9823-9828])로 동시-트랜스펙션시킨다.

[0864] 큐론을 6-웰 플레이트에 씨딩된 HEK293T 세포에 대하여 10^7의 감염 다중도로 투여한다(2개의 세트의 3벌-3개의 대조군 웰 및 큐론 A가 있는 3개의 실험 웰).

[0865] 48시간 후에, 배지를 100 u/mℓ의 범용 I형 인터페론(PBL, 미국 뉴저지주 피스카타웨이 소재)이 존재하거나 부재하는 새로운 배지로 교체한다. IFN 처리 16시간 후에, 이중-루시퍼라제 검정(문헌[J Virol (2008), 82: 9823-9828])을 수행하여, IFN 신호전달을 결정한다. 트랜스펙션 차이에 대하여 관리하기 위하여 반딧불이 루시퍼라제를 레닐라 루시퍼라제 발현에 대하여 정규화시킨다. 비교 가능한 실험 웰을 대조군 웰로 나누어, ISRE ffLuc 리포터의 배수 유도를 계산하고, 각 조건의 유도를 음성 대조군에 비하여 비교한다.

[0866] 일 실시형태에서, 대조군에 비하여 큐론 처리군에서의 감소된 루시퍼라제 신호는 큐론이 세포에서 IFN 생성을 감소시키는 것을 나타낼 것이다.

[0867] **실시예 4: 큐론(큐론 A)의 면역학적 효과**

[0868] 본 실시예에는 투여 후의 큐론의 생체 내 이펙터 기능, 예를 들어, miRNA의 발현이 기재되어 있다.

[0869] 실시예 1 및 2에 기재된 바와 같이 제조된, 정제된 큐론을 킬로그램당 10^{14}의 게놈 당량에서 시작하여, 킬로그램당 0의 게놈 당량까지 100배 희석을 사용하여 다양한 용량으로 건강한 돼지에게 정맥내 투여한다. 면역 관용에 대한 영향을 평가하기 위하여, 돼지에게 상기 특정된 투여량의 큐론 또는 비히클 대조군 PBS를 3일 동안 매일 주사하하고, 3일 후에 희생시킨다.

[0870] 비장, 골수 및 림프절을 수거한다. 단일 세포 현탁액을 각각의 조직으로부터 제조하고, MHC-II, CD11c 및 세포내 IFN에 대한 세포외 마커로 염색한다. MHC+, CD11c+, IFN+ 항원 제시 세포를 각각의 조직으로부터 유세포분석을 통해 분석하며, 예를 들어, 상기 언급된 마커 중 주어진 하나에 대하여 양성인 세포는, 마커의 발현이 결여되지만 다르게는 세포의 검정 집단과 유사한 음성 대조군 집단에서 동일한 조건 하에 세포의 99%보다 더 높은 형광을 나타내는 세포이다.

[0871] 일 실시형태에서, 대조군에 비하여 큐론 처리군에서의 감소된 수의 IFN+ 세포는 큐론이 투여 후에 세포에서 IFN 생성을 감소시키는 것을 나타낼 것이다.

[0872] **실시예 5: 합성 큐론의 제조.**

[0873] 본 실시예에는 합성 큐론의 시험관내 생성이 입증되어 있다.

[0874] EcoRV 제한 효소 부위 사이의 TTMiniV의 LY1 및 LY2 주로부터의 DNA 서열(문헌[Eur Respir J. 2013 Aug;42(2):470-9])을 카나마이신 벡터(인테그레이티드 DNA 테크놀로지즈(Integrated DNA Technologies)) 내로 클로닝하였다. TTMiniV의 LY1 및 LY2 주로부터의 DNA 서열을 포함하는 큐론은 실시예 6 및 7, 및 도 6a 내지 도 10b에 각각 큐론 1 및 큐론 2로 지칭된다. 클로닝된 구축물을 10-베타 컴피턴트 에스케리키아 콜라이(뉴 잉글랜드 바이오랩스 인코포레이티드(New England Biolabs Inc.)) 내로 형질전환시킨 후, 제조처의 프로토콜에 따라

플라스미드 정제(퀴아젠(Qiagen))하였다.

[0875] DNA 구축물(도 3 및 도 4)을 37℃에서 6시간 동안 EcoRV 제한 분해(뉴 잉글랜드 바이오랩스, 인코포레이티드)로 선형화시킨 후, 아가로스 겔 전기영동, 정확한 크기(2.9 킬로베이스 쌍)의 DNA 밴드의 절제 및 제조처의 프로토콜에 따른 겔 추출 키트(퀴아젠)를 사용한 절제된 아가로스 밴드로부터의 DNA의 겔 정제로 이어졌다.

[0876] **실시예 6: 큐론의 어셈블리 및 감염**

[0877] 본 실시예에서는 실시예 5에 기재된 바와 같은 합성 DNA 서열을 사용한 감염성 큐론의 성공적인 시험관내 생성이 입증된다.

[0878] 큐론 DNA(실시예 5에서 수득됨)를 지질 트랜스펙션 시약(써모 피셔 사이언티픽(Thermo Fisher Scientific))을 사용하여, 온전한 플라스미드에서 또는 선형화된 형태에서, HEK293T 세포(인간 배아 신장 세포주) 또는 A549 세포(인간 폐 암종 세포주) 중 어느 하나로 트랜스펙션시켰다. T25 플라스크 내의 70% 컨플루언트 세포의 트랜스펙션을 위하여 6 ㎍의 플라스미드 또는 1.5 ㎍의 선형화된 DNA를 사용하였다. 큐론에 포함된 바이러스 서열이 결여된 빈 벡터 백본을 음성 대조군으로서 사용하였다. 트랜스펙션 후 6시간에, 세포를 PBS로 2회 세척하고, 37℃ 및 5% 이산화탄소에서 신선한 성장 배지에서 성장하게 하였다. 인간 Eflalpha 프로모터에 이어서 YFP 유전자를 인코딩하는 DNA 서열을 IDT로부터 합성하였다. 이러한 DNA 서열을 클로닝 벡터(써모 피셔 사이언티픽) 내로 블런트 말단 라이게이션시켰다. 생성된 벡터를 트랜스펙션 효율을 평가하기 위한 대조군으로서 사용하였다. YFP를 트랜스펙션 72시간 후에 세포 영상화 시스템(써모 피셔 사이언티픽)을 사용하여 검출하였다. HEK293T 및 A549 세포의 트랜스펙션 효율은 각각 85% 및 40%로 계산되었다(도 5).

[0879] 큐론으로 트랜스펙션된 293T 및 A549 세포의 상청액을 트랜스펙션 후 96시간에 수거하였다. 수거된 상청액을 2000 rpm에서 4℃에서 10분 동안 회전 침강시켜, 임의의 세포 데브리스를 제거하였다. 수거된 상청액의 각각을 사용하여 24 웰 플레이트 내의 웰에서 70% 컨플루언트인 새로운 293T 및 A549 세포를 각각 감염시켰다. 37℃ 및 5% 이산화탄소에서의 24시간의 인큐베이션 후에 상청액을 세척해낸 후, 2회의 PBS의 세척 및 신선한 성장 배지로의 대체로 이어졌다. 이들 세포를 37℃ 및 5% 이산화탄소에서 또 다시 48시간 동안 인큐베이션시킨 후에, 게놈 DNA 추출을 위하여 세포를 개별적으로 수거하였다. 각각의 시료로부터의 게놈 DNA를 제조처의 프로토콜에 따라 게놈 DNA 추출 키트(써모 피셔 사이언티픽)를 사용하여 수거하였다.

[0880] 시험관내 생성된 큐론에 의한 293T 및 A549 세포의 성공적인 감염을 확인하기 위하여, 본원에 기재된 바와 같이 수거된 100 ng의 게놈 DNA를 사용하여, LY2 특이적 서열 또는 베타-토르크바이러스에 대하여 특이적인 프라이머를 사용한 정량적 중합효소 연쇄 반응(qPCR)을 수행하였다. 제조처의 프로토콜에 따라 SYBR 그린 시약(써모 피셔 사이언티픽)을 사용하여 qPCR을 수행하였다. GAPDH의 게놈 DNA 서열에 대하여 특이적인 프라이머에 대한 qPCR을 정규화를 위해 사용하였다. 사용되는 모든 프라이머에 대한 서열은 표 21에 열거되어 있다.

[0881] [표 21]

[0882]

	프라이머 서열 (5' > 3')	
표적	정방향	역방향
베타토르크바이러스	ATTCGAATGGCTGAGTTTATGC (SEQ ID NO: 690)	CCTTGACTACGGTGGTTTCAC (SEQ ID NO: 693)
LY2 TTMiniV 균주	CACGAATTAGCCAAGACTGGGCAC (SEQ ID NO: 691)	TGCAGGCATTCGAGGGCTTGTT (SEQ ID NO: 694)
GAPDH	GCTCCCACTCCTGATTTCTG (SEQ ID NO: 692)	TTTAACCCCCTAGTCCCAGG (SEQ ID NO: 695)

[0883] 도 6a, 도 6b, 도 7a 및 도 7b에 도시된 qPCR 결과에 나타난 바와 같이, 시험관 내에서, 본 실시예에 기재된 바와 같이 생성된 큐론은 감염성이었다.

[0884] **실시예 7: 큐론의 선택성**

[0885] 본 실시예에서는 시험관 내에서 생성된 합성 큐론이 다양한 조직 기원의 세포주를 감염시키는 능력이 입증된다.

[0886] 감염성 TTMiniV 큐론(실시예 5에 기재됨)을 갖는 상청액을 24 웰 플레이트의 웰 내에서 37℃ 및 5% 이산화탄소에서 70% 컨플루언트 293T, A549, Jurkat(급성 T 세포 백혈병 세포주), Raji(버킷 림프종 B 세포주) 및 Chang(간 암종 세포주) 세포주와 인큐베이션시켰다. 세포를 감염 24시간 후에 PBS로 2회 세척한 후, 신선한 성장 배지로 교체하였다. 그 다음, 세포를 다시 또 다른 48시간 동안 37℃ 및 5% 이산화탄소에서 인큐베이션시킨 후, 게놈 DNA 추출을 위한 수거로 이어졌다. 시료의 각각으로부터의 게놈 DNA를 제조처의 프로토콜에 따라 게놈 DNA 추출 키트(써모 피셔 사이언티픽)를 사용하여 수거하였다.

[0887] 이전의 실시예에서 생성된 큐론에 의한 이들 세포주의 성공적인 감염을 확인하기 위하여, 본원에 기재된 바와 같이 수거된 100 ng의 게놈 DNA를 사용하여, LY2 특이적 서열 또는 베타-토르크바이러스에 대하여 특이적인 프라이머를 사용한 정량적 중합효소 연쇄 반응(qPCR)을 수행하였다. 제조처의 프로토콜에 따라 SYBR 그린 시약(써모 피셔 사이언티픽)을 사용하여 qPCR을 수행하였다. GAPDH의 게놈 DNA 서열에 대하여 특이적인 프라이머에 대한 qPCR을 정규화를 위해 사용하였다. 사용되는 모든 프라이머에 대한 서열은 표 21에 열거되어 있다.

[0888] 도 6a 내지 도 10b에 도시된 qPCR 결과에 나타나 있는 바와 같이, 시험관 내에서 생성되는 큐론은 감염성일 뿐만 아니라, 그들은 상피 세포, 폐 조직 세포, 간 세포, 암종 세포, 림프구, 림프모구, T 세포, B 세포 및 신장 세포의 예들을 비롯한 다양한 세포주를 감염시킬 수 있었다. 또한, 합성 큐론이 HepG2 세포를 감염시켜, 대조군에 비하여 100배 초과의 증가를 초래할 수 있는 것이 관찰되었다.

[0889] **실시예 8: 단백질 결합 서열의 확인 및 이용**

[0890] 본 실시예에는 예를 들어, 본원에 기재된 바와 같이 큐론에서의 이펙터의 증폭 및 패키징에 사용될 수 있는 아넬로바이러스 게놈 내의 추정의 단백질-결합 부위가 기재되어 있다. 일부 예에서, 단백질-결합 부위는 외부 단백질, 예컨대 캡시드 단백질에 결합할 수 있다.

[0891] 아넬로바이러스 게놈 내의 2개의 보존된 도메인은 추정된 복제 원점이다: 5' UTR 보존된 도메인(5CD) 및 GC-풍부 도메인(GCR)(문헌[de Villiers et al., Journal of Virology 2011]; 문헌[Okamoto et al., Virology 1999]). 일 예에서, 이들 서열이 DNA 복제 부위로서 작용하는지, 캡시드 패키징 신호로서 작용하는지를 확인하기 위하여, TTMV-LY2를 지니는 플라스미드에서 각 영역의 결실을 만들었다. A539 세포를 pTTMV-LY2Δ5CD 또는 pTTMV-LY2ΔGCR로 트랜스펙션시킨다. 트랜스펙션된 세포를 4일 동안 인큐베이션시킨 다음, 바이러스를 상청액 및 세포 펠렛으로부터 단리한다. A549 세포를 바이러스로 감염시키고, 4일 후에, 바이러스를 상청액 및 감염된 세포 펠렛으로부터 단리한다. qPCR을 수행하여, 시료로부터 바이러스 게놈을 정량화시킨다. 복제 원점의 파괴는 바이러스 복제효소가 바이러스 DNA를 복제하는 것을 방지하고, 야생형 바이러스에 비하여 트랜스펙션된 세포 펠렛으로부터 단리된 바이러스 게놈을 감소시킨다. 소량의 바이러스가 여전히 패키징되며, 트랜스펙션된 상청액 및 감염된 세포 펠렛에서 관찰될 수 있다. 일부 실시형태에서, 패키징 신호의 파괴는 바이러스 DNA가 캡시드 단백질에 의해 캡슐화되는 것을 방지한다. 따라서, 실시형태들에서, 트랜스펙션된 세포에서 바이러스 게놈의 증폭이 여전히 존재할 것이지만, 상청액 또는 감염된 세포 펠렛에서 바이러스 게놈이 관찰되지 않는다.

[0892] 추가의 예에서, DNA 내의 추가의 복제 또는 패키징 신호를 특성화하기 위하여, 전체 TTMV-LY2 게놈에 걸쳐 일련의 결실을 사용한다. 서열의 길이를 따라 100bp의 결실을 단계적으로 만들었다. TTMV-LY2 결실을 지니는 플라스미드를 A549 내로 트랜스펙션시키고, 상기 기재된 바와 같이 시험한다. 일부 실시형태에서, 바이러스 증폭 또는 패키징을 파괴시키는 결실은 잠재적인 시스-조절 도메인을 함유할 것이다.

[0893] 복제 및 패키징 신호를 (예를 들어, 큐론 내의 유전 요소 내의) 이펙터-인코딩 DNA 서열 내로 혼입하여, 증폭 및 캡슐화를 유도할 수 있다. 이것은 더 큰 큐론 게놈의 영역(즉, 게놈 내의 특정 부위 내로 이펙터를 삽입하거나, 바이러스 ORF를 이펙터로 대체하는 등)의 맥락에서 또는 최소 시스 신호를 이펙터 DNA 내로 혼입시킴으로써 행해진다. 큐론이 트랜스 복제 또는 패키징 인자(예를 들어, 복제효소 및 캡시드 단백질 등)가 결여된 경우에, 트랜스 인자는 헬퍼 유전자에 의해 공급된다. 헬퍼 유전자는 증폭 및 패키징을 유도하기에 충분한 단백질 및 RNA의 전부를 발현하지만, 그들 자체의 패키징 신호가 결여되어 있다. 큐론 DNA를 헬퍼 유전자와 동시-트랜스펙션시켜, 이펙터의 증폭 및 패키징을 초래하지만, 헬퍼 유전자의 증폭 및 패키징은 초래하지 않는다.

[0894] **실시예 9: 최소 아넬로바이러스 게놈**

[0895] 본 실시예에는 바이러스를 복제하는데 충분한 최소 게놈의 특성화를 돕고, 이펙터 페이로드를 삽입하기 위한, 아넬로바이러스 게놈 내의 결실이 기재되어 있다.

[0896] ORF의 하류, 그러나 GC-풍부 영역의 상류에서(nt 3436 내지 3607), TTV-tth8의 비-코딩 영역(NCR)에 172-뉴클레오티드(nt) 결실을 만들었다. 무작위 56-nt 서열(TTTGTGACACAAGATGGCCGACTTCCTTCCTCTTTAGTCTTCCCCAAAGAAGACAA(SEQ ID NO: 696))을 상기 결실 내로 삽입하였다. 2 μg의 환형 또는 (SmaI에 의해) 선형화된 pTTV-tth8(3436-3707::56nt), 변경된 TTV-tth8을 지니는 DNA 플라스미드를 2벌로, 리포펙타민 2000을 사용하여 6 cm 플레이트 내에 60% 컨플루언시에서 HEK293 또는 A549 세포 내로 트랜스펙션시켰다. 바이러스를 트랜스펙션 96시간 후에 액체 질소와 37℃ 수조 사이를 3회 교대하는 동결 해동에 의해 세포 펠렛 및 상청액으로부터 단리하였다. 상청액으로부터의 바이러스를 사용하여, 세포(HEK293으로부터 단리된 바이러스에 의해 감염되는 HEK293 세포, 및 A549로부터 단리된 바이러스에 의해 감염되는 A549 세

포)를 재감염시켰다. 감염 72시간 후에, 바이러스를 동결 해동에 의해 세포 펠렛 및 상청액으로부터 단리하였다. 모든 시료에서 qPCR을 수행하였다. 하기 표 22에 나타낸 바와 같이, TTV-tth8이 감염된 세포의 세포 펠렛 및 상청액에서 관찰되었으며, 이는 pTTV-tth8(3436-3707::56nt)에 의한 성공적인 바이러스 생성을 나타낸다. 따라서, TTV-tth8은 뉴클레오티드 3436 내지 3707의 결실을 관용할 수 있다.

[0897] [표 22]

HEK293 및 A549에서의 TTV-tth8(3436-3707::56nt) 감염은 바이러스 증폭을 초래한다. 플라스미드 또는 바이러스를 첨가하지 않은 음성 대조군 세포에 비한 2별 실험으로부터의 평균 게놈 당량.

게놈 당량/Rx		HEK293 P0	HEK293 P1	A549 P0	A549 P1
TTH8 선형	상청액	2.45E+06	1.02E+03	1.87E+07	1.00E+04
	세포	2.52E+08	3.92E+05	2.89E+08	7.57E+05
TTH8 환형	상청액	1.69E+06	6.83E+02	5.07E+02	1.05E+04
	세포	2.00E+08	3.75E+05	2.61E+08	8.36E+05

음성	
293 빈 벡터	1.42E+02
293 음성	5.08E+02
549 빈 벡터	1.73E+01
549음성	2.08E+01

[0898]

[0899] 뉴클레오티드 574 내지 1371 및 1432 내지 2210(1577 bp 결실)을 결실시키고, ORF1의 C-말단에(야생형 TTMV-LY2에서 nt 2609 후에) 513 bp NanoLuc(nLuc) 리포터 ORF를 삽입하여, 엔지니어링된 버전의 TTMV-LY2를 어셈블시켰다. 엔지니어링된 TTMV-LY2에 대한 DNA 서열을 지니는 플라스미드(pVL46-015B)를 A549 세포 내로 트랜스펙션시킨 다음, 바이러스를 단리하고, 실시예 17에 기재된 바와 같이 새로운 A549 세포를 감염시키기 위해 사용하였다. nLuc 발광을 감염된 세포의 세포 펠렛 및 상청액에서 검출하였으며, 이는 바이러스 복제를 나타낸다(도 11a 및 도 11b). 이는 TTMV-LY2가 ORF 영역 내의 적어도 1577 bp 결실을 관용할 수 있음을 나타낸다.

[0900] 복제에 충분한 최소 바이러스 게놈을 추가로 특성화하기 위하여, TTMV-LY2 DNA 내에 일련의 결실을 만든다. 뉴클레오티드 574 내지 1371 및 1432 내지 2210의 결실을 갖고, nLuc 삽입을 갖지 않는 TTMV-LY2를 만들고, 이전에 기재된 바와 같이 바이러스 복제에 대하여 시험한다. TTMV-LY2Δ574-1371,Δ1432-2210에 대하여 추가의 결실을 만든다. 뉴클레오티드 1372 내지 1431을 결실시켜, TTMV-LY2Δ574-2210을 생성한다. 추가로, ORF1의 하류 ORF3 서열을 결실시킨다(Δ2610-2809). 마지막으로, 비-코딩 영역 내의 결실을 시험하기 위하여, NCR에 걸쳐 순차적으로 일련의 100 bp 결실을 만들었다. 모든 결실 돌연변이체를 이전에 기재된 바와 같이 바이러스 복제에 대하여 시험한다. 성공적인 바이러스 생성을 초래하는 결실(결실된 영역이 바이러스 복제에 필수가 아님을 나타냄)을 조합하여, 더 많이 결실된 뉴클레오티드를 갖는 TTMV-LY2의 변이체를 제조한다. 이러한 전략은 자가-증폭에 충분한 최소의 바이러스를 제공할 것이다. 헬퍼로 증폭될 수 있는 최소 바이러스를 확인하기 위하여, 바이러스 복제가 파괴된 결실 돌연변이체의 각각을 트랜스 복제 및 패키징 요소를 지니는 헬퍼 유전자와 함께 시험한다. 복제 요소의 트랜스 발현에 의해 구제되는 결실은, 헬퍼 유전자가 개별 공급원으로부터 제고되는 경우 최소 바이러스를 형성하기 위하여 결실될 수 있는 바이러스 게놈의 영역을 나타낸다.

[0901] **실시예 10: 아넬로바이러스 게놈 내로의 다양한 길이의 뉴클레오티드 삽입**

[0902] 본 실시예에는 아넬로바이러스 게놈 내로의 다양한 길이의 DNA 서열의 삽입이 기재되어 있으며, 이는 일부 예에서, 본원에 기재된 바와 같은 큐론을 생성하기 위해 사용될 수 있다.

[0903] DNA 서열을 TTV-tth8(유전자은행(GenBank) 수탁 번호 AJ620231.1) 및 TTMV-LY2(유전자은행 수탁 번호 JX134045.1)를 지니는 플라스미드 내로 클로닝한다. 오픈 리딩 프레임의 3' 및 GC-풍부 영역의 5' 비코딩 영역(NCR): TTV-tth8 내의 뉴클레오티드 3588 또는 TTMV-LY2 내의 뉴클레오티드 2843 이후에 삽입을 만든다.

[0904] 하기의 길이의 무작위화된 DNA 서열을 TTV-tth8 및 TTMV-LY2의 NCR 내로 삽입한다: 100개 염기쌍(bp), 200 bp, 500 bp, 1000 bp 및 2000 bp. 각각의 바이러스 게놈의 상대적 GC-함량과 일치하도록 이들 서열을 설계한다: TTV-tth8 내로의 삽입을 위하여 대략 50% GC 및 TTMV-LY2에 대하여 대략 38% GC. 또한, 몇몇의 트랜스 유전자를 NCR 내로 삽입한다. 이들은 U6 프로모터(351 bp)에 의해 유도되는 miRNA 및 구성적 hEF1a 프로모터(2509 bp)에 의해 유도되는 EGFP를 포함한다.

[0905] 다양한 크기의 DNA 삽입물을 지니는 TTV-tth8 및 TTMV-LY2 변이체를 이전에 기재된 바와 같이, HEK293 및 A549를 포함하는 포유동물 세포주 내로 트랜스펙션시킨다. 바이러스를 상청액 또는 세포 펠렛으로부터 단리한다. 단리된 바이러스를 사용하여 추가의 세포를 감염시킨다. 감염된 세포로부터의 바이러스의 생성을 정량적 PCR에 의해 모니터링한다. 일부 실시형태에서, 바이러스의 성공적인 생성은 삽입의 관용성을 나타낼 것이다.

[0906] **실시예 11: 운반될 예시적인 카고**

[0907] 본 실시예에는, 예를 들어, 본원에 기재된 바와 같이, 큐론, 예를 들어, 아넬로바이러스에 기초한 큐론으로 운

반될 수 있는 예시적인 부류의 핵산 및 단백질 페이로드가 기재된다.

[0908] 페이로드의 일 예는 단백질 발현을 위한 mRNA이다. 관심 코딩 서열은 공급원 바이러스(예를 들어, 아넬로바이러스)에 고유한 바이러스 프로모터로부터 또는 트랜스 유전자의 일부로서 페이로드와 함께 도입된 프로모터로부터 전사된다. 대안적으로, mRNA는 바이러스 mRNA의 오픈 리딩 프레임 내에 인코딩되어, 바이러스 단백질과 관심 단백질 간의 융합을 초래한다. 절단 도메인, 예를 들어, 2A 펩티드 또는 프로테이나제 표적 부위를 사용하여 요망되는 경우 바이러스 단백질로부터 관심 단백질을 분리할 수 있다.

[0909] 비-코딩 RNA(ncRNA)는 페이로드의 또 다른 예이다. 이들 RNA는 일반적으로 RNA 중합효소 III 프로모터, 예컨대 U6 또는 VA를 사용하여 전사된다. 대안적으로, ncRNA는 RNA 중합효소 II, 예컨대 고유 바이러스 프로모터 또는 조절 가능한 합성 프로모터를 사용하여 전사된다. RNA 중합효소 II 프로모터로부터 발현되는 경우, ncRNA는 mRNA 엑손, 인트론의 부분으로서 또는 폴리-A 신호의 하류에서 전사되는 가외의 RNA로서 인코딩된다. ncRNA는 종종 더 큰 RNA 분자의 부분으로서 인코딩되거나 리보자임 또는 엔도리보뉴클레아제를 사용하여 떨어져 절단된다. 큐론의 게놈에서 카고로서 인코딩될 수 있는 ncRNA는 마이크로-RNA(miRNA), 작은-간섭 RNA(siRNA), 짧은 헤어핀 RNA(shRNA), 안티센스 RNA, miRNA 스폰지(sponge), 긴-비코딩 RNA(lncRNA) 및 가이드 RNA(gRNA)를 포함한다.

[0910] DNA는 RNA 전사를 필요로 하지 않고, 기능적 요소로서 사용될 수 있다. 예를 들어, DNA는 상동성 재조합을 위한 주형으로서 사용될 수 있다. 또 다른 예에서, 단백질-결합 DNA 서열을 사용하여 (예를 들어, 큐론의 단백질성 외부에서) 캡시드 내로의 관심 단백질의 패키징을 유도할 수 있다. 상동성 재조합을 위하여, 인간 게놈 DNA에 대한 상동성 영역을 상동성 아암으로서 작용하도록 벡터 DNA 내로 인코딩한다. 재조합은 표적화된 엔도뉴클레아제(예컨대 gRNA와 함께 Cas9 또는 아연-핑거 뉴클레아제)에 의해 유도될 수 있으며, 이는 벡터로부터 또는 개별 공급원으로부터 발현될 수 있다. 세포 내측에서, 단일-가닥 DNA 게놈은 이중-가닥 DNA로 전환되며, 이는 이어서 게놈 DNA 파단 부위에서 상동성 재조합을 위한 주형으로서 작용한다. 관심 단백질을 동원하기 위하여, 단백질-결합 서열이 큐론 DNA에 인코딩될 수 있다. 관심 DNA-결합 단백질 또는 DNA-결합 단백질(예컨대 Gal4)에 융합되는 관심 단백질은 큐론 DNA에 결합한다. 큐론 DNA가 캡시드 단백질에 의해 캡슐화되는 경우, DNA-결합 단백질도 또한 캡슐화되며, 큐론과 함께 세포에 운반될 수 있다.

[0911] **실시예 12: 예시적인 페이로드 통합 유전자좌**

[0912] 본 실시예에는 핵산 페이로드가 삽입될 수 있는 TTV-tth8(유전자은행 수탁 번호 AJ620231.1) 및 TTMV-LY2(유전자은행 수탁 번호 JX134045)의 게놈 내의 예시적인 유전자좌가 기재된다.

[0913] TTV-tth8(뉴클레오티드 336 내지 3015) 및 TTMV-LY2(뉴클레오티드 424 내지 2812)의 오픈 리딩 프레임(ORF) 영역 내로의 삽입을 위하여 몇몇의 전략이 사용될 수 있다. 일 예에서, 바이러스 단백질을 태그화시키거나, 융합 단백질을 생성하기 위하여, 페이로드가 특정 관심 ORF 내에 프레임 내 삽입된다. 대안적으로, ORF 영역의 일부 또는 전부가 결실되며, 이는 바이러스 단백질 기능을 파괴하거나, 파괴하지 않을 수 있다. 이어서, 페이로드는 결실된 영역 내로 삽입된다. 추가로, TTV-tth8(뉴클레오티드 716 내지 2362) 또는 TTMV-LY2(뉴클레오티드 724 내지 2273)의 ORF1 내의 초-가변 도메인(HVD)이 삽입 부위로서 사용될 수 있다.

[0914] 대안적으로, TTV-tth8 또는 TTMV-LY2의 비-코딩 영역(NCR)과 유사한 벡터의 영역 내로 페이로드 삽입을 만든다. 특히, TATA 박스의 상류 5' NCR 내, 5' 비번역 영역(UTR) 내, 폴리-A 신호의 하류 및 GC-풍부 영역의 상류 3' NCR 내에 삽입을 만든다. 추가로, TTV-tth8의 miRNA 영역(뉴클레오티드 3429 내지 3506) 내로 삽입을 만든다. 5' NCR 영역을 위하여, TATA 박스의 상류(TTV-tth8 내의 뉴클레오티드 1 내지 82, 및 TTMV-LY2 내의 뉴클레오티드 1 내지 236)에 삽입을 만든다. 일부 실시형태에서, 트랜스 유전자를 역 배향으로 삽입하여, 프로모터 간섭을 감소시킨다. 5' UTR에 있어서, 전 시작 부위(TTV-tth8 내의 뉴클레오티드 111, 및 TTMV-LY2 내의 뉴클레오티드 267)의 하류 및 ORF2 시작 코돈(TTV-tth8 내의 뉴클레오티드 336 및 TTMV-LY2 내의 뉴클레오티드 421)의 상류에 삽입을 만든다. 5' UTR 삽입은 5' UTR 내에 뉴클레오티드를 부가하거나 대체한다. 3' NCR 삽입은 실시예 10에 기재된 바와 같이 GC-풍부 영역의 상류에서, 특히, TTV-tth8 내의 뉴클레오티드 3588 또는 TTMV-LY2 내의 뉴클레오티드 2843 이후에서 이루어진다. TTV-tth8의 miRNA는 대안적인 천연 또는 합성 miRNA 헤어핀에 의해 대체된다.

[0915] **실시예 13: 아넬로바이러스의 정의된 범주 및 그의 보존된 영역**

[0916] 3가지 속의 아넬로바이러스가 인간에 존재한다: 알파토르크바이러스(토르크 테노 바이러스, TTV), 베타토르크바이러스(토르크 테노 미디 바이러스, TTMDV) 및 감마토르크바이러스(토르크 테노 미니 바이러스, TTMV). 알파토

르크바이러스 내에서, 5개의 널리-지지되는 계통발생 클레이드가 존재한다(도 11c). 이들 아넬로바이러스 중 임의의 것이 본원에 기재된 큐론을 생성하기 위한 공급원 바이러스(예를 들어, 바이러스 DNA 서열의 공급원)로서 사용될 수 있는 것이 고려된다.

[0917] 이들 서열 중 특히, 5' UTR 도메인(약 75% 보존) 및 GC-풍부 도메인(100개 초과의 염기쌍, 70% 초과의 GC-함량, 약 70% 보존)에서 가장 높은 보존이 관찰된다. 추가로, 서열 내의 초가변 도메인(HVD)은 매우 낮은 보존(약 30% 보존)을 갖는다. 모든 아넬로바이러스는 또한 3개의 리딩 프레임 모두가 공개된 영역을 함유한다.

[0918] 또한, 보존된 영역으로 주석이 달린 TTV 클레이드의, 및 TTMDV 및 TTMV의 각각으로부터의 대표적인 바이러스의 예시적인 서열이 본원에 제공된다(예를 들어, 표 1 내지 14 참조).

[0919] **실시예 14: 복제-결함 큐론 및 헬퍼 바이러스**

[0920] 큐론의 복제 및 패키징을 위하여, 일부 요소가 트랜스로 제공될 수 있다. 이들은 DNA 복제 또는 패키징을 유도하거나 지원하는 단백질 또는 비-코딩 RNA를 포함한다. 트랜스 요소는 일부 예에서, 큐론에 대한 대안적인 공급원, 예컨대 헬퍼 바이러스, 플라스미드 또는 세포 게놈으로부터 제공될 수 있다.

[0921] 다른 요소는 전형적으로 시스로 제공된다. 이들 요소는 예를 들어, 복제 원점(예를 들어, 큐론 DNA의 증폭을 가능하게 함) 또는 패키징 신호(예를 들어, 캡시드 내로 게놈을 로딩하기 위하여 단백질에 결합함)로서 작용하는 큐론 DNA 내의 서열 또는 구조일 수 있다. 일반적으로, 복제 결함 바이러스 또는 큐론은 이들 요소 중 하나 이상을 소실하여, 심지어 다른 요소가 트랜스로 제공될지라도, DNA가 감염성 비리온 또는 큐론으로 패키징될 수 없게 할 것이다.

[0922] 복제 결함 바이러스는 예를 들어, 동일한 세포에서 큐론(예를 들어, 복제-결함 또는 패키징-결함 큐론)의 복제를 제어하기 위한 헬퍼 바이러스로서 유용할 수 있다. 일부 예에서, 헬퍼 바이러스는 시스 복제 또는 패키징 요소가 결여되지만, 트랜스 요소, 예컨대 단백질 및 비-코딩 RNA를 발현할 것이다. 일반적으로, 치료적 큐론은 이들 트랜스 요소의 일부 또는 전부가 결여될 것이며, 이에 따라, 그의 자체가 복제할 수 없을 것이지만, 시스 요소를 보유할 것이다. 세포 내로 동시-트랜스펙션/감염되는 경우, 복제-결함 헬퍼 바이러스는 큐론의 증폭 및 패키징을 유도할 것이다. 이에 따라, 수집된, 패키징된 입자는 헬퍼 바이러스 오염 없이, 단지 치료적 큐론만으로 구성될 것이다.

[0923] 복제 결함 큐론을 개발하기 위하여, 아넬로바이러스의 비-코딩 영역 내의 보존된 요소를 제거할 것이다. 특히, 보존된 5' UTR 도메인 및 GC-풍부 도메인의 결실을 개별적으로, 그리고 함께 시험할 것이다. 두 요소는 모두 바이러스 복제 또는 패키징에 중요한 것으로 고려된다. 또한, 전체 비-코딩 영역에 걸쳐 일련의 결실을 수행하여, 이전에 공지되지 않은 관심 영역을 확인할 것이다.

[0924] 복제 요소의 성공적인 결실은 예를 들어, qPCR에 의해 측정시, 세포 내에서 큐론 DNA 증폭의 감소를 초래할 것이지만, 예를 들어, qPCR, 웨스턴 블롯, 형광 검정 또는 발광 검정 중 임의의 것 또는 전부를 포함할 수 있는 감염된 세포에서의 검정에 의해 모니터링시, 일부 감염성 큐론 생성을 뒷받침할 것이다. 패키징 요소의 성공적인 결실은 큐론 DNA 증폭을 파괴하지 않을 것이며, 그래서, qPCR에 의해 트랜스펙션된 세포에서 큐론 DNA의 증가가 관찰될 것이다. 그러나, 큐론 게놈은 캡슐화되지 않을 것이며, 그래서 감염성 큐론 생성이 관찰되지 않을 것이다.

[0925] **실시예 15: 복제-적격 큐론의 제조 과정**

[0926] 본 실시예에는 복제-적격 큐론의 회수 및 이의 생성의 대량화 방법이 기재되어 있다. 큐론은 그들의 게놈 내에 세포에서 복제하는데 필요한, 모든 요구되는 유전 요소 및 ORF를 인코딩하는 경우에 복제 적격하다. 이들 큐론은 그들의 복제에 결함이 없기 때문에, 트랜스로 제공되는 보완 활성을 필요로 하지 않는다. 그러나, 그들은 헬퍼 활성, 예컨대 전사의 인핸서(예를 들어, 부티르산나트륨) 또는 바이러스 전사 인자(예를 들어, 아데노바이러스 E1, E2 E4, VA; HSV Vp16 및 즉시 조기 단백질)를 필요로 할 것이다.

[0927] 이러한 실시예에서, 선형 또는 환형 형태로 합성 큐론의 완전한 서열을 인코딩하는 이중-가닥 DNA는 화학적 트랜스펙션에 의해 T75 플라스크 내의 5E+05개의 부착 포유동물 세포 내로 또는 전기천공법에 의해 현탁액 중 5E+05개의 세포 내로 도입된다. 최적의 기간 후에(예를 들어, 트랜스펙션 3 내지 7일 후에), 세포를 상청액 배지 내로 스크랩핑하여, 세포 및 상청액을 수집한다. 연성 세제, 예를 들어, 담즙염을 0.5%의 최종 농도로 첨가하고, 37℃에서 30분 동안 인큐베이션시킨다. 칼슘 및 마그네슘 클로라이드를 각각 0.5 mM 및 2.5 mM의 최종 농도로 첨가한다. 엔도뉴클레아제(예를 들어, DNAse I, 벤조나제)를 첨가하고, 25 내지 37℃에서 0.5 내지 4시간

동안 인큐베이션시킨다. 큐론 현탁액을 1000 x g에서 4℃에서 10분 동안 원심분리한다. 투명해진 상청액을 새로운 튜브로 옮기고, 동결보호 완충액(안정화 완충액으로도 공지되어 있음)으로 1:1 희석하고, 요망되는 경우 -80℃에 보관한다. 이는 큐론의 계대 0(P0)을 생성한다. 세제의 농도를 배양된 세포에서 사용될 안전한 한계 미만이 되게 하기 위하여, 이러한 접종물을 큐론 역가에 따라 무혈청 배지(SFM)에 적어도 100배 이상 희석한다.

[0928] T225 플라스크 내의 신선한 단층의 포유동물 세포에 배양물 표면을 덮기에 충분한 최소 부피를 오버레이하고, 부드럽게 로킹(rocking)시키면서 37℃ 및 5% 이산화탄소에서 90분 동안 인큐베이션시킨다. 이러한 단계를 위해 사용되는 포유동물 세포는 P0 회수를 위해 사용된 것과 동일한 유형의 세포이거나, 그렇지 않을 수 있다. 이러한 인큐베이션 후에, 접종물을 40 ㎖의 무혈청, 동물 기원-부재의 배양 배지로 대체하였다. 세포를 37℃ 및 5% 이산화탄소에서 3 내지 7일 동안 인큐베이션시킨다. 이전에 사용된 동일한 연성 세제 10X 용액 4 ㎖을 첨가하여, 0.5%의 최종 세제 농도를 달성한 다음, 혼합물을 부드럽게 교반하면서 37℃에서 30분 동안 인큐베이션시킨다. 엔도뉴클레아제를 첨가하고, 25 내지 37℃에서 0.5 내지 4시간 동안 인큐베이션시킨다. 그 다음, 배지를 수집하고, 1000 x g에서 4℃에서 10분 동안 원심분리한다. 투명해진 상청액을 40 ㎖의 안정화 완충제와 혼합하고, -80℃에서 보관한다. 이는 씨드 원액을 또는 큐론의 계대 1(P1)을 생성한다.

[0929] 원액의 역가에 따라, 그를 SFM 중에 100배 이상 희석하고, 필요한 크기의 다층 플라스크 상에서 성장한 세포에 첨가한다. 더 작은 규모에서 감염 다중도(MOI) 및 인큐베이션 시간을 최적화시켜, 최대 큐론 생성을 보장한다. 그 다음, 수거 후에, 큐론을 필요한 대로 정제하고 농축시킬 수 있다. 예를 들어, 본 실시예에 기재된 바와 같은 작업흐름을 보여주는 개략도는 도 12에 제공되어 있다.

[0930] **실시예 16: 복제-결함 큐론의 제조 과정**

[0931] 본 실시예에는 복제-결함 큐론의 회수 및 이의 생성의 대량화 방법이 기재되어 있다.

[0932] 큐론은 복제에 수반되는 하나 이상의 ORF(예를 들어, ORF1, ORF1/1, ORF1/2, ORF2, ORF2/2, ORF2/3 및/또는 ORF2t/3)의 결실에 의해 복제-결함이 될 수 있다. 복제-결함 큐론은 보완하는 세포주에서 성장할 수 있다. 이러한 세포주는 큐론 성장을 촉진시키지만, 큐론의 게놈에서 소실되거나 비작용성인 성분을 구성적으로 발현한다.

[0933] 일 예에서, 큐론 증식에 수반되는 임의의 ORF(들)의 서열(들)을, 선택 마커를 인코딩하는 안정한 세포주의 생성에 적합한 렌티바이러스 발현 시스템 내로 클로닝하고, 렌티바이러스 벡터를 본원에 기재된 바와 같이 생성한다. 큐론 증식을 지원할 수 있는 포유동물 세포주를 이러한 렌티바이러스 벡터로 감염시키고, 클로닝된 ORF가 안정적으로 통합된 세포 집단을 선택하는 선택 마커(예를 들어, 푸로마이신 또는 임의의 다른 항생제)에 의해 선택압으로 처리된다. 이러한 세포주가 특성화되고, 엔지니어링된 큐론에서 결함을 보완하고, 이에 따라 이러한 큐론의 성장 및 증식을 지원하는 것으로 증명되면, 그것을 증량시키고, 저온 보관에 저장한다. 이들 세포의 증량 및 유지 동안, 선택 항생제를 배양 배지에 첨가하여 선택압을 유지한다. 큐론이 이들 세포 내로 도입되면, 선택 항생제가 보류될 수 있다.

[0934] 일단 이러한 세포주가 확립되면, 복제-결함 큐론의 성장 및 생성이 예를 들어, 실시예 15에 기재된 바와 같이 수행된다.

[0935] **실시예 17: 현탁 세포를 사용한 큐론의 생성**

[0936] 본 실시예에는 현탁액 중의 세포에서의 큐론의 생성이 기재되어 있다.

[0937] 본 실시예에서, 현탁액 조건에서 성장하는 것으로 조정된 A549 또는 293T 생성자 세포주를 웨이브(WAVE) 생물반응기 백에서, 37℃ 및 5% 이산화탄소에서 동물 성분-부재 및 항생제-부재 현탁액 배지(써모 피셔 사이언티픽) 중에 성장시킨다. 1 x 10^6개의 생존 가능한 세포/㎖로 씨딩한 이들 세포를 현재의 우수 제조 기준(cGMP) 하에 리포펙타민 2000(써모 피셔 사이언티픽)을 사용하여, (예를 들어, 실시예 16에 기재된 바와 같이, 예를 들어, 복제-결함 큐론의 경우에) 큐론을 패키징하는데 적합하거나 필요한 임의의 보완 플라스미드와 함께 큐론 서열을 포함하는 플라스미드로 트랜스펙션시킨다. 보완 플라스미드는 일부 예에서 큐론 게놈(예를 들어, 본원에 기재된 바와 같이, 예를 들어, 바이러스 게놈, 예를 들어, 아넬로바이러스 게놈에 기초한 큐론 게놈)으로부터 결실되지만, 큐론의 복제 및 패키징에 유용하거나 필요한 바이러스 단백질을 인코딩할 수 있다. 트랜스펙션 세포를 웨이브 생물반응기 백에서 성장시키고, 상청액을 하기의 시점에 수거한다: 트랜스펙션 48, 72 및 96시간 후. 상청액을 원심분리를 사용하여 각 시료에 대한 세포 펠렛으로부터 분리한다. 이어서, 패키징된 큐론 입자를 이온 교환 크로마토그래피를 사용하여 수거된 상청액 및 용해된 세포 펠렛으로부터 정제한다.

[0938] 큐론의 정제된 제제에서 게놈 당량을 예를 들어, 실시예 18에 기재된 바와 같이, 바이러스 게놈 추출 키트(퀴아

젠)에 이어서, 큐론 DNA 서열에 대하여 표적화된 프라이머 및 프로브를 사용한 qPCR을 사용하여 큐론 게놈을 수거하기 위하여, 작은 정제된 제제의 분취액을 사용함으로써 결정할 수 있다.

[0939] 정제된 제제의 연속 희석물을 제조하여, 새로운 A549 세포를 감염시킴으로써 정제된 제제 내의 큐론의 감염성을 정량화시킬 수 있다. 이들 세포를 트랜스펙션 72시간 후에 수거하고, 큐론 DNA 서열에 특이적인 프라이머 및 프로브를 사용한 게놈 DNA에서의 qPCR 검정으로 이어졌다.

[0940] **실시예 18: qPCR에 의한 큐론 게놈 당량의 정량화**

[0941] 본 실시예에는 큐론을 정량화하기 위한 가수분해 프로브-기반의 정량적 PCR 검정의 개발이 입증되어 있다. 프라이머 및 프로브의 세트를 최종 사용자 최적화와 함께 소프트웨어 지니어스(Geneious)를 사용하여 TTV(수탁 번호 AJ620231.1) 및 TTMV(수탁 번호 JX134045.1)의 선택된 게놈 서열에 기초하여 설계하였다. 프라이머 서열은 하기 표 23에 나타나 있다.

[0942] [표 23]

정량적 PCR에 의해 TTMV 및 TTV 게놈 등가물을 정량화하기 위해 사용되는 정방향 및 역방향 프라이머 및 가수분해 프로브의 서열

TTMV		SEQ ID NO:
정방향 프라이머	5'-GAAGCCCACCAAAAGCAATT-3'	697
역방향 프라이머	5'-AGTTCCCGTGTCTATAGTCGA-3'	698
프로브	5'-ACTTCGTTACAGAGTCCAGGGG-3'	699

TTV		
정방향 프라이머	5'-AGCAACAGGTAATGGAGGAC-3'	700
역방향 프라이머	5'-TGGAAGCTGGGGTCTTTAAC-3'	701
프로브	5'-TCTACCTTAGGTGCAAAGGGCC-3'	702

[0943]

[0944] 개발 과정의 제1 단계로서, SYBR-그린 화학물질을 갖는 TTV 및 TTMV 프라이머를 사용하여 qPCR을 시행하여, 프라이머 특이성에 대하여 점검한다. 도 13은 각각의 프라이머 쌍에 대한 하나의 별개의 증폭 피크를 보여준다.

[0945] 5' 말단에서 형광단 6FAM, 및 3' 말단에서 마이너 홈 결합, 비-형광 소광제(MGBNFQ)로 표지된 가수분해 프로브를 주문하였다. 그 다음, 새로운 프라이머 및 프로브의 PCR 효율을 증가하는 농도의 프라이머 및 표준 곡선의 성분으로서 정제된 플라스미드 DNA를 사용하여 2가지 상이한 상업적 마스터 믹스를 사용하여 평가하였다. 상이한 프라이머-프로브의 세트에 대한 표적 서열을 함유하는 정제된 플라스미드를 사용함으로써 표준 곡선을 설정하였다. 7가지의 10배 단계 희석을 수행하여, 7 log 및 25 ㎕ 반응당 15개 카피의 정량화의 하한에 걸쳐 선형 범위를 달성하였다. 마스터 믹스 #2는 정량적 PCR을 위하여 허용되는 값인 90 내지 110%의 PCR 효율을 생성할 수 있었다(도 14). qPCR을 위한 모든 프라이머를 IDT로부터 주문하였다. 형광단 6FAM 및 마이너 홈 결합, 비-형광 소광제(MGBNFQ)에 컨쥬게이트되는 가수분해 프로브 및 qPCR 마스터 믹스를 써모 피셔로부터 수득하였다. 예시적인 증폭 플롯은 도 15에 나타나 있다.

[0946] 이들 프라이머-프로브 세트 및 시약을 사용하여, 큐론 원액 중 게놈 당량(GEq)/㎖을 정량화하였다. 선형 범위는 20 ㎕ 반응당 1.5E+07 내지 15 GEq였으며, 이어서 이를 사용하여, 도 16a 및 도 16b에 나타낸 바와 같이, GEq/㎖을 계산하였다. 선형 범위보다 더 높은 농도를 갖는 시료는 필요한 대로 희석될 수 있다.

[0947] **실시예 19: 마우스에서 외인성 단백질을 발현하기 위한 큐론의 이용**

[0948] 본 실시예에는 토르크 테노 미니 바이러스(TTMV) 게놈을 마우스에서 반딧불이 루시퍼라제 단백질을 발현하도록 엔지니어링하는 큐론의 이용이 기재된다.

[0949] 반딧불이-루시퍼라제 유전자를 인코딩하는 엔지니어링된 TTMV의 DNA 서열을 인코딩하는 플라스미드를 화학적 트랜스펙션에 의해 A549 세포(인간 폐 암종 세포주) 내로 도입한다. 18 ㎍의 플라스미드 DNA를 10 cm 조직 배양 플레이트에서 70% 컨플루언트 세포의 트랜스펙션을 위해 사용한다. TTMV 서열이 결여된 빈 벡터 백본을 음성 대조군으로서 사용한다. 트랜스펙션 5시간 후에, 세포를 PBS로 2회 세척하고, 37℃ 및 5% 이산화탄소에서 신선한 성장 배지에서 성장하게 한다.

[0950] 그들의 상청액과 함께, 트랜스펙션된 A549 세포를 트랜스펙션 96시간 후에 수거한다. 수거된 물질을 37℃에서 1시간 동안 0.5% 데옥시콜레이트(부피 중 중량)로 처리하고, 엔도뉴클레아제 처리로 이어진다. 큐론 입자를 이온 교환 크로마토그래피를 사용하여 이러한 용해물로부터 정제한다. 큐론 농도를 결정하기 위하여, 큐론 원액의 시

료를 바이러스 DNA 정제 키트를 통해 시행하고, mℓ당 게놈 당량을 큐론 DNA 서열에 대하여 표적화된 프라이머 및 프로브를 사용한 qPCR에 의해 측정한다.

[0951] 1x 인산염-완충 염수 중 소정의 용량-범위의 게놈 당량의 큐론을 8 내지 10주령 마우스에서 다양한 주사 경로(예를 들어, 정맥내, 복강내, 피하, 근육내)를 통해 수행한다. 배측 및 등측 생물발광 영상화를 주사 후 3, 7, 10 및 15일에 각 동물에서 수행한다. 제조처의 프로토콜에 따라, 루시퍼라제 기질(퍼킨-엘머)을 표기된 시점에 각 동물에 복강내로 첨가한 후 생체내 영상화에 의해 영상화를 수행한다.

[0952] **실시예 20: 큐론 DNA가 숙주 게놈 내로 통합되는지를 결정하기 위한 게놈 정렬**

[0953] 본 실시예에는 토르크 테노 바이러스(TTV)가 인간 게놈 내로 통합되는지 여부를 시험함으로써, 큐론 DNA가 숙주 게놈 내로 통합될 수 있는지를 결정하기 위해 수행되는 컴퓨터 분석이 기재된다.

[0954] 클레이드 1 내지 5의 각각으로부터의 하나의 대표적인 TTV 서열의 완전한 게놈을 서열 간의 국소 유사성의 영역을 찾는 기본 국소 정렬 검색 툴(Basic Local Alignment Search Tool; *BLAST*)을 사용하여 인간 게놈 서열에 대하여 정렬하였다. 표 24에 나타낸 대표적인 TTV 서열을 분석하였다:

[0955] [표 24]

대표적인 TTV 서열

TTV 클레이드	NCBI 수탁 번호
클레이드 1	AB064597.1
클레이드 2	AB028669.1
클레이드 3	AJ20231.1
클레이드 4	AF122914.3
클레이드 5	AF298585.1

[0956]

[0957] 정렬된 TTV 중 어느 것으로부터의 서열도 인간 게놈과 임의의 유의미한 유사성을 갖는 것으로 밝혀지지 않았으며, 이는 TTV가 인간 게놈 내로 통합되지 않았 음을 나타낸다.

[0958] **실시예 21: 숙주 게놈 내로의 큐론 통합의 평가**

[0959] 본 실시예에서, A549 세포(인간 폐 암종 세포주) 및 HEK293T 세포(인간 배아 신장 세포주)를 5, 10, 30 또는 50의 MOI에서 큐론 입자 또는 AAV 입자 중 어느 하나로 감염시킨다. 세포를 감염 5일 후에 PBS로 세척하고, 신선한 성장 배지로 교체한다. 그 다음, 세포가 37℃ 및 5% 이산화탄소에서 성장하게 한다. 세포를 감염 5일 후에 수거하고, 그들을 게놈 DNA 추출 키트(퀴아젠)를 사용하여 처리하여 게놈 DNA를 수거한다. 또한, 게놈 DNA를 비감염된 세포(음성 대조군)로부터 수거한다. 전체-게놈 서열결정 라이브러리를 제조처의 프로토콜에 따라 넥스테라 DNA 라이브러리 제조 키트(일루미나)를 사용하여, 이들 수거된 DNA에 대하여 제조한다. DNA 라이브러리를 제조처의 프로토콜에 따라 NextSeq 550 시스템(일루미나)을 사용하여 서열결정한다. 서열결정 데이터를 참조 게놈으로 어셈블시키고, 큐론 또는 AAV 게놈과 숙주 게놈 간의 접합부를 찾기 위해 분석한다. 접합부가 검출되는 경우에, 그들을 원래의 게놈 DNA 시료에서 확인한 후, PCR에 의해 라이브러리를 서열결정한다. 접합부를 함유하는 그 주변의 영역을 증폭시키기 위하여 프라이머를 설계한다. 숙주 게놈 내로의 큐론의 통합의 빈도는 qPCR에 의해 (통합 사전을 나타내는) 접합부의 수 및 시료 내의 총 큐론 카피의 수를 정량화함으로써 결정된다. 이러한 비를 AAV와 비교할 수 있다.

[0960] **실시예 22: 외인성 마이크로RNA 서열을 발현하는 큐론의 기능적 영향**

[0961] 본 실시예는 외인성 마이크로RNA(miRNA) 서열을 발현하는 큐론의 기능의 성공적인 입증을 제공한다.

[0962] 3' 비-코딩 영역(NCR) 내에 하기의 외인성 마이크로RNA 서열 중 하나를 함유하는 큐론 DNA 서열을 생성하였다:

[0963] 1) miR-124

[0964] 2) miR-518

[0965] 3) miR-625

[0966] 4) 비-표적화 스크램블(scramble) miRNA(miR-scr)

[0967] TTV-tth8의 tth8-T1 miRNA의 프레-miRNA 서열을 상기 언급된 miRNA의 프레-miRNA 서열로 대체함으로써 이를 행하였다. 그 다음, 큐론 DNA를 개별적으로 HEK293T 세포 내로 트랜스펙션시켰다. 상청액과 함께 트랜스펙션된

293T 세포를 트랜스펙션 96시간 후에 수거하였다. 수거된 물질을 37℃에서 0.5% 데옥시콜레이트(부피 중 중량)로 처리하고, 엔도뉴클레아제 처리로 이어졌다. 패키징된 큐론을 함유하는 이러한 용해물(큐론의 P0 원액)을 사용하여 새로운 293T 세포를 감염시켰다. 이들 세포를 감염 96시간 후에 수거하였다. 그 다음, 수거된 세포를 37℃에서 0.5% 데옥시콜레이트(부피 중 중량)로 처리하고, 엔도뉴클레아제 처리로 이어졌다. 그 다음, 이러한 용해물을 4℃에서 PBS 중에 10K 분자량 컷오프 투석 카세트에서 하룻밤 동안 투석하여, 임의의 데옥시콜레이트를 제거하였다. 큐론의 역가를 qPCR을 사용하여 이들 투석된 용해물(큐론의 P1 원액)에서 정량화하였다. 그 다음, 큐론의 P1 원액을 몇몇의 KRAS 돌연변이 비-소세포 폐암(NSCLC) 세포주(SW900, NCI-H460 및 A549)와 3일 동안 세포당 274 게놈 당량의 역가로 인큐베이션시켰다. 알라마 블루(Alamar blue) 검정을 사용하여 세포 생존력을 측정하였다. 도 17a에 나타낸 바와 같이, 외인성 miR-625를 발현하는 큐론은 스크램블된 비-표적화된 miRNA를 발현하는 대조군 큐론으로 감염된 세포 및 비감염된 세포에 비하여, 3가지 모두의 NSCLC 세포주에서 암 세포주 생존력을 유의미하게 저해하였다.

[0968] 또한, YFP-리포터 검정을 사용하여, 그의 표적 부위로의 위치 특이적 결합에 의한 큐론 miRNA에 의한 표적의 하향조절을 결정하였다. miR-625에 대한 특이적 결합 서열을 갖는 YFP 리포터를 생성하고, HEK293T 세포 내로 트랜스펙션시켰다. 트랜스펙션 24시간 후에, 이들 HEK293T 세포를 세포당 2.4의 게놈 당량의 역가로 miR-625 또는 비-특이적 miRNA(miR-124) 중 어느 하나를 발현하는 큐론으로 감염시킨 다음, 유세포분석법을 사용하여 YFP 형광을 측정하였다. 도 17b에 나타낸 바와 같이, miR-625를 발현하는 큐론은 YFP 발현을 유의미하게 하향조절하는 한편, 비-특이적인 miRNA miR-124를 발현하는 큐론은 YFP 발현에 영향을 미치지 않았다. 이들 결과는 miR-625을 갖는 큐론이 YFP 단백질 표적의 온-표적(on-target) 하향조절을 유도하는 것을 보여준다.

[0969] 숙주 유전자 발현을 조절하는 외인성 miRNA를 발현하는 큐론의 능력도 또한 시험하였다. SW-900 NSCLC 세포를 miR-518 또는 miR-625 또는 miR-scr 중 어느 하나를 발현하는 큐론으로 세포당 10 게놈 당량의 용량으로 감염시켰다. 감염된 세포를 감염 72시간 후에 수거하고, 총 단백질 용해물을 제조하였다. 면역블롯 분석을 이들 단백질 용해물에서 수행하여, p65 단백질의 수준을 결정하였다. p65 단백질 신호의 강도를 각 시료에 대한 막 상의 총 단백질 양에 대해 정규화시켰다(도 17c). p65 수준의 감소가 관찰되었으며, 이는 큐론이 숙주 유전자의 발현을 조절할 수 있음을 나타낸다.

[0970] **실시예 23: 외인성 비-코딩 RNA를 발현하기 위한 큐론의 제조 및 생성**

[0971] 본 실시예에는 외인성 작은 비-코딩 RNA를 발현하기 위한 큐론의 합성 및 생성이 기재된다.

[0972] TTV의 tth8 주로부터 DNA 서열(문헌[Jelcic et al, *Journal of Virology*, 2004])을 합성하고, 박테리아 복제 원점 및 박테리아 항생제 내성 유전자를 함유하는 벡터 내로 클로닝한다. 이러한 벡터에서, TTV miRNA 헤어핀을 인코딩하는 DNA 서열을 외인성 작은 비-코딩 RNA, 예컨대 miRNA 또는 shRNA를 인코딩하는 DNA 서열로 대체한다. 그 다음, 엔지니어링된 구축물을 전기-적격 박테리아로 형질전환시킨 후, 제조처의 프로토콜에 따라 플라스미드 정제 키트를 사용하는 플라스미드 단리로 이어졌다.

[0973] 외인성 작은 비-코딩 RNA를 인코딩하는 큐론 DNA를 진핵 생성자 세포주 내로 트랜스펙션시켜, 큐론 입자를 생성한다. 큐론 입자를 함유하는 트랜스펙션된 세포의 상청액을 트랜스펙션 후 상이한 시점에 수집한다. 여과된 상청액으로부터의 또는 정제 이후의 큐론 입자를 예를 들어, 본원에 기재된 바와 같이, 하류 응용에 사용한다.

[0974] **실시예 24: 아넬로바이러스 클레이드에서의 보존**

[0975] 본 실시예에는 알파토르크바이러스 속 내의 5개의 클레이드의 확인이 기재된다. 각 클레이드 내의 평균 쌍별 동일성은 일반적으로 66 내지 90% 범위이다(도 18). 이들 클레이드 간의 대표적인 서열은 서열에 걸쳐 57.2% 쌍별 동일성을 보였다(도 19). 쌍별 동일성은 오픈 리딩 프레임에서 가장 낮으며(약 51.4%), 비-코딩 영역에서 더 높다(5' NCR에서 69.5%, 3' NCR에서 72.6%)(도 19). 이는 비-코딩 영역 내의 DNA 서열 또는 구조가 바이러스 복제에서 중요한 역할을 수행하는 것을 뒷받침한다.

[0976] 알파토르크바이러스 내의 추정의 단백질의 아미노산 서열도 또한 비교하였다. DNA 서열은 대략 49 내지 54% 쌍별 동일성을 보이는 한편, 아미노산 서열은 대략 29 내지 36% 쌍별 동일성을 보였다(도 20). 흥미롭게도, 알파토르크바이러스 클레이드로부터의 대표적인 서열은 생체 내에서 성공적으로 복제할 수 있으며, 인간 집단에서 관찰된다. 이는 아넬로바이러스 단백질에 대한 아미노산 서열이 기능성, 예컨대 복제 및 패키징을 보유하면서 광범위하게 달라질 수 있는 것을 뒷받침한다.

[0977] 아넬로바이러스는 비-코딩 영역 내에 높은 국소 보존 영역을 갖는 것으로 관찰되었다. 프로모터의 하류 영역에서, 71-bp 5' UTR 보존된 도메인은 5개의 알파토르크바이러스 클레이드에 걸쳐 96.6% 쌍별 동일성을 갖는다(도

21). 알파토르크바이러스의 3' 비-코딩 영역 내의 오픈 리딩 프레임의 하류에서, 대표적인 서열 간에 85.2% 쌍별 동일성을 갖는 307 bp 영역이 존재한다(도 19). 이러한 3' 보존된 비-코딩 영역의 3' 말단 근처에, 96.5% 쌍별 동일성을 갖는 고도로 보존된 51 bp 서열이 존재한다. 이러한 분석에서 연구되는 각각의 아넬로바이러스는 또한 70% 초과의 GC 함량을 갖는 GC-풍부 영역을 포함한다(도 22).

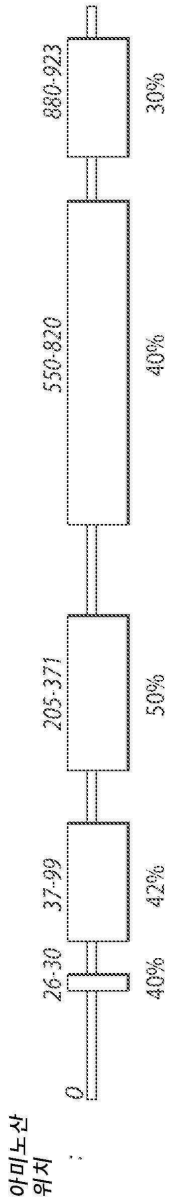
[0978] **실시예 25: 큐론으로부터 내인성 miRNA의 발현 및 내인성 miRNA의 결실**

[0979] 일 예에서, TTV-tth8 주에 기초한 큐론을 사용하여 배양 중 Raji B 세포를 감염시켰다. 이들 큐론은 TTV-tth8 아넬로바이러스의 내인성 페이로드를 인코딩하는 서열을 포함하였으며, 이는 n-myc 상호작용 단백질(NMI)을 인코딩하는 mRNA를 표적화하는 miRNA이다. NMI는 JAK/STAT 경로의 하류에서 작동하여, 인터페론-자극된 유전자, 증식 및 성장 유전자, 및 염증 반응의 매개자를 포함하는 다양한 세포내 신호의 전사를 조절한다. 도 23a에 나타낸 바와 같이, 큐론은 Raji B 세포를 성공적으로 감염시킬 수 있었다. NMI에 대한 miRNA를 포함하는 큐론으로의 세포의 감염은 NMI에 대한 miRNA가 결여된 큐론으로 감염된 대조군 세포에 비하여 NMI의 성공적인 낙다운을 초래하였다(도 23b). NMI에 대한 miRNA를 포함하는 큐론으로 감염된 세포는 대조군 세포에 비하여 NMI 단백질 수준의 75% 초과의 감소를 보였다. 이러한 예는 고유 아넬로바이러스 miRNA를 갖는 큐론이 숙주 세포에서 표적 분자를 낙 다운시킬 수 있음을 보여준다.

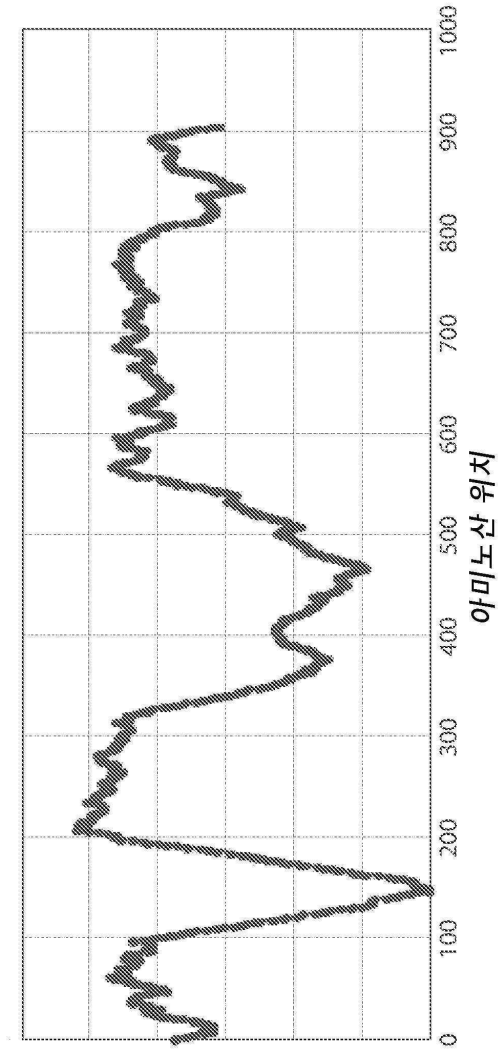
[0980] 또 다른 예에서, 아넬로바이러스-기반의 큐론의 내인성 miRNA를 결실시켰다. 그 다음, 생성된 큐론(Δ miR)을 사용하여 숙주 세포를 감염시켰다. 감염률을, 내인성 miRNA가 유지되는 상응하는 큐론과 비교하였다. 도 24에 나타낸 바와 같이, 내인성 miRNA가 결실되는 큐론은 내인성 miRNA가 여전히 존재하는 큐론에 대하여 관찰되는 것과 유사한 수준으로 세포를 여전히 감염시킬 수 있었다. 이러한 예는 아넬로바이러스-기반의 큐론의 내인성 miRNA가 완전히 돌연변이되거나 결실될 수 있으며, 여전히 감염성 입자를 생성하는 것을 입증한다.

도면

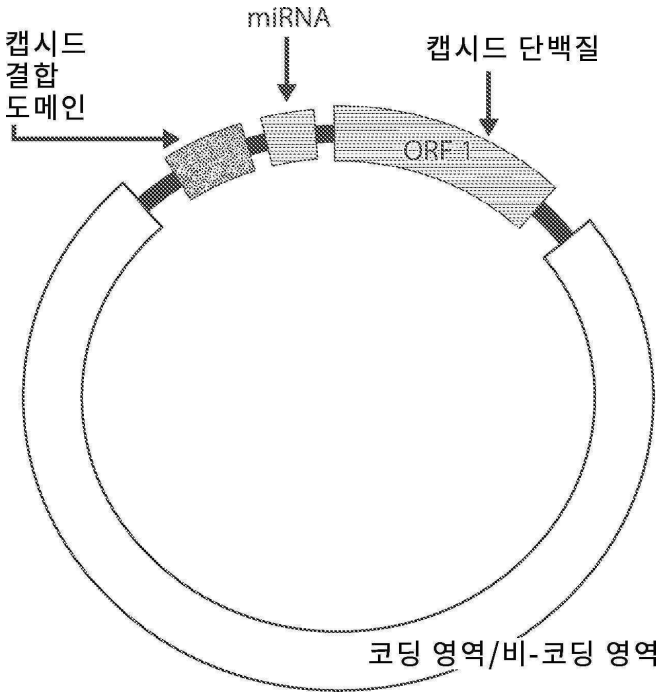
도면1a



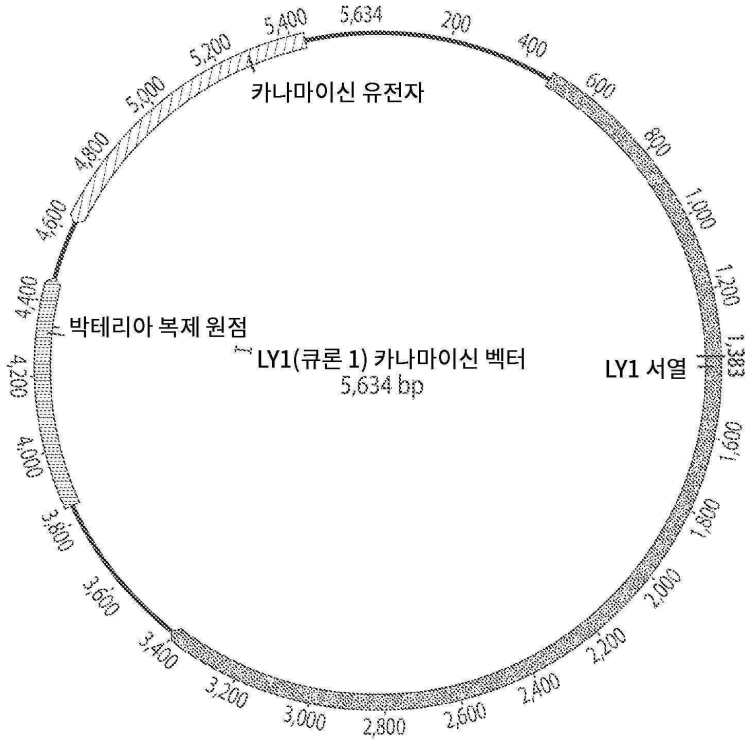
도면1b



도면2

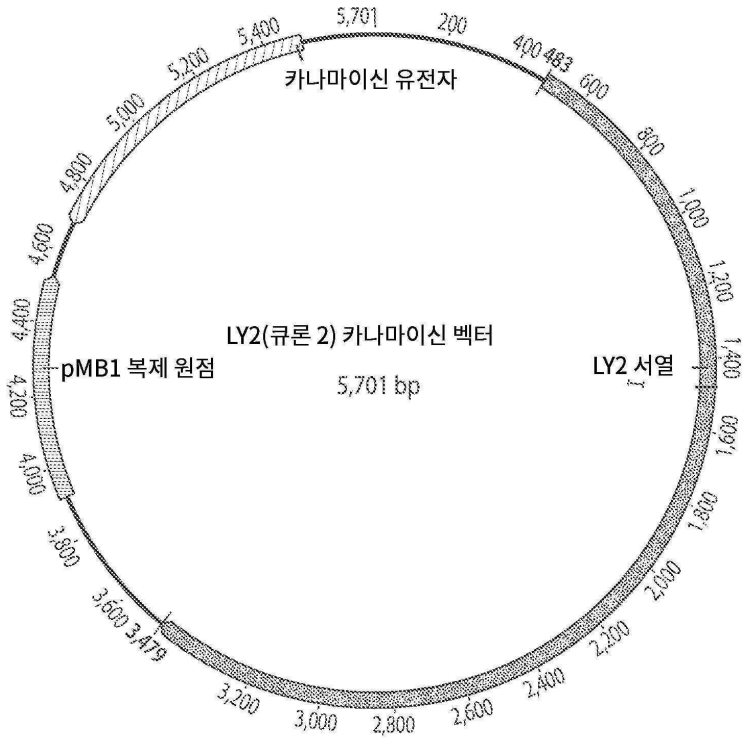


도면3



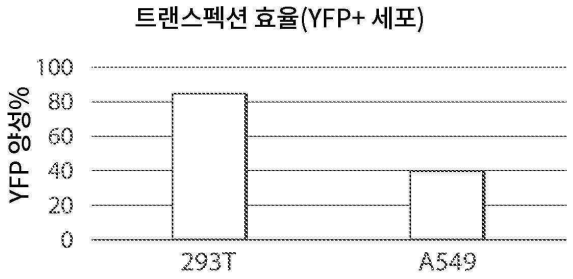
TTMiniV의 LY1 주(큐론 1)를 인코딩하는 카나마이신 벡터의 개략도

도면4

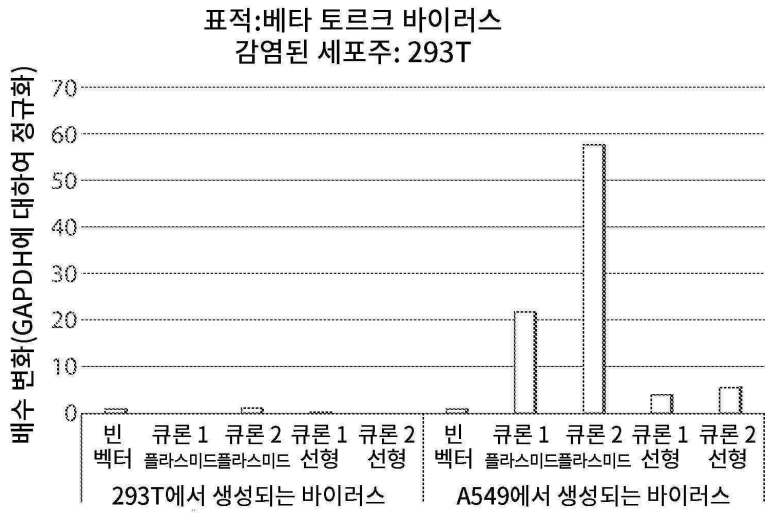


TTMiniV의 LY2 주(큐론 2)를 인코딩하는 카나마이신 벡터의 개략도

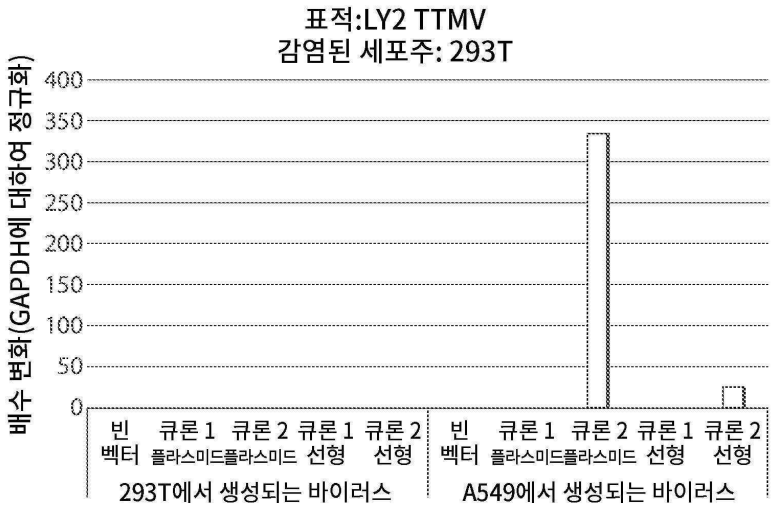
도면5



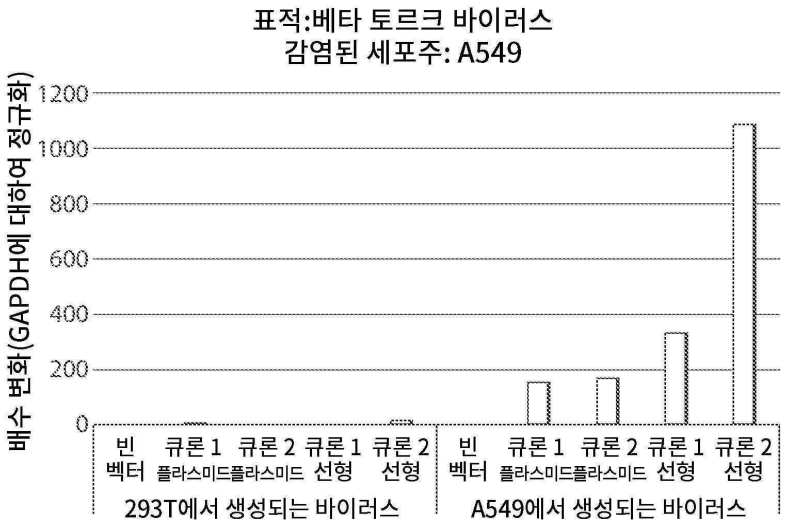
도면6a


표적:베타 토르크 바이러스
감염된 세포주: 293T
배수 변화(GAPDH에 대하여 정규화)
70
60
50
40
30
20
10
0
빈 벡터
큐론 1 플라스미드
큐론 2 플라스미드
큐론 1 선형
큐론 2 선형
빈 벡터
큐론 1 플라스미드
큐론 2 플라스미드
큐론 1 선형
큐론 2 선형
293T에서 생성되는 바이러스
A549에서 생성되는 바이러스

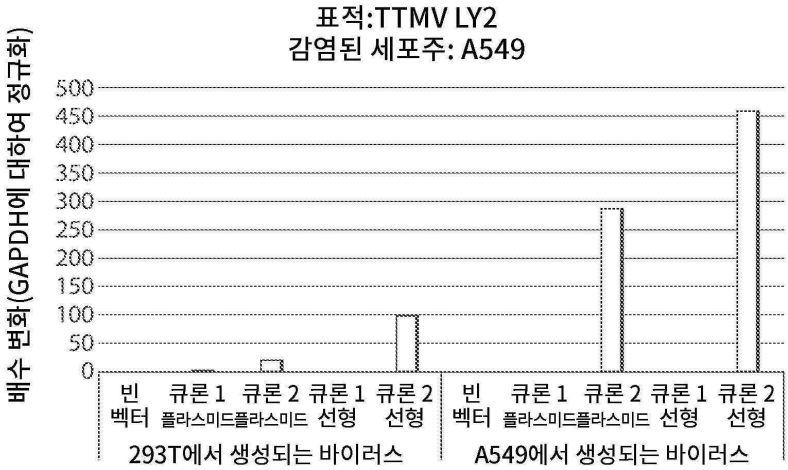
도면6b


표적:LY2 TTMV
감염된 세포주: 293T
배수 변화(GAPDH에 대하여 정규화)
400
350
300
250
200
150
100
50
0
빈 벡터
큐론 1 플라스미드
큐론 2 플라스미드
큐론 1 선형
큐론 2 선형
빈 벡터
큐론 1 플라스미드
큐론 2 플라스미드
큐론 1 선형
큐론 2 선형
293T에서 생성되는 바이러스
A549에서 생성되는 바이러스

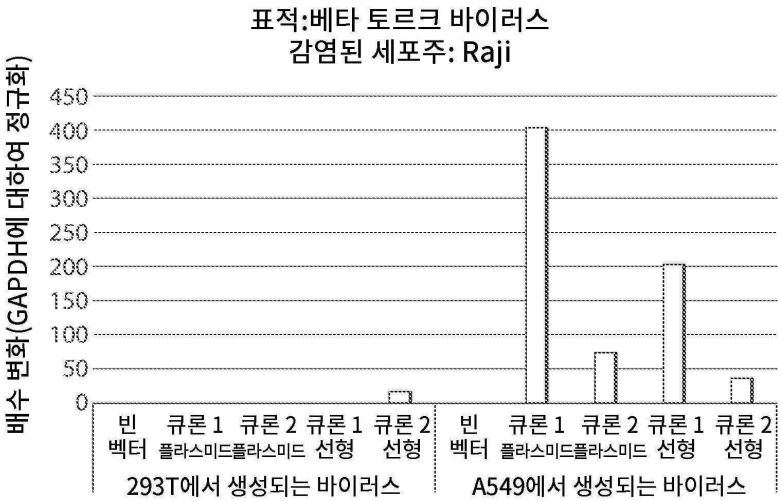
도면7a



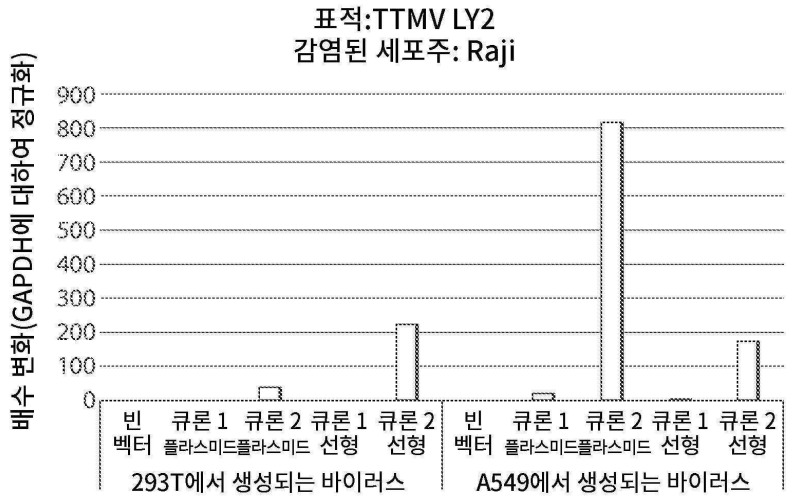
도면7b



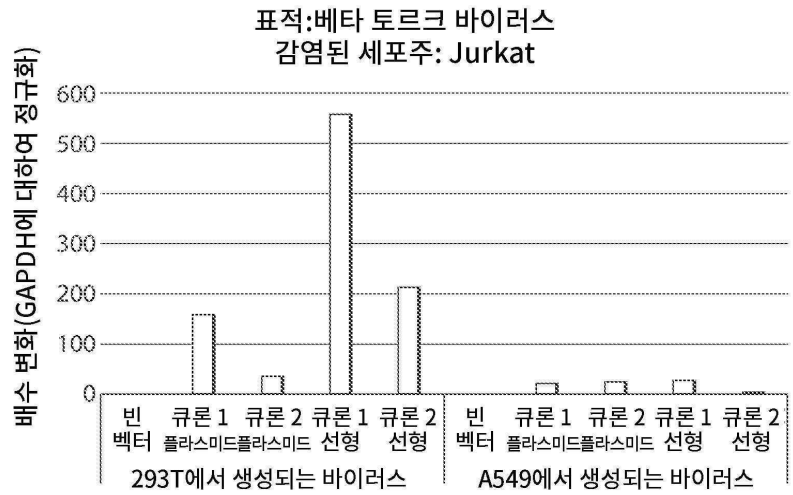
도면8a



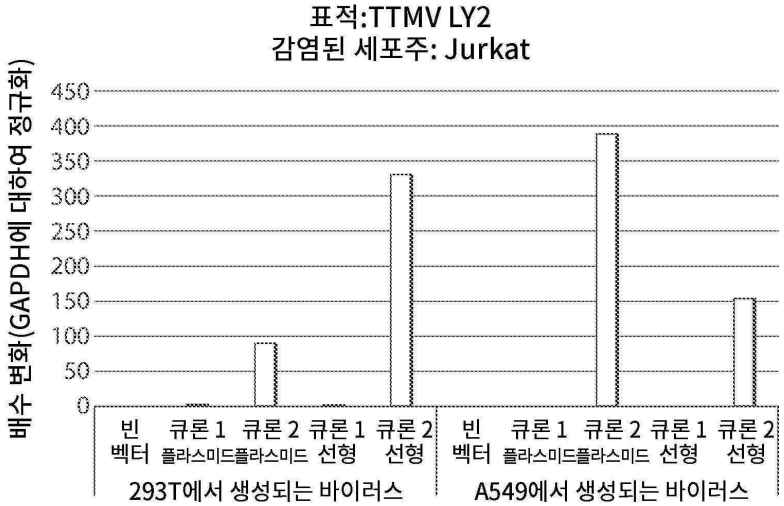
도면8b



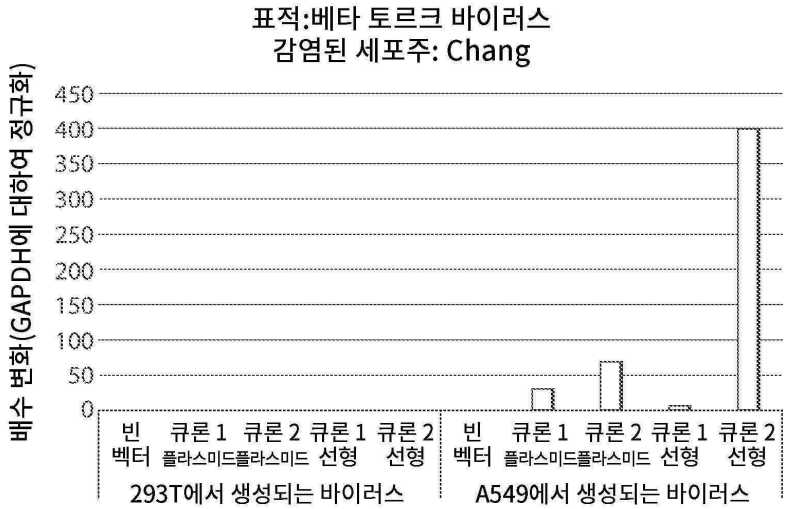
도면9a



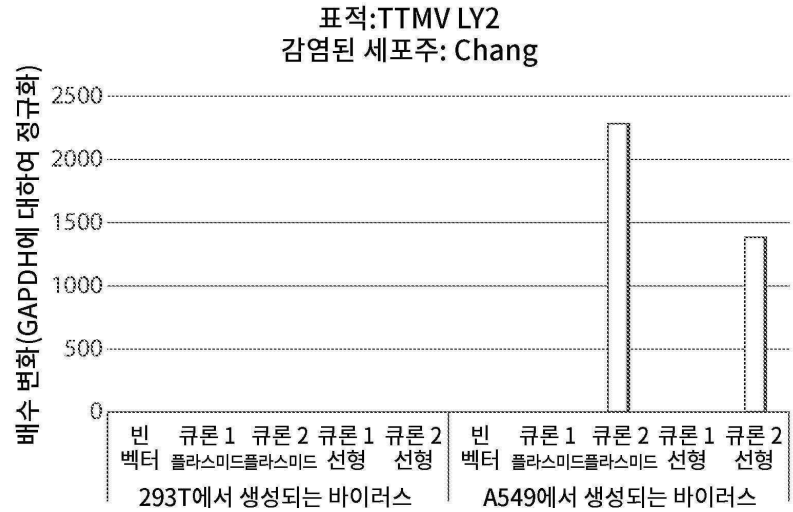
도면9b



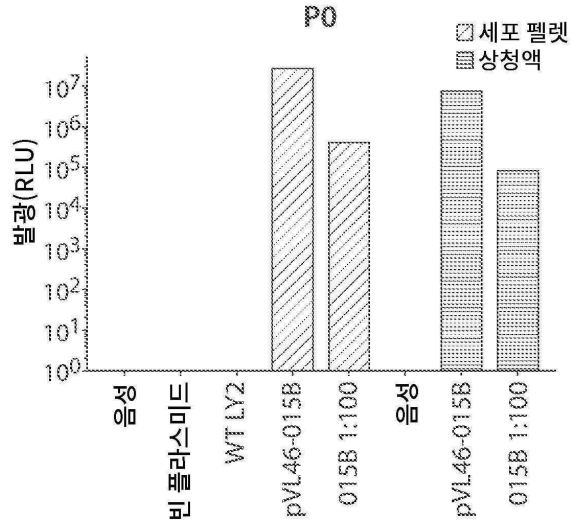
도면10a


표적:베타 토르크 바이러스
감염된 세포주: Chang
배수 변화(GAPDH에 대하여 정규화)
450
400
350
300
250
200
150
100
50
0
빈 벡터
큐론 1 플라스미드
큐론 2 플라스미드
큐론 1 선형
큐론 2 선형
빈 벡터
큐론 1 플라스미드
큐론 2 플라스미드
큐론 1 선형
큐론 2 선형
293T에서 생성되는 바이러스
A549에서 생성되는 바이러스

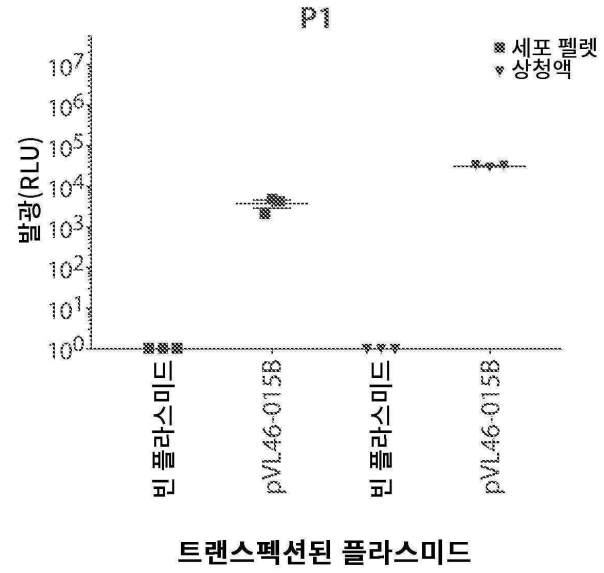
도면10b


표적:TTMV LY2
감염된 세포주: Chang
배수 변화(GAPDH에 대하여 정규화)
2500
2000
1500
1000
500
0
빈 벡터
큐론 1 플라스미드
큐론 2 플라스미드
큐론 1 선형
큐론 2 선형
빈 벡터
큐론 1 플라스미드
큐론 2 플라스미드
큐론 1 선형
큐론 2 선형
293T에서 생성되는 바이러스
A549에서 생성되는 바이러스

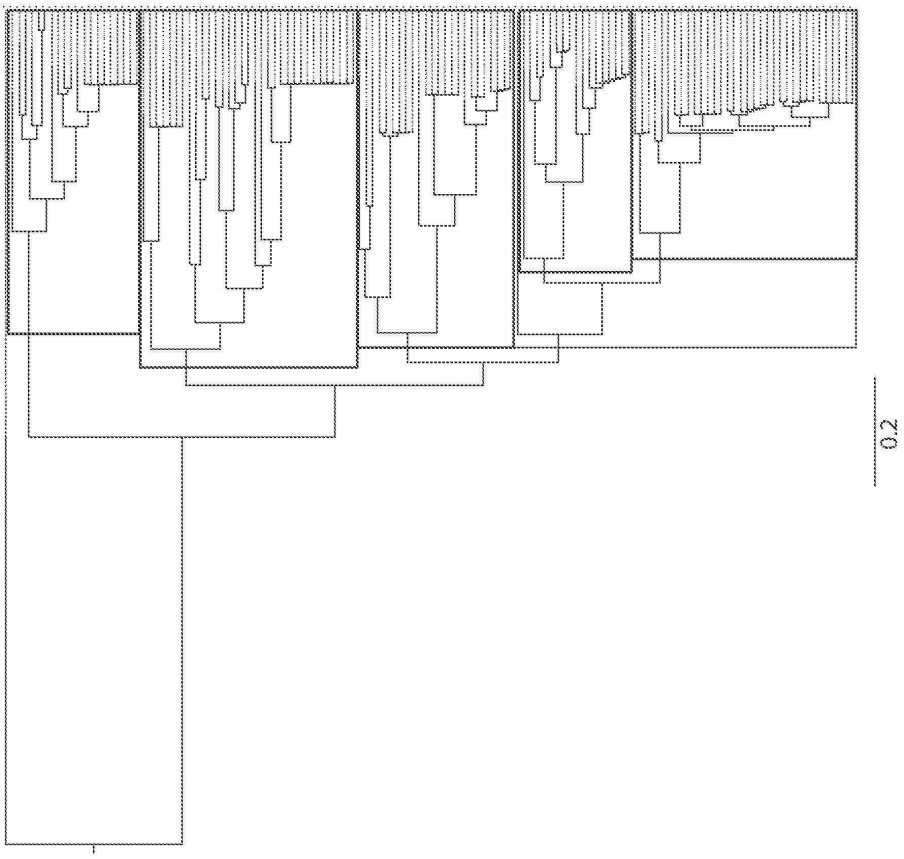
도면11a


P0
세포 펠렛
상청액
발광(RLU)
10^7
10^6
10^5
10^4
10^3
10^2
10^1
10^0
음성
빈 플라스미드
WT LY2
pVL46-015B
015B 1:100
음성
pVL46-015B
015B 1:100
트랜스펙션된 플라스미드

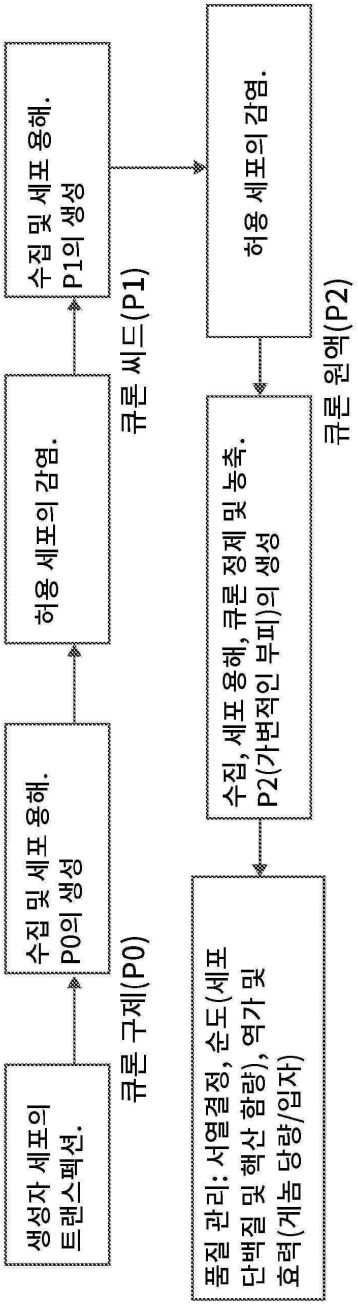
도면11b


P1
세포 펠렛
상청액
발광(RLU)
10^7
10^6
10^5
10^4
10^3
10^2
10^1
10^0
빈 플라스미드
pVL46-015B
빈 플라스미드
pVL46-015B
트랜스펙션된 플라스미드

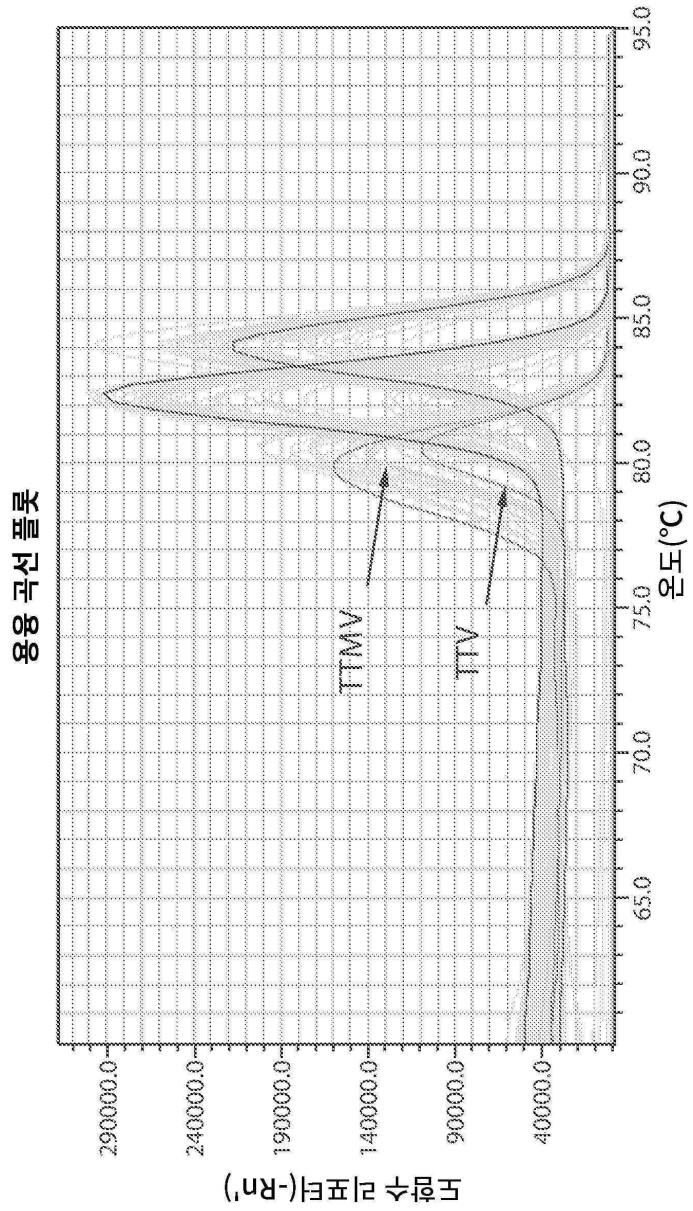
도면11c



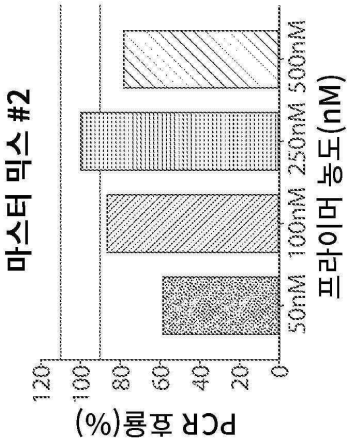
도면12

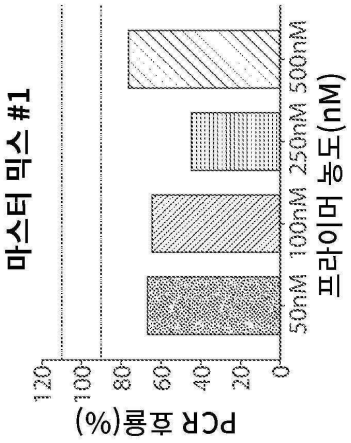

생성자 세포의
트랜스펙션.
수집 및 세포 용해.
P0의 생성
허용 세포의 감염.
수집 및 세포 용해.
P1의 생성
허용 세포의 감염.
수집, 세포 용해, 큐론 정제 및 농축.
P2(가변적인 부피)의 생성
품질 관리: 서열결정, 순도(세포
단백질 및 핵산 함량), 역가 및
효력(게놈 당량/입자)
큐론 구제(P0)
큐론 씨드(P1)
큐론 원액(P2)

도면13

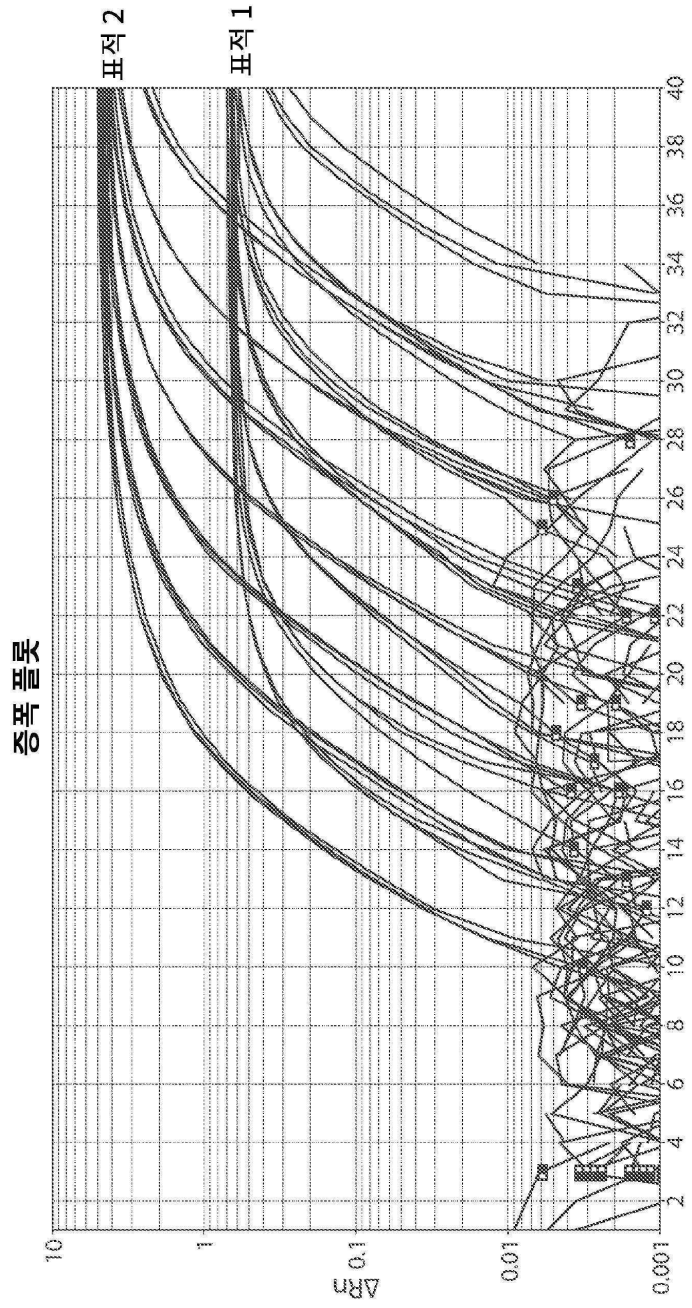

용융 곡선 플롯
도함수 리포터(-Rn')
290000.0
240000.0
190000.0
140000.0
90000.0
40000.0
65.0
70.0
75.0
80.0
85.0
90.0
95.0
온도(℃)
TTMV
TTV

도면14


마스터 믹스 #2
PCR 효율(%)
120
100
80
60
40
20
0
50nM 100nM 250nM 500nM
프라이머 농도(nM)

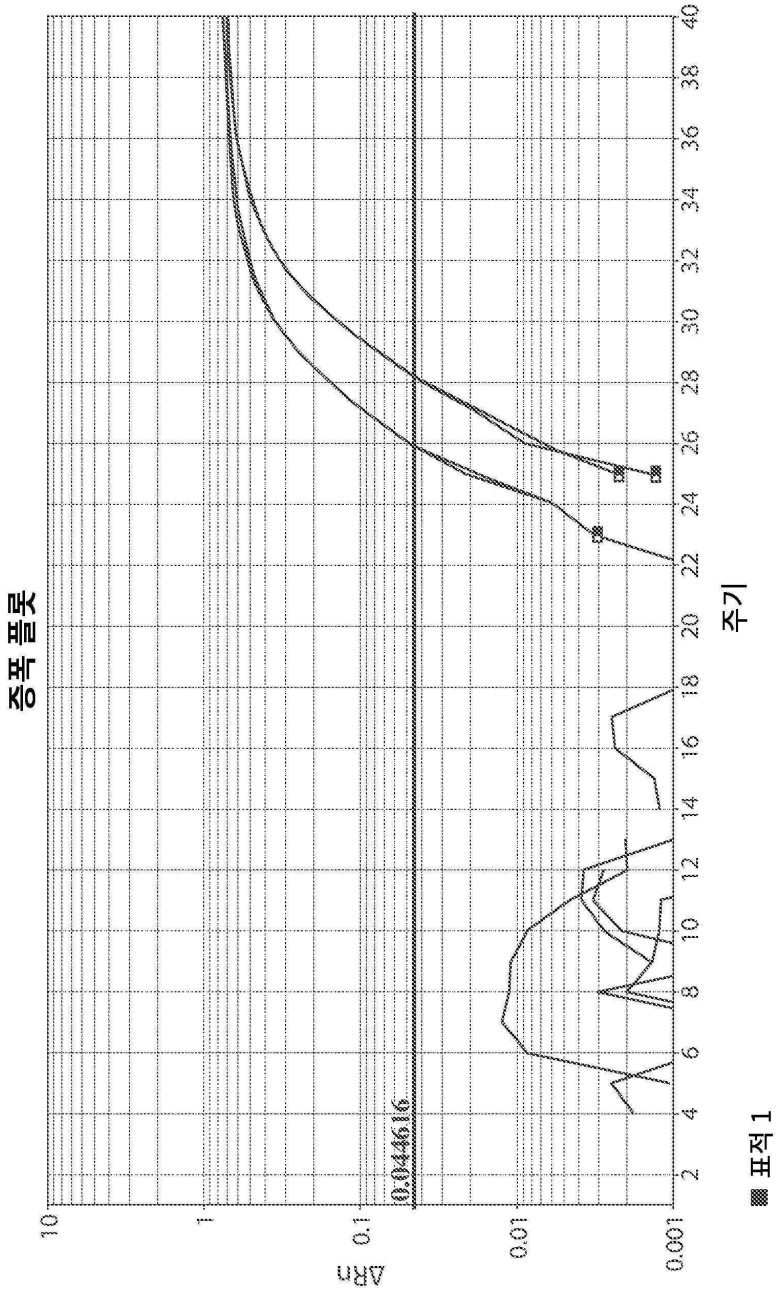

마스터 믹스 #1
PCR 효율(%)
120
100
80
60
40
20
0
50nM 100nM 250nM 500nM
프라이머 농도(nM)

도면15



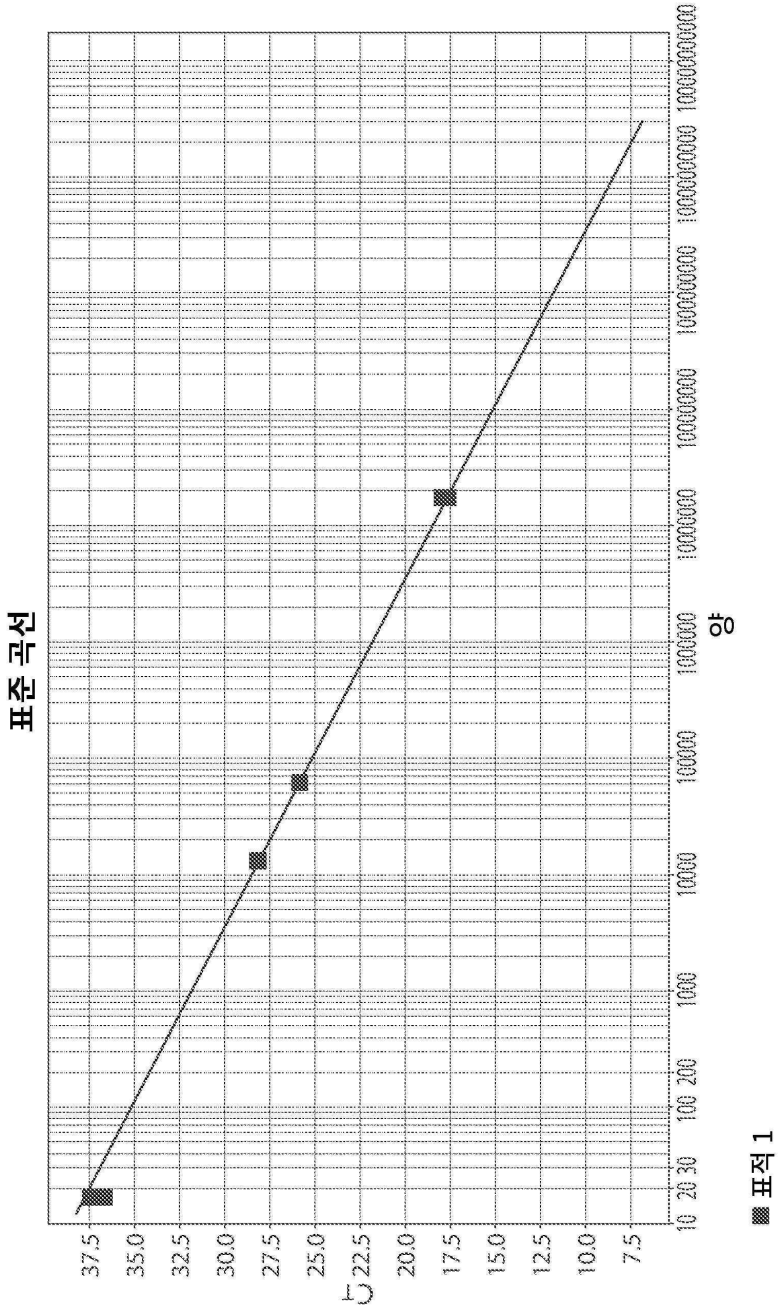
표적 1: TTMV. 표적 2:TTV.

도면16a

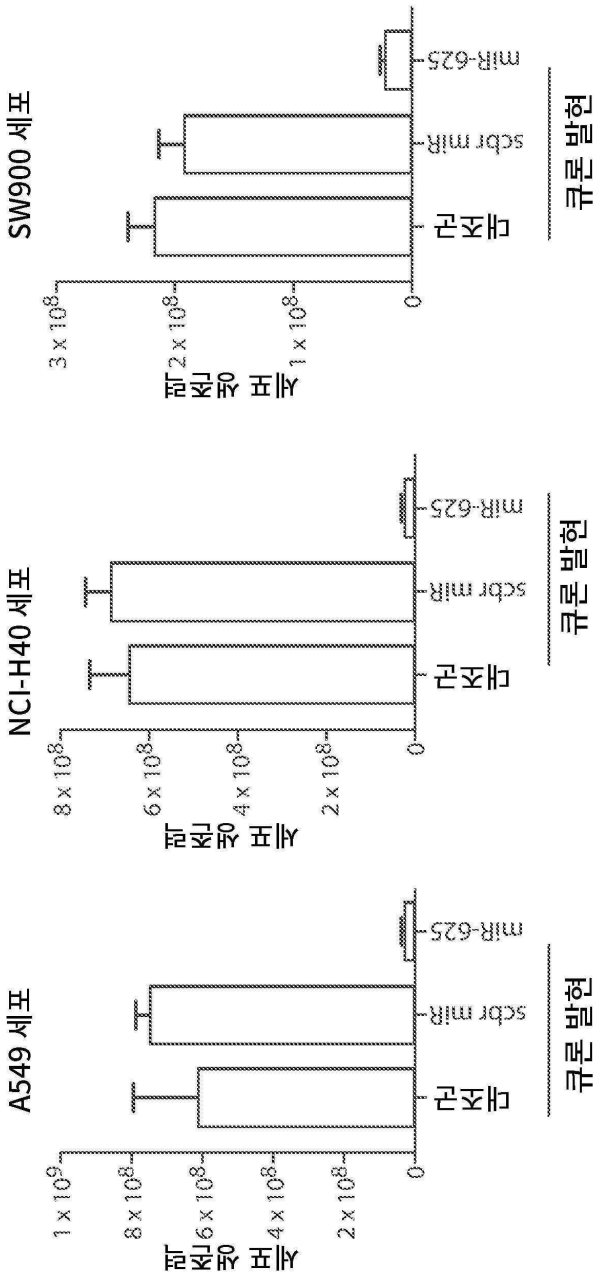

증폭 플롯
ΔRn
주기
0.046616
10
1
0.1
0.01
0.001
2
4
6
8
10
12
14
16
18
20
22
24
26
28
30
32
34
36
38
40

▩ 표적 1

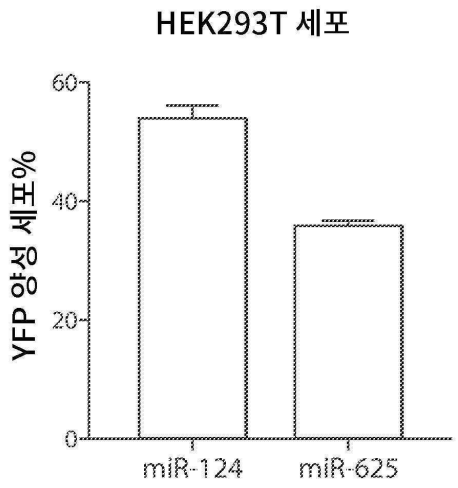
도면16b


표준 곡선
37.5
35.0
32.5
30.0
27.5
25.0
22.5
20.0
17.5
15.0
12.5
10.0
7.5
Ct
10 20 30 100 200 1000 10000 100000 1000000 10000000 100000000 1000000000 10000000000
양
표적 1

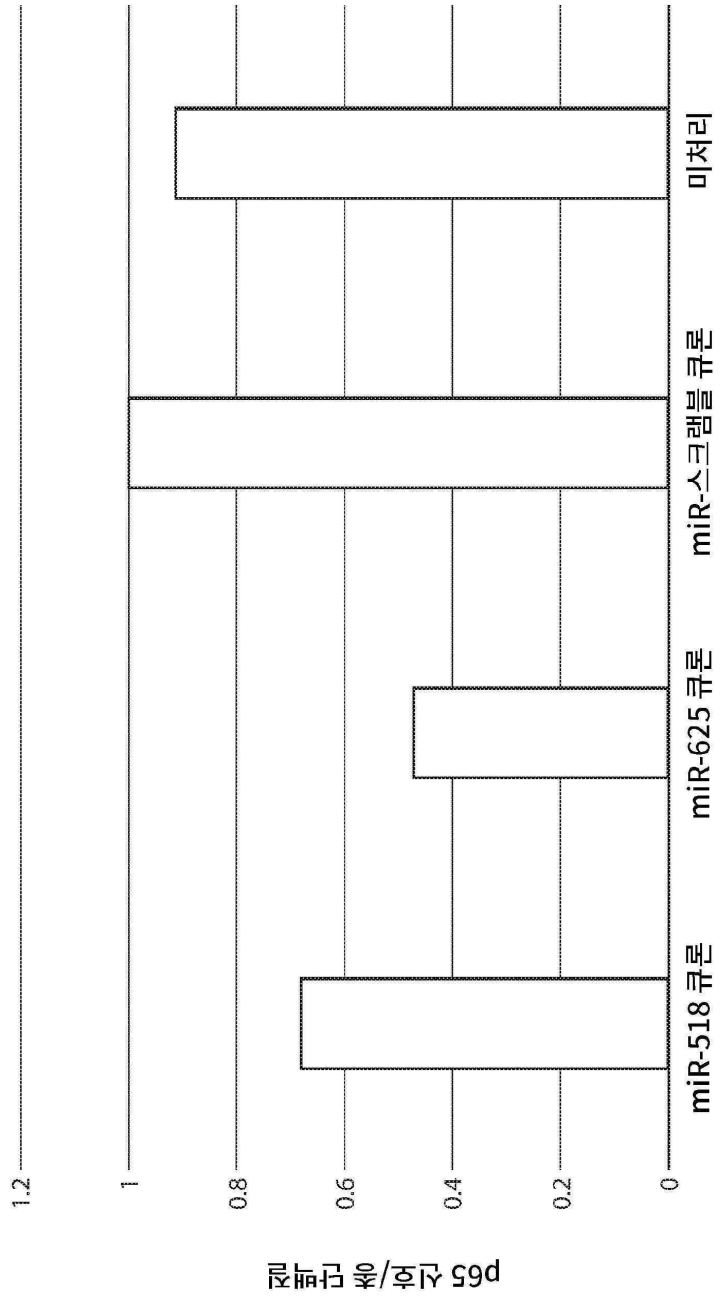
도면17a


A549 세포
NCI-H40 세포
SW900 세포
세포 생존력
0
2 x 10^8
4 x 10^8
6 x 10^8
8 x 10^8
1 x 10^9
1 x 10^8
2 x 10^8
3 x 10^8
대조군
scbr miR
miR-625
큐론 발현

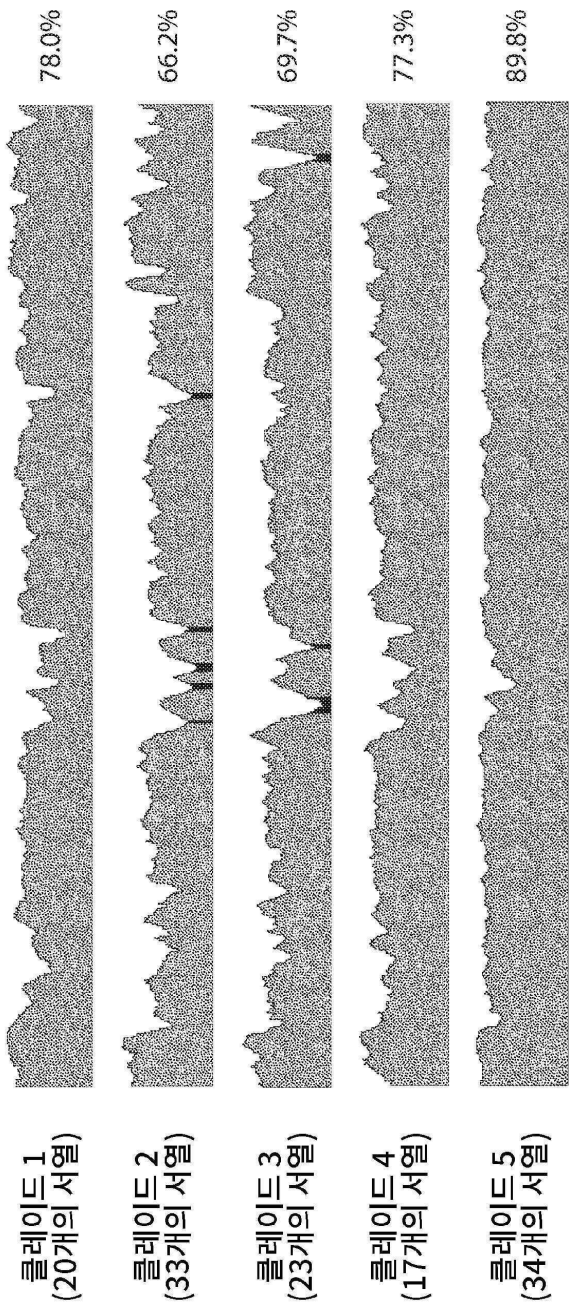
도면17b



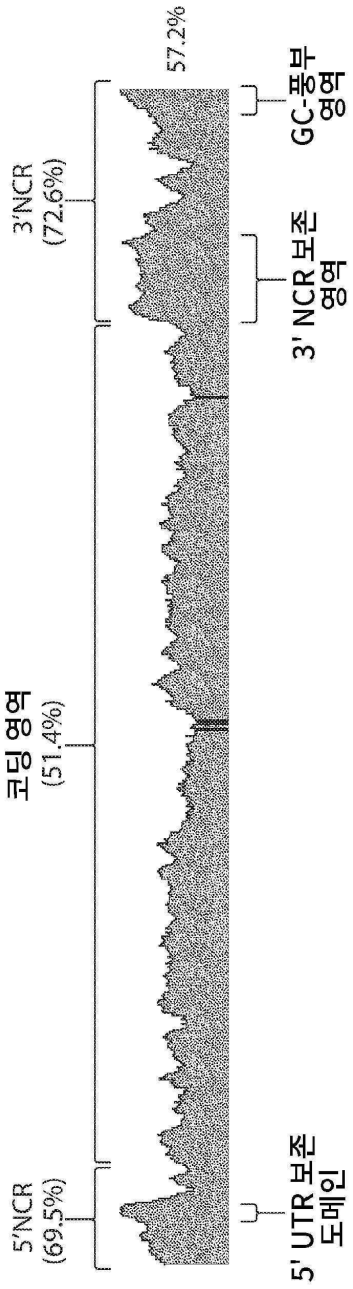
도면17c



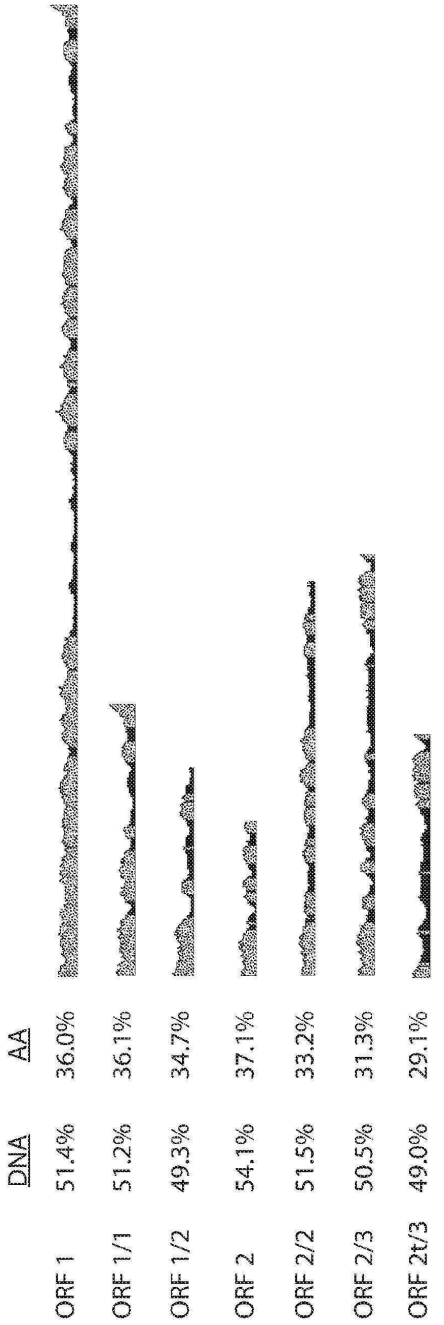
도면18


78.0%
66.2%
69.7%
77.3%
89.8%
클레이드 1
(20개의 서열)
클레이드 2
(33개의 서열)
클레이드 3
(23개의 서열)
클레이드 4
(17개의 서열)
클레이드 5
(34개의 서열)

도면19



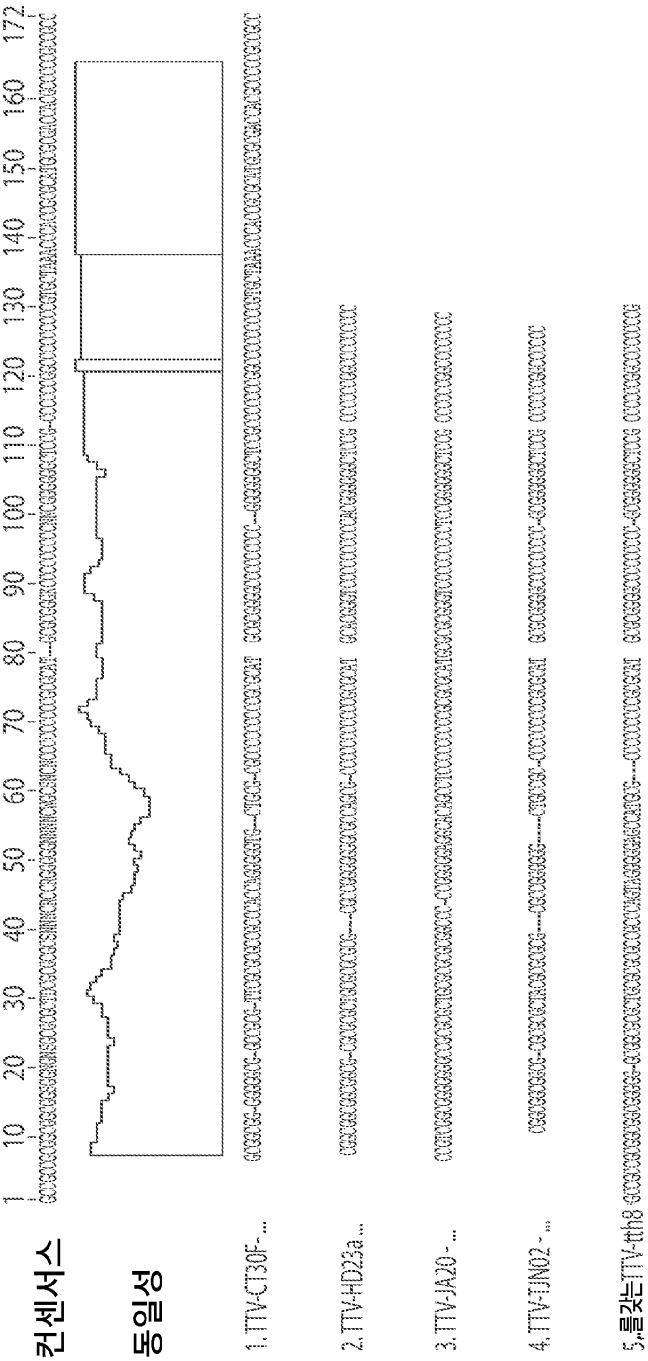
도면20


DNA
AA
ORF 1
51.4%
36.0%
ORF 1/1
51.2%
36.1%
ORF 1/2
49.3%
34.7%
ORF 2
54.1%
37.1%
ORF 2/2
51.5%
33.2%
ORF 2/3
50.5%
31.3%
ORF 2t/3
49.0%
29.1%

도면21

컨센서스
동일성
1 10 20 30 40 50 60 71
CGGGTGCCGGAGGTGAGTTTACACACCGCAGTCAAGGGGCAATTCGGGCTCGGGACTGGCCGGGCTWTGGG
1. TTV-CT30F-5'UTR 도메인 CGGGTGCCGTAGGTGAGTTTACACACCGCAGTCAAGGGGCAATTCGGGCTCGGGACTGGCCGGGCTATGGG
2. TTV-HD23a (rheu215)-5'... CGGGTGCCGGAGGTGAGTTTACACACCGCAGTCAAGGGGCAATTCGGGCTCGGGACTGGCCGGGCCCTGGG
3. TTV-JA20-5'UTR 도메인 CGGGTGCCGGAGGTGAGTTTACACACCGCAGTCAAGGGGCAATTCGGGCTCGGGACTGGCCGGGCTTTGGG
4. TTV-TJN02-5'UTR 도메인 CGGGTGCCGGAGGTGAGTTTACACACCGCAGTCAAGGGGCAATTCGGGCTCGGGACTGGCCGGGCTATGGG
5...를갖는전체GC풍부TTV-tth8 CGGGTGCCGGAGGTGAGTTTACACACCGAAGTCAAGGGGCAATTCGGGCTCAGGACTGGCCGGGCTTTGGG

도면22



서 열 목 록

SEQUENCE LISTING

<110> FLAGSHIP PIONEERING, INC.

<120> COMPOSITIONS COMPRISING CURONS AND USES THEREOF

<130> V2057-7000WO

<140><141><150> 62/676,730

<151> 2018-05-25

<150> 62/597,387

<151> 2017-12-11

<150> 62/518,898

<151> 2017-06-13

<160> 749

<170> PatentIn version 3.5

<210> 1

<211> 3570

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 1

attttgtgca gcccgccaat tctcgttcaa acaggccaat caggaggctc tacgtacact 60

tcctggggtg tgtcttcgaa gagtatataa gcagaggcgg tgacgaatgg tagagttttt 120

cctggcccgt ccgcggcgag agcgcgagcg gagcgagcga tcgagcgtcc cgtgggcggg 180

tgccgtaggt gagtttacac accgcagtca aggggcaatt cgggctcggg actggccggg 240

ctatgggcaa gattcttaaa aaattccccc gatccctctg tcgccaggac ataaaaacat 300

gccgtggaga ccgccggtgc atagtgtcca ggggcgagag gatcagtggt tcgcgagctt 360

ttttcacggc cacgcttcat tttgcggttg cggtgacgct gttggccatc ttaatagcat 420

tgctcctcgc tttcctcgcg ccggtccacc aaggcccccc ccggggctag agcagcctaa 480

ccccccgcag cagggcccgg ccgggcccgg agggccgccc gccatcttgg cgctgccggc 540

tccgcccgcg gagcctgacg acccgcagcc acggcgtggt ggtggggacg gtggcgccgc 600

cgctggcgcc gcaggcgacc gtggagaccg agactacgac gaagaagagc tagacgagct 660

tttccgcgcc gccgccgaag acgatttgta agtaggagat ggcgccggcc ttacaggcgc 720

aggaggagac gcgggcgacg cagacgcaga cgcagacgca gacataagcc caccctagta 780

ctcagacagt ggcaacctga cgttatcaga cactgtaaga taacaggacg gatgcccctc 840

attatctgtg gaaaggggtc cacccagttc aactacatca cccacgcgga cgacatcacc 900

cccaggggag cctcctacgg gggcaacttc acaaacatga ctttctccct ggaggcaata 960

tacgaacagt ttctgtacca cagaaacagg tggtcagcct ccaaccacga cctcgaactc 1020

tgcagataca agggtaccac cctaaaactg tacaggcacc cagatgtaga ctacatagtc 1080

acctacagca gaacgggacc ctttgagatc agccacatga cctacctcag cactcacccc 1140

cttctcatgc tgctaaacaa acaccacata gtggtgccca gcctaaagac taagcccagg 1200

ggcagaaagg ccataaaagt cagaataaga ccccccaaac tcatgaacaa caagtggtac 1260

ttcaccagag acttctgtaa cataggcctc ttccagctct gggccacagg cttagaactc 1320

agaaacccct ggctcagaat gagcaccctg agcccctgca taggcttcaa tgtccttaaa 1380

aacagcattt acacaaacct cagcaaccta cctcagcaca gagaagacag acttaacatt 1440

attaacaaca cattacaccc acatgacata acaggaccaa acaataaaaa atggcagtac 1500

acatatacca aactcatggc ccccatttac tattcagcaa acagggccag cacctatgac 1560

ttactacgag agtatggcct ctacagtcca tactacctaa accccacaag gataaacctt 1620

gactggatga ccccctacac acacgtcagg tacaatccac tagtagacaa gggcttcgga 1680

aacagaatat acatacagtg gtgctcagag gcagatgtaa gctacaacag gactaaatcc 1740

aagtgtctct tacaagacat gcccctgttt ttcatgtgct atggctacat agactgggca 1800

attaaaaaca caggggtctc ctcactagcg agagacgcca gaatctgcat caggtgtccc 1860

tacacagagc cacagctggt gggctccaca gaagacatag ggttcgtacc catcacagag 1920

accttcatga ggggcgacat gccggtactt gcaccataca taccgttgag ctggttttgc 1980

aagtggtatc ccaacatagc tcaccagaag gaagtacttg aggcaatcat ttcctgcagc 2040

cccttcatgc cccgtgacca gggcatgaac ggttgggata ttacaatagg ttacaaaatg 2100

gacttcttat ggggcggttc ccctctcccc tcacagccaa tcgacgaccc ctgccagcag 2160

ggaacccacc cgattcccga ccccgataag caccctcgcc tcctacaagt gtcgaacccg 2220

aaactgctcg gaccgaggac agtgttccac aagtgggaca tcagacgtgg gcagtttagc 2280

aaaagaagta ttaaaagagt gtcagaatac tcatcggatg atgaatctct tgcgccaggt 2340

ctcccatcaa agcgaaacaa gctcgactcg gccttcagag gagaaaaccc agagcaaaaa 2400

gaatgctatt ctctcctcaa agcactcgag gaagaagaga ccccagaaga agaagaacca 2460

gcaccccaag aaaaagccca gaaagaggag ctactccacc agctccagct ccagagacgc 2520

caccagcgag tcctcagacg agggctcaag ctcgtcttta cagacatcct ccgactccgc 2580

cagggagtcc actggaaccc cgagctcaca tagagccccc accttacata ccagacctac 2640

tttttcccaa tactggtaaa aaaaaaaaat tctctccctt cgactgggaa acggaggccc 2700

agctagcagg gatattcaag cgtcctatgc gcttctatcc ctcagacacc cctcactacc 2760

cgtggttacc ccccaagcgc gatatcccga aaatatgtaa cataaacttc aaaataaagc 2820

tgcaagagtg agtgattcga ggccctcctc tgttcactta gcggtgtcta cctcttaaag 2880

tcaccaagca ctccgagcgt cagcgaggag tgcgaccctc caccaagggg caacttcctc 2940

ggggtccggc gctacgcgct tcgcgctgcg ccggacgcct cggacccccc cccgacccga 3000

atcgctcgcg cgattcggac ctgcggcctc gggggggggtc gggggcttta ctaaacagac 3060

tccgagttgc cactggactc aggagctgtg aatcagtaac gaaagtgagt ggggccagac 3120

ttcgccatag ggcctttaac ttggggtcgt ctgtcggtgg cttccgggtc cgcctgggcg 3180

ccgccatttt agctttagac gccattttag gccctcgcgg gcacccgtag gcgcgtttta 3240

atgacgtcac ggcagccatt ttgtcgtgac gtttgagaca cgtgatgggg gcgtgcctaa 3300

acccggaagc atccctggtc acgtgactct gacgtcacgg cggccatttt gtgctgtccg 3360

ccatcttgtg acttccttcc gctttttcaa aaaaaaagag gaagtatgac agtagcggcg 3420

gggggcggc cgcgttcgcg cgccgcccac cagggggtgc tgcgcgcccc cccccgcgca 3480

tgcgcggggc ccccccccgg gggggctccg ccccccggc cccccccgt gctaaaccca 3540

ccgcgcatgc gcgaccacgc ccccgccgcc 3570

<210> 2

<211> 130

<212> PRT

<213> Torque teno virus

<400> 2

Met Pro Trp Arg Pro Pro Val His Ser Val Gln Gly Arg Glu Asp Gln
1 5 10 15

Trp Phe Ala Ser Phe Phe His Gly His Ala Ser Phe Cys Gly Cys Gly
20 25 30

Asp Ala Val Gly His Leu Asn Ser Ile Ala Pro Arg Phe Pro Arg Ala
35 40 45

Gly Pro Pro Arg Pro Pro Pro Gly Leu Glu Gln Pro Asn Pro Pro Gln
50 55 60

Gln Gly Pro Ala Gly Pro Gly Gly Pro Pro Ala Ile Leu Ala Leu Pro
65 70 75 80

Ala Pro Pro Ala Glu Pro Asp Asp Pro Gln Pro Arg Arg Gly Gly Gly
85 90 95

Asp Gly Gly Ala Ala Ala Gly Ala Ala Gly Asp Arg Gly Asp Arg Asp
100 105 110

Tyr Asp Glu Glu Glu Leu Asp Glu Leu Phe Arg Ala Ala Ala Glu Asp
115 120 125

Asp Leu

130

<210> 3

<211> 303

<212> PRT

<213> Torque teno virus

<400> 3

Met Pro Trp Arg Pro Pro Val His Ser Val Gln Gly Arg Glu Asp Gln
1 5 10 15

Trp Phe Ala Ser Phe Phe His Gly His Ala Ser Phe Cys Gly Cys Gly
20 25 30

Asp Ala Val Gly His Leu Asn Ser Ile Ala Pro Arg Phe Pro Arg Ala
35 40 45

Gly Pro Pro Arg Pro Pro Pro Gly Leu Glu Gln Pro Asn Pro Pro Gln
50 55 60

Gln Gly Pro Ala Gly Pro Gly Gly Pro Pro Ala Ile Leu Ala Leu Pro
65 70 75 80

Ala Pro Pro Ala Glu Pro Asp Asp Pro Gln Pro Arg Arg Gly Gly Gly
85 90 95

Asp Gly Gly Ala Ala Ala Gly Ala Ala Gly Asp Arg Gly Asp Arg Asp
100 105 110

Tyr Asp Glu Glu Glu Leu Asp Glu Leu Phe Arg Ala Ala Ala Glu Asp
115 120 125

Asp Phe Gln Ser Thr Thr Pro Ala Ser Arg Glu Pro Thr Arg Phe Pro
130 135 140

Thr Pro Ile Ser Thr Leu Ala Ser Tyr Lys Cys Arg Thr Arg Asn Cys
145 150 155 160

Ser Asp Arg Gly Gln Cys Ser Thr Ser Gly Thr Ser Asp Val Gly Ser
165 170 175

Leu Ala Lys Glu Val Leu Lys Glu Cys Gln Asn Thr His Arg Met Met
180 185 190

Asn Leu Leu Arg Gln Val Ser His Gln Ser Glu Thr Ser Ser Thr Arg

195 200 205

Pro Ser Glu Glu Lys Thr Gln Ser Lys Lys Asn Ala Ile Leu Ser Ser

210 215 220

Lys His Ser Arg Lys Lys Arg Pro Gln Lys Lys Lys Asn Gln His Pro

225 230 235 240

Lys Lys Lys Pro Arg Lys Arg Ser Tyr Ser Thr Ser Ser Ser Ser Arg

245 250 255

Asp Ala Thr Ser Glu Ser Ser Asp Glu Gly Ser Ser Ser Ser Leu Gln

260 265 270

Thr Ser Ser Asp Ser Ala Arg Glu Ser Thr Gly Thr Pro Ser Ser His

275 280 285

Arg Ala Pro Thr Leu His Thr Arg Pro Thr Phe Ser Gln Tyr Trp

290 295 300

<210> 4

<211> 293

<212> PRT

<213> Torque teno virus

<400> 4

Met Pro Trp Arg Pro Pro Val His Ser Val Gln Gly Arg Glu Asp Gln

1 5 10 15

Trp Phe Ala Ser Phe Phe His Gly His Ala Ser Phe Cys Gly Cys Gly

20 25 30

Asp Ala Val Gly His Leu Asn Ser Ile Ala Pro Arg Phe Pro Arg Ala

35 40 45

Gly Pro Pro Arg Pro Pro Pro Gly Leu Glu Gln Pro Asn Pro Pro Gln

50 55 60

Gln Gly Pro Ala Gly Pro Gly Gly Pro Pro Ala Ile Leu Ala Leu Pro

65 70 75 80

Ala Pro Pro Ala Glu Pro Asp Asp Pro Gln Pro Arg Arg Gly Gly Gly

85 90 95

Asp Gly Gly Ala Ala Ala Gly Ala Ala Gly Asp Arg Gly Asp Arg Asp

100 105 110

Tyr Asp Glu Glu Glu Leu Asp Glu Leu Phe Arg Ala Ala Ala Glu Asp

115 120 125

Asp Leu Ser Pro Ile Lys Ala Lys Gln Ala Arg Leu Gly Leu Gln Arg

130 135 140

Arg Lys Pro Arg Ala Lys Arg Met Leu Phe Ser Pro Gln Ser Thr Arg

145 150 155 160

Gly Arg Arg Asp Pro Arg Arg Arg Arg Thr Ser Thr Pro Arg Lys Ser

165 170 175

Pro Glu Arg Gly Ala Thr Pro Pro Ala Pro Ala Pro Glu Thr Pro Pro

180 185 190

Ala Ser Pro Gln Thr Arg Ala Gln Ala Arg Leu Tyr Arg His Pro Pro

195 200 205

Thr Pro Pro Gly Ser Pro Leu Glu Pro Arg Ala His Ile Glu Pro Pro

210 215 220

Pro Tyr Ile Pro Asp Leu Leu Phe Pro Asn Thr Gly Lys Lys Lys Lys

225 230 235 240

Phe Ser Pro Phe Asp Trp Glu Thr Glu Ala Gln Leu Ala Gly Ile Phe

245 250 255

Lys Arg Pro Met Arg Phe Tyr Pro Ser Asp Thr Pro His Tyr Pro Trp

260 265 270

Leu Pro Pro Lys Arg Asp Ile Pro Lys Ile Cys Asn Ile Asn Phe Lys

275 280 285

Ile Lys Leu Gln Glu

290

<210

> 5

<211> 180

<212> PRT

<213> Torque teno virus

<400> 5

Met Pro Trp Arg Pro Pro Val His Ser Val Gln Gly Arg Glu Asp Gln

1 5 10 15

Trp Ser Pro Ile Lys Ala Lys Gln Ala Arg Leu Gly Leu Gln Arg Arg
20 25 30
Lys Pro Arg Ala Lys Arg Met Leu Phe Ser Pro Gln Ser Thr Arg Gly
35 40 45
Arg Arg Asp Pro Arg Arg Arg Arg Thr Ser Thr Pro Arg Lys Ser Pro

50 55 60
Glu Arg Gly Ala Thr Pro Pro Ala Pro Ala Pro Glu Thr Pro Pro Ala
65 70 75 80
Ser Pro Gln Thr Arg Ala Gln Ala Arg Leu Tyr Arg His Pro Pro Thr
85 90 95
Pro Pro Gly Ser Pro Leu Glu Pro Arg Ala His Ile Glu Pro Pro Pro
100 105 110
Tyr Ile Pro Asp Leu Leu Phe Pro Asn Thr Gly Lys Lys Lys Lys Phe

115 120 125
Ser Pro Phe Asp Trp Glu Thr Glu Ala Gln Leu Ala Gly Ile Phe Lys
130 135 140
Arg Pro Met Arg Phe Tyr Pro Ser Asp Thr Pro His Tyr Pro Trp Leu
145 150 155 160
Pro Pro Lys Arg Asp Ile Pro Lys Ile Cys Asn Ile Asn Phe Lys Ile
165 170 175
Lys Leu Gln Glu
180

<210> 6

<211

> 680

<212> PRT

<213> Torque teno virus

<400> 6

Thr Ala Trp Trp Trp Gly Arg Trp Arg Arg Arg Trp Arg Arg Arg Arg
1 5 10 15
Pro Trp Arg Pro Arg Leu Arg Arg Arg Arg Ala Arg Arg Ala Phe Pro
20 25 30
Arg Arg Arg Arg Arg Arg Phe Val Ser Arg Arg Trp Arg Arg Pro Tyr

35 40 45

Arg Arg Arg Arg Arg Arg Gly Arg Arg Arg Arg Arg Arg Arg Arg Arg

50 55 60

His Lys Pro Thr Leu Val Leu Arg Gln Trp Gln Pro Asp Val Ile Arg

65 70 75 80

His Cys Lys Ile Thr Gly Arg Met Pro Leu Ile Ile Cys Gly Lys Gly

85 90 95

Ser Thr Gln Phe Asn Tyr Ile Thr His Ala Asp Asp Ile Thr Pro Arg

100 105 110

Gly Ala Ser Tyr Gly Gly Asn Phe Thr Asn Met Thr Phe Ser Leu Glu

115 120 125

Ala Ile Tyr Glu Gln Phe Leu Tyr His Arg Asn Arg Trp Ser Ala Ser

130 135 140

Asn His Asp Leu Glu Leu Cys Arg Tyr Lys Gly Thr Thr Leu Lys Leu

145 150 155 160

Tyr Arg His Pro Asp Val Asp Tyr Ile Val Thr Tyr Ser Arg Thr Gly

165 170 175

Pro Phe Glu Ile Ser His Met Thr Tyr Leu Ser Thr His Pro Leu Leu

180 185 190

Met Leu Leu Asn Lys His His Ile Val Val Pro Ser Leu Lys Thr Lys

195 200 205

Pro Arg Gly Arg Lys Ala Ile Lys Val Arg Ile Arg Pro Pro Lys Leu

210 215 220

Met Asn Asn Lys Trp Tyr Phe Thr Arg Asp Phe Cys Asn Ile Gly Leu

225 230 235 240

Phe Gln Leu Trp Ala Thr Gly Leu Glu Leu Arg Asn Pro Trp Leu Arg

245 250 255

Met Ser Thr Leu Ser Pro Cys Ile Gly Phe Asn Val Leu Lys Asn Ser

260 265 270

Ile Tyr Thr Asn Leu Ser Asn Leu Pro Gln His Arg Glu Asp Arg Leu

275 280 285

Asn Ile Ile Asn Asn Thr Leu His Pro His Asp Ile Thr Gly Pro Asn

290 295 300

Asn Lys Lys Trp Gln Tyr Thr Tyr Thr Lys Leu Met Ala Pro Ile Tyr

305 310 315 320

Tyr Ser Ala Asn Arg Ala Ser Thr Tyr Asp Leu Leu Arg Glu Tyr Gly

325 330 335

Leu Tyr Ser Pro Tyr Tyr Leu Asn Pro Thr Arg Ile Asn Leu Asp Trp

340 345 350

Met Thr Pro Tyr Thr His Val Arg Tyr Asn Pro Leu Val Asp Lys Gly

355 360 365

Phe Gly Asn Arg Ile Tyr Ile Gln Trp Cys Ser Glu Ala Asp Val Ser

370 375 380

Tyr Asn Arg Thr Lys Ser Lys Cys Leu Leu Gln Asp Met Pro Leu Phe

385 390 395 400

Phe Met Cys Tyr Gly Tyr Ile Asp Trp Ala Ile Lys Asn Thr Gly Val

405 410 415

Ser Ser Leu Ala Arg Asp Ala Arg Ile Cys Ile Arg Cys Pro Tyr Thr

420 425 430

Glu Pro Gln Leu Val Gly Ser Thr Glu Asp Ile Gly Phe Val Pro Ile

435 440 445

Thr Glu Thr Phe Met Arg Gly Asp Met Pro Val Leu Ala Pro Tyr Ile

450 455 460

Pro Leu Ser Trp Phe Cys Lys Trp Tyr Pro Asn Ile Ala His Gln Lys

465 470 475 480

Glu Val Leu Glu Ala Ile Ile Ser Cys Ser Pro Phe Met Pro Arg Asp

485 490 495

Gln Gly Met Asn Gly Trp Asp Ile Thr Ile Gly Tyr Lys Met Asp Phe

500 505 510

Leu Trp Gly Gly Ser Pro Leu Pro Ser Gln Pro Ile Asp Asp Pro Cys

515 520 525

Gln Gln Gly Thr His Pro Ile Pro Asp Pro Asp Lys His Pro Arg Leu

530 535 540

Leu Gln Val Ser Asn Pro Lys Leu Leu Gly Pro Arg Thr Val Phe His

545 550 555 560

Lys Trp Asp Ile Arg Arg Gly Gln Phe Ser Lys Arg Ser Ile Lys Arg

565 570 575

Val Ser Glu Tyr Ser Ser Asp Asp Glu Ser Leu Ala Pro Gly Leu Pro

580 585 590

Ser Lys Arg Asn Lys Leu Asp Ser Ala Phe Arg Gly Glu Asn Pro Glu

595 600 605

Gln Lys Glu Cys Tyr Ser Leu Leu Lys Ala Leu Glu Glu Glu Glu Thr

610 615 620

Pro Glu Glu Glu Glu Pro Ala Pro Gln Glu Lys Ala Gln Lys Glu Glu

625 630 635 640

Leu Leu His Gln Leu Gln Leu Gln Arg Arg His Gln Arg Val Leu Arg

645 650 655

Arg Gly Leu Lys Leu Val Phe Thr Asp Ile Leu Arg Leu Arg Gln Gly

660 665 670

Val His Trp Asn Pro Glu Leu Thr

675 680

<210> 7

<211> 197

<212> PRT

<213> Torque teno virus

<400> 7

Thr Ala Trp Trp Trp Gly Arg Trp Arg Arg Arg Trp Arg Arg Arg Arg

1 5 10 15

Pro Trp Arg Pro Arg Leu Arg Arg Arg Arg Ala Arg Arg Ala Phe Pro

20 25 30

Arg Arg Arg Arg Arg Arg Phe Pro Ile Asp Asp Pro Cys Gln Gln Gly

35 40 45

Thr His Pro Ile Pro Asp Pro Asp Lys His Pro Arg Leu Leu Gln Val

50 55 60

Ser Asn Pro Lys Leu Leu Gly Pro Arg Thr Val Phe His Lys Trp Asp

65 70 75 80

Ile Arg Arg Gly Gln Phe Ser Lys Arg Ser Ile Lys Arg Val Ser Glu

85 90 95

Tyr Ser Ser Asp Asp Glu Ser Leu Ala Pro Gly Leu Pro Ser Lys Arg

100 105 110

Asn Lys Leu Asp Ser Ala Phe Arg Gly Glu Asn Pro Glu Gln Lys Glu

115 120 125

Cys Tyr Ser Leu Leu Lys Ala Leu Glu Glu Glu Glu Thr Pro Glu Glu

130 135 140

Glu Glu Pro Ala Pro Gln Glu Lys Ala Gln Lys Glu Glu Leu Leu His

145 150 155 160

Gln Leu Gln Leu Gln Arg Arg His Gln Arg Val Leu Arg Arg Gly Leu

165 170 175

Lys Leu Val Phe Thr Asp Ile Leu Arg Leu Arg Gln Gly Val His Trp

180 185 190

Asn Pro Glu Leu Thr

195

<210

> 8

<211> 145

<212> PRT

<213> Torque teno virus

<400> 8

Thr Ala Trp Trp Trp Gly Arg Trp Arg Arg Arg Trp Arg Arg Arg Arg

1 5 10 15

Pro Trp Arg Pro Arg Leu Arg Arg Arg Arg Ala Arg Arg Ala Phe Pro

20 25 30

Arg Arg Arg Arg Arg Arg Phe Val Ser His Gln Ser Glu Thr Ser Ser

35 40 45

Thr Arg Pro Ser Glu Glu Lys Thr Gln Ser Lys Lys Asn Ala Ile Leu

50 55 60

Ser Ser Lys His Ser Arg Lys Lys Arg Pro Gln Lys Lys Lys Asn Gln

65 70 75 80

His Pro Lys Lys Lys Pro Arg Lys Arg Ser Tyr Ser Thr Ser Ser Ser

85 90 95

Ser Arg Asp Ala Thr Ser Glu Ser Ser Asp Glu Gly Ser Ser Ser Ser

100 105 110

Leu Gln Thr Ser Ser Asp Ser Ala Arg Glu Ser Thr Gly Thr Pro Ser

115 120 125

Ser His Arg Ala Pro Thr Leu His Thr Arg Pro Thr Phe Ser Gln Tyr

130 135 140

Trp

145

<210> 9

<211> 3794

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 9

cccgaagtcc gtcactaacc acgtgactcc tgtcgcccaa tcagagtgta tgtcgtgcat 60

ttcctgggca tggtctacat cctgatataa ctaagtgcac ttccgaatgg ctgagttttc 120

cacgcccgtc cgcagcgagg gagcgacgga ggagctcccg agcgtcccga gggcgggtgc 180

cggaggtgag tttacacacc gcagtcaagg ggcaattcgg gctcgggact ggccgggcta 240

tgggcaaggc tcttagggtc ttcattctta atatgtttct tggcagagtt taccgccaca 300

agaaaaggaa agtgctactg tccacactgc gagctccaca ggcgtctcgc agggctatga 360

gttggcgacc cccggtacac gatgcacccg gcatcgagcg caattggtac gaggcctgtt 420

tcagagccca cgctggagct tgtggctgtg gcaattttat tatgcacctt aatcttttgg 480

ctgggcgtta tggttttact ccggggtcag cgccgccagg tggtcctcct ccgggcaccc 540

cgcagataag gagagccagg cctagtcccg ccgcaccaga gcagcccgct gccctaccat 600

ggcatgggga tggtggagat ggcggcgccg ctggcccgcc agacgctgga ggagacgccg 660

tcgccggcgc cccgtacgga gaacaagagc tcgccgacct gctcgacgct atagaagacg 720

acgaacagta agaaccaggc gaaggcggtg ggggcgcaga cggtacagac ggggctggag 780

acgcaggact tatgtgagaa aggggcgaca cagaaaaaag aaaaagagac tgatactgag 840

acagtggcaa ccagccacaa gacgcagatg taccataact gggtacctgc ccatagtgtt 900

ctgcggccac actaggggca ataaaaacta tgcactacac tctgacgact acacccccca 960

aggacaacca tttggagggg ctctaagcac tacctcattc tctttaaaag tactatttga 1020

ccagcatcag agaggactaa acaagtggtc ttttccaaac gaccaactag acctcgccag 1080

atatagaggc tgcaaattta tattttatag aacaaaacaa actgactggg tgggccagta 1140

tgacatatca gaaccctaca agctagacaa atacagctgc cccaactatc accctggaaa 1200

catgattaag gcaaagcaca aatttttaat accaagctat gacactaatc ctagaggcag 1260

acaaaaaatt atagttaaaa ttccccccccc agacctcttt gtagacaagt ggtacactca 1320

agaggatctg tgttccgtta atcttgtgtc acttgcggtt tctgcggctt cctttctcca 1380

cccattcggc tcaccacaaa ctgacaaccc ttgctacacc ttccaggtgt tgaaagagtt 1440

ctactatcag gcaataggct tctctgcaag cacacaagca atgacatcag tattagacac 1500

gctatacaca caaaacagtt attgggaatc taatctaact cagttttatg tacttaatgc 1560

aaaaaaaggc agtgatacaa cacagccttt aactagcaat atgccaactc gtgaagagtt 1620

tatggcaaaa aaaaatacca attacaactg gtatacatac aaggccgcgt cagtaaaaaa 1680

taaactacat caaatgagac aaacctattt tgaggagtta acctctaagg ggccacaaac 1740

aacaaaaagt gaggaaggct acagtcagca ctggaccacc ccctccacaa acgcctacga 1800

atatcactta ggaatgttta gtgcaatatt tctagcccca gacaggccag tacctagatt 1860

tccatgcgcc taccaagatg taacttacaa ccccttaatg gacaaagggg tgggaaacca 1920

catttggttt cagtacaaca caaaggcaga cactcagcta atagtcacag gagggtcctg 1980

caaagcacac atacaagaca taccactgtg ggcggccttc tatggataca gtgactttat 2040

agagtcagaa ctaggcccct ttgtagatgc agagacggta ggcttagtgt gtgtaatatg 2100

cccttataca aaacccccca tgtacaacaa gacaaacccc gccatgggct acgtgttcta 2160

tgacagaaac tttggtgacg gaaaatggac tgacggacgg ggcaaaatag agccctactg 2220

gcaagttagg tggaggcccg aaatgctttt ccaagaaact gtaatggcag acctagttca 2280

gactgggccc tttagctaca aagacgaact taaaaacagc accctagtgt gcaagtacaa 2340

attctatttc acctggggag gtaacatgat gttccaacag acgatcaaaa acccgtgcaa 2400

gacggacgga caacccaccg actccagtag acaccctaga ggaatacaag tggcggaccc 2460

ggaacaaatg ggaccccgct gggtgttcca ctcctttgac tggcgaaggg gctatcttag 2520

cgagaaagct ctcaaacgcc tgcaagaaaa acctcttgac tatgacgaat attttacaca 2580

accaaaaaga cctagaatct ttcctccaac agaatcagca gagggagagt tccgagagcc 2640

cgaaaaaggc tcgtattcag aggaagaaag gtcgcaagcc tctgccgaag agcagacgca 2700

ggaggcgaca gtactcctcc tcaagcgacg actcagagag caacagcagc tccagcagca 2760
gctccaattc ctcacccgag aaatgttcaa aacgcaagcg ggtctccacc taaaccctat 2820
gttattaaac cagcgataaa ccaagtgtac ctgtttccag agagggcccc aaaaccccct 2880
cctagcagcc aagactggca gcaggagtac gaggcctgcg cagcctggga caggcccct 2940
agatacaatc tgtcctctcc tcctttctac cccagctgcc cttcaaaatt ctgtgtaaaa 3000
ttcagccttg gctttaaata aatggcaact ttactgtgca aggccgtggg agtttcactg 3060
gtcggtgtct acctctaaag gtcactaagc actccgagcg ttagcgagga gtgcgaccct 3120

tccccctgac tcaacttctt cggagccgcg cgctacgcct tcggctgcgc gcggcacctc 3180
agacccccgc tcgtgctgac acgctcgcgc gtgtcagacc acttcgggct cgcgggggtc 3240
gggaattttg ctaaacagac tccgagttgc tcttggacac tgaggggca tatcagtaac 3300
gaaagtgagt ggggccagac ttcgccataa ggcctttatc ttcttgccat tggatagtat 3360
cgagggttgc cataggcttc gacctccatt ttaggccttc cggactacaa aaatggccgt 3420
tttagtgacg tcacggccgc cattttaagt aaggcggaag cagctcggcg tacacaaaat 3480
ggcggcggag cacttccggc ttgcccaaaa tggtgggcaa cttcttccgg gtcaaaggtc 3540

acagctacgt cacaagtcac gtggggaggg ttggcgttta acccggaagc caatcctctt 3600
acgtggcctg tcacgtgact tgtacgtcac gaccaccatt ttgttttaca aaatggccga 3660
cttccttcct ctttttaaa aataacggtt cggcggcggc gcgcgcgcta cgcgcgcgcg 3720
ccgggggggct gccgcccccc ccccgcgcat gcgcggggcc ccccccgcg gggggctccg 3780
cccccggcc cccc 3794

<210> 10
<211> 124
<212> PRT
<213> Torque teno virus
<400> 10

Met Ser Trp Arg Pro Pro Val His Asp Ala Pro Gly Ile Glu Arg Asn

1 5 10 15

Trp Tyr Glu Ala Cys Phe Arg Ala His Ala Gly Ala Cys Gly Cys Gly

20 25 30

Asn Phe Ile Met His Leu Asn Leu Leu Ala Gly Arg Tyr Gly Phe Thr

35 40 45

Pro Gly Ser Ala Pro Pro Gly Gly Pro Pro Pro Gly Thr Pro Gln Ile

50 55 60

Arg Arg Ala Arg Pro Ser Pro Ala Ala Pro Glu Gln Pro Ala Ala Leu

65 70 75 80

Pro Trp His Gly Asp Gly Gly Asp Gly Gly Ala Ala Gly Pro Pro Asp

85 90 95

Ala Gly Gly Asp Ala Val Ala Gly Ala Pro Tyr Gly Glu Gln Glu Leu

100 105 110

Ala Asp Leu Leu Asp Ala Ile Glu Asp Asp Glu Gln

115 120

<210> 11

<211> 267

<212> PRT

<213> Torque teno virus

<400> 11

Met Ser Trp Arg Pro Pro Val His Asp Ala Pro Gly Ile Glu Arg Asn

1 5 10 15

Trp Tyr Glu Ala Cys Phe Arg Ala His Ala Gly Ala Cys Gly Cys Gly

20 25 30

Asn Phe Ile Met His Leu Asn Leu Leu Ala Gly Arg Tyr Gly Phe Thr

35 40 45

Pro Gly Ser Ala Pro Pro Gly Gly Pro Pro Pro Gly Thr Pro Gln Ile

50 55 60

Arg Arg Ala Arg Pro Ser Pro Ala Ala Pro Glu Gln Pro Ala Ala Leu

65 70 75 80

Pro Trp His Gly Asp Gly Gly Asp Gly Gly Ala Ala Gly Pro Pro Asp

85 90 95

Ala Gly Gly Asp Ala Val Ala Gly Ala Pro Tyr Gly Glu Gln Glu Leu

100 105 110

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

115 120 125

Arg Ala Arg Arg Thr Asp Asn Pro Pro Thr Pro Val Asp Thr Leu Glu

130 135 140

Glu Tyr Lys Trp Arg Thr Arg Asn Lys Trp Asp Pro Ala Gly Cys Ser
145 150 155 160
Thr Pro Leu Thr Gly Glu Gly Ala Ile Leu Ala Arg Lys Leu Ser Asn
165 170 175
Ala Cys Lys Lys Asn Leu Leu Thr Met Thr Asn Ile Leu His Asn Gln
180 185 190
Lys Asp Leu Glu Ser Phe Leu Gln Gln Asn Gln Gln Arg Glu Ser Ser

195 200 205

Glu Ser Pro Lys Lys Ala Arg Ile Gln Arg Lys Lys Gly Arg Lys Pro
210 215 220
Leu Pro Lys Ser Arg Arg Arg Arg Arg Gln Tyr Ser Ser Ser Ser Asp
225 230 235 240
Asp Ser Glu Ser Asn Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ser Asn Ser Ser Pro
245 250 255
Glu Lys Cys Ser Lys Arg Lys Arg Val Ser Thr
260 265

<210> 12
<211> 257
<212> PRT
<213> Torque teno virus
<400> 12
Met Ser Trp Arg Pro Pro Val His Asp Ala Pro Gly Ile Glu Arg Asn
1 5 10 15
Trp Tyr Glu Ala Cys Phe Arg Ala His Ala Gly Ala Cys Gly Cys Gly
20 25 30
Asn Phe Ile Met His Leu Asn Leu Leu Ala Gly Arg Tyr Gly Phe Thr
35 40 45
Pro Gly Ser Ala Pro Pro Gly Gly Pro Pro Pro Gly Thr Pro Gln Ile

50 55 60

Arg Arg Ala Arg Pro Ser Pro Ala Ala Pro Glu Gln Pro Ala Ala Leu
65 70 75 80
Pro Trp His Gly Asp Gly Gly Asp Gly Gly Ala Ala Gly Pro Pro Asp
85 90 95
Ala Gly Gly Asp Ala Val Ala Gly Ala Pro Tyr Gly Glu Gln Glu Leu
100 105 110
Ala Asp Leu Leu Asp Ala Ile Glu Asp Asp Glu His Arg Gly Arg Val

115 120 125
Pro Arg Ala Arg Lys Arg Leu Val Phe Arg Gly Arg Lys Val Ala Ser
130 135 140
Leu Cys Arg Arg Ala Asp Ala Gly Gly Asp Ser Thr Pro Pro Gln Ala
145 150 155 160
Thr Thr Gln Arg Ala Thr Ala Ala Pro Ala Ala Ala Pro Ile Pro His
165 170 175
Pro Arg Asn Val Gln Asn Ala Ser Gly Ser Pro Pro Lys Pro Tyr Val

180 185 190
Ile Lys Pro Ala Ile Asn Gln Val Tyr Leu Phe Pro Glu Arg Ala Pro
195 200 205
Lys Pro Pro Pro Ser Ser Gln Asp Trp Gln Gln Glu Tyr Glu Ala Cys
210 215 220
Ala Ala Trp Asp Arg Pro Pro Arg Tyr Asn Leu Ser Ser Pro Pro Phe
225 230 235 240
Tyr Pro Ser Cys Pro Ser Lys Phe Cys Val Lys Phe Ser Leu Gly Phe

245 250 255
Lys

<210> 13
<211> 150
<212> PRT
<213> Torque teno virus
<400> 13
Met Ser Trp Arg Pro Pro Val His Asp Ala Pro Gly Ile Glu Arg Asn

1 5 10 15

Cys Arg Gly Arg Val Pro Arg Ala Arg Lys Arg Leu Val Phe Arg Gly

20 25 30

Arg Lys Val Ala Ser Leu Cys Arg Arg Ala Asp Ala Gly Gly Asp Ser

35 40 45

Thr Pro Pro Gln Ala Thr Thr Gln Arg Ala Thr Ala Ala Pro Ala Ala

50 55 60

Ala Pro Ile Pro His Pro Arg Asn Val Gln Asn Ala Ser Gly Ser Pro

65 70 75 80

Pro Lys Pro Tyr Val Ile Lys Pro Ala Ile Asn Gln Val Tyr Leu Phe

85 90 95

Pro Glu Arg Ala Pro Lys Pro Pro Pro Ser Ser Gln Asp Trp Gln Gln

100 105 110

Glu Tyr Glu Ala Cys Ala Ala Trp Asp Arg Pro Pro Arg Tyr Asn Leu

115 120 125

Ser Ser Pro Pro Phe Tyr Pro Ser Cys Pro Ser Lys Phe Cys Val Lys

130 135 140

Phe Ser Leu Gly Phe Lys

145 150

<210> 14

<211> 746

<212> PRT

<213> Torque teno virus

<400> 14

Met Ala Trp Gly Trp Trp Arg Trp Arg Arg Arg Trp Pro Ala Arg Arg

1 5 10 15

Trp Arg Arg Arg Arg Arg Arg Arg Pro Val Arg Arg Thr Arg Ala Arg

20 25 30

Arg Pro Ala Arg Arg Tyr Arg Arg Arg Arg Thr Val Arg Thr Arg Arg

35 40 45

Arg Arg Trp Gly Arg Arg Arg Tyr Arg Arg Gly Trp Arg Arg Arg Thr

50 55 60

Tyr Val Arg Lys Gly Arg His Arg Lys Lys Lys Lys Arg Leu Ile Leu
65 70 75 80

Arg Gln Trp Gln Pro Ala Thr Arg Arg Arg Cys Thr Ile Thr Gly Tyr
85 90 95

Leu Pro Ile Val Phe Cys Gly His Thr Arg Gly Asn Lys Asn Tyr Ala
100 105 110

Leu His Ser Asp Asp Tyr Thr Pro Gln Gly Gln Pro Phe Gly Gly Ala
115 120 125

Leu Ser Thr Thr Ser Phe Ser Leu Lys Val Leu Phe Asp Gln His Gln
130 135 140

Arg Gly Leu Asn Lys Trp Ser Phe Pro Asn Asp Gln Leu Asp Leu Ala
145 150 155 160

Arg Tyr Arg Gly Cys Lys Phe Ile Phe Tyr Arg Thr Lys Gln Thr Asp
165 170 175

Trp Val Gly Gln Tyr Asp Ile Ser Glu Pro Tyr Lys Leu Asp Lys Tyr
180 185 190

Ser Cys Pro Asn Tyr His Pro Gly Asn Met Ile Lys Ala Lys His Lys
195 200 205

Phe Leu Ile Pro Ser Tyr Asp Thr Asn Pro Arg Gly Arg Gln Lys Ile
210 215 220

Ile Val Lys Ile Pro Pro Pro Asp Leu Phe Val Asp Lys Trp Tyr Thr
225 230 235 240

Gln Glu Asp Leu Cys Ser Val Asn Leu Val Ser Leu Ala Val Ser Ala
245 250 255

Ala Ser Phe Leu His Pro Phe Gly Ser Pro Gln Thr Asp Asn Pro Cys
260 265 270

Tyr Thr Phe Gln Val Leu Lys Glu Phe Tyr Tyr Gln Ala Ile Gly Phe
275 280 285

Ser Ala Ser Thr Gln Ala Met Thr Ser Val Leu Asp Thr Leu Tyr Thr
290 295 300

Gln Asn Ser Tyr Trp Glu Ser Asn Leu Thr Gln Phe Tyr Val Leu Asn

305 310 315 320

Ala Lys Lys Gly Ser Asp Thr Thr Gln Pro Leu Thr Ser Asn Met Pro

325 330 335

Thr Arg Glu Glu Phe Met Ala Lys Lys Asn Thr Asn Tyr Asn Trp Tyr

340 345 350

Thr Tyr Lys Ala Ala Ser Val Lys Asn Lys Leu His Gln Met Arg Gln

355 360 365

Thr Tyr Phe Glu Glu Leu Thr Ser Lys Gly Pro Gln Thr Thr Lys Ser

370 375 380

Glu Glu Gly Tyr Ser Gln His Trp Thr Thr Pro Ser Thr Asn Ala Tyr

385 390 395 400

Glu Tyr His Leu Gly Met Phe Ser Ala Ile Phe Leu Ala Pro Asp Arg

405 410 415

Pro Val Pro Arg Phe Pro Cys Ala Tyr Gln Asp Val Thr Tyr Asn Pro

420 425 430

Leu Met Asp Lys Gly Val Gly Asn His Ile Trp Phe Gln Tyr Asn Thr

435 440 445

Lys Ala Asp Thr Gln Leu Ile Val Thr Gly Gly Ser Cys Lys Ala His

450 455 460

Ile Gln Asp Ile Pro Leu Trp Ala Ala Phe Tyr Gly Tyr Ser Asp Phe

465 470 475 480

Ile Glu Ser Glu Leu Gly Pro Phe Val Asp Ala Glu Thr Val Gly Leu

485 490 495

Val Cys Val Ile Cys Pro Tyr Thr Lys Pro Pro Met Tyr Asn Lys Thr

500 505 510

Asn Pro Ala Met Gly Tyr Val Phe Tyr Asp Arg Asn Phe Gly Asp Gly

515 520 525

Lys Trp Thr Asp Gly Arg Gly Lys Ile Glu Pro Tyr Trp Gln Val Arg

530 535 540

Trp Arg Pro Glu Met Leu Phe Gln Glu Thr Val Met Ala Asp Leu Val

545 550 555 560

Gln Thr Gly Pro Phe Ser Tyr Lys Asp Glu Leu Lys Asn Ser Thr Leu
565 570 575
Val Cys Lys Tyr Lys Phe Tyr Phe Thr Trp Gly Gly Asn Met Met Phe
580 585 590

Gln Gln Thr Ile Lys Asn Pro Cys Lys Thr Asp Gly Gln Pro Thr Asp
595 600 605
Ser Ser Arg His Pro Arg Gly Ile Gln Val Ala Asp Pro Glu Gln Met
610 615 620
Gly Pro Arg Trp Val Phe His Ser Phe Asp Trp Arg Arg Gly Tyr Leu
625 630 635 640
Ser Glu Lys Ala Leu Lys Arg Leu Gln Glu Lys Pro Leu Asp Tyr Asp
645 650 655

Glu Tyr Phe Thr Gln Pro Lys Arg Pro Arg Ile Phe Pro Pro Thr Glu
660 665 670
Ser Ala Glu Gly Glu Phe Arg Glu Pro Glu Lys Gly Ser Tyr Ser Glu
675 680 685
Glu Glu Arg Ser Gln Ala Ser Ala Glu Glu Gln Thr Gln Glu Ala Thr
690 695 700
Val Leu Leu Leu Lys Arg Arg Leu Arg Glu Gln Gln Gln Leu Gln Gln
705 710 715 720

Gln Leu Gln Phe Leu Thr Arg Glu Met Phe Lys Thr Gln Ala Gly Leu
725 730 735
His Leu Asn Pro Met Leu Leu Asn Gln Arg
740 745

<210> 15
<211> 195
<212> PRT
<213> Torque teno virus
<400> 15
Met Ala Trp Gly Trp Trp Arg Trp Arg Arg Arg Trp Pro Ala Arg Arg
1 5 10 15
Trp Arg Arg Arg Arg Arg Arg Arg Pro Val Arg Arg Thr Arg Ala Arg

20 25 30

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

Leu Gln Glu Lys Pro Leu Asp Tyr Asp Glu Tyr Phe Thr Gln Pro Lys
100 105 110
Arg Pro Arg Ile Phe Pro Pro Thr Glu Ser Ala Glu Gly Glu Phe Arg
115 120 125
Glu Pro Glu Lys Gly Ser Tyr Ser Glu Glu Glu Arg Ser Gln Ala Ser
130 135 140
Ala Glu Glu Gln Thr Gln Glu Ala Thr Val Leu Leu Leu Lys Arg Arg
145 150 155 160

Leu Arg Glu Gln Gln Gln Leu Gln Gln Gln Leu Gln Phe Leu Thr Arg
165 170 175
Glu Met Phe Lys Thr Gln Ala Gly Leu His Leu Asn Pro Met Leu Leu
180 185 190
Asn Gln Arg
195

<210> 16
<211> 107
<212> PRT
<213> Torque teno virus
<400> 16

Met Ala Trp Gly Trp Trp Arg Trp Arg Arg Arg Trp Pro Ala Arg Arg
1 5 10 15
Trp Arg Arg Arg Arg Arg Arg Arg Pro Val Arg Arg Thr Arg Ala Arg

20 25 30

Arg Pro Ala Arg Arg Tyr Arg Arg Arg Arg Thr Gln Arg Glu Ser Ser

35 40 45

Glu Ser Pro Lys Lys Ala Arg Ile Gln Arg Lys Lys Gly Arg Lys Pro

50 55 60

Leu Pro Lys Ser Arg Arg Arg Arg Arg Gln Tyr Ser Ser Ser Ser Asp

65 70 75 80

Asp Ser Glu Ser Asn Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ser Asn Ser Ser Pro

85 90 95

Glu Lys Cys Ser Lys Arg Lys Arg Val Ser Thr

100 105

<210> 17

<211> 3753

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 17

tgctacgtca ctaacccacg tgtcctctac aggccaatcg cagtctatgt cgtgcacttc 60

ctgggcatgg tctacataat tatataaatg cttgcacttc cgaatggctg agtttttgct 120

gcccgtccgc ggagaggagc cacggcaggg gatccgaacg tcctgagggc gggtgccgga 180

ggtgagttta cacaccgaag tcaaggggca attcgggctc aggactggcc gggctttggg 240

caaggctctt aaaaatgcac ttttctcgaa taagcagaaa gaaaaggaaa gtgctactgc 300

tttgcgtgcc agcagctaag aaaaaaccaa ctgctatgag cttctggaaa cctccggtac 360

acaatgtcac ggggatccaa cgcatgtggt atgagtcctt tcaccgtggc cacgcttctt 420

tttgtggttg tgggaatcct atacttcaca ttactgcact tgctgaaaca tatggccatc 480

caacaggccc gagaccttct gggccaccgg gagtagaccc caacccccac atccgtagag 540

ccaggcctgc cccggccgct ccggagccct cacaggttga ttcgagacca gccctgacat 600

ggcatgggga tggtggaagc gacggaggcg ctggtggttc cggaagcggt ggacccgtgg 660

cagacttcgc agacgatggc ctcgatcagc tcgtcgccgc cctagacgac gaagagtaag 720

gaggcgcaga cggtggagga gggggagacg aaaaacaagg acttacagac gcaggagacg 780

ctttagacgc aggggacgaa aagcaaaact tataataaaa ctgtggcaac ctgcagtaat 840

taaaagatgc agaataaagg gatacatacc actgattata agtgggaacg gtacctttgc 900

cacaaacttt accagtcaca taaatgacag aataatgaaa ggccccttcg ggggaggaca 960

cagcactatg aggttcagcc tctacatttt gtttgaggag cacctcagac acatgaactt 1020

ctggaccaga agcaacgata acctagagct aaccagatac ttgggggctt cagtaaaaat 1080

atacaggcac ccagaccaag actttatagt aatatacaac agaagaaccc ctctaggagg 1140

caacatctac acagcaccct ctctacaccc aggcaatgcc attttagcaa aacacaaaat 1200

attagtacca agtttacaga caagaccaaa gggtagaaaa gcaattagac taagaatagc 1260

acccccaca ctctttacag acaagtggta ctttcaaaag gacatagccg acctcaccct 1320

tttcaacatc atggcagttg aggctgactt gcggtttccg ttctgctcac cacaaactga 1380

caacacttgc atcagcttcc aggtccttag ttccgtttac aacaactacc tcagtattaa 1440

tacctttaat aatgacaact cagactcaaa gttaaaagaa tttttaaata aagcatttcc 1500

aacaacaggc acaaaaggaa caagtttaaa tgcactaaat acatttagaa cagaaggatg 1560

cataagtcac ccacaactaa aaaaaccaaa cccacaaata aacaaaccat tagagtcaca 1620

atactttgca cctttagatg ccctctgggg agaccccata tactataatg atctaaatga 1680

aaacaaaagt ttgaacgata tcattgagaa aatactaata aaaaacatga ttacatacca 1740

tgcaaaacta agagaatttc caaattcata ccaaggaaac aaggcctttt gccacctaac 1800

aggcatatac agcccaccat acctaaacca aggcagaata tctccagaaa tatttggact 1860

gtacacagaa ataatttaca acccttacac agacaaagga actggaaaca aagtatggat 1920

ggacccacta actaaagaga acaacatata taaagaagga cagagcaaat gcctactgac 1980

tgacatgccc ctatggactt tacttttgg atatacagac tggtgtaaaa aggacactaa 2040

taactgggac ttaccactaa actacagact agtactaata tgcccttata cctttccaaa 2100

attgtacaat gaaaaagtaa aagactatgg gtacatcccg tactcctaca aattcggagc 2160

gggtcagatg ccagacggca gcaactacat acccttttcag tttagagcaa agtggtaccc 2220

cacagtacta caccagcaac aggtaatgga ggacataagc aggagcgggc cctttgcacc 2280

taaggtagaa aaaccaagca ctcagctggt aatgaagtac tgttttaact ttaactgggg 2340

cggtaaccct atcattgaac agattgttaa agaccccagc ttccagccca cctatgaaat 2400

acccggtacc ggtaacatcc ctagaagaat acaagtcatc gacccgcggg tcctgggacc 2460

gcactactcg ttccggtcat gggacatgcg cagacacaca tttagcagag caagtattaa 2520

gagagtgtca gaacaacaag aaacttctga ccttgtattc tcaggcccaa aaaagcctcg 2580

ggtcgacatc ccaaaacaag aaacccaaga agaaagctca cattcactcc aaagagaatc 2640

gagaccgtgg gagaccgagg aagaaagcga gacagaagcc ctctcgcaag agagccaaga 2700

ggtccccttc caacagcagt tgcagcagca gtaccaagag cagctcaagc tcagacaggg 2760

aatcaaagtc ctcttcgagc agctcataag gacccaacaa ggggtccatg taaacccatg 2820
cctacggtag gtcccaggca gtggctgttt ccagagagaa agccagcccc agctcctagc 2880
agtggagact gggccatgga gtttctcgca gcaaaaatat ttgataggcc agttagaagc 2940
aaccttaaag ataccccta ctacccatat gttaaaaacc aatacaatgt ctactttgac 3000
cttaaatttg aataaacagc agcttcaaac ttgcaaggcc gtgggagttt cactggtcgg 3060
tgtctacctc taaaggtcac taagcactcc gagcgtaagc gaggagtgcg accctccccc 3120
ctggaacaac ttcttcggag tccggcgcta cgccttcggc tgcgccggac acctcagacc 3180

ccccctccac ccgaaacgct tgcgcgtttc ggaccttcgg cgtcgggggg gtcgggagct 3240
ttattaaacg gactccgaag tgctcttgga cactgagggg gtgaacagca acgaaagtga 3300
gtggggccag acttcgccat aaggccttta tcttcttgcc atttgtcagt gtccggggtc 3360
gccataggct tcgggctcgt ttttaggcct tccggactac aaaaatcgcc attttggtga 3420
cgtcacggcc gccatcttaa gtagttgagg cggacggtgg cgtgagttca aaggtcacca 3480
tcagccacac ctactcaaaa tggtggacaa tttcttccgg gtcaaaggtt acagccgcca 3540
tgttaaaaca cgtgacgtat gacgtcacgg ccgccatttt gtgacacaag atggccgact 3600

tccttcctct ttttcaaaaa aaagcggaag tgccgccgcg gcggcggggg gcggcgcgct 3660
gcgcgcgccg cccagtaggg ggagccatgc gccccccccc gcgcatgcgc ggggcccccc 3720
cccgcggggg gctccgcccc ccggcccccc ccg 3753

<210> 18
<211> 127
<212> PRT
<213> Torque teno virus
<400> 18

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

Gly Asn Pro Ile Leu His Ile Thr Ala Leu Ala Glu Thr Tyr Gly His
35 40 45
Pro Thr Gly Pro Arg Pro Ser Gly Pro Pro Gly Val Asp Pro Asn Pro
50 55 60

His Ile Arg Arg Ala Arg Pro Ala Pro Ala Ala Pro Glu Pro Ser Gln
65 70 75 80
Val Asp Ser Arg Pro Ala Leu Thr Trp His Gly Asp Gly Gly Ser Asp
85 90 95

Gly Gly Ala Gly Gly Ser Gly Ser Gly Gly Pro Val Ala Asp Phe Ala
100 105 110
Asp Asp Gly Leu Asp Gln Leu Val Ala Ala Leu Asp Asp Glu Glu
115 120 125

<210> 19
<211> 268
<212> PRT
<213> Torque teno virus
<400> 19

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

Thr Ser Leu Glu Glu Tyr Lys Ser Ser Thr Arg Gly Ser Trp Asp Arg

145 150 155 160

Thr Thr Arg Ser Gly His Gly Thr Cys Ala Asp Thr His Leu Ala Glu

165 170 175

Gln Val Leu Arg Glu Cys Gln Asn Asn Lys Lys Leu Leu Thr Leu Tyr

180 185 190

Ser Gln Ala Gln Lys Ser Leu Gly Ser Thr Ser Gln Asn Lys Lys Pro

195 200 205

Lys Lys Lys Ala His Ile His Ser Lys Glu Asn Arg Asp Arg Gly Arg

210 215 220

Pro Arg Lys Lys Ala Arg Gln Lys Pro Ser Arg Lys Arg Ala Lys Arg

225 230 235 240

Ser Pro Ser Asn Ser Ser Cys Ser Ser Ser Thr Lys Ser Ser Ser Ser

245 250 255

Ser Asp Arg Glu Ser Lys Ser Ser Ser Ser Ser Ser

260 265

<210> 20

<211> 276

<212> PRT

<213> Torque teno virus

<400> 20

Met Ser Phe Trp Lys Pro Pro Val His Asn Val Thr Gly Ile Gln Arg

1 5 10 15

Met Trp Tyr Glu Ser Phe His Arg Gly His Ala Ser Phe Cys Gly Cys

20 25 30

Gly Asn Pro Ile Leu His Ile Thr Ala Leu Ala Glu Thr Tyr Gly His

35 40 45

Pro Thr Gly Pro Arg Pro Ser Gly Pro Pro Gly Val Asp Pro Asn Pro

50 55 60

His Ile Arg Arg Ala Arg Pro Ala Pro Ala Ala Pro Glu Pro Ser Gln

65 70 75 80

Val Asp Ser Arg Pro Ala Leu Thr Trp His Gly Asp Gly Gly Ser Asp
85 90 95
Gly Gly Ala Gly Gly Ser Gly Ser Gly Gly Pro Val Ala Asp Phe Ala
100 105 110
Asp Asp Gly Leu Asp Gln Leu Val Ala Ala Leu Asp Asp Glu Glu Pro
115 120 125
Lys Lys Ala Ser Gly Arg His Pro Lys Thr Arg Asn Pro Arg Arg Lys

130 135 140
Leu Thr Phe Thr Pro Lys Arg Ile Glu Thr Val Gly Asp Arg Gly Arg
145 150 155 160
Lys Arg Asp Arg Ser Pro Leu Ala Arg Glu Pro Arg Gly Pro Leu Pro
165 170 175
Thr Ala Val Ala Ala Ala Val Pro Arg Ala Ala Gln Ala Gln Thr Gly
180 185 190
Asn Gln Ser Pro Leu Arg Ala Ala His Lys Asp Pro Thr Arg Gly Pro

195 200 205
Cys Lys Pro Met Pro Thr Val Gly Pro Arg Gln Trp Leu Phe Pro Glu
210 215 220
Arg Lys Pro Ala Pro Ala Pro Ser Ser Gly Asp Trp Ala Met Glu Phe
225 230 235 240
Leu Ala Ala Lys Ile Phe Asp Arg Pro Val Arg Ser Asn Leu Lys Asp
245 250 255
Thr Pro Tyr Tyr Pro Tyr Val Lys Asn Gln Tyr Asn Val Tyr Phe Asp

260 265 270
Leu Lys Phe Glu
275

<210> 21
<211> 167
<212> PRT
<213> Torque teno virus
<400> 21
Met Ser Phe Trp Lys Pro Pro Val His Asn Val Thr Gly Ile Gln Arg

1 5 10 15

Met Trp Pro Lys Lys Ala Ser Gly Arg His Pro Lys Thr Arg Asn Pro

20 25 30

Arg Arg Lys Leu Thr Phe Thr Pro Lys Arg Ile Glu Thr Val Gly Asp

35 40 45

Arg Gly Arg Lys Arg Asp Arg Ser Pro Leu Ala Arg Glu Pro Arg Gly

50 55 60

Pro Leu Pro Thr Ala Val Ala Ala Ala Val Pro Arg Ala Ala Gln Ala

65 70 75 80

Gln Thr Gly Asn Gln Ser Pro Leu Arg Ala Ala His Lys Asp Pro Thr

85 90 95

Arg Gly Pro Cys Lys Pro Met Pro Thr Val Gly Pro Arg Gln Trp Leu

100 105 110

Phe Pro Glu Arg Lys Pro Ala Pro Ala Pro Ser Ser Gly Asp Trp Ala

115 120 125

Met Glu Phe Leu Ala Ala Lys Ile Phe Asp Arg Pro Val Arg Ser Asn

130 135 140

Leu Lys Asp Thr Pro Tyr Tyr Pro Tyr Val Lys Asn Gln Tyr Asn Val

145 150 155 160

Tyr Phe Asp Leu Lys Phe Glu

165

<210> 22

<211> 743

<212> PRT

<213> Torque teno virus

<400> 22

Met Ala Trp Gly Trp Trp Lys Arg Arg Arg Arg Trp Trp Phe Arg Lys

1 5 10 15

Arg Trp Thr Arg Gly Arg Leu Arg Arg Arg Trp Pro Arg Ser Ala Arg

20 25 30

Arg Arg Pro Arg Arg Arg Arg Val Arg Arg Arg Arg Arg Trp Arg Arg

35 40 45

Gly Arg Arg Lys Thr Arg Thr Tyr Arg Arg Arg Arg Arg Phe Arg Arg
50 55 60

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

Tyr Ile Leu Phe Glu Glu His Leu Arg His Met Asn Phe Trp Thr Arg
130 135 140
Ser Asn Asp Asn Leu Glu Leu Thr Arg Tyr Leu Gly Ala Ser Val Lys
145 150 155 160
Ile Tyr Arg His Pro Asp Gln Asp Phe Ile Val Ile Tyr Asn Arg Arg
165 170 175
Thr Pro Leu Gly Gly Asn Ile Tyr Thr Ala Pro Ser Leu His Pro Gly
180 185 190

Asn Ala Ile Leu Ala Lys His Lys Ile Leu Val Pro Ser Leu Gln Thr
195 200 205
Arg Pro Lys Gly Arg Lys Ala Ile Arg Leu Arg Ile Ala Pro Pro Thr
210 215 220
Leu Phe Thr Asp Lys Trp Tyr Phe Gln Lys Asp Ile Ala Asp Leu Thr
225 230 235 240
Leu Phe Asn Ile Met Ala Val Glu Ala Asp Leu Arg Phe Pro Phe Cys
245 250 255

Ser Pro Gln Thr Asp Asn Thr Cys Ile Ser Phe Gln Val Leu Ser Ser
260 265 270
Val Tyr Asn Asn Tyr Leu Ser Ile Asn Thr Phe Asn Asn Asp Asn Ser
275 280 285
Asp Ser Lys Leu Lys Glu Phe Leu Asn Lys Ala Phe Pro Thr Thr Gly

290 295 300

Thr Lys Gly Thr Ser Leu Asn Ala Leu Asn Thr Phe Arg Thr Glu Gly
305 310 315 320

Cys Ile Ser His Pro Gln Leu Lys Lys Pro Asn Pro Gln Ile Asn Lys
325 330 335

Pro Leu Glu Ser Gln Tyr Phe Ala Pro Leu Asp Ala Leu Trp Gly Asp
340 345 350

Pro Ile Tyr Tyr Asn Asp Leu Asn Glu Asn Lys Ser Leu Asn Asp Ile
355 360 365

Ile Glu Lys Ile Leu Ile Lys Asn Met Ile Thr Tyr His Ala Lys Leu
370 375 380

Arg Glu Phe Pro Asn Ser Tyr Gln Gly Asn Lys Ala Phe Cys His Leu
385 390 395 400

Thr Gly Ile Tyr Ser Pro Pro Tyr Leu Asn Gln Gly Arg Ile Ser Pro
405 410 415

Glu Ile Phe Gly Leu Tyr Thr Glu Ile Ile Tyr Asn Pro Tyr Thr Asp
420 425 430

Lys Gly Thr Gly Asn Lys Val Trp Met Asp Pro Leu Thr Lys Glu Asn
435 440 445

Asn Ile Tyr Lys Glu Gly Gln Ser Lys Cys Leu Leu Thr Asp Met Pro
450 455 460

Leu Trp Thr Leu Leu Phe Gly Tyr Thr Asp Trp Cys Lys Lys Asp Thr
465 470 475 480

Asn Asn Trp Asp Leu Pro Leu Asn Tyr Arg Leu Val Leu Ile Cys Pro
485 490 495

Tyr Thr Phe Pro Lys Leu Tyr Asn Glu Lys Val Lys Asp Tyr Gly Tyr
500 505 510

Ile Pro Tyr Ser Tyr Lys Phe Gly Ala Gly Gln Met Pro Asp Gly Ser
515 520 525

Asn Tyr Ile Pro Phe Gln Phe Arg Ala Lys Trp Tyr Pro Thr Val Leu
530 535 540

His Gln Gln Gln Val Met Glu Asp Ile Ser Arg Ser Gly Pro Phe Ala
545 550 555 560
Pro Lys Val Glu Lys Pro Ser Thr Gln Leu Val Met Lys Tyr Cys Phe
565 570 575

Asn Phe Asn Trp Gly Gly Asn Pro Ile Ile Glu Gln Ile Val Lys Asp
580 585 590
Pro Ser Phe Gln Pro Thr Tyr Glu Ile Pro Gly Thr Gly Asn Ile Pro
595 600 605
Arg Arg Ile Gln Val Ile Asp Pro Arg Val Leu Gly Pro His Tyr Ser
610 615 620
Phe Arg Ser Trp Asp Met Arg Arg His Thr Phe Ser Arg Ala Ser Ile
625 630 635 640

Lys Arg Val Ser Glu Gln Gln Glu Thr Ser Asp Leu Val Phe Ser Gly
645 650 655
Pro Lys Lys Pro Arg Val Asp Ile Pro Lys Gln Glu Thr Gln Glu Glu
660 665 670
Ser Ser His Ser Leu Gln Arg Glu Ser Arg Pro Trp Glu Thr Glu Glu
675 680 685
Glu Ser Glu Thr Glu Ala Leu Ser Gln Glu Ser Gln Glu Val Pro Phe
690 695 700

Gln Gln Gln Leu Gln Gln Gln Tyr Gln Glu Gln Leu Lys Leu Arg Gln
705 710 715 720
Gly Ile Lys Val Leu Phe Glu Gln Leu Ile Arg Thr Gln Gln Gly Val
725 730 735
His Val Asn Pro Cys Leu Arg
740

<210> 23
<211> 194
<212> PRT
<213> Torque teno virus
<400> 23
Met Ala Trp Gly Trp Trp Lys Arg Arg Arg Arg Trp Trp Phe Arg Lys

1 5 10 15

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

Met Arg Arg His Thr Phe Ser Arg Ala Ser Ile Lys Arg Val Ser Glu
85 90 95
Gln Gln Glu Thr Ser Asp Leu Val Phe Ser Gly Pro Lys Lys Pro Arg
100 105 110
Val Asp Ile Pro Lys Gln Glu Thr Gln Glu Glu Ser Ser His Ser Leu
115 120 125
Gln Arg Glu Ser Arg Pro Trp Glu Thr Glu Glu Glu Ser Glu Thr Glu
130 135 140

Ala Leu Ser Gln Glu Ser Gln Glu Val Pro Phe Gln Gln Gln Leu Gln
145 150 155 160
Gln Gln Tyr Gln Glu Gln Leu Lys Leu Arg Gln Gly Ile Lys Val Leu
165 170 175
Phe Glu Gln Leu Ile Arg Thr Gln Gln Gly Val His Val Asn Pro Cys
180 185 190
Leu Arg

<210> 24
<211> 113
<212> PRT
<213> Torque teno virus
<400> 24
Met Ala Trp Gly Trp Trp Lys Arg Arg Arg Arg Trp Trp Phe Arg Lys

1 5 10 15

Arg Trp Thr Arg Gly Arg Leu Arg Arg Arg Trp Pro Arg Ser Ala Arg

20 25 30

Arg Arg Pro Arg Arg Arg Arg Ala Gln Lys Ser Leu Gly Ser Thr Ser

35 40 45

Gln Asn Lys Lys Pro Lys Lys Lys Ala His Ile His Ser Lys Glu Asn

50 55 60

Arg Asp Arg Gly Arg Pro Arg Lys Lys Ala Arg Gln Lys Pro Ser Arg

65 70 75 80

Lys Arg Ala Lys Arg Ser Pro Ser Asn Ser Ser Cys Ser Ser Ser Thr

85 90 95

Lys Ser Ser Ser Ser Ser Asp Arg Glu Ser Lys Ser Ser Ser Ser Ser

100 105 110

Ser

<210> 25

<211> 3853

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 25

ggcttagtgc gtcaccaccc acgtgacccg cctccgccaa ttaacaggta cttcgtacac 60

ttcctgggcg ggcttataag actaatataa gtagctgcac ttccgaatgg ctgagttttc 120

cacgcccgtc cgcagcggtg aagccacgga gggagctcag cgcgtcccga gggcgggtgc 180

cggaggtgag tttacacacc gcagtcaagg ggcaattcgg gctcgggact ggccgggctt 240

tgggcaaggc tcttaaaaaa gctatgttta ttggcaggca ctaccgaaag aaaagggcgc 300

tgctactgct atctgtgcat tctacaaaga caaaagggaa acttctaata gctatgtgga 360

ctcccccacg caatgatcaa caatacctta actggcaatg gtacacttct gtacttagct 420

cccactctgc tatgtgcggg tgttccgacg ctatcgctca tcttaatcat cttgctaatc 480

tgcttcgtgc cccgcaaaat ccgcccccgc ctgataatcc aagaccccta cccgtgcgag 540

cactgcctgc tcccccggct gcccacgagg cagccggtga tcgagcacca tggcctatgg 600

gtggtggagg agacgccgga ggcgctggcg caggtggaga cgccgaccat ggaggcgccg 660

ctggaggacc cgcagacgca gacctgctag acgccgtggc cgccgcagaa acgtaaggag 720

acggcgcaga gggaggtgga gaaggaggta caggaggtgg aaaagaaagg gcagacgtag 780

aagaaaagca aaaataataa taagacagtg gcagccaaac tacagaagaa gatgtaatat 840

agtgggctac ctccctatac ttatctgtgg tggaaatact gtttctagaa actatgccac 900

acactcagac gatactaact atccaggacc ctttggggga ggcatgacca cagacaaatt 960

cagccttaga atactatatg atgaatacaa aagatttatg aactactgga cagcctcaaa 1020

tgaggaccta gatctctgta gatatctagg atgcactttt tacttcttta gacaccctga 1080

agtagacttt attataaaaa taaacaccat gcccccattc ttagatacaa ccataacagc 1140

acctagcata cacccaggcc tcatggccct agacaaaaga gccagatgga ttccttctct 1200

taaaaataga ccaggtaaaa aacactatat aaaaattaga gtaggggctc ctaaaatgtt 1260

cacagataaa tggtaccctc aaacagacct ctgtgacatg acactgctaa ctatctatgc 1320

aaccgcagcg gatatgcaat atccgttcgg ctcaccacta actgacactg tggttgttaa 1380

ctcccaagtt ctgcaatcca tgtatgatga aacaattagc atattacctg atgaaaaaac 1440

taaaagaaat agccttctta cttctataag aagctacata ccttttttata atactacaca 1500

aacaatagct caattaaaac catttgtaga tgcaggagga cacacaacag gctcaacaac 1560

aactacatgg ggacaactat taaacacaac taaatttacc actaccacaa caaccacata 1620

cacataccct ggcaccacaa atacagcagt aacatttata acagccaatg atacctggta 1680

caggggaaca gcatataaag ataacattaa agatgtacca caaaaagcag cacaattata 1740

ctttcaaaca acacaaaaac tactaggaaa cacattccat ggctcagatg aaacacttga 1800

ataccatgca ggcctataca gctctatctg gctatcacca ggtagatcct actttgaaac 1860

accaggtgca tacacagaca ttaaatataa ccctttttaca gacagaggag aaggcaacat 1920

gctgtggata gactggctaa gtaaaaaaaa catgaaatat gacaaagtgc aaagtaagtg 1980

cctagtagca gacctaccac tgtgggcagc agcatatggt tatgtagaat tctgctctaa 2040

aagcacagga gacacaaaca tacacatgaa tgccagacta ctaataagaa gtccttttac 2100

agacccccag ctaatagtac acacagaccc cactaaaggc tttgtaccct attctttaaa 2160

ctttggaaat ggtaaaatgc caggaggtag cagcaatgtt cccataagaa tgagagctaa 2220

gtggtacccc actttatccc accaacaaga agttctagag gccttagcac agtcaggacc 2280

ctttgcttat cactcagaca ttaaaaaagt atctctaggc ataaaatacc gttttaagtg 2340

gatctggggt ggaaaccccg ttcgccaaca ggttgttaga aatccctgca aggaacccca 2400

ctcctcgggc aatagagtcc ctagaagcat acaaatcgtt gacccgagat acaactcacc 2460

ggaacttacc atccatgcct gggacttcag acgtggcttc tttggcccga aagctattca 2520

aagaatgcaa caacaaccaa ctgctactga atttttttca gcaggccgca agagacccag 2580

aagggacaca gaagtgtatc agtccgacca agaaaaggag caaaaagaaa gctcgctttt 2640

cccccccagtc aagctcctcc gaagagtccc cccgtgggag gactcggaac aggagcaaag 2700
cgggtcgcaa agctcagagg aagagacggc gaccctctcc cagcagctca aacagcagct 2760
gcagcagcag cgagtcttgg gagtcaaact cagactcctg ttcaaccaag tccaaaaaat 2820
ccaacaaaat caagatatca accctacctt gttaccaagg gggggggatc tagtatcctt 2880
ctttcaggct gtaccataaa tatgtttcca gaccctaaac cttactgccc ctccagcaat 2940
gactggaaag aagagtatga ggcctgtaaa tattgggata gacctcccag acacaacctt 3000
agagaccccc ccttttaccc ctgggcccct aaaaacaatc cttgcaatgt aagctttaaa 3060

cttggcttca aataaactag gccgtgggag tttcacttgt cggtgtctac ctctataagt 3120
cactaagcac tccgagcgca gcgaggagtg cgacccttcc ccctggtgca acgccctcgg 3180
cggccgcgcg ctacgccttc ggctgcgcgc ggcacctcgg acccccgctc gtgctgacac 3240
gcttgcgcgt gtcagaccac ttcgggctcg cgggggtcgg gaaatttgct aaacagactc 3300
cgagttgcca ttggacactg tagctatgaa tcagtaacga aagtgagtgg ggccagactt 3360
cgccataagg cctttatctt cttgccattt gtcagtattg ggggtcgcca taaactttgg 3420
gctccatttt aggccttccg gactacaaaa atcgccatat ttgtgacgtc agagccgcca 3480

ttttaagtca gctctgggga ggcgtgactt ccagttcaaa ggtcatcctc accataactg 3540
gcacaaaatg gccgccaact tcttccgggt caaaggtcac tgctacgtca taggtgacgt 3600
ggggggggac ctacttaaac acggaagtag gccccgacac gtcactgtca cgtgacagta 3660
cgtcacagcc gccattttgt tttacaaaat agccgacttc cttcctcttt tttaaaaaaa 3720
ggcgccaaaa aaccgtcggc ggggggggccg cgcgctgcgc gcgcggcccc cgggggaggc 3780
acagcctccc ccccccgcgc gcatgcgcgc gggtcccccc ccctccgggg ggctccgccc 3840
cccggccccc ccc 3853

<210> 26
<211> 120
<212> PRT
<213> Torque teno virus
<400> 26
Met Trp Thr Pro Pro Arg Asn Asp Gln Gln Tyr Leu Asn Trp Gln Trp
1 5 10 15
Tyr Thr Ser Val Leu Ser Ser His Ser Ala Met Cys Gly Cys Ser Asp
20 25 30

Ala Ile Ala His Leu Asn His Leu Ala Asn Leu Leu Arg Ala Pro Gln
35 40 45
Asn Pro Pro Pro Pro Asp Asn Pro Arg Pro Leu Pro Val Arg Ala Leu

50 55 60
Pro Ala Pro Pro Ala Ala His Glu Ala Ala Gly Asp Arg Ala Pro Trp
65 70 75 80
Pro Met Gly Gly Gly Gly Asp Ala Gly Gly Ala Gly Ala Gly Gly Asp
85 90 95
Ala Asp His Gly Gly Ala Ala Gly Gly Pro Ala Asp Ala Asp Leu Leu
100 105 110
Asp Ala Val Ala Ala Ala Glu Thr
115 120

<210> 27
<211> 286
<212> PRT
<213> Torque teno virus
<400> 27
Met Trp Thr Pro Pro Arg Asn Asp Gln Gln Tyr Leu Asn Trp Gln Trp
1 5 10 15
Tyr Thr Ser Val Leu Ser Ser His Ser Ala Met Cys Gly Cys Ser Asp
20 25 30
Ala Ile Ala His Leu Asn His Leu Ala Asn Leu Leu Arg Ala Pro Gln
35 40 45
Asn Pro Pro Pro Pro Asp Asn Pro Arg Pro Leu Pro Val Arg Ala Leu

50 55 60
Pro Ala Pro Pro Ala Ala His Glu Ala Ala Gly Asp Arg Ala Pro Trp
65 70 75 80
Pro Met Gly Gly Gly Gly Asp Ala Gly Gly Ala Gly Ala Gly Gly Asp
85 90 95
Ala Asp His Gly Gly Ala Ala Gly Gly Pro Ala Asp Ala Asp Leu Leu
100 105 110

Asp Ala Val Ala Ala Ala Glu Thr Leu Leu Glu Ile Pro Ala Arg Asn

115 120 125

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

130 135 140

Arg Asp Thr Thr His Arg Asn Leu Pro Ser Met Pro Gly Thr Ser Asp

145 150 155 160

Val Ala Ser Leu Ala Arg Lys Leu Phe Lys Glu Cys Asn Asn Asn Gln

165 170 175

Leu Leu Leu Asn Phe Phe Gln Gln Ala Ala Arg Asp Pro Glu Gly Thr

180 185 190

Gln Lys Cys Ile Ser Pro Thr Lys Lys Arg Ser Lys Lys Lys Ala Arg

195 200 205

Phe Ser Pro Gln Ser Ser Ser Ser Glu Glu Ser Pro Arg Gly Arg Thr

210 215 220

Arg Asn Arg Ser Lys Ala Gly Arg Lys Ala Gln Arg Lys Arg Arg Arg

225 230 235 240

Pro Ser Pro Ser Ser Ser Asn Ser Ser Cys Ser Ser Ser Glu Ser Trp

245 250 255

Glu Ser Asn Ser Asp Ser Cys Ser Thr Lys Ser Lys Lys Ser Asn Lys

260 265 270

Ile Lys Ile Ser Thr Leu Pro Cys Tyr Gln Gly Gly Gly Ile

275 280 285

<210> 28

<211> 289

<212> PRT

<213> Torque teno virus

<400> 28

Met Trp Thr Pro Pro Arg Asn Asp Gln Gln Tyr Leu Asn Trp Gln Trp

1 5 10 15

Tyr Thr Ser Val Leu Ser Ser His Ser Ala Met Cys Gly Cys Ser Asp

20 25 30

Ala Ile Ala His Leu Asn His Leu Ala Asn Leu Leu Arg Ala Pro Gln
35 40 45
Asn Pro Pro Pro Pro Asp Asn Pro Arg Pro Leu Pro Val Arg Ala Leu
50 55 60
Pro Ala Pro Pro Ala Ala His Glu Ala Ala Gly Asp Arg Ala Pro Trp
65 70 75 80

Pro Met Gly Gly Gly Gly Asp Ala Gly Gly Ala Gly Ala Gly Gly Asp
85 90 95
Ala Asp His Gly Gly Ala Ala Gly Gly Pro Ala Asp Ala Asp Leu Leu
100 105 110
Asp Ala Val Ala Ala Ala Glu Thr Pro Gln Glu Thr Gln Lys Gly His
115 120 125
Arg Ser Val Ser Val Arg Pro Arg Lys Gly Ala Lys Arg Lys Leu Ala
130 135 140

Phe Pro Pro Ser Gln Ala Pro Pro Lys Ser Pro Pro Val Gly Gly Leu
145 150 155 160
Gly Thr Gly Ala Lys Arg Val Ala Lys Leu Arg Gly Arg Asp Gly Asp
165 170 175
Pro Leu Pro Ala Ala Gln Thr Ala Ala Ala Ala Ala Ala Ser Leu Gly
180 185 190
Ser Gln Thr Gln Thr Pro Val Gln Pro Ser Pro Lys Asn Pro Thr Lys
195 200 205

Ser Arg Tyr Gln Pro Tyr Leu Val Thr Lys Gly Gly Gly Ser Ser Ile
210 215 220
Leu Leu Ser Gly Cys Thr Ile Asn Met Phe Pro Asp Pro Lys Pro Tyr
225 230 235 240
Cys Pro Ser Ser Asn Asp Trp Lys Glu Glu Tyr Glu Ala Cys Lys Tyr
245 250 255
Trp Asp Arg Pro Pro Arg His Asn Leu Arg Asp Pro Pro Phe Tyr Pro
260 265 270

Trp Ala Pro Lys Asn Asn Pro Cys Asn Val Ser Phe Lys Leu Gly Phe

275 280 285

Lys

<210> 29

<211> 185

<212> PRT

<213> Torque teno virus

<400> 29

Met Trp Thr Pro Pro Arg Asn Asp Gln Gln Tyr Leu Asn Trp Gln Trp
1 5 10 15

Pro Gln Glu Thr Gln Lys Gly His Arg Ser Val Ser Val Arg Pro Arg
20 25 30

Lys Gly Ala Lys Arg Lys Leu Ala Phe Pro Pro Ser Gln Ala Pro Pro

35 40 45

Lys Ser Pro Pro Val Gly Gly Leu Gly Thr Gly Ala Lys Arg Val Ala
50 55 60

Lys Leu Arg Gly Arg Asp Gly Asp Pro Leu Pro Ala Ala Gln Thr Ala
65 70 75 80

Ala Ala Ala Ala Ala Ser Leu Gly Ser Gln Thr Gln Thr Pro Val Gln
85 90 95

Pro Ser Pro Lys Asn Pro Thr Lys Ser Arg Tyr Gln Pro Tyr Leu Val

100 105 110

Thr Lys Gly Gly Gly Ser Ser Ile Leu Leu Ser Gly Cys Thr Ile Asn
115 120 125

Met Phe Pro Asp Pro Lys Pro Tyr Cys Pro Ser Ser Asn Asp Trp Lys
130 135 140

Glu Glu Tyr Glu Ala Cys Lys Tyr Trp Asp Arg Pro Pro Arg His Asn
145 150 155 160

Leu Arg Asp Pro Pro Phe Tyr Pro Trp Ala Pro Lys Asn Asn Pro Cys

165 170 175

Asn Val Ser Phe Lys Leu Gly Phe Lys
180 185

<210> 30

<211> 769

<212> PRT

<213> Torque teno virus

<400> 30

Met Ala Tyr Gly Trp Trp Arg Arg Arg Arg Arg Arg Trp Arg Arg Trp
1 5 10 15

Arg Arg Arg Pro Trp Arg Arg Arg Trp Arg Thr Arg Arg Arg Arg Pro
20 25 30

Ala Arg Arg Arg Gly Arg Arg Arg Asn Val Arg Arg Arg Arg Arg Gly

35 40 45

Arg Trp Arg Arg Arg Tyr Arg Arg Trp Lys Arg Lys Gly Arg Arg Arg
50 55 60

Arg Lys Ala Lys Ile Ile Ile Arg Gln Trp Gln Pro Asn Tyr Arg Arg
65 70 75 80

Arg Cys Asn Ile Val Gly Tyr Leu Pro Ile Leu Ile Cys Gly Gly Asn
85 90 95

Thr Val Ser Arg Asn Tyr Ala Thr His Ser Asp Asp Thr Asn Tyr Pro

100 105 110

Gly Pro Phe Gly Gly Gly Met Thr Thr Asp Lys Phe Ser Leu Arg Ile
115 120 125

Leu Tyr Asp Glu Tyr Lys Arg Phe Met Asn Tyr Trp Thr Ala Ser Asn
130 135 140

Glu Asp Leu Asp Leu Cys Arg Tyr Leu Gly Cys Thr Phe Tyr Phe Phe
145 150 155 160

Arg His Pro Glu Val Asp Phe Ile Ile Lys Ile Asn Thr Met Pro Pro

165 170 175

Phe Leu Asp Thr Thr Ile Thr Ala Pro Ser Ile His Pro Gly Leu Met
180 185 190

Ala Leu Asp Lys Arg Ala Arg Trp Ile Pro Ser Leu Lys Asn Arg Pro
195 200 205

Gly Lys Lys His Tyr Ile Lys Ile Arg Val Gly Ala Pro Lys Met Phe

210 215 220

Thr Asp Lys Trp Tyr Pro Gln Thr Asp Leu Cys Asp Met Thr Leu Leu

225 230 235 240

Thr Ile Tyr Ala Thr Ala Ala Asp Met Gln Tyr Pro Phe Gly Ser Pro

245 250 255

Leu Thr Asp Thr Val Val Val Asn Ser Gln Val Leu Gln Ser Met Tyr

260 265 270

Asp Glu Thr Ile Ser Ile Leu Pro Asp Glu Lys Thr Lys Arg Asn Ser

275 280 285

Leu Leu Thr Ser Ile Arg Ser Tyr Ile Pro Phe Tyr Asn Thr Thr Gln

290 295 300

Thr Ile Ala Gln Leu Lys Pro Phe Val Asp Ala Gly Gly His Thr Thr

305 310 315 320

Gly Ser Thr Thr Thr Thr Trp Gly Gln Leu Leu Asn Thr Thr Lys Phe

325 330 335

Thr Thr Thr Thr Thr Thr Thr Tyr Thr Tyr Pro Gly Thr Thr Asn Thr

340 345 350

Ala Val Thr Phe Ile Thr Ala Asn Asp Thr Trp Tyr Arg Gly Thr Ala

355 360 365

Tyr Lys Asp Asn Ile Lys Asp Val Pro Gln Lys Ala Ala Gln Leu Tyr

370 375 380

Phe Gln Thr Thr Gln Lys Leu Leu Gly Asn Thr Phe His Gly Ser Asp

385 390 395 400

Glu Thr Leu Glu Tyr His Ala Gly Leu Tyr Ser Ser Ile Trp Leu Ser

405 410 415

Pro Gly Arg Ser Tyr Phe Glu Thr Pro Gly Ala Tyr Thr Asp Ile Lys

420 425 430

Tyr Asn Pro Phe Thr Asp Arg Gly Glu Gly Asn Met Leu Trp Ile Asp

435 440 445

Trp Leu Ser Lys Lys Asn Met Lys Tyr Asp Lys Val Gln Ser Lys Cys

450 455 460

Leu Val Ala Asp Leu Pro Leu Trp Ala Ala Ala Tyr Gly Tyr Val Glu
465 470 475 480
Phe Cys Ser Lys Ser Thr Gly Asp Thr Asn Ile His Met Asn Ala Arg

485 490 495
Leu Leu Ile Arg Ser Pro Phe Thr Asp Pro Gln Leu Ile Val His Thr
500 505 510
Asp Pro Thr Lys Gly Phe Val Pro Tyr Ser Leu Asn Phe Gly Asn Gly
515 520 525
Lys Met Pro Gly Gly Ser Ser Asn Val Pro Ile Arg Met Arg Ala Lys
530 535 540
Trp Tyr Pro Thr Leu Ser His Gln Gln Glu Val Leu Glu Ala Leu Ala

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

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

675 680 685
Leu Leu Arg Arg Val Pro Pro Trp Glu Asp Ser Glu Gln Glu Gln Ser
690 695 700
Gly Ser Gln Ser Ser Glu Glu Glu Thr Ala Thr Leu Ser Gln Gln Leu

705 710 715 720

Lys Gln Gln Leu Gln Gln Gln Arg Val Leu Gly Val Lys Leu Arg Leu

725 730 735

Leu Phe Asn Gln Val Gln Lys Ile Gln Gln Asn Gln Asp Ile Asn Pro

740 745 750

Thr Leu Leu Pro Arg Gly Gly Asp Leu Val Ser Phe Phe Gln Ala Val

755 760 765

Pro

<210> 31

<211> 216

<212> PRT

<213> Torque teno virus

<400> 31

Met Ala Tyr Gly Trp Trp Arg Arg Arg Arg Arg Arg Trp Arg Arg Trp

1 5 10 15

Arg Arg Arg Pro Trp Arg Arg Arg Trp Arg Thr Arg Arg Arg Arg Pro

20 25 30

Ala Arg Arg Arg Gly Arg Arg Arg Asn Val Val Arg Asn Pro Cys Lys

35 40 45

Glu Pro His Ser Ser Gly Asn Arg Val Pro Arg Ser Ile Gln Ile Val

50 55 60

Asp Pro Arg Tyr Asn Ser Pro Glu Leu Thr Ile His Ala Trp Asp Phe

65 70 75 80

Arg Arg Gly Phe Phe Gly Pro Lys Ala Ile Gln Arg Met Gln Gln Gln

85 90 95

Pro Thr Ala Thr Glu Phe Phe Ser Ala Gly Arg Lys Arg Pro Arg Arg

100 105 110

Asp Thr Glu Val Tyr Gln Ser Asp Gln Glu Lys Glu Gln Lys Glu Ser

115 120 125

Ser Leu Phe Pro Pro Val Lys Leu Leu Arg Arg Val Pro Pro Trp Glu

130 135 140

Asp Ser Glu Gln Glu Gln Ser Gly Ser Gln Ser Ser Glu Glu Glu Thr
145 150 155 160

Ala Thr Leu Ser Gln Gln Leu Lys Gln Gln Leu Gln Gln Gln Arg Val
165 170 175
Leu Gly Val Lys Leu Arg Leu Leu Phe Asn Gln Val Gln Lys Ile Gln
180 185 190
Gln Asn Gln Asp Ile Asn Pro Thr Leu Leu Pro Arg Gly Gly Asp Leu
195 200 205
Val Ser Phe Phe Gln Ala Val Pro
210 215

<210> 32
<211> 143
<212> PRT
<213> Torque teno virus

<400> 32
Met Ala Tyr Gly Trp Trp Arg Arg Arg Arg Arg Arg Trp Arg Arg Trp
1 5 10 15
Arg Arg Arg Pro Trp Arg Arg Arg Trp Arg Thr Arg Arg Arg Arg Pro
20 25 30
Ala Arg Arg Arg Gly Arg Arg Arg Asn Ala Ala Arg Asp Pro Glu Gly
35 40 45
Thr Gln Lys Cys Ile Ser Pro Thr Lys Lys Arg Ser Lys Lys Lys Ala
50 55 60

Arg Phe Ser Pro Gln Ser Ser Ser Ser Glu Glu Ser Pro Arg Gly Arg
65 70 75 80
Thr Arg Asn Arg Ser Lys Ala Gly Arg Lys Ala Gln Arg Lys Arg Arg
85 90 95
Arg Pro Ser Pro Ser Ser Ser Asn Ser Ser Cys Ser Ser Ser Glu Ser
100 105 110
Trp Glu Ser Asn Ser Asp Ser Cys Ser Thr Lys Ser Lys Lys Ser Asn
115 120 125

Lys Ile Lys Ile Ser Thr Leu Pro Cys Tyr Gln Gly Gly Gly Ile

130 135 140

<210> 33

<211> 3758

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 33

aaagtacgtc actaaccacg tgactcccac aggccaacca cagtctacgt cgtgcatttc 60

ctgggcatgg tctacatcat aatataagaa ggcgcacttc cgaatggctg agttttccac 120

gcccgtccgc agcgagaacg ccacggaggg agatcctcgc gtcccgaggg cgggtgccgg 180

aggtgagttt acacaccgca gtcaaggggc aattcgggct cgggactggc cgggccctgg 240

gcaaggctct taaaaaatgc gctttcgcag ggttgcggag aaaaggaaag tgcttctgca 300

aactctgcga gctgcaaagc aggctaggcg gcttctaggt atgtggcagc cccccgcgca 360

caatgtcccc ggcatcgaga gaaactggta cgagagctgc ttcaggtctc acgctgctgt 420

ttgtggctgt ggcgactttg ttggccatat taatcatttg gcaactactc tgggtcgtcc 480

tccgcgtcct gggcccccag gcggaccccg cacgccgcaa ataagaaacc tgccagcgct 540

cccggcgccc cagggcgagc ccggtgacag agcgccatgg cgtggggttt ctggggccga 600

cgccgccggt ggagacggtg gagagcgcgg cgcagacggt ggagaccccg gagacgtagg 660

agacgacgcc ctgctcgccg ctttcgagct cgtcgaagag taaggagacg cgggggggagg 720

tggcgcagac gctacagaaa atggcgacgg ggcagacgca gacggactca cagaaaaaag 780

ataattataa aacagtggca accaaacttt attagacgct gctacataat aggatgccta 840

cctctcgttt tctgtggcga aaatacaacc gcccagaact atgccactca ctcagacgat 900

atgataagca aaggaccgta cgggggggggc atgactacca cgaaattcac tctgagaata 960

ctgtacgacg agtttaccag gtttatgaac ttttggactg tcagtaacga agacctagac 1020

ctgtgtagat acgtgggctg caaactgata ttttttaaac accccacggt ggactttatg 1080

gtacagataa acactcagcc tcctttctta gacacaagcc tcaccgcggc cagcatacac 1140

ccgggcatca tgatgctcag caagagacgc atattaatac cctctctaaa gacccggccg 1200

agcagaaaac acagggtggt cgtcagggtg ggcgccccaa gacttttca ggacaagtgg 1260

taccccagt cagacctatg tgacacagtt ctgctttcca tatttgcaac cgcccgcgac 1320

ttgcaatatc cgttcggctc accactaact gacaaccctt gcgtcaactt ccagatcctg 1380

gggccccagt acaaaaaaca ccttagtatt agctccacta tggatgatac taacaaacag 1440

cactataaca gcaacttatt taataaaact gcactataca acacctttca aaccatagcc 1500

cggcttaaag agacaggaca aactgcaaac attagtccaa gttggagtga agtacaaaac 1560

acaaaactac tagatcacac aggtgctaat gcaactgcca gcagagacac ttggtacaag 1620
ggaaacacat acaatgacta catacaacag ttagcagaga aaacaagaga aaggtttaaa 1680
aaagcaacaa tgtcagcact accaaactac cccacaataa tgtccacaga cttatacgaa 1740
taccactcag gcatatactc cagcatattt ctatcagctg gcaggagcta ctttgaaacc 1800
actggggcct actctgacat tatatacaac cctttgacag acaaaggcac aggcaacata 1860
atctggatag actaccttac aaaagacgac acaatctttg taaaaaacaa aagcaaatgt 1920
gagataatgg acatgcccct gtgggcggcc ggcacaggat acacagagtt ttgtgcaaag 1980

tacacaggag actctgccat tatttacaat gccagaatac tcataagatg cccatacact 2040
gaacccatgc taatagacca ctcagaccca aacaaaggct ttgtaccgta ctcatttaac 2100
tttggcaacg gaaagatgcc gggaggcagc tccaacgtgc ccataagaat gagagccaag 2160
tggtacgtaa acatattcca ccaaaaagaa gtattggaga gcatagtaca gtccggaccg 2220
ttcgggtaca ggggcgacat aaaatcagct gtactgtcca tgaaatacag atttcactgg 2280
aaatggggcg gaaaccctat atccaaacag gtcgtcagga atccctgctc caactccagc 2340
acctccgcgg cccatagagg acctcgcagc gtacaagcgg ttgacccgaa atacaatacc 2400

ccagaagtca cttggcactc gtgggacatc agacgaggac tctttggcaa agcaggtatt 2460
aaaagaatgc aacaagaatc agatgctctt tacgttcctg caggaccact caagaggcct 2520
cgcagagaca ccaacgccca agacccggaa aagcaaaacg aaagctcacg tttcggagtc 2580
cagcagcgac tcccgtgggt ccactccagc caagagacgc aaagctccga agaagagacg 2640
caggcgcagg ggtcggtaca agaccaacta ctcctccagc tccgagagca gcgagtactc 2700
cgactccagc tccaacaact cgcaccccaa gtcctcaaag ttcaagcagg acacagccta 2760
cacccctat tatcctccca agcataaaca aagcctatat gtttgaaccc cagggtccta 2820

aacccataca ggggtacaac gattggctag aggagtacac tagttgcaag ttccgggaca 2880
gacccccgag aatgctacac acagacttac ccttttaccc ctgggcacca aaaccccaag 2940
accaagtcag ggtaaccttt aaactcaact ttcaataaaa attctaggcc gtgggacttt 3000
cacttgtcgg tgtctgcttc ttaaggtcgc caagcactcc gagcgtcagc gaggagtgcg 3060
acccccccccc tcggtagcaa cgccttcgga gccgcgcgct acgccttcgg ctgcgcgcgg 3120
cacctcagac ccccccctcca cccgaaacgc ttgcgcgttt cggaccttcg gcgtcggggg 3180
ggtcgggagc tttattaaac agactccgag ttgccattgg acactggagc tgtgaatcag 3240

taacgaaagt gagtggggcc agacttcgcc atagggcctt tatcttctcg ccattggata 3300

gtgtccgggg ttgccgtagg cttcggcctc gtttttaggc cttccggact acaaaaatgg 3360

cggattttgt gacgtcacgg ccgccatttt aagtaaggcg gaagcagctc caccctctca 3420

cataatggcg gcggagcact cccggcttgc ccaaaatggc gggcaagctc ttccgggtca 3480

aaggttggca gctacgtcac aagtcacctg actggggagg agttacatcc cggaagttct 3540

cctcggtcac gtgactgtac acgtgactgc tacgtcattg acgccatctt gtgtcacaaa 3600

atggcggtgc acttccgctt ttttgaaaaa aggcgcgaaa aaacggcggc ggcggcgcgc 3660

gcgctgcgcg cgcgcgccgg gggggcgcca gcgccccccc ccccgcgcat gcacgggtcc 3720

ccccccccac ggggggctcc gccccccggc cccccccc 3758

<210> 34

<211> 120

<212> PRT

<213> Torque teno virus

<400> 34

Met Trp Gln Pro Pro Ala His Asn Val Pro Gly Ile Glu Arg Asn Trp
1 5 10 15

Tyr Glu Ser Cys Phe Arg Ser His Ala Ala Val Cys Gly Cys Gly Asp
20 25 30

Phe Val Gly His Ile Asn His Leu Ala Thr Thr Leu Gly Arg Pro Pro
35 40 45

Arg Pro Gly Pro Pro Gly Gly Pro Arg Thr Pro Gln Ile Arg Asn Leu
50 55 60

Pro Ala Leu Pro Ala Pro Gln Gly Glu Pro Gly Asp Arg Ala Pro Trp
65 70 75 80

Arg Gly Val Ser Gly Ala Asp Ala Ala Gly Gly Asp Gly Gly Glu Arg
85 90 95

Gly Ala Asp Gly Gly Asp Pro Gly Asp Val Gly Asp Asp Ala Leu Leu
100 105 110

Ala Ala Phe Glu Leu Val Glu Glu
115 120

<210> 35

<211> 284

<212> PRT

<213> Torque teno virus

<400> 35

Met Trp Gln Pro Pro Ala His Asn Val Pro Gly Ile Glu Arg Asn Trp
1 5 10 15

Tyr Glu Ser Cys Phe Arg Ser His Ala Ala Val Cys Gly Cys Gly Asp
20 25 30

Phe Val Gly His Ile Asn His Leu Ala Thr Thr Leu Gly Arg Pro Pro
35 40 45

Arg Pro Gly Pro Pro Gly Gly Pro Arg Thr Pro Gln Ile Arg Asn Leu
50 55 60

Pro Ala Leu Pro Ala Pro Gln Gly Glu Pro Gly Asp Arg Ala Pro Trp
65 70 75 80

Arg Gly Val Ser Gly Ala Asp Ala Ala Gly Gly Asp Gly Gly Glu Arg
85 90 95

Gly Ala Asp Gly Gly Asp Pro Gly Asp Val Gly Asp Asp Ala Leu Leu
100 105 110

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

Pro Ala Pro Pro Arg Pro Ile Glu Asp Leu Ala Ala Tyr Lys Arg Leu
130 135 140

Thr Arg Asn Thr Ile Pro Gln Lys Ser Leu Gly Thr Arg Gly Thr Ser
145 150 155 160

Asp Glu Asp Ser Leu Ala Lys Gln Val Leu Lys Glu Cys Asn Lys Asn
165 170 175

Gln Met Leu Phe Thr Phe Leu Gln Asp His Ser Arg Gly Leu Ala Glu
180 185 190

Thr Pro Thr Pro Lys Thr Arg Lys Ser Lys Thr Lys Ala His Val Ser
195 200 205

Glu Ser Ser Ser Asp Ser Arg Gly Ser Thr Pro Ala Lys Arg Arg Lys
210 215 220

Ala Pro Lys Lys Arg Arg Arg Arg Arg Gly Arg Tyr Lys Thr Asn Tyr

225 230 235 240

Ser Ser Ser Ser Glu Ser Ser Glu Tyr Ser Asp Ser Ser Ser Asn Asn

245 250 255

Ser His Pro Lys Ser Ser Lys Phe Lys Gln Asp Thr Ala Tyr Thr Pro

260 265 270

Tyr Tyr Pro Pro Lys His Lys Gln Ser Leu Tyr Val

275 280

<210> 36

<211> 277

<212> PRT

<213> Torque teno virus

<400> 36

Met Trp Gln Pro Pro Ala His Asn Val Pro Gly Ile Glu Arg Asn Trp

1 5 10 15

Tyr Glu Ser Cys Phe Arg Ser His Ala Ala Val Cys Gly Cys Gly Asp

20 25 30

Phe Val Gly His Ile Asn His Leu Ala Thr Thr Leu Gly Arg Pro Pro

35 40 45

Arg Pro Gly Pro Pro Gly Gly Pro Arg Thr Pro Gln Ile Arg Asn Leu

50 55 60

Pro Ala Leu Pro Ala Pro Gln Gly Glu Pro Gly Asp Arg Ala Pro Trp

65 70 75 80

Arg Gly Val Ser Gly Ala Asp Ala Ala Gly Gly Asp Gly Gly Glu Arg

85 90 95

Gly Ala Asp Gly Gly Asp Pro Gly Asp Val Gly Asp Asp Ala Leu Leu

100 105 110

Ala Ala Phe Glu Leu Val Glu Glu Thr Thr Gln Glu Ala Ser Gln Arg

115 120 125

His Gln Arg Pro Arg Pro Gly Lys Ala Lys Arg Lys Leu Thr Phe Arg

130 135 140

Ser Pro Ala Ala Thr Pro Val Gly Pro Leu Gln Pro Arg Asp Ala Lys
145 150 155 160
Leu Arg Arg Arg Asp Ala Gly Ala Gly Val Gly Thr Arg Pro Thr Thr
165 170 175
Pro Pro Ala Pro Arg Ala Ala Ser Thr Pro Thr Pro Ala Pro Thr Thr
180 185 190
Arg Thr Pro Ser Pro Gln Ser Ser Ser Arg Thr Gln Pro Thr Pro Pro

195 200 205
Ile Ile Leu Pro Ser Ile Asn Lys Ala Tyr Met Phe Glu Pro Gln Gly
210 215 220
Pro Lys Pro Ile Gln Gly Tyr Asn Asp Trp Leu Glu Glu Tyr Thr Ser
225 230 235 240
Cys Lys Phe Arg Asp Arg Pro Pro Arg Met Leu His Thr Asp Leu Pro
245 250 255
Phe Tyr Pro Trp Ala Pro Lys Pro Gln Asp Gln Val Arg Val Thr Phe

260 265 270
Lys Leu Asn Phe Gln
275

<210> 37
<211> 173
<212> PRT
<213> Torque teno virus
<400> 37
Met Trp Gln Pro Pro Ala His Asn Val Pro Gly Ile Glu Arg Asn Trp
1 5 10 15
Thr Thr Gln Glu Ala Ser Gln Arg His Gln Arg Pro Arg Pro Gly Lys
20 25 30
Ala Lys Arg Lys Leu Thr Phe Arg Ser Pro Ala Ala Thr Pro Val Gly

35 40 45
Pro Leu Gln Pro Arg Asp Ala Lys Leu Arg Arg Arg Asp Ala Gly Ala
50 55 60
Gly Val Gly Thr Arg Pro Thr Thr Pro Pro Ala Pro Arg Ala Ala Ser

65 70 75 80

Thr Pro Thr Pro Ala Pro Thr Thr Arg Thr Pro Ser Pro Gln Ser Ser

85 90 95

Ser Arg Thr Gln Pro Thr Pro Pro Ile Ile Leu Pro Ser Ile Asn Lys

100 105 110

Ala Tyr Met Phe Glu Pro Gln Gly Pro Lys Pro Ile Gln Gly Tyr Asn

115 120 125

Asp Trp Leu Glu Glu Tyr Thr Ser Cys Lys Phe Arg Asp Arg Pro Pro

130 135 140

Arg Met Leu His Thr Asp Leu Pro Phe Tyr Pro Trp Ala Pro Lys Pro

145 150 155 160

Gln Asp Gln Val Arg Val Thr Phe Lys Leu Asn Phe Gln

165 170

<210> 38

<211> 736

<212> PRT

<213> Torque teno virus

<400> 38

Met Ala Trp Gly Phe Trp Gly Arg Arg Arg Arg Trp Arg Arg Trp Arg

1 5 10 15

Ala Arg Arg Arg Arg Trp Arg Pro Arg Arg Arg Arg Arg Arg Arg Pro

20 25 30

Ala Arg Arg Phe Arg Ala Arg Arg Arg Val Arg Arg Arg Gly Gly Arg

35 40 45

Trp Arg Arg Arg Tyr Arg Lys Trp Arg Arg Gly Arg Arg Arg Arg Thr

50 55 60

His Arg Lys Lys Ile Ile Ile Lys Gln Trp Gln Pro Asn Phe Ile Arg

65 70 75 80

Arg Cys Tyr Ile Ile Gly Cys Leu Pro Leu Val Phe Cys Gly Glu Asn

85 90 95

Thr Thr Ala Gln Asn Tyr Ala Thr His Ser Asp Asp Met Ile Ser Lys

100 105 110

Gly Pro Tyr Gly Gly Gly Met Thr Thr Thr Lys Phe Thr Leu Arg Ile
115 120 125
Leu Tyr Asp Glu Phe Thr Arg Phe Met Asn Phe Trp Thr Val Ser Asn
130 135 140
Glu Asp Leu Asp Leu Cys Arg Tyr Val Gly Cys Lys Leu Ile Phe Phe
145 150 155 160
Lys His Pro Thr Val Asp Phe Met Val Gln Ile Asn Thr Gln Pro Pro
165 170 175

Phe Leu Asp Thr Ser Leu Thr Ala Ala Ser Ile His Pro Gly Ile Met
180 185 190
Met Leu Ser Lys Arg Arg Ile Leu Ile Pro Ser Leu Lys Thr Arg Pro
195 200 205
Ser Arg Lys His Arg Val Val Val Arg Val Gly Ala Pro Arg Leu Phe
210 215 220
Gln Asp Lys Trp Tyr Pro Gln Ser Asp Leu Cys Asp Thr Val Leu Leu
225 230 235 240

Ser Ile Phe Ala Thr Ala Arg Asp Leu Gln Tyr Pro Phe Gly Ser Pro
245 250 255
Leu Thr Asp Asn Pro Cys Val Asn Phe Gln Ile Leu Gly Pro Gln Tyr
260 265 270
Lys Lys His Leu Ser Ile Ser Ser Thr Met Asp Asp Thr Asn Lys Gln
275 280 285
His Tyr Asn Ser Asn Leu Phe Asn Lys Thr Ala Leu Tyr Asn Thr Phe
290 295 300

Gln Thr Ile Ala Arg Leu Lys Glu Thr Gly Gln Thr Ala Asn Ile Ser
305 310 315 320
Pro Ser Trp Ser Glu Val Gln Asn Thr Lys Leu Leu Asp His Thr Gly
325 330 335
Ala Asn Ala Thr Ala Ser Arg Asp Thr Trp Tyr Lys Gly Asn Thr Tyr
340 345 350

Asn Asp Tyr Ile Gln Gln Leu Ala Glu Lys Thr Arg Glu Arg Phe Lys
355 360 365

Lys Ala Thr Met Ser Ala Leu Pro Asn Tyr Pro Thr Ile Met Ser Thr
370 375 380
Asp Leu Tyr Glu Tyr His Ser Gly Ile Tyr Ser Ser Ile Phe Leu Ser
385 390 395 400
Ala Gly Arg Ser Tyr Phe Glu Thr Thr Gly Ala Tyr Ser Asp Ile Ile
405 410 415
Tyr Asn Pro Leu Thr Asp Lys Gly Thr Gly Asn Ile Ile Trp Ile Asp
420 425 430

Tyr Leu Thr Lys Asp Asp Thr Ile Phe Val Lys Asn Lys Ser Lys Cys
435 440 445
Glu Ile Met Asp Met Pro Leu Trp Ala Ala Gly Thr Gly Tyr Thr Glu
450 455 460
Phe Cys Ala Lys Tyr Thr Gly Asp Ser Ala Ile Ile Tyr Asn Ala Arg
465 470 475 480
Ile Leu Ile Arg Cys Pro Tyr Thr Glu Pro Met Leu Ile Asp His Ser
485 490 495

Asp Pro Asn Lys Gly Phe Val Pro Tyr Ser Phe Asn Phe Gly Asn Gly
500 505 510
Lys Met Pro Gly Gly Ser Ser Asn Val Pro Ile Arg Met Arg Ala Lys
515 520 525
Trp Tyr Val Asn Ile Phe His Gln Lys Glu Val Leu Glu Ser Ile Val
530 535 540
Gln Ser Gly Pro Phe Gly Tyr Arg Gly Asp Ile Lys Ser Ala Val Leu
545 550 555 560

Ser Met Lys Tyr Arg Phe His Trp Lys Trp Gly Gly Asn Pro Ile Ser
565 570 575
Lys Gln Val Val Arg Asn Pro Cys Ser Asn Ser Ser Thr Ser Ala Ala
580 585 590
His Arg Gly Pro Arg Ser Val Gln Ala Val Asp Pro Lys Tyr Asn Thr

595 600 605

Pro Glu Val Thr Trp His Ser Trp Asp Ile Arg Arg Gly Leu Phe Gly

610 615 620

Lys Ala Gly Ile Lys Arg Met Gln Gln Glu Ser Asp Ala Leu Tyr Val

625 630 635 640

Pro Ala Gly Pro Leu Lys Arg Pro Arg Arg Asp Thr Asn Ala Gln Asp

645 650 655

Pro Glu Lys Gln Asn Glu Ser Ser Arg Phe Gly Val Gln Gln Arg Leu

660 665 670

Pro Trp Val His Ser Ser Gln Glu Thr Gln Ser Ser Glu Glu Glu Thr

675 680 685

Gln Ala Gln Gly Ser Val Gln Asp Gln Leu Leu Leu Gln Leu Arg Glu

690 695 700

Gln Arg Val Leu Arg Leu Gln Leu Gln Gln Leu Ala Pro Gln Val Leu

705 710 715 720

Lys Val Gln Ala Gly His Ser Leu His Pro Leu Leu Ser Ser Gln Ala

725 730 735

<210> 39

<211> 199

<212> PRT

<213> Torque teno virus

<400> 39

Met Ala Trp Gly Phe Trp Gly Arg Arg Arg Arg Trp Arg Arg Trp Arg

1 5 10 15

Ala Arg Arg Arg Arg Trp Arg Pro Arg Arg Arg Arg Arg Arg Arg Pro

20 25 30

Ala Arg Arg Phe Arg Ala Arg Arg Arg Val Val Arg Asn Pro Cys Ser

35 40 45

Asn Ser Ser Thr Ser Ala Ala His Arg Gly Pro Arg Ser Val Gln Ala

50 55 60

Val Asp Pro Lys Tyr Asn Thr Pro Glu Val Thr Trp His Ser Trp Asp

65 70 75 80

Ile Arg Arg Gly Leu Phe Gly Lys Ala Gly Ile Lys Arg Met Gln Gln

85 90 95

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

100 105 110

Arg Asp Thr Asn Ala Gln Asp Pro Glu Lys Gln Asn Glu Ser Ser Arg

115 120 125

Phe Gly Val Gln Gln Arg Leu Pro Trp Val His Ser Ser Gln Glu Thr

130 135 140

Gln Ser Ser Glu Glu Glu Thr Gln Ala Gln Gly Ser Val Gln Asp Gln

145 150 155 160

Leu Leu Leu Gln Leu Arg Glu Gln Arg Val Leu Arg Leu Gln Leu Gln

165 170 175

Gln Leu Ala Pro Gln Val Leu Lys Val Gln Ala Gly His Ser Leu His

180 185 190

Pro Leu Leu Ser Ser Gln Ala

195

<210> 40

<211> 141

<212> PRT

<213> Torque teno virus

<400> 40

Met Ala Trp Gly Phe Trp Gly Arg Arg Arg Arg Trp Arg Arg Trp Arg

1 5 10 15

Ala Arg Arg Arg Arg Trp Arg Pro Arg Arg Arg Arg Arg Arg Arg Pro

20 25 30

Ala Arg Arg Phe Arg Ala Arg Arg Arg Asp His Ser Arg Gly Leu Ala

35 40 45

Glu Thr Pro Thr Pro Lys Thr Arg Lys Ser Lys Thr Lys Ala His Val

50 55 60

Ser Glu Ser Ser Ser Asp Ser Arg Gly Ser Thr Pro Ala Lys Arg Arg

65 70 75 80

Lys Ala Pro Lys Lys Arg Arg Arg Arg Arg Gly Arg Tyr Lys Thr Asn
85 90 95
Tyr Ser Ser Ser Ser Glu Ser Ser Glu Tyr Ser Asp Ser Ser Ser Asn
100 105 110
Asn Ser His Pro Lys Ser Ser Lys Phe Lys Gln Asp Thr Ala Tyr Thr

115 120 125
Pro Tyr Tyr Pro Pro Lys His Lys Gln Ser Leu Tyr Val
130 135 140

<210> 41

<211> 2979

<212> DNA

<213> TTV-like mini virus

<400> 41

taataaatat tcaacaggaa aaccacctaa tttaaattgc cgaccacaaa ccgtcactta 60

gttccccttt ttgcaacaac ttctgctttt ttccaactgc cggaaaacca cataatttgc 120

atggctaacc acaaactgat atgctaatta acttccacaa aacaacttcc ccttttaaaa 180

ccacacctac aaattaatta ttaaacacag tcacatcctg ggaggtacta ccacactata 240

ataccaagtg cacttccgaa tggctgagtt tatgccgcta gacggagaac gcatcagtta 300

ctgactgcgg actgaacttg ggcgggtgcc gaaggtgagt gaaaccaccg aagtcaaggg 360

gcaattcggg ctagttcagt ctagcggaac gggcaagaaa cttaaaatta ttttattttt 420

cagatgagcg actgctttaa accaacatgc tacaacaaca aaacaaagca aactcactgg 480

attaataacc tgcatttaac ccacgacctg atctgcttct gcccaacacc aactagacac 540

ttattactag ctttagcaga acaacaagaa acaattgaag tgtctaaaca agaaaaagaa 600

aaaataacaa gatgccttat tactacagaa gaagacggta caactacaga cgtcctagat 660

ggtatggacg aggttggatt agacgccctt ttcgcagaag atttcgaaga aaaagaaggg 720

taagacctac ttatactact attcctctaa agcaatggca accgccatat aaaagaacat 780

gctatataaa aggacaagac tgtttaatat actatagcaa cttaagactg ggaatgaata 840

gtacaatgta tgaaaaaagt attgtacctg tacattggcc gggaggggggt tctttttctg 900

taagcatgtt aactttagat gccttgtatg atatacataa actttgtaga aactggtgga 960

catccacaaa ccaagactta ccactagtaa gatataaagg atgcaaaata acattttatc 1020

aaagcacatt tacagactac atagtaagaa tacatacaga actaccagct aacagtaaca 1080

aactaacata cccaaacaca catccactaa tgatgatgat gtctaagtac aaacacatta 1140

tacctagtag acaaacaaga agaaaaaaga aaccatacac aaaaatattt gtaaaaccac 1200

ctccgcaatt tgaaaacaaa tggtactttg ctacagacct ctacaaaatt ccattactac 1260

aaatacactg cacagcatgc aacttacaaa acccatttgt aaaaccagac aaattatcaa 1320

acaatgttac attatggtca ctaaacacca taagcataca aaatagaaac atgtcagtgg 1380

atcaaggaca atcatggcca tttaaaatac taggaacaca aagcttttat ttttactttt 1440

acaccggagc aaacctacca ggtgacacaa cacaaatacc agtagcagac ctattaccac 1500

taacaaaccc aagaataaac agaccaggac aatcactaaa tgaggcaaaa attacagacc 1560

atattacttt cacagaatac aaaaacaaat ttacaaatta ttggggtaac ccatttaata 1620

aacacattca agaacaccta gatatgatac tatactcact aaaaagtcca gaagcaataa 1680

aaaacgaatg gacaacagaa aacatgaaat ggaaccaatt aaacaatgca ggaacaatgg 1740

cattaacacc atttaacgag ccaatattca cacaaataca atataaccca gatagagaca 1800

caggagaaga cactcaatta tacctactct ctaacgctac aggaacagga tgggacccac 1860

caggaattcc agaattaata ctagaaggat ttccactatg gttaatatat tggggatttg 1920

cagactttca aaaaaaccta aaaaaagtaa caaacataga cacaaattac atgttagtag 1980

caaaaacaaa atttacacaa aaacctggca cattctactt agtaatacta aatgacacct 2040

ttgtagaagg caatagccca tatgaaaaac aacctttacc tgaagacaac attaaatggt 2100

acccacaagt acaataccaa ttagaagcac aaaacaaact actacaaact gggccattta 2160

caccaaacat acaaggacaa ctatcagaca atatatcaat gttttataaa ttttacttta 2220

aatggggagg aagcccacca aaagcaatta atgttgaaaa tcctgcccac cagattcaat 2280

atcccatacc ccgtaacgag catgaaacaa cttcgttaca gagtccaggg gaagccccag 2340

aatccatctt atactccttc gactatagac acgggaacta cacaacaaca gctttgtcac 2400

gaattagcca agactgggca cttaaagaca ctgtttctaa aattacagag ccagatcgac 2460

agcaactgct caaacaagcc ctcgaatgcc tgcaaatctc ggaagaaacg caggagaaaa 2520

aagaaaaaga agtacagcag ctcatcagca acctcagaca gcagcagcag ctgtacagag 2580

agcgaataat atcattatta aaggaccaat aacttttaac tgtgtaaaaa aggtgaaatt 2640

gtttgatgat aaaccaaaaa accgtagatt tacacctgag gaatttgaaa ctgagttaca 2700

aatagcaaaa tggttaaaga gacccccaag atcctttgta aatgatcctc ccttttaccc 2760

atggttacca cctgaacctg ttgtaaactt taagcttaat tttactgaat aaaggccagc 2820

attaattcac ttaaggagtc tgtttattta agttaaacct taataaacgg tcaccgcctc 2880

cctaatacgc aggcgcagaa agggggctcc gccccttta acccccaggg ggctccgccc 2940

cctgaaaccc ccaaggggggc tacgcccccct tacaccccc 2979

<210> 42

<211> 99

<212> PRT

<213> TTV-like mini virus

<400> 42

Met Ser Asp Cys Phe Lys Pro Thr Cys Tyr Asn Asn Lys Thr Lys Gln
1 5 10 15

Thr His Trp Ile Asn Asn Leu His Leu Thr His Asp Leu Ile Cys Phe
20 25 30

Cys Pro Thr Pro Thr Arg His Leu Leu Leu Ala Leu Ala Glu Gln Gln
35 40 45

Glu Thr Ile Glu Val Ser Lys Gln Glu Lys Glu Lys Ile Thr Arg Cys
50 55 60

Leu Ile Thr Thr Glu Glu Asp Gly Thr Thr Thr Asp Val Leu Asp Gly
65 70 75 80

Met Asp Glu Val Gly Leu Asp Ala Leu Phe Ala Glu Asp Phe Glu Glu
85 90 95

Lys Glu Gly

<210> 43

<211> 203

<212> PRT

<213> TTV-like mini virus

<400> 43

Met Ser Asp Cys Phe Lys Pro Thr Cys Tyr Asn Asn Lys Thr Lys Gln
1 5 10 15

Thr His Trp Ile Asn Asn Leu His Leu Thr His Asp Leu Ile Cys Phe
20 25 30

Cys Pro Thr Pro Thr Arg His Leu Leu Leu Ala Leu Ala Glu Gln Gln

35 40 45

Glu Thr Ile Glu Val Ser Lys Gln Glu Lys Glu Lys Ile Thr Arg Cys

50 55 60

Leu Ile Thr Thr Glu Glu Asp Gly Thr Thr Thr Asp Val Leu Asp Gly

65 70 75 80

Met Asp Glu Val Gly Leu Asp Ala Leu Phe Ala Glu Asp Phe Glu Glu

85 90 95

Lys Glu Gly Phe Asn Ile Pro Tyr Pro Val Thr Ser Met Lys Gln Leu

100 105 110

Arg Tyr Arg Val Gln Gly Lys Pro Gln Asn Pro Ser Tyr Thr Pro Ser

115 120 125

Thr Ile Asp Thr Gly Thr Thr Gln Gln Gln Leu Cys His Glu Leu Ala

130 135 140

Lys Thr Gly His Leu Lys Thr Leu Phe Leu Lys Leu Gln Ser Gln Ile

145 150 155 160

Asp Ser Asn Cys Ser Asn Lys Pro Ser Asn Ala Cys Lys Ser Arg Lys

165 170 175

Lys Arg Arg Arg Lys Lys Lys Lys Lys Tyr Ser Ser Ser Ser Ala Thr

180 185 190

Ser Asp Ser Ser Ser Ser Cys Thr Glu Ser Glu

195 200

<210> 44

<211> 219

<212> PRT

<213> TTV-like mini virus

<400> 44

Met Ser Asp Cys Phe Lys Pro Thr Cys Tyr Asn Asn Lys Thr Lys Gln

1 5 10 15

Thr His Trp Ile Asn Asn Leu His Leu Thr His Asp Leu Ile Cys Phe

20 25 30

Cys Pro Thr Pro Thr Arg His Leu Leu Leu Ala Leu Ala Glu Gln Gln

35 40 45

Glu Thr Ile Glu Val Ser Lys Gln Glu Lys Glu Lys Ile Thr Arg Cys

50 55 60

Leu Ile Thr Thr Glu Glu Asp Gly Thr Thr Thr Asp Val Leu Asp Gly
65 70 75 80
Met Asp Glu Val Gly Leu Asp Ala Leu Phe Ala Glu Asp Phe Glu Glu

85 90 95
Lys Glu Gly Ala Arg Ser Thr Ala Thr Ala Gln Thr Ser Pro Arg Met
100 105 110
Pro Ala Asn Leu Gly Arg Asn Ala Gly Glu Lys Arg Lys Arg Ser Thr
115 120 125
Ala Ala His Gln Gln Pro Gln Thr Ala Ala Ala Ala Val Gln Arg Ala
130 135 140
Asn Asn Ile Ile Ile Lys Gly Pro Ile Thr Phe Asn Cys Val Lys Lys

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

<210> 45
<211> 666
<212> PRT
<213> TTV-like mini virus
<400> 45
Met Pro Tyr Tyr Tyr Arg Arg Arg Arg Tyr Asn Tyr Arg Arg Pro Arg
1 5 10 15
Trp Tyr Gly Arg Gly Trp Ile Arg Arg Pro Phe Arg Arg Arg Phe Arg
20 25 30
Arg Lys Arg Arg Val Arg Pro Thr Tyr Thr Thr Ile Pro Leu Lys Gln
35 40 45

Trp Gln Pro Pro Tyr Lys Arg Thr Cys Tyr Ile Lys Gly Gln Asp Cys

50 55 60

Leu Ile Tyr Tyr Ser Asn Leu Arg Leu Gly Met Asn Ser Thr Met Tyr

65 70 75 80

Glu Lys Ser Ile Val Pro Val His Trp Pro Gly Gly Gly Ser Phe Ser

85 90 95

Val Ser Met Leu Thr Leu Asp Ala Leu Tyr Asp Ile His Lys Leu Cys

100 105 110

Arg Asn Trp Trp Thr Ser Thr Asn Gln Asp Leu Pro Leu Val Arg Tyr

115 120 125

Lys Gly Cys Lys Ile Thr Phe Tyr Gln Ser Thr Phe Thr Asp Tyr Ile

130 135 140

Val Arg Ile His Thr Glu Leu Pro Ala Asn Ser Asn Lys Leu Thr Tyr

145 150 155 160

Pro Asn Thr His Pro Leu Met Met Met Met Ser Lys Tyr Lys His Ile

165 170 175

Ile Pro Ser Arg Gln Thr Arg Arg Lys Lys Lys Pro Tyr Thr Lys Ile

180 185 190

Phe Val Lys Pro Pro Pro Gln Phe Glu Asn Lys Trp Tyr Phe Ala Thr

195 200 205

Asp Leu Tyr Lys Ile Pro Leu Leu Gln Ile His Cys Thr Ala Cys Asn

210 215 220

Leu Gln Asn Pro Phe Val Lys Pro Asp Lys Leu Ser Asn Asn Val Thr

225 230 235 240

Leu Trp Ser Leu Asn Thr Ile Ser Ile Gln Asn Arg Asn Met Ser Val

245 250 255

Asp Gln Gly Gln Ser Trp Pro Phe Lys Ile Leu Gly Thr Gln Ser Phe

260 265 270

Tyr Phe Tyr Phe Tyr Thr Gly Ala Asn Leu Pro Gly Asp Thr Thr Gln

275 280 285

Ile Pro Val Ala Asp Leu Leu Pro Leu Thr Asn Pro Arg Ile Asn Arg

290 295 300

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

305 310 315 320

Thr Glu Tyr Lys Asn Lys Phe Thr Asn Tyr Trp Gly Asn Pro Phe Asn

325 330 335

Lys His Ile Gln Glu His Leu Asp Met Ile Leu Tyr Ser Leu Lys Ser

340 345 350

Pro Glu Ala Ile Lys Asn Glu Trp Thr Thr Glu Asn Met Lys Trp Asn

355 360 365

Gln Leu Asn Asn Ala Gly Thr Met Ala Leu Thr Pro Phe Asn Glu Pro

370 375 380

Ile Phe Thr Gln Ile Gln Tyr Asn Pro Asp Arg Asp Thr Gly Glu Asp

385 390 395 400

Thr Gln Leu Tyr Leu Leu Ser Asn Ala Thr Gly Thr Gly Trp Asp Pro

405 410 415

Pro Gly Ile Pro Glu Leu Ile Leu Glu Gly Phe Pro Leu Trp Leu Ile

420 425 430

Tyr Trp Gly Phe Ala Asp Phe Gln Lys Asn Leu Lys Lys Val Thr Asn

435 440 445

Ile Asp Thr Asn Tyr Met Leu Val Ala Lys Thr Lys Phe Thr Gln Lys

450 455 460

Pro Gly Thr Phe Tyr Leu Val Ile Leu Asn Asp Thr Phe Val Glu Gly

465 470 475 480

Asn Ser Pro Tyr Glu Lys Gln Pro Leu Pro Glu Asp Asn Ile Lys Trp

485 490 495

Tyr Pro Gln Val Gln Tyr Gln Leu Glu Ala Gln Asn Lys Leu Leu Gln

500 505 510

Thr Gly Pro Phe Thr Pro Asn Ile Gln Gly Gln Leu Ser Asp Asn Ile

515 520 525

Ser Met Phe Tyr Lys Phe Tyr Phe Lys Trp Gly Gly Ser Pro Pro Lys

530 535 540

Ala Ile Asn Val Glu Asn Pro Ala His Gln Ile Gln Tyr Pro Ile Pro
545 550 555 560
Arg Asn Glu His Glu Thr Thr Ser Leu Gln Ser Pro Gly Glu Ala Pro

565 570 575
Glu Ser Ile Leu Tyr Ser Phe Asp Tyr Arg His Gly Asn Tyr Thr Thr
580 585 590
Thr Ala Leu Ser Arg Ile Ser Gln Asp Trp Ala Leu Lys Asp Thr Val
595 600 605
Ser Lys Ile Thr Glu Pro Asp Arg Gln Gln Leu Leu Lys Gln Ala Leu
610 615 620
Glu Cys Leu Gln Ile Ser Glu Glu Thr Gln Glu Lys Lys Glu Lys Glu

625 630 635 640
Val Gln Gln Leu Ile Ser Asn Leu Arg Gln Gln Gln Gln Leu Tyr Arg
645 650 655
Glu Arg Ile Ile Ser Leu Leu Lys Asp Gln
660 665

<210> 46
<211> 148
<212> PRT
<213> TTV-like mini virus
<400> 46
Met Pro Tyr Tyr Tyr Arg Arg Arg Arg Tyr Asn Tyr Arg Arg Pro Arg
1 5 10 15
Trp Tyr Gly Arg Gly Trp Ile Arg Arg Pro Phe Arg Arg Arg Phe Arg

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

Ser Gln Asp Trp Ala Leu Lys Asp Thr Val Ser Lys Ile Thr Glu Pro

85 90 95

Asp Arg Gln Gln Leu Leu Lys Gln Ala Leu Glu Cys Leu Gln Ile Ser

100 105 110

Glu Glu Thr Gln Glu Lys Lys Glu Lys Glu Val Gln Gln Leu Ile Ser

115 120 125

Asn Leu Arg Gln Gln Gln Gln Leu Tyr Arg Glu Arg Ile Ile Ser Leu

130 135 140

Leu Lys Asp Gln

145

<210> 47

<211> 82

<212> PRT

<213> TTV-like mini virus

<400> 47

Met Pro Tyr Tyr Tyr Arg Arg Arg Arg Tyr Asn Tyr Arg Arg Pro Arg

1 5 10 15

Trp Tyr Gly Arg Gly Trp Ile Arg Arg Pro Phe Arg Arg Arg Phe Arg

20 25 30

Arg Lys Arg Arg Ser Gln Ile Asp Ser Asn Cys Ser Asn Lys Pro Ser

35 40 45

Asn Ala Cys Lys Ser Arg Lys Lys Arg Arg Arg Lys Lys Lys Lys Lys

50 55 60

Tyr Ser Ser Ser Ser Ala Thr Ser Asp Ser Ser Ser Ser Cys Thr Glu

65 70 75 80

Ser Glu

<210> 48

<211> 3242

<212> DNA

<213> Torque teno midi virus 1

<400> 48

aggtggagac tcttaagcta tataaccaag tggggtggcg aatggctgag tttaccccgc 60

tagacggtgc agggaccgga tcgagcgcag cgaggaggtc cccggctgcc cgtgggcggg 120

agcccgaggt gagtgaaacc accgaggtct aggggcaatt cgggctaggg cagtctagcg 180

gaacgggcaa gaaacttaaa aatatttctt ttacagatgc aaaacctatc agccaaagac 240

ttctacaaac catgcagata caactgtgaa actaaaaacc aaatgtggat gtctggcatt 300

gctgactccc atgacagttg gtgtgactgt gatactcctt ttgctcacct cctggctagt 360

atttttcctc ctggtcacac agatcgcaca cgaaccatcc aagaaatact taccagagat 420

tttaggaaaa catgcctttc tggtggggcc gacgcaacaa attctggtat ggccgaaact 480

atagaagaaa aaagagaaga tttccaaaaa gaagaaaaag aagattttac agaagaacaa 540

aatatagaag acctgctcgc cgccgtcgca gacgcagaag gaaggtaaga agaaaaaaaa 600

aaactcttat agtaagacaa tggcagccag actctattgt actctgtaaa attaaagggt 660

atgactctat aatatgggga gctgaaggca cacagtttca atgttctaca catgaaatgt 720

atgaatatac aagacaaaag taccctgggg gaggaggatt tggtgtacaa ctttacagct 780

tagagtattt gtatgaccaa tggaaactta gaaataatat atggactaaa acaaatcaac 840

tcaaagattt gtgtagatac ttaaaatgtg ttatgacctt ttacagacac caacacatag 900

attttgtaat tgtatatgaa agacaacccc catttgaaat agataaacta acatacatga 960

aatatcatcc atatatgtta ttacaaagaa agcataaaat aattttacct agtcaaacaa 1020

ctaatcctag aggtaaatta aaaaaaaaga aaactattaa acctcccaaa caaatgctca 1080

gcaaatggtt ttttcaacaa caatttgcta aatatgatct actacttatt gctgcagcag 1140

catgtagttt aagataccct agaataggct gctgcaatga aaatagaatg ataaccttat 1200

actgtttaaa tactaaattt tatcaagata cagaatgggg aactacaaaa caggcccccc 1260

actactttaa accatatgca acaattaata aatccatgat atttgtctct aactatggag 1320

gtaaaaaaac agaatataac ataggccaat ggatagaaac agatatacct ggagaaggta 1380

atctagcaag atactacaga tcaataagta aagaaggagg ttacttttca cctaaaatac 1440

tgcaagcata tcaaacaaaa gtaaagtctg tagactacaa acctttacca attgttttag 1500

gtagatataa cccagcaata gatgatggaa aaggcaacaa aatttactta caaactataa 1560

tgaatggcca ttggggcctа cctcaaaaaa caccagatta tataatagaa gaggtccctc 1620

tttggctagg cttctgggga tactataact acttaaaaca aacaagaact gaagctatat 1680

ttccactaca catgtttgta gtgcaaagca aatacattca aacacaacaa acagaaacac 1740

ctaacaattt ttgggcattt atagacaaca gctttataca gggcaaaaac ccatgggact 1800

cagttattac ttactcagaa caaaagctat ggtttcctac agttgcatgg caactaaaaa 1860

ccataaatgc tatttgtgaa agtggaccat atgtacctaa actagacaat caaacatata 1920
gtacctggga actagcaact cattactcat ttcactttaa atggggtggt ccacagatat 1980
cagaccaacc agttgaagac ccaggaaaca aaaacaaata tgatgtgccc gatacaatca 2040
aagaagcatt acaaattgtt aacccagcaa aaaacattgc tgccacgatg ttccatgact 2100
gggactacag acggggttgc attacatcaa cagctattaa aagaatgcaa caaaacctcc 2160
caactgattc atctctcgaa tctgattcag actcagaacc agcacccaag aaaaaaagac 2220
tactaccagt cctccacgac ccacaaaaga aaacggaaaa gatcaaccaa tgtctcctct 2280

ctctctgcga agaaagtaca tgccaggagc aggaaacgga ggaaaacatc ctcaagctca 2340
tccagcagca gcagcagcag cagcagaaac tcaagcacaa cctcttagta ctaatcaagg 2400
acttaaaagt gaaacaaaga ttattacaac tacaaacggg ggtactagaa taacccttac 2460
cagatttaaa ccaggatttg agcaagaaac tgaaaaagag ttagcacaag catttaacag 2520
acccccctaga ctgttcaaag aagataaacc cttttacccc tggctaccca gatttacacc 2580
ccttgtaaac tttcacctta attttaaagg ctaggcctac actgctcact tagtggtgta 2640
tgtttattaa agtttgcacc ccagaaaaat tgtaaaataa aaaaaaaaaa aaaaaataaa 2700

aaattgcaaa aattcggcgc tcgcgcgcgc tgcgcgcgcg agcgccgtca cgcgccggcg 2760
ctcgcgcgcc gcgcgtatgt gctaacacac cacgcaccta gattggggtg cgcgcgtagc 2820
gcgcgcaccc caatgcgccc cgccctcgtt ccgacccgct tgcgcgggtc ggaccacttc 2880
gggctcgggg gggcgcgcct gcggcgctta tttactaaac agactccgag tcgccattgg 2940
gccccccctа agctccgccc ccctcatgaa tattcataaa ggaaaccaca aaattagaat 3000
tgccgaccac aaactgccat atgctaatta gttccccttt tacacagtaa aaaggggaag 3060
tgggggggca gagccccccc acaccccccg cggggggggc agagcccccc ccgcaccccc 3120

cctacgtcac aggccacgcc cccgccgcca tcttgggtgc ggcagggcgg ggactaaaat 3180
ggcgggaccc aatcatttta tactttcact ttccaattaa aacccgccac gtcacacaaa 3240
ag 3242

<210> 49

<211> 101

<212> PRT

<213> Torque teno midi virus 1

<400> 49

Met Trp Met Ser Gly Ile Ala Asp Ser His Asp Ser Trp Cys Asp Cys

1 5 10 15

Asp Thr Pro Phe Ala His Leu Leu Ala Ser Ile Phe Pro Pro Gly His

20 25 30

Thr Asp Arg Thr Arg Thr Ile Gln Glu Ile Leu Thr Arg Asp Phe Arg

35 40 45

Lys Thr Cys Leu Ser Gly Gly Ala Asp Ala Thr Asn Ser Gly Met Ala

50 55 60

Glu Thr Ile Glu Glu Lys Arg Glu Asp Phe Gln Lys Glu Glu Lys Glu

65 70 75 80

Asp Phe Thr Glu Glu Gln Asn Ile Glu Asp Leu Leu Ala Ala Val Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Gly Arg

100

<210> 50

<211> 237

<212> PRT

<213> Torque teno midi virus 1

<400> 50

Met Trp Met Ser Gly Ile Ala Asp Ser His Asp Ser Trp Cys Asp Cys

1 5 10 15

Asp Thr Pro Phe Ala His Leu Leu Ala Ser Ile Phe Pro Pro Gly His

20 25 30

Thr Asp Arg Thr Arg Thr Ile Gln Glu Ile Leu Thr Arg Asp Phe Arg

35 40 45

Lys Thr Cys Leu Ser Gly Gly Ala Asp Ala Thr Asn Ser Gly Met Ala

50 55 60

Glu Thr Ile Glu Glu Lys Arg Glu Asp Phe Gln Lys Glu Glu Lys Glu

65 70 75 80

Asp Phe Thr Glu Glu Gln Asn Ile Glu Asp Leu Leu Ala Ala Val Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Gly Arg Tyr Gln Thr Asn Gln Leu Lys Thr Gln Glu Thr

100 105 110

Lys Thr Asn Met Met Cys Pro Ile Gln Ser Lys Lys His Tyr Lys Leu
115 120 125
Leu Thr Gln Gln Lys Thr Leu Leu Pro Arg Cys Ser Met Thr Gly Thr
130 135 140
Thr Asp Gly Val Ala Leu His Gln Gln Leu Leu Lys Glu Cys Asn Lys
145 150 155 160
Thr Ser Gln Leu Ile His Leu Ser Asn Leu Ile Gln Thr Gln Asn Gln
165 170 175

His Pro Arg Lys Lys Asp Tyr Tyr Gln Ser Ser Thr Thr His Lys Arg
180 185 190
Lys Arg Lys Arg Ser Thr Asn Val Ser Ser Leu Ser Ala Lys Lys Val
195 200 205
His Ala Arg Ser Arg Lys Arg Arg Lys Thr Ser Ser Ser Ser Ser Ser
210 215 220
Ser Ser Ser Ser Ser Ser Arg Asn Ser Ser Thr Thr Ser
225 230 235

<210>

51

<211> 239

<212> PRT

<213> Torque teno midi virus 1

<400> 51

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

50 55 60
Glu Thr Ile Glu Glu Lys Arg Glu Asp Phe Gln Lys Glu Glu Lys Glu

65 70 75 80

Asp Phe Thr Glu Glu Gln Asn Ile Glu Asp Leu Leu Ala Ala Val Ala

85 90 95

Asp Ala Glu Gly Arg Thr Ser Thr Gln Glu Lys Lys Thr Thr Thr Ser

100 105 110

Pro Pro Arg Pro Thr Lys Glu Asn Gly Lys Asp Gln Pro Met Ser Pro

115 120 125

Leu Ser Leu Arg Arg Lys Tyr Met Pro Gly Ala Gly Asn Gly Gly Lys

130 135 140

His Pro Gln Ala His Pro Ala Ala Ala Ala Ala Ala Ala Glu Thr Gln

145 150 155 160

Ala Gln Pro Leu Ser Thr Asn Gln Gly Leu Lys Ser Glu Thr Lys Ile

165 170 175

Ile Thr Thr Thr Asn Gly Gly Thr Arg Ile Thr Leu Thr Arg Phe Lys

180 185 190

Pro Gly Phe Glu Gln Glu Thr Glu Lys Glu Leu Ala Gln Ala Phe Asn

195 200 205

Arg Pro Pro Arg Leu Phe Lys Glu Asp Lys Pro Phe Tyr Pro Trp Leu

210 215 220

Pro Arg Phe Thr Pro Leu Val Asn Phe His Leu Asn Phe Lys Gly

225 230 235

<210> 52

<211> 673

<212> PRT

<213> Torque teno midi virus 1

<400> 52

Met Pro Phe Trp Trp Gly Arg Arg Asn Lys Phe Trp Tyr Gly Arg Asn

1 5 10 15

Tyr Arg Arg Lys Lys Arg Arg Phe Pro Lys Arg Arg Lys Arg Arg Phe

20 25 30

Tyr Arg Arg Thr Lys Tyr Arg Arg Pro Ala Arg Arg Arg Arg Arg Arg

35 40 45

Arg Arg Lys Val Arg Arg Lys Lys Lys Thr Leu Ile Val Arg Gln Trp
50 55 60

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

Asn Ile Trp Thr Lys Thr Asn Gln Leu Lys Asp Leu Cys Arg Tyr Leu
130 135 140
Lys Cys Val Met Thr Phe Tyr Arg His Gln His Ile Asp Phe Val Ile
145 150 155 160
Val Tyr Glu Arg Gln Pro Pro Phe Glu Ile Asp Lys Leu Thr Tyr Met
165 170 175
Lys Tyr His Pro Tyr Met Leu Leu Gln Arg Lys His Lys Ile Ile Leu
180 185 190

Pro Ser Gln Thr Thr Asn Pro Arg Gly Lys Leu Lys Lys Lys Lys Thr
195 200 205
Ile Lys Pro Pro Lys Gln Met Leu Ser Lys Trp Phe Phe Gln Gln Gln
210 215 220
Phe Ala Lys Tyr Asp Leu Leu Leu Ile Ala Ala Ala Ala Cys Ser Leu
225 230 235 240
Arg Tyr Pro Arg Ile Gly Cys Cys Asn Glu Asn Arg Met Ile Thr Leu
245 250 255

Tyr Cys Leu Asn Thr Lys Phe Tyr Gln Asp Thr Glu Trp Gly Thr Thr
260 265 270
Lys Gln Ala Pro His Tyr Phe Lys Pro Tyr Ala Thr Ile Asn Lys Ser
275 280 285
Met Ile Phe Val Ser Asn Tyr Gly Gly Lys Lys Thr Glu Tyr Asn Ile

290 295 300

Gly Gln Trp Ile Glu Thr Asp Ile Pro Gly Glu Gly Asn Leu Ala Arg
305 310 315 320

Tyr Tyr Arg Ser Ile Ser Lys Glu Gly Gly Tyr Phe Ser Pro Lys Ile
325 330 335

Leu Gln Ala Tyr Gln Thr Lys Val Lys Ser Val Asp Tyr Lys Pro Leu
340 345 350

Pro Ile Val Leu Gly Arg Tyr Asn Pro Ala Ile Asp Asp Gly Lys Gly
355 360 365

Asn Lys Ile Tyr Leu Gln Thr Ile Met Asn Gly His Trp Gly Leu Pro
370 375 380

Gln Lys Thr Pro Asp Tyr Ile Ile Glu Glu Val Pro Leu Trp Leu Gly
385 390 395 400

Phe Trp Gly Tyr Tyr Asn Tyr Leu Lys Gln Thr Arg Thr Glu Ala Ile
405 410 415

Phe Pro Leu His Met Phe Val Val Gln Ser Lys Tyr Ile Gln Thr Gln
420 425 430

Gln Thr Glu Thr Pro Asn Asn Phe Trp Ala Phe Ile Asp Asn Ser Phe
435 440 445

Ile Gln Gly Lys Asn Pro Trp Asp Ser Val Ile Thr Tyr Ser Glu Gln
450 455 460

Lys Leu Trp Phe Pro Thr Val Ala Trp Gln Leu Lys Thr Ile Asn Ala
465 470 475 480

Ile Cys Glu Ser Gly Pro Tyr Val Pro Lys Leu Asp Asn Gln Thr Tyr
485 490 495

Ser Thr Trp Glu Leu Ala Thr His Tyr Ser Phe His Phe Lys Trp Gly
500 505 510

Gly Pro Gln Ile Ser Asp Gln Pro Val Glu Asp Pro Gly Asn Lys Asn
515 520 525

Lys Tyr Asp Val Pro Asp Thr Ile Lys Glu Ala Leu Gln Ile Val Asn
530 535 540

Pro Ala Lys Asn Ile Ala Ala Thr Met Phe His Asp Trp Asp Tyr Arg
545 550 555 560
Arg Gly Cys Ile Thr Ser Thr Ala Ile Lys Arg Met Gln Gln Asn Leu
565 570 575

Pro Thr Asp Ser Ser Leu Glu Ser Asp Ser Asp Ser Glu Pro Ala Pro
580 585 590
Lys Lys Lys Arg Leu Leu Pro Val Leu His Asp Pro Gln Lys Lys Thr
595 600 605
Glu Lys Ile Asn Gln Cys Leu Leu Ser Leu Cys Glu Glu Ser Thr Cys
610 615 620
Gln Glu Gln Glu Thr Glu Glu Asn Ile Leu Lys Leu Ile Gln Gln Gln
625 630 635 640

Gln Gln Gln Gln Gln Lys Leu Lys His Asn Leu Leu Val Leu Ile Lys
645 650 655
Asp Leu Lys Val Lys Gln Arg Leu Leu Gln Leu Gln Thr Gly Val Leu
660 665 670
Glu

<210> 53
<211> 209
<212> PRT
<213> Torque teno midi virus 1
<400> 53
Met Pro Phe Trp Trp Gly Arg Arg Asn Lys Phe Trp Tyr Gly Arg Asn
1 5 10 15
Tyr Arg Arg Lys Lys Arg Arg Phe Pro Lys Arg Arg Lys Arg Arg Phe

20 25 30
Tyr Arg Arg Thr Lys Tyr Arg Arg Pro Ala Arg Arg Arg Arg Arg Arg
35 40 45
Arg Arg Lys Ile Ser Asp Gln Pro Val Glu Asp Pro Gly Asn Lys Asn
50 55 60
Lys Tyr Asp Val Pro Asp Thr Ile Lys Glu Ala Leu Gln Ile Val Asn

65 70 75 80

Pro Ala Lys Asn Ile Ala Ala Thr Met Phe His Asp Trp Asp Tyr Arg

85 90 95

Arg Gly Cys Ile Thr Ser Thr Ala Ile Lys Arg Met Gln Gln Asn Leu

100 105 110

Pro Thr Asp Ser Ser Leu Glu Ser Asp Ser Asp Ser Glu Pro Ala Pro

115 120 125

Lys Lys Lys Arg Leu Leu Pro Val Leu His Asp Pro Gln Lys Lys Thr

130 135 140

Glu Lys Ile Asn Gln Cys Leu Leu Ser Leu Cys Glu Glu Ser Thr Cys

145 150 155 160

Gln Glu Gln Glu Thr Glu Glu Asn Ile Leu Lys Leu Ile Gln Gln Gln

165 170 175

Gln Gln Gln Gln Gln Lys Leu Lys His Asn Leu Leu Val Leu Ile Lys

180 185 190

Asp Leu Lys Val Lys Gln Arg Leu Leu Gln Leu Gln Thr Gly Val Leu

195 200 205

Glu

<210> 54

<211> 209

<212> PRT

<213> Torque teno midi virus 1

<400> 54

Met Pro Phe Trp Trp Gly Arg Arg Asn Lys Phe Trp Tyr Gly Arg Asn

1 5 10 15

Tyr Arg Arg Lys Lys Arg Arg Phe Pro Lys Arg Arg Lys Arg Arg Phe

20 25 30

Tyr Arg Arg Thr Lys Tyr Arg Arg Pro Ala Arg Arg Arg Arg Arg Arg

35 40 45

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

50 55 60

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

Lys Lys Lys Arg Leu Leu Pro Val Leu His Asp Pro Gln Lys Lys Thr
130 135 140
Glu Lys Ile Asn Gln Cys Leu Leu Ser Leu Cys Glu Glu Ser Thr Cys
145 150 155 160
Gln Glu Gln Glu Thr Glu Glu Asn Ile Leu Lys Leu Ile Gln Gln Gln
165 170 175
Gln Gln Gln Gln Gln Lys Leu Lys His Asn Leu Leu Val Leu Ile Lys
180 185 190

Asp Leu Lys Val Lys Gln Arg Leu Leu Gln Leu Gln Thr Gly Val Leu
195 200 205
Glu

<210> 55
<211> 25
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide"
<220><221> VARIANT
<222> (3)..(3)
<223> /replace="Ile"
<220><221> MOD_RES

<222> (9)..(10)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (15)..(15)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (17)..(17)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (20)..(20)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (24)..(24)

<223> Any amino acid

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (1)..(25)

<223> /note="Variant residues given in the sequence have no preference with respect to those in the annotations for variant positions"

<400> 55

Leu Ile Leu Arg Gln Trp Gln Pro Xaa Xaa Ile Arg Arg Cys Xaa Ile
1 5 10 15

Xaa Gly Tyr Xaa Pro Leu Ile Xaa Cys
20 25

<210> 56

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<220><221> MOD_RES

<222> (3)..(4)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (6)..(6)

<223> Any amino acid

<400> 56

Asn Tyr Xaa Xaa His Xaa Asp

1 5

<210> 57

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<220><221> MOD_RES

<222> (4)..(5)

<223> Any amino acid

<400> 57

Phe Ser Leu Xaa Xaa Leu Tyr Asp Glx

1 5

<210> 58

<211> 18

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<220><221> MOD_RES

<222> (2)..(2)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (5)..(5)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (8)..(8)

<223> Any amino acid

<220

><221> MOD_RES

<222> (16)..(16)

<223> Any amino acid

<400> 58

Asn Xaa Trp Thr Xaa Ser Asn Xaa Asp Leu Asp Leu Cys Arg Tyr Xaa

1 5 10 15

Gly Cys

<210> 59

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<220><221> MOD_RES

<222> (2)..(2)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (5)..(5)

<223> Any amino acid

<220><221

> MOD_RES

<222> (9)..(9)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (11)..(11)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (13)..(13)

<223> Any amino acid

<400> 59

Thr Xaa Pro Ser Xaa His Pro Gly Xaa Met Xaa Leu Xaa Lys His Lys

1 5 10 15

<210> 60

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<220><221> MOD_RES

<222> (5)..(5)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (9)..(9)

<223> Any amino acid

<400> 60

Ile Pro Ser Leu Xaa Thr Arg Pro Xaa Gly

1 5 10

<210> 61

<211> 18

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<220><221> MOD_RES

<222> (3)..(3)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (6)..(6)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (9)..(9)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES
<222> (16)..(16)
<223> Any amino acid
<400> 61
Arg Ile Xaa Pro Pro Xaa Leu Phe Xaa Asp Lys Trp Tyr Phe Gln Xaa
1 5 10 15
Asp Leu

<210> 62
<211> 8
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide"
<220><221> MOD_RES
<222> (3)..(3)
<223> Any amino acid
<220><221> MOD_RES
<222> (5)..(5)
<223> Any amino acid
<400
> 62
Leu Leu Xaa Ile Xaa Ala Thr Ala
1 5
<210> 63
<211> 11
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide"
<220><221> MOD_RES

<222> (2)..(3)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (6)..(6)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (9)..(9)

<223> Any amino acid

<400> 63

Leu Xaa Xaa Pro Phe Xaa Ser Pro Xaa Thr Asp

1 5 10

<210> 64

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<220><221> MOD_RES

<222> (4)..(5)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (9)..(9)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (12)..(12)

<223> Any amino acid

<400> 64

Tyr Asn Pro Xaa Xaa Asp Lys Gly Xaa Gly Asn Xaa Ile Trp

1 5 10

<210> 65

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"
<220><221> MOD_RES
<222> (7)..(7)
<223> Any amino acid
<400> 65
Cys Pro Tyr Thr Glx Pro Xaa Leu
1 5
<210> 66
<211> 8
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"
<220><221> MOD_RES
<222> (1)..(1)
<223> Any amino acid
<220><221> MOD_RES
<222> (4)..(4)
<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES
<222> (6)..(6)
<223> Any amino acid
<400> 66
Xaa Phe Gly Xaa Gly Xaa Met Pro
1 5
<210> 67
<211> 8
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<220><221> MOD_RES

<222> (3)..(3)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (6)..(6)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (8)..(8)

<223> Any amino acid

<400> 67

His Gln Xaa Glu Val Xaa Glu Xaa

1 5

<210> 68

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<220><221> MOD_RES

<222> (3)..(3)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (5)..(5)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (7)..(7)

<223> Any amino acid

<400> 68

Lys Tyr Xaa Phe Xaa Phe Xaa Trp Gly Gly Asn Pro

1 5 10

<210> 69

<211> 8

<212

> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<220><221> MOD_RES

<222> (5)..(5)

<223> Any amino acid

<400> 69

His Ser Trp Asp Xaa Arg Arg Gly

1 5

<210> 70

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<220><221> MOD_RES

<222> (5)..(5)

<223> Any amino acid

<400> 70

Ala Ile Lys Arg Xaa Gln Gln

1 5

<210> 71

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<220><221> MOD_RES

<222> (1)..(1)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (5)..(6)

<223> Any amino acid

<400> 71

Xaa Gln Glx Gln Xaa Xaa Leu Arg

1 5

<210> 72

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<220><221> MOD_RES

<222> (3)..(3)

<223> Any amino acid

<220><221> VARIANT

<222> (4)..(4)

<223> /replace="Ile"

<220><221> MOD_RES

<222> (6)..(7)

<223> Any amino acid

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (1)..(9)

<223> /note="Variant residues given in the sequence have no

preference with respect to those in the annotations

for variant positions"

<400> 72

Pro Arg Xaa Leu Gln Xaa Xaa Asp Pro

1 5

<210> 73

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<220><221> MOD_RES

<222> (5)..(5)

<223> Any amino acid

<400> 73

His Ser Trp Asp Xaa Arg Arg Gly

1 5

<210> 74

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<220><221> MOD_RES

<222> (5)..(5)

<223> Any amino acid

<400> 74

Ala Ile Lys Arg Xaa Gln Gln

1 5

<210> 75

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<220><221> MOD_RES

<222> (4)..(5)

<223> Any amino acid

<400> 75

Gln Glx Gln Xaa Xaa Leu Arg

1 5

<210> 76

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<220><221> MOD_RES

<222> (2)..(2)

<223> Any amino acid

<400> 76

Lys Xaa Lys Arg Arg Arg Arg

1 5

<210> 77

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<220><221> MOD_RES

<222> (3)..(3)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (6)..(7)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (10)..(11)

<223> Any amino acid

<400> 77

Pro Ile Xaa Ser Leu Xaa Xaa Tyr Lys Xaa Xaa Thr Arg

1 5 10

<210> 78

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<220><221> MOD_RES

<222> (3)..(3)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (10)..(10)

<223> Any amino acid

<400> 78

Leu Ala Xaa Gln Leu Leu Lys Glu Cys Xaa Lys Asn

1 5 10

<210> 79

<211> 6

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<220><221> MOD_RES

<222> (4)..(4)

<223> Any amino acid

<400> 79

His Leu Asn Xaa Leu Ala

1 5

<210> 80

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide"

<400> 80

Asp Arg Pro Pro Arg

1 5

<210> 81

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide"

<220><221> MOD_RES

<222> (2)..(2)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (8)..(8)

<223> Any amino acid

<400> 81

Asp Xaa Pro Phe Tyr Pro Trp Xaa Pro

1 5

<210> 82

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide"

<220><221> MOD_RES

<222> (2)..(2)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (6)..(6)

<223> Any amino acid

<400> 82

Val Xaa Phe Lys Leu Xaa Phe

1 5

<210> 83

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<220><221> MOD_RES

<222> (2)..(2)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (9)..(9)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (14)..(14)

<223> Any amino acid

<400> 83

Trp Xaa Pro Pro Val His Asx Val Xaa Gly Ile Glu Arg Xaa Trp

1 5 10 15

<

210> 84

<211> 6

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<220><221> MOD_RES

<222> (6)..(6)

<223> Any amino acid

<400> 84

Ala Lys Arg Lys Leu Xaa

1 5

<210> 85

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<220><221> MOD_RES

<222> (4)..(4)

<223> Any amino acid

<220><221

> MOD_RES

<222> (7)..(8)

<223> Any amino acid

<400> 85

Pro Ser Ser Xaa Asp Trp Xaa Xaa Glu Tyr

1 5 10

<210> 86

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 86

Asp Arg Pro Pro Arg

1 5

<210> 87

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<400> 87

Pro Phe Tyr Pro Trp

1 5

<210> 88

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<220><221> MOD_RES

<222> (3)..(3)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (7)..(7)

<223> Any amino acid

<400> 88

Asn Val Xaa Phe Lys Leu Xaa Phe

1 5

<210> 89

<211> 25

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide"

<220><221> VARIANT

<222> (1)..(1)

<223> /replace="Ile"

<220><221> MOD_RES

<222> (2)..(5)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (9)..(13)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (15)..(15)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (17)..(17)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (19)..(21)

<223> Any amino acid

<220><221> VARIANT

<222> (22)..(22)

<223> /replace="Ile"

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (1)..(25)

<223> /note="Variant residues given in the sequence have no

preference with respect to those in the annotations

for variant positions"

<400> 89

Leu Xaa Xaa Xaa Xaa Trp Gln Pro Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Cys Xaa Ile

1 5 10 15

Xaa Gly Xaa Xaa Xaa Leu Trp Gln Pro

20 25

<210> 90

<211> 15

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<220><221> MOD_RES

<222> (2)..(2)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (4)..(6)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (8)..(11)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (13)..(13)

<223> Any amino acid

<400> 90

Asn Xaa Trp Xaa Xaa Xaa Asn Xaa Xaa Xaa Xaa Leu Xaa Arg Tyr
1 5 10 15

<210> 91

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<220><221> MOD_RES

<222> (4)..(5)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (7)..(7)

<223> Any amino acid

<400> 91

Tyr Asn Pro Xaa Xaa Asp Xaa Gly
1 5

<210> 92

<211> 456

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 92

atgcactttt ctaggatatc caggaagaaa aggctactgc tactgcacac agtgccaact 60

ccacagaaaa ctctcaaact tttaagaggt atgtggagtc ctcccactga cgatgaacgt 120

gtccgcgagc gaaaatggtt tctcgcaact gtctattctc actctgcttt ctgtggctgc 180

aatgatcctg tcggtcacct ctgtcgcctg gctactctct ctaaccgtcc ggagaacccg 240

ggaccctccg ggggacgtcg tgctccttcg atcggggtcc tacccgctct cccggctgct 300

accgagcagc caggtgatcg agcaccatgg cctatgggtg gtggaggaga cgccgcagaa 360

ggtggaagag atggaggaga aggcccaggt ggagacgccc atggaggacc cgcagacgca 420

gacctgctag acgccgtgga cgccgcggaa cagtaa 456

<210> 93

<211> 2298

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 93

atggcctatg ggtggtggag gagacgccgc agaaggtgga agagatggag gagaaggccc 60

aggtggagac gcccatggag gacccgcaga cgcagacctg ctagacgccg tggacgccgc 120

ggaacagtaa ggagacggag gcgcgggagg tggaggaggc gctataggag gtggaggaga 180

aagggcagac gcaggagaaa aaagaaactt ataataagac aatggcagcc aaactatacc 240

agaaagtgca acatagtagg ctacatgcca gtaatcatgt gtggagaaaa cactctaata 300

agaaactatg ccacacacgc agacgactgc tactggccgg gacccttttgg gggcggcatg 360

gccacccaga aattcacacc cagaatcctg tacgatgact acaagaggtt tatgaactac 420

tggacctcct caaacgagga cctagacctc tgtagataca ggggagtcac cctgtacttt 480

ttcagacacc cagatgtaga ctttatcatc ttaataaaca ccacacctcc attcgtagat 540

acagagatca caggacccag catacatccg ggcatgatgg ccctgaacaa gagagccagg 600

ttcatcccca gcctaaagac tagacctggc agaagacaca tagtaaagat tagagtgggg 660

gcccccaaac tgtacgagga caagtggtac ccccagtcag aactctgtga cgtgcccctg 720

ctaaccgtct acgcgaccgc agcggatatg caatatccgt tcggctcacc actaactgac 780

actcctgttg taaccttcca agtgttgcgc agcatgtaca acgacgccct cagcacactt 840

ccctctaact ttgaaaacgc aagcagtcca ggccaaaaac tttacaaaga aatatctaca 900

tatttaccat actacaacac cacagaaaca atagcacaac taaagagata tgtagaaaat 960

acagaaaaaa atggcacaac gccaaacccg tggcaatcaa aatatgtaaa cactactgcc 1020

ttcaccactg cactaaatgt tacaactgaa aaaccataca ccaccttctc agacagctgg 1080

tacaggggca cagtatacaa agaaacaatc actgaagtgc cacttgccgc agcaaaactc 1140

tatcaaaacc aaacaaaaaa gctgctgtct acaacattta caggagggtc cgagtaccta 1200

gaataccatg gaggcctgta cagctccata tggctatcag caggccgatc ctactttgaa 1260

acaaagggag catacacaga catctgctac aacccctaca cagacagagg agagggcaac 1320

atggtgtgga tagactggct atcaaaaaca gactccagat atgacaaaac ccgcagcaaa 1380

tgccttatag aaaagctacc cctatgggca gcagtatacg ggtacccaga atactgtgcc 1440

aagagcaccg gagactcaaa catagacatg aacgccagag tagtaataag gtgcccctac 1500

accgtccccc agatgataga caccagcgac gaactaaggg gcttcatagt atacagcttt 1560

aactttggca ggggcaaaat gcccggaggc agcagcgagg tacccataag aatgagagcc 1620

aagtggtacc cctgcctgtt tcaccaaaaa gaagttctag aagccttggg acagtcgggc 1680

cccttcgcct accactgcga ccaaaaaaaa gcagtgctag gtctaaaata cagatttcac 1740

tggatatggg gcggaagccc cgtgtttcca caggttgtta gaaaccccctg caaagacaca 1800

cacggttcct cgggccctag aaagcctcgc tcaatacaaa tcattgaccc gaagtacaac 1860

acaccagagc tcacaatcca cgcgtgggat ttcagacgtg gcttctttgg ctcaaaagct 1920

attaaaagaa tgcaacaaca accaacagat gctgaacttc ttccaccagg ccgcaagagg 1980

agcaggcgag acacagaagc cctccaaagc agccaagaaa agcaaaaaga aagcttactt 2040

ttcaaacacc tccagctcca gcgacgaata cccccatggg aaagctcgca ggcctcgcag 2100

acagaggcag agagcgaaaa agagcaagag ggcagtctct cccagcagct ccgagagcag 2160

ctttaccagc aaaagctcct cggcaagcag ctcagggaaa tgttcctaca actccacaaa 2220

atccaacaaa atcaacacgt caaccctacc ttattgccaa gggatcaggc tttaatctgc 2280

tggtctcaga ttcagtaa 2298

<210> 94

<211> 174

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 94

atgtttggag accctaaacc atacaaaccc tccagcaacg actggaaaga ggagtacgag 60

gccgctaagt attgggacag gccccccaga tctaacctta gagataaccc cttctatccc 120

tgggcccccc caagcaatcc ctacaaagta aactttaaac taggcttcca ataa 174

<210> 95

<211> 456

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 95

atgcactttt ctaggatatc cagaaagaaa aggctactgc tactgcaaac agagccagct 60

ccacagaaga ctctcaaact tttaaaaggt atgtggagtc ctcccactga cgatgaacgt 120

gtccgcgagc gaaaatggtt cctcgccact gtttattctc actctgcttt ctgtggctgc 180

aatgatcctg tcggccacct ctgtcgcttg gctactctat ctaaccgtcc ggagaacccg 240

ggaccctccg ggggacgtcg tgctccttcg atcgggatcc tacccgctct cccggctgct 300

accgagcagc ccggtgatcg agcaccatgg cctatgggtg gtggaggaga cgccgcagaa 360

ggtggaagag atggaggaga aggcccaggt ggagacgccc atggaggacc cgcagacgca 420

gacctgctag acgccgtgga cgccgcagaa cagtaa 456

<210> 96

<211> 2298

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 96

atggcctatg ggtggtggag gagacgccgc agaaggtgga agagatggag gagaaggccc 60

aggtggagac gcccatggag gacccgcaga cgcagacctg ctagacgccg tggacgccgc 120

agaacagtaa ggagacggag gcgcgggagg tggaggaggc gctataggag gtggaggaga 180

aagggcagac gcgggagaaa aaagaaactt ataataaaac aatggcagcc aaactatacc 240

agagagtgca acatagtagg ctacatgcca gtaatcatgt gtggagagaa cactctaata 300

agaaactatg ccacacacgc agacgactgc tactggccgg gacccctttgg gggcggcatg 360

gccacccaga aattcacact cagaatcctg tacgatgact acaagaggtt tatgaactac 420

tggacctcct caaacgagga cctagacctc tgtagataca ggggagtcac cctgtacttt 480

ttcagaaacc cagatgtaga ctttatcatc ctcataaaca ccacacctcc gttcgtagat 540

acagagatca caggacccag catacatccg ggcatgatgg ccctcaacaa aagagccagg 600

ttcatcccca gcctaaaaac tagacctggc agaagacaca tagtaaagat taaagtgggg 660

gcccccaaac tgtacgagga caagtggtac ccccagtcag aactctgtga catgccccta 720

ctaaccgtct acgccaccgc agcggatatg caatatccgt tcggctcacc actaactgac 780

actcctgttg taaccttcca agtgttgcgc agcatgtaca acgacgccct tagcatactt 840

ccctctaact ttcaaagccc agacagtcca ggccaaaaac tttacgaaca aatatctaag 900

tatttaccat actacaacac cacagaaaca atggcacaac taaagagata tatagaaaat 960

acagaaaaaa ataccacatc gccaaaccca tggcaaacaa aatatgtaaa cactactgcc 1020

ttcaccactc cacaaactgt tacaactcaa cagccataca ccagcttctc agacagctgg 1080

tacaggggca cagtatacac aaacgaaatc actaaggtgc cacttgccgc agcaaaagtg 1140

tatgaaactc aaacaaaaaa cctgctgtct acaacattta caggagggtc agagtaccta 1200

gaataccatg gaggcctgta cagctccata tggctatcag caggccgatc ctactttgaa 1260

acaaagggag catacacaga catctgctac aacccctaca cagacagagg agagggcaac 1320

atggtgtgga tagactggct atcaaaaaca gactccagat atgacaaaac ccgcagcaaa 1380

tgccttatag aaaagctacc cctatgggca gcagtatacg ggtacgcaga atactgtgcc 1440

aagagcaccg gagactcaaa catagacatg aacgccagag tagtaattag gtgcccctac 1500

accacccccc agatgataga caccagcgac gaactaaggg gcttcatagt atacagcttt 1560

aactttggca ggggcaaaat gcccggaggc agcagcgagg tacccattag aatgagagcc 1620

aagtggtacc cctgcctact tcaccaaaaa ggagttctag aagccttagg acagtcaggc 1680

cccttcgcct accaccgcga ccaaaaaaaa gcagtgctag gtctaaaata cagatttcac 1740

tggatatggg gcggaaaccc cgtgtttcca caggttgtta gaaaacccctg caaagacaca 1800

cacggttcct cgggccctag aaagcctcgc tcaatacaaa tcattgaccc gaagtacaac 1860

acaccagagc tcacaatcca cgcgtgggat ttcagacgtg gcttctttgg cccaaaagct 1920

attaagagaa tgcaacaaca accaacagat gctgaacttc ttccaccagg ccgcaagagg 1980

agcaggcgag acaccgaagc cctccaaagc agccaagaaa agcagaaaga aagcttactt 2040

ttcaaacagc tccagctccg gcgacgagta cccccgtggg aaagctcgca ggcctcgcag 2100

acagaggcag agagcgaaaa agagcaagag gacagtctct cccagcagct ccgagagcag 2160

cttcaccagc aaaagctcct cggcaagcag ctcagggaaa tgttcctaca actccacaaa 2220

atccaacaaa atcaacacgt caaccctacc ctattgccaa aagatcaggc tttaatatgc 2280

tggtctcaga ttcagtaa 2298

<210> 97

<211> 174

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 97

atgttcggag accctaaacc atacaaaccc tccagcaacg actggaaaga ggagtacgag 60

gccgctaaat attgggacag gccccccaga tttgacctta gagataagcc cttctatccc 120

tgggcccccc caagcaatcc ctacaaagta aactttaaac taggctttca ataa 174

<210> 98

<211> 150

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 98

atggctgagt tttccacgcc cgtccgcagc ggtgaagcca cggagggacc tcagcgcgtc 60

ccgagggcgg gtgccgaagg tgagtttaca caccgcagtc aaggggcaat tcgggctcgg 120

gactggccgg gctatgggca aggctcttaa 150

<210> 99

<211> 450

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 99

atgtttctcg gtaaacttta cagaaagaaa aggaaagtgc ttctgcagac tgtgccagac 60

ccacagaagg ctaggcggct tctgattatg tggcagcccc ccgtgcacaa agtacccggg 120

atcgagagaa actggtacga gagttgcttt cgatcccatg ctgctgtgtg tggctgtggc 180

gactttgttg gccatcttaa tcatctggca gctactctgg gtcgccctcc gcgttctcgg 240

caccccgggg gccccggcac tccgcagata agaaacctgc cagcgctccc ggcaccccag 300

ggtgagcccg gtgacagagc gccatggcct acggatggtg gggccgccgg cgccgctgga 360

gaagatggag gacgcggcgc agaccgtgga gaaccaggag acgtagaaga cgacgcgctc 420

ctcgccgctt tcgacctcgt cgaagagtaa 450

<210> 100

<211> 2202

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 100

atggcctacg gatggtgggg ccgccggcgc cgctggagaa gatggaggac gcggcgcaga 60

ccgtggagaa ccaggagacg tagaagacga cgcgctcctc gccgctttcg acctcgtcga 120

agagtaagga ggcgcagggg gcggtggcgc agacggtata gaaaatggag gagacgcagg 180

ggcagacgga cgcacagaaa aaagataatc ataaaacagt ggcagccgaa ctttataaga 240

cgctgctaca taataggcta cctgcctctc atattctgtg gcgagaacac caccgccaat 300

aactttgcca cccactcgga cgacatgata gccaaaggac cgtgggggggg gggcatgact 360

accactaagt tcactttgag aatcctgtac gacgagttta ccaggtttat gaacttctgg 420

actgtcagta acgaagacct agacctgtgt agatacgtga gctgcaaact gatattcttt 480

aagcacccca cggtagactt tatagtcagg ataaacacag agcctccgtt cctagacact 540

aacctgaccg cggcacagat tcacccgggc atcatgatgc taagcaaaaa acacatactc 600

ataccctctc taaagaccag gcctagcaga aaacacaggg tggtcgtcag ggtgggccca 660

cctagactgt ttcaagacaa gtggtacccc cagtcagacc tgtgtgacac agttctgctt 720

tccgtgtttg caacggcctg tgacttgcaa tatccgttcg gctcaccact aactgacaac 780

ccttgcgtca acttccagat tctggggcac cagtacaaaa accaccttag tattagctcc 840

acaaacgata ccactaacaa acaacactat gacaacactt tatttaacaa aatagtatta 900

tataacactt ttcaaacaat agctcagctc aaagaaacag gacaactcac aaacttatgg 960

aacgaagtac aaaacacaac agcactgtca ccaaaaggca caaatgcaac tataagcaaa 1020

gacacctggt acaaaggaaa cacatacaaa gacaagatta aagagttagc agaaaaaact 1080

cgaagtagat ttgcagctgc aacaaaagca gccctgccaa actaccctac aatcatgtcc 1140

acagacctgt atgagtacca ctcaggcata tactccagca tattcctagc agcaggcagg 1200

agctactttg agaccccggg ggcctacaca gacgtcatat acaacccttt tacagacaaa 1260

ggcacaggaa acatggtctg gatagactac ctcacaaaac cagactccat atacacaaag 1320

aacaaaagca aatgcgagat atttgacgta cccctgtggg ccaccttcac aggatactca 1380

gaattctgtt caaaagttac aggagacacc gccattcacc taactgccag agtagtagtc 1440

agatgcccct acaccgagcc catgctaata gaccactcag accccaacag gggctttgta 1500

ccatactcct ttaactttgg agagggcaag atgcccggag gctcctcaaa agtacccata 1560

agaatgagag ccaagtggta cgtgaacatg tttcaccagc aagaattcat ggaggccata 1620

gttgagagcg gaccgcttgc ttacaagggc gacataaaat cagcggtact caccatgaaa 1680

tacagattcc actggaaatg gggcggaaac cctatatcca aacaggtcgt ccggaatccc 1740

tgctccacct ccagcacctc cgcgggccat cgaggacctc gcagcataca agtcgttgac 1800

ccgaagcacg ttaccccgga agtcacctgg cactcgtggg acatcaagcg aggtctcttt 1860

ggcaaagcag gtattaagag aatgcaacaa gaatcagatg ctctttacat tcctacagga 1920

ccactcaaga ggccacggag ggacaccaac gcccaagacc cagaagagca aaacgaaagc 1980

tcaggtttca gagtccagca gcgactcccc tgggtccact ccagccaaga aacgcaaagc 2040

tcccaagagg agatgcaagc ggaggggacg gtacaagaac aactcctcct ccagctccga 2100

gagcagcgag tactccggtt ccagctccaa cagctcgcca gccaagtcct caaagtgcaa 2160

gcagggcaag gcctacaccc cctattatct tcccaagcgt aa 2202

<210> 101

<211> 180

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 101

atgtttgagc cccagggtcc caaacccata cagggctaca acgattggtt agaagagtac 60

acctgctgta aattctggga caggcctccc agaaagctac acacagatac acccttttac 120

ccctgggcac caaaaccccc agaccaagtg agagtctcct ttaaacttaa cttccaataa 180

<210> 102

<211> 444

<212> DNA

<213> TTV-like virus DXL1

<400> 102

atgtttcttg gcagggcctg gagaaagaaa aggcaagtgc cactgccgac actgccagtg 60

gtgccgcttc cacaaccttc acctatgagc agccagtgga gacccccggt tcacaatgtc 120

caggggctgg agcgcaattg gtgggagtgc ttcttccgtt ctcatgcttg tttttgtggc 180

tgtggtgatg ctattactca tattaatcat ctggcgactc gttttggacg tcctcctact 240

acctcaactc cccgaggacc gcaggcacct ccagtgactc cgtacccggc cctgccggcc 300

ccagagccta gccctgagcc atggcgtggc gccggtggcg atggcggccg tggtggagac 360

gccggaggcg ccgccggtgg agaaggagac ggaggagacc cagacgacgc cgcccttatc 420

gacgccgtcg acctcgcaga gtaa 444

<210> 103

<211> 2319

<212> DNA

<213> TTV-like virus DXL1

<400> 103

atggcgtggc gccggtggcg atggcggccg tggtggagac gccggaggcg ccgccggtgg 60

agaaggagac ggaggagacc cagacgacgc cgcccttatc gacgccgtcg acctcgcaga 120

gtaaggaggc gcaggggggcg gtggaggcgc gcgtacagac gttgggggcg acgcagacgc 180

agacgcaggc acaaaaagaa acttgtactg actcagtggc aaccagcagt agttaagagg 240

tgcctaatag tgggctttga ccccccttata atatgtggca ttaacagaac aatatttaac 300

tacactacac actctgaaga ctttacttttt aacaacgaca gctttggagg ggggctctgt 360

accgctcagt acacactaag aatccttttc caagaaaagc tggcccagca caacttctgg 420

tcagctagca acgaagacct agaccttgcc aggtacctag gagccacaat agtactttac 480

agacacccta cagtagactt cttagttaga attcgcacca gtcctccctt tgaggacaca 540

gacatgacag ccatgacact acatccaggc atgatgatgc tagctaaaaa gacaattaaa 600

attcccagtc ttaaaacaag accgtccaga aaacacgtag taaggattag agtaggggcc 660

cctaaactat ttgaagacaa gtggtacccc cagaacgagc tatgtgatgt aactctgcta 720

accatacagg caaccacagc tgatttccaa tatccgttcg gctcaccact aacgaactcc 780

ccctgttgca acttccaggt tcttaacagt aactatgaca atgcacattc catacttaac 840

ttgtcaaacg aaccaacaaa caaatggcac acctatagaa ataactgcta taaatttcta 900

ctagaacagt acagctacta caacactaaa caagtagtag cacaacttaa atataaatgg 960

aaccctaatc aaaaccctac tatgccaaat acaagcaatg catcactttc taaaaaacct 1020

gatgacctta ctaaaaccaa aacaacaaac gagtatccac attgggacac cctatatggt 1080

ggtttagcat atggacacag cactgtaaca cctggcacta cctcatcacc aacagaccta 1140

aaaacacaaa tgcttacagg caacgaattt tatacaacag caggcaaaaa gttaatagat 1200

acatttcacc caattcctta ctatgaaaac ggatcttcta aagccaacac caacatattt 1260

gactactaca caggcatgta cagtagtatt ttcctgtctt caggcagatc aaacccagaa 1320

gtaaagggca gctacacaga catctcttac aaccctctga cagacaaggg agtaggtaac 1380

atgatttgga tagactggct cactaaagga gacacagtat acgaccccaa aaaaagcaag 1440

tgcctactct cagactttcc attgtggtca ctttgttatg gatacccaga ctactgcaga 1500

aaacaaaccg gagactcagg tatttactat gactacagag tacttataag atgtccatac 1560

acataccctc aattaataaa acacaacgac aaatactttg gcttcgtagt gtacagcgaa 1620

aactttggac tggggcgact accaggaggc aaccctaacc ccccaactag aatgagactg 1680

cactggtacc ctaatatgtt ccaccaaaca gaagtactag agtgcatagc tcaaagcgga 1740

ccgtttgctt atcatggaga cgagagaaaa gctgttctga ctgccaaata caagttcaga 1800

tggaagtggg gaggcaatcc tgtgtttcaa caggttctcc gagacccctg caccggaggt 1860
gccgtggcgc cccacaccag tcgacaccct cgtgcaatac aagtccatga cccgaagtat 1920
caggccccgg agtacctctt ccacaaatgg gacttcagaa ggggactgtt tagcactaaa 1980
ggtattaaga gagtgtcaga acaaccagta catgatgagt attttacagg gagcagcaag 2040
agacccaaga aagacaccaa cccaagcccc caaggagaag agcaaaaaga aggctcgcgt 2100
ttcagagtcc cagagctcag accctggctc ccctccagcc aggaaacgca gagccaaagc 2160
gagcaagaag aaacagcccc gaaaacggtc caagagcagc tacaagaaca actccagcag 2220

cagcagctca tgggaatcca gctcagaaac gtctgtctcc agctcgcaag agtccaagcg 2280
gggcacagtc tccaccccgt tttccaatgc catgcataa 2319

<210> 104
<211> 435
<212> DNA
<213> TTV-like virus DXL1
<400> 104

atgacccgaa gtatcaggcc ccggagtacc tcttccacaa atgggacttc agaaggggac 60
tgtttagcac taaaggtatt aagagagtgt cagaacaacc agtacatgat gagtatttta 120
cagggagcag caagagaccc aagaaagaca ccaacccaag cccccaagga gaagagcaaa 180
aagaaggctc gcgtttcaga gtcccagagc tcagaccctg gctcccctcc agccaggaaa 240

cgcagagcca aagcgagcaa gaagaaacag ccccgaaaac ggtccaagag cagctacaag 300
aacaactcca gcagcagcag ctcatgggaa tccagctcag aaacgtctgt ctccagctcg 360
caagagtcca agcggggcac agtctccacc ccgttttcca atgccatgca taaacaaagt 420
ttttattttc cctga 435

<210> 105
<211> 465
<212> DNA
<213> TTV-like virus DXL2
<400> 105

atgtttctcg gtaaacttta cagaaagaaa aggaaactgc tactgcaagc tgtgcgagct 60
ccacaggcgc catcttccat gagctcctcc tggcgagtgc cccgcggcga tgtctccgcc 120

cgcgagctat gttggtaccg ctcagttcga gagagccacg atgctttttg tggctgtcgt 180

gatcctgttt ttcatctttc tcgtctggct gcacgttcta accatcaggg acctccgacg 240

ccccccacgg acgagcgccc gtcggcgtct accccagtga ggcgcctgct gccgctgccc 300

tcctaccccg gcgagggtcc ccaggctaga tggcctggtg gagatggaga aggcgctggt 360

gacgcccgcg gaggcgctgg agatggcggc gcccgcgcag gcgaagaaga gtaccggccc 420

gaagacctcg acgagctgtt cggcgctacc gaacaagaac agtaa 465

<210> 106

<211> 2070

<212> DNA

<213> TTV-like virus DXL2

<400> 106

atgccagtta tctgggcggg catgggcacg gggggccaaa actacgccgt ccgctcagat 60

gactttgtag tagacaaggg cttcgggggc tccttcgcta cagagacttt ctccttgaga 120

gtactgtatg accagcacca gaggggcttt aaccggtggt cccacaccaa cgaggaccta 180

gaccttgccc gttacagggg atgcaaatgg acctttttaca gacacccaga cactgacttt 240

atagtgtact tcactaacaa tccccccatg aaaactaacc agtacactgc ccctctcacc 300

actcctggaa tgctcatgag aagcaaatat aagatactaa tacctagttt taaaacaaaa 360

cccaagggaa aaaagacaat aagcttcaga gccagacccc caaaactatt ccaagacaag 420

tggtacactc aacaagacct ctgccctgtg cccctcatcc aactgaactt aaccgcagct 480

gatttcacac atccgttcgg cttaccacta actgactctc cttgcgtaag gttccaagtc 540

ctcggagact tgtacaataa ctgtctcaat atagaccttc cgcaatttga tgacaagggt 600

acaatttcag acgcatcctc ttacagtaga gataataagc agcagttaga agaattatat 660

aaaactctat ttgttaaaaa gggctgcgga cactactggc aaacattcat gaccaatagc 720

atggtaaaag cacacataga tgctgcacag gcacaaaacc atcaacaaga cacctcaggc 780

cctcaaagtg caaaagatcc atttccaaca aaacctgaca gaaaccaatt tgaacaatgg 840

aaaaacaaat tcacagaccc cagagacagc aactttctct ttgccactta tcacccagaa 900

aacattacac agactatcaa aacaatgaga gacaataact ttgctctaga aactggaaag 960

aatgaccttt atggtgatta tcaggcccag tatactagaa acactcacct tctagactac 1020

tacctgggct tctacagccc catattcttg tccagtggca gatccaatac tgaattcttt 1080

actgcctaca gagacataat atacaatcca ctactagaca aaggcacagg taatatgatt 1140

tggttccaat accacacaaa gactgacaac atatttaaaa aaccagagtg ccactgggaa 1200

atactagaca tgcccctgtg ggccctctgc aacggctaca aagagtacct agagagccaa 1260

ataaaatatg gtgatatctt agtagaaggc aaagtcctca taagatgccc atacaccaaa 1320

cctcccctag cagaccccaa caacagtcta gcaggatatg tagtctacaa cacaaacttt 1380

ggacaaggca agtggatcga cggcaagggc tacatacccc taagacacag gagcaagtgg 1440

tatgtcatgc tcatgtacca gacggacgta ctccatgacc tagtgacttg tggaccctgg 1500

caatacagag acgataataa gaactctcaa ctgatagcca agtatagatt tactttctac 1560

tggggaggta acatggtaca ttctcaggtc atcaggaacc cgtgcaaaga cacccaagta 1620

tccggccccc gtcgacagcc tagagagata caagtcgttg acccgcaact catcaccccg 1680

ccgtgggtcc tccactcgtt cgaccagaga cgaggaatgt ttactgagac agctatcaga 1740

cgtctgctca gacaaccact acctggcgag tatgctcctc cagcactcag ggtcccgctc 1800

ctctttccct cctcagagtt ccaacgagag ggagaaggtg cagaaagcga cttatcttcc 1860

ccggccaaaa gaccacgact ctggcaagaa gaggacagcg agacgcagac gcagtcctcg 1920

gaggggccgg cggagacgac gagggagctc ctcgagcgaa agctcagaga gcagcgagtc 1980

ctcaacctcc aactccagca attcgccgta caactcgcca agacccaagc gaacctccac 2040

ataaacccct tattatactc ccagcagtaa 2070

<210> 107

<211> 273

<212> DNA

<213> TTV-like virus DXL2

<400> 107

atgctcctcc agcactcagg gtcccgctcc tctttccctc ctcagagttc caacgagagg 60

gagaaggtgc agaaagcgac ttatcttccc cggccaaaag accacgactc tggcaagaag 120

aggacagcga gacgcagacg cagtcctcgg aggggccggc ggagacgacg agggagctcc 180

tcgagcgaaa gctcagagag cagcgagtcc tcaacctcca actccagcaa ttcgccgtac 240

aactcgccaa gacccaagcg aacctccaca taa 273

<210> 108

<211> 465

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 108

atgtactttt ccagaaaaag aagacccaag aaggagaggc cgctgccact gcgatacgtg 60

tgtggcctac cgcctagcag gcctgatccg atgagctggc gtccacctgc ccacgatgtc 120

ccaggacaag agggcctgtg gtaccgatca gtttttactt ctcatggcgc tttttgtggt 180

tgcggtgatt ttgtgggtca tcttcagaga cttagcgaac gcctgggtag accccaacca 240

ccaagaccac cgggcgagcc gccgggccct gctgtgagag ttctgcctgc cctgccgcct 300

ccagtacctg aaccaagaag acacgtccag agagagaacc cgggatgtgg tggtggagac 360

gccgcagatg gagggcccca tggagaagga ggcgatggag acgacgcaga cctcggacca 420

gaagatttag acgagctgct cgacgtccta gacgccccag agtaa 465

<210> 109

<211> 2163

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 109

atgtggtggt ggagacgccg cagatggagg gccccatgga gaaggaggcg atggagacga 60

cgcagacctc ggaccagaag atttagacga gctgctcgac gtcctagacg ccccagagta 120

aggagacctc ggcgccgcag ggggtgggct cgtagatata gacttagaag gaggcgaagg 180

aggagaagaa ggagaaagct tatactaaca caatggcagc cagcaaaaat aagaaaatgt 240

ctagtaatag gttatcttgc tctagtacta tgtgggaacg ggacattcag taaaaactat 300

gcctcccact cagatgacta tgtacagaaa ggacccttta gagggggact gagcagcatg 360

agatttaaca tgagaatact atatgatcaa tttaaaagac accttaactt ctggacacac 420

acaaaccagg acctagacct agttagatac agaggctgca ccatgacatt ttatagacac 480

ccagaggtgg acttcatagt aaaattcaac agaaaacctc cattcctaga cacaatagta 540

tcaggtccag ccatgcaccc aggcatgcta atgacaacaa aacacaaaat actagtaaaa 600

agctttaaaa caaaacccaa aggaaaaggc acagtaaagg tgcgcattcg ccccccccaca 660

ctctttgacg accgttggta ctttcaacat gacatctgca aaaccacact gttcaccatt 720

agcgcaacac catgtgacct gcggtttccg ttctgctcac cacaaactga caacccttgc 780

gtcaacttcc tagttcttgc aggagtgtat aacggcaaac ttagcataga acccacaaac 840

gtagaatcac aatataattc actactttca gctatagaga cacacaccca aggcactcta 900

tttaatacat ttaaaacacc agaaatgata aagtgccccc cagcagtaaa agccccagaa 960

actggagaca tatccacaaa ctgctacaaa aaactagaca tcgcctgggg agacactata 1020

tggaaccaaa gcaccatagg caactttaaa aagaacacag agaacttgtg gaatgcaaga 1080

cacaatcaaa caatgactgg tagcaaatac ctaaactaca gaacaggaat atacagtgcc 1140

atattccttt cagcaggcag actgtcacca gactttccag gactatacaa tgacatagta 1200

tacaatccca ccacagacga aggcatagga aacattgtgt ggatagactg gtgtacaaaa 1260

gcagactgca acttcaatga gacacagtcc aaaggagtaa taaaagacat tccactgtgg 1320

gcagcactgt ttggctatgt agactttcta aaaaagacat ttaaagacga ccagctagac 1380

aaaactgcca gactcactct cataagcccc tatacaaagc ctcaactaat aggacctaca 1440

caacccaaca aagggtttgt tccgtacgac tacaactttg gcagagcaca catgccctcc 1500

ggagaatcct acatacctat gtactacaga tttagatggt acatctgcct atttcaccaa 1560

caaaagttta tagacgacat tgtaagcagc gggcccttcg cataccacgg ctcacagccc 1620

tcagcaactc tcaccactaa atacaaattc cactttctct ttgggggcaa ccccgttccc 1680

caacagactg tcagagaccc ttgtaaccaa ccagtctttg acattcccgg agccggtgga 1740

ctccctcgtc cgatacaagt cgttgacccg aaatacgtca acgaaggcta cacgttccac 1800

gcctgggact tccgtagagg gctctttggc caagcagcta ttaaaagagt gtcgggagaa 1860

caaacaaatg cttcacttta ttcatcaggt ccaaaacggc caagaacaga aattcctcca 1920

gaaaatgcag aagaaggctc atattccagg gaacaaaaac tccagccctg gctcgactcg 1980

agcgaccagg aagagagcga gacagaagcc ccagaagaag aagcgacctc gccgccgtcg 2040

ctacagctcc agctcaagca gcagatcagg gagcagcgac aactcagatg tggaatccaa 2100

cacctcttcc agcaactagt gaaaacccag caaaacttgc atatcgaccc atgcctacaa 2160

tag 2163

<210> 110

<211> 465

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 110

atgtactttt ccagaaaaag aagacccaag aaggagaggc cgctgccact gcgatacgtg 60

tgtggcctac cgcctagcag gcctgatccg atgagctggc gtccacctgc ccacgatgtc 120

ccaggacaag agggcctgtg gtaccgatca gtttttactt ctcatggcgc tttttgtggt 180

tgcggtgatt ttgtgggtca tcttcagaga cttagcgaac gcctgggtag accccaacca 240

ccaagaccac cgggcggacc gccgggccct gctgtgagag ctctgcctgc cctgccgcct 300

ccggaacctg aaccaagaag acacgtccag agagagaacc cgggatgtgg tggtggagac 360

gccgcagatg gagggcccca tggagaagga ggcgatggag acgacgcaga cctcggacca 420

gaagatttag acgagctgct cgacgtccta gacgccccag agtaa 465

<210> 111

<211> 2163

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 111

atgtggtggt ggagacgccg cagatggagg gccccatgga gaaggaggcg atggagacga 60

cgcagacctc ggaccagaag atttagacga gctgctcgac gtcctagacg ccccagagta 120

aggagacctc ggcgccgcag ggggtgggct cgtagatata gacttagaag gaggcggagg 180

aggagaagaa ggagaaagct tatactaaca caatggcagt cagcaaaaat aagaaaatgt 240

ctagtaatag gttatcttgc tctagtacta tgtggaaacg ggacattcag taaaaactat 300

gcctcgcact cagatgacta tgtacagaaa ggacccttg gaggggact aagcagcatg 360

agatttaaca tgagaatact atatgatcaa tttaaaagac accttaactt ctggacacac 420

acaaaccagg acctagacct agttagatac agaggctgca ccatgacatt ttatagacac 480

ccagaggtgg acttcatagt aaaattcaac agaaaacctc cattcctaga cacaatagta 540

tcaggtccag ccatgcaccc aggcatgcta atgacaacaa aacacaaaat actagtaaaa 600

agctttaaaa caaaacccaa aggaaaaggc acagtaaagg tgcgcattcg ccccccaca 660

ctctttgacg accgttggta ctttcaacat gacatctgca aaaccacact gttcaccatt 720

agcgcaacac catgtgacct gcggtttccg ttctgctcac cacaaactga caacccttgc 780

gtcaacttcc tagttcttgc aggagtgtat aacggcaaac ttagcataga agccacaaag 840

ttagaatcac aatataattc actagtttca tctatagaaa tacccaccca aggcactcta 900

tttaatacat ttaaaacacc agaaatgata aagtgccccc cagcagtaaa agccttagaa 960

cattcagacg taaacagaag ctgctacaaa aaactagaca gcgcctgggg agacactata 1020

tggaaccaga acaccataca gaactttaaa gaaaacacag acaagttgtg ggaagcaaga 1080

ggcaaccaaa caatgactgg tagcaaatac ctaaactaca gaacaggaat atacagtgcc 1140

atattccttt cagcaggcag actgtcacca gactttgggg gactatacaa tgacatagta 1200

tacaatccca ccacagacga aggcatagga aacattgtgt ggatagactg gtgtacaaaa 1260

gcagactgca acttcaatga gacacagtcc aaaggagtaa taaaagacat tccactgtgg 1320

gcagcactgt ttggctatgt agactttcta aaaaagacat ttaaagacga acagctagac 1380

aaaattgcca gactcactct cataagcccc tatacaaagc ctcaactaat aggacctaca 1440

caacccaaca aagggtttgt tccgtacgac tacaactttg gcagagcaca catgccctcc 1500

ggagaatcct acatacctat gtactacaga tttagatggt acatctgcct atttcaccaa 1560

caaaagttta tagacgacat tgtaagcagc gggcccttcg cataccacgg ctcacagccc 1620

tcagcaactc tcaccactaa atacaaattc cactttctct ttgggggcaa ccccgttccc 1680

caacagactg tcagagactc ttgtaaccaa ccagtctttg acattcccgg agccggtgga 1740

ctccctcgtc cgatacaagt cgttgacccg aaatacgtca acgaaggcta cacgttccac 1800

gcctgggact tccgtagagg gctctttggc caagcagcta ttaaaagagt gtcgggagaa 1860

caaacaaatg cttcacttta ttcatcaggt ccaaaacggc caagaacaga aattcctcca 1920

caaaatgcag aagaaggctc atattccagg gaacaaaaac tccagccctg gctcgactcg 1980

agcgaccagg aagagagcga gacagaagcc ccagaagaag aagcgacctc gccaccgtcg 2040

ctacagctcc agctcaagca gcagatcagg gagcagcgac aactcagatg tggaatccaa 2100

cacctcttcc agcaactagt gaaaacccag caaaacttgc atatcaatcc atgcctacag 2160

tag 2163

<210> 112

<211> 465

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 112

atgtactttt ccagaaaaag aagacccaag aaggagaggc cgctgccact gcgatacgtg 60

tgtggcctac cgcctagcag gcctgatccg atgagctggc gtccacctgc ccacgatgtc 120

ccaggacaag agggcctgtg gtaccgatca gtttttactt ctcatggcgc tttttgtggt 180

tgcggtgatt ttgtgggtca tcttcagaga cttagcgaac gcctgggtag accccaacca 240

ccaagaccac cgggcggacc gccgggccct gctgtgagag ctctgcctgc cctgccgcct 300

ccggagcctg aaccaagaag acacgtccag agagagaacc cgggatgtgg tggtggagac 360

gccgcagatg gagggcccca tggagaagga ggcgatggag acgacgcaga cctcggacca 420

gaagatttag acgagctgct cgacgtccta gacgccccag agtaa 465

<210> 113

<211> 669

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 113

atgtggtggt ggagacgccg cagatggagg gccccatgga gaaggaggcg atggagacga 60

cgcagacctc ggaccagaag atttagacga gctgctcgac gtcctagacg ccccagagta 120

aggagacctc ggcgccgcag ggggtgggct cgtagatata gacttagaag gaggcggagg 180

aggagaagaa ggagaaagct tatactaaca caatggcagc cagcaaaaat aagaaaatgt 240

ctagtaatag gttatcttgc tctagtacta tgtggaaacg ggacattcag taaaaactat 300

gcctcgcact cagatgacta tgtacagaaa ggacccttttg gaggggggact aagcagcatg 360

agatttaaca tgagaatact atatgatcaa tttaaaagac accttaactt ctggacacac 420

acaaaccagg acctagacct agttagatac agaggctgca ccatgacatt ttatagacac 480

ccagaggtgg acttcatagt aaaattcaac agaaaacctc cattcctaga cacaatagta 540

tcaggtccag ccatgcaccc aggcatgcta atgacaacaa aacacaaaat actagtaaaa 600

agctttaaaa caaaacccaa aggaaaaggc acagtaaagg tacgcattcg ccccccccac 660

actctttga 669

<210> 114

<211> 1239

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 114

atgataaagt gccccccagc agtaaaagcc ttagaacatt cagacgtaaa cagaaactgc 60

tacaaaaaac tagacagcgc ctggggagac actatatgga accagaacac catacagaac 120

tttaaagaaa acacagacaa gttgtgggaa gcaagaggca accaaacaat gactggtagc 180

aaatacctaa actacagaac aggaatatac agtgccatat tcctttcagc aggcagactg 240

tcaccagact ttgggggact atacaatgac atagtataca atcccaccac aggcgaaggc 300

atagaaaaca ttgtgtggat agactggtgt acaaaagcag actgcaactt caatgagaca 360

cagtccaaag gagtaataaa agacattcca ctgtgggcag cactgtttgg ctatgtagac 420

tttctaaaaa agacatttaa agacgaacag ctagacaaaa ttgccagact cactctcata 480

agcccctata caaagcctca actaatagga cctacacaac ccaacaaagg gtttgttccg 540

tacgactaca actttggcag agcacacatg ccctccggag aatcctacat acctatgtac 600

tacagattta gatggtacac ctgcctattt caccaacaaa agtctataga cgacattgta 660

agcagcgggc ccttcgcata ccacggctca cagccctcag caactctcac cactaaatac 720

aaattccact ttctctttgg gggcaacccc gttccccaac agactgtcag agacccttgt 780

aaccaaccaa tctttgacat tcccggagcc ggtggactcc ctcgtccgat acaagtcgtt 840

gacccgaaat acgtcaacga aggctacacg ttccacgcct gggacttccg tagagggctc 900

tttggccaag cagctattaa aagagtgtcg ggagaacaaa caaatgcttc actttattca 960

tcaggtccaa aacggccaag aacagaaatt cctccacaaa atgcagaaga aggctcatat 1020

tccagggaac aaaaactcca gccctggctc gactcgagcg accaggaaga aagcgagaca 1080

gaagccccag aagaagaagc gacctcgcca ccgtcgctac agctccagct caagcagcag 1140

atcagggagc agcgacaact cagatgtgga atccaacacc tcttccagca actagtgaaa 1200

acccagcaaa acttgcatat caacccatgc ctacaatag 1239

<210> 115

<211> 465

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 115

atgtactttt ccagaaaaag aagacccaag aaggagaggc cgctgccact gcgatacgtg 60

tgtggcctac cgcctagcag gcctgatccg atgagctggc gtccacctgc ccacgatgtc 120

ccaggacaag agggcctgtg gtaccgatca gtttttactt ctcatggcgc tttttgtggt 180

tgcggtgatt ttgtgggtca tcttcagaga cttagcgaac gcctgggtag accccaacca 240

ccaagaccac cgggcggacc gccgggccct gctgtgagag ctctgcctgc cctgccgcct 300

ccggagcctg aaccaagaag acacgtccag agagagaacc cgggatgtgg tggtggagac 360

gccgcagatg gagggcccca tggagaagaa ggcgatggag acgacgcaga cctcgggcca 420

gaagatttag acgagctgct cgacgtccta gacgccccag agtaa 465

<210> 116

<211> 2163

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 116

atgtggtggt ggagacgccg cagatggagg gccccatgga gaagaaggcg atggagacga 60

cgcagacctc gggccagaag atttagacga gctgctcgac gtcctagacg ccccagagta 120

aggagacctc ggcgccgcag ggggtgggct cgtagatata gacttagaag gaggcggagg 180

aggagaagaa ggagaaagct tatactaaca caatggcagc cagcaaaaat aagaaaatgt 240

ctagtaatag gttatctcgc tctagtacta tgtggaaacg ggacattcag taaaaactat 300

gccacgcact cagatgacta tgtacagaaa ggacccttg gaggggact aagcagcatg 360

agatttaaca tgagaatact atatgatcaa tttaaaagac accttaactt ctggacacac 420

acaaaccagg acctagacct agttagatac agaggctgca ccatgacatt ttatagacac 480

ccagaggtgg acttcatagt aaaattcaac agaaaacctc cattcctaga cacaatagta 540

tcaggtccag ccatccaccc aggcatgcta atgacaacaa aacacaaaat actagtaaaa 600

agctttaaaa caaaacccaa aggaaaaggc acagtaaagg tgcgcattcg ccccccccaca 660

ctctttgacg accgttggta ctttcaacat gacatctgca aaaccacact gttcaccatt 720

agcgcaacac catgtgacct gcggtttccg ttctgctcac cacaaactga caacccttgc 780

gtcaacttcc tagttcttgc aggagtgtat aacggcaaac ttagcataga agccacaaag 840

ttagaatcac aatataattc actagtttca tctatagaaa tacccaccca aggcactcta 900

tttaatacat ttaaaacacc agaaatgata aagtgccccc cagcagtaaa agccttagaa 960

cattcagacg taaacagaaa ctgctacaaa aaactagaca gcgcctgggg agacactata 1020

tggaaccaga acaccataca gaactttaaa gaaaacacag acaagttgtg ggaagcaaga 1080

ggcaaccaaa caatgactgg tagcaaatac ctaaactaca gaacaggaat atacagtgcc 1140

atattccttt cagcaggcag actgtcacca gactttgggg gactatacaa tgacatagta 1200

tacaatccca ccacagacga aggcatagga aacattgtgt ggatagactg gtgtacaaaa 1260

gcagactgca acttcaatga gacacagtcc aaaggagtaa taaaagacat tccactgtgg 1320

gcagcactgt ttggctatgt agactttcta aaaaagacat ttaaagacga acagctagac 1380

aaaattgcca gactcactct cataagcccc tatacaaagc ctcaactaat aggacctaca 1440

caacccaaca aagggtttgt tccgtacgac tacaactttg gcagagcaca catgccctcc 1500

ggagaatcct acatacctat gtactacaga tttagatggt acatctgcct atttcaccaa 1560

caaaagttta tagacgacat tgtaagcagc gggcccttcg cataccacgg ctcacagccc 1620

tcagcaactc tcaccactaa atacaaattc cactttctct ttgggggcaa ccccgttccc 1680

caacagactg tcagagaccc ttgtaaccaa ccagtctttg acattcccgg agccggtgga 1740

ctccccccgtc cgatacaagt cgttgacccg aaatacgtca acgaaggcta cacgttccac 1800

gcctgggact tccgtagagg gctctttggc caagcagcta ttaaaagagt gtcgggagaa 1860

caaacaaatg cttcacttta ttcatcaggt ccaaaacggc caagaacaga aattcctcca 1920

caaaatgcag aagaaggctc atattccagg gaacaaaaac tccagccctg gctcgactcg 1980

agcgaccagg aagagagcga gacagaagcc ccagaagaag aagcgacctc gccaccgtcg 2040

ctacagctcc agctcaagca gcagatcagg gagcagcgac aactcagatg tggaatccaa 2100

cacctcttcc agcaactagt gaaaacccag caaaacttgc atatcaatcc atgcctacag 2160

tag 2163

<210> 117

<211> 465

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 117

atgtactttt ccagaaaaag aagacccaag aaggagaggc cgctgccact gcgatacgtg 60

tgtggcctac cgcctagcag gcctgatccg atgagctggc gtccacctgc ccacgatgtc 120

ccaggacaag agggcctgtg gtaccgatca gtttttactt ctcatggcgc tttttgtggt 180

tgcggtgatt ttgtgggtca tcttcagaga cttagcgaac gcctgggtag accccaacca 240

ccaagaccac cgggcgaacc gccgggccct gctgtgagag ttctgcctgc cctgccgcct 300

ccggtacctg aaccaagaag acacgtccag agagagaacc cgggatgtgg tggtggagac 360

gccgcagatg gagggcccca tggagaagga ggcgatggag acgacgcaga cctcggacca 420

gaagatttag acgagctgct cgacgtccta gacgccccag agtaa 465

<210> 118

<211> 2163

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 118

atgtggtggt ggagacgccg cagatggagg gccccatgga gaaggaggcg atggagacga 60

cgcagacctc ggaccagaag atttagacga gctgctcgac gtcctagacg ccccagagta 120

aggagacctc ggcgccgcag ggggtgggct cgtagatata gacttagaag gaggcgaagg 180

aggagaagaa ggagaaagct tatactaaca caatggcagc cagcaaaaat aagaaaatgt 240

ctagtaatag gttatcttgc tctagtacta tgtgggaacg ggacattcag taaaaactat 300

gcctcccact cagatgacta tgtacagaaa ggaccctttg gaggggggact aagcagcatg 360

agatttaaca tgagaatact atatgatcaa tttaaaagac accttaactt ctggacacac 420

acgaaccagg acctagacct agttagatac agaggctgca ccatgacatt ttatagacac 480

ccagaggtgg acttcatagt aaaattcaac agaaaacctc cattcctaga cacaatagta 540

tcaggtccag ccatgcaccc aggcatgcta atgacaacaa aacacaaaat actagtaaaa 600

agctttaaaa caaaacccaa aggaaaaggc acagtaaagg tgcgcattcg ccccccccaca 660

ctctttgacg accgttggta ctttcaacat gacatctgca aaaccacact gttcaccatt 720

agcgcaacac catgtgacct gcggtttccg ttctgctcac cacaaactga caacccttgc 780

gtcaacttcc tagttcttgc aggagtgtat aacggcaaac ttagcataga acccacaaac 840

gtagaatcac aatataattc actactttca gctatagaga cgaacaccca aggcactcta 900

tttaatacat ttaaaacacc agaaatgata aagtgccccg cagcaggaaa agccccagaa 960

actggagaca tatccacaaa ctgctacaaa aaactagaca gcgcctgggg agacactata 1020

tggaaccaaa acaccatagc caactttaaa aagaacacag acaacttgtg gaatgcagga 1080

cacaatcaaa caatgactgg tagcaaatac ctaaactaca gaacaggaat atacagtgcc 1140

atattccttt cagcaggcag actgtcacca gactttccag gactatacga tgacatagta 1200

tacaatccca ccacagacga aggcatagga aacattgtgt ggatagactg gtgtacaaaa 1260

gcagactgca acttcaatga gacacagtcc aaaggagtaa taaaagacat tccactgtgg 1320

gcagcactgt ttggctatgt agactttcta aaaaagacat ttaaagacga ccagctagac 1380

aaaactgcca gactcactct cataagcccc tatacaaagc ctcaactaat aggacctaca 1440

caacccaaca aagggtttgt tccgtacgac tacaactttg gcagagcaca catgccctcc 1500

ggagaatcct acatacctat gtactacaga tttagatggt acatctgcct atttcaccaa 1560

caaaagttta tagacaacat tgtaagcagc gggcccttcg cataccacgg ctcacagccc 1620

tcagcaactc tcaccactaa atacaaattc cactttctct ttgggggcaa ccccgttccc 1680

caacagactg tcagagaccc ttgtaaccaa ccagtctttg acattcccgg agccggtgga 1740

ctccctcgtc cgatacaagt cgttgacccg aaatacgtca acgaaggcta cacgttccac 1800

gcctgggact tccgtagagg gctctttggc caagcagcta ttaaaagagt gtcgggagaa 1860

caaacaaatg cttcacttta ttcatcaggc ccaaaacggc caagaacaga aattcctcca 1920

gaaaatgcag aagaaggctc atattccagg gaacaaaaac tccagccctg gctcgactcg 1980

agcgaccagg aagggagcga gacagaagcc ccagaagaag aagcgacctc gccgccgtcg 2040

ctacagctcc agctcaagca gcagatcagg gagcagcgac aactcagatg tggaatccaa 2100

cacctcttcc agcaactagt gaaaacccag caaaacttgc atatcaaccc atgcctacaa 2160

tag 2163

<210> 119

<211> 465

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 119

atgtactttt ccagaaaaag aagacccaag aaggagaggc cgctgccact gcgatacgtg 60

tgtggcctac cgcctagcag gcctgatccg atgagctggc gtccacctgc ccacgatgtc 120

ccaggacaag agggcctgtg gtaccgatca gtttttactt ctcatggcgc tttttgtggt 180

tgcggtgatt ttgtgggtca tcttcagaga cttagcgaac gcctgggtag accccaacca 240

ccaagaccac cgggcggacc gccgggccct gctgtgagag ctctgcctgc cctgccgcct 300

ccggagcctg aaccaagaag acacgtccag agagagaacc cgggatgtgg tggtggagac 360

gccgcagatg gagggcccca tggagaagga ggcgatggag acgacgcaga cctcggacca 420

gaagatttag acgagctgct cgacgtccta gacgccccag agtaa 465

<210> 120

<211> 2163

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 120

atgtggtggt ggagacgccg cagatggagg gccccatgga gaaggaggcg atggagacga 60

cgcagacctc ggaccagaag atttagacga gctgctcgac gtcctagacg ccccagagta 120

aggagacctc ggcgccgcag ggggtgggct cgtagatata gacttagaag gaggcggagg 180

aggagaagaa ggagaaagct tatactaaca caatggcagc cagcaaaaat aagaaaatgt 240

ctagtaatag gttatcttgc tctagtacta tgtggaaacg ggacattcag taaaaactat 300

gcctcgcact cagatgacta tgtacagaaa ggacccttg gagggggact aagcagcatg 360

agatttaaca tgagagtact atatgatcaa tttaaaagac accttaactt ctggacacac 420

acaaaccagg acctagacct agttagatac agaggctgca ccatgacatt ttatagacac 480

ccagaggtgg acttcatagt aaaattcaac agaaaacctc cattcctaga cacaatagta 540

tcaggtccag ccatgcaccc aggcatgcta atgacaacaa aacacaaaat actagtaaaa 600

agctttaaaa caaaacccaa aggaaaaggc acagtaaagg tgcgcattcg ccccccaca 660

ctctttgacg gccgttggta ctttcaacat gacatctaca aaaccacact gttcaccatt 720

agcgcaacac cgtgtgacct gcggtttccg ttctgctcac cacaaactga caacccttgc 780

gtcaacctcc tagttcttgc aggagtgtat aacggcaaac ttagcataga agccacaaag 840

ttagaatcac aatataattc actagtttca tctatagaaa tacccaccca aggcactcta 900

tttaatacat ttaaaacacc agaaatgata aagtgccccc cagcagtaaa agcctcagaa 960

cattcagacg taaacagaaa ctgctacaaa aaactagaca gcgcctgggg agacactata 1020

tggaacccga gcaccataca gaactttaaa gaaaacacag agaagttgtg ggaagcaaga 1080

ggcaaccaaa caatgactgg tagcaaatac ctaaactaca gaacaggaat atacagtgcc 1140

atattccttt cagcaggcag actgtcacca gactttgggg gactatacaa tgacatagta 1200

tacaatccca ccacagacga aggcatagga aacattgtgt ggatagactg gtgtacaaaa 1260

gcagactgca acttcaatga gacacagtcc aaaggggtaa taaaagacat tccaccgtgg 1320

gcagcactgt ttggctatgt agactttcta aaaaagacat ttaaagacga acagctagac 1380

aaaattgcca gactcactct cataagcccc tatacaaagc ctcaactaat aggacctaca 1440

caacccaaca aagggtttgt tccgtacgac tacaactttg gcagagcaca catgccctcc 1500

ggagaatcct acatacctat gtactacaga tttagatggt acatctgcct atttcaccaa 1560
caaaagttta tagacgacat tgtaagcagc gggcccttcg cataccacgg ctcacagccc 1620
tcagcaactc tcaccactaa atacaaattc cactttctct ttgggggcaa ccccgttccc 1680
caacagactg tcagagaccc ttgtaaccaa ccagtctttg acattcccgg agccggtgga 1740
ctccctcgtc cgatacaagt cgttgacccg aaatacgtca acgaaggcta cacgttccac 1800
gcctgggact tccgtagagg gctctttggc caagcagcta ttaaaagagt gtcgggagaa 1860
caaacaaatg cttcacttta ttcatcaggt ccaaaacggc caagaacaga aattcctcca 1920

caaaatgcag aagaaggctc atattccagg gaacaaaaac tccagccctg gctcgactcg 1980
agcgaccagg aagagagcga gacagaagcc ccagaagaag aagcgacctc gccaccgtcg 2040
ctacagctcc agctcaagca gcagatcagg gagcagcgac aactcagatg tggaatccaa 2100
cacctcttcc agcaactagt gaaaacccag caaaacttgc atatcaaccc atgcctacaa 2160
tag 2163

<210> 121
<211> 447
<212> DNA
<213> Torque teno virus
<400> 121

atgcgttttc gcagggttgc ccagaaaagg aaagtgcttt tgcaaactgt gccagctgca 60

aagaaggcta ggcggcttct aggtatgtgg cagcccccca cgcacaatgt cccgggcatc 120
gagagaaact ggtacgagag ctgttttaga tcccacgctg ctgtttgtgg ctgtggcgat 180
tttgttggcc atcttaatca tctggcaact actctgggtc gtcctccgcg tcctgggccc 240
ccaggcggac cccgcacgcc gcaaataaga aacctgccag cgctcccggc gccccagggc 300
gagcccggtg acagagcgtc atggcgtggg gcttctgggg ccgacgccgc cggtggagac 360
gatggagagc gcggcgcaga cggtggagac cccgcagacg taggagacga cgccctcctc 420
gccgctttcg agctcgtcga agagtaa 447

<210> 122
<211> 2211
<212> DNA
<213> Torque teno virus
<400> 122

atggcgtggg gcttctgggg ccgacgccgc cggtggagac gatggagagc gcggcgcaga 60

cggtggagac cccgcagacg taggagacga cgccctcctc gccgctttcg agctcgtcga 120

agagtaagga ggcgcggggg gaggtggcgc agacgctaca gaaaatggcg acggggcaga 180

cgcagacgga ctcacagaaa aaagatagtc ataaaacagt ggcaacctaa ctttataaga 240

cgctgctaca tcatagggta cttaccactt atattctgcg gcgaaaatac aaccgcccag 300

aactttgcca ctcactcgga cgacatgata agcaaaggac cgtacggggg gggcatgact 360

accaccaaat tcactctgag aatactgtac gacgagttta ccaggtttat gaacttttgg 420

actgtcagta acgaagacct agacctgtgt agatacgtgg gctgcaaact aatatttttt 480

aaacacccca cggtggactt tatagtacag ataaacactc agcctccttt cttagacacg 540

cacctcaccg cggccagcat acacccgggc atcatgatgc tcagcaagag acacatacta 600

ataccctctc taaagacccg gcccagcaga aaacacaggg tggtcgtcag ggtgggcgcc 660

ccaagacttt ttcaggacaa gtggtacccc cagtcagacc tgtgtgacac agttctgctt 720

tccatattcg caaccgcctg cgacttgcaa tatccgttcg gctcaccact aactgacaac 780

ccttgcgtca acttccagat cctggggccc cagtacaaaa aacaccttag tattagctcc 840

actatggatg acactaacaa agcacattat gaagaaaact tatttaagaa aattgaacta 900

tacaacacct ttcaaaccat agctcagctt aaagagacag gaacaatttc aggcatgcaa 960

ccttcttgga ctgaagtcca gaattcaaaa acacttaatg aaacaggtag caatgccact 1020

gagagtagag acacttggta taaaggaaat acatacaacg acaagataca ccagttagca 1080

gaaaaaacca gaaagagatt taaaaatgca acaaaagcag cactaccaaa ctaccccaca 1140

ataatgtccg cagacttata tgaataccac tcaggcatat actccagcat atatctatca 1200

gctggcagga gctactttga aaccaccggg gcctactctg acattatata caacccttc 1260

acagacaagg gcacaggcaa cataatctgg atagactacc tcacaaaaga agacaccatt 1320

tttgtaaaaa acaaaagcaa atgcgagata atggacatgc ccctgtgggc ggcctgcaca 1380

ggatacacag agttttgtgc aaagtataca ggcgactctg ccattattta caatgcaaga 1440

atagtcataa gatgcccata cactgagccc atgttaatag accactcaga cccaaacaaa 1500

ggcttcgttc cctactcatt tagctttggc aacggaaaga tgcccggagg cagctccaac 1560

gtgcccataa gaatgagagc caagtggtac gtgaacatat tccaccaaaa agaagtattg 1620

gagagcatag tacagtccgg accgtttggg tacaagggcg acataaaatc agctgtacta 1680

gccatgaaat acagatttca ctggaagtgg ggcggaaacc ctatatccaa acaggtcgtc 1740

aggaatccct gctccaactc cagctcatcc gcggcccata gaggacctcg cagcgtacaa 1800

gcggttgacc cgaaatacaa taccccagag gtcacgtggc actcgtggga cattagacga 1860

ggactctttg gcaaagcagg tattaaaaga atgcaacagg aatcagatgc tctttacatt 1920

cctccaggac caatcaagag acctcgcagg gacaccaacg cccaagaccc agaagagcaa 1980

aacgaaagct caggtttcag agtccagcag cgactcccgt gggtccactc cagccaagag 2040

acgcaaagct cccaagaaga gacggaggcg caggggtcgg tacaagacca actactcctc 2100

cagctccgag agcagcgagt tctccgactc cagctccagc aactcgcaac ccaagtcctc 2160

aaagtccaag cagggcacag cctacacccc ctattatctt cccaagcata a 2211

<210> 123

<211> 447

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 123

atgcgttttc gcagggttgc ccagaaaagg aaagtgcttt tgcaaactgt gccagctgca 60

aagaaggcta ggcggcttct aggtatgtgg cagcccccca cgcataatgt cccgggcatc 120

gagagaaact ggtacgagag ctgttttaga tcccacgctg ctgtttgtgg ctgtggcgat 180

tttgttggcc atcttaatca tctggcaact actctgggtc gtcctccgcg tcctgggccc 240

ccaggcggac cccgcacgcc gcaaataaga aacctgccag cgctcccggc gccccagggc 300

gagcccggtg acagagcgtc atggcgtggg gcttctgggg ccgacgccgc cggtggagac 360

gatggagagc gcggcgcaga cggtggagac cccgcagacg taggagacga cgccctcctc 420

gccgctttcg agctcgtcga agagtaa 447

<210> 124

<211> 2211

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 124

atggcgtggg gcttctgggg ccgacgccgc cggtggagac gatggagagc gcggcgcaga 60

cggtggagac cccgcagacg taggagacga cgccctcctc gccgctttcg agctcgtcga 120

agagtaagga ggcgcggggg gaggtggcgc agacgctaca gaaaatggcg acggggcaga 180

cgcagacgga ctcacagaaa aaagatagtc ataaaacagt ggcaacctaa ctttataaga 240

cgctgctaca tcatagggta cttaccactt atattctgcg gcgaaaatac aaccgcccag 300

aactttgcca ctcactcgga cgacatgata agcaaaggac cgtacggggg gggcatgact 360

accaccaaat tcactctgag aatactgtac gacgagttta ccaggtttat gaacttttgg 420

actatcagta acgaagacct agacctgtgt agatacgtgg gctgcaaact aatatttttt 480

aaacacccca cggtggactt tatagtacag ataaacactc agcctccttt cttagacacg 540
cacctcaccg cggccagcat acacccgggc atcatgatgc tcagcaagag acacatacta 600
ataccctctc taaagacccg gcccagcaga aaacacaggg tggtcgtcag ggtgggcgcc 660
ccaagacttt ttcaggacaa gtggtacccc cagtcagacc tgtgtgacac agttctgctt 720
tccatattcg caaccgcctg cgacttgcaa tatccgtttg gctcaccact aactgacaac 780
ccttgcgtca acttccagat cctggggccc cagtacaaaa aacaccttag tattagctcc 840
actatggatg aaagtaacat atcacattat aaagaaaact tatttaagaa aactgaacta 900

tacaacacct ttcaaaccat agctcagctt aaagagacag gaaacatttc aggcattagt 960
cctaattgga ctgaagtcca gaattcaaca acacttaatc aaacaggtga caatgccact 1020
aacagtagag acacttggta taaaggaaat acatacaacc acaagatatg cgacttagca 1080
gaaaaaacca gaaacagatt taaaaatgca accaaagcag cactaccaaa ctaccccaca 1140
ataatgtcca cagacctata tgaataccac tcaggcatat actccagcat atatttatca 1200
gctggcagga gctactttga aaccaccggg gcctactctg acattatata caacccttc 1260
acagacaaag gcacaggcaa cataatctgg atagactacc tcacaaaaga agacaccatt 1320

tttgtaaaaa acaaaagcaa atgcgagata atggacatgc ccctgtgggc ggcctgcaca 1380
ggatacacag agttttgtgc aaagtataca ggcgactctg ccattatcta caatgcaaga 1440
atactcataa gatgcccata cactgagccc atgttaatag accactcaga cccaaacaaa 1500
ggcttcgttc cctactcatt taactttggc aacggaaaga tgcccggagg cagctccaac 1560
gtacccataa gaatgagagc caaatggtac gcgaacatat tccaccaaaa ggaggttcta 1620
gaggctatag tacaaagcgg accgttcggg tacaagggcg acataaaatc agctgtacta 1680
gccatgaaat acagatttca ctggaagtgg ggcggaaacc ctatatccaa acaggtcgtc 1740

aggaatccct gctccaactc cagctcatcc gcggcccata gaggacctcg cagcgtacaa 1800
gcggttgacc cgaaatacaa taccccagag gtcacgtggc actcgtggga cattagacga 1860
ggactctttg gcaaagcagg tattaaaaga atgcaacagg aatcagatgc tctttacatt 1920
cctccaggac caatcaagag acctcgcagg gacaccaacg cccaagaccc agaagagcaa 1980
aacgaaagct caggtttcag agtccagcag cgactcccgt gggtccactc cagccaagag 2040
acgcaaagct cccaagaaga gacggaggcg caggggtcgg tacaagacca actactcctc 2100
cagctccgag agcagcgagt tctccgactc cagctccagc aactcgcagc ccaagtcccc 2160

aaagtccaag cagggcacag cctacacccc ctattatctt cccaagcata a 2211

<210> 125

<211> 447

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 125

atgcgttttc gcagggttgc ccagaaaagg aaagtgcttt tgcaaactgt gccagctgca 60

aagaaggcta ggcggcttct aggtatgtgg cagcccccca cgcacaatgt cccgggcatc 120

gagagaaact ggtacgagag ctgttttaga tcccacgctg ctgtttgtgg ctgtggcgat 180

tttgttggcc atcttaatca tctggcaact actctgggtc gtcctccgcg tcctgggccc 240

ccaggcggac cccgcacgcc gcaaataaga aacctgccag cgctcccggc gccccagggc 300

gagcccggtg acagagcgtc atggcgtggg gcttctgggg ccgacgccgc cggtggagac 360

gatggagagc gcggcgcaga cggtggagac cccgcagacg taggagacga cgccctcctc 420

gccgctttcg agctcgtcga agagtaa 447

<210> 126

<211> 2211

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 126

atggcgtggg gcttctgggg ccgacgccgc cggtggagac gatggagagc gcggcgcaga 60

cggtggagac cccgcagacg taggagacga cgccctcctc gccgctttcg agctcgtcga 120

agagtaagga ggcgcggggg gaggtggcgc agacgctaca gaaaatggcg acggggcaga 180

cgcagacgga ctcacagaaa aaagatagtc ataaaacagt ggcaaccaaa ctttataaga 240

cgctgctaca tcatagggta cttaccactt atattctgcg gcgaaaatac aaccgcccag 300

aactttgcca ctcactcgga cgacatgata agcaaaggac cgtacggggg gggcatgact 360

accaccaaat tcactctgag aatactgtac gacgagttta ccaggtttat gaacttttgg 420

actgtcagta acgaagacct agacctgtgt agatacgtgg gctgcaaact aatatttttt 480

aaacacccca cggtggactt tatagtacag ataaacactc agcctccttt cttagacacg 540

cacctcaccg cggccagcat acacccgggc atcatgatgc tcagcaagag acacatacta 600

ataccctctc taaagacccg gcccagcaga aaacacaggg tggtcgtcag ggtgggcgcc 660

ccaagacttt ttcaggacaa gtggtacccc cagtcagacc tgtgtgacac agttctgctt 720

tccatattcg caaccgcctg cgacttgcaa tatccgttcg gctcaccact aactgacaac 780

ccttgcgtca acttccagat cctggggccc cagtacaaaa aacaccttag tattagctcc 840

actatggatg acactaacaa agcacattat gaagaaaact tatttaataa aactgaacta 900

tacaacacct ttcaaaccat agctcagctt agagacacag gacaaactac aaacgctagt 960

cctaattgga atcaggtcca gaatacagca gcacttgagt tatcaggtgc aaatgccact 1020

agcagcaaag acacttggta taaaggtaat acatacacga aagacatatc aaagttagca 1080

gaaaaaacca gacaaagatt taaagctgca acaatagcag cactaccaaa ctaccccaca 1140

ataatgtcca cagacctata tgaataccac tcaggcatat actccagcat atatttatca 1200

gctggcagga gctactttga aaccaccggg gcctactctg acattatata caacccttc 1260

acagacaaag gcacaggcaa cataatctgg atagactacc tcacaaaaga agacaccatt 1320

tttgtaaaaa acaaaagcaa atgcgagata atggacatgc ccctgtgggc ggcctgcaca 1380

ggatacacag agttttgtgc aaagtataca ggcgactctg ccattatcta caatgcaaga 1440

atactcataa gatgcccaca cactgagccc atgttaatag accactcaga cccaaacaaa 1500

ggcttcgttc cctactcatt cgactttggc aatggaaaga tgcccggagg cagctccaac 1560

gtaccgataa gaatgagggc caaatggtac gtgaacatat tccaccaaaa ggaggttcta 1620

gaggctatag tacaaagcgg accgttcggg tacaagggcg acataaaatc agctgtacta 1680

gccatgaaat acagatttca ctggaagtgg ggcggaaacc ctatatccaa acaggtcgtc 1740

aggaatccct gctccaactc cagctcatcc gcggcccata gaggacctcg cagcgtacaa 1800

gcggttgacc cgaaatacaa taccccagag gtcacgtggc actcgtggga cattagacga 1860

ggactctttg gcaaagcagg tattaaaaga atgcaacagg aatcagatgc tctttacatt 1920

cctccaggac caatcaagag acctcgcagg gacaccaacg cccaagaccc agaagagcaa 1980

aacgaaagct caggtttcag agtccagcag cgactcccgt gggtccactc cagccaagag 2040

acgcaaagct cccaagaaga gacggaggcg caggggtcgg tacaagacca actactcctc 2100

cagctccgag agcagcgagt tctccgactc cagctccagc aactcgcaac ccaagtcctc 2160

aaagtccaag cagggcacag cctacacccc ctattatctt cccaagcata a 2211

<210> 127

<211> 447

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 127

atgcgttttc gcagggttgc ccagaaaagg aaagtgcttt tgcaaactgt gccagctgca 60

aagaaggcta ggcggcttct aggtatgtgg cagcccccca cgcacaatgt cccgggcatc 120

gagagaaact ggtacgagag ctgttttaga tcccacgctg ctgtttgtgg ctgtggcgat 180

tttgttggcc atcttaatca tctggcaact actctgggtc gtcctccgtg tcctgggccc 240

ccaggcggac cccgcacgcc gcaaataaga aacctgccag cgctcccggc gccccagggc 300

gagcccggtg acagagcgcc atggcgtggg gcttctgggg ccgacgccgc cggtggagac 360

gatggagagc gcggcgcaga cggtggagac cccgcagacg taggagacga cgccctactc 420

gccgctttcg agctcgtcga agagtaa 447

<210> 128

<211> 2211

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 128

atggcgtggg gcttctgggg ccgacgccgc cggtggagac gatggagagc gcggcgcaga 60

cggtggagac cccgcagacg taggagacga cgccctactc gccgctttcg agctcgtcga 120

agagtaagga ggcgcggggg gaggtggcgc agacgctaca gaaaatggcg acggggcaga 180

cgcagacgga ctcatagaaa aaagatagtc ataaaacagt ggcaaccaaa ctttataaga 240

cgctgctaca tcatagggta cttaccactt atattctgcg gcgaaaatac aaccgcccag 300

aactttgcca ctcgctcgga cgacatgata agcaaaggac cgtacggggg gggcatgact 360

accaccaaat tcactctgag aatactgtac gacgagttta ccaggtttat gaacttttgg 420

actgtcagta acgaagacct agacctgtgt agatacgtgg gctgcaaact aatatttttt 480

aaacacccca cggtggactt tatagtacag ataaacactc agcctccttt cttagacacg 540

cacctcaccg cggccagcat acacccgggc atcatgatgc tcagcaagag acacatacta 600

ataccctctc taaagacccg gcccagcaga aaacacaggg tggtcgtcag ggtgggcgcc 660

ccaagacttt ttcaggacaa gtggtacccc cagtcagacc tgtgtgacac agttctgctt 720

tccatattcg caaccgcctg cgacttgcaa tatccgttcg gctcaccact aactgacaac 780

ccttgcgtca acttccagat cctggggccc cagtacaaaa aacaccttag tattagctcc 840

actatggatg aaagtaacaa agcacattat gaacaaaact tatttaagaa aactgaacta 900

tacaacacct ttcaaaccat agctcagctt aaagagacag gaaacatttc aggcattact 960

cctacttgga ctgaagtcca gaattcaaca acacttaatc aagcaggtaa caatgccact 1020

gacagtagag acacttggta taaaggaaat acatacaacg agaagatatc cgagttagca 1080

caaataacca gaaacagatt taaaaatgca accaaaacag cactaccaaa ctaccccaca 1140

ataatgtcca cagacctata tgaataccac tcaggcatat actccagcat atatttatca 1200

gctggcagga gctactttga aaccaccggg gcctactctg acattatata caacccttc 1260

acagacaaag gcacaggcaa cataatctgg atagactacc tcacaaaaga agacaccatt 1320

tttgtaaaaa acaaaagcaa atgcgagata atggacatgc ccctgtgggc ggcctgcaca 1380

ggatacacag agttttgtgc aaagtataca ggcgactctg ccattattta caatgcaaga 1440

atagtcataa gatgcccata cactgagccc atgttaatag accactcaga cccaaacaaa 1500

ggcttcgtcc cctactcatt taactttggc aacggaaaga tgcccggagg cagctccaac 1560

gtgcccataa gaatgagagc caagtggtac gtgaacatat tccaccaaaa agaagtattg 1620

gagagcatag tacagtccgg accgtttggg tacaagggcg acataaaatc agctgtacta 1680

gccatgaaat acagatttca ctggaagtgg ggcggaaacc ctatatccaa acaggtcgtc 1740

aggaatccct gctccaactc cagctcatcc gcggcccata gaggacctcg cagcgtacaa 1800

gcggttgacc cgaaatacaa taccccagag gtcacgtggc actcgtggga cattagacga 1860

ggactctttg gcaaagcagg tattaaaaga atgcaacagg aatcagatgc tctttacatt 1920

cctccaggac caatcaagag acctcgcagg gacaccaacg cccaagaccc agaagagcaa 1980

aacgaaagct caggtttcag agtccagcag cgactcccgt gggtccactc cagccaagag 2040

acgcaaagct cccaagaaga gacggaggcg caggggtcgg tacaagacca actactcctc 2100

cagctccgag agcagcgagt tctccgactc cagctccagc aactcgcaac ccaagtcctc 2160

aaagtccaag cagggcacag cctacacccc ctattatctt cccaagcata a 2211

<210> 129

<211> 447

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 129

atgcgttttc gcagggttgc ccagaaaagg aaagtgcttt tgcaaactgt gccagctgca 60

aagaaggcta ggcggcttct aggtatgtgg cagcccccca cgcacaatgt cccgggcatc 120

gagagaaact ggtacgagag ctgttttaga tcccacgctg ctgtttgtgg ctgtggcgat 180

tttgttggcc atcttaatca tctggcaact actctgggtc gtcctccgcg tcctgggccc 240

ccaggcggac cccgcacgcc gcaaataaga aacctgccag cgctcccggc gccccagggc 300

gagcccggtg acagagcgcc atggcatggg gcttctgggg ccgacgccgc cggtggagac 360

gatggagagc gcggcgcaga cggtggagac cccgcagacg taggagacga cgccctactc 420

gccgctttcg agctcgtcga agagtaa 447

<210> 130

<211> 2211

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 130

atggcatggg gcttctgggg ccgacgccgc cggtggagac gatggagagc gcggcgcaga 60

cggtggagac cccgcagacg taggagacga cgccctactc gccgctttcg agctcgtcga 120

agagtaagga ggcgcggggg gaggtggcgc agacgctaca gaaaatggcg acggggcaga 180

cgcagacgga ctcatagaaa aaagatagtc ataaaacagt ggcaaccaaa ctttataaga 240

cgctgctacg tcatagggta cttaccactt atattctgcg gcgaaaatac aaccgcccag 300

aactttgcca ctcactcgga cgacatgata agcaaaggac cgtacggggg gggcatgact 360

accaccaaat tcactctgag aatactgtac gacgagttta ccaggtttat gaacttttgg 420

actgtcagta acgaagacct agacctgtgt agatacgtgg gctgcaaact aatatttttt 480

aaacacccca cggtggactt tatagtacag ataaacactc agcctccttt cttagacacg 540

cacctcaccg cggccagcat acacccgggc atcatgatgc tcagcaagag acacatacta 600

ataccctctc taaagacccg gcccagcaga aaacacaggg tggtcgtcag ggtgggcgcc 660

ccaagacttt ttcaggacaa gtggtacccc cagtcagacc tgtgtgacac agttctgctt 720

tccatatttg caaccgcctg cgacttgcaa tatccgttcg gctcaccact aactgacaac 780

ccttgcgtca acttccagat cctggggccc cagtacaaaa aacaccttag tattagctcc 840

actatggatc aaactaacga aaaccattat aaagaaaact tatttaacaa aactgaacta 900

tacaacacct ttcaaaccat agctcagctt aaagagacag gacacatttc aggcattagt 960

cctacttgga atgaagtcca gaattcaaca acacttacta aaggaggtga caatgccact 1020

cagagtagag acacttggta taaaggaaat acatacaacg agaagatatg cgagttagca 1080

caaataacca gaaacagatt taaaaatgca accaaaggag cactaccaaa ctaccccaca 1140

ataatgtcca cagacctata tgaataccac tcaggcatac actccagcat atatctatca 1200

gctggcagga gctactttga aaccaccggg gcctactctg acattatata caacccttc 1260

acagacaaag gcacaggcaa cataatctgg atagactacc tcacaaaaga agacaccatt 1320

tttgtgaaaa acaaaagcaa atgcgagata atggacatgc ccctgtgggc ggcctgcaca 1380

ggatacacag agttttgtgc aaagtataca ggcgactctg ccattatcta caatgcaaga 1440

atactcataa gatgcccata cactgagccc atgttaatag accactcaga cccaaacaaa 1500

agcttcgttc cctactcatt taactttggc aacggaaaga tgcccggagg cagctccaac 1560

gtgcccataa gaatgagagc caagtggtac gtgaacatat tccaccaaaa agaagtatta 1620

gagagcatag tacagtccgg accgtttggg tacaagggcg acataagatc agctgtacta 1680

gccatgaaat acagatttca ctggaagtgg ggcggaaacc ctatatccaa acaggtcgtc 1740

aggaatccct gctccaactc cagctcctcc gcggcccata gaggacctcg cagcgtacaa 1800

gcggttgacc cgaaatacaa taccccagag gtcacgtggc actcgtggga cattagacga 1860

ggactctttg gcaaagcagg tattaaaaga atgcaacagg aatcagatgc tctttacatt 1920

cctccaggac caatcaagag acctcgcagg gacaccaacg cccaagaccc agaagagcaa 1980

aacgaaagct caggtttcag agtccagcag cgactcccgt gggtccactc cagccaagag 2040

acgcaaagct cccaagaaga gacggaggcg caggggtcgg tacaagacca actactcctc 2100

cagctccgag agcagcgagt tctccgactc cagctccagc aactcgcaac ccaagtcctc 2160

aaagtccaag cagggcacag cctacacccc ctattatctt cccaagcata a 2211

<210> 131

<211> 447

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 131

atgcgttttc gcagggttgc ccagaaaagg aaagtgcttt tgcaaactgt gccagctgca 60

aagaaggcta ggcggcttct aggtatgtgg cagcccccca cgcacaatgt cccgggcatc 120

gagagaaact ggtacgagag ctgttttaga tcccacgctg ctgtttgtgg ctgtggcgat 180

tttgttggcc atcttaatca tctggcaact actctgggtc gtcctccgcg tcctgggccc 240

ccaggcggac cccgcacgcc gcaaataaga aacctgccag cgctcccggc gccccagggc 300

gagcccggtg acagagcgcc atggcatggg gcttctgggg ccgacgccgc cggtggagac 360

gatggagagc gcggcgcaga cggtggagac cccgcagacg taggagacga cgccctactc 420

gccgctttcg agctcgtcga agagtaa 447

<210> 132

<211> 2211

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 132

atggcatggg gcttctgggg ccgacgccgc cggtggagac gatggagagc gcggcgcaga 60

cggtggagac cccgcagacg taggagacga cgccctactc gccgctttcg agctcgtcga 120

agagtaagga ggcgcggggg gaggtggcgc agacgctaca gaaaatggcg acggggcaga 180

cgcagacgga ctcatagaaa aaagatagtc ataaaacagt ggcaaccaaa ctttataaga 240

cgctgctaca tcatagggta cttaccactt atattctgcg gcgaaaatac aaccgcccag 300

aactttgcca ctcactcgga cgacatgata agcaaaggac cgtacggggg gggcatgact 360

accaccaaat tcactctgag aatactgtac gacgagttta ccaggtttat gaacttttgg 420

actgtcagta acggagacct agacctgtgt agatacgtgg gctgcaaact aatatttttt 480

aaacacccca cggtggactt tatagtacag ataaacactc agcctccttt cttagacacg 540

cacctcaccg cggccagcat acacccgggc atcatgatgc tcagcaagag acacatacta 600

ataccctctc taaagacccg gcccagcaga aaacacaggg tggtcgtcag ggtgggcgcc 660

ccaagacttt ttcaggacaa gtggtacccc cagtcagacc tgtgtgacac agttctgctt 720

tccatatttg caaccgcctg cgacttgcaa tatccgttcg gctcaccact aactgacaac 780

ccttgcgtca acttccagat cctggggccc cagtacaaaa aacaccttag tattagctcc 840

actatggatc aaactaacga aaaccattat aaagaaaact tatttaacaa aactgaacta 900

tacaacacct ttcaaaccat agctcagctt aaagagacag gacacatttc aggcattagt 960

cctacttgga atgaagtcca gaattcaaca acacttacta aagaaggtga caatgccact 1020

cagagtagag acacttggta taaaggaaat acatacaacg gtaagatatg ccagttagca 1080

caaataacca gaaacaggtt taaaaatgca accaaaggag cactaccaaa ctaccccaca 1140

ataatgtcca cagacctata tgaataccac tcaggcatat actccagcat atgtctatca 1200

gctggcagga gctactttga aaccaccggg gcctactctg acattatata caacccttc 1260

acagacaaag gcacaggcaa cataatctgg atagactacc tcacaaaaga agacaccatt 1320

tttgtgaaaa acaaaagcaa atgcgagata atggacatgc ccctgtgggc ggcctgcaca 1380

ggatacacag agttttgtgc aaagtataca ggcgactctg ccattatcta caatgcaaga 1440

atactcataa gatgcccata cactgagccc atgttaatag accactcaga cccaaacaaa 1500

ggcttcgttc cctactcatt taactttggc aacggaaaga tgcccggagg cagctccaac 1560

gtgcccataa gaatgagagc caagtggtac gtgaacatat tccaccaaaa agaagtatta 1620

gagagcatag tacagtccgg accgtttggg tacaagggcg acataaaatc agctgtacta 1680

gccatgaaat acagatttca ctggaagtgg ggcggaaacc ctatatccaa acaggtcgtc 1740

aggaatccct gctccaactc cagctcctcc gcggcccata gaggacctcg cagcgtacaa 1800

gcggttgacc cgaaatacaa taccccagag gtcacgtggc actcgtggga cattagacga 1860

ggactctttg gcaaagcagg tattaaaaga atgcaacagg aatcagatgc tctttacatt 1920

cctccaggac caatcaagag acctcgcagg gacaccaacg cccaagaccc agaagagcaa 1980

aacgaaagct caggtttcag agtccagcag cgactcccgt gggtccactc cagccaagag 2040

acgcaaagct cccaagaaga gacggaggcg caggggtcgg tacaagacca actactcctc 2100

cagctccgag agcagcgagt tctccgactc cagctccagc aactcgcaac ccaagtcctc 2160

aaagtccaag cagggcacag cctacacccc ctattatctt cccaagcata a 2211

<210> 133

<211> 447

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 133

atgcgttttc gcagggttgc ccagaaaagg aaagtgcttt tgcaaactgt gccagctgca 60

aagaaggcta ggcggcttct aggtatgtgg cagcccccca cgcacaatgt cccgggcatc 120

gagagaaact ggtacgagag ctgttttaga tcccacgctg ctgtttgtgg ctgtggcgat 180

tttgttggcc atcttaatca tctggcaact actctgggtc gtcctccgcg tcctgggccc 240

ccaggcggac cccgcacgcc gcaaataaga aacctgccag cgctcccggc gccccagggc 300

gagcccggtg acagagcgcc atggcatggg gcttctgggg ccgacgccgc cggtggagac 360

gatggagagc gcggcgcaga cggtggagat cccgcagacg taggagacga cgccctactc 420

gccgctttcg agctcgtcga agagtaa 447

<210> 134

<211> 2211

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 134

atggcatggg gcttctgggg ccgacgccgc cggtggagac gatggagagc gcggcgcaga 60

cggtggagat cccgcagacg taggagacga cgccctactc gccgctttcg agctcgtcga 120

agagtaagga ggcgcggggg gaggtggcgc agacgctaca gaaaatggcg acggggcaga 180

cgcagacgga ctcatagaaa aaagatagtc ataaaacagt ggcaaccaaa ctttataaga 240

cgctgctaca tcatagggta cttaccactt atattctgcg gcgaaaatac aaccgcccag 300

aactttgcca ctcactcgga cgacatgata agcaaaggac cgtacggggg gggcatgact 360

accaccaaat tcactctgag aatactgtac gacgagttta ccaggtttat gaacttttgg 420

actgtcagta acgaagacct agacctgtgt agatacgtgg gctgcaaact aatatttttt 480

aaacacccca cggtggactt tatagtacag ataaacactc agcctccttt cttagacacg 540

cacctcaccg cggccagcat acacccgggc atcatgatgc tcagcaagag acacatacta 600

ataccctctc taaagacccg gcccagcaga aagcacaggg tggtcgtcag ggtgggcgcc 660

ccaagacttt ttcaggacaa gtggtacccc cagtcagacc tgtgtgacac agttctgctt 720

tccatatttg caaccgcctg cgacttgcaa tatccgttcg gctcaccact aactgacaac 780

ccttgcgtca acttccagat cctggggccc cagtacaaaa aacaccttag tattagctcc 840

actatggatc aaactaacga aaaccattat aaagaaaact tatttaacaa aactgaacta 900

tacaacacct ttcaaaccat agctcagctt aaagagacag gacacatttc aggcattagt 960

cctacttgga atgaagtcca gaattcaaca acacttacta aaggaggtga caatgccact 1020

cagagtagag acacttggta taaaggaaat acatacaacg agaacatatg caagttagca 1080

gaggtaacca gaaacagatt taaaaatgca accaaaggag cactaccaaa ctaccccaca 1140

ataatgtcca cagacctata tgaataccac tcaggcatat actccagcat atatctatca 1200

gcgggcagga gctactttga aaccaccggg gcctactctg acattatata caacccttc 1260

acagacaaag gcacaggcaa cataatctgg atagactacc tcacaaaaga agacaccatt 1320

tttgtgaaaa acaaaagcaa atgcgaaata atggacatgc ccctgtgggc ggcctgcacg 1380

ggatacacag agttttgtgc aaagtataca ggcgactctg ccattatcta caatgcaaga 1440

atactcataa gatgcccata cactgagccc atgttaatag accactcaga cccaaacaaa 1500

ggcttcgttc cctactcatt taactttggc aacggaaaga tgcccggagg cagctccaac 1560

gtgcccataa gaatgagagc caagtggtac gtgaacatat tccaccaaaa agaagtatta 1620

gagagcatag tacagtccgg accgtttggg tacaagggcg acataaaatc agctgtacta 1680

gccatgaaat acagatttca ctggaagtgg ggcggaaacc ctatatccaa acaggtcgtc 1740

aggaatccct gctccaactc cagcccctcc gcggcccata gaggacctcg cagcgtacaa 1800

gcggttgacc cgaaatacaa taccccagag gtcacgtggc actcgtggga cattagacga 1860

ggactctttg gcaaagcagg tattaaaaga atgcaacagg aatcagatgc tctttacatt 1920

cctccaggac caatcaagag acctcgcagg gacaccaacg cccaagaccc agaagagcaa 1980

aacgaaagct caggtttcag ggtccagcag cgactcccgt gggtccactc cagccaagag 2040

acgcaaagct cccaagaaga gacggaggcg caggggtcgg tacaagacca actactcctc 2100

cagctccgag agcagcgagt tctccgactc cagctccagc aactcgcaac ccaagtcctc 2160

aaagtccaag cagggcacag cctacacccc ctattatctt cccaagcata a 2211

<210> 135

<211> 420

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 135

atgcgttttc gcagggttgc ccagaaaagg aaagtgcttt tgcaaactgt gccagctgca 60

aagaaggcta ggcggcttct aggtatgtgg cagcccccca cgcacaatgt cccgggcatc 120

gagagaaact ggtacgagag ctgttttaga tcccacgctg ctgtttgtgg ctgtggcgat 180

tttgttggcc atcttaatca tctggcaact actctgggtc gtcctccgcg tcctgggccc 240

ccaggcggac cccgcacgcc gcaaataaga aacctgccag cgctcccggc gccccagggc 300

gagcccggtg acagagcgtc atggcgtggg gcttctgggg ccgacgccgc cggtggagac 360

gatggagagc gcggcgcaga cggtggggac cccgcagacg taggagacga cgccctcctc 420

<210> 136

<211> 2211

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 136

atggcgtggg gcttctgggg ccgacgccgc cggtggagac gatggagagc gcggcgcaga 60

cggtggggac cccgcagacg taggagacga cgccctcctc gccgctttcg agctcgtcga 120

agagtaagga ggcgcggggg gaggtggcgc agacgctaca gaaaatggcg acggggcaga 180

cgcagacgga ctcacagaaa aaagatagtc ataaaacagt ggcaaccaaa ctttataaga 240

cgctgctaca tcatagggta cttaccactt atattctgcg gcgaaaatac aaccgcccag 300

aactttgcca ctcactcgga cgacatgata agcaaaggac cgtacggggg gggcatgact 360

accaccaaat tcactctgag aatactgtac gacgagttta ccaggtttat gaacttttgg 420

actgtcagta acgaagacct agacctgtgt agatacgtgg gctgcaaact aatatttttt 480

aaacacccca cggtggactt tatagtacag ataaacactc agcctccttt cttagacacg 540

cacctcaccg cggccagcat acacccgggc atcatgatgc tcagcaagag acacatacta 600

ataccctctc taaagacccg gcccagcaga aaacacaggg tggtcgtcag ggtgggcgcc 660

ccaagacttt ttcaggacaa gtggtacccc cagtcagacc tgtgtgacac agttctgctt 720

tccatattcg caaccgcctg cgacttgcaa tatccgttcg gctcaccact aactgacaac 780

ccttgcgtca acttccagat cctggggccc cagtacaaaa aacaccttag tattagctcc 840

actatggatg acactaacaa agcacattat gaagaaaact tatttaataa aactgaacta 900

tacaacacct ttcaaaccat agctcagctt agagacacag gacaaactgc aaacgctagt 960

cctaattgga atgaggtcca gaatacagca gcacttcagt tatcaggtgc aaatgccact 1020

agcagcaaag acacttggta taaaggtaat acatacacga aagacatatc aaagttagca 1080

gaaaaaacca gacaaagatt taaagctgca acaatagcag cactaccaaa ctaccccaca 1140

ataatgtcca cagacctata tgaataccac tcaggcatat actccagcat atatttatca 1200

gctggcagga gctactttga aaccaccggg gcctactctg acattatata caacccttc 1260

acagacaaag gcacaggcaa cataatctgg atagactacc tcacaaaaga agacaccatt 1320

tttgtaaaaa acaaaagcaa atgcgagata atggacatgc ccctgtgggc ggcctgcaca 1380

ggatacacag agttttgtgc aaagtataca ggcgactctg ccattatcta caatgcaaga 1440

atactcataa gatgcccata cactgagccc atgttaatag accactcaga cccaaacaaa 1500

ggcttcgttc cctactcatt taactttggc aacggaaaga tgcccggagg cagctccaac 1560

gtaccgataa gaatgagagc caaatggtac gtgaacatat tccaccaaaa ggaggttcta 1620

gaggctatag tacaaagcgg accgttcggg tacaagggcg acataaaatc agctgtacta 1680

gccatgaaat acagatttca ctggaagtgg ggcggaaacc ctatatccaa acaggtcgtc 1740

aggaatccct gctccaactc cagctcatcc gcggcccata gaggacctcg cagcgtacaa 1800

gcggttgacc cgaaatacaa tacctcagag gtcacgtggc actcgtggga cattagacga 1860

ggactctttg acaaagcagg tattaaaaga atgcaacagg aatcagatgc tctttacatt 1920

cctccaggac caatcaagag acctcgcagg gacaccaacg cccaagaccc agaagagcaa 1980

aacgaaagct caggtttcag agtccagcag cgactcccgt gggtccactc cagccaagag 2040

acgcaaagct tccaagaaga gacggaggcg caggggtcgg tacaagacca actactcctc 2100

cagctccgag agcagcgagt tctccgactc cagcaccagc aactcgcaac ccaagtcctc 2160

aaagtccaag cagggcacag cctacacccc ctattatctt cccaagcata a 2211

<210> 137

<211> 453

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 137

atgcgttttt ccaggattgc tcgctcgaaa aggaaagtgc cactgccaac actgccaata 60

ccaccgccgc ctgggactat gagctggcgc cctccggtcc acaatgccgc tggaatcgac 120

cgtaactggt tcgaatcctg tttcagatct cacgctagca gttgcggctg tggaaatttt 180

attggccatc ttaatactct cgctactcgc tacggcttta ctcctgggcc cgcgccgccg 240

cctggtggtc caggcccgcg gccgccagta ccagtgaggc cccggcacct ggccggagac 300

ggtaaccagc ccagggccct gccatggcgt ggggatggtg gagacgcaga cgctggccca 360

cctacagaag gtggcggcgc tggagacgcc gcaggagagt accgcgacga agacctcgaa 420

gagctgttcg ccgctatgga aagagacgag taa 453

<210> 138

<211> 2241

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 138

atggtggaga cgcagacgct ggcccaccta cagaaggtgg cggcgctgga gacgccgcag 60

gagagtaccg cgacgaagac ctcgaagagc tgttcgccgc tatggaaaga gacgagtaag 120

gaggcgccgg tggggaggcg gcggtaccga aggggctaca gacgcagggt cgcggtcaga 180

ctgagacgca gacgcagacg gggacgtaag agacttgtac ttactcagtg gcagccccag 240

acccgtagaa agtgcaccat caccgggtac ctcccggtgg tatggtgcgg ctacctccgg 300

gccgccaaaa actatgccta ccactctgac gactccacaa agcagccgga ccccttgggg 360

ggcgcgctga gcactacctc ctttaacctt aaggtgctgt acgaccagca ccagagagga 420

ctcaacaggt ggtctttccc taacgaccaa ctggacctag ctcgctacag ggggtgcaca 480

cttacgttct acagacagaa agccactgac tttatagcta tttatgacat ctccgcccca 540

tacaaactag acaagtacag ctctcccagc tatcaccccg gcaacatgat aatgcagaaa 600

aagaaaattc tcattcccag ctacgacact aaccccaggg gccgccaaaa aatagtagtt 660

aaaatccccc cccctaaact gttcgtggat aagtggtatg cacaggagga cctgtgcgac 720

gttaatcttg tgacacttgc ggtcagcgca gcttccttta cacatccgtt cggctcacca 780

ctaacgaaca acccttgtgt aaccttccag gtacttgact caatatacta ttccgtaata 840

ggttacggtt cctcagatca gaaaaaaaaa caagtacttg aaactctcta taacgaaaat 900

gcatactggg cctcacactt aactccttac tttaccactg gccttaaaat tccatatcca 960

gatactaaga atcccagcac tactgcatct gttactccaa acacgctatt tacaacaggt 1020

agctacgact caaacattaa aatagcagga gacagcaact acaactggta cccctacaac 1080

cttaaaaaca aaatagacaa acttcataaa attagagaac aatactttaa atgggaaaca 1140

gatgaaggcc cccaagccac atctgattat ggcaaacacc acacttggac taaacccacc 1200

gatgactact acgaatacca cctaggttta tttagtccca tattcatagg acccaccaga 1260

agcaacaaac tatttgcaac cgcctaccag gacgttactt acaaccccct aaacgacaag 1320

gcggtgggaa acaagttctg gtttcagtac aacacaaaag cagacaccca ggtggccaaa 1380

caaggctgct actgcatgct agaagacatt cccctctggg ccgccatgta tggctactct 1440

gactttatag agaccgagct aggccccttc caagacgcag agacggtggg ctatatctgt 1500

gtaatatgcc cctacaccga gccccccatg tacaacaaac acaatcccat gcagggttac 1560

gtgttttatg actcgttttt tggcaatggc aagtggatag acggacgggg acacatagag 1620

ccttactggc tctgccgctg gaggccagaa atgcttttcc agcagcaggt tatgagagac 1680

attgtgcaga ccgggccctg gagctataaa gacgaaagca aaaactgtgt tctgcccatg 1740

aagtataagt tcagattcac atggggcggc aatatggtct cccaacagac aatcagaaac 1800

ccctgcaaga ctgacggaca acttgccccc tccggtagac agcctagaga agtacaagtt 1860

gttgacccac tcaccatggg tccccgctgg gttttccact cctgggactg gagacgtggc 1920

taccttagtg agacagctct cagacgcctg cgagaaaaac cactcgacta tgaggcgtat 1980

atgcaaaaac caaaaagacc tagactgttc cctgttacag agggcgacga ccagtccccg 2040

cagcaaggcg acgactggtg ttcagaggaa gaaaagtcgc cgcagtttac cgaagagacg 2100

acgcagacgc tacagctcca gctccagcgc cagctccggc gacagcagcg actcggagag 2160

cagctccaac tcctacaaca ccacctcctc aaaacgcaag cgggcctcca aataaaccca 2220

ttattattgg tccggcagta a 2241

<210> 139

<211> 465

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 139

atgcactttt ctcgaataag cagaaagaaa gggaaagtgc tactgctttg cgtgccagca 60

gttaagaaaa aaccaactgc tatgagcttc tggagacctc cgatgcacaa tgtcacgggg 120

atccaacgcc tgtggtacga gtcctttcac cgtggccatg ctgctttttg tggttgtggg 180

gatcctgtac ttcacattac tgcacttgct gagacatatg gccatccaac aggcccgaga 240

ccttctgggt catcgggaat agatcccact ccgcccatcc gtagagccag gcctgccccg 300

gccgctccgg aacccccaca ggttgactcc agaccggccc tgccatggca tggagatggt 360

ggaagcgacg gaggcgctgg tggctccgca agcggtggac ccgtggcaga cttcgcagac 420

gatggcctag accagctcgt cgccgcccta gacgacgaag agtaa 465

<210> 140

<211> 2181

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 140

atggcatgga gatggtggaa gcgacggagg cgctggtggc tccgcaagcg gtggacccgt 60

ggcagacttc gcagacgatg gcctagacca gctcgtcgcc gccctagacg acgaagagta 120

aggagacgca gacggtggag gaggggggcga cccagacgca ggctgtaccg acgctacaga 180

cgcaaaaaac gtaggagacg aaagcccaaa ataatcttaa aacaatggca gccagacatt 240

gtaaagaggt gctacatagt gggctacatt cctgccataa tatgtggggc gggcacctgg 300

tctcacaact acaccagcca cctcctagac attatcccca aaggaccctt tggaggaggg 360

cacagcacta tgaggttctc cctaaaagta ctctttgaag aacacctcag acacttaaac 420

ttttggacaa aaagcaacca ggacctagaa ctcataagat actttagatg ctcctttaaa 480

ttctatagag accaagacac agactacata gtacactaca gcagaaaaac tcccctggga 540

ggaaacagac taacagcgcc tagcctacac cccggtgtac agatgcttag caaaaacaaa 600

atattagtac ctagctatgc tacaaaaccc aagggtggga gctatgtaaa agtaaccata 660

gcacccccca cactactaac tgacaagtgg tactttagca aagacatttg tgacacaacc 720

ttggttaact tagacgttgt actctgcaac ttgcggtttc cgttctgctc accacaaact 780

gacaaccctt gcatcacatt ccaagttctg cattccttgt acaacgactt cctctccata 840

gtagatactg aaaattacaa aaccactttt gttactacac tgacaacaaa attaggtaca 900

acatggggtt caagactaaa tacatttaga acagaaggct gctactcaca ccctaaacta 960

cctaaaaaac aactaattgc tgcaaatgac acaacatact ttacatcacc tgatgggctc 1020

tggggagacg cagttttcga catctcaaaa cctcaagtaa ttaccgaaaa tatggagtct 1080

tacgctaact cagccaaaca aagaggggtg aacggagacc ccgctttttg ccacctaaca 1140

ggaatatact cacctccctg gctaacacca ggcagaatat cccctgaaac cccaggactt 1200

tacacagacg tgacttacaa cccatacgct gacaaaggag taggcaacag aatatgggtc 1260

gactactgca gtaaaaaagg caacaaatat gacaatacaa gtaaatgcct tttagaagac 1320

atgccactat ggatggtatg ctttggatac gtagactggg taaaaaaaga gactggcaac 1380

tggggtattc cactatgggc tagagtactt atcagaagcc catacgctgt tccaaaactg 1440

tataatgaag cagacccaaa ctatggatgg gtacctattt cttactactt tggagaaggc 1500

aaaatgccaa acggagacat gtacgtacca tttaaaataa gaatgaaatg gtacccttca 1560

atgtggaacc aagagccagt gttaaatgac ttagcaaaga gcggaccgtt tgcatacaaa 1620

aacacaaaaa caagcgtgac tgtgactgcc aaatataaat ttacatttaa cttcgggggc 1680

aaccccgtac cctcacagat tgtacaagat ccctgcacac agtccaccta cgacatcccc 1740

ggcaccggta acctgcctcg cagaacacaa gtcattgacc cgaaattcct cggtccccac 1800

tattccttcc accggtggga cttcaggcgt ggcctctttg gctcacaagc tattaagaga 1860

gtgtcagaac aaccaacaac ttctgagttt ttattctcag gcccaaagag acccagaatc 1920

gatcaaggtc cttacatccc gccagaaaaa gactcaggtt cactccaaag agaatcgaga 1980

ccgtggagca gctcggagac cgaggcagag acagaagccc cctcggaaga agagccggag 2040

aaccaagaag aacaagtact ccagttgcag ctcagacagc agcttcgaga acagcgaaaa 2100

ctcagacagg gaatccagtg cctattcgag caactgataa caacccaaca gggggtccac 2160

aaaaacccat tgttagagta g 2181

<210> 141

<211> 465

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 141

atgcactttt ctcgaataag cagaaagaaa aggaaagtgc tactgctttg cgtgccagca 60

gttaagaaaa aaccaactgc tatgagcttc tggagacctc cgatgcacaa tgtcacgggg 120

atccaacgcc tgtggtacga gtcccttcac cgtggccatg ctgctttttg tggttgtggg 180

gatcctgtac ttcacattac tgcacttgct gagacatatg gccatccaac aggcccgaga 240

ccttctgggt catcgggaat agatcccact ccgcccatcc gtagagccag gcctgccccg 300

gccgctccgg aacccccaca ggttgactcc agaccggccc tgccatggca tggagatggt 360

gggagcgacg gaggcgctgg tggctccgca agcggtggac ccgtggcaga cttcgcagac 420

gatggcctag accagctcgt cgccgcccta gacgacgaag agtaa 465

<210> 142

<211> 2181

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<220><221> modified_base

<222> (1380)..(1380)

<223> a, c, t, g, unknown or other

<400> 142

atggcatgga gatggtggga gcgacggagg cgctggtggc tccgcaagcg gtggacccgt 60

ggcagacttc gcagacgatg gcctagacca gctcgtcgcc gccctagacg acgaagagta 120

aggagacgca gacggtggag gaggggcga cccagacgca gactgtaccg acgctacaga 180

cgcaaaaaac gtaggagacg aaagcccaaa ataatcttaa aacaatggca gccagacatt 240

gtaaagaggt gctacatagt gggctacatt cctgccataa tatgtggggc gggcacctgg 300

tctcacaact acaccagcca cctcctagac attatcccca aaggacccтt tggaggaggg 360

cacagcacta tgaggttctc cctaaaagta ctctttgaag aacacctcag acacttaaac 420

ttttggacaa aaagcaacca ggacctagaa ctcataagat actttagatg ctcctttaaa 480

ttctatagag accaagacac agactacata gtacactaca gcagaaaaac tcccctggga 540

ggaaacagac taacagcgcc tagcctacac cccggtgtac agatgcttag caaaaacaaa 600

atattagtac ctagctatgc tacaaaaccc aagggtggga gctatgtaaa agtaaccata 660

gcacccccca cactactaac tgacaagtgg tactttagca aagacatttg tgacacaacc 720

ttggttaact tagacgttgt actctgcaac ttgcggtttc cgttctgctc accacaaact 780

gacaaccctt gcatcacatt ccaagttctg cattccttgt acaacgactt cctctctata 840

gtagatactg aaaattacaa aaccactttt gttactacac tgacaacaaa attaggtaca 900

acatggggtt caagactaaa tacatttaga acagaaggct gctactcaca ccctaaacta 960

cctaaaaaac aactaattgc tgcaaatgac acaacatact ttacatcacc tgatgggctc 1020

tggggagacg cagttttcga catctcaaaa cctcaagtaa ttaccgaaaa tatggagtct 1080

tacgctaact cagccaaaca aagaggggtg aacggagacc ccgctttttg ccacctaaca 1140

ggaatatact cacctccctg gctaacacca ggcagaatat cccctgaaac cccaggactt 1200

tacacagacg tgacttacaa cccatacgct gacaaaggag taggcaacag aatatgggtc 1260

gactactgca gtaaaaaagg caacaaatat gacaatacaa gtaaatgcct tttagaagac 1320

atgccactat ggatggtatg ctttggatac gtagactggg taaaaaaaga gactggcaan 1380

tggggtattc cactatgggc tagagtactt atcagaagcc catacactgt tccaaaactg 1440

tataatgaag cagacccaaa ctatggatgg gtacctattt cttactactt tggagaaggc 1500

aaaatgccaa acggagacat gtacgtacca tttaaaatga gaatgaaatg gcacccttca 1560

atgtggaacc aagagccagt gttaaatgac ttagcaaaga gcggaccgtt tgcatacaaa 1620

aacacaaaaa caagcgtgac tgtgactgcc aaatataaat ttacatttaa cttcgggggc 1680

aaccccgtac cctcacagat tgtacaaggt ccctgcacac agtccaccta cgacatcccc 1740

ggcaccggta acctgcctcg cagaatacag gtcattgacc cgaaattcct cggtccccac 1800

tattccttcc accggtggga cttcaggcgt ggcctctttg gctcacaagc tattaagaga 1860

gtgtcagaac aaccaacaac ttctgagttt ttattctcag gcccaaagag acccagaatc 1920

gatcaaggtc cttacatccc gccagaaaaa gactcaggtt cactccaaag agaatcgaga 1980

ccgtggagca gctcggagac cgaggcagag acagaagccc cctcggaaga agagccggag 2040

aaccaagaag aacaagtact ccagttgcag ctcagacagc agcttcgaga acagcgaaaa 2100

ctcagacagg gaatccagtg cctattcgag caactgataa caacccaaca gggggtccac 2160

aaaaacccat tgttagagta g 2181

<210> 143

<211> 465

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 143

atgcactttt ctcgaataag cagaaagaaa aggaaagtgc tactgctttg cgtgccagca 60

gttaagaaaa aaccaactgc tatgagcttc tggagacctc cgatgcacaa tgtcacgggg 120

atccaacgcc tgtggtacga gtcccttcac cgtggccatg ctgctttttg tggttgtggg 180

gatcctgtac ttcacattac cgcacttgct gagacatatg gccatccaac aggcccgaga 240

ccttctgggt catcgggaat agatcccact ccgcccatcc gtagagccag gcctgccccg 300

gccgctccgg aacccccaca ggttgactcc agaccggccc tgccatggca tggagatggt 360

ggaagcgacg gaggcgctgg tggctccgca agcggtggac ccgtggcaga cttcgcagac 420

gatggcctag accagctcgt cgccgcccta gacgacgaag agtaa 465

<210> 144

<211> 2181

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 144

atggcatgga gatggtggaa gcgacggagg cgctggtggc tccgcaagcg gtggacccgt 60

ggcagacttc gcagacgatg gcctagacca gctcgtcgcc gccctagacg acgaagagta 120

aggagacgca gacggtggag gaggggcga cccagacgca gactgtaccg acgctacaga 180

cgcaaaaaac gtaggagacg aaagcccaaa ataatcttaa aacaatggca gccagacatt 240

gtaaagaggt gctacatagt gggctacatt cctgccataa tatgtggggc gggcacctgg 300

tctcacaact acaccagcca cctcctagac attatcccca aaggactctt tggaggaggg 360

cacagcacta tgaggttctc cctaaaagta ctctttgaag aacacctcag acacttaaac 420

ttttggacaa aaagcaacca ggacctagaa ctcataagat actttagatg ctcctttaaa 480

ttctatagag accaagacac agactacata gtacactaca gcagaaaaac tcccctggga 540

ggaaacagac taacagcgcc tagcctacac cccggtgtac agttgcttag caaaaacaaa 600

atattagtac ctagctatgc tacaaaaccc aagggtggga gctatgtaaa agtaaccata 660

gcacccccca cactactaac tgacaagtgg tactttagca aagacatttg tgacacaacc 720

ttggttaact tagacgttgt actctgcaac ttgcggtttc cgttctgctc accacaaact 780

gacaaccctt gcatcacatt ccaagttctg cattccttgt acaacgactt cctctctata 840

gtagatactg aaaattacaa aaccactttt gttactacac tgacaacaaa attaggtaca 900

acatggggtt caagactaaa tacatttaga acagaaggct gctactcaca ccctaaacta 960

cctaaaaaac aactaattgc tgcaaatgac acaacatact ttacatcacc tgatgggctc 1020

tggggagacg cagttttcaa catctcaaaa cctcaagtaa ttaccgaaaa tatggagtct 1080

tacgctaact cagccaaaca aagaggggtg aacggagacc ccgctttttg ccacctaaca 1140

ggaatatact cacctccctg gctaacacca ggcagaatat cccctgaaac cccaggactt 1200

tacacagacg tgacttacaa cccatacgct gacaaaggag taggcaacag aatatgggtc 1260

gactactgca gtaaaaaagg caacaaatat gacaatacaa gtaaatgcct tttagaagac 1320

atgccactat ggatggtatg ctttggatac gtagactggg taaaaaaaga gactggcaac 1380

tggggtattc cactatgggc tagagtactt atcagaagcc catacactgt tccaaaactg 1440

tataatgaag cagacccaaa ctatggatgg gtacctattt cttactactt tggagaaggc 1500

aaaatgccaa acggagacat gtacgtacca tttaaaataa gaatgaaatg gcacccttca 1560

atgtggaacc aagagccagt gttaaatgac ttagcaaaga gcggaccgtt tgcatacaaa 1620

aacacaaaaa caagcgtgac tgtgactgcc aaatataaat ttacatttaa cttcgggggc 1680

aaccccgtac cctcacagat tgtacaagat ccctgcacac agtccaccta cgacatcccc 1740

ggcaccggta acctgcctcg cagaatacaa gtcattgacc cgaaattcct cggtccccac 1800

tattccttcc accggtggga cttcaggcgt ggcctctttg gctcacaagc tattaagaga 1860

gtgtcagaac aaccaacaac ttctgagttt ttattctcag gcccaaagag acccagaatc 1920

gatcaaggtc cttacatccc gccagaaaaa gactcaggtt cactccaaag agaatcgaga 1980

ccgtggagca gctcggagac cgaggcagag acagaagccc cctcggaaga agagccggag 2040

aaccaagaag aacaagtact ccagttgcag ctcagacagc agcttcgaga acagcgaaaa 2100

ctcagacagg gaatccagtg cctattcgag caactgataa caacccaaca gggggtccac 2160

aaaaacccat tgttagagta g 2181

<210> 145

<211> 465

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 145

atgcactttt ctcgaataag cagaaagaaa aggaaagtgc tactgctttg cgtgccagca 60

gctaagaaaa aaccaactgc tatgagcttc tggaaacctc cggtacacaa tgtcacgggg 120

atccaacgca tgtggtatga gtcctttcac cgtggccacg cttctttttg tggttgtggg 180

aatcctatac ttcacattac tgcacttgct gaaacatatg gccatccaac aggcccgaga 240

ccttctgggc caccgggagt agaccccaac ccccacatcc gtagagccag gcctgccccg 300

gccgctccgg ggccctcaca ggttgattcg agaccagccc tgacatggca tggggatggt 360

ggaagcgacg gaggcgctgg tggttccgga agcggtggac ccgtggcaga cttcgcagac 420

gatggcctcg atcagctcgt cgccgcccta gacgacgaag agtaa 465

<210> 146

<211> 426

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 146

atggcatggg gatggtggaa gcgacggagg cgctggtggt tccggaagcg gtggacccgt 60

ggcagacttc gcagacgatg gcctcgatca gctcgtcgcc gccctagacg acgaagagta 120

aggaggcgca gacggtggag gaggggggaga cgaaaaacag ggacttacag acgcaggaga 180

cgctttagac gcaggagacg aaaagcaaaa cttataataa aactgtggca acctgcagta 240

attaaaagat gcagaataaa gggatacata ccactgatta taagtgggaa cggtaccttt 300

gccacaaact ttaccagtca cataaatgac agaataatga aaggccccctt cgggggagga 360

cacagcacta tgaggttcag cctctacatt ttgtttgagg agcacctcag acacatgaac 420

ttctag 426

<210> 147

<211> 1500

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 147

atggcagttg aggctgactt gcggtttccg ttctgctcac cacaaactga caacacttgc 60

atcagcttcc aggtccttag ttccgtttac aacaactacc tcagtattaa tacctttaat 120

aatgacaact cagactcaaa gttaaaagaa tttttaaata aagcatttcc gacaacaggc 180

acaaaaggaa caagtttaaa tgcactaaat acatttagaa cagaaggatg cataagtcac 240

ccacaactaa aaaaaccaaa cccacaaata aacaaaccat tagagtcaca atactttgca 300

cctttagatg ccctctgggg agaccccata tactataatg atctaaatga aaacaaaagt 360

ttgaacgata tcattgagaa aatactaata aaaaacatga ttacatacca tgcaaaacta 420

agagaatttc caaattcata ccaaggaaac aaggcctttt gccacctaac aggcatatac 480

agcccaccat acctaaacca aggcagaata tctccagaaa tatttggact gtacacagaa 540

ataatttaca acccttacac agacaaagga actggaaaca aagtatggat ggacccacta 600

actaaagaga acaacatata taaagaagga cagagcaaat gcctactgac tgacatgccc 660

ctatggactt tacttttgg atatacagac tggtgtaaaa aggacactaa taactgggac 720

ttaccactaa actacagact agtactaata tgcccttata cctttccaaa attgtacaat 780

gaaaaggtaa aagactatgg gtacatcccg tactcctaca aattcggagc gggtcagatg 840

ccagacggca gcaactacat acccttttcag tttagagcaa agtggtaccc cacagtacta 900

caccagcaac aggtaatgga ggacataagc aggagcgggc cctttgcacc taaggtagaa 960

aaaccaagca ctcagctggt aatgaagtac tgttttaact ttaactgggg cggtaaccct 1020

atcattgaac agattgttaa agaccccagc ttccagccca cctatgaaat acccggtacc 1080

ggtaacatcc ctagaagaat acaagtcatc gacccgcggg tcctgggacc gcactactcg 1140

ttccggtcat gggacatgcg cagacacaca tttagcagag caagtattaa gagagtgtca 1200

gaacaacaag aaacttctga ccttgtattc tcaggcccaa aaaagcctcg ggtcgacatc 1260

ccaaaacaag aaacccaaga agaaagctca cattcactcc aaagagaatc gagaccgtgg 1320

gagaccgagg aagaaagcga gacagaagcc ctctcgcaag agagccaaga ggtccccttc 1380

caacagcagt tgcagcagca gtaccaagag cagctcaagc tcagacaggg aatcaaagtc 1440

ctcttcgagc agctcataag gacccaacaa ggggtccatg taaacccatg cctacagtag 1500

<210> 148

<211> 465

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 148

atgcactttt ctcgaataag cagaaagaaa aggaaagtgc tactgctttg cgtgccagca 60

gctaagaaaa aaccaactgc tatgagcttc tggaaacctc cggtacacaa tgtcacgggg 120

atccaacgca tgtggtatga gtcctttcac cgtggccacg cttctttttg tggttgtggg 180

aatcctatac ttcacattac tgcacttgct gaaacatatg gccatccaac aggcccgaga 240

ccttctgggc caccgggagt agaccccaac ccccacatcc gtagagccag gcctgccccg 300

gccgctccgg agccctcaca ggttgattcg agaccagccc tgacatggca tggggatggt 360

ggaagcgacg gaggcgctgg tggttccgga agcggtggac ccgtggcaga cttcgcagac 420

gatggcctcg atcagctcgt cgccgcccta gacgacgaag agtaa 465

<210> 149

<211> 2232

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 149

atggcatggg gatggtggaa gcgacggagg cgctggtggt tccggaagcg gtggacccgt 60

ggcagacttc gcagacgatg gcctcgatca gctcgtcgcc gccctagacg acgaagagta 120

aggaggcgca gacggtggag gaggggggaga cgaaaaacaa ggacttacag acgcaggaga 180

cgctttagac gcaggggacg aaaagcaaaa cttataataa aactgtggca acctgcagta 240

attaaaagat gcagaataaa gggatacata ccactgatta taagtgggaa cggtaccttt 300

gccacaaact ttaccagtca cataaatgac agaataatga aaggcccctt cgggggagga 360

cacagcacta tgaggttcag cctctacatt ttgtttgagg agcacctcag acacatgaac 420

ttctggacca gaagcaacga taacctagag ctaaccagat acttgggggc ttcagtaaaa 480

atatacaggc acccagacca agactttata gtaatataca acagaagaac ccctctagga 540

ggcaacatct acacagcacc ctctctacac ccaggcaatg ccattttagc aaaacacaaa 600

atattagtac caagtttaca gacaagacca aagggtagaa aagcaattag actaagaata 660

gcacccccca cactctttac agacaagtgg tactttcaaa aggacatagc cgacctcacc 720

cttttcaaca tcatggcagt tgaggctgac ttgcggtttc cgttctgctc accacaaact 780

gacaacactt gcatcagctt ccaggtcctt agttccgttt acaacaacta cctcagtatt 840

aatacctta ataatgacaa ctcagactca aagttaaaag aatttttaaa taaagcattt 900

ccaacaacag gcacaaaagg aacaagttta aatgcactaa atacatttag aacagaagga 960

tgcataagtc acccacaact aaaaaaacca aacccacaaa taaacaaacc attagagtca 1020

caatactttg cacctttaga tgccctctgg ggagacccca tatactataa tgatctaaat 1080

gaaaacaaaa gtttgaacga tatcattgag aaaatactaa taaaaaacat gattacatac 1140

catgcaaaac taagagaatt tccaaattca taccaaggaa acaaggcctt ttgccaccta 1200

acaggcatat acagcccacc atacctaaac caaggcagaa tatctccaga aatatttgga 1260

ctgtacacag aaataattta caacccttac acagacaaag gaactggaaa caaagtatgg 1320

atggacccac taactaaaga gaacaacata tataaagaag gacagagcaa atgcctactg 1380

actgacatgc ccctatggac tttacttttt ggatatacag actggtgtaa aaaggacact 1440

aataactggg acttaccact aaactacaga ctagtactaa tatgccctta tacctttcca 1500

aaattgtaca atgaaaaagt aaaagactat gggtacatcc cgtactccta caaattcgga 1560

gcgggtcaga tgccagacgg cagcaactac ataccctttc agtttagagc aaagtggtac 1620

cccacagtac tacaccagca acaggtaatg gaggacataa gcaggagcgg gcccttgca 1680

cctaaggtag aaaaaccaag cactcagctg gtaatgaagt actgttttaa ctttaactgg 1740

ggcggtaacc ctatcattga acagattgtt aaagacccca gcttccagcc cacctatgaa 1800

atacccggta ccggtaacat ccctagaaga atacaagtca tcgacccgcg ggtcctggga 1860

ccgcactact cgttccggtc atgggacatg cgcagacaca catttagcag agcaagtatt 1920

aagagagtgt cagaacaaca agaaacttct gaccttgtat tctcaggccc aaaaaagcct 1980

cgggtcgaca tcccaaaaca agaaacccaa gaagaaagct cacattcact ccaaagagaa 2040

tcgagaccgt gggagaccga ggaagaaagc gagacagaag ccctctcgca agagagccaa 2100

gaggtcccct tccaacagca gttgcagcag cagtaccaag agcagctcaa gctcagacag 2160

ggaatcaaag tcctcttcga gcagctcata aggacccaac aaggggtcca tgtaaaccca 2220

tgcctacggt ag 2232

<210> 150

<211> 465

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 150

atgcactttt ctcgaataag cagaaagaaa aggaaagtgc tactgctttg cgtgccagca 60

gctaagaaaa aaccaactgc tatgagcttc tggaaacctc cggtacacaa tgtcacgggg 120

atccaacgca tgtggtatga gtcctttcac cgtggccacg cttctttttg tggttgtggg 180

aatcctatac ttcacattac tgcacttgct gaaacatatg gccatccaac aggcccgaga 240

ccttctgggc caccgggagt agaccccaac ccccacatcc gtagagccag gcctgccccg 300

gccgctccgg agccctcaca ggttgattcg agaccagccc tgacgtggca tggggatggt 360

ggaagcgacg gaggcgctgg tggttccgga agcggtggac ccgtggcaga cttcgcagac 420

gatggcctcg atcagctcgt cgccgcccta gacgacgaag agtaa 465

<210> 151

<211> 1896

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 151

atgaaaggcc ccttcggggg aggacacagc actatgaggt tcagcctcta cattttgttt 60

gaggagcgcc tcagacacat gaacttctgg accagaagca acgataacct agagctaacc 120

agatacttgg gggcttcagt aaaaatatac aggcacccag accaagactt tatagtaata 180

tacaacagaa gaacccctct aggaggcaac atctacacag caccctctct acacccaggc 240

aatgccattt tagcaaaaca caaaatatta gtaccaagtt tacagacaag accaaagggt 300

agaaaagcaa ttagactaag aatagcaccc cccacactct ttacagacaa gtggtacttt 360

caaaaggaca tagccgacct cacccttttc aacatcatgg cagttgaggc tgacttgcgg 420

tttccgttct gctcaccaca aactggcaac acttgcatca gcttccaggt ccttaattcc 480

gtttacaaca actacctcag tattaatacc tttaataatg acaactcaga ctcaaagtta 540

aaagaatttt taaataaagc atttccaaca acaggcacaa aaggaacaag tttaaatgca 600

ctaaatacat ttagaacaga aggatgcata agtcacccac aactaaaaaa accaaaccca 660

caaataaaca aaccattaga ttcacaatac tttgcacctt tagacgccct ctggggagac 720

cccatatact ataatgatct aaatgaaaag aaaagtttga aggatatcat tgagaacata 780

ctaataaaaa acatgattac ataccatgaa aaactaagag agtttccaaa ttcataccaa 840

ggaaacaagg ccttttgcca cctaacaggc atatacagcc caccatacct aaaccaaggc 900

agaatatctc cagaaatatt tggactgtac acagaaataa tttacaaccc ttacacagac 960

aaaggaactg gaaacaaagt atggatggac ccactaacta aagagaacaa catatataaa 1020

gaaggacaga gcaaatgcct actgactgac atgcccctat ggactttact ttttggatat 1080

acagactggt gtaaaaagga cactaataac tgggacttac cactaaacta cagactagta 1140

ctaatatgcc cttatacctt tccaaaattg tacaatgaaa aggtaaaaga ctatgggtac 1200

atcccgtact cctacaaatt cggagcgggt cagatgccag acggcagcaa ctacataccc 1260

tttcagttta gagcaaagtg gtaccccaca gtactacacc agcaacaggt aatggaggac 1320

ataagcagga gcgggccctt tgcacctaag gtagaaaaac caggcactca gctggtaatg 1380

aagtactgtt ttaactttaa ctggggcggt aaccctatca ttgaacagat tgttaaagac 1440

cccagcttcc agcccaccta tgaaataccc ggtaccggtg acatccctag aagaatacaa 1500

gtcatcgacc cgcgggtcct gggaccgcac tactcgttcc ggtcatggga cacgcgcaga 1560

cacacattta gcagagcaag tattaagaga gtgtcagaac aacaagaagc ttctgacctt 1620

gtattctcag gcccaaaaaa gcctcgggtc gacatcccaa aacaagaaac ccaagaagaa 1680

agctcacatt cactccaaag agaatcgaga ccgtgggaga ccgaggaaga aagcgagaca 1740

gaagccctct cgcaagagag ccaagaggtc cccttccaac agcagttgca gcagcagtac 1800

caagagcagc tcaagctcag acagggaatc aaagtcctct tcgagcagct cataaggacc 1860

caacaagggg tccatgtaaa cccatgccta cagtag 1896

<210> 152

<211> 465

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 152

atgcactttt ctcgaataag cagaaagaaa aggaaagtgc tactgctttg cgtgccagca 60

gctaagaaaa aaccaactgc tatgagcttc tggaaacctc cggtacacaa tgtcacgggg 120

atccaacgca tgtggtatga gtcctttcac cgtggccacg cttctttttg tggttgtggg 180

aatcctatac ttcacattac tgcacttgct gaaacatatg gccgtccaac aggcccgaga 240

ccttctgggc caccgggagt agaccccaac ccccacatcc gtagagccag gcctgccccg 300

gccgctccgg agccctcaca ggttgattcg agaccagccc tgacatggca tggggatggt 360

ggaagcgacg gaggcgctgg tggttccgga agcggtggac ccgtggcaga cttcgcagac 420

gatggcctcg atcagctcgt cgccgcccta gacgacgaag agtaa 465

<210> 153

<211> 2232

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 153

atggcatggg gatggtggaa gcgacggagg cgctggtggt tccggaagcg gtggacccgt 60

ggcagacttc gcagacgatg gcctcgatca gctcgtcgcc gccctagacg acgaagagta 120

agggggcgca gacggtggag gaggggggaga cgaaaaacaa ggacttacag acgcaggaga 180

cgctttagac gcaggagacg aaaagcaaaa cttatagtaa aactgtggca acctgcagta 240

attaaaagat gcagaataaa gggatacata ccactgatta taggtgggaa cggtaccttt 300

gccacaaact ttaccagtca cataaatgac agaataatga aaggcccctt cgggggagga 360

cacagcacta tgaggttcag cctctacatt ttgtttgagg agcacctcag acacatgaac 420

ttctggacca gaagcaacga taacctagag ctaaccagat acttgggggc ttcagtaaaa 480

atatacaggc acccagacca agactttata gtaatataca acagaagaac ccctctagga 540

ggcaacatct acacagcacc ctctctacac ccaggcaatg ccattttagc aaaacacaaa 600

atattagtac caagtttaca gacaagacca aagggtagaa aagcaattag actaagaata 660

gcacccccca cactctttac agacaagtgg tactttcaaa aggacatagc cgacctcacc 720

cttttcaaca tcatggcagt tgaggctgac ttgcggtttc cgttctgctc accacaaact 780

gacaacactt gcatcagctt ccaggtcctt agttccgttt acaacaacta cctcagtatt 840

aatacctta ataatgacaa ctcagactca aagttaaaag aatttttaaa taaagcattt 900

ccaacaacag gcacaaaagg aacaagttta aatgcactaa atacatttag aacagaagga 960

tgcataagtc acccacaact aaaaaaacca aacccacaaa taaacaaacc attagagtca 1020

caatactttg cacctttaga tgccctctgg ggagacccca tatactataa tgatctaaat 1080

gaaaacaaaa gtttgaacga tatcattgag aaaatactaa taaaaaacat gattacatac 1140

catgcaaaac taagagaatt tccaaattca taccaaggaa acaaggcctt ttgccaccta 1200

acaggcatat acagcccacc atacctaaac caaggcagaa tatctccaga aatatttgga 1260

ctgtacacag aaataattta caacccttac acagacaaag gaactggaaa caaagtatgg 1320

atggacccac taactaaaga gaacaacata tataaagaag gacagagcaa atgcctactg 1380

actgacatgc ccctatggac tttacttttt ggatatacag actggtgtaa aaaggacact 1440

aataactggg acttaccact aaactacaga ctagtactaa tatgccctta tacctttcca 1500

aaattgtaca atgaaaaggt aaaagactat gggtacatcc cgtactccta caaattcgga 1560

gcgggtcaga tgccagacgg cagcaactac atacccttc agtttagagc aaagtggtac 1620

cccacagtac tacaccagca acaggtaatg gaggacataa gcaggagcgg gccctttgta 1680

cctaaggtag aaaaaccaag cactcagctg gtaatgaagt actgttttaa ctttaactgg 1740

ggcggtaacc ctatcattga acagattgtt aaagacccca gcttccagcc cacctatgaa 1800

atacccggta ccggtaacat ccctagaaga atacaagtca tcgacccgcg ggtcctggga 1860

ccgcactact cgttccggcc atgggacatg cgcagacaca catttagcag agcaagtatt 1920

aagagagtgt cagaacaaca agaaacttct gaccttgtat tctcaggccc aaaaaagcct 1980

cgggtcgaca tcccaaaaca agaaacccaa gaagaaagct cacattcact ccaaagagaa 2040

tcgagaccgt gggagaccga ggaagaaagc gagacagaag ccctctcgca agagagccaa 2100

gaggtcccct tccaacagca gttgcagcag cagtaccaag aacagctcaa gctcagacag 2160

ggaatcaaag tcctcttcga gcagctcata aggacccaac aaggggtcca tgtaaaccca 2220

tgcctacagt ag 2232

<210> 154

<211> 465

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 154

atgcactttt ctcgaataag cagaaagaaa aggaaagtgc tactgctttg cgtgccagca 60

gctaagaaaa aaccaactgc tatgagcttc tggaaacctc cggtacacaa tgtcacgggg 120

atccaacgca tgtggtatgg gtcctttcac cgtggccacg cttctttttg tggttgtggg 180

aatcctatac ttcacattac tgcacttgct gaaacatatg gccatccaac aggcccgaga 240

ccttctgggc caccgggagt agaccccaac ccccacatcc gtagagccag gcctgccccg 300

gccgctccgg agccctcaca ggttgattcg agaccagccc tgacatggca tggggatggt 360

ggaagcgacg gaggcgctgg tggtcccgga agcggtggac ccgtggcaga cttcgcagac 420

gatggcctcg atcagctcgt cgccgcccta gacgacgaag agtaa 465

<210> 155

<211> 228

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 155

atggcatggg gatggtggaa gcgacggagg cgctggtggt cccggaagcg gtggacccgt 60

ggcagacttc gcagacgatg gcctcgatca gctcgtcgcc gccctagacg acgaagagta 120

aggaggcgca gacggtggag gaggggggaga cgaaaaacaa ggacttacag acgcaggaga 180

cgctttagac gcaggagacg aaaagcaaaa cttataataa aactgtga 228

<210> 156

<211> 354

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 156

atgaaaggcc ccttcggggg aggacacagc actatgaggt tcagcctcta cattttgttt 60

gaggagcacc tcagacacat gaacttctgg accagaagca acgataacct agagctaacc 120

agatacttgg gggcttcagt aaaaatatac aggcacccag accaagactt tatagtaata 180

tacaacagaa gaacccctct aggaggcaac atctacacag caccctctct acacccaggc 240

aatgccattt tagcaaaaca caaaatatta gtaccaagtt tacagacaag accaaagggt 300

agaaaagcaa ttagactaag aatagcaccc cccacactct ttacagacaa gtag 354

<210> 157

<211> 1500

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 157

atggcagttg aggctgactt gcggtttccg ttctgctcac cacaaactga caacacttgc 60

atcagcttcc aggtccttag ttccgtttac aacaactacc tcagtattaa tacctttaat 120

aatgacaact cagactcaaa gttaaaagaa tttttaaata aagcatttcc aacaacaggc 180

acaaaaggaa caagtttaaa tgcactaaat acatttagaa cagaaggatg cataagtcac 240

ccacaactaa aaaaaccaaa cccacaaaca aacaaaccat cagagtcaca atactttgca 300

cctttagatg ccctctgggg agaccccata tactataatg atctaaatga aaagaaaagt 360

ttcaagaata tcattgagaa catactaata aaaaacatga ttacatacca tgaaaaacta 420

acagaatttc caaattcata ccaaggaaac aaggcctttt gccacctaac aggcatatac 480

agcccaccat acctaaacca aggcagaata tctccagaaa tatttggact gtacacagaa 540

ataatttaca acccttacac agacaaagga actggaaaca aagtatggat ggacccacta 600

actaaagaga acaacatata taaagaagga cagagcaaat gcctactgac tgacatgccc 660

ctatggactt tacttttgg atatacagac tggtgtaaaa aggacactaa taactgggac 720

ttaccactaa actacagact agtactaata tgcccttata cctttccaaa attgtacaat 780

gaaaaggtaa aagactatgg gtacatcccg tactcctaca aattcggagc gggtcagatg 840

ccagacggca gcaactacat acccctttcag tttagagcaa agtggtaccc cacagtacta 900

caccagcaac aggtaatgga ggacataagc aggagcgggc cctttgcacc taaggtagaa 960

aaaccaagca ctcagctggt aatgaagtac tgttttaact ttaactgggg cggtaaccct 1020

atcattgaac agattgttaa agaccccagc ttccagccca cctatgaaat acccggtacc 1080

ggtaacatcc ctagaagaat acaagtcatc gacccgcggg tcctgggacc gcactactcg 1140

ttccggtcat gggacatgcg cagacacaca tttagcagag caagtattaa gagagtgtca 1200

gaacaacaag aaacttctga ccttgtattc tcaggcccaa aaaagcctcg ggtcgacatc 1260

ccaaaacaag aaacccaaga agaaagctca cattcactcc aaagagaatc gagaccgtgg 1320

gagaccgagg aagaaagcga gacagaagcc ctctcgcaag agagccaaga ggtccccttc 1380

caacagcagt tgcagcagca gtaccaagag cagctcaagc tcagacaggg aatcaaagtc 1440

ctcttcgagc agctcataag gacccaacaa ggggtccatg taaacccatg cctacagtag 1500

<210> 158

<211> 465

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 158

atgcactttt ctcgaataag cagaaagaaa aggaaagtgc tactgctttg cgtgccagca 60

gctaagaaaa aaccaactgc tatgagcttc tggaaacctc cggtacacaa tgtcacgggg 120

atccaacgca tgtggtatga gtcctttcac cgtggccacg cttctttttg tgattgtggg 180

aatcctatac ttcacattac tgcacttgct gaaacatatg gccatccaac aggcccgaga 240

ccttctgggc caccgggagt agaccccaac ccccacatcc gtagagccag gcctgccccg 300

gccgctccgg agccctcaca ggttgattcg agaccagccc tgacatggca tggggatggt 360

ggaagcgaca gaggcgctgg tggttccgga agcggtggac ccgtggcaga cttcgcagac 420

gatggcctcg atcagctcgt tgccgcccta gacgacgaag agtaa 465

<210> 159

<211> 2232

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 159

atggcatggg gatggtggaa gcgacagagg cgctggtggt tccggaagcg gtggacccgt 60

ggcagacttc gcagacgatg gcctcgatca gctcgttgcc gccctagacg acgaagagta 120

aggaggcgca gacggtggag gaggggggaga cgaaaaacaa ggacttacag acgcaggaga 180

cgctttagac gcaggagacg aaaagcaaaa cttataataa aactgtggca acctgcagta 240

attaaaagat gcagaataaa gggatacata ccactgatta taagtgggaa cggtaccttt 300

gccacaaact ttaccagtca cataaatgac agaataatga agggcccctt cgggggagga 360

cacagcacta tgaggttcag tctctacatt ttgtttgagg agcacctcag acacatgaac 420

ttctggacca gaagcaacga taacctagag ctaaccagat acttgggggc ttcagtaaaa 480

atatacaggc acccagacca agactttata gtaatataca acagaagaac ccctctagga 540

ggcaacatct acacagcacc ctctctacac ccaggcaatg ccattttagc aaaacacaaa 600

atattagtac caagtttaca gacaagacca aagggtagaa aagcaattag actaagaata 660

gcacccccca cactctttac agacaagtgg tactttcaaa aggacatagc cgacctcacc 720

cttttcaaca tcatggcagt tgaggctgac ttgcggtttc cgttctgctc accacaaact 780

gacaacactt gcatcagctt ccaggtcctt agttccgttt acaacaacta cctcagtatt 840

aataccttta ataatgacaa ctcagactca aagttaaaag aatttttaaa taaagcattt 900

ccaacaacag gcacaaaagg aacaagttta aatgcactaa atacatttag aacagaagga 960

tgcataagtc acccacaact aaaaaaacca aacccacaaa taaacaaacc attagagtca 1020

caatactttg cacctttaga tgccctctgg ggagacccca tatactataa tgatctaaat 1080

gaaaacaaaa gtttgaacga tatcattgag aaaatactaa taaaaaacat gattacatac 1140

catgcaaaac taagagaatt tccaaattca taccaaggaa acaaggcctt ttgccaccta 1200

acaggcatat acagcccacc atacctaaac caaggcagaa tatctccaga aatatttgga 1260

ctgtacacag aaataattta caacccttac acagacaaag gaactggaaa caaagtatgg 1320

atggacccac taactaaaga gaacaacata tataaagaag gacagagcaa atgcctactg 1380

actgacatgc ccctatggac tttacttttt ggatatacag actggtgtaa aaaggacact 1440

aataactggg acttaccact aaactacaga ctagtactaa tatgccctta tacctttcca 1500

aaattgtaca atgaaaaggt aaaagactat gggtacatcc cgtactccta caaattcgga 1560

gcgggtcaga tgccagacgg cagcaactac ataccctttc agtttagagc aaagtggtac 1620

cccacagtac tacaccagca acaggtaatg gaggacataa gcaggagcgg gccctttgca 1680

cctaaggtag aaaaaccaag cactcagctg gtaatgaagt actgttttaa ctttaactgg 1740

ggcggtaacc ctatcattga acagattgtt aaagacccca gcttccagcc cacctatgaa 1800

atacccggta ccggtaacat ccctagaaga atacaagtca tcgacccgcg ggtcctggga 1860

ccgcactact cgttccggtc atgggacatg cgcagacaca catttagcag agcaagtatt 1920

aagagagtgt cagaacaaca agaaacttct gaccttgtat tctcaggccc aaaaaagcct 1980

cgggtcgaca tcccaaaaca agaaacccaa gaagaaagct cacattcact ccaaagagaa 2040

tcgagaccgt gggagaccga ggaagaaagc gagacagaag ccctctcgca agagagccaa 2100

gaggtcccct tccaacagca gttgcagcag cagtaccaag agcagctcaa gctcagacag 2160

ggaatcaaag tcctcttcga gcagctcata aggacccaac aaggggtcca tgtaaaccca 2220

tgcctacagt ag 2232

<210> 160

<211> 2313

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 160

atggcctatg gctggtggcg ccgaaggaga agacggtggc gcaggtggag acccagacca 60

tggaggcccc gctggaggac ccgaagacgc agacctgcta gacgccgtgg ccaccgcaga 120

aacgtaagaa gacgccgcag aggagggagg tggaggagga gatataggag atggaaaaga 180

aagggcaggc gcagaaaaaa agctaaaata ataataagac aatggcaacc aaactacaga 240

aggagatgta acatagtagg ctacatccct gtactaatat gtggcgaaaa tactgtcagc 300

agaaactatg ccacacactc agacgatacc aactacccag gacccttgg gggggtatg 360

actacagaca aatttacttt aagaattctg tatgacgagt acaaaaggtt tatgaactac 420

tggacagcat ctaacgaaga cctagacctt tgtagatatc taggagtaaa cctgtacttt 480

ttcagacacc cagatgtaga ttttatcata aaaattaata ccatgcctcc ttttctagac 540

acagaactca cagcccctag actacaccca ggcatgctag ccctagacaa aagagcaaga 600

tggataccta gcttaaaatc tataccagga aaaaaacact atattaaaat aagagtaggg 660

gcaccaaaaa tgttcactga taaatggtac ccccaaacag atctttgtga catggtgctt 720

ctaactgtct atgcaaccgc agcggatata ccatatccgt tcggctcacc actaactgac 780

tctgtggttg tgaacttcca ggttctgcaa tccatgtatg ataaatacat tagcatatta 840

ccagaccaaa agtcacaaag taagtcacta cttagtaaca tagcaaatta cattcccttt 900

tataatacca cacaaactat agcccaatta aagccattta tagatgcagg caatataaca 960

tcaggcacag cagcaacaac atggggatca tacataaaca caaccaaatt tactacaaca 1020

gccacaacaa cttatacata tccaggcact acaactaaca cagttactat gtattcctct 1080

aatgactcct ggtacagagg aacagtatat aacaatcaaa ttaaagagtt accaaaaaaa 1140

gcagctgaat tatactcaaa agcaacaaaa accttgctag gaaacacctt cacaactgaa 1200

gactgcacac tagaatacca tggaggacta tacagctcaa tatggctatc ccctggtaga 1260

tcttactttg aaacaccagg agcatacaca gacataaagt acaatccatt cacagacaga 1320

ggagaaggca acatgttatg gatagactgg ctaagcaaaa aaaacatgaa ctatgacaaa 1380

gtacaaagta aatgcttagt atcagaccta cctctatggg catcagcata tggatatgta 1440

gaattttgtg caaaaagtac aggagaccag aacatacaca tgaatgccag gctactaata 1500

agaagtccct ttacagaccc acagctacta gtacacacag accccacaaa aggctttgtt 1560

ccctactctt taaactttgg aaatggtaaa atgccaggag gtagtagtaa tgtgcctatt 1620

agaatgagag ctaaatggta tccaacattg tttcaccaac aagaagtact agaggcctta 1680

gcacagtcag gccccttgc ataccactca gacattaaag aagtatctct gggtatgaaa 1740

taccgtttta agtggatctg gggtggaaac cccgttcgcc aacaggttgt tagaaatccc 1800

tgcaaagaaa cccactcctc gggcaataga gtccctagaa gcttacaaat cgttgacccg 1860

aaatacaact caccggaact cacattccat acctgggact tcagacgtgg cctctttggc 1920

ccgaaagcta ttcagagaat gcaacaacaa ccaacaacta ctgacatttt ttcagcaggc 1980

cgcaagagac ccaggaggga caccgaggtg taccactcca gccaagaagg ggagcaaaaa 2040

gaaagcttac ttttcccccc agtcaagctc ctcagacgag tccccccgtg ggaagactcg 2100
cagcaggagg aaagcgggtc gcaaagctca gaggaagaga cgcagaccgt ctcccagcag 2160
ctcaagcagc agctgcagca acagcaaatc ctgggagtca aactcagact cctgttcgac 2220
caagtccaaa aaatccaaca aaatcaagat atcaacccta ccttgttacc aaggggggggg 2280
gatctagcat cgttatttca aatagcacca taa 2313

<210> 161
<211> 2313
<212> DNA
<213> Torque teno virus
<400> 161

atggcctatg ggttgtggag gagacggcga aggaggtgga agaggtggag acgcagacgg 60

tggagacgcc gctggaggac ccgccgacgc agacctgctg gacgccgtag acgccgcaga 120
acagtaagga gacggcgcag gcgcgggagg tggaggagga gatataggag atggaggcga 180
aaaggcagac gcaggaaaaa gaaaaaactc ataataagac aatggcagcc aaactatacc 240
agaaagtgca acattgtggg ttatatgcca gttataatgt gtggcgaaaa tactgtcagc 300
agaaactatg ccacacactc agacgatacc aactacccag gacccttgg gggggtatg 360
actacagaca aatttacttt aagaattctg tatgactggt acaaaaggtt tatgaactac 420
tggacagcat ctaacgaaga cctagacctt tgtagatatc taggagtgaa cctgtacttt 480

ttcagacacc cagatgtaga ttttatcata aaaattaata ccatgcctcc ttttctagac 540
acagaactca cagcccctag catacaccca ggcatgctag ccctagacga aagagcaaga 600
tggataccta gcttaaaatc tagaccagga aaaaaacact atattaaaat aagagtaggg 660
gcaccaaaaa tgttcactga taaatggtac ccccaaacag atctttgtga catggtgctt 720
ctaactgtct atgcaaccgc agcggatatg caatatccgt tcggctaccc actaactgac 780
tctgtggttg tgaacttcca ggttctgcaa tccatgtatg ataaatacat tagcatatta 840
ccagaccaaa agtcacaaag agagtcacta cttagtaaca tagcaaatta cattcccttt 900

tataatacca cacaaactat agcccaatta aagccattta tagatgcagg caatataaca 960
tcaggcacaa cagcaacaac atggggatca tacataaaca caaccaaatt tactacaaca 1020
gccacaacaa cttatacata tccaggcact acaactaaca cagttactat gttaacctct 1080
aatgactcct ggtacagagg aacagtatat aacaatcaaa ttaaagagtt accaaaaaaa 1140
gcagctgaat tatactcaaa agcaacaaaa accttgctag gaaacacctt cacaactgaa 1200

gactgcacac tagaatacca tggaggacta tacagctcaa tatggctatc ccctggtaga 1260

tcttactttg aaacaccagg agcatacaca gacatgaagt acaacccatt cacagacaga 1320

ggagaaggca acatgttatg gatagactgg ctaagcaaaa aaaacatgaa ctatgacaaa 1380

gtacaaagta aatgcttagt atcagaccta cctctatggg cagcagcata tggttattta 1440

gaattctgct ctaaaagcac aggagacaca aacatacaca tgaatgccag actactaata 1500

agaagtcctt ttacagaccc ccagctaata gcacacacag accccactaa aggctttgta 1560

ccctattcct taaactttgg aaatggtaaa atgccaggag gtagcagcaa tgttcccata 1620

agaatgagag ctaagtggta ccccacttta ttccaccaac aagaagttct agaggcctta 1680

gcacagtcag gacccctttgc ttatcactca gacattaaaa aagtatctct aggcataaaa 1740

taccgtttta agtggatctg gggtggaaac cccgttcgcc aacaggttgt tagaaacccc 1800

tgcaaggaac cccactcctc ggtcaataga gtccctagaa gcatacaaat cgttgacccg 1860

aaatacaact caccggaact taccatccat gcctgggact tcagacgtgg cttctttggc 1920

ccgaaagcta ttcaaagaat gcaacaacaa ccaactgcta ctgaattttt ttcagcaggc 1980

cgcaagagac ccagaaggga cacagaagtg tatcagtccg accaagaaaa ggagcaaaaa 2040

gaaagctcgc ttttcccccc agtcaagctc ctccgaagag tccccccatg ggaggactcg 2100

gaacaggagc aaagcgggtc gcaaagctca gaggaagaga cccacaccgt ctcccagcag 2160

ctcaaacagc agcttcagca gcagcggatc ctcggcgtca agctcagagt cctgttccac 2220

caagtccaca aaatccaaca aaatcaacat atcaacccta ccttattgcc aaggggtggg 2280

gccctagcat ccttgtctca gattgcacca taa 2313

<210> 162

<211> 2313

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 162

atggcctatg gcttgtggca ccgaaggaga agacggtggc gcaggtggaa acgcacacca 60

tggaagcgcc gctggaggac ccgaagacgc agacctgcta gacgccgtgg ccgccgcaga 120

aacgtaagga gacgccgcag aggagggagg tggaggagga gatataggag atggaaaaga 180

aagggcaggc gcagaaaaaa agctaaaata ataataagac aatggcaacc aaactacaga 240

aggagatgta acatagtagg ctacatccct gtactaatat gtggcgaaaa tactgtcagc 300

agaaattatg ccacacactc agacgatacc aactacccag gacccttttgg ggggggtatg 360

actacagaca aatttacttt aagaattctg tgtgacgagt acaaaaggtt tatgaactac 420

tggacagcat ctaacgaaga cctagacctt tgtagatatc taggagtaaa cctgtacttt 480

ttcagacacc cagatgtaga ttttatcata aaaattaata ccatgcctcc ttttctagac 540

acagaactca cagcccctag catacaccca ggcatgctag ccctagacaa aagagcaaga 600

tggataccta gcttaaaatc tagaccagga aaaaaacact atattaaaat aagagtaggg 660

gcaccaaaaa tgttcactga taaatggtac ccccaaacag atctctgtga catggtgctt 720

ctaactgtct atgcaaccac agcggatatg caatatccgt tcggctcacc actaactgac 780

tctgtggttg tgaacttcca ggttctgcaa tccatgtatg ataaaacaat tagcatatta 840

ccagacgaaa aatcacaaag agaaattcta cttaacaaga tagcaagtta cattcccttt 900

tataatacca cacaaactat agcccaatta aagccattta tagatgcagg caatgtaaca 960

tcaggcgcaa cagcaacaac atgggcatca tacataaaca caaccaaatt tactacagca 1020

accacaacaa cttatgcata tccaggcacc aacagacccc cagtaactat gttaacctgt 1080

aatgactcct ggtacagagg aacagtatat aacacacaaa ttcaacagtt accaataaaa 1140

gcagctaaat tatacttaga ggcaacaaaa accttgctag gaaacaactt cacaaatgag 1200

gactacacac tagaatatca tggaggactg tacagctcaa tatggctatc ccctggtaga 1260

tcttactttg aaacaacagg agcatacaca gacataaagt acaatccatt cacagacaga 1320

ggagaaggca acatgttatg gatagactgg ctaagcaaaa aaaacatgaa ctatgacaaa 1380

gtacaaagta aatgcttagt acgagaccta cctctatggg cagcagcata tggatatgta 1440

gaattctgtg caaaaagtac aggagacaag aacatataca tgaatgccag gctactaata 1500

agaagtccct ttacagaccc acaactacta gtacacacag accccacaaa aggctttgtt 1560

ccttactctt taaactttgg aaatggtaaa atgccaggag gtagtagtaa tgtgcctatt 1620

agaatgagag ctaaatggta tccaacatta tttcaccagc aagaagtact agaggcctta 1680

gcacagtcag gccccttgc ataccactca gacattaaaa aagtatctct gggtatgaaa 1740

taccgtttta agtggatctg gggtggaaac cccgttcgcc aacaggttgt tagaaatccc 1800

tgcaaagaaa cccactcctc gggcaataga gtccctagaa gcttacaaat cgttgacccg 1860

aaatacaact caccggaact cacattccat acctgggact tcagacgtgg tctctttggc 1920

ccaagagcta ttcaaagaat gcaacaacaa ccaacaacta ctgacattct ttcagcaggc 1980

cgcaagagac ccagaaagga cacggaggtg taccacccca gccaagaagg ggagcaaaaa 2040

gaaagcttac ttttcccccc agtcaagctc ctcagacgag tccccccgtg ggaagactcg 2100

cagcaggagg aaagcgggtc gcaaagctca gaggaagaga cgcagaccgt ctcccagcag 2160

ctcaagcagc agctgcagca acagcaaatc ctgggagtca aactcagact cctgttcgac 2220

caagtccaaa aaatccaaca aaatcaagat atcaacccta ccttgttacc aaggggggggg 2280

gatctagcat cgttatttca aatagcacca taa 2313

<210> 163

<211> 2313

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 163

atggcctatg gctggtggcg ccgaaggaga agacggtggc gcaggtggag acgcagacca 60

tggaggcgcc gctggaggac ccgaagacgc agacctgcta gacgccgtgg ccgccgcaga 120

aacgtaagga gacgccgcag aggagggagg tggaggagga gatataggag atggaaaaga 180

aagggcaggc gcagaaaaaa agctaaaata ataataagac aatggcaacc aaactacaga 240

aggagatgta acatagtagg ctacatccct gtactaatat gtggcgaaaa tactgtcagc 300

agaaactatg ccacacactc agacgatact aactacccag gacccttgg ggggggtatg 360

actacagaca aatttacttt aagaattctg tatgacgagt acaaaaggtt tatgaactac 420

tggacagcat ctaacgaaga cctagacctt tgtagatatc taggagtaaa cctatacttt 480

ttcagacacc cagatgtaga ttttattata aaaattaata ccatgcctcc ttttctagac 540

acagaactca cagcccctag catacaccca ggcatgctag ccctagacaa aagagcaaga 600

tggataccta gcttaaaatc tagaccagga aaaaaacact atattaaaat aagagtaggg 660

gcaccaaaaa tgttcactga taaatggtac ccccaaacag atctttgtga catggtgctt 720

ctaactgtct atgcaaccgc agcggatatg caatatccgt tcggctcacc actaactgac 780

tctgtggttg tgaacttcca ggttctgcaa tccatgtatg atgaaaaaat tagcatatta 840

ccagaccaaa aatcacaaag agaaagccta cttactagca tagcaaatta cattcccttt 900

tataatacca cacaaactat agcccaatta aagccattta tagatgcagg caatgtaaca 960

tcaggcacaa cagcaacaac atgggggtca tacataaaca caaccaagtt tactacaaca 1020

gccacaacaa cttatacata tccaggcacc accacaacca cagtaactat gttaacctct 1080

aatgactcct ggtacagagg aacagtatat aacaaccaaa ttaaagactt accaaaaaaa 1140

gcagctgaat tatactcaaa agcaacaaaa accttgctag gaaacacctt cacaactgaa 1200

gactacacac tagaatacca tggaggactg tacagctcaa tatggctatc ccctggtaga 1260

tcttactttg aaacaccagg agcatataca gacataaagt acaatccatt tacagacaga 1320

ggagaaggca acatgttatg gatagactgg ctaagcaaaa aaaacatgaa ctacgacaaa 1380

gtacagagta aatgcttaat atcagaccta cctctatggg cagcagcata tggatatgta 1440

gaattttgtg caaaaagtac aggagaccag aacatacaca tgaatgccag gctactaata 1500

agaagtccct ttacagaccc acaactacta gtacacacag accccacaaa aggctttgtt 1560

ccttactctt taaactttgg aaatggtaaa atgccaggag gtagtagtaa tgtgcctatt 1620

agaatgagag ctaaatggta tccaacatta tttcaccagc aagaagtact agaggcctta 1680

gcacagtcag gccccttgc ataccactca gacattaaaa aagtatctct gggtatgaaa 1740

taccgtttta agtggatctg gggtggaaac cccgttcgcc aacaggttgt tagaaatccc 1800

tgcaaagaaa cccactcctc gggcaataga gtccctagaa gcttacaaat cgttgacccg 1860

aaatacaact caccggaact cacattccat acctgggact tcagacgtgg cctctttggc 1920

ccgaaagcta ttcagagaat gcaacaacaa ccaacaacta ctgacatttt ttcagcaggc 1980

cgcaagagac ccaggaggga caccgaggtg taccactcca gccaagaagg ggagcaaaaa 2040

gaaagcttac ttttcccccc agtcaagctc ctcagacgag tccccccgtg ggaagactcg 2100

cagcaggagg aaagcgggtc gcaaagctca gaggaagaga cgcagaccgt ctcccagcag 2160

cccaagcagc agctgcagca acagcgaatc ctgggagtca aactcagact cctgttcaac 2220

caagtccaaa aaatccaaca aaatcaagat atcaacccta ccttgttacc aaggggggggg 2280

gatctagcat ccttatttca agtagcacca taa 2313

<210> 164

<211> 2313

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 164

atggcctatg gctggtggcg ccgaaggaga agacggtggc gcaggtggag acgcagacca 60

tggaggcgcc gctggaggac ccgaagacgc agacctgcta gacgccgtgg ccgccgcaga 120

aacgtaagga gacgccgcag aggagggagg tggaggagga gatataggag atggaaaaga 180

aagggcaggc gcagaaaaaa agctaaaata ataataagac aatggcaacc aaactacaga 240

aggagatgta acatagtagg ctacatccct gtactaatat gtggcgaaaa tactgtcagc 300

agaaactatg ccacacactc agacgatacc aactacccag gacccttgg gggggtatg 360

actacagaca aatttacttt aagaattctg tatgacgagt acaaaaggtt tatgaactac 420

tggacagcat ctaacgaaga tctagacctt tgtagatatc taggagtaaa cctgtacttt 480

ttcagacacc cagatgtaga ttttatcata aaaattaata ccatgcctcc ttttctagac 540

acagaactca cagcccctag catacaccca gacatgctag ccctagacaa aagagcaaga 600

tggataccta gcttaaaatc tagaccggga aaaaaacact atattaaaat aagagttggg 660

gcaccaaaaa tgttcactga taaatggtac ccccaaacag atctttgtga catggtgctt 720

ctaactgtct atgcaaccac agcggatatg caatatccgt tcggctcacc actaactgac 780

tctgtggttg tgaacttcca ggttctgcaa tccatgtatg atgaaaacat tagcatatta 840

ccaaccgaaa aatcaaaaag agatgtccta catagtacta tagcaaatta cactcccttt 900

tataatacca cacaaattat agcccaatta aggccatttg tagatgcagg caatctaaca 960

tcagcgtcaa caacaacaac atggggatca tacataaaca caaccaagtt taatacaaca 1020

gccacaacaa cttatacata tccaggcagc acgacaacca cagtaactat gttaacctgt 1080

aatgactcct ggtacagagg aacagtatat aacaatcaaa ttagcaagtt accaaaacaa 1140

gcagctgaat tttactcaaa agcaacaaaa accttgctag gaaacacgtt cacaactgag 1200

gaccacacac tagaatacca tggaggactg tacagctcaa tatggctatc cgctggtaga 1260

tcttactttg aaacaccagg agcatataca gacataaagt ataatccatt cacagacaga 1320

ggagaaggca acatgttatg gatagactgg ctaagcaaaa ataacatgaa ctatgacaaa 1380

gtacaaagta aatgcttaat atcagaccta cctctatggg cagcagcata tggatatgta 1440

gaattttgtg caaaaagtac aggagaccag aacatacaca tgaatgccag actactaata 1500

agaagtccct ttacagaccc acaactacta gtacacacag accccacaaa aggctttgtt 1560

ccttactctt taaactttgg aaatggtaaa atgccaggag gtagtagtaa tgtgcctatt 1620

agaatgagag ctaaatggta tccaacatta tttcaccagc aagaagtact agaggcctta 1680

gcacagtcag gccccttttgc ataccactca gacattaaaa aagtatctct gggtatgaaa 1740

taccgtttta agtggatctg gggtggaaac cccgttcgcc aacaggttgt tagaaatccc 1800

tgcaaagaaa cccactcctc gggcaataga gtccctagaa gcttacaaat cgttgacccg 1860

aaatacaact caccggaact cacattccat acctgggact tcagacgtgg cctctttggc 1920

ccgaaagcta ttcagagaat gcaacaacaa ccaacaacta ctgacatttt ttcagcaggc 1980

cgcaagagac ccaggaggga caccgaggtg taccactcca gccaagaagg ggagcaaaaa 2040

gaaagcttac ttttcccccc agtcaagctc ctcagacgag tccccccgtg ggaagactcg 2100

cagcaggagg aaagcgggtc gcaaagctca gaggaagaga cgcagaccgt ctcccagcag 2160

ctcaagcagc agctgcagca acagcgaatc ctgggagtca aactcagact cctgttcaac 2220

caagtccaaa aaatccacca aaatcaagat atcaacccta ccttgttacc aagggggggg 2280

gatctagcat ccttatttca aatagcacca taa 2313

<210> 165

<211> 2313

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 165

atggcctatg gctggtggcg ccgaaggaga agacggtggc gcaggtggag acgcagacca 60

tggaggcgcc gctggaggac ccgaagacgc agacctgcta gacgccgtgg ccgccgcaga 120

aacgtaagga gacgccgcag aggagggagg tggaggagga gatataggag atggaaaaga 180

aagggcaggc gcagaaaaaa agctaaaata ataataagac aatggcaacc aaactacaga 240

aggagatgta acatagtagg ctacatccct gtactaatat gtggcgaaaa tactgtcagc 300

agaaactatg ccacacactc agacgatacc aactacccag gacccttgg gggggtatg 360

actacagaca aatttacttt aagaattctg tatgacgagt acaaaaggtt tatgaactac 420

tggacagcat ctaacgaaga tctagacctt tgtagatatc taggagtaaa cctgtacttt 480

ttcagacacc cagatgtaga ttttatcata aaaattaata ccatgcctcc ttttctagac 540

acagaactca cagcccctag catacaccca ggcatgctag ccctagacaa aagagcaaga 600

tggataccta gcttaaaatc tagaccggga aaaaaacact atattaaaat aagagttgag 660

gcaccaaaaa tgttcactga taaatggtac ccccaaacag atctttgtga catggtgctt 720

ctaactgtct atgcaaccac agcggatatg caatatccgt tcggctcacc actaactgac 780

tctgtggttg tgaacttcca ggttctgcaa tccatgtatg atcaaaacat tagcatatta 840

ccaaccgaaa aatcaaagag aacacaacta catgataata taacaaggta cactcccttt 900

tataatacca cacaaactat agcccaatta aagccatttg tagatgcagg caatgtaaca 960

ccagtgtcac caacaacaac atggggatca tacataaaca caaccaagtt tactacaaca 1020

gccacaacaa cttatacata tccaggcacc acgacaacca cagtaactat gttaacctgt 1080

aatgactcct ggtacagagg aacagtatat aacaatcaaa ttagccagtt accaaaaaaa 1140

gcagctgaat tttactcaaa agcaacaaaa accttgctag gagacacgtt cacaactgag 1200

gactacacac tagaatacca tggaggactg tacagctcaa tatggctatc cgctggtaga 1260

tcttactttg aaacaccagg agtatataca gacataaagt ataatccatt cacagacaga 1320

ggagaaggca acatgttatg gatagactgg ctaagcaaaa aaaacatgaa ctatgacaaa 1380

gtacaaagta aatgcttaat atcagaccta cctctatggg cagcagcata tggatatgta 1440

gaattttgtg caaaaagtac aggagaccaa aacatacaca tgaatgccaa actactaata 1500

agaagtccct ttacagaccc acaactacta gtacacacag accccacaaa aggctttgtt 1560

ccttactctt taaactttgg aaatggtaaa atgccaggag gtagtagtaa tgtgcctatt 1620

agaatgagag ctaaatggta tccaacatta tttcaccagc aagaagtact agaggcctta 1680

gcacagtcag gccccttgc ataccactca gacattaaaa aagtatctct gggtatgaaa 1740

taccgtttta agtggatctg gggtggaaac cccgttcgcc aacaggttgt tagaaatccc 1800

tgcaaagaaa cccactcctc gggcaataga gtccctagaa gcttacaaat cgttgacccg 1860
aaatacaact caccggaact cacattccat acctgggact tcagacgtgg cctgtttggc 1920
ccgaaagcta ttcagagaat gcaacaacaa ccaacaacta ctgacatttt ttcagcaggc 1980
cgcaagagac ccaggaggga caccgaggtg taccactcca gccaagaagg ggagcaaaaa 2040
gaaagcttac ttttcctccc agtcaagctc ctcagacgag tccccccgtg ggaagactcg 2100
cagcaggagg aaagcgggtc gcaaagctca gaggaagaga cgcagaccgt ctcccagcag 2160
ctcaagcagc agctgcagca acagcgaatc ctgggagtca aactcagact cctgttcaac 2220

caagtccaaa aaatccaaca aaatcaagat atcaacccta ccttgttacc aaggggggggg 2280
gatctggcat ccttatttca aatagcacca taa 2313

<210> 166
<211> 2298
<212> DNA
<213> Torque teno virus
<400> 166

atggcctatg ggtggtggag gagacgccgc agaaggtgga agagatggag gagaaggccc 60
aggtggagac gcccatggag gacccgcaga cgcagacctg ctagacgccg tggacgccgc 120
agaacagtaa ggagacggga gcgcgggagg tggaggaggc gctataggag gtggaggaaa 180
aagggcaaac gcaggataaa aaagaaactt ataataagac agtggcagcc aaactatacc 240

agaaagtgcg acatattagg ctacatgcct gtaatcatgt gtggagagaa cactctaata 300
agaaactatg ccacacacgc aaacgactgc tactggccgg gacccttgg gggcggcatg 360
gccacccaga aattcacact cagaatcctg tacgatgact acaagaggtt tatgaactac 420
tggacctcct caaacgagga cctagacctc tgtagataca ggggagtcac cctgtacttt 480
ttcagacacc cagatgtaga ctttatcatc ctgataaaca ccacacctcc gttcgtagat 540
acagagatca caggacccag catacatcct ggcatgatgg ccctcaacaa gagagccagg 600
ttcatcccca gcctaaaaac tagacctggc agaagacaca tagtaaagat tagagtgggg 660

gcccccaaac tgtacgagga caaatggtac ccccagtcag aactctgtga catgcccctg 720
ctaaccgtct acgcgaccgc agcggatatg caatatccgt tcggctcacc actaactgac 780
actcctgttg taaccttcca agtgttgcgc agcatgtaca acgacgccct tagcatactt 840
ccctctaact ttgaacagga cgacaatgca ggccaaaaac tttacaatga aatatcatca 900
tatttaccat actacaacac cacagaaaca atagcacaac taaagagata tgtagaaaat 960

acagaaaaaa tttccacaac accaaaccca tggcaatcaa attatgtaaa cactattacc 1020

ttcaccactg cacaaagtat tacaactaca accccataca ccaccttctc agacagctgg 1080

tacaggggca cagtatacaa aaacgcaatc actaaagtgc cacttgccgc agctaaactt 1140

tatgaaaccc aaacaaaaaa cctgctgtct ccaacattta caggagggtc cgagtaccta 1200

gaataccatg gaggcctgta cagctccata tggctatcag caggccgatc ctactttgaa 1260

acaaagggag catacacaga catatgctac aacccctaca cagacagggg agaagggaac 1320

atgttgtgga tagactggct atccaaagga gattccagat atgacaaagc acgcagcaaa 1380

tgtctaatag aaaaactacc tatgtgggcc gcagtatatg ggtacgcaga atactgtgca 1440

aaagccacag gagactctaa catagacatg aacgccagag tagtaatgag gtgtccatac 1500

accgtacccc aaatgataga cacaagcgat cccctcagag gctttatacc ctatagcttt 1560

aactttggaa agggaaaaat gcctggagga acaaatcaag tccccataag aatgagagct 1620

aagtggtacc cttgtctctt tcaccaaaaa gaagttctag aagctatagg acagtcaggc 1680

cccttcgcct accatagtga tcagaaaaaa gcagtactag gcctaaaata cagatttcac 1740

tggatatggg gtggaaaccc cgtgtttcca caggttgtta gaaaccccctg caaagacacc 1800

caaggttcca caggccctag aaagcctcgc tcagtacaaa tcattgaccc gaagtacaac 1860

acaccagagc ttaccatcca cgcgtgggat ttcagacgtg gcttctttgg cccaaaagct 1920

attaaaagaa tgcaacaaca accaacagat gctgaacttc ttccaccagg ccgcaagagg 1980

agcaggagag acaccgaagt cctgcaaagc agccaagaaa ggcaaaaaga aagcttactt 2040

ttacaacagc tccacctcca gggacgagta cccccgtggg aaagcttgca agggttgcag 2100

acagaaacag aaagccaaaa agagcacgag ggcacccttt cccagcagat cagagagcag 2160

gttcagcagc agaagctcct cgggagacag ctcagagaaa tgttcttaca actccacaaa 2220

atcctacaaa atcaacacgt caaccctacc ttattgccaa gggatcaggg tttaatttgg 2280

tggtttcaga ttcagtaa 2298

<210> 167

<211> 2298

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 167

atggcttatg ggtggtggag gagacgccgc aggaggtgga agagatggag gagaaggccc 60

aggtggagac gcccatggag gacccgcaga cgcagacctg ctggacgccg tggacgccgc 120

agaacagtaa ggagacggag gcgcgggagg tggaggaggc gctataggag gtggaggaaa 180

aagggcagac gcaggagaaa aaagaaactt ataataagac aatggcagcc aaactatacc 240

agaaagtgca acatagttgg ttacatgcca gtcatcatgt gtggagagaa cactctaatc 300

agaaactatg ccacacacgc atacaactgc tcctggccgg gacccttttgg gggcggcatg 360

gccacccaaa aatttactct gagaatactg tacgatgact acaaaagatt tatgaactac 420

tggacctcct caaacgagga cctagacctg tgcagatata gaggagctac actgtacttt 480

ttcagagacc cagatgtaga ctttattata ctgataaaca ccactcctcc atttgtagac 540

acagagatta cagggcccag catacatccc ggcatgctgg cactcaacaa gagagcaaga 600

tttataccca gcttaaagac tagacccagc agaagacaca tagtaaagat cagagtgggg 660

gcccccaaac tgtatgagga caagtggtac ccccagtcag aactttgtga catgcccctg 720

ctaaccgtct atgcgaccgc aacggatatg caatatccgt tcggctcacc actaactgac 780

actcctattg taaccttcca agtgttgcgc agcatgtaca acgacgccct tagcatactt 840

ccctctaact ttgaaggtga cgacagtgca ggcgcaaaac tttacaaaca aatatcagaa 900

tacataccat actataacac cacagaaaca atagcacagt taaagggata tgtagaaaac 960

acagaaaaaa cccaaacaac acctaatcca tggcaatcaa aatatgtaaa cacaaaacca 1020

tttgacactg cacaaacaat tacaaaccaa aagccataca ctccattcgc agacacatgg 1080

tacaggggca cagcatacaa agaagaaatt aaaaatgtac cactaaaagc agccgaactg 1140

tatgaattac atactacaca cctgttatct acaacattca caggagggtc caaatactta 1200

gaataccatg gaggcttata cagctccata tggctgtcag caggccgctc ctactttgaa 1260

acaaaaggag catacacaga catttgctac aacccctaca cagacagggg agaaggcaac 1320

atggtgtgga tagactggct agtaaagaca gactctagat atgacaagac acgcagcaaa 1380

tgccttatag aaaaactacc tctatgggct gcagtatacg ggtacgcaga gtactgcgcc 1440

aaggccacag gagactctaa catagacatg aacgccagag tagttatcag gagcccctac 1500

actacacctc aaatgataga caccaacgac tctctaagag gctttatagt atacagcttt 1560

aactttggaa agggaaaaat gcctggagga acaaatcaag tccccataag aatgagagct 1620

aagtggtacc cttgcctctt tcaccaaaaa gaagttctag aagctatagg acagtcaggc 1680

cccttcgcct accatagtga tcagaaaaaa gcagtactag gcctaaaata cagatttcac 1740

tggatatggg gtggaaaccc cgtgtttcca caggttgtta gaaaacccctg caaagacacc 1800

caaggttcca caggccctag aaagcctcgc tcagtacaaa tcattgaccc gaagtacaac 1860

acaccagagc ttaccatcca cgcgtgggat ttcagacgtg gcttctttgg cccaaaagct 1920

attaaaagaa tgcaacaaca accaacagat gctgaacttc ttccaccagg ccgcaagaag 1980

agcaggagag acaccgaagt cctgcaaagc agccaagaaa ggcaaaaaga aagcttactt 2040

ttccaacagc tccagctcca gcgacgagta cccccgtggg aaagctcgca agggtcgcag 2100

acagaaacag aaagccaaaa agagcaggag ggcaccctct cccagcagct cagagagcag 2160

cttcagcagc agaagctcct cggcagacag ctcagggaaa tgttcctaca aatccacaaa 2220

atcctacaaa atcaacaagt caaccctatt ttattgccaa gggatcaggc tttaatttcc 2280

tggtttcaga ttcagtaa 2298

<210> 168

<211> 2298

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 168

atggcctatg ggtggtggag gagacgccgc aggaggtgga agagatggag gagaaggccc 60

aggtggagac gccgctggag gacccgcaga cgcagacctg ctggacgccg tagacgccgc 120

agaacagtaa ggagacgcag gcgcgggagg tggaggagca gatataggag atggaggcga 180

aagggcagac gcaggcgaaa agaaaaacta ataataagac aatggcagcc aaactatacc 240

agaaagtgca acattgtggg ttacatgcca gtaatcatgt gtggagaaaa tactgttatc 300

agaaactatg ccacacacac atacgactgc tcctggccag gacccttgg gggcggcatg 360

gccacccaaa aatttactct gagaatactg tacgatgact acaaaagatt tatgaactac 420

tggacctcct caaacgagga cctagatctc tgcagataca gaggagcaac cctatacttt 480

ttcagagacc cagatgtaga ctttattata cttataaaca ctactcctcc atttgtagac 540

acagaaataa cagggcccag catacaccca ggcatgctgg cactaaacaa aagagctaga 600

ttcattccca gtctaaaaac cagaccaggc aggagacaca tagtaaaaat aaaagtaggg 660

gcccctagaa tgtatgaaga caagtggtac ccccagtcag aactttgtga catgcccctc 720

ctaacgatct atgcaaccgc aacggatatg caacatccgt tcggctcacc actaactgac 780

actcctgttg taaccttcca agtgttgcgc agcatgtaca acgacgccct tagcatactt 840

ccctctaact ttgaagacga ttcaagtcca ggggctgcac tttacaaaca aatatcagaa 900

tacataccat actataacac cacagaaaca atagcacagc taaagagata tgtagaaaac 960

acagaaaaaa cccaaacaac acttaatcca tggcaatcaa gatatgtaaa cacaacacta 1020

tttaacactg cagaaacaat tgcaaaccaa aagccataca ctaaattcgc agacacatgg 1080

tacaggggca cagcatacaa agacgcaatt aaagacatac cactaaaagc agccgaattg 1140

tatgtaaacc aaaccaaata cctgttatct acaacattca caggagggtc caaatactta 1200

gaataccatg gaggcttata cagctccata tggctgtcag caggccgctc ctactttgaa 1260

acaaaaggag catacacaga catttgctac aacccctaca cagacagggg agaaggcaac 1320

atggtgtgga tagactggct atcgaaaaca gactcaaaat atgacaagac ccgcagcaaa 1380

tgccttatag aaaaactgcc gctatgggca tcggtatacg ggtacgcaga atactgtgcc 1440

aaggccacag gagactctaa catagacatg aacgccagag tagttataag atgcccctac 1500

actacacctc aaatgataga caccaccgac ccaactagag ggttcatagt atacagcttt 1560

aactttggta agggcaaaat gccgggaggt agcaatgaag tacccataag aatgagagcc 1620

aaatggtacc cctgcctctt tcaccaaaaa gaggtcctag aagccatagg ccagtcaggc 1680

ccctttgctt atcacagcga tcaaaaaaaa gcagttttag gtttaaaata caaatttcac 1740

tggatatggg gtggaaaccc cgtgttccca caggttatta aaaacccctg caaaaacact 1800

caattttcca caggccctag aaagcctcgc tcattacaaa tcattgaccc gaattacaac 1860

acaccaaagc ttaccatcca cgcttgggat ttcagacttg gcttctttgg cccaaaagct 1920

attaaaagaa tgcaacaaca accaacagat gctgaacttc ttccaccagg ccgcaagagg 1980

agcaggagag acaccgaagt cctgcaaagc agccaagaaa ggcaaaaagg aaacttactt 2040

ttccaacagt tccagctcca gcgacgagta cccccgtggg aaagctcgca agggtcgcag 2100

acaggaacac aaagccaaaa agagcaggag ggcaccctct cccagcagct cagagagcag 2160

cttcagcagc agaagctcct cggcagacag ctcagggaaa tgttcctaca actccacaaa 2220

atccaacaaa atcaacacgt caaccctacc ttattgccaa gggatcaggc tttaatttgc 2280

tggtttcaga ttcagtaa 2298

<210> 169

<211> 2313

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 169

atggcctatg gctggtggcg ccgaaggaga agacggtggc gcaggtggag acgcagacca 60

tggaggcgcc gctggaggac ccgaagacgc agacctgcta gacgccgtgg ccgccgcaga 120

aacgtaagga gacgccgcag aggagggagg tggaggagga gatataggag atggaaaaga 180

aagggcaggc gcagaaaaaa agctaaaata ataataagac aatggcaacc aaactacaga 240

aggagatgta acatagtagg ctacatccct gtactaatat gtggcgaaaa tactgtcagc 300

agaaactatg ccacacactc agacgatact aactacccag gacccttttgg ggggggtatg 360

actacagaca aatttacttt aagaattctg tatgacgagt acaaaaggtt tatgaactac 420

tggacagcat ctaacgaaga cctagacctt tgtagatatc taggagtaaa cctatacttt 480

ttcagacacc cagatgtaga ttttattata aaaattaata ccatgcctcc ttttctagac 540

acagaactca cagcccctag catacaccca ggcatgctag ccctagacaa aagagcaaga 600

tggataccta gcttaaaatc tagaccagga aaaaaacact atattaaaat aagagtaggg 660

gcaccaaaaa tgttcactga taaatggtac ccccaaacag atctttgtga catggtgctt 720

ctaactgtct atgcaaccgc agcggatatg caatatccgt tcggctcacc actaactgac 780

tctgtggttg tgaacttcca ggttctgcaa tccatgtatg atgaaaaaat tagcatatta 840

ccagaccaaa aatcacaaag agaaagccta cttactagca tagcaaatta cattcccttt 900

tataatacca cacaaactat agcccaatta aagccattta tagatgcagg caatgtaaca 960

tcaggcacaa cagcaacaac atgggggtca tacataaaca caaccaagtt tactacaaca 1020

gccacaacaa cttatacata tccaggcacc accacaacca cagtaactat gttaacctct 1080

aatgactcct ggtacagagg aacagtatat aacaaccaaa ttaaagactt accaaaaaaa 1140

gcagctgaat tatactcaaa agcaacaaaa accttgctag gaaacacctt cacaactgaa 1200

gactacacac tagaatacca tggaggactg tacagctcaa tatggctatc ccctggtaga 1260

tcttactttg aaacaccagg agcatataca gacataaagt acaatccatt tacagacaga 1320

ggagaaggca acatgttatg gatagactgg ctaagcaaaa aaaacatgaa ctacgacaaa 1380

gtacagagta aatgcttaat atcagaccta cctctatggg cagcagcata tggatatgta 1440

gaattttgtg caaaaagtac aggagaccag aacatacaca tgaatgccag gctactaata 1500

agaagtccct ttacagaccc acaactacta gtacacacag accccacaaa aggctttgtt 1560

ccttactctt taaactttgg aaatggtaaa atgccaggag gtagtagtaa tgtgcctatt 1620

agaatgagag ctaaatggta tccaacatta tttcaccagc aagaagtact agaggcctta 1680

gcacagtcag gccccttgc ataccactca gacattaaaa aagtatctct gggtatgaaa 1740

taccgtttta agtggatctg gggtggaaac cccgttcgcc aacaggttgt tagaaatccc 1800

tgcaaagaaa cccactcctc gggcaataga gtccctagaa gcttacaaat cgttgacccg 1860

aaatacaact caccggaact cacattccat acctgggact tcagacgtgg cctctttggc 1920

ccgaaagcta ttcagagaat gcaacaacaa ccaacaacta ctgacatttt ttcagcaggc 1980

cgcaagagac ccaggaggga caccgaggtg taccactcca gccaagaagg ggagcaaaaa 2040

gaaagcttac ttttcccccc agtcaagctc ctcagacgag tccccccgtg ggaagactcg 2100

cagcaggagg aaagcgggtc gcaaagctca gaggaagaga cgcagaccgt ctcccagcag 2160

cccaagcagc agctgcagca acagcgaatc ctgggagtca aactcagact cctgttcaac 2220

caagtccaaa aaatccaaca aaatcaagat atcaacccta ccttgttacc aaggggggggg 2280

gatctagcat ccttatttca agtagcacca taa 2313

<210> 170

<211> 2202

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 170

acggcttggt ggtggggcag atggaggcgc cgctggaggc ctcgctatcg cagacgcacc 60

tggagggtac gaagaagacg acctagacga acttttcgcc gccgccgccg aggacgatat 120

gtgagtaggc ggaggcgccg ccgctactac aggcgcagac tgagacgggg cagacgcaga 180

gggcgacgaa agagacacag acagactcta gtcctcagac agtggcaacc agacattgtc 240

agacactgta aaattacagg atggatgccc cttatcatct gtggctcagg gagcacacag 300

aacaatttta taactcacat ggacgacttt cctcccatgg gctactcctt cgggggcaac 360

tttacaaacc tctccttctc cttagagggc atttatgaac aatttctgta ccacagaaac 420

aggtggtctc gctccaacca tgacctagac ctagccagat acaaaggcac aactctaaaa 480

ctctacagac accacacctt agactacata gtcagctaca acagaacagg ccctttccag 540

atcagtgaca tgacctacct cagcacacac cctgcactca tgctactcca gaaacacaga 600

atagtagtac ccagcctact cactaaacct aaaggcaaga gatccataaa agttagaata 660

aagccaccaa aactcatgct caacaaatgg tacttcacca aagacatatg cagcatgggc 720

ctcttccaac tacaggccac agcatgcacc ctatacaacc cctggctcag agacaccaca 780

aaaagcccag tcataggctt cagagtactt aaaaacagta tttatacaaa cctcagcaac 840

ctaccagaac atgatcaaac cagacaagcc attagacgaa aactacaccc agactcctta 900

acaggatcaa ctccatatca aaaaggctgg gaatacagct acacaaaact aatggctcca 960

atatactatc aagcaaatag aaacagcaca tacaactggc taaattatca aacaaactat 1020

gctcaaacat tcaccaaatt taaagaaaaa atgaatgaaa accttgcact aattcaaaaa 1080

gagtattcat accactatcc caacaatgtc actacagacc ttattggcaa aaacaccctc 1140

acacatgact ggggtatata cagtccctac tggctaacac ccaccagaat aagcctagac 1200

tgggaaacac cctggacata tgtcagatac aatccactag cagacaaggg cataggcaat 1260

gctgtctatg cacaatggtg ctcagaacag accagtaaat tagatacaaa aaagagcaag 1320

tgcataatga aagacctgcc actgtggtgc atattttatg gctatgtaga ttggataata 1380

aaatccacag gagtcagcag cgcagtcact gacatgagag tagccatcat cagcccctac 1440

accgaaccag cacttatagg gtcaagtcca gacgtaggct acattccagt aagtgacacc 1500

ttttgcaatg gagacatgcc gtttcttgct ccatacatcc ctgtgggctg gtggatcaaa 1560

tggtacccta tgattgcaca ccaaaaggaa gtgtttgagg caatagttaa ctgtggaccg 1620

tttgtgccca gagaccagac cactcccagt tgggaaatta ccatgggtta caaaatggac 1680

tggttatggg gtggctctcc cctgccttca caggcaatcg acgacccctg ccagaagccc 1740

acccacgaac tacccgatcc cgatagacac cctcgcatgt tacaagtctc tgacccgaca 1800

aagctcggac cgaagacagt gttccacaaa tgggactgga gacgtgggat gcttagcaaa 1860

agaagtatta aaagagtcca ggaggactca acagatgatg aatatgttgc agggccttta 1920

ccaagaaaaa gaaacaaatt cgataccaga gcccaagggc tgcaaacccc cgaaaaagaa 1980

agctacactt tactccaagc cctccaagag tcggggcaag agaccagctc agaagaccaa 2040

gaacaagcac cccaagaaaa agagggtcag aaggaagcgc tcatggagca gctccagctc 2100

cagaaacagc accagcgagt cctcaagcga ggcctcaaac tcctcctcgg agacgtcctc 2160

cgactccgga gaggagtcca ctgggacccc ctcctgtcat aa 2202

<210> 171

<211> 2202

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 171

acggcgtggt ggtggggcag atggaggcgt cgatggaggc ctcgctatcg caaacgcacc 60

tggagattac ggagacgacg acctagacga acttttcgcc gccgccgccg aagacaatat 120

gtgagtaggc ggaggcgccg ccgctactac aggcgcagac tgagacgggg cagacgcaga 180

gggcgacgaa agagacacag acagactcta gtcctcagac aatggcaacc agacgttgtt 240

agacactgta aaattacagg atggatgccc cttatcatct gtggctccgg gagcacacag 300

aacaatttta taactcacat ggacgacttt cctcccatgg gctactcctt tgggggcaac 360

tttacaaacc tcaccttctc cttagagggc atatatgaac aatttctgta ccacagaaac 420

aggtggtctc gctccaacca tgacctagac ctagccagat acaaaggcac aactctaaaa 480

ctctacagac accacacctt agactacata gtcagctaca acagaacagg ccccttccag 540

atcagtgaca tgacctaccc cagcacacac cctgcactta tgctactcca gaaacacaga 600

atagtagtgc ccagcgtact cactaaacct aaaggcaaga gatccataaa ggtcagaata 660

aagccaccaa aactcatgct taacaagtgg tacttcacca aagacatatg cagcatgggc 720

ctttttcaac tacaggccac agcatgcacc ctatacaatc cctggctcag agacaccaca 780

aaaagcccag tcataggctt cagggtactt aaaaacagta tctatacaaa cctcagcaac 840

ctaccagacc atgagggttc cagagaagcc ataagaaaaa aactacaccc acaatcctta 900

acaggacact ctcccaacca aaaaggctgg gaatacagct atactaaact aatggctcca 960

atatactact ctgccaacag aaacagtaca tataactggc taaactatca agacaactat 1020

gtagccacat atactaaatt caaagtcaaa atgacagaca acttacaact aatacaaaaa 1080

gaatactcat accactatcc caacaatacc actacagacc ttattaagaa caacaccctt 1140

acacatgact ggggcatata cagtccctac tggctaacac ccaccagaat aagcctagac 1200

tgggaaacac cctggacata tgtaagatac aacccactgg cagacaaagg cataggcaat 1260

gctgtctacg cacagtggtg ctcagaacag acaagcaaat tagacccaaa aaagagcaag 1320

tgcataatga gagacctgcc actgtggtgc atattttatg gctatgtaga ttggatagta 1380

aaatccacag gagtcagcag cgcagtcact gacatgagag tagccattag aagcccctac 1440

actgaaccag cacttatagg gtcaactgaa gatgtaggct tcattccagt aagtgacacc 1500

ttttgcaacg gagacatgcc gtttcttgct ccatacattc ctgtgggctg gtggatcaag 1560

tggtacccca tgattgcaca ccaaaaggaa gtgtttgagc aaatagtaaa ctgtggaccg 1620

tttgtgccca gagaccagac cactcccagt tgggaaatta ccatgggtta caaaatggac 1680

tggttatggg gtggctctcc cctgccttca caggcaatcg acgacccctg ccagaagccc 1740

acccacgaac tacccgatcc cgatagacac cctcgcatgt tacaagtctc tgacccgaca 1800

aagctcggac cgaagacagt gttccacaga tgggactgga gacgtgggat gcttagcaaa 1860

agaagtatta aaagagtcca ggaggactca acagatgatg aatatgttgc agggccttta 1920

ccaagaaaaa gaaacaagtt cgataccaga gcccaagggc tccaaagccc cgaaaaagaa 1980

agctacactt tactccaagc cctccaagag tcggggcaag agagcagctc agaagaccaa 2040

gaacaagcac cccaagaaaa agagggtcag aaggaagcgc tcatggagca gctccagctc 2100

cagaaacagc accagcgagt cctcaagcga ggcctcaaac tcctcctcgg agacgttctc 2160

cgactccgga gaggagtaca ctgggacccc ctcctgtcat aa 2202

<210> 172

<211> 2202

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 172

acggcgtggt ggtggggcag atggaggcgc cgctggaggc ctcgctatcg cagacgcacc 60

tggagggtac gcagaagacg acctagacga acttttcgcc gccgccgccg aggacgatat 120

gtgagtaggc ggaggcgccg ccgctactac aggcgcagac tcagacgggg cagacgcaga 180

gggcgacgaa agagacacag acagactcta gtcctcagac aatggcaacc agacgttctt 240

agacgctgta aaattacagg atggatgccc cttatcatct gtggctccgg aagcacacag 300

aacaatttta taactcacat ggacgacttt cctcccatgg gctactccta cgggggcaac 360

tttacaaacc tcaccttctc cttagagggc atatatgaac aatttctgta ccacagaaac 420

aggtggtctc gctccaacca tgacctagac ctagccagat acaaaggcac aactctaaaa 480

ctctacagac accacacctt agactacata gtgagctaca atagaacagg ccctttccag 540

atcagtgaca tgacctacct cagcacacac cctgcactta tgctactcca gaaacacaga 600

atagtagtgc ccagcctact cactaaacct aaaggcaaga gatccataaa agttagaata 660

aaaccaccaa aactcatgct taacaagtgg tacttcacca aagacatatg cagcatgggc 720

ctttttcaac tacaggccac agcatgcacc ctatacaacc cctggctcag agacaccaca 780

aaaagcccag tcataggctt cagggtactt aaaaacagta tttatacaaa cctcagcaac 840

ctaccagacc atgaaggagc cagagaggcc ataagaaaaa aactacaccc acaatcctta 900

acaggatctg tcccaaacca aaaaggttgg gaatacagct acacaaaact aatggctccc 960

atttactacc aagccattag aaacagcaca tacaactggc taaactatca acaaaattac 1020

tcacaaacat accaaacctt taaacaaaaa atgcaagaca acttacaact aatacaaaaa 1080

gaatacatgt accactaccc aaacaatgta acaacagaca tactaggcaa aaacacactt 1140

acacatgact ggggcatata cagtccctac tggctaacac ccaccagaat cagcctagac 1200

tgggaaacac cttggacata tgttagatac aatccactag cagacaaggg cataggcaat 1260

gctgtctatg cacagtggtg ctcagaacag accagtaact tagatacaaa aaagagcaag 1320

tgcataatga aagacctgcc actgtggtgc atattttatg gctatgtaga ttgggtagta 1380

aaatccacag gcgtcagcag cgcagtgact gacatgagag tagccatcat tagcccctac 1440

actgaaccag cacttatagg gtcaagtcca gaggtaggct acattccagt aagtgacacc 1500

ttttgcaatg gagacacgcc gtttcttgct ccatacatcc ctgtgggctg gtggatcaag 1560

tggtacccca tgattgcaca ccaaaaggaa gtgtttgagg caatagtaaa ctgtggaccg 1620

tttgtgccca gagaccagac cactcccagt tgggaaatta ccatgggtta caaaatggac 1680

tggttatggg gtggctctcc cctgccttca caggcaatcg acgacccctg ccagaagccc 1740

acccacgaac tacccgatcc cgatagacac cctcgcatgt tacaagtctc tgacccgaca 1800

aagctcggac cgaagacagt gttccacaaa tgggactgga gacgtgggat gcttagcaaa 1860

agaagtatta aaagagtcca ggaggactca acagatgatg aatatgttgc agggccttta 1920

ccaagaaaaa gaaacaagtt cgataccaga gcccaagggc tccaaagccc cgaaaaagaa 1980

agctacactt tactccaagc cctccaagag tcggggcaag agacgagctc agaagaccaa 2040

gaacaagcac cccaagaaaa agagggtcag aaggaagcgc tcatggagca gctccagctc 2100

cagaaacagc accagcgagt cctcaagcga ggcctcaaac tcctcctcgg agacgttctc 2160

cgactccgga gaggagtaca ctgggacccc ctcctgtcat aa 2202

<210> 173

<211> 2358

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 173

atggcacagg ggaggcgcag atacagacgg ggttggcaac gcagggtgta tctgagacgc 60

aggagacgca ggagacgaaa gagacttgta ctgactcagt ggcaccccgc agttaggaga 120

aaatgcacca tcacggggta catgcccgtg gtgtggtgcg gacacggcag ggccagctac 180

aactacgcct ggcattcaga tgactgtata aaacagccct ggccctttgg agggtctctg 240

tccaccgtgt cctttaacct taaagtactg tatgacgaaa accagagggg acttaacaga 300

tggacgtacc ccaacgatca gctagacctc ggccgctaca agggctgcaa actaacattc 360

tacagaacca aaaataccaa ctacccagga ccctttgggg ggggtatgac tacagacaaa 420

tttactttaa gaattctgta tgacgagtac aaaaggttta tgaactactg gacagcatct 480

aacgaagacc tagacctttg tagatattta ggagtaaacc tgtacatttt cagacaccca 540

gatgtagatt ttatcataaa aattaatacc atgcctcctt ttctagacac agaaatcaca 600

gccgctagca tacacccagg catactagcc ctagacaaaa gagcaagatg gatacctagc 660

ttaaaatcta gaccaggaaa aaaacactat attaaaataa gagtaggggc accaaaaatg 720

ttcactgata aatggtaccc ccaaacagat ctctgtgaca tggtgcttct aactatctat 780

gcaaccgcag cggatatgca atatccgttc ggctcaccac taactgacac tgtggttgtg 840

aacttccagg ttctgcaatc catgtatgat gaaaacatta gcatattacc agaccaaaag 900

acacaaagag agaaactact tactagcata tcaaactaca ttccctttta taataccaca 960

caaactatag cccaattgaa gccatttgta gatgcaggca ataaagtatc aggcacaaca 1020

acaacaacat gggcatcata cataaacaca accagattta ctacaacagc cacaacaact 1080

tatacatatc caggctctac cactaacaca gtaactatgt taacctctaa tgactcctgg 1140

tacagaggaa cagtatataa caatcaaatt aaaaacttac caaaacaagc agctgaatta 1200

tactcaaaag caacaaaaac cttgctagga aacaccttca caactgaaga ctacacacta 1260

gaataccatg gaggactgta cagctcaata tggctatccc ctggtagatc ttactttgaa 1320

acaccaggag catacacaga tataaagtac aatccattta cagacagagg agaaggcaac 1380

atgttatgga tagactggct aagcaaaaaa aacatgaact atgacaaagt acaaagtaaa 1440

tgcttagtat cagacctacc tctatgggca gcagcatatg gatatgtaga attttgtgca 1500

aaaagtacag gagaccagaa catacacatg aatgccaggc tactaataag aagtcccttt 1560

acagacccac agctactagt acacacagac cccacaaaag cctttgttcc ctactcttta 1620

aactttggaa atggtaaaat gccaggaggt agtagtaatg tgcctattag aatgagagct 1680

aaatggtatc ccactttatt ccaccaacaa gaagttctag aggctttagc gcagtcagga 1740

cccttcgctt atcactcaga cattaaaaaa gtatctctag gcataaaata ccgttttaag 1800

tggatctggg gtggaaaccc cgttcgccaa caggttgtta gaaatccctg caaggaaccc 1860

cactcctcgg gcaatagagt ccctagaagc atacaaatcg ttgaccagaa atacaactca 1920

ccggaactta ccatccattc ctgggacttc agacgtggct tctttggccc gaaagctatt 1980

caaagaatgc aacaacaacc aactgctact gaatttttt cagcaggccg caagagaccc 2040

agaagggaca cagaagtata tcagtccgac caagaaaagg agcaaaaaga aagctcgctt 2100

ttccccccag tcaagctcct ccgaagagtc cccccgtggg aggactcgga caggaagcaa 2160

agcgggtcgc aaagctcaga ggaagagacg cagaccgtct cccagcagct caagcagcag 2220

ctgcagcaac agcgaatcct gggagtcaaa ctcagactcc tgttctacca aatccaaaga 2280

atccaacaaa atcaagatat caaccctacc ttgttaccaa gggggggggga tctagcatcc 2340

ttatttcaaa tagcataa 2358

<210> 174

<211> 2247

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 174

atggcgtgga cctggtggtg gcagaggagg cgccgaaggt ggccgtggag aaggagaagg 60

tggagaagac tacgcacaag aagacctaga cgccttgttc gacgccgtcg caagagatac 120

agagtaagga gacggaggcg gtggggaagg agacgtgggc gacgcacata ccttagacgc 180

ggacttaaaa agagaaaaag gagaaaaaaa ctcagactga ctcagtggaa ccctagcaca 240

attaggggat gtacaattaa gggaatggcg cccctaatag tgtgcggcca caccatggct 300

ggcaataact ttgccatccg aatggaggac tatgtatctc agattaaacc gttcggaggg 360

tccttcagta ccaccacctg gagcttaaaa gtactgtggg acgagcacac cagattccac 420

aacacctgga gctacccaaa cactcagcta gacttagcca ggttcaaagg agtaaccttc 480

tacttctaca gagacaaaga cacagacttt attataacct atagctccgt gccacctttt 540

aaaatagaca aatactcctc agccatgcta cacccaggca tgcttatgca gagaaaaaag 600

aagatattat tacccagctt tacaaccaga cctaggggca gaaaaaaagt taaagtacac 660

ataaaacctc ctgtcttatt tgaagacaaa tggtacaccc agcaggacct gtgcgacgtt 720

aatcttttgt cacttgcggt ttctgcggct tcctttagac atccgttctg cccaccacaa 780

actgacaaca tttgcataac cttccaggtg ttgaaagaca agtattacac acaaatgtca 840

gttacaccag ataccgcagg tacaaaaaaa gacgacgaaa ttcttgacca cttatactca 900

actgcagaat actatcaaac tgttcacaca caaggaataa ttaacaaaac acaaagagta 960

gctaaattct ccacctctaa taatacccta ggtgaccaaa gtgagatatc attatattta 1020

aaccaaccaa caacaactaa cataggaaac acgttatcca caggccataa ctcagtgtat 1080

ggctttccat catacaaccc acaaaaagac aaacttagaa aaatagcaga ctggttttgg 1140

acacaggaag ccaacaaaga gaatgtagtt acaggctcat actcaatgcc tactaacaaa 1200

gcagtaggct atcacctagg aaaatatagc cctatattcc taagttcata cagaaccaac 1260

ctacaattta gaacagcata cacagacgtt acatacaacc cactaaatga caaaggtaaa 1320

ggcaatgaaa tttgggtaca atatgtaaca aaaccagaca ctgtgttcaa ccccacacag 1380

tgtaaatgcc atgtaataga tttacccttg tggtcagcat tccatggata catagacttt 1440

gtacaaagtg aactaggaat tcaagaagaa atactaaaca ttgccattat agtagttata 1500

tgtccataca caaaacctaa actagtacat gagacaaacc caaaacaagg ctttgtattc 1560

tatgacactc aatttggaga cggtaaaatg ccagagggct caggcctagt accgatatac 1620

taccaaaaca gatggtatcc tagaataaag tttcagagtc aagtagtgca tgactttata 1680

ctaacaggcc cctttagcta caaagatgac ctaaaaagca cagtactaac agtagaatac 1740

aagttcaaat tcttatgggg cggcaatatg attcccgaac aggttatcag aaacccttgt 1800

aaaacagaag gacacgatct ccctcacacc agtagactcc atcgcgactt acaagttgtt 1860

gacccacaca ccgtgggccc ccaatgggcg ctccacacct gggactggcg acgtggactc 1920

tttggttcag aggctatcaa aagagtgtct gaacaacaag tacatgatga actgtattac 1980

ccaccttcaa agaaacctcg attcctccct ccaatatcag gcctccaaga gcaagaaaga 2040

gactacagtt cgcaggagga gaaagaacag tcctcctcag aagaagagac ggacccgaag 2100

aaaaaagagc aaaaacagca gcagcgactc cacctccagt tccaagagca gcagcgactc 2160

ggaaaccaac tccgactcat cttccgagag ctacagaaaa cccaagcggg tctccactta 2220

aatcctatgt tatcaaaccg gctgtaa 2247

<210> 175

<211> 2181

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 175

atggcatggg gatggtggaa gcgacggcgg cgctggtggt tccggaagcg gtggacccgt 60

ggcagacttc gcagacgatg gcctagacca gctcgtcggc gccctagacg acgaagagta 120

aggagacgca gacgatggag gaggggcga cctagacgca gactgtaccg acgctacaga 180

cgcaaaaaac gtaggagacg aaagcccaaa ataatcttaa aacaatggca gccagacatt 240

gtaaagaggt gctacatagt gggctacatt cctgccataa tatgcggggc gggcacctgg 300

tcccacaact acaccagcca ccttctagac attatcccca aaggaccctt tggaggggga 360

cacagcacca tgagattctc tctaaaagtg ctcttcgaag agcacctcag acacctaaac 420

ttttggacac gtagtaacca ggatctagaa cttgtaagat acttcagatg ctcctttagg 480

ttttacagag accaacacac agactactta gtgcactaca acagaaaaac acccctggga 540

ggcaacagac tgacagcacc tagccttcac ccaggggtgc agatgctaag caaaaacaaa 600

ataatagtac ccagctatga tactaaacct aagggcaaaa gctatgtaaa agtaactata 660

gcacccccca ctctactaac tgacaagtgg tactttgcta aagacgtttg tgacacaacc 720

ttggttaact tagacgttgt actctgcaac ttgcggtttc cgttctgctc accacaaact 780

gacaaccctt gcatcacttt ccaagttctc cattctatct ataacgactt cctctctata 840

gtagatactc aagaatataa aaataatttt gttactacct tatctacaaa actaggcaca 900

acatgggggt caagacttaa cacctttaga acagaagggt gctacagtca cccaaaacta 960

cctaaaaaac aggttacagc tgctaatgac agtacatact ttacacaacc agacggacta 1020

tggggagatg cagttttcga gactaaagat actactatta ttaccaaaaa catggaatca 1080

tatgcaacat cagccaaaca aaggggagtg aacggagacc ccgcattttg ccatcttaca 1140

ggcatatact cacctccctg gctaacacca ggaagaatat ccccagaaac cccaggactt 1200

tacacagacg tgacttacaa cccatacgca gacaaaggag tgggaaaccg aatatgggta 1260

gactactgca gtaaaaaagg caataaatat gacaatacaa gtaaatgcct tttagaagac 1320

atgccactat ggatggtcac ctttggctac gtagactggg taaaaaaaga gactggcaac 1380

tggggcattc cactatgggc cagagtacta ataagaagcc cctacacagt gccaaaactt 1440

tacaacgaag cagacccctc ctacggatgg gttcctatct cctattattt tggagaagga 1500

aaaatgccaa acggagacat gtacgtaccc ttcaaagtta gaatgaagtg gtacccgtcc 1560

atgtggaacc aagaaccagt actaaatgac ttagcaaaga gcggaccgtt tgcatacaaa 1620

gacacaaaaa ccagtgtgac tgtgactact aaatacaaat ttacatttaa cttcgggggc 1680

aaccccgtac cctcacagat tgtacaagat ccctgcaccc agcccaccta tgacatcccc 1740

ggcaccggta acctgcctcg cagaatacaa gtcattgacc cgaaagtcct cggtccccac 1800

tactcattcc accggtggga cttcaggcgt ggcctctttg gccaacaagc tattaagaga 1860

gtgtcagaac aacaaacaac ttctgagttt ttattctcag gtccaaagag acccagaatc 1920

gatcaagggc cttacatccc gccagaaaaa ggctcagatt cactccaaag agaatcgaga 1980

ccgtggagca cctcggagag cgaggcagag acagaagccc cctcggaaga agagccggag 2040

aaccaagaag agcaagtact ccagttgcag ctccgacagc agctccgaga acagcgaaaa 2100

ctcagacagg gaatccagtg cctcttcgag caactgataa caacccagca gggggtgcac 2160

aaaaacccat tgttagagta g 2181

<210> 176

<211> 2292

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 176

atggcctatg gctggtgggc ccggagacgg agacgctggc gccgctggaa gcgcaggccc 60

tggagacgcc gatggaggac ccgcagacgc agacctcgtc gccgctatag acgccgcaga 120

catgtaagga gacggagacg tgggaggtgg aggaggaggt acagaaaatg gcgcagaaaa 180

ggcaggagaa ggggcaaaaa aaagattata ataagacagt ggcagcccaa ctacaggaga 240

cgctgcaaca taataggcta catgcccgtg cttatctgtg gcaacaatac tgtgtccaga 300

aactatgcca cacactcaga tgactcctac ctgccaggac cctttggagg gggcatgacc 360

actgataaat tcaccctaag aatactctat gatgagtact gtagattcat gaactactgg 420

acagcctcta acgaggacct ggacctctgc agatacagag gctgtactct gtggttcttc 480

agacacccag atgtagactt tattatcctt ataaacacca tgtcgccctt cctcgacacc 540

cagctcacag gccccagcat acacccggga ctaatggccc ttaacaagag agccagatgg 600

atccccagcc taaaaagcag accgggtaga aagcacgtag ttaaaattag agtaggcgct 660

cccagaatgt tcacagataa atggtacccc cagtcagatc tgtgtgacct ccccctacta 720

actatctttg ccagtgcagc ggatatgcaa tatccgttcg gctcaccact aactgactct 780

gtggttgtgg gtttccaggt tctgcaatcc atgtacaatg actgccttag catacttcct 840

gaaaatttta acggcaatgg caaaggcaaa gctttacatg acaacataac taagtatctc 900

cctaactata acactactca aacactagct cagctaaaac cgtacataga taacacatcc 960

acaggaagca caaataactg gagcagctat gtaaatacat caaaatttac aactgcttca 1020

aaaaccatta caacctcagc agaaggccca tactatactt tcgcagatac ctggtacaga 1080

ggcactgcat acaacaatag cattacgaac gttcctttac aggcagcaca actatatcac 1140

gacacaacca aaaaactact aggcacaaca tttacaggag ggtcccccta cctagaatac 1200

cacggaggcc tttactcctc catttggcta tctgcaggtc gctcctactt tgaaacaaaa 1260

ggcacataca cagatataac ctacaaccct tttacagaca gaggacaagg taacatggta 1320

tggatagact gggtatccaa atatgactca gtttactcta aaacacaaag caaatgcctt 1380

atagaaaacc tgccactgtg ggcatcagta tatggatacg cagaatactg cagcaaatcc 1440

acaggagaca caaacataga acaaaactgc agagtagtta taagaagccc cttcactaac 1500

cctcagctgc tagaccataa caacccacta agagggtacg ttccctactc cataaacttt 1560

ggcaacggaa aaatgcctgg gggaagcagt caggtcccca taagaatgag aagcaagtgg 1620

taccctactc tatttcacca aaaagaagtg ttagaggcca tagcgcaggc gggccccttc 1680

gcgtaccaca gtgatcagat gaaagtgtca ctaggcatga aatacgcctt taagtgggtg 1740

tggggtggca accccgtatc ccaacaggtt gttagaaacc cctgcaagga caccggtgtt 1800

tcctcgggca atagagtccc tcgatcagta caaatcgttg acccgaagta caacactcca 1860

gaacttgcaa tacatgcctg ggacttcaga cgtgcctgtt tggcccaaaa gctattaaga 1920

gaatgcaaac agaaccgtac cctactgaac ttctttcgcc agggcgaaaa agatacagga 1980

gagacacaga agctctactc cccagccaag aagaacaaca aaaagaaaac ttatttttcc 2040

tcccaatcaa gcagctccga ccaatccccc gttggaggag tcggaccaaa gccaaagcga 2100

ggaagagggg gtccaacaag agacgcagac actctcccag cagctccagc agcagctcaa 2160

ggagcagcag ctcatggggg tccaactccg agccctgtac caacaattac aacgggtcca 2220

acaaaacaca catatcgacc ctacctttttt gcaaggggggg cgggcgtaac atctttattt 2280

caaacagcgt ag 2292

<210> 177

<211> 2283

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 177

atggcgtggt ggggcagatg gagaaggtgg ccgcggcgcc ggtggaggag atggcggcgc 60

cgccgtagaa ggagactacc aacaagaaga actcgacgag ctgttcgcgg ccttggaaga 120

cgaccaagaa agacggtaag gagacgccgg cgccgaccca gacgcactta ccgacggggg 180

tggcgacgca gacggtacat aagacgcagg aggggacgca gaaagaaact gactctgact 240

atgtggaacc ccaacatagt gaggagatgt aacatagagg gagggctgcc tctaatactg 300

tgtggagaaa acagggccgc atttaactac gcctaccact cagaggacta cacagagcag 360

ccattcccct tcggtggagg aatgagcacc accacattct cactgagagg cctctatgac 420

cagtacacaa aacacatgaa cagatggacg ttctcaaacg accagctaga cctcgccaga 480

tacaggggct gcaaattcag gttttacaga caccccacct gtgactttat agtgcactac 540

aacctggttc ctcctctaaa gatgaaccag ttcaccagtc ccaacacgca cccgggactc 600

ctcatgctga ctaaacacaa aataataata cccagcttct taacaagacc agggggtcgc 660

agattcgtaa agatcagact gccccccccc aagctgtttg aagacaagtg gtacacccag 720

caggacttgt gcaaacaacc gttagttact ctaaccgcaa ccgcagcttc cttgcggtat 780

ccgttctgct caccacaaac gaacaacccc aactgtacct tccaggtact gcgcaaaaat 840

taccacaaag taataggtac ttcctcaaca aacagtgagg acgtgacccc ctttgaaaac 900

tggctatata atacagcctc acactatcaa acttttgcca ccgaggcaca agttggtaga 960

ataccaagct ttaacccaga cggtacaaaa aatacaaaag aatctgaatg gcaaaattac 1020

tggtccaaaa aaggtgaacc atggaaccct aatagtagtt acccacatac aactacaaat 1080

caaatgtaca aaataccttt tgacagcaac tatggctttc caacttacaa accaataaaa 1140

gaatacatgt tacaaagaag agcatggagt ttcaaatatg aaacagacaa cccagttagc 1200

aaaaagatct ggccacaacc taccacaaca aaaccaacaa tagactacta tgaataccac 1260

gcaggctggt tcagtaacat cttcataggc cccaacagac acagcttaca attccaaaca 1320

gcatacgtag acaccacata caacccactg aatgacaaag gaaagggcaa caagatatgg 1380

tttcagtatc acagcaaagt aaacacagac ctcagagaca gaggcatcta ctgcctccta 1440

gaagacatgc ccctgtggtc tatgaccttt ggatacagtg actatgtcag cacacagcta 1500

ggcccaaacg tggaccacga gactcaaggc cttgtgtgca taatatgccc gtacactgag 1560

cccccaatgt atgacaagac caatccaaac agtggctatg tagcatatga cacaaacttt 1620

ggaaatggca agatgccgtc aggcagaagc caggtacccg tgtactggca gtgcagatgg 1680

aggcccatgt tgtggttcca gcagcaagta ctgaatgaca tctcaaaaag tggaccgtac 1740

gcatacagag acgaactgaa aaactgttgc ctgactgctt actacaactt catttttgac 1800

tgggggggcg acatgtatta cccgcaggtc attaaaaacc cctgcgcaga cagcggactc 1860

gtacccggta ccagtagatt cactcgagaa gtacaagtcg ttagcccgct gtccatgggc 1920

ccccagtaca tcctccatct cttcgaccaa agacgcgggt tctttagttc aaacgctctt 1980

aaaagaatgc aacaacaaca agaatttgat gagtctttta cagtcaaacc taagcgaccc 2040

aaactttcta cagccgccca cgtcgagcag caagaagaag actcgagttc aagggaaaga 2100

aaatcggggt cctcacaaga agaagtccag gaagaagtcc tccagacgcc ggagatccag 2160

cttcacctcc agcgaaacat cagagaacag ctgcacatca agcagcagct ccaactcctg 2220

ttactccaat tattcaaaac acaagcaaat atccacctga acccacgttt tataagccca 2280

taa 2283

<210> 178

<211> 2319

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 178

atggcgtggc gccggtggcg atggcggccg tggtggagac gccggaggcg ccgccggtgg 60

agaaggagac ggaggagacc cagacgacgc cgcccttatc gacgccgtcg acctcgcaga 120

gtaaggaggc gcaggggggcg gtggaggcgc gcgtacagac gttgggggcg acgcagacgc 180

agacgcaggc acaaaaagaa acttgtactg actcagtggc aaccagcagt agttaagagg 240

tgcctaatag tgggctttga ccccccttata atatgtggca ttaacagaac aatatttaac 300

tacactacac actctgaaga ctttacttttt aacaacgaca gctttggagg ggggctctgt 360

accgctcagt acacactaag aatccttttc caagaaaagc tggcccagca caacttctgg 420

tcagctagca acgaagacct agaccttgcc aggtacctag gagccacaat agtactttac 480

agacacccta cagtagactt cttagttaga attcgcacca gtcctccctt tgaggacaca 540

gacatgacag ccatgacact acatccaggc atgatgatgc tagctaaaaa gacaattaaa 600

attcccagtc ttaaaacaag accgtccaga aaacacgtag taaggattag agtaggggcc 660

cctaaactat ttgaagacaa gtggtacccc cagaacgagc tatgtgatgt aactctgcta 720

accatacagg caaccacagc tgatttccaa tatccgttcg gctcaccact aacgaactcc 780

ccctgttgca acttccaggt tcttaacagt aactatgaca atgcacattc catacttaac 840

ttgtcaaacg aaccaacaaa caaatggcac acctatagaa ataactgcta taaatttcta 900

ctagaacagt acagctacta caacactaaa caagtagtag cacaacttaa atataaatgg 960

aaccctaatc aaaaccctac tatgccaaat acaagcaatg catcactttc taaaaaacct 1020

gatgacctta ctaaaaccaa aacaacaaac gagtatccac attgggacac cctatatggt 1080

ggtttagcat atggacacag cactgtaaca cctggcacta cctcatcacc aacagaccta 1140

aaaacacaaa tgcttacagg caacgaattt tatacaacag caggcaaaaa gttaatagat 1200

acatttcacc caattcctta ctatgaaaac ggatcttcta aagccaacac caacatattt 1260

gactactaca caggcatgta cagtagtatt ttcctgtctt caggcagatc aaacccagaa 1320

gtaaagggca gctacacaga catctcttac aaccctctga cagacaaggg agtaggtaac 1380

atgatttgga tagactggct cactaaagga gacacagtat acgaccccaa aaaaagcaag 1440

tgcctactct cagactttcc attgtggtca ctttgttatg gatacccaga ctactgcaga 1500

aaacaaaccg gagactcagg tatttactat gactacagag tacttataag atgtccatac 1560

acataccctc aattaataaa acacaacgac aaatactttg gcttcgtagt gtacagcgaa 1620

aactttggac tggggcgact accaggaggc aaccctaacc ccccaactag aatgagactg 1680

cactggtacc ctaatatgtt ccaccaaaca gaagtactag agtgcatagc tcaaagcgga 1740

ccgtttgctt atcatggaga cgagagaaaa gctgttctga ctgccaaata caagttcaga 1800

tggaagtggg gaggcaatcc tgtgtttcaa caggttctcc gagacccctg caccggaggt 1860

gccgtggcgc cccacaccag tcgacaccct cgtgcaatac aagtccatga cccgaagtat 1920

caggccccgg agtacctctt ccacaaatgg gacttcagaa ggggactgtt tagcactaaa 1980

ggtattaaga gagtgtcaga acaaccagta catgatgagt attttacagg gagcagcaag 2040

agacccaaga aagacaccaa cccaagcccc caaggagaag agcaaaaaga aggctcgcgt 2100

ttcagagtcc cagagctcag accctggctc ccctccagcc aggaaacgca gagccaaagc 2160

gagcaagaag aaacagcccc gaaaacggtc caagagcagc tacaagaaca actccagcag 2220

cagcagctca tgggaatcca gctcagaaac gtctgtctcc agctcgcaag agtccaagcg 2280

gggcacagtc tccaccccgt tttccaatgc catgcataa 2319

<210> 179

<211> 1281

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 179

atggcatggg gatggtggag acgaaggcgc aagtggtggt ggagacgccg gttcgcccga 60

agcagacttc gcagacgacg gattagacgc cctcgtcgcc gcactcgacg aagaacagta 120

aggaggcgca gacaatggag gaggggcga cccagacgca gactgtttaa gagaaagaga 180

cgctttaaga gacgcagacg aaaagctaag ataaaaataa ctcagtggca gcctagctca 240

gtgaagagat gttttgttat aggatacttt ccattagtaa tatgtggacc cggaaggtgg 300

tcagaaaact ttactagtca catagaagac aaaataagca aaggaccctt tgggggaggg 360

catagtacta gcagatggtc cttaaaagta ctgtacgaag agttccaaag acaccacaac 420

ttttggacaa gaagcaacaa agacctagag ttagttagat tctttggaag tagttggaga 480

ttttacagac acgaggacac tgactatata gtgtactact ctagaaaggc tccccttgga 540

ggtaaccttc taacagcacc cagcctacac ccaggagcag ccatgcttag caaacacaaa 600

atagtagtac ccagttttaa aaccagaccc ggtggaaaac ccaccgttaa aattaatatt 660

aaacccccta caacactaat agacaaatgg tacttccaga aagacatttg tgacacaacc 720

ttccttaact tgaacgttgt actctgcaac ctgcggtttc cgttctgctc accacaaact 780

gacaacattt gtgtaacctt ccagatattg catgaggttt accacaatta cataagcata 840

actgcaaaag agttacttac aggcacagaa tggagacagt actacaaaaa ctttttaaac 900

gcagcactac caaatgacag atctgtaaat aaattaaaca ctttagcac agaaggagcc 960

tacagccacc cacaaataaa aaaacataca gaaaatataa caggttcagg agacaaatac 1020

tttagaaaaa aagatggact gtggggagat gctattcaca ttacagacca acaaaacaga 1080

acagaagtta tagacttaat attaaaaaat gcagaaaact acctcaaaaa agtacaacag 1140

gaataccaag gacaggaaaa tttaaaaaac cttatacatc ccgtcttttg tcagtacgta 1200

ggcatatttg ggcagcccac tactaaacta ccacagaata agcccagaaa ttccaggcct 1260

gtacaaagac ataatatata a 1281

<210> 180

<211> 2220

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 180

atgtcctggt ggggatggcg ccgccgatgg tggtggaagc cacggaggcg atggagacgc 60

aggagggcgc gccgcccgag acgactaccg cgacgacgat atagaagacc tactcgccgc 120

tatcgaggca gacgagtaag gaggcgccgc gcgggggggct ggcgggggcg acgcagatac 180

tcccgacgct atagcagacg actgactgtc agacgaaaga aaaagaaact aactcttaag 240

atctggcagc cacagaatat caggagatgt aagataaggg gtctactgcc cctcctgata 300

tgcggacaca cccgatctgc ctttaactat gccatccact cggatgacaa gacccccaa 360

cagcagagtt tcgggggtgg gctcagcacc gttagcttct ccctgaaagt cctattcgac 420

ccgaaccaga ggggacttaa caggtggtcg gccagcaacg accagcttga cctcgcccgg 480

tacacgggct gcacgttctg gttctacaga cacaaaaaga ctgactttat agtgcagtat 540

gatgtcagcg ccccttcaa actagacaaa aacagttgtc ccagctacca ccccttcatg 600

ctcatgaagg ccaaacacaa ggtcctcatc cccagttttg acactaaacc caaaggcaga 660

gaaaagataa aactaaggat acagcccccc aagatgttca tagataagtg gtacactcag 720

gaggacctat gccccgttat tcttgtgaca cttgtggcga ccgcagcttc ctttacacat 780

ccgttctgct caccacaaac tgccaaccct tgcatcacct tccaggtttt gaaagaattc 840

tattaccaag ccatggggta cggcacacca gaaaccacaa tgagcacaat atggaacacc 900

ctctacacaa ctagcaccta ctggcagtca cacttaaccc cacagtttgt cagaatgccc 960

aaaaacaatc ctgataacac tgcgaacact gaggccaata agtttaatga gtgggttgac 1020

aaaacgttta aaacaggcaa gttagttaaa tacaactata accagtataa acctgacata 1080

gagaaactaa ccctactaag acaatactac tttcgatggg agacacagca tacaggggtc 1140

gcagtcccac ctacgtggac taccccaca acagacagat acgagtacca cgtaggcatg 1200

ttcagtccca tcttcctcac cccttataga tcagcgggcc tagactttcc gtacgcctac 1260

gcagacgtca catacaatcc cctcacagac aaaggggtgg gcaaccgcat gtggtaccag 1320

tacaacacta agatagacac ccagttcgac gccaaatgct gtaagtgcgt cctagaggac 1380

atgcccctct atgccatggc cttcggccac gcagactttc tagaacagga gataggagag 1440

taccaggacc tagaggccaa cggatacgtg tgtgttatca gtccctacac caagcccccc 1500

atgttcaaca aacacaaccc tcagcaggga tacgtgttct atgactcaca gtggggcaat 1560

ggcaaatgga tagacggcac cgggttcgtc ccagtgtact ggctgaccag atggagagta 1620

gaactgctat ttcaaaagca agtactctca gacctcgcca tgtcagggcc cttcagctat 1680

ccagacgaac ttaagaacac agtactgacg gccaagtaca gatttgactt taagtggggt 1740

ggcaatctct tccaccaaca gaccattaga aacccctgca aacccgaaga gacctcgacc 1800

ggtagaatcc ctcgcgatgt acaagtcgtt gacccggtca ccatgggccc ccgattcgtc 1860

tttcactcct gggactggag gagagggttc cttagtgaca gagctctcaa aagaatgttt 1920

gagaaaccgc tcgattttga gggatttaca gcgactccaa aacgacctcg catactccct 1980

cccacagagg gacagctcgc ccgagagcaa aaagagcaag aagaaagctc agattcgcag 2040

gaagaaagca gccttacccc gctcgaagaa gtcccgcaag agacgaagct acgactccac 2100

ctcagaaagc agctccgaga gcagcgaagc atcagacacc aactcagaac catgttccag 2160

cagcttgtca agacgcaagc gggcctacac ctaaaccccc ttttatcttc ccagctgtaa 2220

<210> 181

<211> 2001

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 181

atgtggaatc catccacaat tagagcatgt aacataaagg gtgctataaa ccttgtaatg 60

tgcggacaca ctcaggcagg cagaaactat gccattagaa gtgaagactt ttatcctcaa 120

atacaaagct ttggtgggtc atttagtaca actacatgga gccttagagt actgtttgat 180

gaataccaaa agttccacaa cttttggaca tatcctaata ctcagctaga tctatgtaga 240

tataaatatg ctatatttac cttttacaga gaccctaaag tagactacat tgttatatac 300

aacacaaatc caccatttaa aattaacaaa tacagtagtc ccttttttaca ccccggactt 360

atgatgttac aaaaaaaaaa aatactaata cctagctttc aaacaaaacc agggggcaaa 420

tctagaatta aggttaaaat taagcccccct gctctatttg aagacaagtg gtacactcaa 480

caagacttgt gtccagtaaa cctgttgtca cttgcggttt ccgcctgcag ctttatacat 540

ccgttctgct caccagaaag tgacacaata tgcatgacat ttcaggtatt gcgagagttt 600

tactacacac acctaactgt cactccaacc acaactacct ccacaccaga aaaagacaaa 660

aaaatattta atgaccaatt atactccaac gctaactttt atcaatcgct acacgcatca 720

gcgttcttaa acattgctca ggcacctgct atacatggcc acaatggaat accaaacaac 780

agtaggtatt taagttccac aggtacagaa acaagtttta gaactggaaa caatagtata 840

tatggacaac caaattataa accaattcca gagaaattaa cagaaataag aaagtggttt 900

ttcaaacaag ctacaacacc taatgaaatt catggcacat atggaaaacc aacatatgat 960

gcagtagact accacttagg caaatacagt ccaatattct taagtccata cagaactaac 1020

acacaatttc ccactgcata catggatgta acttataatc caaatgtaga taaaggaaaa 1080

ggcaacaaaa tatggcttca atcagtaaca aaagaaacat ctgattttga ctcacgtagc 1140

tgcagatgta taatagaaaa cttacccatg tgggccatgg ttaacgggta ctcagacttt 1200

gcagagtctg aattaggatc tgaagtacac gctgtatatg tttgctgtat tatttgtcct 1260

tacacaaaac ctatgctata taacaaaaca aacccagcaa tgggctatat attttatgat 1320

actttatttg gcgacggaaa actaccatca ggtccaggtc ttgttccatt ttattggcaa 1380

agcagatggt atccaaaact agcttggcaa caacaagtac tacatgattt ttatttgtgt 1440

ggccccttta gctacaaaga tgacctcaaa agctttacta taaacacaac ttacaagttt 1500

aaattcttat ggggtggaaa tatgattccc gaacaggtta tcaaaaaccc gtgcaaaaca 1560

acagatccaa catacaccct gtccgataga cagcgtcgcg acctacaagt tgttgaccca 1620

attaccatgg gcccgcagtg ggaattccac acctgggact ggcgacgcgg actgtttgga 1680

caaaatgctc ttagaagagt gtcagaaaaa ccaggagatg atgcagagta ttatgcgcct 1740

ccaaaaaaac ctagattttt cccaccaaca gacctcgaag agcaagaaaa agactcagat 1800

tcacaggagg agacgagact cctattccac ccgtcgccgc caaggagcca agaagagatc 1860

cagcaagagc agcagcgaga catccacctc agactcggac aacaactcag aatcagacag 1920

cagctccagc aagtgttctt acaagtcctc aaaacgcaag cgaacctcca cataaatcca 1980

ttattcttaa accaacaata a 2001

<210> 182

<211> 2238

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 182

atggcatggg gatggtggag acggtggcgc cggtggccca ccagacgctg gaggagacgc 60

cgtcgccggc gccccgtacg gagaacaaga gctcgccgac ctgctcgacg ctatagaaga 120

cgacgaacag taagaaccag gcggaggcgg tgggggcgca gacggtacag acggggctgg 180

agacgaagga cttatgtaag gaaggggcga cacagaaaaa agaaaaagag actcgtactg 240

agacagtggc agccagccac cagacgcaga tgcactataa ctgggtacct gcccatagtg 300

ttctgcggac acactaaggg caataaaaac tatgcactac actctgacga ctacaccccc 360

caaggacagc catttggagg ggcccttagc actacctctt tctccctaaa agtgttgtat 420

gaccagcacc agaggggact aaacaagtgg tcttttccca acgaccagct agaccttgcc 480

agatacagag gctgcaaatt ctacttctat agaaccaaac agactgactg ggtgggccag 540

tatgacatat cagaacccta caagctagac aagtacagct gccctaacta ccacccggga 600

aacatgatta aggcaaagca caaattttta attccaagct atgatactaa tcccagaggg 660

agacaaaaaa ttatagttaa aattcccccc ccagaccttt ttgtagacaa gtggtacact 720

caggaagacc tgtgtgacgt taatcttgtg tcatttgcgg tttctgcggc ttcctttctc 780

cacccattcg gctcaccaca aactgacaac ccttgctaca ccttccaggt gttgaaagaa 840

ttctactatc aggcaatagg ctttagtgca acagaggaaa aaatacaaaa tgtttttaac 900

atattatacg aaaacaactc atactgggaa tcaaacataa ctcccttta tgtaattaat 960

gttaaaaaag ggtctaacac agcacagtac atgtcacctc aaatttcaga cgcagatttt 1020

agaaataaag taaatactaa ctacaactgg tatacctaca atgccaaaac ccataaagaa 1080

aaattaaaaa cgctaagaca agcatacttt aaacaattaa cctctgaagg tccgcaacac 1140

acatcctctc acgcaggcta cgccactcag tggaccaccc ccagcacaga cgcctacgaa 1200

taccacctag gcatgtttag taccatcttt ctagccccag acagaccagt acctcgcttt 1260

ccctgcgcct accaagatgt cacctacaat gccttaatgg acaaaggggt gggcaaccac 1320

gtgtggtttc agtacaacac aaaggcagac actcaactaa tactcaccgg agggtcctgc 1380

aaagcacaca tagaaaacat acccctgtgg gcagccttct atggctacag cgacttcata 1440

gagtcagagc taggcccctt tgtagacgca gagacagtag gccttatatg tgtaatctgc 1500

ccctacacta aacccccccat gtacaacaag acaaatccca tgatggggta cgtgttttat 1560

gacagaaatt ttggtgacgg caaatggact gacggacggg gcaaaatага gccctactgg 1620

caggttaggt ggaggccaga aatgcttttt caagagactg taatggcaga catagttcaa 1680

accgggccct ttagctacaa ggacgaactt aaaaacagca cactagtgtg caaatacaaa 1740

ttctatttca cctggggagg taacgtgatg ttccaacaga cgatcaaaaa cccatgcaag 1800

acggacgaac aacccaccga ctccggtaga caccctagag gaatacaagt ggcggacccg 1860

gaacaaatgg gaccccgttg ggtgttccac tcctttgact ggcgaagggg ctatcttagc 1920

gagaaagctc tcaaacgcct gcaagaaaaa cctcttgact atgacgaata ttttacacaa 1980

ccaaaaagac ctagaatgtt tcctccaaca gaatcagcag aaggagagtt ccgagagccc 2040

gaaaaaggct cgtattcaga ggaagaaagg tcgcaagcct ctgccgaaga gcagacgaaa 2100

gaggcgacag tacttctcct taaacgacga ctcagagagc aacagcagct ccagcagcag 2160

ctccaatttc tcacccgaga aatgttcaaa acgcaagcgg gtctccacct aaaccctatg 2220

ttattaaacc agcggtga 2238

<210> 183

<211> 456

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 183

atgcgctttt ccagaatcta caggccaaag aaagggccac tgccactgcc tctggtgcga 60

gcagaacaga aaaaacagcc tagtgatatg agttggcgcc ctccgcttca caatggggca 120

ggaatcgagc gtcagttttt cgaaggctgc tttcgattcc acgctagttg ttgcggctgt 180

ggcaattttg ttactcatat tactctactg gctgctcgct atggttttac tgggggggccg 240

acgccgccag gtggtcctgg ggcgctaccc tcgctaagga gagcgctgcc acctcctccg 300

gccccccaag accaggctga accagagcta tggcgtggtc gtggtggtgg aggcgaagga 360

aacgctggtg gccgcgcaga aggaggcgat ggagaaggct acgaacccga agaactggaa 420

gagctgttcc gcgccgccgc cgccgacgac gagtaa 456

<210> 184

<211> 2229

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 184

atggcgttcc ggtggtggtg gtggagacgc cgcccgcagc gacgatggac ccggcgccga 60

tggaggagac tacgaacccg ccgacctaga cgcactgtac gacgccgtcg ccgcagacca 120

agagtaagga gaaggcggtg gggcaggaga cgtgggcgac gcagactgta cagacgcaca 180

tatagaaaaa ggcgcaaaag acgaaaaaaa atgaccttaa aaatgtggaa tccatccaca 240

attcgcgcct gtaacattag gggcttcata gcactagtag tctgtggaca cactcgtgca 300

ggctgtaact atgccataca cagcgaagac tacatacctc aactaagacc ctacggaggg 360

tctttcagca ctactacttg gagtctaaaa ctactatttg acgaatatct gaaatttaga 420

aacaaatgga gctaccccaa cacagaacta aaccttgcta gatacagggg agccacattt 480

acattttaca gagaccccaa agtagactat atagtagtat acaacacagt acctccattt 540

aaacttaaca aatacagctg ccccatgctg cacccaggta tgatgatgca gtacaaaaag 600

aaagttttaa taccaagcta tcagacaaaa ccaaagggaa aagccaaaat aagacttaga 660

ataaaacctc cagttttatt tgaagacaaa tggtacaccc agcaagacct gtgtcccgtt 720

aatcttttgt cacttgcggt tagcgcatgt tccttcctgc atccgtttat accaccagaa 780

agtgacaaca tatgcataac gttccaggtg ttgcgagact tttattacac acaaatgtca 840

gttacaccca caacaaccac ttccctaaat cagaaagatg aaaaaatatt tagtgaccac 900

ttatataaaa accctgaata ctggcaatca catcacacag ctgctagact atctacctct 960

caaaaacctg cactacgaaa taaagaagaa atacctaatg atcacggata cttaaacaca 1020

acaccaactg acagtacttt tagaactgga aacaatacaa tatatggcca accaagctac 1080

agaccaaact ataccaaact aactaagatt agagaatggt actttacaca agaaaacaca 1140

gacaacccaa tacatggcag ctacttaaaa ccaacactaa actctgtaga ctaccaccta 1200

ggaaaataca gtgctatatt cttaagtccc tatagaacaa acactcaatt tgatacagca 1260

taccaagatg taacctacaa tcctaacaca gacaaaggca aaggcaataa aatatggatt 1320

cagagctgta caaaagaatc caccatacta gacaacgcat gcagatgtgt aatagaagac 1380

atgccattat gggctatggt aaatggctac ttagaattct gtgactcaga gcttccagga 1440

gccaacatct acaatacata catagtagtt gttatatgcc cttacaccaa acctcaacta 1500

ctaaacaaaa ctaatccaaa acaaggctat gtattttatg acactctatt tggagacgga 1560

aaaatgccca caggaacagg cctagtaccg ttctggctgc agagcagatg gtaccccaga 1620

gcagagttcc aacaacaagt actacatgac ctttacctta caggcccatt tagctacaaa 1680

gatgacctaa aatcctttag ctttaatgct aaatacaaat tctcattctt atggggcggc 1740

aatatgattc cccaacagat tatcaaaaac ccgtgtaaaa aagaagaatc cacattcacc 1800

tatcccagta gagagcctcg cgacctacaa gttgttgacc cactcaccat gggcccagaa 1860

tgggtcttcc acacatggga ctggagacgt ggacttttg gtaaaaatgc tgtcgacaga 1920

gtgtcaaaaa aaccagacga tgatgcagaa tattatccag taccaaaaag gcctcgattc 1980

ttccctccaa cagacacaca gtcagagcca gaaaaagact tcggtttcac accggagagc 2040

caagagttac agcaagaaga cttacgagca ccccaagaag aaagccaaga ggtacagcag 2100

cagcgactgc tccagctcag actctcacag cagttcagac tcagacagca gctccagcac 2160

ctgttcgtac aagtcctcaa aacccaagca ggtctccaca taaacccatt atttttaaac 2220

catgcataa 2229

<210> 185

<211> 2253

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 185

atggcgtgga cctggtggtg gcagaggagg cgccgaaggt ggccgtggag aaggagaagg 60

tggagaagac tacgcaccag aagacctaga cgacttgttc gccgccgtcg caagagatac 120

agagtaagga gacggaggcg gtggggaagg agacgtgggc gacgcacata ccttagacgc 180

agacttaaaa aaagaaagag acgcaaaaag ctaagactga ctcaatggaa ccctagcaca 240

attagaggat gtacaattaa gggaatggct cccctaatta tctgtggcca cactatggca 300

ggcaataact ttgccatccg aatggaggac tatgtctctc aaattagacc attcggaggg 360

tcgtttagca ccacaacctg gagccttaaa gtactttggg acgagcacac cagattccat 420

aacacctgga gctacccaaa cactcagcta gatctcgcaa ggtttaaagg agtaaacttt 480

tacttctaca gagacaaaga cacagacttt atagtaacat acagctcagt cccgccattt 540

aaaatggaca aatactcatc agccatgcta catccaggca cgctcatgca gagaaagaaa 600

aagatattaa tacccagctt tacaacaaga ccaaggggcc gaaaaaaagt taaactgcat 660

ataaaacctc ctgttttatt tgaagacaaa tggtacaccc agcaggacct ctgcgacgtt 720

aatcttttgt cacttgcggt ttctgcggct tcctttagac atccgttctg cccaccacaa 780

actgacaaca tttgcatcac tttccaggtg ttgaaagact tctattacac acaaatgtca 840

gttacaccgg acacagcagg ccaagaaaaa gacattgaaa tatttgaaaa acacttattt 900

aaaaatccac aattctatca aactgtccac acacaaggaa taattagcaa aacacgaaga 960

acagctaaat tttcaacctc aaataatacc ctaggaagtg acacgaatat aacgccatac 1020

ctagaacaac caacagcaac aaaccacaaa aacacattat ccacaggtaa caactcaata 1080

tatggccttc catcttacaa cccaatacca gataaactta aaaaaattca agaatggttt 1140

tggaaacaag aaactgacaa agaaaattta gttactggct cctatcaaac acctactaac 1200

aaatcagtaa gctaccatct aggaaaatac agccccatat ttttaagctc atatagaact 1260

aatctacagt ttataactgc atacacagat gtaacataca atcccctaaa tgacaaagga 1320

aaaggcaacc aaatatgggt acagtatgta acaaaaccag atactatatt taatgaaaga 1380

cagtgcaaat gccacatagt agatattcct ttgtgggcag cattccatgg ctatattgac 1440

tttatacaaa gtgaactagg catacaagaa gaaatactaa acattgccat aatagtagtt 1500

atatgtccat acacaaaacc caaactagta cacgacccac caaaccaaaa ccaaggcttt 1560

gtattctatg acacacaatt tggagacggt aaaatgccag agggctcggg cctagtaccc 1620

atatactacc aaaacagatg gtatcctaga ataaagttcc agagtcaagt agtgcatgac 1680

tttatactaa caggcccctt tagctacaaa gatgatctaa agagcacagt actaacagta 1740

gaatacaagt ttaaattctt atggggcggc aatatgattc ccgaacaggt tatcagaaac 1800

ccttgtaaaa cagaaggaca cgatctccct cacaccagta gactccatcg cgacttacaa 1860

gttgttgacc cacacaccgt gggcccccaa tgggcgctcc acacctggga ctggcgacgt 1920

ggactctttg gttcagaggc tatcaaaaga gtgtctgaac aacaagtaca tgatgaactg 1980

tattacccag cttcaaagaa acctcgattc ctccctccaa tatcaggcct ccaagagcaa 2040

gaaagagact acagttcgca ggaggaaaaa gaccagtcct cctcagaaga agagaaggac 2100

ccgaagaaaa aagagcaaaa acagcagcag cgactccacc tccagttcca agagcagcag 2160

cgactcggaa accaactccg actcatcttc cgagagctac agaaaaccca agcgggtctc 2220

cacataaatc ctatgttatc aaaccggcta taa 2253

<210> 186

<211> 2268

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 186

atggcctgga gatggtggtg gagacggcgc tggaagccaa gaaggcggcc agcgtggacc 60

aagtaccgca gacgcaggtg gagacgactt cgaccccgca gacctagaag acttgctcgc 120

ggccgtcgaa gaagacgaac agtaaggagg cggagggtca ggagactcag acggaggagg 180

gggtggacta ggagacggta cttgagacgc agaaagagac gaaagctaat actgactcag 240

tggaacccca atattgtcag acgatgctct ataaagggta taatcccccct cacaatgtgc 300

ggcgctaaca ccgccagttt taactatggg atgcacagcg acgacagcac ccctcagcca 360

gagaaatttg ggggaggcat gagcacagtg acctttagcc tgtatgtact gtatgaccag 420

ttcactagac acatgaaccg gtggtcttat tccaacgacc agctagacct ggccagatac 480

aggggctgct cattcaaact gtacagaaac cccacaactg actttatagt gcagtatgac 540

aataatcctc ctatgaaaaa cactatactg agctcaccta acactcaccc aggtatgctc 600

atgcagcaga aacacaggat actagtgccc agctggcaga cctttcccag ggggagaaaa 660

tatgttaaag ttaagatacc cccacctaaa ctctttgagg accactggta cactcagcca 720

gacttatgca aagttccgct cgttactctg cggtcaaccg cagctgactt cagacatccg 780

ttctgctcac cacaaacgaa caacccttgc accaccttcc aggtgttgcg agagaactat 840

aacgaagtcc taggacttcc ctatgctaac accgggtcta acaatgaagt caaaattaaa 900

attgataact ttgaaaactg gctttataac tccagtgtac actatcaaac attccaaaca 960

gagcaaatgt tcagacccaa acaatacaat gcagatggct ctacctggaa agactacaaa 1020

agcatgttat ctacatggac atcacaaata tataacaaga aaacagacag caactatggg 1080

tatgcctcct atgactttag taaaggtaaa gagtttgcta cacaaatgag acagcattac 1140

tgggtacaac taacacaact aacagccaca gtcccacaca taggacctac ttacagcaac 1200

acaaccacac cagaatacga atatcacgca ggctggtact ctccagtgtt cataggcccc 1260

aacagacaca acatacagtt cagaacagca tacatggacg ttacctacaa cccactaaat 1320

gacaaaggcc agtttaacag agtatggttc cagtacagca ctaaacccac cacagacttc 1380

aacaacacac agtgcaaatg tgttctagaa aacattccac tgtggtcagc cctatttgga 1440

tactctgaat atgtagagag ccagctaggc cccttccagg accacgggac cgtgggtgta 1500

gtagtagtac aatgtcctta cacagtgcca cccatgtata acaaagagaa accagacatg 1560

ggctacgtat tctatgacac acattttggc aatggcaaat tgggcaacgg cagcggccag 1620

gtacccaggt actggcagat gagatggtac cccatactca aaagacaaaa acaagtaatg 1680

aatgacattt gcaagactgg accgttcagc tacagagacg aactgcttca ggtggactta 1740

gcaagcccct acaccttcag atttaactgg gggggcgact tactctacca ccaggtcatc 1800

aaagacccgt gcagctcctc aggactggca cctaccgact ccagtagatt caagcgggat 1860

gtacaagtcg ttagcccgct cacaatgggg ccccgactgc tattccactc gttcgaccaa 1920

agacgagggt tctttactcc aggagctatc aaacgaatgc atgatgaaca aattaatgtt 1980

ccagacttta cacaaaaacc taaaatcccg cgaattttcc caccagtcga gctccgagaa 2040

agagcagaag ccgaagaaga ctcaggttcg gaaaaagcgt cgttcacctc gtcgcaagag 2100

agagaagccg aagcccaaga aaagttaccg atacagctcc agctcagaca gcagctcaga 2160

caacaacagc agctccgagt ccacttgcag caagtcttcc tccaactcca aaaaacgaag 2220

gcacatttac atataaaccc actatttttg gcccaaggga acatgtaa 2268

<210> 187

<211> 2280

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 187

atggcctact cctactggtg gcgccgccgg aggtggccgt ggagaggccg atggaggcgc 60

tggaggcgcc gcagacgaat accgcgccga agacctagac gacctgttcg ccgctatcga 120

aggagaccag taaggagaaa gcgtcggtgg gggaggcgag ggcgacggcg ccggtacact 180

agacggtaca gacgcagact gactgtcaga cgaaagagaa acaaactcag actgagcgta 240

tggcagcccc agaatatcag atactgtgcc ataaaaggcc tctttcccat cctcatctgc 300

gggcacggaa agagcgccgg caactatgcc atccactcgg atgactttat cacaagcaga 360

ttctctttcg gaggtggtct cagcacgacc tcctactctc tgaagctgct attcgaccaa 420

aacctcaggg gactaaacag atggaccgct agcaacgacc agctagacct agctaggtac 480

ctgggggcca tattctggtt ctacagagac cagaaaacag actacatagt ccagtatgac 540

atctcagagc ccttcaagat agacaaagac agctcccctt ccttccatcc aggcatactg 600

atgaaaagca aacacaaagt actggtaccc agcttccaga cttggcccaa gggtcgctct 660

aaagtaaagc taaagataaa gccccccaag atgttcgttg acaaatggta cacacaagag 720

gatctctgta ccgttactct tgtgtcactt gtggtcagcc tagcttcctt tcaacatccg 780

ttctgccgac cactaactga caacccttgc gtcaccttcc aagttctgca aaatttctac 840

aacaacgtaa taggctactc ctcatcagac acactagtag ataatgtctt tacgagtctg 900

ttatactcta aagcctcctt ctggcagagc catctgaccc cctcttatgt caaaaaaatt 960

aacaacaacc ccgatggcag ctcaattagt cagcgagtag gcacaatgcc tgacatgacg 1020

gagtataaca agtgggtatc caacacaaat ataggaacag gattcgtaaa ctcaaatgtt 1080

agtgtacact ataattattg tcagtacaac cctaaccata ctcatttaac aacactgaga 1140

cagtactact tcttttggga aacacaccca gcagcggcca acaaaacacc tgtaacacac 1200

gtccccatca ccaccacaaa acccaccaaa gactggtggg agtacagatt aggcctgttc 1260

agtcccatct tcctatctcc actcagaagc agcaacatag agtggccctt cgcatacaga 1320

gacataatat acaacccact catggacaag ggggtaggta acatgatgtg gtaccagtac 1380

aacacaaaac cagataccca gttctccccc acctcttgca gagcagtgct agaagacaaa 1440

cccatatggt ccatggcata tgggtatgca gactttctgc tgtccatact aggtgaacac 1500

gacgatgtag acttccatgg attagtctgt atcatatgcc cctacaccag accgcccctc 1560

ttcgacaagg ataaccccaa gatgggctat gtcttctacg atgctaaatt tggcaatggc 1620

aaatggatag acggtacggg attcatcccg gtagagttcc agagtagatg gaaaccagag 1680

ctggccttcc ggaaagacgt actgactgac ttagccatgt caggcccctt ctcctacagc 1740

gacgacctta aaaacaccac aatccaggcc aagtacaaat tcaaattcaa atggggcggt 1800

aatctctctt accaccagac gatcagaaac ccgtgcacct cggacggaca gacgcccaca 1860

accagtagac agtctagaga ggtacaaatc gttgacccgc tcaccatggg accccgatac 1920

gtattccact cgtgggactg gcgacgtggg tggcttaatg acagaactct caaacgcttg 1980

ttccaaaaac cgctcgattt tgaagagtat ccaaaatctc caaagagacc tagaattttc 2040

ccacccacag agcagctcca agaagacccg caagagcaag aaagagactc ctcttcttcg 2100

gaagaaagtc tccctacatc gtcagaagag acaccgccag cccacctact cagagtacac 2160

ctcagaaagc agctccggca acagcgagac ctccgagtcc agctcagagc cctgttcgcc 2220

caagtcctca aaacgcaagc gggcctacac ataaaccccc tcttattggc cccgcagtaa 2280

<210> 188

<211> 2220

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 188

acggcctggt ggtggggaag acggtggcga cgccgcccgt ggggccgctg gcgccgccga 60

aggcgcgtat ggagaagaag acctagaact gctgttcgcc gccgccgagg aagacgatat 120

gtgagtagaa ggcgccgcta caggcgcaga ctcagacgaa ggggcagacg gagatacagg 180

gggcgacgaa agaagagaca gaccctagta ctcaaacaat ggcaacccga cgttaacaga 240

ctgtgcagaa tcacaggatg gctacctctt atagtttgtg gcaccggcag ggcccaggac 300

aactttatag tacactcaga ggacataacc ccccgaggag ccgcctacgg gggcaacctc 360

acacacataa catggtgctt agaagctata taccaagaat tcctcatgca cagaaacaga 420

tggtccagaa gtaaccatga cctggacctc tgcagatacc aaggagtagt ttttaaggcc 480

tatagacacc ccaaagttga ctacatacta gcatacacaa gaacacctcc atttcaagca 540

acagaactta gctacatgtc ctgccatcca ctactcatgc tgacagcaaa acacaggata 600

gtagtaaaga gccaagagac caaaaaaggg ggcaaaaaat atgtaaaatt tagaataaag 660

ccccccagac taatgttaaa caagtggtac ttcactcatg acttttgtaa agtcccacta 720

ttcagcatgt gggcctcagc ctgtgatcta agaaatccct ggctaagaga gggagcccta 780

agccccacag taggcttttt tgccttaaag cctgacttct accctaattt aagcatttta 840

ccaaatgaag tcagtcaaca attcgacttc tttttaaact ctgctcaccc accaagcata 900

caatcagaaa aagatgttag atgggaatat acatacacaa acttaatgag gcctatatac 960

aaccagaccc catcactaaa ggcctccaca tatgactggc aaaactatag caatccaaac 1020

aactatcaag catgccacca acaattcata gcatttaaag cacaaagatt tgccaaaatt 1080

aaagcagaat atcaaacagt atatcctaca ctaacaacac agacacccca atcagaagca 1140

ctaacacaag aatttggact atactctcca tactatttaa caccaacaag aatcagccta 1200

gactggcaca cagtattcca ccacatcaga tacaacccga tggcagacaa aggcctagga 1260

aacatgattt gggtcgactg gtgttccaga aaagaagcca cctacgaccc cacaagatcc 1320

aagtgcatgc taaaagacct accactatac atgcgcttct atggctactg tgactgggta 1380

actaaatcaa taggctcaga aacagcctgg agagacatga gattaatggt ggtctgccct 1440

tatacagaac cccaactaat gaaaaaaaat gacaaaacct ggggctatgt aatctatggc 1500

tacaactttg caaacggaaa catgccgtgg ttacagccat atatcccaat ctcgtggttt 1560

tgccgttggt tcccttgcat cactcaccaa cgtgaagcaa tggagtcagt tgtggccaca 1620

ggaccgttca tggtcagaga ccaagaccgc aacagttggg acataactat aggctacaaa 1680

ttcttatgga gatgggggggg ctctcctctg cccactcagg caatcgacga cccctgccag 1740

cagggaaccc acccgcttcc cgagcccggt acgttgccta gaatcttaca agtcagcgac 1800

ccgacgcaac tcggaccgaa aaccatattc cacctctggg accagaggcg tggacttttt 1860

agcaaaagaa gtattgaaag aatgtcagaa tacaaaggaa ctgatgactt attttcacca 1920

ggtcgcccaa agcgcccaaa gctcgacaca cgtcccgaag gactaccaga ggagcaaaga 1980

ggagcttaca atttactcca agccctcgaa gactcagccc agtcggaaga aagcgaccaa 2040

gaagaaatgc ctcccctcga agaagaacaa gtactccacg agcaaaagaa agaggcgctc 2100

ctccagcagc tccagcagca gaaacaccac cagcgagtcc tcaagcgagg cctcagactc 2160

ctcctcggag acgtcctgaa actccgccgg ggtctacaca tagacccggt ccttacatag 2220

<210> 189

<211> 2043

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 189

acggcgtggt ggtggggacg gtggcgccgc cgctggcgcc gcaggcgacc gtggagaccg 60

agactacgac gaagaagagc tagacgagct tttccgcgcc gccgccgaag acgatttgta 120

agtaggagat ggcgccggcc ttacaggcgc aggaggagac gcgggcgacg cagacgcaga 180

cgcagacgca gacataagcc caccctagta ctcagacagt ggcaacctga cgttatcaga 240

cactgtaaga taacaggacg gatgcccctc attatctgtg gaaaggggtc cacccagttc 300

aactacatca cccacgcgga cgacatcacc cccaggggag cctcctacgg gggcaacttc 360

acaaacatga ctttctccct ggaggcaata tacgaacagt ttctgtacca cagaaacagg 420

tggtcagcct ccaaccacga cctcgaactc tgcagataca agggtaccac cctaaaactg 480

tacaggcacc cagatgtaga ctacatagtc acctacagca gaacgggacc ctttgagatc 540

agccacatga cctacctcag cactcacccc cttctcatgc tgctaaacaa acaccacata 600

gtggtgccca gcctaaagac taagcccagg ggcagaaagg ccataaaagt cagaataaga 660

ccccccaaac tcatgaacaa caagtggtac ttcaccagag acttctgtaa cataggcctc 720

ttccagctct gggccacagg cttagaactc agaaacccct ggctcagaat gagcaccctg 780

agcccctgca taggcttcaa tgtccttaaa aacagcattt acacaaacct cagcaaccta 840

cctcagcaca gagaagacag acttaacatt attaacaaca cattacaccc acatgacata 900

acaggaccaa acaataaaaa atggcagtac acatatacca aactcatggc ccccatttac 960

tattcagcaa acagggccag cacctatgac ttactacgag agtatggcct ctacagtcca 1020

tactacctaa accccacaag gataaacctt gactggatga ccccctacac acacgtcagg 1080

tacaatccac tagtagacaa gggcttcgga aacagaatat acatacagtg gtgctcagag 1140

gcagatgtaa gctacaacag gactaaatcc aagtgtctct tacaagacat gcccctgttt 1200

ttcatgtgct atggctacat agactgggca attaaaaaca caggggtctc ctcactagcg 1260

agagacgcca gaatctgcat caggtgtccc tacacagagc cacagctggt gggctccaca 1320

gaagacatag ggttcgtacc catcacagag accttcatga ggggcgacat gccggtactt 1380

gcaccataca taccgttgag ctggttttgc aagtggtatc ccaacatagc tcaccagaag 1440

gaagtacttg aggcaatcat ttcctgcagc cccttcatgc cccgtgacca gggcatgaac 1500

ggttgggata ttacaatagg ttacaaaatg gacttcttat ggggcggttc ccctctcccc 1560

tcacagccaa tcgacgaccc ctgccagcag ggaacccacc cgattcccga ccccgataag 1620

caccctcgcc tcctacaagt gtcgaacccg aaactgctcg gaccgaggac agtgttccac 1680

aagtgggaca tcagacgtgg gcagtttagc aaaagaagta ttaaaagagt gtcagaatac 1740

tcatcggatg atgaatctct tgcgccaggt ctcccatcaa agcgaaacaa gctcgactcg 1800

gccttcagag gagaaaaccc agagcaaaaa gaatgctatt ctctcctcaa agcactcgag 1860

gaagaagaga ccccagaaga agaagaacca gcaccccaag aaaaagccca gaaagaggag 1920

ctactccacc agctccagct ccagagacgc caccagcgag tcctcagacg agggctcaag 1980

ctcgtcttta cagacatcct ccgactccgc cagggagtcc actggaaccc cgagctcaca 2040

tag 2043

<210> 190

<211> 2241

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 190

acggcgtggt ggagatacag acggagaccg tggagaagat ggaggagacg ccgctggggc 60

ctacgaaccc gaagacctag aagaactttt cgccgccgcc gagcaagacg atatgtgagt 120

agagggcggc gccgccgata caggcgcaga cgcagacggg ggcgacgcag acggggacgc 180

agacgcaggc acagaaagac tctcattgtc aggcaatggc aaccagacgt tataaagaga 240

tgctttatca cagggtggct gcccctcatt atctgtggaa acggacacac ccaatttaac 300

tttataactc acatggatga cattccaccc aagaatgcat cctacggggg caacttcacc 360

aacttgacct ttaacctagc ctgcttctat gacgaattca tgcaccacag aaacagatgg 420

tcagcctcta accatgacct agagctagtg agatacatca gaaccagcct taaactctac 480

agacacgagt cagtagacta tatagtgtgc tacaccacca caggcccctt cgagacaaat 540

gaaatgtcct acatgctcac tcaccctctg gccatgctcc tcagcaaaag acacgtagtt 600

gtgcctagcc taaaaacaaa accacacggc agaaagtaca aaaagataac aattaagccc 660

ccaaaactga tgctaaacaa gtggtacttt gctacagacc tctgccacat aggcctcttc 720

cagctctggg ccacaggcct agagcttaga aatccatggc tcagatcagg cacaaacagc 780

cctgttatag gcttctatgt ccttaaaaac caagtttaca aaaacagata cagcaaccta 840

aacacaacag aagcacacaa cgccagacaa gacgcatgga acgaactaac ccaaacaaaa 900

actaacgaca aatggtacaa ttggcaatat acatacaata aacttatgaa gccaatttac 960

tatgcagctt caaatgaaag tagtaattca gccatgaaag gaaaaacata taattggaaa 1020

cattacaaag aatattttag caacacacaa actaagtgga aaacaattat taaagacgcc 1080

tatgacttag taagagagga ataccaacaa ttatacacca caactatggc atatccacca 1140

ccatggcaat caaccacttc taatacaggc agacaatacc tagaacatga ctgtggcatt 1200

tacagcccat actttctaac accacaaata tatagcccag aatggcacac agcctggtcc 1260

tacatcagat acaatcccct cacagacaaa ggcataggaa acagagtctg tgtccagtac 1320

tgcagcgagg ccagcagcga ctacaaccca ataaagagca agtgtatgtt acaagacatg 1380

ccctttgtgga tgatgctgta tggctacgca gactatgtag taaagagcac aggcatacag 1440

tcagcctgga cagacatgag agtggccatc agatgtccct acacagaccc taagcttgtg 1500

ggcagcacag aaaacaccat gtttatcccc ataggcctag aattcatgaa cggagacatt 1560

ccagacaaaa ggccctacat tccgttaacc tggtggttta agtggtaccc catgattaca 1620

caccagaaaa ccgcaattga ggcaatagtt tcctgcagcc ccttcatgcc cagagatcag 1680

gaacaagcta gttgggacat aactgtaggt tacaaagcaa ccttcttatg gggcgggtcc 1740

ccgttacctc cacagcccat tgacgacccc tgccaaaaag gaaaacacga cattcccgac 1800

cccgatacaa accctccaag aatacaaata tcagacccgc aacacctcgg accggcgacg 1860

ctgttccact cgtgggacct cagacgtgga tatattaata caaaaagtat taaaagaatc 1920

tcagaacacc tcgatgctaa tgaatatttt tcgacaggcg tcgtgtccaa aaaaccccga 1980

ttcgacactc cccaccacgg gcagctatca aaccaagaag aagacgcctt gtctatcctc 2040

agacaacccc aaaaagagca agaagagacc acctccgagg aagaacaagc actccaaaaa 2100

gaagaggagc aaaaagaaaa gctcctacag caactcagag tccagcgaca gcaccagcga 2160

gtcctcagac agggaatcaa acacctcatg ggagacgtcc tccgactcag acagggagtc 2220

cactggaacc cagtcctata a 2241

<210> 191

<211> 2217

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 191

acggcctggg gatggtaccg gagaagaaga tggcgcccat ggagaaggag aaggtgggcg 60

atacgcagaa gaagacctag aagaactgtt cgccgccgcg gcagaagacg atatgtgagt 120

agatggccgc gccgccgata caggcgcaga cgcagacgaa ccagacgtag ggggggacgc 180

aaaaggagac acagacagac tcttatactc agacagtggc aaccagatgt tatgaaaaaa 240

tgttttatta ctggctggat gcccctcatt atatgtggca ctgggaacac tcaatttaac 300

tttataaccc atgaagacga tgtgccacca aaaggagcct cctatggagg caacctcact 360

aacctcacct tcactctaga aggactgtat gacgaacacc tactccacag aaacaggtgg 420

tccagatcaa actttgatct agacctcagc agatacctct acactataat aaagctatac 480

agacacgagt ctgtagacta catagtcacc tacaacagaa caggcccctt tgaaataagc 540

ccactcagct acatgaacac acaccctatg ctaatgctcc taaacaagca ccacgtagtg 600

gtgccaagcc caaaaacaaa gcccaaaggc aagagggcca ttaaaattaa aataaagcca 660

cctaaactaa tgctaaacaa atggtacttt gcaagagaca cgtgtagaat aggcctcttt 720

cagctctatg ccacaggggc taacctaaca aacccctggc tcaggtcagg cacaaacagc 780

cctgtagtgg gattctatgt aattaaaaac tccatatatc aagacgcctt tgataacctg 840

gcagacacag aacatacaaa ccaaagaaaa aatgtatttg aaaacaaact atatcccact 900

acaacaacta acaaagacaa ctggcaatac acatacacat ccctcatgaa aaacatatac 960

tttaaaacaa aacaagaagc agaaaaccaa acaatgagta gcacatacaa ctttgacaca 1020

tacaaaacaa actatgacaa agtaagaact aaatggataa aaatagctga agatggctat 1080

aaactagtat caaaagaata caaagaaata tacatcagta cagccacata ccctccacaa 1140

tggaattcaa gaaactacct tagccatgac tatggcattt atagtcctta ctttttaaca 1200

ccccaaagat acagccccca atggcacaca gcatggacat atgtcagata caacccacta 1260

acagacaaag gcataggcaa cagaatattt gttcagtggt gctcagaaaa aaacagctca 1320

tacaacagca caaaaagcaa gtgcatgcta caagacatgc ccctttttat gctaacctat 1380

gggtacctag actatgtact aaaatgcgca ggctctaaat cagcctggac agacatgaga 1440

gtctgtatca gaagcccata cacagaacca cagcttacag gcaacacaga tgatattagt 1500

tttgttataa tatcagaggc cttcatgaac ggggacatgc cctacctagc tccacacata 1560

cccgttagtc tgtggtttaa gtggtacccc atgatattac accagaaggc agctttagaa 1620

accatagttt cctgtggacc gtttatgccc agagaccagg aagccaactc ttgggacata 1680

accgcaggtt acaaagcagt ttttaagtgg ggtgggtccc ctctgcctcc acagcctatc 1740

gacgacccct accaaaaacc cacccacgaa atacccgacc ccgataagca ccctccaaga 1800

ctacaaattg cagacccgaa aatcctcgga ccgtcgacag tcttccacac atgggacatc 1860

agacgtggcc tctttagcac agcaagtctt aagagagtgt cagaatacca accgcctgat 1920

gacctttttt caacaggcgt cgcatccaaa agaccccgat tcgacactcc agtccaaggg 1980

cagctcgaaa gccaagaaga agaaagctat cgtttactca gagcactcca aaaagagcaa 2040

gagacaagca gctcggaaga ggagcagcca caaaaccaag agatccaaga aaaactactc 2100

ctccagctcc agcagcagcg acaacagcag cgactcctcg caaagggaat caagcacctc 2160

ctcggagatg tcctccgact ccgaaaagga gtccactggg acccggtcct tacatag 2217

<210> 192

<211> 2217

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 192

acggcgtggt acagaagaag aaggtggaga ccgtggagaa gacgccgcag accgtggacc 60

ctacgcagaa gaagagctag aagatttgtt cgccgccgcc cgagaagacg atatgtgagt 120

agatggcggc gccgccgata caggcgcaga ctaagacggg ggagacgacg aaggggacgc 180

agacgcagaa aagaaactat aatagtgaga cagtggcagc cagatgtaat gagaaactgt 240

tatattactg gcttcctacc tctcatagtc tgtggctcag gcaacactca atttaacttt 300

atcacacatg agaatgacat acccccaagg ggagcctcct atgggggcaa cctcaccaac 360

ataaccttca ccctagcggc actatatgac cagtacttgc tacacagaaa caggtggtcc 420

aggtcaaact ttgacctaga cctagccaga tacattaaca caaaactaaa actatacaga 480

catgactcag tagactacat agtaacctac aacagaacag gtccctttga ggtgaatcca 540

ctaacataca tgcacactca ccccctactc atgctcgtga acaggcacca catagtggtg 600

cccagtttaa aaacaaaacc cagaggcaaa agatacataa aagtaaaaat aaagcctcca 660

aaactaatgc taaacaagtg gtactttgcg aaagacatct gcccactagg cctcttccag 720

ctatatgcta ccggcctaga actcagaaac ccctggatca gagagggcac aaacagcccc 780

atagtagggt tttatgtttt aaaaccctca ctatataatg gagccatgtc aaacttagca 840

gacacagaac atttaaacca aagacaaacc ctatttaaca aactacttcc aacacaaaac 900

caaaaagacg aatggcaata cacatacaac aaaccaatgc aaaaaatata ttatgaagca 960

gcaaacaagc aagatagtgg ctttaaaaat acaacatata actggacaaa ctacaaaact 1020

aactaccaaa aagtacaatc acaatggcaa actgtagcac aacaaaacta caaccaagta 1080

tacaatgaat ttaaagaggt atacccacta acagctacat ggccaccgca atggaatgct 1140

agacaataca tgtcacacga ctttggcata tacagcccat acttttgtc acctgcaaga 1200

tttacagact actggcacag tgcatacacc tatgtcagat acaaccccat gtcagacaaa 1260

ggcataggta acataatctg catacaatgg tgcagtgaaa aaaacagtga atttaatgag 1320

actaaaaaca agtgcatact aagagacatg ccactttaca tgctaacata tggctaccta 1380

gactatacca caaaatgcac aggctccaac tccatctgga cagacgccag agtagccatc 1440

agatgtccat acacagatcc cccactatca aatccaacta acaaaaacac actttatatt 1500

ccactatcta catctttcat gcaaggagac atgccctggc caaccacaaa cattccgtta 1560

aagatgtggt ttaagtggta tcccatgatc atgcaccaga gggcctgttt agaaaccata 1620

gtttcctgtg gaccgtttat gcccagagac caaaccgcaa gcagttggga cataactatt 1680

gcatacagag cctttttaa atggggtggc aatcctctgc ctccacagcc catcgacgac 1740

ccctgccaaa aagacaccca cgaaataccc gaccccgata aacaccctag aggaatacaa 1800

atatcagacc cgaaggtact cggaccaccc acagtcttcc acacatggga catcagacgt 1860

ggactgttta gctcgacgag tcttaaaaga gtgtcagaat accaaccgcc tgatgaccct 1920

ttttcaacag gcgtcgtctt caaaagaccc cgactggaaa cccagtacaa aggaacccaa 1980

gaaaccccag aagaagacgc ctacacttta ctcaaagcac tccaaaaaga gcaagagagc 2040

agcagctcgg aagaagaact cccacaagaa gagcaagaga tccaaaaaac acaactcctc 2100

aagcagctcc aactccagca gcagcaacag cgaatcctca agaggggaat cagacacctc 2160

ttcggagacg tcctccgact cagaaaagga gtccactcca acccagacct attataa 2217

<210> 193

<211> 2217

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 193

acggcctggt accggtacag aagaaggcca tggcgccgaa ggaggcgacc gaggtggggc 60

ctacgcagaa gaagatttag aagatctttt cgcggccgcg gaagaagacg atatgtgagt 120

agatggtcgc gccgccgata caggcgcaga cggagaaggg ggcgacgtag acggggacgc 180

agacgaagaa agagacagac tcttataccg agacagtggc agccagatgt tactaaaaag 240

tgcttcatta ctggctggat gcccttaata atctgtggga ctggacacac acaatttaac 300

tttataaccc acgaagagga tatccccggt gcaggagcct cctatggagg aaaccttaca 360

aacattacca ttactctggg agggctatat gaacaatata tgcttcacag aaaccactgg 420

tccagaagca actatgacct agagctggcc agatacctag gcttcaccct aaaatgctac 480

agacatgcaa cagtagacta tatacttaca tacagcagaa caacaccctt tgagaccaat 540

gaactgagcc acatgctaac tcacccctta ctaatgctac taaacaaaca tcacagagta 600

atacccagct taaaaacaag gccaaaagga aaaaggtcag ttagaatcca cattaaaccc 660

ccaaaactaa tgataaacaa atggtacttt gcaaaagacc tctgtaacat aggaccctgt 720

caaatatatg ccacaggcct agaactctca aacccctggc taagatcagg cacaaacagc 780

cctgtaatag gcttttgggt acttaaaaat cacctatatg atggcaacct ctcaaacata 840

gcctcaggtg aacaattaac agccagacaa actctattta caactaaatt actcccaagt 900

aataacacca aagacgaatg gcaatacgcc tataccccac taatgaaaac attctacaca 960

caagcagcca acacagcagc acataacata acagacaaaa catacaactg gaaaaactac 1020

aaaactcact atgacaaagt acaacaaaca tggacaacaa aagcacaatt taattatgac 1080

ttagttaaag aagaatacaa aacggtatat ccaaccacag ctacattccc accagagtgg 1140

tcaaacagac aatatctaga acatgactat ggcttattca gcccttattt tctaacacca 1200

aacagataca gcacagagtg gcacatgcca attacctatg ttagatacaa cccactagca 1260

gacaaaggca taggcaacag aatatacatg cagtggtgct cagaaagcag cagcagcttt 1320

gagcccacca aaagcaagtg catgctacaa gacatgccac tatacatgct cacatatgga 1380

tacctagact atgttgttaa atgcacaggt gttaaatcag cctggacaga catgagagtg 1440

gccattagaa gcccctacac ctttcctcaa ctaataggca gcacagataa agtgggcttc 1500

atccccctag gtgaaaaatt catgagcgga gacacagacc ccgttaaaaa ctttataccg 1560

ttaaagtatt ggtacagatg gtatccgttt gcggctaacc aaaagtcagt tttagaaacc 1620

atagtttcct gtggcccctt catgcccaga gatcaggaag caggctcttg ggacataact 1680

gtaggttaca aagcaacctt taaacggggg ggctcccctc tacctccaca gcccatcgac 1740

gacccatgcc aaaagcccac ccacgacctt cccgaccccg atagacaccc cccaagaata 1800

caaatctcgg acccggcaag actcggaccg gagacgctct tccactcatg ggacatcaga 1860

cgtggataca ttaacacaaa agctattaaa agaatctcag attacacaga atctaatgac 1920

tatttttcaa caggcgtcgt gtcaaaaaga ccccgattgg aaacccagta ccacggccaa 1980

cacgaaagcc aagaagaaga cgcctatctt ttactcaaac aactccagga agagcaagaa 2040

acgagcagtt cggagggaga acaagcaccc caagaaaaaa cactccaaaa agaaaagctc 2100

ctcaagcagc tgcagctcca caagcagcag cagcaactcc tcagaaaagg aatcagacac 2160

ctcctcgggg acgtcctccg actcagacgg ggagtccact gggacccagg cctatag 2217

<210> 194

<211> 2211

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 194

acggcgtggt ggtggggccg atggagacag cgccgctggg gccgccgccg ccgcagacca 60

tggagggtac gacgaaggag acctagaaga tcttttcgcc gccgccgccg aggacgatat 120

gtgagtaggc ggaggcgccg ccgctactac aggcgcagac taagacgggg cagacgcaga 180

gggcgacgaa agagacacag accgacccta atactgaggc agtggcaacc tgacgttgtt 240

aaacactgta agataacagg atggatgccc ctcattatct gtggctctgg cagcacacag 300

atgaacttta taacccacat ggacgatact cctcccatgg gatacaccta cgggggcaac 360

tttgtaaatg tgactttcag cttagaggcc atctatgaac agttcctata tcacagaaac 420

agatggtcca gatctaacca tgacttagac ctagccaggt accaaggaac caccttaaaa 480

ctctacagac acgccacagt agactacata ctttcctaca acaggacagg acccttccag 540

atcagtgaga tgacatacat gagcactcac ccagcaataa tgctactaat gaaacacaga 600

atagttgtgc ccagccttag aacaaagcct aaaggcaggc gctccataaa aattagaata 660

aagccccca aacttatgct aaacaagtgg tactttacca aagacatatg ctccatgggc 720

ctcttccaac taatggccac cggagcagaa ctcactaacc cctggctcag agacaccaca 780

aaaagcccag taataggctt cagagttcta aaaaacagtg tttacaccaa cttatctaac 840

ctaaaagacg tatccatatc aggagaaaga aaatccatct taaacaaaat tcacccagaa 900

actctcacag gatcaggcaa tgcatctaaa gggtgggaat actcatacac aaaactaatg 960

gcgcccatat actattcagc agttagaaac agcacataca actggcaaaa ctaccaaaca 1020

cactgcgcaa caacagctat caaatttaaa gaaaaacaaa ccagtactct aactcttatt 1080

aaagcagagt acttatacca ctacccaaac aatgtcacac aggtagactt catagatgac 1140

cccacactca cacatgactt tggcatatac agcccatact ggataacacc taccagaata 1200

agcctagact gggacacacc atggacatat gtcagataca acccactctc agacaaaggc 1260

ataggcaaca gaatctatgc acagtggtgc tcagaaaaaa gcagcaaatt agacaccaca 1320

aagagcaaat gcatactaaa agactttcca ctatggtgca tggcctatgg ctactgtgac 1380

tgggtagtaa aatgtacagg agtgtccagt gcatggacag acatgagagt agccatcatc 1440

tgcccgtaca cagaaccggc acttataggg tcagatgaaa atgtaggctt tattccagta 1500

agtgacacct tttgcaacgg agacatgccg tttcttgcac catacatccc tattacatgg 1560

tggatcaagt ggtaccccat gattacacac caaaaggaag ttcttgaggc aatagtaaac 1620

tgtggaccgt ttgtcccccg agaccaaagt tccccagctt gggaaatcac catgggttac 1680

aaaatggatt ggaaatgggg cggctctccc ctgccttcac aggcaatcga cgacccctgc 1740

cagaagccca cccatgagct acccgatccc gatagacacc ctcgcatgtt acaagtctct 1800

gacccgacaa agctcggacc gaagacagtg ttccacaaat gggactggag acgtgggcaa 1860

cttagcaaaa gaagtattaa aagagtccaa gaagactcaa cggatgatga atatgttaca 1920

gggcctttat caagaaaaag aaacaagctc gacacaaaga tgccaggccc cccaaccccc 1980

gaaaaagaaa gctacacttt actccaagcc ctccaagagt cgggccagga gagcagctcc 2040

caggacgaag aacaagcacc ccaaaaagaa gagaaccaga aagaagcgct cgtggagcag 2100

ctccagctcc agaaacagca ccagcgagtc ctcaagcgag gcctcaaact cctcttggga 2160

gacgtcctcc gactccgccg cggagtccac tgggacccca tcctatccta a 2211

<210> 195

<211> 2232

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 195

atggcatggg gatggtggaa acgaaagcgg cgctggtggt ggagaaagcg gtggacccgt 60

ggccgacttc gcagacgatg gcctagacga tctcgtcgcc gccctcgacg aagaagagta 120

aggaggcgga ggaggtggag gagagggcga ccgagacgca gactgtacag acgcgggaga 180

cggtacagac gaaaacggaa gagggctaag ataactataa gacaatggca gccagccatg 240

acgagacgct gttttataag gggacacatg cccgctttaa tatgtggctg gggggcgtac 300

gccagcaact acaccagcca cctggaggac aaaatagtta aaggacccta cggaggggga 360

cacgccactt ttagattctc cctacaagta ctgtgcgagg agcatctaaa acaccacaat 420

tactggacta gaagtaacca agacctagaa ctagctctgt actacggagc cactattaaa 480

ttttacagaa gcccagacac agactttata gtaacatacc agagaaaatc ccccttgga 540

ggcaacatac taacagctcc ttcactacac ccagcagagg ccatgctaag caaaaacaaa 600

atactaatac cgagcttaca aacaaaaccc aaaggaaaaa agactgtaaa agttaacata 660

ccacccccca ccctttttgt acataagtgg tactttcaga aggacatatg tgacctaaca 720

ctgtttaact tgaacgttgt tgcggctgac ttgcggtttc cgttctgctc accacaaact 780

gacaacgttt gcatcacctt ccaggtacta gccgcagagt acaacaactt cctctctaca 840

actttaggca ctacaaatga atccactttt atagaaaact ttttaaaagt tgcatttcca 900

gatgacaaac ctaggcattc aaacatttta aacacattta gaacagaagg atgcatgtct 960

caccccccaac tacaaaaatt taaaccacca aacacaggac caggcgaaaa caaatacttt 1020

tttacaccag acggactatg gggagacccc atatacatat acaataacgg agtacaacaa 1080

caaactgcac aacaaattag agaaaaaatt aaaaaaaaca tggaaaatta ctatgccaaa 1140

atagtagaag aaaacacaat aataacaaaa ggatcaaaag cacactgcca tctaacaggc 1200

atattttcac caccattctt aaacataggt agagtagcca gagaatttcc aggactatac 1260

acagacgttg tctataatcc atggacagat aaaggcaaag gaaacaaaat atggttagac 1320

agcctaacaa aaagcgacaa tatatatgac ccaagacaaa gcattctact aatggcagac 1380

atgccactat acataatgtt aaatggatat atagactggg caaaaaaaga aagaaacaac 1440

tggggcttag ctacacaata cagactacta ctaacatgtc cctacacatt cccaagacta 1500

tacgtagaaa caaacccaaa ctatggatat gtaccatatt cagaatcatt tggagcaggc 1560

caaatgccag acaaaaaccc ctacgtacca attacatgga gaggcaaatg gtaccctcac 1620

atacttcatc aagaggcagt tataaatgac atagtaatat caggcccatt cacaccaaaa 1680

gacacaaaac cagtaatgca attaaacatg aaatactcgt ttagattcac atggggcggc 1740

aatcctattt ccacacagat tgttaaagac ccctgcaccc agcccacctt tgaaataccc 1800

ggtggcggta acatccctcg cagaatacaa gtcatcaatc cgaaagtcct cggacccagc 1860

tacagtttca gatcctttga cctcagacgt gacatgttta gcggctcgag tcttaaaaga 1920

gtctcagaac aacaagagac ttctgagttt ttattctccg gcggcaaacg ccccaggatc 1980

gaccttccca agtacgtccc gccagaagaa gacttcaata tccaagagag acaacaaaga 2040

gaacagagac cgtggacgag cgaaagcgag agcgaagcag aagcccaaga agagacgcag 2100

gcgggctcgg tccgagagca gctccagcag cagctccaag agcagtttca actccgaaga 2160

gggctcaagt gcctcttcga gcagttagtc agaacccaac agggagtcca cgtagatccc 2220

tgcctcgtgt ag 2232

<210> 196

<211> 2181

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 196

atggcatggg gatggtggaa gcgacggcgg cgctggtggt tccggaagcg gtggacccgt 60

ggcagacttc gcagacgatg gcctcgatca gctcgtcgcc gccctagacg acgaagagta 120

aggagacgca gacgatggag gaggggggcga cctagacgca gactgtaccg acgctacaga 180

cgcaaaaaac gtaggagacg aaagcccaaa acagttttaa aacaatggca gccagacatt 240

acaaagaggt gctacataat aggctacatt cctgccataa tatgcggggc gggcacctgg 300

tctcacaact acaccagcca cctgctagat attatcccca agggaccgtt tggaggggga 360

cacagcacca tgagattctc cctaaaagtg ctcttcgaag agcacctgag acacctaaac 420

ttttggacac gtagtaacca ggatttagaa cttgtaagat actttagatg ctcctttagg 480

ttctacagag accaacacac agactatctt gtacactaca gcagaaaaac acccctggga 540

ggcaacagac tgacagcacc tagccttcac ccaggggtac agatgctaag caaaaacaaa 600

ataatagtac ccagctatga tactaaacct aagggcaaaa gctatgtaaa agtaactata 660

gcaccccca ctctactaac tgacaagtgg tactttagca aagacatttg tgacacaacc 720

ttggttaact tagacgttgt actctgcaac ttgcggtttc cgttctgctc accacaaact 780

gacaaccctt gcatcacgtt ttccgttctt cactccatct acaacgactt cctctctata 840

gtagatactg gaaactataa aacacaattt gtgtcaaact tatctacaaa agtaggtact 900

gactggggaa aaagactaaa cacatttaga acagaaggct gctactctca ccctaaatta 960

cccaaaaagg cagtaacacc tggaaatgac aaaacatact ttactgtacc cgatggctta 1020

tggggagacg ctgtatttaa tgcagaggca agcaatataa ttactaaaaa catggagtca 1080

tacagcgagt ctgcaaaagc cagaggagtg caaggagacc ctgcattttg ccaccttaca 1140

ggcatatact cacctccctg gctaacacca ggtagaatat ccccggagac tccaggactt 1200

tacacagacg tgacttacaa cccatacgca gacaaaggag tgggtaacag aatatgggtt 1260

gactactgca gtaaaaaagg caataaatat gacaatacaa gtaaatgcct tttagaagac 1320

atgccactat ggatggtcac ctttggctat gtagactggg taaaaaaaga aactggcaac 1380

tggggtattc cactgtgggc cagagtactg ataagatgcc cttacacagt accaaaactt 1440

tacaatgaag cagacccaaa ctacggatgg gtcccttact cctactactt tggagaagga 1500

aaaatgccaa acggagacct gtacgtaccc tttaaaatta gaatgaagtg gtacccgtcc 1560

atgtggaacc aagaaccagt actaaatgac ttagcaaaga gcggaccgtt tgcatacaaa 1620

gacacaaaaa ccagtgtgac tgtgactgct aaatacaaat ttacatttaa cttcgggggc 1680

aaccccgtac cctcacagat tgtacaagat ccctgcacac agtccaccta tgacatcccc 1740

ggcaccggta acttgcctcg cagaatacaa gtcattgacc cgaaagtcct cggtccccac 1800

tactcattcc accgctggga cttcaggcgt ggcctctttg gccaacaagc tattaagaga 1860

gtgtcagaac aaccaacaac ttctgagttt ttattctcag gtccaaagag acccagaatc 1920

gatcaagggc cttacatccc gccagaaaaa ggctcagatt cactccaaag agaatcgaga 1980

ccgtggagca actcggagac cgaggcagag acagaagccc cctcggaaga agagccggag 2040

aaccaagaag aacaagtact ccagttgcag ctccgacagc agctccgaga acagcgaaaa 2100

ctcagacagg gaatccagtg cctcttcgag caactgataa caacccaaca gggggttcac 2160

aaaaacccat tgctagagta g 2181

<210> 197

<211> 2244

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 197

atggcgtggt cgtggtggtg gaggcgacgg aaacgctggt ggccgcgcag aaggaggcga 60

tggaggagat ttcgcacccg aagagctaga cgagctgttc cgcgccgtcg ccgccgacga 120

agagtaagga ggcgccggtg ggggaggcga agacgtagga gacgggtttt ttataagaga 180

cgcagacgaa agactggcag actgtacaga aagcccaaaa agaaactagt actgactcag 240

tggcacccca ctaccgtccg caactgctcc atccgaggcc ttgtgcctct agtactctgc 300

ggacacactc agggcggcag aaactttgct ctcaggagcg atgactaccc caagcagggg 360

tctccttacg gaggcagttt tagcactaca acctggaact tgagggtcct ttttgacgaa 420

caccaaaaac accacaacac gtggagctac cccaataacc agctagacct gggcagatac 480

aagggctgca ccttctactt ttacagagac aaaaagacag actacatagt aaagtttcag 540

aggaggggac cctttaaaat aaacaagtac agcagtccca tggcccatcc gggcatgatg 600

atgctagata agatgaaaat cctggtgccc agctttgata ccaggcccgg gggtcgcaga 660

agagtaaaag taactatccg ccccccccact ctgttagagg acaagtggta cacccagcaa 720

gacctggcgc ccgttaatct tgtgtcactt gtggtttctg cggctagctt catacatccg 780

tttagccaac cacaaacgaa caacatttgc acaaccttcc aggtgttgaa agacatgtac 840

tatgactgca taggaattaa ttccacttta acaaccaagt atgaaaactt atttaataaa 900

ctatattcca aatgctgcta ctttgaaacc tttcaaacaa tagcccagct aaatcctggc 960

tttaaagctg ctaaaaagac tactaatggt tctggttcta cagctgcaac actaggagac 1020

gcagtaactg aacttaaaaa cccaaatggt actttttaca caggcaacaa tagcaccttt 1080

ggctgctgca catataaacc cactaaagaa ataggtagta atgccaataa gtggttctgg 1140

catcagttaa cagccacaga ttcagacaca ctaggccaat acggccgtgc ctccattaag 1200

tatatggagt accacacagg catttacagc tcaatttttc ttagcccact aagaagcaat 1260

ctagaattcc ctacagcata ccaagatgta acatataatc cactaactga cagaggtata 1320

ggtaacagaa tctggtacca gtacagtacc aaagaaaaca ctacatttaa tgaaacacag 1380

tgcaaatgtg tactatcaga cttgccactg tggagcatgt tttatggcta tgtagatttt 1440

atagagtcag aactaggcat ctcagcagag atacacaact ttggcatagt atgtgtccag 1500

tgcccctaca cgtttccccc aatgtttgac aaatccaaac cagataaagg ctacgtgttc 1560

tatgacaccc tttttggcaa cggaaagatg ccagacggga gcggacacgt acccacctac 1620

tggcagcaga ggtggtggcc cagattcagc ttccagagac aagtgatgca cgacattatc 1680

ctcaccgggc ccttcagcta caaagatgac tctgtaatga ctggcataac cgcaggctac 1740

aagtttaaat tctcatgggg cggtgatatg gtctccgaac aggtcattaa aaacccagag 1800

agaggggacg gacgagactc cacctatccc gatagacagc gccgcgactt acaagttgtt 1860

gacccacgct ccatgggccc ccaatgggta ttccacacct ttgactacag acgggggctt 1920

tttggaaagg acgctattaa gcgagtgtca gaaaaaccga cagatcctga ctactttaca 1980

acaccttaca aaaaaccaag atttttccct ccaacagcag gagaagaaaa actgcaagaa 2040

gaagactccg ctttacagga gaaaagaagc ccgctctcgt cagaagaggg gcagacgagg 2100

gcgcaagtcc tccagcagca ggtcctccag tcggagctcc agcagcagca ggagctcggg 2160

gagcagctca gattcctcct cagggaaatg ttcaaaaccc aagcgggcat acacatgaac 2220

ccccgcgcat ttcaggagct gtaa 2244

<210> 198

<211> 2244

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 198

atggcgtggt cgtggtggtg gaggcgacgg aaacgctggt ggccgcgcag aaggaggcga 60

tggaggagat ttcgcacccg aagagctaga cgagctgttc cgcgccgtcg ccgccgacga 120

agagtaagga ggcgccggtg ggggaggcga agacgtagga gacgggtttt ttataagaga 180

cgcagacgaa agactggcag actgtacaga aagcccaaaa agaaactagt actgactcag 240

tggcacccca ctaccgtccg caactgctcc atccgaggcc ttgtgcctct agtactctgc 300

ggacacactc agggcggcag aaactttgct ctcaggagcg atgactaccc caagcagggg 360

tctccttacg gaggcagttt tagcactaca acctggaact tgagggtcct ttttgacgaa 420

caccaaaaac accacaacac gtggagctac cccaataacc agctagacct gggcagatac 480

aagggctgca ccttctactt ttacagagac aaaaagacag actacatagt aaagtttcag 540

aggaggggac cctttaaaat aaacaagtac agcagtccca tggcccatcc gggcatgatg 600

atgctagata agatgaaaat cctggtgccc agctttgata ccaggcccgg gggtcgcaga 660

agagtaaaag taactatccg ccccccccact ctgttagagg acaagtggta cacccagcaa 720

gacctggcgc ccgttaatct tgtgtcactt gtggtttctg cggctagctt catacatccg 780

tttagccaac cacaaacgaa caacatttgc acaaccttcc aggtgttgaa agacatgtac 840

tatgactgca taggaattaa ttccacttta acaaccaagt atgaaaactt atttaataaa 900

ctatattcca aatgctgcta ctttgaaacc tttcaaacaa tagcccagct aaatcctggc 960

tttaaagctg ctaaaaagac tactaatggt tctggttcta cagctgcaac actaggagac 1020

gcagtaactg aacttaaaaa cccaaatggt acttttttaca caggcaacaa tagcaccttt 1080

ggctgctgca catataaacc cactaaagaa ataggtagta atgccaataa gtggttctgg 1140

catcagttaa cagccacaga ttcagacaca ctaggccaat acggccgtgc ctccattaag 1200

tatatggagt accacacagg catttacagc tcaatttttc ttagcccact aagaagcaat 1260

ctagaattcc ctacagcata ccaagatgta acatataatc cactaactga cagaggtata 1320

ggtaacagaa tctggtacca gtacagtacc aaagaaaaca ctacatttaa tgaaacacag 1380

tgcaaatgtg tactatcaga cttgccactg tggagcatgt tttatggcta tgtagatttt 1440

atagagtcag aactaggcat ctcagcagag atacacaact ttggcatagt atgtgtccag 1500

tgcccctaca cgtttccccc aatgtttgac aaatccaaac cagataaagg ctacgtgttc 1560

tatgacaccc tttttggcaa cggaaagatg ccagacggga gcggacacgt acccacctac 1620

tggcagcaga ggtggtggcc cagattcagc ttccagagac aagtgatgca cgacattatc 1680

ctcaccgggc ccttcagcta caaagatgac tctgtaatga ctggcataac cgcaggctac 1740

aagtttaaat tctcatgggg cggtgatatg gtctccgaac aggtcattaa aaacccagag 1800

agaggggacg gacgagactc cacctatccc gatagacagc gccgcgactt acaagttgtt 1860

gacccacgct ccatgggccc ccaatgggta ttccacacct ttgactacag acgggggctt 1920

tttggaaagg acgctattaa gcgagtgtca gaaaaaccga cagatcctga ctactttaca 1980

acaccttaca aaaaaccaag atttttccct ccaacagcag gagaagaaaa actgcaagaa 2040

gaagactccg ctttacagga gaaaagaagc ccgctctcgt cagaagaggg gcagacgagg 2100

gcgcaagtcc tccagcagca ggtcctccag tcggagctcc agcagcagca ggagctcggg 2160

gagcagctca gattcctcct cagggaaatg ttcaaaaccc aagcgggcat acacatgaac 2220

ccccgcgcat ttcaggagct gtaa 2244

<210> 199

<211> 2238

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 199

atggcatggg gatggtggag atggcggcgc cgctggcccg ccagacgctg gaggagacgc 60

cgtcgccggc gccccgtacg gagaacaaga gctcgccgac ctgctcgacg ctatagaaga 120

cgacgaacag taagaaccag gcggaggcgg tgggggcgca gacggtacag acggggctgg 180

agacgcagga cttatgtgag gaaggggcga cacagaaaaa agaaaaagag actcatactg 240

agacagtggc agcccgccac cagacgcaga tgcaccataa cagggtacct gcccatagtg 300

ttctgcggcc acactaaggg caataaaaac tacgccctac actctgacga ctacaccccc 360

caaggacagc catttggagg ggctctaagc actacctcat tctctttaaa agtactgttt 420

gaccagcatc agagaggact gaataagtgg tcgttcccca acgaccaact agacctggcc 480

agatacaggg gctgcaaatt ctacttttac aggacaaaac agactgactg gataggccag 540

tatgatatat cagagcccta caagctagac aagtacagct gccccaacta ccacccggga 600

aacatgatta aagcaaagca caaattttta attcccagct atgacactaa tcccaggggc 660

agacaaaaaa ttatagttaa aattcccccc ccagacctct ttgtagacaa gtggtacact 720

caggaagacc tgtgttccgt taatcttgtg tcacttgcgg tttctgcggc ttcctttctc 780

cacccattcg gctcaccaca aactgacaac ccttgctaca ccttccaggt gttgaaagag 840

ttctactacc aggcaatagg cttctcagca acagatcaac aaagagaaaa agtttttgat 900

atattataca aaaacaactc atactgggaa tcaaacataa ctcccttta tgtaattaat 960

gttaaaaaag ggtctaacac aacacagtac atgtcacctc aaatttcaga ctcatctttt 1020

agaaagaaag taaatactaa ctacaactgg tatacctacg atgccaaaac taatgcatca 1080

caattaaagc aactaagaaa tgcatacttt aaacaattaa cctctgaagg cccacaacac 1140

acatactctg acaatggcta cgccagtcag tggaccaccc ccagcacaga cgcctacgaa 1200

taccacttag gcatgtttag tactatattt ttagccccag acagaccagt acctcgcttt 1260

ccctgcgctt accaagatgt tacttacaac ccactaatgg acaaaggagt gggcaaccat 1320

gtatggtttc aatacaacac aaaggcagac acacagctaa tagttacagg agggtcctgc 1380

aaagcacaca tacaagacat acccctatgg gcagccttct atggatacag tgactttata 1440

gagtcagagc taggcccctt tgtagacgca gacacagtag gccttatctg tgtaatatgc 1500

ccttacacta aacctcccat gtacaacaag acaaatccca tgatggggta cgtgttttat 1560

gacagaaact ttggtgacgg caaatggact gacggacggg gcaaaataga gccctactgg 1620

caagttaggt ggaggcccga aatgcttttc caagaaactg taatggcaga catagtacag 1680

acagggccct ttagctacaa agatgaactt aaaaacagca cactagtatg caagtacaaa 1740

ttctatttta cctggggagg taacatgatg ttccaacaga cgatcaaaaa cccgtgcaag 1800

acggacggac aacccaccga ctccagtaga caccctagag gaatacaagt ggcggacccg 1860

gaacaaatgg gaccccgctg ggtgttccac tcctttgact ggcgaagggg ctatcttagc 1920

gagaaagctc tcaaacgcct gcaagaaaaa cctcttgact atgacgaata ttttacacaa 1980

ccaaaaagac ctagaatctt tcctccaaca gaatcagcag agggagagtt ccgagagccc 2040

gaaaaaggct cgtattcaga ggaagaaagg tcgcaagcct ctgccgaaga gcagacggag 2100

gaggcgacag tactcctcct caagcgacga ctcagagagc aacagcagct ccagcagcag 2160

ctccaattcc tcacccgaga aatgttcaaa acgcaagcgg gtctccacat aaaccctatg 2220

ttattaaacc agcgataa 2238

<210> 200

<211> 2238

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 200

atggcatggg gatggtggag atggcggcgc cgctggcccg ccagacgctg gaggagacgc 60

cgtcgccggc gccccgtacg gagaacaaga gctcgccgac ctgctcgacg ctatagaaga 120

cgacgaacag taagaaccag gcggaggcgg tgggggcgca gacggtacag acggggctgg 180

agacgcagga cttatgtaag gaaggggcga cacagaaaaa agaaaaagag actgatactg 240

agacagtggc agcccgccac cagacgcaga tgcaccataa cagggtacct gcccatagtg 300

ttctgcggcc acactaaggg caataaaaac tacgccctac actctgacga ctacaccccc 360

caaggacagc catttggagg ggctctaagc actacctcat tctctttaaa agtactgttt 420

gaccagcatc agagaggact gaataagtgg tcgttcccca acgaccaact agacctggcc 480

agatacaggg gctgcaaatt ctacttttac aggacaaaac agactgactg gataggccag 540

tatgatatat cagagcccta caagctagac aagtacagct gccccaacta ccacccggga 600

aacatgatta aagcaaagca caaattttta attcccagct atgacactaa tcccaggggc 660

agacaaaaaa ttatagttaa aattcccccc ccagacctct ttgtagacaa gtggtacact 720

caggaagacc tctgttccgt taatcttgtg tcacttgcgg tttctgcggc ttcctttctc 780

cacccattcg gctcaccaca aactgacaac ccttgctaca ccttccaggt gttgaaagag 840

ttctactacc aggcaatagg cttctcagca acagatgaac aaagagaaaa agtttttgat 900

atattataca aaaacaactc atactgggaa tcaaacataa ctccctttta tgtaattaat 960

gttaaaaaag ggtgtaacac aacacagtac atgtcacctc aaatttcaga ctcatctttt 1020

agaaagaaag taaatactaa ctacaactgg tatacctacg atgccaaaac taatgcatca 1080

caattaaagc aactaagaaa tgcatacttt aaacaattaa cctctgaagg cccacaacac 1140

acatactctg acaatggcta cgccagtcag tggaccaccc ccagcacaga cgcctacgaa 1200

taccacttag gcatgtttag tactatattt ttagccccag acagaccagt acctcgcttt 1260

ccctgcgctt accaagatgt tacttacaac ccactaatgg acaaaggagt gggcaaccat 1320

gtatggtttc agtacaacac aaaggcagac acacagctaa tagttacagg agggtcctgc 1380

aaagcacaca tacaagacat acccctatgg gcagccttct atggatacag tgactttata 1440

gagtcagagc taggcccctt tgtagacgca gacacagtag gccttatctg tgtaatatgc 1500

ccttacacta aacccccccat gtacaacaag acaaatccca tgatggggta cgtgttttat 1560

gacagaaact ttggtgacgg caaatggact gacggacggg gcaaaataga gccctactgg 1620

caagttaggt ggaggcccga aatgcttttc caagaaactg taatggcaga catagtacag 1680

acagggccct ttagctacaa agatgaactt aaaaacagca cactagtatg caagtacaaa 1740

ttctatttta cctggggagg taacatgatg ttccaacaga cgatcaaaaa cccgtgcaag 1800

acggacggac aacccaccga ctccagtaga caccctagag gaatacaagt ggcggacccg 1860

gaacaaatgg gaccccgctg ggtgttccac tcctttgact ggcgaagggg ctatcttagc 1920

gagaaagctc tcaaacgcct gcaagaaaaa cctcttgact atgaccaata ttttacacaa 1980

ccaaaaagac ctagaatctt tcctccaaca gaatcagcag agggagagtt ccgagagccc 2040

gaaaaaggct cgtattcaga ggaagaaagg ttgcaagcct ctgccgaaga gcagacggag 2100

gaggcgacag tactcctcct caagcgacga ctcagagagc aacagcagct ccagcagcag 2160

ctccaattcc tcacccgaga aatgttcaaa acgcaagcgg gtctccacat aaaccctatg 2220

ttattaaacc agcgataa 2238

<210> 201

<211> 2238

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 201

atggcatggg gatggtggag atggcggcgc cgctggcccg ccagacgctg gaggagacgc 60

cgtcgccggc gccccgtacg gagaacaaga gctcgccgac ctgctcgacg ctatagaaga 120

cgacgaacag taagaaccag gcggaggcgg tgggggcgca gacggtacag acggggctgg 180

agacgcagga cttatgtaag gaaggggcga cacagaaaaa agaaaaagag actgatactg 240

agacagtggc agcccgccac cagacgcaga tgcaccataa cagggtacct gcccatagtg 300

ttctgcggcc acactaaggg caataaaaac tacgccctac actctgacga ctacaccccc 360

caaggacagc catttggagg ggctctaagc actacctcat tctctttaaa agtactgttt 420

gaccagcatc agagaggact gaataagtgg tcgttcccca acgaccaact agacctggcc 480

agatacaggg gctgcaaatt ctacttttac aggacaaaac agactgactg gataggccag 540

tatgatatat cagagcccta caagctagac aagtacagct gccccaacta ccacccggga 600

aacatgatta aagcaaagca caaattttta attcccagct atgacactaa tcccaggggc 660

agacaaaaaa ttatagttaa aattcccccc ccagacctct ttgtagacaa gtggtacact 720

caggaagacc tgtgttccgt taatcttgtg tcacttgcgg tttctgcggc ttcctttctc 780

cacccattcg gctcaccaca aactgacaac ccttgctaca ccttccaggt gttgaaagag 840

ttctactacc aggcaatagg cttctcagca acagatgaac aaagagaaaa agtttttgat 900

atattataca aaaacaactc atactgggaa tcaaacataa ctccctttta tgtaattaat 960

gttaaaaaag ggtgtaacac aacacagtgc atgtcacctc aaatttcaga ctcatctttt 1020

agaaagaaag taaatactaa ctacaactgg tatacctacg atgccaaaac taatgcatca 1080

caattaaagc aactaagaaa tgcatacttt aaacaattaa cctctgaagg cccacaacac 1140

acatactctg acaatggcta cgccagtcag tggaccaccc ccagcacaga cgcctacgaa 1200

taccacttag gcatgtttag tactatattt ttagccccag acagaccagt acctcgcttt 1260

ccctgcgcgt accaagatgt tacttacaac ccactaatgg acaaaggagt gggcaaccat 1320

gtatggtttc agtacaacac aaaggcagac acacagctaa tagttacagg agggtcctgc 1380

aaagcacaca tacaagacat acccctatgg gcagccttct atggatacag tgactttata 1440

gagtcagagc taggcccctt tgtagacgca gacacagtag gccttatctg tgtaatatgc 1500

ccttacacta aacccccccat gtacaacaag acaaatccca tgatggggta cgtgttttat 1560

gacagaaact ttggtgacgg caaatggact gacggacggg gcaaaataga gccctactgg 1620

caagttaggt ggaggcccga aatgcttttc caagaaactg taatggcaga catagtacag 1680

acagggccct ttagctacaa agatgaactt aaaaacagca cactagtatg caagtacaaa 1740

ttctatttta cctggggagg taacatgatg ttccaacaga cgatcaaaaa cccgtgcaag 1800

acggacggac aacccaccga ctccagtaga caccctagag gaatacaagt ggcggacccg 1860

gagcaaatgg gaccccgctg ggtgttccac tcctttgact ggcgaagggg ctatcttagc 1920

gagaaagctc tcaaacgcct gcaagaaaaa cctcttgact atgaccaata ttttacacaa 1980

ccaaaaagac ctagaatctt tcctccaaca gaatcagcag agggagagtt ccgagagccc 2040

gaaaaaggct cgtattcaga ggaagaaagg tcgcaagcct ctgccgaaga gcggacggag 2100

gaggcgacag tactcctcct caagcgacga ctcagagagc aacagcagct ccagcagcag 2160

ctccaattcc tcacccgaga aatgttcaaa acgcaagcgg gtctccacat aaaccctatg 2220

ttattaaacc agcgataa 2238

<210> 202

<211> 2181

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 202

atggcatgga gatggtggaa gcgacggagg cgctggtggt tccgcaagcg gtggacccgt 60

ggcagacttc gcagacgatg gcctcgacca gctcgtcgcc gacctagacg acgaagagta 120

aggagacgca gacgttggag gaggggcga cccagacgta gactgtaccg acgctacaga 180

cgcaaaaaac gtaggagacg aaagcccaaa ataatcttaa aacaatggca gccagacatt 240

gtaaagaggt gctacatagt gggctacatt cctgccataa tatgtggggc gggcacctgg 300

tctcacaact acaccagcca ccttctagac attatcccca agggaccctt tggaggaggg 360

cacagcacta tgaggttctc cctaaaagta ctctctgaag aacacctcag acacttaaac 420

ttttggacaa agagtaacca ggacctagaa ctgataagat actttagatg ctcctttaaa 480

ttttatagag accaagacac agactacata gtacactaca gcagaaaaac tcccctggga 540

ggcaacagac tgacagcacc taacctgcac ccaggggtac aaatgcttag caaaaacaaa 600

ataatagtac ctagctatgc tacaaaaccc aagggtccta gctatataaa agtaaccata 660

gcacccccca cactgctaac tgacaagtgg tactttagca aagacgtttg tgacacaacc 720

ttggttaact tagacgttgt actctgcaac ctgcggtttc cgttctgctc accacaaact 780

gacaaccctt gcatcacatt ccaagttctg cattccatct acaacgactt cctctctata 840

gtagatacta acaactataa agaatctttt gttagtgcat taccaacaaa agtatctact 900

gactggggca aaagactaaa caccttaga acagaaggat gctattcaca ccccaaatta 960

cataaaaaag ctgtaacagc tgctacagat acagaatact ttacaaagcc agatggtctg 1020

tggggagaca ctatatttga tgtagaaaat ggacaaaaaa ttataaaaaa tatggagtca 1080

tatgctaagt cagccaaaga aagagggatc aatggagacc ctgctttctg tcacttaaca 1140

ggaatatact cacctccctg gttaacacca gggagaatat ctccagaaac acctggactt 1200

tacacagacg tgacttacaa cccttacgct gacaaaggag tgggcaacag aatatgggtt 1260

gactactgca gtaaaaaagg caacaaatat gacaatacaa gtaaatgcct tttagaagac 1320

atgccactat ggatggtatg ctttggctat gtagactgtg taaaaaaaga aaccggcaac 1380

tggggcattc cactatgggc tagagtactt ataagaagcc catatactgt tcccaaacta 1440

tataatgaag cagacccaaa ctatggatgg gtacctattt tttactattt tggagaaggc 1500

aaaatgccaa acggagacat gtacatacca tttaaaataa gaatgaaatg gtacccttca 1560

atgtggaacc aagagccagt attaaatgac ttagcaaaga gcggaccgtt tgcatacaaa 1620

aacaccaaaa caagtgtgac tgtgactgcc aaatataaat tcacatttaa cttcggtggc 1680

aaccccgtac cctcacagat tgtacaagat ccctgcacac agcccaccta cgacatcccc 1740

ggcaccggta acctgcctcg cagaatacaa gtcattgacc cgaaagtcct cagtccccac 1800

tattccttcc accggtggga cttcagacgt ggcctgtttg gctcacaagc tattaagaga 1860

gtgtcagaac aatcaacaac ttctgagttt ttattctcag gcccaaagaa acccagaatc 1920

gatcaaggtc cttacatccc gccagaaaaa ggctcaggtt cactccaaag agaaccgaga 1980

ccgtggagca gctcggagac cgaggcagag acagaagccc cctcggaaga agagccggag 2040

aaccaagaag aacaagtact ccagttgcag ctcagacagc agctccgaga acagcgaaaa 2100

ctcagacagg gaatccagtg cctattcgag caactaataa caactcagca gggggtccac 2160

aaaaacccat tgttagagta g 2181

<210> 203

<211> 2181

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 203

atggcatgga gatggtggaa gcgacggagg cgctggtggt tccgcaagcg gtggacccgt 60

ggcagacttc gcagacgatg gcctcgacca gctcgtcgcc gacctagacg acgaagagta 120

aggagacgca gacgttggag gaggggggcga cccagacgta gactgtaccg acgctacaga 180

cgcaaaaaac ataggagacg aaagcccaaa ataatcttaa aacaatggca gccagacatt 240

gtaaagaggt gctacatagt gggctacatt cctgccataa tatgtggggc gggcacctgg 300

tctcacaact acaccagcca ccttctagac attatcccca agggaccctt tggaggaggg 360

cacagcacta tgaggttctc cctaaaagta ctctttgaag aacacctcag acacttaaac 420

ttttggacaa agagtaacca ggacctagaa ctgataagat actttagatg ctcctttaaa 480

ttttatagag accaagacac agactacata gtacactaca gcagaaaaac tcccctggga 540

ggcaacagac tgacagcacc taacctgcac ccaggggtac aaatgcttag caaaaacaaa 600

ataatggtac ctagctatgc tacaaaaccc aagggtccta gctatataaa agtaaccata 660

gcacccccca cactgctaac tgacaagtgg tactttagca aagacgtttg tgacacaacc 720

ttggttaact tagacgttgt actctgcaac ctgcggtttc cgttctgctc accacaaact 780

gacaaccctt gcatcacatt ccaagttctg cattccatct acaacgactt cctctctata 840

gtagatacta acaactataa agaatctttt gttagtgcat taccaacaaa agtatctact 900

gactggggca aaagactaaa caccttaga acagaaggat gctattcaca ccccaaatta 960

cataaaaaag ctgtaacagc tgctacagat acagaatact ttacaaagcc agatggtctg 1020

tggggagaca ctatatttga tgtagaaaat ggacaaaaaa ttataaaaaa tatggagtca 1080

tatgctaagt cagccaaaga aagagggatc aatggagacc ctgctttctg tcacttaaca 1140

ggaatatact cacctccctg gttaacacca gggagaatat ctccagaaac acctggactt 1200

tacacagacg tgacttacaa cccttacgct gacaaaggag tgggcaacag aatatgggtt 1260

gactactgca gtaaaaaagg caacaaatat gacaatacaa gtaaatgcct tttagaagac 1320

atgccactat ggatggtatg ctttggctat gtagactggg taaaaaaaga aaccggcaac 1380

tggggcattc cactatgggc tagagtactt ataagaagcc catatactgt tcccaaacta 1440

tataatgaag cagacccaaa ctatggatgg gtacctattt cttactattt tggagaaggc 1500

aaaatgccaa acggagacat gtacatacca tttaaaataa gaatgaagtg gtacccttca 1560

atgtggaacc aagagccagt attaaatgac ttagcaaaga gcggaccgtt tgcatacaaa 1620

aacaccaaaa caagtgtgac tgtgactgcc aaatataaat tcacatttaa cttcggtggc 1680

aaccccgtac cctcacagat tgtacaagat ccctgcacac agcccaccta cgacatcccc 1740

ggcaccggta acctgcctcg cagaatacaa gtcattgacc cgaaagtcct cggtccccac 1800

tattccttcc accggtggga cttcagacgt ggcctgtttg gctcacaagc tattaagaga 1860

gtgtcagaac aatcaacaac ttctgagttt ttattctcag gcccaaagaa acccagaatc 1920

gatcaaggtc cttacatccc gccagaaaaa ggctcaggtt cactccaaag agaaccgaga 1980

ccgtggagca gctcggagac cgaggcagag acagaagccc cctcggaaga agagccggag 2040

aaccaagaag aacaagtact ccagttgcag ctcagacagc agctccgaga acagcgaaaa 2100

ctcagacagg gaatccagtg cctattcgag caactaataa caactcagca gggggtccac 2160

aaaaacccat tgttagagta g 2181

<210> 204

<211> 2181

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 204

atggcacgga gatggtggaa gcgacggagg cgctggtggt tccgcaagcg gtggacccgt 60

ggcagacttc gcagacgatg gcctcgacca gctcgtcgcc gacctaaacg acgaagagta 120

aggagacgca gacgttggag gaggggggcga cccagacgta gactgtaccg acgctacaga 180

cgcaaaaaac gtaggagacg aaagcccaaa ataatcttaa aacaatggca gccagacatt 240

gtaaagaggt gctacatagt ggactacatt cctgccataa tatgtggggc gggcacctgg 300

tctcgcaact acaccagcca ccttctagac attatcccca agggaccctt tggaggaggg 360

cacagcacta tgaggttctc cctaaaagta ctctttgaag aacacctcag gcacttaaac 420

ttttggacaa agagtaacca ggacctagaa ctgataagat actttagatg ctcctttaaa 480

ttttatagag accaagacac agaccacata gtacactaca gcagaaaaac tcccctggga 540

ggcaacagac tgacagcacc taacctgcac ccaggggtac aaatgcttag caaaaacaaa 600

ataatagtac ctagctatgc tacaaaaccc aagggtccta gctatataaa agtaaccata 660

gcacccccca cactgctaac tgacaagtgg tactttagca aagacgtttg tgacacaacc 720

ttggttaact tagacgttgt actctgcaac ctgcggtttc cgttctgctc accacaaact 780

gacaaccctt gcatcacatt ccaagttctg cattccatct acaacgactt cctctctata 840

gtagatacta acaactataa agaatctttt gttgctgcat taccaacaaa agtatctact 900

gactggggca aaagactaaa cacctttaga acagagggat gctattcaca ccccaaatta 960

cataaaaaag ctgtaacagc tgctacagat acagaatact ttacaaagcc agatggtctg 1020

tggggagaca ctatatttga tgtagaaaat ggacaaaaaa ttataaaaaa tatggaatca 1080

tatgctaagt cagccaaaga aagagggatc aatggagacc ctgctttctg tcacttaaca 1140

ggaatatact cacctccctg gttaacacca gggagaatat ctccagaaac acctggactt 1200

tacacagacg tgacttacaa cccttacgct gacaaaggag tgggcaacag aatatgggtt 1260

gactactgca gtaaaaaagg caacaaatat ggcaatacaa gtaaatgcct tttagaagac 1320

atgccactat ggatggtatg ctttggctat gtagactggg taaaaaaaga aaccggcaac 1380

tggggcattc cactatgggc tagagtactt ataagaagcc catatactgt tcccaaacta 1440

tataatgaag cagacccaaa ctatggatgg gtacctattt cttactattt tggagaaggc 1500

aaaatgccaa acggagacat gtacgtacca tttaaaataa gaatgaaatg gtacccttca 1560

atgtggaacc aagagccagt attaaatgac ttagcaaaga gcggaccgtt tgcatacaaa 1620

aacaccaaaa caagtgtgac tgtgactgcc aaatataaat tcacatttaa cttcgggggc 1680

aaccccgtac cctcacagat tgtacaagat ccctgcacac agcccaccta cgacatcccc 1740

ggcaccggta acctgcctcg cagaatacaa gtcattgacc cgaaagtcct cggtccccac 1800

tattccttcc accggtggga cttcagacgt ggcctgtttg gctcacaagc tattaagaga 1860

gtgtcagaac aatcaacaac ttctgagttt ttattctcag gcccaaagaa acccagaatc 1920

gatcaaggtc cttacatccc gccagaaaaa ggctcaggtt cactccaaag agaaccgaga 1980

ccgtggagca gctcggagac cgaggcagag acagaagccc cctcggaaga agagccggag 2040

aaccaagaag aacaagtact ccagttgcag ctcagacagc agctccgaga acagcgaaaa 2100

ctcagacagg gaatccagtg cctattcgag caactaataa caactcagca gggggtccac 2160

aaaaacccat tgttagagta g 2181

<210> 205

<211> 2181

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 205

atggcatgga gatggtggaa gcgacggagg cgctggtggt tccgcaagcg gtggacccgt 60

ggcagacttc gcagacgatg gcctcgacca gctcgtcgcc gacctaaacg acgaagagta 120

aggagacgca gacgttggag gagggagcga cccagacgta gactgtaccg acgctacaga 180

cgcaaaaaac gtaggagacg aaagcccaaa ataatcttaa aacaatggca gccagacatt 240

gtaaagaggt gctacatagt gggctacatt cctgccataa tatgtggggc gggcacctgg 300

tctcacaact acaccagcca ccttctagac attatcccca agggaccctt tggaggaggg 360

cacagcacta tgaggttctc cctaaaagta ctctttgaag aacacctcag gcacttaaac 420

ttttggacaa agagtaacca ggacctagaa ctgataagat actttagatg ctcctttaaa 480

ttttatagag accaagacac agactacata gtacactaca gcagaaaaac tcccctggga 540

ggcaacagac tgacagcacc taacctgcac ccaggggtac aaatgcttag caaaaacaaa 600

ataatagtac ctagctatgc tacaaaaccc aagggtccta gctatataaa agtaaccata 660

gcaccccca cactgctaac tgacaagtgg tactttagca aagacgtttg tgacacaacc 720

ttggttaact tagacgttgt actctgcaag ctgcggtttc cgttctgctc accacaaact 780

gacaaccctt gcatcacatt ccaagttctg cattccatct acaacgactt cctctctata 840

gtagatacta acaactataa agaatctttt gttgctgcat taccaacaaa agtatctact 900

gactggggca aaagactaaa cacctttaga acagaaggat gctattcaca ccccaaatta 960

cataaaaaag ctgtaacagc tgctacagat acagaatact ttacaaagcc agatggtctg 1020

tggggagaca ctatatttga tgtagaaaat ggacaaaaaa ttataaaaaa tatggaatca 1080

tatgctaagt cagccaaaga aagagggatc aatggagacc ctgctttctg tcacttaaca 1140

ggaatatact cacctccctg gttaacacca gggagaatat ctccagaaac acctggactt 1200

tacacagacg tgacttacaa cccttacgct gacaaaggag tgggcgacag aatatgggtt 1260

gactactgca gtaaaaaagg caacaaatat gacaatacaa gtaaatgcct tttagaagac 1320

atgccactat ggatggtatg ctttggctat gtagactggg taaaaaaaga aaccggcaac 1380

tggggcattc cactatgggc tagagtactt ataagaagcc catatactgt tcccaaacta 1440

tataatgaag cagacccaaa ctatggatgg gtacctattt cttactattt tggagaaggc 1500

aaaatgccaa acggagacat gtacgtacca tttaaaataa gaatgaaatg gtacccttca 1560

atgtggaacc aagagccagt attaaatgac ttagcaaaga gcggaccgtt tgcatacaaa 1620

aacaccaaaa caagtgtgac tgtgactgcc aaatataaat tcacatttaa cttcgggggc 1680

aaccccgtac cctcacagat tgtacaaaat ccctgcacac agcccaccta cgacatcccc 1740

ggcaccggta acctgcctcg cagaacacaa gtcattgacc cgaaagtcct cggtccccac 1800

tattccttcc accggtggga cttcaggcgc ggcctgtttg gctcacaagc tattaagaga 1860

gtgtcagaac aatcaacaac ttctgagttt ttattctcag gcccaaagaa acccagaatc 1920

gatcaaggtc cttacatccc gccagaaaaa ggctcaggtt cactccaaag agaaccgaga 1980

ccgtggagca gctcggagac cgaggcagag acagaagccc cctcggaaga agagccggag 2040

aaccaagaag aacaagtact ccagttgcag ctcagacagc agctccgaga acagcgaaaa 2100

ctcagacagg gaatccagtg cctattcgag caactaataa caactcagca gggggtccac 2160

aaaaacccat tgttagagta g 2181

<210> 206

<211> 2232

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 206

atggcctggg gatggtggaa acgcagacgg cgccgatggt ggagaggcct ctggaggaga 60

cgccgctttg ccagaagacg acctagacgg cctgctcgcc gccctagacg acgaagagta 120

aggagacgca gacggtggag gaggggcga ctaaggaggc gcgtgtacaa caggagacgc 180

aggatcagac gaaagagacg cagacagaaa ctgacaataa gacagtggca gcctgacaaa 240

cgcaggatat gtagaattaa aggctacctt cctgccatta tatatggaga cgggacgttt 300

tctaaaaact atacaagtca cttagaggac agaatctcca aaggaccgtt tgggggaggg 360

cacgggactg ctagaatgtc tcttaaagta ctgtatgacg accacctaaa aggacttaac 420

atatggacgt atagtaacaa ggacttggaa ctggtcagat acatgcacac cacaattaca 480

ttttacagac acccagacac agactttata gcagtataca acagaaaaac accactaggt 540

ggcaacagat acacagcacc ctcactgcac cctggtaaca tgatgctgca gagaactaaa 600

atactaatcc ctagctttaa aaccaaaccc agagggagcg gcaaaattag agtagtaata 660

aaaccccca ctctgttagt agataagtgg tactttcaaa aggacatatg cgacgttaca 720

ctgtttaacc tcaacattac agcagctagc ctgcggtttc cgttctgctc accacaaacg 780

aacaaccctt gtgtaacatt ccaagttctg cattctgtgt atgacaaagc attaggcatt 840

aacacatttg gtaccaaaga aacaccagaa gatcagcaaa tggaagatat taaaaactgg 900

cttaccaaag ctctaaatac tgcaggcttt actgtactaa atacatttag aacagaaggt 960

atatactcac acccacaact aaaaaaacca cctgaaggaa gtaacaaacc tagtgcagaa 1020

cagtactttg ctccactaga cagcttatgg ggagacaaga tatatgtaaa taataatact 1080

agtccttcac aaacagaagc aacaattcca ggtatattag ccagaaatgc ttgcacatac 1140

tatcaaaaag ctaaaacaag cacactaagg cagcacctag gcgctatggc acactgtcac 1200

ctaacaggaa tttttaaccc tgcactacta acacagggca gactatcacc agaatttttt 1260

ggcctataca aagaaattat ttataacccc tatgatgaca aaggcaaagg aaacagaata 1320

tggatagacc cattaacaaa acctgacaac atatttgatg ctagaagtaa agtagaacta 1380

gaagatatgc ctctttggat ggcatgcttt ggatataatg actggtgtaa aaaagagcta 1440

aataactggg gcctagaagt agaatacaga gtactactaa gatgcccttа cacatatcca 1500

aaactgtaca atgatgctaa cccaaactat ggctatgtac ctatatccta caactttagt 1560

gcaggaaaaa ctgtagaagg ggatctttat gttccaataa tgtggagaac taaatggcat 1620

ccaacaatgt acaatcaatc tccagtacta gaagatttag ccatggcagg gccttttgct 1680

ccaaaagaaa aaatacctag cagcacactt acaataaaat acaaagctaa atttatattc 1740

ggggggcaatc ctatatctga acagattgtc aaggacccct gcacccagcc cacctacgaa 1800

attcccggag gcggtacgct ccctcgcaga atacaagtca ttaacccgga atacatcggg 1860

ccacactact cattcaaaag cttcgacatc agacgtgggt actttagcgc gaagagtgtt 1920

aaaagagtgt cagaacaatc agacattact gagtttatat tctcaggtcc aaaaaagcca 1980

aggatcgacc aagacaggta ccaagaagca gaagaacact cagattctcg actccgagaa 2040

gagaaaccgt gggagagctc gcaagaaaca gagagcgaag cccaagaaga agagatacaa 2100

gagacaaaca tccagctcca gctgcagcac cagctcaaag agcaactgca gctcagacgg 2160

ggaatccagt gcctcttcga gcaactaacc aaaacccagc agggagtcca cataaaccct 2220

tccctcgtgt ag 2232

<210> 207

<211> 1812

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 207

atgtctctta aagtactgta tgacgaccac ctaaaaggac ttaacatatg gacgtatagt 60

aacaaggact tggaactggt cagatacatg cacaccacaa ttacatttta cagacaccca 120

gacacagact ttatagcagt atacaacaga aaaacaccac taggtggcaa cagatacaca 180

gcaccctcac tgcaccctgg taacatgatg ctgcagagaa ctaaaatact aatccctagc 240

tttaaaacca aacccagagg gagcggcaaa attagagtag taataaaacc ccccactctg 300

ttagtagata agtggtactt tcaaaaggac atatgcgacg ttacactgtt taacctcaac 360

attacagcag ctagcctgcg gtttccgttc tgctcaccac aaacgaacaa cccttgtgta 420

acattccaag ttctgcattc tgtgtatgac aaagcattag gcattaacac atttggtacc 480

aaagaaacac cagaagatca gcaaatggaa gatattaaaa actggcttac caaagctcta 540

aatactgcag gctttactgt actaaataca tttagaacag aaggtatata ctcacaccca 600

caactaaaaa aaccacctga aggaagtaac aaacctagtg cagaacagta ctttgctcca 660

ctagacagct tatggggaga caagatatat gtaaataata atactagtcc ttcacaaaca 720

gaagcaacaa ttccaggtat actagccaga aatgcttgca catactatca aaaagctaaa 780

acaagcacac taaggcagca cctaggcgct atggcacact gtcacctaac aggaattttt 840

aaccctgcac tactaacaca gggcagacta tcaccagaat tttttggcct atacaaagaa 900

attatttata acccctatga tgacaaaggc aaaggaaaca gaatatggat agacccatta 960

acaaaacctg acaacatatt tgatgctaga agtaaagtag aactagaaga tatgcctctt 1020

tggatggcat gctttggata taatgactgg tgtaaaaaag agctaaataa ctggggccta 1080

gaagtagaat acagagtact actaagatgc ccttacacat atccaaaact gtacaatgat 1140

gctaacccaa actatggcta tgtacctata tcctacaact ttagtgcagg aaaaactgta 1200

gaaggggatc tttatgttcc aataatgtgg agaactaaat ggtatccaac aatgtacgat 1260

caatctccag tactagaaga tttagccatg gcagggcctt ttgctccaaa agaaaaaata 1320

cctagcagca cacttacaat aaaatacaaa gctaaattta tattcggggc aatcctatat 1380

ctgaacagat tgtcaaggac ccctgcaccc agcccaccta cgaaattccc ggaggcggta 1440

cgctccctcg cagaatacaa gtcattaacc cggaatacat cgggccacac tactcattca 1500

aaagcttcga catcagacgt gggtacttta gcgcgaagag tgttaaaaga gtgtcagaac 1560

aatcagacat tactgagttt atattctcag gtccaaaaaa gccaaggatc gaccaagaca 1620

ggtaccaaga agcagaagaa cactcagatt ctcgactccg agaagagaaa ccgtgggaga 1680

gctcgcaaga aacagagagc gaagcccaag aagaagagat acaagagaca aacatccagc 1740

tccagctgca gcaccagctc aaagagcaac tgcagctcag acggggaatc cagtgcctct 1800

tcgagcaact aa 1812

<210> 208

<211> 2199

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 208

atggcctgga gatggtggtg gagacgcagg cgcccgtggc gatggagatg gaggcgaagg 60

agacgaccag ctagacgccg aagacgtaga agacctgctc ggcgtgctag acgacccaga 120

gtaaggagat ggcgcaggcg cagggtgtgg gcgcccaggc catacataag aaggcgcagg 180

cgaagcttcc gtagaaaaaa aattaaaata actcagtgga accccgctgt tactaaaaaa 240

tgtactgtaa ctgggtacct accagttata tactgtggaa ccggggacat aggaaccact 300

tttcagaact ttggctctca tatgaatgag tacaaacagt ataacgctgc gggaggggggc 360

tttagcacaa tgctttttac catgcaaaac ctgtatgaag agtaccaaaa acatagatgc 420

agatggtcta aaagcaatca agacctagac ctgtgtagat atctagactg taaactaaca 480

ttttacagat cccctaacac agactttata gttggctaca atagaaagcc tccctttata 540

gacactcaaa taacaagatg tactttacat ccaggaatgc taatacaaga aagaaaaaaa 600

gtaataatac ctagcttcca aaccaggcca aaaggtagaa taaaacgcaa aattaaagta 660

aggccccca ccttattcac agacaaatgg tactttcaga gagacctctg taaagttcct 720

cttgtaacgg tttccgcttc tgcggcgagc ctgcggtttc cgttcggctc accacaaaca 780

gaaaactatt gcatatactt ccaggtttta gatccctggt accacacccg cctgagcata 840

actggtggaa agccagctga atattggaca cagctaaaag cttatttaac tcaaggctgg 900

ggcaggtcaa caaataatgc aggatatcaa catggtccac taggtactta ctttaataca 960

cttaaaacat cagaacatat tagacaaccc ccagcagata actacaaaca agcaaataaa 1020

gatactacat actatggaag agtagacagt cactggggag atcatgtata ccaacaaaca 1080

ataatacaag ccatggaaga aaaccaaagc aacatgtaca caaaaagagc acttcacaca 1140

ttcttaggca gtcaatatct aaactttaaa tcaggtctat ttagcagtat atttctagat 1200

aatgccagac taagcccaga ctttaaaggt atgtaccaag aagttgttta taacccctttt 1260

aatgacagag gagtaggcaa caaagtatgg gttcagtggt gcacaaacga ggacacaata 1320

tttaaagacc taccaggcag agttcctgtg gtagatttac cattgtggtg cgcgttaatg 1380

ggctactcag actactgcaa aaaatatttc cacgacgatg gcttcttaaa agaggccaga 1440

ataactataa tcagcccata cacaaatcct ccactaatta acaacaaaaa tacaaatgag 1500

ggctttgtac cctacagttt ctactttgga aaaggcagaa tgccagacgg caatgggtac 1560

atacccatag actttagatt taactggtac ccttgcatat ttcaccaaac aaactggata 1620

aatgacatgg ttcaatgcgg acccttgcc taccacggag atgaaaagaa ctgttctctc 1680

actatgaaat acaagtttaa atttctattt gggggcaatc ctatctcaca acagactatc 1740

aaagaccctt gccaacaacc cgactggcaa cttcccggtt ccggtagatt ccctcgcgat 1800

gtacaagtat cgaacccgcg cttgcaaacc gaagggtcca cgttccacgc gtgggacttc 1860

agacggggtt tctatggcaa aagagctatt gaaagactgc agggacaaca agatgatgtt 1920

acatatattg caggacctcc aaaaaggccc cgcttcgagg tcccagccct ggctgccgaa 1980

ggaagctcaa atacacgccg atcagagttg ccatggcaaa cctcagaaga agaaagctcg 2040

caagaagaaa actcagaaga gacagaagaa gaaacctcgt tatcgcagca gctcaagcag 2100

cagtgcatcg agcagaagct cctcaagcga acgctccacc aactcgtcaa gcaattagta 2160

aagacccagt atcacctaca cgcccccatt atccactaa 2199

<210> 209

<211> 2181

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 209

atggcatgga gatggtggaa gcgacggagg cgctggtggt tccgcaagcg gtggacccgt 60

ggcagacttc gcagacgatg gcctcgacca gctcgtcgcc gccctagacg acgaagagta 120

aggagacgca gacggtggag gaggggcga cccagacgca gactgtaccg acgctacaga 180

cgcaaaaaac gtaggagacg aaagcccaaa ataatcttaa aacaatggca gccagacatt 240

gtaaaaagat gctatataat aggctacatt cctgccataa tatgtggggc tggcacctgg 300

tcccacaact acaccagcca cctgttagac attatcccca agggaccctt tggaggaggg 360

cacagcacta tgagattctc cctaaaagta ctctttgaag aacacctcag acacttaaac 420

ttttggacaa aaagcaacca ggacctagaa cttataagat actttagatg ctcctttaaa 480

ttctatagag accaagacac agactacata gtacactaca gcagaaagac tcccctagga 540

ggcaacagac tgacagcacc tagcctacac cccggggtac agatgcttag caaaaacaaa 600

atattagtac ctagctatgc tacaaaaccc aagggtggta gctatgtaaa agtaaccata 660

gcaccccca cactactaac tgacaagtgg tactttagca aagacgtttg tgacacaacc 720

ttggttaact tagacgtcgt actctgcaac ttgcggtttc cgttctgctc accacaaact 780

gacaaccctt gcatcacatt ccaagttctg cattcttact acaacgacta cctctctata 840

gtagacaccg ccttatacaa aaccagcttt gtaaacaatt taagtacaaa actaggtaca 900

acatgggcaa acagactaaa cacatttaga acagaaggct gctactcaca tccaaaattg 960

ctcaaaaaaa cagtaacagc tgcaaatgac accaaatatt ttactacacc agacggactc 1020

tggggagatg cagtatttga tgtttcagac gcaaaaaaac taactaaaaa catggaaagt 1080

tatgctgcct ctgctaacga aagaggcgta caaggagacc ctgccttttg ccacctaaca 1140

ggcatattct cacctccctg gctaacacca ggcagaatat ctcctgaaac cccaggactt 1200

tacacagacg tgacttacaa cccatacgca gacaaaggag tgggcaacag aatatgggtt 1260

gactactgta gtaaaaaagg caataaatat gacaatacaa gtaaatgcgt gttagaagac 1320

atgccactat ggatgttatg ctttggctat gtagactggg taaaaaaaga gactggcaac 1380

tggggcattc cactatgggc cagagtactt ataagaagcc catatactgt cccaaaacta 1440

taccatgaaa acgaccctga ctacggatgg gttccaattt cctactactt tggagaaggc 1500

aaaatgccaa acggagacat gtacgtacca tttaaagtaa gaatgaaatg gtacccttca 1560

atgtggaacc aagagccagt tttaaatgac ttagcaaaga gcggaccgtt tgcatacaag 1620

aacaccaaaa caagcgtgac tgtgactgcc aaatataaat tcacatttaa cttcgggggc 1680

aaccccgtac cctcacagat tgtacaagat ccctgcacac agcccaccta cgacatcccc 1740

ggcaccggta acctgcctcg cagaatacaa gtcattgacc cgaaagtcct cggtccccac 1800

tattccttcc accggtggga cttcaggcgt ggcctctttg gcacacaagc tattaaaaga 1860

gtgtcagaac aatcaacaac ttctgagttt ttattctcag gcccaaagaa acccagaatc 1920

gatcaaggcc cttacatccc gccagaaaaa ggctcaggtt cactccaaag agaatcgaga 1980

ccgtggagca gctcggagac cgaggcagag acagaagccc cctcggaaga ggagccggag 2040

aaccaagaag aacaagtact ccagttgcag ctcagacagc agctccgaga acagcgaaaa 2100

ctcagacagg gaatccagtg cctattcgag caactgataa caacccagca gggggtccac 2160

aaaaacccat tgttagagta g 2181

<210> 210

<211> 2283

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 210

atggcctggt ggggacggtg gagaagatgg cgctggaggc cccgtcgctg gcggcgccgt 60

cgcagacgcc gagtaccaag aagaagagct caacgctctg ttcgacgccg tcgagcaaga 120

agagtaagga ggaggcgatg ggggaggcgg aggtggagac gggggtacag acgcagactg 180

agactaagac gcaaacgcaa acgaaaacgc agacttgtac tgactcagtg gcaccccgct 240

aaagtaagga ggtgcagaat atctggggtc ctacccatga tactgtgcgg tgctggcagg 300

agtagcttta actacgggct gcacagcgat gactttacta aacagaaacc aaacaatcag 360

aacccgcacg gcgggggcat gagcactgtg acttttaacc taaaggtgct ctttgaccaa 420

tacgaaagat ttatgaacaa gtggtcgtac cccaacgacc aactagacct cgccagatac 480

aaaggctgta aattcacctt ctacagacac ccagaagttg actttctagc tcaatatgac 540

aacgttcccc ctatgaaaat ggacgaactg actgccccta acactcaccc cgcactgctg 600

ctacagagca gacacagggt aaagatatac agctggaaaa ccaggccatt tggctctaaa 660

aaagtaacag taaaaatagg acccccccaaa ctgtttgaag acaagtggta cagccagtct 720

gacttgtgca aagtttccct tgtcagttgg cggttaaccg catgtgactt caggtttccg 780

ttctgctcac cacaaactga caacccttgt gtaaccttcc aggtgctagg agaacagtat 840

tacgaagtct ttggaacttc cgtattggac gttcctgcat cctataactc acaaataact 900

acatttgaac aatggctata taaaaaatgc acccactatc aaacattcgc cacagacacc 960

agattagccc cccaaaagaa agcaaccaca tccaccaacc acacatataa ccccagtggc 1020

aacactgaat catcaacatg gacacaaagt aactactcca aatttaaacc aggcaacaca 1080

gacagcaact atggctactg cagttataaa gtagacggcg aaacatttaa ggccattaaa 1140

aattacagaa agcaaagatt caaatggcta accgaataca caggagagaa tcacataaac 1200

agcacatttg caaagggcaa atatgatgaa tacgagtacc acctagggtg gtactctaac 1260

atatttatag gcaaccttag acacaacctg gcattccgct cagcatacat agatgtaact 1320

tacaacccca cagtagacaa aggcaaaggc aacatagtgt ggttccagta cctgacaaaa 1380

cccaccacac agctgataag aacacaggca aaatgcgtta tagaagacct gccactttac 1440

tgtgcctttt ttggctacga ggactatata cagagaacac taggccctta ccaggacata 1500

gagacagtag gcgtcatctg ctttataagc ccctacacag aacctccatg tattagaaaa 1560

gaagagcaaa aaaaggactg gggctttgta ttttatgaca ccaactttgg aaacggaaaa 1620

acaccagagg gcataggcca agttcacccc tactggatgc agaggtggag agtaatggcc 1680

cagtttcaaa aagaaactca aaacagaatt gccaggagcg gaccgtttag ctacagagac 1740

gacataccct cagccacact gactgccaac tacaagttct actttaactg gggggggcgac 1800

tctatatttc cacagattat taagaacccc tgccccgaca ccgggctgcg acccagtggc 1860

catagagagc ctcgctcagt acaagtcgtt agcccgctca ccatgggacc agagttcata 1920

ttccaccgct gggactggcg acgggggttc tataatccaa aagctctcaa acgaatgctt 1980

gaaaaatcag ataatgatgc agagtcttca acaggcccaa aagtgcctcg gtggtttcca 2040

gcacaccacg accaagagca agaaagcgac ttcgattcac aagagacaag gtcgcagtcc 2100

tcgcaagaag aagccgctca agaagccctc caagacgtcc aagagacgtc ggtacagcag 2160

tacctcctca agcagttccg agagcagcgg ctactcggac agcaactccg cctcctcatg 2220

ctccaactca ccaagacgca aagcaatctc cacataaatc cccgtgtcct tgaccatgca 2280

taa 2283

<210> 211

<211> 2220

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 211

atgttctggt ggggatggcg ccgccgatgg tggtggaagc cacggaggcg atggagacgc 60

aggagggcgc gccgcccgag acgagtaccg cgaagacgat atagaagagc tgctcgccgc 120

tatcgaggca gacgagtaag gaggcgccgc gcgggggggct ggcgggggcg acgtagatac 180

tcccgacact atagcagacg actgactgtc aggcgaaaga aaaagaaact gactcttaag 240

atctggcagc cacagaatat caggaaatgt agaataaggg gtctcctgcc cctcctgata 300

tgcgggcaca cccgttcggc ctttaactat gccatccact cggatgacaa gacccccaa 360

caggagagtt tcgggggcgg cctcagcacc gtcagcttct ccttaaaagt actgtttgac 420

cagaaccaga ggggacttaa taggtggtcg gccagcaacg accaactgga ccttgctcgg 480

tacctggggt gcactttctg gttctacaga gacaaaaaga ctgattttat agtgcagtat 540

gatatcagcg ccccttcaa gctggacaaa aacagcagtc ccagctacca ccccttcatg 600

ctcatgaagg caaaacacaa ggtgctaatt cccagctttg acactaaacc caagggcagg 660

gaaaaaatta aagttagaat acagcccccc aaaatgttca tagacaagtg gtacacacaa 720

gaggacctgt gtcccgttat tcttgtgtca cttgcggtta gcgtagcttc ctttacacat 780

ccgttctgct caccacaaac tgccaatcct tgcatcacct tccaggtttt gaaagagttc 840

tattacccag ccatgggcta tggggccccc gaaacaactg tcacttctgt atttaacact 900

ttatatacca cagccaccta ctggcagtct caccttaccc cccagtttgt cagaatgccc 960

accaaaaacc cagacaatac tgaaaacaac caagctcaag cctttaatac ctgggttgat 1020

aaagatttca aaacaggcaa gttagtaaag tataactttc cccagtatgc tccttcaata 1080

gagaaactaa aacaattaag aacatactac tttgaatggg aaactaaaca cactggggtt 1140

gcagcaccac ctacctggac cacccctacc tcagacagat acgagtacca tatgggaatg 1200

ttcagtccca ctttcctcac accgttcagg tcagctggcc tagactttcc cggagcctac 1260

caggacgtca cctacaatcc cctcacagac aaggggggtgg gcaacagaat gtggttccaa 1320

tacaacacca agatagacac tcagttcgac gccaggtcct gcaagtgcgt actagaggac 1380

atgcccctgt acgccatggc ctacgggtat gcagactttt tagagcaaga gataggagag 1440

taccaggacc tagaggccaa cgggtacgtc tgtgtaataa gcccctacac caaaccccca 1500

atgttcaaca aacacaaccc gcaacagggg tacgtattct atgactctca gtggggcaac 1560

ggcaagtgga tagacggaac cgggttcgtg cccgtctact ggctgaccag atggagagta 1620

gagctgctat ttcagaaaaa agtactgtca gacatcgcca tgtcaggccc cttcagctac 1680

ccagacgaac ttaaaaacac tgtactgacg gccaaataca gatttgactt taagtggggt 1740

ggcaatctct tccaccagca gaccattaga aacccctgca aaccagaaga gacctcgacc 1800

ggtagagtcc ctcgcgatgt acaagtcgtt gacccggtca ccatgggccc cagattcgtc 1860

tttcactcct gggactggag gcgagggttc cttagtgaca gagctctcaa aagaatgttt 1920

gaaaaaccgc tcgatcttga gggatttgca gcgtctccaa aacgacctcg catattccct 1980

cccacagagg gacagctcgc ccgagagcaa aaagagcaag aagaaagctc agattcgcag 2040

gaagaaagca gccttacctc gctcgaagaa gtcccggaag agacgaagct acgactccac 2100

ctcagaaagc agctcagaga gcagcgaagc atcagacagc aactccgaac catgttccag 2160

caacttgtca agacgcaagc gggcctacac ctaaaccccc ttttatcttc ccagctgtaa 2220

<210> 212

<211> 2304

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 212

atggcctggc gatggtggtg gcagagacga tggcgccgcc gcccgtggcc ccgcagacgg 60

tggagacgcc tacgacgccg gagacctcga cgacctgttc gccgccgtcg aagacgagca 120

acagtaagga ggcggaggtg gaggggcaga cgtgggcgac gcacatacac ccgacgcgcg 180

gtcagacgca gacgcagacc cagaaagaga tttgtactga ctcagtggag cccccagaca 240

gccagaaact gttcaataag gggcatagtg cccatggtaa tatgcggaca caccagagca 300

ggtagaaact atgcccttca cagcgaggac tttaccactc agataagacc ctttggaggc 360

agcttcagca caaccacctg gtccctaaaa gtactgtggg acgaacacca gaaattccaa 420

aacagatggt cctacccaaa cacacagctg gacctagcca ggtacagggg ggtcaccttc 480

tggttctaca gagaccagaa aacagactat atagtacaat ggagcagaaa tcctcccttt 540

aaactaaaca aatacagcag ccccatgtac caccctggaa tgatgatgca ggcaaaaaag 600

aaactggtgg tccccagttt ccagaccaga cctaaaggca aaaagagata cagagtcaga 660

ataagacccc ccaacatgtt caatgacaag tggtacactc aagaggacct ttgtccagta 720

cctcttgtgc aaattgtggt ttctgcggct acccagacaa aaaagaactg ctcaccacaa 780

acgaacaacc cttgcatcac tttccaggtt ttgaaagaca agtacttaaa ctacatagga 840

gttaactctt ccgagacccg aagaaacagt tataaaactc tacaagagaa actttactca 900

caatgcacat actttcaaac cacacaagtt ttagctcaat tatctccagc atttcagccc 960

gcaaagaaac ctaacagaac caacaactca accagcacaa cactaggcaa caaagtcaca 1020

gacctaaaat ccaacaatgg caaattccac acaggcaaca acccagtgtt tggcatgtgt 1080

tcatataaac ccagcaagga catactatat aaagcaaacg aatggttgtg ggacaatctc 1140

atggttgaaa atgatttaca ttccacatat ggcaaggcaa cccttaaatg catggagtac 1200

cacacaggca tttacagctc catattccta agtcctcaaa ggtccctaga attcccagca 1260

gcataccaag atgtcacata caacccaaac tgtgacagag ccataggcaa ccgtgtatgg 1320

ttccaatatg gcacaaaaat gaacacaaac tttaatgaac aacagtgtaa gtgtgtgtta 1380

acaaacattc ccctgtgggc ggcctttaac ggctacccag actttataga acaagaactc 1440

ggtatcagca cagaggtaca caactttggc atagtatgtt tccagtgccc ctacaccttt 1500

ccccactct atgacaaaaa gaacccagat aaaggctacg tattttatga caccaccttt 1560

gggaacggaa aaatgccaga cgggtcaggc cacattccca tctactggca gcagagatgg 1620

tggatcagac tagcctttca agtacaagtc atgcatgact ttgtactcac tggccccttt 1680

agctacaaag atgacctagc aaacactaca ctaacagcca ggtacaagtt cagattcaaa 1740

tggggcggta atatcatccc cgaacagatt atcaagaacc cgtgtaagag agaacagtcc 1800

ctcggttcct accccgatag acaacgtcgc gacctacaag ttgttgaccc atcaaccatg 1860

ggcccgatct acaccttcca cacatgggac tggcgacggg ggctttttgg tgcagatgct 1920

atccagagag tgtcacaaaa accggaagat gctctccgct ttacaaaccc tttcaagaga 1980

cccagatatc ttcccccgac agacggagaa gactaccgac aagaagaaga cttcgcttta 2040

caggaaagaa gacggcgcac atccacagaa gaagtccagg acgaggagag ccccccgcaa 2100

aacgcgccgc tcctacagca gcagcagcag cagcgggagc tctcagtcca gcacgcggag 2160

cagcagcgac tcggagtcca actccgatac atcctccaag aagtcctcaa aacgcaagcg 2220

ggtctccacc taaacccccc attattaggc ccgccacaaa caaggtgtat atctttgagc 2280

cccccagagg cctactcccc atag 2304

<210> 213

<211> 2313

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 213

atggcagcct ggtggtgggg caggcggaga cgctggcgca ggtggaggcg ccgccgcctc 60

cctcgccgcc gccgctggcg acggaggaga cggtggccca gaagacgcag gcggagatgg 120

ccgcgcagac gcagacgtcg cagacctgct cgccgcccta gaaggagacg cagacgccga 180

agggtaagga gacctcgccg gcgccaaaaa ctggtactga ctcagtggaa ccctcagaca 240

gttagaaagt gcattatcag agggttcgtg ccgctgttcc agtgcagcag aactgcctac 300

cacaggaact ttgtagacca catggacgac gtgtacacca cgggtccctt cgggggcggc 360

acggggtcca tgcttttcac cctgagcttc ttctaccacg agtttaaaaa gcaccactgc 420

aagtggtccg ccagcaacag agactttgac ttgtgtagat acaggggcac ggttctaaag 480

ttttatagac atccagacgt agactacata gtttggctga acagaaaccc ccctttccag 540

gaaaacctat tagacgccat gagcagacag cccctcataa tgttacagac tcacaagtgc 600

atactggtga ggagctttaa aacgcacccc aggggaccct cgtacgtcag aatgaaagtt 660

agacccccga gactacttac agacaagtgg tactttcagt cagacttctg caacgttccg 720

ctttccagc tacagtttgc tcttgcggaa ctgcggtttc cgatcggctc accacaaacg 780

aacaccactt gtgtaaactt cctggtgtta gataacaggt accacttatt tttagataac 840

aaaccacaac agtcagacaa ctcacaaaga gaagagaggg ggcacggtta tccctttaac 900

ggtagtgagg gagaagctga tagactaaaa ttctggcaca gtttgtggaa tacaggcaga 960

ttcctaaaca ccactcacat taacacccta cagccaaaca tctctaaatt acaagaacat 1020

aaagctgaag acacagaggc aaaaactacc tataaaagtt taattaacgg taacaaaaag 1080

gtatataacg atagtcaata catgcaaaac gtttgggcac aaaacaaaat aaataccctt 1140

tatgaggcta tagcagaaga acaatacaga aaaatacaaa agtactataa caccacatac 1200

gggcagtacc aaaggcaact atttacaggc aagaagtact gggactacag agtaggcatg 1260

ttcagtccca ccttcctaag tcccagcaga ctaaatccag agatgccagg tgcctacaca 1320

gagatagcct ataacccctg gacagacgag ggcacgggca acgttgtgtg cctgcagtac 1380

ctaacaaaag aaacctcaga ctacaagcca cacgcaggta gcaaattcac catagaggac 1440

gtacccctgt ggatagccat gaatgggtac gtggacatat gtaaaaaaga gggcaaagat 1500

ccaggcataa gactaaactg ccttatgtgt ataaggtgcc cgtacaccag gcccaaactt 1560

tacaacccca gataccccaa agaactgttt gtagtgtact cttacaactt tgcccacggg 1620

cgcatgcccg ggggggacaa atacataccc atggagttta aggacaggtg gtacccgtcg 1680

ctcatgcacc aggaagaggt catagaggac atagtcagga gcggcccctt tgccctaaaa 1740

gaccagacag agatggttac ttgcatgatg aggtactcgg ccctgtttaa ctggggcggt 1800

aatattatcc gcgaacaggc cgtggaagac ccctgtaaaa agaacacctt tgcccttccc 1860

ggagccagtg gagtcgctcg cctactacaa gtcagcaacc cgatcaggca gacccccagc 1920

accacctggc actcgtggga ctggagaagg tccctcttta cacaaacggg tattaaaaga 1980

atgcgcgaac aacaaccgta tgatgaaatt acttatgcag ggcctaagag gccaaaactc 2040

acagttcccg caggacccac cctcgctgcc ggagacgcct acaactactg ggaaagaaaa 2100

ccgctcacct cgcccggaga gacgctcccg acccagacgg agacagagac agaagcccca 2160

gaggaagaag cccagcaaga agaagtccag gagggcctcc agctccagca gctctgggag 2220

cagcaactcc agcaaaagcg acagctggga gtcatgttcc agcaactcct ccgactcaga 2280

acgggggcgg aaatacaccc ggccctcgca tag 2313

<210> 214

<211> 2313

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 214

atggcagcct ggtggtgggg caggcggaga cgctggcgca ggtggaggcg ccgccgcctc 60

cctcgccgcc gccgctggcg acggaggaga cggtggccca gaagacgcag gcggagatgg 120

ccgcgcagac gcagacgtcg cagacctgct cgccgcccta gaaggagacg cagacgccga 180

agggtaagga gacctcgccg gcgccaaaaa ctggtactga ctcagtggaa ccctcagaca 240

gttagaaagt gcattatcag agggttcgtg ccgctgttcc agtgcagcag aactgcctgc 300

cacaggaact ttgtagacca catggacgac gtgtacacca cgggtccctt cgggggcggc 360

acggggtcca tgcttttcac cctgagcttc ttctaccacg agtttaaaaa gcaccactgc 420

aagtggtccg ccagcaacag agactttgac ttgtgtagat acaggggcac ggttctaaag 480

ttttatagac atccagacgt agactacata gtttggctga acagaaaccc ccctttccag 540

gaaaacctat tagacgccat gagcagacag cccctcataa tgttacagac tcacaagtgc 600

atactggtga ggagctttaa aacgcacccc aggggaccct cgtacgtcag aatgaaagtt 660

agacccccga gactacttac agacaagtgg tactttcagt cagacttctg caacgttccg 720

cttttccagc tacagtttgc tcttgcggaa ctgcggtttc cgatcggctc accacaaacg 780

aacaccactt gtgtaaactt cctggtgtta gataacaggt accacttatt tttagataac 840

aaaccacaac agtcagagaa cctacaaaga aaagagaggg ggcacggtta ttcctttacg 900

ggtaatgagg gagaagttga tagactaaaa ttctggcaca gtttgtggaa tacaggcaga 960

ttcctaaaca ccactcacat taacacccta ctgccaaaca tctctaaatt acaagaacat 1020

aaagctgaag acagacaggc aaatgctaag tataaaaatt taattaacgg taacaaaaag 1080

gtatataacg atagtcaata catgcaaaac gtttgggaag aaaacaaaat aaataccctt 1140

tatgacgcta tagcagaaga acaatacaga aaaatacaaa agtactataa caccacatac 1200

gggcagtacc aaaggcaact atttacaggc aagaagtact gggactacag agtaggcatg 1260

ttcagtccca ccttcctaag tcccagcaga ctaaatccag agatgccagg tgcctacaca 1320

gagatagcct ataacccctg gacagacgag ggcacgggca acgttgtgtg cctgcagtac 1380

ctaacaaaag aaacctcaga ctacaagcca cacgcaggta gcaaattcac catagaggac 1440

gtacccctgt ggatagccat gaacgggtac gtggacatat gtaaaaaaga gggcaaagat 1500

ccaggcataa gactaaactg ccttatgtgt ataaggtgtc cgtacaccag gcccaaactt 1560

tacaacccca gataccccga agaactgttt gtagtgtact cttacaactt tgcccacggg 1620

cgcatgcccg ggggggacaa atacataccc atggagttta aggacaggtg gtacccgtcg 1680

ctcatgcacc aggaagaggt catagaggac atagtcagga gcggcccctt tgccctaaaa 1740

gaccagacag agatggttac ttgcatgatg aggtactcgg ccctgtttaa ctggggcggt 1800

aatattatcc gcgaacaggc cgtggaagac ccctgtaaaa agaacacctt tgcccttccc 1860

ggagccagtg gagtcgctcg cctactacaa gtcagcaacc cgatcaggca gacccccagc 1920

accacctggc actcgtggga ctggagaagg tccctcttta cacaaacggg tattaaaaga 1980

atgcgcgaac aacaaccgta tgatgaaatt acttatgcag ggcctaagag gccaaaactc 2040

acagttcccg cagggcccac cctcgctgcc ggagacgcct acaactactg ggaaagaaaa 2100

ccgctcacct cgcccggaga gacgctcccg acccagacgg atacagagac agaagcccca 2160

gaggaagaag cccagcaaga agaagtccag gagggcctcc agctccagca gctctgggag 2220

cagcaactcc agcaaaagcg acagctggga gtcatgttcc agcaactcct ccgactcaga 2280

acgggggcgg aaatacaccc ggccctcgca tag 2313

<210> 215

<211> 2313

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 215

atggcagcct ggtggtgggg caggcggaga cgctggcgca ggtggaggcg ccgccgcctc 60

cctcgccgcc gccgctggcg acggaggaga cggtggccca gaagacgcag gcggagatgg 120

ccgcgcagac gcagacgtcg cagacctgct cgccgcccta gaaggagacg cagacgccga 180

agggtaagga gacctcgccg gcgccaaaaa ctggtactga ctcagtggaa ccctcagaca 240

gttagaaagt gcattatcag agggttcgtg ccgctgttcc agtgcagcag aactgcctac 300

cacaggaact ttgtagacca catggacgac gtgtacacca cgggtccctt cgggggcggc 360

acggggtcca tgcttttcac cctgagcttc ttctaccacg agtttaaaaa gcaccactgc 420

aagtggtccg ccagcaacag agactttgac ttgtgtagat acaggggcac ggttctaaag 480

ttttatagac atccagacgt agactacata gtttggctga acagaaaccc ccctttccag 540

gaagacctat tagacgccat gagcagacag cccctcataa tgttacagac tcacaagtgc 600

atactggtga ggagctttaa aacgcacccc aggggaccct cgtacgtcag aatgaaagtt 660

agacccccga gactacttac agacaagtgg tactttcagt cggacttctg caacgttccg 720

cttttccagc tacagtttgc tcttgcggaa ctgcggtttc cgatcggctc accacaaacg 780

aacaccactt gtgtaaactt cctggtgtta gataacaggt accacttatt tttagataac 840

aaaccacaac agtcagacaa cccacaaaga aaagagaggg ggcacggtta ttcctttacg 900

ggtaatgagg gagaaatgga tagagaaaga ttctggcaca gtttgtggag tacaggcaga 960

ttcctaaaca ccactcacat taacacccta ctgccaaaca tctctaaatt acaagaccat 1020

aaagctgaag acaaagacgc aaaaactacc tataaaagtt taattaacga taacaaaaag 1080

gtatataacg atagtcaata catgcaaaac gtttgggacc aaaacaaaat acataccctt 1140

tatatggcta tagcagaaga acaatacaga aaaatacaaa agtactataa caccacatac 1200

gggcagtacc aaaggcaact atttacaggc aagaagtact gggactacag agtaggcatg 1260

ttcagtccca ccttcctaag tcccagcaga ctaaatccag agatgccagg tgcctacaca 1320

gagatagcct ataacccctg gacagacgag ggcacgggca acgttgtgtg cctgcagtac 1380

ctaacaaaag aaacctcaga ctacaagcca cacgcaggta gcaaattcac catagaggac 1440

gtacccctgt ggatagccat gaacgggtac gtggacatat gtaaaaaaga gggcaaagat 1500

ccaggcataa gactaaactg ccttatgtgt ataaggtgtc cgtacaccag gcccaaactt 1560

tacaacccca gataccccga agaactgttt gtagtgtact cttacaactt tgcccacggg 1620

cgcatgcccg ggggggacaa atacataccc atggagttta aggacaggtg gtacccgtcg 1680

ctcatgcacc aggaagaggt catagaggac atagtcagga gcagcccctt tgccctaaaa 1740

gaccagacag agatggttac ttgcatgatg aggtactcgg ccctgtttaa ctggggcggt 1800

aatattatcc gcgaacaggc cgtggaagac ccctgtaaaa agaacacctt tgcccttccc 1860

ggagccagtg gagtcgctcg cctactacaa gtcagcaacc cgatcaggca gacccccagc 1920

accacctggc actcgtggga ctggagaagg tccctcttta cacaaacggg tattaaaaga 1980

atgcgcgaac aacaaccgta tgatgaaatt acttatgcag ggcctaagag gccaaaactc 2040

acagttcccg cagggcccac cctcgctgcc ggagacgcct acaactactg ggaaagaaaa 2100

ccgctcacct cgcccggaga gacgctcccg acccagacgg agacagagac agaagcccca 2160

gaggaagaag cccagcaaga agaagtccag gagggcctcc agctccagca gctctgggag 2220

cagcaactcc agcaaaagcg acagctggga gtcatgttcc agcaactcct ccggctcaga 2280

acgggggcgg aaatacaccc ggccctcgca tag 2313

<210> 216

<211> 2313

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 216

atggcagcct ggtggtgggg caggcggaga cgctggcgca ggtggaggcg ccgccgcctc 60

cctcgccgcc gccgctggcg acggaggaga cggtggccca gaagacgcag gcggagatgg 120

ccgcgcagac gcagacgtcg cagacctgct cgccgcccta gaaggagacg cagacgccga 180

agggtaagga gacctcgccg gcgccaaaaa ctggtactga ctcagtggaa ccctcagaca 240

gttagaaagt gcattatcag agggttcgtg ccgctgttcc agtgcagcag aactgcctac 300

cacaggaact ttgtagacca catggacgac gtgtacacca cgggtccctt cgggggcggc 360

gcggggtcca tgcttttcac cctgagcttc ttctaccacg agtttaaaaa gcaccactgc 420

aagtggtccg ccagcaacag agactttgac ttgagtagat acaggggcgc ggttctaaag 480

ttctatagac atccagacgt agactacata gtttggctga acagaaaccc ccctttccag 540

gaaaacctat tagacgccat gagcagacag cccctcataa tgttacagac tcacaagtgc 600

atactggtga ggagctttaa aacgcacccc aggggaccct cgtacgtcag aatgaaagtt 660

agacccccga gactacttac agacaagtgg tactttcagt cagacttctg caacgttccg 720

cttttccagc tacagtttgc tcttgcggaa ctgcggtttc cgatcggctc accacaaacg 780

aacaccactt gtgtaaactt cctggtgtta gacaacaggt accactcatt tttagataac 840

aaaccacaac agtcagagaa ctcacaaaga aaagagaggg ggcacggtta ttcctttacg 900

ggtaaagagg gagaacagga tagactaaca ttctggcaga gtttgtggaa tacaggcaga 960

ttcctaaaca ccactcacat taacacccta ctgccaaaca tctctaaatt acaagaccat 1020

aaagctgaag acacagacgc aaatcctgac tataaaagtt taattaacgg taacaaaaag 1080

gtatataacg atagtcaata catgcaaaac gtttggcaac aaggcaaaat aaataccctt 1140

tgtaacgcta tagcacagga acaatacaga aaaatacaaa agtactataa caccacatac 1200

gggcagtacc aaaggcaact atttacaggc aagaaatact gggactacag agtaggcacg 1260

ttcagtccca ccttcctaag tcccagcaga ctaaatccag agatgccagg tgcctacaca 1320

gagatagcct ataacccctg gacagacgag ggcacgggca acgttgtgtg cctgcagtac 1380

ctaacaaaag aaacctcaga ctacaagcca cacgcaggta gcaaattcac catagaggac 1440

gtacccctgt ggatagccat gaacgggtac gtggacatat gtaaaaaaga gggcaaagat 1500

ccaggcataa gactaaactg ccttatgtgt ataaggtgtc cgtacaccag gcccaaactt 1560

tacaacccca gataccccga agaactgttt gtagtgtact cttacaactt tagccacggg 1620

cgcatgcccg ggggggacaa atacataccc atggagttta aggacaggtg gtacccgtcg 1680

ctcatgcacc aggaagaggt catagaggac atagtcagga gcggcccctt tgccctaaaa 1740

gaccagacag acatggttac ttgcatgatg aggtactcgg ccctgtttaa ctggggcggt 1800

aatattatcc gcgaacaggc cgtggaagac ccctgtaaaa agaacacctt tgcccttccc 1860

ggagccagtg gagtcgctcg cctactacaa gtcagcaacc cgatcaggca gacccccagc 1920

accacctggc actcgtggga ctggagaagg tccctcttta cacaaacggg tattaaaaga 1980

atgcgcgaac aacaaccgta tgatgaaatt acttatgcag ggcctaagag gccaaaactc 2040

acagttcccg cagggcccac cctcgctgcc ggagacgcct acaactactg ggaaagaaaa 2100

ccgctcacct cgcccggaga gacgctcccg acccagacgg agacagagac agaagcccca 2160

gaggaagaag cccagcaaga agaagtccag gagggcctcc agctccagca gctatgggag 2220

cagcaactcc agcaaaagcg acagctggga gtcatgttcc agcaactcct ccgactcaga 2280

acgggggcgg aaatacaccc ggccctcgca tag 2313

<210> 217

<211> 2313

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 217

atggcagcct ggtggtgggg caggcggaga cgctggcgca ggtggaggcg ccgccgcctc 60

cctcgccgcc gccgctggcg acggaggaga cggtggccca gaagacgcag gcggagatgg 120

ccgcgcagac gcagacgtcg cagacctgct cgccgcccta gaaggagacg cagacgccga 180

agggtaagga gacctcgccg gcgccaaaaa ctggtactga ctcagtggaa ccctcagaca 240

gttagaaagt gcattatcag agggttcgtg ccgctgttcc agtgcagcag aactgcctac 300

cacaggaact ttgtagacca catggacgac gtgtacacca cgggtccctt cgggggcggc 360

acggggtcca tgcttttcac cctgagcttc ttctaccacg agtttaaaaa gcaccactgc 420

aagtggtccg ccagcaacag agactttgac ttgtgtagat acaggggcac ggttctaaag 480

ttttatagac atccagacgt agactacata gtttggctga acagaaaccc ccctttccag 540

gaaaacctat tagacgccat gagcagacag cccctcataa tgttacagac tcacaagtgc 600

atactggtga ggagctttaa aacgcacccc aggggaccct cgtacgtcag aatgaaagtt 660

agacccccga gactacttac agacaagtgg tactttcagt cagacttctg caacgttccg 720

cttttccagc tacagtttgc tcttgcggaa ctgcggtttc cgatcggctc accacaaacg 780

aacaccactt gtgtaaactt cctggtgtta gataacaggt accacttatt tttagataac 840

aaaccacgac agtcagagaa cttacaaaga aaagagaggg ggcacggtta tgtctttacg 900

ggtaatgagg gagaagatga tagactaaaa ttctggcaca gtttgtggag tacaggcaga 960

ttcctaaaca ccactcacat taacacccta ctgccaaaca tctctaaatt acaagaccat 1020

gaagctgaag acacacaggc aaaaactgac tataaaagtt taattaacgg taacaaaaag 1080

gtatataacg atagtcaata catgcaagac gtttgggaac aaaagaaaat acaaaccctt 1140

tataaggtta tagcagaaga acaatacaga aaaatagaaa agtactataa caccacatac 1200

gggcagtacc aaaggcaact atttacaggc aagaagtact gggactacag agtaggcatg 1260

ttcagtccca ccttcctaag tcccagcaga ctaaatccag agatgccagg tgcctacaca 1320

gagatagcct ataacccctg gacagacgag ggcacgggca acgttgtgtg cctgcagtac 1380

ctaacaaaag aaacctcaga ctacaagcca cacgcaggta gcaaattcac catagaggac 1440

gtacccctgt ggatagccat gaacgggtac gtggacatat gtaaaaaaga gggcaaagat 1500

ccaggcataa gactaaactg ccttatgtgt ataaggtgtc cgtacaccag gcccaaactt 1560

tacaacccca gataccccga agaactgttt gtagtgtact cttacaactt tgcccacggg 1620

cgcatgcccg ggggggacaa atacataccc atggagttta aggacaggtg gtacccgtcg 1680

ctcatgcacc aggaagaggt catagaggac atagtcagga gcggcccctt tgccctaaaa 1740

gaccagacag agatggttac ttgcatgatg aggtactcgg ccctgtttaa ctggggcggt 1800

aatattatcc gcgaacaggc cgtggaagac ccctgtaaaa agaacacctt tgcccttccc 1860

ggagccagtg gagtcgctcg cctactacaa gtcagcaacc cgatcaggca gacccccagc 1920

accacctggc actcgtggga ctggagaagg tccctcttta cacaaacggg tattaaaaga 1980

atgcgcgaac aacaaccgta tgatgaaatt acttatgcag ggcctaagag gccaaaactc 2040

acagttcccg cagggcccac cctcgctgcc ggagacgcct acaactactg ggaaagaaaa 2100

ccgctcacct cgcccggaga gacgctcccg acccagacgg agacagagac agaagcccca 2160

gaggaagaag cccagcaaga agaagtccag gagggcctcc agctccagca gctctgggag 2220

cagcaactcc agcaaaagcg acagctggga gtcatgttcc agcaactcct ccgactcaga 2280

acgggggcgg aaatacaccc ggccctcgca tag 2313

<210> 218

<211> 2211

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 218

atggctgcct ggtggtgggg caggaggcgg cgatggcgcc ggtggagacg gcgccgtctc 60

cctcgccgcc gccgctggcg acggaggaga cggtggccca ggaggcgtag gcggagatgg 120

ccgcggagac gcagacgtcg cggacctgct cgccgcctta gaaggagacg tcgacgcaga 180

agggtaagga gacctcgccg gcgccaaaaa ctcgtactga ctcagtggaa cccccagacc 240

cagagaaagt gcgtggtcag ggggtttctg cccctgttct tttgcggaca gggagcctat 300

cacagaaact ttgtggaaca catggacgac gtgttcccca agggaccctc gggaggggggc 360

tttggcagca tggtgtggaa cctagatttt ttgtaccaag agtttaaaaa gcatcacaac 420

aagtggtctt ccagcaacag ggactttgac ctagtgaggt gccacggcac ggtgattaaa 480

ttctacagac actctgactt tgactacctg gtgcacgtca ccaggacccc tcctttcaag 540

gaggacctcc tcaccatcgt cagccaccag ccggggctca tgatgcagaa ctacaggtgc 600

atactcgtaa agagttacaa gacgcacccc ggggggcgac cctacataac acctaaaata 660

aggccccca gactcctgac ggacaagtgg tactttcggc ccgacttctg cggagttcct 720

cttttcaaac tgtacgttac tcttgcagag ttgcggtttc cgatctgctc accacaaact 780

gacaccaatt gtgtcacctt cctggtgtta gacaacacct actacgacta cttagacaat 840

actgcagaca ccactagaga ccatgaaaga cagcagaaat ggacaaacat gaaaatgaca 900

cccagatacc atctcaccag tcacataaat acattgttta gtggaacaca acagatgcaa 960

agcgcaaaag aaacaggcaa agacagtcag tttagagaaa acatctggaa aacagctgag 1020

gttgttaaaa ttattaaaga tatagcctca aaaaacatgc aaaaacaaca aacctactac 1080

acaaaaacct atggcgccta tgccacccag tattttactg gaaaacaata ctgggactgg 1140

agggtgggcc tgttcagccc catattcctc agtcccagca gactgaaccc acaagagcca 1200

ggggcctaca cagaaatagc ttacaatcca tggactgacg agggcacggg caacatagtg 1260

tgcattcagt acctaacaaa gaaagacagt cactacaagc cgggtgccgg tagcaaattc 1320

gcagtgacgg acgttcccct gtgggccgcc ctgttcgggt actacgacca gtgtaagaaa 1380

gaaagcaaag acgcgaacat aagactaaac cgcttgctgt tagtcaggtg cccttacacc 1440

aggcctaaac tgtacaatcc cagagacccg gaccaactgt ttgtaatgta cagctacaac 1500

tttgggcacg gacgcatgcc ggggggcgac aagtacgtgc ccatggaatt taaggacagg 1560

tggtacccgt gcatgctgca ccaagaagaa gtagtggagg agatagtaag gtgcgggccc 1620

tttgctccca aagacatgac tccctcggta acatgcatgg ccagatactc atccctgttc 1680

acctgggggg gcaatatcat tcgcgaacag gccgtggagg acccctgtaa aaaatccacg 1740

tttgccattc ccggagccgg tggactcgct cgcattctac aagtcagcaa cccgcagagg 1800

caagccccca ccaccacctg gcactcgtgg ggctggcgcc gatccctctt tacagagacg 1860

ggtcttaagc gaatgcagga acaacaacct tacgatgaaa tgtcctatac aggccctaaa 1920

aggccaaaac tgtctgttcc cccagcagca gaaggaaacc tcgctgcagg aggaggctta 1980

ttcttcaggg acggaaaaca gcctgcctcg ccaggaggca gtctcccgac gcagtcggag 2040

acagaagcag aagccgaaga cgaagaagcc caccaagaag agacggagga gggagcgcag 2100

ctccagcagc tctgggagca gcaactccaa cagaagcgag agctgggaat cgttttccaa 2160

cacctcctcc gactccgaca gggggcggaa atccacccgg gcctcgtata a 2211

<210> 219

<211> 2211

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 219

atggctgcyt ggtggtgggg caggaggcgg cgatggcgcc ggtggagacg gcgccgtytc 60

cctcgccgcc gccgctggcg acggaggaga cggtggccca ggaggcgtag gcggagatgg 120

ccgcggagac gcagacgtcg cagacctgct cgccgcctta gaaggagacg tcgacgcaga 180

agggtaagga gacctcgccg gcgccaaaaa ctcgtactga ctcagtggaa cccccagacc 240

cagagaaagt gcgtggtcag ggggtttctg cccctgttct tctgcggaca gggagcctat 300

cacagaaact ttgtggaaca catggacgac gtgttcccca agggaccctc gggagggggc 360

tttggcagca tggtgtggaa cctagatttt ttgtaccaag agtttaaaaa gcatcacaac 420

aggtggtctt ccagcaacag ggactttgac ctagtgaggt accacggcac ggtgattaaa 480

ttctacagac actctgactt tgactacctg gtgcacgtca ccaggacccc tcctttcaag 540

gaggacctcc tcaccatcgt cagccaccag ccggggctca tgatgcagaa ctacaggtgc 600

atactcgtaa agagttacaa gacgcacccc ggggggcgac cctacataac acttaaaata 660

aggccccca gactcctgac ggacaagtgg tactttcagc ccgacttctg cggagttcct 720

cttttcaaac tgtacgttac tcttgcagag ttgcggtttc cgatctgctc accacaaact 780

gacaccaatt gtgtcacctt cctggtgtta gacaacacct actacgacta cttagacagt 840

actgcagaca ccactagaga caatgaaaga caccagaaat ggaaaaacat gataatgaca 900

cccagatacc atctcaccag tcacataaat acattgttta gtggaacaca acagatgcaa 960

aacgcaaaag aaacaggcaa agacagtcag tttagagaaa acatctggaa aacagaagag 1020

gttgttaaaa ttattcacga tatagcctct agaaacatgc aaaaacaaat aacctactac 1080

acaaaaacct atggcgccta tgccacccag tattttactg gaaaacaata ctgggactgg 1140

agggtgggcc tgttcagccc catattcctc agtcccagca gactgaaccc acaagagcca 1200

ggggcctaca cagaaatagc ttacaatcca tggactgacg agggcacggg caacatagtg 1260

tgcattcagt acctaacaaa gaaagacagt cactacaagc cgggtgccgg tagcaaattc 1320

gcagtgacgg acgttcccct gtgggccgcc ctgttcgggt actacgacca gtgtaagaaa 1380

gaaagcaaag acgcgaacat aagactaaac tgcttgctgt tagtcaggtg cccttacacc 1440

aggcctaaac tgtacaatcc cagagacccg gaccaactgt ttgtaatgta cagctacaac 1500

tttgggcacg gacgcatgcc gggggggcgac aagtacgtgc ccatggaatt taaggacagg 1560

tggtacccgt gcatgctgca ccaagaagaa gtagtggagg agatagtaag gtgcgggccc 1620

tttgctccca aagacatgac tccctcggta acatgcatgg ccagatactc atccctgttc 1680

acctgggggg gcaatatcat tcgcgaacag gccgtggagg acccctgtaa aaaatccacg 1740

tttgccattc ccggagccgg tggactcgct cgcattctac aagtcagcaa cccgcagagg 1800

caagccccca cgaccacgtg gcacttgtgg gactggcgcc gatccctctt tacagagacg 1860
ggtcttaagc gaatgcagga acaacaacct tacgatgaaa tgtcttatac aggccctaaa 1920
aggccaaaac tgtccgttcc cccagcagca gaaggaaacc tcgctgcagg aggaggctta 1980
ttcttccggg acagaaaaca gcccacctcg ccaggaggca gtctcccgac gcagtcggag 2040
acagaagcag aagcggaaga cgaagaagcc caccaagaag agacggagga gggagcgcag 2100
ctccagcagc tctgggagca gcaactccaa cagaagcgag agctgggaat cgttttccaa 2160
cacctcctcc gactccgaca gggggcggaa atccacccgg gcctcgtata a 2211

<210> 220
<211> 2202
<212> DNA
<213> Torque teno virus
<400> 220
atggcatggt ggtggtggag aaggagacgc cgcccgtgga gaaggcgctg gcgctggaag 60
agacgagccc gagtacgaac caggagacct agacgcgctg ttcgccgccg tcgaagaaga 120
gtaaggaggc ggaggagggg gtggaggaga ctatacagac gatggcgacg aaagggcaga 180
cgcagacgca gacgcaaaaa gttagtaatg aaacagtgga acccctccac tgtcagcaga 240
tgctatattg ttggatacct gcctattatt attatgggac aggggactgc atccatgaac 300
tatgcatctc actcagacga cgtgtactac cccggaccgt ttgggggggg aataagctct 360

atgaggttta ctttaagaat actgtatgac cagtttatga gaggacagaa cttctggact 420
aagacaaacg aggacttgga cctagctaga tttctaggca gcaaatggag gttctataga 480
cacaaagatg tggactttat agtgacttac gagacctcag ccccctttac agactcccta 540
gagtcaggac cacaccaaca cccaggcata cagatgctaa tgaaaaacaa aatactaatc 600
cctagctttg ccaccaaacc aaaaggaagg tctagcatta aagttagaat acagccccca 660
aagctaatga tagacaagtg gtacccacaa actgacttct gtgaagtaac gctgctaacc 720
atacatgcaa ccgcctgcaa cttgcggttt ccgttctgct caccacaaac tgacacttcc 780

tgtgttcagt ttcaagtgtt gtcatacaac gcttacaggc agagaatttc aatacttcct 840
gaattatgta ctagagaaaa gcttagggag tttattaaac aagtagtaaa accaaattta 900
acatgcataa acactctagc tactccatgg tgctttaaat tcccagagct agacaaacta 960
ccaccagtgg caaacaatgc aacaggctgg tcagttaacc cagatagcgg agacggagat 1020
gtaatatacc aggaaactac attagaaacc aaatggattg ctaacaatga tgtgtggcat 1080

acaaaagacc aaagagcaca caacaacata catagccaat atggcatgcc acaatcagac 1140

gcattagaac acaaaacagg ttacttcagt ccagcattat taagcccaca aagactaaac 1200

ccacagatac caggcctata cataaacata gtctacaatc cactaacaga caaaggagaa 1260

ggcaacaaaa tttggtgtga cccactaaca aaaaacacat ttggctatga tccccctaaa 1320

agtaaattcc ttatagaaaa tctgccactg tggtctgcag taacaggata cgtagactac 1380

tgcacgaaag ccagcaaaga tgaaagcttt aaatacaact acagagtact tatccagacc 1440

ccatacacag taccagcact atacagtgac tctgaaacca ccaaaaacag aggctacatt 1500

cccataggca cagactttgc atacggccgc atgcctgggg gagtacaaca aataccaatt 1560

agatggagaa tgaggtggta ccccatgcta tttaatcaac aaccagtact agaagaccta 1620

ttccagtcag gccccttgc ataccaagga gatgctaaat cagccacact agtcggcaaa 1680

tatgccttta aatggctatg gggtggcaat cgtatcttcc aacaggtggt cagagacccg 1740

cgctcacacc agcaagacca atcagttggt cccagtagac agcctagagc agtacaagtc 1800

tttgacccga agtaccaagc accacaatgg acattccacg cgtgggacat cagacgtggt 1860

ctgtttggca gacaggctat taaaagagtg tcagcaaaac caacacctga tgagcttata 1920

tcaacaggcc caaaaagacc tcggctggaa gtccccgcgt tccaagaaga gcaagaaaaa 1980

gacttacttt tcagacagag aaaacacaaa gcctgggagg acacaacgga ggaagagaca 2040

gaagcccct cagaagagga ggaagagaac caagagctcc agctcgtcag acgcctccag 2100

cagcaacgag agctgggacg aggcctcaga tgcctcttcc agcaactaac ccgcacacag 2160

atggggctgc atgtagaccc ccaactattg gcccctgtat aa 2202

<210> 221

<211> 2235

<212> DNA

<213> Torque teno virus 10

<400> 221

atggcatggg gatggtggaa acgaaggcgc aagtggtggt ggagacgacg ctggactcgt 60

ggccgacttc gcaaacgacg ggctagacga gctggtcgcc gccctcgacg aagaagagta 120

aggagacgga gggcttggag gcgtgggcga cgaaagagac ggactttcag acgcagacgc 180

agacgaaagg gtaggagaca cagaaccaga cttataataa gacaatggca gccagaaata 240

gtgagaaagt gcctcataat aggctacttt cccatgatta tatgtggcca gggacgctgg 300

tcagagaact acagcagcca cctagaggac cgtgtagtaa aacaggcctt cggtggggga 360

cacgcgacta ccaggtggtc tctaaaagta ctgtacgagg agaacctcag acacttgaac 420

ttttggacct ggactaacag agacttagaa ctggccaggt acctcaaagt gacgtggacc 480

ttttacagac accaagatgt agactttata atatacttta acagaaagag ccccatggga 540

ggcaacatat acacagcacc catgatgcat ccgggagccc taatgctcag caaacacaag 600

atactagtaa aaagctttaa aacaaaaccc aagggcaaag caacagttaa agtgactatt 660

aagccccca ctctactagt agacaagtgg tactttcaaa aggacatttg cgacatgaca 720

ctgttaaacc tcaatgccgt tgcggctgac ttgcggtttc cgttctgctc accacaaact 780

gacaaccctt gcatcaactt ccaggttctg tcctcagtgt ataacaactt cctctctata 840

actgacaata gactaacacc agtcacagat gatggccagg cttattataa agcttttcta 900

gacgctgcat ttaccaaaga cagagacttt aatgctgtta atacgtttag aacaatatct 960

aacttttccc acccacaact agaacttcca actaaaacca ccaacacatc ccaagatcaa 1020

tactttaaca ctctagatgg gtactgggga gaccccatat atgtacacac acaaaatata 1080

aaacctgacc aaaaccttga taaatgcaaa gaaatactta caaacaacat gaaaaactgg 1140

cataaaaaag taaagtcaga aaacccaagt agcctgaacc acagctgctt tgcccacaat 1200

gtaggcatat tcagcagctc attcctatcc gcaggcagac tagcaccaga agttccaggc 1260

ctgtacacag atgttattta caacccatac acagacaagg gaaagggaaa catgctatgg 1320

gtggattact gtagcaaagg agacaaccta tacaaagaag gccaaagcaa gtgtctactt 1380

gccaacctac ccctctggat ggccacaaac ggttatatag actgggtaaa aaaagaaaca 1440

gataactggg ttataaacac tcaagccaga gtactcatgg tatgtcccta cacttaccca 1500

aaactatacc atgaaataca gccattatat ggctttgtag tatactcata taactttgga 1560

gagggaaaaa tgccaaacgg ggccacatac atacccttta agtttagaaa caagtggtat 1620

ccaaccatat acatgcagca agcagtacta gaagatatat ccagatcggg ccccttgca 1680

cttaaacaac agatacccag cgccacactt actgccaaat acaaattcaa attcttattt 1740

ggcggtaacc ctacttctga acaggttgtt agagacccct gcactcagcc caccttcgaa 1800

ctgcccggag ccagtacgca gcctccacga atacaagtca cggacccgaa actcctcggt 1860

ccccactact cattccactc gtgggacctc agacgtggct actatagcac aaagagtatt 1920

aaacgaatgt cagaacacga agaaccttct gagtttattt tcccaggtcc caaaaaaccc 1980

agggtcgacc tcgggccaat ccaacagcaa gaaaggccct ccgattcact ccaaagagaa 2040

tcgaggccgt gggagaccag cgaagaagag agcgaagcag aagtccagca agaagagacg 2100

gaggaggtgc ccctcagaca gcaactcctc cacaacctca gagagcagca gcaactccga 2160

aagggcctcc agtgcgtctt ccagcagcta ataaagacgc agcaggggtt tcacatagac 2220

ccatccctac tgtag 2235

<210> 222

<211> 660

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 222

atggcgtggt cgtggtggtg gaggcgacgg aaacgctggt ggccgcgcag aaggaggcga 60

tggaggagat ttcgcacccg aagagctaga cgagctgttc cgcgccgtcg ccgccgacga 120

agagtaagga ggcgccggtg ggggaggcga ggacgtagga gacgggtttt ttataagaga 180

cgcagacgaa agactggcag actgtacaga aagcccaaaa agaaactagt actgactcag 240

tggcacccca ctaccgtccg caactgctcc atccgaggcc ttgtgcctct agtactctgc 300

ggacacactc agggcggcag aaactttgct ctcaggagcg atgactaccc caagcagggg 360

tctccttacg gaggcagttt tagcactaca acctggaact tgagggtcct ttttgacgaa 420

caccaaaaac accacaacac gtggagctac cccaataacc agctagacct gggcagatac 480

aagggctgca ccttctgctt ttacagaggc aaaaagacgg actacatagt aaagtttcag 540

aggaggggac cctttaaaat aaacaagtac agcagtccca tggcccatcc gggcatgatg 600

atgctagata agatgaaaat cctggtgccc agctttgata ccaggcccgg gggtcgctga 660

<210> 223

<211> 660

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 223

atggcgtggt cgtggtggtg gaggcgacgg aaacgctggt ggccgcgcag aaggaggcga 60

tggaggagat ttcgcacccg aagagctaga cgagctgttc cgcgccgtcg ccgccgacga 120

agagtaagga ggcgccggtg ggggaggcga ggacgtagga gacgggtttt ttataagaga 180

cgcagacgaa agactggcag actgtacaga aagcccaaaa agaaactagt actgactcag 240

tggcacccca ctaccgtccg caactgctcc atccgaggcc ttgtgcctct agtactctgc 300

ggacacactc agggcggcag aaactttgct ctcaggagcg atgactaccc caagcagggg 360

tctccttacg gaggcagttt tagcactaca acctggaact tgagggtcct ttttgacgaa 420

caccaaaaac accacaacac gtggagctac cccaataacc agctagacct gggcagatac 480

aagggctgca ccttctgctt ttacagaggc aaaaagacgg actacatagt aaagtttcag 540

aggaggggac cctttaaaat aaacaagtac agcagtccca tggcccatcc gggcatgatg 600

atgctagata agatgaaaat cctggtgccc agctttgata ccaggcccgg gggtcgctga 660

<210> 224

<211> 660

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 224

atggcgtggt cgtggtggtg gaggcgacgg aaacgctggt ggccgcgcag aaggaggcga 60

tggaggagat ttcgcacccg aagagctaga cgagctgttc cgcgccgtcg ccgccgacga 120

agagtaagga ggcgccggtg ggggaggcga agacgtagga gacgggtttt ttataagaga 180

cgcagacgaa agactggcag actgtacaga aagcccaaaa agaaactagt actgactcag 240

tggcacccca ctaccgtccg caactgctcc atccgaggcc ttgtgcctct agtactctgc 300

ggacacactc agggcggcag aaactttgct ctcaggagcg atgactaccc caagcagggg 360

tctccttacg gaggcagttt tagcactaca acctggaact tgagggtcct ttttgacgaa 420

caccaaaaac accacaacac gtggagctac cccaataacc agctagacct gggcagatac 480

aagggctgca ccttctactt ttacagagac aaaaagacag actacatagt aaagtttcag 540

aggaggggac cctttaaaat aaacaagtac agcagtccca tggcccatcc gggcatgatg 600

atgctagata agatgaaaat cctggtgccc agctttgata ccaggcccgg gggtcgctga 660

<210> 225

<211> 660

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 225

atggcgtggt cgtggtggtg gaggcgacgg aaacgctggt ggccgcgcag aaggaggcga 60

tggaggagat ttcgcacccg aagagctaga cgagctgttc cgcgccgtcg ccgccgacga 120

agagtaagga ggcgccggtg ggggaggcga agacgtagga gacgggtttt ttataagaga 180

cgcagacgaa agactggcag actgtacaga aagcccaaaa agaaactagt actgactcag 240

tggcacccca ctaccgtccg caactgctcc atccgaggcc ttgtgcctct agtactctgc 300

ggacacactc agggcggcag aaactttgct ctcaggagcg atgactaccc caagcagggg 360

tctccttacg gaggcagttt tagcactaca acctggaact tgagggtcct ttttgacgaa 420

caccaaaaac accacaacac gtggagctac cccaataacc agctagacct gggcagatac 480

aagggctgca ccttctactt ttacagagac aaaaagacag actacatagt aaagtttcag 540

aggaggggac cctttaaaat aaacaagtac agcagtccca tggcccatcc gggcatgatg 600

atgctagata agatgaaaat cctggtgccc agctttgata ccaggcccgg gggtcgctga 660

<210> 226

<211> 1410

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 226

atgtactatg gctgcatagg aattaattcc actttaacaa ccaagtatga aaacttattt 60

aataaactat attccaaatg ctgctacttt gaaacctttc aaacaatagc ccagctaaat 120

cctggcttta aagctgctaa aaagactact aatggttctg gttctacagc tgcaacacta 180

ggagacgcag taactgaact taaaaaccca aatggtactt tttacacagg caacaatagc 240

acctttggct gctgcacata taaacccact aaacaaatag gtagtaatgc caataagtgg 300

ttctggcatc agttaacagc cacagattca gacacactag gccaatacgg ccgtgcctcc 360

attcagtata tggagtacca cacaggcatt tacagctcaa tttttcttag cccactaaga 420

agcaatctag aactccctac agcataccaa gatgtaacat ataatccact aactgacaga 480

ggtataggta acagaatctg gtaccagtac agtaccaaag aaaacactac atttaatgaa 540

acacagtgca aatgtgtact atcagacttg ccactgtgga gcatgtttta tggctatgta 600

gattttatag agtcagaact aggcatctca gcagagatac acaactttgg catagtatgt 660

gtccagtgcc cctacacgtt tcccccaatg tttgacaaat ccaaaccaga taaaggctac 720

gtgttctatg acacccttt tggcaacgga aagatgccag acgggagcgg acacgtaccc 780

acctactggc agcagaggtg gtggcccaga ttcagcttcc agagacaagt gatgcacgac 840

attatcctca ccgggccctt cagctacaaa gatgactctg taatgactgg cataaccgca 900

ggctacaagt ttaaattctc atggggcggt gatatggtct ccgaacaggt cattaaaaac 960

ccagagagag gggacggacg agactccacc tatcccgata gacagcgccg cgactcacaa 1020

gttgttgacc cacgctccat gggcccccaa tgggtgttcc acacctttga ctacagacgg 1080

gggctttttg gaaaggacgc tattaagcga gtgtcagaaa aaccgacaga tcctgactac 1140

tttacaacac cttacaaaaa accaagattt ttccctccaa cagcaggaga agaaaaactg 1200

caagaagaag actccgcttt acaggagaaa agaagcccgc tctcgtcaga agaggggcag 1260

acgagggcgc aagtcctcca gcagcaggtc ctccagtcgg agctccagca gcagcaggag 1320

ctcggggagc agctcagatt cctcctcagg gaaatgttca aaacccaagc gggcatacac 1380

atgaaccccc gcgcatttca ggagctgtaa 1410

<210> 227

<211> 1410

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 227

atgtactatg gctgcatagg aattaattcc actttaacaa ccaagtatga aaacttattt 60

aataaactat attccaaatg ctgctacttt gaaacctttc aaacaatagc ccagctaaat 120

cctggcttta aagctgctaa aaagactact aatggttctg gttctacagc tgcaacacta 180

ggagacgcag taactgaact taaaaaccca aatggtactt tttacacagg caacaatagc 240

acctttggct gctgcacata taaacccact aaacaaatag gtagtaatgc caataagtgg 300

ttctggcatc agttaacagc cacagattca gacacactag gccaatacgg ccgtgcctcc 360

attcagtata tggagtacca cacaggcatt tacagctcaa tttttcttag cccactaaga 420

agcaatctag aactccctac agcataccaa gatgtaacat ataatccact aactgacaga 480

ggtataggta acagaatctg gtaccagtac agtaccaaag aaaacactac atttaatgaa 540

acacagtgca aatgtgtact atcagacttg ccactgtgga gcatgtttta tggctatgta 600

gattttatag agtcagaact aggcatctca gcagagatac acaactttgg catagtatgt 660

gtccagtgcc cctacacgtt tcccccaatg tttgacaaat ccaaaccaga taaaggctac 720

gtgttctatg acacccttt tggcaacgga aagatgccag acgggagcgg acacgtaccc 780

acctactggc agcagaggtg gtggcccaga ttcagcttcc agagacaagt gatgcacgac 840

attatcctca ccgggccctt cagctacaaa gatgactctg taatgactgg cataaccgca 900

ggctacaagt ttaaattctc atggggcggt gatatggtct ccgaacaggt cattaaaaac 960

ccagagagag gggacggacg agactccacc tatcccgata gacagcgccg cgactcacaa 1020

gttgttgacc cacgctccat gggcccccaa tgggtgttcc acacctttga ctacagacgg 1080

gggctttttg gaaaggacgc tattaagcga gtgtcagaaa aaccgacaga tcctgactac 1140

tttacaacac cttacaaaaa accaagattt ttccctccaa cagcaggaga agaaaaactg 1200

caagaagaag actccgcttt acaggagaaa agaagcccgc tctcgtcaga agaggggcag 1260

acgagggcgc aagtcctcca gcagcaggtc ctccagtcgg agctccagca gcagcaggag 1320

ctcggggagc agctcagatt cctcctcagg gaaatgttca aaacccaagc gggcatacac 1380

atgaaccccc gcgcatttca ggagctgtaa 1410

<210> 228

<211> 1410

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 228

atgtactatg actgcatagg aattaattcc actttaacaa ccaagtatga aaacttattt 60

aataaactat attccaaatg ctgctacttt gaaacctttc aaacaatagc ccagctaaat 120

cctggcttta aagctgctaa aaagactact aatggttctg gttctacagc tgcaacacta 180

ggagacgcag taactgaact taaaaaccca aatggtactt tttacacagg caacaatagc 240

acctttggct gctgcacata taaacccact aaacaaatag gtagtaatgc caataagtgg 300

ttctggcatc agttaacagc cacagattca gacacactag gccaatacgg ccgtgcctcc 360

attcagtata tggagtacca cacaggcatt tacagctcaa tttttcttag cccactaaga 420

agcaatctag aattccctac agcataccaa gatgtaacat ataatccact aactgacaga 480

ggtataggta acagaatctg gtaccagtac agtaccaaag aaaacactac atttaatgaa 540

acacagtgca aatgtgtact atcagacttg ccactgtgga gcatgtttta tggctatgta 600

gattttatag agtcagaact aggcatctca gcagagatac acaactttgg catagtatgt 660

gtccagtgcc cctacacgtt tcccccaatg tttgacaaat ccaaaccaga taaaggctac 720

gtgttctatg acacccttt tggcaacgga aagatgccag acgggagcgg acacgtaccc 780

acctactggc agcagaggtg gtggcccaga ttcagcttcc agagacaagt gatgcacgac 840

attatcctca ccgggccctt cagctacaaa gatgactctg taatgactgg cataaccgca 900

ggctacaagt ttaaattctc atggggcggt gatatggtct ccgaacaggt cattaaaaac 960

tcagagagag gggacggacg agactccacc tatcccgata gacagcgccg cgacttacaa 1020

gttgttgacc cacgctccat gggcccccaa tgggtattcc acacctttga ctacagacgg 1080

gggctttttg gaaaggacgc tattaagcga gtgtcagaaa aaccgacaga tcctgactac 1140

tttacaacac cttacaaaaa accaagattt ttccctccaa cagcaggaga agaaaaactg 1200

caagaagaag actccgcttt acaggagaaa agaagcccgc tctcgtcaga agaggggcag 1260

acgagggcgc aagtcctcca gcagcaggtc ctccagtcgg agctccagca gcagcaggag 1320

ctcggggagc agctcagatt cctcctcagg gaaatgttca aaacccaagc gggcatacac 1380

atgaaccccc gcgcatttca ggagctgtaa 1410

<210> 229

<211> 1410

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 229

atgtactatg actgcatagg aattaattcc actttaacaa ccaagtatga aaacttattt 60

aataaactat attccaaatg ctgctacttt gaaacctttc aaacaatagc ccagctaaat 120

cctggcttta aagctgctaa aaagactact aatggttctg gttctacagc tgcaacacta 180

ggagacgcag taactgaact taaaaaccca aatggtactt tttacacagg caacaatagc 240

acctttggct gctgcacata taaacccact aaacaaatag gtagtaatgc caataagtgg 300

ttctggcatc agttaacagc cacagattca gacacactag gccaatacgg ccgtgcctcc 360

attcagtata tggagtacca cacaggcatt tacagctcaa tttttcttag cccactaaga 420

agcaatctag aattccctac agcataccaa gatgtaacat ataatccact aactgacaga 480

ggtataggta acagaatctg gtaccagtac agtaccaaag aaaacactac atttaatgaa 540

acacagtgca aatgtgtact atcagacttg ccactgtgga gcatgtttta tggctatgta 600

gattttatag agtcagaact aggcatctca gcagagatac acaactttgg catagtatgt 660

gtccagtgcc cctacacgtt tcccccaatg tttgacaaat ccaaaccaga taaaggctac 720

gtgttctatg acacccttttt tggcaacgga aagatgccag acgggagcgg acacgtaccc 780

acctactggc agcagaggtg gtggcccaga ttcagcttcc agagacaagt gatgcacgac 840

attatcctca ccgggccctt cagctacaaa gatgactctg taatgactgg cataaccgca 900

ggctacaagt ttaaattctc atggggcggt gatatggtct ccgaacaggt cattaaaaac 960

tcagagagag gggacggacg agactccacc tatcccgata gacagcgccg cgacttacaa 1020

gttgttgacc cacgctccat gggccccccaa tgggtattcc acacctttga ctacagacgg 1080

gggctttttg gaaaggacgc tattaagcga gtgtcagaaa aaccgacaga tcctgactac 1140

tttacaacac cttacaaaaa accaagattt ttccctccaa cagcaggaga agaaaaactg 1200

caagaagaag actccgcttt acaggagaaa agaagcccgc tctcgtcaga agaggggcag 1260

acgagggcgc aagtcctcca gcagcaggtc ctccagtcgg agctccagca gcagcaggag 1320

ctcggggagc agctcagatt cctcctcagg gaaatgttca aaacccaagc gggcatacac 1380

atgaaccccc gcgcatttca ggagctgtaa 1410

<210> 230

<211> 770

<212> PRT

<213> Torque teno virus

<400> 230

Met Ala Tyr Gly Trp Trp Arg Arg Arg Arg Arg Arg Trp Arg Arg Trp

1 5 10 15

Arg Pro Arg Pro Trp Arg Pro Arg Trp Arg Thr Arg Arg Arg Arg Pro
20 25 30
Ala Arg Arg Arg Gly His Arg Arg Asn Val Arg Arg Arg Arg Arg Gly
35 40 45

Gly Arg Trp Arg Arg Arg Tyr Arg Arg Trp Lys Arg Lys Gly Arg Arg
50 55 60
Arg Lys Lys Ala Lys Ile Ile Ile Arg Gln Trp Gln Pro Asn Tyr Arg
65 70 75 80
Arg Arg Cys Asn Ile Val Gly Tyr Ile Pro Val Leu Ile Cys Gly Glu
85 90 95
Asn Thr Val Ser Arg Asn Tyr Ala Thr His Ser Asp Asp Thr Asn Tyr
100 105 110

Pro Gly Pro Phe Gly Gly Gly Met Thr Thr Asp Lys Phe Thr Leu Arg
115 120 125
Ile Leu Tyr Asp Glu Tyr Lys Arg Phe Met Asn Tyr Trp Thr Ala Ser
130 135 140
Asn Glu Asp Leu Asp Leu Cys Arg Tyr Leu Gly Val Asn Leu Tyr Phe
145 150 155 160
Phe Arg His Pro Asp Val Asp Phe Ile Ile Lys Ile Asn Thr Met Pro
165 170 175

Pro Phe Leu Asp Thr Glu Leu Thr Ala Pro Arg Leu His Pro Gly Met
180 185 190
Leu Ala Leu Asp Lys Arg Ala Arg Trp Ile Pro Ser Leu Lys Ser Ile
195 200 205
Pro Gly Lys Lys His Tyr Ile Lys Ile Arg Val Gly Ala Pro Lys Met
210 215 220
Phe Thr Asp Lys Trp Tyr Pro Gln Thr Asp Leu Cys Asp Met Val Leu
225 230 235 240

Leu Thr Val Tyr Ala Thr Ala Ala Asp Ile Pro Tyr Pro Phe Gly Ser
245 250 255
Pro Leu Thr Asp Ser Val Val Val Asn Phe Gln Val Leu Gln Ser Met

260 265 270

Tyr Asp Lys Tyr Ile Ser Ile Leu Pro Asp Gln Lys Ser Gln Ser Lys

275 280 285

Ser Leu Leu Ser Asn Ile Ala Asn Tyr Ile Pro Phe Tyr Asn Thr Thr

290 295 300

Gln Thr Ile Ala Gln Leu Lys Pro Phe Ile Asp Ala Gly Asn Ile Thr

305 310 315 320

Ser Gly Thr Ala Ala Thr Thr Trp Gly Ser Tyr Ile Asn Thr Thr Lys

325 330 335

Phe Thr Thr Thr Ala Thr Thr Thr Tyr Thr Tyr Pro Gly Thr Thr Thr

340 345 350

Asn Thr Val Thr Met Tyr Ser Ser Asn Asp Ser Trp Tyr Arg Gly Thr

355 360 365

Val Tyr Asn Asn Gln Ile Lys Glu Leu Pro Lys Lys Ala Ala Glu Leu

370 375 380

Tyr Ser Lys Ala Thr Lys Thr Leu Leu Gly Asn Thr Phe Thr Thr Glu

385 390 395 400

Asp Cys Thr Leu Glu Tyr His Gly Gly Leu Tyr Ser Ser Ile Trp Leu

405 410 415

Ser Pro Gly Arg Ser Tyr Phe Glu Thr Pro Gly Ala Tyr Thr Asp Ile

420 425 430

Lys Tyr Asn Pro Phe Thr Asp Arg Gly Glu Gly Asn Met Leu Trp Ile

435 440 445

Asp Trp Leu Ser Lys Lys Asn Met Asn Tyr Asp Lys Val Gln Ser Lys

450 455 460

Cys Leu Val Ser Asp Leu Pro Leu Trp Ala Ser Ala Tyr Gly Tyr Val

465 470 475 480

Glu Phe Cys Ala Lys Ser Thr Gly Asp Gln Asn Ile His Met Asn Ala

485 490 495

Arg Leu Leu Ile Arg Ser Pro Phe Thr Asp Pro Gln Leu Leu Val His

500 505 510

Thr Asp Pro Thr Lys Gly Phe Val Pro Tyr Ser Leu Asn Phe Gly Asn
515 520 525

Gly Lys Met Pro Gly Gly Ser Ser Asn Val Pro Ile Arg Met Arg Ala
530 535 540

Lys Trp Tyr Pro Thr Leu Phe His Gln Gln Glu Val Leu Glu Ala Leu
545 550 555 560

Ala Gln Ser Gly Pro Phe Ala Tyr His Ser Asp Ile Lys Glu Val Ser
565 570 575

Leu Gly Met Lys Tyr Arg Phe Lys Trp Ile Trp Gly Gly Asn Pro Val
580 585 590

Arg Gln Gln Val Val Arg Asn Pro Cys Lys Glu Thr His Ser Ser Gly
595 600 605

Asn Arg Val Pro Arg Ser Leu Gln Ile Val Asp Pro Lys Tyr Asn Ser
610 615 620

Pro Glu Leu Thr Phe His Thr Trp Asp Phe Arg Arg Gly Leu Phe Gly
625 630 635 640

Pro Lys Ala Ile Gln Arg Met Gln Gln Gln Pro Thr Thr Thr Asp Ile
645 650 655

Phe Ser Ala Gly Arg Lys Arg Pro Arg Arg Asp Thr Glu Val Tyr His
660 665 670

Ser Ser Gln Glu Gly Glu Gln Lys Glu Ser Leu Leu Phe Pro Pro Val
675 680 685

Lys Leu Leu Arg Arg Val Pro Pro Trp Glu Asp Ser Gln Gln Glu Glu
690 695 700

Ser Gly Ser Gln Ser Ser Glu Glu Glu Thr Gln Thr Val Ser Gln Gln
705 710 715 720

Leu Lys Gln Gln Leu Gln Gln Gln Gln Ile Leu Gly Val Lys Leu Arg
725 730 735

Leu Leu Phe Asp Gln Val Gln Lys Ile Gln Gln Asn Gln Asp Ile Asn
740 745 750

Pro Thr Leu Leu Pro Arg Gly Gly Asp Leu Ala Ser Leu Phe Gln Ile

755 760 765

Ala Pro

770

<210> 231

<211> 770

<212> PRT

<213> Torque teno virus

<400> 231

Met Ala Tyr Gly Leu Trp Arg Arg Arg Arg Arg Arg Trp Lys Arg Trp
1 5 10 15

Arg Arg Arg Arg Trp Arg Arg Arg Trp Arg Thr Arg Arg Arg Arg Pro
20 25 30

Ala Gly Arg Arg Arg Arg Arg Arg Thr Val Arg Arg Arg Arg Arg Arg

35 40 45

Gly Arg Trp Arg Arg Arg Tyr Arg Arg Trp Arg Arg Lys Gly Arg Arg
50 55 60

Arg Lys Lys Lys Lys Leu Ile Ile Arg Gln Trp Gln Pro Asn Tyr Thr
65 70 75 80

Arg Lys Cys Asn Ile Val Gly Tyr Met Pro Val Ile Met Cys Gly Glu
85 90 95

Asn Thr Val Ser Arg Asn Tyr Ala Thr His Ser Asp Asp Thr Asn Tyr

100 105 110

Pro Gly Pro Phe Gly Gly Gly Met Thr Thr Asp Lys Phe Thr Leu Arg
115 120 125

Ile Leu Tyr Asp Trp Tyr Lys Arg Phe Met Asn Tyr Trp Thr Ala Ser
130 135 140

Asn Glu Asp Leu Asp Leu Cys Arg Tyr Leu Gly Val Asn Leu Tyr Phe
145 150 155 160

Phe Arg His Pro Asp Val Asp Phe Ile Ile Lys Ile Asn Thr Met Pro

165 170 175

Pro Phe Leu Asp Thr Glu Leu Thr Ala Pro Ser Ile His Pro Gly Met
180 185 190

Leu Ala Leu Asp Glu Arg Ala Arg Trp Ile Pro Ser Leu Lys Ser Arg

195 200 205

Pro Gly Lys Lys His Tyr Ile Lys Ile Arg Val Gly Ala Pro Lys Met

210 215 220

Phe Thr Asp Lys Trp Tyr Pro Gln Thr Asp Leu Cys Asp Met Val Leu

225 230 235 240

Leu Thr Val Tyr Ala Thr Ala Ala Asp Met Gln Tyr Pro Phe Gly Tyr

245 250 255

Pro Leu Thr Asp Ser Val Val Val Asn Phe Gln Val Leu Gln Ser Met

260 265 270

Tyr Asp Lys Tyr Ile Ser Ile Leu Pro Asp Gln Lys Ser Gln Arg Glu

275 280 285

Ser Leu Leu Ser Asn Ile Ala Asn Tyr Ile Pro Phe Tyr Asn Thr Thr

290 295 300

Gln Thr Ile Ala Gln Leu Lys Pro Phe Ile Asp Ala Gly Asn Ile Thr

305 310 315 320

Ser Gly Thr Thr Ala Thr Thr Trp Gly Ser Tyr Ile Asn Thr Thr Lys

325 330 335

Phe Thr Thr Thr Ala Thr Thr Thr Tyr Thr Tyr Pro Gly Thr Thr Thr

340 345 350

Asn Thr Val Thr Met Leu Thr Ser Asn Asp Ser Trp Tyr Arg Gly Thr

355 360 365

Val Tyr Asn Asn Gln Ile Lys Glu Leu Pro Lys Lys Ala Ala Glu Leu

370 375 380

Tyr Ser Lys Ala Thr Lys Thr Leu Leu Gly Asn Thr Phe Thr Thr Glu

385 390 395 400

Asp Cys Thr Leu Glu Tyr His Gly Gly Leu Tyr Ser Ser Ile Trp Leu

405 410 415

Ser Pro Gly Arg Ser Tyr Phe Glu Thr Pro Gly Ala Tyr Thr Asp Met

420 425 430

Lys Tyr Asn Pro Phe Thr Asp Arg Gly Glu Gly Asn Met Leu Trp Ile

435 440 445

Asp Trp Leu Ser Lys Lys Asn Met Asn Tyr Asp Lys Val Gln Ser Lys

450 455 460

Cys Leu Val Ser Asp Leu Pro Leu Trp Ala Ala Ala Tyr Gly Tyr Leu

465 470 475 480

Glu Phe Cys Ser Lys Ser Thr Gly Asp Thr Asn Ile His Met Asn Ala

485 490 495

Arg Leu Leu Ile Arg Ser Pro Phe Thr Asp Pro Gln Leu Ile Ala His

500 505 510

Thr Asp Pro Thr Lys Gly Phe Val Pro Tyr Ser Leu Asn Phe Gly Asn

515 520 525

Gly Lys Met Pro Gly Gly Ser Ser Asn Val Pro Ile Arg Met Arg Ala

530 535 540

Lys Trp Tyr Pro Thr Leu Phe His Gln Gln Glu Val Leu Glu Ala Leu

545 550 555 560

Ala Gln Ser Gly Pro Phe Ala Tyr His Ser Asp Ile Lys Lys Val Ser

565 570 575

Leu Gly Ile Lys Tyr Arg Phe Lys Trp Ile Trp Gly Gly Asn Pro Val

580 585 590

Arg Gln Gln Val Val Arg Asn Pro Cys Lys Glu Pro His Ser Ser Val

595 600 605

Asn Arg Val Pro Arg Ser Ile Gln Ile Val Asp Pro Lys Tyr Asn Ser

610 615 620

Pro Glu Leu Thr Ile His Ala Trp Asp Phe Arg Arg Gly Phe Phe Gly

625 630 635 640

Pro Lys Ala Ile Gln Arg Met Gln Gln Gln Pro Thr Ala Thr Glu Phe

645 650 655

Phe Ser Ala Gly Arg Lys Arg Pro Arg Arg Asp Thr Glu Val Tyr Gln

660 665 670

Ser Asp Gln Glu Lys Glu Gln Lys Glu Ser Ser Leu Phe Pro Pro Val

675 680 685

Lys Leu Leu Arg Arg Val Pro Pro Trp Glu Asp Ser Glu Gln Glu Gln
690 695 700
Ser Gly Ser Gln Ser Ser Glu Glu Glu Thr His Thr Val Ser Gln Gln
705 710 715 720
Leu Lys Gln Gln Leu Gln Gln Gln Arg Ile Leu Gly Val Lys Leu Arg
725 730 735
Val Leu Phe His Gln Val His Lys Ile Gln Gln Asn Gln His Ile Asn

740 745 750
Pro Thr Leu Leu Pro Arg Gly Gly Ala Leu Ala Ser Leu Ser Gln Ile
755 760 765
Ala Pro
770

<210> 232
<211> 770
<212> PRT
<213> Torque teno virus
<400> 232
Met Ala Tyr Gly Leu Trp His Arg Arg Arg Arg Arg Trp Arg Arg Trp
1 5 10 15
Lys Arg Thr Pro Trp Lys Arg Arg Trp Arg Thr Arg Arg Arg Arg Pro
20 25 30

Ala Arg Arg Arg Gly Arg Arg Arg Asn Val Arg Arg Arg Arg Arg Gly
35 40 45
Gly Arg Trp Arg Arg Arg Tyr Arg Arg Trp Lys Arg Lys Gly Arg Arg
50 55 60
Arg Lys Lys Ala Lys Ile Ile Ile Arg Gln Trp Gln Pro Asn Tyr Arg
65 70 75 80
Arg Arg Cys Asn Ile Val Gly Tyr Ile Pro Val Leu Ile Cys Gly Glu
85 90 95

Asn Thr Val Ser Arg Asn Tyr Ala Thr His Ser Asp Asp Thr Asn Tyr
100 105 110
Pro Gly Pro Phe Gly Gly Gly Met Thr Thr Asp Lys Phe Thr Leu Arg

115 120 125

Ile Leu Cys Asp Glu Tyr Lys Arg Phe Met Asn Tyr Trp Thr Ala Ser

130 135 140

Asn Glu Asp Leu Asp Leu Cys Arg Tyr Leu Gly Val Asn Leu Tyr Phe

145 150 155 160

Phe Arg His Pro Asp Val Asp Phe Ile Ile Lys Ile Asn Thr Met Pro

165 170 175

Pro Phe Leu Asp Thr Glu Leu Thr Ala Pro Ser Ile His Pro Gly Met

180 185 190

Leu Ala Leu Asp Lys Arg Ala Arg Trp Ile Pro Ser Leu Lys Ser Arg

195 200 205

Pro Gly Lys Lys His Tyr Ile Lys Ile Arg Val Gly Ala Pro Lys Met

210 215 220

Phe Thr Asp Lys Trp Tyr Pro Gln Thr Asp Leu Cys Asp Met Val Leu

225 230 235 240

Leu Thr Val Tyr Ala Thr Thr Ala Asp Met Gln Tyr Pro Phe Gly Ser

245 250 255

Pro Leu Thr Asp Ser Val Val Val Asn Phe Gln Val Leu Gln Ser Met

260 265 270

Tyr Asp Lys Thr Ile Ser Ile Leu Pro Asp Glu Lys Ser Gln Arg Glu

275 280 285

Ile Leu Leu Asn Lys Ile Ala Ser Tyr Ile Pro Phe Tyr Asn Thr Thr

290 295 300

Gln Thr Ile Ala Gln Leu Lys Pro Phe Ile Asp Ala Gly Asn Val Thr

305 310 315 320

Ser Gly Ala Thr Ala Thr Thr Trp Ala Ser Tyr Ile Asn Thr Thr Lys

325 330 335

Phe Thr Thr Ala Thr Thr Thr Thr Tyr Ala Tyr Pro Gly Thr Asn Arg

340 345 350

Pro Pro Val Thr Met Leu Thr Cys Asn Asp Ser Trp Tyr Arg Gly Thr

355 360 365

Val Tyr Asn Thr Gln Ile Gln Gln Leu Pro Ile Lys Ala Ala Lys Leu
370 375 380
Tyr Leu Glu Ala Thr Lys Thr Leu Leu Gly Asn Asn Phe Thr Asn Glu
385 390 395 400
Asp Tyr Thr Leu Glu Tyr His Gly Gly Leu Tyr Ser Ser Ile Trp Leu
405 410 415

Ser Pro Gly Arg Ser Tyr Phe Glu Thr Thr Gly Ala Tyr Thr Asp Ile
420 425 430
Lys Tyr Asn Pro Phe Thr Asp Arg Gly Glu Gly Asn Met Leu Trp Ile
435 440 445
Asp Trp Leu Ser Lys Lys Asn Met Asn Tyr Asp Lys Val Gln Ser Lys
450 455 460
Cys Leu Val Arg Asp Leu Pro Leu Trp Ala Ala Ala Tyr Gly Tyr Val
465 470 475 480

Glu Phe Cys Ala Lys Ser Thr Gly Asp Lys Asn Ile Tyr Met Asn Ala
485 490 495
Arg Leu Leu Ile Arg Ser Pro Phe Thr Asp Pro Gln Leu Leu Val His
500 505 510
Thr Asp Pro Thr Lys Gly Phe Val Pro Tyr Ser Leu Asn Phe Gly Asn
515 520 525
Gly Lys Met Pro Gly Gly Ser Ser Asn Val Pro Ile Arg Met Arg Ala
530 535 540

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

Asn Arg Val Pro Arg Ser Leu Gln Ile Val Asp Pro Lys Tyr Asn Ser

610 615 620

Pro Glu Leu Thr Phe His Thr Trp Asp Phe Arg Arg Gly Leu Phe Gly

625 630 635 640

Pro Arg Ala Ile Gln Arg Met Gln Gln Gln Pro Thr Thr Thr Asp Ile

645 650 655

Leu Ser Ala Gly Arg Lys Arg Pro Arg Lys Asp Thr Glu Val Tyr His

660 665 670

Pro Ser Gln Glu Gly Glu Gln Lys Glu Ser Leu Leu Phe Pro Pro Val

675 680 685

Lys Leu Leu Arg Arg Val Pro Pro Trp Glu Asp Ser Gln Gln Glu Glu

690 695 700

Ser Gly Ser Gln Ser Ser Glu Glu Glu Thr Gln Thr Val Ser Gln Gln

705 710 715 720

Leu Lys Gln Gln Leu Gln Gln Gln Gln Ile Leu Gly Val Lys Leu Arg

725 730 735

Leu Leu Phe Asp Gln Val Gln Lys Ile Gln Gln Asn Gln Asp Ile Asn

740 745 750

Pro Thr Leu Leu Pro Arg Gly Gly Asp Leu Ala Ser Leu Phe Gln Ile

755 760 765

Ala Pro

770

<210> 233

<211> 770

<212> PRT

<213> Torque teno virus

<400> 233

Met Ala Tyr Gly Trp Trp Arg Arg Arg Arg Arg Arg Trp Arg Arg Trp

1 5 10 15

Arg Arg Arg Pro Trp Arg Arg Arg Trp Arg Thr Arg Arg Arg Arg Pro

20 25 30

Ala Arg Arg Arg Gly Arg Arg Arg Asn Val Arg Arg Arg Arg Arg Gly

35 40 45

Gly Arg Trp Arg Arg Arg Tyr Arg Arg Trp Lys Arg Lys Gly Arg Arg

50 55 60

Arg Lys Lys Ala Lys Ile Ile Ile Arg Gln Trp Gln Pro Asn Tyr Arg

65 70 75 80

Arg Arg Cys Asn Ile Val Gly Tyr Ile Pro Val Leu Ile Cys Gly Glu

85 90 95

Asn Thr Val Ser Arg Asn Tyr Ala Thr His Ser Asp Asp Thr Asn Tyr

100 105 110

Pro Gly Pro Phe Gly Gly Gly Met Thr Thr Asp Lys Phe Thr Leu Arg

115 120 125

Ile Leu Tyr Asp Glu Tyr Lys Arg Phe Met Asn Tyr Trp Thr Ala Ser

130 135 140

Asn Glu Asp Leu Asp Leu Cys Arg Tyr Leu Gly Val Asn Leu Tyr Phe

145 150 155 160

Phe Arg His Pro Asp Val Asp Phe Ile Ile Lys Ile Asn Thr Met Pro

165 170 175

Pro Phe Leu Asp Thr Glu Leu Thr Ala Pro Ser Ile His Pro Gly Met

180 185 190

Leu Ala Leu Asp Lys Arg Ala Arg Trp Ile Pro Ser Leu Lys Ser Arg

195 200 205

Pro Gly Lys Lys His Tyr Ile Lys Ile Arg Val Gly Ala Pro Lys Met

210 215 220

Phe Thr Asp Lys Trp Tyr Pro Gln Thr Asp Leu Cys Asp Met Val Leu

225 230 235 240

Leu Thr Val Tyr Ala Thr Ala Ala Asp Met Gln Tyr Pro Phe Gly Ser

245 250 255

Pro Leu Thr Asp Ser Val Val Val Asn Phe Gln Val Leu Gln Ser Met

260 265 270

Tyr Asp Glu Lys Ile Ser Ile Leu Pro Asp Gln Lys Ser Gln Arg Glu

275 280 285

Ser Leu Leu Thr Ser Ile Ala Asn Tyr Ile Pro Phe Tyr Asn Thr Thr

290 295 300

Gln Thr Ile Ala Gln Leu Lys Pro Phe Ile Asp Ala Gly Asn Val Thr

305 310 315 320

Ser Gly Thr Thr Ala Thr Thr Trp Gly Ser Tyr Ile Asn Thr Thr Lys

325 330 335

Phe Thr Thr Thr Ala Thr Thr Thr Tyr Thr Tyr Pro Gly Thr Thr Thr

340 345 350

Thr Thr Val Thr Met Leu Thr Ser Asn Asp Ser Trp Tyr Arg Gly Thr

355 360 365

Val Tyr Asn Asn Gln Ile Lys Asp Leu Pro Lys Lys Ala Ala Glu Leu

370 375 380

Tyr Ser Lys Ala Thr Lys Thr Leu Leu Gly Asn Thr Phe Thr Thr Glu

385 390 395 400

Asp Tyr Thr Leu Glu Tyr His Gly Gly Leu Tyr Ser Ser Ile Trp Leu

405 410 415

Ser Pro Gly Arg Ser Tyr Phe Glu Thr Pro Gly Ala Tyr Thr Asp Ile

420 425 430

Lys Tyr Asn Pro Phe Thr Asp Arg Gly Glu Gly Asn Met Leu Trp Ile

435 440 445

Asp Trp Leu Ser Lys Lys Asn Met Asn Tyr Asp Lys Val Gln Ser Lys

450 455 460

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

465 470 475 480

Glu Phe Cys Ala Lys Ser Thr Gly Asp Gln Asn Ile His Met Asn Ala

485 490 495

Arg Leu Leu Ile Arg Ser Pro Phe Thr Asp Pro Gln Leu Leu Val His

500 505 510

Thr Asp Pro Thr Lys Gly Phe Val Pro Tyr Ser Leu Asn Phe Gly Asn

515 520 525

Gly Lys Met Pro Gly Gly Ser Ser Asn Val Pro Ile Arg Met Arg Ala

530 535 540

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

595 600 605
Asn Arg Val Pro Arg Ser Leu Gln Ile Val Asp Pro Lys Tyr Asn Ser
610 615 620
Pro Glu Leu Thr Phe His Thr Trp Asp Phe Arg Arg Gly Leu Phe Gly
625 630 635 640
Pro Lys Ala Ile Gln Arg Met Gln Gln Gln Pro Thr Thr Thr Asp Ile
645 650 655
Phe Ser Ala Gly Arg Lys Arg Pro Arg Arg Asp Thr Glu Val Tyr His

660 665 670
Ser Ser Gln Glu Gly Glu Gln Lys Glu Ser Leu Leu Phe Pro Pro Val
675 680 685
Lys Leu Leu Arg Arg Val Pro Pro Trp Glu Asp Ser Gln Gln Glu Glu
690 695 700
Ser Gly Ser Gln Ser Ser Glu Glu Glu Thr Gln Thr Val Ser Gln Gln
705 710 715 720
Pro Lys Gln Gln Leu Gln Gln Gln Arg Ile Leu Gly Val Lys Leu Arg

725 730 735
Leu Leu Phe Asn Gln Val Gln Lys Ile Gln Gln Asn Gln Asp Ile Asn
740 745 750
Pro Thr Leu Leu Pro Arg Gly Gly Asp Leu Ala Ser Leu Phe Gln Val
755 760 765
Ala Pro
770
<210> 234
<211> 770

<212> PRT

<213> Torque teno virus

<400> 234

Met Ala Tyr Gly Trp Trp Arg Arg Arg Arg Arg Arg Trp Arg Arg Trp
1 5 10 15

Arg Arg Arg Pro Trp Arg Arg Arg Trp Arg Thr Arg Arg Arg Arg Pro
20 25 30

Ala Arg Arg Arg Gly Arg Arg Arg Asn Val Arg Arg Arg Arg Arg Gly
35 40 45

Gly Arg Trp Arg Arg Arg Tyr Arg Arg Trp Lys Arg Lys Gly Arg Arg
50 55 60

Arg Lys Lys Ala Lys Ile Ile Ile Arg Gln Trp Gln Pro Asn Tyr Arg
65 70 75 80

Arg Arg Cys Asn Ile Val Gly Tyr Ile Pro Val Leu Ile Cys Gly Glu
85 90 95

Asn Thr Val Ser Arg Asn Tyr Ala Thr His Ser Asp Asp Thr Asn Tyr
100 105 110

Pro Gly Pro Phe Gly Gly Gly Met Thr Thr Asp Lys Phe Thr Leu Arg
115 120 125

Ile Leu Tyr Asp Glu Tyr Lys Arg Phe Met Asn Tyr Trp Thr Ala Ser
130 135 140

Asn Glu Asp Leu Asp Leu Cys Arg Tyr Leu Gly Val Asn Leu Tyr Phe
145 150 155 160

Phe Arg His Pro Asp Val Asp Phe Ile Ile Lys Ile Asn Thr Met Pro
165 170 175

Pro Phe Leu Asp Thr Glu Leu Thr Ala Pro Ser Ile His Pro Asp Met
180 185 190

Leu Ala Leu Asp Lys Arg Ala Arg Trp Ile Pro Ser Leu Lys Ser Arg
195 200 205

Pro Gly Lys Lys His Tyr Ile Lys Ile Arg Val Gly Ala Pro Lys Met
210 215 220

Phe Thr Asp Lys Trp Tyr Pro Gln Thr Asp Leu Cys Asp Met Val Leu
225 230 235 240
Leu Thr Val Tyr Ala Thr Thr Ala Asp Met Gln Tyr Pro Phe Gly Ser
245 250 255
Pro Leu Thr Asp Ser Val Val Val Asn Phe Gln Val Leu Gln Ser Met
260 265 270

Tyr Asp Glu Asn Ile Ser Ile Leu Pro Thr Glu Lys Ser Lys Arg Asp
275 280 285
Val Leu His Ser Thr Ile Ala Asn Tyr Thr Pro Phe Tyr Asn Thr Thr
290 295 300
Gln Ile Ile Ala Gln Leu Arg Pro Phe Val Asp Ala Gly Asn Leu Thr
305 310 315 320
Ser Ala Ser Thr Thr Thr Thr Trp Gly Ser Tyr Ile Asn Thr Thr Lys
325 330 335

Phe Asn Thr Thr Ala Thr Thr Thr Tyr Thr Tyr Pro Gly Ser Thr Thr
340 345 350
Thr Thr Val Thr Met Leu Thr Cys Asn Asp Ser Trp Tyr Arg Gly Thr
355 360 365
Val Tyr Asn Asn Gln Ile Ser Lys Leu Pro Lys Gln Ala Ala Glu Phe
370 375 380
Tyr Ser Lys Ala Thr Lys Thr Leu Leu Gly Asn Thr Phe Thr Thr Glu
385 390 395 400

Asp His Thr Leu Glu Tyr His Gly Gly Leu Tyr Ser Ser Ile Trp Leu
405 410 415
Ser Ala Gly Arg Ser Tyr Phe Glu Thr Pro Gly Ala Tyr Thr Asp Ile
420 425 430
Lys Tyr Asn Pro Phe Thr Asp Arg Gly Glu Gly Asn Met Leu Trp Ile
435 440 445
Asp Trp Leu Ser Lys Asn Asn Met Asn Tyr Asp Lys Val Gln Ser Lys
450 455 460

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

465 470 475 480

Glu Phe Cys Ala Lys Ser Thr Gly Asp Gln Asn Ile His Met Asn Ala

485 490 495

Arg Leu Leu Ile Arg Ser Pro Phe Thr Asp Pro Gln Leu Leu Val His

500 505 510

Thr Asp Pro Thr Lys Gly Phe Val Pro Tyr Ser Leu Asn Phe Gly Asn

515 520 525

Gly Lys Met Pro Gly Gly Ser Ser Asn Val Pro Ile Arg Met Arg Ala

530 535 540

Lys Trp Tyr Pro Thr Leu Phe His Gln Gln Glu Val Leu Glu Ala Leu

545 550 555 560

Ala Gln Ser Gly Pro Phe Ala Tyr His Ser Asp Ile Lys Lys Val Ser

565 570 575

Leu Gly Met Lys Tyr Arg Phe Lys Trp Ile Trp Gly Gly Asn Pro Val

580 585 590

Arg Gln Gln Val Val Arg Asn Pro Cys Lys Glu Thr His Ser Ser Gly

595 600 605

Asn Arg Val Pro Arg Ser Leu Gln Ile Val Asp Pro Lys Tyr Asn Ser

610 615 620

Pro Glu Leu Thr Phe His Thr Trp Asp Phe Arg Arg Gly Leu Phe Gly

625 630 635 640

Pro Lys Ala Ile Gln Arg Met Gln Gln Gln Pro Thr Thr Thr Asp Ile

645 650 655

Phe Ser Ala Gly Arg Lys Arg Pro Arg Arg Asp Thr Glu Val Tyr His

660 665 670

Ser Ser Gln Glu Gly Glu Gln Lys Glu Ser Leu Leu Phe Pro Pro Val

675 680 685

Lys Leu Leu Arg Arg Val Pro Pro Trp Glu Asp Ser Gln Gln Glu Glu

690 695 700

Ser Gly Ser Gln Ser Ser Glu Glu Glu Thr Gln Thr Val Ser Gln Gln

705 710 715 720

Leu Lys Gln Gln Leu Gln Gln Gln Arg Ile Leu Gly Val Lys Leu Arg

725 730 735

Leu Leu Phe Asn Gln Val Gln Lys Ile His Gln Asn Gln Asp Ile Asn

740 745 750

Pro Thr Leu Leu Pro Arg Gly Gly Asp Leu Ala Ser Leu Phe Gln Ile

755 760 765

Ala Pro

770

<210> 235

<211> 770

<212> PRT

<213> Torque teno virus

<400> 235

Met Ala Tyr Gly Trp Trp Arg Arg Arg Arg Arg Arg Trp Arg Arg Trp

1 5 10 15

Arg Arg Arg Pro Trp Arg Arg Arg Trp Arg Thr Arg Arg Arg Arg Pro

20 25 30

Ala Arg Arg Arg Gly Arg Arg Arg Asn Val Arg Arg Arg Arg Arg Gly

35 40 45

Gly Arg Trp Arg Arg Arg Tyr Arg Arg Trp Lys Arg Lys Gly Arg Arg

50 55 60

Arg Lys Lys Ala Lys Ile Ile Ile Arg Gln Trp Gln Pro Asn Tyr Arg

65 70 75 80

Arg Arg Cys Asn Ile Val Gly Tyr Ile Pro Val Leu Ile Cys Gly Glu

85 90 95

Asn Thr Val Ser Arg Asn Tyr Ala Thr His Ser Asp Asp Thr Asn Tyr

100 105 110

Pro Gly Pro Phe Gly Gly Gly Met Thr Thr Asp Lys Phe Thr Leu Arg

115 120 125

Ile Leu Tyr Asp Glu Tyr Lys Arg Phe Met Asn Tyr Trp Thr Ala Ser

130 135 140

Asn Glu Asp Leu Asp Leu Cys Arg Tyr Leu Gly Val Asn Leu Tyr Phe

145 150 155 160

Phe Arg His Pro Asp Val Asp Phe Ile Ile Lys Ile Asn Thr Met Pro

165 170 175

Pro Phe Leu Asp Thr Glu Leu Thr Ala Pro Ser Ile His Pro Gly Met

180 185 190

Leu Ala Leu Asp Lys Arg Ala Arg Trp Ile Pro Ser Leu Lys Ser Arg

195 200 205

Pro Gly Lys Lys His Tyr Ile Lys Ile Arg Val Glu Ala Pro Lys Met

210 215 220

Phe Thr Asp Lys Trp Tyr Pro Gln Thr Asp Leu Cys Asp Met Val Leu

225 230 235 240

Leu Thr Val Tyr Ala Thr Thr Ala Asp Met Gln Tyr Pro Phe Gly Ser

245 250 255

Pro Leu Thr Asp Ser Val Val Val Asn Phe Gln Val Leu Gln Ser Met

260 265 270

Tyr Asp Gln Asn Ile Ser Ile Leu Pro Thr Glu Lys Ser Lys Arg Thr

275 280 285

Gln Leu His Asp Asn Ile Thr Arg Tyr Thr Pro Phe Tyr Asn Thr Thr

290 295 300

Gln Thr Ile Ala Gln Leu Lys Pro Phe Val Asp Ala Gly Asn Val Thr

305 310 315 320

Pro Val Ser Pro Thr Thr Thr Trp Gly Ser Tyr Ile Asn Thr Thr Lys

325 330 335

Phe Thr Thr Thr Ala Thr Thr Thr Tyr Thr Tyr Pro Gly Thr Thr Thr

340 345 350

Thr Thr Val Thr Met Leu Thr Cys Asn Asp Ser Trp Tyr Arg Gly Thr

355 360 365

Val Tyr Asn Asn Gln Ile Ser Gln Leu Pro Lys Lys Ala Ala Glu Phe

370 375 380

Tyr Ser Lys Ala Thr Lys Thr Leu Leu Gly Asp Thr Phe Thr Thr Glu

385 390 395 400

Asp Tyr Thr Leu Glu Tyr His Gly Gly Leu Tyr Ser Ser Ile Trp Leu
405 410 415
Ser Ala Gly Arg Ser Tyr Phe Glu Thr Pro Gly Val Tyr Thr Asp Ile
420 425 430
Lys Tyr Asn Pro Phe Thr Asp Arg Gly Glu Gly Asn Met Leu Trp Ile
435 440 445
Asp Trp Leu Ser Lys Lys Asn Met Asn Tyr Asp Lys Val Gln Ser Lys

450 455 460
Cys Leu Ile Ser Asp Leu Pro Leu Trp Ala Ala Ala Tyr Gly Tyr Val
465 470 475 480
Glu Phe Cys Ala Lys Ser Thr Gly Asp Gln Asn Ile His Met Asn Ala
485 490 495
Lys Leu Leu Ile Arg Ser Pro Phe Thr Asp Pro Gln Leu Leu Val His
500 505 510
Thr Asp Pro Thr Lys Gly Phe Val Pro Tyr Ser Leu Asn Phe Gly Asn

515 520 525
Gly Lys Met Pro Gly Gly Ser Ser Asn Val Pro Ile Arg Met Arg Ala
530 535 540
Lys Trp Tyr Pro Thr Leu Phe His Gln Gln Glu Val Leu Glu Ala Leu
545 550 555 560
Ala Gln Ser Gly Pro Phe Ala Tyr His Ser Asp Ile Lys Lys Val Ser
565 570 575
Leu Gly Met Lys Tyr Arg Phe Lys Trp Ile Trp Gly Gly Asn Pro Val

580 585 590
Arg Gln Gln Val Val Arg Asn Pro Cys Lys Glu Thr His Ser Ser Gly
595 600 605
Asn Arg Val Pro Arg Ser Leu Gln Ile Val Asp Pro Lys Tyr Asn Ser
610 615 620
Pro Glu Leu Thr Phe His Thr Trp Asp Phe Arg Arg Gly Leu Phe Gly
625 630 635 640
Pro Lys Ala Ile Gln Arg Met Gln Gln Gln Pro Thr Thr Thr Asp Ile

645 650 655

Phe Ser Ala Gly Arg Lys Arg Pro Arg Arg Asp Thr Glu Val Tyr His

660 665 670

Ser Ser Gln Glu Gly Glu Gln Lys Glu Ser Leu Leu Phe Leu Pro Val

675 680 685

Lys Leu Leu Arg Arg Val Pro Pro Trp Glu Asp Ser Gln Gln Glu Glu

690 695 700

Ser Gly Ser Gln Ser Ser Glu Glu Glu Thr Gln Thr Val Ser Gln Gln

705 710 715 720

Leu Lys Gln Gln Leu Gln Gln Gln Arg Ile Leu Gly Val Lys Leu Arg

725 730 735

Leu Leu Phe Asn Gln Val Gln Lys Ile Gln Gln Asn Gln Asp Ile Asn

740 745 750

Pro Thr Leu Leu Pro Arg Gly Gly Asp Leu Ala Ser Leu Phe Gln Ile

755 760 765

Ala Pro

770

<210> 236

<211> 765

<212

> PRT

<213> Torque teno virus

<400> 236

Met Ala Tyr Gly Trp Trp Arg Arg Arg Arg Arg Arg Trp Lys Arg Trp

1 5 10 15

Arg Arg Arg Pro Arg Trp Arg Arg Pro Trp Arg Thr Arg Arg Arg Arg

20 25 30

Pro Ala Arg Arg Arg Gly Arg Arg Arg Thr Val Arg Arg Arg Glu Arg

35 40 45

Gly Arg Trp Arg Arg Arg Tyr Arg Arg Trp Arg Lys Lys Gly Lys Arg

50 55 60

Arg Ile Lys Lys Lys Leu Ile Ile Arg Gln Trp Gln Pro Asn Tyr Thr

65 70 75 80

Arg Lys Cys Asp Ile Leu Gly Tyr Met Pro Val Ile Met Cys Gly Glu
85 90 95
Asn Thr Leu Ile Arg Asn Tyr Ala Thr His Ala Asn Asp Cys Tyr Trp
100 105 110
Pro Gly Pro Phe Gly Gly Gly Met Ala Thr Gln Lys Phe Thr Leu Arg
115 120 125

Ile Leu Tyr Asp Asp Tyr Lys Arg Phe Met Asn Tyr Trp Thr Ser Ser
130 135 140
Asn Glu Asp Leu Asp Leu Cys Arg Tyr Arg Gly Val Thr Leu Tyr Phe
145 150 155 160
Phe Arg His Pro Asp Val Asp Phe Ile Ile Leu Ile Asn Thr Thr Pro
165 170 175
Pro Phe Val Asp Thr Glu Ile Thr Gly Pro Ser Ile His Pro Gly Met
180 185 190

Met Ala Leu Asn Lys Arg Ala Arg Phe Ile Pro Ser Leu Lys Thr Arg
195 200 205
Pro Gly Arg Arg His Ile Val Lys Ile Arg Val Gly Ala Pro Lys Leu
210 215 220
Tyr Glu Asp Lys Trp Tyr Pro Gln Ser Glu Leu Cys Asp Met Pro Leu
225 230 235 240
Leu Thr Val Tyr Ala Thr Ala Ala Asp Met Gln Tyr Pro Phe Gly Ser
245 250 255

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

Thr Glu Lys Ile Ser Thr Thr Pro Asn Pro Trp Gln Ser Asn Tyr Val

325 330 335

Asn Thr Ile Thr Phe Thr Thr Ala Gln Ser Ile Thr Thr Thr Thr Pro

340 345 350

Tyr Thr Thr Phe Ser Asp Ser Trp Tyr Arg Gly Thr Val Tyr Lys Asn

355 360 365

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

370 375 380

Thr Lys Asn Leu Leu Ser Pro Thr Phe Thr Gly Gly Ser Glu Tyr Leu

385 390 395 400

Glu Tyr His Gly Gly Leu Tyr Ser Ser Ile Trp Leu Ser Ala Gly Arg

405 410 415

Ser Tyr Phe Glu Thr Lys Gly Ala Tyr Thr Asp Ile Cys Tyr Asn Pro

420 425 430

Tyr Thr Asp Arg Gly Glu Gly Asn Met Leu Trp Ile Asp Trp Leu Ser

435 440 445

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

450 455 460

Lys Leu Pro Met Trp Ala Ala Val Tyr Gly Tyr Ala Glu Tyr Cys Ala

465 470 475 480

Lys Ala Thr Gly Asp Ser Asn Ile Asp Met Asn Ala Arg Val Val Met

485 490 495

Arg Cys Pro Tyr Thr Val Pro Gln Met Ile Asp Thr Ser Asp Pro Leu

500 505 510

Arg Gly Phe Ile Pro Tyr Ser Phe Asn Phe Gly Lys Gly Lys Met Pro

515 520 525

Gly Gly Thr Asn Gln Val Pro Ile Arg Met Arg Ala Lys Trp Tyr Pro

530 535 540

Cys Leu Phe His Gln Lys Glu Val Leu Glu Ala Ile Gly Gln Ser Gly

545 550 555 560

Pro Phe Ala Tyr His Ser Asp Gln Lys Lys Ala Val Leu Gly Leu Lys

565 570 575

Tyr Arg Phe His Trp Ile Trp Gly Gly Asn Pro Val Phe Pro Gln Val
580 585 590
Val Arg Asn Pro Cys Lys Asp Thr Gln Gly Ser Thr Gly Pro Arg Lys
595 600 605
Pro Arg Ser Val Gln Ile Ile Asp Pro Lys Tyr Asn Thr Pro Glu Leu
610 615 620
Thr Ile His Ala Trp Asp Phe Arg Arg Gly Phe Phe Gly Pro Lys Ala
625 630 635 640

Ile Lys Arg Met Gln Gln Gln Pro Thr Asp Ala Glu Leu Leu Pro Pro
645 650 655
Gly Arg Lys Arg Ser Arg Arg Asp Thr Glu Val Leu Gln Ser Ser Gln
660 665 670
Glu Arg Gln Lys Glu Ser Leu Leu Leu Gln Gln Leu His Leu Gln Gly
675 680 685
Arg Val Pro Pro Trp Glu Ser Leu Gln Gly Leu Gln Thr Glu Thr Glu
690 695 700

Ser Gln Lys Glu His Glu Gly Thr Leu Ser Gln Gln Ile Arg Glu Gln
705 710 715 720
Val Gln Gln Gln Lys Leu Leu Gly Arg Gln Leu Arg Glu Met Phe Leu
725 730 735
Gln Leu His Lys Ile Leu Gln Asn Gln His Val Asn Pro Thr Leu Leu
740 745 750
Pro Arg Asp Gln Gly Leu Ile Trp Trp Phe Gln Ile Gln
755 760 765

<210> 237

<211> 765
<212> PRT
<213> Torque teno virus
<400> 237

Met Ala Tyr Gly Trp Trp Arg Arg Arg Arg Arg Arg Trp Lys Arg Trp
1 5 10 15
Arg Arg Arg Pro Arg Trp Arg Arg Pro Trp Arg Thr Arg Arg Arg Arg

20 25 30

Pro Ala Gly Arg Arg Gly Arg Arg Arg Thr Val Arg Arg Arg Arg Arg

35 40 45

Gly Arg Trp Arg Arg Arg Tyr Arg Arg Trp Arg Lys Lys Gly Arg Arg

50 55 60

Arg Arg Lys Lys Lys Leu Ile Ile Arg Gln Trp Gln Pro Asn Tyr Thr

65 70 75 80

Arg Lys Cys Asn Ile Val Gly Tyr Met Pro Val Ile Met Cys Gly Glu

85 90 95

Asn Thr Leu Ile Arg Asn Tyr Ala Thr His Ala Tyr Asn Cys Ser Trp

100 105 110

Pro Gly Pro Phe Gly Gly Gly Met Ala Thr Gln Lys Phe Thr Leu Arg

115 120 125

Ile Leu Tyr Asp Asp Tyr Lys Arg Phe Met Asn Tyr Trp Thr Ser Ser

130 135 140

Asn Glu Asp Leu Asp Leu Cys Arg Tyr Arg Gly Ala Thr Leu Tyr Phe

145 150 155 160

Phe Arg Asp Pro Asp Val Asp Phe Ile Ile Leu Ile Asn Thr Thr Pro

165 170 175

Pro Phe Val Asp Thr Glu Ile Thr Gly Pro Ser Ile His Pro Gly Met

180 185 190

Leu Ala Leu Asn Lys Arg Ala Arg Phe Ile Pro Ser Leu Lys Thr Arg

195 200 205

Pro Ser Arg Arg His Ile Val Lys Ile Arg Val Gly Ala Pro Lys Leu

210 215 220

Tyr Glu Asp Lys Trp Tyr Pro Gln Ser Glu Leu Cys Asp Met Pro Leu

225 230 235 240

Leu Thr Val Tyr Ala Thr Ala Thr Asp Met Gln Tyr Pro Phe Gly Ser

245 250 255

Pro Leu Thr Asp Thr Pro Ile Val Thr Phe Gln Val Leu Arg Ser Met

260 265 270

Tyr Asn Asp Ala Leu Ser Ile Leu Pro Ser Asn Phe Glu Gly Asp Asp
275 280 285
Ser Ala Gly Ala Lys Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Glu Tyr Ile Pro Tyr
290 295 300
Tyr Asn Thr Thr Glu Thr Ile Ala Gln Leu Lys Gly Tyr Val Glu Asn

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

370 375 380
Thr Thr His Leu Leu Ser Thr Thr Phe Thr Gly Gly Ser Lys Tyr Leu
385 390 395 400
Glu Tyr His Gly Gly Leu Tyr Ser Ser Ile Trp Leu Ser Ala Gly Arg
405 410 415
Ser Tyr Phe Glu Thr Lys Gly Ala Tyr Thr Asp Ile Cys Tyr Asn Pro
420 425 430
Tyr Thr Asp Arg Gly Glu Gly Asn Met Val Trp Ile Asp Trp Leu Val

435 440 445
Lys Thr Asp Ser Arg Tyr Asp Lys Thr Arg Ser Lys Cys Leu Ile Glu
450 455 460
Lys Leu Pro Leu Trp Ala Ala Val Tyr Gly Tyr Ala Glu Tyr Cys Ala
465 470 475 480
Lys Ala Thr Gly Asp Ser Asn Ile Asp Met Asn Ala Arg Val Val Ile
485 490 495
Arg Ser Pro Tyr Thr Thr Pro Gln Met Ile Asp Thr Asn Asp Ser Leu

500 505 510
Arg Gly Phe Ile Val Tyr Ser Phe Asn Phe Gly Lys Gly Lys Met Pro

515 520 525

Gly Gly Thr Asn Gln Val Pro Ile Arg Met Arg Ala Lys Trp Tyr Pro

530 535 540

Cys Leu Phe His Gln Lys Glu Val Leu Glu Ala Ile Gly Gln Ser Gly

545 550 555 560

Pro Phe Ala Tyr His Ser Asp Gln Lys Lys Ala Val Leu Gly Leu Lys

565 570 575

Tyr Arg Phe His Trp Ile Trp Gly Gly Asn Pro Val Phe Pro Gln Val

580 585 590

Val Arg Asn Pro Cys Lys Asp Thr Gln Gly Ser Thr Gly Pro Arg Lys

595 600 605

Pro Arg Ser Val Gln Ile Ile Asp Pro Lys Tyr Asn Thr Pro Glu Leu

610 615 620

Thr Ile His Ala Trp Asp Phe Arg Arg Gly Phe Phe Gly Pro Lys Ala

625 630 635 640

Ile Lys Arg Met Gln Gln Gln Pro Thr Asp Ala Glu Leu Leu Pro Pro

645 650 655

Gly Arg Lys Lys Ser Arg Arg Asp Thr Glu Val Leu Gln Ser Ser Gln

660 665 670

Glu Arg Gln Lys Glu Ser Leu Leu Phe Gln Gln Leu Gln Leu Gln Arg

675 680 685

Arg Val Pro Pro Trp Glu Ser Ser Gln Gly Ser Gln Thr Glu Thr Glu

690 695 700

Ser Gln Lys Glu Gln Glu Gly Thr Leu Ser Gln Gln Leu Arg Glu Gln

705 710 715 720

Leu Gln Gln Gln Lys Leu Leu Gly Arg Gln Leu Arg Glu Met Phe Leu

725 730 735

Gln Ile His Lys Ile Leu Gln Asn Gln Gln Val Asn Pro Ile Leu Leu

740 745 750

Pro Arg Asp Gln Ala Leu Ile Ser Trp Phe Gln Ile Gln

755 760 765

<210> 238

<211> 765

<212> PRT

<213> Torque teno virus

<400> 238

Met Ala Tyr Gly Trp Trp Arg Arg Arg Arg Arg Arg Trp Lys Arg Trp
1 5 10 15

Arg Arg Arg Pro Arg Trp Arg Arg Arg Trp Arg Thr Arg Arg Arg Arg
20 25 30

Pro Ala Gly Arg Arg Arg Arg Arg Arg Thr Val Arg Arg Arg Arg Arg
35 40 45

Gly Arg Trp Arg Ser Arg Tyr Arg Arg Trp Arg Arg Lys Gly Arg Arg
50 55 60

Arg Arg Lys Glu Lys Leu Ile Ile Arg Gln Trp Gln Pro Asn Tyr Thr
65 70 75 80

Arg Lys Cys Asn Ile Val Gly Tyr Met Pro Val Ile Met Cys Gly Glu
85 90 95

Asn Thr Val Ile Arg Asn Tyr Ala Thr His Thr Tyr Asp Cys Ser Trp
100 105 110

Pro Gly Pro Phe Gly Gly Gly Met Ala Thr Gln Lys Phe Thr Leu Arg
115 120 125

Ile Leu Tyr Asp Asp Tyr Lys Arg Phe Met Asn Tyr Trp Thr Ser Ser
130 135 140

Asn Glu Asp Leu Asp Leu Cys Arg Tyr Arg Gly Ala Thr Leu Tyr Phe
145 150 155 160

Phe Arg Asp Pro Asp Val Asp Phe Ile Ile Leu Ile Asn Thr Thr Pro
165 170 175

Pro Phe Val Asp Thr Glu Ile Thr Gly Pro Ser Ile His Pro Gly Met
180 185 190

Leu Ala Leu Asn Lys Arg Ala Arg Phe Ile Pro Ser Leu Lys Thr Arg
195 200 205

Pro Gly Arg Arg His Ile Val Lys Ile Lys Val Gly Ala Pro Arg Met

210 215 220

Tyr Glu Asp Lys Trp Tyr Pro Gln Ser Glu Leu Cys Asp Met Pro Leu
225 230 235 240

Leu Thr Ile Tyr Ala Thr Ala Thr Asp Met Gln His Pro Phe Gly Ser
245 250 255

Pro Leu Thr Asp Thr Pro Val Val Thr Phe Gln Val Leu Arg Ser Met
260 265 270

Tyr Asn Asp Ala Leu Ser Ile Leu Pro Ser Asn Phe Glu Asp Asp Ser
275 280 285

Ser Pro Gly Ala Ala Leu Tyr Lys Gln Ile Ser Glu Tyr Ile Pro Tyr
290 295 300

Tyr Asn Thr Thr Glu Thr Ile Ala Gln Leu Lys Arg Tyr Val Glu Asn
305 310 315 320

Thr Glu Lys Thr Gln Thr Thr Leu Asn Pro Trp Gln Ser Arg Tyr Val
325 330 335

Asn Thr Thr Leu Phe Asn Thr Ala Glu Thr Ile Ala Asn Gln Lys Pro
340 345 350

Tyr Thr Lys Phe Ala Asp Thr Trp Tyr Arg Gly Thr Ala Tyr Lys Asp
355 360 365

Ala Ile Lys Asp Ile Pro Leu Lys Ala Ala Glu Leu Tyr Val Asn Gln
370 375 380

Thr Lys Tyr Leu Leu Ser Thr Thr Phe Thr Gly Gly Ser Lys Tyr Leu
385 390 395 400

Glu Tyr His Gly Gly Leu Tyr Ser Ser Ile Trp Leu Ser Ala Gly Arg
405 410 415

Ser Tyr Phe Glu Thr Lys Gly Ala Tyr Thr Asp Ile Cys Tyr Asn Pro
420 425 430

Tyr Thr Asp Arg Gly Glu Gly Asn Met Val Trp Ile Asp Trp Leu Ser
435 440 445

Lys Thr Asp Ser Lys Tyr Asp Lys Thr Arg Ser Lys Cys Leu Ile Glu
450 455 460

Lys Leu Pro Leu Trp Ala Ser Val Tyr Gly Tyr Ala Glu Tyr Cys Ala
465 470 475 480
Lys Ala Thr Gly Asp Ser Asn Ile Asp Met Asn Ala Arg Val Val Ile
485 490 495

Arg Cys Pro Tyr Thr Thr Pro Gln Met Ile Asp Thr Thr Asp Pro Thr
500 505 510
Arg Gly Phe Ile Val Tyr Ser Phe Asn Phe Gly Lys Gly Lys Met Pro
515 520 525
Gly Gly Ser Asn Glu Val Pro Ile Arg Met Arg Ala Lys Trp Tyr Pro
530 535 540
Cys Leu Phe His Gln Lys Glu Val Leu Glu Ala Ile Gly Gln Ser Gly
545 550 555 560

Pro Phe Ala Tyr His Ser Asp Gln Lys Lys Ala Val Leu Gly Leu Lys
565 570 575
Tyr Lys Phe His Trp Ile Trp Gly Gly Asn Pro Val Phe Pro Gln Val
580 585 590
Ile Lys Asn Pro Cys Lys Asn Thr Gln Phe Ser Thr Gly Pro Arg Lys
595 600 605
Pro Arg Ser Leu Gln Ile Ile Asp Pro Asn Tyr Asn Thr Pro Lys Leu
610 615 620

Thr Ile His Ala Trp Asp Phe Arg Leu Gly Phe Phe Gly Pro Lys Ala
625 630 635 640
Ile Lys Arg Met Gln Gln Gln Pro Thr Asp Ala Glu Leu Leu Pro Pro
645 650 655
Gly Arg Lys Arg Ser Arg Arg Asp Thr Glu Val Leu Gln Ser Ser Gln
660 665 670
Glu Arg Gln Lys Gly Asn Leu Leu Phe Gln Gln Phe Gln Leu Gln Arg
675 680 685

Arg Val Pro Pro Trp Glu Ser Ser Gln Gly Ser Gln Thr Gly Thr Gln
690 695 700
Ser Gln Lys Glu Gln Glu Gly Thr Leu Ser Gln Gln Leu Arg Glu Gln

705 710 715 720

Leu Gln Gln Gln Lys Leu Leu Gly Arg Gln Leu Arg Glu Met Phe Leu

725 730 735

Gln Leu His Lys Ile Gln Gln Asn Gln His Val Asn Pro Thr Leu Leu

740 745 750

Pro Arg Asp Gln Ala Leu Ile Cys Trp Phe Gln Ile Gln

755 760 765

<210> 239

<211> 770

<212> PRT

<213> Torque teno virus

<400> 239

Met Ala Tyr Gly Trp Trp Arg Arg Arg Arg Arg Arg Trp Arg Arg Trp

1 5 10 15

Arg Arg Arg Pro Trp Arg Arg Arg Trp Arg Thr Arg Arg Arg Arg Pro

20 25 30

Ala Arg Arg Arg Gly Arg Arg Arg Asn Val Arg Arg Arg Arg Arg Gly

35 40 45

Gly Arg Trp Arg Arg Arg Tyr Arg Arg Trp Lys Arg Lys Gly Arg Arg

50 55 60

Arg Lys Lys Ala Lys Ile Ile Ile Arg Gln Trp Gln Pro Asn Tyr Arg

65 70 75 80

Arg Arg Cys Asn Ile Val Gly Tyr Ile Pro Val Leu Ile Cys Gly Glu

85 90 95

Asn Thr Val Ser Arg Asn Tyr Ala Thr His Ser Asp Asp Thr Asn Tyr

100 105 110

Pro Gly Pro Phe Gly Gly Gly Met Thr Thr Asp Lys Phe Thr Leu Arg

115 120 125

Ile Leu Tyr Asp Glu Tyr Lys Arg Phe Met Asn Tyr Trp Thr Ala Ser

130 135 140

Asn Glu Asp Leu Asp Leu Cys Arg Tyr Leu Gly Val Asn Leu Tyr Phe

145 150 155 160

Phe Arg His Pro Asp Val Asp Phe Ile Ile Lys Ile Asn Thr Met Pro

165 170 175

Pro Phe Leu Asp Thr Glu Leu Thr Ala Pro Ser Ile His Pro Gly Met

180 185 190

Leu Ala Leu Asp Lys Arg Ala Arg Trp Ile Pro Ser Leu Lys Ser Arg

195 200 205

Pro Gly Lys Lys His Tyr Ile Lys Ile Arg Val Gly Ala Pro Lys Met

210 215 220

Phe Thr Asp Lys Trp Tyr Pro Gln Thr Asp Leu Cys Asp Met Val Leu

225 230 235 240

Leu Thr Val Tyr Ala Thr Ala Ala Asp Met Gln Tyr Pro Phe Gly Ser

245 250 255

Pro Leu Thr Asp Ser Val Val Val Asn Phe Gln Val Leu Gln Ser Met

260 265 270

Tyr Asp Glu Lys Ile Ser Ile Leu Pro Asp Gln Lys Ser Gln Arg Glu

275 280 285

Ser Leu Leu Thr Ser Ile Ala Asn Tyr Ile Pro Phe Tyr Asn Thr Thr

290 295 300

Gln Thr Ile Ala Gln Leu Lys Pro Phe Ile Asp Ala Gly Asn Val Thr

305 310 315 320

Ser Gly Thr Thr Ala Thr Thr Trp Gly Ser Tyr Ile Asn Thr Thr Lys

325 330 335

Phe Thr Thr Thr Ala Thr Thr Thr Tyr Thr Tyr Pro Gly Thr Thr Thr

340 345 350

Thr Thr Val Thr Met Leu Thr Ser Asn Asp Ser Trp Tyr Arg Gly Thr

355 360 365

Val Tyr Asn Asn Gln Ile Lys Asp Leu Pro Lys Lys Ala Ala Glu Leu

370 375 380

Tyr Ser Lys Ala Thr Lys Thr Leu Leu Gly Asn Thr Phe Thr Thr Glu

385 390 395 400

Asp Tyr Thr Leu Glu Tyr His Gly Gly Leu Tyr Ser Ser Ile Trp Leu

405 410 415

Ser Pro Gly Arg Ser Tyr Phe Glu Thr Pro Gly Ala Tyr Thr Asp Ile

420 425 430

Lys Tyr Asn Pro Phe Thr Asp Arg Gly Glu Gly Asn Met Leu Trp Ile

435 440 445

Asp Trp Leu Ser Lys Lys Asn Met Asn Tyr Asp Lys Val Gln Ser Lys

450 455 460

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

465 470 475 480

Glu Phe Cys Ala Lys Ser Thr Gly Asp Gln Asn Ile His Met Asn Ala

485 490 495

Arg Leu Leu Ile Arg Ser Pro Phe Thr Asp Pro Gln Leu Leu Val His

500 505 510

Thr Asp Pro Thr Lys Gly Phe Val Pro Tyr Ser Leu Asn Phe Gly Asn

515 520 525

Gly Lys Met Pro Gly Gly Ser Ser Asn Val Pro Ile Arg Met Arg Ala

530 535 540

Lys Trp Tyr Pro Thr Leu Phe His Gln Gln Glu Val Leu Glu Ala Leu

545 550 555 560

Ala Gln Ser Gly Pro Phe Ala Tyr His Ser Asp Ile Lys Lys Val Ser

565 570 575

Leu Gly Met Lys Tyr Arg Phe Lys Trp Ile Trp Gly Gly Asn Pro Val

580 585 590

Arg Gln Gln Val Val Arg Asn Pro Cys Lys Glu Thr His Ser Ser Gly

595 600 605

Asn Arg Val Pro Arg Ser Leu Gln Ile Val Asp Pro Lys Tyr Asn Ser

610 615 620

Pro Glu Leu Thr Phe His Thr Trp Asp Phe Arg Arg Gly Leu Phe Gly

625 630 635 640

Pro Lys Ala Ile Gln Arg Met Gln Gln Gln Pro Thr Thr Thr Asp Ile

645 650 655

Phe Ser Ala Gly Arg Lys Arg Pro Arg Arg Asp Thr Glu Val Tyr His
660 665 670
Ser Ser Gln Glu Gly Glu Gln Lys Glu Ser Leu Leu Phe Pro Pro Val

675 680 685
Lys Leu Leu Arg Arg Val Pro Pro Trp Glu Asp Ser Gln Gln Glu Glu
690 695 700
Ser Gly Ser Gln Ser Ser Glu Glu Glu Thr Gln Thr Val Ser Gln Gln
705 710 715 720
Pro Lys Gln Gln Leu Gln Gln Gln Arg Ile Leu Gly Val Lys Leu Arg
725 730 735
Leu Leu Phe Asn Gln Val Gln Lys Ile Gln Gln Asn Gln Asp Ile Asn

740 745 750
Pro Thr Leu Leu Pro Arg Gly Gly Asp Leu Ala Ser Leu Phe Gln Val
755 760 765
Ala Pro
770

<210> 240
<211> 733
<212> PRT
<213> Torque teno virus
<400> 240
Thr Ala Trp Trp Trp Gly Arg Trp Arg Arg Arg Trp Arg Pro Arg Tyr
1 5 10 15
Arg Arg Arg Thr Trp Arg Val Arg Arg Arg Arg Pro Arg Arg Thr Phe
20 25 30

Arg Arg Arg Arg Arg Gly Arg Tyr Val Ser Arg Arg Arg Arg Arg Arg
35 40 45
Tyr Tyr Arg Arg Arg Leu Arg Arg Gly Arg Arg Arg Gly Arg Arg Lys
50 55 60
Arg His Arg Gln Thr Leu Val Leu Arg Gln Trp Gln Pro Asp Ile Val
65 70 75 80
Arg His Cys Lys Ile Thr Gly Trp Met Pro Leu Ile Ile Cys Gly Ser

85 90 95

Gly Ser Thr Gln Asn Asn Phe Ile Thr His Met Asp Asp Phe Pro Pro
100 105 110
Met Gly Tyr Ser Phe Gly Gly Asn Phe Thr Asn Leu Ser Phe Ser Leu
115 120 125
Glu Gly Ile Tyr Glu Gln Phe Leu Tyr His Arg Asn Arg Trp Ser Arg
130 135 140
Ser Asn His Asp Leu Asp Leu Ala Arg Tyr Lys Gly Thr Thr Leu Lys
145 150 155 160

Leu Tyr Arg His His Thr Leu Asp Tyr Ile Val Ser Tyr Asn Arg Thr
165 170 175
Gly Pro Phe Gln Ile Ser Asp Met Thr Tyr Leu Ser Thr His Pro Ala
180 185 190
Leu Met Leu Leu Gln Lys His Arg Ile Val Val Pro Ser Leu Leu Thr
195 200 205
Lys Pro Lys Gly Lys Arg Ser Ile Lys Val Arg Ile Lys Pro Pro Lys
210 215 220

Leu Met Leu Asn Lys Trp Tyr Phe Thr Lys Asp Ile Cys Ser Met Gly
225 230 235 240
Leu Phe Gln Leu Gln Ala Thr Ala Cys Thr Leu Tyr Asn Pro Trp Leu
245 250 255
Arg Asp Thr Thr Lys Ser Pro Val Ile Gly Phe Arg Val Leu Lys Asn
260 265 270
Ser Ile Tyr Thr Asn Leu Ser Asn Leu Pro Glu His Asp Gln Thr Arg
275 280 285

Gln Ala Ile Arg Arg Lys Leu His Pro Asp Ser Leu Thr Gly Ser Thr
290 295 300
Pro Tyr Gln Lys Gly Trp Glu Tyr Ser Tyr Thr Lys Leu Met Ala Pro
305 310 315 320
Ile Tyr Tyr Gln Ala Asn Arg Asn Ser Thr Tyr Asn Trp Leu Asn Tyr
325 330 335

Gln Thr Asn Tyr Ala Gln Thr Phe Thr Lys Phe Lys Glu Lys Met Asn
340 345 350

Glu Asn Leu Ala Leu Ile Gln Lys Glu Tyr Ser Tyr His Tyr Pro Asn
355 360 365
Asn Val Thr Thr Asp Leu Ile Gly Lys Asn Thr Leu Thr His Asp Trp
370 375 380
Gly Ile Tyr Ser Pro Tyr Trp Leu Thr Pro Thr Arg Ile Ser Leu Asp
385 390 395 400
Trp Glu Thr Pro Trp Thr Tyr Val Arg Tyr Asn Pro Leu Ala Asp Lys
405 410 415

Gly Ile Gly Asn Ala Val Tyr Ala Gln Trp Cys Ser Glu Gln Thr Ser
420 425 430
Lys Leu Asp Thr Lys Lys Ser Lys Cys Ile Met Lys Asp Leu Pro Leu
435 440 445
Trp Cys Ile Phe Tyr Gly Tyr Val Asp Trp Ile Ile Lys Ser Thr Gly
450 455 460
Val Ser Ser Ala Val Thr Asp Met Arg Val Ala Ile Ile Ser Pro Tyr
465 470 475 480

Thr Glu Pro Ala Leu Ile Gly Ser Ser Pro Asp Val Gly Tyr Ile Pro
485 490 495
Val Ser Asp Thr Phe Cys Asn Gly Asp Met Pro Phe Leu Ala Pro Tyr
500 505 510
Ile Pro Val Gly Trp Trp Ile Lys Trp Tyr Pro Met Ile Ala His Gln
515 520 525
Lys Glu Val Phe Glu Ala Ile Val Asn Cys Gly Pro Phe Val Pro Arg
530 535 540

Asp Gln Thr Thr Pro Ser Trp Glu Ile Thr Met Gly Tyr Lys Met Asp
545 550 555 560
Trp Leu Trp Gly Gly Ser Pro Leu Pro Ser Gln Ala Ile Asp Asp Pro
565 570 575
Cys Gln Lys Pro Thr His Glu Leu Pro Asp Pro Asp Arg His Pro Arg

580 585 590

Met Leu Gln Val Ser Asp Pro Thr Lys Leu Gly Pro Lys Thr Val Phe

595 600 605

His Lys Trp Asp Trp Arg Arg Gly Met Leu Ser Lys Arg Ser Ile Lys

610 615 620

Arg Val Gln Glu Asp Ser Thr Asp Asp Glu Tyr Val Ala Gly Pro Leu

625 630 635 640

Pro Arg Lys Arg Asn Lys Phe Asp Thr Arg Ala Gln Gly Leu Gln Thr

645 650 655

Pro Glu Lys Glu Ser Tyr Thr Leu Leu Gln Ala Leu Gln Glu Ser Gly

660 665 670

Gln Glu Thr Ser Ser Glu Asp Gln Glu Gln Ala Pro Gln Glu Lys Glu

675 680 685

Gly Gln Lys Glu Ala Leu Met Glu Gln Leu Gln Leu Gln Lys Gln His

690 695 700

Gln Arg Val Leu Lys Arg Gly Leu Lys Leu Leu Leu Gly Asp Val Leu

705 710 715 720

Arg Leu Arg Arg Gly Val His Trp Asp Pro Leu Leu Ser

725 730

<210> 241

<211> 733

<212> PRT

<213> Torque teno virus

<400> 241

Thr Ala Trp Trp Trp Gly Arg Trp Arg Arg Arg Trp Arg Pro Arg Tyr

1 5 10 15

Arg Lys Arg Thr Trp Arg Leu Arg Arg Arg Arg Pro Arg Arg Thr Phe

20 25 30

Arg Arg Arg Arg Arg Arg Gln Tyr Val Ser Arg Arg Arg Arg Arg Arg

35 40 45

Tyr Tyr Arg Arg Arg Leu Arg Arg Gly Arg Arg Arg Gly Arg Arg Lys

50 55 60

Arg His Arg Gln Thr Leu Val Leu Arg Gln Trp Gln Pro Asp Val Val

65 70 75 80

Arg His Cys Lys Ile Thr Gly Trp Met Pro Leu Ile Ile Cys Gly Ser

85 90 95

Gly Ser Thr Gln Asn Asn Phe Ile Thr His Met Asp Asp Phe Pro Pro

100 105 110

Met Gly Tyr Ser Phe Gly Gly Asn Phe Thr Asn Leu Thr Phe Ser Leu

115 120 125

Glu Gly Ile Tyr Glu Gln Phe Leu Tyr His Arg Asn Arg Trp Ser Arg

130 135 140

Ser Asn His Asp Leu Asp Leu Ala Arg Tyr Lys Gly Thr Thr Leu Lys

145 150 155 160

Leu Tyr Arg His His Thr Leu Asp Tyr Ile Val Ser Tyr Asn Arg Thr

165 170 175

Gly Pro Phe Gln Ile Ser Asp Met Thr Tyr Pro Ser Thr His Pro Ala

180 185 190

Leu Met Leu Leu Gln Lys His Arg Ile Val Val Pro Ser Val Leu Thr

195 200 205

Lys Pro Lys Gly Lys Arg Ser Ile Lys Val Arg Ile Lys Pro Pro Lys

210 215 220

Leu Met Leu Asn Lys Trp Tyr Phe Thr Lys Asp Ile Cys Ser Met Gly

225 230 235 240

Leu Phe Gln Leu Gln Ala Thr Ala Cys Thr Leu Tyr Asn Pro Trp Leu

245 250 255

Arg Asp Thr Thr Lys Ser Pro Val Ile Gly Phe Arg Val Leu Lys Asn

260 265 270

Ser Ile Tyr Thr Asn Leu Ser Asn Leu Pro Asp His Glu Gly Ser Arg

275 280 285

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

290 295 300

Pro Asn Gln Lys Gly Trp Glu Tyr Ser Tyr Thr Lys Leu Met Ala Pro

305 310 315 320

Ile Tyr Tyr Ser Ala Asn Arg Asn Ser Thr Tyr Asn Trp Leu Asn Tyr

325 330 335

Gln Asp Asn Tyr Val Ala Thr Tyr Thr Lys Phe Lys Val Lys Met Thr

340 345 350

Asp Asn Leu Gln Leu Ile Gln Lys Glu Tyr Ser Tyr His Tyr Pro Asn

355 360 365

Asn Thr Thr Thr Asp Leu Ile Lys Asn Asn Thr Leu Thr His Asp Trp

370 375 380

Gly Ile Tyr Ser Pro Tyr Trp Leu Thr Pro Thr Arg Ile Ser Leu Asp

385 390 395 400

Trp Glu Thr Pro Trp Thr Tyr Val Arg Tyr Asn Pro Leu Ala Asp Lys

405 410 415

Gly Ile Gly Asn Ala Val Tyr Ala Gln Trp Cys Ser Glu Gln Thr Ser

420 425 430

Lys Leu Asp Pro Lys Lys Ser Lys Cys Ile Met Arg Asp Leu Pro Leu

435 440 445

Trp Cys Ile Phe Tyr Gly Tyr Val Asp Trp Ile Val Lys Ser Thr Gly

450 455 460

Val Ser Ser Ala Val Thr Asp Met Arg Val Ala Ile Arg Ser Pro Tyr

465 470 475 480

Thr Glu Pro Ala Leu Ile Gly Ser Thr Glu Asp Val Gly Phe Ile Pro

485 490 495

Val Ser Asp Thr Phe Cys Asn Gly Asp Met Pro Phe Leu Ala Pro Tyr

500 505 510

Ile Pro Val Gly Trp Trp Ile Lys Trp Tyr Pro Met Ile Ala His Gln

515 520 525

Lys Glu Val Phe Glu Gln Ile Val Asn Cys Gly Pro Phe Val Pro Arg

530 535 540

Asp Gln Thr Thr Pro Ser Trp Glu Ile Thr Met Gly Tyr Lys Met Asp

545 550 555 560

Trp Leu Trp Gly Gly Ser Pro Leu Pro Ser Gln Ala Ile Asp Asp Pro

565 570 575

Cys Gln Lys Pro Thr His Glu Leu Pro Asp Pro Asp Arg His Pro Arg

580 585 590

Met Leu Gln Val Ser Asp Pro Thr Lys Leu Gly Pro Lys Thr Val Phe

595 600 605

His Arg Trp Asp Trp Arg Arg Gly Met Leu Ser Lys Arg Ser Ile Lys

610 615 620

Arg Val Gln Glu Asp Ser Thr Asp Asp Glu Tyr Val Ala Gly Pro Leu

625 630 635 640

Pro Arg Lys Arg Asn Lys Phe Asp Thr Arg Ala Gln Gly Leu Gln Ser

645 650 655

Pro Glu Lys Glu Ser Tyr Thr Leu Leu Gln Ala Leu Gln Glu Ser Gly

660 665 670

Gln Glu Ser Ser Ser Glu Asp Gln Glu Gln Ala Pro Gln Glu Lys Glu

675 680 685

Gly Gln Lys Glu Ala Leu Met Glu Gln Leu Gln Leu Gln Lys Gln His

690 695 700

Gln Arg Val Leu Lys Arg Gly Leu Lys Leu Leu Leu Gly Asp Val Leu

705 710 715 720

Arg Leu Arg Arg Gly Val His Trp Asp Pro Leu Leu Ser

725 730

<210> 242

<211> 733

<212> PRT

<213> Torque teno virus

<400> 242

Thr Ala Trp Trp Trp Gly Arg Trp Arg Arg Arg Trp Arg Pro Arg Tyr

1 5 10 15

Arg Arg Arg Thr Trp Arg Val Arg Arg Arg Arg Pro Arg Arg Thr Phe

20 25 30

Arg Arg Arg Arg Arg Gly Arg Tyr Val Ser Arg Arg Arg Arg Arg Arg

35 40 45

Tyr Tyr Arg Arg Arg Leu Arg Arg Gly Arg Arg Arg Gly Arg Arg Lys

50 55 60

Arg His Arg Gln Thr Leu Val Leu Arg Gln Trp Gln Pro Asp Val Leu

65 70 75 80

Arg Arg Cys Lys Ile Thr Gly Trp Met Pro Leu Ile Ile Cys Gly Ser

85 90 95

Gly Ser Thr Gln Asn Asn Phe Ile Thr His Met Asp Asp Phe Pro Pro

100 105 110

Met Gly Tyr Ser Tyr Gly Gly Asn Phe Thr Asn Leu Thr Phe Ser Leu

115 120 125

Glu Gly Ile Tyr Glu Gln Phe Leu Tyr His Arg Asn Arg Trp Ser Arg

130 135 140

Ser Asn His Asp Leu Asp Leu Ala Arg Tyr Lys Gly Thr Thr Leu Lys

145 150 155 160

Leu Tyr Arg His His Thr Leu Asp Tyr Ile Val Ser Tyr Asn Arg Thr

165 170 175

Gly Pro Phe Gln Ile Ser Asp Met Thr Tyr Leu Ser Thr His Pro Ala

180 185 190

Leu Met Leu Leu Gln Lys His Arg Ile Val Val Pro Ser Leu Leu Thr

195 200 205

Lys Pro Lys Gly Lys Arg Ser Ile Lys Val Arg Ile Lys Pro Pro Lys

210 215 220

Leu Met Leu Asn Lys Trp Tyr Phe Thr Lys Asp Ile Cys Ser Met Gly

225 230 235 240

Leu Phe Gln Leu Gln Ala Thr Ala Cys Thr Leu Tyr Asn Pro Trp Leu

245 250 255

Arg Asp Thr Thr Lys Ser Pro Val Ile Gly Phe Arg Val Leu Lys Asn

260 265 270

Ser Ile Tyr Thr Asn Leu Ser Asn Leu Pro Asp His Glu Gly Ala Arg
275 280 285
Glu Ala Ile Arg Lys Lys Leu His Pro Gln Ser Leu Thr Gly Ser Val
290 295 300
Pro Asn Gln Lys Gly Trp Glu Tyr Ser Tyr Thr Lys Leu Met Ala Pro
305 310 315 320
Ile Tyr Tyr Gln Ala Ile Arg Asn Ser Thr Tyr Asn Trp Leu Asn Tyr
325 330 335

Gln Gln Asn Tyr Ser Gln Thr Tyr Gln Thr Phe Lys Gln Lys Met Gln
340 345 350
Asp Asn Leu Gln Leu Ile Gln Lys Glu Tyr Met Tyr His Tyr Pro Asn
355 360 365
Asn Val Thr Thr Asp Ile Leu Gly Lys Asn Thr Leu Thr His Asp Trp
370 375 380
Gly Ile Tyr Ser Pro Tyr Trp Leu Thr Pro Thr Arg Ile Ser Leu Asp
385 390 395 400

Trp Glu Thr Pro Trp Thr Tyr Val Arg Tyr Asn Pro Leu Ala Asp Lys
405 410 415
Gly Ile Gly Asn Ala Val Tyr Ala Gln Trp Cys Ser Glu Gln Thr Ser
420 425 430
Asn Leu Asp Thr Lys Lys Ser Lys Cys Ile Met Lys Asp Leu Pro Leu
435 440 445
Trp Cys Ile Phe Tyr Gly Tyr Val Asp Trp Val Val Lys Ser Thr Gly
450 455 460

Val Ser Ser Ala Val Thr Asp Met Arg Val Ala Ile Ile Ser Pro Tyr
465 470 475 480
Thr Glu Pro Ala Leu Ile Gly Ser Ser Pro Glu Val Gly Tyr Ile Pro
485 490 495
Val Ser Asp Thr Phe Cys Asn Gly Asp Thr Pro Phe Leu Ala Pro Tyr
500 505 510
Ile Pro Val Gly Trp Trp Ile Lys Trp Tyr Pro Met Ile Ala His Gln

515 520 525

Lys Glu Val Phe Glu Ala Ile Val Asn Cys Gly Pro Phe Val Pro Arg
530 535 540
Asp Gln Thr Thr Pro Ser Trp Glu Ile Thr Met Gly Tyr Lys Met Asp
545 550 555 560
Trp Leu Trp Gly Gly Ser Pro Leu Pro Ser Gln Ala Ile Asp Asp Pro
565 570 575
Cys Gln Lys Pro Thr His Glu Leu Pro Asp Pro Asp Arg His Pro Arg
580 585 590

Met Leu Gln Val Ser Asp Pro Thr Lys Leu Gly Pro Lys Thr Val Phe
595 600 605
His Lys Trp Asp Trp Arg Arg Gly Met Leu Ser Lys Arg Ser Ile Lys
610 615 620
Arg Val Gln Glu Asp Ser Thr Asp Asp Glu Tyr Val Ala Gly Pro Leu
625 630 635 640
Pro Arg Lys Arg Asn Lys Phe Asp Thr Arg Ala Gln Gly Leu Gln Ser
645 650 655

Pro Glu Lys Glu Ser Tyr Thr Leu Leu Gln Ala Leu Gln Glu Ser Gly
660 665 670
Gln Glu Thr Ser Ser Glu Asp Gln Glu Gln Ala Pro Gln Glu Lys Glu
675 680 685
Gly Gln Lys Glu Ala Leu Met Glu Gln Leu Gln Leu Gln Lys Gln His
690 695 700
Gln Arg Val Leu Lys Arg Gly Leu Lys Leu Leu Leu Gly Asp Val Leu
705 710 715 720

Arg Leu Arg Arg Gly Val His Trp Asp Pro Leu Leu Ser
725 730

<210> 243
<211> 785
<212> PRT
<213> Torque teno virus

<400> 243

Met Ala Gln Gly Arg Arg Arg Tyr Arg Arg Gly Trp Gln Arg Arg Val
1 5 10 15

Tyr Leu Arg Arg Arg Arg Arg Arg Arg Arg Lys Arg Leu Val Leu Thr
20 25 30

Gln Trp His Pro Ala Val Arg Arg Lys Cys Thr Ile Thr Gly Tyr Met
35 40 45

Pro Val Val Trp Cys Gly His Gly Arg Ala Ser Tyr Asn Tyr Ala Trp
50 55 60

His Ser Asp Asp Cys Ile Lys Gln Pro Trp Pro Phe Gly Gly Ser Leu
65 70 75 80

Ser Thr Val Ser Phe Asn Leu Lys Val Leu Tyr Asp Glu Asn Gln Arg
85 90 95

Gly Leu Asn Arg Trp Thr Tyr Pro Asn Asp Gln Leu Asp Leu Gly Arg
100 105 110

Tyr Lys Gly Cys Lys Leu Thr Phe Tyr Arg Thr Lys Asn Thr Asn Tyr
115 120 125

Pro Gly Pro Phe Gly Gly Gly Met Thr Thr Asp Lys Phe Thr Leu Arg
130 135 140

Ile Leu Tyr Asp Glu Tyr Lys Arg Phe Met Asn Tyr Trp Thr Ala Ser
145 150 155 160

Asn Glu Asp Leu Asp Leu Cys Arg Tyr Leu Gly Val Asn Leu Tyr Ile
165 170 175

Phe Arg His Pro Asp Val Asp Phe Ile Ile Lys Ile Asn Thr Met Pro
180 185 190

Pro Phe Leu Asp Thr Glu Ile Thr Ala Ala Ser Ile His Pro Gly Ile
195 200 205

Leu Ala Leu Asp Lys Arg Ala Arg Trp Ile Pro Ser Leu Lys Ser Arg
210 215 220

Pro Gly Lys Lys His Tyr Ile Lys Ile Arg Val Gly Ala Pro Lys Met

225 230 235 240

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

290 295 300
Lys Leu Leu Thr Ser Ile Ser Asn Tyr Ile Pro Phe Tyr Asn Thr Thr
305 310 315 320
Gln Thr Ile Ala Gln Leu Lys Pro Phe Val Asp Ala Gly Asn Lys Val
325 330 335
Ser Gly Thr Thr Thr Thr Thr Trp Ala Ser Tyr Ile Asn Thr Thr Arg
340 345 350
Phe Thr Thr Thr Ala Thr Thr Thr Tyr Thr Tyr Pro Gly Ser Thr Thr

355 360 365
Asn Thr Val Thr Met Leu Thr Ser Asn Asp Ser Trp Tyr Arg Gly Thr
370 375 380
Val Tyr Asn Asn Gln Ile Lys Asn Leu Pro Lys Gln Ala Ala Glu Leu
385 390 395 400
Tyr Ser Lys Ala Thr Lys Thr Leu Leu Gly Asn Thr Phe Thr Thr Glu
405 410 415
Asp Tyr Thr Leu Glu Tyr His Gly Gly Leu Tyr Ser Ser Ile Trp Leu

420 425 430
Ser Pro Gly Arg Ser Tyr Phe Glu Thr Pro Gly Ala Tyr Thr Asp Ile
435 440 445
Lys Tyr Asn Pro Phe Thr Asp Arg Gly Glu Gly Asn Met Leu Trp Ile
450 455 460
Asp Trp Leu Ser Lys Lys Asn Met Asn Tyr Asp Lys Val Gln Ser Lys
465 470 475 480
Cys Leu Val Ser Asp Leu Pro Leu Trp Ala Ala Ala Tyr Gly Tyr Val

485 490 495

Glu Phe Cys Ala Lys Ser Thr Gly Asp Gln Asn Ile His Met Asn Ala

500 505 510

Arg Leu Leu Ile Arg Ser Pro Phe Thr Asp Pro Gln Leu Leu Val His

515 520 525

Thr Asp Pro Thr Lys Ala Phe Val Pro Tyr Ser Leu Asn Phe Gly Asn

530 535 540

Gly Lys Met Pro Gly Gly Ser Ser Asn Val Pro Ile Arg Met Arg Ala

545 550 555 560

Lys Trp Tyr Pro Thr Leu Phe His Gln Gln Glu Val Leu Glu Ala Leu

565 570 575

Ala Gln Ser Gly Pro Phe Ala Tyr His Ser Asp Ile Lys Lys Val Ser

580 585 590

Leu Gly Ile Lys Tyr Arg Phe Lys Trp Ile Trp Gly Gly Asn Pro Val

595 600 605

Arg Gln Gln Val Val Arg Asn Pro Cys Lys Glu Pro His Ser Ser Gly

610 615 620

Asn Arg Val Pro Arg Ser Ile Gln Ile Val Asp Gln Lys Tyr Asn Ser

625 630 635 640

Pro Glu Leu Thr Ile His Ser Trp Asp Phe Arg Arg Gly Phe Phe Gly

645 650 655

Pro Lys Ala Ile Gln Arg Met Gln Gln Gln Pro Thr Ala Thr Glu Phe

660 665 670

Phe Ser Ala Gly Arg Lys Arg Pro Arg Arg Asp Thr Glu Val Tyr Gln

675 680 685

Ser Asp Gln Glu Lys Glu Gln Lys Glu Ser Ser Leu Phe Pro Pro Val

690 695 700

Lys Leu Leu Arg Arg Val Pro Pro Trp Glu Asp Ser Asp Arg Lys Gln

705 710 715 720

Ser Gly Ser Gln Ser Ser Glu Glu Glu Thr Gln Thr Val Ser Gln Gln

725 730 735

Leu Lys Gln Gln Leu Gln Gln Gln Arg Ile Leu Gly Val Lys Leu Arg

740 745 750

Leu Leu Phe Tyr Gln Ile Gln Arg Ile Gln Gln Asn Gln Asp Ile Asn

755 760 765

Pro Thr Leu Leu Pro Arg Gly Gly Asp Leu Ala Ser Leu Phe Gln Ile

770 775 780

Ala

785

<210> 244

<211> 748

<212> PRT

<213> Torque teno virus

<400> 244

Met Ala Trp Thr Trp Trp Trp Gln Arg Arg Arg Arg Arg Trp Pro Trp

1 5 10 15

Arg Arg Arg Arg Trp Arg Arg Leu Arg Thr Arg Arg Pro Arg Arg Leu

20 25 30

Val Arg Arg Arg Arg Lys Arg Tyr Arg Val Arg Arg Arg Arg Arg Trp

35 40 45

Gly Arg Arg Arg Gly Arg Arg Thr Tyr Leu Arg Arg Gly Leu Lys Lys

50 55 60

Arg Lys Arg Arg Lys Lys Leu Arg Leu Thr Gln Trp Asn Pro Ser Thr

65 70 75 80

Ile Arg Gly Cys Thr Ile Lys Gly Met Ala Pro Leu Ile Val Cys Gly

85 90 95

His Thr Met Ala Gly Asn Asn Phe Ala Ile Arg Met Glu Asp Tyr Val

100 105 110

Ser Gln Ile Lys Pro Phe Gly Gly Ser Phe Ser Thr Thr Thr Trp Ser

115 120 125

Leu Lys Val Leu Trp Asp Glu His Thr Arg Phe His Asn Thr Trp Ser

130 135 140

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

Thr Arg Pro Arg Gly Arg Lys Lys Val Lys Val His Ile Lys Pro Pro
210 215 220
Val Leu Phe Glu Asp Lys Trp Tyr Thr Gln Gln Asp Leu Cys Asp Val
225 230 235 240
Asn Leu Leu Ser Leu Ala Val Ser Ala Ala Ser Phe Arg His Pro Phe
245 250 255
Cys Pro Pro Gln Thr Asp Asn Ile Cys Ile Thr Phe Gln Val Leu Lys
260 265 270

Asp Lys Tyr Tyr Thr Gln Met Ser Val Thr Pro Asp Thr Ala Gly Thr
275 280 285
Lys Lys Asp Asp Glu Ile Leu Asp His Leu Tyr Ser Thr Ala Glu Tyr
290 295 300
Tyr Gln Thr Val His Thr Gln Gly Ile Ile Asn Lys Thr Gln Arg Val
305 310 315 320
Ala Lys Phe Ser Thr Ser Asn Asn Thr Leu Gly Asp Gln Ser Glu Ile
325 330 335

Ser Leu Tyr Leu Asn Gln Pro Thr Thr Thr Asn Ile Gly Asn Thr Leu
340 345 350
Ser Thr Gly His Asn Ser Val Tyr Gly Phe Pro Ser Tyr Asn Pro Gln
355 360 365
Lys Asp Lys Leu Arg Lys Ile Ala Asp Trp Phe Trp Thr Gln Glu Ala
370 375 380
Asn Lys Glu Asn Val Val Thr Gly Ser Tyr Ser Met Pro Thr Asn Lys

385 390 395 400

Ala Val Gly Tyr His Leu Gly Lys Tyr Ser Pro Ile Phe Leu Ser Ser
405 410 415

Tyr Arg Thr Asn Leu Gln Phe Arg Thr Ala Tyr Thr Asp Val Thr Tyr
420 425 430

Asn Pro Leu Asn Asp Lys Gly Lys Gly Asn Glu Ile Trp Val Gln Tyr
435 440 445

Val Thr Lys Pro Asp Thr Val Phe Asn Pro Thr Gln Cys Lys Cys His
450 455 460

Val Ile Asp Leu Pro Leu Trp Ser Ala Phe His Gly Tyr Ile Asp Phe
465 470 475 480

Val Gln Ser Glu Leu Gly Ile Gln Glu Glu Ile Leu Asn Ile Ala Ile
485 490 495

Ile Val Val Ile Cys Pro Tyr Thr Lys Pro Lys Leu Val His Glu Thr
500 505 510

Asn Pro Lys Gln Gly Phe Val Phe Tyr Asp Thr Gln Phe Gly Asp Gly
515 520 525

Lys Met Pro Glu Gly Ser Gly Leu Val Pro Ile Tyr Tyr Gln Asn Arg
530 535 540

Trp Tyr Pro Arg Ile Lys Phe Gln Ser Gln Val Val His Asp Phe Ile
545 550 555 560

Leu Thr Gly Pro Phe Ser Tyr Lys Asp Asp Leu Lys Ser Thr Val Leu
565 570 575

Thr Val Glu Tyr Lys Phe Lys Phe Leu Trp Gly Gly Asn Met Ile Pro
580 585 590

Glu Gln Val Ile Arg Asn Pro Cys Lys Thr Glu Gly His Asp Leu Pro
595 600 605

His Thr Ser Arg Leu His Arg Asp Leu Gln Val Val Asp Pro His Thr
610 615 620

Val Gly Pro Gln Trp Ala Leu His Thr Trp Asp Trp Arg Arg Gly Leu
625 630 635 640

Phe Gly Ser Glu Ala Ile Lys Arg Val Ser Glu Gln Gln Val His Asp
645 650 655

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

Ser Gly Leu Gln Glu Gln Glu Arg Asp Tyr Ser Ser Gln Glu Glu Lys
675 680 685

Glu Gln Ser Ser Ser Glu Glu Glu Thr Asp Pro Lys Lys Lys Glu Gln
690 695 700

Lys Gln Gln Gln Arg Leu His Leu Gln Phe Gln Glu Gln Gln Arg Leu
705 710 715 720

Gly Asn Gln Leu Arg Leu Ile Phe Arg Glu Leu Gln Lys Thr Gln Ala
725 730 735

Gly Leu His Leu Asn Pro Met Leu Ser Asn Arg Leu
740 745

<210> 245

<211> 726

<212> PRT

<213> Torque teno virus

<400> 245

Met Ala Trp Gly Trp Trp Lys Arg Arg Arg Arg Trp Trp Phe Arg Lys
1 5 10 15

Arg Trp Thr Arg Gly Arg Leu Arg Arg Arg Trp Pro Arg Pro Ala Arg
20 25 30

Arg Arg Pro Arg Arg Arg Arg Val Arg Arg Arg Arg Arg Trp Arg Arg
35 40 45

Gly Arg Pro Arg Arg Arg Leu Tyr Arg Arg Tyr Arg Arg Lys Lys Arg
50 55 60

Arg Arg Arg Lys Pro Lys Ile Ile Leu Lys Gln Trp Gln Pro Asp Ile
65 70 75 80

Val Lys Arg Cys Tyr Ile Val Gly Tyr Ile Pro Ala Ile Ile Cys Gly
85 90 95

Ala Gly Thr Trp Ser His Asn Tyr Thr Ser His Leu Leu Asp Ile Ile
100 105 110

Pro Lys Gly Pro Phe Gly Gly Gly His Ser Thr Met Arg Phe Ser Leu
115 120 125

Lys Val Leu Phe Glu Glu His Leu Arg His Leu Asn Phe Trp Thr Arg
130 135 140

Ser Asn Gln Asp Leu Glu Leu Val Arg Tyr Phe Arg Cys Ser Phe Arg
145 150 155 160

Phe Tyr Arg Asp Gln His Thr Asp Tyr Leu Val His Tyr Asn Arg Lys
165 170 175

Thr Pro Leu Gly Gly Asn Arg Leu Thr Ala Pro Ser Leu His Pro Gly
180 185 190

Val Gln Met Leu Ser Lys Asn Lys Ile Ile Val Pro Ser Tyr Asp Thr
195 200 205

Lys Pro Lys Gly Lys Ser Tyr Val Lys Val Thr Ile Ala Pro Pro Thr
210 215 220

Leu Leu Thr Asp Lys Trp Tyr Phe Ala Lys Asp Val Cys Asp Thr Thr
225 230 235 240

Leu Val Asn Leu Asp Val Val Leu Cys Asn Leu Arg Phe Pro Phe Cys
245 250 255

Ser Pro Gln Thr Asp Asn Pro Cys Ile Thr Phe Gln Val Leu His Ser
260 265 270

Ile Tyr Asn Asp Phe Leu Ser Ile Val Asp Thr Gln Glu Tyr Lys Asn
275 280 285

Asn Phe Val Thr Thr Leu Ser Thr Lys Leu Gly Thr Thr Trp Gly Ser
290 295 300

Arg Leu Asn Thr Phe Arg Thr Glu Gly Cys Tyr Ser His Pro Lys Leu
305 310 315 320

Pro Lys Lys Gln Val Thr Ala Ala Asn Asp Ser Thr Tyr Phe Thr Gln
325 330 335

Pro Asp Gly Leu Trp Gly Asp Ala Val Phe Glu Thr Lys Asp Thr Thr

340 345 350

Ile Ile Thr Lys Asn Met Glu Ser Tyr Ala Thr Ser Ala Lys Gln Arg
355 360 365
Gly Val Asn Gly Asp Pro Ala Phe Cys His Leu Thr Gly Ile Tyr Ser
370 375 380
Pro Pro Trp Leu Thr Pro Gly Arg Ile Ser Pro Glu Thr Pro Gly Leu
385 390 395 400
Tyr Thr Asp Val Thr Tyr Asn Pro Tyr Ala Asp Lys Gly Val Gly Asn
405 410 415

Arg Ile Trp Val Asp Tyr Cys Ser Lys Lys Gly Asn Lys Tyr Asp Asn
420 425 430
Thr Ser Lys Cys Leu Leu Glu Asp Met Pro Leu Trp Met Val Thr Phe
435 440 445
Gly Tyr Val Asp Trp Val Lys Lys Glu Thr Gly Asn Trp Gly Ile Pro
450 455 460
Leu Trp Ala Arg Val Leu Ile Arg Ser Pro Tyr Thr Val Pro Lys Leu
465 470 475 480

Tyr Asn Glu Ala Asp Pro Ser Tyr Gly Trp Val Pro Ile Ser Tyr Tyr
485 490 495
Phe Gly Glu Gly Lys Met Pro Asn Gly Asp Met Tyr Val Pro Phe Lys
500 505 510
Val Arg Met Lys Trp Tyr Pro Ser Met Trp Asn Gln Glu Pro Val Leu
515 520 525
Asn Asp Leu Ala Lys Ser Gly Pro Phe Ala Tyr Lys Asp Thr Lys Thr
530 535 540

Ser Val Thr Val Thr Thr Lys Tyr Lys Phe Thr Phe Asn Phe Gly Gly
545 550 555 560
Asn Pro Val Pro Ser Gln Ile Val Gln Asp Pro Cys Thr Gln Pro Thr
565 570 575
Tyr Asp Ile Pro Gly Thr Gly Asn Leu Pro Arg Arg Ile Gln Val Ile
580 585 590

Asp Pro Lys Val Leu Gly Pro His Tyr Ser Phe His Arg Trp Asp Phe
595 600 605

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

Ala Pro Ser Glu Glu Glu Pro Glu Asn Gln Glu Glu Gln Val Leu Gln
675 680 685
Leu Gln Leu Arg Gln Gln Leu Arg Glu Gln Arg Lys Leu Arg Gln Gly
690 695 700
Ile Gln Cys Leu Phe Glu Gln Leu Ile Thr Thr Gln Gln Gly Val His
705 710 715 720
Lys Asn Pro Leu Leu Glu
725

<210> 246
<211> 763
<212> PRT
<213> Torque teno virus

<400> 246
Met Ala Tyr Gly Trp Trp Ala Arg Arg Arg Arg Arg Trp Arg Arg Trp
1 5 10 15
Lys Arg Arg Pro Trp Arg Arg Arg Trp Arg Thr Arg Arg Arg Arg Pro
20 25 30
Arg Arg Arg Tyr Arg Arg Arg Arg His Val Arg Arg Arg Arg Arg Gly
35 40 45
Arg Trp Arg Arg Arg Tyr Arg Lys Trp Arg Arg Lys Gly Arg Arg Arg
50 55 60

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

Leu Tyr Asp Glu Tyr Cys Arg Phe Met Asn Tyr Trp Thr Ala Ser Asn
130 135 140
Glu Asp Leu Asp Leu Cys Arg Tyr Arg Gly Cys Thr Leu Trp Phe Phe
145 150 155 160
Arg His Pro Asp Val Asp Phe Ile Ile Leu Ile Asn Thr Met Ser Pro
165 170 175
Phe Leu Asp Thr Gln Leu Thr Gly Pro Ser Ile His Pro Gly Leu Met
180 185 190

Ala Leu Asn Lys Arg Ala Arg Trp Ile Pro Ser Leu Lys Ser Arg Pro
195 200 205
Gly Arg Lys His Val Val Lys Ile Arg Val Gly Ala Pro Arg Met Phe
210 215 220
Thr Asp Lys Trp Tyr Pro Gln Ser Asp Leu Cys Asp Leu Pro Leu Leu
225 230 235 240
Thr Ile Phe Ala Ser Ala Ala Asp Met Gln Tyr Pro Phe Gly Ser Pro
245 250 255

Leu Thr Asp Ser Val Val Val Gly Phe Gln Val Leu Gln Ser Met Tyr
260 265 270
Asn Asp Cys Leu Ser Ile Leu Pro Glu Asn Phe Asn Gly Asn Gly Lys
275 280 285
Gly Lys Ala Leu His Asp Asn Ile Thr Lys Tyr Leu Pro Asn Tyr Asn
290 295 300
Thr Thr Gln Thr Leu Ala Gln Leu Lys Pro Tyr Ile Asp Asn Thr Ser

305 310 315 320

Thr Gly Ser Thr Asn Asn Trp Ser Ser Tyr Val Asn Thr Ser Lys Phe
325 330 335
Thr Thr Ala Ser Lys Thr Ile Thr Thr Ser Ala Glu Gly Pro Tyr Tyr
340 345 350
Thr Phe Ala Asp Thr Trp Tyr Arg Gly Thr Ala Tyr Asn Asn Ser Ile
355 360 365
Thr Asn Val Pro Leu Gln Ala Ala Gln Leu Tyr His Asp Thr Thr Lys
370 375 380

Lys Leu Leu Gly Thr Thr Phe Thr Gly Gly Ser Pro Tyr Leu Glu Tyr
385 390 395 400
His Gly Gly Leu Tyr Ser Ser Ile Trp Leu Ser Ala Gly Arg Ser Tyr
405 410 415
Phe Glu Thr Lys Gly Thr Tyr Thr Asp Ile Thr Tyr Asn Pro Phe Thr
420 425 430
Asp Arg Gly Gln Gly Asn Met Val Trp Ile Asp Trp Val Ser Lys Tyr
435 440 445

Asp Ser Val Tyr Ser Lys Thr Gln Ser Lys Cys Leu Ile Glu Asn Leu
450 455 460
Pro Leu Trp Ala Ser Val Tyr Gly Tyr Ala Glu Tyr Cys Ser Lys Ser
465 470 475 480
Thr Gly Asp Thr Asn Ile Glu Gln Asn Cys Arg Val Val Ile Arg Ser
485 490 495
Pro Phe Thr Asn Pro Gln Leu Leu Asp His Asn Asn Pro Leu Arg Gly
500 505 510

Tyr Val Pro Tyr Ser Ile Asn Phe Gly Asn Gly Lys Met Pro Gly Gly
515 520 525
Ser Ser Gln Val Pro Ile Arg Met Arg Ser Lys Trp Tyr Pro Thr Leu
530 535 540
Phe His Gln Lys Glu Val Leu Glu Ala Ile Ala Gln Ala Gly Pro Phe
545 550 555 560

Ala Tyr His Ser Asp Gln Met Lys Val Ser Leu Gly Met Lys Tyr Ala
565 570 575

Phe Lys Trp Val Trp Gly Gly Asn Pro Val Ser Gln Gln Val Val Arg
580 585 590
Asn Pro Cys Lys Asp Thr Gly Val Ser Ser Gly Asn Arg Val Pro Arg
595 600 605
Ser Val Gln Ile Val Asp Pro Lys Tyr Asn Thr Pro Glu Leu Ala Ile
610 615 620
His Ala Trp Asp Phe Arg Arg Ala Cys Leu Ala Gln Lys Leu Leu Arg
625 630 635 640

Glu Cys Lys Gln Asn Arg Thr Leu Leu Asn Phe Phe Arg Gln Gly Glu
645 650 655
Lys Asp Thr Gly Glu Thr Gln Lys Leu Tyr Ser Pro Ala Lys Lys Asn
660 665 670
Asn Lys Lys Lys Thr Tyr Phe Ser Ser Gln Ser Ser Ser Ser Asp Gln
675 680 685
Ser Pro Val Gly Gly Val Gly Pro Lys Pro Lys Arg Gly Arg Gly Gly
690 695 700

Pro Thr Arg Asp Ala Asp Thr Leu Pro Ala Ala Pro Ala Ala Ala Gln
705 710 715 720
Gly Ala Ala Ala His Gly Gly Pro Thr Pro Ser Pro Val Pro Thr Ile
725 730 735
Thr Thr Gly Pro Thr Lys His Thr Tyr Arg Pro Tyr Leu Phe Ala Arg
740 745 750
Gly Ala Gly Val Thr Ser Leu Phe Gln Thr Ala
755 760

<210> 247
<211> 760

<212> PRT
<213> Torque teno virus
<400> 247

Met Ala Trp Trp Gly Arg Trp Arg Arg Trp Pro Arg Arg Arg Trp Arg
1 5 10 15
Arg Trp Arg Arg Arg Arg Arg Arg Arg Leu Pro Thr Arg Arg Thr Arg
20 25 30
Arg Ala Val Arg Gly Leu Gly Arg Arg Pro Arg Lys Thr Val Arg Arg
35 40 45
Arg Arg Arg Arg Pro Arg Arg Thr Tyr Arg Arg Gly Trp Arg Arg Arg

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

115 120 125
Ser Thr Thr Thr Phe Ser Leu Arg Gly Leu Tyr Asp Gln Tyr Thr Lys
130 135 140
His Met Asn Arg Trp Thr Phe Ser Asn Asp Gln Leu Asp Leu Ala Arg
145 150 155 160
Tyr Arg Gly Cys Lys Phe Arg Phe Tyr Arg His Pro Thr Cys Asp Phe
165 170 175
Ile Val His Tyr Asn Leu Val Pro Pro Leu Lys Met Asn Gln Phe Thr

180 185 190
Ser Pro Asn Thr His Pro Gly Leu Leu Met Leu Thr Lys His Lys Ile
195 200 205
Ile Ile Pro Ser Phe Leu Thr Arg Pro Gly Gly Arg Arg Phe Val Lys
210 215 220
Ile Arg Leu Pro Pro Pro Lys Leu Phe Glu Asp Lys Trp Tyr Thr Gln
225 230 235 240
Gln Asp Leu Cys Lys Gln Pro Leu Val Thr Leu Thr Ala Thr Ala Ala

245 250 255

Ser Leu Arg Tyr Pro Phe Cys Ser Pro Gln Thr Asn Asn Pro Asn Cys

260 265 270

Thr Phe Gln Val Leu Arg Lys Asn Tyr His Lys Val Ile Gly Thr Ser

275 280 285

Ser Thr Asn Ser Glu Asp Val Thr Pro Phe Glu Asn Trp Leu Tyr Asn

290 295 300

Thr Ala Ser His Tyr Gln Thr Phe Ala Thr Glu Ala Gln Val Gly Arg

305 310 315 320

Ile Pro Ser Phe Asn Pro Asp Gly Thr Lys Asn Thr Lys Glu Ser Glu

325 330 335

Trp Gln Asn Tyr Trp Ser Lys Lys Gly Glu Pro Trp Asn Pro Asn Ser

340 345 350

Ser Tyr Pro His Thr Thr Thr Asn Gln Met Tyr Lys Ile Pro Phe Asp

355 360 365

Ser Asn Tyr Gly Phe Pro Thr Tyr Lys Pro Ile Lys Glu Tyr Met Leu

370 375 380

Gln Arg Arg Ala Trp Ser Phe Lys Tyr Glu Thr Asp Asn Pro Val Ser

385 390 395 400

Lys Lys Ile Trp Pro Gln Pro Thr Thr Thr Lys Pro Thr Ile Asp Tyr

405 410 415

Tyr Glu Tyr His Ala Gly Trp Phe Ser Asn Ile Phe Ile Gly Pro Asn

420 425 430

Arg His Ser Leu Gln Phe Gln Thr Ala Tyr Val Asp Thr Thr Tyr Asn

435 440 445

Pro Leu Asn Asp Lys Gly Lys Gly Asn Lys Ile Trp Phe Gln Tyr His

450 455 460

Ser Lys Val Asn Thr Asp Leu Arg Asp Arg Gly Ile Tyr Cys Leu Leu

465 470 475 480

Glu Asp Met Pro Leu Trp Ser Met Thr Phe Gly Tyr Ser Asp Tyr Val

485 490 495

Ser Thr Gln Leu Gly Pro Asn Val Asp His Glu Thr Gln Gly Leu Val

500 505 510

Cys Ile Ile Cys Pro Tyr Thr Glu Pro Pro Met Tyr Asp Lys Thr Asn

515 520 525

Pro Asn Ser Gly Tyr Val Ala Tyr Asp Thr Asn Phe Gly Asn Gly Lys

530 535 540

Met Pro Ser Gly Arg Ser Gln Val Pro Val Tyr Trp Gln Cys Arg Trp

545 550 555 560

Arg Pro Met Leu Trp Phe Gln Gln Gln Val Leu Asn Asp Ile Ser Lys

565 570 575

Ser Gly Pro Tyr Ala Tyr Arg Asp Glu Leu Lys Asn Cys Cys Leu Thr

580 585 590

Ala Tyr Tyr Asn Phe Ile Phe Asp Trp Gly Gly Asp Met Tyr Tyr Pro

595 600 605

Gln Val Ile Lys Asn Pro Cys Ala Asp Ser Gly Leu Val Pro Gly Thr

610 615 620

Ser Arg Phe Thr Arg Glu Val Gln Val Val Ser Pro Leu Ser Met Gly

625 630 635 640

Pro Gln Tyr Ile Leu His Leu Phe Asp Gln Arg Arg Gly Phe Phe Ser

645 650 655

Ser Asn Ala Leu Lys Arg Met Gln Gln Gln Gln Glu Phe Asp Glu Ser

660 665 670

Phe Thr Val Lys Pro Lys Arg Pro Lys Leu Ser Thr Ala Ala His Val

675 680 685

Glu Gln Gln Glu Glu Asp Ser Ser Ser Arg Glu Arg Lys Ser Gly Ser

690 695 700

Ser Gln Glu Glu Val Gln Glu Glu Val Leu Gln Thr Pro Glu Ile Gln

705 710 715 720

Leu His Leu Gln Arg Asn Ile Arg Glu Gln Leu His Ile Lys Gln Gln

725 730 735

Leu Gln Leu Leu Leu Leu Gln Leu Phe Lys Thr Gln Ala Asn Ile His

740 745 750

Leu Asn Pro Arg Phe Ile Ser Pro

755 760

<210> 248

<211> 772

<212> PRT

<213> Torque teno virus

<400> 248

Met Ala Trp Arg Arg Trp Arg Trp Arg Pro Trp Trp Arg Arg Arg Arg

1 5 10 15

Arg Arg Arg Trp Arg Arg Arg Arg Arg Arg Pro Arg Arg Arg Arg Pro

20 25 30

Tyr Arg Arg Arg Arg Pro Arg Arg Val Arg Arg Arg Arg Gly Arg Trp

35 40 45

Arg Arg Ala Tyr Arg Arg Trp Gly Arg Arg Arg Arg Arg Arg Arg His

50 55 60

Lys Lys Lys Leu Val Leu Thr Gln Trp Gln Pro Ala Val Val Lys Arg

65 70 75 80

Cys Leu Ile Val Gly Phe Asp Pro Leu Ile Ile Cys Gly Ile Asn Arg

85 90 95

Thr Ile Phe Asn Tyr Thr Thr His Ser Glu Asp Phe Thr Phe Asn Asn

100 105 110

Asp Ser Phe Gly Gly Gly Leu Cys Thr Ala Gln Tyr Thr Leu Arg Ile

115 120 125

Leu Phe Gln Glu Lys Leu Ala Gln His Asn Phe Trp Ser Ala Ser Asn

130 135 140

Glu Asp Leu Asp Leu Ala Arg Tyr Leu Gly Ala Thr Ile Val Leu Tyr

145 150 155 160

Arg His Pro Thr Val Asp Phe Leu Val Arg Ile Arg Thr Ser Pro Pro

165 170 175

Phe Glu Asp Thr Asp Met Thr Ala Met Thr Leu His Pro Gly Met Met

180 185 190

Met Leu Ala Lys Lys Thr Ile Lys Ile Pro Ser Leu Lys Thr Arg Pro

195 200 205

Ser Arg Lys His Val Val Arg Ile Arg Val Gly Ala Pro Lys Leu Phe

210 215 220

Glu Asp Lys Trp Tyr Pro Gln Asn Glu Leu Cys Asp Val Thr Leu Leu

225 230 235 240

Thr Ile Gln Ala Thr Thr Ala Asp Phe Gln Tyr Pro Phe Gly Ser Pro

245 250 255

Leu Thr Asn Ser Pro Cys Cys Asn Phe Gln Val Leu Asn Ser Asn Tyr

260 265 270

Asp Asn Ala His Ser Ile Leu Asn Leu Ser Asn Glu Pro Thr Asn Lys

275 280 285

Trp His Thr Tyr Arg Asn Asn Cys Tyr Lys Phe Leu Leu Glu Gln Tyr

290 295 300

Ser Tyr Tyr Asn Thr Lys Gln Val Val Ala Gln Leu Lys Tyr Lys Trp

305 310 315 320

Asn Pro Asn Gln Asn Pro Thr Met Pro Asn Thr Ser Asn Ala Ser Leu

325 330 335

Ser Lys Lys Pro Asp Asp Leu Thr Lys Thr Lys Thr Thr Asn Glu Tyr

340 345 350

Pro His Trp Asp Thr Leu Tyr Gly Gly Leu Ala Tyr Gly His Ser Thr

355 360 365

Val Thr Pro Gly Thr Thr Ser Ser Pro Thr Asp Leu Lys Thr Gln Met

370 375 380

Leu Thr Gly Asn Glu Phe Tyr Thr Thr Ala Gly Lys Lys Leu Ile Asp

385 390 395 400

Thr Phe His Pro Ile Pro Tyr Tyr Glu Asn Gly Ser Ser Lys Ala Asn

405 410 415

Thr Asn Ile Phe Asp Tyr Tyr Thr Gly Met Tyr Ser Ser Ile Phe Leu

420 425 430

Ser Ser Gly Arg Ser Asn Pro Glu Val Lys Gly Ser Tyr Thr Asp Ile

435 440 445

Ser Tyr Asn Pro Leu Thr Asp Lys Gly Val Gly Asn Met Ile Trp Ile

450 455 460

Asp Trp Leu Thr Lys Gly Asp Thr Val Tyr Asp Pro Lys Lys Ser Lys

465 470 475 480

Cys Leu Leu Ser Asp Phe Pro Leu Trp Ser Leu Cys Tyr Gly Tyr Pro

485 490 495

Asp Tyr Cys Arg Lys Gln Thr Gly Asp Ser Gly Ile Tyr Tyr Asp Tyr

500 505 510

Arg Val Leu Ile Arg Cys Pro Tyr Thr Tyr Pro Gln Leu Ile Lys His

515 520 525

Asn Asp Lys Tyr Phe Gly Phe Val Val Tyr Ser Glu Asn Phe Gly Leu

530 535 540

Gly Arg Leu Pro Gly Gly Asn Pro Asn Pro Pro Thr Arg Met Arg Leu

545 550 555 560

His Trp Tyr Pro Asn Met Phe His Gln Thr Glu Val Leu Glu Cys Ile

565 570 575

Ala Gln Ser Gly Pro Phe Ala Tyr His Gly Asp Glu Arg Lys Ala Val

580 585 590

Leu Thr Ala Lys Tyr Lys Phe Arg Trp Lys Trp Gly Gly Asn Pro Val

595 600 605

Phe Gln Gln Val Leu Arg Asp Pro Cys Thr Gly Gly Ala Val Ala Pro

610 615 620

His Thr Ser Arg His Pro Arg Ala Ile Gln Val His Asp Pro Lys Tyr

625 630 635 640

Gln Ala Pro Glu Tyr Leu Phe His Lys Trp Asp Phe Arg Arg Gly Leu

645 650 655

Phe Ser Thr Lys Gly Ile Lys Arg Val Ser Glu Gln Pro Val His Asp

660 665 670

Glu Tyr Phe Thr Gly Ser Ser Lys Arg Pro Lys Lys Asp Thr Asn Pro

675 680 685

Ser Pro Gln Gly Glu Glu Gln Lys Glu Gly Ser Arg Phe Arg Val Pro

690 695 700

Glu Leu Arg Pro Trp Leu Pro Ser Ser Gln Glu Thr Gln Ser Gln Ser

705 710 715 720

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

725 730 735

Gln Leu Gln Gln Gln Gln Leu Met Gly Ile Gln Leu Arg Asn Val Cys

740 745 750

Leu Gln Leu Ala Arg Val Gln Ala Gly His Ser Leu His Pro Val Phe

755 760 765

Gln Cys His Ala

770

<210> 249

<211> 426

<212> PRT

<213> Torque teno virus

<400> 249

Met Ala Trp Gly Trp Trp Arg Arg Arg Arg Lys Trp Trp Trp Arg Arg

1 5 10 15

Arg Phe Ala Arg Ser Arg Leu Arg Arg Arg Arg Ile Arg Arg Pro Arg

20 25 30

Arg Arg Thr Arg Arg Arg Arg Thr Val Arg Arg Arg Arg Gln Trp Arg Arg

35 40 45

Gly Arg Pro Arg Arg Arg Leu Phe Lys Arg Lys Arg Arg Phe Lys Arg

50 55 60

Arg Arg Arg Lys Ala Lys Ile Lys Ile Thr Gln Trp Gln Pro Ser Ser

65 70 75 80

Val Lys Arg Cys Phe Val Ile Gly Tyr Phe Pro Leu Val Ile Cys Gly

85 90 95

Pro Gly Arg Trp Ser Glu Asn Phe Thr Ser His Ile Glu Asp Lys Ile

100 105 110

Ser Lys Gly Pro Phe Gly Gly Gly His Ser Thr Ser Arg Trp Ser Leu
115 120 125
Lys Val Leu Tyr Glu Glu Phe Gln Arg His His Asn Phe Trp Thr Arg
130 135 140
Ser Asn Lys Asp Leu Glu Leu Val Arg Phe Phe Gly Ser Ser Trp Arg
145 150 155 160
Phe Tyr Arg His Glu Asp Thr Asp Tyr Ile Val Tyr Tyr Ser Arg Lys
165 170 175

Ala Pro Leu Gly Gly Asn Leu Leu Thr Ala Pro Ser Leu His Pro Gly
180 185 190
Ala Ala Met Leu Ser Lys His Lys Ile Val Val Pro Ser Phe Lys Thr
195 200 205
Arg Pro Gly Gly Lys Pro Thr Val Lys Ile Asn Ile Lys Pro Pro Thr
210 215 220
Thr Leu Ile Asp Lys Trp Tyr Phe Gln Lys Asp Ile Cys Asp Thr Thr
225 230 235 240

Phe Leu Asn Leu Asn Val Val Leu Cys Asn Leu Arg Phe Pro Phe Cys
245 250 255
Ser Pro Gln Thr Asp Asn Ile Cys Val Thr Phe Gln Ile Leu His Glu
260 265 270
Val Tyr His Asn Tyr Ile Ser Ile Thr Ala Lys Glu Leu Leu Thr Gly
275 280 285
Thr Glu Trp Arg Gln Tyr Tyr Lys Asn Phe Leu Asn Ala Ala Leu Pro
290 295 300

Asn Asp Arg Ser Val Asn Lys Leu Asn Thr Phe Ser Thr Glu Gly Ala
305 310 315 320
Tyr Ser His Pro Gln Ile Lys Lys His Thr Glu Asn Ile Thr Gly Ser
325 330 335
Gly Asp Lys Tyr Phe Arg Lys Lys Asp Gly Leu Trp Gly Asp Ala Ile
340 345 350

His Ile Thr Asp Gln Gln Asn Arg Thr Glu Val Ile Asp Leu Ile Leu
355 360 365

Lys Asn Ala Glu Asn Tyr Leu Lys Lys Val Gln Gln Glu Tyr Gln Gly
370 375 380
Gln Glu Asn Leu Lys Asn Leu Ile His Pro Val Phe Cys Gln Tyr Val
385 390 395 400
Gly Ile Phe Gly Gln Pro Thr Thr Lys Leu Pro Gln Asn Lys Pro Arg
405 410 415
Asn Ser Arg Pro Val Gln Arg His Asn Ile
420 425

<210> 250
<211> 739
<212> PRT

<213> Torque teno virus
<400> 250
Met Ser Trp Trp Gly Trp Arg Arg Arg Trp Trp Trp Lys Pro Arg Arg
1 5 10 15
Arg Trp Arg Arg Arg Arg Ala Arg Arg Pro Arg Arg Leu Pro Arg Arg
20 25 30
Arg Tyr Arg Arg Pro Thr Arg Arg Tyr Arg Gly Arg Arg Val Arg Arg
35 40 45
Arg Arg Ala Gly Gly Trp Arg Gly Arg Arg Arg Tyr Ser Arg Arg Tyr
50 55 60

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

Ser Thr Val Ser Phe Ser Leu Lys Val Leu Phe Asp Pro Asn Gln Arg
130 135 140
Gly Leu Asn Arg Trp Ser Ala Ser Asn Asp Gln Leu Asp Leu Ala Arg
145 150 155 160
Tyr Thr Gly Cys Thr Phe Trp Phe Tyr Arg His Lys Lys Thr Asp Phe
165 170 175
Ile Val Gln Tyr Asp Val Ser Ala Pro Phe Lys Leu Asp Lys Asn Ser
180 185 190

Cys Pro Ser Tyr His Pro Phe Met Leu Met Lys Ala Lys His Lys Val
195 200 205
Leu Ile Pro Ser Phe Asp Thr Lys Pro Lys Gly Arg Glu Lys Ile Lys
210 215 220
Leu Arg Ile Gln Pro Pro Lys Met Phe Ile Asp Lys Trp Tyr Thr Gln
225 230 235 240
Glu Asp Leu Cys Pro Val Ile Leu Val Thr Leu Val Ala Thr Ala Ala
245 250 255

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

Lys Asn Asn Pro Asp Asn Thr Ala Asn Thr Glu Ala Asn Lys Phe Asn
325 330 335
Glu Trp Val Asp Lys Thr Phe Lys Thr Gly Lys Leu Val Lys Tyr Asn
340 345 350
Tyr Asn Gln Tyr Lys Pro Asp Ile Glu Lys Leu Thr Leu Leu Arg Gln
355 360 365
Tyr Tyr Phe Arg Trp Glu Thr Gln His Thr Gly Val Ala Val Pro Pro

370 375 380

Thr Trp Thr Thr Pro Thr Thr Asp Arg Tyr Glu Tyr His Val Gly Met
385 390 395 400
Phe Ser Pro Ile Phe Leu Thr Pro Tyr Arg Ser Ala Gly Leu Asp Phe
405 410 415
Pro Tyr Ala Tyr Ala Asp Val Thr Tyr Asn Pro Leu Thr Asp Lys Gly
420 425 430
Val Gly Asn Arg Met Trp Tyr Gln Tyr Asn Thr Lys Ile Asp Thr Gln
435 440 445

Phe Asp Ala Lys Cys Cys Lys Cys Val Leu Glu Asp Met Pro Leu Tyr
450 455 460
Ala Met Ala Phe Gly His Ala Asp Phe Leu Glu Gln Glu Ile Gly Glu
465 470 475 480
Tyr Gln Asp Leu Glu Ala Asn Gly Tyr Val Cys Val Ile Ser Pro Tyr
485 490 495
Thr Lys Pro Pro Met Phe Asn Lys His Asn Pro Gln Gln Gly Tyr Val
500 505 510

Phe Tyr Asp Ser Gln Trp Gly Asn Gly Lys Trp Ile Asp Gly Thr Gly
515 520 525
Phe Val Pro Val Tyr Trp Leu Thr Arg Trp Arg Val Glu Leu Leu Phe
530 535 540
Gln Lys Gln Val Leu Ser Asp Leu Ala Met Ser Gly Pro Phe Ser Tyr
545 550 555 560
Pro Asp Glu Leu Lys Asn Thr Val Leu Thr Ala Lys Tyr Arg Phe Asp
565 570 575

Phe Lys Trp Gly Gly Asn Leu Phe His Gln Gln Thr Ile Arg Asn Pro
580 585 590
Cys Lys Pro Glu Glu Thr Ser Thr Gly Arg Ile Pro Arg Asp Val Gln
595 600 605
Val Val Asp Pro Val Thr Met Gly Pro Arg Phe Val Phe His Ser Trp
610 615 620

Asp Trp Arg Arg Gly Phe Leu Ser Asp Arg Ala Leu Lys Arg Met Phe
625 630 635 640

Glu Lys Pro Leu Asp Phe Glu Gly Phe Thr Ala Thr Pro Lys Arg Pro
645 650 655
Arg Ile Leu Pro Pro Thr Glu Gly Gln Leu Ala Arg Glu Gln Lys Glu
660 665 670
Gln Glu Glu Ser Ser Asp Ser Gln Glu Glu Ser Ser Leu Thr Pro Leu
675 680 685
Glu Glu Val Pro Gln Glu Thr Lys Leu Arg Leu His Leu Arg Lys Gln
690 695 700

Leu Arg Glu Gln Arg Ser Ile Arg His Gln Leu Arg Thr Met Phe Gln
705 710 715 720
Gln Leu Val Lys Thr Gln Ala Gly Leu His Leu Asn Pro Leu Leu Ser
725 730 735
Ser Gln Leu

<210> 251
<211> 666
<212> PRT
<213> Torque teno virus
<400> 251
Met Trp Asn Pro Ser Thr Ile Arg Ala Cys Asn Ile Lys Gly Ala Ile
1 5 10 15
Asn Leu Val Met Cys Gly His Thr Gln Ala Gly Arg Asn Tyr Ala Ile

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

Tyr Lys Tyr Ala Ile Phe Thr Phe Tyr Arg Asp Pro Lys Val Asp Tyr

85 90 95

Ile Val Ile Tyr Asn Thr Asn Pro Pro Phe Lys Ile Asn Lys Tyr Ser

100 105 110

Ser Pro Phe Leu His Pro Gly Leu Met Met Leu Gln Lys Lys Lys Ile

115 120 125

Leu Ile Pro Ser Phe Gln Thr Lys Pro Gly Gly Lys Ser Arg Ile Lys

130 135 140

Val Lys Ile Lys Pro Pro Ala Leu Phe Glu Asp Lys Trp Tyr Thr Gln

145 150 155 160

Gln Asp Leu Cys Pro Val Asn Leu Leu Ser Leu Ala Val Ser Ala Cys

165 170 175

Ser Phe Ile His Pro Phe Cys Ser Pro Glu Ser Asp Thr Ile Cys Met

180 185 190

Thr Phe Gln Val Leu Arg Glu Phe Tyr Tyr Thr His Leu Thr Val Thr

195 200 205

Pro Thr Thr Thr Thr Ser Thr Pro Glu Lys Asp Lys Lys Ile Phe Asn

210 215 220

Asp Gln Leu Tyr Ser Asn Ala Asn Phe Tyr Gln Ser Leu His Ala Ser

225 230 235 240

Ala Phe Leu Asn Ile Ala Gln Ala Pro Ala Ile His Gly His Asn Gly

245 250 255

Ile Pro Asn Asn Ser Arg Tyr Leu Ser Ser Thr Gly Thr Glu Thr Ser

260 265 270

Phe Arg Thr Gly Asn Asn Ser Ile Tyr Gly Gln Pro Asn Tyr Lys Pro

275 280 285

Ile Pro Glu Lys Leu Thr Glu Ile Arg Lys Trp Phe Phe Lys Gln Ala

290 295 300

Thr Thr Pro Asn Glu Ile His Gly Thr Tyr Gly Lys Pro Thr Tyr Asp

305 310 315 320

Ala Val Asp Tyr His Leu Gly Lys Tyr Ser Pro Ile Phe Leu Ser Pro

325 330 335

Tyr Arg Thr Asn Thr Gln Phe Pro Thr Ala Tyr Met Asp Val Thr Tyr

340 345 350

Asn Pro Asn Val Asp Lys Gly Lys Gly Asn Lys Ile Trp Leu Gln Ser

355 360 365

Val Thr Lys Glu Thr Ser Asp Phe Asp Ser Arg Ser Cys Arg Cys Ile

370 375 380

Ile Glu Asn Leu Pro Met Trp Ala Met Val Asn Gly Tyr Ser Asp Phe

385 390 395 400

Ala Glu Ser Glu Leu Gly Ser Glu Val His Ala Val Tyr Val Cys Cys

405 410 415

Ile Ile Cys Pro Tyr Thr Lys Pro Met Leu Tyr Asn Lys Thr Asn Pro

420 425 430

Ala Met Gly Tyr Ile Phe Tyr Asp Thr Leu Phe Gly Asp Gly Lys Leu

435 440 445

Pro Ser Gly Pro Gly Leu Val Pro Phe Tyr Trp Gln Ser Arg Trp Tyr

450 455 460

Pro Lys Leu Ala Trp Gln Gln Gln Val Leu His Asp Phe Tyr Leu Cys

465 470 475 480

Gly Pro Phe Ser Tyr Lys Asp Asp Leu Lys Ser Phe Thr Ile Asn Thr

485 490 495

Thr Tyr Lys Phe Lys Phe Leu Trp Gly Gly Asn Met Ile Pro Glu Gln

500 505 510

Val Ile Lys Asn Pro Cys Lys Thr Thr Asp Pro Thr Tyr Thr Leu Ser

515 520 525

Asp Arg Gln Arg Arg Asp Leu Gln Val Val Asp Pro Ile Thr Met Gly

530 535 540

Pro Gln Trp Glu Phe His Thr Trp Asp Trp Arg Arg Gly Leu Phe Gly

545 550 555 560

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

565 570 575

Tyr Tyr Ala Pro Pro Lys Lys Pro Arg Phe Phe Pro Pro Thr Asp Leu
580 585 590
Glu Glu Gln Glu Lys Asp Ser Asp Ser Gln Glu Glu Thr Arg Leu Leu

595 600 605
Phe His Pro Ser Pro Pro Arg Ser Gln Glu Glu Ile Gln Gln Glu Gln
610 615 620
Gln Arg Asp Ile His Leu Arg Leu Gly Gln Gln Leu Arg Ile Arg Gln
625 630 635 640
Gln Leu Gln Gln Val Phe Leu Gln Val Leu Lys Thr Gln Ala Asn Leu
645 650 655
His Ile Asn Pro Leu Phe Leu Asn Gln Gln
660 665

<210> 252
<211> 745
<212> PRT
<213> Torque teno virus
<400> 252
Met Ala Trp Gly Trp Trp Arg Arg Trp Arg Arg Trp Pro Thr Arg Arg
1 5 10 15
Trp Arg Arg Arg Arg Arg Arg Arg Pro Val Arg Arg Thr Arg Ala Arg
20 25 30
Arg Pro Ala Arg Arg Tyr Arg Arg Arg Arg Thr Val Arg Thr Arg Arg
35 40 45
Arg Arg Trp Gly Arg Arg Arg Tyr Arg Arg Gly Trp Arg Arg Arg Thr

50 55 60
Tyr Val Arg Lys Gly Arg His Arg Lys Lys Lys Lys Arg Leu Val Leu
65 70 75 80
Arg Gln Trp Gln Pro Ala Thr Arg Arg Arg Cys Thr Ile Thr Gly Tyr
85 90 95
Leu Pro Ile Val Phe Cys Gly His Thr Lys Gly Asn Lys Asn Tyr Ala
100 105 110

Leu His Ser Asp Asp Tyr Thr Pro Gln Gly Gln Pro Phe Gly Gly Ala

115 120 125

Leu Ser Thr Thr Ser Phe Ser Leu Lys Val Leu Tyr Asp Gln His Gln

130 135 140

Arg Gly Leu Asn Lys Trp Ser Phe Pro Asn Asp Gln Leu Asp Leu Ala

145 150 155 160

Arg Tyr Arg Gly Cys Lys Phe Tyr Phe Tyr Arg Thr Lys Gln Thr Asp

165 170 175

Trp Val Gly Gln Tyr Asp Ile Ser Glu Pro Tyr Lys Leu Asp Lys Tyr

180 185 190

Ser Cys Pro Asn Tyr His Pro Gly Asn Met Ile Lys Ala Lys His Lys

195 200 205

Phe Leu Ile Pro Ser Tyr Asp Thr Asn Pro Arg Gly Arg Gln Lys Ile

210 215 220

Ile Val Lys Ile Pro Pro Pro Asp Leu Phe Val Asp Lys Trp Tyr Thr

225 230 235 240

Gln Glu Asp Leu Cys Asp Val Asn Leu Val Ser Phe Ala Val Ser Ala

245 250 255

Ala Ser Phe Leu His Pro Phe Gly Ser Pro Gln Thr Asp Asn Pro Cys

260 265 270

Tyr Thr Phe Gln Val Leu Lys Glu Phe Tyr Tyr Gln Ala Ile Gly Phe

275 280 285

Ser Ala Thr Glu Glu Lys Ile Gln Asn Val Phe Asn Ile Leu Tyr Glu

290 295 300

Asn Asn Ser Tyr Trp Glu Ser Asn Ile Thr Pro Phe Tyr Val Ile Asn

305 310 315 320

Val Lys Lys Gly Ser Asn Thr Ala Gln Tyr Met Ser Pro Gln Ile Ser

325 330 335

Asp Ala Asp Phe Arg Asn Lys Val Asn Thr Asn Tyr Asn Trp Tyr Thr

340 345 350

Tyr Asn Ala Lys Thr His Lys Glu Lys Leu Lys Thr Leu Arg Gln Ala

355 360 365

Tyr Phe Lys Gln Leu Thr Ser Glu Gly Pro Gln His Thr Ser Ser His

370 375 380

Ala Gly Tyr Ala Thr Gln Trp Thr Thr Pro Ser Thr Asp Ala Tyr Glu

385 390 395 400

Tyr His Leu Gly Met Phe Ser Thr Ile Phe Leu Ala Pro Asp Arg Pro

405 410 415

Val Pro Arg Phe Pro Cys Ala Tyr Gln Asp Val Thr Tyr Asn Ala Leu

420 425 430

Met Asp Lys Gly Val Gly Asn His Val Trp Phe Gln Tyr Asn Thr Lys

435 440 445

Ala Asp Thr Gln Leu Ile Leu Thr Gly Gly Ser Cys Lys Ala His Ile

450 455 460

Glu Asn Ile Pro Leu Trp Ala Ala Phe Tyr Gly Tyr Ser Asp Phe Ile

465 470 475 480

Glu Ser Glu Leu Gly Pro Phe Val Asp Ala Glu Thr Val Gly Leu Ile

485 490 495

Cys Val Ile Cys Pro Tyr Thr Lys Pro Pro Met Tyr Asn Lys Thr Asn

500 505 510

Pro Met Met Gly Tyr Val Phe Tyr Asp Arg Asn Phe Gly Asp Gly Lys

515 520 525

Trp Thr Asp Gly Arg Gly Lys Ile Glu Pro Tyr Trp Gln Val Arg Trp

530 535 540

Arg Pro Glu Met Leu Phe Gln Glu Thr Val Met Ala Asp Ile Val Gln

545 550 555 560

Thr Gly Pro Phe Ser Tyr Lys Asp Glu Leu Lys Asn Ser Thr Leu Val

565 570 575

Cys Lys Tyr Lys Phe Tyr Phe Thr Trp Gly Gly Asn Val Met Phe Gln

580 585 590

Gln Thr Ile Lys Asn Pro Cys Lys Thr Asp Glu Gln Pro Thr Asp Ser

595 600 605

Gly Arg His Pro Arg Gly Ile Gln Val Ala Asp Pro Glu Gln Met Gly

610 615 620

Pro Arg Trp Val Phe His Ser Phe Asp Trp Arg Arg Gly Tyr Leu Ser

625 630 635 640

Glu Lys Ala Leu Lys Arg Leu Gln Glu Lys Pro Leu Asp Tyr Asp Glu

645 650 655

Tyr Phe Thr Gln Pro Lys Arg Pro Arg Met Phe Pro Pro Thr Glu Ser

660 665 670

Ala Glu Gly Glu Phe Arg Glu Pro Glu Lys Gly Ser Tyr Ser Glu Glu

675 680 685

Glu Arg Ser Gln Ala Ser Ala Glu Glu Gln Thr Lys Glu Ala Thr Val

690 695 700

Leu Leu Leu Lys Arg Arg Leu Arg Glu Gln Gln Gln Leu Gln Gln Gln

705 710 715 720

Leu Gln Phe Leu Thr Arg Glu Met Phe Lys Thr Gln Ala Gly Leu His

725 730 735

Leu Asn Pro Met Leu Leu Asn Gln Arg

740 745

<210> 253

<211> 151

<212> PRT

<213> Torque teno virus

<400> 253

Met Arg Phe Ser Arg Ile Tyr Arg Pro Lys Lys Gly Pro Leu Pro Leu

1 5 10 15

Pro Leu Val Arg Ala Glu Gln Lys Lys Gln Pro Ser Asp Met Ser Trp

20 25 30

Arg Pro Pro Leu His Asn Gly Ala Gly Ile Glu Arg Gln Phe Phe Glu

35 40 45

Gly Cys Phe Arg Phe His Ala Ser Cys Cys Gly Cys Gly Asn Phe Val

50 55 60

Thr His Ile Thr Leu Leu Ala Ala Arg Tyr Gly Phe Thr Gly Gly Pro

65 70 75 80

Thr Pro Pro Gly Gly Pro Gly Ala Leu Pro Ser Leu Arg Arg Ala Leu

85 90 95

Pro Pro Pro Pro Ala Pro Gln Asp Gln Ala Glu Pro Glu Leu Trp Arg

100 105 110

Gly Arg Gly Gly Gly Gly Glu Gly Asn Ala Gly Gly Arg Ala Glu Gly

115 120 125

Gly Asp Gly Glu Gly Tyr Glu Pro Glu Glu Leu Glu Glu Leu Phe Arg

130 135 140

Ala Ala Ala Ala Asp Asp Glu

145 150

<210> 254

<211> 742

<212> PRT

<213> Torque teno virus

<400> 254

Met Ala Phe Arg Trp Trp Trp Trp Arg Arg Arg Pro Gln Arg Arg Trp

1 5 10 15

Thr Arg Arg Arg Trp Arg Arg Leu Arg Thr Arg Arg Pro Arg Arg Thr

20 25 30

Val Arg Arg Arg Arg Arg Arg Pro Arg Val Arg Arg Arg Arg Trp Gly

35 40 45

Arg Arg Arg Gly Arg Arg Arg Leu Tyr Arg Arg Thr Tyr Arg Lys Arg

50 55 60

Arg Lys Arg Arg Lys Lys Met Thr Leu Lys Met Trp Asn Pro Ser Thr

65 70 75 80

Ile Arg Ala Cys Asn Ile Arg Gly Phe Ile Ala Leu Val Val Cys Gly

85 90 95

His Thr Arg Ala Gly Cys Asn Tyr Ala Ile His Ser Glu Asp Tyr Ile

100 105 110

Pro Gln Leu Arg Pro Tyr Gly Gly Ser Phe Ser Thr Thr Thr Trp Ser
115 120 125
Leu Lys Leu Leu Phe Asp Glu Tyr Leu Lys Phe Arg Asn Lys Trp Ser
130 135 140
Tyr Pro Asn Thr Glu Leu Asn Leu Ala Arg Tyr Arg Gly Ala Thr Phe
145 150 155 160
Thr Phe Tyr Arg Asp Pro Lys Val Asp Tyr Ile Val Val Tyr Asn Thr

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

225 230 235 240
Asn Leu Leu Ser Leu Ala Val Ser Ala Cys Ser Phe Leu His Pro Phe
245 250 255
Ile Pro Pro Glu Ser Asp Asn Ile Cys Ile Thr Phe Gln Val Leu Arg
260 265 270
Asp Phe Tyr Tyr Thr Gln Met Ser Val Thr Pro Thr Thr Thr Thr Ser
275 280 285
Leu Asn Gln Lys Asp Glu Lys Ile Phe Ser Asp His Leu Tyr Lys Asn

290 295 300
Pro Glu Tyr Trp Gln Ser His His Thr Ala Ala Arg Leu Ser Thr Ser
305 310 315 320
Gln Lys Pro Ala Leu Arg Asn Lys Glu Glu Ile Pro Asn Asp His Gly
325 330 335
Tyr Leu Asn Thr Thr Pro Thr Asp Ser Thr Phe Arg Thr Gly Asn Asn
340 345 350
Thr Ile Tyr Gly Gln Pro Ser Tyr Arg Pro Asn Tyr Thr Lys Leu Thr

355 360 365

Lys Ile Arg Glu Trp Tyr Phe Thr Gln Glu Asn Thr Asp Asn Pro Ile

370 375 380

His Gly Ser Tyr Leu Lys Pro Thr Leu Asn Ser Val Asp Tyr His Leu

385 390 395 400

Gly Lys Tyr Ser Ala Ile Phe Leu Ser Pro Tyr Arg Thr Asn Thr Gln

405 410 415

Phe Asp Thr Ala Tyr Gln Asp Val Thr Tyr Asn Pro Asn Thr Asp Lys

420 425 430

Gly Lys Gly Asn Lys Ile Trp Ile Gln Ser Cys Thr Lys Glu Ser Thr

435 440 445

Ile Leu Asp Asn Ala Cys Arg Cys Val Ile Glu Asp Met Pro Leu Trp

450 455 460

Ala Met Val Asn Gly Tyr Leu Glu Phe Cys Asp Ser Glu Leu Pro Gly

465 470 475 480

Ala Asn Ile Tyr Asn Thr Tyr Ile Val Val Val Ile Cys Pro Tyr Thr

485 490 495

Lys Pro Gln Leu Leu Asn Lys Thr Asn Pro Lys Gln Gly Tyr Val Phe

500 505 510

Tyr Asp Thr Leu Phe Gly Asp Gly Lys Met Pro Thr Gly Thr Gly Leu

515 520 525

Val Pro Phe Trp Leu Gln Ser Arg Trp Tyr Pro Arg Ala Glu Phe Gln

530 535 540

Gln Gln Val Leu His Asp Leu Tyr Leu Thr Gly Pro Phe Ser Tyr Lys

545 550 555 560

Asp Asp Leu Lys Ser Phe Ser Phe Asn Ala Lys Tyr Lys Phe Ser Phe

565 570 575

Leu Trp Gly Gly Asn Met Ile Pro Gln Gln Ile Ile Lys Asn Pro Cys

580 585 590

Lys Lys Glu Glu Ser Thr Phe Thr Tyr Pro Ser Arg Glu Pro Arg Asp

595 600 605

Leu Gln Val Val Asp Pro Leu Thr Met Gly Pro Glu Trp Val Phe His

610 615 620

Thr Trp Asp Trp Arg Arg Gly Leu Phe Gly Lys Asn Ala Val Asp Arg
625 630 635 640

Val Ser Lys Lys Pro Asp Asp Asp Ala Glu Tyr Tyr Pro Val Pro Lys
645 650 655

Arg Pro Arg Phe Phe Pro Pro Thr Asp Thr Gln Ser Glu Pro Glu Lys
660 665 670

Asp Phe Gly Phe Thr Pro Glu Ser Gln Glu Leu Gln Gln Glu Asp Leu

675 680 685

Arg Ala Pro Gln Glu Glu Ser Gln Glu Val Gln Gln Gln Arg Leu Leu
690 695 700

Gln Leu Arg Leu Ser Gln Gln Phe Arg Leu Arg Gln Gln Leu Gln His
705 710 715 720

Leu Phe Val Gln Val Leu Lys Thr Gln Ala Gly Leu His Ile Asn Pro
725 730 735

Leu Phe Leu Asn His Ala
740

<210> 255
<211> 750
<212> PRT
<213> Torque teno virus
<400> 255

Met Ala Trp Thr Trp Trp Trp Gln Arg Arg Arg Arg Arg Trp Pro Trp
1 5 10 15

Arg Arg Arg Arg Trp Arg Arg Leu Arg Thr Arg Arg Pro Arg Arg Leu
20 25 30

Val Arg Arg Arg Arg Lys Arg Tyr Arg Val Arg Arg Arg Arg Arg Trp
35 40 45

Gly Arg Arg Arg Gly Arg Arg Thr Tyr Leu Arg Arg Arg Leu Lys Lys

50 55 60

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

115 120 125
Leu Lys Val Leu Trp Asp Glu His Thr Arg Phe His Asn Thr Trp Ser
130 135 140
Tyr Pro Asn Thr Gln Leu Asp Leu Ala Arg Phe Lys Gly Val Asn Phe
145 150 155 160
Tyr Phe Tyr Arg Asp Lys Asp Thr Asp Phe Ile Val Thr Tyr Ser Ser
165 170 175
Val Pro Pro Phe Lys Met Asp Lys Tyr Ser Ser Ala Met Leu His Pro

180 185 190
Gly Thr Leu Met Gln Arg Lys Lys Lys Ile Leu Ile Pro Ser Phe Thr
195 200 205
Thr Arg Pro Arg Gly Arg Lys Lys Val Lys Leu His Ile Lys Pro Pro
210 215 220
Val Leu Phe Glu Asp Lys Trp Tyr Thr Gln Gln Asp Leu Cys Asp Val
225 230 235 240
Asn Leu Leu Ser Leu Ala Val Ser Ala Ala Ser Phe Arg His Pro Phe

245 250 255
Cys Pro Pro Gln Thr Asp Asn Ile Cys Ile Thr Phe Gln Val Leu Lys
260 265 270
Asp Phe Tyr Tyr Thr Gln Met Ser Val Thr Pro Asp Thr Ala Gly Gln
275 280 285
Glu Lys Asp Ile Glu Ile Phe Glu Lys His Leu Phe Lys Asn Pro Gln
290 295 300
Phe Tyr Gln Thr Val His Thr Gln Gly Ile Ile Ser Lys Thr Arg Arg

305 310 315 320

Thr Ala Lys Phe Ser Thr Ser Asn Asn Thr Leu Gly Ser Asp Thr Asn

325 330 335

Ile Thr Pro Tyr Leu Glu Gln Pro Thr Ala Thr Asn His Lys Asn Thr

340 345 350

Leu Ser Thr Gly Asn Asn Ser Ile Tyr Gly Leu Pro Ser Tyr Asn Pro

355 360 365

Ile Pro Asp Lys Leu Lys Lys Ile Gln Glu Trp Phe Trp Lys Gln Glu

370 375 380

Thr Asp Lys Glu Asn Leu Val Thr Gly Ser Tyr Gln Thr Pro Thr Asn

385 390 395 400

Lys Ser Val Ser Tyr His Leu Gly Lys Tyr Ser Pro Ile Phe Leu Ser

405 410 415

Ser Tyr Arg Thr Asn Leu Gln Phe Ile Thr Ala Tyr Thr Asp Val Thr

420 425 430

Tyr Asn Pro Leu Asn Asp Lys Gly Lys Gly Asn Gln Ile Trp Val Gln

435 440 445

Tyr Val Thr Lys Pro Asp Thr Ile Phe Asn Glu Arg Gln Cys Lys Cys

450 455 460

His Ile Val Asp Ile Pro Leu Trp Ala Ala Phe His Gly Tyr Ile Asp

465 470 475 480

Phe Ile Gln Ser Glu Leu Gly Ile Gln Glu Glu Ile Leu Asn Ile Ala

485 490 495

Ile Ile Val Val Ile Cys Pro Tyr Thr Lys Pro Lys Leu Val His Asp

500 505 510

Pro Pro Asn Gln Asn Gln Gly Phe Val Phe Tyr Asp Thr Gln Phe Gly

515 520 525

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

530 535 540

Asn Arg Trp Tyr Pro Arg Ile Lys Phe Gln Ser Gln Val Val His Asp

545 550 555 560

Phe Ile Leu Thr Gly Pro Phe Ser Tyr Lys Asp Asp Leu Lys Ser Thr

565 570 575

Val Leu Thr Val Glu Tyr Lys Phe Lys Phe Leu Trp Gly Gly Asn Met

580 585 590

Ile Pro Glu Gln Val Ile Arg Asn Pro Cys Lys Thr Glu Gly His Asp

595 600 605

Leu Pro His Thr Ser Arg Leu His Arg Asp Leu Gln Val Val Asp Pro

610 615 620

His Thr Val Gly Pro Gln Trp Ala Leu His Thr Trp Asp Trp Arg Arg

625 630 635 640

Gly Leu Phe Gly Ser Glu Ala Ile Lys Arg Val Ser Glu Gln Gln Val

645 650 655

His Asp Glu Leu Tyr Tyr Pro Ala Ser Lys Lys Pro Arg Phe Leu Pro

660 665 670

Pro Ile Ser Gly Leu Gln Glu Gln Glu Arg Asp Tyr Ser Ser Gln Glu

675 680 685

Glu Lys Asp Gln Ser Ser Ser Glu Glu Glu Lys Asp Pro Lys Lys Lys

690 695 700

Glu Gln Lys Gln Gln Gln Arg Leu His Leu Gln Phe Gln Glu Gln Gln

705 710 715 720

Arg Leu Gly Asn Gln Leu Arg Leu Ile Phe Arg Glu Leu Gln Lys Thr

725 730 735

Gln Ala Gly Leu His Ile Asn Pro Met Leu Ser Asn Arg Leu

740 745 750

<210> 256

<211> 755

<212> PRT

<213> Torque teno virus

<400

> 256

Met Ala Trp Arg Trp Trp Trp Arg Arg Arg Trp Lys Pro Arg Arg Arg

1 5 10 15

Pro Ala Trp Thr Lys Tyr Arg Arg Arg Arg Trp Arg Arg Leu Arg Pro
20 25 30
Arg Arg Pro Arg Arg Leu Ala Arg Gly Arg Arg Arg Arg Arg Thr Val
35 40 45
Arg Arg Arg Arg Val Arg Arg Leu Arg Arg Arg Arg Gly Trp Thr Arg
50 55 60

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

Thr Val Thr Phe Ser Leu Tyr Val Leu Tyr Asp Gln Phe Thr Arg His
130 135 140
Met Asn Arg Trp Ser Tyr Ser Asn Asp Gln Leu Asp Leu Ala Arg Tyr
145 150 155 160
Arg Gly Cys Ser Phe Lys Leu Tyr Arg Asn Pro Thr Thr Asp Phe Ile
165 170 175
Val Gln Tyr Asp Asn Asn Pro Pro Met Lys Asn Thr Ile Leu Ser Ser
180 185 190

Pro Asn Thr His Pro Gly Met Leu Met Gln Gln Lys His Arg Ile Leu
195 200 205
Val Pro Ser Trp Gln Thr Phe Pro Arg Gly Arg Lys Tyr Val Lys Val
210 215 220
Lys Ile Pro Pro Pro Lys Leu Phe Glu Asp His Trp Tyr Thr Gln Pro
225 230 235 240
Asp Leu Cys Lys Val Pro Leu Val Thr Leu Arg Ser Thr Ala Ala Asp
245 250 255

Phe Arg His Pro Phe Cys Ser Pro Gln Thr Asn Asn Pro Cys Thr Thr

260 265 270

Phe Gln Val Leu Arg Glu Asn Tyr Asn Glu Val Leu Gly Leu Pro Tyr

275 280 285

Ala Asn Thr Gly Ser Asn Asn Glu Val Lys Ile Lys Ile Asp Asn Phe

290 295 300

Glu Asn Trp Leu Tyr Asn Ser Ser Val His Tyr Gln Thr Phe Gln Thr

305 310 315 320

Glu Gln Met Phe Arg Pro Lys Gln Tyr Asn Ala Asp Gly Ser Thr Trp

325 330 335

Lys Asp Tyr Lys Ser Met Leu Ser Thr Trp Thr Ser Gln Ile Tyr Asn

340 345 350

Lys Lys Thr Asp Ser Asn Tyr Gly Tyr Ala Ser Tyr Asp Phe Ser Lys

355 360 365

Gly Lys Glu Phe Ala Thr Gln Met Arg Gln His Tyr Trp Val Gln Leu

370 375 380

Thr Gln Leu Thr Ala Thr Val Pro His Ile Gly Pro Thr Tyr Ser Asn

385 390 395 400

Thr Thr Thr Pro Glu Tyr Glu Tyr His Ala Gly Trp Tyr Ser Pro Val

405 410 415

Phe Ile Gly Pro Asn Arg His Asn Ile Gln Phe Arg Thr Ala Tyr Met

420 425 430

Asp Val Thr Tyr Asn Pro Leu Asn Asp Lys Gly Gln Phe Asn Arg Val

435 440 445

Trp Phe Gln Tyr Ser Thr Lys Pro Thr Thr Asp Phe Asn Asn Thr Gln

450 455 460

Cys Lys Cys Val Leu Glu Asn Ile Pro Leu Trp Ser Ala Leu Phe Gly

465 470 475 480

Tyr Ser Glu Tyr Val Glu Ser Gln Leu Gly Pro Phe Gln Asp His Gly

485 490 495

Thr Val Gly Val Val Val Val Gln Cys Pro Tyr Thr Val Pro Pro Met

500 505 510

Tyr Asn Lys Glu Lys Pro Asp Met Gly Tyr Val Phe Tyr Asp Thr His
515 520 525

Phe Gly Asn Gly Lys Leu Gly Asn Gly Ser Gly Gln Val Pro Arg Tyr
530 535 540

Trp Gln Met Arg Trp Tyr Pro Ile Leu Lys Arg Gln Lys Gln Val Met
545 550 555 560

Asn Asp Ile Cys Lys Thr Gly Pro Phe Ser Tyr Arg Asp Glu Leu Leu
565 570 575

Gln Val Asp Leu Ala Ser Pro Tyr Thr Phe Arg Phe Asn Trp Gly Gly
580 585 590

Asp Leu Leu Tyr His Gln Val Ile Lys Asp Pro Cys Ser Ser Ser Gly
595 600 605

Leu Ala Pro Thr Asp Ser Ser Arg Phe Lys Arg Asp Val Gln Val Val
610 615 620

Ser Pro Leu Thr Met Gly Pro Arg Leu Leu Phe His Ser Phe Asp Gln
625 630 635 640

Arg Arg Gly Phe Phe Thr Pro Gly Ala Ile Lys Arg Met His Asp Glu
645 650 655

Gln Ile Asn Val Pro Asp Phe Thr Gln Lys Pro Lys Ile Pro Arg Ile
660 665 670

Phe Pro Pro Val Glu Leu Arg Glu Arg Ala Glu Ala Glu Glu Asp Ser
675 680 685

Gly Ser Glu Lys Ala Ser Phe Thr Ser Ser Gln Glu Arg Glu Ala Glu
690 695 700

Ala Gln Glu Lys Leu Pro Ile Gln Leu Gln Leu Arg Gln Gln Leu Arg
705 710 715 720

Gln Gln Gln Gln Leu Arg Val His Leu Gln Gln Val Phe Leu Gln Leu
725 730 735

Gln Lys Thr Lys Ala His Leu His Ile Asn Pro Leu Phe Leu Ala Gln
740 745 750

Gly Asn Met
755

<210> 257

<211> 759

<212> PRT

<213> Torque teno virus

<400> 257

Met Ala Tyr Ser Tyr Trp Trp Arg Arg Arg Arg Trp Pro Trp Arg Gly

1 5 10 15

Arg Trp Arg Arg Trp Arg Arg Arg Arg Arg Ile Pro Arg Arg Arg Pro

20 25 30

Arg Arg Pro Val Arg Arg Tyr Arg Arg Arg Pro Val Arg Arg Lys Arg

35 40 45

Arg Trp Gly Arg Arg Gly Arg Arg Arg Arg Tyr Thr Arg Arg Tyr Arg

50 55 60

Arg Arg Leu Thr Val Arg Arg Lys Arg Asn Lys Leu Arg Leu Ser Val

65 70 75 80

Trp Gln Pro Gln Asn Ile Arg Tyr Cys Ala Ile Lys Gly Leu Phe Pro

85 90 95

Ile Leu Ile Cys Gly His Gly Lys Ser Ala Gly Asn Tyr Ala Ile His

100 105 110

Ser Asp Asp Phe Ile Thr Ser Arg Phe Ser Phe Gly Gly Gly Leu Ser

115 120 125

Thr Thr Ser Tyr Ser Leu Lys Leu Leu Phe Asp Gln Asn Leu Arg Gly

130 135 140

Leu Asn Arg Trp Thr Ala Ser Asn Asp Gln Leu Asp Leu Ala Arg Tyr

145 150 155 160

Leu Gly Ala Ile Phe Trp Phe Tyr Arg Asp Gln Lys Thr Asp Tyr Ile

165 170 175

Val Gln Tyr Asp Ile Ser Glu Pro Phe Lys Ile Asp Lys Asp Ser Ser

180 185 190

Pro Ser Phe His Pro Gly Ile Leu Met Lys Ser Lys His Lys Val Leu

195 200 205

Val Pro Ser Phe Gln Thr Trp Pro Lys Gly Arg Ser Lys Val Lys Leu
210 215 220
Lys Ile Lys Pro Pro Lys Met Phe Val Asp Lys Trp Tyr Thr Gln Glu
225 230 235 240
Asp Leu Cys Thr Val Thr Leu Val Ser Leu Val Val Ser Leu Ala Ser
245 250 255
Phe Gln His Pro Phe Cys Arg Pro Leu Thr Asp Asn Pro Cys Val Thr

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

325 330 335
Pro Asp Met Thr Glu Tyr Asn Lys Trp Val Ser Asn Thr Asn Ile Gly
340 345 350
Thr Gly Phe Val Asn Ser Asn Val Ser Val His Tyr Asn Tyr Cys Gln
355 360 365
Tyr Asn Pro Asn His Thr His Leu Thr Thr Leu Arg Gln Tyr Tyr Phe
370 375 380
Phe Trp Glu Thr His Pro Ala Ala Ala Asn Lys Thr Pro Val Thr His

385 390 395 400
Val Pro Ile Thr Thr Thr Lys Pro Thr Lys Asp Trp Trp Glu Tyr Arg
405 410 415
Leu Gly Leu Phe Ser Pro Ile Phe Leu Ser Pro Leu Arg Ser Ser Asn
420 425 430
Ile Glu Trp Pro Phe Ala Tyr Arg Asp Ile Ile Tyr Asn Pro Leu Met
435 440 445
Asp Lys Gly Val Gly Asn Met Met Trp Tyr Gln Tyr Asn Thr Lys Pro

450 455 460

Asp Thr Gln Phe Ser Pro Thr Ser Cys Arg Ala Val Leu Glu Asp Lys

465 470 475 480

Pro Ile Trp Ser Met Ala Tyr Gly Tyr Ala Asp Phe Leu Leu Ser Ile

485 490 495

Leu Gly Glu His Asp Asp Val Asp Phe His Gly Leu Val Cys Ile Ile

500 505 510

Cys Pro Tyr Thr Arg Pro Pro Leu Phe Asp Lys Asp Asn Pro Lys Met

515 520 525

Gly Tyr Val Phe Tyr Asp Ala Lys Phe Gly Asn Gly Lys Trp Ile Asp

530 535 540

Gly Thr Gly Phe Ile Pro Val Glu Phe Gln Ser Arg Trp Lys Pro Glu

545 550 555 560

Leu Ala Phe Arg Lys Asp Val Leu Thr Asp Leu Ala Met Ser Gly Pro

565 570 575

Phe Ser Tyr Ser Asp Asp Leu Lys Asn Thr Thr Ile Gln Ala Lys Tyr

580 585 590

Lys Phe Lys Phe Lys Trp Gly Gly Asn Leu Ser Tyr His Gln Thr Ile

595 600 605

Arg Asn Pro Cys Thr Ser Asp Gly Gln Thr Pro Thr Thr Ser Arg Gln

610 615 620

Ser Arg Glu Val Gln Ile Val Asp Pro Leu Thr Met Gly Pro Arg Tyr

625 630 635 640

Val Phe His Ser Trp Asp Trp Arg Arg Gly Trp Leu Asn Asp Arg Thr

645 650 655

Leu Lys Arg Leu Phe Gln Lys Pro Leu Asp Phe Glu Glu Tyr Pro Lys

660 665 670

Ser Pro Lys Arg Pro Arg Ile Phe Pro Pro Thr Glu Gln Leu Gln Glu

675 680 685

Asp Pro Gln Glu Gln Glu Arg Asp Ser Ser Ser Ser Glu Glu Ser Leu

690 695 700

Pro Thr Ser Ser Glu Glu Thr Pro Pro Ala His Leu Leu Arg Val His

705 710 715 720

Leu Arg Lys Gln Leu Arg Gln Gln Arg Asp Leu Arg Val Gln Leu Arg

725 730 735

Ala Leu Phe Ala Gln Val Leu Lys Thr Gln Ala Gly Leu His Ile Asn

740 745 750

Pro Leu Leu Leu Ala Pro Gln

755

<210> 258

<211> 739

<212> PRT

<213> Torque teno virus

<400> 258

Thr Ala Trp Trp Trp Gly Arg Arg Trp Arg Arg Arg Pro Trp Gly Arg

1 5 10 15

Trp Arg Arg Arg Arg Arg Val Trp Arg Arg Arg Pro Arg Thr Ala Val

20 25 30

Arg Arg Arg Arg Gly Arg Arg Tyr Val Ser Arg Arg Arg Arg Tyr Arg

35 40 45

Arg Arg Leu Arg Arg Arg Gly Arg Arg Arg Tyr Arg Gly Arg Arg Lys

50 55 60

Lys Arg Gln Thr Leu Val Leu Lys Gln Trp Gln Pro Asp Val Asn Arg

65 70 75 80

Leu Cys Arg Ile Thr Gly Trp Leu Pro Leu Ile Val Cys Gly Thr Gly

85 90 95

Arg Ala Gln Asp Asn Phe Ile Val His Ser Glu Asp Ile Thr Pro Arg

100 105 110

Gly Ala Ala Tyr Gly Gly Asn Leu Thr His Ile Thr Trp Cys Leu Glu

115 120 125

Ala Ile Tyr Gln Glu Phe Leu Met His Arg Asn Arg Trp Ser Arg Ser

130 135 140

Asn His Asp Leu Asp Leu Cys Arg Tyr Gln Gly Val Val Phe Lys Ala
145 150 155 160
Tyr Arg His Pro Lys Val Asp Tyr Ile Leu Ala Tyr Thr Arg Thr Pro
165 170 175
Pro Phe Gln Ala Thr Glu Leu Ser Tyr Met Ser Cys His Pro Leu Leu
180 185 190
Met Leu Thr Ala Lys His Arg Ile Val Val Lys Ser Gln Glu Thr Lys

195 200 205
Lys Gly Gly Lys Lys Tyr Val Lys Phe Arg Ile Lys Pro Pro Arg Leu
210 215 220
Met Leu Asn Lys Trp Tyr Phe Thr His Asp Phe Cys Lys Val Pro Leu
225 230 235 240
Phe Ser Met Trp Ala Ser Ala Cys Asp Leu Arg Asn Pro Trp Leu Arg
245 250 255
Glu Gly Ala Leu Ser Pro Thr Val Gly Phe Phe Ala Leu Lys Pro Asp

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

325 330 335
Ser Asn Pro Asn Asn Tyr Gln Ala Cys His Gln Gln Phe Ile Ala Phe
340 345 350
Lys Ala Gln Arg Phe Ala Lys Ile Lys Ala Glu Tyr Gln Thr Val Tyr
355 360 365
Pro Thr Leu Thr Thr Gln Thr Pro Gln Ser Glu Ala Leu Thr Gln Glu
370 375 380
Phe Gly Leu Tyr Ser Pro Tyr Tyr Leu Thr Pro Thr Arg Ile Ser Leu

385 390 395 400

Asp Trp His Thr Val Phe His His Ile Arg Tyr Asn Pro Met Ala Asp

405 410 415

Lys Gly Leu Gly Asn Met Ile Trp Val Asp Trp Cys Ser Arg Lys Glu

420 425 430

Ala Thr Tyr Asp Pro Thr Arg Ser Lys Cys Met Leu Lys Asp Leu Pro

435 440 445

Leu Tyr Met Arg Phe Tyr Gly Tyr Cys Asp Trp Val Thr Lys Ser Ile

450 455 460

Gly Ser Glu Thr Ala Trp Arg Asp Met Arg Leu Met Val Val Cys Pro

465 470 475 480

Tyr Thr Glu Pro Gln Leu Met Lys Lys Asn Asp Lys Thr Trp Gly Tyr

485 490 495

Val Ile Tyr Gly Tyr Asn Phe Ala Asn Gly Asn Met Pro Trp Leu Gln

500 505 510

Pro Tyr Ile Pro Ile Ser Trp Phe Cys Arg Trp Phe Pro Cys Ile Thr

515 520 525

His Gln Arg Glu Ala Met Glu Ser Val Val Ala Thr Gly Pro Phe Met

530 535 540

Val Arg Asp Gln Asp Arg Asn Ser Trp Asp Ile Thr Ile Gly Tyr Lys

545 550 555 560

Phe Leu Trp Arg Trp Gly Gly Ser Pro Leu Pro Thr Gln Ala Ile Asp

565 570 575

Asp Pro Cys Gln Gln Gly Thr His Pro Leu Pro Glu Pro Gly Thr Leu

580 585 590

Pro Arg Ile Leu Gln Val Ser Asp Pro Thr Gln Leu Gly Pro Lys Thr

595 600 605

Ile Phe His Leu Trp Asp Gln Arg Arg Gly Leu Phe Ser Lys Arg Ser

610 615 620

Ile Glu Arg Met Ser Glu Tyr Lys Gly Thr Asp Asp Leu Phe Ser Pro

625 630 635 640

Gly Arg Pro Lys Arg Pro Lys Leu Asp Thr Arg Pro Glu Gly Leu Pro

645 650 655

Glu Glu Gln Arg Gly Ala Tyr Asn Leu Leu Gln Ala Leu Glu Asp Ser

660 665 670

Ala Gln Ser Glu Glu Ser Asp Gln Glu Glu Met Pro Pro Leu Glu Glu

675 680 685

Glu Gln Val Leu His Glu Gln Lys Lys Glu Ala Leu Leu Gln Gln Leu

690 695 700

Gln Gln Gln Lys His His Gln Arg Val Leu Lys Arg Gly Leu Arg Leu

705 710 715 720

Leu Leu Gly Asp Val Leu Lys Leu Arg Arg Gly Leu His Ile Asp Pro

725 730 735

Val Leu Thr

<210> 259

<211> 680

<212> PRT

<213> Torque teno virus

<400> 259

Thr Ala Trp Trp Trp Gly Arg Trp Arg Arg Arg Trp Arg Arg Arg Arg

1 5 10 15

Pro Trp Arg Pro Arg Leu Arg Arg Arg Arg Ala Arg Arg Ala Phe Pro

20 25 30

Arg Arg Arg Arg Arg Arg Phe Val Ser Arg Arg Trp Arg Arg Pro Tyr

35 40 45

Arg Arg Arg Arg Arg Arg Gly Arg Arg Arg Arg Arg Arg Arg Arg Arg

50 55 60

His Lys Pro Thr Leu Val Leu Arg Gln Trp Gln Pro Asp Val Ile Arg

65 70 75 80

His Cys Lys Ile Thr Gly Arg Met Pro Leu Ile Ile Cys Gly Lys Gly

85 90 95

Ser Thr Gln Phe Asn Tyr Ile Thr His Ala Asp Asp Ile Thr Pro Arg
100 105 110
Gly Ala Ser Tyr Gly Gly Asn Phe Thr Asn Met Thr Phe Ser Leu Glu
115 120 125
Ala Ile Tyr Glu Gln Phe Leu Tyr His Arg Asn Arg Trp Ser Ala Ser
130 135 140
Asn His Asp Leu Glu Leu Cys Arg Tyr Lys Gly Thr Thr Leu Lys Leu
145 150 155 160

Tyr Arg His Pro Asp Val Asp Tyr Ile Val Thr Tyr Ser Arg Thr Gly
165 170 175
Pro Phe Glu Ile Ser His Met Thr Tyr Leu Ser Thr His Pro Leu Leu
180 185 190
Met Leu Leu Asn Lys His His Ile Val Val Pro Ser Leu Lys Thr Lys
195 200 205
Pro Arg Gly Arg Lys Ala Ile Lys Val Arg Ile Arg Pro Pro Lys Leu
210 215 220

Met Asn Asn Lys Trp Tyr Phe Thr Arg Asp Phe Cys Asn Ile Gly Leu
225 230 235 240
Phe Gln Leu Trp Ala Thr Gly Leu Glu Leu Arg Asn Pro Trp Leu Arg
245 250 255
Met Ser Thr Leu Ser Pro Cys Ile Gly Phe Asn Val Leu Lys Asn Ser
260 265 270
Ile Tyr Thr Asn Leu Ser Asn Leu Pro Gln His Arg Glu Asp Arg Leu
275 280 285

Asn Ile Ile Asn Asn Thr Leu His Pro His Asp Ile Thr Gly Pro Asn
290 295 300
Asn Lys Lys Trp Gln Tyr Thr Tyr Thr Lys Leu Met Ala Pro Ile Tyr
305 310 315 320
Tyr Ser Ala Asn Arg Ala Ser Thr Tyr Asp Leu Leu Arg Glu Tyr Gly
325 330 335
Leu Tyr Ser Pro Tyr Tyr Leu Asn Pro Thr Arg Ile Asn Leu Asp Trp

340 345 350

Met Thr Pro Tyr Thr His Val Arg Tyr Asn Pro Leu Val Asp Lys Gly
355 360 365
Phe Gly Asn Arg Ile Tyr Ile Gln Trp Cys Ser Glu Ala Asp Val Ser
370 375 380
Tyr Asn Arg Thr Lys Ser Lys Cys Leu Leu Gln Asp Met Pro Leu Phe
385 390 395 400
Phe Met Cys Tyr Gly Tyr Ile Asp Trp Ala Ile Lys Asn Thr Gly Val
405 410 415

Ser Ser Leu Ala Arg Asp Ala Arg Ile Cys Ile Arg Cys Pro Tyr Thr
420 425 430
Glu Pro Gln Leu Val Gly Ser Thr Glu Asp Ile Gly Phe Val Pro Ile
435 440 445
Thr Glu Thr Phe Met Arg Gly Asp Met Pro Val Leu Ala Pro Tyr Ile
450 455 460
Pro Leu Ser Trp Phe Cys Lys Trp Tyr Pro Asn Ile Ala His Gln Lys
465 470 475 480

Glu Val Leu Glu Ala Ile Ile Ser Cys Ser Pro Phe Met Pro Arg Asp
485 490 495
Gln Gly Met Asn Gly Trp Asp Ile Thr Ile Gly Tyr Lys Met Asp Phe
500 505 510
Leu Trp Gly Gly Ser Pro Leu Pro Ser Gln Pro Ile Asp Asp Pro Cys
515 520 525
Gln Gln Gly Thr His Pro Ile Pro Asp Pro Asp Lys His Pro Arg Leu
530 535 540

Leu Gln Val Ser Asn Pro Lys Leu Leu Gly Pro Arg Thr Val Phe His
545 550 555 560
Lys Trp Asp Ile Arg Arg Gly Gln Phe Ser Lys Arg Ser Ile Lys Arg
565 570 575
Val Ser Glu Tyr Ser Ser Asp Asp Glu Ser Leu Ala Pro Gly Leu Pro
580 585 590

Ser Lys Arg Asn Lys Leu Asp Ser Ala Phe Arg Gly Glu Asn Pro Glu
595 600 605

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

Val His Trp Asn Pro Glu Leu Thr
675 680

<210> 260
<211> 746
<212> PRT
<213> Torque teno virus
<400> 260
Thr Ala Trp Trp Arg Tyr Arg Arg Arg Pro Trp Arg Arg Trp Arg Arg
1 5 10 15
Arg Arg Trp Gly Leu Arg Thr Arg Arg Pro Arg Arg Thr Phe Arg Arg
20 25 30
Arg Arg Ala Arg Arg Tyr Val Ser Arg Gly Arg Arg Arg Arg Tyr Arg
35 40 45

Arg Arg Arg Arg Arg Gly Arg Arg Arg Arg Gly Arg Arg Arg Arg His
50 55 60
Arg Lys Thr Leu Ile Val Arg Gln Trp Gln Pro Asp Val Ile Lys Arg
65 70 75 80
Cys Phe Ile Thr Gly Trp Leu Pro Leu Ile Ile Cys Gly Asn Gly His
85 90 95
Thr Gln Phe Asn Phe Ile Thr His Met Asp Asp Ile Pro Pro Lys Asn
100 105 110

Ala Ser Tyr Gly Gly Asn Phe Thr Asn Leu Thr Phe Asn Leu Ala Cys
115 120 125
Phe Tyr Asp Glu Phe Met His His Arg Asn Arg Trp Ser Ala Ser Asn
130 135 140
His Asp Leu Glu Leu Val Arg Tyr Ile Arg Thr Ser Leu Lys Leu Tyr
145 150 155 160
Arg His Glu Ser Val Asp Tyr Ile Val Cys Tyr Thr Thr Thr Gly Pro
165 170 175

Phe Glu Thr Asn Glu Met Ser Tyr Met Leu Thr His Pro Leu Ala Met
180 185 190
Leu Leu Ser Lys Arg His Val Val Val Pro Ser Leu Lys Thr Lys Pro
195 200 205
His Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Ile Thr Ile Lys Pro Pro Lys Leu Met
210 215 220
Leu Asn Lys Trp Tyr Phe Ala Thr Asp Leu Cys His Ile Gly Leu Phe
225 230 235 240

Gln Leu Trp Ala Thr Gly Leu Glu Leu Arg Asn Pro Trp Leu Arg Ser
245 250 255
Gly Thr Asn Ser Pro Val Ile Gly Phe Tyr Val Leu Lys Asn Gln Val
260 265 270
Tyr Lys Asn Arg Tyr Ser Asn Leu Asn Thr Thr Glu Ala His Asn Ala
275 280 285
Arg Gln Asp Ala Trp Asn Glu Leu Thr Gln Thr Lys Thr Asn Asp Lys
290 295 300

Trp Tyr Asn Trp Gln Tyr Thr Tyr Asn Lys Leu Met Lys Pro Ile Tyr
305 310 315 320
Tyr Ala Ala Ser Asn Glu Ser Ser Asn Ser Ala Met Lys Gly Lys Thr
325 330 335
Tyr Asn Trp Lys His Tyr Lys Glu Tyr Phe Ser Asn Thr Gln Thr Lys
340 345 350
Trp Lys Thr Ile Ile Lys Asp Ala Tyr Asp Leu Val Arg Glu Glu Tyr

355 360 365

Gln Gln Leu Tyr Thr Thr Thr Met Ala Tyr Pro Pro Pro Trp Gln Ser
370 375 380
Thr Thr Ser Asn Thr Gly Arg Gln Tyr Leu Glu His Asp Cys Gly Ile
385 390 395 400
Tyr Ser Pro Tyr Phe Leu Thr Pro Gln Ile Tyr Ser Pro Glu Trp His
405 410 415
Thr Ala Trp Ser Tyr Ile Arg Tyr Asn Pro Leu Thr Asp Lys Gly Ile
420 425 430

Gly Asn Arg Val Cys Val Gln Tyr Cys Ser Glu Ala Ser Ser Asp Tyr
435 440 445
Asn Pro Ile Lys Ser Lys Cys Met Leu Gln Asp Met Pro Leu Trp Met
450 455 460
Met Leu Tyr Gly Tyr Ala Asp Tyr Val Val Lys Ser Thr Gly Ile Gln
465 470 475 480
Ser Ala Trp Thr Asp Met Arg Val Ala Ile Arg Cys Pro Tyr Thr Asp
485 490 495

Pro Lys Leu Val Gly Ser Thr Glu Asn Thr Met Phe Ile Pro Ile Gly
500 505 510
Leu Glu Phe Met Asn Gly Asp Ile Pro Asp Lys Arg Pro Tyr Ile Pro
515 520 525
Leu Thr Trp Trp Phe Lys Trp Tyr Pro Met Ile Thr His Gln Lys Thr
530 535 540
Ala Ile Glu Ala Ile Val Ser Cys Ser Pro Phe Met Pro Arg Asp Gln
545 550 555 560

Glu Gln Ala Ser Trp Asp Ile Thr Val Gly Tyr Lys Ala Thr Phe Leu
565 570 575
Trp Gly Gly Ser Pro Leu Pro Pro Gln Pro Ile Asp Asp Pro Cys Gln
580 585 590
Lys Gly Lys His Asp Ile Pro Asp Pro Asp Thr Asn Pro Pro Arg Ile
595 600 605

Gln Ile Ser Asp Pro Gln His Leu Gly Pro Ala Thr Leu Phe His Ser
610 615 620

Trp Asp Leu Arg Arg Gly Tyr Ile Asn Thr Lys Ser Ile Lys Arg Ile
625 630 635 640
Ser Glu His Leu Asp Ala Asn Glu Tyr Phe Ser Thr Gly Val Val Ser
645 650 655
Lys Lys Pro Arg Phe Asp Thr Pro His His Gly Gln Leu Ser Asn Gln
660 665 670
Glu Glu Asp Ala Leu Ser Ile Leu Arg Gln Pro Gln Lys Glu Gln Glu
675 680 685

Glu Thr Thr Ser Glu Glu Glu Gln Ala Leu Gln Lys Glu Glu Glu Gln
690 695 700
Lys Glu Lys Leu Leu Gln Gln Leu Arg Val Gln Arg Gln His Gln Arg
705 710 715 720
Val Leu Arg Gln Gly Ile Lys His Leu Met Gly Asp Val Leu Arg Leu
725 730 735
Arg Gln Gly Val His Trp Asn Pro Val Leu
740 745

<210> 261
<211> 738
<212> PRT

<213> Torque teno virus
<400> 261
Thr Ala Trp Gly Trp Tyr Arg Arg Arg Arg Trp Arg Pro Trp Arg Arg
1 5 10 15
Arg Arg Trp Ala Ile Arg Arg Arg Arg Pro Arg Arg Thr Val Arg Arg
20 25 30
Arg Gly Arg Arg Arg Tyr Val Ser Arg Trp Pro Arg Arg Arg Tyr Arg
35 40 45
Arg Arg Arg Arg Arg Thr Arg Arg Arg Gly Gly Arg Lys Arg Arg His
50 55 60

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

Leu Tyr Asp Glu His Leu Leu His Arg Asn Arg Trp Ser Arg Ser Asn
130 135 140
Phe Asp Leu Asp Leu Ser Arg Tyr Leu Tyr Thr Ile Ile Lys Leu Tyr
145 150 155 160
Arg His Glu Ser Val Asp Tyr Ile Val Thr Tyr Asn Arg Thr Gly Pro
165 170 175
Phe Glu Ile Ser Pro Leu Ser Tyr Met Asn Thr His Pro Met Leu Met
180 185 190

Leu Leu Asn Lys His His Val Val Val Pro Ser Pro Lys Thr Lys Pro
195 200 205
Lys Gly Lys Arg Ala Ile Lys Ile Lys Ile Lys Pro Pro Lys Leu Met
210 215 220
Leu Asn Lys Trp Tyr Phe Ala Arg Asp Thr Cys Arg Ile Gly Leu Phe
225 230 235 240
Gln Leu Tyr Ala Thr Gly Ala Asn Leu Thr Asn Pro Trp Leu Arg Ser
245 250 255

Gly Thr Asn Ser Pro Val Val Gly Phe Tyr Val Ile Lys Asn Ser Ile
260 265 270
Tyr Gln Asp Ala Phe Asp Asn Leu Ala Asp Thr Glu His Thr Asn Gln
275 280 285
Arg Lys Asn Val Phe Glu Asn Lys Leu Tyr Pro Thr Thr Thr Thr Asn
290 295 300
Lys Asp Asn Trp Gln Tyr Thr Tyr Thr Ser Leu Met Lys Asn Ile Tyr

305 310 315 320

Phe Lys Thr Lys Gln Glu Ala Glu Asn Gln Thr Met Ser Ser Thr Tyr
325 330 335
Asn Phe Asp Thr Tyr Lys Thr Asn Tyr Asp Lys Val Arg Thr Lys Trp
340 345 350
Ile Lys Ile Ala Glu Asp Gly Tyr Lys Leu Val Ser Lys Glu Tyr Lys
355 360 365
Glu Ile Tyr Ile Ser Thr Ala Thr Tyr Pro Pro Gln Trp Asn Ser Arg
370 375 380

Asn Tyr Leu Ser His Asp Tyr Gly Ile Tyr Ser Pro Tyr Phe Leu Thr
385 390 395 400
Pro Gln Arg Tyr Ser Pro Gln Trp His Thr Ala Trp Thr Tyr Val Arg
405 410 415
Tyr Asn Pro Leu Thr Asp Lys Gly Ile Gly Asn Arg Ile Phe Val Gln
420 425 430
Trp Cys Ser Glu Lys Asn Ser Ser Tyr Asn Ser Thr Lys Ser Lys Cys
435 440 445

Met Leu Gln Asp Met Pro Leu Phe Met Leu Thr Tyr Gly Tyr Leu Asp
450 455 460
Tyr Val Leu Lys Cys Ala Gly Ser Lys Ser Ala Trp Thr Asp Met Arg
465 470 475 480
Val Cys Ile Arg Ser Pro Tyr Thr Glu Pro Gln Leu Thr Gly Asn Thr
485 490 495
Asp Asp Ile Ser Phe Val Ile Ile Ser Glu Ala Phe Met Asn Gly Asp
500 505 510

Met Pro Tyr Leu Ala Pro His Ile Pro Val Ser Leu Trp Phe Lys Trp
515 520 525
Tyr Pro Met Ile Leu His Gln Lys Ala Ala Leu Glu Thr Ile Val Ser
530 535 540
Cys Gly Pro Phe Met Pro Arg Asp Gln Glu Ala Asn Ser Trp Asp Ile
545 550 555 560

Thr Ala Gly Tyr Lys Ala Val Phe Lys Trp Gly Gly Ser Pro Leu Pro
565 570 575

Pro Gln Pro Ile Asp Asp Pro Tyr Gln Lys Pro Thr His Glu Ile Pro
580 585 590
Asp Pro Asp Lys His Pro Pro Arg Leu Gln Ile Ala Asp Pro Lys Ile
595 600 605
Leu Gly Pro Ser Thr Val Phe His Thr Trp Asp Ile Arg Arg Gly Leu
610 615 620
Phe Ser Thr Ala Ser Leu Lys Arg Val Ser Glu Tyr Gln Pro Pro Asp
625 630 635 640

Asp Leu Phe Ser Thr Gly Val Ala Ser Lys Arg Pro Arg Phe Asp Thr
645 650 655
Pro Val Gln Gly Gln Leu Glu Ser Gln Glu Glu Glu Ser Tyr Arg Leu
660 665 670
Leu Arg Ala Leu Gln Lys Glu Gln Glu Thr Ser Ser Ser Glu Glu Glu
675 680 685
Gln Pro Gln Asn Gln Glu Ile Gln Glu Lys Leu Leu Leu Gln Leu Gln
690 695 700

Gln Gln Arg Gln Gln Gln Arg Leu Leu Ala Lys Gly Ile Lys His Leu
705 710 715 720
Leu Gly Asp Val Leu Arg Leu Arg Lys Gly Val His Trp Asp Pro Val
725 730 735
Leu Thr

<210> 262
<211> 738
<212> PRT
<213> Torque teno virus
<400> 262
Thr Ala Trp Tyr Arg Arg Arg Arg Trp Arg Pro Trp Arg Arg Arg Arg
1 5 10 15

Arg Pro Trp Thr Leu Arg Arg Arg Arg Ala Arg Arg Phe Val Arg Arg

20 25 30

Arg Pro Arg Arg Arg Tyr Val Ser Arg Trp Arg Arg Arg Arg Tyr Arg

35 40 45

Arg Arg Leu Arg Arg Gly Arg Arg Arg Arg Gly Arg Arg Arg Arg Lys

50 55 60

Glu Thr Ile Ile Val Arg Gln Trp Gln Pro Asp Val Met Arg Asn Cys

65 70 75 80

Tyr Ile Thr Gly Phe Leu Pro Leu Ile Val Cys Gly Ser Gly Asn Thr

85 90 95

Gln Phe Asn Phe Ile Thr His Glu Asn Asp Ile Pro Pro Arg Gly Ala

100 105 110

Ser Tyr Gly Gly Asn Leu Thr Asn Ile Thr Phe Thr Leu Ala Ala Leu

115 120 125

Tyr Asp Gln Tyr Leu Leu His Arg Asn Arg Trp Ser Arg Ser Asn Phe

130 135 140

Asp Leu Asp Leu Ala Arg Tyr Ile Asn Thr Lys Leu Lys Leu Tyr Arg

145 150 155 160

His Asp Ser Val Asp Tyr Ile Val Thr Tyr Asn Arg Thr Gly Pro Phe

165 170 175

Glu Val Asn Pro Leu Thr Tyr Met His Thr His Pro Leu Leu Met Leu

180 185 190

Val Asn Arg His His Ile Val Val Pro Ser Leu Lys Thr Lys Pro Arg

195 200 205

Gly Lys Arg Tyr Ile Lys Val Lys Ile Lys Pro Pro Lys Leu Met Leu

210 215 220

Asn Lys Trp Tyr Phe Ala Lys Asp Ile Cys Pro Leu Gly Leu Phe Gln

225 230 235 240

Leu Tyr Ala Thr Gly Leu Glu Leu Arg Asn Pro Trp Ile Arg Glu Gly

245 250 255

Thr Asn Ser Pro Ile Val Gly Phe Tyr Val Leu Lys Pro Ser Leu Tyr

260 265 270

Asn Gly Ala Met Ser Asn Leu Ala Asp Thr Glu His Leu Asn Gln Arg

275 280 285

Gln Thr Leu Phe Asn Lys Leu Leu Pro Thr Gln Asn Gln Lys Asp Glu

290 295 300

Trp Gln Tyr Thr Tyr Asn Lys Pro Met Gln Lys Ile Tyr Tyr Glu Ala

305 310 315 320

Ala Asn Lys Gln Asp Ser Gly Phe Lys Asn Thr Thr Tyr Asn Trp Thr

325 330 335

Asn Tyr Lys Thr Asn Tyr Gln Lys Val Gln Ser Gln Trp Gln Thr Val

340 345 350

Ala Gln Gln Asn Tyr Asn Gln Val Tyr Asn Glu Phe Lys Glu Val Tyr

355 360 365

Pro Leu Thr Ala Thr Trp Pro Pro Gln Trp Asn Ala Arg Gln Tyr Met

370 375 380

Ser His Asp Phe Gly Ile Tyr Ser Pro Tyr Phe Leu Ser Pro Ala Arg

385 390 395 400

Phe Thr Asp Tyr Trp His Ser Ala Tyr Thr Tyr Val Arg Tyr Asn Pro

405 410 415

Met Ser Asp Lys Gly Ile Gly Asn Ile Ile Cys Ile Gln Trp Cys Ser

420 425 430

Glu Lys Asn Ser Glu Phe Asn Glu Thr Lys Asn Lys Cys Ile Leu Arg

435 440 445

Asp Met Pro Leu Tyr Met Leu Thr Tyr Gly Tyr Leu Asp Tyr Thr Thr

450 455 460

Lys Cys Thr Gly Ser Asn Ser Ile Trp Thr Asp Ala Arg Val Ala Ile

465 470 475 480

Arg Cys Pro Tyr Thr Asp Pro Pro Leu Ser Asn Pro Thr Asn Lys Asn

485 490 495

Thr Leu Tyr Ile Pro Leu Ser Thr Ser Phe Met Gln Gly Asp Met Pro

500 505 510

Trp Pro Thr Thr Asn Ile Pro Leu Lys Met Trp Phe Lys Trp Tyr Pro
515 520 525
Met Ile Met His Gln Arg Ala Cys Leu Glu Thr Ile Val Ser Cys Gly

530 535 540
Pro Phe Met Pro Arg Asp Gln Thr Ala Ser Ser Trp Asp Ile Thr Ile
545 550 555 560
Ala Tyr Arg Ala Phe Phe Lys Trp Gly Gly Asn Pro Leu Pro Pro Gln
565 570 575
Pro Ile Asp Asp Pro Cys Gln Lys Asp Thr His Glu Ile Pro Asp Pro
580 585 590
Asp Lys His Pro Arg Gly Ile Gln Ile Ser Asp Pro Lys Val Leu Gly

595 600 605
Pro Pro Thr Val Phe His Thr Trp Asp Ile Arg Arg Gly Leu Phe Ser
610 615 620
Ser Thr Ser Leu Lys Arg Val Ser Glu Tyr Gln Pro Pro Asp Asp Pro
625 630 635 640
Phe Ser Thr Gly Val Val Phe Lys Arg Pro Arg Leu Glu Thr Gln Tyr
645 650 655
Lys Gly Thr Gln Glu Thr Pro Glu Glu Asp Ala Tyr Thr Leu Leu Lys

660 665 670
Ala Leu Gln Lys Glu Gln Glu Ser Ser Ser Ser Glu Glu Glu Leu Pro
675 680 685
Gln Glu Glu Gln Glu Ile Gln Lys Thr Gln Leu Leu Lys Gln Leu Gln
690 695 700
Leu Gln Gln Gln Gln Gln Arg Ile Leu Lys Arg Gly Ile Arg His Leu
705 710 715 720
Phe Gly Asp Val Leu Arg Leu Arg Lys Gly Val His Ser Asn Pro Asp

725 730 735
Leu Leu

<210> 263

<211> 738

<212> PRT

<213> Torque teno virus

<400> 263

Thr Ala Trp Tyr Arg Tyr Arg Arg Arg Pro Trp Arg Arg Arg Arg Arg
1 5 10 15

Pro Arg Trp Gly Leu Arg Arg Arg Arg Phe Arg Arg Ser Phe Arg Gly
20 25 30

Arg Gly Arg Arg Arg Tyr Val Ser Arg Trp Ser Arg Arg Arg Tyr Arg
35 40 45

Arg Arg Arg Arg Arg Gly Arg Arg Arg Arg Gly Arg Arg Arg Arg Lys
50 55 60

Arg Gln Thr Leu Ile Pro Arg Gln Trp Gln Pro Asp Val Thr Lys Lys
65 70 75 80

Cys Phe Ile Thr Gly Trp Met Pro Leu Ile Ile Cys Gly Thr Gly His
85 90 95

Thr Gln Phe Asn Phe Ile Thr His Glu Glu Asp Ile Pro Gly Ala Gly
100 105 110

Ala Ser Tyr Gly Gly Asn Leu Thr Asn Ile Thr Ile Thr Leu Gly Gly
115 120 125

Leu Tyr Glu Gln Tyr Met Leu His Arg Asn His Trp Ser Arg Ser Asn
130 135 140

Tyr Asp Leu Glu Leu Ala Arg Tyr Leu Gly Phe Thr Leu Lys Cys Tyr
145 150 155 160

Arg His Ala Thr Val Asp Tyr Ile Leu Thr Tyr Ser Arg Thr Thr Pro
165 170 175

Phe Glu Thr Asn Glu Leu Ser His Met Leu Thr His Pro Leu Leu Met
180 185 190

Leu Leu Asn Lys His His Arg Val Ile Pro Ser Leu Lys Thr Arg Pro
195 200 205

Lys Gly Lys Arg Ser Val Arg Ile His Ile Lys Pro Pro Lys Leu Met
210 215 220

Ile Asn Lys Trp Tyr Phe Ala Lys Asp Leu Cys Asn Ile Gly Pro Cys
225 230 235 240

Gln Ile Tyr Ala Thr Gly Leu Glu Leu Ser Asn Pro Trp Leu Arg Ser
245 250 255
Gly Thr Asn Ser Pro Val Ile Gly Phe Trp Val Leu Lys Asn His Leu
260 265 270
Tyr Asp Gly Asn Leu Ser Asn Ile Ala Ser Gly Glu Gln Leu Thr Ala
275 280 285
Arg Gln Thr Leu Phe Thr Thr Lys Leu Leu Pro Ser Asn Asn Thr Lys
290 295 300

Asp Glu Trp Gln Tyr Ala Tyr Thr Pro Leu Met Lys Thr Phe Tyr Thr
305 310 315 320
Gln Ala Ala Asn Thr Ala Ala His Asn Ile Thr Asp Lys Thr Tyr Asn
325 330 335
Trp Lys Asn Tyr Lys Thr His Tyr Asp Lys Val Gln Gln Thr Trp Thr
340 345 350
Thr Lys Ala Gln Phe Asn Tyr Asp Leu Val Lys Glu Glu Tyr Lys Thr
355 360 365

Val Tyr Pro Thr Thr Ala Thr Phe Pro Pro Glu Trp Ser Asn Arg Gln
370 375 380
Tyr Leu Glu His Asp Tyr Gly Leu Phe Ser Pro Tyr Phe Leu Thr Pro
385 390 395 400
Asn Arg Tyr Ser Thr Glu Trp His Met Pro Ile Thr Tyr Val Arg Tyr
405 410 415
Asn Pro Leu Ala Asp Lys Gly Ile Gly Asn Arg Ile Tyr Met Gln Trp
420 425 430

Cys Ser Glu Ser Ser Ser Ser Phe Glu Pro Thr Lys Ser Lys Cys Met
435 440 445
Leu Gln Asp Met Pro Leu Tyr Met Leu Thr Tyr Gly Tyr Leu Asp Tyr
450 455 460
Val Val Lys Cys Thr Gly Val Lys Ser Ala Trp Thr Asp Met Arg Val

465 470 475 480

Ala Ile Arg Ser Pro Tyr Thr Phe Pro Gln Leu Ile Gly Ser Thr Asp

485 490 495

Lys Val Gly Phe Ile Pro Leu Gly Glu Lys Phe Met Ser Gly Asp Thr

500 505 510

Asp Pro Val Lys Asn Phe Ile Pro Leu Lys Tyr Trp Tyr Arg Trp Tyr

515 520 525

Pro Phe Ala Ala Asn Gln Lys Ser Val Leu Glu Thr Ile Val Ser Cys

530 535 540

Gly Pro Phe Met Pro Arg Asp Gln Glu Ala Gly Ser Trp Asp Ile Thr

545 550 555 560

Val Gly Tyr Lys Ala Thr Phe Lys Arg Gly Gly Ser Pro Leu Pro Pro

565 570 575

Gln Pro Ile Asp Asp Pro Cys Gln Lys Pro Thr His Asp Leu Pro Asp

580 585 590

Pro Asp Arg His Pro Pro Arg Ile Gln Ile Ser Asp Pro Ala Arg Leu

595 600 605

Gly Pro Glu Thr Leu Phe His Ser Trp Asp Ile Arg Arg Gly Tyr Ile

610 615 620

Asn Thr Lys Ala Ile Lys Arg Ile Ser Asp Tyr Thr Glu Ser Asn Asp

625 630 635 640

Tyr Phe Ser Thr Gly Val Val Ser Lys Arg Pro Arg Leu Glu Thr Gln

645 650 655

Tyr His Gly Gln His Glu Ser Gln Glu Glu Asp Ala Tyr Leu Leu Leu

660 665 670

Lys Gln Leu Gln Glu Glu Gln Glu Thr Ser Ser Ser Glu Gly Glu Gln

675 680 685

Ala Pro Gln Glu Lys Thr Leu Gln Lys Glu Lys Leu Leu Lys Gln Leu

690 695 700

Gln Leu His Lys Gln Gln Gln Gln Leu Leu Arg Lys Gly Ile Arg His

705 710 715 720

Leu Leu Gly Asp Val Leu Arg Leu Arg Arg Gly Val His Trp Asp Pro
725 730 735
Gly Leu

<210> 264
<211> 736
<212> PRT
<213> Torque teno virus
<400> 264
Thr Ala Trp Trp Trp Gly Arg Trp Arg Gln Arg Arg Trp Gly Arg Arg

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

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

130 135 140
Ser Asn His Asp Leu Asp Leu Ala Arg Tyr Gln Gly Thr Thr Leu Lys
145 150 155 160
Leu Tyr Arg His Ala Thr Val Asp Tyr Ile Leu Ser Tyr Asn Arg Thr
165 170 175
Gly Pro Phe Gln Ile Ser Glu Met Thr Tyr Met Ser Thr His Pro Ala

180 185 190

Ile Met Leu Leu Met Lys His Arg Ile Val Val Pro Ser Leu Arg Thr

195 200 205

Lys Pro Lys Gly Arg Arg Ser Ile Lys Ile Arg Ile Lys Pro Pro Lys

210 215 220

Leu Met Leu Asn Lys Trp Tyr Phe Thr Lys Asp Ile Cys Ser Met Gly

225 230 235 240

Leu Phe Gln Leu Met Ala Thr Gly Ala Glu Leu Thr Asn Pro Trp Leu

245 250 255

Arg Asp Thr Thr Lys Ser Pro Val Ile Gly Phe Arg Val Leu Lys Asn

260 265 270

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

275 280 285

Glu Arg Lys Ser Ile Leu Asn Lys Ile His Pro Glu Thr Leu Thr Gly

290 295 300

Ser Gly Asn Ala Ser Lys Gly Trp Glu Tyr Ser Tyr Thr Lys Leu Met

305 310 315 320

Ala Pro Ile Tyr Tyr Ser Ala Val Arg Asn Ser Thr Tyr Asn Trp Gln

325 330 335

Asn Tyr Gln Thr His Cys Ala Thr Thr Ala Ile Lys Phe Lys Glu Lys

340 345 350

Gln Thr Ser Thr Leu Thr Leu Ile Lys Ala Glu Tyr Leu Tyr His Tyr

355 360 365

Pro Asn Asn Val Thr Gln Val Asp Phe Ile Asp Asp Pro Thr Leu Thr

370 375 380

His Asp Phe Gly Ile Tyr Ser Pro Tyr Trp Ile Thr Pro Thr Arg Ile

385 390 395 400

Ser Leu Asp Trp Asp Thr Pro Trp Thr Tyr Val Arg Tyr Asn Pro Leu

405 410 415

Ser Asp Lys Gly Ile Gly Asn Arg Ile Tyr Ala Gln Trp Cys Ser Glu

420 425 430

Lys Ser Ser Lys Leu Asp Thr Thr Lys Ser Lys Cys Ile Leu Lys Asp
435 440 445
Phe Pro Leu Trp Cys Met Ala Tyr Gly Tyr Cys Asp Trp Val Val Lys

450 455 460
Cys Thr Gly Val Ser Ser Ala Trp Thr Asp Met Arg Val Ala Ile Ile
465 470 475 480
Cys Pro Tyr Thr Glu Pro Ala Leu Ile Gly Ser Asp Glu Asn Val Gly
485 490 495
Phe Ile Pro Val Ser Asp Thr Phe Cys Asn Gly Asp Met Pro Phe Leu
500 505 510
Ala Pro Tyr Ile Pro Ile Thr Trp Trp Ile Lys Trp Tyr Pro Met Ile

515 520 525
Thr His Gln Lys Glu Val Leu Glu Ala Ile Val Asn Cys Gly Pro Phe
530 535 540
Val Pro Arg Asp Gln Ser Ser Pro Ala Trp Glu Ile Thr Met Gly Tyr
545 550 555 560
Lys Met Asp Trp Lys Trp Gly Gly Ser Pro Leu Pro Ser Gln Ala Ile
565 570 575
Asp Asp Pro Cys Gln Lys Pro Thr His Glu Leu Pro Asp Pro Asp Arg

580 585 590
His Pro Arg Met Leu Gln Val Ser Asp Pro Thr Lys Leu Gly Pro Lys
595 600 605
Thr Val Phe His Lys Trp Asp Trp Arg Arg Gly Gln Leu Ser Lys Arg
610 615 620
Ser Ile Lys Arg Val Gln Glu Asp Ser Thr Asp Asp Glu Tyr Val Thr
625 630 635 640
Gly Pro Leu Ser Arg Lys Arg Asn Lys Leu Asp Thr Lys Met Pro Gly

645 650 655
Pro Pro Thr Pro Glu Lys Glu Ser Tyr Thr Leu Leu Gln Ala Leu Gln
660 665 670
Glu Ser Gly Gln Glu Ser Ser Ser Gln Asp Glu Glu Gln Ala Pro Gln

675 680 685

Lys Glu Glu Asn Gln Lys Glu Ala Leu Val Glu Gln Leu Gln Leu Gln

690 695 700

Lys Gln His Gln Arg Val Leu Lys Arg Gly Leu Lys Leu Leu Leu Gly

705 710 715 720

Asp Val Leu Arg Leu Arg Arg Gly Val His Trp Asp Pro Leu Leu Ser

725 730 735

<210> 265

<211> 743

<212> PRT

<213> Torque teno virus

<400> 265

Met Ala Trp Gly Trp Trp Lys Arg Lys Arg Arg Trp Trp Trp Arg Lys

1 5 10 15

Arg Trp Thr Arg Gly Arg Leu Arg Arg Arg Trp Pro Arg Arg Ser Arg

20 25 30

Arg Arg Pro Arg Arg Arg Arg Val Arg Arg Arg Arg Arg Trp Arg Arg

35 40 45

Gly Arg Pro Arg Arg Arg Leu Tyr Arg Arg Gly Arg Arg Tyr Arg Arg

50 55 60

Lys Arg Lys Arg Ala Lys Ile Thr Ile Arg Gln Trp Gln Pro Ala Met

65 70 75 80

Thr Arg Arg Cys Phe Ile Arg Gly His Met Pro Ala Leu Ile Cys Gly

85 90 95

Trp Gly Ala Tyr Ala Ser Asn Tyr Thr Ser His Leu Glu Asp Lys Ile

100 105 110

Val Lys Gly Pro Tyr Gly Gly Gly His Ala Thr Phe Arg Phe Ser Leu

115 120 125

Gln Val Leu Cys Glu Glu His Leu Lys His His Asn Tyr Trp Thr Arg

130 135 140

Ser Asn Gln Asp Leu Glu Leu Ala Leu Tyr Tyr Gly Ala Thr Ile Lys

145 150 155 160

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

Leu Phe Val His Lys Trp Tyr Phe Gln Lys Asp Ile Cys Asp Leu Thr
225 230 235 240
Leu Phe Asn Leu Asn Val Val Ala Ala Asp Leu Arg Phe Pro Phe Cys
245 250 255
Ser Pro Gln Thr Asp Asn Val Cys Ile Thr Phe Gln Val Leu Ala Ala
260 265 270
Glu Tyr Asn Asn Phe Leu Ser Thr Thr Leu Gly Thr Thr Asn Glu Ser
275 280 285

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

Ile Tyr Asn Asn Gly Val Gln Gln Gln Thr Ala Gln Gln Ile Arg Glu
355 360 365
Lys Ile Lys Lys Asn Met Glu Asn Tyr Tyr Ala Lys Ile Val Glu Glu
370 375 380
Asn Thr Ile Ile Thr Lys Gly Ser Lys Ala His Cys His Leu Thr Gly
385 390 395 400

Ile Phe Ser Pro Pro Phe Leu Asn Ile Gly Arg Val Ala Arg Glu Phe
405 410 415

Pro Gly Leu Tyr Thr Asp Val Val Tyr Asn Pro Trp Thr Asp Lys Gly
420 425 430

Lys Gly Asn Lys Ile Trp Leu Asp Ser Leu Thr Lys Ser Asp Asn Ile
435 440 445

Tyr Asp Pro Arg Gln Ser Ile Leu Leu Met Ala Asp Met Pro Leu Tyr
450 455 460

Ile Met Leu Asn Gly Tyr Ile Asp Trp Ala Lys Lys Glu Arg Asn Asn
465 470 475 480

Trp Gly Leu Ala Thr Gln Tyr Arg Leu Leu Leu Thr Cys Pro Tyr Thr
485 490 495

Phe Pro Arg Leu Tyr Val Glu Thr Asn Pro Asn Tyr Gly Tyr Val Pro
500 505 510

Tyr Ser Glu Ser Phe Gly Ala Gly Gln Met Pro Asp Lys Asn Pro Tyr
515 520 525

Val Pro Ile Thr Trp Arg Gly Lys Trp Tyr Pro His Ile Leu His Gln
530 535 540

Glu Ala Val Ile Asn Asp Ile Val Ile Ser Gly Pro Phe Thr Pro Lys
545 550 555 560

Asp Thr Lys Pro Val Met Gln Leu Asn Met Lys Tyr Ser Phe Arg Phe
565 570 575

Thr Trp Gly Gly Asn Pro Ile Ser Thr Gln Ile Val Lys Asp Pro Cys
580 585 590

Thr Gln Pro Thr Phe Glu Ile Pro Gly Gly Gly Asn Ile Pro Arg Arg
595 600 605

Ile Gln Val Ile Asn Pro Lys Val Leu Gly Pro Ser Tyr Ser Phe Arg
610 615 620

Ser Phe Asp Leu Arg Arg Asp Met Phe Ser Gly Ser Ser Leu Lys Arg
625 630 635 640

Val Ser Glu Gln Gln Glu Thr Ser Glu Phe Leu Phe Ser Gly Gly Lys

645 650 655

Arg Pro Arg Ile Asp Leu Pro Lys Tyr Val Pro Pro Glu Glu Asp Phe

660 665 670

Asn Ile Gln Glu Arg Gln Gln Arg Glu Gln Arg Pro Trp Thr Ser Glu

675 680 685

Ser Glu Ser Glu Ala Glu Ala Gln Glu Glu Thr Gln Ala Gly Ser Val

690 695 700

Arg Glu Gln Leu Gln Gln Gln Leu Gln Glu Gln Phe Gln Leu Arg Arg

705 710 715 720

Gly Leu Lys Cys Leu Phe Glu Gln Leu Val Arg Thr Gln Gln Gly Val

725 730 735

His Val Asp Pro Cys Leu Val

740

<210> 266

<211> 726

<212> PRT

<213> Torque teno virus

<400> 266

Met Ala Trp Gly Trp Trp Lys Arg Arg Arg Arg Trp Trp Phe Arg Lys

1 5 10 15

Arg Trp Thr Arg Gly Arg Leu Arg Arg Arg Trp Pro Arg Ser Ala Arg

20 25 30

Arg Arg Pro Arg Arg Arg Arg Val Arg Arg Arg Arg Arg Trp Arg Arg

35 40 45

Gly Arg Pro Arg Arg Arg Leu Tyr Arg Arg Tyr Arg Arg Lys Lys Arg

50 55 60

Arg Arg Arg Lys Pro Lys Thr Val Leu Lys Gln Trp Gln Pro Asp Ile

65 70 75 80

Thr Lys Arg Cys Tyr Ile Ile Gly Tyr Ile Pro Ala Ile Ile Cys Gly

85 90 95

Ala Gly Thr Trp Ser His Asn Tyr Thr Ser His Leu Leu Asp Ile Ile

100 105 110

Pro Lys Gly Pro Phe Gly Gly Gly His Ser Thr Met Arg Phe Ser Leu
115 120 125

Lys Val Leu Phe Glu Glu His Leu Arg His Leu Asn Phe Trp Thr Arg
130 135 140

Ser Asn Gln Asp Leu Glu Leu Val Arg Tyr Phe Arg Cys Ser Phe Arg
145 150 155 160

Phe Tyr Arg Asp Gln His Thr Asp Tyr Leu Val His Tyr Ser Arg Lys
165 170 175

Thr Pro Leu Gly Gly Asn Arg Leu Thr Ala Pro Ser Leu His Pro Gly
180 185 190

Val Gln Met Leu Ser Lys Asn Lys Ile Ile Val Pro Ser Tyr Asp Thr
195 200 205

Lys Pro Lys Gly Lys Ser Tyr Val Lys Val Thr Ile Ala Pro Pro Thr
210 215 220

Leu Leu Thr Asp Lys Trp Tyr Phe Ser Lys Asp Ile Cys Asp Thr Thr
225 230 235 240

Leu Val Asn Leu Asp Val Val Leu Cys Asn Leu Arg Phe Pro Phe Cys
245 250 255

Ser Pro Gln Thr Asp Asn Pro Cys Ile Thr Phe Ser Val Leu His Ser
260 265 270

Ile Tyr Asn Asp Phe Leu Ser Ile Val Asp Thr Gly Asn Tyr Lys Thr
275 280 285

Gln Phe Val Ser Asn Leu Ser Thr Lys Val Gly Thr Asp Trp Gly Lys
290 295 300

Arg Leu Asn Thr Phe Arg Thr Glu Gly Cys Tyr Ser His Pro Lys Leu
305 310 315 320

Pro Lys Lys Ala Val Thr Pro Gly Asn Asp Lys Thr Tyr Phe Thr Val
325 330 335

Pro Asp Gly Leu Trp Gly Asp Ala Val Phe Asn Ala Glu Ala Ser Asn
340 345 350

Ile Ile Thr Lys Asn Met Glu Ser Tyr Ser Glu Ser Ala Lys Ala Arg
355 360 365

Gly Val Gln Gly Asp Pro Ala Phe Cys His Leu Thr Gly Ile Tyr Ser
370 375 380
Pro Pro Trp Leu Thr Pro Gly Arg Ile Ser Pro Glu Thr Pro Gly Leu
385 390 395 400
Tyr Thr Asp Val Thr Tyr Asn Pro Tyr Ala Asp Lys Gly Val Gly Asn
405 410 415
Arg Ile Trp Val Asp Tyr Cys Ser Lys Lys Gly Asn Lys Tyr Asp Asn
420 425 430

Thr Ser Lys Cys Leu Leu Glu Asp Met Pro Leu Trp Met Val Thr Phe
435 440 445
Gly Tyr Val Asp Trp Val Lys Lys Glu Thr Gly Asn Trp Gly Ile Pro
450 455 460
Leu Trp Ala Arg Val Leu Ile Arg Cys Pro Tyr Thr Val Pro Lys Leu
465 470 475 480
Tyr Asn Glu Ala Asp Pro Asn Tyr Gly Trp Val Pro Tyr Ser Tyr Tyr
485 490 495

Phe Gly Glu Gly Lys Met Pro Asn Gly Asp Leu Tyr Val Pro Phe Lys
500 505 510
Ile Arg Met Lys Trp Tyr Pro Ser Met Trp Asn Gln Glu Pro Val Leu
515 520 525
Asn Asp Leu Ala Lys Ser Gly Pro Phe Ala Tyr Lys Asp Thr Lys Thr
530 535 540
Ser Val Thr Val Thr Ala Lys Tyr Lys Phe Thr Phe Asn Phe Gly Gly
545 550 555 560

Asn Pro Val Pro Ser Gln Ile Val Gln Asp Pro Cys Thr Gln Ser Thr
565 570 575
Tyr Asp Ile Pro Gly Thr Gly Asn Leu Pro Arg Arg Ile Gln Val Ile
580 585 590
Asp Pro Lys Val Leu Gly Pro His Tyr Ser Phe His Arg Trp Asp Phe

595 600 605

Arg Arg Gly Leu Phe Gly Gln Gln Ala Ile Lys Arg Val Ser Glu Gln

610 615 620

Pro Thr Thr Ser Glu Phe Leu Phe Ser Gly Pro Lys Arg Pro Arg Ile

625 630 635 640

Asp Gln Gly Pro Tyr Ile Pro Pro Glu Lys Gly Ser Asp Ser Leu Gln

645 650 655

Arg Glu Ser Arg Pro Trp Ser Asn Ser Glu Thr Glu Ala Glu Thr Glu

660 665 670

Ala Pro Ser Glu Glu Glu Pro Glu Asn Gln Glu Glu Gln Val Leu Gln

675 680 685

Leu Gln Leu Arg Gln Gln Leu Arg Glu Gln Arg Lys Leu Arg Gln Gly

690 695 700

Ile Gln Cys Leu Phe Glu Gln Leu Ile Thr Thr Gln Gln Gly Val His

705 710 715 720

Lys Asn Pro Leu Leu Glu

725

<210> 267

<211> 747

<212> PRT

<213> Torque teno virus

<400> 267

Met Ala Trp Ser Trp Trp Trp Arg Arg Arg Lys Arg Trp Trp Pro Arg

1 5 10 15

Arg Arg Arg Arg Trp Arg Arg Phe Arg Thr Arg Arg Ala Arg Arg Ala

20 25 30

Val Pro Arg Arg Arg Arg Arg Arg Arg Val Arg Arg Arg Arg Trp Gly

35 40 45

Arg Arg Arg Arg Arg Arg Arg Val Phe Tyr Lys Arg Arg Arg Arg Lys

50 55 60

Thr Gly Arg Leu Tyr Arg Lys Pro Lys Lys Lys Leu Val Leu Thr Gln

65 70 75 80

Trp His Pro Thr Thr Val Arg Asn Cys Ser Ile Arg Gly Leu Val Pro
85 90 95

Leu Val Leu Cys Gly His Thr Gln Gly Gly Arg Asn Phe Ala Leu Arg
100 105 110

Ser Asp Asp Tyr Pro Lys Gln Gly Ser Pro Tyr Gly Gly Ser Phe Ser
115 120 125

Thr Thr Thr Trp Asn Leu Arg Val Leu Phe Asp Glu His Gln Lys His
130 135 140

His Asn Thr Trp Ser Tyr Pro Asn Asn Gln Leu Asp Leu Gly Arg Tyr
145 150 155 160

Lys Gly Cys Thr Phe Tyr Phe Tyr Arg Asp Lys Lys Thr Asp Tyr Ile
165 170 175

Val Lys Phe Gln Arg Arg Gly Pro Phe Lys Ile Asn Lys Tyr Ser Ser
180 185 190

Pro Met Ala His Pro Gly Met Met Met Leu Asp Lys Met Lys Ile Leu
195 200 205

Val Pro Ser Phe Asp Thr Arg Pro Gly Gly Arg Arg Arg Val Lys Val
210 215 220

Thr Ile Arg Pro Pro Thr Leu Leu Glu Asp Lys Trp Tyr Thr Gln Gln
225 230 235 240

Asp Leu Ala Pro Val Asn Leu Val Ser Leu Val Val Ser Ala Ala Ser
245 250 255

Phe Ile His Pro Phe Ser Gln Pro Gln Thr Asn Asn Ile Cys Thr Thr
260 265 270

Phe Gln Val Leu Lys Asp Met Tyr Tyr Asp Cys Ile Gly Ile Asn Ser
275 280 285

Thr Leu Thr Thr Lys Tyr Glu Asn Leu Phe Asn Lys Leu Tyr Ser Lys
290 295 300

Cys Cys Tyr Phe Glu Thr Phe Gln Thr Ile Ala Gln Leu Asn Pro Gly
305 310 315 320

Phe Lys Ala Ala Lys Lys Thr Thr Asn Gly Ser Gly Ser Thr Ala Ala
325 330 335

Thr Leu Gly Asp Ala Val Thr Glu Leu Lys Asn Pro Asn Gly Thr Phe
340 345 350
Tyr Thr Gly Asn Asn Ser Thr Phe Gly Cys Cys Thr Tyr Lys Pro Thr
355 360 365
Lys Glu Ile Gly Ser Asn Ala Asn Lys Trp Phe Trp His Gln Leu Thr
370 375 380
Ala Thr Asp Ser Asp Thr Leu Gly Gln Tyr Gly Arg Ala Ser Ile Lys
385 390 395 400

Tyr Met Glu Tyr His Thr Gly Ile Tyr Ser Ser Ile Phe Leu Ser Pro
405 410 415
Leu Arg Ser Asn Leu Glu Phe Pro Thr Ala Tyr Gln Asp Val Thr Tyr
420 425 430
Asn Pro Leu Thr Asp Arg Gly Ile Gly Asn Arg Ile Trp Tyr Gln Tyr
435 440 445
Ser Thr Lys Glu Asn Thr Thr Phe Asn Glu Thr Gln Cys Lys Cys Val
450 455 460

Leu Ser Asp Leu Pro Leu Trp Ser Met Phe Tyr Gly Tyr Val Asp Phe
465 470 475 480
Ile Glu Ser Glu Leu Gly Ile Ser Ala Glu Ile His Asn Phe Gly Ile
485 490 495
Val Cys Val Gln Cys Pro Tyr Thr Phe Pro Pro Met Phe Asp Lys Ser
500 505 510
Lys Pro Asp Lys Gly Tyr Val Phe Tyr Asp Thr Leu Phe Gly Asn Gly
515 520 525

Lys Met Pro Asp Gly Ser Gly His Val Pro Thr Tyr Trp Gln Gln Arg
530 535 540
Trp Trp Pro Arg Phe Ser Phe Gln Arg Gln Val Met His Asp Ile Ile
545 550 555 560
Leu Thr Gly Pro Phe Ser Tyr Lys Asp Asp Ser Val Met Thr Gly Ile

565 570 575

Thr Ala Gly Tyr Lys Phe Lys Phe Ser Trp Gly Gly Asp Met Val Ser
580 585 590

Glu Gln Val Ile Lys Asn Pro Glu Arg Gly Asp Gly Arg Asp Ser Thr
595 600 605

Tyr Pro Asp Arg Gln Arg Arg Asp Leu Gln Val Val Asp Pro Arg Ser
610 615 620

Met Gly Pro Gln Trp Val Phe His Thr Phe Asp Tyr Arg Arg Gly Leu
625 630 635 640

Phe Gly Lys Asp Ala Ile Lys Arg Val Ser Glu Lys Pro Thr Asp Pro
645 650 655

Asp Tyr Phe Thr Thr Pro Tyr Lys Lys Pro Arg Phe Phe Pro Pro Thr
660 665 670

Ala Gly Glu Glu Lys Leu Gln Glu Glu Asp Ser Ala Leu Gln Glu Lys
675 680 685

Arg Ser Pro Leu Ser Ser Glu Glu Gly Gln Thr Arg Ala Gln Val Leu
690 695 700

Gln Gln Gln Val Leu Gln Ser Glu Leu Gln Gln Gln Gln Glu Leu Gly
705 710 715 720

Glu Gln Leu Arg Phe Leu Leu Arg Glu Met Phe Lys Thr Gln Ala Gly
725 730 735

Ile His Met Asn Pro Arg Ala Phe Gln Glu Leu
740 745

<210> 268

<211> 747

<212> PRT

<213> Torque teno virus

<400> 268

Met Ala Trp Ser Trp Trp Trp Arg Arg Arg Lys Arg Trp Trp Pro Arg
1 5 10 15

Arg Arg Arg Arg Trp Arg Arg Phe Arg Thr Arg Arg Ala Arg Arg Ala

20 25 30

Val Pro Arg Arg Arg Arg Arg Arg Arg Val Arg Arg Arg Arg Trp Gly
35 40 45
Arg Arg Arg Arg Arg Arg Arg Val Phe Tyr Lys Arg Arg Arg Arg Lys
50 55 60
Thr Gly Arg Leu Tyr Arg Lys Pro Lys Lys Lys Leu Val Leu Thr Gln
65 70 75 80
Trp His Pro Thr Thr Val Arg Asn Cys Ser Ile Arg Gly Leu Val Pro
85 90 95

Leu Val Leu Cys Gly His Thr Gln Gly Gly Arg Asn Phe Ala Leu Arg
100 105 110
Ser Asp Asp Tyr Pro Lys Gln Gly Ser Pro Tyr Gly Gly Ser Phe Ser
115 120 125
Thr Thr Thr Trp Asn Leu Arg Val Leu Phe Asp Glu His Gln Lys His
130 135 140
His Asn Thr Trp Ser Tyr Pro Asn Asn Gln Leu Asp Leu Gly Arg Tyr
145 150 155 160

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

Thr Ile Arg Pro Pro Thr Leu Leu Glu Asp Lys Trp Tyr Thr Gln Gln
225 230 235 240
Asp Leu Ala Pro Val Asn Leu Val Ser Leu Val Val Ser Ala Ala Ser
245 250 255
Phe Ile His Pro Phe Ser Gln Pro Gln Thr Asn Asn Ile Cys Thr Thr
260 265 270

Phe Gln Val Leu Lys Asp Met Tyr Tyr Asp Cys Ile Gly Ile Asn Ser
275 280 285

Thr Leu Thr Thr Lys Tyr Glu Asn Leu Phe Asn Lys Leu Tyr Ser Lys
290 295 300
Cys Cys Tyr Phe Glu Thr Phe Gln Thr Ile Ala Gln Leu Asn Pro Gly
305 310 315 320
Phe Lys Ala Ala Lys Lys Thr Thr Asn Gly Ser Gly Ser Thr Ala Ala
325 330 335
Thr Leu Gly Asp Ala Val Thr Glu Leu Lys Asn Pro Asn Gly Thr Phe
340 345 350

Tyr Thr Gly Asn Asn Ser Thr Phe Gly Cys Cys Thr Tyr Lys Pro Thr
355 360 365
Lys Glu Ile Gly Ser Asn Ala Asn Lys Trp Phe Trp His Gln Leu Thr
370 375 380
Ala Thr Asp Ser Asp Thr Leu Gly Gln Tyr Gly Arg Ala Ser Ile Lys
385 390 395 400
Tyr Met Glu Tyr His Thr Gly Ile Tyr Ser Ser Ile Phe Leu Ser Pro
405 410 415

Leu Arg Ser Asn Leu Glu Phe Pro Thr Ala Tyr Gln Asp Val Thr Tyr
420 425 430
Asn Pro Leu Thr Asp Arg Gly Ile Gly Asn Arg Ile Trp Tyr Gln Tyr
435 440 445
Ser Thr Lys Glu Asn Thr Thr Phe Asn Glu Thr Gln Cys Lys Cys Val
450 455 460
Leu Ser Asp Leu Pro Leu Trp Ser Met Phe Tyr Gly Tyr Val Asp Phe
465 470 475 480

Ile Glu Ser Glu Leu Gly Ile Ser Ala Glu Ile His Asn Phe Gly Ile
485 490 495
Val Cys Val Gln Cys Pro Tyr Thr Phe Pro Pro Met Phe Asp Lys Ser
500 505 510
Lys Pro Asp Lys Gly Tyr Val Phe Tyr Asp Thr Leu Phe Gly Asn Gly

515 520 525

Lys Met Pro Asp Gly Ser Gly His Val Pro Thr Tyr Trp Gln Gln Arg

530 535 540

Trp Trp Pro Arg Phe Ser Phe Gln Arg Gln Val Met His Asp Ile Ile

545 550 555 560

Leu Thr Gly Pro Phe Ser Tyr Lys Asp Asp Ser Val Met Thr Gly Ile

565 570 575

Thr Ala Gly Tyr Lys Phe Lys Phe Ser Trp Gly Gly Asp Met Val Ser

580 585 590

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

595 600 605

Tyr Pro Asp Arg Gln Arg Arg Asp Leu Gln Val Val Asp Pro Arg Ser

610 615 620

Met Gly Pro Gln Trp Val Phe His Thr Phe Asp Tyr Arg Arg Gly Leu

625 630 635 640

Phe Gly Lys Asp Ala Ile Lys Arg Val Ser Glu Lys Pro Thr Asp Pro

645 650 655

Asp Tyr Phe Thr Thr Pro Tyr Lys Lys Pro Arg Phe Phe Pro Pro Thr

660 665 670

Ala Gly Glu Glu Lys Leu Gln Glu Glu Asp Ser Ala Leu Gln Glu Lys

675 680 685

Arg Ser Pro Leu Ser Ser Glu Glu Gly Gln Thr Arg Ala Gln Val Leu

690 695 700

Gln Gln Gln Val Leu Gln Ser Glu Leu Gln Gln Gln Gln Glu Leu Gly

705 710 715 720

Glu Gln Leu Arg Phe Leu Leu Arg Glu Met Phe Lys Thr Gln Ala Gly

725 730 735

Ile His Met Asn Pro Arg Ala Phe Gln Glu Leu

740 745

<210> 269

<211> 745

<212> PRT

<213> Torque teno virus

<400> 269

Met Ala Trp Gly Trp Trp Arg Trp Arg Arg Arg Trp Pro Ala Arg Arg
1 5 10 15

Trp Arg Arg Arg Arg Arg Arg Arg Pro Val Arg Arg Thr Arg Ala Arg
20 25 30

Arg Pro Ala Arg Arg Tyr Arg Arg Arg Arg Thr Val Arg Thr Arg Arg
35 40 45

Arg Arg Trp Gly Arg Arg Arg Tyr Arg Arg Gly Trp Arg Arg Arg Thr
50 55 60

Tyr Val Arg Lys Gly Arg His Arg Lys Lys Lys Lys Arg Leu Ile Leu
65 70 75 80

Arg Gln Trp Gln Pro Ala Thr Arg Arg Arg Cys Thr Ile Thr Gly Tyr
85 90 95

Leu Pro Ile Val Phe Cys Gly His Thr Lys Gly Asn Lys Asn Tyr Ala
100 105 110

Leu His Ser Asp Asp Tyr Thr Pro Gln Gly Gln Pro Phe Gly Gly Ala
115 120 125

Leu Ser Thr Thr Ser Phe Ser Leu Lys Val Leu Phe Asp Gln His Gln
130 135 140

Arg Gly Leu Asn Lys Trp Ser Phe Pro Asn Asp Gln Leu Asp Leu Ala
145 150 155 160

Arg Tyr Arg Gly Cys Lys Phe Tyr Phe Tyr Arg Thr Lys Gln Thr Asp
165 170 175

Trp Ile Gly Gln Tyr Asp Ile Ser Glu Pro Tyr Lys Leu Asp Lys Tyr
180 185 190

Ser Cys Pro Asn Tyr His Pro Gly Asn Met Ile Lys Ala Lys His Lys
195 200 205

Phe Leu Ile Pro Ser Tyr Asp Thr Asn Pro Arg Gly Arg Gln Lys Ile
210 215 220

Ile Val Lys Ile Pro Pro Pro Asp Leu Phe Val Asp Lys Trp Tyr Thr

225 230 235 240

Gln Glu Asp Leu Cys Ser Val Asn Leu Val Ser Leu Ala Val Ser Ala
245 250 255

Ala Ser Phe Leu His Pro Phe Gly Ser Pro Gln Thr Asp Asn Pro Cys
260 265 270

Tyr Thr Phe Gln Val Leu Lys Glu Phe Tyr Tyr Gln Ala Ile Gly Phe
275 280 285

Ser Ala Thr Asp Gln Gln Arg Glu Lys Val Phe Asp Ile Leu Tyr Lys
290 295 300

Asn Asn Ser Tyr Trp Glu Ser Asn Ile Thr Pro Phe Tyr Val Ile Asn
305 310 315 320

Val Lys Lys Gly Ser Asn Thr Thr Gln Tyr Met Ser Pro Gln Ile Ser
325 330 335

Asp Ser Ser Phe Arg Lys Lys Val Asn Thr Asn Tyr Asn Trp Tyr Thr
340 345 350

Tyr Asp Ala Lys Thr Asn Ala Ser Gln Leu Lys Gln Leu Arg Asn Ala
355 360 365

Tyr Phe Lys Gln Leu Thr Ser Glu Gly Pro Gln His Thr Tyr Ser Asp
370 375 380

Asn Gly Tyr Ala Ser Gln Trp Thr Thr Pro Ser Thr Asp Ala Tyr Glu
385 390 395 400

Tyr His Leu Gly Met Phe Ser Thr Ile Phe Leu Ala Pro Asp Arg Pro
405 410 415

Val Pro Arg Phe Pro Cys Ala Tyr Gln Asp Val Thr Tyr Asn Pro Leu
420 425 430

Met Asp Lys Gly Val Gly Asn His Val Trp Phe Gln Tyr Asn Thr Lys
435 440 445

Ala Asp Thr Gln Leu Ile Val Thr Gly Gly Ser Cys Lys Ala His Ile
450 455 460

Gln Asp Ile Pro Leu Trp Ala Ala Phe Tyr Gly Tyr Ser Asp Phe Ile
465 470 475 480

Glu Ser Glu Leu Gly Pro Phe Val Asp Ala Asp Thr Val Gly Leu Ile
485 490 495

Cys Val Ile Cys Pro Tyr Thr Lys Pro Pro Met Tyr Asn Lys Thr Asn
500 505 510

Pro Met Met Gly Tyr Val Phe Tyr Asp Arg Asn Phe Gly Asp Gly Lys
515 520 525

Trp Thr Asp Gly Arg Gly Lys Ile Glu Pro Tyr Trp Gln Val Arg Trp
530 535 540

Arg Pro Glu Met Leu Phe Gln Glu Thr Val Met Ala Asp Ile Val Gln
545 550 555 560

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

Cys Lys Tyr Lys Phe Tyr Phe Thr Trp Gly Gly Asn Met Met Phe Gln
580 585 590

Gln Thr Ile Lys Asn Pro Cys Lys Thr Asp Gly Gln Pro Thr Asp Ser
595 600 605

Ser Arg His Pro Arg Gly Ile Gln Val Ala Asp Pro Glu Gln Met Gly
610 615 620

Pro Arg Trp Val Phe His Ser Phe Asp Trp Arg Arg Gly Tyr Leu Ser
625 630 635 640

Glu Lys Ala Leu Lys Arg Leu Gln Glu Lys Pro Leu Asp Tyr Asp Glu
645 650 655

Tyr Phe Thr Gln Pro Lys Arg Pro Arg Ile Phe Pro Pro Thr Glu Ser
660 665 670

Ala Glu Gly Glu Phe Arg Glu Pro Glu Lys Gly Ser Tyr Ser Glu Glu
675 680 685

Glu Arg Ser Gln Ala Ser Ala Glu Glu Gln Thr Glu Glu Ala Thr Val
690 695 700

Leu Leu Leu Lys Arg Arg Leu Arg Glu Gln Gln Gln Leu Gln Gln Gln
705 710 715 720

Leu Gln Phe Leu Thr Arg Glu Met Phe Lys Thr Gln Ala Gly Leu His

725 730 735

Ile Asn Pro Met Leu Leu Asn Gln Arg

740 745

<210> 270

<211> 745

<212> PRT

<213

> Torque teno virus

<400> 270

Met Ala Trp Gly Trp Trp Arg Trp Arg Arg Arg Trp Pro Ala Arg Arg

1 5 10 15

Trp Arg Arg Arg Arg Arg Arg Arg Pro Val Arg Arg Thr Arg Ala Arg

20 25 30

Arg Pro Ala Arg Arg Tyr Arg Arg Arg Arg Thr Val Arg Thr Arg Arg

35 40 45

Arg Arg Trp Gly Arg Arg Arg Tyr Arg Arg Gly Trp Arg Arg Arg Thr

50 55 60

Tyr Val Arg Lys Gly Arg His Arg Lys Lys Lys Lys Arg Leu Ile Leu

65 70 75 80

Arg Gln Trp Gln Pro Ala Thr Arg Arg Arg Cys Thr Ile Thr Gly Tyr

85 90 95

Leu Pro Ile Val Phe Cys Gly His Thr Lys Gly Asn Lys Asn Tyr Ala

100 105 110

Leu His Ser Asp Asp Tyr Thr Pro Gln Gly Gln Pro Phe Gly Gly Ala

115 120 125

Leu Ser Thr Thr Ser Phe Ser Leu Lys Val Leu Phe Asp Gln His Gln

130 135 140

Arg Gly Leu Asn Lys Trp Ser Phe Pro Asn Asp Gln Leu Asp Leu Ala

145 150 155 160

Arg Tyr Arg Gly Cys Lys Phe Tyr Phe Tyr Arg Thr Lys Gln Thr Asp

165 170 175

Trp Ile Gly Gln Tyr Asp Ile Ser Glu Pro Tyr Lys Leu Asp Lys Tyr

180 185 190

Ser Cys Pro Asn Tyr His Pro Gly Asn Met Ile Lys Ala Lys His Lys
195 200 205

Phe Leu Ile Pro Ser Tyr Asp Thr Asn Pro Arg Gly Arg Gln Lys Ile
210 215 220

Ile Val Lys Ile Pro Pro Pro Asp Leu Phe Val Asp Lys Trp Tyr Thr
225 230 235 240

Gln Glu Asp Leu Cys Ser Val Asn Leu Val Ser Leu Ala Val Ser Ala
245 250 255

Ala Ser Phe Leu His Pro Phe Gly Ser Pro Gln Thr Asp Asn Pro Cys
260 265 270

Tyr Thr Phe Gln Val Leu Lys Glu Phe Tyr Tyr Gln Ala Ile Gly Phe
275 280 285

Ser Ala Thr Asp Glu Gln Arg Glu Lys Val Phe Asp Ile Leu Tyr Lys
290 295 300

Asn Asn Ser Tyr Trp Glu Ser Asn Ile Thr Pro Phe Tyr Val Ile Asn
305 310 315 320

Val Lys Lys Gly Cys Asn Thr Thr Gln Tyr Met Ser Pro Gln Ile Ser
325 330 335

Asp Ser Ser Phe Arg Lys Lys Val Asn Thr Asn Tyr Asn Trp Tyr Thr
340 345 350

Tyr Asp Ala Lys Thr Asn Ala Ser Gln Leu Lys Gln Leu Arg Asn Ala
355 360 365

Tyr Phe Lys Gln Leu Thr Ser Glu Gly Pro Gln His Thr Tyr Ser Asp
370 375 380

Asn Gly Tyr Ala Ser Gln Trp Thr Thr Pro Ser Thr Asp Ala Tyr Glu
385 390 395 400

Tyr His Leu Gly Met Phe Ser Thr Ile Phe Leu Ala Pro Asp Arg Pro
405 410 415

Val Pro Arg Phe Pro Cys Ala Tyr Gln Asp Val Thr Tyr Asn Pro Leu
420 425 430

Met Asp Lys Gly Val Gly Asn His Val Trp Phe Gln Tyr Asn Thr Lys
435 440 445

Ala Asp Thr Gln Leu Ile Val Thr Gly Gly Ser Cys Lys Ala His Ile
450 455 460
Gln Asp Ile Pro Leu Trp Ala Ala Phe Tyr Gly Tyr Ser Asp Phe Ile
465 470 475 480
Glu Ser Glu Leu Gly Pro Phe Val Asp Ala Asp Thr Val Gly Leu Ile
485 490 495
Cys Val Ile Cys Pro Tyr Thr Lys Pro Pro Met Tyr Asn Lys Thr Asn
500 505 510

Pro Met Met Gly Tyr Val Phe Tyr Asp Arg Asn Phe Gly Asp Gly Lys
515 520 525
Trp Thr Asp Gly Arg Gly Lys Ile Glu Pro Tyr Trp Gln Val Arg Trp
530 535 540
Arg Pro Glu Met Leu Phe Gln Glu Thr Val Met Ala Asp Ile Val Gln
545 550 555 560
Thr Gly Pro Phe Ser Tyr Lys Asp Glu Leu Lys Asn Ser Thr Leu Val
565 570 575

Cys Lys Tyr Lys Phe Tyr Phe Thr Trp Gly Gly Asn Met Met Phe Gln
580 585 590
Gln Thr Ile Lys Asn Pro Cys Lys Thr Asp Gly Gln Pro Thr Asp Ser
595 600 605
Ser Arg His Pro Arg Gly Ile Gln Val Ala Asp Pro Glu Gln Met Gly
610 615 620
Pro Arg Trp Val Phe His Ser Phe Asp Trp Arg Arg Gly Tyr Leu Ser
625 630 635 640

Glu Lys Ala Leu Lys Arg Leu Gln Glu Lys Pro Leu Asp Tyr Asp Gln
645 650 655
Tyr Phe Thr Gln Pro Lys Arg Pro Arg Ile Phe Pro Pro Thr Glu Ser
660 665 670
Ala Glu Gly Glu Phe Arg Glu Pro Glu Lys Gly Ser Tyr Ser Glu Glu

675 680 685

Glu Arg Leu Gln Ala Ser Ala Glu Glu Gln Thr Glu Glu Ala Thr Val

690 695 700

Leu Leu Leu Lys Arg Arg Leu Arg Glu Gln Gln Gln Leu Gln Gln Gln

705 710 715 720

Leu Gln Phe Leu Thr Arg Glu Met Phe Lys Thr Gln Ala Gly Leu His

725 730 735

Ile Asn Pro Met Leu Leu Asn Gln Arg

740 745

<210> 271

<211> 745

<212> PRT

<213> Torque teno virus

<400> 271

Met Ala Trp Gly Trp Trp Arg Trp Arg Arg Arg Trp Pro Ala Arg Arg

1 5 10 15

Trp Arg Arg Arg Arg Arg Arg Arg Pro Val Arg Arg Thr Arg Ala Arg

20 25 30

Arg Pro Ala Arg Arg Tyr Arg Arg Arg Arg Thr Val Arg Thr Arg Arg

35 40 45

Arg Arg Trp Gly Arg Arg Arg Tyr Arg Arg Gly Trp Arg Arg Arg Thr

50 55 60

Tyr Val Arg Lys Gly Arg His Arg Lys Lys Lys Lys Arg Leu Ile Leu

65 70 75 80

Arg Gln Trp Gln Pro Ala Thr Arg Arg Arg Cys Thr Ile Thr Gly Tyr

85 90 95

Leu Pro Ile Val Phe Cys Gly His Thr Lys Gly Asn Lys Asn Tyr Ala

100 105 110

Leu His Ser Asp Asp Tyr Thr Pro Gln Gly Gln Pro Phe Gly Gly Ala

115 120 125

Leu Ser Thr Thr Ser Phe Ser Leu Lys Val Leu Phe Asp Gln His Gln

130 135 140

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

Phe Leu Ile Pro Ser Tyr Asp Thr Asn Pro Arg Gly Arg Gln Lys Ile
210 215 220
Ile Val Lys Ile Pro Pro Pro Asp Leu Phe Val Asp Lys Trp Tyr Thr
225 230 235 240
Gln Glu Asp Leu Cys Ser Val Asn Leu Val Ser Leu Ala Val Ser Ala
245 250 255
Ala Ser Phe Leu His Pro Phe Gly Ser Pro Gln Thr Asp Asn Pro Cys
260 265 270

Tyr Thr Phe Gln Val Leu Lys Glu Phe Tyr Tyr Gln Ala Ile Gly Phe
275 280 285
Ser Ala Thr Asp Glu Gln Arg Glu Lys Val Phe Asp Ile Leu Tyr Lys
290 295 300
Asn Asn Ser Tyr Trp Glu Ser Asn Ile Thr Pro Phe Tyr Val Ile Asn
305 310 315 320
Val Lys Lys Gly Cys Asn Thr Thr Gln Cys Met Ser Pro Gln Ile Ser
325 330 335

Asp Ser Ser Phe Arg Lys Lys Val Asn Thr Asn Tyr Asn Trp Tyr Thr
340 345 350
Tyr Asp Ala Lys Thr Asn Ala Ser Gln Leu Lys Gln Leu Arg Asn Ala
355 360 365
Tyr Phe Lys Gln Leu Thr Ser Glu Gly Pro Gln His Thr Tyr Ser Asp
370 375 380

Asn Gly Tyr Ala Ser Gln Trp Thr Thr Pro Ser Thr Asp Ala Tyr Glu
385 390 395 400

Tyr His Leu Gly Met Phe Ser Thr Ile Phe Leu Ala Pro Asp Arg Pro
405 410 415

Val Pro Arg Phe Pro Cys Ala Tyr Gln Asp Val Thr Tyr Asn Pro Leu
420 425 430

Met Asp Lys Gly Val Gly Asn His Val Trp Phe Gln Tyr Asn Thr Lys
435 440 445

Ala Asp Thr Gln Leu Ile Val Thr Gly Gly Ser Cys Lys Ala His Ile
450 455 460

Gln Asp Ile Pro Leu Trp Ala Ala Phe Tyr Gly Tyr Ser Asp Phe Ile
465 470 475 480

Glu Ser Glu Leu Gly Pro Phe Val Asp Ala Asp Thr Val Gly Leu Ile
485 490 495

Cys Val Ile Cys Pro Tyr Thr Lys Pro Pro Met Tyr Asn Lys Thr Asn
500 505 510

Pro Met Met Gly Tyr Val Phe Tyr Asp Arg Asn Phe Gly Asp Gly Lys
515 520 525

Trp Thr Asp Gly Arg Gly Lys Ile Glu Pro Tyr Trp Gln Val Arg Trp
530 535 540

Arg Pro Glu Met Leu Phe Gln Glu Thr Val Met Ala Asp Ile Val Gln
545 550 555 560

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

Cys Lys Tyr Lys Phe Tyr Phe Thr Trp Gly Gly Asn Met Met Phe Gln
580 585 590

Gln Thr Ile Lys Asn Pro Cys Lys Thr Asp Gly Gln Pro Thr Asp Ser
595 600 605

Ser Arg His Pro Arg Gly Ile Gln Val Ala Asp Pro Glu Gln Met Gly
610 615 620

Pro Arg Trp Val Phe His Ser Phe Asp Trp Arg Arg Gly Tyr Leu Ser

625 630 635 640

Glu Lys Ala Leu Lys Arg Leu Gln Glu Lys Pro Leu Asp Tyr Asp Gln
645 650 655

Tyr Phe Thr Gln Pro Lys Arg Pro Arg Ile Phe Pro Pro Thr Glu Ser
660 665 670

Ala Glu Gly Glu Phe Arg Glu Pro Glu Lys Gly Ser Tyr Ser Glu Glu
675 680 685

Glu Arg Ser Gln Ala Ser Ala Glu Glu Arg Thr Glu Glu Ala Thr Val
690 695 700

Leu Leu Leu Lys Arg Arg Leu Arg Glu Gln Gln Gln Leu Gln Gln Gln
705 710 715 720

Leu Gln Phe Leu Thr Arg Glu Met Phe Lys Thr Gln Ala Gly Leu His
725 730 735

Ile Asn Pro Met Leu Leu Asn Gln Arg
740 745

<210> 272

<211> 726

<212> PRT

<213> Torque teno virus

<400> 272

Met Ala Trp Arg Trp Trp Lys Arg Arg Arg Arg Trp Trp Phe Arg Lys
1 5 10 15

Arg Trp Thr Arg Gly Arg Leu Arg Arg Arg Trp Pro Arg Pro Ala Arg
20 25 30

Arg Arg Pro Arg Arg Arg Arg Val Arg Arg Arg Arg Arg Trp Arg Arg
35 40 45

Gly Arg Pro Arg Arg Arg Leu Tyr Arg Arg Tyr Arg Arg Lys Lys Arg
50 55 60

Arg Arg Arg Lys Pro Lys Ile Ile Leu Lys Gln Trp Gln Pro Asp Ile
65 70 75 80

Val Lys Arg Cys Tyr Ile Val Gly Tyr Ile Pro Ala Ile Ile Cys Gly

85 90 95

Ala Gly Thr Trp Ser His Asn Tyr Thr Ser His Leu Leu Asp Ile Ile
100 105 110
Pro Lys Gly Pro Phe Gly Gly Gly His Ser Thr Met Arg Phe Ser Leu
115 120 125
Lys Val Leu Ser Glu Glu His Leu Arg His Leu Asn Phe Trp Thr Lys
130 135 140
Ser Asn Gln Asp Leu Glu Leu Ile Arg Tyr Phe Arg Cys Ser Phe Lys
145 150 155 160

Phe Tyr Arg Asp Gln Asp Thr Asp Tyr Ile Val His Tyr Ser Arg Lys
165 170 175
Thr Pro Leu Gly Gly Asn Arg Leu Thr Ala Pro Asn Leu His Pro Gly
180 185 190
Val Gln Met Leu Ser Lys Asn Lys Ile Ile Val Pro Ser Tyr Ala Thr
195 200 205
Lys Pro Lys Gly Pro Ser Tyr Ile Lys Val Thr Ile Ala Pro Pro Thr
210 215 220

Leu Leu Thr Asp Lys Trp Tyr Phe Ser Lys Asp Val Cys Asp Thr Thr
225 230 235 240
Leu Val Asn Leu Asp Val Val Leu Cys Asn Leu Arg Phe Pro Phe Cys
245 250 255
Ser Pro Gln Thr Asp Asn Pro Cys Ile Thr Phe Gln Val Leu His Ser
260 265 270
Ile Tyr Asn Asp Phe Leu Ser Ile Val Asp Thr Asn Asn Tyr Lys Glu
275 280 285

Ser Phe Val Ser Ala Leu Pro Thr Lys Val Ser Thr Asp Trp Gly Lys
290 295 300
Arg Leu Asn Thr Phe Arg Thr Glu Gly Cys Tyr Ser His Pro Lys Leu
305 310 315 320
His Lys Lys Ala Val Thr Ala Ala Thr Asp Thr Glu Tyr Phe Thr Lys
325 330 335

Pro Asp Gly Leu Trp Gly Asp Thr Ile Phe Asp Val Glu Asn Gly Gln
340 345 350

Lys Ile Ile Lys Asn Met Glu Ser Tyr Ala Lys Ser Ala Lys Glu Arg
355 360 365
Gly Ile Asn Gly Asp Pro Ala Phe Cys His Leu Thr Gly Ile Tyr Ser
370 375 380
Pro Pro Trp Leu Thr Pro Gly Arg Ile Ser Pro Glu Thr Pro Gly Leu
385 390 395 400
Tyr Thr Asp Val Thr Tyr Asn Pro Tyr Ala Asp Lys Gly Val Gly Asn
405 410 415

Arg Ile Trp Val Asp Tyr Cys Ser Lys Lys Gly Asn Lys Tyr Asp Asn
420 425 430
Thr Ser Lys Cys Leu Leu Glu Asp Met Pro Leu Trp Met Val Cys Phe
435 440 445
Gly Tyr Val Asp Cys Val Lys Lys Glu Thr Gly Asn Trp Gly Ile Pro
450 455 460
Leu Trp Ala Arg Val Leu Ile Arg Ser Pro Tyr Thr Val Pro Lys Leu
465 470 475 480

Tyr Asn Glu Ala Asp Pro Asn Tyr Gly Trp Val Pro Ile Phe Tyr Tyr
485 490 495
Phe Gly Glu Gly Lys Met Pro Asn Gly Asp Met Tyr Ile Pro Phe Lys
500 505 510
Ile Arg Met Lys Trp Tyr Pro Ser Met Trp Asn Gln Glu Pro Val Leu
515 520 525
Asn Asp Leu Ala Lys Ser Gly Pro Phe Ala Tyr Lys Asn Thr Lys Thr
530 535 540

Ser Val Thr Val Thr Ala Lys Tyr Lys Phe Thr Phe Asn Phe Gly Gly
545 550 555 560
Asn Pro Val Pro Ser Gln Ile Val Gln Asp Pro Cys Thr Gln Pro Thr
565 570 575
Tyr Asp Ile Pro Gly Thr Gly Asn Leu Pro Arg Arg Ile Gln Val Ile

580 585 590

Asp Pro Lys Val Leu Ser Pro His Tyr Ser Phe His Arg Trp Asp Phe

595 600 605

Arg Arg Gly Leu Phe Gly Ser Gln Ala Ile Lys Arg Val Ser Glu Gln

610 615 620

Ser Thr Thr Ser Glu Phe Leu Phe Ser Gly Pro Lys Lys Pro Arg Ile

625 630 635 640

Asp Gln Gly Pro Tyr Ile Pro Pro Glu Lys Gly Ser Gly Ser Leu Gln

645 650 655

Arg Glu Pro Arg Pro Trp Ser Ser Ser Glu Thr Glu Ala Glu Thr Glu

660 665 670

Ala Pro Ser Glu Glu Glu Pro Glu Asn Gln Glu Glu Gln Val Leu Gln

675 680 685

Leu Gln Leu Arg Gln Gln Leu Arg Glu Gln Arg Lys Leu Arg Gln Gly

690 695 700

Ile Gln Cys Leu Phe Glu Gln Leu Ile Thr Thr Gln Gln Gly Val His

705 710 715 720

Lys Asn Pro Leu Leu Glu

725

<210> 273

<211> 726

<212> PRT

<213> Torque teno virus

<400> 273

Met Ala Trp Arg Trp Trp Lys Arg Arg Arg Arg Trp Trp Phe Arg Lys

1 5 10 15

Arg Trp Thr Arg Gly Arg Leu Arg Arg Arg Trp Pro Arg Pro Ala Arg

20 25 30

Arg Arg Pro Arg Arg Arg Arg Val Arg Arg Arg Arg Arg Trp Arg Arg

35 40 45

Gly Arg Pro Arg Arg Arg Leu Tyr Arg Arg Tyr Arg Arg Lys Lys His

50 55 60

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

Lys Val Leu Phe Glu Glu His Leu Arg His Leu Asn Phe Trp Thr Lys
130 135 140
Ser Asn Gln Asp Leu Glu Leu Ile Arg Tyr Phe Arg Cys Ser Phe Lys
145 150 155 160
Phe Tyr Arg Asp Gln Asp Thr Asp Tyr Ile Val His Tyr Ser Arg Lys
165 170 175
Thr Pro Leu Gly Gly Asn Arg Leu Thr Ala Pro Asn Leu His Pro Gly
180 185 190

Val Gln Met Leu Ser Lys Asn Lys Ile Met Val Pro Ser Tyr Ala Thr
195 200 205
Lys Pro Lys Gly Pro Ser Tyr Ile Lys Val Thr Ile Ala Pro Pro Thr
210 215 220
Leu Leu Thr Asp Lys Trp Tyr Phe Ser Lys Asp Val Cys Asp Thr Thr
225 230 235 240
Leu Val Asn Leu Asp Val Val Leu Cys Asn Leu Arg Phe Pro Phe Cys
245 250 255

Ser Pro Gln Thr Asp Asn Pro Cys Ile Thr Phe Gln Val Leu His Ser
260 265 270
Ile Tyr Asn Asp Phe Leu Ser Ile Val Asp Thr Asn Asn Tyr Lys Glu
275 280 285
Ser Phe Val Ser Ala Leu Pro Thr Lys Val Ser Thr Asp Trp Gly Lys
290 295 300

Arg Leu Asn Thr Phe Arg Thr Glu Gly Cys Tyr Ser His Pro Lys Leu
305 310 315 320

His Lys Lys Ala Val Thr Ala Ala Thr Asp Thr Glu Tyr Phe Thr Lys
325 330 335

Pro Asp Gly Leu Trp Gly Asp Thr Ile Phe Asp Val Glu Asn Gly Gln
340 345 350

Lys Ile Ile Lys Asn Met Glu Ser Tyr Ala Lys Ser Ala Lys Glu Arg
355 360 365

Gly Ile Asn Gly Asp Pro Ala Phe Cys His Leu Thr Gly Ile Tyr Ser
370 375 380

Pro Pro Trp Leu Thr Pro Gly Arg Ile Ser Pro Glu Thr Pro Gly Leu
385 390 395 400

Tyr Thr Asp Val Thr Tyr Asn Pro Tyr Ala Asp Lys Gly Val Gly Asn
405 410 415

Arg Ile Trp Val Asp Tyr Cys Ser Lys Lys Gly Asn Lys Tyr Asp Asn
420 425 430

Thr Ser Lys Cys Leu Leu Glu Asp Met Pro Leu Trp Met Val Cys Phe
435 440 445

Gly Tyr Val Asp Trp Val Lys Lys Glu Thr Gly Asn Trp Gly Ile Pro
450 455 460

Leu Trp Ala Arg Val Leu Ile Arg Ser Pro Tyr Thr Val Pro Lys Leu
465 470 475 480

Tyr Asn Glu Ala Asp Pro Asn Tyr Gly Trp Val Pro Ile Ser Tyr Tyr
485 490 495

Phe Gly Glu Gly Lys Met Pro Asn Gly Asp Met Tyr Ile Pro Phe Lys
500 505 510

Ile Arg Met Lys Trp Tyr Pro Ser Met Trp Asn Gln Glu Pro Val Leu
515 520 525

Asn Asp Leu Ala Lys Ser Gly Pro Phe Ala Tyr Lys Asn Thr Lys Thr
530 535 540

Ser Val Thr Val Thr Ala Lys Tyr Lys Phe Thr Phe Asn Phe Gly Gly

545 550 555 560

Asn Pro Val Pro Ser Gln Ile Val Gln Asp Pro Cys Thr Gln Pro Thr

565 570 575

Tyr Asp Ile Pro Gly Thr Gly Asn Leu Pro Arg Arg Ile Gln Val Ile

580 585 590

Asp Pro Lys Val Leu Gly Pro His Tyr Ser Phe His Arg Trp Asp Phe

595 600 605

Arg Arg Gly Leu Phe Gly Ser Gln Ala Ile Lys Arg Val Ser Glu Gln

610 615 620

Ser Thr Thr Ser Glu Phe Leu Phe Ser Gly Pro Lys Lys Pro Arg Ile

625 630 635 640

Asp Gln Gly Pro Tyr Ile Pro Pro Glu Lys Gly Ser Gly Ser Leu Gln

645 650 655

Arg Glu Pro Arg Pro Trp Ser Ser Ser Glu Thr Glu Ala Glu Thr Glu

660 665 670

Ala Pro Ser Glu Glu Glu Pro Glu Asn Gln Glu Glu Gln Val Leu Gln

675 680 685

Leu Gln Leu Arg Gln Gln Leu Arg Glu Gln Arg Lys Leu Arg Gln Gly

690 695 700

Ile Gln Cys Leu Phe Glu Gln Leu Ile Thr Thr Gln Gln Gly Val His

705 710 715 720

Lys Asn Pro Leu Leu Glu

725

<210> 274

<211> 726

<212> PRT

<213> Torque teno virus

<400> 274

Met Ala Arg Arg Trp Trp Lys Arg Arg Arg Arg Trp Trp Phe Arg Lys

1 5 10 15

Arg Trp Thr Arg Gly Arg Leu Arg Arg Arg Trp Pro Arg Pro Ala Arg

20 25 30

Arg Arg Pro Lys Arg Arg Arg Val Arg Arg Arg Arg Arg Trp Arg Arg
35 40 45
Gly Arg Pro Arg Arg Arg Leu Tyr Arg Arg Tyr Arg Arg Lys Lys Arg
50 55 60
Arg Arg Arg Lys Pro Lys Ile Ile Leu Lys Gln Trp Gln Pro Asp Ile
65 70 75 80
Val Lys Arg Cys Tyr Ile Val Asp Tyr Ile Pro Ala Ile Ile Cys Gly
85 90 95

Ala Gly Thr Trp Ser Arg Asn Tyr Thr Ser His Leu Leu Asp Ile Ile
100 105 110
Pro Lys Gly Pro Phe Gly Gly Gly His Ser Thr Met Arg Phe Ser Leu
115 120 125
Lys Val Leu Phe Glu Glu His Leu Arg His Leu Asn Phe Trp Thr Lys
130 135 140
Ser Asn Gln Asp Leu Glu Leu Ile Arg Tyr Phe Arg Cys Ser Phe Lys
145 150 155 160

Phe Tyr Arg Asp Gln Asp Thr Asp His Ile Val His Tyr Ser Arg Lys
165 170 175
Thr Pro Leu Gly Gly Asn Arg Leu Thr Ala Pro Asn Leu His Pro Gly
180 185 190
Val Gln Met Leu Ser Lys Asn Lys Ile Ile Val Pro Ser Tyr Ala Thr
195 200 205
Lys Pro Lys Gly Pro Ser Tyr Ile Lys Val Thr Ile Ala Pro Pro Thr
210 215 220

Leu Leu Thr Asp Lys Trp Tyr Phe Ser Lys Asp Val Cys Asp Thr Thr
225 230 235 240
Leu Val Asn Leu Asp Val Val Leu Cys Asn Leu Arg Phe Pro Phe Cys
245 250 255
Ser Pro Gln Thr Asp Asn Pro Cys Ile Thr Phe Gln Val Leu His Ser
260 265 270

Ile Tyr Asn Asp Phe Leu Ser Ile Val Asp Thr Asn Asn Tyr Lys Glu
275 280 285

Ser Phe Val Ala Ala Leu Pro Thr Lys Val Ser Thr Asp Trp Gly Lys
290 295 300

Arg Leu Asn Thr Phe Arg Thr Glu Gly Cys Tyr Ser His Pro Lys Leu
305 310 315 320

His Lys Lys Ala Val Thr Ala Ala Thr Asp Thr Glu Tyr Phe Thr Lys
325 330 335

Pro Asp Gly Leu Trp Gly Asp Thr Ile Phe Asp Val Glu Asn Gly Gln
340 345 350

Lys Ile Ile Lys Asn Met Glu Ser Tyr Ala Lys Ser Ala Lys Glu Arg
355 360 365

Gly Ile Asn Gly Asp Pro Ala Phe Cys His Leu Thr Gly Ile Tyr Ser
370 375 380

Pro Pro Trp Leu Thr Pro Gly Arg Ile Ser Pro Glu Thr Pro Gly Leu
385 390 395 400

Tyr Thr Asp Val Thr Tyr Asn Pro Tyr Ala Asp Lys Gly Val Gly Asn
405 410 415

Arg Ile Trp Val Asp Tyr Cys Ser Lys Lys Gly Asn Lys Tyr Gly Asn
420 425 430

Thr Ser Lys Cys Leu Leu Glu Asp Met Pro Leu Trp Met Val Cys Phe
435 440 445

Gly Tyr Val Asp Trp Val Lys Lys Glu Thr Gly Asn Trp Gly Ile Pro
450 455 460

Leu Trp Ala Arg Val Leu Ile Arg Ser Pro Tyr Thr Val Pro Lys Leu
465 470 475 480

Tyr Asn Glu Ala Asp Pro Asn Tyr Gly Trp Val Pro Ile Ser Tyr Tyr
485 490 495

Phe Gly Glu Gly Lys Met Pro Asn Gly Asp Met Tyr Val Pro Phe Lys
500 505 510

Ile Arg Met Lys Trp Tyr Pro Ser Met Trp Asn Gln Glu Pro Val Leu

515 520 525

Asn Asp Leu Ala Lys Ser Gly Pro Phe Ala Tyr Lys Asn Thr Lys Thr

530 535 540

Ser Val Thr Val Thr Ala Lys Tyr Lys Phe Thr Phe Asn Phe Gly Gly

545 550 555 560

Asn Pro Val Pro Ser Gln Ile Val Gln Asp Pro Cys Thr Gln Pro Thr

565 570 575

Tyr Asp Ile Pro Gly Thr Gly Asn Leu Pro Arg Arg Ile Gln Val Ile

580 585 590

Asp Pro Lys Val Leu Gly Pro His Tyr Ser Phe His Arg Trp Asp Phe

595 600 605

Arg Arg Gly Leu Phe Gly Ser Gln Ala Ile Lys Arg Val Ser Glu Gln

610 615 620

Ser Thr Thr Ser Glu Phe Leu Phe Ser Gly Pro Lys Lys Pro Arg Ile

625 630 635 640

Asp Gln Gly Pro Tyr Ile Pro Pro Glu Lys Gly Ser Gly Ser Leu Gln

645 650 655

Arg Glu Pro Arg Pro Trp Ser Ser Ser Glu Thr Glu Ala Glu Thr Glu

660 665 670

Ala Pro Ser Glu Glu Glu Pro Glu Asn Gln Glu Glu Gln Val Leu Gln

675 680 685

Leu Gln Leu Arg Gln Gln Leu Arg Glu Gln Arg Lys Leu Arg Gln Gly

690 695 700

Ile Gln Cys Leu Phe Glu Gln Leu Ile Thr Thr Gln Gln Gly Val His

705 710 715 720

Lys Asn Pro Leu Leu Glu

725

<210> 275

<211> 726

<212> PRT

<213> Torque teno virus

<400> 275

Met Ala Trp Arg Trp Trp Lys Arg Arg Arg Arg Trp Trp Phe Arg Lys
1 5 10 15

Arg Trp Thr Arg Gly Arg Leu Arg Arg Arg Trp Pro Arg Pro Ala Arg
20 25 30

Arg Arg Pro Lys Arg Arg Arg Val Arg Arg Arg Arg Arg Trp Arg Arg
35 40 45

Glu Arg Pro Arg Arg Arg Leu Tyr Arg Arg Tyr Arg Arg Lys Lys Arg
50 55 60

Arg Arg Arg Lys Pro Lys Ile Ile Leu Lys Gln Trp Gln Pro Asp Ile
65 70 75 80

Val Lys Arg Cys Tyr Ile Val Gly Tyr Ile Pro Ala Ile Ile Cys Gly
85 90 95

Ala Gly Thr Trp Ser His Asn Tyr Thr Ser His Leu Leu Asp Ile Ile
100 105 110

Pro Lys Gly Pro Phe Gly Gly Gly His Ser Thr Met Arg Phe Ser Leu
115 120 125

Lys Val Leu Phe Glu Glu His Leu Arg His Leu Asn Phe Trp Thr Lys
130 135 140

Ser Asn Gln Asp Leu Glu Leu Ile Arg Tyr Phe Arg Cys Ser Phe Lys
145 150 155 160

Phe Tyr Arg Asp Gln Asp Thr Asp Tyr Ile Val His Tyr Ser Arg Lys
165 170 175

Thr Pro Leu Gly Gly Asn Arg Leu Thr Ala Pro Asn Leu His Pro Gly
180 185 190

Val Gln Met Leu Ser Lys Asn Lys Ile Ile Val Pro Ser Tyr Ala Thr
195 200 205

Lys Pro Lys Gly Pro Ser Tyr Ile Lys Val Thr Ile Ala Pro Pro Thr
210 215 220

Leu Leu Thr Asp Lys Trp Tyr Phe Ser Lys Asp Val Cys Asp Thr Thr
225 230 235 240

Leu Val Asn Leu Asp Val Val Leu Cys Lys Leu Arg Phe Pro Phe Cys

245 250 255

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

His Lys Lys Ala Val Thr Ala Ala Thr Asp Thr Glu Tyr Phe Thr Lys
325 330 335
Pro Asp Gly Leu Trp Gly Asp Thr Ile Phe Asp Val Glu Asn Gly Gln
340 345 350
Lys Ile Ile Lys Asn Met Glu Ser Tyr Ala Lys Ser Ala Lys Glu Arg
355 360 365
Gly Ile Asn Gly Asp Pro Ala Phe Cys His Leu Thr Gly Ile Tyr Ser
370 375 380

Pro Pro Trp Leu Thr Pro Gly Arg Ile Ser Pro Glu Thr Pro Gly Leu
385 390 395 400
Tyr Thr Asp Val Thr Tyr Asn Pro Tyr Ala Asp Lys Gly Val Gly Asp
405 410 415
Arg Ile Trp Val Asp Tyr Cys Ser Lys Lys Gly Asn Lys Tyr Asp Asn
420 425 430
Thr Ser Lys Cys Leu Leu Glu Asp Met Pro Leu Trp Met Val Cys Phe
435 440 445

Gly Tyr Val Asp Trp Val Lys Lys Glu Thr Gly Asn Trp Gly Ile Pro
450 455 460
Leu Trp Ala Arg Val Leu Ile Arg Ser Pro Tyr Thr Val Pro Lys Leu
465 470 475 480
Tyr Asn Glu Ala Asp Pro Asn Tyr Gly Trp Val Pro Ile Ser Tyr Tyr
485 490 495

Phe Gly Glu Gly Lys Met Pro Asn Gly Asp Met Tyr Val Pro Phe Lys
500 505 510

Ile Arg Met Lys Trp Tyr Pro Ser Met Trp Asn Gln Glu Pro Val Leu
515 520 525
Asn Asp Leu Ala Lys Ser Gly Pro Phe Ala Tyr Lys Asn Thr Lys Thr
530 535 540
Ser Val Thr Val Thr Ala Lys Tyr Lys Phe Thr Phe Asn Phe Gly Gly
545 550 555 560
Asn Pro Val Pro Ser Gln Ile Val Gln Asn Pro Cys Thr Gln Pro Thr
565 570 575

Tyr Asp Ile Pro Gly Thr Gly Asn Leu Pro Arg Arg Thr Gln Val Ile
580 585 590
Asp Pro Lys Val Leu Gly Pro His Tyr Ser Phe His Arg Trp Asp Phe
595 600 605
Arg Arg Gly Leu Phe Gly Ser Gln Ala Ile Lys Arg Val Ser Glu Gln
610 615 620
Ser Thr Thr Ser Glu Phe Leu Phe Ser Gly Pro Lys Lys Pro Arg Ile
625 630 635 640

Asp Gln Gly Pro Tyr Ile Pro Pro Glu Lys Gly Ser Gly Ser Leu Gln
645 650 655
Arg Glu Pro Arg Pro Trp Ser Ser Ser Glu Thr Glu Ala Glu Thr Glu
660 665 670
Ala Pro Ser Glu Glu Glu Pro Glu Asn Gln Glu Glu Gln Val Leu Gln
675 680 685
Leu Gln Leu Arg Gln Gln Leu Arg Glu Gln Arg Lys Leu Arg Gln Gly
690 695 700

Ile Gln Cys Leu Phe Glu Gln Leu Ile Thr Thr Gln Gln Gly Val His
705 710 715 720
Lys Asn Pro Leu Leu Glu
725

<210> 276

<211> 743

<212> PRT

<213> Torque teno virus

<400> 276

Met Ala Trp Gly Trp Trp Lys Arg Arg Arg Arg Arg Trp Trp Arg Gly
1 5 10 15

Leu Trp Arg Arg Arg Arg Phe Ala Arg Arg Arg Pro Arg Arg Pro Ala
20 25 30

Arg Arg Pro Arg Arg Arg Arg Val Arg Arg Arg Arg Arg Trp Arg Arg
35 40 45

Gly Arg Leu Arg Arg Arg Val Tyr Asn Arg Arg Arg Arg Ile Arg Arg
50 55 60

Lys Arg Arg Arg Gln Lys Leu Thr Ile Arg Gln Trp Gln Pro Asp Lys
65 70 75 80

Arg Arg Ile Cys Arg Ile Lys Gly Tyr Leu Pro Ala Ile Ile Tyr Gly
85 90 95

Asp Gly Thr Phe Ser Lys Asn Tyr Thr Ser His Leu Glu Asp Arg Ile
100 105 110

Ser Lys Gly Pro Phe Gly Gly Gly His Gly Thr Ala Arg Met Ser Leu
115 120 125

Lys Val Leu Tyr Asp Asp His Leu Lys Gly Leu Asn Ile Trp Thr Tyr
130 135 140

Ser Asn Lys Asp Leu Glu Leu Val Arg Tyr Met His Thr Thr Ile Thr
145 150 155 160

Phe Tyr Arg His Pro Asp Thr Asp Phe Ile Ala Val Tyr Asn Arg Lys
165 170 175

Thr Pro Leu Gly Gly Asn Arg Tyr Thr Ala Pro Ser Leu His Pro Gly
180 185 190

Asn Met Met Leu Gln Arg Thr Lys Ile Leu Ile Pro Ser Phe Lys Thr
195 200 205

Lys Pro Arg Gly Ser Gly Lys Ile Arg Val Val Ile Lys Pro Pro Thr

210 215 220

Leu Leu Val Asp Lys Trp Tyr Phe Gln Lys Asp Ile Cys Asp Val Thr
225 230 235 240
Leu Phe Asn Leu Asn Ile Thr Ala Ala Ser Leu Arg Phe Pro Phe Cys
245 250 255
Ser Pro Gln Thr Asn Asn Pro Cys Val Thr Phe Gln Val Leu His Ser
260 265 270
Val Tyr Asp Lys Ala Leu Gly Ile Asn Thr Phe Gly Thr Lys Glu Thr
275 280 285

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

Lys Ile Tyr Val Asn Asn Asn Thr Ser Pro Ser Gln Thr Glu Ala Thr
355 360 365
Ile Pro Gly Ile Leu Ala Arg Asn Ala Cys Thr Tyr Tyr Gln Lys Ala
370 375 380
Lys Thr Ser Thr Leu Arg Gln His Leu Gly Ala Met Ala His Cys His
385 390 395 400
Leu Thr Gly Ile Phe Asn Pro Ala Leu Leu Thr Gln Gly Arg Leu Ser
405 410 415

Pro Glu Phe Phe Gly Leu Tyr Lys Glu Ile Ile Tyr Asn Pro Tyr Asp
420 425 430
Asp Lys Gly Lys Gly Asn Arg Ile Trp Ile Asp Pro Leu Thr Lys Pro
435 440 445
Asp Asn Ile Phe Asp Ala Arg Ser Lys Val Glu Leu Glu Asp Met Pro
450 455 460

Leu Trp Met Ala Cys Phe Gly Tyr Asn Asp Trp Cys Lys Lys Glu Leu
465 470 475 480

Asn Asn Trp Gly Leu Glu Val Glu Tyr Arg Val Leu Leu Arg Cys Pro
485 490 495

Tyr Thr Tyr Pro Lys Leu Tyr Asn Asp Ala Asn Pro Asn Tyr Gly Tyr
500 505 510

Val Pro Ile Ser Tyr Asn Phe Ser Ala Gly Lys Thr Val Glu Gly Asp
515 520 525

Leu Tyr Val Pro Ile Met Trp Arg Thr Lys Trp His Pro Thr Met Tyr
530 535 540

Asn Gln Ser Pro Val Leu Glu Asp Leu Ala Met Ala Gly Pro Phe Ala
545 550 555 560

Pro Lys Glu Lys Ile Pro Ser Ser Thr Leu Thr Ile Lys Tyr Lys Ala
565 570 575

Lys Phe Ile Phe Gly Gly Asn Pro Ile Ser Glu Gln Ile Val Lys Asp
580 585 590

Pro Cys Thr Gln Pro Thr Tyr Glu Ile Pro Gly Gly Gly Thr Leu Pro
595 600 605

Arg Arg Ile Gln Val Ile Asn Pro Glu Tyr Ile Gly Pro His Tyr Ser
610 615 620

Phe Lys Ser Phe Asp Ile Arg Arg Gly Tyr Phe Ser Ala Lys Ser Val
625 630 635 640

Lys Arg Val Ser Glu Gln Ser Asp Ile Thr Glu Phe Ile Phe Ser Gly
645 650 655

Pro Lys Lys Pro Arg Ile Asp Gln Asp Arg Tyr Gln Glu Ala Glu Glu
660 665 670

His Ser Asp Ser Arg Leu Arg Glu Glu Lys Pro Trp Glu Ser Ser Gln
675 680 685

Glu Thr Glu Ser Glu Ala Gln Glu Glu Glu Ile Gln Glu Thr Asn Ile
690 695 700

Gln Leu Gln Leu Gln His Gln Leu Lys Glu Gln Leu Gln Leu Arg Arg

705 710 715 720

Gly Ile Gln Cys Leu Phe Glu Gln Leu Thr Lys Thr Gln Gln Gly Val

725 730 735

His Ile Asn Pro Ser Leu Val

740

<210> 277

<211> 603

<212> PRT

<213> Torque teno virus

<400> 277

Met Ser Leu Lys Val Leu Tyr Asp Asp His Leu Lys Gly Leu Asn Ile

1 5 10 15

Trp Thr Tyr Ser Asn Lys Asp Leu Glu Leu Val Arg Tyr Met His Thr

20 25 30

Thr Ile Thr Phe Tyr Arg His Pro Asp Thr Asp Phe Ile Ala Val Tyr

35 40 45

Asn Arg Lys Thr Pro Leu Gly Gly Asn Arg Tyr Thr Ala Pro Ser Leu

50 55 60

His Pro Gly Asn Met Met Leu Gln Arg Thr Lys Ile Leu Ile Pro Ser

65 70 75 80

Phe Lys Thr Lys Pro Arg Gly Ser Gly Lys Ile Arg Val Val Ile Lys

85 90 95

Pro Pro Thr Leu Leu Val Asp Lys Trp Tyr Phe Gln Lys Asp Ile Cys

100 105 110

Asp Val Thr Leu Phe Asn Leu Asn Ile Thr Ala Ala Ser Leu Arg Phe

115 120 125

Pro Phe Cys Ser Pro Gln Thr Asn Asn Pro Cys Val Thr Phe Gln Val

130 135 140

Leu His Ser Val Tyr Asp Lys Ala Leu Gly Ile Asn Thr Phe Gly Thr

145 150 155 160

Lys Glu Thr Pro Glu Asp Gln Gln Met Glu Asp Ile Lys Asn Trp Leu

165 170 175

Thr Lys Ala Leu Asn Thr Ala Gly Phe Thr Val Leu Asn Thr Phe Arg
180 185 190
Thr Glu Gly Ile Tyr Ser His Pro Gln Leu Lys Lys Pro Pro Glu Gly
195 200 205
Ser Asn Lys Pro Ser Ala Glu Gln Tyr Phe Ala Pro Leu Asp Ser Leu
210 215 220
Trp Gly Asp Lys Ile Tyr Val Asn Asn Asn Thr Ser Pro Ser Gln Thr
225 230 235 240

Glu Ala Thr Ile Pro Gly Ile Leu Ala Arg Asn Ala Cys Thr Tyr Tyr
245 250 255
Gln Lys Ala Lys Thr Ser Thr Leu Arg Gln His Leu Gly Ala Met Ala
260 265 270
His Cys His Leu Thr Gly Ile Phe Asn Pro Ala Leu Leu Thr Gln Gly
275 280 285
Arg Leu Ser Pro Glu Phe Phe Gly Leu Tyr Lys Glu Ile Ile Tyr Asn
290 295 300

Pro Tyr Asp Asp Lys Gly Lys Gly Asn Arg Ile Trp Ile Asp Pro Leu
305 310 315 320
Thr Lys Pro Asp Asn Ile Phe Asp Ala Arg Ser Lys Val Glu Leu Glu
325 330 335
Asp Met Pro Leu Trp Met Ala Cys Phe Gly Tyr Asn Asp Trp Cys Lys
340 345 350
Lys Glu Leu Asn Asn Trp Gly Leu Glu Val Glu Tyr Arg Val Leu Leu
355 360 365

Arg Cys Pro Tyr Thr Tyr Pro Lys Leu Tyr Asn Asp Ala Asn Pro Asn
370 375 380
Tyr Gly Tyr Val Pro Ile Ser Tyr Asn Phe Ser Ala Gly Lys Thr Val
385 390 395 400
Glu Gly Asp Leu Tyr Val Pro Ile Met Trp Arg Thr Lys Trp Tyr Pro
405 410 415

Thr Met Tyr Asp Gln Ser Pro Val Leu Glu Asp Leu Ala Met Ala Gly
420 425 430

Pro Phe Ala Pro Lys Glu Lys Ile Pro Ser Ser Thr Leu Thr Ile Lys
435 440 445

Tyr Lys Ala Lys Phe Ile Phe Gly Ala Ile Leu Tyr Leu Asn Arg Leu
450 455 460

Ser Arg Thr Pro Ala Pro Ser Pro Pro Thr Lys Phe Pro Glu Ala Val
465 470 475 480

Arg Ser Leu Ala Glu Tyr Lys Ser Leu Thr Arg Asn Thr Ser Gly His
485 490 495

Thr Thr His Ser Lys Ala Ser Thr Ser Asp Val Gly Thr Leu Ala Arg
500 505 510

Arg Val Leu Lys Glu Cys Gln Asn Asn Gln Thr Leu Leu Ser Leu Tyr
515 520 525

Ser Gln Val Gln Lys Ser Gln Gly Ser Thr Lys Thr Gly Thr Lys Lys
530 535 540

Gln Lys Asn Thr Gln Ile Leu Asp Ser Glu Lys Arg Asn Arg Gly Arg
545 550 555 560

Ala Arg Lys Lys Gln Arg Ala Lys Pro Lys Lys Lys Arg Tyr Lys Arg
565 570 575

Gln Thr Ser Ser Ser Ser Cys Ser Thr Ser Ser Lys Ser Asn Cys Ser
580 585 590

Ser Asp Gly Glu Ser Ser Ala Ser Ser Ser Asn
595 600

<210> 278

<211> 732

<212> PRT

<213> Torque teno virus

<400> 278

Met Ala Trp Arg Trp Trp Trp Arg Arg Arg Arg Pro Trp Arg Trp Arg
1 5 10 15

Trp Arg Arg Arg Arg Arg Pro Ala Arg Arg Arg Arg Arg Arg Arg Pro
20 25 30
Ala Arg Arg Ala Arg Arg Pro Arg Val Arg Arg Trp Arg Arg Arg Arg
35 40 45
Val Trp Ala Pro Arg Pro Tyr Ile Arg Arg Arg Arg Arg Ser Phe Arg
50 55 60
Arg Lys Lys Ile Lys Ile Thr Gln Trp Asn Pro Ala Val Thr Lys Lys
65 70 75 80

Cys Thr Val Thr Gly Tyr Leu Pro Val Ile Tyr Cys Gly Thr Gly Asp
85 90 95
Ile Gly Thr Thr Phe Gln Asn Phe Gly Ser His Met Asn Glu Tyr Lys
100 105 110
Gln Tyr Asn Ala Ala Gly Gly Gly Phe Ser Thr Met Leu Phe Thr Met
115 120 125
Gln Asn Leu Tyr Glu Glu Tyr Gln Lys His Arg Cys Arg Trp Ser Lys
130 135 140

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

Arg Pro Lys Gly Arg Ile Lys Arg Lys Ile Lys Val Arg Pro Pro Thr
210 215 220
Leu Phe Thr Asp Lys Trp Tyr Phe Gln Arg Asp Leu Cys Lys Val Pro
225 230 235 240
Leu Val Thr Val Ser Ala Ser Ala Ala Ser Leu Arg Phe Pro Phe Gly
245 250 255
Ser Pro Gln Thr Glu Asn Tyr Cys Ile Tyr Phe Gln Val Leu Asp Pro

260 265 270

Trp Tyr His Thr Arg Leu Ser Ile Thr Gly Gly Lys Pro Ala Glu Tyr
275 280 285
Trp Thr Gln Leu Lys Ala Tyr Leu Thr Gln Gly Trp Gly Arg Ser Thr
290 295 300
Asn Asn Ala Gly Tyr Gln His Gly Pro Leu Gly Thr Tyr Phe Asn Thr
305 310 315 320
Leu Lys Thr Ser Glu His Ile Arg Gln Pro Pro Ala Asp Asn Tyr Lys
325 330 335

Gln Ala Asn Lys Asp Thr Thr Tyr Tyr Gly Arg Val Asp Ser His Trp
340 345 350
Gly Asp His Val Tyr Gln Gln Thr Ile Ile Gln Ala Met Glu Glu Asn
355 360 365
Gln Ser Asn Met Tyr Thr Lys Arg Ala Leu His Thr Phe Leu Gly Ser
370 375 380
Gln Tyr Leu Asn Phe Lys Ser Gly Leu Phe Ser Ser Ile Phe Leu Asp
385 390 395 400

Asn Ala Arg Leu Ser Pro Asp Phe Lys Gly Met Tyr Gln Glu Val Val
405 410 415
Tyr Asn Pro Phe Asn Asp Arg Gly Val Gly Asn Lys Val Trp Val Gln
420 425 430
Trp Cys Thr Asn Glu Asp Thr Ile Phe Lys Asp Leu Pro Gly Arg Val
435 440 445
Pro Val Val Asp Leu Pro Leu Trp Cys Ala Leu Met Gly Tyr Ser Asp
450 455 460

Tyr Cys Lys Lys Tyr Phe His Asp Asp Gly Phe Leu Lys Glu Ala Arg
465 470 475 480
Ile Thr Ile Ile Ser Pro Tyr Thr Asn Pro Pro Leu Ile Asn Asn Lys
485 490 495
Asn Thr Asn Glu Gly Phe Val Pro Tyr Ser Phe Tyr Phe Gly Lys Gly
500 505 510

Arg Met Pro Asp Gly Asn Gly Tyr Ile Pro Ile Asp Phe Arg Phe Asn
515 520 525

Trp Tyr Pro Cys Ile Phe His Gln Thr Asn Trp Ile Asn Asp Met Val
530 535 540
Gln Cys Gly Pro Phe Ala Tyr His Gly Asp Glu Lys Asn Cys Ser Leu
545 550 555 560
Thr Met Lys Tyr Lys Phe Lys Phe Leu Phe Gly Gly Asn Pro Ile Ser
565 570 575
Gln Gln Thr Ile Lys Asp Pro Cys Gln Gln Pro Asp Trp Gln Leu Pro
580 585 590

Gly Ser Gly Arg Phe Pro Arg Asp Val Gln Val Ser Asn Pro Arg Leu
595 600 605
Gln Thr Glu Gly Ser Thr Phe His Ala Trp Asp Phe Arg Arg Gly Phe
610 615 620
Tyr Gly Lys Arg Ala Ile Glu Arg Leu Gln Gly Gln Gln Asp Asp Val
625 630 635 640
Thr Tyr Ile Ala Gly Pro Pro Lys Arg Pro Arg Phe Glu Val Pro Ala
645 650 655

Leu Ala Ala Glu Gly Ser Ser Asn Thr Arg Arg Ser Glu Leu Pro Trp
660 665 670
Gln Thr Ser Glu Glu Glu Ser Ser Gln Glu Glu Asn Ser Glu Glu Thr
675 680 685
Glu Glu Glu Thr Ser Leu Ser Gln Gln Leu Lys Gln Gln Cys Ile Glu
690 695 700
Gln Lys Leu Leu Lys Arg Thr Leu His Gln Leu Val Lys Gln Leu Val
705 710 715 720

Lys Thr Gln Tyr His Leu His Ala Pro Ile Ile His
725 730

<210> 279
<211> 726
<212> PRT

<213> Torque teno virus

<400> 279

```
Met Ala Trp Arg Trp Trp Lys Arg Arg Arg Arg Trp Trp Phe Arg Lys
1               5                  10                  15
Arg Trp Thr Arg Gly Arg Leu Arg Arg Arg Trp Pro Arg Pro Ala Arg
            20                  25                  30
Arg Arg Pro Arg Arg Arg Arg Val Arg Arg Arg Arg Arg Trp Arg Arg
        35                  40                  45

Gly Arg Pro Arg Arg Arg Leu Tyr Arg Arg Tyr Arg Arg Lys Lys Arg
    50                  55                  60
Arg Arg Arg Lys Pro Lys Ile Ile Leu Lys Gln Trp Gln Pro Asp Ile
65                  70                  75                  80
Val Lys Arg Cys Tyr Ile Ile Gly Tyr Ile Pro Ala Ile Ile Cys Gly
                85                  90                  95
Ala Gly Thr Trp Ser His Asn Tyr Thr Ser His Leu Leu Asp Ile Ile
            100                 105                 110

Pro Lys Gly Pro Phe Gly Gly Gly His Ser Thr Met Arg Phe Ser Leu
        115                 120                 125
Lys Val Leu Phe Glu Glu His Leu Arg His Leu Asn Phe Trp Thr Lys
    130                 135                 140
Ser Asn Gln Asp Leu Glu Leu Ile Arg Tyr Phe Arg Cys Ser Phe Lys
145                 150                 155                 160
Phe Tyr Arg Asp Gln Asp Thr Asp Tyr Ile Val His Tyr Ser Arg Lys
                165                 170                 175

Thr Pro Leu Gly Gly Asn Arg Leu Thr Ala Pro Ser Leu His Pro Gly
            180                 185                 190
Val Gln Met Leu Ser Lys Asn Lys Ile Leu Val Pro Ser Tyr Ala Thr
        195                 200                 205
Lys Pro Lys Gly Gly Ser Tyr Val Lys Val Thr Ile Ala Pro Pro Thr
    210                 215                 220
Leu Leu Thr Asp Lys Trp Tyr Phe Ser Lys Asp Val Cys Asp Thr Thr
```

225 230 235 240

Leu Val Asn Leu Asp Val Val Leu Cys Asn Leu Arg Phe Pro Phe Cys
245 250 255
Ser Pro Gln Thr Asp Asn Pro Cys Ile Thr Phe Gln Val Leu His Ser
260 265 270
Tyr Tyr Asn Asp Tyr Leu Ser Ile Val Asp Thr Ala Leu Tyr Lys Thr
275 280 285
Ser Phe Val Asn Asn Leu Ser Thr Lys Leu Gly Thr Thr Trp Ala Asn
290 295 300

Arg Leu Asn Thr Phe Arg Thr Glu Gly Cys Tyr Ser His Pro Lys Leu
305 310 315 320
Leu Lys Lys Thr Val Thr Ala Ala Asn Asp Thr Lys Tyr Phe Thr Thr
325 330 335
Pro Asp Gly Leu Trp Gly Asp Ala Val Phe Asp Val Ser Asp Ala Lys
340 345 350
Lys Leu Thr Lys Asn Met Glu Ser Tyr Ala Ala Ser Ala Asn Glu Arg
355 360 365

Gly Val Gln Gly Asp Pro Ala Phe Cys His Leu Thr Gly Ile Phe Ser
370 375 380
Pro Pro Trp Leu Thr Pro Gly Arg Ile Ser Pro Glu Thr Pro Gly Leu
385 390 395 400
Tyr Thr Asp Val Thr Tyr Asn Pro Tyr Ala Asp Lys Gly Val Gly Asn
405 410 415
Arg Ile Trp Val Asp Tyr Cys Ser Lys Lys Gly Asn Lys Tyr Asp Asn
420 425 430

Thr Ser Lys Cys Val Leu Glu Asp Met Pro Leu Trp Met Leu Cys Phe
435 440 445
Gly Tyr Val Asp Trp Val Lys Lys Glu Thr Gly Asn Trp Gly Ile Pro
450 455 460
Leu Trp Ala Arg Val Leu Ile Arg Ser Pro Tyr Thr Val Pro Lys Leu
465 470 475 480

Tyr His Glu Asn Asp Pro Asp Tyr Gly Trp Val Pro Ile Ser Tyr Tyr
485 490 495

Phe Gly Glu Gly Lys Met Pro Asn Gly Asp Met Tyr Val Pro Phe Lys
500 505 510

Val Arg Met Lys Trp Tyr Pro Ser Met Trp Asn Gln Glu Pro Val Leu
515 520 525

Asn Asp Leu Ala Lys Ser Gly Pro Phe Ala Tyr Lys Asn Thr Lys Thr
530 535 540

Ser Val Thr Val Thr Ala Lys Tyr Lys Phe Thr Phe Asn Phe Gly Gly
545 550 555 560

Asn Pro Val Pro Ser Gln Ile Val Gln Asp Pro Cys Thr Gln Pro Thr
565 570 575

Tyr Asp Ile Pro Gly Thr Gly Asn Leu Pro Arg Arg Ile Gln Val Ile
580 585 590

Asp Pro Lys Val Leu Gly Pro His Tyr Ser Phe His Arg Trp Asp Phe
595 600 605

Arg Arg Gly Leu Phe Gly Thr Gln Ala Ile Lys Arg Val Ser Glu Gln
610 615 620

Ser Thr Thr Ser Glu Phe Leu Phe Ser Gly Pro Lys Lys Pro Arg Ile
625 630 635 640

Asp Gln Gly Pro Tyr Ile Pro Pro Glu Lys Gly Ser Gly Ser Leu Gln
645 650 655

Arg Glu Ser Arg Pro Trp Ser Ser Ser Glu Thr Glu Ala Glu Thr Glu
660 665 670

Ala Pro Ser Glu Glu Glu Pro Glu Asn Gln Glu Glu Gln Val Leu Gln
675 680 685

Leu Gln Leu Arg Gln Gln Leu Arg Glu Gln Arg Lys Leu Arg Gln Gly
690 695 700

Ile Gln Cys Leu Phe Glu Gln Leu Ile Thr Thr Gln Gln Gly Val His
705 710 715 720

Lys Asn Pro Leu Leu Glu

725

<210> 280

<211> 760

<212> PRT

<213> Torque teno virus

<400> 280

Met Ala Trp Trp Gly Arg Trp Arg Arg Trp Arg Trp Arg Pro Arg Arg
1 5 10 15

Trp Arg Arg Arg Arg Arg Arg Arg Val Pro Arg Arg Arg Ala Gln Arg
20 25 30

Ser Val Arg Arg Arg Arg Ala Arg Arg Val Arg Arg Arg Arg Trp Gly
35 40 45

Arg Arg Arg Trp Arg Arg Gly Tyr Arg Arg Arg Leu Arg Leu Arg Arg
50 55 60

Lys Arg Lys Arg Lys Arg Arg Leu Val Leu Thr Gln Trp His Pro Ala
65 70 75 80

Lys Val Arg Arg Cys Arg Ile Ser Gly Val Leu Pro Met Ile Leu Cys
85 90 95

Gly Ala Gly Arg Ser Ser Phe Asn Tyr Gly Leu His Ser Asp Asp Phe
100 105 110

Thr Lys Gln Lys Pro Asn Asn Gln Asn Pro His Gly Gly Gly Met Ser
115 120 125

Thr Val Thr Phe Asn Leu Lys Val Leu Phe Asp Gln Tyr Glu Arg Phe
130 135 140

Met Asn Lys Trp Ser Tyr Pro Asn Asp Gln Leu Asp Leu Ala Arg Tyr
145 150 155 160

Lys Gly Cys Lys Phe Thr Phe Tyr Arg His Pro Glu Val Asp Phe Leu
165 170 175

Ala Gln Tyr Asp Asn Val Pro Pro Met Lys Met Asp Glu Leu Thr Ala
180 185 190

Pro Asn Thr His Pro Ala Leu Leu Leu Gln Ser Arg His Arg Val Lys

195 200 205

Ile Tyr Ser Trp Lys Thr Arg Pro Phe Gly Ser Lys Lys Val Thr Val
210 215 220
Lys Ile Gly Pro Pro Lys Leu Phe Glu Asp Lys Trp Tyr Ser Gln Ser
225 230 235 240
Asp Leu Cys Lys Val Ser Leu Val Ser Trp Arg Leu Thr Ala Cys Asp
245 250 255
Phe Arg Phe Pro Phe Cys Ser Pro Gln Thr Asp Asn Pro Cys Val Thr
260 265 270

Phe Gln Val Leu Gly Glu Gln Tyr Tyr Glu Val Phe Gly Thr Ser Val
275 280 285
Leu Asp Val Pro Ala Ser Tyr Asn Ser Gln Ile Thr Thr Phe Glu Gln
290 295 300
Trp Leu Tyr Lys Lys Cys Thr His Tyr Gln Thr Phe Ala Thr Asp Thr
305 310 315 320
Arg Leu Ala Pro Gln Lys Lys Ala Thr Thr Ser Thr Asn His Thr Tyr
325 330 335

Asn Pro Ser Gly Asn Thr Glu Ser Ser Thr Trp Thr Gln Ser Asn Tyr
340 345 350
Ser Lys Phe Lys Pro Gly Asn Thr Asp Ser Asn Tyr Gly Tyr Cys Ser
355 360 365
Tyr Lys Val Asp Gly Glu Thr Phe Lys Ala Ile Lys Asn Tyr Arg Lys
370 375 380
Gln Arg Phe Lys Trp Leu Thr Glu Tyr Thr Gly Glu Asn His Ile Asn
385 390 395 400

Ser Thr Phe Ala Lys Gly Lys Tyr Asp Glu Tyr Glu Tyr His Leu Gly
405 410 415
Trp Tyr Ser Asn Ile Phe Ile Gly Asn Leu Arg His Asn Leu Ala Phe
420 425 430
Arg Ser Ala Tyr Ile Asp Val Thr Tyr Asn Pro Thr Val Asp Lys Gly
435 440 445

Lys Gly Asn Ile Val Trp Phe Gln Tyr Leu Thr Lys Pro Thr Thr Gln
450 455 460

Leu Ile Arg Thr Gln Ala Lys Cys Val Ile Glu Asp Leu Pro Leu Tyr
465 470 475 480
Cys Ala Phe Phe Gly Tyr Glu Asp Tyr Ile Gln Arg Thr Leu Gly Pro
485 490 495
Tyr Gln Asp Ile Glu Thr Val Gly Val Ile Cys Phe Ile Ser Pro Tyr
500 505 510
Thr Glu Pro Pro Cys Ile Arg Lys Glu Glu Gln Lys Lys Asp Trp Gly
515 520 525

Phe Val Phe Tyr Asp Thr Asn Phe Gly Asn Gly Lys Thr Pro Glu Gly
530 535 540
Ile Gly Gln Val His Pro Tyr Trp Met Gln Arg Trp Arg Val Met Ala
545 550 555 560
Gln Phe Gln Lys Glu Thr Gln Asn Arg Ile Ala Arg Ser Gly Pro Phe
565 570 575
Ser Tyr Arg Asp Asp Ile Pro Ser Ala Thr Leu Thr Ala Asn Tyr Lys
580 585 590

Phe Tyr Phe Asn Trp Gly Gly Asp Ser Ile Phe Pro Gln Ile Ile Lys
595 600 605
Asn Pro Cys Pro Asp Thr Gly Leu Arg Pro Ser Gly His Arg Glu Pro
610 615 620
Arg Ser Val Gln Val Val Ser Pro Leu Thr Met Gly Pro Glu Phe Ile
625 630 635 640
Phe His Arg Trp Asp Trp Arg Arg Gly Phe Tyr Asn Pro Lys Ala Leu
645 650 655

Lys Arg Met Leu Glu Lys Ser Asp Asn Asp Ala Glu Ser Ser Thr Gly
660 665 670
Pro Lys Val Pro Arg Trp Phe Pro Ala His His Asp Gln Glu Gln Glu
675 680 685
Ser Asp Phe Asp Ser Gln Glu Thr Arg Ser Gln Ser Ser Gln Glu Glu

690 695 700

Ala Ala Gln Glu Ala Leu Gln Asp Val Gln Glu Thr Ser Val Gln Gln
705 710 715 720

Tyr Leu Leu Lys Gln Phe Arg Glu Gln Arg Leu Leu Gly Gln Gln Leu
725 730 735

Arg Leu Leu Met Leu Gln Leu Thr Lys Thr Gln Ser Asn Leu His Ile
740 745 750

Asn Pro Arg Val Leu Asp His Ala
755 760

<210> 281

<211> 739

<212> PRT

<213> Torque teno virus

<400> 281

Met Phe Trp Trp Gly Trp Arg Arg Arg Trp Trp Trp Lys Pro Arg Arg
1 5 10 15

Arg Trp Arg Arg Arg Arg Ala Arg Arg Pro Arg Arg Val Pro Arg Arg
20 25 30

Arg Tyr Arg Arg Ala Ala Arg Arg Tyr Arg Gly Arg Arg Val Arg Arg
35 40 45

Arg Arg Ala Gly Gly Trp Arg Gly Arg Arg Arg Tyr Ser Arg His Tyr
50 55 60

Ser Arg Arg Leu Thr Val Arg Arg Lys Lys Lys Lys Leu Thr Leu Lys
65 70 75 80

Ile Trp Gln Pro Gln Asn Ile Arg Lys Cys Arg Ile Arg Gly Leu Leu
85 90 95

Pro Leu Leu Ile Cys Gly His Thr Arg Ser Ala Phe Asn Tyr Ala Ile
100 105 110

His Ser Asp Asp Lys Thr Pro Gln Gln Glu Ser Phe Gly Gly Gly Leu
115 120 125

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

130 135 140

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

Leu Ile Pro Ser Phe Asp Thr Lys Pro Lys Gly Arg Glu Lys Ile Lys
210 215 220
Val Arg Ile Gln Pro Pro Lys Met Phe Ile Asp Lys Trp Tyr Thr Gln
225 230 235 240
Glu Asp Leu Cys Pro Val Ile Leu Val Ser Leu Ala Val Ser Val Ala
245 250 255
Ser Phe Thr His Pro Phe Cys Ser Pro Gln Thr Ala Asn Pro Cys Ile
260 265 270

Thr Phe Gln Val Leu Lys Glu Phe Tyr Tyr Pro Ala Met Gly Tyr Gly
275 280 285
Ala Pro Glu Thr Thr Val Thr Ser Val Phe Asn Thr Leu Tyr Thr Thr
290 295 300
Ala Thr Tyr Trp Gln Ser His Leu Thr Pro Gln Phe Val Arg Met Pro
305 310 315 320
Thr Lys Asn Pro Asp Asn Thr Glu Asn Asn Gln Ala Gln Ala Phe Asn
325 330 335

Thr Trp Val Asp Lys Asp Phe Lys Thr Gly Lys Leu Val Lys Tyr Asn
340 345 350
Phe Pro Gln Tyr Ala Pro Ser Ile Glu Lys Leu Lys Gln Leu Arg Thr
355 360 365
Tyr Tyr Phe Glu Trp Glu Thr Lys His Thr Gly Val Ala Ala Pro Pro
370 375 380

Thr Trp Thr Thr Pro Thr Ser Asp Arg Tyr Glu Tyr His Met Gly Met
385 390 395 400

Phe Ser Pro Thr Phe Leu Thr Pro Phe Arg Ser Ala Gly Leu Asp Phe
405 410 415
Pro Gly Ala Tyr Gln Asp Val Thr Tyr Asn Pro Leu Thr Asp Lys Gly
420 425 430
Val Gly Asn Arg Met Trp Phe Gln Tyr Asn Thr Lys Ile Asp Thr Gln
435 440 445
Phe Asp Ala Arg Ser Cys Lys Cys Val Leu Glu Asp Met Pro Leu Tyr
450 455 460

Ala Met Ala Tyr Gly Tyr Ala Asp Phe Leu Glu Gln Glu Ile Gly Glu
465 470 475 480
Tyr Gln Asp Leu Glu Ala Asn Gly Tyr Val Cys Val Ile Ser Pro Tyr
485 490 495
Thr Lys Pro Pro Met Phe Asn Lys His Asn Pro Gln Gln Gly Tyr Val
500 505 510
Phe Tyr Asp Ser Gln Trp Gly Asn Gly Lys Trp Ile Asp Gly Thr Gly
515 520 525

Phe Val Pro Val Tyr Trp Leu Thr Arg Trp Arg Val Glu Leu Leu Phe
530 535 540
Gln Lys Lys Val Leu Ser Asp Ile Ala Met Ser Gly Pro Phe Ser Tyr
545 550 555 560
Pro Asp Glu Leu Lys Asn Thr Val Leu Thr Ala Lys Tyr Arg Phe Asp
565 570 575
Phe Lys Trp Gly Gly Asn Leu Phe His Gln Gln Thr Ile Arg Asn Pro
580 585 590

Cys Lys Pro Glu Glu Thr Ser Thr Gly Arg Val Pro Arg Asp Val Gln
595 600 605
Val Val Asp Pro Val Thr Met Gly Pro Arg Phe Val Phe His Ser Trp
610 615 620
Asp Trp Arg Arg Gly Phe Leu Ser Asp Arg Ala Leu Lys Arg Met Phe

625 630 635 640

Glu Lys Pro Leu Asp Leu Glu Gly Phe Ala Ala Ser Pro Lys Arg Pro

645 650 655

Arg Ile Phe Pro Pro Thr Glu Gly Gln Leu Ala Arg Glu Gln Lys Glu

660 665 670

Gln Glu Glu Ser Ser Asp Ser Gln Glu Glu Ser Ser Leu Thr Ser Leu

675 680 685

Glu Glu Val Pro Glu Glu Thr Lys Leu Arg Leu His Leu Arg Lys Gln

690 695 700

Leu Arg Glu Gln Arg Ser Ile Arg Gln Gln Leu Arg Thr Met Phe Gln

705 710 715 720

Gln Leu Val Lys Thr Gln Ala Gly Leu His Leu Asn Pro Leu Leu Ser

725 730 735

Ser Gln Leu

<210> 282

<211> 767

<212> PRT

<213> Torque teno virus

<400> 282

Met Ala Trp Arg Trp Trp Trp Gln Arg Arg Trp Arg Arg Arg Pro Trp

1 5 10 15

Pro Arg Arg Arg Trp Arg Arg Leu Arg Arg Arg Arg Pro Arg Arg Pro

20 25 30

Val Arg Arg Arg Arg Arg Arg Ala Thr Val Arg Arg Arg Arg Trp Arg

35 40 45

Gly Arg Arg Gly Arg Arg Thr Tyr Thr Arg Arg Ala Val Arg Arg Arg

50 55 60

Arg Arg Pro Arg Lys Arg Phe Val Leu Thr Gln Trp Ser Pro Gln Thr

65 70 75 80

Ala Arg Asn Cys Ser Ile Arg Gly Ile Val Pro Met Val Ile Cys Gly

85 90 95

```
His Thr Arg Ala Gly Arg Asn Tyr Ala Leu His Ser Glu Asp Phe Thr

            100                 105                 110
Thr Gln Ile Arg Pro Phe Gly Gly Ser Phe Ser Thr Thr Thr Trp Ser
        115                 120                 125
Leu Lys Val Leu Trp Asp Glu His Gln Lys Phe Gln Asn Arg Trp Ser
    130                 135                 140
Tyr Pro Asn Thr Gln Leu Asp Leu Ala Arg Tyr Arg Gly Val Thr Phe
145                 150                 155                 160
Trp Phe Tyr Arg Asp Gln Lys Thr Asp Tyr Ile Val Gln Trp Ser Arg

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

225                 230                 235                 240
Pro Leu Val Gln Ile Val Val Ser Ala Ala Thr Gln Thr Lys Lys Asn
                245                 250                 255
Cys Ser Pro Gln Thr Asn Asn Pro Cys Ile Thr Phe Gln Val Leu Lys
            260                 265                 270
Asp Lys Tyr Leu Asn Tyr Ile Gly Val Asn Ser Ser Glu Thr Arg Arg
        275                 280                 285
Asn Ser Tyr Lys Thr Leu Gln Glu Lys Leu Tyr Ser Gln Cys Thr Tyr

    290                 295                 300
Phe Gln Thr Thr Gln Val Leu Ala Gln Leu Ser Pro Ala Phe Gln Pro
305                 310                 315                 320
Ala Lys Lys Pro Asn Arg Thr Asn Asn Ser Thr Ser Thr Thr Leu Gly
                325                 330                 335
Asn Lys Val Thr Asp Leu Lys Ser Asn Asn Gly Lys Phe His Thr Gly
```

340 345 350

Asn Asn Pro Val Phe Gly Met Cys Ser Tyr Lys Pro Ser Lys Asp Ile

355 360 365

Leu Tyr Lys Ala Asn Glu Trp Leu Trp Asp Asn Leu Met Val Glu Asn

370 375 380

Asp Leu His Ser Thr Tyr Gly Lys Ala Thr Leu Lys Cys Met Glu Tyr

385 390 395 400

His Thr Gly Ile Tyr Ser Ser Ile Phe Leu Ser Pro Gln Arg Ser Leu

405 410 415

Glu Phe Pro Ala Ala Tyr Gln Asp Val Thr Tyr Asn Pro Asn Cys Asp

420 425 430

Arg Ala Ile Gly Asn Arg Val Trp Phe Gln Tyr Gly Thr Lys Met Asn

435 440 445

Thr Asn Phe Asn Glu Gln Gln Cys Lys Cys Val Leu Thr Asn Ile Pro

450 455 460

Leu Trp Ala Ala Phe Asn Gly Tyr Pro Asp Phe Ile Glu Gln Glu Leu

465 470 475 480

Gly Ile Ser Thr Glu Val His Asn Phe Gly Ile Val Cys Phe Gln Cys

485 490 495

Pro Tyr Thr Phe Pro Pro Leu Tyr Asp Lys Lys Asn Pro Asp Lys Gly

500 505 510

Tyr Val Phe Tyr Asp Thr Thr Phe Gly Asn Gly Lys Met Pro Asp Gly

515 520 525

Ser Gly His Ile Pro Ile Tyr Trp Gln Gln Arg Trp Trp Ile Arg Leu

530 535 540

Ala Phe Gln Val Gln Val Met His Asp Phe Val Leu Thr Gly Pro Phe

545 550 555 560

Ser Tyr Lys Asp Asp Leu Ala Asn Thr Thr Leu Thr Ala Arg Tyr Lys

565 570 575

Phe Arg Phe Lys Trp Gly Gly Asn Ile Ile Pro Glu Gln Ile Ile Lys

580 585 590

Asn Pro Cys Lys Arg Glu Gln Ser Leu Gly Ser Tyr Pro Asp Arg Gln
595 600 605
Arg Arg Asp Leu Gln Val Val Asp Pro Ser Thr Met Gly Pro Ile Tyr

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

675 680 685
Thr Glu Glu Val Gln Asp Glu Glu Ser Pro Pro Gln Asn Ala Pro Leu
690 695 700
Leu Gln Gln Gln Gln Gln Gln Arg Glu Leu Ser Val Gln His Ala Glu
705 710 715 720
Gln Gln Arg Leu Gly Val Gln Leu Arg Tyr Ile Leu Gln Glu Val Leu
725 730 735
Lys Thr Gln Ala Gly Leu His Leu Asn Pro Leu Leu Leu Gly Pro Pro

740 745 750
Gln Thr Arg Cys Ile Ser Leu Ser Pro Pro Glu Ala Tyr Ser Pro
755 760 765
<210> 283
<211> 770
<212> PRT
<213> Torque teno virus
<400> 283
Met Ala Ala Trp Trp Trp Gly Arg Arg Arg Arg Trp Arg Arg Trp Arg
1 5 10 15
Arg Arg Arg Leu Pro Arg Arg Arg Arg Trp Arg Arg Arg Arg Arg Trp
20 25 30

Pro Arg Arg Arg Arg Arg Arg Trp Pro Arg Arg Arg Arg Arg Arg Arg
35 40 45
Pro Ala Arg Arg Pro Arg Arg Arg Arg Arg Arg Arg Arg Val Arg Arg
50 55 60
Pro Arg Arg Arg Gln Lys Leu Val Leu Thr Gln Trp Asn Pro Gln Thr
65 70 75 80
Val Arg Lys Cys Ile Ile Arg Gly Phe Val Pro Leu Phe Gln Cys Ser
85 90 95

Arg Thr Ala Tyr His Arg Asn Phe Val Asp His Met Asp Asp Val Tyr
100 105 110
Thr Thr Gly Pro Phe Gly Gly Gly Thr Gly Ser Met Leu Phe Thr Leu
115 120 125
Ser Phe Phe Tyr His Glu Phe Lys Lys His His Cys Lys Trp Ser Ala
130 135 140
Ser Asn Arg Asp Phe Asp Leu Cys Arg Tyr Arg Gly Thr Val Leu Lys
145 150 155 160

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

Leu Leu Thr Asp Lys Trp Tyr Phe Gln Ser Asp Phe Cys Asn Val Pro
225 230 235 240
Leu Phe Gln Leu Gln Phe Ala Leu Ala Glu Leu Arg Phe Pro Ile Gly
245 250 255
Ser Pro Gln Thr Asn Thr Thr Cys Val Asn Phe Leu Val Leu Asp Asn
260 265 270
Arg Tyr His Leu Phe Leu Asp Asn Lys Pro Gln Gln Ser Asp Asn Ser

275 280 285

Gln Arg Glu Glu Arg Gly His Gly Tyr Pro Phe Asn Gly Ser Glu Gly
290 295 300
Glu Ala Asp Arg Leu Lys Phe Trp His Ser Leu Trp Asn Thr Gly Arg
305 310 315 320
Phe Leu Asn Thr Thr His Ile Asn Thr Leu Gln Pro Asn Ile Ser Lys
325 330 335
Leu Gln Glu His Lys Ala Glu Asp Thr Glu Ala Lys Thr Thr Tyr Lys
340 345 350

Ser Leu Ile Asn Gly Asn Lys Lys Val Tyr Asn Asp Ser Gln Tyr Met
355 360 365
Gln Asn Val Trp Ala Gln Asn Lys Ile Asn Thr Leu Tyr Glu Ala Ile
370 375 380
Ala Glu Glu Gln Tyr Arg Lys Ile Gln Lys Tyr Tyr Asn Thr Thr Tyr
385 390 395 400
Gly Gln Tyr Gln Arg Gln Leu Phe Thr Gly Lys Lys Tyr Trp Asp Tyr
405 410 415

Arg Val Gly Met Phe Ser Pro Thr Phe Leu Ser Pro Ser Arg Leu Asn
420 425 430
Pro Glu Met Pro Gly Ala Tyr Thr Glu Ile Ala Tyr Asn Pro Trp Thr
435 440 445
Asp Glu Gly Thr Gly Asn Val Val Cys Leu Gln Tyr Leu Thr Lys Glu
450 455 460
Thr Ser Asp Tyr Lys Pro His Ala Gly Ser Lys Phe Thr Ile Glu Asp
465 470 475 480

Val Pro Leu Trp Ile Ala Met Asn Gly Tyr Val Asp Ile Cys Lys Lys
485 490 495
Glu Gly Lys Asp Pro Gly Ile Arg Leu Asn Cys Leu Met Cys Ile Arg
500 505 510
Cys Pro Tyr Thr Arg Pro Lys Leu Tyr Asn Pro Arg Tyr Pro Lys Glu
515 520 525

Leu Phe Val Val Tyr Ser Tyr Asn Phe Ala His Gly Arg Met Pro Gly
530 535 540

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

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

Ala Gly Pro Lys Arg Pro Lys Leu Thr Val Pro Ala Gly Pro Thr Leu
675 680 685
Ala Ala Gly Asp Ala Tyr Asn Tyr Trp Glu Arg Lys Pro Leu Thr Ser
690 695 700
Pro Gly Glu Thr Leu Pro Thr Gln Thr Glu Thr Glu Thr Glu Ala Pro
705 710 715 720
Glu Glu Glu Ala Gln Gln Glu Glu Val Gln Glu Gly Leu Gln Leu Gln
725 730 735

Gln Leu Trp Glu Gln Gln Leu Gln Gln Lys Arg Gln Leu Gly Val Met
740 745 750
Phe Gln Gln Leu Leu Arg Leu Arg Thr Gly Ala Glu Ile His Pro Ala
755 760 765
Leu Ala

770

<210> 284

<211> 770

<212> PRT

<213> Torque teno virus

<400> 284

Met Ala Ala Trp Trp Trp Gly Arg Arg Arg Arg Trp Arg Arg Trp Arg
1 5 10 15
Arg Arg Arg Leu Pro Arg Arg Arg Arg Trp Arg Arg Arg Arg Arg Trp

20 25 30
Pro Arg Arg Arg Arg Arg Arg Trp Pro Arg Arg Arg Arg Arg Arg Arg
35 40 45
Pro Ala Arg Arg Pro Arg Arg Arg Arg Arg Arg Arg Arg Val Arg Arg
50 55 60
Pro Arg Arg Arg Gln Lys Leu Val Leu Thr Gln Trp Asn Pro Gln Thr
65 70 75 80
Val Arg Lys Cys Ile Ile Arg Gly Phe Val Pro Leu Phe Gln Cys Ser

85 90 95
Arg Thr Ala Cys His Arg Asn Phe Val Asp His Met Asp Asp Val Tyr
100 105 110
Thr Thr Gly Pro Phe Gly Gly Gly Thr Gly Ser Met Leu Phe Thr Leu
115 120 125
Ser Phe Phe Tyr His Glu Phe Lys Lys His His Cys Lys Trp Ser Ala
130 135 140
Ser Asn Arg Asp Phe Asp Leu Cys Arg Tyr Arg Gly Thr Val Leu Lys

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

His Pro Arg Gly Pro Ser Tyr Val Arg Met Lys Val Arg Pro Pro Arg

210 215 220

Leu Leu Thr Asp Lys Trp Tyr Phe Gln Ser Asp Phe Cys Asn Val Pro

225 230 235 240

Leu Phe Gln Leu Gln Phe Ala Leu Ala Glu Leu Arg Phe Pro Ile Gly

245 250 255

Ser Pro Gln Thr Asn Thr Thr Cys Val Asn Phe Leu Val Leu Asp Asn

260 265 270

Arg Tyr His Leu Phe Leu Asp Asn Lys Pro Gln Gln Ser Glu Asn Leu

275 280 285

Gln Arg Lys Glu Arg Gly His Gly Tyr Ser Phe Thr Gly Asn Glu Gly

290 295 300

Glu Val Asp Arg Leu Lys Phe Trp His Ser Leu Trp Asn Thr Gly Arg

305 310 315 320

Phe Leu Asn Thr Thr His Ile Asn Thr Leu Leu Pro Asn Ile Ser Lys

325 330 335

Leu Gln Glu His Lys Ala Glu Asp Arg Gln Ala Asn Ala Lys Tyr Lys

340 345 350

Asn Leu Ile Asn Gly Asn Lys Lys Val Tyr Asn Asp Ser Gln Tyr Met

355 360 365

Gln Asn Val Trp Glu Glu Asn Lys Ile Asn Thr Leu Tyr Asp Ala Ile

370 375 380

Ala Glu Glu Gln Tyr Arg Lys Ile Gln Lys Tyr Tyr Asn Thr Thr Tyr

385 390 395 400

Gly Gln Tyr Gln Arg Gln Leu Phe Thr Gly Lys Lys Tyr Trp Asp Tyr

405 410 415

Arg Val Gly Met Phe Ser Pro Thr Phe Leu Ser Pro Ser Arg Leu Asn

420 425 430

Pro Glu Met Pro Gly Ala Tyr Thr Glu Ile Ala Tyr Asn Pro Trp Thr

435 440 445

Asp Glu Gly Thr Gly Asn Val Val Cys Leu Gln Tyr Leu Thr Lys Glu

450 455 460

Thr Ser Asp Tyr Lys Pro His Ala Gly Ser Lys Phe Thr Ile Glu Asp

465 470 475 480

Val Pro Leu Trp Ile Ala Met Asn Gly Tyr Val Asp Ile Cys Lys Lys

485 490 495

Glu Gly Lys Asp Pro Gly Ile Arg Leu Asn Cys Leu Met Cys Ile Arg

500 505 510

Cys Pro Tyr Thr Arg Pro Lys Leu Tyr Asn Pro Arg Tyr Pro Glu Glu

515 520 525

Leu Phe Val Val Tyr Ser Tyr Asn Phe Ala His Gly Arg Met Pro Gly

530 535 540

Gly Asp Lys Tyr Ile Pro Met Glu Phe Lys Asp Arg Trp Tyr Pro Ser

545 550 555 560

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

565 570 575

Phe Ala Leu Lys Asp Gln Thr Glu Met Val Thr Cys Met Met Arg Tyr

580 585 590

Ser Ala Leu Phe Asn Trp Gly Gly Asn Ile Ile Arg Glu Gln Ala Val

595 600 605

Glu Asp Pro Cys Lys Lys Asn Thr Phe Ala Leu Pro Gly Ala Ser Gly

610 615 620

Val Ala Arg Leu Leu Gln Val Ser Asn Pro Ile Arg Gln Thr Pro Ser

625 630 635 640

Thr Thr Trp His Ser Trp Asp Trp Arg Arg Ser Leu Phe Thr Gln Thr

645 650 655

Gly Ile Lys Arg Met Arg Glu Gln Gln Pro Tyr Asp Glu Ile Thr Tyr

660 665 670

Ala Gly Pro Lys Arg Pro Lys Leu Thr Val Pro Ala Gly Pro Thr Leu

675 680 685

Ala Ala Gly Asp Ala Tyr Asn Tyr Trp Glu Arg Lys Pro Leu Thr Ser

690 695 700

Pro Gly Glu Thr Leu Pro Thr Gln Thr Asp Thr Glu Thr Glu Ala Pro
705 710 715 720
Glu Glu Glu Ala Gln Gln Glu Glu Val Gln Glu Gly Leu Gln Leu Gln

725 730 735
Gln Leu Trp Glu Gln Gln Leu Gln Gln Lys Arg Gln Leu Gly Val Met
740 745 750
Phe Gln Gln Leu Leu Arg Leu Arg Thr Gly Ala Glu Ile His Pro Ala
755 760 765
Leu Ala
770

<210> 285
<211> 770
<212> PRT
<213> Torque teno virus
<400> 285
Met Ala Ala Trp Trp Trp Gly Arg Arg Arg Arg Trp Arg Arg Trp Arg
1 5 10 15

Arg Arg Arg Leu Pro Arg Arg Arg Arg Trp Arg Arg Arg Arg Arg Trp
20 25 30
Pro Arg Arg Arg Arg Arg Arg Trp Pro Arg Arg Arg Arg Arg Arg Arg
35 40 45
Pro Ala Arg Arg Pro Arg Arg Arg Arg Arg Arg Arg Arg Val Arg Arg
50 55 60
Pro Arg Arg Arg Gln Lys Leu Val Leu Thr Gln Trp Asn Pro Gln Thr
65 70 75 80

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

130 135 140

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

His Pro Arg Gly Pro Ser Tyr Val Arg Met Lys Val Arg Pro Pro Arg
210 215 220
Leu Leu Thr Asp Lys Trp Tyr Phe Gln Ser Asp Phe Cys Asn Val Pro
225 230 235 240
Leu Phe Gln Leu Gln Phe Ala Leu Ala Glu Leu Arg Phe Pro Ile Gly
245 250 255
Ser Pro Gln Thr Asn Thr Thr Cys Val Asn Phe Leu Val Leu Asp Asn
260 265 270

Arg Tyr His Leu Phe Leu Asp Asn Lys Pro Gln Gln Ser Asp Asn Pro
275 280 285
Gln Arg Lys Glu Arg Gly His Gly Tyr Ser Phe Thr Gly Asn Glu Gly
290 295 300
Glu Met Asp Arg Glu Arg Phe Trp His Ser Leu Trp Ser Thr Gly Arg
305 310 315 320
Phe Leu Asn Thr Thr His Ile Asn Thr Leu Leu Pro Asn Ile Ser Lys
325 330 335

Leu Gln Asp His Lys Ala Glu Asp Lys Asp Ala Lys Thr Thr Tyr Lys
340 345 350
Ser Leu Ile Asn Asp Asn Lys Lys Val Tyr Asn Asp Ser Gln Tyr Met
355 360 365
Gln Asn Val Trp Asp Gln Asn Lys Ile His Thr Leu Tyr Met Ala Ile
370 375 380

Ala Glu Glu Gln Tyr Arg Lys Ile Gln Lys Tyr Tyr Asn Thr Thr Tyr
385 390 395 400

Gly Gln Tyr Gln Arg Gln Leu Phe Thr Gly Lys Lys Tyr Trp Asp Tyr
405 410 415
Arg Val Gly Met Phe Ser Pro Thr Phe Leu Ser Pro Ser Arg Leu Asn
420 425 430
Pro Glu Met Pro Gly Ala Tyr Thr Glu Ile Ala Tyr Asn Pro Trp Thr
435 440 445
Asp Glu Gly Thr Gly Asn Val Val Cys Leu Gln Tyr Leu Thr Lys Glu
450 455 460

Thr Ser Asp Tyr Lys Pro His Ala Gly Ser Lys Phe Thr Ile Glu Asp
465 470 475 480
Val Pro Leu Trp Ile Ala Met Asn Gly Tyr Val Asp Ile Cys Lys Lys
485 490 495
Glu Gly Lys Asp Pro Gly Ile Arg Leu Asn Cys Leu Met Cys Ile Arg
500 505 510
Cys Pro Tyr Thr Arg Pro Lys Leu Tyr Asn Pro Arg Tyr Pro Glu Glu
515 520 525

Leu Phe Val Val Tyr Ser Tyr Asn Phe Ala His Gly Arg Met Pro Gly
530 535 540
Gly Asp Lys Tyr Ile Pro Met Glu Phe Lys Asp Arg Trp Tyr Pro Ser
545 550 555 560
Leu Met His Gln Glu Glu Val Ile Glu Asp Ile Val Arg Ser Ser Pro
565 570 575
Phe Ala Leu Lys Asp Gln Thr Glu Met Val Thr Cys Met Met Arg Tyr
580 585 590

Ser Ala Leu Phe Asn Trp Gly Gly Asn Ile Ile Arg Glu Gln Ala Val
595 600 605
Glu Asp Pro Cys Lys Lys Asn Thr Phe Ala Leu Pro Gly Ala Ser Gly
610 615 620
Val Ala Arg Leu Leu Gln Val Ser Asn Pro Ile Arg Gln Thr Pro Ser

625 630 635 640

Thr Thr Trp His Ser Trp Asp Trp Arg Arg Ser Leu Phe Thr Gln Thr

645 650 655

Gly Ile Lys Arg Met Arg Glu Gln Gln Pro Tyr Asp Glu Ile Thr Tyr

660 665 670

Ala Gly Pro Lys Arg Pro Lys Leu Thr Val Pro Ala Gly Pro Thr Leu

675 680 685

Ala Ala Gly Asp Ala Tyr Asn Tyr Trp Glu Arg Lys Pro Leu Thr Ser

690 695 700

Pro Gly Glu Thr Leu Pro Thr Gln Thr Glu Thr Glu Thr Glu Ala Pro

705 710 715 720

Glu Glu Glu Ala Gln Gln Glu Glu Val Gln Glu Gly Leu Gln Leu Gln

725 730 735

Gln Leu Trp Glu Gln Gln Leu Gln Gln Lys Arg Gln Leu Gly Val Met

740 745 750

Phe Gln Gln Leu Leu Arg Leu Arg Thr Gly Ala Glu Ile His Pro Ala

755 760 765

Leu Ala

770

<210> 286

<211> 770

<212> PRT

<213> Torque teno virus

<400> 286

Met Ala Ala Trp Trp Trp Gly Arg Arg Arg Arg Trp Arg Arg Trp Arg

1 5 10 15

Arg Arg Arg Leu Pro Arg Arg Arg Arg Trp Arg Arg Arg Arg Arg Trp

20 25 30

Pro Arg Arg Arg Arg Arg Arg Trp Pro Arg Arg Arg Arg Arg Arg Arg

35 40 45

Pro Ala Arg Arg Pro Arg Arg Arg Arg Arg Arg Arg Arg Val Arg Arg

50 55 60

Pro Arg Arg Arg Gln Lys Leu Val Leu Thr Gln Trp Asn Pro Gln Thr

65 70 75 80

Val Arg Lys Cys Ile Ile Arg Gly Phe Val Pro Leu Phe Gln Cys Ser

85 90 95

Arg Thr Ala Tyr His Arg Asn Phe Val Asp His Met Asp Asp Val Tyr

100 105 110

Thr Thr Gly Pro Phe Gly Gly Gly Ala Gly Ser Met Leu Phe Thr Leu

115 120 125

Ser Phe Phe Tyr His Glu Phe Lys Lys His His Cys Lys Trp Ser Ala

130 135 140

Ser Asn Arg Asp Phe Asp Leu Ser Arg Tyr Arg Gly Ala Val Leu Lys

145 150 155 160

Phe Tyr Arg His Pro Asp Val Asp Tyr Ile Val Trp Leu Asn Arg Asn

165 170 175

Pro Pro Phe Gln Glu Asn Leu Leu Asp Ala Met Ser Arg Gln Pro Leu

180 185 190

Ile Met Leu Gln Thr His Lys Cys Ile Leu Val Arg Ser Phe Lys Thr

195 200 205

His Pro Arg Gly Pro Ser Tyr Val Arg Met Lys Val Arg Pro Pro Arg

210 215 220

Leu Leu Thr Asp Lys Trp Tyr Phe Gln Ser Asp Phe Cys Asn Val Pro

225 230 235 240

Leu Phe Gln Leu Gln Phe Ala Leu Ala Glu Leu Arg Phe Pro Ile Gly

245 250 255

Ser Pro Gln Thr Asn Thr Thr Cys Val Asn Phe Leu Val Leu Asp Asn

260 265 270

Arg Tyr His Ser Phe Leu Asp Asn Lys Pro Gln Gln Ser Glu Asn Ser

275 280 285

Gln Arg Lys Glu Arg Gly His Gly Tyr Ser Phe Thr Gly Lys Glu Gly

290 295 300

Glu Gln Asp Arg Leu Thr Phe Trp Gln Ser Leu Trp Asn Thr Gly Arg

305 310 315 320

Phe Leu Asn Thr Thr His Ile Asn Thr Leu Leu Pro Asn Ile Ser Lys

325 330 335

Leu Gln Asp His Lys Ala Glu Asp Thr Asp Ala Asn Pro Asp Tyr Lys

340 345 350

Ser Leu Ile Asn Gly Asn Lys Lys Val Tyr Asn Asp Ser Gln Tyr Met

355 360 365

Gln Asn Val Trp Gln Gln Gly Lys Ile Asn Thr Leu Cys Asn Ala Ile

370 375 380

Ala Gln Glu Gln Tyr Arg Lys Ile Gln Lys Tyr Tyr Asn Thr Thr Tyr

385 390 395 400

Gly Gln Tyr Gln Arg Gln Leu Phe Thr Gly Lys Lys Tyr Trp Asp Tyr

405 410 415

Arg Val Gly Thr Phe Ser Pro Thr Phe Leu Ser Pro Ser Arg Leu Asn

420 425 430

Pro Glu Met Pro Gly Ala Tyr Thr Glu Ile Ala Tyr Asn Pro Trp Thr

435 440 445

Asp Glu Gly Thr Gly Asn Val Val Cys Leu Gln Tyr Leu Thr Lys Glu

450 455 460

Thr Ser Asp Tyr Lys Pro His Ala Gly Ser Lys Phe Thr Ile Glu Asp

465 470 475 480

Val Pro Leu Trp Ile Ala Met Asn Gly Tyr Val Asp Ile Cys Lys Lys

485 490 495

Glu Gly Lys Asp Pro Gly Ile Arg Leu Asn Cys Leu Met Cys Ile Arg

500 505 510

Cys Pro Tyr Thr Arg Pro Lys Leu Tyr Asn Pro Arg Tyr Pro Glu Glu

515 520 525

Leu Phe Val Val Tyr Ser Tyr Asn Phe Ser His Gly Arg Met Pro Gly

530 535 540

Gly Asp Lys Tyr Ile Pro Met Glu Phe Lys Asp Arg Trp Tyr Pro Ser

545 550 555 560

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

565 570 575

Phe Ala Leu Lys Asp Gln Thr Asp Met Val Thr Cys Met Met Arg Tyr

580 585 590

Ser Ala Leu Phe Asn Trp Gly Gly Asn Ile Ile Arg Glu Gln Ala Val

595 600 605

Glu Asp Pro Cys Lys Lys Asn Thr Phe Ala Leu Pro Gly Ala Ser Gly

610 615 620

Val Ala Arg Leu Leu Gln Val Ser Asn Pro Ile Arg Gln Thr Pro Ser

625 630 635 640

Thr Thr Trp His Ser Trp Asp Trp Arg Arg Ser Leu Phe Thr Gln Thr

645 650 655

Gly Ile Lys Arg Met Arg Glu Gln Gln Pro Tyr Asp Glu Ile Thr Tyr

660 665 670

Ala Gly Pro Lys Arg Pro Lys Leu Thr Val Pro Ala Gly Pro Thr Leu

675 680 685

Ala Ala Gly Asp Ala Tyr Asn Tyr Trp Glu Arg Lys Pro Leu Thr Ser

690 695 700

Pro Gly Glu Thr Leu Pro Thr Gln Thr Glu Thr Glu Thr Glu Ala Pro

705 710 715 720

Glu Glu Glu Ala Gln Gln Glu Glu Val Gln Glu Gly Leu Gln Leu Gln

725 730 735

Gln Leu Trp Glu Gln Gln Leu Gln Gln Lys Arg Gln Leu Gly Val Met

740 745 750

Phe Gln Gln Leu Leu Arg Leu Arg Thr Gly Ala Glu Ile His Pro Ala

755 760 765

Leu Ala

770

<210> 287

<211> 770

<212

> PRT

<213> Torque teno virus

<400> 287

```
Met Ala Ala Trp Trp Trp Gly Arg Arg Arg Arg Trp Arg Arg Trp Arg
1               5                  10                  15
Arg Arg Arg Leu Pro Arg Arg Arg Arg Trp Arg Arg Arg Arg Arg Trp
            20                  25                  30
Pro Arg Arg Arg Arg Arg Arg Trp Pro Arg Arg Arg Arg Arg Arg Arg
        35                  40                  45
Pro Ala Arg Arg Pro Arg Arg Arg Arg Arg Arg Arg Val Arg Arg
    50                  55                  60

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

Ser Phe Phe Tyr His Glu Phe Lys Lys His His Cys Lys Trp Ser Ala
    130                 135                 140
Ser Asn Arg Asp Phe Asp Leu Cys Arg Tyr Arg Gly Thr Val Leu Lys
145                 150                 155                 160
Phe Tyr Arg His Pro Asp Val Asp Tyr Ile Val Trp Leu Asn Arg Asn
                165                 170                 175
Pro Pro Phe Gln Glu Asn Leu Leu Asp Ala Met Ser Arg Gln Pro Leu
            180                 185                 190

Ile Met Leu Gln Thr His Lys Cys Ile Leu Val Arg Ser Phe Lys Thr
        195                 200                 205
His Pro Arg Gly Pro Ser Tyr Val Arg Met Lys Val Arg Pro Pro Arg
    210                 215                 220
Leu Leu Thr Asp Lys Trp Tyr Phe Gln Ser Asp Phe Cys Asn Val Pro
225                 230                 235                 240
```

Leu Phe Gln Leu Gln Phe Ala Leu Ala Glu Leu Arg Phe Pro Ile Gly
245 250 255

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

Phe Leu Asn Thr Thr His Ile Asn Thr Leu Leu Pro Asn Ile Ser Lys
325 330 335
Leu Gln Asp His Glu Ala Glu Asp Thr Gln Ala Lys Thr Asp Tyr Lys
340 345 350
Ser Leu Ile Asn Gly Asn Lys Lys Val Tyr Asn Asp Ser Gln Tyr Met
355 360 365
Gln Asp Val Trp Glu Gln Lys Lys Ile Gln Thr Leu Tyr Lys Val Ile
370 375 380

Ala Glu Glu Gln Tyr Arg Lys Ile Glu Lys Tyr Tyr Asn Thr Thr Tyr
385 390 395 400
Gly Gln Tyr Gln Arg Gln Leu Phe Thr Gly Lys Lys Tyr Trp Asp Tyr
405 410 415
Arg Val Gly Met Phe Ser Pro Thr Phe Leu Ser Pro Ser Arg Leu Asn
420 425 430
Pro Glu Met Pro Gly Ala Tyr Thr Glu Ile Ala Tyr Asn Pro Trp Thr
435 440 445

Asp Glu Gly Thr Gly Asn Val Val Cys Leu Gln Tyr Leu Thr Lys Glu
450 455 460
Thr Ser Asp Tyr Lys Pro His Ala Gly Ser Lys Phe Thr Ile Glu Asp
465 470 475 480
Val Pro Leu Trp Ile Ala Met Asn Gly Tyr Val Asp Ile Cys Lys Lys

485 490 495

Glu Gly Lys Asp Pro Gly Ile Arg Leu Asn Cys Leu Met Cys Ile Arg

500 505 510

Cys Pro Tyr Thr Arg Pro Lys Leu Tyr Asn Pro Arg Tyr Pro Glu Glu

515 520 525

Leu Phe Val Val Tyr Ser Tyr Asn Phe Ala His Gly Arg Met Pro Gly

530 535 540

Gly Asp Lys Tyr Ile Pro Met Glu Phe Lys Asp Arg Trp Tyr Pro Ser

545 550 555 560

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

565 570 575

Phe Ala Leu Lys Asp Gln Thr Glu Met Val Thr Cys Met Met Arg Tyr

580 585 590

Ser Ala Leu Phe Asn Trp Gly Gly Asn Ile Ile Arg Glu Gln Ala Val

595 600 605

Glu Asp Pro Cys Lys Lys Asn Thr Phe Ala Leu Pro Gly Ala Ser Gly

610 615 620

Val Ala Arg Leu Leu Gln Val Ser Asn Pro Ile Arg Gln Thr Pro Ser

625 630 635 640

Thr Thr Trp His Ser Trp Asp Trp Arg Arg Ser Leu Phe Thr Gln Thr

645 650 655

Gly Ile Lys Arg Met Arg Glu Gln Gln Pro Tyr Asp Glu Ile Thr Tyr

660 665 670

Ala Gly Pro Lys Arg Pro Lys Leu Thr Val Pro Ala Gly Pro Thr Leu

675 680 685

Ala Ala Gly Asp Ala Tyr Asn Tyr Trp Glu Arg Lys Pro Leu Thr Ser

690 695 700

Pro Gly Glu Thr Leu Pro Thr Gln Thr Glu Thr Glu Thr Glu Ala Pro

705 710 715 720

Glu Glu Glu Ala Gln Gln Glu Glu Val Gln Glu Gly Leu Gln Leu Gln

725 730 735

Gln Leu Trp Glu Gln Gln Leu Gln Gln Lys Arg Gln Leu Gly Val Met
740 745 750
Phe Gln Gln Leu Leu Arg Leu Arg Thr Gly Ala Glu Ile His Pro Ala
755 760 765

Leu Ala
770
<210> 288
<211> 736
<212> PRT
<213> Torque teno virus
<400> 288
Met Ala Ala Trp Trp Trp Gly Arg Arg Arg Arg Trp Arg Arg Trp Arg
1 5 10 15
Arg Arg Arg Leu Pro Arg Arg Arg Arg Trp Arg Arg Arg Arg Arg Trp
20 25 30
Pro Arg Arg Arg Arg Arg Arg Trp Pro Arg Arg Arg Arg Arg Arg Gly
35 40 45
Pro Ala Arg Arg Leu Arg Arg Arg Arg Arg Arg Arg Arg Val Arg Arg

50 55 60
Pro Arg Arg Arg Gln Lys Leu Val Leu Thr Gln Trp Asn Pro Gln Thr
65 70 75 80
Gln Arg Lys Cys Val Val Arg Gly Phe Leu Pro Leu Phe Phe Cys Gly
85 90 95
Gln Gly Ala Tyr His Arg Asn Phe Val Glu His Met Asp Asp Val Phe
100 105 110
Pro Lys Gly Pro Ser Gly Gly Gly Phe Gly Ser Met Val Trp Asn Leu

115 120 125
Asp Phe Leu Tyr Gln Glu Phe Lys Lys His His Asn Lys Trp Ser Ser
130 135 140
Ser Asn Arg Asp Phe Asp Leu Val Arg Cys His Gly Thr Val Ile Lys
145 150 155 160
Phe Tyr Arg His Ser Asp Phe Asp Tyr Leu Val His Val Thr Arg Thr

165 170 175

Pro Pro Phe Lys Glu Asp Leu Leu Thr Ile Val Ser His Gln Pro Gly

180 185 190

Leu Met Met Gln Asn Tyr Arg Cys Ile Leu Val Lys Ser Tyr Lys Thr

195 200 205

His Pro Gly Gly Arg Pro Tyr Ile Thr Pro Lys Ile Arg Pro Pro Arg

210 215 220

Leu Leu Thr Asp Lys Trp Tyr Phe Arg Pro Asp Phe Cys Gly Val Pro

225 230 235 240

Leu Phe Lys Leu Tyr Val Thr Leu Ala Glu Leu Arg Phe Pro Ile Cys

245 250 255

Ser Pro Gln Thr Asp Thr Asn Cys Val Thr Phe Leu Val Leu Asp Asn

260 265 270

Thr Tyr Tyr Asp Tyr Leu Asp Asn Thr Ala Asp Thr Thr Arg Asp His

275 280 285

Glu Arg Gln Gln Lys Trp Thr Asn Met Lys Met Thr Pro Arg Tyr His

290 295 300

Leu Thr Ser His Ile Asn Thr Leu Phe Ser Gly Thr Gln Gln Met Gln

305 310 315 320

Ser Ala Lys Glu Thr Gly Lys Asp Ser Gln Phe Arg Glu Asn Ile Trp

325 330 335

Lys Thr Ala Glu Val Val Lys Ile Ile Lys Asp Ile Ala Ser Lys Asn

340 345 350

Met Gln Lys Gln Gln Thr Tyr Tyr Thr Lys Thr Tyr Gly Ala Tyr Ala

355 360 365

Thr Gln Tyr Phe Thr Gly Lys Gln Tyr Trp Asp Trp Arg Val Gly Leu

370 375 380

Phe Ser Pro Ile Phe Leu Ser Pro Ser Arg Leu Asn Pro Gln Glu Pro

385 390 395 400

Gly Ala Tyr Thr Glu Ile Ala Tyr Asn Pro Trp Thr Asp Glu Gly Thr

405 410 415

Gly Asn Ile Val Cys Ile Gln Tyr Leu Thr Lys Lys Asp Ser His Tyr
420 425 430
Lys Pro Gly Ala Gly Ser Lys Phe Ala Val Thr Asp Val Pro Leu Trp

435 440 445
Ala Ala Leu Phe Gly Tyr Tyr Asp Gln Cys Lys Lys Glu Ser Lys Asp
450 455 460
Ala Asn Ile Arg Leu Asn Arg Leu Leu Leu Val Arg Cys Pro Tyr Thr
465 470 475 480
Arg Pro Lys Leu Tyr Asn Pro Arg Asp Pro Asp Gln Leu Phe Val Met
485 490 495
Tyr Ser Tyr Asn Phe Gly His Gly Arg Met Pro Gly Gly Asp Lys Tyr

500 505 510
Val Pro Met Glu Phe Lys Asp Arg Trp Tyr Pro Cys Met Leu His Gln
515 520 525
Glu Glu Val Val Glu Glu Ile Val Arg Cys Gly Pro Phe Ala Pro Lys
530 535 540
Asp Met Thr Pro Ser Val Thr Cys Met Ala Arg Tyr Ser Ser Leu Phe
545 550 555 560
Thr Trp Gly Gly Asn Ile Ile Arg Glu Gln Ala Val Glu Asp Pro Cys

565 570 575
Lys Lys Ser Thr Phe Ala Ile Pro Gly Ala Gly Gly Leu Ala Arg Ile
580 585 590
Leu Gln Val Ser Asn Pro Gln Arg Gln Ala Pro Thr Thr Thr Trp His
595 600 605
Ser Trp Gly Trp Arg Arg Ser Leu Phe Thr Glu Thr Gly Leu Lys Arg
610 615 620
Met Gln Glu Gln Gln Pro Tyr Asp Glu Met Ser Tyr Thr Gly Pro Lys

625 630 635 640
Arg Pro Lys Leu Ser Val Pro Pro Ala Ala Glu Gly Asn Leu Ala Ala
645 650 655
Gly Gly Gly Leu Phe Phe Arg Asp Gly Lys Gln Pro Ala Ser Pro Gly

660 665 670

Gly Ser Leu Pro Thr Gln Ser Glu Thr Glu Ala Glu Ala Glu Asp Glu

675 680 685

Glu Ala His Gln Glu Glu Thr Glu Glu Gly Ala Gln Leu Gln Gln Leu

690 695 700

Trp Glu Gln Gln Leu Gln Gln Lys Arg Glu Leu Gly Ile Val Phe Gln

705 710 715 720

His Leu Leu Arg Leu Arg Gln Gly Ala Glu Ile His Pro Gly Leu Val

725 730 735

<210> 289

<211> 736

<212> PRT

<213> Torque teno virus

<220><221> MOD_RES

<222> (20)..(20)

<223> Any amino acid

<400> 289

Met Ala Ala Trp Trp Trp Gly Arg Arg Arg Arg Trp Arg Arg Trp Arg

1 5 10 15

Arg Arg Arg Xaa Pro Arg Arg Arg Arg Trp Arg Arg Arg Arg Arg Trp

20 25 30

Pro Arg Arg Arg Arg Arg Arg Trp Pro Arg Arg Arg Arg Arg Arg Arg

35 40 45

Pro Ala Arg Arg Leu Arg Arg Arg Arg Arg Arg Arg Arg Val Arg Arg

50 55 60

Pro Arg Arg Arg Gln Lys Leu Val Leu Thr Gln Trp Asn Pro Gln Thr

65 70 75 80

Gln Arg Lys Cys Val Val Arg Gly Phe Leu Pro Leu Phe Phe Cys Gly

85 90 95

Gln Gly Ala Tyr His Arg Asn Phe Val Glu His Met Asp Asp Val Phe

100 105 110

Pro Lys Gly Pro Ser Gly Gly Gly Phe Gly Ser Met Val Trp Asn Leu

115 120 125

Asp Phe Leu Tyr Gln Glu Phe Lys Lys His His Asn Arg Trp Ser Ser

130 135 140

Ser Asn Arg Asp Phe Asp Leu Val Arg Tyr His Gly Thr Val Ile Lys

145 150 155 160

Phe Tyr Arg His Ser Asp Phe Asp Tyr Leu Val His Val Thr Arg Thr

165 170 175

Pro Pro Phe Lys Glu Asp Leu Leu Thr Ile Val Ser His Gln Pro Gly

180 185 190

Leu Met Met Gln Asn Tyr Arg Cys Ile Leu Val Lys Ser Tyr Lys Thr

195 200 205

His Pro Gly Gly Arg Pro Tyr Ile Thr Leu Lys Ile Arg Pro Pro Arg

210 215 220

Leu Leu Thr Asp Lys Trp Tyr Phe Gln Pro Asp Phe Cys Gly Val Pro

225 230 235 240

Leu Phe Lys Leu Tyr Val Thr Leu Ala Glu Leu Arg Phe Pro Ile Cys

245 250 255

Ser Pro Gln Thr Asp Thr Asn Cys Val Thr Phe Leu Val Leu Asp Asn

260 265 270

Thr Tyr Tyr Asp Tyr Leu Asp Ser Thr Ala Asp Thr Thr Arg Asp Asn

275 280 285

Glu Arg His Gln Lys Trp Lys Asn Met Ile Met Thr Pro Arg Tyr His

290 295 300

Leu Thr Ser His Ile Asn Thr Leu Phe Ser Gly Thr Gln Gln Met Gln

305 310 315 320

Asn Ala Lys Glu Thr Gly Lys Asp Ser Gln Phe Arg Glu Asn Ile Trp

325 330 335

Lys Thr Glu Glu Val Val Lys Ile Ile His Asp Ile Ala Ser Arg Asn

340 345 350

Met Gln Lys Gln Ile Thr Tyr Tyr Thr Lys Thr Tyr Gly Ala Tyr Ala

355 360 365

Thr Gln Tyr Phe Thr Gly Lys Gln Tyr Trp Asp Trp Arg Val Gly Leu

370 375 380

Phe Ser Pro Ile Phe Leu Ser Pro Ser Arg Leu Asn Pro Gln Glu Pro

385 390 395 400

Gly Ala Tyr Thr Glu Ile Ala Tyr Asn Pro Trp Thr Asp Glu Gly Thr

405 410 415

Gly Asn Ile Val Cys Ile Gln Tyr Leu Thr Lys Lys Asp Ser His Tyr

420 425 430

Lys Pro Gly Ala Gly Ser Lys Phe Ala Val Thr Asp Val Pro Leu Trp

435 440 445

Ala Ala Leu Phe Gly Tyr Tyr Asp Gln Cys Lys Lys Glu Ser Lys Asp

450 455 460

Ala Asn Ile Arg Leu Asn Cys Leu Leu Leu Val Arg Cys Pro Tyr Thr

465 470 475 480

Arg Pro Lys Leu Tyr Asn Pro Arg Asp Pro Asp Gln Leu Phe Val Met

485 490 495

Tyr Ser Tyr Asn Phe Gly His Gly Arg Met Pro Gly Gly Asp Lys Tyr

500 505 510

Val Pro Met Glu Phe Lys Asp Arg Trp Tyr Pro Cys Met Leu His Gln

515 520 525

Glu Glu Val Val Glu Glu Ile Val Arg Cys Gly Pro Phe Ala Pro Lys

530 535 540

Asp Met Thr Pro Ser Val Thr Cys Met Ala Arg Tyr Ser Ser Leu Phe

545 550 555 560

Thr Trp Gly Gly Asn Ile Ile Arg Glu Gln Ala Val Glu Asp Pro Cys

565 570 575

Lys Lys Ser Thr Phe Ala Ile Pro Gly Ala Gly Gly Leu Ala Arg Ile

580 585 590

Leu Gln Val Ser Asn Pro Gln Arg Gln Ala Pro Thr Thr Thr Trp His

595 600 605

Leu Trp Asp Trp Arg Arg Ser Leu Phe Thr Glu Thr Gly Leu Lys Arg

610 615 620

Met Gln Glu Gln Gln Pro Tyr Asp Glu Met Ser Tyr Thr Gly Pro Lys

625 630 635 640

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

645 650 655

Gly Gly Gly Leu Phe Phe Arg Asp Arg Lys Gln Pro Thr Ser Pro Gly

660 665 670

Gly Ser Leu Pro Thr Gln Ser Glu Thr Glu Ala Glu Ala Glu Asp Glu

675 680 685

Glu Ala His Gln Glu Glu Thr Glu Glu Gly Ala Gln Leu Gln Gln Leu

690 695 700

Trp Glu Gln Gln Leu Gln Gln Lys Arg Glu Leu Gly Ile Val Phe Gln

705 710 715 720

His Leu Leu Arg Leu Arg Gln Gly Ala Glu Ile His Pro Gly Leu Val

725 730 735

<210> 290

<211> 733

<212> PRT

<213> Torque teno virus

<400> 290

Met Ala Trp Trp Trp Trp Arg Arg Arg Arg Arg Pro Trp Arg Arg Arg

1 5 10 15

Trp Arg Trp Lys Arg Arg Ala Arg Val Arg Thr Arg Arg Pro Arg Arg

20 25 30

Ala Val Arg Arg Arg Arg Arg Arg Val Arg Arg Arg Arg Arg Gly Trp

35 40 45

Arg Arg Leu Tyr Arg Arg Trp Arg Arg Lys Gly Arg Arg Arg Arg Arg

50 55 60

Arg Lys Lys Leu Val Met Lys Gln Trp Asn Pro Ser Thr Val Ser Arg

65 70 75 80

Cys Tyr Ile Val Gly Tyr Leu Pro Ile Ile Ile Met Gly Gln Gly Thr

85 90 95

Ala Ser Met Asn Tyr Ala Ser His Ser Asp Asp Val Tyr Tyr Pro Gly
100 105 110
Pro Phe Gly Gly Gly Ile Ser Ser Met Arg Phe Thr Leu Arg Ile Leu
115 120 125
Tyr Asp Gln Phe Met Arg Gly Gln Asn Phe Trp Thr Lys Thr Asn Glu
130 135 140
Asp Leu Asp Leu Ala Arg Phe Leu Gly Ser Lys Trp Arg Phe Tyr Arg
145 150 155 160

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

Asp Lys Trp Tyr Pro Gln Thr Asp Phe Cys Glu Val Thr Leu Leu Thr
225 230 235 240
Ile His Ala Thr Ala Cys Asn Leu Arg Phe Pro Phe Cys Ser Pro Gln
245 250 255
Thr Asp Thr Ser Cys Val Gln Phe Gln Val Leu Ser Tyr Asn Ala Tyr
260 265 270
Arg Gln Arg Ile Ser Ile Leu Pro Glu Leu Cys Thr Arg Glu Lys Leu
275 280 285

Arg Glu Phe Ile Lys Gln Val Val Lys Pro Asn Leu Thr Cys Ile Asn
290 295 300
Thr Leu Ala Thr Pro Trp Cys Phe Lys Phe Pro Glu Leu Asp Lys Leu
305 310 315 320
Pro Pro Val Ala Asn Asn Ala Thr Gly Trp Ser Val Asn Pro Asp Ser
325 330 335

Gly Asp Gly Asp Val Ile Tyr Gln Glu Thr Thr Leu Glu Thr Lys Trp
340 345 350

Ile Ala Asn Asn Asp Val Trp His Thr Lys Asp Gln Arg Ala His Asn
355 360 365
Asn Ile His Ser Gln Tyr Gly Met Pro Gln Ser Asp Ala Leu Glu His
370 375 380
Lys Thr Gly Tyr Phe Ser Pro Ala Leu Leu Ser Pro Gln Arg Leu Asn
385 390 395 400
Pro Gln Ile Pro Gly Leu Tyr Ile Asn Ile Val Tyr Asn Pro Leu Thr
405 410 415

Asp Lys Gly Glu Gly Asn Lys Ile Trp Cys Asp Pro Leu Thr Lys Asn
420 425 430
Thr Phe Gly Tyr Asp Pro Pro Lys Ser Lys Phe Leu Ile Glu Asn Leu
435 440 445
Pro Leu Trp Ser Ala Val Thr Gly Tyr Val Asp Tyr Cys Thr Lys Ala
450 455 460
Ser Lys Asp Glu Ser Phe Lys Tyr Asn Tyr Arg Val Leu Ile Gln Thr
465 470 475 480

Pro Tyr Thr Val Pro Ala Leu Tyr Ser Asp Ser Glu Thr Thr Lys Asn
485 490 495
Arg Gly Tyr Ile Pro Ile Gly Thr Asp Phe Ala Tyr Gly Arg Met Pro
500 505 510
Gly Gly Val Gln Gln Ile Pro Ile Arg Trp Arg Met Arg Trp Tyr Pro
515 520 525
Met Leu Phe Asn Gln Gln Pro Val Leu Glu Asp Leu Phe Gln Ser Gly
530 535 540

Pro Phe Ala Tyr Gln Gly Asp Ala Lys Ser Ala Thr Leu Val Gly Lys
545 550 555 560
Tyr Ala Phe Lys Trp Leu Trp Gly Gly Asn Arg Ile Phe Gln Gln Val
565 570 575
Val Arg Asp Pro Arg Ser His Gln Gln Asp Gln Ser Val Gly Pro Ser

580 585 590

Arg Gln Pro Arg Ala Val Gln Val Phe Asp Pro Lys Tyr Gln Ala Pro

595 600 605

Gln Trp Thr Phe His Ala Trp Asp Ile Arg Arg Gly Leu Phe Gly Arg

610 615 620

Gln Ala Ile Lys Arg Val Ser Ala Lys Pro Thr Pro Asp Glu Leu Ile

625 630 635 640

Ser Thr Gly Pro Lys Arg Pro Arg Leu Glu Val Pro Ala Phe Gln Glu

645 650 655

Glu Gln Glu Lys Asp Leu Leu Phe Arg Gln Arg Lys His Lys Ala Trp

660 665 670

Glu Asp Thr Thr Glu Glu Glu Thr Glu Ala Pro Ser Glu Glu Glu Glu

675 680 685

Glu Asn Gln Glu Leu Gln Leu Val Arg Arg Leu Gln Gln Gln Arg Glu

690 695 700

Leu Gly Arg Gly Leu Arg Cys Leu Phe Gln Gln Leu Thr Arg Thr Gln

705 710 715 720

Met Gly Leu His Val Asp Pro Gln Leu Leu Ala Pro Val

725 730

<210> 291

<211> 744

<212> PRT

<213> Torque teno virus 10

<400> 291

Met Ala Trp Gly Trp Trp Lys Arg Arg Arg Lys Trp Trp Trp Arg Arg

1 5 10 15

Arg Trp Thr Arg Gly Arg Leu Arg Lys Arg Arg Ala Arg Arg Ala Gly

20 25 30

Arg Arg Pro Arg Arg Arg Arg Val Arg Arg Arg Arg Ala Trp Arg Arg

35 40 45

Gly Arg Arg Lys Arg Arg Thr Phe Arg Arg Arg Arg Arg Arg Lys Gly

50 55 60

Arg Arg His Arg Thr Arg Leu Ile Ile Arg Gln Trp Gln Pro Glu Ile

65 70 75 80

Val Arg Lys Cys Leu Ile Ile Gly Tyr Phe Pro Met Ile Ile Cys Gly

85 90 95

Gln Gly Arg Trp Ser Glu Asn Tyr Ser Ser His Leu Glu Asp Arg Val

100 105 110

Val Lys Gln Ala Phe Gly Gly Gly His Ala Thr Thr Arg Trp Ser Leu

115 120 125

Lys Val Leu Tyr Glu Glu Asn Leu Arg His Leu Asn Phe Trp Thr Trp

130 135 140

Thr Asn Arg Asp Leu Glu Leu Ala Arg Tyr Leu Lys Val Thr Trp Thr

145 150 155 160

Phe Tyr Arg His Gln Asp Val Asp Phe Ile Ile Tyr Phe Asn Arg Lys

165 170 175

Ser Pro Met Gly Gly Asn Ile Tyr Thr Ala Pro Met Met His Pro Gly

180 185 190

Ala Leu Met Leu Ser Lys His Lys Ile Leu Val Lys Ser Phe Lys Thr

195 200 205

Lys Pro Lys Gly Lys Ala Thr Val Lys Val Thr Ile Lys Pro Pro Thr

210 215 220

Leu Leu Val Asp Lys Trp Tyr Phe Gln Lys Asp Ile Cys Asp Met Thr

225 230 235 240

Leu Leu Asn Leu Asn Ala Val Ala Ala Asp Leu Arg Phe Pro Phe Cys

245 250 255

Ser Pro Gln Thr Asp Asn Pro Cys Ile Asn Phe Gln Val Leu Ser Ser

260 265 270

Val Tyr Asn Asn Phe Leu Ser Ile Thr Asp Asn Arg Leu Thr Pro Val

275 280 285

Thr Asp Asp Gly Gln Ala Tyr Tyr Lys Ala Phe Leu Asp Ala Ala Phe

290 295 300

Thr Lys Asp Arg Asp Phe Asn Ala Val Asn Thr Phe Arg Thr Ile Ser

305 310 315 320

Asn Phe Ser His Pro Gln Leu Glu Leu Pro Thr Lys Thr Thr Asn Thr

325 330 335

Ser Gln Asp Gln Tyr Phe Asn Thr Leu Asp Gly Tyr Trp Gly Asp Pro

340 345 350

Ile Tyr Val His Thr Gln Asn Ile Lys Pro Asp Gln Asn Leu Asp Lys

355 360 365

Cys Lys Glu Ile Leu Thr Asn Asn Met Lys Asn Trp His Lys Lys Val

370 375 380

Lys Ser Glu Asn Pro Ser Ser Leu Asn His Ser Cys Phe Ala His Asn

385 390 395 400

Val Gly Ile Phe Ser Ser Ser Phe Leu Ser Ala Gly Arg Leu Ala Pro

405 410 415

Glu Val Pro Gly Leu Tyr Thr Asp Val Ile Tyr Asn Pro Tyr Thr Asp

420 425 430

Lys Gly Lys Gly Asn Met Leu Trp Val Asp Tyr Cys Ser Lys Gly Asp

435 440 445

Asn Leu Tyr Lys Glu Gly Gln Ser Lys Cys Leu Leu Ala Asn Leu Pro

450 455 460

Leu Trp Met Ala Thr Asn Gly Tyr Ile Asp Trp Val Lys Lys Glu Thr

465 470 475 480

Asp Asn Trp Val Ile Asn Thr Gln Ala Arg Val Leu Met Val Cys Pro

485 490 495

Tyr Thr Tyr Pro Lys Leu Tyr His Glu Ile Gln Pro Leu Tyr Gly Phe

500 505 510

Val Val Tyr Ser Tyr Asn Phe Gly Glu Gly Lys Met Pro Asn Gly Ala

515 520 525

Thr Tyr Ile Pro Phe Lys Phe Arg Asn Lys Trp Tyr Pro Thr Ile Tyr

530 535 540

Met Gln Gln Ala Val Leu Glu Asp Ile Ser Arg Ser Gly Pro Phe Ala

545 550 555 560

Leu Lys Gln Gln Ile Pro Ser Ala Thr Leu Thr Ala Lys Tyr Lys Phe

565 570 575

Lys Phe Leu Phe Gly Gly Asn Pro Thr Ser Glu Gln Val Val Arg Asp

580 585 590

Pro Cys Thr Gln Pro Thr Phe Glu Leu Pro Gly Ala Ser Thr Gln Pro

595 600 605

Pro Arg Ile Gln Val Thr Asp Pro Lys Leu Leu Gly Pro His Tyr Ser

610 615 620

Phe His Ser Trp Asp Leu Arg Arg Gly Tyr Tyr Ser Thr Lys Ser Ile

625 630 635 640

Lys Arg Met Ser Glu His Glu Glu Pro Ser Glu Phe Ile Phe Pro Gly

645 650 655

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

660 665 670

Pro Ser Asp Ser Leu Gln Arg Glu Ser Arg Pro Trp Glu Thr Ser Glu

675 680 685

Glu Glu Ser Glu Ala Glu Val Gln Gln Glu Glu Thr Glu Glu Val Pro

690 695 700

Leu Arg Gln Gln Leu Leu His Asn Leu Arg Glu Gln Gln Gln Leu Arg

705 710 715 720

Lys Gly Leu Gln Cys Val Phe Gln Gln Leu Ile Lys Thr Gln Gln Gly

725 730 735

Val His Ile Asp Pro Ser Leu Leu

740

<210> 292

<211> 219

<212> PRT

<213> Torque teno virus

<400> 292

Met Ala Trp Ser Trp Trp Trp Arg Arg Arg Lys Arg Trp Trp Pro Arg

1 5 10 15

Arg Arg Arg Arg Trp Arg Arg Phe Arg Thr Arg Arg Ala Arg Arg Ala

20 25 30

Val Pro Arg Arg Arg Arg Arg Arg Arg Val Arg Arg Arg Arg Trp Gly

35 40 45

Arg Arg Gly Arg Arg Arg Arg Val Phe Tyr Lys Arg Arg Arg Arg Lys

50 55 60

Thr Gly Arg Leu Tyr Arg Lys Pro Lys Lys Lys Leu Val Leu Thr Gln

65 70 75 80

Trp His Pro Thr Thr Val Arg Asn Cys Ser Ile Arg Gly Leu Val Pro

85 90 95

Leu Val Leu Cys Gly His Thr Gln Gly Gly Arg Asn Phe Ala Leu Arg

100 105 110

Ser Asp Asp Tyr Pro Lys Gln Gly Ser Pro Tyr Gly Gly Ser Phe Ser

115 120 125

Thr Thr Thr Trp Asn Leu Arg Val Leu Phe Asp Glu His Gln Lys His

130 135 140

His Asn Thr Trp Ser Tyr Pro Asn Asn Gln Leu Asp Leu Gly Arg Tyr

145 150 155 160

Lys Gly Cys Thr Phe Cys Phe Tyr Arg Gly Lys Lys Thr Asp Tyr Ile

165 170 175

Val Lys Phe Gln Arg Arg Gly Pro Phe Lys Ile Asn Lys Tyr Ser Ser

180 185 190

Pro Met Ala His Pro Gly Met Met Met Leu Asp Lys Met Lys Ile Leu

195 200 205

Val Pro Ser Phe Asp Thr Arg Pro Gly Gly Arg

210 215

<210> 293

<211> 219

<212> PRT

<213> Torque teno virus

<400> 293

Met Ala Trp Ser Trp Trp Trp Arg Arg Arg Lys Arg Trp Trp Pro Arg
1 5 10 15
Arg Arg Arg Arg Trp Arg Arg Phe Arg Thr Arg Arg Ala Arg Arg Ala
20 25 30
Val Pro Arg Arg Arg Arg Arg Arg Arg Val Arg Arg Arg Arg Trp Gly

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

100 105 110
Ser Asp Asp Tyr Pro Lys Gln Gly Ser Pro Tyr Gly Gly Ser Phe Ser
115 120 125
Thr Thr Thr Trp Asn Leu Arg Val Leu Phe Asp Glu His Gln Lys His
130 135 140
His Asn Thr Trp Ser Tyr Pro Asn Asn Gln Leu Asp Leu Gly Arg Tyr
145 150 155 160
Lys Gly Cys Thr Phe Cys Phe Tyr Arg Gly Lys Lys Thr Asp Tyr Ile

165 170 175
Val Lys Phe Gln Arg Arg Gly Pro Phe Lys Ile Asn Lys Tyr Ser Ser
180 185 190
Pro Met Ala His Pro Gly Met Met Met Leu Asp Lys Met Lys Ile Leu
195 200 205
Val Pro Ser Phe Asp Thr Arg Pro Gly Gly Arg
210 215
<210> 294
<211> 219
<212> PRT
<213> Torque teno virus

<400> 294

Met Ala Trp Ser Trp Trp Trp Arg Arg Arg Lys Arg Trp Trp Pro Arg

1 5 10 15

Arg Arg Arg Arg Trp Arg Arg Phe Arg Thr Arg Arg Ala Arg Arg Ala

20 25 30

Val Pro Arg Arg Arg Arg Arg Arg Arg Val Arg Arg Arg Arg Trp Gly

35 40 45

Arg Arg Arg Arg Arg Arg Arg Val Phe Tyr Lys Arg Arg Arg Arg Lys

50 55 60

Thr Gly Arg Leu Tyr Arg Lys Pro Lys Lys Lys Leu Val Leu Thr Gln

65 70 75 80

Trp His Pro Thr Thr Val Arg Asn Cys Ser Ile Arg Gly Leu Val Pro

85 90 95

Leu Val Leu Cys Gly His Thr Gln Gly Gly Arg Asn Phe Ala Leu Arg

100 105 110

Ser Asp Asp Tyr Pro Lys Gln Gly Ser Pro Tyr Gly Gly Ser Phe Ser

115 120 125

Thr Thr Thr Trp Asn Leu Arg Val Leu Phe Asp Glu His Gln Lys His

130 135 140

His Asn Thr Trp Ser Tyr Pro Asn Asn Gln Leu Asp Leu Gly Arg Tyr

145 150 155 160

Lys Gly Cys Thr Phe Tyr Phe Tyr Arg Asp Lys Lys Thr Asp Tyr Ile

165 170 175

Val Lys Phe Gln Arg Arg Gly Pro Phe Lys Ile Asn Lys Tyr Ser Ser

180 185 190

Pro Met Ala His Pro Gly Met Met Met Leu Asp Lys Met Lys Ile Leu

195 200 205

Val Pro Ser Phe Asp Thr Arg Pro Gly Gly Arg

210 215

<210> 295

<211> 219

<212> PRT

<213> Torque teno virus

<400> 295

Met Ala Trp Ser Trp Trp Trp Arg Arg Arg Lys Arg Trp Trp Pro Arg
1 5 10 15

Arg Arg Arg Arg Trp Arg Arg Phe Arg Thr Arg Arg Ala Arg Arg Ala
20 25 30

Val Pro Arg Arg Arg Arg Arg Arg Arg Val Arg Arg Arg Arg Trp Gly
35 40 45

Arg Arg Arg Arg Arg Arg Arg Val Phe Tyr Lys Arg Arg Arg Arg Lys
50 55 60

Thr Gly Arg Leu Tyr Arg Lys Pro Lys Lys Lys Leu Val Leu Thr Gln
65 70 75 80

Trp His Pro Thr Thr Val Arg Asn Cys Ser Ile Arg Gly Leu Val Pro
85 90 95

Leu Val Leu Cys Gly His Thr Gln Gly Gly Arg Asn Phe Ala Leu Arg
100 105 110

Ser Asp Asp Tyr Pro Lys Gln Gly Ser Pro Tyr Gly Gly Ser Phe Ser
115 120 125

Thr Thr Thr Trp Asn Leu Arg Val Leu Phe Asp Glu His Gln Lys His
130 135 140

His Asn Thr Trp Ser Tyr Pro Asn Asn Gln Leu Asp Leu Gly Arg Tyr
145 150 155 160

Lys Gly Cys Thr Phe Tyr Phe Tyr Arg Asp Lys Lys Thr Asp Tyr Ile
165 170 175

Val Lys Phe Gln Arg Arg Gly Pro Phe Lys Ile Asn Lys Tyr Ser Ser
180 185 190

Pro Met Ala His Pro Gly Met Met Met Leu Asp Lys Met Lys Ile Leu
195 200 205

Val Pro Ser Phe Asp Thr Arg Pro Gly Gly Arg
210 215

<210> 296

<211> 469

<212> PRT

<213> Torque teno virus

<400> 296

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

1 5 10 15

Glu Asn Leu Phe Asn Lys Leu Tyr Ser Lys Cys Cys Tyr Phe Glu Thr

20 25 30

Phe Gln Thr Ile Ala Gln Leu Asn Pro Gly Phe Lys Ala Ala Lys Lys

35 40 45

Thr Thr Asn Gly Ser Gly Ser Thr Ala Ala Thr Leu Gly Asp Ala Val

50 55 60

Thr Glu Leu Lys Asn Pro Asn Gly Thr Phe Tyr Thr Gly Asn Asn Ser

65 70 75 80

Thr Phe Gly Cys Cys Thr Tyr Lys Pro Thr Lys Gln Ile Gly Ser Asn

85 90 95

Ala Asn Lys Trp Phe Trp His Gln Leu Thr Ala Thr Asp Ser Asp Thr

100 105 110

Leu Gly Gln Tyr Gly Arg Ala Ser Ile Gln Tyr Met Glu Tyr His Thr

115 120 125

Gly Ile Tyr Ser Ser Ile Phe Leu Ser Pro Leu Arg Ser Asn Leu Glu

130 135 140

Leu Pro Thr Ala Tyr Gln Asp Val Thr Tyr Asn Pro Leu Thr Asp Arg

145 150 155 160

Gly Ile Gly Asn Arg Ile Trp Tyr Gln Tyr Ser Thr Lys Glu Asn Thr

165 170 175

Thr Phe Asn Glu Thr Gln Cys Lys Cys Val Leu Ser Asp Leu Pro Leu

180 185 190

Trp Ser Met Phe Tyr Gly Tyr Val Asp Phe Ile Glu Ser Glu Leu Gly

195 200 205

Ile Ser Ala Glu Ile His Asn Phe Gly Ile Val Cys Val Gln Cys Pro

210 215 220

Tyr Thr Phe Pro Pro Met Phe Asp Lys Ser Lys Pro Asp Lys Gly Tyr

225 230 235 240

Val Phe Tyr Asp Thr Leu Phe Gly Asn Gly Lys Met Pro Asp Gly Ser

245 250 255

Gly His Val Pro Thr Tyr Trp Gln Gln Arg Trp Trp Pro Arg Phe Ser

260 265 270

Phe Gln Arg Gln Val Met His Asp Ile Ile Leu Thr Gly Pro Phe Ser

275 280 285

Tyr Lys Asp Asp Ser Val Met Thr Gly Ile Thr Ala Gly Tyr Lys Phe

290 295 300

Lys Phe Ser Trp Gly Gly Asp Met Val Ser Glu Gln Val Ile Lys Asn

305 310 315 320

Pro Glu Arg Gly Asp Gly Arg Asp Ser Thr Tyr Pro Asp Arg Gln Arg

325 330 335

Arg Asp Ser Gln Val Val Asp Pro Arg Ser Met Gly Pro Gln Trp Val

340 345 350

Phe His Thr Phe Asp Tyr Arg Arg Gly Leu Phe Gly Lys Asp Ala Ile

355 360 365

Lys Arg Val Ser Glu Lys Pro Thr Asp Pro Asp Tyr Phe Thr Thr Pro

370 375 380

Tyr Lys Lys Pro Arg Phe Phe Pro Pro Thr Ala Gly Glu Glu Lys Leu

385 390 395 400

Gln Glu Glu Asp Ser Ala Leu Gln Glu Lys Arg Ser Pro Leu Ser Ser

405 410 415

Glu Glu Gly Gln Thr Arg Ala Gln Val Leu Gln Gln Gln Val Leu Gln

420 425 430

Ser Glu Leu Gln Gln Gln Gln Glu Leu Gly Glu Gln Leu Arg Phe Leu

435 440 445

Leu Arg Glu Met Phe Lys Thr Gln Ala Gly Ile His Met Asn Pro Arg

450 455 460

Ala Phe Gln Glu Leu

465

<210> 297

<211> 469

<212> PRT

<213> Torque teno virus

<400> 297

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

1 5 10 15

Glu Asn Leu Phe Asn Lys Leu Tyr Ser Lys Cys Cys Tyr Phe Glu Thr

20 25 30

Phe Gln Thr Ile Ala Gln Leu Asn Pro Gly Phe Lys Ala Ala Lys Lys

35 40 45

Thr Thr Asn Gly Ser Gly Ser Thr Ala Ala Thr Leu Gly Asp Ala Val

50 55 60

Thr Glu Leu Lys Asn Pro Asn Gly Thr Phe Tyr Thr Gly Asn Asn Ser

65 70 75 80

Thr Phe Gly Cys Cys Thr Tyr Lys Pro Thr Lys Gln Ile Gly Ser Asn

85 90 95

Ala Asn Lys Trp Phe Trp His Gln Leu Thr Ala Thr Asp Ser Asp Thr

100 105 110

Leu Gly Gln Tyr Gly Arg Ala Ser Ile Gln Tyr Met Glu Tyr His Thr

115 120 125

Gly Ile Tyr Ser Ser Ile Phe Leu Ser Pro Leu Arg Ser Asn Leu Glu

130 135 140

Leu Pro Thr Ala Tyr Gln Asp Val Thr Tyr Asn Pro Leu Thr Asp Arg

145 150 155 160

Gly Ile Gly Asn Arg Ile Trp Tyr Gln Tyr Ser Thr Lys Glu Asn Thr

165 170 175

Thr Phe Asn Glu Thr Gln Cys Lys Cys Val Leu Ser Asp Leu Pro Leu

180 185 190

Trp Ser Met Phe Tyr Gly Tyr Val Asp Phe Ile Glu Ser Glu Leu Gly

195 200 205

Ile Ser Ala Glu Ile His Asn Phe Gly Ile Val Cys Val Gln Cys Pro

210 215 220

Tyr Thr Phe Pro Pro Met Phe Asp Lys Ser Lys Pro Asp Lys Gly Tyr

225 230 235 240

Val Phe Tyr Asp Thr Leu Phe Gly Asn Gly Lys Met Pro Asp Gly Ser

245 250 255

Gly His Val Pro Thr Tyr Trp Gln Gln Arg Trp Trp Pro Arg Phe Ser

260 265 270

Phe Gln Arg Gln Val Met His Asp Ile Ile Leu Thr Gly Pro Phe Ser

275 280 285

Tyr Lys Asp Asp Ser Val Met Thr Gly Ile Thr Ala Gly Tyr Lys Phe

290 295 300

Lys Phe Ser Trp Gly Gly Asp Met Val Ser Glu Gln Val Ile Lys Asn

305 310 315 320

Pro Glu Arg Gly Asp Gly Arg Asp Ser Thr Tyr Pro Asp Arg Gln Arg

325 330 335

Arg Asp Ser Gln Val Val Asp Pro Arg Ser Met Gly Pro Gln Trp Val

340 345 350

Phe His Thr Phe Asp Tyr Arg Arg Gly Leu Phe Gly Lys Asp Ala Ile

355 360 365

Lys Arg Val Ser Glu Lys Pro Thr Asp Pro Asp Tyr Phe Thr Thr Pro

370 375 380

Tyr Lys Lys Pro Arg Phe Phe Pro Pro Thr Ala Gly Glu Glu Lys Leu

385 390 395 400

Gln Glu Glu Asp Ser Ala Leu Gln Glu Lys Arg Ser Pro Leu Ser Ser

405 410 415

Glu Glu Gly Gln Thr Arg Ala Gln Val Leu Gln Gln Gln Val Leu Gln

420 425 430

Ser Glu Leu Gln Gln Gln Gln Glu Leu Gly Glu Gln Leu Arg Phe Leu

435 440 445

Leu Arg Glu Met Phe Lys Thr Gln Ala Gly Ile His Met Asn Pro Arg

450 455 460

Ala Phe Gln Glu Leu

465

<210> 298

<211> 469

<212> PRT

<213> Torque teno virus

<400> 298

Met Tyr Tyr Asp Cys Ile Gly Ile Asn Ser Thr Leu Thr Thr Lys Tyr

1 5 10 15

Glu Asn Leu Phe Asn Lys Leu Tyr Ser Lys Cys Cys Tyr Phe Glu Thr

20 25 30

Phe Gln Thr Ile Ala Gln Leu Asn Pro Gly Phe Lys Ala Ala Lys Lys

35 40 45

Thr Thr Asn Gly Ser Gly Ser Thr Ala Ala Thr Leu Gly Asp Ala Val

50 55 60

Thr Glu Leu Lys Asn Pro Asn Gly Thr Phe Tyr Thr Gly Asn Asn Ser

65 70 75 80

Thr Phe Gly Cys Cys Thr Tyr Lys Pro Thr Lys Gln Ile Gly Ser Asn

85 90 95

Ala Asn Lys Trp Phe Trp His Gln Leu Thr Ala Thr Asp Ser Asp Thr

100 105 110

Leu Gly Gln Tyr Gly Arg Ala Ser Ile Gln Tyr Met Glu Tyr His Thr

115 120 125

Gly Ile Tyr Ser Ser Ile Phe Leu Ser Pro Leu Arg Ser Asn Leu Glu

130 135 140

Phe Pro Thr Ala Tyr Gln Asp Val Thr Tyr Asn Pro Leu Thr Asp Arg

145 150 155 160

Gly Ile Gly Asn Arg Ile Trp Tyr Gln Tyr Ser Thr Lys Glu Asn Thr

165 170 175

Thr Phe Asn Glu Thr Gln Cys Lys Cys Val Leu Ser Asp Leu Pro Leu

180 185 190

Trp Ser Met Phe Tyr Gly Tyr Val Asp Phe Ile Glu Ser Glu Leu Gly

195 200 205

Ile Ser Ala Glu Ile His Asn Phe Gly Ile Val Cys Val Gln Cys Pro

210 215 220

Tyr Thr Phe Pro Pro Met Phe Asp Lys Ser Lys Pro Asp Lys Gly Tyr

225 230 235 240

Val Phe Tyr Asp Thr Leu Phe Gly Asn Gly Lys Met Pro Asp Gly Ser

245 250 255

Gly His Val Pro Thr Tyr Trp Gln Gln Arg Trp Trp Pro Arg Phe Ser

260 265 270

Phe Gln Arg Gln Val Met His Asp Ile Ile Leu Thr Gly Pro Phe Ser

275 280 285

Tyr Lys Asp Asp Ser Val Met Thr Gly Ile Thr Ala Gly Tyr Lys Phe

290 295 300

Lys Phe Ser Trp Gly Gly Asp Met Val Ser Glu Gln Val Ile Lys Asn

305 310 315 320

Ser Glu Arg Gly Asp Gly Arg Asp Ser Thr Tyr Pro Asp Arg Gln Arg

325 330 335

Arg Asp Leu Gln Val Val Asp Pro Arg Ser Met Gly Pro Gln Trp Val

340 345 350

Phe His Thr Phe Asp Tyr Arg Arg Gly Leu Phe Gly Lys Asp Ala Ile

355 360 365

Lys Arg Val Ser Glu Lys Pro Thr Asp Pro Asp Tyr Phe Thr Thr Pro

370 375 380

Tyr Lys Lys Pro Arg Phe Phe Pro Pro Thr Ala Gly Glu Glu Lys Leu

385 390 395 400

Gln Glu Glu Asp Ser Ala Leu Gln Glu Lys Arg Ser Pro Leu Ser Ser

405 410 415

Glu Glu Gly Gln Thr Arg Ala Gln Val Leu Gln Gln Gln Val Leu Gln

420 425 430

Ser Glu Leu Gln Gln Gln Gln Glu Leu Gly Glu Gln Leu Arg Phe Leu

435 440 445

Leu Arg Glu Met Phe Lys Thr Gln Ala Gly Ile His Met Asn Pro Arg

450 455 460

Ala Phe Gln Glu Leu

465

<210> 299

<211> 469

<212> PRT

<213> Torque teno virus

<400> 299

Met Tyr Tyr Asp Cys Ile Gly Ile Asn Ser Thr Leu Thr Thr Lys Tyr

1 5 10 15

Glu Asn Leu Phe Asn Lys Leu Tyr Ser Lys Cys Cys Tyr Phe Glu Thr

20 25 30

Phe Gln Thr Ile Ala Gln Leu Asn Pro Gly Phe Lys Ala Ala Lys Lys

35 40 45

Thr Thr Asn Gly Ser Gly Ser Thr Ala Ala Thr Leu Gly Asp Ala Val

50 55 60

Thr Glu Leu Lys Asn Pro Asn Gly Thr Phe Tyr Thr Gly Asn Asn Ser

65 70 75 80

Thr Phe Gly Cys Cys Thr Tyr Lys Pro Thr Lys Gln Ile Gly Ser Asn

85 90 95

Ala Asn Lys Trp Phe Trp His Gln Leu Thr Ala Thr Asp Ser Asp Thr

100 105 110

Leu Gly Gln Tyr Gly Arg Ala Ser Ile Gln Tyr Met Glu Tyr His Thr

115 120 125

Gly Ile Tyr Ser Ser Ile Phe Leu Ser Pro Leu Arg Ser Asn Leu Glu

130 135 140

Phe Pro Thr Ala Tyr Gln Asp Val Thr Tyr Asn Pro Leu Thr Asp Arg

145 150 155 160

Gly Ile Gly Asn Arg Ile Trp Tyr Gln Tyr Ser Thr Lys Glu Asn Thr

165 170 175

Thr Phe Asn Glu Thr Gln Cys Lys Cys Val Leu Ser Asp Leu Pro Leu

180 185 190

Trp Ser Met Phe Tyr Gly Tyr Val Asp Phe Ile Glu Ser Glu Leu Gly

195 200 205

Ile Ser Ala Glu Ile His Asn Phe Gly Ile Val Cys Val Gln Cys Pro

210 215 220

Tyr Thr Phe Pro Pro Met Phe Asp Lys Ser Lys Pro Asp Lys Gly Tyr

225 230 235 240

Val Phe Tyr Asp Thr Leu Phe Gly Asn Gly Lys Met Pro Asp Gly Ser

245 250 255

Gly His Val Pro Thr Tyr Trp Gln Gln Arg Trp Trp Pro Arg Phe Ser

260 265 270

Phe Gln Arg Gln Val Met His Asp Ile Ile Leu Thr Gly Pro Phe Ser

275 280 285

Tyr Lys Asp Asp Ser Val Met Thr Gly Ile Thr Ala Gly Tyr Lys Phe

290 295 300

Lys Phe Ser Trp Gly Gly Asp Met Val Ser Glu Gln Val Ile Lys Asn

305 310 315 320

Ser Glu Arg Gly Asp Gly Arg Asp Ser Thr Tyr Pro Asp Arg Gln Arg

325 330 335

Arg Asp Leu Gln Val Val Asp Pro Arg Ser Met Gly Pro Gln Trp Val

340 345 350

Phe His Thr Phe Asp Tyr Arg Arg Gly Leu Phe Gly Lys Asp Ala Ile

355 360 365

Lys Arg Val Ser Glu Lys Pro Thr Asp Pro Asp Tyr Phe Thr Thr Pro

370 375 380

Tyr Lys Lys Pro Arg Phe Phe Pro Pro Thr Ala Gly Glu Glu Lys Leu

385 390 395 400

Gln Glu Glu Asp Ser Ala Leu Gln Glu Lys Arg Ser Pro Leu Ser Ser

405 410 415

Glu Glu Gly Gln Thr Arg Ala Gln Val Leu Gln Gln Gln Val Leu Gln

420 425 430

Ser Glu Leu Gln Gln Gln Gln Glu Leu Gly Glu Gln Leu Arg Phe Leu

435 440 445

Leu Arg Glu Met Phe Lys Thr Gln Ala Gly Ile His Met Asn Pro Arg

450 455 460

Ala Phe Gln Glu Leu

465

<210> 300

<211> 76

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide"

<400> 300

gccauuuuaa guagcugacg ucaaggauug acguaaaggu uaaaggucau ccucggcgga 60

agcuacacaa aauggu 76

<210> 301

<211> 78

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide"

<400> 301

gcguacguca caagucacgu ggaggggacc cgcuguaacc cggaaguagg ccccgucacg 60

ugacuuacca cgugugua 78

<210> 302

<211> 77

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 302

gccauuuuaa guagcugacg ucaaggauug acgugaaggu uaaaggucau ccucggcgga 60

agcuacacaa aauggug 77

<210> 303

<211> 78

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 303

gcacacguca uaagucacgu gguggggacc cgcuguaacc cggaaguagg ccccgucacg 60

ugauuuguca cgugugua 78

<210> 304

<211> 66

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 304

cuuccggguc auaggucaca ccuacgucac aagucacgug gggaggguug gcguauagcc 60

cggaag 66

<210> 305

<211> 68

<

212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide"

<400> 305

gccgggggggc ugccgccccc cccggggaaa ggggggggcc ccccccgggg gggggguuugc 60

cccccggc 68

<210> 306

<211> 78

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide"

<400> 306

auacgucauc agucacgugg gggaaggcgu gccuaaaccc ggaagcaucc ucguccacgu 60

gacugugacg uguguggc 78

<210> 307

<211> 73

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide"

<400> 307

cauuuuaagu aaggcggaag cagcucggcg uacacaaaau ggcggcggag cacuuccggc 60

uugcccaaaa ugg 73

<210> 308

<211> 71

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide"

<400> 308

gucacaaguc acguggggag gguuggcguu uaacccggaa gccaauccuc uuacguggcc 60

ugucacguga c 71

<210> 309

<211> 70

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 309

cgaccgcguc ccgaaggcgg guacccgagg ugaguuuaca caccgagguu aagggccaau 60

ucgggcuugg 70

<210> 310

<211> 59

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 310

cgcgguaucg uagccgacgc ggaccccguu uucggggccc ccgcggggcu cucggcgcg 59

<210> 311

<211> 78

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 311

cgccauuuug ugauacgcgc gucccccuccc ggcuuccgua caacgucagg cggggcgugg 60

ccguaucaga aaauggcg 78

<210> 312

<211> 77

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide"

<400> 312

gcuacgucau aagucacgug acugggcagg uacuaaaccc ggaaguaucc ucggucacgu 60

ggccugucac guaguug 77

<210> 313

<211> 80

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide"

<400> 313

ggcusugacg ucaaagucac gugggraggg uggcguuaaa cccggaaguc auccucguca 60

cgugaccuga cgucacagcc 80

<210> 314

<211> 66

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide"

<400> 314

gcccguccgc ggcgagagcg cgagcgaagc gagcgaucga gcgucccgug ggcgggugcc 60

gaaggu 66

<210> 315

<211> 80

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide"

<400> 315

gguugugacg ucaaagucac guggggaggg cggcguuaaa cccggaaguc auccucguca 60

cgugaccuga cgucacggcc 80

<210> 316

<211> 67

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide"

<400> 316

gcccguccgc ggcgagagcg cgagcgaagc gagcgaucga gcgucccgug ggcgggugcc 60

guaggug 67

<210> 317

<211> 67

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide"

<400> 317

gcccguccgc ggcgagagcg cgagcgaagc gagcgaucga gcgucccgug ggcgggugcc 60

guaggug 67

<210> 318

<211> 80

<

212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide"

<400> 318

ggcugugacg ucaaagucac guggggaggg cggcguuaaa cccggaaguc auccucguca 60

cgugaccuga cgucacggcc 80

<210> 319

<211> 79

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide"

<400> 319

agaccacgug guaagucacg ugggggcagc ugcuguaaac ccggaaguag cugacccgcg 60

ugacugguca cgugaccug 79

<210> 320

<211> 78

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide"

<400> 320

cgccauuuua uaauacgcgc gucccccuccc ggcuuccgua cuacgucagg cggggcgugg 60

ccguauuaga aaauggug 78

<210> 321

<211> 72

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide"

<400> 321

uaaguaaggc ggaaccaggc ugucacccug ugucaaaggu caagggacag ccuuccggcu 60

ugcacaaaau gg 72

<210> 322

<211> 78

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 322

ugccuacguc auaagucacg uggggacggc ugcuguaaac acggaaguag cugacccgcg 60

ugacuuguca cgugagca 78

<210> 323

<211> 72

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 323

uuguguaagg cggaacaggc ugacaccccg ugucaaaggu caggggucag ccuccgcuuu 60

gcaccaaaug gu 72

<210> 324

<211> 79

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 324

uaccuacguc auaagucacg ugggaagagc ugcugugaac cuggaaguag cugacccgcg 60

uggcuuguca cgugagugc 79

<210> 325

<211> 75

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 325

uuuuccuggc ccguccgcgg cgagagcgcg agcgaagcga gcgaucgggc gucccgaggg 60

cgggugccgg aggug 75

<210> 326

<211> 68

<

212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 326

aaagugagug gggccagacu ucgccauagg gccuuuaacu uccgggugcg ucuguggggcc 60

gccauuuu 68

<210> 327

<211> 73

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 327

gugacguuac ucucacguga ugggggcgug cucuaacccg gaagcauccu cgaccacgug 60

acugugacgu cac 73

<210> 328

<211> 75

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 328

agcgucuacu acguacacuu ccuggggugu guccugccac uguauauaaa ccagaggggu 60

gacgaauggu agagu 75

<210> 329

<211> 73

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide"

<400> 329

gugacgucaa agucacgugg ugacggccau uuuaacccgg aaguggcugu ugucacguga 60

cuugacguca cgg 73

<210> 330

<211> 62

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide"

<400> 330

gcuuuagacg ccauuuuagg cccucgcggg cacccguagg cgcguuuuaa ugacgucacg 60

gc 62

<210> 331

<211> 73

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide"

<400> 331

cacccguagg cgcguuuuaa ugacgucacg gcagccauuu ugucgugacg uuugagacac 60

gugaugggg cgu 73

<210> 332

<211> 80

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 332

gucgugacgu uugagacacg ugauggggggc gugccuaaac ccggaagcau cccuggucac 60

gugacucuga cgucacggcg 80

<210> 333

<211> 77

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 333

cgaaagugag uggggccaga cuucgccaua aggccuuuaa cuuccgggug cgugugggggg 60

ccgccauuuu agcuucg 77

<210> 334

<211> 76

<

212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 334

cugugacguc aaagucacgu ggggaggggcg gcguguaacc cggaagucau ccucgucacg 60

ugaccugacg ucacgg 76

<210> 335

<211> 73

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide"

<400> 335

cuguccgcca ucuugugacu uccuuccgcu uuuucaaaaa aaaagaggaa guaugacgua 60

gcggcggggg ggc 73

<210> 336

<211> 67

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide"

<400> 336

gguagaguuu uuuccgcccg uccgcagcga ggacgcgagc gcagcgagcg gccgagcgac 60

ccguggg 67

<210> 337

<211> 80

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide"

<400> 337

gcugugacgu uucagucacg uggggaggga acgccuaaac ccggaagcgu cccuggucac 60

gugauuguga cgucacggcc 80

<210> 338

<211> 63

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide"

<400> 338

ccgccauuuu gugacuuccu uccgcuuuuu caaaaaaaaa gaggaagugu gacguagcgg 60

cgg 63

<210> 339

<211> 78

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 339

gacugugacg ucaaagucac gugggggaggg cggcguguaa cccggaaguc auccucguca 60

cgugaccuga cgucacgg 78

<210> 340

<211> 73

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 340

cuguccgcca ucuugugacu uccuuccgcu uuuucaaaaa aaaagaggaa guaugacgug 60

gcggcggggg ggc 73

<210> 341

<211> 80

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 341

gguugugacg ucaaagucac gugggggaggg cggcguguaa cccggaaguc auccucguca 60

cgugaccuga cgucacggcc 80

<210> 342

<211> 65

<

212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 342

cccgccaucu ugugacuucc uuccgcuuuu ucaaaaaaaa agaggaagug ugacguagcg 60

gcggg 65

<210> 343

<211> 67

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 343

gcccguccgc ggcgagagcg cgagcgaagc gagcgaucga gcgucccgug ggcgggugcc 60

guaggug 67

<210> 344

<211> 78

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 344

gacugugacg ucaaagucac gugggggagga gggcguguaa cccggaaguc auccucguca 60

cgugaccuga cgucacgg 78

<210> 345

<211> 62

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide"

<400> 345

ucgcgucuua gugacgucac ggcagccauc uugguccuga cgucacuguc acguggggag 60

gg 62

<210> 346

<211> 76

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide"

<400> 346

ugacgucacu gucacguggg gagggaacac gugaacccgg aagugucccu ggucacguga 60

caugacguca cggccg 76

<210> 347

<211> 78

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide"

<400> 347

cgccauuuua aguaagcaug gcgggcggug augucaaaug uuaaagguca cagccgguca 60

ugcuugcaca aaauggcg 78

<210> 348

<211> 78

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide"

<400> 348

cgccauuuua aguaagcaug gcgggcggug acgugcaaug ucaaagguca cagccuguca 60

ugcuugcaca aaauggcg 78

<210> 349

<211> 72

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide"

<400> 349

ccaucuuaag uaguugaggc ggacgguggc gucgguucaa aggucaccau cagccacacc 60

uacucaaaau gg 72

<210> 350

<211> 67

<

212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide"

<400> 350

gccugucaug cuugcacaaa auggcggacu uccgcuuccg ggucgccgcc auauuugguc 60

acgugac 67

<210> 351

<211> 76

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide"

<400> 351

gccauuuuaa guagcugacg ucaaggauug acguaaaggu uaaaggucau ccucggcgga 60

agcuacacaa aauggu 76

<210> 352

<211> 76

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide"

<400> 352

gccauuuuaa guagcugacg ucaaggauug acguaaaggu uaaaggucau ccucggcgga 60

agcuacacaa aauggu 76

<210> 353

<211> 78

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide"

<400> 353

gcauacguca caagucacgu ggggggggacc cgcuguaacc cggaaguagg ccccgucacg 60

ugacuuacca cgugugua 78

<210> 354

<211> 76

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide"

<400> 354

gccauuuuaa guagcugacg ucaaggauug acgugaaggu uaaaggucau ccucggcgga 60

agcuacacaa aauggu 76

<210> 355

<211> 78

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 355

gcacacguca uaagucacgu gguggggacc cgcuguaacc cggaaguagg ccccgucacg 60

ugauuuguca cgugugua 78

<210> 356

<211> 76

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 356

gccauuuuaa gucagcucug gggaggcgug acuuccaguu caaaggucau ccucaccaua 60

acuggcacaa aauggc 76

<210> 357

<211> 76

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 357

gccauuuuaa guagcugacg ucaaggauug acguaaaggu uaaaggucau ccucggcgga 60

agcuacacaa aauggu 76

<210> 358

<211> 78

<

212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 358

gcauacguca caagucacgu ggaggggaca cgcuguaacc cggaaguagg ccccgucacg 60

ugacuuacca cgugugua 78

<210> 359

<211> 79

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 359

gcgccauguu aaguggcugu cgccgaggau ugacgucaca guucaaaggu cauccucgac 60

gguaaccgca aacauggcg 79

<210> 360

<211> 76

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 360

caugcgucau aagucacaug acaggggucc acuuaaacac ggaaguaggc cccgacaugu 60

gacucgucac gugugu 76

<210> 361

<211> 73

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide"

<400> 361

uggcagcacu uccgaauggc ugaguuuucc acgcccgucc gcggagaggg agccacggag 60

gugaucccga acg 73

<210> 362

<211> 78

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide"

<400> 362

gccauuuuaa gucagcgcug gggaggcaug acuguaaguu caaaggucau ccucaccgga 60

acugacacaa aauggccg 78

<210> 363

<211> 80

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide"

<400> 363

gccaucuuaa guggcugucg ccgaggauug acgucacagu ucaaagguca uccucggcgg 60

uaaccgcaaa gauggcgguc 80

<210> 364

<211> 76

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide"

<400> 364

auacgucaua agucacaugu cuaggggucc acuuaaacac ggaaguaggc cccgacaugu 60

gacucgucac gugugu 76

<210> 365

<211> 77

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 365

ccauuuuaag uaaggcggaa gcagcugucc cuguaacaaa auggcggcga cagccuuccg 60

cuuugcacaa aauggag 77

<210> 366

<211> 80

<

212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 366

gccaucuuaa guggcugucg cugaggauug acgucacagu ucaaagguca uccucggcgg 60

uaaccgcaaa gauggcgguc 80

<210> 367

<211> 76

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 367

cauacgucau aagucacaug acaggagucc acuuaaacac ggaaguaggc cccgacaugu 60

gacucgucac gugugu 76

<210> 368

<211> 80

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide"

<400> 368

cgccaucuua aguggcuguc gccgaggauu ggcgucacag uucaaagguc auccucggcg 60

guaaccgcaa agauggcggu 80

<210> 369

<211> 76

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide"

<400> 369

cauacgucau aagucacaug acaggggucc acuuaaacac ggaaguaggc cccgacaugu 60

gacucgucac gugugu 76

<210> 370

<211> 78

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide"

<400> 370

gcauacguca caagucacgu ggggggggacc cgcuguaacc cggaaguagg ccccgucacg 60

ugacuuacca cguggugu 78

<210> 371

<211> 77

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 371

ccgccauuuu aggcuguugc cgggcguuug acuuccgugu uaaaggucaa acacccagcg 60

acaccaaaaa auggccg 77

<210> 372

<211> 77

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 372

cuacgucaua agucacguga cagggagggg cgacaaaccc ggaagucauc cucgcccacg 60

ugacuuacca cguggug 77

<210> 373

<211> 77

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 373

gccauuuuaa guaggugacg uccaggacug acguaaaguu caaaggucau ccucggcgga 60

accuauacaa aauggcg 77

<210> 374

<211> 76

<

212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 374

cuacgucaua agucacgugg ggacggcugu acuuaaacac ggaaguaggc cccgucacgu 60

gauuuaccac guggug 76

<210> 375

<211> 73

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide"

<400> 375

gccauuuuaa guaaggcgga agagcucuag cuauacaaaa uggcggcgga gcacuuccgc 60

uuugcccaaa aug 73

<210> 376

<211> 77

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide"

<400> 376

gccauuuuaa guagcugacg ucaaggauug acguagaggu uaaaggucau ccucggcgga 60

agcuacacaa aauggug 77

<210> 377

<211> 78

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide"

<400> 377

gcauacguca caagucacgu ggggggggacc cgcuguaacc cggaaguagg ccccgucacg 60

ugacuuacca cgugugua 78

<210> 378

<211> 80

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 378

ggcgccauuu uaaguaagca uggcgggcgg cgacgucaca ugucaaaggu caccgcacuu 60

ccgugcuugc acaaaauggc 80

<210> 379

<211> 73

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 379

ugcuacguca ucgagacacg uggugccagc agcuguaaac ccggaagucg cugacacacg 60

ugucuuguca cgu 73

<210> 380

<211> 78

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 380

gccauuuuaa guaagcaccg ccuagggaug acguauaagu ucaaagguca uccucagccg 60

gaacuuacac aaaauggu 78

<210> 381

<211> 72

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 381

acgucauaug ucacgugggg aggcccugcu gcgcaaacgc ggaaguaggc cccgucacgu 60

gucauaccac gu 72

<210> 382

<211> 77

<

212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 382

ccauuuuaag uaaggcggaa gcagcuccac uuucucacaa aauggcggcg gggcacuucc 60

ggcuugccca aaauggc 77

<210> 383

<211> 72

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 383

ccauuuuaag uaaggcggaa guuucuccac uauacaaaau ggcggcggag cacuuccggc 60

uugcccaaaa ug 72

<210> 384

<211> 72

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 384

ccaucuuaag uaguugaggc ggacgguggc gugaguucaa aggucaccau cagccacacc 60

uacucaaaau gg 72

<210> 385

<211> 76

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide"

<400> 385

cgccaucuua aguaguugag gcggacggug gcgugaguuc aaaggucacc aucagccaca 60

ccuacucaaa auggug 76

<210> 386

<211> 73

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide"

<400> 386

uuucggaccu ucggcgucgg gggggucggg ggcuuuacua aacagacucc gagaugccau 60

uggacacuga ggg 73

<210> 387

<211> 76

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide"

<400> 387

ccauuuuaag uaggugccgu ccagcacugc uguuccgggu uaaagggcau ccucggcgga 60

accuauacaa aauggc 76

<210> 388

<211> 73

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 388

cuacgucauc gaugacgugg ggaggcguac uaugaaacgc ggaaguaggc cccgcuacgu 60

caucaucacg ugg 73

<210> 389

<211> 73

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 389

ccauuuuaag uaaggcggaa gagcugcucu auauacaaaa uggcggagga gcacuuccgg 60

cuugcccaaa aug 73

<210> 390

<211> 75

<

212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 390

ugccuacgua acaagucacg uggggagggu uggcguauaa cccggaaguc aauccuccca 60

cguggccugu cacgu 75

<210> 391

<211> 72

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide"

<400> 391

uaaguaaggc ggaaccaggc ugucaccccg ugucaaaggu caggggucag ccuuccgcuu 60

uacacaaaau gg 72

<210> 392

<211> 72

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide"

<400> 392

uaaguaaggc ggaaccaggc ugucaccccg ugucaaaggu caggggucag ccuuccgcuu 60

uacacaaaau gg 72

<210> 393

<211> 80

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide"

<400> 393

gcagccauuu uaagucagcu ucggggaggg ucacgcaaag uucaaagguc auccucaccg 60

gaacugguac aaaauggccg 80

<210> 394

<211> 74

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide"

<400> 394

ugcuacguca uaagugacgu agcugguguc ugcuguaaac acggaaguag gccccgccac 60

gucacuuguc acgu 74

<210> 395

<211> 23

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide"

<400> 395

aguagcugac gucaaggauu gac 23

<210> 396

<211> 22

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide"

<400> 396

caagucacgu ggaggggacc cg 22

<210> 397

<211> 25

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide"

<400> 397

aaguagcuga cgucaaggau ugacg 25

<210> 398

<211> 23

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 398

auaagucacg ugguggggac ccg 23

<210> 399

<211> 26

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 399

uggggagggu uggcguauag cccgga 26

<210> 400

<211> 24

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 400

ccccccccgg gggggguuu gccc 24

<210> 401

<211> 25

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 401

aucagucacg ugggggaagg cgugc 25

<210> 402

<211> 22

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide"

<400> 402

aaguaaggcg gaagcagcuc gg 22

<210> 403

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide"

<400> 403

agucacgugg ggaggguugg c 21

<210> 404

<211> 22

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide"

<400> 404

cccgaaggcg gguacccgag gu 22

<210> 405

<211> 23

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 405

uaucguagcc gacgcggacc ccg 23

<210> 406

<211> 26

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 406

auuuugugau acgcgcgucc ccuccc 26

<210> 407

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 407

aagucacgug acugggcagg u 21

<210> 408

<211> 26

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 408

ugacgucaaa gucacguggg ragggu 26

<210> 409

<211> 23

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 409

gaucgagcgu cccgugggcg ggu 23

<210> 410

<211> 28

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 410

ugacgucaaa gucacguggg gagggcgg 28

<210> 411

<211> 23

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 411

gaucgagcgu cccgugggcg ggu 23

<210> 412

<211> 23

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 412

gaucgagcgu cccgugggcg ggu 23

<210> 413
<211> 28
<212> RNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"
<400> 413
ugacgucaaa gucacguggg gagggcgg 28

<210> 414
<211> 26
<212> RNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"
<400> 414
acgugguaag ucacgugggg gcagcu 26

<210> 415
<211> 25
<212> RNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"
<400> 415
auuuuauaau acgcgcgucc ccucc 25

<210> 416
<211> 22
<212> RNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"
<400> 416
aagggacagc cuuccggcuu gc 22

<210> 417
<211> 25
<212> RNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"
<400> 417
cauaagucac gugggacgg cugcu 25
<210> 418
<211> 24
<212> RNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"
<400> 418
uaaggcggaa caggcugaca cccc 24

<210> 419
<211> 28
<212> RNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"
<400> 419
uacgucauaa gucacguggg aagagcug 28
<210> 420
<211> 22

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 420

ucgggcgucc cgagggcggg ug 22

<210> 421

<211> 25

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 421

aaagugagug gggccagacu ucgcc 25

<210> 422

<211> 22

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 422

cucucacgug auggggcgu gc 22

<210> 423

<211> 28

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 423

ucuacuacgu acacuuccug gggugugu 28

<210> 424

<211> 22

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide"

<400> 424

uggcuguugu cacgugacuu ga 22

<210> 425

<211> 24

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide"

<400> 425

agacgccauu uuaggcccuc gcgg 24

<210> 426

<211> 25

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide"

<400> 426

ugucgugacg uuugagacac gugau 25

<210> 427

<211> 30

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 427

ugacguuuga gacacgugau gggggcgugc 30

<210> 428

<211> 22

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 428

agugaguggg gccagacuuc gc 22

<210> 429

<211> 30

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 429

ugugacguca aagucacgug gggagggcgg 30

<210> 430

<211> 27

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 430

aaaagaggaa guaugacgua gcggcgg 27

<210> 431

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 431

agcgagcggc cgagcgaccc g 21

<210> 432

<211> 24

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 432

uucagucacg uggggaggga acgc 24

<210> 433

<211> 24

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 433

aaaagaggaa gugugacgua gcgg 24

<210> 434

<211> 30

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 434

ugugacguca aagucacgug gggagggcgg 30

<210> 435
<211> 24
<212> RNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide"
<400> 435
aaaagaggaa guaugacgug gcgg 24

<210> 436
<211> 28
<212> RNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide"
<400> 436
ugacgucaaa gucacguggg gagggcgg 28

<210> 437
<211> 29
<212> RNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide"
<400> 437
aaaaaagagg aagugugacg uagcggcgg 29

<210> 438
<211> 23
<212> RNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"
<400> 438
gaucgagcgu cccgugggcg ggu 23

<210> 439
<211> 30
<212> RNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"
<400> 439
ugugacguca aagucacgug gggaggaggg 30
<210> 440
<211> 21
<212> RNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"
<400> 440
uugguccuga cgucacuguc a 21

<210> 441
<211> 27
<212> RNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"
<400> 441
cgucacuguc acguggggag ggaacac 27
<210> 442
<211> 24

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 442

uaaguaagca uggcgggcgg ugau 24

<210> 443

<211> 22

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 443

aaguaagcau ggcgggcggu ga 22

<210> 444

<211> 24

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 444

uaaguaguug aggcggacgg uggc 24

<210> 445

<211> 29

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 445

ucaugcuugc acaaaauggc ggacuuccg 29

<210> 446

<211> 23

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide"

<400> 446

aguagcugac gucaaggauu gac 23

<210> 447

<211> 23

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide"

<400> 447

aguagcugac gucaaggauu gac 23

<210> 448

<211> 23

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide"

<400> 448

acaagucacg ugggggggac ccg 23

<210> 449

<211> 25

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 449

aaguagcuga cgucaaggau ugacg 25

<210> 450

<211> 23

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 450

auaagucacg ugguggggac ccg 23

<210> 451

<211> 26

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 451

aagucagcuc uggggaggcg ugacuu 26

<210> 452

<211> 23

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 452

aguagcugac gucaaggauu gac 23

<210> 453

<211> 22

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 453

caagucacgu ggaggggaca cg 22

<210> 454

<211> 27

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 454

uguuaagugg cugucgccga ggauuga 27

<210> 455

<211> 22

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 455

uaagucacau gacagggguc ca 22

<210> 456

<211> 22

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 456

cggagaggga gccacggagg ug 22

<210> 457

<211> 23

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide"

<400> 457

aagucagcgc uggggaggca uga 23

<210> 458

<211> 28

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide"

<400> 458

ucuuaagugg cugucgccga ggauugac 28

<210> 459

<211> 24

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide"

<400> 459

aagucacaug ucuaggguc cacu 24

<210> 460

<211> 23

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"
<400> 460
aaguaaggcg gaagcagcug ucc 23

<210> 461
<211> 29
<212> RNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"
<400> 461
aucuuaagug gcugucgcug aggauugac 29
<210> 462
<211> 24
<212> RNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"
<400> 462
uaagucacau gacaggaguc cacu 24

<210> 463
<211> 22
<212> RNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"
<400> 463
aaguggcugu cgccgaggau ug 22
<210> 464
<211> 22

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 464

uaagucacau gacagggguc ca 22

<210> 465

<211> 23

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 465

acaagucacg ugggggggac ccg 23

<210> 466

<211> 28

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 466

auuuuaggcu guugccgggc guuugacu 28

<210> 467

<211> 23

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 467

auaagucacg ugacagggag ggg 23

<210> 468

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide"

<400> 468

aaguagguga cguccaggac u 21

<210> 469

<211> 24

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide"

<400> 469

cauaagucac gugggacgg cugu 24

<210> 470

<211> 26

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide"

<400> 470

uaaguaaggc ggaagagcuc uagcua 26

<210> 471

<211> 23

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 471

aguagcugac gucaaggauu gac 23

<210> 472

<211> 23

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 472

acaagucacg ugggggggac ccg 23

<210> 473

<211> 24

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 473

uaaguaagca uggcgggcgg cgac 24

<210> 474

<211> 25

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 474

aucgagacac guggugccag cagcu 25

<210> 475

<211> 30

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 475

ucauccucag ccggaacuua cacaaaaugg 30

<210> 476

<211> 26

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 476

auaugucacg uggggaggcc cugcug 26

<210> 477

<211> 26

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 477

aaguaaggcg gaagcagcuc cacuuu 26

<210> 478

<211> 24

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 478

aaguaaggcg gaaguuucuc cacu 24

<210> 479
<211> 24
<212> RNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide"
<400> 479
uaaguaguug aggcggacgg uggc 24

<210> 480
<211> 23
<212> RNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide"
<400> 480
uaaguaguug aggcggacgg ugg 23

<210> 481
<211> 27
<212> RNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide"
<400> 481
gaccuucggc gucgggggggg ucggggg 27

<210> 482
<211> 19
<212> RNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"
<400> 482
auccucggcg gaaccuaua 19

<210> 483
<211> 26
<212> RNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"
<400> 483
aucgaugacg uggggaggcg uacuau 26
<210> 484
<211> 24
<212> RNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"
<400> 484
uggcggagga gcacuuccgg cuug 24

<210> 485
<211> 25
<212> RNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"
<400> 485
aacaagucac guggggaggg uuggc 25
<210> 486
<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 486

aggggucagc cuuccgcuuu a 21

<210> 487

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 487

aggggucagc cuuccgcuuu a 21

<210> 488

<211> 24

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 488

uaagucagcu ucggggaggg ucac 24

<210> 489

<211> 27

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 489

ucauaaguga cguagcuggu gucugcu 27

<210> 490

<211> 23

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide"

<400> 490

cauccucggc ggaagcuaca caa 23

<210> 491

<211> 23

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide"

<400> 491

ggccccguca cgugacuuac cac 23

<210> 492

<211> 24

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide"

<400> 492

ucauccucgg cggaagcuac acaa 24

<210> 493

<211> 23

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"
<400> 493
ggccccguca cgugauuugu cac 23
<210> 494
<211> 27
<212> RNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"
<400> 494
ccgggucaua ggucacaccu acgucac 27

<210> 495
<211> 28
<212> RNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"
<400> 495
ggcugccgcc ccccccgggg aaaggggg 28
<210> 496
<211> 22
<212> RNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"
<400> 496
auccucgucc acgugacugu ga 22

<210> 497
<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 497

gagcacuucc ggcuugccca a 21

<210> 498

<211> 20

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 498

caauccucuu acguggccug 20

<210> 499

<211> 24

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 499

cgagguuaag ggccaauucg ggcu 24

<210> 500

<211> 23

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 500

gggccccgc ggggcucucg gcg 23

<210> 501

<211> 27

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide"

<400> 501

gcggggcgug gccguaucag aaaaugg 27

<210> 502

<211> 19

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide"

<400> 502

ccucggucac guggccugu 19

<210> 503

<211> 26

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide"

<400> 503

ccucgucacg ugaccugacg ucacag 26

<210> 504

<211> 25

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 504

ccguccgcgg cgagagcgcg agcga 25

<210> 505

<211> 27

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 505

auccucguca cgugaccuga cgucacg 27

<210> 506

<211> 25

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 506

ccguccgcgg cgagagcgcg agcga 25

<210> 507

<211> 25

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 507

ccguccgcgg cgagagcgcg agcga 25

<210> 508

<211> 27

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 508

auccucguca cgugaccuga cgucacg 27

<210> 509

<211> 25

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 509

cugacccgcg ugacugguca cguga 25

<210> 510

<211> 26

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 510

cggggcgugg ccguauuaga aaaugg 26

<210> 511

<211> 29

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 511

aguaaggcgg aaccaggcug ucacccugu 29

<210> 512

<211> 24

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide"

<400> 512

uagcugaccc gcgugacuug ucac 24

<210> 513

<211> 19

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide"

<400> 513

ggucagccuc cgcuuugca 19

<210> 514

<211> 28

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide"

<400> 514

gcugacccgc guggcuuguc acgugagu 28

<210> 515

<211> 25

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 515

ggcccguccg cggcgagagc gcgag 25

<210> 516

<211> 27

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 516

uccgggugcg ucuguggggcc gccauuu 27

<210> 517

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 517

auccucgacc acgugacugu g 21

<210> 518

<211> 30

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 518

auaaaccaga ggggugacga augguagagu 30

<210> 519

<211> 23

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 519

caaagucacg uggugacggc cau 23

<210> 520

<211> 26

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 520

guaggcgcgu uuuaaugacg ucacgg 26

<210> 521

<211> 28

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 521

uaggcgcguu uuaaugacgu cacggcag 28

<210> 522

<211> 29

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 522

aucccugguc acgugacucu gacgucacg 29

<210> 523

<211> 26

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide"

<400> 523

gcgugugggg gccgccauuu uagcuu 26

<210> 524

<211> 29

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide"

<400> 524

ucauccucgu cacgugaccu gacgucacg 29

<210> 525

<211> 29

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide"

<400> 525

cgccaucuug ugacuuccuu ccgcuuuuu 29

<210> 526

<211> 22

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"
<400> 526
uagaguuuuu uccgcccguc cg 22

<210> 527
<211> 23
<212> RNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"
<400> 527
gucccugguc acgugauugu gac 23
<210> 528
<211> 26
<212> RNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"
<400> 528
cauuuuguga cuuccuuccg cuuuuu 26

<210> 529
<211> 29
<212> RNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"
<400> 529
ucauccucgu cacgugaccu gacgucacg 29
<210> 530
<211> 30

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 530

ccgccaucuu gugacuuccu uccgcuuuuu 30

<210> 531

<211> 27

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 531

auccucguca cgugaccuga cgucacg 27

<210> 532

<211> 30

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 532

cgccaucuug ugacuuccuu ccgcuuuuuc 30

<210> 533

<211> 25

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 533

ccguccgcgg cgagagcgcg agcga 25

<210> 534

<211> 29

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide"

<400> 534

ucauccucgu cacgugaccu gacgucacg 29

<210> 535

<211> 23

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide"

<400> 535

cuuagugacg ucacggcagc cau 23

<210> 536

<211> 25

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide"

<400> 536

gucccugguc acgugacaug acguc 25

<210> 537

<211> 24

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 537

cacagccggu caugcuugca caaa 24

<210> 538

<211> 22

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 538

acagccuguc augcuugcac aa 22

<210> 539

<211> 24

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 539

caccaucagc cacaccuacu caaa 24

<210> 540

<211> 28

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 540

cgggucgccg ccauauuugg ucacguga 28

<210> 541

<211> 23

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 541

cauccucggc ggaagcuaca caa 23

<210> 542

<211> 23

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 542

cauccucggc ggaagcuaca caa 23

<210> 543

<211> 23

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 543

ggccccguca cgugacuuac cac 23

<210> 544

<211> 24

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 544

ucauccucgg cggaagcuac acaa 24

<210> 545

<211> 23

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide"

<400> 545

ggccccguca cgugauuugu cac 23

<210> 546

<211> 25

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide"

<400> 546

gucauccuca ccauaacugg cacaa 25

<210> 547

<211> 23

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide"

<400> 547

cauccucggc ggaagcuaca caa 23

<210> 548

<211> 23

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"
<400> 548
ggccccguca cgugacuuac cac 23

<210> 549
<211> 25
<212> RNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"
<400> 549
auccucgacg guaaccgcaa acaug 25
<210> 550
<211> 21
<212> RNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"
<400> 550
ggccccgaca ugugacucgu c 21

<210> 551
<211> 27
<212> RNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"
<400> 551
agcacuuccg aauggcugag uuuucca 27
<210> 552
<211> 22

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 552

auccucaccg gaacugacac aa 22

<210> 553

<211> 26

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 553

cauccucggc gguaaccgca aagaug 26

<210> 554

<211> 22

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 554

uaggccccga caugugacuc gu 22

<210> 555

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 555

acagccuucc gcuuugcaca a 21

<210> 556

<211> 27

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide"

<400> 556

cauccucggc gguaaccgca aagaugg 27

<210> 557

<211> 23

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide"

<400> 557

uaggccccga caugugacuc guc 23

<210> 558

<211> 20

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide"

<400> 558

uccucggcgg uaaccgcaaa 20

<210> 559

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 559

ggccccgaca ugugacucgu c 21

<210> 560

<211> 23

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 560

ggccccguca cgugacuuac cac 23

<210> 561

<211> 28

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 561

ucaaacaccc agcgacacca aaaaaugg 28

<210> 562

<211> 22

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 562

ccucgcccac gugacuuacc ac 22

<210> 563

<211> 20

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 563

ccucggcgga accuauacaa 20

<210> 564

<211> 22

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 564

gccccgucac gugauuuacc ac 22

<210> 565

<211> 28

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 565

gcggcggagc acuuccgcuu ugcccaaa 28

<210> 566

<211> 23

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 566

cauccucggc ggaagcuaca caa 23

<210> 567
<211> 23
<212> RNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide"
<400> 567
ggccccguca cgugacuuac cac 23

<210> 568
<211> 25
<212> RNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide"
<400> 568
caccgcacuu ccgugcuugc acaaa 25

<210> 569
<211> 24
<212> RNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide"
<400> 569
ucgcugacac acgugucuug ucac 24

<210> 570
<211> 30
<212> RNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide"

<400> 570

cauuuuaagu aagcaccgcc uagggaugac 30

<210> 571

<211> 26

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide"

<400> 571

guaggccccg ucacguguca uaccac 26

<210> 572

<211> 25

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide"

<400> 572

ggcggggcac uuccggcuug cccaa 25

<210> 573

<211> 26

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide"

<400> 573

cggcggagca cuuccggcuu gcccaa 26

<210> 574

<211> 24

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 574

caccaucagc cacaccuacu caaa 24

<210> 575

<211> 23

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 575

accaucagcc acaccuacuc aaa 23

<210> 576

<211> 28

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 576

gacuccgaga ugccauugga cacugagg 28

<210> 577

<211> 18

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 577

aguaggugcc guccagca 18

<210> 578

<211> 27

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 578

aaguaggccc cgcuacguca ucaucac 27

<210> 579

<211> 23

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 579

aaggcggaag agcugcucua uau 23

<210> 580

<211> 24

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 580

caauccuccc acguggccug ucac 24

<210> 581

<211> 26

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 581

aaggcggaac caggcuguca ccccgu 26

<210> 582

<211> 26

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 582

aaggcggaac caggcuguca ccccgu 26

<210> 583

<211> 24

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 583

cauccucacc ggaacuggua caaa 24

<210> 584

<211> 26

<212> RNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 584

uaggccccgc cacgucacuu gucacg 26

<210> 585

<211> 609

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 585

atggctgagt tttccacgcc cgtccgcagc ggtgaagcca cggagggaga tcaccgcgtc 60

ccgagggcgg gtgccgaagg tgagtttaca caccgaagtc aaggggcaat tcgggctcgg 120

gactggccgg gctatgggca aggctctgaa aaaagcatgt ttattggcag gcattacaga 180

aagaaaaggg cgctgtcact gtgtgctgtg cgaacaacaa agaaggcttg caaactacta 240

atagtaatgt ggaccccacc tcgcaatgat caacagtacc ttaactggca atggtactca 300

agtgtactta gcccccacgc tgctatgtgc gggtgtcccg acgctgtcgc tcattttaat 360

catcttgctt ctgtgcttcg tgccccgcaa aacccacccc ctcccggtcc ccagcgaaac 420

ctgcccctcc gacggctgcc ggctctcccg gctgcgccag aggcgcccgg agatagagca 480

ccatggccta tggctggtgg cgccgaagga gaagacggtg gcgcaggtgg agacccagac 540

catggaggcc ccgctggagg acccgaagac gcagacctgc tagacgccgt ggccaccgca 600

gaaacgtaa 609

<210> 586

<211> 609

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 586

atggctgggt tttccacgcc cgtccgcagc ggtgaagcca cggagggagc tcagcgcgtc 60

ccgagggcgg gtgccgaagg tgagtttaca caccgcagtc aaggggcaat tcgggctcgg 120

gactggccgg gctatgggca agactctgaa aaatgcattt ttatcggcag gcattacaga 180

aagaaaaagg cactgtcact gtgtgcagtg cgagcaacac agaaggcttg caaacttcta 240

aaagttatgt ggagccctcc ccgcaacgat gaacattacc ttaagggaca atggtactca 300

agtatactta gctctcactc tgctttctgt ggctgccccg atgctgtcgc tcacttcaat 360

catcttgcta ctgtacttcg tgctccggaa aacccgggac cccccggggg acatcgacct 420

tctccgctcc gggtcctacc cgctctcccg gctgctcccg aggcgcccgg tgatcgagcg 480

ccatggccta tgggttgtgg aggagacggc gaaggaggtg gaagaggtgg agacgcagac 540

ggtggagacg ccgctggagg acccgccgac gcagacctgc tggacgccgt agacgccgca 600

gaacagtaa 609

<210> 587

<211> 609

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 587

atggctgagt tttccacgcc cgtccgcagc ggtgaagcca cggagggaga ttaccgcgtc 60

ccgagggcgg gtgccgaagg tgagtttaca caccgaagtc aaggggcaat tcgggctcgg 120

gactggccgg gctatgggca aggctctgaa aaaagcatgt ttattggcag gcattacaga 180

aagaaaaggg cgctgtcact gtgtgctgtg cgaacaacaa agaaggcttg caaactacta 240

atagtaatgt ggaccccacc tcgcaatgat caacagtacc ttaactggca atggtactca 300

agtgtactta acccccacgc tgctatgttc gggtgtcccg acgctgtcgc tcattttaat 360

catcttgctt ctgtgcttcg tgccccgcaa aacccacccc ctcccggtcc ccagcgaaac 420

ctgcccctcc gacgggtgcc ggctctcccg gctgcgccag aggcgcccgg agatagagca 480

ccatggccta tggcttgtgg caccgaagga gaagacggtg gcgcaggtgg aaacgcacac 540

catggaagcg ccgctggagg acccgaagac gcagacctgc tagacgccgt ggccgccgca 600

gaaacgtaa 609

<210> 588

<211> 453

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 588

atgtttattg gcaggcatta cagaaagaaa agggcgctgt cactgtgtgc tgtgcgaaca 60

acaaagaagg cttgcaaact actaatagta atgtggaccc cacctcgcaa tgatcaacag 120

taccttaact ggcaatggta ctcaagtgta cttagctccc acgctgctat gtgcgggtgt 180

cccgacgctg tcgctcattt taatcatctt gcttctgtgc ttcgtgcccc gcaaaaccca 240

ccccctcccg gtccccagcg aaacctgccc ctccgacggc tgccggctct cccggctgcg 300

ccagaggcgc ccggagatag agcaccatgg cctatggctg gtggcgccga aggagaagac 360

ggtggcgcag gtggagacgc agaccatgga ggcgccgctg gaggacccga agacgcagac 420

ctgctagacg ccgtggccgc cgcagaaacg taa 453

<210> 589

<211> 453

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 589

atgtttattg gcaggcatta cagaaagaaa agggcgctgt cactgtgtgc tgtgcgaaca 60

acaaagaagg cttgcaaact actaatacta atgtggaccc cacctcgcaa tgaccaacag 120

taccttaact ggcaatggta ctcaagtata cttagctccc acgctgctat gtgcgggtgt 180

cccgacgctg tcgctcattt taatcatctt gcgtctgtgc ttcgtgcccc gcaaaaccca 240

ccccctcccg gtccccagcg aaacctgccc ctccgacggc tgccggctct cccggctgcg 300

ccagaggcgc ccggagatag agcaccatgg cctatggctg gtggcgccga aggagaagac 360

ggtggcgcag gtggagacgc agaccatgga ggcgccgctg gaggacccga agacgcagac 420

ctgctagacg ccgtggccgc cgcagaaacg taa 453

<210> 590

<211> 453

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 590

atgtttattg gcaggcatta cagaaagaaa agggcgctgt cactgtgtgc tgtgcgaaca 60

acaaagaagg cttgcaaact actaatacta atgtggaccc cacctcgcaa tgaccaacag 120

taccttaact ggcaatggta ctcaagtata cttagctccc acgctgctat gtgcgggtgt 180

cccgacgctg tcgctcattt taatcatctt gcttctgtgc ttcgtgcccc gcaaaaccca 240

ccccctcccg gtccccagcg aaacctgccc ctccgacggc tgccggctct cccggctgcg 300

ccagaggcgc ccggagatag agcgccatgg cctatggctg gtggcgccga aggagaagac 360

ggtggcgcag gtggagacgc agaccatgga ggcgccgctg gaggacccga agacgcagac 420

ctgctagacg ccgtggccgc cgcagaaacg taa 453

<210> 591

<211> 387

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 591

atgccgtgga gaccgccggt acataacgtt ccaggtcgcg aaaatcaatg gtttgcagcg 60

ttttttcact cgcatgcttc tttctgcggc tgtggtgacc ctgttgggca tattaacagc 120

attgctcctc gctttcctaa cgccggtcca ccgagaccac ctccagggct agagcagcag 180

aaccccgagg gcccgacggg tcccggaggt ccccccgcca tcttgccagc tctgccggcc 240

ccggcagacc ctgaaccgcc gccacggctt ggtggtgggg cagatggagg cgccgctgga 300

ggcctcgcta tcgcagacgc acctggaggg tacgaagaag acgacctaga cgaacttttc 360

gccgccgccg ccgaggacga tatgtga 387

<210> 592

<211> 387

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 592

atgccgtgga gaccgccggc acataacgtt ccgggtaggg aaaatcaatg gttcgcagct 60

gtgtttcact cgcatgcttc ttggtgcggc tgtggtgacg ttgttgggca tcttaatacc 120

attgctactc gctttcctaa cgccggtccc ccgagaccac ctccagggct agaccagcag 180

aaccccgagg gcccggcggg tcccggaggt ccccccgcca tcttgcctgc tctgccggcc 240

ccggcagacc ctgaaccgcc gccacggcgt ggtggtgggg cagatggagg cgtcgatgga 300

ggcctcgcta tcgcaaacgc acctggagat tacggagacg acgacctaga cgaacttttc 360

gccgccgccg ccgaagacaa tatgtga 387

<210> 593

<211> 387

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 593

atgccgtgga aaccgccgcg acataacgtt ccgggtaggg aaaaccaatg gtttgcagca 60

gtgtttcact cgcatgcttc ttggtgcggc tgtgctgacg ttgttggcca tcttaatagc 120

attgctactc gctttcctaa catcggtccc ccgagaccac ctccagggct agaccagcag 180

aaccccgagg gcccggcggg tcccggaggt ccccccgcca tcttgcctgc tctgccggcc 240

ccggcaaacc ctgaaccgcc gccacggcgt ggtggtgggg cagatggagg cgccgctgga 300

ggcctcgcta tcgcagacgc acctggaggg tacgcagaag acgacctaga cgaacttttc 360

gccgccgccg ccgaggacga tatgtga 387

<210> 594

<211> 450

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 594

atgtttcctg gtaggatcca cagaaagaaa aggaaagtgc tattgtcccc actgcaccct 60

gcaccgaaaa ctcgccgggt tatgagctgg tctcgtccaa tacacgatgc cccagccatt 120

gagcgtaact ggtgggaatc cacagctcga tcccacgcat gttgctgtgg ctgcggtaat 180

tttgttaatc atattaatgt actggctaat cggtatggct ttactggctc cgcgcacacg 240

ccgggtggtc cccggccgag gcccccgaca gtgagctctg gtcccagtac ttcctaccga 300

caccccgaga ccggctttac catggcatgg ggatactggt ggagaaggcg cttctgcgac 360

cgaggagacg ctggaagaag gtggcggcgc cgccgagact acaacccaga agatctcgac 420

gctctgttcg acgccctcga cgaagagtaa 450

<210> 595

<211> 348

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 595

atgagctttg tagaaccctt actaaccagc acccacagag agatagcata ctaccatggc 60

tgtgttcaga tgcacaaagc cttctgtggg tgtgacaact ttcttaccca cctgcaacgc 120

ataacaacat acatctctgc taaccaacac actccaccca gcacaccctc aaacaccctc 180

cgtagagccc gggccctgcc cgcggctccg gagccagctc catggcgtgg acctggtggt 240

ggcagaggag gcgccgaagg tggccgtgga gaaggagaag gtggagaaga ctacgcacaa 300

gaagacctag acgccttgtt cgacgccgtc gcaagagata cagagtaa 348

<210> 596

<211> 465

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 596

atgcactttt ctcgaataaa cagaaagaaa aagaaagtgc tactgctttg cgtgccagca 60

gctaagaaaa aaccaactgc tatgagcttc tggagacctc cggtgcacaa tgtcacgggg 120

atccagcgcc tgtggtacga gtcctttcac cgtggccatg ctgctttttg tggttgtggg 180

gatcctatac ttcacattac tacacttgct gagacatatg gccatccaac aggcccgaga 240

ccttctgggt catcgggagt agaccccggc cccaatatcc gtcgagccag gcctgccccg 300

gccgctccgg agccctcaca ggttgattcc agaccggccc tgccatggca tggggatggt 360

ggaagcgacg gcggcgctgg tggttccgga agcggtggac ccgtggcaga cttcgcagac 420

gatggcctag accagctcgt cggcgcccta gacgacgaag agtaa 465

<210> 597

<211> 453

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 597

atgcactttt ctaggataca aagaaagaaa aggctattgc tactgcagac actgccagct 60

tcaaagaaaa ctaggcaact tctgagaggt atgtggagcc cacccacaga cgatgaacgt 120

gtccgtgagc gtaaatggct cctctcagtt tttcagtctc actgtgcttt ctgtggctgc 180

aatgatccta tcggtcacct ttgtcgcttg gctactctgt ctaaccgccc ggagagcccg 240

gggccctccg gaggaccccg tactcctcag atccggcacc tacccgctct cccggctgct 300

ccccaagagc ccggtgatcg agcaccatgg cctatggctg gtgggcccgg agacggagac 360

gctggcgccg ctggaagcgc aggccctgga gacgccgatg gaggacccgc agacgcagac 420

ctcgtcgccg ctatagacgc cgcagacatg taa 453

<210> 598

<211> 471

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 598

atgcactttc gcagagtctc agcgaaaagg aaactgctac tgcttcctct gcaccctgca 60

tcgcagacac ctgccatgag cttcagggcg ccctctctta atgccggtca acgagagcag 120

ctatggttcg agtccatcgt ccgatcccat gacagttatt gcgggtgtgg tgatactgtc 180

gctcatttta ataacattgc tactcgcttt aactatctgc ctgttacctc ctcgcctctg 240

gatccttcct cgggcccgcc gcgaggccgt ccagcgctcc gcgcactccc ggctctgcca 300

gcggcaccct ccacccccctc tactagccga ccatggcgtg gtggggcaga tggagaaggt 360

ggccgcggcg ccggtggagg agatggcggc gccgccgtag aaggagacta ccaacaagaa 420

gaactcgacg agctgttcgc ggccttggaa gacgaccaag aaagacggta a 471

<210> 599

<211> 444

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 599

atgtttcttg gcagggcctg gagaaagaaa aggcaagtgc cactgccgac actgccagtg 60

gtgccgcttc cacaaccttc acctatgagc agccagtgga gacccccggt tcacaatgtc 120

caggggctgg agcgcaattg gtgggagtgc ttcttccgtt ctcatgcttg tttttgtggc 180
tgtggtgatg ctattactca tattaatcat ctggcgactc gttttggacg tcctcctact 240
acctcaactc cccgaggacc gcaggcacct ccagtgactc cgtacccggc cctgccggcc 300
ccagagccta gccctgagcc atggcgtggc gccggtggcg atggcggccg tggtggagac 360
gccggaggcg ccgccggtgg agaaggagac ggaggagacc cagacgacgc cgcccttatc 420
gacgccgtcg acctcgcaga gtaa 444

<210> 600
<211> 441
<212> DNA
<213> Torque teno virus

<400> 600
atgtttcttg gtaaaattta cagacagaaa aggaaagtgc cactgtacgg cctgccagct 60
ccaaagaaaa aaccacctac tgctatgagc cactggagca gacccgtcca ccatgcaacg 120
gggatcgagc acctctggta ccagtctgtt attaacagcc attctgctag ctgcggttgt 180
ggcgatcctg tacgccactt tacttatctt gctgagaggt atggctttgc cccaacttcc 240
cgggccccgc cggtagcccc aacgcccacc atccgtagag ccaggcccgc gcctgccgct 300
ccggagcccc gtgccctacc atggcatggg gatggtggag acgaaggcgc aagtggtggt 360
ggagacgccg gttcgcccga agcagacttc gcagacgacg gattagacgc cctcgtcgcc 420

gcactcgacg aagaacagta a 441

<210> 601
<211> 453
<212> DNA
<213> Torque teno virus
<400> 601
atgtttctcg gcaggcctta cagaaagaag aggcaagtgc cactgcctgg cgtgcaccat 60
ccaccgcacc cacggcctag catgagccac cactggcggg agcccatcga caatgtcccc 120
aaccgggaga ggcactggct cgggtccgtc ctccgaggcc accgagcttt ttgtggttgt 180
cgggatcctg tgcttcattt tactaatctg gttgcacgtt acaatcttca gggcggtggt 240
ccctcagcgg gtagtcttag ggatccgccg ccactgagga gggcgctgcc gccaccgccg 300

tccccccgac cgccatgtcc tggtggggat ggcgccgccg atggtggtgg aagccacgga 360

ggcgatggag acgcaggagg gcgcgccgcc cgagacgact accgcgacga cgatatagaa 420

gacctactcg ccgctatcga ggcagacgag taa 453

<210> 602

<211> 426

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 602

atgcgatttt ctcgaattta tcgcagaaag aagaggctac tgccactgct actggtgcca 60

acagaaccga aagaacaatt tgtgatgagc tggcgctgtc ccttagaaaa tgcctataag 120

agggaaatta acttcctcag agggtgccaa atgcttcaca cttgtttttg tggttgtgat 180

gattttatta atcatattat tcgcctacaa aatcttcacg ggaatttaca ccaacccacc 240

ggcccgtcca cacctccagt aggccgtaga gctctggccc tgccggcagc tccggaacca 300

tggcgtggag atggtggtgg gcccgaaggc gaccgaaccg ccgatggacc cgcagacgct 360

ggaggagact acgcacccgg agacctagac gacctgttcg ccgccgccgc cgccgaccaa 420

gagtaa 426

<210> 603

<211> 492

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 603

atgggcaacg ctcttagggt attcattctt aaaatgttta tcggcagggc ctaccgccac 60

aagaaaagga aagtgctact gtccgcactg cgagctccac aggcgtctcg gagggctatg 120

agttggagac cccctgtaca cgatgcgccc ggcatcgagc gcaattggta cgaggcctgt 180

ttcagagccc acgctggaac ttgtggctgt ggcaatttta ttatgcacat taatcttctg 240

gctgggcgtt atggttttac tccggtatca gcaccaccag gtggtcctcc tccgggcacc 300

ccgcagataa ggagagccag acctagtccc gccgcgcccg aacagcccca ggccctacca 360

tggcatgggg atggtggaga cggtggcgcc ggtggcccac cagacgctgg aggagacgcc 420

gtcgccggcg ccccgtacgg agaacaagag ctcgccgacc tgctcgacgc tatagaagac 480

gacgaacagt aa 492

<210> 604

<211> 1665

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 604

atggcacacc cgggcatgat gatgctaagc aaaatgaaaa tactagtacc cagttctgac 60

accagaccgg ggggcagacg cagagtaaaa gttaaaataa gacccccggc ccttttagaa 120

gacaagtggt acactcagca agatctagcg cccgttaatc ttgtgtcact tgtggtttct 180

gcgactagct tcatacatcc gtttagccaa ccacaaacga acaacatttg cacaactttt 240

caggtgttga aagacatgta ctatgactgc ataggagtta gttccacttt agacgacaaa 300

tataaaaaat tatttcaaaa attatacact aaatgctgct actttgaaac atttcaaaca 360

atagcccagc taaaccccgg ctttaaatct gctaaaaaaa ctacaactgg ctccggtaag 420

gaagctgcca cactaggcga cgcagttaca caattaaaaa accaacacgg tagtttttat 480

actggaaaca atagtacttt tggctgctgt acatataacc ccactgaaga aataggtaaa 540

gcagcaaatg agtggttctg gaaccaatta actgcaacag agtcagacac actaggacag 600

tacggacgtg cctcaattaa gtactttgaa tatcacacag gactatacag ttccatattt 660

ttaagtccac taaggagcaa cctagaattt tctacagcat accaggatgt aacatacaat 720

ccactgacag acctaggcat aggcaacaga atctggtacc aatacagtac caagccagac 780

actacattta acgaaacaca gtgcaaatgt gtactaactg acctgcccct gtggtccctg 840

ttttatggat acgtagactt tatagagtca gagctaggca taagcgcaga gatacacaac 900

tttggcatag tttgcgttca gtgcccatac acctttccac ccatgttcga caagtctaag 960

ccagacaagg gctacgtatt ttatgacacc ctttttggta acggaaagat gccagacggt 1020

tccggacacg tacctaccta ctggcagcag agatggtggc caagatttag cttccagaga 1080

caagtaatgc atgacattat tctgactgga ccttttagtt acaaagatga ctctgtaatg 1140

actggactaa cagcaggcta caagtttaaa ttcacatggg gcggtgatat gatctccgaa 1200

caggtcatta aaaaccccga cagaggtgac ggacgcgaat cctcctatcc cgatagacag 1260

cgccgcgacc tacaagttgt tgaccctcgc tccatggggc cccaatgggt attccacacc 1320

tttgactaca ggaggggact atttggaaag gacgctatta aacgagtgtc agaaaaaccg 1380

acagatcctg actactttac aacaccttac aaaaaaccga ggtttttccc cccaacagca 1440

ggagaagaaa gactgcaaga agaaaactac actttacagg agaaaagaga cccgttctcg 1500

tcagaagagg ggccgcagag gacgcaagtc ctccagcagc aggtcctcca gtcggagctc 1560

cagcagcagc aggagctcgg ggaccagctc agattcctcc tcagggaaat gttcaaaacc 1620

caagcgggta tacacatgaa cccccgcgca tttcaagagc tgtaa 1665

<210> 605

<211> 342

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 605

atgagctggt gtactccagt tgaaaatgcc tataagagag agatccactt tctcaggggc 60

tgtcaactgc ttcacactag cttttgtggt tgcgatgatt ttattaatca tattattcgc 120

ctacaaaatc ttcacggcaa cctacaccag cccacgggac cgtccacacc tccagtgacc 180

cgtagagctc tggccttgcc ggctgctccg gagtcatggc gttccggtgg tggtggtgga 240

gacgccgccc gcagcgacga tggacccggc gccgatggag gagactacga acccgccgac 300

ctagacgcac tgtacgacgc cgtcgccgca gaccaagagt aa 342

<210> 606

<211> 348

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 606

atgagctttg tagaaccgtt actaagcagc acccaccgag agatagcatt ctaccatggc 60

tgtgttcaaa tgcacaaggc cttctgtggc tgtgacaact ttcttaccca cctgcagcgc 120

ataacaacat acatctctgc taatcaacac actccaccca gcacaccctc aaacaccctc 180

cgtagagccc gggccctgcc cgcggctccg gagccagctc catggcgtgg acctggtggt 240

ggcagaggag gcgccgaagg tggccgtgga gaaggagaag gtggagaaga ctacgcacca 300

gaagacctag acgacttgtt cgccgccgtc gcaagagata cagagtaa 348

<210> 607

<211> 405

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 607

atgagtctgt ggcgaccccc ggtccacaat gcccccggca gagagagact ttggtttcag 60

gcctgttacg aatctcacag tgctttttgt ggctgtggta gctttattct tcatcttact 120

agcttggctg cacgttttaa ttttcaggcc gggccaccgc ctcccggggg tccccgggcg 180

gagaccccgc cgattctgag ggcgctgccg gcaccccagc cgcgccgcca ccgccagacg 240

gagaaccccg ggtctgagcc atggcctgga gatggtggtg gagacggcgc tggaagccaa 300

gaaggcggcc agcgtggacc aagtaccgca gacgcaggtg gagacgactt cgaccccgca 360

gacctagaag acttgctcgc ggccgtcgaa gaagacgaac agtaa 405

<210> 608

<211> 390

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 608

atgaatctct ggcgaccccc tctgagaaat atcccccaca gggagagatg ttggcttgag 60

gcctgtctca gagcccacga ttctttttgt ggctgtccta gtcctattgt tcatttttct 120

agtctggttg cacgttttaa tctacaagga ggcccgccgc cagaggatga ctccccacag 180

ggcgcgccag tcctgagggc cctgccggca ccgagccccc acaggcacac ccgcacggag 240

aacccctccg gtgagccatg gcctactcct actggtggcg ccgccggagg tggccgtgga 300

gaggccgatg gaggcgctgg aggcgccgca gacgaatacc gcgccgaaga cctagacgac 360

ctgttcgccg ctatcgaagg agaccagtaa 390

<210> 609

<211> 381

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 609

atgccgtgga gaccgccggc tcataacgtc caggggcgag agagccagtg gttcgcggct 60

tgttttcacg gccacgcttc gttttgcggc tgcggtgact ttattgggca tattaacagc 120

cttgctcctc gctttcctaa caaccaagga cccccgcatc cacctgcctt aaacaggcca 180

cctgcacagg gcccagaaag ccccgggggt tccatactac ccctgccagc cctaccggca 240

ccacctgatc cgccaccacg gcctggtggt ggggaagacg gtggcgacgc cgcccgtggg 300

gccgctggcg ccgccgaagg cgcgtatgga gaagaagacc tagaactgct gttcgccgcc 360

gccgaggaag acgatatgtg a 381

<210> 610

<211> 393

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 610

atgccgtgga gaccgccggt gcatagtgtc caggggcgag aggatcagtg gttcgcgagc 60

ttttttcacg gccacgcttc attttgcggt tgcggtgacg ctgttggcca tcttaatagc 120

attgctcctc gctttcctcg cgccggtcca ccaaggcccc ctccggggct agagcagcct 180

aacccccgc agcagggccc ggccgggccc ggagggccgc ccgccatctt ggcgctgccg 240

gctccgcccg cggagcctga cgacccgcag ccacggcgtg gtggtgggga cggtggcgcc 300

gccgctggcg ccgcaggcga ccgtggagac cgagactacg acgaagaaga gctagacgag 360

cttttccgcg ccgccgccga agacgatttg taa 393

<210> 611

<211> 339

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 611

atgccgtggt ctctgccgag acataatatc agaacgagag aagatctctg ggtgcaatcg 60

attctttatt cacatgacac tttttgtggc tgtgataata ttcctgagca tcttactggc 120

ctcctgggcg gcgtacgacc agctccacct agaaacccag gacccctac catacggagc 180

ctgccggcac tgccgccagc tccggaaccc cctgaggaac cacggcgtgg tggagataca 240

gacggagacc gtggagaaga tggaggagac gccgctgggg cctacgaacc cgaagaccta 300

gaagaacttt tcgccgccgc cgagcaagac gatatgtga 339

<210> 612

<211> 354

<212> DNA

<213

> Torque teno virus

<400> 612

atgtcgtgga gaccgccgag ccaaaattta ctgcaaagag aagaggcctg gtactcagct 60

tttcttagct cgcattctac attttgcggt tgtactgacc ctctgctgca tattactctc 120

attgctggcc gccttactaa ccccgtaccc gtcacccgcc aaccggagac ccctcctaac 180

ggcctcaggg ggctgccggc actgccagca ccccctgaac caccagcacc gccaccacgg 240

cctggggatg gtaccggaga agaagatggc gcccatggag aaggagaagg tgggcgatac 300

gcagaagaag acctagaaga actgttcgcc gccgcggcag aagacgatat gtga 354

<210> 613

<211>

303

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 613

atgtcgtggg ctccgccgct attcaactcg aaacagagag aggaccagtg gtaccagtca 60

attattttca gccataatac tttttgcggc tgcggtgacc ttgttaggca tttttgcgtc 120

gttgcttctc gctttactga gcctcctgta gtgccggccc taccggcacc ggtaccggca 180

ccgccacggc gtggtacaga agaagaaggt ggagaccgtg gagaagacgc cgcagaccgt 240

ggaccctacg cagaagaaga gctagaagat ttgttcgccg ccgcccgaga agacgatatg 300

tga 303

<210> 614

<211> 345

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 614

atgccgtggc atccaccggg ctacaacgtt caacagagag aagagctctg ggtacagaca 60

gttactactt cacatgctac tttttgcggc tgtggtgacc ctagtagcca tcttcaccgc 120

attcttagcc gccttaataa cagcagccgg cggccccccg aaaccccaaa ccccattcgt 180

gccctaccgg ccctaccggc accccaagaa cctgaacagc cgccatcacg gcctggtacc 240

ggtacagaag aaggccatgg cgccgaagga ggcgaccgag gtggggcctа cgcagaagaa 300

gatttagaag atcttttcgc ggccgcggaa gaagacgata tgtga 345

<210> 615

<211> 387

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 615

atgtcgtggc gaccgccgtt gcattctatc caaggcagag aagatcaatg gtatgcaggc 60

atctttcata cgcattttgc tttttgcggt tgtggtgacc ctgttgggcg tattaaccgc 120

attgctcacc gctttcctaa cgccggtccc ccgagaccac ctccagggct agaccagccc 180

aacctcggag ggccggaagg tccaggaggt gcccctagag ccctgccagc cctgccggcc 240

ccggcagagc cagagccggc accacggcgt ggtggtgggg ccgatggaga cagcgccgct 300

ggggccgccg ccgccgcaga ccatggaggg tacgacgaag gagacctaga agatcttttc 360

gccgccgccg ccgaggacga tatgtga 387

<210> 616

<211> 393

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 616

atgagtattt ggaggcctcc actgcacaat gtcccgggac tcgaacacct ctggtacgag 60

tcagtgcatc gtagccatgc tgctgtttgt ggctgtgggg atcctgtacg ccatcttact 120

gctcttgctg aaagatatgg cattccggga gggtcgcggt cttctggggc accgggagta 180

gggggcaacc acaaccctcc ccagatccgt cgagcccgcc acccggcggc tgctccggac 240

cccccagcag gtaaccagcc tccggccctg ccatggcatg gggatggtgg aaacgaaagc 300

ggcgctggtg gtggagaaag cggtggaccc gtggccgact tcgcagacga tggcctagac 360

gatctcgtcg ccgccctcga cgaagaagag taa 393

<210> 617

<211> 384

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 617

atgagcttct ggagacctcc ggtgcacaat gccacgggga tccagcgcct gtggtacgag 60

tcctttcacc gtggccatgc tgcttttgt ggttgtgggg atcctatact tcacattact 120

gcacttgctg agacatatgg ccatccaaca ggcccgagac cttctgggcc accgcgagta 180

gaccccgatc cccagatccg tagagccagg cctgccccgg ccgctccgga gccctcacag 240

gttgagccga gacctgccct gccatggcat ggggatggtg gaagcgacgg cggcgctggt 300

ggttccggaa gcggtggacc cgtggcagac ttcgcagacg atggcctcga tcagctcgtc 360

gccgccctag acgacgaaga gtaa 384

<210> 618

<211> 489

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 618

atgggcaagg ctcttagagt atttattctt aatatgcgct tttccagaat ttacaaacag 60

aagaagaggc cactgccact gcttctggtg cgagttgaac cgaaagcatt cgctagtgat 120

atgagttggc gccctcccgt tcacaatgcg gcaggaattg agcgacagct ccttgagggc 180

tgctttcgat ttcacgctgc ctgttgcggt tgtggcagtt ttattactca tcttactata 240

ctggctgctc gctatggttt tactgggggg ccggcgccgc caggtggtcc tggggcgctg 300

ccatcgctga gacgggctca gcccgcgccg gcggcccccg agaaccagcc tgaaccagag 360

ctatggcgtg gtcgtggtgg tggaggcgac ggaaacgctg gtggccgcgc agaaggaggc 420

gatggaggag atttcgcacc cgaagagcta gacgagctgt tccgcgccgt cgccgccgac 480

gaagagtaa 489

<210> 619

<211> 489

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 619

atgggcaagg ctcttagagt atttattctt aatatgcgct tttccagaat ttacaaacag 60

aagaagaggc cactgccact gcttctggtg cgagttgaac cgaaagcatt cgctagtgat 120

atgagttggc gccctcccgt tcacaatgcg gcaggaattg agcgacagct ccttgagggc 180

tgctttcgat ttcacgctgc ctgttgcggt tgtggcagtt ttattactca tcttactata 240

ctggctgctc gctatggttt tactgggggg ccggcgccgc caggtggtcc tggggcgctg 300

ccatcgctga gacgggctca gcccgcgccg gcggcccccg agaaccagcc tgaaccagag 360

ctatggcgtg gtcgtggtgg tggaggcgac ggaaacgctg gtggccgcgc agaaggaggc 420

gatggaggag atttcgcacc cgaagagcta gacgagctgt tccgcgccgt cgccgccgac 480

gaagagtaa 489

<210> 620

<211> 489

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 620

atgggcaagg ctcttagagt attcattctt aatatgcgct tttccagaat ttacaaacag 60

aagaagaggc cactgccact gcttctggtg cgagttgaac cgaaagcact cgctagtgat 120

atgagttggc gccctcccgt tcacaatgcg gcaggaattg agcgacagct ccttgagggc 180

tgctttcgat ttcacgctgc ctgttgcggt tgtggcagtt ttattactca tcttactata 240

ctggctgctc gctatggtta tactgggggg ccggcgccgc caggtggtcc tggggcgctg 300

ccatcgctga gacgggctct gcccgcgccg gcggcccccg agaaccagcc tgaaccagag 360

ctatggcgtg gtcgtggtgg tggaggcgac ggaaacgctg gtggccgcgc agaaggaggc 420

gatggaggag atttcgcacc cgaagagcta gacgagctgt tccgcgccgt cgccgccgac 480

gaagagtaa 489

<210> 621

<211> 489

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 621

atgggcaagg ctcttagagt attcattctt aatatgcgct tttccagaat ttacaaacag 60

aagaagaggc cactgccact gcttctggtg cgagttgaac cgaaagcact cgctagtgat 120

atgagttggc gccctcccgt tcacaatgcg gcaggaattg agcgacagct ccttgagggc 180

tgctttcgat ttcacgctgc ctgttgcggt tgtggcagtt ttattactca tcttactata 240

ctggctgctc gctatggtta tactgggggg ccggcgccgc caggtggtcc tggggcgctg 300

ccatcgctga gacgggctct gcccgcgccg gcggcccccg agaaccagcc tgaaccagag 360

ctatggcgtg gtcgtggtgg tggaggcgac ggaaacgctg gtggccgcgc agaaggaggc 420

gatggaggag atttcgcacc cgaagagcta gacgagctgt tccgcgccgt cgccgccgac 480

gaagagtaa 489

<210> 622

<211> 489

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 622

atgggcaagg ctcttagagt attcattctt aatatgcgct tttccagaat ttacaaacag 60

aagaagaggc cactgccact gcttctggtg cgagttgaac cgaaagcact cgctagtgat 120

atgagttggc gccctcccgt tcacaatgcg gcaggaattg agcgacagct ccttgagggc 180

tgctttcgat ttcacgctgc ctgttgcggt tgtggcagtt ttattactca tcttactata 240

ctggctactc gctatggttt tactgggggg ccggcgccgc caggtggtcc tggggcgctg 300

ccatcgctga gacgggctct gcccgcgccg gcggcccccg agaaccagcc tgaaccagag 360

ctatggcgtg gtcgtggtgg tggaggcgac ggaaacgctg gtggccgcgc agaaggaggc 420

gatggaggag atttcgcacc cgaagagcta gacgagctgt tccgcgccgt cgccgccgac 480

gaagagtaa 489

<210> 623

<211> 489

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 623

atgggcaagg ctcttagagt attcattctt aatatgcgct tttccagaat ttacaaacag 60

aagaagaggc cactgccact gcttctggtg cgagttgaac cgaaagcact cgctagtgat 120

atgagttggc gccctcccgt tcacaatgcg gcaggaattg agcgacagct ccttgagggc 180

tgctttcgat ttcacgctgc ctgttgcggt tgtggcagtt ttattactca tcttactata 240

ctggctactc gctatggttt tactgggggg ccggcgccgc caggtggtcc tggggcgctg 300

ccatcgctga gacgggctct gcccgcgccg gcggcccccg agaaccagcc tgaaccagag 360

ctatggcgtg gtcgtggtgg tggaggcgac ggaaacgctg gtggccgcgc agaaggaggc 420

gatggaggag atttcgcacc cgaagagcta gacgagctgt tccgcgccgt cgccgccgac 480

gaagagtaa 489

<210> 624

<211> 492

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 624

atgggcaagg ctcttagggt cttcattctt aatatgttcc ttggcagggt ttaccgccac 60

aagaaaagga aagtgctact gtctacactg cgagctccac aggcgtctcg cagggctatg 120

agtcggcgac ccccggtaca cgatgcaccc ggcatcgagc gcaattggta cgaggcctgt 180

ttcagagccc acgctggagc ttgtggctgt ggcaatttta ttatgcacct taatcttctg 240

gctgggcgtt atggttttac tccggggtca gcgccgccag gtggtcctcc tccgggcacc 300

ccgcagataa gaagagccag acctagtccc gccgcacccc aagagcccgc tgctctacca 360

tggcatgggg atggtggaga tggcggcgcc gctggcccgc cagacgctgg aggagacgcc 420

gtcgccggcg ccccgtacgg agaacaagag ctcgccgacc tgctcgacgc tatagaagac 480

gacgaacagt aa 492

<210> 625

<211> 492

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 625

atgggcaagg ctcttagggt cttcattctt aatatgttcc ttggcagggt ttaccgccac 60

aagaaaagga aagtgctact gtccacactg cgagctccac aggcgtctcg cagggctatg 120

agttggcgac ccccggtaca cgatgcaccc ggcatcgagc gcaattggta cgaggcctgt 180

ttcagagccc acgctggagc ttgtggctgt ggcaatttta ttatgcacct taatcttctg 240

gctgggcgtt atggttttac tccggggtca gcgccgccag gtggtcctcc tccgggcacc 300

ccgcagataa gaagagccag acctagtccc gccgcacccc aagagcccgc tgctctacca 360

tggcatgggg atggtggaga tggcggcgcc gctggcccgc cagacgctgg aggagacgcc 420

gtcgccggcg ccccgtacgg agaacaagag ctcgccgacc tgctcgacgc tatagaagac 480

gacgaacagt aa 492

<210> 626

<211> 492

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 626

atgggcaagg ctcttagggt cttcattctt aatatgttcc ttggcagggt ttaccgccac 60

aagaaaagga aagtgctact gtccacactg cgagctccac aggcgtctcg cagggctatg 120

agttggcgac ccccggtaca cgatgcaccc ggcatcgagc gcaattggta cgaggcctgt 180

ttcagagccc acgctggggc ttgtggctgt ggcaatttta ttatgcacct taatcttctg 240

gctgggcgtt atggttttac tccggggtca gcgccgccag gtggtcctcc tccgggcacc 300

ccgcagataa gaagagccag acctagtccc gccgcacccc aagagcccgc tgctctacca 360

tggcatgggg atggtggaga tggcggcgcc gctggcccgc cagacgctgg aggagacgcc 420

gtcgccggcg ccccgtacgg agaacaagag ctcgccgacc tgctcgacgc tatagaagac 480

gacgaacagt aa 492

<210> 627

<211> 465

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 627

atgcactttt ctcgaataag cagaaagaaa aggaaagtgc tactgctttg cgtgccagca 60

gctaagaaaa aaccaactgc tatgagcttc tggagacctc cggtgcacaa tgtcacgggg 120

atccagcgcc tgtggtacga gtcctttcac cgtggccatg ctgctttttg tggttgtggg 180

gatcctatac ttcacattac ttcacttgct gagacatatg gccatccaac aggcccgaga 240

ccttctgggt catcgggaat agaccccact ccgcccatcc gtagagccag gcctgccccg 300

gccgctccgg aaccctcaca ggttgactcc agaccggccc tgccatggca tggagatggt 360

ggaagcgacg gaggcgctgg tggttccgca agcggtggac ccgtggcaga cttcgcagac 420

gatggcctcg accagctcgt cgccgaccta gacgacgaag agtaa 465

<210> 628

<211> 465

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 628

atgcactttt ctcgaataag cagaaagaaa aggaaagtgc tactgctttg cgtgccagca 60

gctaagaaaa aaccaactgc tatgagcttc tggagacctc cggtgcacaa tgtcacgggg 120

atccagcgcc tgtggtacga gtcctttcac cgtggccatg ctgctttttg tggttgtggg 180

gatcctatac ttcacattac ttcacttgct gagacatatg gccatccaac aggcccgaga 240

ccttctgggt catcgggaat agaccccact ccgcccatcc gtagagccag gcctgccccg 300

gccgctccgg aaccctcaca ggttgactcc agaccggccc tgccatggca tggagatggt 360

ggaagcgacg gaggcgctgg tggttccgca agcggtggac ccgtggcaga cttcgcagac 420

gatggcctcg accagctcgt cgccgaccta gacgacgaag agtaa 465

<210> 629

<211> 465

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 629

atgcactttt ctcgaataag cagaaagaaa aggaaagtgc tactgctttg cgtgccagca 60

gctaagaaaa aaccaactgc tatgagcttc tggagacctc cggtgcacaa tgtcacgggg 120

atccagcgcc tgtggtacga gtcctttcac cgtggccatg ctgctttttg tggttgtggg 180

gatcctatac ttcacattac ttcacttgct gagacatatg gccatccaac aggcccgaga 240

ccttctgggt catcgggaat agaccccact ccgcccatcc gtagagccag gcctgccccg 300

gccgctctgg aaccctcaca ggttgactcc agaccggccc tgccatggca cggagatggt 360

ggaagcgacg gaggcgctgg tggttccgca agcggtggac ccgtggcaga cttcgcagac 420

gatggcctcg accagctcgt cgccgaccta aacgacgaag agtaa 465

<210> 630

<211> 465

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 630

atgcactttt ctcgaataag cagaaagaaa aggaaagtgc tactgctttg cgtgccagca 60

gctaagaaaa aaccaactgc tatgagcttc tggagacctc cggtgcacaa tgtcacgggg 120

atccagcgcc tgtggtacga gtcctttcac cgtggccatg ctgctttttg tggttgtggg 180

gatcctatac ttcacattac ttcacttgct gagacatatg gccatccaac aggcccgaga 240

ccttctgggt catcgggaat agaccccact ccgcccatcc gtagagccag gcctgccccg 300

gccgctccgg aaccctcaca ggttgactcc agaccggccc tgccatggca tggagatggt 360

ggaagcgacg gaggcgctgg tggttccgca agcggtggac ccgtggcaga cttcgcagac 420

gatggcctcg accagctcgt cgccgaccta aacgacgaag agtaa 465

<210> 631

<211> 465

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 631

atgcactttt ctcgaataag cagaaagaaa aggaaagtgc tactgctttg cgtgccagca 60

gctaagaaaa aaccaactgc tatgagcttc tggagacctc cggtgcacaa tgtcacgggg 120

atccagcgcc tgtggtacga gtcctttcac cgtggccatg ctgctttttg tggttgtggg 180

gatcctatac ttcacattac ttcacttgct gagacatatg gccatccaac aggcccgaga 240

ccttctgggt catcgggaat agaccccact ccgcccatcc gtagagccag gcctgccccg 300

gccgctccgg aaccctcaca ggttgactcc agaccggccc tgccatggca tggagatggt 360

ggaagcgacg gaggcgctgg tggttccgca agcggtggac ccgtggcaga cttcgcagac 420

gatggcctcg accagctcgt cgccgaccta gacgacgaag agtaa 465

<210> 632

<211> 483

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 632

atgtttttcg gtagacattg gcgaaagaaa agggcactgt tactgtctag cttgcgaact 60

tcaaagaaga aaccacctgc aatgagccag tggtgcccgc ctgtgcacag cgttcagggt 120

cgcaaccacc agtggtatga agcctgctac cgtggccatg ctgcttattg tggctgtggc 180

gattttatta gtcaccttgt tgctctgggt aatcagtttg gcttcaggcc gggtccccga 240

gctcctggcg caccggggct agggggaccc cccgttctgc cccgtagagc cctgccggca 300

cccccggctg aggctccgga gcaccagcag ggcaacaaca acaacaacca gcagctgcag 360

agatggcctg gggatggtgg aaacgcagac ggcgccgatg gtggagaggc ctctggagga 420

gacgccgctt tgccagaaga cgacctagac ggcctgctcg ccgccctaga cgacgaagag 480

taa 483

<210> 633

<211> 483

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 633

atgtttttcg gtaggcattg gcgaaagaaa agggcactgt tactgtctag cttgcgaact 60

tcaaagaaga aaccacctgc aatgagccag tggtgcccgc ctgtgcacag cgttcagggt 120

cgcaaccacc agtggtatga agcctgctac cgtggccatg ctgcttattg tggctgtggc 180

gattttatta gtcaccttgt tgctctgggt aatcagtttg gcttcgggcc gggtccccga 240

gctcctggcg caccggggct agggggaccc cccgttctgc cccgtagagc cctgccggca 300

cccccggctg aggctccgga gcaccagcag ggcaacaaca acaacaacca gcagctgcag 360

agacggcctg gggatggtgg aaacgcagac ggcgccgatg gtggagaggc ctctggagga 420

gacgccgctt tgccagaaga cgacctagac ggcctgctcg ccgccctaga cgacgaagag 480

taa 483

<210> 634

<211> 483

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 634

atgtttttcg gtaggcattg gcgaaagaaa agggcactgt tactgtctag cttgcgaact 60

tcaaagaaga aaccacctgc aatgagccag tggtgcccgc ctgtgcacag cgttcagggt 120

cgcaaccacc agtggtatga agcctgctac cgtggccatg ctgcttattg tggctgtggc 180

gattttatta gtcaccttgt tgctctgggt aatcagtttg gcttcaggcc gggtccccga 240

gctcctggcg caccggggct agggggaccc cccgttctgc cccgtagagc cctgccggca 300

cccccggctg aggctccgga gcaccagcag ggcaacaaca acaacaacca gcagctgcag 360

agatggcctg gggatggtgg aaacgcagac ggcgccgatg gtggagaggc ctctggagga 420

gacgccgctt tgccagaaga cgacctagac ggcctgctcg ccgccctaga cgacgaagag 480

taa 483

<210> 635

<211> 465

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 635

atgcactttt ctcgaataag cagaaagaaa aggaaagtgc tactgctttg cgtgccagca 60

gctaagaaac aaccaactgc tatgagcttc tggagacctc cgatacacaa tgtcacgggg 120

atccagcgcc tgtggtacga gtcctttcac cgtggccatg ctgctttttg tggttgtggg 180

gatcctatac ttcacattac tgcacttgct gagacatatg gccatccaac aggcccgaga 240

ccttctgggt catcgggaat agaccccact cccccaatcc gtagagccag gcccgccccg 300

gccgctccgg agccctcaca ggctgagtcc agaccggccc tgccatggca tggagatggt 360

ggaagcgacg gaggcgctgg tggttccgca agcggtggac ccgtggcaga cttcgcagac 420

gatggcctcg accagctcgt cgccgcccta gacgacgaag agtaa 465

<210> 636

<211> 471

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 636

atgtttctcg gcagggtgtg gaggaaacag aaaaggaaag tgcttctgct ggctgtgcga 60

gctacacaga aaacatcttc catgagtatc tggcgtcccc ctctcgggaa tgtctcctac 120

agggagagaa attggcttca ggccgtcgaa ggatcccaca gttccttttg tggctgtggt 180

gattttattc ttcatcttac taatttggct gcacgctttg ctcttcaggg gcccccgccg 240

gagggtggtc ctcctcggcc gaggccgccg ctcctgagag cgctgccggc ccccgaggtc 300

cgcagggaaa cgcgcacaga gaacccgggc gcctccggtg agccatggcc tggcgatggt 360

ggtggcagag acgatggcgc cgccgcccgt ggccccgcag acggtggaga cgcctacgac 420

gccggagacc tcgacgacct gttcgccgcc gtcgaagacg agcaacagta a 471

<210> 637

<211> 537

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 637

ctgccactgc tacctgtgcc agctacaccg caagaacggc ctagtcgtgc gcccctgatg 60

gcctgcggac ccagaggatg gatgcccccc aacttcgggg gacacgacag agaaaatgct 120

tggtgcaaat ctgttaaatt gtctcatgat gctttctgtg gctgcgacga tcctcttacc 180
catcttgctg ctctgctacc aagcagacaa gcttctcgtc agaatactcc ttctgctcca 240
cctccgcgcc ccccgccgcc gaccccgagg cagggccagg gctctgggcc gcctcagggg 300
cgaatcagac cgtcctggtc cctcccggtg accccacccg ctgacgagcc atggcagcct 360
ggtggtgggg caggcggaga cgctggcgca ggtggaggcg ccgccgcctc cctcgccgcc 420
gccgctggcg acggaggaga cggtggccca gaagacgcag gcggagatgg ccgcgcagac 480
gcagacgtcg cagacctgct cgccgcccta gaaggagacg cagacgccga agggtaa 537

<210> 638
<211> 369
<212> DNA
<213> Torque teno virus
<400> 638
gatcctctta cccatcttgc tgctctgcta ccaggcagac aagcttctcg tcagaatact 60
ccttctgctc cacctccgcg ccccccgccg ccgaccccga ggcagggcca gggctctggg 120
ccgcctcagg ggcgaatcag accgtcctgg tccctcccgg tgaccccacc cgctgacgag 180
ccatggcagc ctggtggtgg ggcaggcgga gacgctggcg caggtggagg cgccgccgcc 240
tccctcgccg ccgccgctgg cgacggagga gacggtggcc cagaagacgc aggcggagat 300
ggccgcgcag acgcagacgt cgcagacctg ctcgccgccc tagaaggaga cgcagacgcc 360

gaagggtaa 369
<210> 639
<211> 396
<212> DNA
<213> Torque teno virus
<400> 639
tctcatgatg ctttctgtgg ctgcgacgat cctcttaccc atcttgctgc tctgctacca 60
ggcagacaag cttctcgtca gaatactcct tctgctccac ctccgcgccc cccgccgccg 120
accccgaggc agggccaggg ctctgggccg cctcaggggc gaatcagacc gtcctggtcc 180
ctcccggtga ccccacccgc tgacgagcca tggcagcctg gtggtggggc aggcggagac 240
gctggcgcag gtggaggcgc cgccgcctcc ctcgccgccg ccgctggcga cggaggagac 300

ggtggcccag aagacgcagg cggagatggc cgcgcagacg cagacgtcgc agacctgctc 360

gccgccctag aaggagacgc agacgccgaa gggtaa 396

<210> 640

<211> 507

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 640

caagaacggc ctagtcgtgc gcccctgatg gcctgcggac ccagaggatg gatgcccccc 60

aacttcgggg gacacgacag agaaaatgct tggtgcaaat ctgttaaatt gtctcatgat 120

gctttctgtg gctgcgacga tcctcttacc catcttgctg ctctgctacc aggcagacaa 180

gcttctcgcc agaatactcc ttctgctcca cctccgcgcc ccccgccgcc gaccccgagg 240

cagggccagg gctctgggcc gcctcagggg cgaatcagac cgtcctggtc cctcccggtg 300

accccacccg ctgacgagcc atggcagcct ggtggtgggg caggcggaga cgctggcgca 360

ggtggaggcg ccgccgcctc cctcgccgcc gccgctggcg acggaggaga cggtggccca 420

gaagacgcag gcggagatgg ccgcgcagac gcagacgtcg cagacctgct cgccgcccta 480

gaaggagacg cagacgccga agggtaa 507

<210> 641

<211> 531

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 641

ctgctacctg tgccagctac accgcaagaa cggcctagtc gtgcgccccc gatggcctgc 60

ggacccagag gatggatgcc ccccaacttc gggggacacg acagagaaaa tgcttggtgc 120

aaatctgtta aattgtctca tgatgctttc tgtggctgcg acgatcctct tacccatctt 180

gctgctctgc taccaggcag acaagcttct cgtcagaata ctccttctgc tccacctccg 240

cgcccccccgc cgccgacccc gaggcagggc cagggctctg ggccgcctca ggggcgaatc 300

agaccgtcct ggtccctccc ggtgacccca cccgctgacg agccatggca gcctggtggt 360

ggggcaggcg gagacgctgg cgcaggtgga ggcgccgccg cctccctcgc cgccgccgct 420

ggcgacggag gagacggtgg cccagaagac gcaggcggag atggccgcgc agacgcagac 480

gtcgcagacc tgctcgccgc cctagaagga gacgcagacg ccgaagggta a 531

<210> 642

<211> 591

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 642

atgttcctcg gcaggccgtg gagaaagagg agggcggccg ggaagaaagg gccactgcca 60

ctgcaagctg tgcgagctgc atcgcaggaa cggtctgaca gtgcaccgct gatggcctgc 120

ggaccccggg gatggatgcc cccgaacttc gggggacacg agagagaaaa tgcctggagc 180

cagtctgttg tactgtctca tgatgctttc tgtggctgcg acgatcctgc tacccatctt 240

actgctctgc tatcaggtag acaagcttct cgtcagagta ctccttctgc tccacctccg 300

cgcccccccgc cgccgtcccc gaggcagggc caggggtctc ggtcacctcc ggggcgaatc 360

agaccatcct ggtccctccc ggtagccccg ccgagtgaag ggccatggct gcctggtggt 420

ggggcaggag gcggcgatgg cgccggtgga gacggcgccg tctccctcgc cgccgccgct 480

ggtgacggag gagacggtgg cccaggaggc gtaggcggag atggccgcgg agacgcagac 540

gtcgcagacc tgctcgccgc cttagaagga gacgtcgacg cagaagggta a 591

<210> 643

<211> 591

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 643

atgttcctcg gcaggccgtg gagaaagagg agggcggccg ggaagaaagg gccactgcca 60

ctgcaagctg tgcgagctgc atcgcaggaa cggtctcaca gtgcaccgct gatagcctgc 120

ggaccccggg gatggatgcc cccgaacttc gggggacacg agagggaaaa tgcctggagc 180

cagtctgttg tactgtctca tgatgctttc tgtggttgcg acgatcctgc tacccatctt 240

actactctgc tatcacgcag acaagcttct cgtcagagta ctccttctgc tccacctccg 300

cgcccccccgc cgccgtcccc gaggcagggc caggggtctc ggtcgcctcc gggacgaatc 360

agaccatcct ggtccctccc ggtagccccg ccgagtgaag ggccatggct gcctggtggt 420

ggggcaggag gcggcgatgg cgccggtgga gacggcgccg tctccctcgc cgccgccgct 480

ggcgacggag gagacggtgg cccaggaggc gtaggcggag atggccgcgg agacgcagac 540

gtcgcggacc tgctcgccgc cttagaagga gacgtcgacg cagaagggta a 591

<210> 644

<211> 591

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 644

atgttcctcg gcaggccgtg gagaaagagg agagcggcag ggaagaaagg gccactgcca 60

ctgcaagctg tgcgggctgc atcgcaggaa cggtctcaca gtgcaccgct gatggcctgc 120

ggaccccggg gatggatgcc cccgaacttc gggggacacg agagagaaaa tgcctggagc 180

cagtctgttg tactgtctca tgatgctttc tgtggttgcg acgatcctgc tacccatctt 240

actactctgc tatcacgcag acaagcttct cgtcagagta ctccttctgc tccacctccg 300

cgcccccgc cgccgtcccc gaggcagggc caggggtctc ggtcgcctcc ggggcgaatc 360

agaccatcct ggtccctccc ggtagccccg ccgagtgaag ggccatggct gcytggtggt 420

ggggcaggag gcggcgatgg cgccggtgga gacggcgccg tytccctcgc cgccgccgct 480

ggcgacggag gagacggtgg cccaggaggc gtaggcggag atggccgcgg agacgcagac 540

gtcgcagacc tgctcgccgc cttagaagga gacgtcgacg cagaagggta a 591

<210> 645

<211> 1083

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 645

atggctgagt ttatgctgcc cgtccgcaga gaggagccac ggcgggggat ccgaacgtcc 60

cgagggcggg tgccggaggt gagtttacac accgcagtca aggggcaatt cgggctcggg 120

actggccggg ctatgggcaa ggctcttaaa aaagccatgt ttctcggtaa attacacaga 180

aagaagaggg cactgtcact gcacggcctg ccagctacaa agaaaaaacc acctcctgat 240

atgaactact ggaggccgcc tgtgcacaat gtcccggggc tcgaacgcct ctggtacgag 300

tccgtgcatc gtagccatgc tgctgtttgt ggttgtgggg attttgtacg ccatattact 360

gctctggctg agagatacgg ccaccctggg ggaccgcgcg cgcctggggc accgggaata 420

gggggcaatc ccaattctcc cccgatccgt cgagcccgcc acccggcggc cgctccggag 480

cccccagcag gtaaccagcc tccggccctg ccatggcatg gggatggtgg aaacgaaggc 540

gcaagtggtg gtggagacga cgctggactc gtggccgact tcgcaaacga cgggctagac 600

gagctggtcg ccgccctcga cgaagaagag tcccaaaaaa cccagggtcg acctcgggcc 660

aatccaacag caagaaaggc cctccgattc actccaaaga gaatcgaggc cgtgggagac 720

cagcgaagaa gagagcgaag cagaagtcca gcaagaagag acggaggagg tgcccctcag 780

acagcaactc ctccacaacc tcagagagca gcagcaactc cgaaagggcc tccagtgcgt 840

cttccagcag ctaataaaga cgcagcaggg ggttcacata gacccatccc tactgtaggc 900

cccagtcagt ggctcttccc cgagagaaag cctaaacccc ctccatcggc cggagactgg 960

gccatggagt acctagcttg caagatattc aacaggccgc cccgcactca ccttacagac 1020

cctcctttct acccctactg caaaaacaat tacaatgtaa cctttcagct caactacaaa 1080

taa 1083

<210> 646

<211> 1056

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 646

atggctgagt ttatgctgcc cgtccgcaga gaggagccac ggcgggggat ccgaacgtcc 60

cgagggcggg tgccggaggt gagtttacac accgcagtca aggggcaatt cgggctcggg 120

actggccggg ctatgggcaa ggctcttaaa aaagccatgt ttctcggtaa attacacaga 180

aagaagaggg cactgtcact gcacggcctg ccagctacaa agaaaaaacc acctcctgat 240

atgaactact ggaggccgcc tgtgcacaat gtcccggggc tcgaacgcct ctggtacgag 300

tccgtgcatc gtagccatgc tgctgtttgt ggttgtgggg attttgtacg ccatattact 360

gctctggctg agagatacgg ccaccctggg ggaccgcgcg cgcctggggc accgggaata 420

gggggcaatc ccaattctcc cccgatccgt cgagcccgcc acccggcggc cgctccggag 480

cccccagcag gtaaccagcc tccggccctg ccatggcatg gggatggtgg aaacgaaggc 540

gcaagtggtg gtggagacga cgctggactc gtggccgact tcgcaaacga cgggctagac 600

gagctggtcg ccgccctcga cgaagaagag ttgttagaga cccctgcact cagcccacct 660

tcgaactgcc cggagccagt acgcagcctc cacgaataca agtcacggac ccgaaactcc 720

tcggtcccca ctactcattc cactcgtggg acctcagacg tggctactat agcacaaaga 780

gtattaaacg aatgtcagaa cacgaagaac cttctgagtt tattttccca ggtcccaaaa 840

aacccagggt cgacctcggg ccaatccaac agcaagaaag gccctccgat tcactccaaa 900

gagaatcgag gccgtgggag accagcgaag aagagagcga agcagaagtc cagcaagaag 960

agacggagga ggtgcccctc agacagcaac tcctccacaa cctcagagag cagcagcaac 1020

tccgaaaggg cctccagtgc gtcttccagc agctaa 1056

<210> 647

<211> 633

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 647

atggctgagt ttatgctgcc cgtccgcaga gaggagccac ggcgggggat ccgaacgtcc 60

cgagggcggg tgccggaggt gagtttacac accgcagtca aggggcaatt cgggctcggg 120

actggccggg ctatgggcaa ggctcttaaa aaagccatgt ttctcggtaa attacacaga 180

aagaagaggg cactgtcact gcacggcctg ccagctacaa agaaaaaacc acctcctgat 240

atgaactact ggaggccgcc tgtgcacaat gtcccggggc tcgaacgcct ctggtacgag 300

tccgtgcatc gtagccatgc tgctgtttgt ggttgtgggg attttgtacg ccatattact 360

gctctggctg agagatacgg ccaccctggg ggaccgcgcg cgcctggggc accgggaata 420

gggggcaatc ccaattctcc cccgatccgt cgagcccgcc acccggcggc cgctccggag 480

cccccagcag gtaaccagcc tccggccctg ccatggcatg gggatggtgg aaacgaaggc 540

gcaagtggtg gtggagacga cgctggactc gtggccgact tcgcaaacga cgggctagac 600

gagctggtcg ccgccctcga cgaagaagag taa 633

<210> 648

<211> 150

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 648

atggctgagt tttccacgcc cgtccgcagc gagatcgcga cggaggagcg atcgagcgtc 60

ccgagggcgg gtgccgaagg tgagtttaca caccggagtc aaggggcaat tcgggctcgg 120

gactggccgg gctatgggca aggctcttaa 150

<210> 649

<211> 150

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 649

atggctgagt tttccatgcc cgtccgcagc ggtgaagcca cggagggagc tcagcgcgtc 60

ccgagggcgg gtgccgaagg tgagtttaca caccgaagtc aaggggcaat tcgggctcgg 120

gactggccgg gctatgggca aggctcttaa 150

<210> 650

<211> 150

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 650

atggctgagt tttctatgcc cgtccgcagc ggcgaagcca cggagggagc tcagcgcgtc 60

ccgagggcgg gtgccggagg tgagtttaca caccgaagtc aaggggcaat tcgggctcgg 120

gactggccgg gctatgggca aggctcttaa 150

<210> 651

<211> 456

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 651

atgcactttt ctaggatatc cagaaagaaa aggctactgc tactgcaaac agtgccagct 60

ccacagaaaa ctttcaaact tttaagaggt atgtggagtc ctcccactga cgatgaacgt 120

gtccgcgagc gaaaatggtt cctcgcaact gtttattctc actctgcttt ctgtggctgc 180

aatgatcctg tcggtcacct ctgtcgcttg gctactcttt ctaaccgtcc ggagaacccg 240

ggaccctccg ggggacgtcg tgctccttcg atcggggtcc tacccgctct cccggctgct 300

accgagcagc ccggtgatcg agcaccatgg cctatgggtg gtggaggaga cgccgcagaa 360

ggtggaagag atggaggaga aggcccaggt ggagacgccc atggaggacc cgcagacgca 420

gacctgctag acgccgtgga cgccgcagaa cagtaa 456

<210> 652

<211> 456

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 652

atgcactttt ctaggatacg cagaaagaaa aggctactgc tactgcaaac agtgccagct 60

ccacagaaaa ctctcaaact tttaaaaggt atgtggagtc ctcccaccga cgatgaacgt 120

gtccgcgagc gaaaatggtt cctcgcaact atttattctc actctacttt ctgtggctgc 180

aatgatcctg tcggtcactt ctgtcgcctg gctactctgt ctaaccgccc ggaaaacccg 240

ggaccctccg gaggacgtag tgctcctcag atcgggctcc tacccgctct cccggctgct 300

cccgagcaac ccggtgatcg agcaccatgg cttatgggtg gtggaggaga cgccgcagga 360

ggtggaagag atggaggaga aggcccaggt ggagacgccc atggaggacc cgcagacgca 420

gacctgctgg acgccgtgga cgccgcagaa cagtaa 456

<210> 653

<211> 456

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 653

atgcactttt ctaggataca cagaaagaaa aggctactgc cactgcaaac agtgccaact 60

ccacagaaaa ctctcaaact tttaaaaggt atgtggagtc ctcccaccga cgatgaacgt 120

gtccgcgagc gaaaatggtt cctcgcaact atctattctc actctacttt ctgtggctgc 180

aatgatcctg tcgctcattt ctgtcgcctg gctactctct ctaaccgccc ggaaaacccg 240

ggaccctccg gaggacgtag tgctcctcag atcgggctcc tacccgctct cccggctgct 300

cccgagcaac ccggtgatcg agccccatgg cctatgggtg gtggaggaga cgccgcagga 360

ggtggaagag atggaggaga aggcccaggt ggagacgccg ctggaggacc cgcagacgca 420

gacctgctgg acgccgtaga cgccgcagaa cagtaa 456

<210> 654

<211> 453

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 654

atgtttattg gcaggcatta cagaaagaaa agggcgctgt cactgtgtgc tgtgcgaaca 60

acaaagaagg cttgcaaact actaatagta atgtggaccc cacctcgcaa tgatcaacag 120

taccttaact ggcaatggta ctcaagtgta cttagctccc acgctgctat gtgcgggtgt 180

cccgacgctg tcgctcattt taatcatctt gcttctgtgc ttcgtgcccc gcaaaaccca 240

ccccctcccg gtccccagcg aaacctgccc ctccgacggc tgccggctct cccggctgcg 300

ccagaggcgc ccggagatag agcaccatgg cctatggctg gtggcgccga aggagaagac 360

ggtggcgcag gtggagacgc agaccatgga ggcgccgctg gaggacccga agacgcagac 420

ctgctagacg ccgtggccgc cgcagaaacg taa 453

<210> 655

<211> 174

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 655

atgtttggtg accccaaacc ttacaaccct tccagtaatg actggaaaga ggagtacgag 60

gcctgtagaa tatgggacag acccccccaga ggcaacctaa gagacacccc tttctacccc 120

tgggccccca aggaaaacca gtaccgtgta aactttaaac ttggatttca ataa 174

<210> 656

<211> 345

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 656

atgatgaata tgttgcaggg cctttaccaa gaaaaagaaa caaattcgat accagagccc 60

aagggctgca aacccccgaa aaagaaagct acactttact ccaagccctc caagagtcgg 120

ggcaagagac cagctcagaa gaccaagaac aagcacccca agaaaaagag ggtcagaagg 180

aagcgctcat ggagcagctc cagctccaga aacagcacca gcgagtcctc aagcgaggcc 240

tcaaactcct cctcggagac gtcctccgac tccggagagg agtccactgg gacccccctcc 300

tgtcataatt cagggcccct ctatcccaga cctgcttttc cctaa 345

<210> 657

<211> 345

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 657

atgatgaata tgttgcaggg cctttaccaa gaaaaagaaa caagttcgat accagagccc 60

aagggctcca aagccccgaa aaagaaagct acactttact ccaagccctc caagagtcgg 120

ggcaagagag cagctcagaa gaccaagaac aagcacccca agaaaaagag ggtcagaagg 180

aagcgctcat ggagcagctc cagctccaga aacagcacca gcgagtcctc aagcgaggcc 240

tcaaactcct cctcggagac gttctccgac tccggagagg agtacactgg gacccccctcc 300

tgtcataatt cagggcccct ctatcccaga cctacttttc cctaa 345

<210> 658

<211> 345

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 658

atgatgaata tgttgcaggg cctttaccaa gaaaaagaaa caagttcgat accagagccc 60

aagggctcca aagccccgaa aaagaaagct acactttact ccaagccctc caagagtcgg 120

ggcaagagac gagctcagaa gaccaagaac aagcacccca agaaaaagag ggtcagaagg 180

aagcgctcat ggagcagctc cagctccaga aacagcacca gcgagtcctc aagcgaggcc 240

tcaaactcct cctcggagac gttctccgac tccggagagg agtacactgg gacccccctcc 300

tgtcataatt cagggcccct ctatcccaga cctgcttttc cctaa 345

<210> 659

<211> 783

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 659

atgagctttg tagaaccctt actaaccagc acccacagag agatagcata ctaccatggc 60

tgtgttcaga tgcacaaagc cttctgtggg tgtgacaact ttcttaccca cctgcaacgc 120

ataacaacat acatctctgc taaccaacac actccaccca gcacaccctc aaacaccctc 180

cgtagagccc gggccctgcc cgcggctccg gagccagctc catggcgtgg acctggtggt 240

ggcagaggag gcgccgaagg tggccgtgga gaaggagaag gtggagaaga ctacgcacaa 300

gaagacctag acgccttgtt cgacgccgtc gcaagagata cagagttatc agaaaccctt 360

gtaaaacaga aggacacgat ctccctcaca ccagtagact ccatcgcgac ttacaagttg 420

ttgacccaca caccgtgggc ccccaatggg cgctccacac ctgggactgg cgacgtggac 480

tctttggttc agaggctatc aaaagagtgt ctgaacaaca agtacatgat gaactgtatt 540

acccaccttc aaagaaacct cgattcctcc ctccaatatc aggcctccaa gagcaagaaa 600

gagactacag ttcgcaggag gagaaagaac agtcctcctc agaagaagag acggacccga 660

agaaaaaaga gcaaaaacag cagcagcgac tccacctcca gttccaagag cagcagcgac 720

tcggaaacca actccgactc atcttccgag agctacagaa aacccaagcg ggtctccact 780

taa 783

<210> 660

<211> 528

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 660

atggcgtggt cgtggtggtg gaggcgaagg aaacgctggt ggccgcgcag aaggaggcga 60

tggagaaggc tacgaacccg aagaactgga agagctgttc cgcgccgccg ccgccgacga 120

cgagtaagga ggcgccggtg ggggaggcga ccgcgtagga gacgggtgta ctataagaga 180

cgcagacgaa agactggcag actgtataga aagcctaaaa aaaaactagt actgactcaa 240

tggcacccca ctacagttag aaactgctcc atacggggct tagtgcccct agtcctctgc 300

ggacacacac agggaggcag aaactttgct ttgaggagcg atgactaccc caaacaaggc 360

accccatacg ggggcagctt cagcactaca acctggaacc tcagggtgct tttcgacgag 420

caccaaaaac accacaatac gtggagctat ccaagcaatc aactagacct agccagattt 480

agaggcagca tattttactt tacagagaca aaaaaactga ctacatag 528

<210> 661

<211> 783

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 661

atgagctggt gtactccagt tgaaaatgcc tataagagag agatccactt tctcaggggc 60

tgtcaactgc ttcacactag cttttgtggt tgcgatgatt ttattaatca tattattcgc 120

ctacaaaatc ttcacggcaa cctacaccag cccacgggac cgtccacacc tccagtgacc 180

cgtagagctc tggccttgcc ggctgctccg gagtcatggc gttccggtgg tggtggtgga 240

gacgccgccc gcagcgacga tggacccggc gccgatggag gagactacga acccgccgac 300

ctagacgcac tgtacgacgc cgtcgccgca gaccaagaat tatcaaaaac ccgtgtaaaa 360

aagaagaatc cacattcacc tatcccagta gagagcctcg cgacctacaa gttgttgacc 420

cactcaccat gggcccagaa tgggtcttcc acacatggga ctggagacgt ggacttttg 480

gtaaaaatgc tgtcgacaga gtgtcaaaaa aaccagacga tgatgcagaa tattatccag 540

taccaaaaag gcctcgattc ttccctccaa cagacacaca gtcagagcca gaaaaagact 600

tcggtttcac accggagagc caagagttac agcaagaaga cttacgagca ccccaagaag 660

aaagccaaga ggtacagcag cagcgactgc tccagctcag actctcacag cagttcagac 720

tcagacagca gctccagcac ctgttcgtac aagtcctcaa aacccaagca ggtctccaca 780

taa 783

<210> 662

<211> 783

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 662

atgagctttg tagaaccgtt actaagcagc acccaccgag agatagcatt ctaccatggc 60

tgtgttcaaa tgcacaaggc cttctgtggc tgtgacaact ttcttaccca cctgcagcgc 120

ataacaacat acatctctgc taatcaacac actccaccca gcacaccctc aaacaccctc 180

cgtagagccc gggccctgcc cgcggctccg gagccagctc catggcgtgg acctggtggt 240

ggcagaggag gcgccgaagg tggccgtgga gaaggagaag gtggagaaga ctacgcacca 300

gaagacctag acgacttgtt cgccgccgtc gcaagagata cagagttatc agaaaccctt 360

gtaaaacaga aggacacgat ctccctcaca ccagtagact ccatcgcgac ttacaagttg 420

ttgacccaca caccgtgggc ccccaatggg cgctccacac ctgggactgg cgacgtggac 480

tctttggttc agaggctatc aaaagagtgt ctgaacaaca agtacatgat gaactgtatt 540

acccagcttc aaagaaacct cgattcctcc ctccaatatc aggcctccaa gagcaagaaa 600

gagactacag ttcgcaggag gaaaaagacc agtcctcctc agaagaagag aaggacccga 660

agaaaaaaga gcaaaaacag cagcagcgac tccacctcca gttccaagag cagcagcgac 720

tcggaaacca actccgactc atcttccgag agctacagaa aacccaagcg ggtctccaca 780

taa 783

<210> 663

<211> 843

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 663

atgagtctgt ggcgaccccc ggtccacaat gcccccggca gagagagact ttggtttcag 60

gcctgttacg aatctcacag tgctttttgt ggctgtggta gctttattct tcatcttact 120

agcttggctg cacgttttaa ttttcaggcc gggccaccgc ctcccggggg tccccgggcg 180

gagaccccgc cgattctgag ggcgctgccg gcaccccagc cgcgccgcca ccgccagacg 240

gagaaccccg ggtctgagcc atggcctgga gatggtggtg gagacggcgc tggaagccaa 300

gaaggcggcc agcgtggacc aagtaccgca gacgcaggtg gagacgactt cgaccccgca 360

gacctagaag acttgctcgc ggccgtcgaa gaagacgaac agtcatcaaa gacccgtgca 420

gctcctcagg actggcacct accgactcca gtagattcaa gcgggatgta caagtcgtta 480

gcccgctcac aatggggccc cgactgctat tccactcgtt cgaccaaaga cgagggttct 540

ttactccagg agctatcaaa cgaatgcatg atgaacaaat taatgttcca gactttacac 600

aaaaacctaa aatcccgcga attttcccac cagtcgagct ccgagaaaga gcagaagccg 660

aagaagactc aggttcggaa aaagcgtcgt tcacctcgtc gcaagagaga gaagccgaag 720

cccaagaaaa gttaccgata cagctccagc tcagacagca gctcagacaa caacagcagc 780

tccgagtcca cttgcagcaa gtcttcctcc aactccaaaa aacgaaggca catttacata 840

taa 843

<210> 664

<211> 822

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 664

atgaatctct ggcgaccccc tctgagaaat atcccccaca gggagagatg ttggcttgag 60

gcctgtctca gagcccacga ttctttttgt ggctgtccta gtcctattgt tcatttttct 120

agtctggttg cacgttttaa tctacaagga ggcccgccgc cagaggatga ctccccacag 180

ggcgcgccag tcctgagggc cctgccggca ccgagccccc acaggcacac ccgcacggag 240

aacccctccg gtgagccatg gcctactcct actggtggcg ccgccggagg tggccgtgga 300

gaggccgatg gaggcgctgg aggcgccgca gacgaatacc gcgccgaaga cctagacgac 360

ctgttcgccg ctatcgaagg agaccaacga tcagaaaccc gtgcacctcg gacggacaga 420

cgcccacaac cagtagacag tctagagagg tacaaatcgt tgacccgctc accatgggac 480

cccgatacgt attccactcg tgggactggc gacgtgggtg gcttaatgac agaactctca 540

aacgcttgtt ccaaaaaccg ctcgattttg aagagtatcc aaaatctcca aagagaccta 600

gaattttccc acccacagag cagctccaag aagacccgca agagcaagaa agagactcct 660

cttcttcgga agaaagtctc cctacatcgt cagaagagac accgccagcc cacctactca 720

gagtacacct cagaaagcag ctccggcaac agcgagacct ccgagtccag ctcagagccc 780

tgttcgccca agtcctcaaa acgcaagcgg gcctacacat aa 822

<210> 665

<211> 837

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 665

atgccgtgga gaccgccggc tcataacgtc caggggcgag agagccagtg gttcgcggct 60

tgttttcacg gccacgcttc gttttgcggc tgcggtgact ttattgggca tattaacagc 120

cttgctcctc gctttcctaa caaccaagga cccccgcatc cacctgcctt aaacaggcca 180

cctgcacagg gcccagaaag ccccgggggt tccatactac ccctgccagc cctaccggca 240

ccacctgatc cgccaccacg gcctggtggt ggggaagacg gtggcgacgc cgcccgtggg 300

gccgctggcg ccgccgaagg cgcgtatgga gaagaagacc tagaactgct gttcgccgcc 360

gccgaggaag acgatatgca atcgacgacc cctgccagca gggaacccac ccgcttcccg 420

agcccggtac gttgcctaga atcttacaag tcagcgaccc gacgcaactc ggaccgaaaa 480

ccatattcca cctctgggac cagaggcgtg gacttttag caaaagaagt attgaaagaa 540

tgtcagaata caaaggaact gatgacttat tttcaccagg tcgcccaaag cgcccaaagc 600

tcgacacacg tcccgaagga ctaccagagg agcaaagagg agcttacaat ttactccaag 660

ccctcgaaga ctcagcccag tcggaagaaa gcgaccaaga agaaatgcct cccctcgaag 720

aagaacaagt actccacgag caaaagaaag aggcgctcct ccagcagctc cagcagcaga 780

aacaccacca gcgagtcctc aagcgaggcc tcagactcct cctcggagac gtcctga 837

<210> 666

<211> 888

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 666

atgccgtgga gaccgccggt gcatagtgtc caggggcgag aggatcagtg gttcgcgagc 60

ttttttcacg gccacgcttc attttgcggt tgcggtgacg ctgttggcca tcttaatagc 120

attgctcctc gctttcctcg cgccggtcca ccaaggcccc ctccggggct agagcagcct 180

aacccccgc agcagggccc ggccgggccc ggagggccgc ccgccatctt ggcgctgccg 240

gctccgcccg cggagcctga cgacccgcag ccacggcgtg gtggtgggga cggtggcgcc 300

gccgctggcg ccgcaggcga ccgtggagac cgagactacg acgaagaaga gctagacgag 360

cttttccgcg ccgccgccga agacgatttg gaacccaccc gattcccgac cccgataagc 420

accctcgcct cctacaagtg tcgaacccga aactgctcgg accgaggaca gtgttccaca 480

agtgggacat cagacgtggg cagtttagca aaagaagtat taaaagagtg tcagaatact 540

catcggatga tgaatctctt gcgccaggtc tcccatcaaa gcgaaacaag ctcgactcgg 600

ccttcagagg agaaaaccca gagcaaaaag aatgctattc tctcctcaaa gcactcgagg 660

aagaagagac cccagaagaa gaagaaccag caccccaaga aaaagcccag aaagaggagc 720

tactccacca gctccagctc cagagacgcc accagcgagt cctcagacga gggctcaagc 780

tcgtctttac agacatcctc cgactccgcc agggagtcca ctggaacccc gagctcacat 840

agagccccca ccttacatac cagacctact ttttcccaat actggtaa 888

<210> 667

<211> 870

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 667

atgccgtggt ctctgccgag acataatatc agaacgagag aagatctctg ggtgcaatcg 60

attctttatt cacatgacac tttttgtggc tgtgataata ttcctgagca tcttactggc 120

ctcctgggcg gcgtacgacc agctccacct agaaacccag gacccctac catacggagc 180

ctgccggcac tgccgccagc tccggaaccc cctgaggaac cacggcgtgg tggagataca 240

gacggagacc gtggagaaga tggaggagac gccgctgggg cctacgaacc cgaagaccta 300

gaagaacttt tcgccgccgc cgagcaagac gatatcccat tgacgacccc tgccaaaaag 360

gaaaacacga cattcccgac cccgatacaa accctccaag aatacaaata tcagacccgc 420

aacacctcgg accggcgacg ctgttccact cgtgggacct cagacgtgga tatattaata 480

caaaaagtat taaaagaatc tcagaacacc tcgatgctaa tgaatatttt tcgacaggcg 540

tcgtgtccaa aaaaccccga ttcgacactc cccaccacgg gcagctatca aaccaagaag 600

aagacgcctt gtctatcctc agacaacccc aaaaagagca agaagagacc acctccgagg 660

aagaacaagc actccaaaaa gaagaggagc aaaaagaaaa gctcctacag caactcagag 720

tccagcgaca gcaccagcga gtcctcagac agggaatcaa acacctcatg ggagacgtcc 780

tccgactcag acagggagtc cactggaacc cagtcctata atacttccac cagaaccaat 840

accagacctc ttattcccca atactggtaa 870

<210> 668

<211> 876

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 668

atgtcgtgga gaccgccgag ccaaaattta ctgcaaagag aagaggcctg gtactcagct 60

tttcttagct cgcattctac attttgcggt tgtactgacc ctctgctgca tattactctc 120

attgctggcc gccttactaa ccccgtaccc gtcacccgcc aaccggagac ccctcctaac 180

ggcctcaggg ggctgccggc actgccagca ccccctgaac caccagcacc gccaccacgg 240

cctggggatg gtaccggaga agaagatggc gcccatggag aaggagaagg tgggcgatac 300

gcagaagaag acctagaaga actgttcgcc gccgcggcag aagacgatat cctatcgacg 360

acccctacca aaaacccacc cacgaaatac ccgaccccga taagcaccct ccaagactac 420

aaattgcaga cccgaaaatc ctcggaccgt cgacagtctt ccacacatgg gacatcagac 480

gtggcctctt tagcacagca agtcttaaga gagtgtcaga ataccaaccg cctgatgacc 540

ttttttcaac aggcgtcgca tccaaaagac cccgattcga cactccagtc caagggcagc 600

tcgaaagcca agaagaagaa agctatcgtt tactcagagc actccaaaaa gagcaagaga 660

caagcagctc ggaagaggag cagccacaaa accaagagat ccaagaaaaa ctactcctcc 720

agctccagca gcagcgacaa cagcagcgac tcctcgcaaa gggaatcaag cacctcctcg 780

gagatgtcct ccgactccga aaaggagtcc actgggaccc ggtccttaca tagcacctcc 840

agaacctatc ccagaccttt tgttccccag tactaa 876

<210> 669

<211> 834

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 669

atgtcgtggg ctccgccgct attcaactcg aaacagagag aggaccagtg gtaccagtca 60

attattttca gccataatac tttttgcggc tgcggtgacc ttgttaggca tttttgcgtc 120

gttgcttctc gctttactga gcctcctgta gtgccggccc taccggcacc ggtaccggca 180

ccgccacggc gtggtacaga agaagaaggt ggagaccgtg gagaagacgc cgcagaccgt 240

ggaccctacg cagaagaaga gctagaagat ttgttcgccg ccgcccgaga agacgatatc 300

ccatcgacga cccctgccaa aaagacaccc acgaaatacc cgaccccgat aaacacccta 360

gaggaataca aatatcagac ccgaaggtac tcggaccacc cacagtcttc cacacatggg 420

acatcagacg tggactgttt agctcgacga gtcttaaaag agtgtcagaa taccaaccgc 480

ctgatgaccc tttttcaaca ggcgtcgtct tcaaaagacc ccgactggaa acccagtaca 540

aaggaaccca agaaacccca gaagaagacg cctacacttt actcaaagca ctccaaaaag 600

agcaagagag cagcagctcg gaagaagaac tcccacaaga agagcaagag atccaaaaaa 660

cacaactcct caagcagctc caactccagc agcagcaaca gcgaatcctc aagaggggaa 720

tcagacacct cttcggagac gtcctccgac tcagaaaagg agtccactcc aacccagacc 780

tattataata ccagcagagg aaatcccaga cctgcttttc cccaatactg gtaa 834

<210> 670

<211> 873

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 670

atgccgtggc atccaccggg ctacaacgtt caacagagag aagagctctg ggtacagaca 60

gttactactt cacatgctac tttttgcggc tgtggtgacc ctagtagcca tcttcaccgc 120

attcttagcc gccttaataa cagcagccgg cggccccccg aaaccccaaa ccccattcgt 180

gccctaccgg ccctaccggc accccaagaa cctgaacagc cgccatcacg gcctggtacc 240

ggtacagaag aaggccatgg cgccgaagga ggcgaccgag gtggggcctа cgcagaagaa 300

gatttagaag atcttttcgc ggccgcggaa gaagacgata tcccatcgac gacccatgcc 360

aaaagcccac ccacgacctt cccgaccccg atagacaccc cccaagaata caaatctcgg 420

acccggcaag actcggaccg gagacgctct tccactcatg ggacatcaga cgtggataca 480

ttaacacaaa agctattaaa agaatctcag attacacaga atctaatgac tatttttcaa 540

caggcgtcgt gtcaaaaaga ccccgattgg aaacccagta ccacggccaa cacgaaagcc 600

aagaagaaga cgcctatctt ttactcaaac aactccagga agagcaagaa acgagcagtt 660

cggagggaga acaagcaccc caagaaaaaa cactccaaaa agaaaagctc ctcaagcagc 720

tgcagctcca caagcagcag cagcaactcc tcagaaaagg aatcagacac ctcctcgggg 780

acgtcctccg actcagacgg ggagtccact gggacccagg cctatagtac tgcctccaga 840

gcctattcca gacttgcttt tcccaaatac taa 873

<210> 671

<211> 909

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 671

atgtcgtggc gaccgccgtt gcattctatc caaggcagag aagatcaatg gtatgcaggc 60

atctttcata cgcattttgc tttttgcggt tgtggtgacc ctgttgggcg tattaaccgc 120

attgctcacc gctttcctaa cgccggtccc ccgagaccac ctccagggct agaccagccc 180

aacctcggag ggccggaagg tccaggaggt gcccctagag ccctgccagc cctgccggcc 240

ccggcagagc cagagccggc accacggcgt ggtggtgggg ccgatggaga cagcgccgct 300

ggggccgccg ccgccgcaga ccatggaggg tacgacgaag gagacctaga agatcttttc 360

gccgccgccg ccgaggacga tatgcaatcg acgacccctg ccagaagccc acccatgagc 420

tacccgatcc cgatagacac cctcgcatgt tacaagtctc tgacccgaca aagctcggac 480

cgaagacagt gttccacaaa tgggactgga gacgtgggca acttagcaaa agaagtatta 540

aaagagtcca agaagactca acggatgatg aatatgttac agggccttta tcaagaaaaa 600

gaaacaagct cgacacaaag atgccaggcc ccccaacccc cgaaaaagaa agctacactt 660

tactccaagc cctccaagag tcgggccagg agagcagctc ccaggacgaa gaacaagcac 720

cccaaaaaga agagaaccag aaagaagcgc tcgtggagca gctccagctc cagaaacagc 780

accagcgagt cctcaagcga ggcctcaaac tcctcttggg agacgtcctc cgactccgcc 840

gcggagtcca ctgggacccc ctcctatcct aattcagggt ccctctatcc cagacctgct 900

tttccctaa 909

<210> 672

<211> 819

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 672

atgagtattt ggaggcctcc actgcacaat gtcccgggac tcgaacacct ctggtacgag 60

tcagtgcatc gtagccatgc tgctgtttgt ggctgtgggg atcctgtacg ccatcttact 120

gctcttgctg aaagatatgg cattccggga gggtcgcggt cttctggggc accgggagta 180

gggggcaacc acaaccctcc ccagatccgt cgagcccgcc acccggcggc tgctccggac 240

cccccagcag gtaaccagcc tccggccctg ccatggcatg gggatggtgg aaacgaaagc 300

ggcgctggtg gtggagaaag cggtggaccc gtggccgact tcgcagacga tggcctagac 360

gatctcgtcg ccgccctcga cgaagaagaa ttgttaaaga cccctgcacc cagcccacct 420

ttgaaatacc cggtggcggt aacatccctc gcagaataca agtcatcaat ccgaaagtcc 480

tcggacccag ctacagtttc agatcctttg acctcagacg tgacatgttt agcggctcga 540

gtcttaaaag agtctcagaa caacaagaga cttctgagtt tttattctcc ggcggcaaac 600

gccccaggat cgaccttccc aagtacgtcc cgccagaaga agacttcaat atccaagaga 660

gacaacaaag agaacagaga ccgtggacga gcgaaagcga gagcgaagca gaagcccaag 720

aagagacgca ggcgggctcg gtccgagagc agctccagca gcagctccaa gagcagtttc 780

aactccgaag agggctcaag tgcctcttcg agcagttag 819

<210> 673

<211> 819

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 673

atgagcttct ggagacctcc ggtgcacaat gccacgggga tccagcgcct gtggtacgag 60

tcctttcacc gtggccatgc tgctttttgt ggttgtgggg atcctatact tcacattact 120

gcacttgctg agacatatgg ccatccaaca ggcccgagac cttctgggcc accgcgagta 180

gaccccgatc cccagatccg tagagccagg cctgccccgg ccgctccgga gccctcacag 240

gttgagccga gacctgccct gccatggcat ggggatggtg gaagcgacgg cggcgctggt 300

ggttccggaa gcggtggacc cgtggcagac ttcgcagacg atggcctcga tcagctcgtc 360

gccgccctag acgacgaaga attgtacaag atccctgcac acagtccacc tatgacatcc 420

ccggcaccgg taacttgcct cgcagaatac aagtcattga cccgaaagtc ctcggtcccc 480

actactcatt ccaccgctgg gacttcaggc gtggcctctt tggccaacaa gctattaaga 540

gagtgtcaga acaaccaaca acttctgagt ttttattctc aggtccaaag agacccagaa 600

tcgatcaagg gccttacatc ccgccagaaa aaggctcaga ttcactccaa agagaatcga 660

gaccgtggag caactcggag accgaggcag agacagaagc cccctcggaa gaagagccgg 720

agaaccaaga agaacaagta ctccagttgc agctccgaca gcagctccga gaacagcgaa 780

aactcagaca gggaatccag tgcctcttcg agcaactga 819

<210> 674

<211> 318

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 674

atgctatcca gagagtgtca caaaaaccgg aagatgctct ccgctttaca aacccttca 60

agagacccag atatcttccc ccgacagacg gagaagacta ccgacaagaa gaagacttcg 120

ctttacagga aagaagacgg cgcacatcca cagaagaagt ccaggacgag gagagccccc 180

cgcaaaacgc gccgctccta cagcagcagc agcagcagcg ggagctctca gtccagcacg 240

cggagcagca gcgactcgga gtccaactcc gatacatcct ccaagaagtc ctcaaaacgc 300

aagcgggtct ccacctaa 318

<210> 675

<211> 750

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 675

atgagctttg tagaaccctt actaaccagc acccacagag agatagcata ctaccatggc 60

tgtgttcaga tgcacaaagc cttctgtggg tgtgacaact ttcttaccca cctgcaacgc 120

ataacaacat acatctctgc taaccaacac actccaccca gcacaccctc aaacaccctc 180

cgtagagccc gggccctgcc cgcggctccg gagccagctc catggcgtgg acctggtggt 240

ggcagaggag gcgccgaagg tggccgtgga gaaggagaag gtggagaaga ctacgcacaa 300

gaagacctag acgccttgtt cgacgccgtc gcaagagata cagagcctcc aagagcaaga 360

aagagactac agttcgcagg aggagaaaga acagtcctcc tcagaagaag agacggaccc 420

gaagaaaaaa gagcaaaaac agcagcagcg actccacctc cagttccaag agcagcagcg 480

actcggaaac caactccgac tcatcttccg agagctacag aaaacccaag cgggtctcca 540

cttaaatcct atgttatcaa accggctgta aataaagttt acctttttcc tcccgagggg 600

cctaaaccca tctctggcta cagagcatgg gaagacgaat ttaccacctg taagtactgg 660

gacaggccta gtagaattaa ccacacagac ccccccttt accctggat gcctaaatac 720

aatgtaacct tcaaacttgg ctggaaataa 750

<210> 676

<211> 765

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 676

atgagctggt gtactccagt tgaaaatgcc tataagagag agatccactt tctcaggggc 60

tgtcaactgc ttcacactag cttttgtggt tgcgatgatt ttattaatca tattattcgc 120

ctacaaaatc ttcacggcaa cctacaccag cccacgggac cgtccacacc tccagtgacc 180

cgtagagctc tggccttgcc ggctgctccg gagtcatggc gttccggtgg tggtggtgga 240

gacgccgccc gcagcgacga tggacccggc gccgatggag gagactacga acccgccgac 300

ctagacgcac tgtacgacgc cgtcgccgca gaccaagaac acacagtcag agccagaaaa 360

agacttcggt ttcacaccgg agagccaaga gttacagcaa gaagacttac gagcacccca 420

agaagaaagc caagaggtac agcagcagcg actgctccag ctcagactct cacagcagtt 480

cagactcaga cagcagctcc agcacctgtt cgtacaagtc ctcaaaaccc aagcaggtct 540

ccacataaac ccattatttt taaaccatgc ataaatcagg tctttatgtt tccaccagac 600

acccccagac ctattataac taaagaaggc tgggaggatg agtttgtcac ctgcaaacac 660

tgggataggc cagctagatc atactacaca gacacaccta cttacccttg gatgcccaag 720

gcacccccctc aatgcaatgt aagctttaaa cttggcttta aataa 765

<210> 677

<211> 750

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 677

atgagctttg tagaaccgtt actaagcagc acccaccgag agatagcatt ctaccatggc 60

tgtgttcaaa tgcacaaggc cttctgtggc tgtgacaact ttcttaccca cctgcagcgc 120

ataacaacat acatctctgc taatcaacac actccaccca gcacaccctc aaacaccctc 180

cgtagagccc gggccctgcc cgcggctccg gagccagctc catggcgtgg acctggtggt 240

ggcagaggag gcgccgaagg tggccgtgga gaaggagaag gtggagaaga ctacgcacca 300

gaagacctag acgacttgtt cgccgccgtc gcaagagata cagagcctcc aagagcaaga 360

aagagactac agttcgcagg aggaaaaaga ccagtcctcc tcagaagaag agaaggaccc 420

gaagaaaaaa gagcaaaaac agcagcagcg actccacctc cagttccaag agcagcagcg 480

actcggaaac caactccgac tcatcttccg agagctacag aaaacccaag cgggtctcca 540

cataaatcct atgttatcaa accggctata aataaagttt acctttttcc tcccgagggg 600

cctaaaccca tctctggcta cagagcatgg gaagatgagt tcacctgctg taagtactgg 660

gacaggccta gtagaattaa ccacacagac ccccccttct acccctggat gcctaagtac 720

aatgtaacct ttaaacttgg ctggaaataa 750

<210> 678

<211> 822

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 678

atgagtctgt ggcgaccccc ggtccacaat gcccccggca gagagagact ttggtttcag 60

gcctgttacg aatctcacag tgctttttgt ggctgtggta gctttattct tcatcttact 120

agcttggctg cacgttttaa ttttcaggcc gggccaccgc ctcccggggg tccccgggcg 180

gagaccccgc cgattctgag ggcgctgccg gcaccccagc cgcgccgcca ccgccagacg 240

gagaaccccg ggtctgagcc atggcctgga gatggtggtg gagacggcgc tggaagccaa 300

gaaggcggcc agcgtggacc aagtaccgca gacgcaggtg gagacgactt cgaccccgca 360

gacctagaag acttgctcgc ggccgtcgaa gaagacgaac atcgagctcc gagaaagagc 420

agaagccgaa gaagactcag gttcggaaaa agcgtcgttc acctcgtcgc aagagagaga 480

agccgaagcc caagaaaagt taccgataca gctccagctc agacagcagc tcagacaaca 540

acagcagctc cgagtccact tgcagcaagt cttcctccaa ctccaaaaaa cgaaggcaca 600

tttacatata aacccactat ttttggccca agggaacatg taaacatgtt cggtgagtac 660

ccagatagga agcccactaa ggaagattgg cagaccgagt atgagacctg cagagccttt 720

gatagacccc ctagaacctt actcacagat ccccctttct acccctggat gcctaaacaa 780

ccccccacct atcgtgtatc cttcaaactt ggctttcaat aa 822

<210> 679

<211> 807

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 679

atgaatctct ggcgaccccc tctgagaaat atcccccaca gggagagatg ttggcttgag 60

gcctgtctca gagcccacga ttctttttgt ggctgtccta gtcctattgt tcatttttct 120

agtctggttg cacgttttaa tctacaagga ggcccgccgc cagaggatga ctccccacag 180

ggcgcgccag tcctgagggc cctgccggca ccgagccccc acaggcacac ccgcacggag 240

aacccctccg gtgagccatg gcctactcct actggtggcg ccgccggagg tggccgtgga 300

gaggccgatg gaggcgctgg aggcgccgca gacgaatacc gcgccgaaga cctagacgac 360

ctgttcgccg ctatcgaagg agaccaagca gctccaagaa gacccgcaag agcaagaaag 420

agactcctct tcttcggaag aaagtctccc tacatcgtca gaagagacac cgccagccca 480

cctactcaga gtacacctca gaaagcagct ccggcaacag cgagacctcc gagtccagct 540

cagagccctg ttcgcccaag tcctcaaaac gcaagcgggc ctacacataa acccccctctt 600

attggccccg cagtaaacaa ggtctacttg ttccctgaca gggcccctaa acctccacct 660

agctcgggag actgggccac ggagtacgcg gcggccgccg ccttcgatag acccccccaga 720

ggcaacctgt cagacaaccc cttctatccc tggatgccaa caaacaccaa attctctgta 780

acctttaaac tggggtggaa accctga 807

<210> 680

<211> 894

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 680

atgccgtgga gaccgccggc tcataacgtc caggggcgag agagccagtg gttcgcggct 60

tgttttcacg gccacgcttc gttttgcggc tgcggtgact ttattgggca tattaacagc 120

cttgctcctc gctttcctaa caaccaagga cccccgcatc cacctgcctt aaacaggcca 180

cctgcacagg gcccagaaag ccccgggggt tccatactac ccctgccagc cctaccggca 240

ccacctgatc cgccaccacg gcctggtggt ggggaagacg gtggcgacgc cgcccgtggg 300

gccgctggcg ccgccgaagg cgcgtatgga gaagaagacc tagaactgct gttcgccgcc 360

gccgaggaag acgatatgtc gcccaaagcg cccaaagctc gacacacgtc ccgaaggact 420

accagaggag caaagaggag cttacaattt actccaagcc ctcgaagact cagcccagtc 480

ggaagaaagc gaccaagaag aaatgcctcc cctcgaagaa gaacaagtac tccacgagca 540

aaagaaagag gcgctcctcc agcagctcca gcagcagaaa caccaccagc gagtcctcaa 600

gcgaggcctc agactcctcc tcggagacgt cctgaaactc cgccggggtc tacacataga 660

cccggtcctt acatagcacc ccctccatac atccctgacc ttctttttcc caacacccaa 720

aaaaaaaaaa aattttccaa cttcgattgg gctacagaat accagcttgc taccgctttc 780

gaccgccctc tccgccacta ccccttagac ctcccgcact acccgtggct accaaaaaag 840

cccaataccc actctaccta tagagtgtcc tttcaactaa aagcccccca ataa 894

<210> 681

<211> 882

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 681

atgccgtgga gaccgccggt gcatagtgtc caggggcgag aggatcagtg gttcgcgagc 60

ttttttcacg gccacgcttc attttgcggt tgcggtgacg ctgttggcca tcttaatagc 120

attgctcctc gctttcctcg cgccggtcca ccaaggcccc ctccggggct agagcagcct 180

aacccccccgc agcagggccc ggccgggccc ggagggccgc ccgccatctt ggcgctgccg 240

gctccgcccg cggagcctga cgacccgcag ccacggcgtg gtggtgggga cggtggcgcc 300

gccgctggcg ccgcaggcga ccgtggagac cgagactacg acgaagaaga gctagacgag 360

cttttccgcg ccgccgccga agacgatttg tctcccatca aagcgaaaca agctcgactc 420

ggccttcaga ggagaaaacc cagagcaaaa agaatgctat tctctcctca aagcactcga 480

ggaagaagag accccagaag aagaagaacc agcaccccaa gaaaaagccc agaaagagga 540

gctactccac cagctccagc tccagagacg ccaccagcga gtcctcagac gagggctcaa 600

gctcgtcttt acagacatcc tccgactccg ccagggagtc cactggaacc ccgagctcac 660

atagagcccc caccttacat accagaccta ctttttccca atactggtaa aaaaaaaaaa 720

ttctctccct tcgactggga aacggaggcc cagctagcag ggatattcaa gcgtcctatg 780

cgcttctatc cctcagacac ccctcactac ccgtggttac cccccaagcg cgatatcccg 840

aaaatatgta acataaactt caaaataaag ctgcaagagt ga 882

<210> 682

<211> 840

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 682

atgccgtggt ctctgccgag acataatatc agaacgagag aagatctctg ggtgcaatcg 60

attctttatt cacatgacac tttttgtggc tgtgataata ttcctgagca tcttactggc 120

ctcctgggcg gcgtacgacc agctccacct agaaacccag gacccctac catacggagc 180

ctgccggcac tgccgccagc tccggaaccc cctgaggaac cacggcgtgg tggagataca 240

gacggagacc gtggagaaga tggaggagac gccgctgggg cctacgaacc cgaagaccta 300

gaagaacttt tcgccgccgc cgagcaagac gatatgcgtc gtgtccaaaa aaccccgatt 360

cgacactccc caccacgggc agctatcaaa ccaagaagaa gacgccttgt ctatcctcag 420

acaaccccaa aaagagcaag aagagaccac ctccgaggaa gaacaagcac tccaaaaaga 480

agaggagcaa aaagaaaagc tcctacagca actcagagtc cagcgacagc accagcgagt 540

cctcagacag ggaatcaaac acctcatggg agacgtcctc cgactcagac agggagtcca 600

ctggaaccca gtcctataat acttccacca gaaccaatac cagacctctt attccccaat 660

actggtaaaa aaaaaaaatt ctctctcttc gactgggagt gcgagaggga tctagcatgt 720

gcattctgcc gtcccatgcg cttctatccc tcagacaacc caacttaccc gtggttaccc 780

cccaagcgag atatccccaa aatatgtaaa gtaaacttca aaataaattt cactgaatga 840

<210> 683

<211> 849

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 683

atgtcgtgga gaccgccgag ccaaaattta ctgcaaagag aagaggcctg gtactcagct 60

tttcttagct cgcattctac attttgcggt tgtactgacc ctctgctgca tattactctc 120

attgctggcc gccttactaa ccccgtaccc gtcacccgcc aaccggagac ccctcctaac 180

ggcctcaggg ggctgccggc actgccagca ccccctgaac caccagcacc gccaccacgg 240

cctggggatg gtaccggaga agaagatggc gcccatggag aaggagaagg tgggcgatac 300

gcagaagaag acctagaaga actgttcgcc gccgcggcag aagacgatat gcgtcgcatc 360

caaaagaccc cgattcgaca ctccagtcca agggcagctc gaaagccaag aagaagaaag 420

ctatcgttta ctcagagcac tccaaaaaga gcaagagaca agcagctcgg aagaggagca 480

gccacaaaac caagagatcc aagaaaaact actcctccag ctccagcagc agcgacaaca 540

gcagcgactc ctcgcaaagg gaatcaagca cctcctcgga gatgtcctcc gactccgaaa 600

aggagtccac tgggacccgg tccttacata gcacctccag aacctatccc agacctttg 660

ttccccagta ctaaaaaaaa aaagaaattt tcaaaattag actgggagaa cgaggctcaa 720

atagcagggt ggttagacag gcctatgagg ctgtatcctg gggacccccc cttctaccct 780

tggctacccc gaaagccacc tacccagcct acatgtaggg taagcttcaa aataaagcta 840

gatgattaa 849

<210> 684

<211> 804

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 684

atgtcgtggg ctccgccgct attcaactcg aaacagagag aggaccagtg gtaccagtca 60

attattttca gccataatac tttttgcggc tgcggtgacc ttgttaggca tttttgcgtc 120

gttgcttctc gctttactga gcctcctgta gtgccggccc taccggcacc ggtaccggca 180

ccgccacggc gtggtacaga agaagaaggt ggagaccgtg gagaagacgc cgcagaccgt 240

ggaccctacg cagaagaaga gctagaagat ttgttcgccg ccgcccgaga agacgatatg 300

cgtcgtcttc aaaagacccc gactggaaac ccagtacaaa ggaacccaag aaaccccaga 360

agaagacgcc tacactttac tcaaagcact ccaaaaagag caagagagca gcagctcgga 420

agaagaactc ccacaagaag agcaagagat ccaaaaaaca caactcctca agcagctcca 480

actccagcag cagcaacagc gaatcctcaa gaggggaatc agacacctct tcggagacgt 540

cctccgactc agaaaaggag tccactccaa cccagaccta ttataatacc agcagaggaa 600

atcccagacc tgcttttccc caatactggt aaaaaaaaaa aattctctcc attcgattgg 660

gagacagagc agcagctcgc atgctggatg cggcgcccca tgcgcttcta tccaacagac 720

cccccgttct acccctggct acccccccaag cgagatatcc ccaatatatg taaagtcaac 780

ttcaaaataa attactcaga gtaa 804

<210> 685

<211> 846

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 685

atgccgtggc atccaccggg ctacaacgtt caacagagag aagagctctg ggtacagaca 60

gttactactt cacatgctac tttttgcggc tgtggtgacc ctagtagcca tcttcaccgc 120

attcttagcc gccttaataa cagcagccgg cggccccccg aaaccccaaa ccccattcgt 180

gccctaccgg ccctaccggc accccaagaa cctgaacagc cgccatcacg gcctggtacc 240

ggtacagaag aaggccatgg cgccgaagga ggcgaccgag gtggggcctа cgcagaagaa 300

gatttagaag atcttttcgc ggccgcggaa gaagacgata tgcgtcgtgt caaaaagacc 360

ccgattggaa acccagtacc acggccaaca cgaaagccaa gaagaagacg cctatctttt 420

actcaaacaa ctccaggaag agcaagaaac gagcagttcg gagggagaac aagcacccca 480

agaaaaaaca ctccaaaaag aaaagctcct caagcagctg cagctccaca agcagcagca 540

gcaactcctc agaaaaggaa tcagacacct cctcggggac gtcctccgac tcagacgggg 600

agtccactgg gacccaggcc tatagtactg cctccagagc ctattccaga cttgcttttc 660

ccaaatacta aaaaaaaaaa gaaattttcg cccttagact gggagaacga ggctcaaata 720

gcagggtggt tagacaggcc tatgaggctg tatcctgggg acaacccctt ctacccgtgg 780

ctaccaaaaa agccacctac ccaccctaca tgtagagtaa ccttcaaaat aaagctagat 840

gattaa 846

<210> 686

<211> 891

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 686

atgtcgtggc gaccgccgtt gcattctatc caaggcagag aagatcaatg gtatgcaggc 60

atctttcata cgcattttgc tttttgcggt tgtggtgacc ctgttgggcg tattaaccgc 120

attgctcacc gctttcctaa cgccggtccc ccgagaccac ctccagggct agaccagccc 180

aacctcggag ggccggaagg tccaggaggt gcccctagag ccctgccagc cctgccggcc 240

ccggcagagc cagagccggc accacggcgt ggtggtgggg ccgatggaga cagcgccgct 300

ggggccgccg ccgccgcaga ccatggaggg tacgacgaag gagacctaga agatcttttc 360

gccgccgccg ccgaggacga tatggccttt atcaagaaaa agaaacaagc tcgacacaaa 420

gatgccaggc cccccaaccc ccgaaaaaga aagctacact ttactccaag ccctccaaga 480

gtcgggccag gagagcagct cccaggacga agaacaagca ccccaaaaag aagagaacca 540

gaaagaagcg ctcgtggagc agctccagct ccagaaacag caccagcgag tcctcaagcg 600

aggcctcaaa ctcctcttgg gagacgtcct ccgactccgc cgcggagtcc actgggaccc 660

cctcctatcc taattcaggg tccctctatc ccagacctgc ttttccctaa cactcaaaaa 720

aaacccaaat tttccaactt cgactgggcc accgagtacc aaatagccaa gtggccagac 780

cgcccctttga ggcactaccc ctcagacctc cctcactacc cgtggctacc aaaaaagcca 840

cctacccagc ctacatgtag agtaagtttc aaattaaagc ttgatgccta a 891

<210> 687

<211> 801

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 687

atgagtattt ggaggcctcc actgcacaat gtcccgggac tcgaacacct ctggtacgag 60

tcagtgcatc gtagccatgc tgctgtttgt ggctgtgggg atcctgtacg ccatcttact 120

gctcttgctg aaagatatgg cattccggga gggtcgcggt cttctggggc accgggagta 180

gggggcaacc acaaccctcc ccagatccgt cgagcccgcc acccggcggc tgctccggac 240

cccccagcag gtaaccagcc tccggccctg ccatggcatg gggatggtgg aaacgaaagc 300

ggcgctggtg gtggagaaag cggtggaccc gtggccgact tcgcagacga tggcctagac 360

gatctcgtcg ccgccctcga cgaagaagaa agaagacttc aatatccaag agagacaaca 420

aagagaacag agaccgtgga cgagcgaaag cgagagcgaa gcagaagccc aagaagagac 480

gcaggcgggc tcggtccgag agcagctcca gcagcagctc caagagcagt ttcaactccg 540

aagagggctc aagtgcctct tcgagcagtt agtcagaacc caacagggag tccacgtaga 600

tccctgcctc gtgtaggccc ggagcagtgg ctactccccg agagaaagcc taagcccgct 660

cctacttcag gagactgggc tatggagtac ctaatgtgca aaataatgaa taggcctcct 720

cgctctcagc ttactgaccc cccattttac ccttactgca aaaataatta caatgtaacc 780

tttcagctta actacaaata a 801

<210> 688

<211> 801

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 688

atgagcttct ggagacctcc ggtgcacaat gccacgggga tccagcgcct gtggtacgag 60

tcctttcacc gtggccatgc tgctttttgt ggttgtgggg atcctatact tcacattact 120

gcacttgctg agacatatgg ccatccaaca ggcccgagac cttctgggcc accgcgagta 180

gaccccgatc cccagatccg tagagccagg cctgccccgg ccgctccgga gccctcacag 240

gttgagccga gacctgccct gccatggcat ggggatggtg gaagcgacgg cggcgctggt 300

ggttccggaa gcggtggacc cgtggcagac ttcgcagacg atggcctcga tcagctcgtc 360

gccgccctag acgacgaaga aaaaaggctc agattcactc caaagagaat cgagaccgtg 420

gagcaactcg gagaccgagg cagagacaga agccccctcg gaagaagagc cggagaacca 480

agaagaacaa gtactccagt tgcagctccg acagcagctc cgagaacagc gaaaactcag 540

acagggaatc cagtgcctct tcgagcaact gataacaacc caacaggggg ttcacaaaaa 600

cccattgcta gagtaggccc agagcagtgg ctgtttcccg agagaaagcc aaaaccacct 660

cccaccgccc aggactgggc ggaggagtac actgcctgta aatactgggg taggccacct 720

cgcaaattcc tcacagacac gccattctat actcactgca agaccaatta caatgtaacc 780

tttatgctta actatcaata a 801

<210> 689

<211> 516

<212> DNA

<213> Torque teno virus

<400> 689

atgggactgg cgacgggggc tttttggtgc agatgctatc cagagagtgt cacaaaaacc 60

ggaagatgct ctccgcttta caaacccttt caagagaccc agatatcttc ccccgacaga 120

cggagaagac taccgacaag aagaagactt cgctttacag gaaagaagac ggcgcacatc 180

cacagaagaa gtccaggacg aggagagccc cccgcaaaac gcgccgctcc tacagcagca 240

gcagcagcag cgggagctct cagtccagca cgcggagcag cagcgactcg gagtccaact 300

ccgatacatc ctccaagaag tcctcaaaac gcaagcgggt ctccacctaa acccccctatt 360

attaggcccg ccacaaacaa ggtgtatatc tttgagcccc ccagaggcct actccccata 420

gtgggaaaag aagcctggga ggacgagtac tgcacctgca agtactggga tcgccctccc 480

agaaccaacc acctagacac ccccacttat ccctag 516

<210> 690

<211> 22

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

primer"

<400> 690

attcgaatgg ctgagtttat gc 22

<210> 691

<211> 24

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

primer"

<400> 691

cacgaattag ccaagactgg gcac 24

<210> 692

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic primer"

<400> 692

gctcccactc ctgatttctg 20

<210> 693

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic primer"

<400> 693

ccttgactac ggtggtttca c 21

<210> 694

<211> 22

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic primer"

<400> 694

tgcaggcatt cgagggcttg tt 22

<210> 695

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic primer"

<400> 695

tttaaccccc tagtcccagg 20

<210> 696

<211> 56

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 696

tttgtgacac aagatggccg acttccttcc tctttagtct tccccaaaga agacaa 56

<210> 697

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
primer"

<400> 697

gaagcccacc aaaagcaatt 20

<210> 698

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
primer"

<400> 698

agttcccgtg tctatagtcg a 21

<210> 699

<211> 22

<212

> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic probe"

<400> 699

acttcgttac agagtccagg gg 22

<210> 700

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic primer"

<400> 700

agcaacaggt aatggaggac 20

<210> 701

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic primer"

<400> 701

tggaagctgg ggtctttaac 20

<210> 702

<211> 22

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic probe"

<400> 702

tctaccttag gtgcaaaggg cc 22

<210> 703

<211> 71

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide"

<400> 703

cgggtgccgg aggtgagttt acacaccgca gtcaaggggc aattcgggct cgggactggc 60

cgggctwtgg g 71

<210> 704

<211> 71

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide"

<400> 704

cgggtgccgt aggtgagttt acacaccgca gtcaaggggc aattcgggct cgggactggc 60

cgggctatgg g 71

<210> 705

<211> 71

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide"

<400> 705

cgggtgccgg aggtgagttt acacaccgca gtcaaggggc aattcgggct cgggactggc 60

cgggccctgg g 71

<210> 706

<211> 71

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"
<400> 706

cgggtgccgg aggtgagttt acacaccgca gtcaaggggc aattcgggct cgggactggc 60
cgggctttgg g 71
<210> 707
<211> 71
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"
<400> 707
cgggtgccgg aggtgagttt acacaccgca gtcaaggggc aattcgggct cgggactggc 60
cgggctatgg g 71
<210> 708
<211> 71
<
212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"
<400> 708
cgggtgccgg aggtgagttt acacaccgaa gtcaaggggc aattcgggct caggactggc 60
cgggctttgg g 71
<210> 709
<211> 169
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"
<220><221> modified_base

<222> (20)..(20)

<223> a, c, t, g, unknown or other

<220><221> modified_base

<222> (22)..(22)

<223> a, c, t, g, unknown or other

<220><221> modified_base

<222> (40)..(42)

<223> a, c, t, g, unknown or other

<220><221> modified_base

<222> (53)..(56)

<223> a, c, t, g, unknown or other

<220><221> modified_base

<222> (62)..(62)

<223> a, c, t, g, unknown or other

<220><221> modified_base

<222> (64)..(64)

<223> a, c, t, g, unknown or other

<220><221> modified_base

<222> (97)..(98)

<223> a, c, t, g, unknown or other

<400> 709

gccgccgcgg cggcggsggn gnsgcgcgct dcgcgcgcsn nncrccrggg ggnnnncwgc 60

sncnccccccc cccgcgcatg cgcgggkccc ccccccnncg gggggctccg ccccccggcc 120

cccccccgtg ctaaacccac cgcgcatgcg cgaccacgcc cccgccgcc 169

<210> 710

<211> 156

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 710

gcggcggggg ggcggccgcg ttcgcgcgcc gcccaccagg gggtgctgcg cgcccccccc 60

cgcgcatgcg cggggccccc ccccgggggg gctccgcccc cccggccccc ccccgtgcta 120

aacccaccgc gcatgcgcga ccacgccccc gccgcc 156

<210> 711

<211> 115

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 711

cggcggcggc ggcgcgcgcg ctgcgcgcgc gcgccggggg ggcgccagcg ccccccccc 60

cgcgcatgca cgggtccccc cccccacggg gggctccgcc ccccggcccc ccccc 115

<210> 712

<211> 121

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 712

ccgtcggcgg gggggccgcg cgctgcgcgc gcggcccccg ggggaggcac agcctccccc 60

ccccgcgcgc atgcgcgcgg gtcccccccc ctccgggggg ctccgccccc cggcccccccc 120

c 121

<210> 713

<211> 104

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 713

cggcggcggc gcgcgcgcta cgcgcgcgcg ccgggggggct gccgcccccc ccccgcgcat 60

gcgcggggcc cccccccgcg gggggctccg ccccccggcc cccc 104

<210> 714

<211> 122

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide"

<400> 714

gccgccgcgg cggcgggggg cggcgcgctg cgcgcgccgc ccagtagggg gagccatgcg 60

ccccccccg cgcatgcgcg gggccccccc ccgcgggggg ctccgccccc cggccccccc 120

cg 122

<210> 715

<211> 71

<

212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide"

<400> 715

cgggtgccgk aggtgagttt acacaccgma gtcaaggggc aattcgggct crggactggc 60

cgggcyhtgg g 71

<210> 716

<211> 79

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic oligonucleotide"

<220><221> modified_base

<222> (20)..(20)

<223> a, c, t, g, unknown or other

<220><221> modified_base

<222> (22)..(22)

<223> a, c, t, g, unknown or other

<220><221> modified_base

<222> (40)..(42)

<223> a, c, t, g, unknown or other

<220><221> modified_base

<222> (53)..(56)

<223> a, c, t, g, unknown or other

<220><221> modified_base

<222> (62)..(62)

<223> a, c, t, g, unknown or other

<220><221> modified_base

<222> (64)..(64)

<223> a, c, t, g, unknown or other

<400> 716

gccgccgcgg cggcggsggn gnsgcgcgct dcgcgcgcsn nncrccrggg ggnnnncwgc 60

sncnccccccc cccgcgcgcat 79

<210> 717

<211> 31

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<220><221> modified_base

<222> (18)..(19)

<223> a, c, t, g, unknown or other

<400> 717

gcgcgggkcc ccccccnnc gggggggctcc g 31

<210> 718

<211> 59

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide"

<400> 718

ccccccggcc ccccccgtg ctaaacccac cgcgcatgcg cgaccacgcc cccgccgcc 59

<210> 719

<211> 7

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide"

<400> 719

gcggcgg 7

<210> 720

<211> 7

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide"

<400> 720

gggggcg 7

<210> 721

<211> 6

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide"

<400> 721

gccgcg 6

<210> 722

<211> 25

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide"

<400> 722

ttcgcgcgcc gcccaccagg gggtg 25

<210> 723

<211> 5

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide"

<400> 723

ctgcg 5

<210> 724

<211> 17

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide"

<400> 724

cgccccccc cgcgcat 17

<210> 725

<211> 17

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide"

<400> 725

gcgcggggcc ccccccc 17

<210> 726

<211> 72

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide"

<400> 726

gggggggctc cgccccccg gccccccccc gtgctaaacc caccgcgcat gcgcgaccac 60

gcccccgccg cc 72

<210> 727

<211> 14

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide"

<400> 727

cggcggcggc ggcg 14

<210> 728

<211> 17

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<

220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide"

<400> 728

cgcgcgctgc gcgcgcg 17

<210> 729

<211> 19

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"
<400> 729
cgccgggggg gcgccagcg 19
<210> 730
<211> 17
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"
<400> 730
ccccccccc cgcgcat 17
<210> 731
<211> 31
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"
<400> 731
gcacgggtcc ccccccccac gggggctcc g 31
<210> 732
<211> 17
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220><221> source
<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"
<400> 732
ccccccggcc ccccccc 17
<210> 733

<211> 37

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 733

ccgtcggcgg gggggccgcg cgctgcgcgc gcggccc 37

<210> 734

<211> 84

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 734

ccgggggagg cacagcctcc ccccccgcg cgcatgcgcg cgggtccccc cccctccggg 60

gggctccgcc ccccggcccc cccc 84

<210> 735

<211> 11

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 735

cggcggcggc g 11

<210> 736

<211> 17

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide"

<400> 736

cgcgcgctac gcgcgcg 17

<210> 737

<211> 10

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide"

<400> 737

cgccgggggg 10

<210> 738

<211> 7

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide"

<400> 738

ctgccgc 7

<210> 739

<211> 15

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide"

<400> 739

ccccccccg cgcat 15

<210> 740

<211> 17

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 740

gcgcggggcc ccccccc 17

<210> 741

<211> 13

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 741

gcgggggggct ccg 13

<210> 742

<211> 14

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 742

ccccccggcc cccc 14

<210> 743

<211> 117

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide"

<220><221> misc_feature

<222> (10)..(10)

<223> /note="May or may not be present"

<220><221> misc_feature
<222> (12)..(12)
<223> /note="May or may not be present"
<220><221> misc_feature
<222> (30)..(32)
<223> /note="May or may not be present"
<220><221> misc_feature
<222> (34)..(34)
<223> /note="May or may not be present"
<220><221> misc_feature
<222> (43)..(46)
<223> /note="May or may not be present"
<220><221> misc_feature
<222> (52)..(54)
<223> /note="May or may not be present"
<220><221> misc_feature
<222> (70)..(71)
<223> /note="May or may not be present"

<220><221> misc_feature
<222> (89)..(90)
<223> /note="May or may not be present"
<220><221> misc_feature
<222> (103)..(103)
<223> /note="May or may not be present"
<400> 743
cggcggsggs gcsscgcgct dcgcgcgcsg cccrsyrggg grdssmmwgc skcsccccccc 60
cscgcgcatg cgcrcgggkc ccccccccyv sgggggggctc cgcccccccg gcccccc 117
<210> 744
<211> 19
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400

> 744

gccgccgcgg cggcggggg 19

<210> 745

<211> 41

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 745

gcggcgcgct gcgcgcgccg cccagtaggg ggagccatgc g 41

<210> 746

<211> 15

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<

400> 746

ccccccccg cgcat 15

<210> 747

<211> 17

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 747

gcgcggggcc ccccccc 17

<210> 748

<211> 13

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 748

gcgggggggct ccg 13

<210> 749

<211> 17

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide"

<400> 749

ccccccggcc ccccccg 17