T.C.

EGE ÜNİVERSİTESİ

Fen Bilimleri Enstitüsü

İMMÜN SİSTEMİ SAĞLAM VE İMMÜN SİSTEMİ BASKILANMIŞ YATAN HASTALARDA REAL TIME PZR İLE *PNEUMOCYSTIS JIROVECII* POZİTİF SAPTANAN OLGULARDA MULTİLOKUS SEKANSLAMA İLE *P. JIROVECII* GENOTİPLERİNİN BELİRLENMESİ: BİR MOLEKÜLER EPİDEMİYOLOJİK ÇALIŞMA

Yüksek Lisans Tezi

Ecem SÜRGEÇ

Biyoloji Anabilim Dalı

İzmir
2020

T.C.

EGE ÜNİVERSİTESİ

Fen Bilimleri Enstitüsü

İMMÜN SİSTEMİ SAĞLAM VE İMMÜN SİSTEMİ BASKILANMIŞ YATAN HASTALARDA REAL TIME PZR İLE *PNEUMOCYSTIS JIROVECII* POZİTİF SAPTANAN OLGULARDA MULTİLOKUS SEKANSLAMA İLE *P. JIROVECII* GENOTİPLERİNİN BELİRLENMESİ: BİR MOLEKÜLER EPİDEMİYOLOJİK ÇALIŞMA

Ecem SÜRGEÇ

Tez Danışmanı : Doç. Dr. Samiye DEMİR
Tez İkinci Danışmanı: Doç. Dr. Mert DÖŞKAYA

Biyoloji Anabilim Dalı
Zooloji Yüksek Lisans Programı

İzmir
2020

Ecem SÜRGEÇ tarafından yüksek lisans tezi olarak sunulan "İmmün Sistemi Sağlam ve İmmün Sistemi Baskılanmış Yatan Hastalarda Real Time PCR ile *Pneumocystis jirovecii* Pozitif Saptanan Olgularda Multilokus Sekanslama ile *P. jirovecii* Genotiplerinin Belirlenmesi: Bir Moleküler Epidemiyolojik Çalışma" başlıklı bu çalışma EÜ Lisansüstü Eğitim ve Öğretim Yönetmeliği ile EÜ Fen Bilimleri Enstitüsü Eğitim ve Öğretim Yönergesi'nin ilgili hükümleri uyarınca tarafımızdan değerlendirilerek savunmaya değer bulunmuş ve 24.08.2020 tarihinde yapılan tez savunma sınavında aday oybirliği/~~oyçokluğu~~ ile başarılı bulunmuştur.

Jüri Üyeleri: **İmza**

Jüri Başkanı	**: Prof. Dr. Cemal ÜN**	**................................**
Raportör Üye	**: Doç. Dr. Samiye DEMİR**	**................................**
Üye	**: Prof. Dr. Ülgen Zeki OK**	**................................**

EGE ÜNİVERSİTESİ FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

ETİK KURALLARA UYGUNLUK BEYANI

EÜ Lisansüstü Eğitim ve Öğretim Yönetmeliğinin ilgili hükümleri uyarınca Yüksek Lisans Tezi / ~~Doktora Tezi~~ olarak sunduğum "İmmün Sistemi Sağlam ve İmmün Sistemi Baskılanmış Yatan Hastalarda Real Time PCR ile *Pneumocystis jirovecii* Pozitif Saptanan Olgularda Multilokus Sekanslama ile *P. jirovecii* Genotiplerinin Belirlenmesi: Bir Moleküler Epidemiyolojik Çalışma" başlıklı bu tezin kendi çalışmam olduğunu, sunduğum tüm sonuç, doküman, bilgi ve belgeleri bizzat ve bu tez çalışması kapsamında elde ettiğimi, bu tez çalışmasıyla elde edilmeyen bütün bilgi ve yorumlara atıf yaptığımı ve bunları kaynaklar listesinde usulüne uygun olarak verdiğimi, tez çalışması ve yazımı sırasında patent ve telif haklarını ihlal edici bir davranışımın olmadığını, bu tezin herhangi bir bölümünü bu üniversite veya diğer bir üniversitede başka bir tez çalışması içinde sunmadığımı, bu tezin planlanmasından yazımına kadar bütün safhalarda bilimsel etik kurallarına uygun olarak davrandığımı ve aksinin ortaya çıkması durumunda her türlü yasal sonucu kabul edeceğimi beyan ederim.

24 / 08 / 2020

İmzası

Ecem SÜRGEÇ

ÖZET

İMMÜN SİSTEMİ SAĞLAM VE İMMÜN SİSTEMİ BASKILANMIŞ YATAN HASTALARDA REAL TİME PCR İLE *PNEUMOCYSTIS JIROVECII* POZİTİF SAPTANAN OLGULARDA MULTİLOKUS SEKANSLAMA İLE *P. JIROVECII* GENOTİPLERİNİN BELİRLENMESİ: BİR MOLEKÜLER EPİDEMİYOLOJİK ÇALIŞMA

SÜRGEÇ, Ecem

Yüksek Lisans Tezi, Biyoloji Anabilim Dalı

Tez Danışmanı: Doç. Dr. Samiye DEMİR

Tez İkinci Danışmanı: Doç. Dr. Mert DÖŞKAYA

Ağustos 2020, 46 sayfa

Pneumocystis jirovecii immün sistemi baskılanmış hastalarda *Pneumocystis* pnömonisine (PcP) neden olan fırsatçı bir mantar türüdür. İmmün sistemi sağlam bireylerde ise kolonize olabilmekte ve hastalığın bulaşmasında rol oynayabilmektedir. Bu çalışmanın amacı, PcP hastalarından (n=84) alınan BAL ve balgam örneklerinden elde edilen *P. jirovecii* izolatlarının CYB, mt26S ve SOD lokusları baz alınarak multilokus dizi analiziyle genetik çeşitliliğini araştırmaktır. İncelenen 84 izolattan 27 tanesi tüm lokuslar kullanılarak genotiplendirilmiştir. Üç izolat CYB ve mt26S lokusları kullanılarak, bir izolat ise mt26S ve SOD lokusları kullanılarak genotiplendirilmiştir. Mt26S lokusu analizlerinde allel 2,3,7 ve 8 genotipleri bulunurken SOD lokusu analizlerinde SOD 1,2 ve 4 genotipleri tespit edilmiştir. CYB lokusu analizleri sırasında CYB 1,2,5,6 ve 7 genotipleri ve ek olarak yeni bir CYB genotipi bulunmuştur. Multilokus sekanslama sonuçlarına göre bulunan multilokus genotipler ise E, F, M, N, P, V ve mixed gruplarıdır. CYB daha polimorfik bir lokusa sahipken genotiplendirmede en başarı olunan lokus mt26S lokusudur.

Anahtar Kelimeler: *Pneumocystis jirovecii*, genotiplendirme, CYB, mt26S, SOD

ABSTRACT

DETERMINATION OF *PNEUMOCYSTIS JIROVECII* GENOTYPES BY MULTILOCUS SEQUENCING FROM IMMUNOCOMPETENT AND IMMUNOSUPRESSED PATIENTS WHO WERE DETECTED *P. JIROVECII* POSITIVE BY REAL TIME PCR: A MOLECULAR EPIDEMIOLOGICAL STUDY

SÜRGEÇ, Ecem

M.Sc. Thesis, Department of Biology

Supervisor: Assoc. Prof. Samiye DEMİR

Co-Supervisor: Assoc. Prof. Mert DÖŞKAYA

August 2020, 46 pages

Pneumocystis jirovecii is an opportunistic fungus that causes *Pneumocystis* pneumonia (PcP) in immunocompromised patients. In immunocompetent individuals, it can be colonized and play a role in the transmission of the disease. The aim of this study is to investigate the genetic diversity by multilocus sequence analysis of *P. jirovecii* isolates obtained from BAL and sputum samples from PcP patients (n = 84) based on CYB, mt26S and SOD loci. 27 of 84 isolates were genotyped using all loci. Three isolates were genotyped using CYB and mt26S loci, and one isolate was genotyped using mt26S and SOD loci. While allele 2,3,7 and 8 genotypes were found in Mt26S locus analyzes, SOD 1,2 and 4 genotypes were detected in SOD locus analyzes. During the analyzes of CYB locus, CYB 1,2,5,6 and 7 genotypes and additionally a new CYB genotype were found. The multilocus genotypes found according to the results of multilocus sequencing are E, F, M, N, P, V and mixed groups. While CYB has a more polymorphic locus, the most successful locus in genotyping is the mt26S locus.

Key Words: *Pneumocystis jirovecii*, genotyping, CYB, mt26S, SOD

ÖNSÖZ

Moleküler çalışmalar patojenlerin suş virülansı, ilaç direnci veya taşınımları gibi çeşitli faktörlerle ilişkilerini ve suşlar arasındaki genetik farklılıkları ortaya koyar. Bu çalışmalar sonucu elde edilen bilgiler, coğrafi ve iklimsel değişimlerin spesifik genotiplerin yayılmasında etkili olup olmadığını göstermektedir.

Bu tez çalışmasıyla, İzmir ili ve çevresindeki *Pneumocystis jirovecii* genotiplerinin belirlenmesi amaçlanmıştır.

Değerli bilgilerini ve zamanını benimle paylaşarak çalışmamla yakından ilgilenen tez danışmanım Doç. Dr. Samiye DEMİR'e teşekkürlerimi sunarım.

İZMİR

24/08/2020

Ecem SÜRGEÇ

İÇİNDEKİLER

Sayfa

ÖZET……………………………………………………………………………vii

ABSTRACT……………………………………………………………….....ix

ÖNSÖZ……………………………………………………………………...xi

ŞEKİLLER DİZİNİ……………………………………………..………..xv

TABLOLAR DİZİNİ……………………………………...……………xvii

SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ………………….…………xix

1.GİRİŞ………………………………………………...………………….....1

2.GENEL BİLGİLER……………………………………………………..3

2.1. Tarihçe…………………………………………………………………..3

2.2. Taksonomi……………………………………………………...……....3

2.3. Morfoloji ve Yaşam Döngüsü……………………………......…....4

2.3.1. Morfoloji……………………………...………………………...4

2.3.2. Yaşam Döngüsü…………………………………………….......5

2.3.3. Atipik Mantar Özellikleri………………………..……………......6

2.4. Epidemiyoloji………………..……………………………………......7

2.4.1. Taşınım ve Kolonizasyon…………………….…………….......8

2.4.2. Multilokus Dizi Tiplendirmesi……….………………………....…9

2.5. Patoloji…………………………………………………………….....9

2.6. İmmünite……………………………...……….……………....10

2.7. Tanı……………………………...…………….…………....…11

2.7.1. Polimeraz Zincir Reaksiyonu………………………………….……....12

3. GEREÇ ve YÖNTEM……………………………………………..……......13

3.1. Çalışmada Kullanılan *P. jirovecii* İzolatları……………………….……….…13

3.2. Gen Bölgelerinin PCR ile Amplifikasyonu…………………….……...……....13

3.3. Agaroz Jel Elektroforezi…………………………………………….....14

İÇİNDEKİLER (DEVAM)

Sayfa

3.4. Multilokus Dizi Tiplerinin Belirlenmesi……………..…………………….16

4. BULGULAR……………………………………………………..……...21

4.1. PCR ile *P. jirovecii*'ye ait CYB, mt26S ve SOD Genlerinin Araştırılması……………………………………………………...…………21

4.2. Multilokus Genotiplerin Belirlenmesi………………..……….………….22

5. TARTIŞMA…………………………………………...……………….26

6. SONUÇ VE ÖNERİLER……………………………………….…………31

KAYNAKLAR DİZİNİ…………………………………..………………...32

TEŞEKKÜR……………………………..…………………………………….…45

ÖZGEÇMİŞ……………………………………………………...…………46

EK AÇIKLAMALAR...……………………………………………………………

ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil Sayfa

2.1 *Pneumocystis* yaşam döngüsü (Fishman, 2020'den)…..…………...……..…..5

2.2 Salgınlar sırasında *Pneumocystis*'in varsayımsal taşınım yolu (Delliére et al., 2019'dan)……………………...…………………..…………………………....9

3.1 PCR ürünlerinin jel-elektroforezi ile görüntülenmesi………………...…...16

4.1 CYB lokusu hedeflenerek yapılan klasik PCR ürünlerinin agaroz jelde görüntülenmesi..……………………………………………………….....…21

4.2 mt26S lokusu hedeflenerek yapılan klasik PCR ürünlerinin agaroz jelde görüntülenmesi……………...……………………………………………....21

4.3 SOD lokusu hedeflenerek yapılan klasik PCR ürünlerinin agaroz jelde görüntülenmesi……………………...……………………………………...…22

4.4 31 numaralı örneğe ait CYB lokusu 516. pozisyon……………...………….24

4.5 31 numaralı örneğe ait CYB lokusu 838. pozisyon………………..……….24

TABLOLAR DİZİNİ

Tablo Sayfa

3.1. Çalışmada kullanılan primer dizileri, nükleotid sekansları ve ürün boyutları ……….………………………………………………………..…..…..13

3.2. PCR koşulları………………….…..…...………………….………….….....14

3.3. NCBI veri tabanında *P. carinii*'ye ait AF320344 numaralı CYB geni……….………..……………………………………………….…........16

3.4. CYB nükleotid pozisyonları……………...…………………….………....17

3.5. NCBI veri tabanında *P. carinii*'ye ait M58605 numaralı mt26S geni…………………...…………………………………………….……………17

3.6. mt26S nükleotid pozisyonları……………………………………..……...18

3.7. NCBI veri tabanında *P. jirovecii*'ye ait AF146753 numaralı SOD geni……………….…………………………………..………………….….18

3.8. SOD nükleotid pozisyonları……………….……….………………………..19

3.9. 8 lokus kullanarak belirlenen multilokus genotipler (Maitte et al., 2013'den)……………………….…………………..…………………….......20

4.1. *P. jirovecii* pozitif olan 31 izolatın klinik yansıması, örnek tipi, her lokus için belirlenmiş genotipleri ve multilokus genotipleri..……………………………....25

5.1. 31 izolatın test tarihleri ve multilokus genotipleri……………………….….30

SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ

Simgeler	Açıklama
°C	Derece
α	Alfa
β	Beta

Kısaltmalar

P. jirovecii	*Pneumocystis jirovecii*
PZR	Polimeraz Zincir Reaksiyonu
PcP	*Pneumocystis* pnömonisi
AIDS	Edinilmiş bağışıklık eksikliği sendromu
HIV	İnsan immün yetmezlik virüsü
µm	mikrometre
µl	mikrolitre
nm	nanometre
pmol	pikomol
CMV	Sitomegalovirüs
KOAH	Kronik obstrüktif akciğer hastalığı
ART	Antiretroviral terapi
MSG	majör yüzey glikoprotein

TMP-SMX	Trimetoprim-sülfametaksazol
CYB	cytochrome *b*
Mt26S	mitochondrial rRNA gene
SOD	superoxide dismutase
ITS1	internal transcribed spacer 1
26S	large subunit of the rRNA gene
β-TUB	β-tubulin
DHFR	Dihydrofolate reductase
DHPS	Dihydropteroate synthase
MLST	Multilokus dizi tiplendirmesi
MLGs	Multilokus genotipler
WT	Wild type
ND	Not detected

1. GİRİŞ

Pneumocystis jirovecii, insan bağışıklık yetmezliği virüsü (human immunodeficiency virus – HIV–) ile enfekte bireylerde, transplant alıcılarında ya da yüksek doz kortikosteroid tedavisi görenler başta olmak üzere immün sistemi baskılanmış bireylerde ölümcül olabilen *Pneumocytis* pnömonisine (PcP) sebep olmakla birlikte, çok erken yaşlardan itibaren sağlıklı insanların akciğerlerinde kolonize olabilen fırsatçı bir patojendir (Rabodonirina et al., 2013; Korkmaz et al., 2018; Le Gal et al., 2019; Ma et. al., 2018).

Edinilmiş bağışıklık eksikliği sendromu (acquired immune deficiency syndrome - AIDS) salgınının başlangıcında PcP'nin artan klinik önemi düşünüldüğünde, organizmanın sınıflandırılmasındaki değişiklikler, bulaşma yollarının anlaşılması ve PcP ile diğer akciğer hastalıklarının gelişiminde önemli olabilecek bir kolonizasyon durumunun keşfi de dahil olmak üzere *Pneumocystis*'in biyolojisi hakkında çok şey keşfedilmiştir (Morris and Norris, 2012).

P. jirovecii’nin yaygınlığının genel popülasyonda yüksek olduğu ve hava yoluyla bulaşın insanlar arasındaki yayılıma neden olan asıl yol olduğu görünmektedir (Ponce et al., 2010; Choukri et al., 2010).

Bağışıklığı baskılanmış olan bireyler, özellikle de CD4+ T hücre sayısı 200 μl’nin altında olanlar, *Pneumocystis jirovecii* invazyonuna bağlı olarak PcP gelişmesi konusunda risk altındadırlar (Phair et al., 1990). PcP’den kaynaklı ölüm oranı tedavi uygulanmadığı sürece %100’e, tedavi uygulandığı takdirde ise %10-20 arası bir orana yaklaşmaktadır (Gigliotti and Wright, 2012).

Gelişen moleküler yöntemler, PcP hastalarından izole edilmiş örneklerdeki *P. jirovecii* genotiplerinin ortaya çıkarılmasına olanak sağlayarak PcP salgınları, virulans ve ilaç direnci gibi klinik olarak önemli bilgilerin ortaya çıkarılmasına olanak sağlamıştır. Konu ile ilgili çalışmalar artarak devam ederken Türkiye’de *P. jirovecii* suşlarının genotiplendirilmesi ile ilgili herhangi bir çalışmanın yapılmadığı görülmüştür.

Bu çalışmada, İzmir ili ve çevresindeki *P. jirovecii* genotiplerinin belirlenmesi amaçlanmıştır. Bu sebeple, Ege Üniversitesi Tıp Fakültesi

Parazitoloji Anabilim Dalı’nda 2009-2018 yılları arasında *P. jirovecii* pozitif saptanan 84 adet izolat multilokus sekanslama yöntemi kullanılarak çalışılmış ve dizi analizleri yapılmıştır.

2. GENEL BİLGİLER

2.1. Tarihçe

Pneumocystis ilk olarak 1909 yılında Carlos Chagas tarafından sıçanların ve kobayların akciğerlerinde tanımlandı. Ancak Chagas organizmanın bir *Trypanosoma cruzi* formu olduğunu düşünmekteydi (Chagas 1909; Kovacs et al., 2009). 1912 yılında Pierre ve Marie Delanoë'nın *Pneumocystis*'i yeni bir tür olarak sınıflandırdıkları bilinmektedir (Morris and Norris, 2012).

Van der Meer, Hollanda'da 1942 yılında üç bebekte pnömoni nedeni olarak ve daha sonra Vanek ve Jirovec ikinci dünya savaşı sırasında yetersiz beslenen bebeklerde interstisyel plazma hücreli pnömoni etmeni olarak *Pneumocystis*'i bildirmişlerdir (Morris and Norris., 2012).

1973 yılında *Pneumocystis* pnömonisi ve kongenital immün yetmezliği olan 15 çocuk dahil toplamda 80 vaka görülmüş ancak 1980'lerdeki AIDS salgının başlangıcına kadar çok yaygın olmadığı bildirilmiştir (Burke and Good, 1973).

2.2. Taksonomi

Pneumocystis jirovecii'nin sistematikteki yeri (Redhead et al., 2006);

Superkingdom: Eukaryota

Kingdom: Fungi

Subkingdom: Dikarya

Phylum: Ascomycota

Subphylum: Taphrinomycotina

Classis: Pneumocystidomycetes

Ordo: Pneumocystidales

Familia: Pneumocystidaceae

Genus: *Pneumocystis*

Species: *P. jirovecii*

İncelenen hemen hemen tüm memeli türlerinde *Pneumocystis* bulunmuş olsa da bugüne kadar PCR bazlı yöntemler kullanılarak sınırlı sayıda *Pneumocystis* türü Uluslararası Botanik Adlandırma Kuralları'nın belirlediği şekilde tür düzeyinde sınıflandırılmış ve adlandırılmıştır: bunlar insanları enfekte eden ve Otto Jirovec onuruna adlandırılan *P. jirovecii* (Redhead et al., 2006), sıçanları enfekte eden ve Antonio Carini onuruna adlandırılan *P. carinii* (Frenkel, 1999; Cissé and Hauser'den, 2018), fareleri enfekte eden *P. murina* (Kelly et al., 2004) ve tavşanları enfekte eden *P. oryctolagi* (Dei-Cas et al., 2006)'dir.

2.3. Morfoloji ve Yaşam Döngüsü

2.3.1. Morfoloji

Işık veya elektron mikroskobu ile farklı memelilerde bulunan *Pneumocystis ssp.* morfolojileri genellikle ayırt edilemez ancak elektron mikroskobuna dayalı bazı ince farklılıklar belirtilmiştir (Nielsen et al., 1998).

Baron'a (1996) göre mantarların herhangi bir formunu tanımlamak için trofozoit ya da kist kavramları kullanılmamış olmasına rağmen, başlangıçta bir protozoon olarak sınıflandırılmasından kaynaklı *Pneumocystis* için kullanılmış ve trofozoit form genellikle patogenez ile ilgili aktif aşamada yer alırken kist ise parazitin dış ortamda hayatta kalmasını sağlayan formudur (Ma et al., 2018).

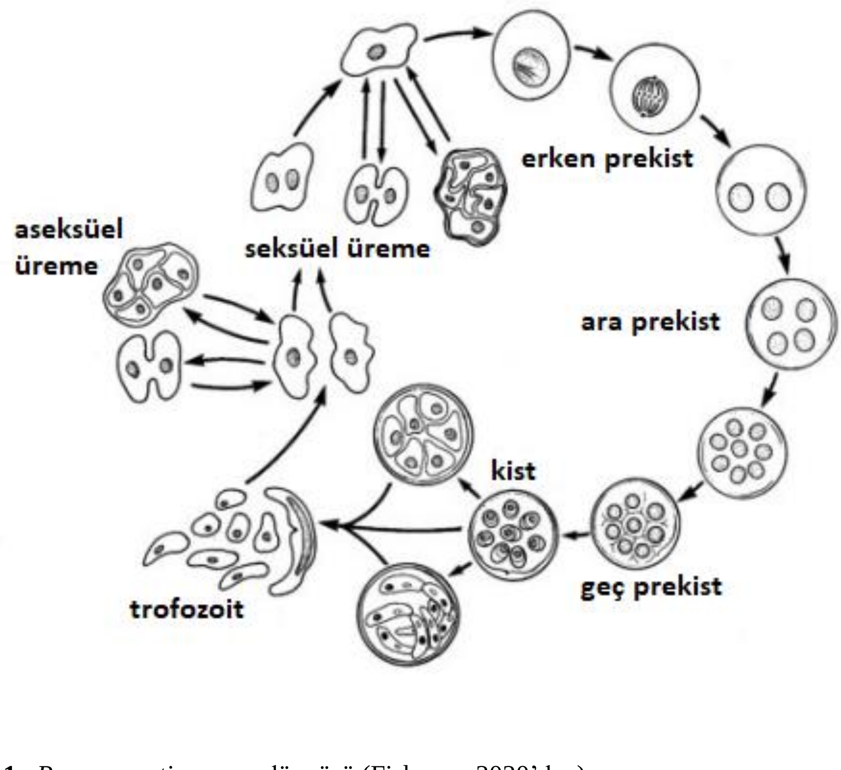
Trofozoit form oldukça pleomorfik olup ince, esnek bir hücre duvarına sahiptir ve boyutu yaklaşık 2-10 µm arasında değişmektedir. Bu form yaklaşık 20-30 nm kalınlığında bir hücre duvarına sahiptir. Trofozoit formların çoğunluğu haploid ancak çok küçük bir kısmı diploiddir (Martinez et al., 2011; Wyder et al., 1998).

Trofozoit formlar mitokondri, endoplazmik retikulum ve sitoplazmik vakuoller dahil sitoplazmik organeller ile çevrili tek bir nükleus içerir (Yoshikawa et al., 1987; Vossen et al., 1978). Trofozoit formun yüzeyinde, sıklıkla konak hücreye doğru çıkıntı yapan filopod olarak da adlandırılan bir çok tübüler uzantı bulunmaktadır (Yoshikawa et al., 1987; Vossen et al., 1978; Ham et al., 1971; Vavra and Kucera, 1970; Millard et al., 1990). Bu yapıların işlevi tam olarak bilinmemekle birlikte konak hücre membranından besin alımında rol oynağı varsayılmaktadır (Vavra and Kucera, 1970; Millard et al., 1990; Henshaw et al., 1985).

Pneumocystis'in kist (ascus) formu dairesel ya da oval şekilde olup yaklaşık 4-7 µm çapındadır (Chabé et al., 2011; Aliouat-Denis et al., 2009). 100-160 nm kalınlığında β-glukan bakımından zengin ve pürüzsüz bir hücre duvarına sahiptir. Her olgun kist trofozoit formların öncüllerini temsil eden sekiz intrakistik cisim içerir. Her intrakistik cisim bir nukleus, mitokondri ve bol miktarda endoplazmik retikulum içermektedir (Yoshida, 1989). B-glukan sentaz inhibitörleri ile tedavi edilen *Pneumocystis* ile enfekte fareler üzerinde yapılan çalışmalar, kistin yeni konaklara bulaşmasından sorumlu enfektif form olduğunu göstermiştir (Cushion et al., 2010).

2.3.2. Yaşam Döngüsü

Tüm *Pneumocystis* türleri tarafından paylaşılan benzersiz özelliklerden biri, konağın alveolar boşluğunda meydana gelen çok fazlı yaşam döngüsüdür (Şekil 2.1) (Chabé et al., 2011; Aliouat-Denis et al., 2009). Ascus formunda β-1,3-D-glukandan yapılmış belirgin bir kalın dış duvar vardır, ascus içinde ise sekiz ascospor olgunlaşmaktadır (Chabé et al, 2011; Aliouat-Denis et al., 2009; Cushion et al., 2010). Olgunlaşmayı takiben, ascosporlar ascusu küçük bir gözenekten terk ederek trofozoit formu haline gelmektedirler (Aliouat-Denis et al., 2009; Itatani, 1994). Trofozoit form, *Pneumocystis*'in daha metabolik olarak aktif ve replike edici formu gibi görünmektedir. Trofozoit formlar eşeysiz (aseksüel) ve eşeyli (seksüel) olarak çoğalmaktadır. (Cushion, 2004). Eşeyli üremede trofozoitler konjugasyonla sporozoitler oluşmakta ve sonrasında sporozoitler önce mayoz sonra mitoz ile bölünerek 8 adet ascospor oluşturmaktadır. (Martinez et al., 2011). Bölünme işlemleri sırasında, sporozoit duvarı kalınlaşır, sertleşir ve yaşam döngüsünün ascus aşamasına geri dönülür (Eddens and Kolls, 2015).



Şekil 2.1. *Pneumocystis* yaşam döngüsü (Fishman, 2020'den).

2.3.3. Atipik Mantar Özellikleri

Başlangıçta bazı morfolojik özelliklerine ve ilaç duyarlılığına dayanarak *Pneumocystis*'in bir protozoon olduğu düşünülse de, 1988 yılında yapılan 16S rRNA gen analizi *Pneumocystis*'in bir mantar olduğunu göstermiştir (Edman et al., 1988).

1980'lerin sonunda bir mantar olarak yeniden sınıflandırılmasının ardından, araştırıcılar ergosterol sentezini hedefleyen flukanazol ve hücre zarında ergosterole bağlanan amfoterisin B gibi klasik antifungal ilaçların anti-*Pneumocytsis* aktivitelerini test etmeye çalışmışlardır (Edman et al., 1988; Stringer et al., 1989; Barlett et al., 1985,1994; Cushion et al., 1997). Beklenmedik bir şekilde, çoğu mantar türünün hücre zarında majör sterol olarak bulunan ergosterolün *Pneumocystis*'de bulunmamasından kaynaklı bu ilaçlara dirençli olduğu bulunmuştur (Bartlett et al., 1994; Kaneshiro et al, 1989). *Pneumocystis*'deki ana sterolün ergosterol yerine kolesterol olduğu görülmüştür (Barlett et al., 1994; Kaneshiro et al., 1999,1994). Genom analizine dayanan araştırmalar sonucu, *Pneumocystis*'in ergosterol biyosentezinde rol alan birkaç anahtar enzim geninden yoksun olduğu görülmektedir (Ma et al., 2016). Ek olarak, memelilerde kolesterol biyosentezinde rol alan Dhcr24 geninin kodladığı 24-dehidrokolesterol redüktaz enzimi hem insan hem de kemirgen *Pneumocystis* türlerinde yoktur ve *Pneumocystis* türlerinin kolesterolü konaklarından aldığı varsayılmaktadır (Kaneshiro et al., 1999; Ma et al., 2016; Furlong et al., 1997).

Pneumocystis'in diğer bir atipik özelliği, tipik mantarların katı hücre duvarının aksine trofozoit formunun pleomorfik şekilde olması ve ince bir hücre duvarına sahip olmasıdır (Ma et al., 2018).

Mantar hücre duvarının glikoproteinler, mannan, glukanlar, kitin ve kitosan bakımından oldukça zengin olduğu uzun zamandır bilinmektedir ve *Pneumocystis* hücre duvarının bol miktarda glikoprotein içerdiği ve yalnızca kist formunda β-glukan bulunduğu, diğer taraftan mannan ve kitin dahil olmak üzere diğer karakteristik bileşenlerin bulunmadığı ortaya konmuştur (Kottom and Limper, 2000; Linke et al., 1989; Nolstadt et al., 1994; Ma et al., 2016). *Pneumocystis* mantarlar aleminin tanımlanmış ilk kitin içermeyen üyesidir (Ma et al., 2018).

Pneumocystis β-1,3-glukan ve β-1,6-glukanın biyosentezi ve yıkımı için gerekli tüm enzimlere sahiptir ancak birçok mantarda bulunan α-glukanın biyosentezi ve yıkımı için gerekli genleri kaybetmiştir (Ma et al., 2018).

Başka bir atipik özellik ise memeli hücreleri ile birlikte yapılan kültürler dahil olmak üzere mantar kültür ortamları kullanılarak yapılan çalışmalarda araştırmacıların organizmayı in vitro olarak çoğaltamamasıdır (Ma et al., 2018).

Son olarak *Pneumocystis*'in konak canlıya bağımlı olma durumu ve konakla olası birlikte evrimi sonucu, farklı çevre koşullarında yaşayan ve farklı türleri enfekte edebilen diğer birçok patojenik mantarın aksine, her *Pneumocystis* türü tek bir türde konak canlıyı enfekte eder, yani türe spesifiktir (Durand-Joly et al., 2002).

2.4. Epidemiyoloji

Coğrafi ve iklimsel özellikler gibi epidemiyolojik faktörlerin, spesifik *P. jirovecii* genotiplerinin belirli alanlar içindeki yayılımı üzerinde bir etkiye sahip olabileceği düşünülmektedir (Esteves et al., 2008; Dimonte et al., 2013). İlaç direnci ile ilişkili gen mutasyonlarının prevalansındaki coğrafi değişikliğin, çeşitli bölgelerde kullanılan farklı tiplerdeki PcP profilaksisinden kaynaklandığı varsayılmaktadır (Esteves et al., 2008).

Böbrek nakli olan hastalar arasında meydana gelen salgınlarla ilgili çalışmalarda PcP için potansiyel risk faktörleri; devamlı yatan hastalarla temas, izolasyon önlemlerine uyulmaması, nakil sonrasındaki ilk yıl boyunca kemoprofilaksi uygulanmaması, sitomegalovirüs (CMV) enfeksiyonu ve PcP gelişmeyen alıcılarla karşılaştırıldığında yaş faktörü olarak gösterilmiştir (de Boer et al., 2011).

Valade ve arkadaşları, hem enfekte olmuş bir hastadan hem de onunla temas eden ve aynı havayı soluyan sağlık çalışanından bronkoalveoler lavaj (BAL) örneği almış ve ikisinde de aynı genotipe sahip *P. jirovecii* varlığını kanıtlamışlardır (Valade et al., 2015). Gerçekten de, immün sistemi sağlam yetişkinlerin yaşam boyu sıklıkla kendi kendini sınırlayan re-enfeksiyon geliştirmesi ve *P. jirovecii*'nin bu şekilde yayılması muhtemeldir (Gigliotti and Wright, 2012). Bu görüş, genel popülasyonun akciğer otopsisinde yüksek *P. jirovecii* prevalansı ile desteklenmektedir (Ponce et al., 2010).

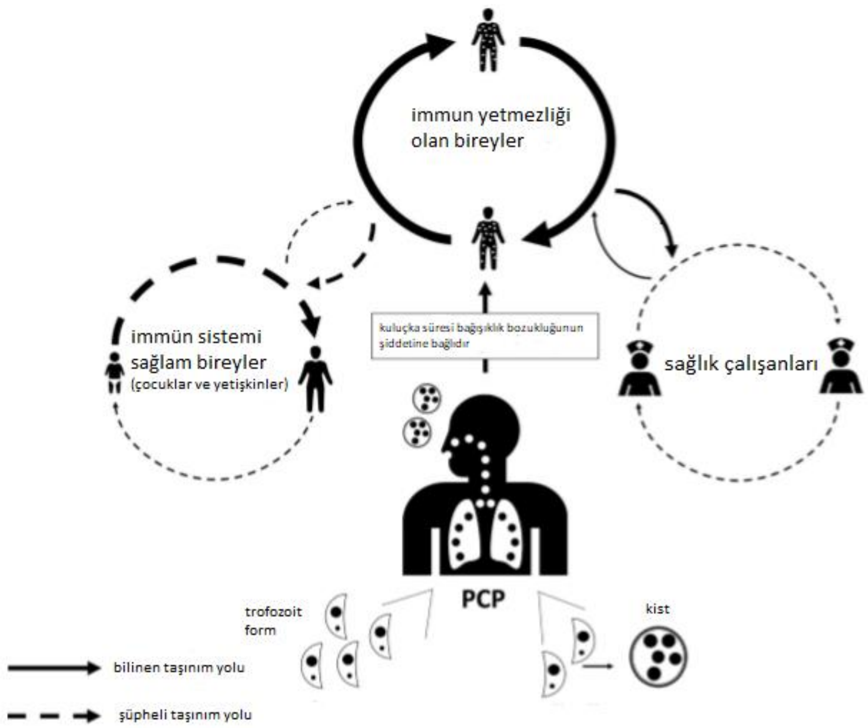
Genotiplendirme verileriyle ilişkili salgınlar incelendiğinde, en yaygın genotipin aynı olduğu ve enfekte hasta yüzdelerinin %25 ile %100 arasında değiştiği görülmektedir (Delliére et al., 2019). Nevez ve diğerleri, salgını takiben *P. jirovecii* vakalarında yer alan genotipler üzerinde çalışmışlar ve salgın grubundaki ve salgın sonrası gruptaki suşlarda sırasıyla %85 ve %76’sını temsil eden baskın bir genotipin devamlılığını göstermişlerdir (Nevez et al., 2018).

2.4.1. Taşınım ve Kolonizasyon

P. jirovecii kolonizasyonu, enfeksiyonun aksine, akut pnömoni belirtileri ya da semptomları olmayan kişilerde görülmektedir (Calderon, 2010; Cushion, 2010; Morris et al., 2008). Hastalığın gelişimi ve bulaşmasında rol oynayabilir, bu da kolonizasyon tedavisini ya da hastaların solunum izolasyonunun olası kullanımını gerektirebilir (Şekil 2.2). Öte yandan, bağışıklık sistemi sağlam bireylerde meydana gelen kolonizasyonda, sağlıklı yetişkinlerin oranı %20'ye kadar çıkabilmektedir (Medrano et al., 2005; Alanio et al., 2011). Özellikle kronik obstrüktif akciğer hastalığı (KOAH) olmak üzere çeşitli akciğer hastalıklarının gelişiminde ve ilerlemesinde rol oynama olasılığı bulunmaktadır (Morris and Norris, 2012).

Genotip analizi, birincil enfeksiyonun immün sistemi sağlam konaklarda temizlenebileceğini ve PcP’nin doğum yeri yerine yerleşim yeri için tipik olan farklı suşlarla re-enfeksiyonundan kaynaklandığını göstermiştir (Keely et al., 1995).

Kolonizasyonla ilgili bir başka konu, tanı sırasında PcP’den ayırma güçlüğüdür. Çoğu laboratuvarda kullanılan tespit yöntemler moleküler teknikleri içerir ancak, aktif pnömosistozdan kolonizasyonu ayırt etmek için standart bir değer henüz belirlenmemiştir. Bu nedenle, kolonize hasta farklı bir nedenle pnömoni olduğunda, pozitif *Pneumocystis* sonucu yanıltıcı olabilmektedir (Tasaka et al., 2014).



Şekil 2.2. Salgınlar sırasında *Pneumocystis*'in varsayımsal taşınım yolu (Delliére et al., 2019'dan).

2.4.2. Multilokus Dizi Tiplendirmesi

Multilokus dizi tiplendirmesi (multilocus sequence typing – MLST–) PCR ile ürünlerin çoğaltılmasını ve ardından çoklu genlerin DNA dizilimini içerir (Maiden et. al., 1998). Bir izolattaki her genin dizisine dijital olarak bir allel atanır ve tüm genlerdeki allellerin kombinasyonu allel profilini veya dizi tipini tanımlar (Maiden et al., 2013; Perez-Losada et al., 2013).

Pneumocystis jirovecii için bilinen hemen hemen tüm genetik belirteçler, MLST sistemi geliştirme potansiyelleri açısından değerlendirilmiştir. MLST, tek lokus tiplendirme yöntemlerinden daha yüksek bir ayırma gücüne sahip olsa da, hala ortak bir MLST şeması mevcut değildir. (Ma et al., 2018). Farklı genetik lokusları içeren şemaların çok sayıda ve çok çeşitli olması, farklı laboratuvarlardaki verilerin karşılaştırılmasını zorlaştırmaktadır (Maitte et al., 2013).

2.5. Patoloji

Latent enfeksiyonda *Pneumocystis* konak içinde barındırılır ancak klinik hastalığa neden olmaz. Konağın bağışıklığı düşerse PcP'ye neden olmak üzere aktifleşebilir (Morris and Norris, 2012).

Pneumocystis'in akciğer epitel hücrelerine bağlanması, alveolar akciğer sıvısında bulunan fibronektin ve vitronektin gibi konak proteinlerle etkileşimlerinden kaynaklı kuvvetle desteklenir. (Limper et al., 1993). Enfekte akciğerde, *Pneumocystis*'in tutunduğu tip I epitel hücreleri vaküolize görünür (Benfield et al., 1997). Bununla birlikte, kültürlenmiş akciğer epitel hücreleri kullanılarak yapılan çalışmalar, tek başına *Pneumocystis*'in tutunmasının alveolar epitel hücre yapısını veya bariyer fonksiyonunu bozmadığını göstermiştir. PcP sırasında hasar görmüş epitelyumu onarmak için hücre proliferasyonu azalır (Beck et al., 1998; Limper et al., 1998). Bu nedenle, *Pneumocystis*'in alveolar epitelyuma tutunmasının ciddi enfeksiyon sırasında meydana gelen yaygın alveolar hasardan sorumlu olması olası değildir (Beck et al., 1998, Beck et al., 2003). Bunun yerine, konağın inflamatuar yanıtı öncelikle alveoler kılcal yüzeye verilen hasardan sorumludur (Thomas and Limper, 2007).

Bununla birlikte, PcP sırasındaki iltihaplanma, akciğer hasarını güçlü bir şekilde teşvik eder. Şiddetli PcP, yaygın alveoler hasarına neden olan ve gaz değişimini bozarak solunum yetmezliğine yol açan nötrofiller ve CD8 + T hücrelerini içeren akciğer iltihabı ile karakterizedir. Gerçekten de solunum yetmezliği ve ölüm, akciğer iltihabı boyutuyla PcP sırasında mevcut olan organizma yükünün şiddetinden daha yakından ilişkilidir.

2.6. İmmünite

Pneumocystis'in majör yüzey glikoproteinlerini (major surface glycoprotein - MSG) değiştirebilmesi konağın bağışıklık sisteminden kaçabileceğini göstermektedir (Sunkin and Stringer, 1996; Gigliotti, 1992).

İmmün sistemi sağlam bireylerde, alveoler makrofajlar *Pneumocystis*'in tanınmasında ve fagositozunda önemli bir rol oynar (Limper et al., 1997).

CD4+ T hücrelerinin *Pneumocystis* enfeksiyonundaki merkezi rolü iyi belirlenmiş olup HIV ile enfekte bireylerde azalan CD4+ T hücre sayıları ile PcP gelişme riski arasında güçlü bir korelasyon olduğu açıkça görülmektedir. HIV ile enfekte bireylerle ve CD4+ T hücre azalmasının deneysel fare modelleri üzerinde yapılan çalışmalarda 200 hücre/µl'nin altındaki CD4+ T hücre sayısı PcP gelişimi ile ilişkilidir (Phair et al., 1990).

Antiretroviral terapi (ART) ile CD4+ T hücre düzeylerinin başarıyla yeniden oluşturulması, HIV ile enfekte bireylerde PcP sıklığını önemli ölçüde azaltmış ve bununla birlikte *Pneumocystis* enfeksiyonunun önlenmesi ve kontrolünde CD4+ T hücre düzeyinin önemini ortaya koymuştur (Kaplan et al., 2000). Transplantasyondan sonra veya malignite için kemoterapiyi takiben immün sistemi baskılayan tedavi alan HIV ile enfekte olmayan hastalarda CD4+ T hücre sayıları ile PcP'ye yatkınlık arasında benzer bir ilişki olduğunu göstermiştir (Mansharamani et al., 2000).

CD4+ T hücreleri seçici olarak tüketilmiş farelerde, *Pneumocystis* enfeksiyonu akciğerde CD8+ T hücrelerinin akın etmesine yol açsa da fareler enfeksiyonu kontrol edememektedir (Beck et al., 1991).

1970'lerde *Pneumocystis* enfeksiyonu, hematolojik malignite için uygulanan sitotoksik kemoterapinin önemli bir komplikasyonuydu. Bu hasta popülasyonunda trimetoprim-sülfametaksazol (TMP-SMX) antibiyotik kombinasyonunun hem profilaktik hem de terapötik fayda gösterdiği bildirilmiştir (Hughes et al., 1974). Bununla birlikte, son çalışmalar farelerde antifungal ekinokandin ile daha düşük dozlarda TMP-SMX kombinasyon terapisin etkinliğini göstermektedir (Cushion et al., 2010). Fakat, ekinokandin tedavisinin seçici bir şekilde kist formunu hedeflediği gösterilmiş ve tedavi edilen fareler kist formundan temizlenirken trofozoit formlarla enfeksiyonun devam ettiği gözlenmiştir (Cushion et al., 2010; Lobo et al., 2013).

2.7. Tanı

PcP'nin teşhisi, mikroskobik veya moleküler yöntemler kullanılarak indüklenmiş balgam, BAL sıvısı, akciğer dokusu ve invazif olmayan orofaringeal yıkama numuneleri gibi solunum örneklerinde P. jirovecii'nin araştırılmasına dayanır (Desoubeaux et al., 2019). Pnömoni veya ilgili radyolojik bulguların klinik semptomları olmayan bir kişiden alınan biyolojik bir örnekte *Pneumocystis* varlığı, düşük mantar yükü nedeniyle moleküler yöntemlerle onaylanabilir, mikroskopik inceleme şart değildir (Morris and Norris, 2012).

PcP için mevcut teşhis yöntemleri, sitolojik boyama, immünofloresan testi veya real-time PCR ile indüklenmiş balgam ve/veya bronkoalveoler lavaj sıvısından organizmanın saptanmasına dayanır (Fishman and Gans, 2019).

Standart boyama yöntemleri arasında metenamin gümüşü, toluidin mavisi O, Giemsa boyası ve Diff-Quik bulunmaktadır ve monoklonal antikorlar hızlı, hassas ve uygulaması kolay bir immünofloresan testi ile *Pneumocystis*'i tespit etmek için kullanılabilmektedirler (Gill et al., 1987; Kovacs et al., 1988; Ng et al., 1990).

2.7.1. Polimeraz Zincir Reaksiyonu

Bu çalışmada, hedef gen olarak seçilen genler; sitokrom *b* (CYB), mitokondriyal rRNA (mt26S) ve süperoksit dismütaz (SOD) genleridir. *P. jirovecii* izolatlarının bu bilinen üç değişken bölgesine ait kısımlar, Wakefield ve arkadaşları ile Esteves ve arkadaşları tarafından tasarlanan primer çiftleri kullanılarak geleneksel PCR ile amplifiye edilmiştir (Wakefield et al., 1990; Esteves et al., 2008; Esteves et al., 2009).

Maitte ve arkadaşlarının CYB, SOD, mt26S, internal transcribed spacer 1 (ITS1), large subunit of the rRNA gene (26S), β-tubulin (β-TUB), Dihydrofolate reductase (DHFR) ve Dihydropteroate synthase (DHPS) olmak üzere 8 lokus kullanarak yaptığı çalışma sonucu, salgınların incelenmesinde bu 3 lokusun birlikte kullanımı diğer şemalardan daha avantajlı gözükmektedir. Çünkü; az sayıda lokus kullanıldığından kullanımı kolaydır, diğer şemalarla benzer ayırıcı güce sahiptir ve verimliliği yüksektir (Maitte et al., 2013).

3. GEREÇ VE YÖNTEM

3.1. Çalışmada Kullanılan *P. jirovecii* izolatları

2009-2018 yılları arasında Ege Üniversitesi Tıp Fakültesi Parazitoloji Anabilim Dalı'nda, PcP şüphesi barındıran hastalardan alınan BAL ve balgam örneklerinin Real-time PCR kullanılarak *cdc2* geni hedeflenmiş ve pozitif çıkan 84 adet *P. jirovecii* izolatı bu çalışmada kullanılmıştır. Örnekler -20°C'de muhafaza edilmişlerdir.

Kullanılan 84 adet izolat arasından 27 tanesi CYB, mt26S ve SOD lokusları baz alınarak genotiplendirilmiştir.

3.2. Gen Bölgelerinin PCR ile Amplifikasyonu

Bu çalışmada *P. jirovecii*'ye özgü CYB, mt26S ve SOD lokuslarının çoğaltılması için toplamda 3 adet primer çifti kullanılmıştır (Tablo 3.1) ve gerekli PCR koşulları Tablo 3.2'de verilmiştir.

Tablo 3.1. Çalışmada kullanılan primer dizileri, nükleotid sekansları ve ürün boyutları.

Lokus	**Primerler**	**Nükleotid Sekansı**	**Ürün Boyutu**
CYB	CytbFw CytbRw	5-CCCAGAATTCTCGTTTGGTCTATT-3 5-AAGAGGTCTAAAAGCAGAACCTCAA-3	638
mt26S	mt26SFw mt26SRw	5-GATGGCTGTTTCCAAGCCCA-3 5-GTGTACGTTGCAAAGTACTC-3	347
SOD	MnSODFw MnSODRw	5-GGGTTTAATTAGTCTTTTTAGGGAC-3 5-CATGTTCCCACGCATCCTAT-3	652

Tablo 3.2. PCR Koşulları.

PCR Basamakları	Döngü Sayısı	Sıcaklık (°C)	Süre
İlk denatürasyon	1	94	7 dk
İkinci denatürasyon Bağlanma Uzama	35	94 60 72	30 sn 45 sn 30 sn
Son uzama	1	72	7 dk
Bekleme		4	∞

PCR Karışımı

Primer stok konsantrasyonları 100 pmol olup reaksiyonda kullanımı 10 pmol olacak şekilde sulandırılmıştır. PCR karışımı son hacmi 50 µl olacak şekilde (40 µl karışım + 10µl DNA) hazırlanmış ve klasik PCR cihazına yerleştirilerek çalışılmıştır.

Buna göre;

Taq Pol. 0.5 µl

dNTP 1 µl

$MgCl_2$ 4 µl

Buffer 5 µl

Forward (10 pmol) 1.25 µl

Reverse (10 pmol) 1.25 µl

DNA 10 µl

dH_2O 27 µl

3.3. Agaroz Jel Elektroforezi

PCR ürünlerinin görüntülenmesi için %2'lik oranda agaroz jel hazırlanmıştır.

(i) Kullanılan tamponlar

- 0.5 M EDTA

146 gr EDTA (AppliChem, Katalog No:5097)

1000 ml distile su

- 50X TAE (Tris Asetat EDTA) tamponu

242 gr Tris (AppliChem, Katalog No:2264)

57.1 ml Glasiyal Asetik asit (AppliChem, Katalog No:A3686)

0.5 M EDTA 100 ml

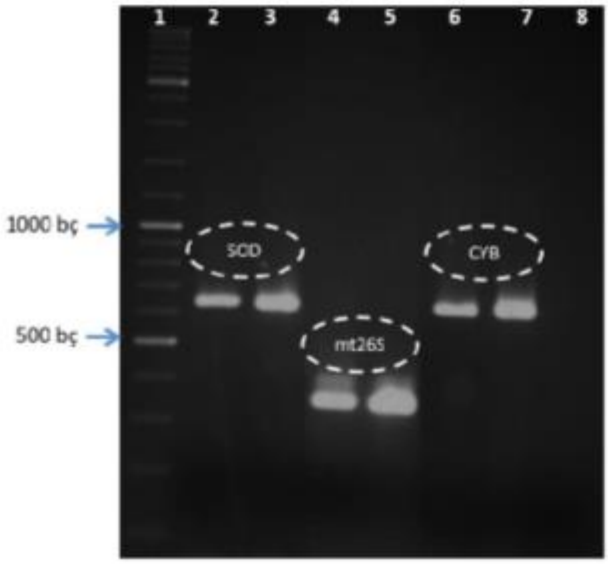
1000 ml'ye distile su ile tamamlanarak hazırlanmıştır.

- 1X TAE tamponu

20 ml 50X TAE stok tampon üzerine 980 ml distile su eklenerek hazırlanmıştır.

(ii) Agaroz jel elektroforezi

4 gram agaroz jel tartılarak 500 ml'lik temiz bir cam beher içine konulmuş ve üzerine 200 ml 1X TAE solüsyonu eklenmiştir. Mikrodalga fırında yaklaşık 4-5 dakika boyunca homojenize edilmiştir. Tamamen berrak hale geldikten sonra soğumaya bırakılmıştır. 45 örnek kapasiteli jel tepsisi 3 sıra taraklı olacak şekilde yerleştirilmiş ve hazırlanan agaroz jel tepsiye aktarılmıştır. Hava kabarcığı olması durumunda steril pipet ucu yardımıyla tepsinin uç kısımlarına sürüklenmiştir. Tepsiye aktarılan agaroz jel karışımı oda sıcaklığında donmaya bırakılmış ve sonrasında taraklar çıkartılmıştır. Jel daha sonra yürüme tankına aktarılmış ve jelin üzerini 1 cm kapatacak şekilde 1X TAE eklenmiştir. PCR ürünleri 2 µl yükleme boyası eklendikten sonra 12 µl olacak şekilde kuyucuklara aktarılmıştır. Elektroforez tankının kapağı kapatılarak 100-110 Volt olarak ayarlanmış ve PCR ürünleri tepsi uzunluğunun 2/3'ü kadar ilerlediğinde durdurulmuştur. Görüntülemek üzere UV görüntüleyici cihaza (DNR Bioimaging Comp. UK) yerleştirilmiş ve görüntü kaydedilmiştir (Şekil 3.1).



Şekil 3.1. PCR ürünlerinin jel-elektroforezi ile görüntülenmesi. 1 DNA merdiveni; 2,3 SOD; 4, 5 mt26S; 6, 7 CYB ve 8 negatif kontrol.

3.4. Multilokus Dizi Tiplerinin Belirlenmesi

Multilokus genotipler belirlenirken CYB, mt26S ve SOD lokusları kullanılmıştır. Her bir lokusun genotipleri, nükleotid pozisyonları ve nükleotid dizileri aşağıda verilmiştir (Tablo 3.3, 3.4, 3.5, 3.6, 3.7 ve 3.8).

Tablo 3.3. NCBI veri tabanında *P. carinii*'ye ait AF320344 numaralı CYB geni.

P. carinii CYB geni (1- 1038 nükleotidler arası)
tatttatggaattatggttcattatcaggactgtgtttaattatacagatt attacgggtgtgactttagctatgcattatataccttcgattgatttagct ttcttgagtgttgaacatattatgtgagatgtaaattatggttggttgatt cgttatattcatagtaatacggcttctttttctttctgtttgtttatatt catattgcttgaggtatctattatggatcttatcgaactcccagaattctc gtttggtctattggtgtagttatcttcttaattatgattgttactgctttc ttgggatatgttctgccttttggtcaaatgtcattgtggggagcgactgtt attactaatttgatgtctgctataccttggattggtaatgatattgtgaat tttatttggggtgggttctctgttaatcatgctactctgaattgattcttc tctttacattatttattgccttttgttttattggctttagttgttgctcat ttaatctctttacatgttcatggaagtagtaatcctctgggtgttactggt aattcagatcgtctgcctttccatccctatttctcatttaaagatttagtt actgtttttttatttttattagctttatctttctttgtgttttatgctcct aatgtcttgggacatagtgataattatattatggctaatcctatggctact cctccaagtattgttcctgaatggtatcttttacctttctatgcaatcttg tgatctatttcgaataaattatttggagttgtggctatgttagctgctatt cttattctttttgttggacctcttgtggatttatcttgaatttgaggttct gcttttagacctcttagtaaattctttttttggatctttgtcactaatttc ttcttgttaatgtttgtgggttcacaacatgttgaagaacctttttgtgacg cttggacaatatgctacattcttctatttcttctatttcttagttgttatt cctctggtgggtattatt

Tablo 3.4. CYB nükleotid pozisyonları.

	279	299	348	362	369	516	547	566	675	742	832-833
CYB1	C	-	A	-	-	C	C	C	-	-	-
CYB2	C	-	A	-	-	C	C	C	-	-	-
CYB3	C	-	G	-	-	T	C	C	-	-	-
CYB4	C	-	A	-	-	C	T	C	-	-	-
CYB5	T	-	A	-	-	T	C	C	-	-	-
CYB6	C	-	A	-	-	T	C	C	-	-	-
CYB7	C	-	A	-	-	C	C	T	-	-	-
CYB8	T	C	A	C	G	C	C	C	A	C	TT
CYB9	C	C	A	C	G	C	C	C	T	C	TT

“-“ ile gösterilen pozisyonlar değerlendirilmemektedir.

Tablo 3.5. NCBI veri tabanında *P. carinii*’ye ait M58605 numaralı mt26S geni.

P. carinii mt26S geni (1- 295 nükleotidler arası)
ttgtggtaagtagtgaaatacaaatcggactaggatatagctggttttctgcgaa aattgttttggcaaattgtttattcctctcaaaaatagtaggtatagcactgaat atctcgagggagtatgaaaatatttatctcagatatttaatctcaaaataactat ttcttaaaataaataatcagactatgtgcgataaggtagatagtcgaaagggaaa cagcccagaacagtaattaaagctccccaattaatattaagtgaaataaaagttg ttggatatctaagacagtta

Tablo 3.6. mt26S nükleotid pozisyonları.

	54-57	85	248	288
allel 1	AAAA	C	C	G
allel 2	AAAA	C	C	A
allel 3	AAAA	C	T	A
allel 4	AAAA	C	T	G
allel 5	AAAA	A	C	G
allel 6	AAAA	A	T	G
allel 7	AAAA	A	C	A
allel 8	AAAA	T	C	A
allel 9	AAAA	T	C	G
allel 10	AAAA	C	T	A
allel 11	AAAA	*	C	A
allel 12	AAA	A	C	A
allel 13	AAA	A	T	A
allel 14	AAA	T	C	A

“*” ile gösterilen pozisyonda nükleotid bulunmamaktadır.

Tablo 3.7. NCBI veri tabanında *P. jirovecii*’ye ait AF146753 numaralı SOD geni.

P. jirovecii SOD geni (1- 829 nükleotidler arası)

```
tgttagttgaagaaagctcttgaataagggtttaattagtctttttaggcacttgaacct
tatctttctcatgatttgcttgaggtaaatactttttctttgtttaaagyccttttttaa
aattatagcttcattataacaaacatcaccgtgcttacgtaacaaattttaatttagcwt
tggaaaaatataatgaatatgattcttctgtggayttagcaactcgtatgaatcttttaa
catctattaagtttcatggtggtggtaggtataggaaagataagaactattgatttgaat
atttttataggtcatattaatcattctttatattgggaaagccttcttccaccaaaaga
aggtggaggacaagttattgatgggcctttagttgatgcaattaaaaaggaatggggaag
tgttgaccaattcattcgtacatttaatacacatttgtctgggattcaaggaagtgggtg
gtgttggctcgtaaaaataccttcaagtcgacaacttttttattcaaacaacgatggtact
tttcttcttatactctttagtgtctgatttgaatagaatcaagatcttgttactcaaggc
aaagttattcttggaatagtaaagttactttatattgttttataaataattaattgtttt
ataggatgcgtgggaacatgcatattgtaattctagtatttctagagactaaatactaaa
atgaaatagatattcaatattttaataacaaagttaaatattttgaaaatatatggaatg
taagattcaattgttaattaatttttgactaatgaagcaaaaggttatt
```

Tablo 3.8. SOD nükleotid pozisyonları.

	110	**191**	**215**
SOD1	C	-	T
SOD2	T	-	C
SOD3	T	-	T
SOD4	C	-	C
SOD5	C	C	T

“-“ ile gösterilen pozisyonlar değerlendirilmemektedir.

Nükleotid dizilimi Chromas programı kullanılarak belirlenmiş, NCBI veri tabanında kayıtlı erişim numaraları kullanılarak BLAST analizi yapılmış ve nükleotid farklılıkları tespit edilmiştir. Analiz edilen 31 izolatın multilokus genotipleri Maitte ve arkadaşlarının (2013) 8 lokus kullanarak hazırlamış olduğu şemaya göre değerlendirilmiştir (Tablo 3.9).

Tablo 3.9. 8 lokus kullanarak belirlenen multilokus genotipler (Maitte et al., 2013'den).

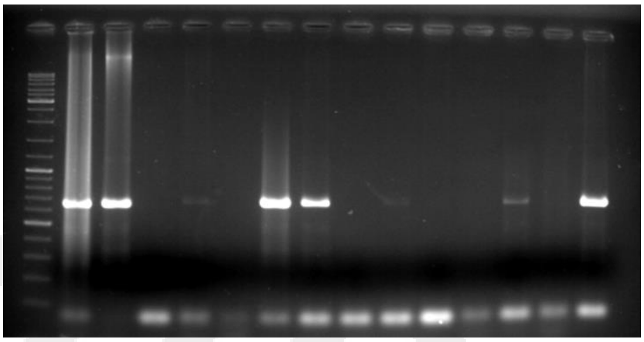
CYB	MT26S	SOD	26S	ITS1	β-TUB	DHFR	DHPS	MLGs
1	8	2	5	B	3	WT	WT	**A**
2	7	1	1	B1	3	WT	WT	**B**
1	8	2	1	B5	3	WT	WT	**C**
9	7	2	8	B	3	312	WT	**D**
1	8	2+1	5	A5	1	312	WT	**Mixed**
1	2	2	5	B	3	201	WT	**E**
1	7	1	1	B2	1	WT	WT	**F**
2	3	1	ND	B1	1	312	WT	**G**
7	8	2	5	ND	3	312	WT	**H**
2	7	1	5	B	1	WT	WT	**I**
2+8	7+3	2	ND	ND	1+3	312	WT	**Mixed**
5	7	1	1	B2	1	WT	WT	**J**
8	8	2	5	A3	3	WT	WT	**K**
2	3	1	5	A3	3	WT	WT	**L**
2	8	1	5	A4	3	WT	WT	**M**
1	2	1	9	B3	1	WT	WT	**N**
6	8	2	10	A4	3	WT	WT	**O**
1+2	3	1	5	A3	1	WT	WT	**Mixed**
1	3	1	5	A3	1	312	ND	**P**
6	2	2	ND	A4	1+3	ND	WT	**Mixed**
1	8	5	5	B1	3	WT	WT	**Q**
8	7	1	5	B1	1+3	WT	WT	**Mixed**
8	2	2	5	B	1	WT	WT	**R**
2	3	ND	5	A3	3	ND	WT	**L**
2	8	5	6	B	3	WT	WT	**S**
1+6	2	1	1+5	B	1	WT	WT	**Mixed**
8	8	1	5	B	1	ND	WT	**T**
7	7	1	5	B	1	WT	WT	**U**
1+7	7	1	1+5	ND	3	WT	WT	**Mİxed**
1	7+8+2	2	5	ND	1+3	WT+312	WT	**Mixed**
1	7	2	7	B6	1	WT	WT	**V**
3+1	7+8	4+3	5	B	1	WT	WT	**Mixed**
8	7+3	1	ND	ND	1	WT	WT	**Mixed**

4. BULGULAR

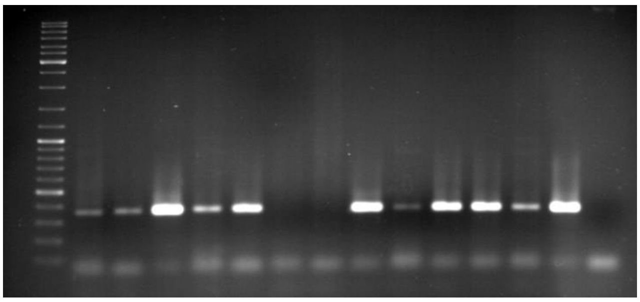
Bu çalışmada, Real Time PCR ile *cdc2* geni içerdiği teyit edilmiş PcP hastalarından (ortalama yaş 53.04) toplanmış örnekler kullanılmıştır (Döşkaya vd., 2011).

4.1. PCR ile *P. jirovecii*'ye ait CYB, mt26S ve SOD genlerinin araştırılması

CYB, mt26S ve SOD genlerinin amplifikasyonu sonrası elde edilen jel görüntüleri (Şekil 4.1, 4.2 ve 4.3) aşağıda verilmiştir:

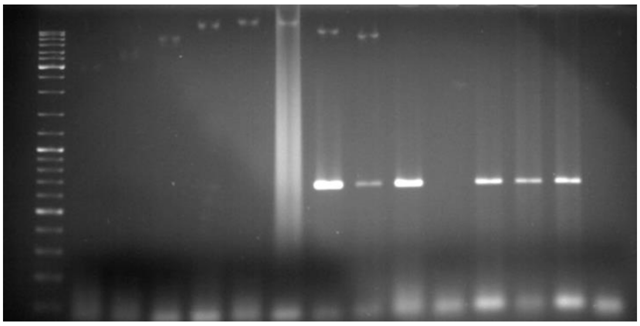


Şekil 4.1. CYB lokusu hedeflenerek yapılan klasik PCR ürünlerinin agaroz jelde görüntülenmesi. 1: DNA merdiveni, 2,3,5,7,8,10,13,15: CYB pozitif örnekler, 4,6,9,11,12,14: CYB negatif örnekler



Şekil 4.2. mt26S lokusu hedeflenerek yapılan klasik PCR ürünlerinin agaroz jelde görüntülenmesi. 1: DNA merdiveni, 2,3,4,5,6,9,10,11,12,13,14: mt26S pozitif örnekler, 7,8: mt26S negatif örnekler, 15: Negatif kontrol

1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15



Şekil 4.3. SOD lokusu hedeflenerek yapılan klasik PCR ürünlerinin agaroz jelde görüntülenmesi. 1: DNA merdiveni 8,9,10,12,13,14: SOD pozitif örnekler, 2,3,4,5,6,11: SOD negatif örnekler, 15: Negatif kontrol

4.2. Multilokus Genotiplerin Belirlenmesi

P. jirovecii pozitif olduğu saptanmış 84 örnek içinden 27 tanesi CYB, mt26S ve SOD lokusları kullanılarak multilokus genotiplendirmesi yapılmıştır. Sadece CYB ve mt26S genotiplerinin belirlenebildiği 3 örnek varken, sadece mt26S ve SOD genotiplerinin belirlenebildiği 1 örnek bulunmaktadır. Bu sonuç doğrultusunda iki lokusun genotiplendirildiği toplam örnek sayısı 4 olup multilokus genotipleri belirlenememiştir (Tablo 4.1).

Toplam 31 örnek arasından CYB genotiplendirmesi yapılan örnek sayısı 30 (%97.7), mt26S genotiplendirmesi yapılan örnek sayısı 31 (%100) ve SOD genotiplendirmesi yapılan örnek sayısı ise 28 (%90.3) olarak belirlenmiştir. Bu oranlara göre en başarılı sonuçlar mt26S lokusundan alınmıştır.

CYB lokusu için belirlenmiş 9 farklı genotipten 6 adet (CYB1, CYB2, CYB5, CYB6, CYB7 ve CYB8), mt26S lokusu için belirlenmiş 14 farklı genotipten 4 adet (allel 2, allel 3, allel 7 ve allel 8) ve SOD lokusu belirlenmiş 5 farklı genotipten 3 adet (SOD1, SOD2 ve SOD4) genotip belirlenmiştir.

Belirlenen 30 CYB genotipi arasında 16 tane CYB1 genotipinin bulunması (%56), CYB1 genotipinin diğer genotiplere oranlara daha baskın olduğunu göstermiştir. CYB2 genotipi 9 örnekte (%30), CYB7 genotipi 3 örnekte (%10), diğer genotipler 1'er örnekte (%3.33) bulunmuşlardır.

mt26S lokusu için 31 örneğin tamamının genotiplendirmesi yapılmıştır. Allel 7 ve allel 8 genotipleri 11'er örnekle eşit sayıda olup %35.4 oranla baskın genotiplerdir. Allel 2'nin bulunduğu örnek sayısı 7 iken (%22.5) allel 3 ise 2 örnekte (%6.4) saptanmıştır.

SOD lokusu için baskın genotip SOD1 olup 28 örnek arasından 20 tanesinde bulunurken oranı %71.4 olarak belirlenmiştir. SOD2 genotipi 7 örnekte (%25) ve SOD4 genotipi ise sadece 1 örnekte (%3.5) bulunmuştur.

Üç lokus kullanılarak genotiplendirilen 27 örnek arasından 17 tanesi (%62.9) mevcut multilokus genotipler (Maitte et al., 2013) ile uyumlu sonuç verirken geriye kalan 10 örnek (37) uyumsuz sonuç vermiştir.

Mevcut multilokus şemasına göre E, F, M, N, P ve V multilokus genotipleri tespit edilmiş, ek olarak 1 tane *P. jirovecii* izolatının hem B hem de I multilokus genotipleriyle benzer bir şemaya sahip olduğu bulunmuştur.

36 ve 37 numaralı örnekler ile 59, 60 ve 63 numaralı örneklerin aynı hastaya ait olması nedeniyle multilokus genotipleri aynı bulunmuş, iki gruptan da birer örnek baz alınarak oranlar yeniden değerlendirilmiştir. Bu durumda multilokus genotiplendirmesi yapılan örnek sayısı 24 olmaktadır.

Toplam örnek sayısı 28 olarak alındığında; genotiplendirmesi yapılmış CYB lokusu sayısı 27 (%96.4), mt26S lokusu sayısı 28 (%100) ve SOD lokusu sayısı ise 25 (%89.2) olarak belirlenmiştir.

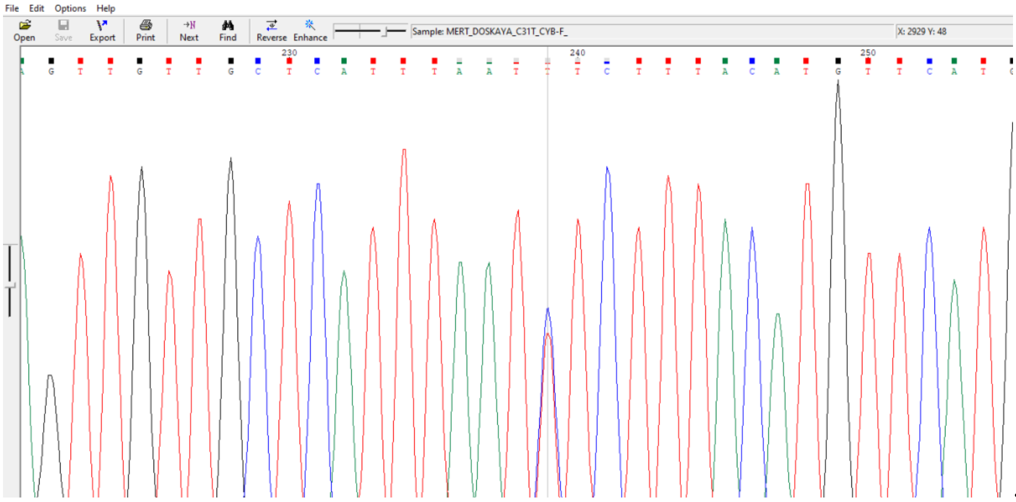
CYB genotip oranları; baskın genotip olan CYB1 için %62.9 (17 örnek), CYB2 için %22.2 (6 örnek), CYB5, CYB6 ve CYB8 genotiplerinin her biri için %3.7 (1'er örnek) ve CYB7 için %11.1 (3 örnek) olarak bulunmuştur.

Mt26S genotiplerinde oranlar; baskın genotip olan allel 7 için %39.2 (11 örnek), allel 8 için %28.5 (8 örnek), allel 2 için %25 (7 örnek) ve allel 3 için %7.1 (2 örnek) olarak bulunmuştur.

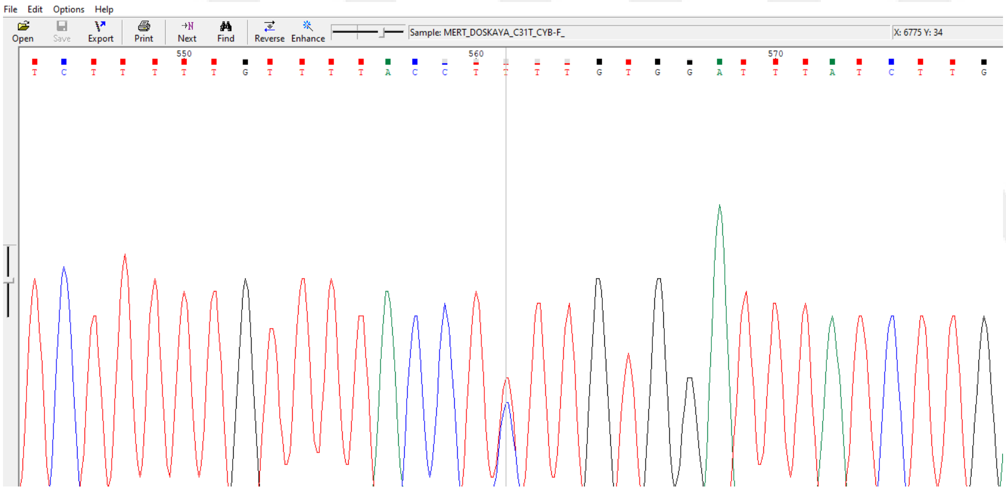
SOD genotip oranları ise; baskın genotip olan SOD1 için %76 (19 örnek), SOD2 için %20 ve SOD4 için %4 (1 örnek) olarak bulunmuştur.

Maitte ve arkadaşlarının (2013) 8 lokus (ITS1, CYB, SOD, mt26S, 26S, β-TUB, DHFR ve DHPS) kullanarak hazırladığı multilokus genotiplendirme şemasıyla uyumsuz 8 adet (%33.3) sonuç bulunurken, uyumlu olanlar arasında baskın multilokus genotip F grubu (%20.8) olarak belirlenmiştir. Diğer multilokus genotipler ise %12.5 oranla M grubu, %8.3 oranla P ve V grupları ile %4.1 oranla E, N, mixed grupları şeklindedir. Hem B ve hem I grubu ile benzer şemaya sahip sadece 1 adet izolat (%4.1) bulunmaktadır.

Ayrıca 31 numaralı örnekte, CYB lokusunun 516 ve 838 pozisyonlarında sitozinin timine dönüştürülmesinden dolayı farklı bir nükleotid profili barındıran yeni bir CYB genotipi olma olasılığını barındırmaktadır (Şekil 4.4 ve 4.5).



Şekil 4.4. 31 numaralı örneğe ait CYB lokusu 516. pozisyon.



Şekil 4.5. 31 numaralı örneğe ait CYB lokusu 838. pozisyon.

CYB lokusundaki 516 ve 838 pozisyonlarında sitozin ve timin birlikte gözlenmektedir. Bu durumda, 31 numaralı örneğin, CYB2 ve CYB6 genotiplerine sahip farklı suşları barındırdığı ya da yeni bir genotip ile CYB1 genotipine sahip suşların birlikte bulunduğu düşünülmektedir.

Tablo 4.1. *P. jirovecii* pozitif olan 31 izolatın klinik yansıması, örnek tipi, her lokus için belirlenmiş genotipleri ve multilokus genotipleri.

Örnek Numarası	Klinik Yansıması	Örnek Tipi	CYB	mt26S	SOD	Multilokus Genotip
1	Ankilozan spondilit	BAL	CYB1	allel 7	SOD1	F
2	Böbrek transplantasyonu	BAL	CYB7	allel 2	SOD1	*
5	Romatoid artrit	BAL	CYB5	allel 8	SOD2	*
6	Kronik lenfositik lösemi (KLL)	BAL	CYB7	allel 2	-	belirlenemedi
7	Kronik lenfositik lösemi (KLL)	BAL	CYB1	allel 2	SOD1	*
10	Beyin kanseri	balgam	CYB7	allel 2	-	belirlenemedi
11	Behçet hastalığı	BAL	CYB1	allel 2	SOD1	N
12	Romatoid artrit	BAL	CYB1	alles 8	SOD1	*
19	Nektorizan miyopati	BAL	CYB1	allel 7	SOD1	F
26	Böbrek transplantasyonu	BAL	CYB2	allel 8	SOD1	M
28	Primer biliyer kolanjit	BAL	CYB1	allel 2	SOD2	E
30	Aplastik anemi	BAL	CYB1	allel 7	SOD2	V
31	Akciğer kanseri	BAL	CYB2+ CYB1+ CYB6+ CYByeni	allel 7	SOD1	Mixed
32	Böbrek transplantasyonu	BAL	-	allel 8	SOD1	belirlenemedi
33	HIV +	BAL	CYB1	allel 7	SOD1	F
36	Böbrek transplantasyonu	BAL	CYB2	allel 8	SOD1	M
37	Böbrek transplantasyonu	BAL	CYB2	allel 8	SOD1	M
40	Akciğer kanseri	BAL	CYB1	allel 3	SOD1	P
42	Tiroid kanseri	BAL	CYB8	allel 2	SOD1	*
43	Sistematik lupus eritematozus (SLE)	BAL	CYB2	allel 8	SOD1	M
48	Lenfoma	BAL	CYB2	allel 7	SOD1	B ya da I
54	Vaskülit	BAL	CYB1	allel 7	SOD4	*
59	HIV +	BAL	CYB2	allel 8	SOD2	*
60	HIV +	balgam	CYB2	allel 8	SOD2	*
63	HIV +	BAL	CYB2	allel 8	SOD2	*
65	HIV +	BAL	CYB1	allel 3	SOD1	P
68	Sistematik lupus eritematozus (SLE)	BAL	CYB1	allel 7	SOD1	F
75	Sjögren sendromu	balgam	CYB1	allel 7	SOD1	F
82	HIV +	balgam	CYB1	allel 7	SOD2	V
83	Böbrek kanseri	BAL	CYB1	allel 7	-	belirlenemedi
84	Akciğer kanseri	BAL	CYB1	allel 8	SOD1	*

5. TARTIŞMA

Mantar türleri arasında benzersiz olan *Pneumocystis*, her bir türü sadece tek bir konak türünü enfekte edebilecek şekilde evrimleşmiştir ve hala bu özelliğin nedeni bilinmemektedir (Ma et al., 2016).

Akut PcP'li kemirgenlerin bulunduğu bir odada bulunan immün sistemi baskılanmış kemirgenlerde PcP gelişmektedir. *Pnemocystis*'in taşınımı, hem immün sistemi baskılanmış hem de immün sistemi sağlam hayvanlarda belgelenmiştir, bu da insanlar arasında bulaşmanın olabileceği hipotezini kuvvetle desteklemektedir. (Powles et al., 1992; Wolff et al., 1993).

Pneumocystis sadece HIV enfeksiyonu ve diğer bağışıklık yetmezliği olan hastalarda yaşamı tehdit eden pnömoniye neden olmakla kalmayıp aynı zamanda sağlıklı bireylerin akciğerlerini çok erken yaşlardan itibaren kolonize edebilen fırsatçı bir patojen olarak öne çıkmaktadır. *Pneumocystis* cinsi, dünya çapında bir dağılımı olan, birden fazla memeli türünde tespit edilen, spesifik konaklara sahip, özellikle akciğerlerde yaşayan ve *in vitro* kültürü yapılamamış, araştırması zor bir organizmadır (Ma et al., 2018).

P. jirovecii varlığının saptanması için kullanılan birçok yöntem bulunmakla birlikte, altın standart olarak kabul edilen yöntem multilokus sekanslamadır (Maitte et al., 2013).

Multilokus genotiplendirme, çeşitli genetik lokasyonlarda meydana gelen tek nükleotid polimorfizmlerin (single cell polymorphism – SNP–) eşzamanlı olarak karakterize edilmesine izin verir ve böylece tek bir lokustaki genotiplendirmeden daha sağlam bilgi sağlar (Esteves et al., 2009).

Klinik örneklerden izole edilen *P. jirovecii* suşlarının genotiplendirilmesi, *P. jirovecii* genotiplerinin ilaç direnci, moleküler epidemiyolojisi ve salgınlar ile ilgili faydalı bilgiler sağlar (Hauser et al., 1997; Esteves et al., 2008; Maitte et al., 2013).

Multilokus dizi tiplendirmesi sırasında, mt26S, 26S, β-TUB, ITS1, SOD, CYB, DHPS ve DHFR lokusları sıklıkla analiz edilir. Bazı çalışmalarda, bu lokusların tümü *P. jirovecii* suşlarının genotiplendirilmesi için kullanılırken (Maitte et al., 2013), diğerlerinde ise yeterli ayırma gücüne sahip daha az lokus kullanılmıştır (Hauser et al., 1997; Esteves et al., 2008; Curran et al., 2013).

Türkiye'de moleküler yöntemler kullanılarak, HIV enfeksiyonlu veya immün sistemi baskılayan tedavi alan hasta grubunda *P. jirovecii* prevalansının anlamlı oranda (% 23,68) olduğu gösterilmiştir (Döşkaya vd., 2011). Bununla birlikte, *P. jirovecii* izolatlarının genotiplendirilmesi ile ilgili herhangi bir çalışma daha önce yapılmamıştır ve bu nedenle mevcut izolatların ve baskın genotip(ler)in genotip profilleri bilinmemektedir. Bu çalışmada, Ege Üniversitesi Tıp Fakültesi'ne başvuran PcP hastalarından elde edilen 84 *P. jirovecii* izolatının CYB, mt26S ve SOD lokusları kullanılarak multilokus sekanslama yöntemi ile genotip profilini ortaya çıkarmak amaçlanmıştır.

Muhtemelen mitokondrilerdeki polimorfizm oranları nükleustan daha yüksek olduğu için mt26S ve CYB nükleotit dizilerinde sekans varyasyonu, diğer lokuslardan daha yüksek bulunmaktadır (Kazanjian et al., 2001; Kang and Hamasaki, 2003).

ITS1 ve ITS2 lokusları üzerinden yapılan bir çalışma, iki lokusa ait genotip kombinasyonların sayısının en az 60 olduğunu göstermektedir. Sayının bu kadar fazla olmasından dolayı ITS içeren bir şema hazırlamak zorlaşmaktadır (Lee et al.,1998). Ayrıca Maitte ve arkadaşlarının çalışmasında amplifikasyon başarısızlığı en çok ITS1 lokusunda gözlenmiştir DHFR lokusu için sadece 201 ve 312. nükleotid pozisyonlarında mutasyon görülmüş, β-TUB ve DHPS lokuslarının da düşük polimorfizm gösterdiği bildirilmiştir (Maitte et al., 2013).

2011 yılında Japonya'da yaklaşık 20 gün gibi kısa bir süre içerisinde gerçekleşen salgında, mt26S, ß-TUB, SOD ve CYB lokusları kullanılarak bir çalışma yapılmış ve böbrek nakli yapılmış 5 hastanın aynı en yaygın genotiple enfekte olma oranı %80 olarak bildirilmiştir (Urabe et al., 2016).

2014 yılında Fransa'da 5 ay içerisinde, karaciğer nakli yapılmış 4 hastanın tamamında aynı multilokus genotip belirlenmiştir. Bu çalışmada olduğu gibi, CYB, mt26S ve SOD lokusları kullanılarak yapılan çalışmada genotipler CYB2, allel 3 ve SOD1 olarak belirlenmiş ve multilokus genotipi A olarak değerlendirilmiştir (Desoubeaux et al., 2016). Maitte ve arkadaşlarına ait multilokus genotip şemasında, bu sıralamanın karşılığı G veya L gruplarına denk gelmektedir (Maitte et al., 2013). Çalışılan hemen her lokus için çok farklı genotiplerin bulunması ve buna dayalı çok fazla şemanın bildirilmesinden kaynaklı *P. jirovecii* için ortak bir şema hala oluşturulamamıştır. Ayrıca bu çalışmada da, Maitte ve arkadaşlarının oluşturduğu şemaya uymayan 7 farklı sonuç elde edilmiştir.

Fransa'da 2015 yılında 7 ay içerisinde gerçekleşen salgında, 7 kalp nakli yapılmış hastanın aynı multilokus genotiple enfekte olduğu bildirilmiştir. Yine CYB, mt26S ve SOD genleri kullanılarak yürütülen çalışmada baskın genotipler CYB2, allel 4 ve SOD1 olmakla birlikte, daha önce bildirilmiş şemalarla yine uyumsuzluk göstermektedir (Vindrios et al., 2017).

P. jirovecii izolatlarının genotiplendirilmesindeki başarısızlığın nedeninin düşük *P. jirovecii* yükünden kaynaklandığı tahmin edilmektedir. *P. jirovecii* izolatlarının genotiplendirilmesiyle ilişkili başarısızlıklar/sorunlar önceki bazı çalışmalarda ortaya çıkmıştır. Örneğin, mt26S, DHFR, CYB ve SOD lokus genotiplendirilmesi üzerine yapılan bir çalışmada, analiz edilen her lokus için amplifikasyonla ilgili problemler oluşmuştur (Esteves et al., 2009). Başka bir çalışmada, 17 *P. jirovecii* izolatı hem mt26S hem de CYB genleri kullanılarak genotiplendirilirken, bunlardan sadece beşi (% 29.41) SOD geni kullanılarak genotiplendirilebilmiştir. (Sokulska et al., 2018). Yirmi PcP pozitif örnek arasından mt26S, ITS1, B-TUB, SOD, CYB ve DHFR lokuslarının analiz edildiği farklı bir çalışmada altı lokusun tamamının amplifiye edildiği bir örnek bulunmamaktadır (Depypere et al., 2016).

Bu çalışmada, 84 adet pozitif klinik örnek arasından en az iki lokusun genotiplendirildiği örnek sayısı 31 olmakla birlikte, sahip oldukları multilokus genotipler Maitte ve arkadaşlarının (2013) hazırlamış olduğu şemaya göre değerlendirilmiştir. CYB, mt26S ve SOD için baskın genotipler sırasıyla CYB1 (%62.9), allel 7 (%39.2) ve SOD1 (%76) şeklindedir.

Bu çalışmada mt26S genotiplerinden allel 7 ve 8'in sıklığı, benzer şekilde Kuzey İrlanda'da (Curran et al., 2013) ve Fransa'da da (Maitte et al., 2013) diğer mt26S genotiplerinden daha yüksek bulunmuştur. Bu ülkelerde ve Türkiye'de spesifik ilaç/profilaksi kullanımı, bu mt26S genotiplerinin yüksek sıklığının bir açıklaması olabilir.

Benzer şekilde, bu çalışmada baskın olarak bulunan SOD1 genotipi, Belçika'da yapılan çalışmada %45 (Depypere et al., 2016) ve Fransa'da yapılan çalışmada ise %51.51 oranında (Maitte et al., 2013) baskın genotip olarak bildirilmiştir.

Yine bu çalışmada, CYB lokusu için %62.9 oranında baskın genotip olan CYB1 genotipi, sıklığı %36.84 ile %70 arasında değişen iki farklı çalışmada da yüksek sıklıkta tespit edilmiştir (Maitte et al., 2013; Depypere et al., 2016).

Ayrıca, 2018 yılında yapılan başka bir çalışmada CYB1 sıklığı %70.58 olarak bulunmuştur (Desoubeaux et al., 2016). Daha önceki bir çalışmada, belirli konumlarda uyumsuz nükleotid profiline sahip iki CYB genotipi belirlenmiş olup CYB8 ve CYB9 olarak adlandırılmışlardır (Maitte et al., 2013). Bu çalışmada da, CYB lokusunun 516 ve 838 numaralı nükleotid pozisyonlarında sitozinin timine dönüşümünden kaynaklı yeni bir genotip olma olasılığını barındıran bir CYB genotipi belirlenmiştir. Bu sonuçlar, gelecekteki çalışmalarda yeni CYB genotiplerinin klinik örneklerde bulunabileceğini, çünkü CYB lokusunun diğer lokuslara göre daha polimorfik veya mutasyonlara daha yatkın olabileceğini göstermektedir.

Lokusların genotiplendirilmelerindeki başarıları ise sırasıyla mt26S (%100), CYB (%96.4) ve SOD (%89.2) olarak belirlenmiştir. En baskın multilokus genotip, CYB1 – allel 7 - SOD1 sıralamasına sahip F grubudur. F multilokus genotipi 28 izolatın tamamı ele alındığında %17.8, oluşturulan şemaya uygunluk gösteren 20 izolat ele alındığında ise %25 oranına sahiptir. Oluşturulan şemada yer almayan 7 multilokus genotip arasında en baskın olanı ise CYB1 – allel 8 – SOD1 sıralamasıdır (%25). Bu 3 lokusun kullanımının yetersiz kaldığı sadece tek bir izolat (48 numaralı örnek) olmuştur. B ve I gruplarının sahip olduğu şemanın ikisine de uymaktadır.

Bu çalışma, olası bir hastane içi salgın açısından değerlendirilecek olursa, PcP şüphesi barındıran hastalardan alınan örneklerin geliş tarihine ve tespit edilen multilokus genotiplere bakıldığında hastane içi bir salgından bahsedilememektedir (Tablo 5.1).

Tablo 5.1. 31 izolatın test tarihleri ve multilokus genotipleri.

Örnek Numarası	Örnek Geliş Tarihi	Multilokus Genotip
1	13.10.2009	F
2	27.10.2009	*
5	08.12.2009	*
6	09.12.2009	belirlenemedi
7	11.12.2009	*
10	03.08.2010	belirlenemedi
11	13.08.2010	N
12	03.06.2011	*
19	19.06.2012	F
26	01.04.2013	M
28	24.05.2013	E
30	22.07.2013	V
31	23.07.2013	Mixed
32	03.09.2013	belirlenemedi
33	05.11.2013	F
36	22.01.2014	M
37	03.02.2014	M
40	11.08.2014	P
42	15.10.2014	*
43	13.10.2014	M
48	19.12.2014	B ya da I
54	15.12.2015	*
59	13.05.2016	*
60	13.05.2016	*
63	13.05.2016	*
65	03.06.2016	P
68	22.06.2016	F
75	26.12.2016	F
82	08.04.2010	V
83	08.04.2010	belirlenemedi
84	28.01.2013	*

6. SONUÇ VE ÖNERİLER

Pneumocystis gerçekten de sıradışı bir yaşam şekline ve biyolojik özelliklere sahip eşsiz bir organizmadır, bu da onu hem oldukça ilginç hem de çalışması zor bir organizma haline getirmektedir. En zorlu yanı ise bir *in vitro* kültür yönteminin henüz olmamasıdır. *Pneumocystis*'in yaşam döngüsünü, konak özgüllüğünü, suş varyasyonunu ve antijenik varyasyon ile ilaç direncinin gelişim mekanizmalarını daha iyi anlayabilmek için güvenilir bir kültür sistemine ihtiyaç duyulmaktadır. Ayrıca, *P. jirovecii* genotiplerinin, coğrafik olarak ne kadar farklı olduğunu belirlemek ya da hangi suşların daha yaygın ve daha etkili olduğunu saptamak, patojenin epidemiyolojisini anlayabilmemiz için son derece önemli görünmektedir. Bu çalışma, *P. jirovecii*'nin genetik çeşitliliğinin anlaşılır hale gelmesini ve PcP epidemiyolojisinde kullanılabilecek verilere katkıda bulunmayı amaçlamıştır.

Sonuç olarak bu çalışma, klinik örneklerden izole edilen *P. jirovecii* suşlarının her lokus için çok çeşitli genotip profillerine sahip olduğunu göstermiştir. Coğrafi köken gibi çeşitli klinik tablolara sahip hasta grubunun heterojenliği, genotip dağılımını etkileyebilir. Özetle, SOD 1, İzmir'de izole edilen klinik örnekler arasında baskın genotip olarak bulunmuştur. Bu çalışmada beş farklı CYB genotipi ve yeni bir CYB genotipi tespit edildiğinden, CYB en polimorfik lokus olarak tanımlanmıştır. Sonuçlarımız, multilokus genotipler için kullanılan mevcut şemanın alternatif genotip profillerinin varlığı dikkate alınarak genişletilmesi gerektiğini göstermektedir. Ek olarak, dünya çapında tespit edilen *P. jirovecii* izolatlarının multilokus genotip profilini ortaya çıkarmak için bu lokusların kullanıldığı daha fazla ek çalışmalara ihtiyaç vardır.

KAYNAKLAR DİZİNİ

Alanio A., Desoubeaux G., Sarfati C., Hamane S., Bergeron A., Azoulay E., Molina J.M., Derouin F. and Menotti J., 2011, Real-time PCR assaybased strategy for differentiation between active Pneumocystis jirovecii pneumonia and colonization in immunocompromised patients, Clin Microbiol Infect, 17:1531–1537.

Aliouat-Denis C.M., Martinez A., Aliouat E.M., Pottier M., Gantois N. and Dei-Cas E., 2009, The Pneumocystis life cycle, Mem Inst Oswaldo Cruz, 104:419–426.

Bartlett M.S., Eichholtz R. and Smith J.W., 1985, Antimicrobial susceptibility of Pneumocystis carinii in culture, Diagn Microbiol Infect Dis, 3:381–387.

Bartlett M.S., Queener S.F., Shaw M.M., Richardson J.D. and Smith J.W., 1994, Pneumocystis carinii is resistant to imidazole antifungal agents, Antimicrob Agents Chemother, 38:1859–1861.

Beck J.M., Warnock M.L., Curtis J.L., Sniezek M.J., Arraj-Peffer S.M., Kaltreider H.B. and Shellito J.E., 1991. Inflammatory responses to Pneumocystis carinii in mice selectively depleted of helper T lymphocytes, Am. J. Respir. Cell Mol. Biol., 5:186–197.

Beck J. M., Preston A.G., Wagner J.G., Wilcoxen S.E., Hossler P., Meshnick S.R. and Paine R., 1998, Interaction of rat Pneumocystis carinii and rat alveolar epithelial cells in vitro, Am. J. Physiol., 275, L118–L125.

Beck J. M., Preston A.M., Wilcowen S.E., Morris S.B., White E.S. and Paine R., 2003, Pneumocystis pneumonia increases the susceptibility of mice to sublethal hyperoxia, Infect. Immun., 71, 5970–5978.

Benfield T. L., Prento P., Junge J., Vestbo J. and Lundgren J. D., 1997, Alveolar damage in AIDS-related Pneumocystis carinii pneumonia, Chest 111, 1193–1199.

Burke B.A. and Good R.A., 1973, Pneumocystis carinii infection, Medicine, 52:23–51.

KAYNAKLAR DİZİNİ (devam)

Calderon E.J., 2010, Pneumocystis infection: seeing beyond the tip of the iceberg, Clin. Infect. Dis, 50:354–356.

Chagas C., 1909, Nova tripanosomiaze humana, Estudos sobre a morfolojia e o ciclo evolutivo do Schistotrypanum cruzi n. g., n. sp., ajente etiologico de nova entidade morbida do homen, Mem. Inst. Oswaldo Cruz, 1:159–218.

Chabé M., Aliouat-Denis C.M., Delhaes L., Aliouat E.M., Viscogliosi E. and Dei-Cas E., (2011), Pneumocystis: from a doubtful unique entity to a group of highly diversified fungal species, FEMS Yeast Res., 11: 2–17.

Choukri F., Menotti J., Sarfati C., Lucet J.C., Nevez G., Garin Y.J.F. and Totet A., 2010, Quantification and spread of Pneumocystis jirovecii in the surrounding air of patients with Pneumocystis pneumonia. Clin., Infect. Dis., 51:259 –265.

Cisse O.H. and Hauser P.M., 2018, Genomics and evolution of Pneumocystis species, Infect Genet Evol, 65:308 –320.

Curran T., McCaughey C. and Coyle P.V., 2013, Pneumocystis jirovecii multilocus genotyping profiles in Northern Ireland, J Med Microbiol, 62:1170–1174.

Cushion M.T., Chen F. and Kloepfer N., 1997, A cytotoxicity assay for evaluation of candidate anti-Pneumocystis carinii agents, Antimicrob Agents Chemother, 41:379–384.

Cushion M.T., 2004, Pneumocystis: unraveling the cloak of obscurity. Trends Microbiol., 12:243–249.

Cushion M.T., Keely S.P. and Stringer J.R., 2004, Molecular and phenotypic description of Pneumocystis wakefieldiae sp. nov., a new species in rats, Mycologia, 96:429–438.

KAYNAKLAR DİZİNİ (devam)

Cushion M.T., Linke M.J., Ashbaugh A., Sesterhenn T., Collins M.S., Lynch K., Brubaker R. and Walzer P.D., 2010, Echinocandin treatment of pneumocystis pneumonia in rodent models depletes cysts leaving trophic burdens that cannot transmit the infection. PLoS ONE, 5:e8524.

de Boer M.G.J., de Fijter J.W. and Kroon F.P., 2011, Outbreaks and clustering of Pneumocystis pneumonia in kidney transplant recipients: a systematic review. Med Mycol, 20:1–8.

Dei-Cas E., Chabe M., Moukhlis R., Durand-Joly I., Aliouat E.M., Stringer J.R., Cushion M., Noel C., de Hoog G.S., Guillot J. and Viscogliosi E., 2006, Pneumocystis oryctolagi sp. nov., an uncultured fungus causing pneumonia in rabbits at weaning: review of current knowledge, and description of a new taxon on genotypic, phylogenetic and phenotypic bases, FEMS Microbiol Rev., 30:853–871.

Delliére S., Gits-Muselli M., Bretagne S. and Alanio A., 2019, Outbreak-Causing Fungi: Pneumocystis jirovecii, Mycopathologia. Published online, https://doi.org/10.1007/s11046-019-00408-w, erişim tarihi: 1 temmuz 2020.

Depypere M., Saegeman V. and Lagrou K., 2016, Typing of Pneumocystis jirovecii by multilocus sequencing: evidence of outbreak?, Eur J Clin Microbiol Infect Dis, 35:911–916.

Desoubeaux G., Dominique M., Morio F., Thepault R-A, Franck-Martel C., Tellier A-C, Ferrandiére M., Hennequin C., Bernard L., Salamé E., Bailly E. And Chandenier J., 2016, Epidemiological outbreaks of Pneumocystis jirovecii pneumonia are not limited to kidney transplant recipients: genotyping confirms common source of transmission in a liver transplantation unit, J Clin Microbiol, 54:1314–20.

KAYNAKLAR DİZİNİ (devam)

Desoubeaux G., Chesnay A., Mercier V., Bras-Cachinho J., Moshiri P., Eymieux S., De Kyvon M.A., Lemaignen A., Goudeau A. and Bailly É., 2019, Combination of β-(1, 3)-d-glucan testing in serum and qPCR in nasopharyngeal aspirate for facilitated diagnosis of Pneumocystis jirovecii pneumonia, Mycoses, 62:1015–1022.

Dimonte S., Berrilli F., D'Orazi C., D'Alfonso R., Placco F., Bordi E., Perno C.F. and Di Cave D., 2013, Molecular analysis based on mtLSU-rRNA and DHPS sequences of Pneumocystis jirovecii from immunocompromised and immunocompetent patients in Italy, InfectGenet Evol, 14:68–72.

Döskaya M., Caner A., Degirmenci A., Wengenack N.L., Yolasigmaz A., Turgay N., Özensoy Töz S. and Gürüz Y., 2011, Degree and frequency of inhibition in a routine real-time PCR detecting

Pneumocystis jirovecii for the diagnosis of Pneumocystis pneumonia in Turkey, J Med Microbiol, 60:937–944.

Durand-Joly I., Aliouat E.M., Recourt C., Guyot K., Francois N., Wauquier M., Camus D. and Dei-Cas E., 2002, Pneumocystis carinii f. sp. hominis is not infectious for SCID mice, J Clin Microbiol, 40:1862–1865.

Eddens T. and Kolls J.K., 2015, Pathological and protective immunity to Pneumocystis infection, Semin Immunopathol, 37:153–162.

Edman J.C., Kovacs J.A., Masur H., Santi D.V., Elwood H.J. and Sogin ML., 1988, Ribosomal RNA sequence shows Pneumocystis carinii to be a member of the fungi, Nature, 334:519–522.

Esteves F., Montes-Cano M.A., de la Horra C., Costa M.C., Calderón E.J., Antunes F. and Matos O., 2008, Pneumocystis jirovecii multilocus genotyping profiles in patients from Portugal and Spain, Clin Microbiol Infect, 14:356–362.

KAYNAKLAR DİZİNİ (devam)

Esteves F., Gaspar J., Marques T., Leite R., Antunes F., Mansinho K. and Matos O., 2009, Identification of relevant single-nucleotide polymorphisms in Pneumocystis jirovecii: relationship with clinical data, Clin. Microbiol. Infect., 16:878–884.

Fishman J.A. and Gans H., 2019, Pneumocystis jiroveci in solid organ transplantation: Guidelines from the American society of transplantation infectious diseases community of practice, Clin Transplant., 33:e13587.

Fishman, J.A., Pneumocystis jiroveci, 2020, Semin Respir Crit Care Med, 41(1): p. 141-157.

Furlong S.T., Koziel H., Bartlett M.S., McLaughlin G.L., Shaw M.M. and Jack R.M., 1997, Lipid transfer from human epithelial cells to Pneumocystis carinii in vitro, J Infect Dis, 175:661–668.

Gigliotti F., 1992, Host species-specific antigenic variation of a mannosylated surface glycoprotein of Pneumocystis carinii, J. Infect. Dis., 165: 329–336. 19:283–295.

Gigliotti F. and Wright T.W., 2012, Pneumocystis: where does it live?, PLoS Pathogens, 8(11):e1003025.

Gill V.J., Evans G., Stock F., Parrillo J.E., Masur H. and Kovacs J.A., 1987, Detection of Pneumocystis carinii by fluorescentantibody stain using a combination of three monoclonal antibodies, J. Clin. Microbiol., 25:1837–1840.

Hauser P.M., Francioli P., Bille J., Telenti A. and Blanc D.S., 1997, Typing of Pneumocystis carinii f. sp. hominis by single-strand conformation polymorphism of four genomic regions, J Clin Microbiol, 35:3086–3091.

Henshaw N.G., Carson J.L. and Collier A.M., 1985, Ultrastructural observations of Pneumocystis carinii attachment to rat lung, J Infect Dis, 151:181–186.

KAYNAKLAR DİZİNİ (devam)

Hughes W.T., McNabb P.C., Makres T.D. and Feldman S., 1974, Efficacy of trimethoprim and sulfamethoxazole in the prevention and treatment of Pneumocystis carinii pneumonitis. Antimicrob Agents Chemother, 5:289-293.

Itatani C.A., 1994, Ultrastructural demonstration of a pore in the cyst wall of Pneumocystis carinii, J Parasitol, 80:644–648.

Kaneshiro E.S., Cushion M.T., Walzer P.D. and Jayasimhulu K., 1989, Analyses of Pneumocystis fatty acids, J Protozool, 36:69S–72S.

Kaneshiro E. S., Ellis J.E., Jayasimhulu K. and Beach D.H., 1994, Evidence for the presence of “metabolic sterols” in Pneumocystis: identification and initial characterization of Pneumocystis carinii sterols, J. Eukaryot. Microbiol, 41:78–85.

Kaneshiro E.S., Amit Z., Chandra J., Baughman R.P., Contini C. and Lundgren B., 1999, Sterols of Pneumocystis carinii hominis organisms isolated from human lungs, Clin Diagn Lab Immunol, 6:970–976.

Kang, D. and Hamasaki, N., 2003, Mitochondrial oxidative stress and mitochondrial DNA, Clin. Chem. Lab. Med, 41, 1281–1288.

Kaplan J.E., Hanson D., Dworkin M.S., Frederick T., Bertolli J., Lindegren M.L., Holmberg S. and Jones J.L., 2000, Epidemiology of human immunodeficiency virus-associated opportunistic infections in the United States in the era of highly active antiretroviral therapy, Clin. Infect. Dis, 30 (Suppl 1):S5– S14.

Kazanjian, P., Armstrong, W., Hossler, P.A., Lee, C.H., Huang, L., Beard, C.B., Carter, J., Crane, L., Duchin, J., Burman, W., Richardson, J. and Meshnick, S.R., 2001, Pneumocystis carinii cytochrome b mutations are associated with atovaquone exposure in patients with AIDS, J. Infect. Dis., 183, 819–822.

KAYNAKLAR DİZİNİ (devam)

Keely S.P., Stringer J.R., Baughman R.P., Linke M.J., Walzer P.D. and Smulian G.A., 1995, Genetic variation among Pneumocystis carinii hominis isolates in recurrent pneumocystosis, J Infect Dis, 172:595–598.

Keely S.P., Fischer J.M., Cushion M.T. and Stringer J.R., 2004, Phylogenetic identification of Pneumocystis murina sp. nov., a new species in laboratory mice, Microbiology, 150:1153–1165.

Korkmaz Ekren P., Töreyin Z.N., Nahid P., Döşkaya M., Caner A., Turgay N., Zeytinoğlu A., Toz S., Bacakoğlu F., Gürüz Y. and Erensoy S., 2018, The association between cytomegalovirus co-infection with Pneumocystis pneumonia and mortality in immunocompromised non-HIV patients, Clin Respir J, 12:2590–2597.

Kottom T.J. and Limper A.H., 2000, Cell wall assembly by Pneumocystis carinii. Evidence for a unique gsc-1 subunit mediating beta-1,3-glucan deposition, J Biol Chem, 275:40628–40634.

Kovacs J.A., Ng V.L., Masur H., Leoung G., Hadley W.K., Evans G., Lane H.C., Ognibene F.P., Shelhamer J., Parrillo J.E. and Gill V.J., 1988, Identification of antigens and antibodies specific for Pneumocystis carinii. J. Immunol., 140:2023–2031.

Le Gal S., Toubas D., Totet A., Dalle F., Abou Bacar A., Le Meur Y. and Nevez G., 2019, Pneumocystis infection outbreaks in organ transplantation units in France: a Nation-Wide survey, Clin Infect Dis, Published online, https://doi.org/10.1093/cid/ciz901, erişim tarihi: 20.08.2020.

KAYNAKLAR DİZİNİ (devam)

Lee, C.H., Helweg-Larsen, J., Tang, X., Jin, S., Li, B., Bartlett, M.S., Lu, J.J., Lundgren, B., Lundgren, J.D., Olsson, M., Lucas, S.B., Roux, P., Cargnel, A., Atzori, C., Matos, O. and Smith, J.W., 1998, Update on Pneumocystis carinii f. sp. hominis typing based on nucleotide sequence variations in internal transcribed spacer regions of rRNA genes, J. Clin. Microbiol., 36, 734–741.

Limper A. H., Standing J. E., Hoffman O. A., Castro M. and Neese L. W., 1993, Vitronectin binds to Pneumocystis carinii and mediates organism attachment to cultured lung epithelial cells, Infect. Immun., 61, 4302–4309.

Limper A.H., Hoyte J.S. and Standing J.E., 1997, The role of alveolar macrophages in Pneumocystis carinii degradation and clearance from the lung, J Clin Invest, 99:2110-7.

Limper A. H., Edens M., Anders R. A. and Leof E. B., 1998, Pneumocystis carinii inhibits cyclin-dependent kinase activity in lung epithelial cells, J. Clin. Invest., 101, 1148–1155.

Linke M.J., Cushion M.T. and Walzer P.D., 1989, Properties of the major antigens of rat and human Pneumocystis carinii, Infect Immun, 57: 1547–1555.

Lobo M.L., Esteves F., de Sousa B., Cardoso F., Cushion M.T., Antunes F. and Matos O., 2013, Therapeutic potential of caspofungin combined with trimethoprim-sulfamethoxazole for pneumocystis pneumonia: a pilot study in mice. PLoS ONE, 8:e70619.

KAYNAKLAR DİZİNİ (devam)

Ma L., Chen Z., Huang D.W., Kutty G., Ishihara M., Wang H., Abouelleil A., Bishop L., Davey E., Deng R., Deng X., Fan L., Fantoni G., Fitzgerald M., Gogineni E., Goldberg J.M., Handley G., Hu X., Huber C., Jiao X., Jones K., Levin J.Z., Liu Y., Macdonald P., Melnikov A., Raley C., Sassi M., Sherman B.T., Song X., Sykes S., Tran B., Walsh L., Xia Y., Yang J., Young S., Zeng Q., Zheng X., Stephens R., Nusbaum C., Birren B.W., Azadi P., Lempicki R.A., Cuomo C.A. and Kovacs J.A., 2016, Genome analysis of three Pneumocystis species reveals adaptation mechanisms to life exclusively in mammalian hosts, Nat. Commun., 7:10740.

Ma L., Cisse O.H. and Kovacs J.A., 2018, A molecular window into the biology and epidemiology of Pneumocystis spp., Clin. Microbiol. Rev., 31:pii: e00009-18.

Maiden M.C., Bygraves J.A., Feil E., Morelli G., Russell J.E., Urwin R., Zhang Q., Zhou J., Zurth K., Caugant D.A., Feavers I.M., Achtman M. and Spratt B.G., 1998, Multilocus sequence typing: a portable approach to the identification of clones within populations of pathogenic microorganisms, Proc Natl Acad Sci, USA, 95:3140–3145.

Maiden M.C., Jansen van Rensburg M.J., Bray J.E., Earle S.G., Ford S.A., Jolley K.A. and McCarthy N.D., 2013, MLST revisited: the gene-by-gene approach to bacterial genomics, Nat Rev Microbiol., 11:728–736.

Maitte C., Leterrier M., Le Pape P., Miegeville M. and Morio F., 2013, Multilocus sequence typing of Pneumocystis jirovecii from clinical samples: how many and which loci should be used?, J Clin Microbiol., 51:2843–2849.

KAYNAKLAR DİZİNİ (devam)

Mansharamani N.G., Balachandran D., Vernovsky I., Garland R. and Koziel H., 2000, Peripheral blood CD4 T-lymphocyte counts during Pneumocystis carinii pneumonia in immunocompromised patients without HIV infection, Chest., 118:712–720.

Martinez A., Aliouat E.M., Standaert-Vitse A., Werkmeister E., Pottier M., Pinçon C., Dei-Cas E. and Aliouat-Denis C.M., 2011, Ploidy of cell-sorted trophic and cystic forms of Pneumocystis carinii, PLoS ONE, 6:e20935.

Medrano F.J., Montes-Cano M., Conde M., de la Horra C., Respaldiza N., Gasch A., Perez-Lozano M.J., Varela J.M. and Calderon E.J., 2005, Pneumocystis jirovecii in general population, Emerg Infect Dis, 11:245–250.

Millard P.R., Wakefield A.E. and Hopkin J.M., 1990, A sequential ultrastructural study of rat lungs infected with Pneumocystis carinii to investigate the appearances of the organism, its relationships and its effects on pneumocytes, Int J Exp Pathol, 71:895–904.

Morris A., Wei K., Afshar K. and Huang L., 2008, Epidemiology and clinical significance of Pneumocystis colonization, J. Infect. Dis., 197:10–17.

Morris A and Norris KA., 2012, Colonization by Pneumocystis jirovecii and its role in disease, Clin Microbiol Rev., 25:297–317.

Nevez G., Le Gal S., Noel N., Wynckel A., Huguenin A., Le Govic Y., **Pougnet L., Virmaux M., Toubas D. and Bajolet O.**, 2018, Investigation of nosocomial pneumocystis infections: usefulness of longitudinal screening of epidemic and post-epidemic pneumocystis genotypes, Journal of Hospital Infection, 99:1–32.

KAYNAKLAR DİZİNİ (devam)

Nielsen M.H., Settnes O.P., Aliouat E.M., Cailliez J.C. and Dei-Cas E., 1998, Different ultrastructural morphology of Pneumocystis carinii derived from mice, rats, and rabbits, APMIS 106:771–779.

Ng V.L., Evans G., Stock F., Parrillo J.E., Masur H. and Kovacs J.A., 1990, Rapid detection of Pneumocystis carinii using a direct fluorescent monoclonal antibody stain. J. Clin. Microbiol., 28:2228– 2233.

Nollstadt K.H., Powles M.A., Fujioka H., Aikawa M. and Schmatz D.M., 1994, Use of beta-1,3-glucan-specific antibody to study the cyst wall of Pneumocystis carinii and effects of pneumocandin B0 analog L-733,560, Antimicrob Agents Chemother, 38:2258–2265.

Perez-Losada M., Cabezas P., Castro-Nallar E. and Crandall K.A., 2013, Pathogen typing in the genomics era: MLST and the future of molecular epidemiology. Infect Genet Evol., 16:38–53.

Phair J., Munoz A., Detels R., Kaslow R., Rinaldo C. and Saah A., 1990, The risk of Pneumocystis carinii pneumonia among men infected with human immunodeficiency virus type 1. N Engl J Med, 322:161–165.

Ponce C.A., Gallo M., Bustamante R. and Vargas S.L., 2010, Pneumocystis colonization is highly prevalent in the autopsied lungs of the general population. Clin. Infect. Dis., 50:347–353.

Powles M.A., McFadden D.C., Pittarelli L.A. and Schmatz D.M., 1992, Mouse model for Pneumocystis carinii pneumonia that uses natural transmission to initiate infection, Infect. Immun., 60:1397–1400.

Rabodonirina M., Vaillant L., Taffé P., Nahimana A., Gillibert R.P., Vanhems P. and Hauser P.M., 2013, Pneumocystis jirovecii genotype associated with increased death rate of HIV-infected patients with pneumonia, Emerg Infect Dis, 19:21–28.

KAYNAKLAR DİZİNİ (devam)

Redhead S.A., Cushion M.T., Frenkel J.K. and Stringer J.R., 2006, Pneumocystis and Trypanosoma cruzi: nomenclature and typifications, J Eukaryot Microbiol, 53:2–11.

Sokulska M., Kicia M., Wesołowska M., Piesiak P., Kowal A., Lobo M.L., Kopacz Ż., Hendrich A.B. and Matos O., 2018, Genotyping of Pneumocystis jirovecii in colonized patients with various pulmonary diseases, Med Mycol, 56:809–815.

Stringer S.L., Stringer J.R., Blase M.A., Walzer P.D. and Cushion M.T., 1989, Pneumocystis carinii: sequence from ribosomal RNA implies a close relationship with fungi, Exp Parasitol, 68:450–461.

Sunkin S.M. and Stringer J.R., 1996, Translocation of surface antigen genes to a unique telomeric expression site in Pneumocystis carinii, Mol. Microbiol.,

Tasaka S., Kobayashi S., Yagi K., Asami T., Namkoong H., Yamasawa W., Ishii M., Hasegawa N. and Betsuyaku T., 2014, Serum (1→3) β-D-glucan assay for discrimination between Pneumocystis jirovecii pneumonia and colonization, J Infect Chemother, 20:678–681.

Thomas C.F. and Limper A.H., 2007, Current insights into the biology and pathogenesis of Pneumocystis pneumonia, Nat Rev Microbiol, 5: 298–308.

Urabe N., Ishii Y., Hyodo Y., Aoki K., Yoshizawa S., Saga T., Murayama S.Y., Sakai K., Homma S., Tateda K., 2016, Molecular epidemiological analysis of a Pneumocystis pneumonia outbreak among renal transplant patients, Clinical Microbiology and Infection, 22(4):365-71.

Valade S., Azoulay E., Damiani C., Derouin F., Totet A. and Menotti J., 2015, Pneumocystis jirovecii airborne transmission between critically ill patients and health care workers. Intensive Care Med., 41:1–3.**Vavra J. and Kucera K.**, 1970, Pneumocystis carinii delanoe, its ultrastructure and ultrastructural affinities, J Protozool, 17:463–483.

KAYNAKLAR DİZİNİ (devam)

Vindrios W., Argy N., Le Gal S., Lescure F-X., Massias L., Le M.P., Wolff M., Yazdanpanah Y., Nevez G., Houze S., Dorent R. And Lucet J-C., 2017, Outbreak of Pneumocystis jirovecii infection among heart transplant recipients: molecular investigation and management of an interhuman transmission, Clin Infect Dis, 65:1120–6.

Vossen M.E., Beckers P.J., Meuwissen J.H. and Stadhouders A.M., 1978, Developmental biology of Pneumocystis carinii, and alternative view on the life cycle of the parasite, Z Parasitenkd, 55:101–118.

Wakefield A.E., Pixley F.J., Banerji S., Sinclair K., Miller R.F., Moxon E.R. and Hopkin J.M., 1990, Detection of Pneumocystis carinii with DNA amplification, Lancet, 336:451–453.

Wolff L., Horch S. and Gemsa D., 1993, The development of Pneumocystis carinii pneumonia in germ-free rats requires immunosuppression and exposure to the Pneumocystis carinii organism, Comp. Immunol. Microbiol. Infect. Dis., 16:73–76.

Wyder M.A., Rasch E.M. and Kaneshiro E.S., 1998, Quantitation of absolute Pneumocystis carinii nuclear DNA content. Trophic and cystic forms isolated from infected rat lungs are haploid organisms, J Eukaryot Microbiol, 45:233–239.

Yoshida Y., 1989, Ultrastructural studies of Pneumocystis carinii, J Protozool., 36:53–60.

Yoshikawa H., Morioka H. and Yoshida Y., 1987, Freeze-fracture studies on Pneumocystis carinii, II. Fine structure of the trophozoite. Parasitol Res, 73:132–139

TEŞEKKÜR

Çalışmam boyunca, her zaman her durumda desteğini eksik etmeyen, bilgisiyle ve deneyimleriyle yol gösteren saygıdeğer hocam ve danışmanım Doç. Dr. Samiye DEMİR'e,

Yüksek lisans tez çalışmam boyunca, Ege Üniversitesi Tıp Fakültesi Parazitoloji Anabilim Dalı laboratuvarlarının imkanlarını bana açan, akademik bilgi ve tecrübeleriyle çalışmalarıma katkıda bulunan ikinci danışmanım Doç. Dr. Mert DÖŞKAYA'ya,

Tez çalışmalarım sırasında bilgi ve birikimlerini benimle paylaşan Doç. Dr. Hüseyin Can'a,

Tez sürecimin laboratuvar aşamaları boyunca, her zaman yanımda olan, yardımını ve desteğini esirgemeyen Dr. Öğr. Esra ATALAY ŞAHAR'a,

Çalışmam süresince TGA-2019-20253 kodlu proje ile maddi destek sağlayan Ege Üniversitesi Bilimsel Araştırmalar Proje Birimi'ne,

Tezimin hazırlanması aşamasında manevi desteğini benden esirgemeyen Arzu KORKUTAN, Gönül Gül ÇIVGIN, Tuğçe ÇOBAN, Orhan KUŞGİL ve Bedri Can AZI'ya,

Bütün hayatım boyunca maddi ve manevi desteğini hiçbir zaman esirgemeyen, varlığıyla güç bulduğum annem Nurcan SÜRGEÇ'e çok teşekkür ederim.

31 / 07 / 2020

Ecem SÜRGEÇ

ÖZGEÇMİŞ

Adı Soyadı: Ecem SÜRGEÇ

Doğum Tarihi: 13.06.1991

e-posta adresi: ecemssurgec@gmail.com

Cep telefonu: 0507 060 57 00

EĞİTİM BİLGİLERİ

Yüksek Lisans: Ege Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Biyoloji Anabilim Dalı (2017-2020)

Lisans: Ege Üniversitesi Fen Fakültesi Biyoloji Bölümü (2009-2016)

Lise: Cihat Kora Anadolu Lisesi (2005-2009)

Staj: Ege Üniversitesi Eczacılık Fakültesi Farmasötik Botanik Anabilim Dalı (2015)

EK AÇIKLAMALAR-A

Eklerde verilen tablolar, izolatlara ait dizilimlerin karşılaştırmalarını içermektedir. Yeşil renkle işaretlenmiş nükleotidler genotiplerin belirlenmesi için bakılan nükleotid pozisyonlarını, mavi renkle işaretlenmiş nükleotidler sadece CYB8 ve CYB9 genotipleri belirlenirken kullanılan ekstra nükleotidleri, kırmızıyla işaretlenmiş nükleotidler karşılaştırılan diziyle uyuşmayan nükleotidleri ve mor renkle işaretlenmiş nükleotidler ise SOD lokusu için R (pürin, A ya da G) ve Y (pirimidin, T ya da C)'yi göstermektedir. Lokusların yanında yazan numaralar örnek numarası olup F harfi forward, R harfi reverse yönde okunduğunu belirtmektedir.

Tablo A.1

CYB-1-F

GACTGCATTAGACTATGGCGGTTCTGCTTTTCACGCGGATTGTTCTGCCTTTTGGTCAA
ATGTCATTGTGGGGAGCGACTGTTATTACTAATTTGATGTCTGCTATACCTTGGATTGG
TAATGATATTGTGAATTTTATTTGGGGTGGGTTCTCTGTTAATCATGCTACTCTGAATT
GATTCTTCTCTTTACATTATTTATTGCCTTTTGTTTTATTGGCTTTAGTTGTTGCTCATTT
AATCTCTTTACATGTTCATGGAAGTAGTAATCCTCTGGGTGTTACTGGTAATTCAGATC
GTCTGCCTTTCCATCCCTATTTCTCATTTAAAGATTTAGTTACTGTTTTTTTATTTTTATT
AGCTTTATCTTTCTTTGTGTTTTATGCTCCTAATGTCTTGGGACATAGTGATAATTATAT
TATGGCTAATCCTATGGCTACTCCTCCAAGTATTGTTCCTGAATGGTATCTTTTACCTT
TCTATGCAATCTTGTGATCTATTTCGAATAAATTATTTGGAGTTGTGGCTATGTTAGCT
GCTATTCTTATTCTTTTTGTTTTACCTCTTGTGGATTTATCTTGAATTTGAGGTTCTGCT
TTTAAACCTCTTAAGAAATAGT

```
Query  21   GTT-CTGCTTTTCACGCGGAT-TGTTCTGCCTTTTGGTCAAATGTCATTGTGGGGAGCGA  78
            ||| |||| ||||  | |||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  295  GTTACTGC-TTTCTTG-GGATATGTTCTGCCTTTTGGTCAAATGTCATTGTGGGGAGCGA  352

Query  79   CTGTTATTACTAATTTGATGTCTGCTATACCTTGGATTGGTAATGATATTGTGAATTTTA  138
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  353  CTGTTATTACTAATTTGATGTCTGCTATACCTTGGATTGGTAATGATATTGTGAATTTTA  412

Query  139  TTTGGGGTGGGTTCTCTGTTAATCATGCTACTCTGAATTGATTCTTCTCTTTACATTATT  198
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  413  TTTGGGGTGGGTTCTCTGTTAATCATGCTACTCTGAATTGATTCTTCTCTTTACATTATT  472

Query  199  TATTGCCTTTTGTTTTATTGGCTTTAGTTGTTGCTCATTTAATCTCTTTACATGTTCATG  258
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  473  TATTGCCTTTTGTTTTATTGGCTTTAGTTGTTGCTCATTTAATCTCTTTACATGTTCATG  532

Query  259  GAAGTAGTAATCCTCTGGGTGTTACTGGTAATTCAGATCGTCTGCCTTTCCATCCCTATT  318
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  533  GAAGTAGTAATCCTCTGGGTGTTACTGGTAATTCAGATCGTCTGCCTTTCCATCCCTATT  592

Query  319  TCTCATTTAAAGATTTAGTTACTGTTTTTTTATTTTTATTAGCTTTATCTTTCTTTGTGT  378
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  593  TCTCATTTAAAGATTTAGTTACTGTTTTTTTATTTTTATTAGCTTTATCTTTCTTTGTGT  652

Query  379  TTTATGCTCCTAATGTCTTGGGACATAGTGATAATTATATTATGGCTAATCCTATGGCTA  438
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  653  TTTATGCTCCTAATGTCTTGGGACATAGTGATAATTATATTATGGCTAATCCTATGGCTA  712

Query  439  CTCCTCCAAGTATTGTTCCTGAATGGTATCTTTTACCTTTCTATGCAATCTTGTGATCTA  498
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  713  CTCCTCCAAGTATTGTTCCTGAATGGTATCTTTTACCTTTCTATGCAATCTTGTGATCTA  772

Query  499  TTTCGAATAAATTATTTGGAGTTGTGGCTATGTTAGCTGCTATTCTTATTCTTTTTGTTT  558
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| 
Sbjct  773  TTTCGAATAAATTATTTGGAGTTGTGGCTATGTTAGCTGCTATTCTTATTCTTTTTGTTG  832

Query  559  TACCTCTTGTGGATTTATCTTGAATTTGAGGTTCTGCTTTTAAACCTCTTA  609
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||
Sbjct  833  GACCTCTTGTGGATTTATCTTGAATTTGAGGTTCTGCTTTTAGACCTCTTA  883
```

Tablo A.2

CYB-1-R
TCACGATCCATCTACACTTGCCCAAGAATGAGTATACAGCAGACTAACATAGCCACA ACTCCAAATAATTTATTCGAAATAGATCACAAGATTGCATAGAAAGGTAAAAGATAC CATTCAGGAACAATACTTGGAGGAGTAGCCATAGGATTAGCCATAATATAATTATCAC TATGTCCCAAGACATTAGGAGCATAAAACACAAAGAAAGATAAAGCTAATAAAAATA AAAAAACAGTAACTAAATCTTTAAATGAGAAATAGGGATGGAAAGGCAGACGATCTG AATTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTACTTCCATGAACATGTAAAGAGATTAAAT GAGCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCAATAAATAATGTAAAGAGAAGAAT CAATTCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCCAAATAAAATTCACAATATCA TTACCAATCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAACAGTCGCTCCCCACAATG ACATTTGACCAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAACAATCATAATTAAGA AGATAACTACACCAATAGACCAAACGAGAAATTCTGGGAGA

```
Query  24   AAGAATGAGTATACAGCAGACTAACATAGCCACAACTCCAAATAATTTATTCGAAATAGA  83
            |||||| || | | ||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  825  AAGAATAAG-A-ATAGCAG-CTAACATAGCCACAACTCCAAATAATTTATTCGAAATAGA  769

Query  84   TCACAAGATTGCATAGAAAGGTAAAAGATACCATTCAGGAACAATACTTGGAGGAGTAGC  143
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  768  TCACAAGATTGCATAGAAAGGTAAAAGATACCATTCAGGAACAATACTTGGAGGAGTAGC  709

Query  144  CATAGGATTAGCCATAATATAATTATCACTATGTCCCAAGACATTAGGAGCATAAAACAC  203
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  708  CATAGGATTAGCCATAATATAATTATCACTATGTCCCAAGACATTAGGAGCATAAAACAC  649

Query  204  AAAGAAAGATAAAGCTAATAAAAATAAAAAAACAGTAACTAAATCTTTAAATGAGAAATA  263
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  648  AAAGAAAGATAAAGCTAATAAAAATAAAAAAACAGTAACTAAATCTTTAAATGAGAAATA  589

Query  264  GGGATGGAAAGGCAGACGATCTGAATTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTACTTCCATG  323
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  588  GGGATGGAAAGGCAGACGATCTGAATTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTACTTCCATG  529

Query  324  AACATGTAAAGAGATTAAATGAGCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCAATAAATA  383
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  528  AACATGTAAAGAGATTAAATGAGCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCAATAAATA  469

Query  384  ATGTAAAGAGAAGAATCAATTCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCCAAATAAA  443
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  468  ATGTAAAGAGAAGAATCAATTCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCCAAATAAA  409

Query  444  ATTCACAATATCATTACCAATCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAACAGTCGC  503
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  408  ATTCACAATATCATTACCAATCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAACAGTCGC  349

Query  504  TCCCCACAATGACATTTGACCAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAACAATCAT  563
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  348  TCCCCACAATGACATTTGACCAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAACAATCAT  289

Query  564  AATTAAGAAGATAACTACACCAATAGACCAAACGAGAAATTCTGGGAG  611
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||
Sbjct  288  AATTAAGAAGATAACTACACCAATAGACCAAACGAGAA-TTCTGGGAG  242
```

Tablo A.3

CYB-2-F

GACTGCTTCGACTATTGCCGTTCGGCTTTCACGCGCATTTGTTCTGCCTTTTGGTCAAA
TGTCATTGTGGGGAGCGACTGTTATTACTAATTTGATGTCTGCTATACCTTGGATTGGT
AATGATATTGTGAATTTTATTTGGGGTGGGTTCTCTGTTAATCATGCTACTCTGAATTG
ATTCTTCTCTTTACATTATTTATTGCCTTTTGTTTTATTGGCTTTAGTTGTTGCTCATTTA
ATCTCTTTACATGTTCATGGAAGTAGTAATCCTCTGGGTGTTACTGGTAATTTAGATCG
TCTGCCTTTCCATCCCTATTTCTCATTTAAAGATTTAGTTACTGTTTTTTTATTTTTATTA
GCTTTATCTTTCTTTGTGTTTTATGCTCCTAATGTCTTGGGACATAGTGATAATTATATT
ATGGCTAATCCTATGGCTACTCCTCCAAGTATTGTTCCTGAATGGTATCTTTTACCTTT
CTATGCAATCTTGTGATCTATTTCGAATAAATTATTTGGAGTTGTGGCTATGTTAGCTG
CTATTCTTATTCTTTTTGTTTTACCTCTTGTGGATTTATCTTGAATTTGAGGTTCTGCTTT
TAGACCTCTTAACAATAGG

```
Query  37   ATTTGTTCTGCCTTTTGGTCAAATGTCATTGTGGGGAGCGACTGTTATTACTAATTTGAT  96
            || |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  312  ATATGTTCTGCCTTTTGGTCAAATGTCATTGTGGGGAGCGACTGTTATTACTAATTTGAT  371

Query  97   GTCTGCTATACCTTGGATTGGTAATGATATTGTGAATTTTATTTGGGGTGGGTTCTCTGT  156
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  372  GTCTGCTATACCTTGGATTGGTAATGATATTGTGAATTTTATTTGGGGTGGGTTCTCTGT  431

Query  157  TAATCATGCTACTCTGAATTGATTCTTCTCTTTACATTATTTATTGCCTTTTGTTTTATT  216
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  432  TAATCATGCTACTCTGAATTGATTCTTCTCTTTACATTATTTATTGCCTTTTGTTTTATT  491

Query  217  GGCTTTAGTTGTTGCTCATTTAATCTCTTTACATGTTCATGGAAGTAGTAATCCTCTGGG  276
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  492  GGCTTTAGTTGTTGCTCATTTAATCTCTTTACATGTTCATGGAAGTAGTAATCCTCTGGG  551

Query  277  TGTTACTGGTAATTTAGATCGTCTGCCTTTCCATCCCTATTTCTCATTTAAAGATTTAGT  336
            |||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  552  TGTTACTGGTAATTCAGATCGTCTGCCTTTCCATCCCTATTTCTCATTTAAAGATTTAGT  611

Query  337  TACTGTTTTTTTATTTTTATTAGCTTTATCTTTCTTTGTGTTTTATGCTCCTAATGTCTT  396
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  612  TACTGTTTTTTTATTTTTATTAGCTTTATCTTTCTTTGTGTTTTATGCTCCTAATGTCTT  671

Query  397  GGGACATAGTGATAATTATATTATGGCTAATCCTATGGCTACTCCTCCAAGTATTGTTCC  456
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  672  GGGACATAGTGATAATTATATTATGGCTAATCCTATGGCTACTCCTCCAAGTATTGTTCC  731

Query  457  TGAATGGTATCTTTTACCTTTCTATGCAATCTTGTGATCTATTTCGAATAAATTATTTGG  516
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  732  TGAATGGTATCTTTTACCTTTCTATGCAATCTTGTGATCTATTTCGAATAAATTATTTGG  791

Query  517  AGTTGTGGCTATGTTAGCTGCTATTCTTATTCTTTTTGTTTTACCTCTTGTGGATTTATC  576
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||  ||||||||||||||||||
Sbjct  792  AGTTGTGGCTATGTTAGCTGCTATTCTTATTCTTTTTGTTGGACCTCTTGTGGATTTATC  851

Query  577  TTGAATTTGAGGTTCTGCTTTTAGACCTCTTA  608
            ||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  852  TTGAATTTGAGGTTCTGCTTTTAGACCTCTTA  883
```

Tablo A.4

CYB-2-R
TACGATCCCTCTACCACTTGCCCAAAGAATGAGTAATAGCAGACTAACATAGCCACA ACTCCAAATAATTTATTCGAAATAGATCACAAGATTGCATAGAAAGGTAAAAGATAC CATTCAGGAACAATACTTGGAGGAGTAGCCATAGGATTAGCCATAATATAATTATCAC TATGTCCCAAGACATTAGGAGCATAAAACACAAAGAAAGATAAAGCTAATAAAAATA AAAAAACAGTAACTAAATCTTTAAATGAGAAATAGGGATGGAAAGGCAGACGATCTA AATTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTACTTCCATGAACATGTAAAGAGATTAAAT GAGCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCAATAAATAATGTAAAGAGAAGAAT CAATTCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCCAAATAAAATTCACAATATCA TTACCAATCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAACAGTCGCTCCCCACAATG ACATTTGACCAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAACAATCATAATTAAGA AGATAACTACACCAATAGACCAAACGAAAATTTCTGGGAGA

```
Query  24   AAAGAATGAGTAATAGCAGACTAACATAGCCACAACTCCAAATAATTTATTCGAAATAGA  83
            ||||||| || |||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  826  AAAGAATAAG-AATAGCAG-CTAACATAGCCACAACTCCAAATAATTTATTCGAAATAGA  769

Query  84   TCACAAGATTGCATAGAAAGGTAAAAGATACCATTCAGGAACAATACTTGGAGGAGTAGC  143
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  768  TCACAAGATTGCATAGAAAGGTAAAAGATACCATTCAGGAACAATACTTGGAGGAGTAGC  709

Query  144  CATAGGATTAGCCATAATATAATTATCACTATGTCCCAAGACATTAGGAGCATAAAACAC  203
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  708  CATAGGATTAGCCATAATATAATTATCACTATGTCCCAAGACATTAGGAGCATAAAACAC  649

Query  204  AAAGAAAGATAAAGCTAATAAAAATAAAAAAACAGTAACTAAATCTTTAAATGAGAAATA  263
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  648  AAAGAAAGATAAAGCTAATAAAAATAAAAAAACAGTAACTAAATCTTTAAATGAGAAATA  589

Query  264  GGGATGGAAAGGCAGACGATCTAAATTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTACTTCCATG  323
            |||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  588  GGGATGGAAAGGCAGACGATCTGAATTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTACTTCCATG  529

Query  324  AACATGTAAAGAGATTAAATGAGCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCAATAAATA  383
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  528  AACATGTAAAGAGATTAAATGAGCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCAATAAATA  469

Query  384  ATGTAAAGAGAAGAATCAATTCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCCAAATAAA  443
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  468  ATGTAAAGAGAAGAATCAATTCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCCAAATAAA  409

Query  444  ATTCACAATATCATTACCAATCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAACAGTCGC  503
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  408  ATTCACAATATCATTACCAATCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAACAGTCGC  349

Query  504  TCCCCACAATGACATTTGACCAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAACAATCAT  563
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  348  TCCCCACAATGACATTTGACCAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAACAATCAT  289

Query  564  AATTAAGAAGATAACTACACCAATAGACCAAACGAAAATTTCTGGGAG  611
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||| |||||||
Sbjct  288  AATTAAGAAGATAACTACACCAATAGACCAAACGAGAATT-CTGGGAG  242
```

Tablo A.5

CYB-5-F
GGCTGAGTCGACTCATGTTGTTACTGCTTTCTTGGGATATGTTCTGCCTTTTGGTCAAA TGTCATTGTGGGGAGCGACTGTTATTACTAATTTGATGTCTGCTATACCTTGGATTGGT AATGATATTGTGAATTTTATTTGGGGTGGGTTCTCTGTTAATCATGCTACTCTGAATTG ATTCTTCTCTTTACATTATTTATTGCCTTTTGTTTTATTGGCTTTAGTTGTTGCTCATTTA ATTTCTTTACATGTTCATGGAAGTAGTAATCCTCTGGGTGTTACTGGTAATTCAGATCG TCTGCCTTTCCATCCCTATTTCTCATTTAAAGATTTAGTTACTGTTTTTTTATTTTTATTA GCTTTATCTTTCTTTGTGTTTTATGCTCCTAATGTCTTGGGACATAGTGATAATTATATT ATGGCTAATCCTATGGCTACTCCTCCAAGTATTGTTCCTGAATGGTATCTTTTACCTTT CTATGCAATCTTGTGATCTATTTCGAATAAATTATTTGGAGTTGTGGCTATGTTAGCTG CTATTCTTATTCTTTTTGTTTTACCTCTTGTGGATTTATCTTGAATTTGAGGTTCTGCTT AAAAAACCTCTAAAAGGTG

```
Query  15   ATG-TTGTTACTGCTTTCTTGGGATATGTTCTGCCTTTTGGTCAAATGTCATTGTGGGGA  73
            ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  289  ATGATTGTTACTGCTTTCTTGGGATATGTTCTGCCTTTTGGTCAAATGTCATTGTGGGGA  348

Query  74   GCGACTGTTATTACTAATTTGATGTCTGCTATACCTTGGATTGGTAATGATATTGTGAAT  133
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  349  GCGACTGTTATTACTAATTTGATGTCTGCTATACCTTGGATTGGTAATGATATTGTGAAT  408

Query  134  TTTATTTGGGGTGGGTTCTCTGTTAATCATGCTACTCTGAATTGATTCTTCTCTTTACAT  193
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  409  TTTATTTGGGGTGGGTTCTCTGTTAATCATGCTACTCTGAATTGATTCTTCTCTTTACAT  468

Query  194  TATTTATTGCCTTTTGTTTTATTGGCTTTAGTTGTTGCTCATTTAATTTCTTTACATGTT  253
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||
Sbjct  469  TATTTATTGCCTTTTGTTTTATTGGCTTTAGTTGTTGCTCATTTAATCTCTTTACATGTT  528

Query  254  CATGGAAGTAGTAATCCTCTGGGTGTTACTGGTAATTCAGATCGTCTGCCTTTCCATCCC  313
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  529  CATGGAAGTAGTAATCCTCTGGGTGTTACTGGTAATTCAGATCGTCTGCCTTTCCATCCC  588

Query  314  TATTTCTCATTTAAAGATTTAGTTACTGTTTTTTTATTTTTATTAGCTTTATCTTTCTTT  373
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  589  TATTTCTCATTTAAAGATTTAGTTACTGTTTTTTTATTTTTATTAGCTTTATCTTTCTTT  648

Query  374  GTGTTTTATGCTCCTAATGTCTTGGGACATAGTGATAATTATATTATGGCTAATCCTATG  433
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  649  GTGTTTTATGCTCCTAATGTCTTGGGACATAGTGATAATTATATTATGGCTAATCCTATG  708

Query  434  GCTACTCCTCCAAGTATTGTTCCTGAATGGTATCTTTTACCTTTCTATGCAATCTTGTGA  493
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  709  GCTACTCCTCCAAGTATTGTTCCTGAATGGTATCTTTTACCTTTCTATGCAATCTTGTGA  768

Query  494  TCTATTTCGAATAAATTATTTGGAGTTGTGGCTATGTTAGCTGCTATTCTTATTCTTTTT  553
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  769  TCTATTTCGAATAAATTATTTGGAGTTGTGGCTATGTTAGCTGCTATTCTTATTCTTTTT  828

Query  554  GTTTTACCTCTTGTGGATTTATCTTGAATTTGAGGTTCTGCTT  596
            |||  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  829  GTTGGACCTCTTGTGGATTTATCTTGAATTTGAGGTTCTGCTT  871
```

Tablo A.6

CYB-5-R

CTTTATAAAATATTATCACGAGCATTCTAGGTAAACAAAAAGAATAAGAATAGCAGC
TAACATAGCCACAACTCCAAATAATTTATTCGAAATAGATCACAAGATTGCATAGAA
AGGTAAAAGATACCATTCAGGAACAATACTTGGAGGAGTAGCCATAGGATTAGCCAT
AATATAATTATCACTATGTCCCAAGACATTAGGAGCATAAAACACAAAGAAAGATAA
AGCTAATAAAAATAAAAAAACAGTAACTAAATCTTTAAATGAGAAATAGGGATGGAA
AGGCAGACGATCTGAATTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTACTTCCATGAACATGT
AAAGAAATTAAATGAGCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCAATAAATAATG
TAAAGAGAAGAATCAATTCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCCAAATAAA
ATTCACAATATCATTACCAATCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAACAGTC
GCTCCCCACAATGACATTTGACCAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAACA
ATCATAATTAAGAAAATAACTACACCAATAGACCAAACGAAATATTTCGGGGAGA

```
Query  34   AACAAAAAGAATAAGAATAGCAGCTAACATAGCCACAACTCCAAATAATTTATTCGAAAT  93
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  831  AACAAAAAGAATAAGAATAGCAGCTAACATAGCCACAACTCCAAATAATTTATTCGAAAT  772

Query  94   AGATCACAAGATTGCATAGAAAGGTAAAAGATACCATTCAGGAACAATACTTGGAGGAGT  153
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  771  AGATCACAAGATTGCATAGAAAGGTAAAAGATACCATTCAGGAACAATACTTGGAGGAGT  712

Query  154  AGCCATAGGATTAGCCATAATATAATTATCACTATGTCCCAAGACATTAGGAGCATAAAA  213
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  711  AGCCATAGGATTAGCCATAATATAATTATCACTATGTCCCAAGACATTAGGAGCATAAAA  652

Query  214  CACAAAGAAAGATAAAGCTAATAAAAATAAAAAAACAGTAACTAAATCTTTAAATGAGAA  273
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  651  CACAAAGAAAGATAAAGCTAATAAAAATAAAAAAACAGTAACTAAATCTTTAAATGAGAA  592

Query  274  ATAGGGATGGAAAGGCAGACGATCTGAATTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTACTTCC  333
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  591  ATAGGGATGGAAAGGCAGACGATCTGAATTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTACTTCC  532

Query  334  ATGAACATGTAAAGAAATTAAATGAGCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCAATAA  393
            ||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  531  ATGAACATGTAAAGAGATTAAATGAGCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCAATAA  472

Query  394  ATAATGTAAAGAGAAGAATCAATTCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCCAAAT  453
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  471  ATAATGTAAAGAGAAGAATCAATTCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCCAAAT  412

Query  454  AAAATTCACAATATCATTACCAATCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAACAGT  513
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  411  AAAATTCACAATATCATTACCAATCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAACAGT  352

Query  514  CGCTCCCCACAATGACATTTGACCAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAACAAT  573
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  351  CGCTCCCCACAATGACATTTGACCAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAACAAT  292

Query  574  CATAATTAAGAAAATAACTACACCAATAGACCAAACGAAATATTTCGGGGAG  625
            |||||||||||| ||||||||||||||||||||||||| | ||| | |||||
Sbjct  291  CATAATTAAGAAGATAACTACACCAATAGACCAAACGAGA-ATT-CTGGGAG  242
```

Tablo A.7

CYB-6-F

GGCTGCTTTAGACTCATGTTGTTACTGCTTTCTTGGGATATGTTCTGCCTTTTGGTCAA
ATGTCATTGTGGGGAGCGACTGTTATTACTAATTTGATGTCTGCTATACCTTGGATTGG
TAATGATATTGTGAATTTTATTTGGGGTGGGTTCTCTGTTAATCATGCTACTCTGAATT
GATTCTTCTCTTTACATTATTTATTGCCTTTTGTTTTATTGGCTTTAGTTGTTGCTCATTT
AATCTCTTTACATGTTCATGGAAGTAGTAATCCTCTGGGTGTTACTGGTAATTTAGATC
GTCTGCCTTTCCATCCCTATTTCTCATTTAAAGATTTAGTTACTGTTTTTTTATTTTTATT
AGCTTTATCTTTCTTTGTGTTTTATGCTCCTAATGTCTTGGGACATAGTGATAATTATAT
TATGGCTAATCCTATGGCTACTCCTCCAAGTATTGTTCCTGAATGGTATCTTTTACCTT
TCTATGCAATCTTGTGATCTATTTCGAATAAATTATTTGGAGTTGTGGCTATGTTAGCT
GCTATTCTTATTCTTTTTGTTTTACCTCTTGTGGATTTATCTTGAATTTGAGGTTCTGCT
TAAGAAACCTCTTAACGGCGTA

```
Query  16   ATG-TTGTTACTGCTTTCTTGGGATATGTTCTGCCTTTTGGTCAAATGTCATTGTGGGGA  74
            ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  289  ATGATTGTTACTGCTTTCTTGGGATATGTTCTGCCTTTTGGTCAAATGTCATTGTGGGGA  348

Query  75   GCGACTGTTATTACTAATTTGATGTCTGCTATACCTTGGATTGGTAATGATATTGTGAAT  134
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  349  GCGACTGTTATTACTAATTTGATGTCTGCTATACCTTGGATTGGTAATGATATTGTGAAT  408

Query  135  TTTATTTGGGGTGGGTTCTCTGTTAATCATGCTACTCTGAATTGATTCTTCTCTTTACAT  194
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  409  TTTATTTGGGGTGGGTTCTCTGTTAATCATGCTACTCTGAATTGATTCTTCTCTTTACAT  468

Query  195  TATTTATTGCCTTTTGTTTTATTGGCTTTAGTTGTTGCTCATTTAATCTCTTTACATGTT  254
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  469  TATTTATTGCCTTTTGTTTTATTGGCTTTAGTTGTTGCTCATTTAATCTCTTTACATGTT  528

Query  255  CATGGAAGTAGTAATCCTCTGGGTGTTACTGGTAATTTAGATCGTCTGCCTTTCCATCCC  314
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||
Sbjct  529  CATGGAAGTAGTAATCCTCTGGGTGTTACTGGTAATTCAGATCGTCTGCCTTTCCATCCC  588

Query  315  TATTTCTCATTTAAAGATTTAGTTACTGTTTTTTTATTTTTATTAGCTTTATCTTTCTTT  374
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  589  TATTTCTCATTTAAAGATTTAGTTACTGTTTTTTTATTTTTATTAGCTTTATCTTTCTTT  648

Query  375  GTGTTTTATGCTCCTAATGTCTTGGGACATAGTGATAATTATATTATGGCTAATCCTATG  434
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  649  GTGTTTTATGCTCCTAATGTCTTGGGACATAGTGATAATTATATTATGGCTAATCCTATG  708

Query  435  GCTACTCCTCCAAGTATTGTTCCTGAATGGTATCTTTTACCTTTCTATGCAATCTTGTGA  494
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  709  GCTACTCCTCCAAGTATTGTTCCTGAATGGTATCTTTTACCTTTCTATGCAATCTTGTGA  768

Query  495  TCTATTTCGAATAAATTATTTGGAGTTGTGGCTATGTTAGCTGCTATTCTTATTCTTTTT  554
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  769  TCTATTTCGAATAAATTATTTGGAGTTGTGGCTATGTTAGCTGCTATTCTTATTCTTTTT  828

Query  555  GTTTTACCTCTTGTGGATTTATCTTGAATTTGAGGTTCTGCTTA-AGAAACCTCTTA  610
            |||  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||  |||  |||||||
Sbjct  829  GTTGGACCTCTTGTGGATTTATCTTGAATTTGAGGTTCTGCTTTTAGA--CCTCTTA  883
```

Tablo A.8

CYB-6-R
CCTAAATATAAACTTATCACGACCACTCGTAGGTAAACAAAAAGAATAAGAATAGCA GCTAACATAGCCACAACTCCAAATAATTTATTCGAAATAGATCACAAGATTGCATAGA AAGGTAAAAGATACCATTCAGGAACAATACTTGGAGGAGTAGCCATAGGATTAGCCA TAATATAATTATCACTATGTCCCAAGACATTAGGAGCATAAAACACAAAGAAAGATA AAGCTAATAAAAATAAAAAAACAGTAACTAAATCTTTAAATGAGAAATAGGGATGGA AAGGCAGACGATCTAAATTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTACTTCCATGAACAT GTAAAGAGATTAAATGAGCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCAATAAATAA TGTAAAGAGAAGAATCAATTCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCCAAATA AAATTCACAATATCATTACCAATCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAACA GTCGCTCCCCACAATGACATTTGACCAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTA ACAATCATAATTAAGAAGATAACTACACCAATAGACCAAACGAAATATTTCGTGGGA GA

```
Query  36   AACAAAAAGAATAAGAATAGCAGCTAACATAGCCACAACTCCAAATAATTTATTCGAAAT  95
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  831  AACAAAAAGAATAAGAATAGCAGCTAACATAGCCACAACTCCAAATAATTTATTCGAAAT  772

Query  96   AGATCACAAGATTGCATAGAAAGGTAAAAGATACCATTCAGGAACAATACTTGGAGGAGT  155
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  771  AGATCACAAGATTGCATAGAAAGGTAAAAGATACCATTCAGGAACAATACTTGGAGGAGT  712

Query  156  AGCCATAGGATTAGCCATAATATAATTATCACTATGTCCCAAGACATTAGGAGCATAAAA  215
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  711  AGCCATAGGATTAGCCATAATATAATTATCACTATGTCCCAAGACATTAGGAGCATAAAA  652

Query  216  CACAAAGAAAGATAAAGCTAATAAAAATAAAAAAACAGTAACTAAATCTTTAAATGAGAA  275
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  651  CACAAAGAAAGATAAAGCTAATAAAAATAAAAAAACAGTAACTAAATCTTTAAATGAGAA  592

Query  276  ATAGGGATGGAAAGGCAGACGATCTAAATTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTACTTCC  335
            ||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  591  ATAGGGATGGAAAGGCAGACGATCTGAATTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTACTTCC  532

Query  336  ATGAACATGTAAAGAGATTAAATGAGCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCAATAA  395
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  531  ATGAACATGTAAAGAGATTAAATGAGCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCAATAA  472

Query  396  ATAATGTAAAGAGAAGAATCAATTCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCCAAAT  455
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  471  ATAATGTAAAGAGAAGAATCAATTCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCCAAAT  412

Query  456  AAAATTCACAATATCATTACCAATCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAACAGT  515
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  411  AAAATTCACAATATCATTACCAATCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAACAGT  352

Query  516  CGCTCCCCACAATGACATTTGACCAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAACAAT  575
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  351  CGCTCCCCACAATGACATTTGACCAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAACAAT  292

Query  576  CATAATTAAGAAGATAACTACACCAATAGACCAAACGAAATATTTCGTGGGAG  628
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||| | ||| | ||||||
Sbjct  291  CATAATTAAGAAGATAACTACACCAATAGACCAAACGAGA-ATT-C-TGGGAG  242
```

Tablo A.9

CYB-7-F
GACCGATCGAGTCAGCTTGTTACTGCTTTCTTGGGATATGTTCTGCCTTTTGGTCAAAT GTCATTGTGGGGAGCGACTGTTATTACTAATTTGATGTCTGCTATACCTTGGATTGGTA ATGATATTGTGAATTTTATTTGGGGTGGGTTCTCTGTTAATCATGCTACTCTGAATTGA TTCTTCTCTTTACATTATTTATTGCCTTTTGTTTTATTGGCTTTAGTTGTTGCTCATTTAA TCTCTTTACATGTTCATGGAAGTAGTAATCCTCTGGGTGTTACTGGTAATTTAGATCGT CTGCCTTTCCATCCCTATTTCTCATTTAAAGATTTAGTTACTGTTTTTTTATTTTTATTA GCTTTATCTTTCTTTGTGTTTTATGCTCCTAATGTCTTGGGACATAGTGATAATTATATT ATGGCTAATCCTATGGCTACTCCTCCAAGTATTGTTCCTGAATGGTATCTTTTACCTTT CTATGCAATCTTGTGATCTATTTCGAATAAATTATTTGGAGTTGTGGCTATGTTAGCTG CTATTCTTATTCTTTTTGTTTTACCTCTTGTGGATTTATCTTGAATTTGAGGTTCTGCTTT AACACCCTCTTTA

```
Query  17   TTGTTACTGCTTTCTTGGGATATGTTCTGCCTTTTGGTCAAATGTCATTGTGGGGAGCGA  76
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  293  TTGTTACTGCTTTCTTGGGATATGTTCTGCCTTTTGGTCAAATGTCATTGTGGGGAGCGA  352

Query  77   CTGTTATTACTAATTTGATGTCTGCTATACCTTGGATTGGTAATGATATTGTGAATTTTA  136
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  353  CTGTTATTACTAATTTGATGTCTGCTATACCTTGGATTGGTAATGATATTGTGAATTTTA  412

Query  137  TTTGGGGTGGGTTCTCTGTTAATCATGCTACTCTGAATTGATTCTTCTCTTTACATTATT  196
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  413  TTTGGGGTGGGTTCTCTGTTAATCATGCTACTCTGAATTGATTCTTCTCTTTACATTATT  472

Query  197  TATTGCCTTTTGTTTTATTGGCTTTAGTTGTTGCTCATTTAATCTCTTTACATGTTCATG  256
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  473  TATTGCCTTTTGTTTTATTGGCTTTAGTTGTTGCTCATTTAATCTCTTTACATGTTCATG  532

Query  257  GAAGTAGTAATCCTCTGGGTGTTACTGGTAATTTAGATCGTCTGCCTTTCCATCCCTATT  316
            ||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  533  GAAGTAGTAATCCTCTGGGTGTTACTGGTAATTCAGATCGTCTGCCTTTCCATCCCTATT  592

Query  317  TCTCATTTAAAGATTTAGTTACTGTTTTTTTATTTTTATTAGCTTTATCTTTCTTTGTGT  376
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  593  TCTCATTTAAAGATTTAGTTACTGTTTTTTTATTTTTATTAGCTTTATCTTTCTTTGTGT  652

Query  377  TTTATGCTCCTAATGTCTTGGGACATAGTGATAATTATATTATGGCTAATCCTATGGCTA  436
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  653  TTTATGCTCCTAATGTCTTGGGACATAGTGATAATTATATTATGGCTAATCCTATGGCTA  712

Query  437  CTCCTCCAAGTATTGTTCCTGAATGGTATCTTTTACCTTTCTATGCAATCTTGTGATCTA  496
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  713  CTCCTCCAAGTATTGTTCCTGAATGGTATCTTTTACCTTTCTATGCAATCTTGTGATCTA  772

Query  497  TTTCGAATAAATTATTTGGAGTTGTGGCTATGTTAGCTGCTATTCTTATTCTTTTTGTTT  556
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| 
Sbjct  773  TTTCGAATAAATTATTTGGAGTTGTGGCTATGTTAGCTGCTATTCTTATTCTTTTTGTTG  832

Query  557  TACCTCTTGTGGATTTATCTTGAATTTGAGGTTCTGCTTTAACACCCTCTT  607
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| | ||| ||||
Sbjct  833  GACCTCTTGTGGATTTATCTTGAATTTGAGGTTCTGCTTTTAGACC-TCTT  882
```

Tablo A.10

CYB-7-R

TCCGATCCTCGTAGTAAACAAAAAGAATAAGAATAGCAGCTAACATAGCCACAACTC
CAAATAATTTATTCGAAATAGATCACAAGATTGCATAGAAAGGTAAAAGATACCATT
CAGGAACAATACTTGGAGGAGTAGCCATAGGATTAGCCATAATATAATTATCACTAT
GTCCCAAGACATTAGGAGCATAAAACACAAAGAAAGATAAAGCTAATAAAAATAAA
AAAACAGTAACTAAATCTTTAAATGAGAAATAGGGATGGAAAGGCAGACGATCTAAA
TTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTACTTCCATGAACATGTAAAGAGATTAAATGA
GCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCAATAAATAATGTAAAGAGAAGAATCA
ATTCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCCAAATAAAATTCACAATATCATT
ACCAATCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAACAGTCGCTCCCCACAATGA
CATTTGACCAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAACAATCATAATTAAGAA
GATAACTACACCAATAGACCAAACGAAAAATTTCTGGGA

```
Query  17   AACAAAAAGAATAAGAATAGCAGCTAACATAGCCACAACTCCAAATAATTTATTCGAAAT  76
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  831  AACAAAAAGAATAAGAATAGCAGCTAACATAGCCACAACTCCAAATAATTTATTCGAAAT  772

Query  77   AGATCACAAGATTGCATAGAAAGGTAAAAGATACCATTCAGGAACAATACTTGGAGGAGT  136
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  771  AGATCACAAGATTGCATAGAAAGGTAAAAGATACCATTCAGGAACAATACTTGGAGGAGT  712

Query  137  AGCCATAGGATTAGCCATAATATAATTATCACTATGTCCCAAGACATTAGGAGCATAAAA  196
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  711  AGCCATAGGATTAGCCATAATATAATTATCACTATGTCCCAAGACATTAGGAGCATAAAA  652

Query  197  CACAAAGAAAGATAAAGCTAATAAAAATAAAAAAACAGTAACTAAATCTTTAAATGAGAA  256
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  651  CACAAAGAAAGATAAAGCTAATAAAAATAAAAAAACAGTAACTAAATCTTTAAATGAGAA  592

Query  257  ATAGGGATGGAAAGGCAGACGATCTAAATTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTACTTCC  316
            |||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  591  ATAGGGATGGAAAGGCAGACGATCTGAATTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTACTTCC  532

Query  317  ATGAACATGTAAAGAGATTAAATGAGCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCAATAA  376
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  531  ATGAACATGTAAAGAGATTAAATGAGCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCAATAA  472

Query  377  ATAATGTAAAGAGAAGAATCAATTCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCCAAAT  436
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  471  ATAATGTAAAGAGAAGAATCAATTCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCCAAAT  412

Query  437  AAAATTCACAATATCATTACCAATCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAACAGT  496
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  411  AAAATTCACAATATCATTACCAATCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAACAGT  352

Query  497  CGCTCCCCACAATGACATTTGACCAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAACAAT  556
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  351  CGCTCCCCACAATGACATTTGACCAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAACAAT  292

Query  557  CATAATTAAGAAGATAACTACACCAATAGACCAAACGAAAAATTTCTGGGA  607
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||| || || ||||||
Sbjct  291  CATAATTAAGAAGATAACTACACCAATAGACCAAACGAGAA-TT-CTGGGA  243
```

Tablo A.11

CYB-10-F

GACGATCGTGATGTTGTTACTGCTTTCTTGGGATATGTTCTGCCTTTTGGTCAAATGTC
ATTGTGGGGAGCGACTGTTATTACTAATTTGATGTCTGCTATACCTTGGATTGGTAATG
ATATTGTGAATTTTATTTGGGGTGGGTTCTCTGTTAATCATGCTACTCTGAATTGATTC
TTCTCTTTACATTATTTATTGCCTTTTGTTTTATTGGCTTTAGTTGTTGCTCATTTAATCT
CTTTACATGTTCATGGAAGTAGTAATCCTCTGGGTGTTACTGGTAATTCAGATCGTCTG
CCTTTCCATCCCTATTTCTCATTTAAAGATTTAGTTACTGTTTTTTTATTTTTATTAGCTT
TATCTTTCTTTGTGTTTTATGCTCCTAATGTCTTGGGACATAGTGATAATTATATTATG
GCTAATCCTATGGCTACTCCTCCAAGTATTGTTCCTGAATGGTATCTTTTACCTTTCTA
TGCAATCTTGTGATCTATTTCGAATAAATTATTTGGAGTTGTGGCTATGTTAGCTGCTA
TTCTTATTCTTTTTGTTTTACCTTTTGTGGATTTATCTTGAATTTGAGGTTCTGCTTTAG
AAACCTCTTTAACTCTTA

```
Query  11   ATG-TTGTTACTGCTTTCTTGGGATATGTTCTGCCTTTTGGTCAAATGTCATTGTGGGGA  69
            ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  289  ATGATTGTTACTGCTTTCTTGGGATATGTTCTGCCTTTTGGTCAAATGTCATTGTGGGGA  348

Query  70   GCGACTGTTATTACTAATTTGATGTCTGCTATACCTTGGATTGGTAATGATATTGTGAAT  129
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  349  GCGACTGTTATTACTAATTTGATGTCTGCTATACCTTGGATTGGTAATGATATTGTGAAT  408

Query  130  TTTATTTGGGGTGGGTTCTCTGTTAATCATGCTACTCTGAATTGATTCTTCTCTTTACAT  189
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  409  TTTATTTGGGGTGGGTTCTCTGTTAATCATGCTACTCTGAATTGATTCTTCTCTTTACAT  468

Query  190  TATTTATTGCCTTTTGTTTTATTGGCTTTAGTTGTTGCTCATTTAATCTCTTTACATGTT  249
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  469  TATTTATTGCCTTTTGTTTTATTGGCTTTAGTTGTTGCTCATTTAATCTCTTTACATGTT  528

Query  250  CATGGAAGTAGTAATCCTCTGGGTGTTACTGGTAATTCAGATCGTCTGCCTTTCCATCCC  309
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  529  CATGGAAGTAGTAATCCTCTGGGTGTTACTGGTAATTCAGATCGTCTGCCTTTCCATCCC  588

Query  310  TATTTCTCATTTAAAGATTTAGTTACTGTTTTTTTATTTTTATTAGCTTTATCTTTCTTT  369
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  589  TATTTCTCATTTAAAGATTTAGTTACTGTTTTTTTATTTTTATTAGCTTTATCTTTCTTT  648

Query  370  GTGTTTTATGCTCCTAATGTCTTGGGACATAGTGATAATTATATTATGGCTAATCCTATG  429
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  649  GTGTTTTATGCTCCTAATGTCTTGGGACATAGTGATAATTATATTATGGCTAATCCTATG  708

Query  430  GCTACTCCTCCAAGTATTGTTCCTGAATGGTATCTTTTACCTTTCTATGCAATCTTGTGA  489
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  709  GCTACTCCTCCAAGTATTGTTCCTGAATGGTATCTTTTACCTTTCTATGCAATCTTGTGA  768

Query  490  TCTATTTCGAATAAATTATTTGGAGTTGTGGCTATGTTAGCTGCTATTCTTATTCTTTTT  549
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  769  TCTATTTCGAATAAATTATTTGGAGTTGTGGCTATGTTAGCTGCTATTCTTATTCTTTTT  828

Query  550  GTTTTACCTTTTGTGGATTTATCTTGAATTTGAGGTTCTGCTTT-AGAAACCTCTT  604
            |||  |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||| |||  ||||||
Sbjct  829  GTTGGACCTCTTGTGGATTTATCTTGAATTTGAGGTTCTGCTTTTAGA--CCTCTT  882
```

Tablo A.12

CYB-10-R
TCACGTCCCTCTACTCTTCTAAAGAATAAGAATAGCAGCTAACATAGCCACAACTCCA AATAATTTATTCGAAATAGATCACAAGATTGCATAGAAAGGTAAAAGATACCATTCA GGAACAATACTTGGAGGAGTAGCCATAGGATTAGCCATAATATAATTATCACTATGTC CCAAGACATTAGGAGCATAAAACACAAAGAAAGATAAAGCTAATAAAAATAAAAAA ACAGTAACTAAATCTTTAAATGAGAAATAGGGATGGAAAGGCAGACGATCTGAATTA CCAGTAACACCCAGAGGATTACTACTTCCATGAACATGTAAAGAGATTAAATGAGCA ACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCAATAAATAATGTAAAGAGAAGAATCAATT CAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCCAAATAAAATTCACAATATCATTACC AATCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAACAGTCGCTCCCCACAATGACATT TGACCAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAACAATCATAATTAAGAAGATA ACTACACCAATAGACCAAACGGAAAATTCTCTGGAAA

```
Query  21   AAAGAATAAGAATAGCAGCTAACATAGCCACAACTCCAAATAATTTATTCGAAATAGATC  80
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  826  AAAGAATAAGAATAGCAGCTAACATAGCCACAACTCCAAATAATTTATTCGAAATAGATC  767

Query  81   ACAAGATTGCATAGAAAGGTAAAAGATACCATTCAGGAACAATACTTGGAGGAGTAGCCA  140
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  766  ACAAGATTGCATAGAAAGGTAAAAGATACCATTCAGGAACAATACTTGGAGGAGTAGCCA  707

Query  141  TAGGATTAGCCATAATATAATTATCACTATGTCCCAAGACATTAGGAGCATAAAACACAA  200
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  706  TAGGATTAGCCATAATATAATTATCACTATGTCCCAAGACATTAGGAGCATAAAACACAA  647

Query  201  AGAAAGATAAAGCTAATAAAAATAAAAAAACAGTAACTAAATCTTTAAATGAGAAATAGG  260
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  646  AGAAAGATAAAGCTAATAAAAATAAAAAAACAGTAACTAAATCTTTAAATGAGAAATAGG  587

Query  261  GATGGAAAGGCAGACGATCTGAATTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTACTTCCATGAA  320
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  586  GATGGAAAGGCAGACGATCTGAATTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTACTTCCATGAA  527

Query  321  CATGTAAAGAGATTAAATGAGCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCAATAAATAAT  380
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  526  CATGTAAAGAGATTAAATGAGCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCAATAAATAAT  467

Query  381  GTAAAGAGAAGAATCAATTCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCCAAATAAAAT  440
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  466  GTAAAGAGAAGAATCAATTCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCCAAATAAAAT  407

Query  441  TCACAATATCATTACCAATCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAACAGTCGCTC  500
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  406  TCACAATATCATTACCAATCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAACAGTCGCTC  347

Query  501  CCCACAATGACATTTGACCAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAACAATCATAA  560
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  346  CCCACAATGACATTTGACCAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAACAATCATAA  287

Query  561  TTAAGAAGATAACTACACCAATAGACCAAACGGAAAATTCT  601
            |||||||||||||||||||||||||||||||| | ||||||
Sbjct  286  TTAAGAAGATAACTACACCAATAGACCAAACG-AGAATTCT  247
```

Tablo A.13

CYB-11-F
GGCTGCTTCGTCTCATGCTTGTTACTGCTTTCTTGGGATATGTTCTGCCTTTTGGTCAA ATGTCATTGTGGGGAGCGACTGTTATTACTAATTTGATGTCTGCTATACCTTGGATTGG TAATGATATTGTGAATTTTATTTGGGGTGGGTTCTCTGTTAATCATGCTACTCTGAATT GATTCTTCTCTTTACATTATTTATTGCCTTTTGTTTTATTGGCTTTAGTTGTTGCTCATTT AATCTCTTTACATGTTCATGGAAGTAGTAATCCTCTGGGTGTTACTGGTAATTCAGATC GTCTGCCTTTCCATCCCTATTTCTCATTTAAAGATTTAGTTACTGTTTTTTTATTTTTATT AGCTTTATCTTTCTTTGTGTTTTATGCTCCTAATGTCTTGGGACATAGTGATAATTATAT TATGGCTAATCCTATGGCTACTCCTCCAAGTATTGTTCCTGAATGGTATCTTTTACCTT TCTATGCAATCTTGTGATCTATTTCGAATAAATTATTTGGAGTTGTGGCTATGTTAGCT GCTATTCTTATTCTTTTTGTTTTACCTCTTGTGGATTTATCTTGAATTTGAGGTCTGCTA AAAAAAACCCCTTATAAACCAAG

```
Query  15   ATGCTTGTTACTGCTTTCTTGGGATATGTTCTGCCTTTTGGTCAAATGTCATTGTGGGGA  74
            ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  289  ATGATTGTTACTGCTTTCTTGGGATATGTTCTGCCTTTTGGTCAAATGTCATTGTGGGGA  348

Query  75   GCGACTGTTATTACTAATTTGATGTCTGCTATACCTTGGATTGGTAATGATATTGTGAAT  134
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  349  GCGACTGTTATTACTAATTTGATGTCTGCTATACCTTGGATTGGTAATGATATTGTGAAT  408

Query  135  TTTATTTGGGGTGGGTTCTCTGTTAATCATGCTACTCTGAATTGATTCTTCTCTTTACAT  194
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  409  TTTATTTGGGGTGGGTTCTCTGTTAATCATGCTACTCTGAATTGATTCTTCTCTTTACAT  468

Query  195  TATTTATTGCCTTTTGTTTTATTGGCTTTAGTTGTTGCTCATTTAATCTCTTTACATGTT  254
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  469  TATTTATTGCCTTTTGTTTTATTGGCTTTAGTTGTTGCTCATTTAATCTCTTTACATGTT  528

Query  255  CATGGAAGTAGTAATCCTCTGGGTGTTACTGGTAATTCAGATCGTCTGCCTTTCCATCCC  314
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  529  CATGGAAGTAGTAATCCTCTGGGTGTTACTGGTAATTCAGATCGTCTGCCTTTCCATCCC  588

Query  315  TATTTCTCATTTAAAGATTTAGTTACTGTTTTTTTATTTTTATTAGCTTTATCTTTCTTT  374
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  589  TATTTCTCATTTAAAGATTTAGTTACTGTTTTTTTATTTTTATTAGCTTTATCTTTCTTT  648

Query  375  GTGTTTTATGCTCCTAATGTCTTGGGACATAGTGATAATTATATTATGGCTAATCCTATG  434
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  649  GTGTTTTATGCTCCTAATGTCTTGGGACATAGTGATAATTATATTATGGCTAATCCTATG  708

Query  435  GCTACTCCTCCAAGTATTGTTCCTGAATGGTATCTTTTACCTTTCTATGCAATCTTGTGA  494
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  709  GCTACTCCTCCAAGTATTGTTCCTGAATGGTATCTTTTACCTTTCTATGCAATCTTGTGA  768

Query  495  TCTATTTCGAATAAATTATTTGGAGTTGTGGCTATGTTAGCTGCTATTCTTATTCTTTTT  554
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  769  TCTATTTCGAATAAATTATTTGGAGTTGTGGCTATGTTAGCTGCTATTCTTATTCTTTTT  828

Query  555  GTTTTACCTCTTGTGGATTTATCTTGAATTTGAGGT-CTGCT  595
            |||  ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||
Sbjct  829  GTTGGACCTCTTGTGGATTTATCTTGAATTTGAGGTTCTGCT  870
```

Tablo A.14

CYB-11-R

TACGATCCACTCGTAGTAAACAAAAAGAATAAGAATAGCAGCTAACATAGCCACAAC
TCCAAATAATTTATTCGAAATAGATCACAAGATTGCATAGAAAGGTAAAAGATACCA
TTCAGGAACAATACTTGGAGGAGTAGCCATAGGATTAGCCATAATATAATTATCACTA
TGTCCCAAGACATTAGGAGCATAAAACACAAAGAAAGATAAAGCTAATAAAAATAA
AAAAACAGTAACTAAATCTTTAAATGAGAAATAGGGATGGAAAGGCAGACGATCTGA
ATTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTACTTCCATGAACATGTAAAGAGATTAAATG
AGCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCAATAAATAATGTAAAGAGAAGAATC
AATTCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCCAAATAAAATTCACAATATCAT
TACCAATCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAACAGTCGCTCCCCACAATG
ACATTTGACCAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAACAATCATAATTAAGA
AGATAACTACACCAATAGACCAAAAAAATTTTTGGGGGGGATAA

```
Query  19   AACAAAAAGAATAAGAATAGCAGCTAACATAGCCACAACTCCAAATAATTTATTCGAAAT  78
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  831  AACAAAAAGAATAAGAATAGCAGCTAACATAGCCACAACTCCAAATAATTTATTCGAAAT  772

Query  79   AGATCACAAGATTGCATAGAAAGGTAAAAGATACCATTCAGGAACAATACTTGGAGGAGT  138
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  771  AGATCACAAGATTGCATAGAAAGGTAAAAGATACCATTCAGGAACAATACTTGGAGGAGT  712

Query  139  AGCCATAGGATTAGCCATAATATAATTATCACTATGTCCCAAGACATTAGGAGCATAAAA  198
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  711  AGCCATAGGATTAGCCATAATATAATTATCACTATGTCCCAAGACATTAGGAGCATAAAA  652

Query  199  CACAAAGAAAGATAAAGCTAATAAAAATAAAAAAACAGTAACTAAATCTTTAAATGAGAA  258
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  651  CACAAAGAAAGATAAAGCTAATAAAAATAAAAAAACAGTAACTAAATCTTTAAATGAGAA  592

Query  259  ATAGGGATGGAAAGGCAGACGATCTGAATTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTACTTCC  318
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  591  ATAGGGATGGAAAGGCAGACGATCTGAATTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTACTTCC  532

Query  319  ATGAACATGTAAAGAGATTAAATGAGCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCAATAA  378
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  531  ATGAACATGTAAAGAGATTAAATGAGCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCAATAA  472

Query  379  ATAATGTAAAGAGAAGAATCAATTCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCCAAAT  438
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  471  ATAATGTAAAGAGAAGAATCAATTCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCCAAAT  412

Query  439  AAAATTCACAATATCATTACCAATCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAACAGT  498
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  411  AAAATTCACAATATCATTACCAATCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAACAGT  352

Query  499  CGCTCCCCACAATGACATTTGACCAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAACAAT  558
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  351  CGCTCCCCACAATGACATTTGACCAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAACAAT  292

Query  559  CATAATTAAGAAGATAACTACACCAATAGACCAAA  593
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  291  CATAATTAAGAAGATAACTACACCAATAGACCAAA  257
```

Tablo A.15

CYB-12-F
AACGCTCGTGTATGTTGTTACTGCTTTCTTGGGATATGTTCTGCCTTTTGGTCAAATGT CATTGTGGGGAGCGACTGTTATTACTAATTTGATGTCTGCTATACCTTGGATTGGTAAT GATATTGTGAATTTTATTTGGGGTGGGTTCTCTGTTAATCATGCTACTCTGAATTGATT CTTCTCTTTACATTATTTATTGCCTTTTGTTTTATTGGCTTTAGTTGTTGCTCATTTAATC TCTTTACATGTTCATGGAAGTAGTAATCCTCTGGGTGTTACTGGTAATTCAGATCGTCT GCCTTTCCATCCCTATTTCTCATTTAAAGATTTAGTTACTGTTTTTTTATTTTTATTAGC TTTATCTTTCTTTGTGTTTTATGCTCCTAATGTCTTGGGACATAGTGATAATTATATTAT GGCTAATCCTATGGCTACTCCTCCAAGTATTGTTCCTGAATGGTATCTTTTACCTTTCT ATGCAATCTTGTGATCTATTTCGAATAAATTATTTGGAGTTGTGGCTATGTTAGCTGCT ATTCTTATTCTTTTTGTTTTACCTCTTGTGGATTTATCTTGAATTTGAGGTTCTGCTTGA AAAACCTCTTTACCTAAT

```
Query  11   TATG-TTGTTACTGCTTTCTTGGGATATGTTCTGCCTTTTGGTCAAATGTCATTGTGGGG  69
            |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  288  TATGATTGTTACTGCTTTCTTGGGATATGTTCTGCCTTTTGGTCAAATGTCATTGTGGGG  347

Query  70   AGCGACTGTTATTACTAATTTGATGTCTGCTATACCTTGGATTGGTAATGATATTGTGAA  129
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  348  AGCGACTGTTATTACTAATTTGATGTCTGCTATACCTTGGATTGGTAATGATATTGTGAA  407

Query  130  TTTTATTTGGGGTGGGTTCTCTGTTAATCATGCTACTCTGAATTGATTCTTCTCTTTACA  189
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  408  TTTTATTTGGGGTGGGTTCTCTGTTAATCATGCTACTCTGAATTGATTCTTCTCTTTACA  467

Query  190  TTATTTATTGCCTTTTGTTTTATTGGCTTTAGTTGTTGCTCATTTAATCTCTTTACATGT  249
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  468  TTATTTATTGCCTTTTGTTTTATTGGCTTTAGTTGTTGCTCATTTAATCTCTTTACATGT  527

Query  250  TCATGGAAGTAGTAATCCTCTGGGTGTTACTGGTAATTCAGATCGTCTGCCTTTCCATCC  309
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  528  TCATGGAAGTAGTAATCCTCTGGGTGTTACTGGTAATTCAGATCGTCTGCCTTTCCATCC  587

Query  310  CTATTTCTCATTTAAAGATTTAGTTACTGTTTTTTTATTTTTATTAGCTTTATCTTTCTT  369
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  588  CTATTTCTCATTTAAAGATTTAGTTACTGTTTTTTTATTTTTATTAGCTTTATCTTTCTT  647

Query  370  TGTGTTTTATGCTCCTAATGTCTTGGGACATAGTGATAATTATATTATGGCTAATCCTAT  429
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  648  TGTGTTTTATGCTCCTAATGTCTTGGGACATAGTGATAATTATATTATGGCTAATCCTAT  707

Query  430  GGCTACTCCTCCAAGTATTGTTCCTGAATGGTATCTTTTACCTTTCTATGCAATCTTGTG  489
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  708  GGCTACTCCTCCAAGTATTGTTCCTGAATGGTATCTTTTACCTTTCTATGCAATCTTGTG  767

Query  490  ATCTATTTCGAATAAATTATTTGGAGTTGTGGCTATGTTAGCTGCTATTCTTATTCTTTT  549
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  768  ATCTATTTCGAATAAATTATTTGGAGTTGTGGCTATGTTAGCTGCTATTCTTATTCTTTT  827

Query  550  TGTTTTACCTCTTGTGGATTTATCTTGAATTTGAGGTTCTGCTT  593
            ||||  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  828  TGTTGGACCTCTTGTGGATTTATCTTGAATTTGAGGTTCTGCTT  871
```

Tablo A.16

CYB-12-R
TTATGATCCCTAGTAACTGATCAAAAGAATAAGAATAGCAGCTAACATAGCCACAAC TCCAAATAATTTATTCGAAATAGATCACAAGATTGCATAGAAAGGTAAAAGATACCA TTCAGGAACAATACTTGGAGGAGTAGCCATAGGATTAGCCATAATATAATTATCACTA TGTCCCAAGACATTAGGAGCATAAAACACAAAGAAAGATAAAGCTAATAAAAATAA AAAAACAGTAACTAAATCTTTAAATGAGAAATAGGGATGGAAAGGCAGACGATCTGA ATTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTACTTCCATGAACATGTAAAGAGATTAAATG AGCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCAATAAATAATGTAAAGAGAAGAATC AATTCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCCAAATAAAATTCACAATATCAT TACCAATCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAACAGTCGCTCCCCACAATG ACATTTGACCAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAACAATCATAATTAAGA AGATAACTACACCAATAGACCAAAAAAAAATTTCCTCTGGAAAA

```
Query  23   AAAAGAATAAGAATAGCAGCTAACATAGCCACAACTCCAAATAATTTATTCGAAATAGAT  82
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  827  AAAAGAATAAGAATAGCAGCTAACATAGCCACAACTCCAAATAATTTATTCGAAATAGAT  768

Query  83   CACAAGATTGCATAGAAAGGTAAAAGATACCATTCAGGAACAATACTTGGAGGAGTAGCC  142
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  767  CACAAGATTGCATAGAAAGGTAAAAGATACCATTCAGGAACAATACTTGGAGGAGTAGCC  708

Query  143  ATAGGATTAGCCATAATATAATTATCACTATGTCCCAAGACATTAGGAGCATAAAACACA  202
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  707  ATAGGATTAGCCATAATATAATTATCACTATGTCCCAAGACATTAGGAGCATAAAACACA  648

Query  203  AAGAAAGATAAAGCTAATAAAAATAAAAAAACAGTAACTAAATCTTTAAATGAGAAATAG  262
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  647  AAGAAAGATAAAGCTAATAAAAATAAAAAAACAGTAACTAAATCTTTAAATGAGAAATAG  588

Query  263  GGATGGAAAGGCAGACGATCTGAATTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTACTTCCATGA  322
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  587  GGATGGAAAGGCAGACGATCTGAATTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTACTTCCATGA  528

Query  323  ACATGTAAAGAGATTAAATGAGCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCAATAAATAA  382
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  527  ACATGTAAAGAGATTAAATGAGCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCAATAAATAA  468

Query  383  TGTAAAGAGAAGAATCAATTCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCCAAATAAAA  442
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  467  TGTAAAGAGAAGAATCAATTCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCCAAATAAAA  408

Query  443  TTCACAATATCATTACCAATCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAACAGTCGCT  502
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  407  TTCACAATATCATTACCAATCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAACAGTCGCT  348

Query  503  CCCCACAATGACATTTGACCAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAACAATCATA  562
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  347  CCCCACAATGACATTTGACCAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAACAATCATA  288

Query  563  ATTAAGAAGATAACTACACCAATAGACCAAA  593
            |||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  287  ATTAAGAAGATAACTACACCAATAGACCAAA  257
```

Tablo A.17

CYB-19-F

GACTACTCGACGTCTTGCTTGTTACTGCTTTCTTGGGATATGTTCTGCCTTTTGGTCAA
ATGTCATTGTGGGGAGCGACTGTTATTACTAATTTGATGTCTGCTATACCTTGGATTGG
TAATGATATTGTGAATTTTATTTGGGGTGGGTTCTCTGTTAATCATGCTACTCTGAATT
GATTCTTCTCTTTACATTATTTATTGCCTTTTGTTTTATTGGCTTTAGTTGTTGCTCATTT
AATCTCTTTACATGTTCATGGAAGTAGTAATCCTCTGGGTGTTACTGGTAATTCAGATC
GTCTGCCTTTCCATCCCTATTTCTCATTTAAAGATTTAGTTACTGTTTTTTTATTTTTATT
AGCTTTATCTTTCTTTGTGTTTTATGCTCCTAATGTCTTGGGACATAGTGATAATTATAT
TATGGCTAATCCTATGGCTACTCCTCCAAGTATTGTTCCTGAATGGTATCTTTTACCTT
TCTATGCAATCTTGTGATCTATTTCGAATAAATTATTTGGAGTTGTGGCTATGTTAGCT
GCTATTCTTATTCTTTTTGTTTTACCTCTTGTGGATTTATCTTGAATTTGAGGTTCTGCT
TAAAAAAACCTCATAAAACTCTTTA

```
Query  16   TGCTTGTTACTGCTTTCTTGGGATATGTTCTGCCTTTTGGTCAAATGTCATTGTGGGGAG  75
            || |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  290  TGATTGTTACTGCTTTCTTGGGATATGTTCTGCCTTTTGGTCAAATGTCATTGTGGGGAG  349

Query  76   CGACTGTTATTACTAATTTGATGTCTGCTATACCTTGGATTGGTAATGATATTGTGAATT  135
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  350  CGACTGTTATTACTAATTTGATGTCTGCTATACCTTGGATTGGTAATGATATTGTGAATT  409

Query  136  TTATTTGGGGTGGGTTCTCTGTTAATCATGCTACTCTGAATTGATTCTTCTCTTTACATT  195
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
C   Sbjct  410  TTATTTGGGGTGGGTTCTCTGTTAATCATGCTACTCTGAATTGATTTTCTCTTTACATT  469

Query  196  ATTTATTGCCTTTTGTTTTATTGGCTTTAGTTGTTGCTCATTTAATCTCTTTACATGTTC  255
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  470  ATTTATTGCCTTTTGTTTTATTGGCTTTAGTTGTTGCTCATTTAATCTCTTTACATGTTC  529

Query  256  ATGGAAGTAGTAATCCTCTGGGTGTTACTGGTAATTCAGATCGTCTGCCTTTCCATCCCT  315
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  530  ATGGAAGTAGTAATCCTCTGGGTGTTACTGGTAATTCAGATCGTCTGCCTTTCCATCCCT  589

Query  316  ATTTCTCATTTAAAGATTTAGTTACTGTTTTTTTATTTTTATTAGCTTTATCTTTCTTTG  375
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  590  ATTTCTCATTTAAAGATTTAGTTACTGTTTTTTTATTTTTATTAGCTTTATCTTTCTTTG  649

Query  376  TGTTTTATGCTCCTAATGTCTTGGGACATAGTGATAATTATATTATGGCTAATCCTATGG  435
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  650  TGTTTTATGCTCCTAATGTCTTGGGACATAGTGATAATTATATTATGGCTAATCCTATGG  709

Query  436  CTACTCCTCCAAGTATTGTTCCTGAATGGTATCTTTTACCTTTCTATGCAATCTTGTGAT  495
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  710  CTACTCCTCCAAGTATTGTTCCTGAATGGTATCTTTTACCTTTCTATGCAATCTTGTGAT  769

Query  496  CTATTTCGAATAAATTATTTGGAGTTGTGGCTATGTTAGCTGCTATTCTTATTCTTTTTG  555
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  770  CTATTTCGAATAAATTATTTGGAGTTGTGGCTATGTTAGCTGCTATTCTTATTCTTTTTG  829

Query  556  TTTTACCTCTTGTGGATTTATCTTGAATTTGAGGTTCTGCTT  597
            ||  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  830  TTGGACCTCTTGTGGATTTATCTTGAATTTGAGGTTCTGCTT  871
```

Tablo A.18

CYB-19-R

CCACGATCCACTTCGTAAATATATACAAAAAGAATAAGAATAGCAGCTAACATAGCC
ACAACTCCAAATAATTTATTCGAAATAGATCACAAGATTGCATAGAAAGGTAAAAGA
TACCATTCAGGAACAATACTTGGAGGAGTAGCCATAGGATTAGCCATAATATAATTAT
CACTATGTCCCAAGACATTAGGAGCATAAAACACAAAGAAAGATAAAGCTAATAAAA
ATAAAAAAACAGTAACTAAATCTTTAAATGAGAAATAGGGATGGAAAGGCAGACGAT
CTGAATTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTACTTCCATGAACATGTAAAGAGATTAA
ATGAGCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCAATAAATAATGTAAAGAGAAGA
ATCAATTCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCCAAATAAAATTCACAATAT
CATTACCAATCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAACAGTCGCTCCCCACAA
TGACATTTGACCAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAACAATCATAATTAA
GAAGATAACTACACCAATAGACCAAAAAAATTTTTTTCGGGGAGAAAAA

```
Query  25   ACAAAAAGAATAAGAATAGCAGCTAACATAGCCACAACTCCAAATAATTTATTCGAAATA  84
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  830  ACAAAAAGAATAAGAATAGCAGCTAACATAGCCACAACTCCAAATAATTTATTCGAAATA  771

Query  85   GATCACAAGATTGCATAGAAAGGTAAAAGATACCATTCAGGAACAATACTTGGAGGAGTA  144
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  770  GATCACAAGATTGCATAGAAAGGTAAAAGATACCATTCAGGAACAATACTTGGAGGAGTA  711

Query  145  GCCATAGGATTAGCCATAATATAATTATCACTATGTCCCAAGACATTAGGAGCATAAAAC  204
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  710  GCCATAGGATTAGCCATAATATAATTATCACTATGTCCCAAGACATTAGGAGCATAAAAC  651

Query  205  ACAAAGAAAGATAAAGCTAATAAAAATAAAAAAACAGTAACTAAATCTTTAAATGAGAAA  264
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  650  ACAAAGAAAGATAAAGCTAATAAAAATAAAAAAACAGTAACTAAATCTTTAAATGAGAAA  591

Query  265  TAGGGATGGAAAGGCAGACGATCTGAATTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTACTTCCA  324
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  590  TAGGGATGGAAAGGCAGACGATCTGAATTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTACTTCCA  531

Query  325  TGAACATGTAAAGAGATTAAATGAGCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCAATAAA  384
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  530  TGAACATGTAAAGAGATTAAATGAGCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCAATAAA  471

Query  385  TAATGTAAAGAGAAGAATCAATTCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCCAAATA  444
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  470  TAATGTAAAGAGAAGAATCAATTCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCCAAATA  411

Query  445  AAATTCACAATATCATTACCAATCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAACAGTC  504
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  410  AAATTCACAATATCATTACCAATCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAACAGTC  351

Query  505  GCTCCCCACAATGACATTTGACCAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAACAATC  564
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  350  GCTCCCCACAATGACATTTGACCAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAACAATC  291

Query  565  ATAATTAAGAAGATAACTACACCAATAGACCAAA  598
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  290  ATAATTAAGAAGATAACTACACCAATAGACCAAA  257
```

Tablo A.19

CYB-26-F
GGCTGGATTCGAGGTCATTCTTGTTACGGCTTTCCTCGGCGATTTGTTCTGCCTTTTGG TCAAATGTCATTGTGGGGAGCGACTGTTATTACTAATTTGATGTCTGCTATACCTTGGA TTGGTAATGATATTGTGAATTTTATTTGGGGTGGGTTCTCTGTTAATCATGCTACTCTG AATTGATTCTTCTCTTTACATTATTTATTGCCTTTTGTTTTATTGGCTTTAGTTGTTGCTC ATTTAATCTCTTTACATGTTCATGGAAGTAGTAATCCTCTGGGTGTTACTGGTAATTCA GATCGTCTGCCTTTCCATCCCTATTTCTCATTTAAAGATTTAGTTACTGTTTTTTTATTT TTATTAGCTTTATCTTTCTTTGTGTTTTATGCTCCTAATGTCTTGGGACATAGTGATAAT TATATTATGGCTAATCCTATGGCTACTCCTCCAAGTATTGTTCCTGAATGGTATCTTTT ACCTTTCTATGCAATCTTGTGATCTATTTCGAATAAATTATTTGGAGTTGTGGCTATGT TAGCTGCTATTCTTATTCTTTTTGTTTTACCTTTTGTGGATTTATCTTGAATTTGAGGTT CTGCTTTTAGACCTCTTAAAAAAAAACG

```
Query  21   TTGTTACGGCTTTCCTCGGCGATTTGTTCTGCCTTTTGGTCAAATGTCATTGTGGGGAGC  80
            ||||||| |||||| | || ||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  293  TTGTTACTGCTTTC-TTGG-GATATGTTCTGCCTTTTGGTCAAATGTCATTGTGGGGAGC  350

Query  81   GACTGTTATTACTAATTTGATGTCTGCTATACCTTGGATTGGTAATGATATTGTGAATTT  140
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  351  GACTGTTATTACTAATTTGATGTCTGCTATACCTTGGATTGGTAATGATATTGTGAATTT  410

Query  141  TATTTGGGGTGGGTTCTCTGTTAATCATGCTACTCTGAATTGATTCTTCTCTTTACATTA  200
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  411  TATTTGGGGTGGGTTCTCTGTTAATCATGCTACTCTGAATTGATTCTTCTCTTTACATTA  470

Query  201  TTTATTGCCTTTTGTTTTATTGGCTTTAGTTGTTGCTCATTTAATCTCTTTACATGTTCA  260
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  471  TTTATTGCCTTTTGTTTTATTGGCTTTAGTTGTTGCTCATTTAATCTCTTTACATGTTCA  530

Query  261  TGGAAGTAGTAATCCTCTGGGTGTTACTGGTAATTCAGATCGTCTGCCTTTCCATCCCTA  320
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  531  TGGAAGTAGTAATCCTCTGGGTGTTACTGGTAATTCAGATCGTCTGCCTTTCCATCCCTA  590

Query  321  TTTCTCATTTAAAGATTTAGTTACTGTTTTTTTATTTTTATTAGCTTTATCTTTCTTTGT  380
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  591  TTTCTCATTTAAAGATTTAGTTACTGTTTTTTTATTTTTATTAGCTTTATCTTTCTTTGT  650

Query  381  GTTTTATGCTCCTAATGTCTTGGGACATAGTGATAATTATATTATGGCTAATCCTATGGC  440
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  651  GTTTTATGCTCCTAATGTCTTGGGACATAGTGATAATTATATTATGGCTAATCCTATGGC  710

Query  441  TACTCCTCCAAGTATTGTTCCTGAATGGTATCTTTTACCTTTCTATGCAATCTTGTGATC  500
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  711  TACTCCTCCAAGTATTGTTCCTGAATGGTATCTTTTACCTTTCTATGCAATCTTGTGATC  770

Query  501  TATTTCGAATAAATTATTTGGAGTTGTGGCTATGTTAGCTGCTATTCTTATTCTTTTTGT  560
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  771  TATTTCGAATAAATTATTTGGAGTTGTGGCTATGTTAGCTGCTATTCTTATTCTTTTTGT  830

Query  561  TTTACCTTTTGTGGATTTATCTTGAATTTGAGGTTCTGCTTTTAGACCTCTTA  613
            |  |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  831  TGGACCTCTTGTGGATTTATCTTGAATTTGAGGTTCTGCTTTTAGACCTCTTA  883
```

Tablo A.20

CYB-26-R

CATTTTCCCCTCAGACTTCTTGCCAAGAGTAAGAATCATGCAGACTAACATAGCCACA
ACTCCAAATAATTTATTCGAAATAGATCACAAGATTGCATAGAAAGGTAAAAGATAC
CATTCAGGAACAATACTTGGAGGAGTAGCCATAGGATTAGCCATAATATAATTATCAC
TATGTCCCAAGACATTAGGAGCATAAAACACAAAGAAAGATAAAGCTAATAAAAATA
AAAAAACAGTAACTAAATCTTTAAATGAGAAATAGGGATGGAAAGGCAGACGATCTG
AATTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTACTTCCATGAACATGTAAAGAGATTAAAT
GAGCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCAATAAATAATGTAAAGAGAAGAAT
CAATTCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCCAAATAAAATTCACAATATCA
TTACCAATCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAACAGTCGCTCCCCACAATG
ACATTTGACCAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAACAATCATAATTAAGA
AGATAACTACACCAATAGACCAAACGAGAAATTCTGGGAAA

```
Query  25   AAGAGTAAGAATCATGCAGACTAACATAGCCACAACTCCAAATAATTTATTCGAAATAGA  84
            |||| ||||||| | |||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  825  AAGAATAAGAAT-A-GCAG-CTAACATAGCCACAACTCCAAATAATTTATTCGAAATAGA  769

Query  85   TCACAAGATTGCATAGAAAGGTAAAAGATACCATTCAGGAACAATACTTGGAGGAGTAGC  144
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  768  TCACAAGATTGCATAGAAAGGTAAAAGATACCATTCAGGAACAATACTTGGAGGAGTAGC  709

Query  145  CATAGGATTAGCCATAATATAATTATCACTATGTCCCAAGACATTAGGAGCATAAAACAC  204
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  708  CATAGGATTAGCCATAATATAATTATCACTATGTCCCAAGACATTAGGAGCATAAAACAC  649

Query  205  AAAGAAAGATAAAGCTAATAAAAATAAAAAAACAGTAACTAAATCTTTAAATGAGAAATA  264
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  648  AAAGAAAGATAAAGCTAATAAAAATAAAAAAACAGTAACTAAATCTTTAAATGAGAAATA  589

Query  265  GGGATGGAAAGGCAGACGATCTGAATTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTACTTCCATG  324
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  588  GGGATGGAAAGGCAGACGATCTGAATTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTACTTCCATG  529

Query  325  AACATGTAAAGAGATTAAATGAGCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCAATAAATA  384
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  528  AACATGTAAAGAGATTAAATGAGCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCAATAAATA  469

Query  385  ATGTAAAGAGAAGAATCAATTCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCCAAATAAA  444
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  468  ATGTAAAGAGAAGAATCAATTCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCCAAATAAA  409

Query  445  ATTCACAATATCATTACCAATCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAACAGTCGC  504
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  408  ATTCACAATATCATTACCAATCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAACAGTCGC  349

Query  505  TCCCCACAATGACATTTGACCAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAACAATCAT  564
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  348  TCCCCACAATGACATTTGACCAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAACAATCAT  289

Query  565  AATTAAGAAGATAACTACACCAATAGACCAAACGAGAAATTCTGGGA  611
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||
Sbjct  288  AATTAAGAAGATAACTACACCAATAGACCAAACGAGAA-TTCTGGGA  243
```

Tablo A.21

CYB-28-F
GCTGCG**A**TTAGACTCATTGCCGTTCTGCTTTTAGACCTCGTTTATTCTGCCTTTTGGTCC GGGTTATTGTGGGGAGCGACTGTTATTACTAATTTGATGTCTGCTATACCTTGGATTGG TAATGATATTGTGAATTTTATTTGGGGTGGGTTCTCTGTTAATCATGCTACTCTGAATT GATTCTTCTCTTTACATTATTTATTGCCTTTTGTTTTATTGGCTTTAGTTGTTGCTCATTT AATCTCTTTACATGTTCATGGAAGTAGTAATCCTCTGGGTGTTACTGGTAATTCAGATC GTCTGCCTTTCCATCCCTATTTCTCATTTAAAGATTTAGTTACTGTTTTTTTATTTTTATT AGCTTTATCTTTCTTTGTGTTTTATGCTCCTAATGTCTTGGGACATAGTGATAATTATAT TATGGCTAATCCTATGGCTACTCCTCCAAGTATTGTTCCTGAATGGTATCTTTTACCTT TCTATGCAATCTTGTGATCTATTTCGAATAAATTATTTGGAGTTGTGGCTATGTTAGCT GCTATTCTTATTCTTTTTGTTTTACCTCTTGTGGATTTATCTTGAATTTGAGGTTCTGCT TTTAAACCTCTTACGAAAATACGGGAA

```
Query  45   TTCTGCCTTTTGGTC-CGGGTTATTGTGGGGAGCGACTGTTATTACTAATTTGATGTCTG  103
            |||||||||||||||    || ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  317  TTCTGCCTTTTGGTCAAATGTCATTGTGGGGAGCGACTGTTATTACTAATTTGATGTCTG  376

Query  104  CTATACCTTGGATTGGTAATGATATTGTGAATTTTATTTGGGGTGGGTTCTCTGTTAATC  163
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  377  CTATACCTTGGATTGGTAATGATATTGTGAATTTTATTTGGGGTGGGTTCTCTGTTAATC  436

Query  164  ATGCTACTCTGAATTGATTCTTCTCTTTACATTATTTATTGCCTTTTGTTTTATTGGCTT  223
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  437  ATGCTACTCTGAATTGATTCTTCTCTTTACATTATTTATTGCCTTTTGTTTTATTGGCTT  496

Query  224  TAGTTGTTGCTCATTTAATCTCTTTACATGTTCATGGAAGTAGTAATCCTCTGGGTGTTA  283
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  497  TAGTTGTTGCTCATTTAATCTCTTTACATGTTCATGGAAGTAGTAATCCTCTGGGTGTTA  556

Query  284  CTGGTAATTCAGATCGTCTGCCTTTCCATCCCTATTTCTCATTTAAAGATTTAGTTACTG  343
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  557  CTGGTAATTCAGATCGTCTGCCTTTCCATCCCTATTTCTCATTTAAAGATTTAGTTACTG  616

Query  344  TTTTTTTATTTTTATTAGCTTTATCTTTCTTTGTGTTTTATGCTCCTAATGTCTTGGGAC  403
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  617  TTTTTTTATTTTTATTAGCTTTATCTTTCTTTGTGTTTTATGCTCCTAATGTCTTGGGAC  676

Query  404  ATAGTGATAATTATATTATGGCTAATCCTATGGCTACTCCTCCAAGTATTGTTCCTGAAT  463
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  677  ATAGTGATAATTATATTATGGCTAATCCTATGGCTACTCCTCCAAGTATTGTTCCTGAAT  736

Query  464  GGTATCTTTTACCTTTCTATGCAATCTTGTGATCTATTTCGAATAAATTATTTGGAGTTG  523
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  737  GGTATCTTTTACCTTTCTATGCAATCTTGTGATCTATTTCGAATAAATTATTTGGAGTTG  796

Query  524  TGGCTATGTTAGCTGCTATTCTTATTCTTTTTGTTTTACCTCTTGTGGATTTATCTTGAA  583
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||    ||||||||||||||||||||||
Sbjct  797  TGGCTATGTTAGCTGCTATTCTTATTCTTTTTGTTGGACCTCTTGTGGATTTATCTTGAA  856

Query  584  TTTGAGGTTCTGCTTTTAAACCTCTTACGAAAAT  617
            ||||||||||||||||| |||||||| | ||||
Sbjct  857  TTTGAGGTTCTGCTTTTAGACCTCTTA-GTAAAT  889
```

Tablo A.22

CYB-28-R

CACGAGCATTCTGGGATAGACCAAACGAGAATTCTGGGACTAACATAGCCACAACTC
CAAATAATTTATTCGAAATAGATCACAAGATTGCATAGAAAGGTAAAAGATACCATT
CAGGAACAATACTTGGAGGAGTAGCCATAGGATTAGCCATAATATAATTATCACTAT
GTCCCAAGACATTAGGAGCATAAAACACAAAGAAAGATAAAGCTAATAAAAATAAA
AAAACAGTAACTAAATCTTTAAATGAGAAATAGGGATGGAAAGGCAGACGATCTGAA
TTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTACTTCCATGAACATGTAAAGAGATTAAATGA
GCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCAATAAATAATGTAAAGAGAAGAATCA
ATTCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCCAAATAAAATTCACAATATCATT
ACCAATCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAACAGTCGCTCCCCACAATGA
CATTTGACCAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAACAATCATAATTAAGAA
GATAACTACACCAATAGACCAAACGAGAAATTCTGGGAAAA

```
Query  40   CTAACATAGCCACAACTCCAAATAATTTATTCGAAATAGATCACAAGATTGCATAGAAAG  99
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  808  CTAACATAGCCACAACTCCAAATAATTTATTCGAAATAGATCACAAGATTGCATAGAAAG  749

Query  100  GTAAAAGATACCATTCAGGAACAATACTTGGAGGAGTAGCCATAGGATTAGCCATAATAT  159
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  748  GTAAAAGATACCATTCAGGAACAATACTTGGAGGAGTAGCCATAGGATTAGCCATAATAT  689

Query  160  AATTATCACTATGTCCCAAGACATTAGGAGCATAAAACACAAAGAAAGATAAAGCTAATA  219
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  688  AATTATCACTATGTCCCAAGACATTAGGAGCATAAAACACAAAGAAAGATAAAGCTAATA  629

Query  220  AAAATAAAAAAACAGTAACTAAATCTTTAAATGAGAAATAGGGATGGAAAGGCAGACGAT  279
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  628  AAAATAAAAAAACAGTAACTAAATCTTTAAATGAGAAATAGGGATGGAAAGGCAGACGAT  569

Query  280  CTGAATTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTACTTCCATGAACATGTAAAGAGATTAAAT  339
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  568  CTGAATTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTACTTCCATGAACATGTAAAGAGATTAAAT  509

Query  340  GAGCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCAATAAATAATGTAAAGAGAAGAATCAAT  399
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  508  GAGCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCAATAAATAATGTAAAGAGAAGAATCAAT  449

Query  400  TCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCCAAATAAAATTCACAATATCATTACCAA  459
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  448  TCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCCAAATAAAATTCACAATATCATTACCAA  389

Query  460  TCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAACAGTCGCTCCCCACAATGACATTTGAC  519
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  388  TCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAACAGTCGCTCCCCACAATGACATTTGAC  329

Query  520  CAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAACAATCATAATTAAGAAGATAACTACAC  579
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  328  CAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAACAATCATAATTAAGAAGATAACTACAC  269

Query  580  CAATAGACCAAACGAGAAATTCTGGGA  606
            ||||||||||||||||| ||||||||
Sbjct  268  CAATAGACCAAACGAGAA-TTCTGGGA  243
```

Tablo A.23

CYB-30-F

GACGCGTCGTGTCATGTTGTTACTGCTTTCTTGGGATATGTTCTGCCTTTTGGTCAAAT
GTCATTGTGGGGAGCGACTGTTATTACTAATTTGATGTCTGCTATACCTTGGATTGGTA
ATGATATTGTGAATTTTATTTGGGGTGGGTTCTCTGTTAATCATGCTACTCTGAATTGA
TTCTTCTCTTTACATTATTTATTGCCTTTTGTTTTATTGGCTTTAGTTGTTGCTCATTTAA
TCTCTTTACATGTTCATGGAAGTAGTAATCCTCTGGGTGTTACTGGTAATTCAGATCGT
CTGCCTTTCCATCCCTATTTCTCATTTAAAGATTTAGTTACTGTTTTTTTATTTTTATTA
GCTTTATCTTTCTTTGTGTTTTATGCTCCTAATGTCTTGGGACATAGTGATAATTATATT
ATGGCTAATCCTATGGCTACTCCTCCAAGTATTGTTCCTGAATGGTATCTTTTACCTTT
CTATGCAATCTTGTGATCTATTTCGAATAAATTATTTGGAGTTGTGGCTATGTTAGCTG
CTATTCTTATTCTTTTTGTTTTACCTCTTGTGGATTTATCTTGAATTTGAGGTTCTGCTT
GAAAAACCTCTTAACCTCTT

```
Query  14   ATG-TTGTTACTGCTTTCTTGGGATATGTTCTGCCTTTTGGTCAAATGTCATTGTGGGGA  72
            ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  289  ATGATTGTTACTGCTTTCTTGGGATATGTTCTGCCTTTTGGTCAAATGTCATTGTGGGGA  348

Query  73   GCGACTGTTATTACTAATTTGATGTCTGCTATACCTTGGATTGGTAATGATATTGTGAAT  132
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  349  GCGACTGTTATTACTAATTTGATGTCTGCTATACCTTGGATTGGTAATGATATTGTGAAT  408

Query  133  TTTATTTGGGGTGGGTTCTCTGTTAATCATGCTACTCTGAATTGATTCTTCTCTTTACAT  192
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  409  TTTATTTGGGGTGGGTTCTCTGTTAATCATGCTACTCTGAATTGATTCTTCTCTTTACAT  468

Query  193  TATTTATTGCCTTTTGTTTTATTGGCTTTAGTTGTTGCTCATTTAATCTCTTTACATGTT  252
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  469  TATTTATTGCCTTTTGTTTTATTGGCTTTAGTTGTTGCTCATTTAATCTCTTTACATGTT  528

Query  253  CATGGAAGTAGTAATCCTCTGGGTGTTACTGGTAATTCAGATCGTCTGCCTTTCCATCCC  312
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  529  CATGGAAGTAGTAATCCTCTGGGTGTTACTGGTAATTCAGATCGTCTGCCTTTCCATCCC  588

Query  313  TATTTCTCATTTAAAGATTTAGTTACTGTTTTTTTATTTTTATTAGCTTTATCTTTCTTT  372
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  589  TATTTCTCATTTAAAGATTTAGTTACTGTTTTTTTATTTTTATTAGCTTTATCTTTCTTT  648

Query  373  GTGTTTTATGCTCCTAATGTCTTGGGACATAGTGATAATTATATTATGGCTAATCCTATG  432
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  649  GTGTTTTATGCTCCTAATGTCTTGGGACATAGTGATAATTATATTATGGCTAATCCTATG  708

Query  433  GCTACTCCTCCAAGTATTGTTCCTGAATGGTATCTTTTACCTTTCTATGCAATCTTGTGA  492
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  709  GCTACTCCTCCAAGTATTGTTCCTGAATGGTATCTTTTACCTTTCTATGCAATCTTGTGA  768

Query  493  TCTATTTCGAATAAATTATTTGGAGTTGTGGCTATGTTAGCTGCTATTCTTATTCTTTTT  552
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  769  TCTATTTCGAATAAATTATTTGGAGTTGTGGCTATGTTAGCTGCTATTCTTATTCTTTTT  828

Query  553  GTTTTACCTCTTGTGGATTTATCTTGAATTTGAGGTTCTGCTTGAAAAACCTCTTA  608
            |||  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||  |  |||||||
Sbjct  829  GTTGGACCTCTTGTGGATTTATCTTGAATTTGAGGTTCTGCTTTTAGA-CCTCTTA  883
```

Tablo A.24

CYB-30-R

TCACGATCCACTCTACATATTACAAAAGAATAAGAATAGCAGCTAACATAGCCACAA
CTCCAAATAATTTATTCGAAATAGATCACAAGATTGCATAGAAAGGTAAAAGATACC
ATTCAGGAACAATACTTGGAGGAGTAGCCATAGGATTAGCCATAATATAATTATCACT
ATGTCCCAAGACATTAGGAGCATAAAACACAAAGAAAGATAAAGCTAATAAAAATA
AAAAAACAGTAACTAAATCTTTAAATGAGAAATAGGGATGGAAAGGCAGACGATCTG
AATTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTACTTCCATGAACATGTAAAGAGATTAAAT
GAGCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCAATAAATAATGTAAAGAGAAGAAT
CAATTCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCCAAATAAAATTCACAATATCA
TTACCAATCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAACAGTCGCTCCCCACAATG
ACATTTGACCAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAACAATCATAATTAAGA
AGATAACTACACCAATAGACCAAACGAAAATTCCCTGGGGACA

```
Query  24   AAAAGAATAAGAATAGCAGCTAACATAGCCACAACTCCAAATAATTTATTCGAAATAGAT  83
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  827  AAAAGAATAAGAATAGCAGCTAACATAGCCACAACTCCAAATAATTTATTCGAAATAGAT  768

Query  84   CACAAGATTGCATAGAAAGGTAAAAGATACCATTCAGGAACAATACTTGGAGGAGTAGCC  143
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  767  CACAAGATTGCATAGAAAGGTAAAAGATACCATTCAGGAACAATACTTGGAGGAGTAGCC  708

Query  144  ATAGGATTAGCCATAATATAATTATCACTATGTCCCAAGACATTAGGAGCATAAAACACA  203
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  707  ATAGGATTAGCCATAATATAATTATCACTATGTCCCAAGACATTAGGAGCATAAAACACA  648

Query  204  AAGAAAGATAAAGCTAATAAAAATAAAAAAACAGTAACTAAATCTTTAAATGAGAAATAG  263
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  647  AAGAAAGATAAAGCTAATAAAAATAAAAAAACAGTAACTAAATCTTTAAATGAGAAATAG  588

Query  264  GGATGGAAAGGCAGACGATCTGAATTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTACTTCCATGA  323
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  587  GGATGGAAAGGCAGACGATCTGAATTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTACTTCCATGA  528

Query  324  ACATGTAAAGAGATTAAATGAGCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCAATAAATAA  383
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  527  ACATGTAAAGAGATTAAATGAGCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCAATAAATAA  468

Query  384  TGTAAAGAGAAGAATCAATTCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCCAAATAAAA  443
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  467  TGTAAAGAGAAGAATCAATTCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCCAAATAAAA  408

Query  444  TTCACAATATCATTACCAATCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAACAGTCGCT  503
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  407  TTCACAATATCATTACCAATCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAACAGTCGCT  348

Query  504  CCCCACAATGACATTTGACCAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAACAATCATA  563
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  347  CCCCACAATGACATTTGACCAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAACAATCATA  288

Query  564  ATTAAGAAGATAACTACACCAATAGACCAAACGAAAATTC  603
            |||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||
Sbjct  287  ATTAAGAAGATAACTACACCAATAGACCAAACGAGAATTC  248
```

Tablo A.25

CYB-31-F

GGCTGCTAGACTCATACGCATACGAGTATTCTGGGATAGTTCTGCCTTTTGGTCAAAT
GTCATTGTGGGGAGCGACTGTTATTACTAATTTGATGTCTGCTATACCTTGGATTGGTA
ATGATATTGTGAATTTTATTTGGGGTGGGTTCTCTGTTAATCATGCTACTCTGAATTGA
TTCTTCTCTTTACATTATTTATTGCCTTTTGTTTTATTGGCTTTAGTTGTTGCTCATTTAA
TTTCTTTACATGTTCATGGAAGTAGTAATCCTCTGGGTGTTACTGGTAATTCAGATCGT
CTGCCTTTCCATCCCTATTTCTCATTTAAAGATTTAGTTACTGTTTTTTTATTTTTATTA
GCTTTATCTTTCTTTGTGTTTTATGCTCCTAATGTCTTGGGACATAGTGATAATTATATT
ATGGCTAATCCTATGGCTACTCCTCCAAGTATTGTTCCTGAATGGTATCTTTTACCTTT
CTATGCAATCTTGTGATCTATTTCGAATAAATTATTTGGAGTTGTGGCTATGTTAGCTG
CTATTCTTATTCTTTTTGTTTTACCTTTTGTGGATTTATCTTGAATTTGAGGTTCTGCTTT
TAAACCTCTTACGAAATACG

```
Query  29   TTC-TGGGATA-GTTCTGCCTTTTGGTCAAATGTCATTGTGGGGAGCGACTGTTATTACT  86
            ||| ||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  304  TTCTTGGGATATGTTCTGCCTTTTGGTCAAATGTCATTGTGGGGAGCGACTGTTATTACT  363

Query  87   AATTTGATGTCTGCTATACCTTGGATTGGTAATGATATTGTGAATTTTATTTGGGGTGGG  146
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  364  AATTTGATGTCTGCTATACCTTGGATTGGTAATGATATTGTGAATTTTATTTGGGGTGGG  423

Query  147  TTCTCTGTTAATCATGCTACTCTGAATTGATTCTTCTCTTTACATTATTTATTGCCTTTT  206
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  424  TTCTCTGTTAATCATGCTACTCTGAATTGATTCTTCTCTTTACATTATTTATTGCCTTTT  483

Query  207  GTTTTATTGGCTTTAGTTGTTGCTCATTTAATTTCTTTACATGTTCATGGAAGTAGTAAT  266
            |||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  484  GTTTTATTGGCTTTAGTTGTTGCTCATTTAATCTCTTTACATGTTCATGGAAGTAGTAAT  543

Query  267  CCTCTGGGTGTTACTGGTAATTCAGATCGTCTGCCTTTCCATCCCTATTTCTCATTTAAA  326
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  544  CCTCTGGGTGTTACTGGTAATTCAGATCGTCTGCCTTTCCATCCCTATTTCTCATTTAAA  603

Query  327  GATTTAGTTACTGTTTTTTTATTTTTATTAGCTTTATCTTTCTTTGTGTTTTATGCTCCT  386
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  604  GATTTAGTTACTGTTTTTTTATTTTTATTAGCTTTATCTTTCTTTGTGTTTTATGCTCCT  663

Query  387  AATGTCTTGGGACATAGTGATAATTATATTATGGCTAATCCTATGGCTACTCCTCCAAGT  446
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  664  AATGTCTTGGGACATAGTGATAATTATATTATGGCTAATCCTATGGCTACTCCTCCAAGT  723

Query  447  ATTGTTCCTGAATGGTATCTTTTACCTTTCTATGCAATCTTGTGATCTATTTCGAATAAA  506
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  724  ATTGTTCCTGAATGGTATCTTTTACCTTTCTATGCAATCTTGTGATCTATTTCGAATAAA  783

Query  507  TTATTTGGAGTTGTGGCTATGTTAGCTGCTATTCTTATTCTTTTTGTTTTACCTTTTGTG  566
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||  |||| |||||
Sbjct  784  TTATTTGGAGTTGTGGCTATGTTAGCTGCTATTCTTATTCTTTTTGTTGGACCTCTTGTG  843

Query  567  GATTTATCTTGAATTTGAGGTTCTGCTTTTAAACCTCTTA  606
            ||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||
Sbjct  844  GATTTATCTTGAATTTGAGGTTCTGCTTTTAGACCTCTTA  883
```

Tablo A.26

CYB-31-R

TCACGACATCTACAGCTAGACCAAAGCGAGAGATCTGCAGACTAACATAGCCACAAC
TCCAAATAATTTATTCGAAATAGATCACAAGATTGCATAGAAAGGTAAAAGATACCA
TTCAGGAACAATACTTGGAGGAGTAGCCATAGGATTAGCCATAATATAATTATCACTA
TGTCCCAAGACATTAGGAGCATAAAACACAAAGAAAGATAAAGCTAATAAAAATAA
AAAAACAGTAACTAAATCTTTAAATGAGAAATAGGGATGGAAAGGCAGACGATCTGA
ATTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTACTTCCATGAACATGTAAAGAAATTAAATG
AGCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCAATAAATAATGTAAAGAGAAGAATC
AATTCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCCAAATAAAATTCACAATATCAT
TACCAATCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAACAGTCGCTCCCCACAATG
ACATTTGACCAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAACAATCATAATTAAGA
AGATAACTACACCAATAGACCAAACGAGAAATTCTGGGAGA

```
Query  37   GCAGACTAACATAGCCACAACTCCAAATAATTTATTCGAAATAGATCACAAGATTGCATA  96
            |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  812  GCAG-CTAACATAGCCACAACTCCAAATAATTTATTCGAAATAGATCACAAGATTGCATA  754

Query  97   GAAAGGTAAAAGATACCATTCAGGAACAATACTTGGAGGAGTAGCCATAGGATTAGCCAT  156
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  753  GAAAGGTAAAAGATACCATTCAGGAACAATACTTGGAGGAGTAGCCATAGGATTAGCCAT  694

Query  157  AATATAATTATCACTATGTCCCAAGACATTAGGAGCATAAAACACAAAGAAAGATAAAGC  216
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  693  AATATAATTATCACTATGTCCCAAGACATTAGGAGCATAAAACACAAAGAAAGATAAAGC  634

Query  217  TAATAAAAATAAAAAAACAGTAACTAAATCTTTAAATGAGAAATAGGGATGGAAAGGCAG  276
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  633  TAATAAAAATAAAAAAACAGTAACTAAATCTTTAAATGAGAAATAGGGATGGAAAGGCAG  574

Query  277  ACGATCTGAATTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTACTTCCATGAACATGTAAAGAAAT  336
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||
Sbjct  573  ACGATCTGAATTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTACTTCCATGAACATGTAAAGAGAT  514

Query  337  TAAATGAGCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCAATAAATAATGTAAAGAGAAGAA  396
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  513  TAAATGAGCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCAATAAATAATGTAAAGAGAAGAA  454

Query  397  TCAATTCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCCAAATAAAATTCACAATATCATT  456
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  453  TCAATTCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCCAAATAAAATTCACAATATCATT  394

Query  457  ACCAATCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAACAGTCGCTCCCCACAATGACAT  516
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  393  ACCAATCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAACAGTCGCTCCCCACAATGACAT  334

Query  517  TTGACCAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAACAATCATAATTAAGAAGATAAC  576
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  333  TTGACCAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAACAATCATAATTAAGAAGATAAC  274

Query  577  TACACCAATAGACCAAACGAGAAATTCTGGGAG  609
            ||||||||||||||||||||| |||||||||||
Sbjct  273  TACACCAATAGACCAAACGAGAA-TTCTGGGAG  242
```

Tablo A.27

CYB-33-F

GGCTGAGTCGAGTCATGGTGTTACTGCTTTCTTGGGATATGTTCTGCCTTTTGGTCAAA
TGTCATTGTGGGGAGCGACTGTTATTACTAATTTGATGTCTGCTATACCTTGGATTGGT
AATGATATTGTGAATTTTATTTGGGGTGGGTTCTCTGTTAATCATGCTACTCTGAATTG
ATTCTTCTCTTTACATTATTTATTGCCTTTTGTTTTATTGGCTTTAGTTGTTGCTCATTTA
ATCTCTTTACATGTTCATGGAAGTAGTAATCCTCTGGGTGTTACTGGTAATTCAGATCG
TCTGCCTTTCCATCCCTATTTCTCATTTAAAGATTTAGTTACTGTTTTTTTATTTTTATTA
GCTTTATCTTTCTTTGTGTTTTATGCTCCTAATGTCTTGGGACATAGTGATAATTATATT
ATGGCTAATCCTATGGCTACTCCTCCAAGTATTGTTCCTGAATGGTATCTTTTACCTTT
CTATGCAATCTTGTGATCTATTTCGAATAAATTATTTGGAGTTGTGGCTATGTTAGCTG
CTATTCTTATTCTTTTTGTTTTACCTCTTGTGGATTTATCTTGAATTTGAGGTTCTGCTTT
AGAAACCTCTTAA

```
Query  19   TGTTACTGCTTTCTTGGGATATGTTCTGCCTTTTGGTCAAATGTCATTGTGGGGAGCGAC  78
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  294  TGTTACTGCTTTCTTGGGATATGTTCTGCCTTTTGGTCAAATGTCATTGTGGGGAGCGAC  353

Query  79   TGTTATTACTAATTTGATGTCTGCTATACCTTGGATTGGTAATGATATTGTGAATTTTAT  138
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  354  TGTTATTACTAATTTGATGTCTGCTATACCTTGGATTGGTAATGATATTGTGAATTTTAT  413

Query  139  TTGGGGTGGGTTCTCTGTTAATCATGCTACTCTGAATTGATTCTTCTCTTTACATTATTT  198
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  414  TTGGGGTGGGTTCTCTGTTAATCATGCTACTCTGAATTGATTCTTCTCTTTACATTATTT  473

Query  199  ATTGCCTTTTGTTTTATTGGCTTTAGTTGTTGCTCATTTAATCTCTTTACATGTTCATGG  258
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  474  ATTGCCTTTTGTTTTATTGGCTTTAGTTGTTGCTCATTTAATCTCTTTACATGTTCATGG  533

Query  259  AAGTAGTAATCCTCTGGGTGTTACTGGTAATTCAGATCGTCTGCCTTTCCATCCCTATTT  318
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  534  AAGTAGTAATCCTCTGGGTGTTACTGGTAATTCAGATCGTCTGCCTTTCCATCCCTATTT  593

Query  319  CTCATTTAAAGATTTAGTTACTGTTTTTTTATTTTTATTAGCTTTATCTTTCTTTGTGTT  378
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  594  CTCATTTAAAGATTTAGTTACTGTTTTTTTATTTTTATTAGCTTTATCTTTCTTTGTGTT  653

Query  379  TTATGCTCCTAATGTCTTGGGACATAGTGATAATTATATTATGGCTAATCCTATGGCTAC  438
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  654  TTATGCTCCTAATGTCTTGGGACATAGTGATAATTATATTATGGCTAATCCTATGGCTAC  713

Query  439  TCCTCCAAGTATTGTTCCTGAATGGTATCTTTTACCTTTCTATGCAATCTTGTGATCTAT  498
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  714  TCCTCCAAGTATTGTTCCTGAATGGTATCTTTTACCTTTCTATGCAATCTTGTGATCTAT  773

Query  499  TTCGAATAAATTATTTGGAGTTGTGGCTATGTTAGCTGCTATTCTTATTCTTTTTGTTTT  558
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  774  TTCGAATAAATTATTTGGAGTTGTGGCTATGTTAGCTGCTATTCTTATTCTTTTTGTTGG  833

Query  559  ACCTCTTGTGGATTTATCTTGAATTTGAGGTTCTGCTTT-AGAAACCTCTTA  609
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||   ||||||
Sbjct  834  ACCTCTTGTGGATTTATCTTGAATTTGAGGTTCTGCTTTAGA--CCTCTTA  883
```

Tablo A.28

CYB-33-R

CACGATCCCTCTAATAAACAAAAAGAATAAGAATAGCAGCTAACATAGCCACAACTC
CAAATAATTTATTCGAAATAGATCACAAGATTGCATAGAAAGGTAAAAGATACCATT
CAGGAACAATACTTGGAGGAGTAGCCATAGGATTAGCCATAATATAATTATCACTAT
GTCCCAAGACATTAGGAGCATAAAACACAAAGAAAGATAAAGCTAATAAAAATAAA
AAAACAGTAACTAAATCTTTAAATGAGAAATAGGGATGGAAAGGCAGACGATCTGAA
TTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTACTTCCATGAACATGTAAAGAGATTAAATGA
GCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCAATAAATAATGTAAAGAGAAGAATCA
ATTCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCCAAATAAAATTCACAATATCATT
ACCAATCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAACAGTCGCTCCCCACAATGA
CATTTGACCAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAACAATCATAATTAAGAA
GATAACTACACCAATAGACCAAACGAAAATTTCTTGGGACAT

```
Query  17   AACAAAAAGAATAAGAATAGCAGCTAACATAGCCACAACTCCAAATAATTTATTCGAAAT  76
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  831  AACAAAAAGAATAAGAATAGCAGCTAACATAGCCACAACTCCAAATAATTTATTCGAAAT  772

Query  77   AGATCACAAGATTGCATAGAAAGGTAAAAGATACCATTCAGGAACAATACTTGGAGGAGT  136
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  771  AGATCACAAGATTGCATAGAAAGGTAAAAGATACCATTCAGGAACAATACTTGGAGGAGT  712

Query  137  AGCCATAGGATTAGCCATAATATAATTATCACTATGTCCCAAGACATTAGGAGCATAAAA  196
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  711  AGCCATAGGATTAGCCATAATATAATTATCACTATGTCCCAAGACATTAGGAGCATAAAA  652

Query  197  CACAAAGAAAGATAAAGCTAATAAAAATAAAAAAACAGTAACTAAATCTTTAAATGAGAA  256
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  651  CACAAAGAAAGATAAAGCTAATAAAAATAAAAAAACAGTAACTAAATCTTTAAATGAGAA  592

Query  257  ATAGGGATGGAAAGGCAGACGATCTGAATTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTACTTCC  316
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  591  ATAGGGATGGAAAGGCAGACGATCTGAATTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTACTTCC  532

Query  317  ATGAACATGTAAAGAGATTAAATGAGCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCAATAA  376
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  531  ATGAACATGTAAAGAGATTAAATGAGCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCAATAA  472

Query  377  ATAATGTAAAGAGAAGAATCAATTCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCCAAAT  436
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  471  ATAATGTAAAGAGAAGAATCAATTCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCCAAAT  412

Query  437  AAAATTCACAATATCATTACCAATCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAACAGT  496
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  411  AAAATTCACAATATCATTACCAATCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAACAGT  352

Query  497  CGCTCCCCACAATGACATTTGACCAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAACAAT  556
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  351  CGCTCCCCACAATGACATTTGACCAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAACAAT  292

Query  557  CATAATTAAGAAGATAACTACACCAATAGACCAAACGAAAATTTCTTGGGA  607
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||| || ||||
Sbjct  291  CATAATTAAGAAGATAACTACACCAATAGACCAAACGAGAATT-CT-GGGA  243
```

Tablo A.29

CYB-36-F

GACTGATAGACTCATACGTGTTCTGGCTTTCTACCGTGCATTTGTTGCTGCCGTTTTGT
GTCAAATGTTCATTGTGGGGAGCGACTGTTATTACTAATTTGATGTCTGCTATACCTTG
GATTGGTAATGATATTGTGAATTTTATTTGGGGTGGGTTCTCTGTTAATCATGCTACTC
TGAATTGATTCTTCTCTTTACATTATTTATTGCCTTTTGTTTTATTGGCTTTAGTTGTTG
CTCATTTAATCTCTTTACATGTTCATGGAAGTAGTAATCCTCTGGGTGTTACTGGTAAT
TCAGATCGTCTGCCTTTCCATCCCTATTTCTCATTTAAAGATTTAGTTACTGTTTTTTTA
TTTTTATTAGCTTTATCTTTCTTTGTGTTTTATGCTCCTAATGTCTTGGGACATAGTGAT
AATTATATTATGGCTAATCCTATGGCTACTCCTCCAAGTATTGTTCCTGAATGGTATCT
TTTACCTTTCTATGCAATCTTGTGATCTATTTCGAATAAATTATTTGGAGTTGTGGCTA
TGTTAGCTGCTATTCTTATTCTTTTTGTTTTACCTTTTGTGGATTTATCTTGAATTTGAG
GTTCTGCTTAAAAAACCTCTTAAAGAAAACGGA

```
Query  40   ATTTGTTGCTGCCGTTTTGTGTCAAATGTTCATTGTGGGGAGCGACTGTTATTACTAATT  99
            || |||| ||||| ||||| |||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  312  ATATGTT-CTGCC-TTTTG-GTCAAATG-TCATTGTGGGGAGCGACTGTTATTACTAATT  367

Query  100  TGATGTCTGCTATACCTTGGATTGGTAATGATATTGTGAATTTTATTTGGGGTGGGTTCT  159
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  368  TGATGTCTGCTATACCTTGGATTGGTAATGATATTGTGAATTTTATTTGGGGTGGGTTCT  427

Query  160  CTGTTAATCATGCTACTCTGAATTGATTCTTCTCTTTACATTATTTATTGCCTTTTGTTT  219
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  428  CTGTTAATCATGCTACTCTGAATTGATTCTTCTCTTTACATTATTTATTGCCTTTTGTTT  487

Query  220  TATTGGCTTTAGTTGTTGCTCATTTAATCTCTTTACATGTTCATGGAAGTAGTAATCCTC  279
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  488  TATTGGCTTTAGTTGTTGCTCATTTAATCTCTTTACATGTTCATGGAAGTAGTAATCCTC  547

Query  280  TGGGTGTTACTGGTAATTCAGATCGTCTGCCTTTCCATCCCTATTTCTCATTTAAAGATT  339
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  548  TGGGTGTTACTGGTAATTCAGATCGTCTGCCTTTCCATCCCTATTTCTCATTTAAAGATT  607

Query  340  TAGTTACTGTTTTTTTATTTTTATTAGCTTTATCTTTCTTTGTGTTTTATGCTCCTAATG  399
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  608  TAGTTACTGTTTTTTTATTTTTATTAGCTTTATCTTTCTTTGTGTTTTATGCTCCTAATG  667

Query  400  TCTTGGGACATAGTGATAATTATATTATGGCTAATCCTATGGCTACTCCTCCAAGTATTG  459
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  668  TCTTGGGACATAGTGATAATTATATTATGGCTAATCCTATGGCTACTCCTCCAAGTATTG  727

Query  460  TTCCTGAATGGTATCTTTTACCTTTCTATGCAATCTTGTGATCTATTTCGAATAAATTAT  519
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  728  TTCCTGAATGGTATCTTTTACCTTTCTATGCAATCTTGTGATCTATTTCGAATAAATTAT  787

Query  520  TTGGAGTTGTGGCTATGTTAGCTGCTATTCTTATTCTTTTTGTTTTACCTTTTGTGGATT  579
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||  |||| |||||||||
Sbjct  788  TTGGAGTTGTGGCTATGTTAGCTGCTATTCTTATTCTTTTTGTTGGACCTCTTGTGGATT  847

Query  580  TATCTTGAATTTGAGGTTCTGCTTAAAAAACCTCTTA  616
            ||||||||||||||||||||||||  | |  |||||||
Sbjct  848  TATCTTGAATTTGAGGTTCTGCTTTTAGA-CCTCTTA  883
```

Tablo A.30

CYB-36-R

```
TACGATCCACTCTGATATACACCAAGCAGTAAGAACTGCGAGACTAACATAGCCACA
ACTCCAAGAGTGAATTTATTCGAAATAGATCACAAGATTGCATAGAAAGGTAAAAGA
TACCATTCAGGAACAATACTTGGAGGAGTAGCCATAGGATTAGCCATAATATAATTAT
CACTATGTCCCAAGACATTAGGAGCATAAAACACAAAGAAAGATAAAGCTAATAAAA
ATAAAAAAACAGTAACTAAATCTTTAAATGAGAAATAGGGATGGAAAGGCAGACGAT
CTGAATTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTACTTCCATGAACATGTAAAGAGATTAA
ATGAGCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCAATAAATAATGTAAAGAGAAGA
ATCAATTCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCCAAATAAAATTCACAATAT
CATTACCAATCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAACAGTCGCTCCCCACAA
TGACATTTGACCAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAACAATCATAATTAA
GAAGATAACTACACCAATAGACCAAACGAAAATTTTCCTGGGAAAA
```

```
Query  30   TAAGAACTGCGAGACTAACATAGCCACAACTCCAAGAGTGAATTTATTCGAAATAGATCA  89
            ||||||  || || ||||||||||||||||||||| | | ||||||||||||||||||||
Sbjct  820  TAAGAATAGC-AG-CTAACATAGCCACAACTCCAA-A-T-AATTTATTCGAAATAGATCA  766

Query  90   CAAGATTGCATAGAAAGGTAAAAGATACCATTCAGGAACAATACTTGGAGGAGTAGCCAT  149
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  765  CAAGATTGCATAGAAAGGTAAAAGATACCATTCAGGAACAATACTTGGAGGAGTAGCCAT  706

Query  150  AGGATTAGCCATAATATAATTATCACTATGTCCCAAGACATTAGGAGCATAAAACACAAA  209
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  705  AGGATTAGCCATAATATAATTATCACTATGTCCCAAGACATTAGGAGCATAAAACACAAA  646

Query  210  GAAAGATAAAGCTAATAAAAATAAAAAAACAGTAACTAAATCTTTAAATGAGAAATAGGG  269
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  645  GAAAGATAAAGCTAATAAAAATAAAAAAACAGTAACTAAATCTTTAAATGAGAAATAGGG  586

Query  270  ATGGAAAGGCAGACGATCTGAATTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTACTTCCATGAAC  329
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  585  ATGGAAAGGCAGACGATCTGAATTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTACTTCCATGAAC  526

Query  330  ATGTAAAGAGATTAAATGAGCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCAATAAATAATG  389
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  525  ATGTAAAGAGATTAAATGAGCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCAATAAATAATG  466

Query  390  TAAAGAGAAGAATCAATTCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCCAAATAAAATT  449
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  465  TAAAGAGAAGAATCAATTCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCCAAATAAAATT  406

Query  450  CACAATATCATTACCAATCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAACAGTCGCTCC  509
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  405  CACAATATCATTACCAATCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAACAGTCGCTCC  346

Query  510  CCACAATGACATTTGACCAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAACAATCATAAT  569
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  345  CCACAATGACATTTGACCAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAACAATCATAAT  286

Query  570  TAAGAAGATAACTACACCAATAGACCAAACGAAAATT  606
            |||||||||||||||||||||||||||||||| ||||
Sbjct  285  TAAGAAGATAACTACACCAATAGACCAAACGAGAATT  249
```

Tablo A.31

CYB-37-F
GGCTGAGTCGACTCATGGTTGTTACTGCTTTCTTGGGATATGTTCTGCCTTTTGGTCAA ATGTCATTGTGGGGAGCGACTGTTATTACTAATTTGATGTCTGCTATACCTTGGATTGG TAATGATATTGTGAATTTTATTTGGGGTGGGTTCTCTGTTAATCATGCTACTCTGAATT GATTCTTCTCTTTACATTATTTATTGCCTTTTGTTTTATTGGCTTTAGTTGTTGCTCATTT AATCTCTTTACATGTTCATGGAAGTAGTAATCCTCTGGGTGTTACTGGTAATTCAGATC GTCTGCCTTTCCATCCCTATTTCTCATTTAAAGATTTAGTTACTGTTTTTTTATTTTTATT AGCTTTATCTTTCTTTGTGTTTTATGCTCCTAATGTCTTGGGACATAGTGATAATTATAT TATGGCTAATCCTATGGCTACTCCTCCAAGTATTGTTCCTGAATGGTATCTTTTACCTT TCTATGCAATCTTGTGATCTATTTCGAATAAATTATTTGGAGTTGTGGCTATGTTAGCT GCTATTCTTATTCTTTTTGTTTTACCTTTTGTGGATTTATCTTGAATTTGAGGTTCTGCT TTAAAACCTCTTTACGCGTG

```
Query  15   ATGGTTGTTACTGCTTTCTTGGGATATGTTCTGCCTTTTGGTCAAATGTCATTGTGGGGA  74
            ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  289  ATGATTGTTACTGCTTTCTTGGGATATGTTCTGCCTTTTGGTCAAATGTCATTGTGGGGA  348

Query  75   GCGACTGTTATTACTAATTTGATGTCTGCTATACCTTGGATTGGTAATGATATTGTGAAT  134
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  349  GCGACTGTTATTACTAATTTGATGTCTGCTATACCTTGGATTGGTAATGATATTGTGAAT  408

Query  135  TTTATTTGGGGTGGGTTCTCTGTTAATCATGCTACTCTGAATTGATTCTTCTCTTTACAT  194
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  409  TTTATTTGGGGTGGGTTCTCTGTTAATCATGCTACTCTGAATTGATTCTTCTCTTTACAT  468

Query  195  TATTTATTGCCTTTTGTTTTATTGGCTTTAGTTGTTGCTCATTTAATCTCTTTACATGTT  254
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  469  TATTTATTGCCTTTTGTTTTATTGGCTTTAGTTGTTGCTCATTTAATCTCTTTACATGTT  528

Query  255  CATGGAAGTAGTAATCCTCTGGGTGTTACTGGTAATTCAGATCGTCTGCCTTTCCATCCC  314
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  529  CATGGAAGTAGTAATCCTCTGGGTGTTACTGGTAATTCAGATCGTCTGCCTTTCCATCCC  588

Query  315  TATTTCTCATTTAAAGATTTAGTTACTGTTTTTTTATTTTTATTAGCTTTATCTTTCTTT  374
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  589  TATTTCTCATTTAAAGATTTAGTTACTGTTTTTTTATTTTTATTAGCTTTATCTTTCTTT  648

Query  375  GTGTTTTATGCTCCTAATGTCTTGGGACATAGTGATAATTATATTATGGCTAATCCTATG  434
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  649  GTGTTTTATGCTCCTAATGTCTTGGGACATAGTGATAATTATATTATGGCTAATCCTATG  708

Query  435  GCTACTCCTCCAAGTATTGTTCCTGAATGGTATCTTTTACCTTTCTATGCAATCTTGTGA  494
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  709  GCTACTCCTCCAAGTATTGTTCCTGAATGGTATCTTTTACCTTTCTATGCAATCTTGTGA  768

Query  495  TCTATTTCGAATAAATTATTTGGAGTTGTGGCTATGTTAGCTGCTATTCTTATTCTTTTT  554
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  769  TCTATTTCGAATAAATTATTTGGAGTTGTGGCTATGTTAGCTGCTATTCTTATTCTTTTT  828

Query  555  GTTTTACCTTTTGTGGATTTATCTTGAATTTGAGGTTCTGCTTTAAAACCTCTT  608
            |||  |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||| | |||||||
Sbjct  829  GTTGGACCTCTTGTGGATTTATCTTGAATTTGAGGTTCTGCTTTTAGACCTCTT  882
```

Tablo A.32

CYB-37-R

CACGATCCACTCAAGGTAAAAAAAAGAATAAGAATAGCAGCTAACATAGCCACAACT
CCAAATAATTTATTCGAAATAGATCACAAGATTGCATAGAAAGGTAAAAGATACCAT
TCAGGAACAATACTTGGAGGAGTAGCCATAGGATTAGCCATAATATAATTATCACTAT
GTCCCAAGACATTAGGAGCATAAAACACAAAGAAAGATAAAGCTAATAAAAATAAA
AAAACAGTAACTAAATCTTTAAATGAGAAATAGGGATGGAAAGGCAGACGATCTGAA
TTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTACTTCCATGAACATGTAAAGAGATTAAATGA
GCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCAATAAATAATGTAAAGAGAAGAATCA
ATTCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCCAAATAAAATTCACAATATCATT
ACCAATCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAACAGTCGCTCCCCACAATGA
CATTTGACCAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAACAATCATAATTAAGAA
GATAACTACACCAATAGACCAAACGAAAATTTCTTGGGAGA

```
Query  21   AAAAAGAATAAGAATAGCAGCTAACATAGCCACAACTCCAAATAATTTATTCGAAATAGA  80
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  828  AAAAAGAATAAGAATAGCAGCTAACATAGCCACAACTCCAAATAATTTATTCGAAATAGA  769

Query  81   TCACAAGATTGCATAGAAAGGTAAAAGATACCATTCAGGAACAATACTTGGAGGAGTAGC  140
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  768  TCACAAGATTGCATAGAAAGGTAAAAGATACCATTCAGGAACAATACTTGGAGGAGTAGC  709

Query  141  CATAGGATTAGCCATAATATAATTATCACTATGTCCCAAGACATTAGGAGCATAAAACAC  200
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  708  CATAGGATTAGCCATAATATAATTATCACTATGTCCCAAGACATTAGGAGCATAAAACAC  649

Query  201  AAAGAAAGATAAAGCTAATAAAAATAAAAAAACAGTAACTAAATCTTTAAATGAGAAATA  260
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  648  AAAGAAAGATAAAGCTAATAAAAATAAAAAAACAGTAACTAAATCTTTAAATGAGAAATA  589

Query  261  GGGATGGAAAGGCAGACGATCTGAATTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTACTTCCATG  320
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  588  GGGATGGAAAGGCAGACGATCTGAATTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTACTTCCATG  529

Query  321  AACATGTAAAGAGATTAAATGAGCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCAATAAATA  380
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  528  AACATGTAAAGAGATTAAATGAGCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCAATAAATA  469

Query  381  ATGTAAAGAGAAGAATCAATTCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCCAAATAAA  440
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  468  ATGTAAAGAGAAGAATCAATTCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCCAAATAAA  409

Query  441  ATTCACAATATCATTACCAATCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAACAGTCGC  500
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  408  ATTCACAATATCATTACCAATCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAACAGTCGC  349

Query  501  TCCCCACAATGACATTTGACCAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAACAATCAT  560
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  348  TCCCCACAATGACATTTGACCAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAACAATCAT  289

Query  561  AATTAAGAAGATAACTACACCAATAGACCAAACGAAAATTTCTTGGGAG  609
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||| || |||||
Sbjct  288  AATTAAGAAGATAACTACACCAATAGACCAAACGAGAATT-CT-GGGAG  242
```

Tablo A.33

CYB-40-F

GACTGCATAGACATCATACGCGTACGAGTTCCTCGGGATAGTTCTGCCTTTTGTGTCA
CAGATCGTTCATTGTGGGGAGCGACTGTTATTACTAATTTGATGTCTGCTATACCTTGG
ATTGGTAATGATATTGTGAATTTTATTTGGGGTGGGTTCTCTGTTAATCATGCTACTCT
GAATTGATTCTTCTCTTTACATTATTTATTGCCTTTTGTTTTATTGGCTTTAGTTGTTGC
TCATTTAATCTCTTTACATGTTCATGGAAGTAGTAATCCTCTGGGTGTTACTGGTAATT
CAGATCGTCTGCCTTTCCATCCCTATTTCTCATTTAAAGATTTAGTTACTGTTTTTTTAT
TTTTATTAGCTTTATCTTTCTTTGTGTTTTATGCTCCTAATGTCTTGGGACATAGTGATA
ATTATATTATGGCTAATCCTATGGCTACTCCTCCAAGTATTGTTCCTGAATGGTATCTT
TTACCTTTCTATGCAATCTTGTGATCTATTTCGAATAAATTATTTGGAGTTGTGGCTAT
GTTAGCTGCTATTCTTATTCTTTTTGTTTTACCTCTTGTGGATTTATCTTGAATTTGAGG
TTCTGCTTTTAAACCTCTTACCAAAATACTGGGA

```
Query  29   TTCCTCGGGATA-GTTCTGCCTTTTGTGTCACAGATCGTTCATTGTGGGGAGCGACTGTT  87
            || || |||||| ||||||||||||| |||| | || | |||||||||||||||||||||
Sbjct  303  TTTCTTGGGATATGTTCTGCCTTTTG-GTCA-A-AT-G-TCATTGTGGGGAGCGACTGTT  357

Query  88   ATTACTAATTTGATGTCTGCTATACCTTGGATTGGTAATGATATTGTGAATTTTATTTGG  147
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  358  ATTACTAATTTGATGTCTGCTATACCTTGGATTGGTAATGATATTGTGAATTTTATTTGG  417

Query  148  GGTGGGTTCTCTGTTAATCATGCTACTCTGAATTGATTCTTCTCTTTACATTATTTATTG  207
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  418  GGTGGGTTCTCTGTTAATCATGCTACTCTGAATTGATTCTTCTCTTTACATTATTTATTG  477

Query  208  CCTTTTGTTTTATTGGCTTTAGTTGTTGCTCATTTAATCTCTTTACATGTTCATGGAAGT  267
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  478  CCTTTTGTTTTATTGGCTTTAGTTGTTGCTCATTTAATCTCTTTACATGTTCATGGAAGT  537

Query  268  AGTAATCCTCTGGGTGTTACTGGTAATTCAGATCGTCTGCCTTTCCATCCCTATTTCTCA  327
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  538  AGTAATCCTCTGGGTGTTACTGGTAATTCAGATCGTCTGCCTTTCCATCCCTATTTCTCA  597

Query  328  TTTAAAGATTTAGTTACTGTTTTTTTATTTTTATTAGCTTTATCTTTCTTTGTGTTTTAT  387
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  598  TTTAAAGATTTAGTTACTGTTTTTTTATTTTTATTAGCTTTATCTTTCTTTGTGTTTTAT  657

Query  388  GCTCCTAATGTCTTGGGACATAGTGATAATTATATTATGGCTAATCCTATGGCTACTCCT  447
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  658  GCTCCTAATGTCTTGGGACATAGTGATAATTATATTATGGCTAATCCTATGGCTACTCCT  717

Query  448  CCAAGTATTGTTCCTGAATGGTATCTTTTACCTTTCTATGCAATCTTGTGATCTATTTCG  507
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  718  CCAAGTATTGTTCCTGAATGGTATCTTTTACCTTTCTATGCAATCTTGTGATCTATTTCG  777

Query  508  AATAAATTATTTGGAGTTGTGGCTATGTTAGCTGCTATTCTTATTCTTTTTGTTTTACCT  567
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||  ||||
Sbjct  778  AATAAATTATTTGGAGTTGTGGCTATGTTAGCTGCTATTCTTATTCTTTTTGTTGGACCT  837

Query  568  CTTGTGGATTTATCTTGAATTTGAGGTTCTGCTTTTAAACCTCTTA  613
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||
Sbjct  838  CTTGTGGATTTATCTTGAATTTGAGGTTCTGCTTTTAGACCTCTTA  883
```

Tablo A.34

CYB-40-R

TAACGTAGTATCTACATATACACCAAGCGAGAATATCAGCAGACTAACATAGCCACA
ACTCCAAATAATTTATTCGAAATAGATCACAAGATTGCATAGAAAGGTAAAAGATAC
CATTCAGGAACAATACTTGGAGGAGTAGCCATAGGATTAGCCATAATATAATTATCAC
TATGTCCCAAGACATTAGGAGCATAAAACACAAAGAAAGATAAAGCTAATAAAAATA
AAAAAACAGTAACTAAATCTTTAAATGAGAAATAGGGATGGAAAGGCAGACGATCTG
AATTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTACTTCCATGAACATGTAAAGAGATTAAAT
GAGCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCAATAAATAATGTAAAGAGAAGAAT
CAATTCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCCAAATAAAATTCACAATATCA
TTACCAATCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAACAGTCGCTCCCCACAATG
ACATTTGACCAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAACAATCATAATTAAGA
AGATAACTACACCAATAGACCAAACGAGAAATCCTGGGAGA

```
Query  38   AGCAGACTAACATAGCCACAACTCCAAATAATTTATTCGAAATAGATCACAAGATTGCAT  97
            ||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  813  AGCAG-CTAACATAGCCACAACTCCAAATAATTTATTCGAAATAGATCACAAGATTGCAT  755

Query  98   AGAAAGGTAAAAGATACCATTCAGGAACAATACTTGGAGGAGTAGCCATAGGATTAGCCA  157
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  754  AGAAAGGTAAAAGATACCATTCAGGAACAATACTTGGAGGAGTAGCCATAGGATTAGCCA  695

Query  158  TAATATAATTATCACTATGTCCCAAGACATTAGGAGCATAAAACACAAAGAAAGATAAAG  217
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  694  TAATATAATTATCACTATGTCCCAAGACATTAGGAGCATAAAACACAAAGAAAGATAAAG  635

Query  218  CTAATAAAAATAAAAAAACAGTAACTAAATCTTTAAATGAGAAATAGGGATGGAAAGGCA  277
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  634  CTAATAAAAATAAAAAAACAGTAACTAAATCTTTAAATGAGAAATAGGGATGGAAAGGCA  575

Query  278  GACGATCTGAATTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTACTTCCATGAACATGTAAAGAGA  337
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  574  GACGATCTGAATTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTACTTCCATGAACATGTAAAGAGA  515

Query  338  TTAAATGAGCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCAATAAATAATGTAAAGAGAAGA  397
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  514  TTAAATGAGCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCAATAAATAATGTAAAGAGAAGA  455

Query  398  ATCAATTCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCCAAATAAAATTCACAATATCAT  457
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  454  ATCAATTCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCCAAATAAAATTCACAATATCAT  395

Query  458  TACCAATCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAACAGTCGCTCCCCACAATGACA  517
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  394  TACCAATCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAACAGTCGCTCCCCACAATGACA  335

Query  518  TTTGACCAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAACAATCATAATTAAGAAGATAA  577
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  334  TTTGACCAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAACAATCATAATTAAGAAGATAA  275

Query  578  CTACACCAATAGACCAAACGAGAAATCCTGGGAG  611
            |||||||||||||||||||||||| || ||||||
Sbjct  274  CTACACCAATAGACCAAACGAGAATTC-TGGGAG  242
```

Tablo A.35

CYB-42-F

CTACGATAGACTCATCCATGTTCTGCTTTTCTACGCTCATTTGTTCTGCCTTTTGGTCAA
ATGTCATTGTGCGGGAGCGACTGTTATTACTAATTTGATGTCTGCTATACCTTGGATTG
GTAATGATATTGTGAATTTTATTTGGGGTGGGTTCTCTGTTAATCATGCTACTCTGAAT
TGATTCTTCTCTTTACATTATTTATTGCCTTTTGTTTTATTGGCTTTAGTTGTTGCTCATT
TAATCTCTTTACATGTTCATGGAAGTAGTAATCCTCTGGGTGTTACTGGTAATTCAGAT
CGTCTGCCTTTCCATCCCTATTTCTCATTTAAAGATTTAGTTACTGTTTTTTTATTTTTA
TTAGCTTTATCTTTCTTTGTGTTTTATGCTCCTAATGTCTTGGGACATAGTGATAATTAT
ATTATGGCTAATCCTATGGCTACTCCTCCAAGTATTGTTCCTGAATGGTATCTTTTACC
TTTCTATGCAATCTTGTGATCTATTTCGAATAAATTATTTGGAGTTGTGGCTATGTTAG
CTGCTATTCTTATTCTTTTTGTTTTACCTCTTGTGGATTTATCTTGAATTTGAGGTTCTG
CTTTTAGACCTCTATAGGCAAGG

```
Query  39   ATTTGTTCTGCCTTTTGGTCAAATGTCATTGTGCGGGAGCGACTGTTATTACTAATTTGA  98
            || |||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  312  ATATGTTCTGCCTTTTGGTCAAATGTCATTGTG-GGGAGCGACTGTTATTACTAATTTGA  370

Query  99   TGTCTGCTATACCTTGGATTGGTAATGATATTGTGAATTTTATTTGGGGTGGGTTCTCTG  158
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  371  TGTCTGCTATACCTTGGATTGGTAATGATATTGTGAATTTTATTTGGGGTGGGTTCTCTG  430

Query  159  TTAATCATGCTACTCTGAATTGATTCTTCTCTTTACATTATTTATTGCCTTTTGTTTTAT  218
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  431  TTAATCATGCTACTCTGAATTGATTCTTCTCTTTACATTATTTATTGCCTTTTGTTTTAT  490

Query  219  TGGCTTTAGTTGTTGCTCATTTAATCTCTTTACATGTTCATGGAAGTAGTAATCCTCTGG  278
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  491  TGGCTTTAGTTGTTGCTCATTTAATCTCTTTACATGTTCATGGAAGTAGTAATCCTCTGG  550

Query  279  GTGTTACTGGTAATTCAGATCGTCTGCCTTTCCATCCCTATTTCTCATTTAAAGATTTAG  338
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  551  GTGTTACTGGTAATTCAGATCGTCTGCCTTTCCATCCCTATTTCTCATTTAAAGATTTAG  610

Query  339  TTACTGTTTTTTTATTTTTATTAGCTTTATCTTTCTTTGTGTTTTATGCTCCTAATGTCT  398
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  611  TTACTGTTTTTTTATTTTTATTAGCTTTATCTTTCTTTGTGTTTTATGCTCCTAATGTCT  670

Query  399  TGGGACATAGTGATAATTATATTATGGCTAATCCTATGGCTACTCCTCCAAGTATTGTTC  458
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  671  TGGGACATAGTGATAATTATATTATGGCTAATCCTATGGCTACTCCTCCAAGTATTGTTC  730

Query  459  CTGAATGGTATCTTTTACCTTTCTATGCAATCTTGTGATCTATTTCGAATAAATTATTTG  518
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  731  CTGAATGGTATCTTTTACCTTTCTATGCAATCTTGTGATCTATTTCGAATAAATTATTTG  790

Query  519  GAGTTGTGGCTATGTTAGCTGCTATTCTTATTCTTTTTGTTTTACCTCTTGTGGATTTAT  578
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||  ||||||||||||||||||
Sbjct  791  GAGTTGTGGCTATGTTAGCTGCTATTCTTATTCTTTTTGTTGGACCTCTTGTGGATTTAT  850

Query  579  CTTGAATTTGAGGTTCTGCTTTTAGACCTCTATAG  613
            ||||||||||||||||||||||||||||||| |||
Sbjct  851  CTTGAATTTGAGGTTCTGCTTTTAGACCTCT-TAG  884
```

Tablo A.36

CYB-42-R
TATGAGCCCTCGTACAGTGTTCCCAACGAGATTCTAGCAGACTAGCATAGCCACAACT CCAGGGAATTTATCTCGAAATAGATCACAAGATTGCATAGAAAGGTAAAAGATACCA TTCAGGAACAATACTTGGAGGAGTAGCCATAGGATTAGCCATAATATAATTATCACTA TGTCCCAAGACATTAGGAGCATAAAACACAAAGAAAGATAAAGCTAATAAAAATAA AAAAACAGTAACTAAATCTTTAAATGAGAAATAGGGATGGAAAGGCAGACGATCTGA ATTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTACTTCCATGAACATGTAAAGAGATTAAATG AGCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCAATAAATAATGTAAAGAGAAGAATC AATTCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCCAAATAAAATTCACAATATCAT TACCAATCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAACAGTCGCTCCCCACAATG ACATTTGACCAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAACAATCATAATTAAGA AAATAACTACACCAATAGACCAAACGAGAATTCTG

```
Query  35   TAGCAGACTAGCATAGCCACAACTCCAGGGAATTTATCTCGAAATAGATCACAAGATTGC  94
            |||||| ||| ||||||||||||||||   ||||||| ||||||||||||||||||||||
Sbjct  814  TAGCAG-CTAACATAGCCACAACTCCAAATAATTTAT-TCGAAATAGATCACAAGATTGC  757

Query  95   ATAGAAAGGTAAAAGATACCATTCAGGAACAATACTTGGAGGAGTAGCCATAGGATTAGC  154
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  756  ATAGAAAGGTAAAAGATACCATTCAGGAACAATACTTGGAGGAGTAGCCATAGGATTAGC  697

Query  155  CATAATATAATTATCACTATGTCCCAAGACATTAGGAGCATAAAACACAAAGAAAGATAA  214
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  696  CATAATATAATTATCACTATGTCCCAAGACATTAGGAGCATAAAACACAAAGAAAGATAA  637

Query  215  AGCTAATAAAAATAAAAAAACAGTAACTAAATCTTTAAATGAGAAATAGGGATGGAAAGG  274
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  636  AGCTAATAAAAATAAAAAAACAGTAACTAAATCTTTAAATGAGAAATAGGGATGGAAAGG  577

Query  275  CAGACGATCTGAATTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTACTTCCATGAACATGTAAAGA  334
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  576  CAGACGATCTGAATTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTACTTCCATGAACATGTAAAGA  517

Query  335  GATTAAATGAGCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCAATAAATAATGTAAAGAGAA  394
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  516  GATTAAATGAGCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCAATAAATAATGTAAAGAGAA  457

Query  395  GAATCAATTCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCCAAATAAAATTCACAATATC  454
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  456  GAATCAATTCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCCAAATAAAATTCACAATATC  397

Query  455  ATTACCAATCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAACAGTCGCTCCCCACAATGA  514
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  396  ATTACCAATCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAACAGTCGCTCCCCACAATGA  337

Query  515  CATTTGACCAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAACAATCATAATTAAGAAAAT  574
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||
Sbjct  336  CATTTGACCAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAACAATCATAATTAAGAAGAT  277

Query  575  AACTACACCAATAGACCAAACGAGAATTCTG  605
            |||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  276  AACTACACCAATAGACCAAACGAGAATTCTG  246
```

Tablo A.37

CYB-43-F

AGACTGCGTAGACTCATAGGCTGTTCTGCCTTTCTATCGCGCATTTGTTCTGCCTTTTG
GTCAAATGTCATTGTGGGGAGCGACTGTTATTACTAATTTGATGTCTGCTATACCTTGG
ATTGGTAATGATATTGTGAATTTTATTTGGGGTGGGTTCTCTGTTAATCATGCTACTCT
GAATTGATTCTTCTCTTTACATTATTTATTGCCTTTTGTTTTATTGGCTTTAGTTGTTGC
TCATTTAATCTCTTTACATGTTCATGGAAGTAGTAATCCTCTGGGTGTTACTGGTAATT
CAGATCGTCTGCCTTTCCATCCCTATTTCTCATTTAAAGATTTAGTTACTGTTTTTTTAT
TTTTATTAGCTTTATCTTTCTTTGTGTTTTATGCTCCTAATGTCTTGGGACATAGTGATA
ATTATATTATGGCTAATCCTATGGCTACTCCTCCAAGTATTGTTCCTGAATGGTATCTT
TTACCTTTCTATGCAATCTTGTGATCTATTTCGAATAAATTATTTGGAGTTGTGGCTAT
GTTAGCTGCTATTCTTATTCTTTTTGTTTTACCTTTTGTGGATTTATCTTGAATTTGAGG
TTCTGCTTTAAAAAACCCTCTAAAAGAATTTACGGGA

```
Query  22   TGTT-CTGCCTTTCTATCGCGCATTTGTTCTGCCTTTTGGTCAAATGTCATTGTGGGGAG  80
            |||| ||| |||||| | | | || |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  294  TGTTACTG-CTTTCT-T-G-GGATATGTTCTGCCTTTTGGTCAAATGTCATTGTGGGGAG  349

Query  81   CGACTGTTATTACTAATTTGATGTCTGCTATACCTTGGATTGGTAATGATATTGTGAATT  140
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  350  CGACTGTTATTACTAATTTGATGTCTGCTATACCTTGGATTGGTAATGATATTGTGAATT  409

Query  141  TTATTTGGGGTGGGTTCTCTGTTAATCATGCTACTCTGAATTGATTCTTCTCTTTACATT  200
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  410  TTATTTGGGGTGGGTTCTCTGTTAATCATGCTACTCTGAATTGATTCTTCTCTTTACATT  469

Query  201  ATTTATTGCCTTTTGTTTTATTGGCTTTAGTTGTTGCTCATTTAATCTCTTTACATGTTC  260
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  470  ATTTATTGCCTTTTGTTTTATTGGCTTTAGTTGTTGCTCATTTAATCTCTTTACATGTTC  529

Query  261  ATGGAAGTAGTAATCCTCTGGGTGTTACTGGTAATTCAGATCGTCTGCCTTTCCATCCCT  320
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  530  ATGGAAGTAGTAATCCTCTGGGTGTTACTGGTAATTCAGATCGTCTGCCTTTCCATCCCT  589

Query  321  ATTTCTCATTTAAAGATTTAGTTACTGTTTTTTTATTTTTATTAGCTTTATCTTTCTTTG  380
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  590  ATTTCTCATTTAAAGATTTAGTTACTGTTTTTTTATTTTTATTAGCTTTATCTTTCTTTG  649

Query  381  TGTTTTATGCTCCTAATGTCTTGGGACATAGTGATAATTATATTATGGCTAATCCTATGG  440
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  650  TGTTTTATGCTCCTAATGTCTTGGGACATAGTGATAATTATATTATGGCTAATCCTATGG  709

Query  441  CTACTCCTCCAAGTATTGTTCCTGAATGGTATCTTTTACCTTTCTATGCAATCTTGTGAT  500
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  710  CTACTCCTCCAAGTATTGTTCCTGAATGGTATCTTTTACCTTTCTATGCAATCTTGTGAT  769

Query  501  CTATTTCGAATAAATTATTTGGAGTTGTGGCTATGTTAGCTGCTATTCTTATTCTTTTTG  560
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  770  CTATTTCGAATAAATTATTTGGAGTTGTGGCTATGTTAGCTGCTATTCTTATTCTTTTTG  829

Query  561  TTTTACCTTTTGTGGATTTATCTTGAATTTGAGGTTCTGCTTT  603
            ||  |||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  830  TTGGACCTCTTGTGGATTTATCTTGAATTTGAGGTTCTGCTTT  872
```

Tablo A.38

CYB-43-R

TTCGAGCCACTTCTAACATCGTACACCAAGAGTGAGAACAGCGAGACTAACATAGCC
ACAACTCCAAGAGTGAATTTATTCGAAATAGATCACAAGATTGCATAGAAAGGTAAA
AGATACCATTCAGGAACAATACTTGGAGGAGTAGCCATAGGATTAGCCATAATATAA
TTATCACTATGTCCCAAGACATTAGGAGCATAAAACACAAAGAAAGATAAAGCTAAT
AAAAATAAAAAAACAGTAACTAAATCTTTAAATGAGAAATAGGGATGGAAAGGCAG
ACGATCTGAATTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTACTTCCATGAACATGTAAAGA
GATTAAATGAGCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCAATAAATAATGTAAAG
AGAAGAATCAATTCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCCAAATAAAATTCA
CAATATCATTACCAATCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAACAGTCGCTCC
CCACAATGACATTTGACCAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAACAATCAT
AATTAAGAAGATAACTACACCAATAGACCAACGAAAATAATTTCGTGGGGAAAAA

```
Query  28   AAGAGTGAGAACAGCGAGACTAACATAGCCACAACTCCAAGAGTGAATTTATTCGAAATA  87
            |||| | |||| ||| || ||||||||||||||||||||| | | |||||||||||||||
Sbjct  825  AAGAATAAGAATAGC-AG-CTAACATAGCCACAACTCCAA-A-T-AATTTATTCGAAATA  771

Query  88   GATCACAAGATTGCATAGAAAGGTAAAAGATACCATTCAGGAACAATACTTGGAGGAGTA  147
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  770  GATCACAAGATTGCATAGAAAGGTAAAAGATACCATTCAGGAACAATACTTGGAGGAGTA  711

Query  148  GCCATAGGATTAGCCATAATATAATTATCACTATGTCCCAAGACATTAGGAGCATAAAAC  207
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  710  GCCATAGGATTAGCCATAATATAATTATCACTATGTCCCAAGACATTAGGAGCATAAAAC  651

Query  208  ACAAAGAAAGATAAAGCTAATAAAAATAAAAAAACAGTAACTAAATCTTTAAATGAGAAA  267
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  650  ACAAAGAAAGATAAAGCTAATAAAAATAAAAAAACAGTAACTAAATCTTTAAATGAGAAA  591

Query  268  TAGGGATGGAAAGGCAGACGATCTGAATTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTACTTCCA  327
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  590  TAGGGATGGAAAGGCAGACGATCTGAATTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTACTTCCA  531

Query  328  TGAACATGTAAAGAGATTAAATGAGCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCAATAAA  387
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  530  TGAACATGTAAAGAGATTAAATGAGCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCAATAAA  471

Query  388  TAATGTAAAGAGAAGAATCAATTCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCCAAATA  447
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  470  TAATGTAAAGAGAAGAATCAATTCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCCAAATA  411

Query  448  AAATTCACAATATCATTACCAATCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAACAGTC  507
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  410  AAATTCACAATATCATTACCAATCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAACAGTC  351

Query  508  GCTCCCCACAATGACATTTGACCAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAACAATC  567
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  350  GCTCCCCACAATGACATTTGACCAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAACAATC  291

Query  568  ATAATTAAGAAGATAACTACACCAATAGACCAA-CGAAAAT  607
            ||||||||||||||||||||||||||||||||| ||| |||
Sbjct  290  ATAATTAAGAAGATAACTACACCAATAGACCAAACGAGAAT  250
```

Tablo A.39

CYB-48-F

CAACGATCGACGTCATGGTGTTACTGCTTTCTTGGGATATGTTCTGCCTTTTGGTCAAA
TGTCATTGTGGGGAGCGACTGTTATTACTAATTTGATGTCTGCTATACCTTGGATTGGT
AATGATATTGTGAATTTTATTTGGGGTGGGTTCTCTGTTAATCATGCTACTCTGAATTG
ATTCTTCTCTTTACATTATTTATTGCCTTTTGTTTTATTGGCTTTAGTTGTTGCTCATTTA
ATCTCTTTACATGTTCATGGAAGTAGTAATCCTCTGGGTGTTACTGGTAATTCAGATCG
TCTGCCTTTCCATCCCTATTTCTCATTTAAAGATTTAGTTACTGTTTTTTTATTTTTATTA
GCTTTATCTTTCTTTGTGTTTTATGCTCCTAATGTCTTGGGACATAGTGATAATTATATT
ATGGCTAATCCTATGGCTACTCCTCCAAGTATTGTTCCTGAATGGTATCTTTTACCTTT
CTATGCAATCTTGTGATCTATTTCGAATAAATTATTTGGAGTTGTGGCTATGTTAGCTG
CTATTCTTATTCTTTTTGTTTTACCTTTTGTGGATTTATCTTGAATTTGAGGTTCTGCTG
AAAAAACCTTCTTAAACCGAAAG

```
Query  19   TGTTACTGCTTTCTTGGGATATGTTCTGCCTTTTGGTCAAATGTCATTGTGGGGAGCGAC  78
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  294  TGTTACTGCTTTCTTGGGATATGTTCTGCCTTTTGGTCAAATGTCATTGTGGGGAGCGAC  353

Query  79   TGTTATTACTAATTTGATGTCTGCTATACCTTGGATTGGTAATGATATTGTGAATTTTAT  138
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  354  TGTTATTACTAATTTGATGTCTGCTATACCTTGGATTGGTAATGATATTGTGAATTTTAT  413

Query  139  TTGGGGTGGGTTCTCTGTTAATCATGCTACTCTGAATTGATTCTTCTCTTTACATTATTT  198
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  414  TTGGGGTGGGTTCTCTGTTAATCATGCTACTCTGAATTGATTCTTCTCTTTACATTATTT  473

Query  199  ATTGCCTTTTGTTTTATTGGCTTTAGTTGTTGCTCATTTAATCTCTTTACATGTTCATGG  258
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  474  ATTGCCTTTTGTTTTATTGGCTTTAGTTGTTGCTCATTTAATCTCTTTACATGTTCATGG  533

Query  259  AAGTAGTAATCCTCTGGGTGTTACTGGTAATTCAGATCGTCTGCCTTTCCATCCCTATTT  318
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  534  AAGTAGTAATCCTCTGGGTGTTACTGGTAATTCAGATCGTCTGCCTTTCCATCCCTATTT  593

Query  319  CTCATTTAAAGATTTAGTTACTGTTTTTTTATTTTTATTAGCTTTATCTTTCTTTGTGTT  378
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  594  CTCATTTAAAGATTTAGTTACTGTTTTTTTATTTTTATTAGCTTTATCTTTCTTTGTGTT  653

Query  379  TTATGCTCCTAATGTCTTGGGACATAGTGATAATTATATTATGGCTAATCCTATGGCTAC  438
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  654  TTATGCTCCTAATGTCTTGGGACATAGTGATAATTATATTATGGCTAATCCTATGGCTAC  713

Query  439  TCCTCCAAGTATTGTTCCTGAATGGTATCTTTTACCTTTCTATGCAATCTTGTGATCTAT  498
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  714  TCCTCCAAGTATTGTTCCTGAATGGTATCTTTTACCTTTCTATGCAATCTTGTGATCTAT  773

Query  499  TTCGAATAAATTATTTGGAGTTGTGGCTATGTTAGCTGCTATTCTTATTCTTTTTGTTTT  558
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  774  TTCGAATAAATTATTTGGAGTTGTGGCTATGTTAGCTGCTATTCTTATTCTTTTTGTTGG  833

Query  559  ACCTTTTGTGGATTTATCTTGAATTTGAGGTTCTGCT  595
            |||| ||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  834  ACCTCTTGTGGATTTATCTTGAATTTGAGGTTCTGCT  870
```

Tablo A.40

CYB-48-R

TCCGATCCACTACTAGCTCAACACAAAGAATAAGAATAGCGAGGACTAACATAGCCA
CAACTCCAAATAATTTATTCGAAATAGATCACAAGATTGCATAGAAAGGTAAAAGAT
ACCATTCAGGAACAATACTTGGAGGAGTAGCCATAGGATTAGCCATAATATAATTATC
ACTATGTCCCAAGACATTAGGAGCATAAAACACAAAGAAAGATAAAGCTAATAAAAA
TAAAAAAACAGTAACTAAATCTTTAAATGAGAAATAGGGATGGAAAGGCAGACGATC
TGAATTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTACTTCCATGAACATGTAAAGAGATTAA
ATGAGCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCAATAAATAATGTAAAGAGAAGA
ATCAATTCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCCAAATAAAATTCACAATAT
CATTACCAATCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAACAGTCGCTCCCCACAA
TGACATTTGACCAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAACAATCATAATTAA
GAAGATAACTACACCAATAGACCAAAAAAAAAATTCTCTCGGGGAAGAA

```
Query  19   CAACACAAAGAATAAGAATAGCGAGGACTAACATAGCCACAACTCCAAATAATTTATTCG  78
            ||||| |||||||||||||||| | | |||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  832  CAACAAAAAGAATAAGAATAGC-A-G-CTAACATAGCCACAACTCCAAATAATTTATTCG  776

Query  79   AAATAGATCACAAGATTGCATAGAAAGGTAAAAGATACCATTCAGGAACAATACTTGGAG  138
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  775  AAATAGATCACAAGATTGCATAGAAAGGTAAAAGATACCATTCAGGAACAATACTTGGAG  716

Query  139  GAGTAGCCATAGGATTAGCCATAATATAATTATCACTATGTCCCAAGACATTAGGAGCAT  198
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  715  GAGTAGCCATAGGATTAGCCATAATATAATTATCACTATGTCCCAAGACATTAGGAGCAT  656

Query  199  AAAACACAAAGAAAGATAAAGCTAATAAAAATAAAAAAACAGTAACTAAATCTTTAAATG  258
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  655  AAAACACAAAGAAAGATAAAGCTAATAAAAATAAAAAAACAGTAACTAAATCTTTAAATG  596

Query  259  AGAAATAGGGATGGAAAGGCAGACGATCTGAATTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTAC  318
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  595  AGAAATAGGGATGGAAAGGCAGACGATCTGAATTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTAC  536

Query  319  TTCCATGAACATGTAAAGAGATTAAATGAGCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCA  378
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  535  TTCCATGAACATGTAAAGAGATTAAATGAGCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCA  476

Query  379  ATAAATAATGTAAAGAGAAGAATCAATTCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCC  438
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  475  ATAAATAATGTAAAGAGAAGAATCAATTCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCC  416

Query  439  AAATAAAATTCACAATATCATTACCAATCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAA  498
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  415  AAATAAAATTCACAATATCATTACCAATCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAA  356

Query  499  CAGTCGCTCCCCACAATGACATTTGACCAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAA  558
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  355  CAGTCGCTCCCCACAATGACATTTGACCAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAA  296

Query  559  CAATCATAATTAAGAAGATAACTACACCAATAGACCAAA  597
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  295  CAATCATAATTAAGAAGATAACTACACCAATAGACCAAA  257
```

Tablo A.41

CYB-54-F

GGACTAATTAGACTCATAGGCTGTTACTGCTTTCTATCGCGCATTTGTTCTGCCTTTTG
GTCAAATGTCATTGTGGGGAGCGACTGTTATTACTAATTTGATGTCTGCTATACCTTGG
ATTGGTAATGATATTGTGAATTTTATTTGGGGTGGGTTCTCTGTTAATCATGCTACTCT
GAATTGATTCTTCTCTTTACATTATTTATTGCCTTTTGTTTTATTGGCTTTAGTTGTTGC
TCATTTAATCTCTTTACATGTTCATGGAAGTAGTAATCCTCTGGGTGTTACTGGTAATT
CAGATCGTCTGCCTTTCCATCCCTATTTCTCATTTAAAGATTTAGTTACTGTTTTTTTAT
TTTTATTAGCTTTATCTTTCTTTGTGTTTTATGCTCCTAATGTCTTGGGACATAGTGATA
ATTATATTATGGCTAATCCTATGGCTACTCCTCCAAGTATTGTTCCTGAATGGTATCTT
TTACCTTTCTATGCAATCTTGTGATCTATTTCGAATAAATTATTTGGAGTTGTGGCTAT
GTTAGCTGCTATTCTTATTCTTTTTGTTTTACCTCTTGTGGATTTATCTTGAATTTGAGG
TTCTGCTAAAAAAACTCTCTATAACGCTTAA

```
Query  22   TGTTACTGCTTTCTATCGCGCATTTGTTCTGCCTTTTGGTCAAATGTCATTGTGGGGAGC  81
            |||||||||||||| | | | || ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  294  TGTTACTGCTTTCT-T-G-GGATATGTTCTGCCTTTTGGTCAAATGTCATTGTGGGGAGC  350

Query  82   GACTGTTATTACTAATTTGATGTCTGCTATACCTTGGATTGGTAATGATATTGTGAATTT  141
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  351  GACTGTTATTACTAATTTGATGTCTGCTATACCTTGGATTGGTAATGATATTGTGAATTT  410

Query  142  TATTTGGGGTGGGTTCTCTGTTAATCATGCTACTCTGAATTGATTCTTCTCTTTACATTA  201
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  411  TATTTGGGGTGGGTTCTCTGTTAATCATGCTACTCTGAATTGATTCTTCTCTTTACATTA  470

Query  202  TTTATTGCCTTTTGTTTTATTGGCTTTAGTTGTTGCTCATTTAATCTCTTTACATGTTCA  261
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  471  TTTATTGCCTTTTGTTTTATTGGCTTTAGTTGTTGCTCATTTAATCTCTTTACATGTTCA  530

Query  262  TGGAAGTAGTAATCCTCTGGGTGTTACTGGTAATTCAGATCGTCTGCCTTTCCATCCCTA  321
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  531  TGGAAGTAGTAATCCTCTGGGTGTTACTGGTAATTCAGATCGTCTGCCTTTCCATCCCTA  590

Query  322  TTTCTCATTTAAAGATTTAGTTACTGTTTTTTTATTTTTATTAGCTTTATCTTTCTTTGT  381
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  591  TTTCTCATTTAAAGATTTAGTTACTGTTTTTTTATTTTTATTAGCTTTATCTTTCTTTGT  650

Query  382  GTTTTATGCTCCTAATGTCTTGGGACATAGTGATAATTATATTATGGCTAATCCTATGGC  441
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  651  GTTTTATGCTCCTAATGTCTTGGGACATAGTGATAATTATATTATGGCTAATCCTATGGC  710

Query  442  TACTCCTCCAAGTATTGTTCCTGAATGGTATCTTTTACCTTTCTATGCAATCTTGTGATC  501
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  711  TACTCCTCCAAGTATTGTTCCTGAATGGTATCTTTTACCTTTCTATGCAATCTTGTGATC  770

Query  502  TATTTCGAATAAATTATTTGGAGTTGTGGCTATGTTAGCTGCTATTCTTATTCTTTTTGT  561
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  771  TATTTCGAATAAATTATTTGGAGTTGTGGCTATGTTAGCTGCTATTCTTATTCTTTTTGT  830

Query  562  TTTACCTCTTGTGGATTTATCTTGAATTTGAGGTTCTGCT  601
            |  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  831  TGGACCTCTTGTGGATTTATCTTGAATTTGAGGTTCTGCT  870
```

Tablo A.42

CYB-54-R

TCCGATCCACTACGTAAGTATTGACCAAAGAATAAGAACTAGCAGGACTAACATAGC
CACAACTCCAAATAATTTATTCGAAATAGATCACAAGATTGCATAGAAAGGTAAAAG
ATACCATTCAGGAACAATACTTGGAGGAGTAGCCATAGGATTAGCCATAATATAATT
ATCACTATGTCCCAAGACATTAGGAGCATAAAACACAAAGAAAGATAAAGCTAATAA
AAATAAAAAAACAGTAACTAAATCTTTAAATGAGAAATAGGGATGGAAAGGCAGAC
GATCTGAATTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTACTTCCATGAACATGTAAAGAGAT
TAAATGAGCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCAATAAATAATGTAAAGAGA
AGAATCAATTCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCCAAATAAAATTCACAA
TATCATTACCAATCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAACAGTCGCTCCCCA
CAATGACATTTGACCAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAACAATCATAAT
TAAGAAGATAACTACACCAATAGACCAAACGAAAATTTTTCTGGGAGAA

```
Query  27   AAAGAATAAGAACTAGCAGGACTAACATAGCCACAACTCCAAATAATTTATTCGAAATAG  86
            |||||||||||| ||||| | |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  826  AAAGAATAAGAA-TAGCA-G-CTAACATAGCCACAACTCCAAATAATTTATTCGAAATAG  770

Query  87   ATCACAAGATTGCATAGAAAGGTAAAAGATACCATTCAGGAACAATACTTGGAGGAGTAG  146
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  769  ATCACAAGATTGCATAGAAAGGTAAAAGATACCATTCAGGAACAATACTTGGAGGAGTAG  710

Query  147  CCATAGGATTAGCCATAATATAATTATCACTATGTCCCAAGACATTAGGAGCATAAAACA  206
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  709  CCATAGGATTAGCCATAATATAATTATCACTATGTCCCAAGACATTAGGAGCATAAAACA  650

Query  207  CAAAGAAAGATAAAGCTAATAAAAATAAAAAAACAGTAACTAAATCTTTAAATGAGAAAT  266
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  649  CAAAGAAAGATAAAGCTAATAAAAATAAAAAAACAGTAACTAAATCTTTAAATGAGAAAT  590

Query  267  AGGGATGGAAAGGCAGACGATCTGAATTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTACTTCCAT  326
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  589  AGGGATGGAAAGGCAGACGATCTGAATTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTACTTCCAT  530

Query  327  GAACATGTAAAGAGATTAAATGAGCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCAATAAAT  386
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  529  GAACATGTAAAGAGATTAAATGAGCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCAATAAAT  470

Query  387  AATGTAAAGAGAAGAATCAATTCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCCAAATAA  446
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  469  AATGTAAAGAGAAGAATCAATTCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCCAAATAA  410

Query  447  AATTCACAATATCATTACCAATCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAACAGTCG  506
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  409  AATTCACAATATCATTACCAATCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAACAGTCG  350

Query  507  CTCCCCACAATGACATTTGACCAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAACAATCA  566
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  349  CTCCCCACAATGACATTTGACCAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAACAATCA  290

Query  567  TAATTAAGAAGATAACTACACCAATAGACCAAACGAAAATT  607
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||
Sbjct  289  TAATTAAGAAGATAACTACACCAATAGACCAAACGAGAATT  249
```

Tablo A.43

CYB-59-F

GAACTAAGTTCGTGTCATGTTGTTACTGCTTTCTTGGGATAGTTCTGCCTTTTGGTCAA
ATGTCATTGTGGGGAGCGACTGTTATTACTAATTTGATGTCTGCTATACCTTGGATTGG
TAATGATATTGTGAATTTTATTTGGGGTGGGTTCTCTGTTAATCATGCTACTCTGAATT
GATTCTTCTCTTTACATTATTTATTGCCTTTTGTTTTATTGGCTTTAGTTGTTGCTCATTT
AATCTCTTTACATGTTCATGGAAGTAGTAATCCTCTGGGTGTTACTGGTAATTCAGATC
GTCTGCCTTTCCATCCCTATTTCTCATTTAAAGATTTAGTTACTGTTTTTTTATTTTTATT
AGCTTTATCTTTCTTTGTGTTTTATGCTCCTAATGTCTTGGGACATAGTGATAATTATAT
TATGGCTAATCCTATGGCTACTCCTCCAAGTATTGTTCCTGAATGGTATCTTTTACCTT
TCTATGCAATCTTGTGATCTATTTCGAATAAATTATTTGGAGTTGTGGCTATGTTAGCT
GCTATTCTTATTCTTTTTGTTTTACCTTTTGTGGATTTATCTTGAATTTGAGGTTCTGCT
TAAAAACCCCTCTTTTACCCTAAA

```
Query  17   ATG-TTGTTACTGCTTTCTTGGGATA-GTTCTGCCTTTTGGTCAAATGTCATTGTGGGGA  74
            ||| |||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  289  ATGATTGTTACTGCTTTCTTGGGATATGTTCTGCCTTTTGGTCAAATGTCATTGTGGGGA  348

Query  75   GCGACTGTTATTACTAATTTGATGTCTGCTATACCTTGGATTGGTAATGATATTGTGAAT  134
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  349  GCGACTGTTATTACTAATTTGATGTCTGCTATACCTTGGATTGGTAATGATATTGTGAAT  408

Query  135  TTTATTTGGGGTGGGTTCTCTGTTAATCATGCTACTCTGAATTGATTCTTCTCTTTACAT  194
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  409  TTTATTTGGGGTGGGTTCTCTGTTAATCATGCTACTCTGAATTGATTCTTCTCTTTACAT  468

Query  195  TATTTATTGCCTTTTGTTTTATTGGCTTTAGTTGTTGCTCATTTAATCTCTTTACATGTT  254
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  469  TATTTATTGCCTTTTGTTTTATTGGCTTTAGTTGTTGCTCATTTAATCTCTTTACATGTT  528

Query  255  CATGGAAGTAGTAATCCTCTGGGTGTTACTGGTAATTCAGATCGTCTGCCTTTCCATCCC  314
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  529  CATGGAAGTAGTAATCCTCTGGGTGTTACTGGTAATTCAGATCGTCTGCCTTTCCATCCC  588

Query  315  TATTTCTCATTTAAAGATTTAGTTACTGTTTTTTTATTTTTATTAGCTTTATCTTTCTTT  374
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  589  TATTTCTCATTTAAAGATTTAGTTACTGTTTTTTTATTTTTATTAGCTTTATCTTTCTTT  648

Query  375  GTGTTTTATGCTCCTAATGTCTTGGGACATAGTGATAATTATATTATGGCTAATCCTATG  434
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  649  GTGTTTTATGCTCCTAATGTCTTGGGACATAGTGATAATTATATTATGGCTAATCCTATG  708

Query  435  GCTACTCCTCCAAGTATTGTTCCTGAATGGTATCTTTTACCTTTCTATGCAATCTTGTGA  494
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  709  GCTACTCCTCCAAGTATTGTTCCTGAATGGTATCTTTTACCTTTCTATGCAATCTTGTGA  768

Query  495  TCTATTTCGAATAAATTATTTGGAGTTGTGGCTATGTTAGCTGCTATTCTTATTCTTTTT  554
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  769  TCTATTTCGAATAAATTATTTGGAGTTGTGGCTATGTTAGCTGCTATTCTTATTCTTTTT  828

Query  555  GTTTTACCTTTTGTGGATTTATCTTGAATTTGAGGTTCTGCTT  597
            |||  |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  829  GTTGGACCTCTTGTGGATTTATCTTGAATTTGAGGTTCTGCTT  871
```

Tablo A.44

CYB-59-R

TACGATCCACTCTAGCTCTTCCAAAGAATAAGAATAGCAGGACTAACATAGCCACAA
CTCCAAATAATTTATTCGAAATAGATCACAAGATTGCATAGAAAGGTAAAAGATACC
ATTCAGGAACAATACTTGGAGGAGTAGCCATAGGATTAGCCATAATATAATTATCACT
ATGTCCCAAGACATTAGGAGCATAAAACACAAAGAAAGATAAAGCTAATAAAAATA
AAAAAACAGTAACTAAATCTTTAAATGAGAAATAGGGATGGAAAGGCAGACGATCTG
AATTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTACTTCCATGAACATGTAAAGAGATTAAAT
GAGCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCAATAAATAATGTAAAGAGAAGAAT
CAATTCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCCAAATAAAATTCACAATATCA
TTACCAATCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAACAGTCGCTCCCCACAATG
ACATTTGACCAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAACAATCATAATTAAGA
AGATAACTACACCAATAGACCAAACGAAAATTTCTGTGGGAGGGA

```
Query  23   AAAGAATAAGAATAGCAGGACTAACATAGCCACAACTCCAAATAATTTATTCGAAATAGA  82
            ||||||||||||||||||  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  826  AAAGAATAAGAATAGCAG--CTAACATAGCCACAACTCCAAATAATTTATTCGAAATAGA  769

Query  83   TCACAAGATTGCATAGAAAGGTAAAAGATACCATTCAGGAACAATACTTGGAGGAGTAGC  142
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  768  TCACAAGATTGCATAGAAAGGTAAAAGATACCATTCAGGAACAATACTTGGAGGAGTAGC  709

Query  143  CATAGGATTAGCCATAATATAATTATCACTATGTCCCAAGACATTAGGAGCATAAAACAC  202
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  708  CATAGGATTAGCCATAATATAATTATCACTATGTCCCAAGACATTAGGAGCATAAAACAC  649

Query  203  AAAGAAAGATAAAGCTAATAAAAATAAAAAAACAGTAACTAAATCTTTAAATGAGAAATA  262
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  648  AAAGAAAGATAAAGCTAATAAAAATAAAAAAACAGTAACTAAATCTTTAAATGAGAAATA  589

Query  263  GGGATGGAAAGGCAGACGATCTGAATTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTACTTCCATG  322
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  588  GGGATGGAAAGGCAGACGATCTGAATTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTACTTCCATG  529

Query  323  AACATGTAAAGAGATTAAATGAGCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCAATAAATA  382
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  528  AACATGTAAAGAGATTAAATGAGCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCAATAAATA  469

Query  383  ATGTAAAGAGAAGAATCAATTCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCCAAATAAA  442
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  468  ATGTAAAGAGAAGAATCAATTCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCCAAATAAA  409

Query  443  ATTCACAATATCATTACCAATCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAACAGTCGC  502
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  408  ATTCACAATATCATTACCAATCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAACAGTCGC  349

Query  503  TCCCCACAATGACATTTGACCAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAACAATCAT  562
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  348  TCCCCACAATGACATTTGACCAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAACAATCAT  289

Query  563  AATTAAGAAGATAACTACACCAATAGACCAAACGAAAATTTCTG  606
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||  |||
Sbjct  288  AATTAAGAAGATAACTACACCAATAGACCAAACGAGAATT-CTG  246
```

Tablo A.45

CYB-60-F

GGACGCTCGACTATGGTGTTCTGCTTTTCACCGTCATTTGTTCTGCCTTTTGGTCAAAT
GTCATTGTGGGGAGCGACTGTTATTACTAATTTGATGTCTGCTATACCTTGGATTGGTA
ATGATATTGTGAATTTTATTTGGGGTGGGTTCTCTGTTAATCATGCTACTCTGAATTGA
TTCTTCTCTTTACATTATTTATTGCCTTTTGTTTTATTGGCTTTAGTTGTTGCTCATTTAA
TCTCTTTACATGTTCATGGAAGTAGTAATCCTCTGGGTGTTACTGGTAATTCAGATCGT
CTGCCTTTCCATCCCTATTTCTCATTTAAAGATTTAGTTACTGTTTTTTTATTTTTATTA
GCTTTATCTTTCTTTGTGTTTTATGCTCCTAATGTCTTGGGACATAGTGATAATTATATT
ATGGCTAATCCTATGGCTACTCCTCCAAGTATTGTTCCTGAATGGTATCTTTTACCTTT
CTATGCAATCTTGTGATCTATTTCGAATAAATTATTTGGAGTTGTGGCTATGTTAGCTG
CTATTCTTATTCTTTTTGTTTTACCTTTTGTGGATTTATCTTGAATTTGAGGTTCTGCTTT
TAAACCTCTTAA

```
Query  36   ATTTGTTCTGCCTTTTGGTCAAATGTCATTGTGGGGAGCGACTGTTATTACTAATTTGAT  95
            || ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  312  ATATGTTCTGCCTTTTGGTCAAATGTCATTGTGGGGAGCGACTGTTATTACTAATTTGAT  371

Query  96   GTCTGCTATACCTTGGATTGGTAATGATATTGTGAATTTTATTTGGGGTGGGTTCTCTGT  155
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  372  GTCTGCTATACCTTGGATTGGTAATGATATTGTGAATTTTATTTGGGGTGGGTTCTCTGT  431

Query  156  TAATCATGCTACTCTGAATTGATTCTTCTCTTTACATTATTTATTGCCTTTTGTTTTATT  215
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  432  TAATCATGCTACTCTGAATTGATTCTTCTCTTTACATTATTTATTGCCTTTTGTTTTATT  491

Query  216  GGCTTTAGTTGTTGCTCATTTAATCTCTTTACATGTTCATGGAAGTAGTAATCCTCTGGG  275
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  492  GGCTTTAGTTGTTGCTCATTTAATCTCTTTACATGTTCATGGAAGTAGTAATCCTCTGGG  551

Query  276  TGTTACTGGTAATTCAGATCGTCTGCCTTTCCATCCCTATTTCTCATTTAAAGATTTAGT  335
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  552  TGTTACTGGTAATTCAGATCGTCTGCCTTTCCATCCCTATTTCTCATTTAAAGATTTAGT  611

Query  336  TACTGTTTTTTTATTTTTATTAGCTTTATCTTTCTTTGTGTTTTATGCTCCTAATGTCTT  395
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  612  TACTGTTTTTTTATTTTTATTAGCTTTATCTTTCTTTGTGTTTTATGCTCCTAATGTCTT  671

Query  396  GGGACATAGTGATAATTATATTATGGCTAATCCTATGGCTACTCCTCCAAGTATTGTTCC  455
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  672  GGGACATAGTGATAATTATATTATGGCTAATCCTATGGCTACTCCTCCAAGTATTGTTCC  731

Query  456  TGAATGGTATCTTTTACCTTTCTATGCAATCTTGTGATCTATTTCGAATAAATTATTTGG  515
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  732  TGAATGGTATCTTTTACCTTTCTATGCAATCTTGTGATCTATTTCGAATAAATTATTTGG  791

Query  516  AGTTGTGGCTATGTTAGCTGCTATTCTTATTCTTTTTGTTTTACCTTTTGTGGATTTATC  575
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||  |||| |||||||||||||
Sbjct  792  AGTTGTGGCTATGTTAGCTGCTATTCTTATTCTTTTTGTTGGACCTCTTGTGGATTTATC  851

Query  576  TTGAATTTGAGGTTCTGCTTTTAAACCTCTTA  607
            ||||||||||||||||||||||| ||||||||
Sbjct  852  TTGAATTTGAGGTTCTGCTTTTAGACCTCTTA  883
```

Tablo A.46

CYB-60-R

GTATGACCGAAACCGCTTCCCAGCGTGAGATCAGCAGACTAACATAGCCACAACTCC
AAAGTGAATTTATTCGAAATAGATCACAAGATTGCATAGAAAGGTAAAAGATACCAT
TCAGGAACAATACTTGGAGGAGTAGCCATAGGATTAGCCATAATATAATTATCACTAT
GTCCCAAGACATTAGGAGCATAAAACACAAAGAAAGATAAAGCTAATAAAAATAAA
AAAACAGTAACTAAATCTTTAAATGAGAAATAGGGATGGAAAGGCAGACGATCTGAA
TTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTACTTCCATGAACATGTAAAGAGATTAAATGA
GCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCAATAAATAATGTAAAGAGAAGAATCA
ATTCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCCAAATAAAATTCACAATATCATT
ACCAATCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAACAGTCGCTCCCCACAATGA
CATTTGACCAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAACAATCATAATTAAGAA
GATAACTACACCAATAGACCAAACGAGAAATTCTGGGA

```
Query  33   AGCAGACTAACATAGCCACAACTCCAAAGTGAATTTATTCGAAATAGATCACAAGATTGC  92
            ||||| ||||||||||||||||||||| | ||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  813  AGCAG-CTAACATAGCCACAACTCCAAA-T-AATTTATTCGAAATAGATCACAAGATTGC  757

Query  93   ATAGAAAGGTAAAAGATACCATTCAGGAACAATACTTGGAGGAGTAGCCATAGGATTAGC  152
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  756  ATAGAAAGGTAAAAGATACCATTCAGGAACAATACTTGGAGGAGTAGCCATAGGATTAGC  697

Query  153  CATAATATAATTATCACTATGTCCCAAGACATTAGGAGCATAAAACACAAAGAAAGATAA  212
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  696  CATAATATAATTATCACTATGTCCCAAGACATTAGGAGCATAAAACACAAAGAAAGATAA  637

Query  213  AGCTAATAAAAATAAAAAAACAGTAACTAAATCTTTAAATGAGAAATAGGGATGGAAAGG  272
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  636  AGCTAATAAAAATAAAAAAACAGTAACTAAATCTTTAAATGAGAAATAGGGATGGAAAGG  577

Query  273  CAGACGATCTGAATTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTACTTCCATGAACATGTAAAGA  332
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  576  CAGACGATCTGAATTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTACTTCCATGAACATGTAAAGA  517

Query  333  GATTAAATGAGCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCAATAAATAATGTAAAGAGAA  392
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  516  GATTAAATGAGCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCAATAAATAATGTAAAGAGAA  457

Query  393  GAATCAATTCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCCAAATAAAATTCACAATATC  452
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  456  GAATCAATTCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCCAAATAAAATTCACAATATC  397

Query  453  ATTACCAATCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAACAGTCGCTCCCCACAATGA  512
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  396  ATTACCAATCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAACAGTCGCTCCCCACAATGA  337

Query  513  CATTTGACCAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAACAATCATAATTAAGAAGAT  572
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  336  CATTTGACCAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAACAATCATAATTAAGAAGAT  277

Query  573  AACTACACCAATAGACCAAACGAGAAATTCTGGGA  607
            |||||||||||||||||||||||||| ||||||||
Sbjct  276  AACTACACCAATAGACCAAACGAGAA-TTCTGGGA  243
```

Tablo A.47

CYB-63-F
CACTGATTAGTCTCATACTTGTTACTGCTTTCTACGCGGATTTGTTCTGCCTTTTGGTCA AATGTCATTGTGGGGAGCGACTGTTATTACTAATTTGATGTCTGCTATACCTTGGATTG GTAATGATATTGTGAATTTTATTTGGGGTGGGTTCTCTGTTAATCATGCTACTCTGAAT TGATTCTTCTCTTTACATTATTTATTGCCTTTTGTTTTATTGGCTTTAGTTGTTGCTCATT TAATCTCTTTACATGTTCATGGAAGTAGTAATCCTCTGGGTGTTACTGGTAATTCAGAT CGTCTGCCTTTCCATCCCTATTTCTCATTTAAAGATTTAGTTACTGTTTTTTTATTTTTA TTAGCTTTATCTTTCTTTGTGTTTTATGCTCCTAATGTCTTGGGACATAGTGATAATTAT ATTATGGCTAATCCTATGGCTACTCCTCCAAGTATTGTTCCTGAATGGTATCTTTTACC TTTCTATGCAATCTTGTGATCTATTTCGAATAAATTATTTGGAGTTGTGGCTATGTTAG CTGCTATTCTTATTCTTTTTGTTTTACCTTTTGTGGATTTATCTTGAATTTGAGGTCTGC TAAAAAACCCCCCCATTACGCTTAA

```
Query  19   TTGTTACTGCTTTCTACGCGGATTTGTTCTGCCTTTTGGTCAAATGTCATTGTGGGGAGC  78
            |||||||||||||||  | |||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  293  TTGTTACTGCTTTCT-TG-GGATATGTTCTGCCTTTTGGTCAAATGTCATTGTGGGGAGC  350

Query  79   GACTGTTATTACTAATTTGATGTCTGCTATACCTTGGATTGGTAATGATATTGTGAATTT  138
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  351  GACTGTTATTACTAATTTGATGTCTGCTATACCTTGGATTGGTAATGATATTGTGAATTT  410

Query  139  TATTTGGGGTGGGTTCTCTGTTAATCATGCTACTCTGAATTGATTCTTCTCTTTACATTA  198
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  411  TATTTGGGGTGGGTTCTCTGTTAATCATGCTACTCTGAATTGATTCTTCTCTTTACATTA  470

Query  199  TTTATTGCCTTTTGTTTTATTGGCTTTAGTTGTTGCTCATTTAATCTCTTTACATGTTCA  258
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  471  TTTATTGCCTTTTGTTTTATTGGCTTTAGTTGTTGCTCATTTAATCTCTTTACATGTTCA  530

Query  259  TGGAAGTAGTAATCCTCTGGGTGTTACTGGTAATTCAGATCGTCTGCCTTTCCATCCCTA  318
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  531  TGGAAGTAGTAATCCTCTGGGTGTTACTGGTAATTCAGATCGTCTGCCTTTCCATCCCTA  590

Query  319  TTTCTCATTTAAAGATTTAGTTACTGTTTTTTTATTTTTATTAGCTTTATCTTTCTTTGT  378
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  591  TTTCTCATTTAAAGATTTAGTTACTGTTTTTTTATTTTTATTAGCTTTATCTTTCTTTGT  650

Query  379  GTTTTATGCTCCTAATGTCTTGGGACATAGTGATAATTATATTATGGCTAATCCTATGGC  438
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  651  GTTTTATGCTCCTAATGTCTTGGGACATAGTGATAATTATATTATGGCTAATCCTATGGC  710

Query  439  TACTCCTCCAAGTATTGTTCCTGAATGGTATCTTTTACCTTTCTATGCAATCTTGTGATC  498
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  711  TACTCCTCCAAGTATTGTTCCTGAATGGTATCTTTTACCTTTCTATGCAATCTTGTGATC  770

Query  499  TATTTCGAATAAATTATTTGGAGTTGTGGCTATGTTAGCTGCTATTCTTATTCTTTTTGT  558
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  771  TATTTCGAATAAATTATTTGGAGTTGTGGCTATGTTAGCTGCTATTCTTATTCTTTTTGT  830

Query  559  TTTACCTTTTGTGGATTTATCTTGAATTTGAGGT-CTGCT  597
            |  |||| |||||||||||||||||||||||||| |||||
Sbjct  831  TGGACCTCTTGTGGATTTATCTTGAATTTGAGGTTCTGCT  870
```

Tablo A.48

CYB-63-R

TCCGATCCACTCTACCTCTACACAAAGAATAAGAATAGCAGACTAACATAGCCACAA
CTCCAAATAATTTATTCGAAATAGATCACAAGATTGCATAGAAAGGTAAAAGATACC
ATTCAGGAACAATACTTGGAGGAGTAGCCATAGGATTAGCCATAATATAATTATCACT
ATGTCCCAAGACATTAGGAGCATAAAACACAAAGAAAGATAAAGCTAATAAAAATA
AAAAAACAGTAACTAAATCTTTAAATGAGAAATAGGGATGGAAAGGCAGACGATCTG
AATTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTACTTCCATGAACATGTAAAGAGATTAAAT
GAGCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCAATAAATAATGTAAAGAGAAGAAT
CAATTCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCCAAATAAAATTCACAATATCA
TTACCAATCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAACAGTCGCTCCCCACAATG
ACATTTGACCAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAACAATCATAATTAAGA
AGATAACTACACCAATAGACCAAAGAAAATTTTCCGTGGGAGAAA

```
Query  20   ACACAAAGAATAAGAATAGCAGACTAACATAGCCACAACTCCAAATAATTTATTCGAAAT  79
            ||| |||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  830  ACAAAAAGAATAAGAATAGCAG-CTAACATAGCCACAACTCCAAATAATTTATTCGAAAT  772

Query  80   AGATCACAAGATTGCATAGAAAGGTAAAAGATACCATTCAGGAACAATACTTGGAGGAGT  139
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  771  AGATCACAAGATTGCATAGAAAGGTAAAAGATACCATTCAGGAACAATACTTGGAGGAGT  712

Query  140  AGCCATAGGATTAGCCATAATATAATTATCACTATGTCCCAAGACATTAGGAGCATAAAA  199
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  711  AGCCATAGGATTAGCCATAATATAATTATCACTATGTCCCAAGACATTAGGAGCATAAAA  652

Query  200  CACAAAGAAAGATAAAGCTAATAAAAATAAAAAAACAGTAACTAAATCTTTAAATGAGAA  259
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  651  CACAAAGAAAGATAAAGCTAATAAAAATAAAAAAACAGTAACTAAATCTTTAAATGAGAA  592

Query  260  ATAGGGATGGAAAGGCAGACGATCTGAATTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTACTTCC  319
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  591  ATAGGGATGGAAAGGCAGACGATCTGAATTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTACTTCC  532

Query  320  ATGAACATGTAAAGAGATTAAATGAGCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCAATAA  379
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  531  ATGAACATGTAAAGAGATTAAATGAGCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCAATAA  472

Query  380  ATAATGTAAAGAGAAGAATCAATTCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCCAAAT  439
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  471  ATAATGTAAAGAGAAGAATCAATTCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCCAAAT  412

Query  440  AAAATTCACAATATCATTACCAATCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAACAGT  499
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  411  AAAATTCACAATATCATTACCAATCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAACAGT  352

Query  500  CGCTCCCCACAATGACATTTGACCAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAACAAT  559
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  351  CGCTCCCCACAATGACATTTGACCAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAACAAT  292

Query  560  CATAATTAAGAAGATAACTACACCAATAGACCAAA-GAAAATT  601
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||| || ||||
Sbjct  291  CATAATTAAGAAGATAACTACACCAATAGACCAAACGAGAATT  249
```

Tablo A.49

CYB-65-F

GAATGCAGTTAGACTCATTGCTTGTTACTGCTTTCTTGGGATATGTTCTGCCTTTTGGT
CAAATGTCATTGTGGGGAGCGACTGTTATTACTAATTTGATGTCTGCTATACCTTGGAT
TGGTAATGATATTGTGAATTTTATTTGGGGTGGGTTCTCTGTTAATCATGCTACTCTGA
ATTGATTCTTCTCTTTACATTATTTATTGCCTTTTGTTTTATTGGCTTTAGTTGTTGCTCA
TTTAATCTCTTTACATGTTCATGGAAGTAGTAATCCTCTGGGTGTTACTGGTAATTCAG
ATCGTCTGCCTTTCCATCCCTATTTCTCATTTAAAGATTTAGTTACTGTTTTTTTATTTT
TATTAGCTTTATCTTTCTTTGTGTTTTATGCTCCTAATGTCTTGGGACATAGTGATAATT
ATATTATGGCTAATCCTATGGCTACTCCTCCAAGTATTGTTCCTGAATGGTATCTTTTA
CCTTTCTATGCAATCTTGTGATCTATTTCGAATAAATTATTTGGAGTTGTGGCTATGTT
AGCTGCTATTCTTATTCTTTTTGTTTTACCTCTTGTGGATTTATCTTGAATTTGAGTCCC
TGTAAAAAACCCCCTCATAAAAAATTAAAA

```
Query  19   TGCTTGTTACTGCTTTCTTGGGATATGTTCTGCCTTTTGGTCAAATGTCATTGTGGGGAG  78
            || |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  290  TGATTGTTACTGCTTTCTTGGGATATGTTCTGCCTTTTGGTCAAATGTCATTGTGGGGAG  349

Query  79   CGACTGTTATTACTAATTTGATGTCTGCTATACCTTGGATTGGTAATGATATTGTGAATT  138
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  350  CGACTGTTATTACTAATTTGATGTCTGCTATACCTTGGATTGGTAATGATATTGTGAATT  409

Query  139  TTATTTGGGGTGGGTTCTCTGTTAATCATGCTACTCTGAATTGATTCTTCTCTTTACATT  198
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  410  TTATTTGGGGTGGGTTCTCTGTTAATCATGCTACTCTGAATTGATTCTTCTCTTTACATT  469

Query  199  ATTTATTGCCTTTTGTTTTATTGGCTTTAGTTGTTGCTCATTTAATCTCTTTACATGTTC  258
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  470  ATTTATTGCCTTTTGTTTTATTGGCTTTAGTTGTTGCTCATTTAATCTCTTTACATGTTC  529

Query  259  ATGGAAGTAGTAATCCTCTGGGTGTTACTGGTAATTCAGATCGTCTGCCTTTCCATCCCT  318
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  530  ATGGAAGTAGTAATCCTCTGGGTGTTACTGGTAATTCAGATCGTCTGCCTTTCCATCCCT  589

Query  319  ATTTCTCATTTAAAGATTTAGTTACTGTTTTTTTATTTTTATTAGCTTTATCTTTCTTTG  378
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  590  ATTTCTCATTTAAAGATTTAGTTACTGTTTTTTTATTTTTATTAGCTTTATCTTTCTTTG  649

Query  379  TGTTTTATGCTCCTAATGTCTTGGGACATAGTGATAATTATATTATGGCTAATCCTATGG  438
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  650  TGTTTTATGCTCCTAATGTCTTGGGACATAGTGATAATTATATTATGGCTAATCCTATGG  709

Query  439  CTACTCCTCCAAGTATTGTTCCTGAATGGTATCTTTTACCTTTCTATGCAATCTTGTGAT  498
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  710  CTACTCCTCCAAGTATTGTTCCTGAATGGTATCTTTTACCTTTCTATGCAATCTTGTGAT  769

Query  499  CTATTTCGAATAAATTATTTGGAGTTGTGGCTATGTTAGCTGCTATTCTTATTCTTTTTG  558
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  770  CTATTTCGAATAAATTATTTGGAGTTGTGGCTATGTTAGCTGCTATTCTTATTCTTTTTG  829

Query  559  TTTTACCTCTTGTGGATTTATCTTGAATTTGAG  591
            ||  |||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  830  TTGGACCTCTTGTGGATTTATCTTGAATTTGAG  862
```

Tablo A.50

CYB-65-R

TCCGATCCACTTCGTAGTATACAAAAAGAATAAGAATAGCAGCTAACATAGCCACAA
CTCCAAATAATTTATTCGAAATAGATCACAAGATTGCATAGAAAGGTAAAAGATACC
ATTCAGGAACAATACTTGGAGGAGTAGCCATAGGATTAGCCATAATATAATTATCACT
ATGTCCCAAGACATTAGGAGCATAAAACACAAAGAAAGATAAAGCTAATAAAAATA
AAAAAACAGTAACTAAATCTTTAAATGAGAAATAGGGATGGAAAGGCAGACGATCTG
AATTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTACTTCCATGAACATGTAAAGAGATTAAAT
GAGCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCAATAAATAATGTAAAGAGAAGAAT
CAATTCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCCAAATAAAATTCACAATATCA
TTACCAATCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAACAGTCGCTCCCCACAATG
ACATTTGACCAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAACAATCATAATTAAGA
AAATAACTACACCAATAGACCAAAAAAAATATTTTGGGGGGGAAA

```
Query  21   ACAAAAAGAATAAGAATAGCAGCTAACATAGCCACAACTCCAAATAATTTATTCGAAATA  80
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  830  ACAAAAAGAATAAGAATAGCAGCTAACATAGCCACAACTCCAAATAATTTATTCGAAATA  771

Query  81   GATCACAAGATTGCATAGAAAGGTAAAAGATACCATTCAGGAACAATACTTGGAGGAGTA  140
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  770  GATCACAAGATTGCATAGAAAGGTAAAAGATACCATTCAGGAACAATACTTGGAGGAGTA  711

Query  141  GCCATAGGATTAGCCATAATATAATTATCACTATGTCCCAAGACATTAGGAGCATAAAAC  200
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  710  GCCATAGGATTAGCCATAATATAATTATCACTATGTCCCAAGACATTAGGAGCATAAAAC  651

Query  201  ACAAAGAAAGATAAAGCTAATAAAAATAAAAAAACAGTAACTAAATCTTTAAATGAGAAA  260
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  650  ACAAAGAAAGATAAAGCTAATAAAAATAAAAAAACAGTAACTAAATCTTTAAATGAGAAA  591

Query  261  TAGGGATGGAAAGGCAGACGATCTGAATTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTACTTCCA  320
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  590  TAGGGATGGAAAGGCAGACGATCTGAATTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTACTTCCA  531

Query  321  TGAACATGTAAAGAGATTAAATGAGCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCAATAAA  380
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  530  TGAACATGTAAAGAGATTAAATGAGCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCAATAAA  471

Query  381  TAATGTAAAGAGAAGAATCAATTCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCCAAATA  440
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  470  TAATGTAAAGAGAAGAATCAATTCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCCAAATA  411

Query  441  AAATTCACAATATCATTACCAATCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAACAGTC  500
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  410  AAATTCACAATATCATTACCAATCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAACAGTC  351

Query  501  GCTCCCCACAATGACATTTGACCAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAACAATC  560
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  350  GCTCCCCACAATGACATTTGACCAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAACAATC  291

Query  561  ATAATTAAGAAAATAACTACACCAATAGACCAAA  594
            ||||||||||| ||||||||||||||||||||||
Sbjct  290  ATAATTAAGAAGATAACTACACCAATAGACCAAA  257
```

Tablo A.51

CYB-68-F

CGACTGATTAGACTCATACTTGTTACTGCTTTCTACGCGCATTTGTTCTGCCTTTTGGT
CAAATGTCATTGTGGGGAGCGACTGTTATTACTAATTTGATGTCTGCTATACCTTGGAT
TGGTAATGATATTGTGAATTTTATTTGGGGTGGGTTCTCTGTTAATCATGCTACTCTGA
ATTGATTCTTCTCTTTACATTATTTATTGCCTTTTGTTTTATTGGCTTTAGTTGTTGCTCA
TTTAATCTCTTTACATGTTCATGGAAGTAGTAATCCTCTGGGTGTTACTGGTAATTCAG
ATCGTCTGCCTTTCCATCCCTATTTCTCATTTAAAGATTTAGTTACTGTTTTTTTATTTT
TATTAGCTTTATCTTTCTTTGTGTTTTATGCTCCTAATGTCTTGGGACATAGTGATAATT
ATATTATGGCTAATCCTATGGCTACTCCTCCAAGTATTGTTCCTGAATGGTATCTTTTA
CCTTTCTATGCAATCTTGTGATCTATTTCGAATAAATTATTTGGAGTTGTGGCTATGTT
AGCTGCTATTCTTATTCTTTTTGTTTTACCTCTTGTGGATTTATCTTGAATTTGAGGTCT
GTTAAAAAACACCCTCTTTAAATTTTA

```
Query  20   TTGTTACTGCTTTCTACGCGCATTTGTTCTGCCTTTTGGTCAAATGTCATTGTGGGGAGC  79
            |||||||||||||||  | | || ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  293  TTGTTACTGCTTTCT-TG-GGATATGTTCTGCCTTTTGGTCAAATGTCATTGTGGGGAGC  350

Query  80   GACTGTTATTACTAATTTGATGTCTGCTATACCTTGGATTGGTAATGATATTGTGAATTT  139
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  351  GACTGTTATTACTAATTTGATGTCTGCTATACCTTGGATTGGTAATGATATTGTGAATTT  410

Query  140  TATTTGGGGTGGGTTCTCTGTTAATCATGCTACTCTGAATTGATTCTTCTCTTTACATTA  199
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  411  TATTTGGGGTGGGTTCTCTGTTAATCATGCTACTCTGAATTGATTCTTCTCTTTACATTA  470

Query  200  TTTATTGCCTTTTGTTTTATTGGCTTTAGTTGTTGCTCATTTAATCTCTTTACATGTTCA  259
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  471  TTTATTGCCTTTTGTTTTATTGGCTTTAGTTGTTGCTCATTTAATCTCTTTACATGTTCA  530

Query  260  TGGAAGTAGTAATCCTCTGGGTGTTACTGGTAATTCAGATCGTCTGCCTTTCCATCCCTA  319
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  531  TGGAAGTAGTAATCCTCTGGGTGTTACTGGTAATTCAGATCGTCTGCCTTTCCATCCCTA  590

Query  320  TTTCTCATTTAAAGATTTAGTTACTGTTTTTTTATTTTTATTAGCTTTATCTTTCTTTGT  379
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  591  TTTCTCATTTAAAGATTTAGTTACTGTTTTTTTATTTTTATTAGCTTTATCTTTCTTTGT  650

Query  380  GTTTTATGCTCCTAATGTCTTGGGACATAGTGATAATTATATTATGGCTAATCCTATGGC  439
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  651  GTTTTATGCTCCTAATGTCTTGGGACATAGTGATAATTATATTATGGCTAATCCTATGGC  710

Query  440  TACTCCTCCAAGTATTGTTCCTGAATGGTATCTTTTACCTTTCTATGCAATCTTGTGATC  499
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  711  TACTCCTCCAAGTATTGTTCCTGAATGGTATCTTTTACCTTTCTATGCAATCTTGTGATC  770

Query  500  TATTTCGAATAAATTATTTGGAGTTGTGGCTATGTTAGCTGCTATTCTTATTCTTTTTGT  559
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  771  TATTTCGAATAAATTATTTGGAGTTGTGGCTATGTTAGCTGCTATTCTTATTCTTTTTGT  830

Query  560  TTTACCTCTTGTGGATTTATCTTGAATTTGAGGT-CTG  596
            |  ||||||||||||||||||||||||||||||| |||
Sbjct  831  TGGACCTCTTGTGGATTTATCTTGAATTTGAGGTTCTG  868
```

Tablo A.52

CYB-68-R
TTCGATCCACTCGTACAGTAGTACACCAAAGAATAAGAACTAGCAGGACTAACATAG CCACAACTCCAAATAATTTATTCGAAATAGATCACAAGATTGCATAGAAAGGTAAAA GATACCATTCAGGAACAATACTTGGAGGAGTAGCCATAGGATTAGCCATAATATAAT TATCACTATGTCCCAAGACATTAGGAGCATAAAACACAAAGAAAGATAAAGCTAATA AAAATAAAAAAACAGTAACTAAATCTTTAAATGAGAAATAGGGATGGAAAGGCAGA CGATCTGAATTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTACTTCCATGAACATGTAAAGAG ATTAAATGAGCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCAATAAATAATGTAAAGA GAAGAATCAATTCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCCAAATAAAATTCAC AATATCATTACCAATCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAACAGTCGCTCCC CACAATGACATTTGACCAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAACAATCATA ATTAAGAAGATAACTACACCAATAGACCAAACGAAAATTTCTGCGGGGAGGAA

```
Query  28   AAAGAATAAGAACTAGCAGGACTAACATAGCCACAACTCCAAATAATTTATTCGAAATAG  87
            |||||||||||| ||||| | |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  826  AAAGAATAAGAA-TAGCA-G-CTAACATAGCCACAACTCCAAATAATTTATTCGAAATAG  770

Query  88   ATCACAAGATTGCATAGAAAGGTAAAAGATACCATTCAGGAACAATACTTGGAGGAGTAG  147
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  769  ATCACAAGATTGCATAGAAAGGTAAAAGATACCATTCAGGAACAATACTTGGAGGAGTAG  710

Query  148  CCATAGGATTAGCCATAATATAATTATCACTATGTCCCAAGACATTAGGAGCATAAAACA  207
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  709  CCATAGGATTAGCCATAATATAATTATCACTATGTCCCAAGACATTAGGAGCATAAAACA  650

Query  208  CAAAGAAAGATAAAGCTAATAAAAATAAAAAAACAGTAACTAAATCTTTAAATGAGAAAT  267
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  649  CAAAGAAAGATAAAGCTAATAAAAATAAAAAAACAGTAACTAAATCTTTAAATGAGAAAT  590

Query  268  AGGGATGGAAAGGCAGACGATCTGAATTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTACTTCCAT  327
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  589  AGGGATGGAAAGGCAGACGATCTGAATTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTACTTCCAT  530

Query  328  GAACATGTAAAGAGATTAAATGAGCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCAATAAAT  387
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  529  GAACATGTAAAGAGATTAAATGAGCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCAATAAAT  470

Query  388  AATGTAAAGAGAAGAATCAATTCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCCAAATAA  447
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  469  AATGTAAAGAGAAGAATCAATTCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCCAAATAA  410

Query  448  AATTCACAATATCATTACCAATCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAACAGTCG  507
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  409  AATTCACAATATCATTACCAATCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAACAGTCG  350

Query  508  CTCCCCACAATGACATTTGACCAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAACAATCA  567
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  349  CTCCCCACAATGACATTTGACCAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAACAATCA  290

Query  568  TAATTAAGAAGATAACTACACCAATAGACCAAACGAAAATTTCTG  612
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||| |||
Sbjct  289  TAATTAAGAAGATAACTACACCAATAGACCAAACGAGAATT-CTG  246
```

Tablo A.53

CYB-75-F
GGCTGACTTAGTCTCATTGCTTGTTACTGCTTTCTTGGGATATGTTCTGCCTTTTGGTCA AATGTCATTGTGGGGAGCGACTGTTATTACTAATTTGATGTCTGCTATACCTTGGATTG GTAATGATATTGTGAATTTTATTTGGGGTGGGTTCTCTGTTAATCATGCTACTCTGAAT TGATTCTTCTCTTTACATTATTTATTGCCTTTTGTTTTATTGGCTTTAGTTGTTGCTCATT TAATCTCTTTACATGTTCATGGAAGTAGTAATCCTCTGGGTGTTACTGGTAATTCAGAT CGTCTGCCTTTCCATCCCTATTTCTCATTTAAAGATTTAGTTACTGTTTTTTTATTTTTA TTAGCTTTATCTTTCTTTGTGTTTTATGCTCCTAATGTCTTGGGACATAGTGATAATTAT ATTATGGCTAATCCTATGGCTACTCCTCCAAGTATTGTTCCTGAATGGTATCTTTTACC TTTCTATGCAATCTTGTGATCTATTTCGAATAAATTATTTGGAGTTGTGGCTATGTTAG CTGCTATTCTTATTCTTTTTGTTTTACCTCTTGTGGATTTATCTTGAATTTGAGGTTCTG TTAAAAAACCCTCATAAACGGTTAA

```
Query  18   TGCTTGTTACTGCTTTCTTGGGATATGTTCTGCCTTTTGGTCAAATGTCATTGTGGGGAG  77
            || ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  290  TGATTGTTACTGCTTTCTTGGGATATGTTCTGCCTTTTGGTCAAATGTCATTGTGGGGAG  349

Query  78   CGACTGTTATTACTAATTTGATGTCTGCTATACCTTGGATTGGTAATGATATTGTGAATT  137
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  350  CGACTGTTATTACTAATTTGATGTCTGCTATACCTTGGATTGGTAATGATATTGTGAATT  409

Query  138  TTATTTGGGGTGGGTTCTCTGTTAATCATGCTACTCTGAATTGATTCTTCTCTTTACATT  197
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  410  TTATTTGGGGTGGGTTCTCTGTTAATCATGCTACTCTGAATTGATTCTTCTCTTTACATT  469

Query  198  ATTTATTGCCTTTTGTTTTATTGGCTTTAGTTGTTGCTCATTTAATCTCTTTACATGTTC  257
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  470  ATTTATTGCCTTTTGTTTTATTGGCTTTAGTTGTTGCTCATTTAATCTCTTTACATGTTC  529

Query  258  ATGGAAGTAGTAATCCTCTGGGTGTTACTGGTAATTCAGATCGTCTGCCTTTCCATCCCT  317
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  530  ATGGAAGTAGTAATCCTCTGGGTGTTACTGGTAATTCAGATCGTCTGCCTTTCCATCCCT  589

Query  318  ATTTCTCATTTAAAGATTTAGTTACTGTTTTTTTATTTTTATTAGCTTTATCTTTCTTTG  377
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  590  ATTTCTCATTTAAAGATTTAGTTACTGTTTTTTTATTTTTATTAGCTTTATCTTTCTTTG  649

Query  378  TGTTTTATGCTCCTAATGTCTTGGGACATAGTGATAATTATATTATGGCTAATCCTATGG  437
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  650  TGTTTTATGCTCCTAATGTCTTGGGACATAGTGATAATTATATTATGGCTAATCCTATGG  709

Query  438  CTACTCCTCCAAGTATTGTTCCTGAATGGTATCTTTTACCTTTCTATGCAATCTTGTGAT  497
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  710  CTACTCCTCCAAGTATTGTTCCTGAATGGTATCTTTTACCTTTCTATGCAATCTTGTGAT  769

Query  498  CTATTTCGAATAAATTATTTGGAGTTGTGGCTATGTTAGCTGCTATTCTTATTCTTTTTG  557
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  770  CTATTTCGAATAAATTATTTGGAGTTGTGGCTATGTTAGCTGCTATTCTTATTCTTTTTG  829

Query  558  TTTTACCTCTTGTGGATTTATCTTGAATTTGAGGTTCTG  596
            ||  |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  830  TTGGACCTCTTGTGGATTTATCTTGAATTTGAGGTTCTG  868
```

Tablo A.54

CYB-75-R

TCCGATCCACTTCGTAGTAAACAAAAAGAATAAGAATAGCAGCTAACATAGCCACAA
CTCCAAATAATTTATTCGAAATAGATCACAAGATTGCATAGAAAGGTAAAAGATACC
ATTCAGGAACAATACTTGGAGGAGTAGCCATAGGATTAGCCATAATATAATTATCACT
ATGTCCCAAGACATTAGGAGCATAAAACACAAAGAAAGATAAAGCTAATAAAAATA
AAAAAACAGTAACTAAATCTTTAAATGAGAAATAGGGATGGAAAGGCAGACGATCTG
AATTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTACTTCCATGAACATGTAAAGAGATTAAAT
GAGCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCAATAAATAATGTAAAGAGAAGAAT
CAATTCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCCAAATAAAATTCACAATATCA
TTACCAATCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAACAGTCGCTCCCCACAATG
ACATTTGACCAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAACAATCATAATTAAGA
AGATAACTACACCAATAGACCAAAAAATTTTTGTCTCGGAAAAAAAA

```
Query  20   AACAAAAAGAATAAGAATAGCAGCTAACATAGCCACAACTCCAAATAATTTATTCGAAAT  79
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  831  AACAAAAAGAATAAGAATAGCAGCTAACATAGCCACAACTCCAAATAATTTATTCGAAAT  772

Query  80   AGATCACAAGATTGCATAGAAAGGTAAAAGATACCATTCAGGAACAATACTTGGAGGAGT  139
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  771  AGATCACAAGATTGCATAGAAAGGTAAAAGATACCATTCAGGAACAATACTTGGAGGAGT  712

Query  140  AGCCATAGGATTAGCCATAATATAATTATCACTATGTCCCAAGACATTAGGAGCATAAAA  199
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  711  AGCCATAGGATTAGCCATAATATAATTATCACTATGTCCCAAGACATTAGGAGCATAAAA  652

Query  200  CACAAAGAAAGATAAAGCTAATAAAAATAAAAAAACAGTAACTAAATCTTTAAATGAGAA  259
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  651  CACAAAGAAAGATAAAGCTAATAAAAATAAAAAAACAGTAACTAAATCTTTAAATGAGAA  592

Query  260  ATAGGGATGGAAAGGCAGACGATCTGAATTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTACTTCC  319
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  591  ATAGGGATGGAAAGGCAGACGATCTGAATTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTACTTCC  532

Query  320  ATGAACATGTAAAGAGATTAAATGAGCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCAATAA  379
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  531  ATGAACATGTAAAGAGATTAAATGAGCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCAATAA  472

Query  380  ATAATGTAAAGAGAAGAATCAATTCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCCAAAT  439
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  471  ATAATGTAAAGAGAAGAATCAATTCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCCAAAT  412

Query  440  AAAATTCACAATATCATTACCAATCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAACAGT  499
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  411  AAAATTCACAATATCATTACCAATCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAACAGT  352

Query  500  CGCTCCCCACAATGACATTTGACCAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAACAAT  559
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  351  CGCTCCCCACAATGACATTTGACCAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAACAAT  292

Query  560  CATAATTAAGAAGATAACTACACCAATAGACCAAA  594
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  291  CATAATTAAGAAGATAACTACACCAATAGACCAAA  257
```

Tablo A.55

CYB-82-F
GACTACTCGTGTCTTTGCTTGTTACTGCTTTCTTGGGATATGTTCTGCCTTTTGGTCAAA TGTCATTGTGGGGAGCGACTGTTATTACTAATTTGATGTCTGCTATACCTTGGATTGGT AATGATATTGTGAATTTTATTTGGGGTGGGTTCTCTGTTAATCATGCTACTCTGAATTG ATTCTTCTCTTTACATTATTTATTGCCTTTTGTTTTATTGGCTTTAGTTGTTGCTCATTTA ATCTCTTTACATGTTCATGGAAGTAGTAATCCTCTGGGTGTTACTGGTAATTCAGATCG TCTGCCTTTCCATCCCTATTTCTCATTTAAAGATTTAGTTACTGTTTTTTTATTTTTATTA GCTTTATCTTTCTTTGTGTTTTATGCTCCTAATGTCTTGGGACATAGTGATAATTATATT ATGGCTAATCCTATGGCTACTCCTCCAAGTATTGTTCCTGAATGGTATCTTTTACCTTT CTATGCAATCTTGTGATCTATTTCGAATAAATTATTTGGAGTTGTGGCTATGTTAGCTG CTATTCTTATTCTTTTTGTTTTACCTCTTGTGGATTTATCTTGAATTTGAGGTTCTGCTT AAAAACCCCCTCTATAACTCTTAA

```
Query  16   TGCTTGTTACTGCTTTCTTGGGATATGTTCTGCCTTTTGGTCAAATGTCATTGTGGGGAG  75
            || |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  290  TGATTGTTACTGCTTTCTTGGGATATGTTCTGCCTTTTGGTCAAATGTCATTGTGGGGAG  349

Query  76   CGACTGTTATTACTAATTTGATGTCTGCTATACCTTGGATTGGTAATGATATTGTGAATT  135
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  350  CGACTGTTATTACTAATTTGATGTCTGCTATACCTTGGATTGGTAATGATATTGTGAATT  409

Query  136  TTATTTGGGGTGGGTTCTCTGTTAATCATGCTACTCTGAATTGATTCTTCTCTTTACATT  195
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  410  TTATTTGGGGTGGGTTCTCTGTTAATCATGCTACTCTGAATTGATTCTTCTCTTTACATT  469

Query  196  ATTTATTGCCTTTTGTTTTATTGGCTTTAGTTGTTGCTCATTTAATCTCTTTACATGTTC  255
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  470  ATTTATTGCCTTTTGTTTTATTGGCTTTAGTTGTTGCTCATTTAATCTCTTTACATGTTC  529

Query  256  ATGGAAGTAGTAATCCTCTGGGTGTTACTGGTAATTCAGATCGTCTGCCTTTCCATCCCT  315
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  530  ATGGAAGTAGTAATCCTCTGGGTGTTACTGGTAATTCAGATCGTCTGCCTTTCCATCCCT  589

Query  316  ATTTCTCATTTAAAGATTTAGTTACTGTTTTTTTATTTTTATTAGCTTTATCTTTCTTTG  375
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  590  ATTTCTCATTTAAAGATTTAGTTACTGTTTTTTTATTTTTATTAGCTTTATCTTTCTTTG  649

Query  376  TGTTTTATGCTCCTAATGTCTTGGGACATAGTGATAATTATATTATGGCTAATCCTATGG  435
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  650  TGTTTTATGCTCCTAATGTCTTGGGACATAGTGATAATTATATTATGGCTAATCCTATGG  709

Query  436  CTACTCCTCCAAGTATTGTTCCTGAATGGTATCTTTTACCTTTCTATGCAATCTTGTGAT  495
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  710  CTACTCCTCCAAGTATTGTTCCTGAATGGTATCTTTTACCTTTCTATGCAATCTTGTGAT  769

Query  496  CTATTTCGAATAAATTATTTGGAGTTGTGGCTATGTTAGCTGCTATTCTTATTCTTTTTG  555
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  770  CTATTTCGAATAAATTATTTGGAGTTGTGGCTATGTTAGCTGCTATTCTTATTCTTTTTG  829

Query  556  TTTTACCTCTTGTGGATTTATCTTGAATTTGAGGTTCTGCTT  597
            ||  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  830  TTGGACCTCTTGTGGATTTATCTTGAATTTGAGGTTCTGCTT  871
```

Tablo A.56

CYB-82-R

TTACGATCCACTCGTAACTATTCCAAAGAATAAGAATAGCAGGACTAACATAGCCAC
AACTCCAAATAATTTATTCGAAATAGATCACAAGATTGCATAGAAAGGTAAAAGATA
CCATTCAGGAACAATACTTGGAGGAGTAGCCATAGGATTAGCCATAATATAATTATCA
CTATGTCCCAAGACATTAGGAGCATAAAACACAAAGAAAGATAAAGCTAATAAAAAT
AAAAAAACAGTAACTAAATCTTTAAATGAGAAATAGGGATGGAAAGGCAGACGATCT
GAATTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTACTTCCATGAACATGTAAAGAGATTAAA
TGAGCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCAATAAATAATGTAAAGAGAAGAA
TCAATTCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCCAAATAAAATTCACAATATC
ATTACCAATCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAACAGTCGCTCCCCACAAT
GACATTTGACCAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAACAATCATAATTAAG
AAGATAACTACACCAATAGACCAACGAAATATTCTCTCGGGGGGAA

```
Query  25    AAAGAATAAGAATAGCAGGACTAACATAGCCACAACTCCAAATAATTTATTCGAAATAGA  84
             ||||||||||||||||||  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  826   AAAGAATAAGAATAGCAG--CTAACATAGCCACAACTCCAAATAATTTATTCGAAATAGA  769

Query  85    TCACAAGATTGCATAGAAAGGTAAAAGATACCATTCAGGAACAATACTTGGAGGAGTAGC  144
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  768   TCACAAGATTGCATAGAAAGGTAAAAGATACCATTCAGGAACAATACTTGGAGGAGTAGC  709

Query  145   CATAGGATTAGCCATAATATAATTATCACTATGTCCCAAGACATTAGGAGCATAAAACAC  204
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  708   CATAGGATTAGCCATAATATAATTATCACTATGTCCCAAGACATTAGGAGCATAAAACAC  649

Query  205   AAAGAAAGATAAAGCTAATAAAAATAAAAAAACAGTAACTAAATCTTTAAATGAGAAATA  264
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  648   AAAGAAAGATAAAGCTAATAAAAATAAAAAAACAGTAACTAAATCTTTAAATGAGAAATA  589

Query  265   GGGATGGAAAGGCAGACGATCTGAATTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTACTTCCATG  324
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  588   GGGATGGAAAGGCAGACGATCTGAATTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTACTTCCATG  529

Query  325   AACATGTAAAGAGATTAAATGAGCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCAATAAATA  384
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  528   AACATGTAAAGAGATTAAATGAGCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCAATAAATA  469

Query  385   ATGTAAAGAGAAGAATCAATTCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCCAAATAAA  444
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  468   ATGTAAAGAGAAGAATCAATTCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCCAAATAAA  409

Query  445   ATTCACAATATCATTACCAATCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAACAGTCGC  504
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  408   ATTCACAATATCATTACCAATCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAACAGTCGC  349

Query  505   TCCCCACAATGACATTTGACCAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAACAATCAT  564
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  348   TCCCCACAATGACATTTGACCAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAACAATCAT  289

Query  565   AATTAAGAAGATAACTACACCAATAGACCAA-CGAAATATTCT  606
             ||||||||||||||||||||||||||||||| ||| | |||||
Sbjct  288   AATTAAGAAGATAACTACACCAATAGACCAAACGAGA-ATTCT  247
```

Tablo A.57

CYB-83-F

CGACTGATAGACTCATTGATGTTCTGCTTTTATACGCTCATTTGTTCTGCCTTTTGGTC
AAATGTCATTGTGGGGAGCGACTGTTATTACTAATTTGATGTCTGCTATACCTTGGATT
GGTAATGATATTGTGAATTTTATTTGGGGTGGGTTCTCTGTTAATCATGCTACTCTGAA
TTGATTCTTCTCTTTACATTATTTATTGCCTTTTGTTTTATTGGCTTTAGTTGTTGCTCAT
TTAATCTCTTTACATGTTCATGGAAGTAGTAATCCTCTGGGTGTTACTGGTAATTCAGA
TCGTCTGCCTTTCCATCCCTATTTCTCATTTAAAGATTTAGTTACTGTTTTTTTATTTTT
ATTAGCTTTATCTTTCTTTGTGTTTTATGCTCCTAATGTCTTGGGACATAGTGATAATTA
TATTATGGCTAATCCTATGGCTACTCCTCCAAGTATTGTTCCTGAATGGTATCTTTTAC
CTTTCTATGCAATCTTGTGATCTATTTCGAATAAATTATTTGGAGTTGTGGCTATGTTA
GCTGCTATTCTTATTCTTTTTGTTTTACCTCTTGTGGATTTATCTTGAATTTGAGGTTCT
GCTTTAAGACCTCTT

```
Query  40   ATTTGTTCTGCCTTTTGGTCAAATGTCATTGTGGGGAGCGACTGTTATTACTAATTTGAT  99
            || |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  312  ATATGTTCTGCCTTTTGGTCAAATGTCATTGTGGGGAGCGACTGTTATTACTAATTTGAT  371

Query  100  GTCTGCTATACCTTGGATTGGTAATGATATTGTGAATTTTATTTGGGGTGGGTTCTCTGT  159
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  372  GTCTGCTATACCTTGGATTGGTAATGATATTGTGAATTTTATTTGGGGTGGGTTCTCTGT  431

Query  160  TAATCATGCTACTCTGAATTGATTCTTCTCTTTACATTATTTATTGCCTTTTGTTTTATT  219
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  432  TAATCATGCTACTCTGAATTGATTCTTCTCTTTACATTATTTATTGCCTTTTGTTTTATT  491

Query  220  GGCTTTAGTTGTTGCTCATTTAATCTCTTTACATGTTCATGGAAGTAGTAATCCTCTGGG  279
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  492  GGCTTTAGTTGTTGCTCATTTAATCTCTTTACATGTTCATGGAAGTAGTAATCCTCTGGG  551

Query  280  TGTTACTGGTAATTCAGATCGTCTGCCTTTCCATCCCTATTTCTCATTTAAAGATTTAGT  339
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  552  TGTTACTGGTAATTCAGATCGTCTGCCTTTCCATCCCTATTTCTCATTTAAAGATTTAGT  611

Query  340  TACTGTTTTTTTATTTTTATTAGCTTTATCTTTCTTTGTGTTTTATGCTCCTAATGTCTT  399
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  612  TACTGTTTTTTTATTTTTATTAGCTTTATCTTTCTTTGTGTTTTATGCTCCTAATGTCTT  671

Query  400  GGGACATAGTGATAATTATATTATGGCTAATCCTATGGCTACTCCTCCAAGTATTGTTCC  459
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  672  GGGACATAGTGATAATTATATTATGGCTAATCCTATGGCTACTCCTCCAAGTATTGTTCC  731

Query  460  TGAATGGTATCTTTTACCTTTCTATGCAATCTTGTGATCTATTTCGAATAAATTATTTGG  519
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  732  TGAATGGTATCTTTTACCTTTCTATGCAATCTTGTGATCTATTTCGAATAAATTATTTGG  791

Query  520  AGTTGTGGCTATGTTAGCTGCTATTCTTATTCTTTTTGTTTTACCTCTTGTGGATTTATC  579
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||  ||||||||||||||||||
Sbjct  792  AGTTGTGGCTATGTTAGCTGCTATTCTTATTCTTTTTGTTGGACCTCTTGTGGATTTATC  851

Query  580  TTGAATTTGAGGTTCTGCTTTAAGACCTCTT  610
            ||||||||||||||||||||| |||||||||
Sbjct  852  TTGAATTTGAGGTTCTGCTTTTAGACCTCTT  882
```

Tablo A.58

CYB-83-R

TACGAGCCATTCTAGGTATAGACCAAACGAGAATATCTAGCAGACTAACATAGCCAC
AACTCCAAATAATTTATTCCGAAATAGATCACAAGATTGCATAGAAAGGTAAAAGAT
ACCATTCAGGAACAATACTTGGAGGAGTAGCCATAGGATTAGCCATAATATAATTATC
ACTATGTCCCAAGACATTAGGAGCATAAAACACAAAGAAAGATAAAGCTAATAAAAA
TAAAAAAACAGTAACTAAATCTTTAAATGAGAAATAGGGATGGAAAGGCAGACGATC
TGAATTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTACTTCCATGAACATGTAAAGAGATTAA
ATGAGCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCAATAAATAATGTAAAGAGAAGA
ATCAATTCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCCAAATAAAATTCACAATAT
CATTACCAATCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAACAGTCGCTCCCCACAA
TGACATTTGACCAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAACAATCATAATTAA
GAAGATAACTACACCAATAGACCAAACGAAAAATTCTGGGAGGA

```
Query  38   TAGCAGACTAACATAGCCACAACTCCAAATAATTTATTCCGAAATAGATCACAAGATTGC  97
            |||||| |||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||
Sbjct  814  TAGCAG-CTAACATAGCCACAACTCCAAATAATTTATTC-GAAATAGATCACAAGATTGC  757

Query  98   ATAGAAAGGTAAAAGATACCATTCAGGAACAATACTTGGAGGAGTAGCCATAGGATTAGC  157
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  756  ATAGAAAGGTAAAAGATACCATTCAGGAACAATACTTGGAGGAGTAGCCATAGGATTAGC  697

Query  158  CATAATATAATTATCACTATGTCCCAAGACATTAGGAGCATAAAACACAAAGAAAGATAA  217
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  696  CATAATATAATTATCACTATGTCCCAAGACATTAGGAGCATAAAACACAAAGAAAGATAA  637

Query  218  AGCTAATAAAAATAAAAAAACAGTAACTAAATCTTTAAATGAGAAATAGGGATGGAAAGG  277
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  636  AGCTAATAAAAATAAAAAAACAGTAACTAAATCTTTAAATGAGAAATAGGGATGGAAAGG  577

Query  278  CAGACGATCTGAATTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTACTTCCATGAACATGTAAAGA  337
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  576  CAGACGATCTGAATTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTACTTCCATGAACATGTAAAGA  517

Query  338  GATTAAATGAGCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCAATAAATAATGTAAAGAGAA  397
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  516  GATTAAATGAGCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCAATAAATAATGTAAAGAGAA  457

Query  398  GAATCAATTCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCCAAATAAAATTCACAATATC  457
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  456  GAATCAATTCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCCAAATAAAATTCACAATATC  397

Query  458  ATTACCAATCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAACAGTCGCTCCCCACAATGA  517
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  396  ATTACCAATCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAACAGTCGCTCCCCACAATGA  337

Query  518  CATTTGACCAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAACAATCATAATTAAGAAGAT  577
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  336  CATTTGACCAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAACAATCATAATTAAGAAGAT  277

Query  578  AACTACACCAATAGACCAAACGAAAAATTCTGGGAG  613
            ||||||||||||||||||||||| || |||||||||
Sbjct  276  AACTACACCAATAGACCAAACGAGAA-TTCTGGGAG  242
```

Tablo A.59

CYB-84-F

CGACTGATTAGACTCATGCTTGTTACTGCTTTCTTGGGATATGTTCTGCCTTTTGGTCA
AATGTCATTGTGGGGAGCGACTGTTATTACTAATTTGATGTCTGCTATACCTTGGATTG
GTAATGATATTGTGAATTTTATTTGGGGTGGGTTCTCTGTTAATCATGCTACTCTGAAT
TGATTCTTCTCTTTACATTATTTATTGCCTTTTGTTTTATTGGCTTTAGTTGTTGCTCATT
TAATCTCTTTACATGTTCATGGAAGTAGTAATCCTCTGGGTGTTACTGGTAATTCAGAT
CGTCTGCCTTTCCATCCCTATTTCTCATTTAAAGATTTAGTTACTGTTTTTTTATTTTTA
TTAGCTTTATCTTTCTTTGTGTTTTATGCTCCTAATGTCTTGGGACATAGTGATAATTAT
ATTATGGCTAATCCTATGGCTACTCCTCCAAGTATTGTTCCTGAATGGTATCTTTTACC
TTTCTATGCAATCTTGTGATCTATTTCGAATAAATTATTTGGAGTTGTGGCTATGTTAG
CTGCTATTCTTATTCTTTTTGTTTTACCTCTTGTGGATTTATCTTGAATTTGAGGTCTGT
TAAAAAACCTTCTTATACACCAAA

```
Query  16   ATGCTTGTTACTGCTTTCTTGGGATATGTTCTGCCTTTTGGTCAAATGTCATTGTGGGGA  75
            ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  289  ATGATTGTTACTGCTTTCTTGGGATATGTTCTGCCTTTTGGTCAAATGTCATTGTGGGGA  348

Query  76   GCGACTGTTATTACTAATTTGATGTCTGCTATACCTTGGATTGGTAATGATATTGTGAAT  135
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  349  GCGACTGTTATTACTAATTTGATGTCTGCTATACCTTGGATTGGTAATGATATTGTGAAT  408

Query  136  TTTATTTGGGGTGGGTTCTCTGTTAATCATGCTACTCTGAATTGATTCTTCTCTTTACAT  195
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  409  TTTATTTGGGGTGGGTTCTCTGTTAATCATGCTACTCTGAATTGATTCTTCTCTTTACAT  468

Query  196  TATTTATTGCCTTTTGTTTTATTGGCTTTAGTTGTTGCTCATTTAATCTCTTTACATGTT  255
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  469  TATTTATTGCCTTTTGTTTTATTGGCTTTAGTTGTTGCTCATTTAATCTCTTTACATGTT  528

Query  256  CATGGAAGTAGTAATCCTCTGGGTGTTACTGGTAATTCAGATCGTCTGCCTTTCCATCCC  315
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  529  CATGGAAGTAGTAATCCTCTGGGTGTTACTGGTAATTCAGATCGTCTGCCTTTCCATCCC  588

Query  316  TATTTCTCATTTAAAGATTTAGTTACTGTTTTTTTATTTTTATTAGCTTTATCTTTCTTT  375
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  589  TATTTCTCATTTAAAGATTTAGTTACTGTTTTTTTATTTTTATTAGCTTTATCTTTCTTT  648

Query  376  GTGTTTTATGCTCCTAATGTCTTGGGACATAGTGATAATTATATTATGGCTAATCCTATG  435
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  649  GTGTTTTATGCTCCTAATGTCTTGGGACATAGTGATAATTATATTATGGCTAATCCTATG  708

Query  436  GCTACTCCTCCAAGTATTGTTCCTGAATGGTATCTTTTACCTTTCTATGCAATCTTGTGA  495
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  709  GCTACTCCTCCAAGTATTGTTCCTGAATGGTATCTTTTACCTTTCTATGCAATCTTGTGA  768

Query  496  TCTATTTCGAATAAATTATTTGGAGTTGTGGCTATGTTAGCTGCTATTCTTATTCTTTTT  555
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  769  TCTATTTCGAATAAATTATTTGGAGTTGTGGCTATGTTAGCTGCTATTCTTATTCTTTTT  828

Query  556  GTTTTACCTCTTGTGGATTTATCTTGAATTTGAGGT-CTG  594
            |||  ||||||||||||||||||||||||||||||| |||
Sbjct  829  GTTGGACCTCTTGTGGATTTATCTTGAATTTGAGGTTCTG  868
```

Tablo A.60

CYB-84-R

TCCGATCCACTTCGTAGGTATACAAAAAGAATAAGAATAGCAGCTAACATAGCCACA
ACTCCAAATAATTTATTCGAAATAGATCACAAGATTGCATAGAAAGGTAAAAGATAC
CATTCAGGAACAATACTTGGAGGAGTAGCCATAGGATTAGCCATAATATAATTATCAC
TATGTCCCAAGACATTAGGAGCATAAAACACAAAGAAAGATAAAGCTAATAAAAATA
AAAAAACAGTAACTAAATCTTTAAATGAGAAATAGGGATGGAAAGGCAGACGATCTG
AATTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTACTTCCATGAACATGTAAAGAGATTAAAT
GAGCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCAATAAATAATGTAAAGAGAAGAAT
CAATTCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCCAAATAAAATTCACAATATCA
TTACCAATCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAACAGTCGCTCCCCACAATG
ACATTTGACCAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAACAATCATAATTAAGA
AGATAACTACACCAATAGACCAAAAAAAAATTTTCGCTCGGAGGGAA

```
Query  22   ACAAAAAGAATAAGAATAGCAGCTAACATAGCCACAACTCCAAATAATTTATTCGAAATA  81
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  830  ACAAAAAGAATAAGAATAGCAGCTAACATAGCCACAACTCCAAATAATTTATTCGAAATA  771

Query  82   GATCACAAGATTGCATAGAAAGGTAAAAGATACCATTCAGGAACAATACTTGGAGGAGTA  141
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  770  GATCACAAGATTGCATAGAAAGGTAAAAGATACCATTCAGGAACAATACTTGGAGGAGTA  711

Query  142  GCCATAGGATTAGCCATAATATAATTATCACTATGTCCCAAGACATTAGGAGCATAAAAC  201
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  710  GCCATAGGATTAGCCATAATATAATTATCACTATGTCCCAAGACATTAGGAGCATAAAAC  651

Query  202  ACAAAGAAAGATAAAGCTAATAAAAATAAAAAAACAGTAACTAAATCTTTAAATGAGAAA  261
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  650  ACAAAGAAAGATAAAGCTAATAAAAATAAAAAAACAGTAACTAAATCTTTAAATGAGAAA  591

Query  262  TAGGGATGGAAAGGCAGACGATCTGAATTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTACTTCCA  321
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  590  TAGGGATGGAAAGGCAGACGATCTGAATTACCAGTAACACCCAGAGGATTACTACTTCCA  531

Query  322  TGAACATGTAAAGAGATTAAATGAGCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCAATAAA  381
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  530  TGAACATGTAAAGAGATTAAATGAGCAACAACTAAAGCCAATAAAACAAAAGGCAATAAA  471

Query  382  TAATGTAAAGAGAAGAATCAATTCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCCAAATA  441
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  470  TAATGTAAAGAGAAGAATCAATTCAGAGTAGCATGATTAACAGAGAACCCACCCCAAATA  411

Query  442  AAATTCACAATATCATTACCAATCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAACAGTC  501
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  410  AAATTCACAATATCATTACCAATCCAAGGTATAGCAGACATCAAATTAGTAATAACAGTC  351

Query  502  GCTCCCCACAATGACATTTGACCAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAACAATC  561
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  350  GCTCCCCACAATGACATTTGACCAAAAGGCAGAACATATCCCAAGAAAGCAGTAACAATC  291

Query  562  ATAATTAAGAAGATAACTACACCAATAGACCAAA  595
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  290  ATAATTAAGAAGATAACTACACCAATAGACCAAA  257
```

Tablo A.61

Mt26S-1-R

GTCATGCATCTGATACAATCGGACTAGGATATAGCTGGTTTTCTGCGAAAATTGTTTT
GGCAAATTGTTTATTCCTCTAAAAAATAGTAGGTATAGCACTGAATATCTCGAGGGAG
TATGAAAATATTTATCTCAGATATTTAATCTCAAAATAACTATTTCTTAAAATAAATA
ATCAGACTATGTGCGATAAGGTAGATAGTCGAAAGGGAAACAGCCCAGAACAGTAAT
TAAAGCTCCCCAATTAATATTAAGTGAAATAAAAGTTGTTGGATATCTAAAACAGTTA
AGAAGTGGGCTTGGAACAGCCATCCAAA

```
Query  13   ATAC-AATCGGACTAGGATATAGCTGGTTTTCTGCGAAAATTGTTTTGGCAAATTGTTTA  71
            |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  18   ATACAAATCGGACTAGGATATAGCTGGTTTTCTGCGAAAATTGTTTTGGCAAATTGTTTA  77

Query  72   TTCCTCTAAAAAAATAGTAGGTATAGCACTGAATATCTCGAGGGAGTATGAAAATATTTAT  131
            ||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  78   TTCCTCTCAAAAAATAGTAGGTATAGCACTGAATATCTCGAGGGAGTATGAAAATATTTAT  137

Query  132  CTCAGATATTTAATCTCAAAATAACTATTTCTTAAAATAAATAATCAGACTATGTGCGAT  191
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  138  CTCAGATATTTAATCTCAAAATAACTATTTCTTAAAATAAATAATCAGACTATGTGCGAT  197

Query  192  AAGGTAGATAGTCGAAAGGGAAACAGCCCAGAACAGTAATTAAAGCTCCCCAATTAATAT  251
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  198  AAGGTAGATAGTCGAAAGGGAAACAGCCCAGAACAGTAATTAAAGCTCCCCAATTAATAT  257

Query  252  TAAGTGAAATAAAAGTTGTTGGATATCTAAAACAGTTA  289
            |||||||||||||||||||||||||||||| |||||||
Sbjct  258  TAAGTGAAATAAAAGTTGTTGGATATCTAAGACAGTTA  295
```

Tablo A.62

mt26S-2-R

TTTCATCCATCTGAATACAATCGGACTAGGATATAGCTGGTTTTCTGCGAAAATTGTTT
TGGCAAATTGTTTATTCCTCTCAAAAATAGTAGGTATAGCACTGAATATCTCGAGGGA
GTATGAAAATATTTATCTCAGATATTTAATCTCAAAATAACTATTTCTTAAAATAAAT
AATCAGACTATGTGCGATAAGGTAGATAGTCGAAAGGGAAACAGCCCAGAACAGTAA
TTAAAGCTCCCCAATTAATATTAAGTGAAATAAAAGTTGTTGGATATCTAAAACAGTT
AAGAAGTGGGCTTGGAAAACAGCCATCCACAAA

```
Query  14   AATAC-AATCGGACTAGGATATAGCTGGTTTTCTGCGAAAATTGTTTTGGCAAATTGTTT  72
            ||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  17   AATACAAATCGGACTAGGATATAGCTGGTTTTCTGCGAAAATTGTTTTGGCAAATTGTTT  76

Query  73   ATTCCTCTCAAAAAATAGTAGGTATAGCACTGAATATCTCGAGGGAGTATGAAAATATTTA  132
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  77   ATTCCTCTCAAAAAATAGTAGGTATAGCACTGAATATCTCGAGGGAGTATGAAAATATTTA  136

Query  133  TCTCAGATATTTAATCTCAAAATAACTATTTCTTAAAATAAATAATCAGACTATGTGCGA  192
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  137  TCTCAGATATTTAATCTCAAAATAACTATTTCTTAAAATAAATAATCAGACTATGTGCGA  196

Query  193  TAAGGTAGATAGTCGAAAGGGAAACAGCCCAGAACAGTAATTAAAGCTCCCCAATTAATA  252
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  197  TAAGGTAGATAGTCGAAAGGGAAACAGCCCAGAACAGTAATTAAAGCTCCCCAATTAATA  256

Query  253  TTAAGTGAAATAAAAGTTGTTGGATATCTAAAACAGTTA  291
            ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||
Sbjct  257  TTAAGTGAAATAAAAGTTGTTGGATATCTAAGACAGTTA  295
```

Tablo A.63

mt26S-5-R

GGCATCGCATCATGTACCTGGGACTGCCATCAGCCATCAGGGTTTCTGCGAAAATTGT
TTTGGCAAATTGTTTATTCCTCTTAAAAATAGTAGGTATAGCACTGAATATCTCGAGG
GAGTATGAAAATATTTATCTCAGATATTTAATCTCAAAATAACTATTTCTTAAAATAA
ATAATCAGACTATGTGCGATAAGGTAGATAGTCGAAAGGGAAACAGCCCAGAACAGT
AATTAAAGCTCCCCAATTAATATTAAGTGAA

```
Query  40   GGGTTTCTGCGAAAATTGTTTTGGCAAATTGTTTATTCCTCTTAAAAATAGTAGGTATAG  99
            || |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||
Sbjct  43   GGTTTTCTGCGAAAATTGTTTTGGCAAATTGTTTATTCCTCTCAAAAATAGTAGGTATAG  102

Query  100  CACTGAATATCTCGAGGGAGTATGAAAATATTTATCTCAGATATTTAATCTCAAAATAAC  159
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  103  CACTGAATATCTCGAGGGAGTATGAAAATATTTATCTCAGATATTTAATCTCAAAATAAC  162

Query  160  TATTTCTTAAAATAAATAATCAGACTATGTGCGATAAGGTAGATAGTCGAAAGGGAAACA  219
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  163  TATTTCTTAAAATAAATAATCAGACTATGTGCGATAAGGTAGATAGTCGAAAGGGAAACA  222

Query  220  GCCCAGAACAGTAATTAAAGCTCCCCAATTAATATTAAGTGAA  262
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  223  GCCCAGAACAGTAATTAAAGCTCCCCAATTAATATTAAGTGAA  265
```

Tablo A.64

mt26S-6-R

CAAATAATAACAGCACGCAGCACTGATACAATCGGACTAGGATATAGCTGGTTTTCTG
CGAAAATTGTTTTGGCAAATTGTTTATTCCTCTCAAAAATAGTAGGTATAGCACTGAA
TATCTCGAGGGAGTATGAAAATATTTATCTCAGATATTTAATCTCAAAATAACTATTT
CTTAAAATAAATAATCAGACTATGTGCGATAAGGTAGATAGTCGAAAGGGAAACAGC
CCAGAACAGTAATTAAAGCTCCCCAATTAATATTAAGTGAAATAAAAGTTGTTGGATA
TCTAAAACAGTTAAGAAGTGGGCTTGGGATAGCCATCCAAAT

```
Query  26   ATAC-AATCGGACTAGGATATAGCTGGTTTTCTGCGAAAATTGTTTTGGCAAATTGTTTA  84
            |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  18   ATACAAATCGGACTAGGATATAGCTGGTTTTCTGCGAAAATTGTTTTGGCAAATTGTTTA  77

Query  85   TTCCTCTCAAAAATAGTAGGTATAGCACTGAATATCTCGAGGGAGTATGAAAATATTTAT  144
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  78   TTCCTCTCAAAAATAGTAGGTATAGCACTGAATATCTCGAGGGAGTATGAAAATATTTAT  137

Query  145  CTCAGATATTTAATCTCAAAATAACTATTTCTTAAAATAAATAATCAGACTATGTGCGAT  204
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  138  CTCAGATATTTAATCTCAAAATAACTATTTCTTAAAATAAATAATCAGACTATGTGCGAT  197

Query  205  AAGGTAGATAGTCGAAAGGGAAACAGCCCAGAACAGTAATTAAAGCTCCCCAATTAATAT  264
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  198  AAGGTAGATAGTCGAAAGGGAAACAGCCCAGAACAGTAATTAAAGCTCCCCAATTAATAT  257

Query  265  TAAGTGAAATAAAAGTTGTTGGATATCTAAAACAGTTA  302
            |||||||||||||||||||||||||||||| |||||||
Sbjct  258  TAAGTGAAATAAAAGTTGTTGGATATCTAAGACAGTTA  295
```

Tablo A.65

mt26S-7-R

TTTCAGCATCTGATACAATCGGACTAGGATATAGCTGGTTTTCTGCGAAAATTGTTTTG
GCAAATTGTTTATTCCTCTCAAAAATAGTAGGTATAGCACTGAATATCTCGAGGGAGT
ATGAAAATATTTATCTCAGATATTTAATCTCAAAATAACTATTTCTTAAAATAAATAA
TCAGACTATGTGCGATAAGGTAGATAGTCGAAAGGGAAACAGCCCAGAACAGTAATT
AAAGCTCCCCAATTAATATTAAGTGAAATAAAAGTTGTTGGATATCTAAAACAGTTAA
GAAGTGGGCTTGAAACAGCCATCCAA

```
Query  13   ATAC-AATCGGACTAGGATATAGCTGGTTTTCTGCGAAAATTGTTTTGGCAAATTGTTTA  71
            |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  18   ATACAAATCGGACTAGGATATAGCTGGTTTTCTGCGAAAATTGTTTTGGCAAATTGTTTA  77

Query  72   TTCCTCTCAAAAATAGTAGGTATAGCACTGAATATCTCGAGGGAGTATGAAAATATTTAT  131
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  78   TTCCTCTCAAAAATAGTAGGTATAGCACTGAATATCTCGAGGGAGTATGAAAATATTTAT  137

Query  132  CTCAGATATTTAATCTCAAAATAACTATTTCTTAAAATAAATAATCAGACTATGTGCGAT  191
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  138  CTCAGATATTTAATCTCAAAATAACTATTTCTTAAAATAAATAATCAGACTATGTGCGAT  197

Query  192  AAGGTAGATAGTCGAAAGGGAAACAGCCCAGAACAGTAATTAAAGCTCCCCAATTAATAT  251
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  198  AAGGTAGATAGTCGAAAGGGAAACAGCCCAGAACAGTAATTAAAGCTCCCCAATTAATAT  257

Query  252  TAAGTGAAATAAAAGTTGTTGGATATCTAAAACAGTTA  289
            |||||||||||||||||||||||||||||| |||||||
Sbjct  258  TAAGTGAAATAAAAGTTGTTGGATATCTAAGACAGTTA  295
```

Tablo A.66

mt26S-10-R

CCCTTGCCAGCTGGTTCTTGTCAACACTCATCTGTCATCTAGGTTTTCTGCGAAAATTG
TTTTGGCAAATTGTTTATTCCTCTAAAAAATAGTAGGTATAGCACTGAATATCTCGAG
GGAGTATGAAAATATTTATCTCAGATATTTAATCTCAAAATAACTATTTCTTAAAATA
AATAATCAGACTATGTGCGATAAGGTAGATAGTCGAAAGGGAAACAGCCCAGAACAG
TAATTAAAGCTCCCCAATTAATATTAAGTGAAATAAAAGTTGTTGGATATCTAAAACA
GTTAAGAAGTGGGCTTGGAAACAGCCATCAAACA

```
Query  42   GGTTTTCTGCGAAAATTGTTTTGGCAAATTGTTTATTCCTCTAAAAAATAGTAGGTATAG  101
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||
Sbjct  43   GGTTTTCTGCGAAAATTGTTTTGGCAAATTGTTTATTCCTCTCAAAAATAGTAGGTATAG  102

Query  102  CACTGAATATCTCGAGGGAGTATGAAAATATTTATCTCAGATATTTAATCTCAAAATAAC  161
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  103  CACTGAATATCTCGAGGGAGTATGAAAATATTTATCTCAGATATTTAATCTCAAAATAAC  162

Query  162  TATTTCTTAAAATAAATAATCAGACTATGTGCGATAAGGTAGATAGTCGAAAGGGAAACA  221
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  163  TATTTCTTAAAATAAATAATCAGACTATGTGCGATAAGGTAGATAGTCGAAAGGGAAACA  222

Query  222  GCCCAGAACAGTAATTAAAGCTCCCCAATTAATATTAAGTGAAATAAAAGTTGTTGGATA  281
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  223  GCCCAGAACAGTAATTAAAGCTCCCCAATTAATATTAAGTGAAATAAAAGTTGTTGGATA  282

Query  282  TCTAAAACAGTTA  294
            ||||| |||||||
Sbjct  283  TCTAAGACAGTTA  295
```

Tablo A.67

mt26S-11-R

AATCTGCTGATGATACAATCGGACTAGGATATAGCTGGTTTTCTGCGAAAATTGTTTT
GGCAAATTGTTTATTCCTCTCAAAAATAGTAGGTATAGCACTGAATATCTCGAGGGAG
TATGAAAATATTTATCTCAGATATTTAATCTCAAAATAACTATTTCTTAAAATAAATA
ATCAGACTATGTGCGATAAGGTAGATAGTCGAAAGGGAAACAGCCCAGAACAGTAAT
TAAAGCTCCCCAATTAATATTAAGTGAAATAAAAGTTGTTGGATATCTAAAACAGTTA
AGAAGTGGGCTTGAACAGCCATCCAAAGT

```
Query  13   ATAC-AATCGGACTAGGATATAGCTGGTTTTCTGCGAAAATTGTTTTGGCAAATTGTTTA  71
            |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  18   ATACAAATCGGACTAGGATATAGCTGGTTTTCTGCGAAAATTGTTTTGGCAAATTGTTTA  77

Query  72   TTCCTCTCAAAAATAGTAGGTATAGCACTGAATATCTCGAGGGAGTATGAAAATATTTAT  131
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  78   TTCCTCTCAAAAATAGTAGGTATAGCACTGAATATCTCGAGGGAGTATGAAAATATTTAT  137

Query  132  CTCAGATATTTAATCTCAAAATAACTATTTCTTAAAATAAATAATCAGACTATGTGCGAT  191
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  138  CTCAGATATTTAATCTCAAAATAACTATTTCTTAAAATAAATAATCAGACTATGTGCGAT  197

Query  192  AAGGTAGATAGTCGAAAGGGAAACAGCCCAGAACAGTAATTAAAGCTCCCCAATTAATAT  251
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  198  AAGGTAGATAGTCGAAAGGGAAACAGCCCAGAACAGTAATTAAAGCTCCCCAATTAATAT  257

Query  252  TAAGTGAAATAAAAGTTGTTGGATATCTAAAACAGTTA  289
            |||||||||||||||||||||||||||||| |||||||
Sbjct  258  TAAGTGAAATAAAAGTTGTTGGATATCTAAGACAGTTA  295
```

Tablo A.68

mt26S-12-R

GCTCACAGTGATACAATCGGACTAGGATATAGCTGGTTTTCTGCGAAAATTGTTTTGG
CAAATTGTTTATTCCTCTTAAAAATAGTAGGTATAGCACTGAATATCTCGAGGGAGTA
TGAAAATATTTATCTCAGATATTTAATCTCAAAATAACTATTTCTTAAAATAAATAATC
AGACTATGTGCGATAAGGTAGATAGTCGAAAGGGAAACAGCCCAGAACAGTAATTAA
AGCTCCCCAATTAATATTAAGTGAAATAAAAGTTGTTGGATATCTAAAACAGTTAAGA
AGTGGGCTTGGAACAGCCATCCAAAA

```
Query  11   ATAC-AATCGGACTAGGATATAGCTGGTTTTCTGCGAAAATTGTTTTGGCAAATTGTTTA  69
            |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  18   ATACAAATCGGACTAGGATATAGCTGGTTTTCTGCGAAAATTGTTTTGGCAAATTGTTTA  77

Query  70   TTCCTCTTAAAAATAGTAGGTATAGCACTGAATATCTCGAGGGAGTATGAAAATATTTAT  129
            ||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  78   TTCCTCTCAAAAATAGTAGGTATAGCACTGAATATCTCGAGGGAGTATGAAAATATTTAT  137

Query  130  CTCAGATATTTAATCTCAAAATAACTATTTCTTAAAATAAATAATCAGACTATGTGCGAT  189
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  138  CTCAGATATTTAATCTCAAAATAACTATTTCTTAAAATAAATAATCAGACTATGTGCGAT  197

Query  190  AAGGTAGATAGTCGAAAGGGAAACAGCCCAGAACAGTAATTAAAGCTCCCCAATTAATAT  249
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  198  AAGGTAGATAGTCGAAAGGGAAACAGCCCAGAACAGTAATTAAAGCTCCCCAATTAATAT  257

Query  250  TAAGTGAAATAAAAGTTGTTGGATATCTAAAACAGTTA  287
            |||||||||||||||||||||||||||||| |||||||
Sbjct  258  TAAGTGAAATAAAAGTTGTTGGATATCTAAGACAGTTA  295
```

Tablo A.69

mt26S-19-R

ATCCTGCAGATGTTACAAATCGGACTAGGATATAGCTGGTTTTCTGCGAAAATTGTTT
TGGCAAATTGTTTATTCCTCTAAAAAATAGTAGGTATAGCACTGAATATCTCGAGGGA
GTATGAAAATATTTATCTCAGATATTTAATCTCAAAATAACTATTTCTTAAAATAAAT
AATCAGACTATGTGCGATAAGGTAGATAGTCGAAAGGGAAACAGCCCAGAACAGTAA
TTAAAGCTCCCCAATTAATATTAAGTGAAATAAAAGTTGTTGGATATCTAAAACAGTT
AAGAAGTGGGCTTGGGACAGCCATCCAAA

```
Query  14   TACAAATCGGACTAGGATATAGCTGGTTTTCTGCGAAAATTGTTTTGGCAAATTGTTTAT  73
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  19   TACAAATCGGACTAGGATATAGCTGGTTTTCTGCGAAAATTGTTTTGGCAAATTGTTTAT  78

Query  74   TCCTCTAAAAAATAGTAGGTATAGCACTGAATATCTCGAGGGAGTATGAAAATATTTATC  133
            |||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  79   TCCTCTCAAAAATAGTAGGTATAGCACTGAATATCTCGAGGGAGTATGAAAATATTTATC  138

Query  134  TCAGATATTTAATCTCAAAATAACTATTTCTTAAAATAAATAATCAGACTATGTGCGATA  193
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  139  TCAGATATTTAATCTCAAAATAACTATTTCTTAAAATAAATAATCAGACTATGTGCGATA  198

Query  194  AGGTAGATAGTCGAAAGGGAAACAGCCCAGAACAGTAATTAAAGCTCCCCAATTAATATT  253
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  199  AGGTAGATAGTCGAAAGGGAAACAGCCCAGAACAGTAATTAAAGCTCCCCAATTAATATT  258

Query  254  AAGTGAAATAAAAGTTGTTGGATATCTAAAACAGTTA  290
            ||||||||||||||||||||||||||||| |||||||
Sbjct  259  AAGTGAAATAAAAGTTGTTGGATATCTAAGACAGTTA  295
```

Tablo A.70

mt26S-26-R

AGTTTGGTCGATCATTACAAATCGGACTAGGATATAGCTGGTTTTCTGCGAAAATTGT
TTTGGCAAATTGTTTATTCCTCTTAAAAATAGTAGGTATAGCACTGAATATCTCGAGG
GAGTATGAAAATATTTATCTCAGATATTTAATCTCAAAATAACTATTTCTTAAAATAA
ATAATCAGACTATGTGCGATAAGGTAGATAGTCGAAAGGGAAACAGCCCAGAACAGT
AATTAAAGCTCCCCAATTAATATTAAGTGAAATAAAAGTTGTTGGATATCTAAAACAG
TTAAGAAGTGGGCTTGGAAACAGCCATCCAAA

```
Query  16   TACAAATCGGACTAGGATATAGCTGGTTTTCTGCGAAAATTGTTTTGGCAAATTGTTTAT  75
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  19   TACAAATCGGACTAGGATATAGCTGGTTTTCTGCGAAAATTGTTTTGGCAAATTGTTTAT  78

Query  76   TCCTCTTAAAAATAGTAGGTATAGCACTGAATATCTCGAGGGAGTATGAAAATATTTATC  135
            |||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  79   TCCTCTCAAAAATAGTAGGTATAGCACTGAATATCTCGAGGGAGTATGAAAATATTTATC  138

Query  136  TCAGATATTTAATCTCAAAATAACTATTTCTTAAAATAAATAATCAGACTATGTGCGATA  195
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  139  TCAGATATTTAATCTCAAAATAACTATTTCTTAAAATAAATAATCAGACTATGTGCGATA  198

Query  196  AGGTAGATAGTCGAAAGGGAAACAGCCCAGAACAGTAATTAAAGCTCCCCAATTAATATT  255
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  199  AGGTAGATAGTCGAAAGGGAAACAGCCCAGAACAGTAATTAAAGCTCCCCAATTAATATT  258

Query  256  AAGTGAAATAAAAGTTGTTGGATATCTAAAACAGTTA  292
            ||||||||||||||||||||||||||||| |||||||
Sbjct  259  AAGTGAAATAAAAGTTGTTGGATATCTAAGACAGTTA  295
```

Tablo A.71

mt26S-28-R
AGTAAGCACATGAATACAAATCGGACTAGGATATAGCTGGTTTTCTGCGAAAATTGTT TTGGCAAATTGTTTATTCCTCTCAAAAATAGTAGGTATAGCACTGAATATCTCGAGGG AGTATGAAAATATTTATCTCAGATATTTAATCTCAAAATAACTATTTCTTAAAATAAA TAATCAGACTATGTGCGATAAGGTAGATAGTCGAAAGGGAAACAGCCCAGAACAGTA ATTAAAGCTCCCCAATTAATATTAAGTGAAATAAAAGTTGTTGGATATCTAAAACAGT TAAGAAGTGGGCTTGGAAACAGCCCATCCAAA

```
Query  13   AATACAAATCGGACTAGGATATAGCTGGTTTTCTGCGAAAATTGTTTTGGCAAATTGTTT  72
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  17   AATACAAATCGGACTAGGATATAGCTGGTTTTCTGCGAAAATTGTTTTGGCAAATTGTTT  76

Query  73   ATTCCTCTCAAAAATAGTAGGTATAGCACTGAATATCTCGAGGGAGTATGAAAATATTTA  132
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  77   ATTCCTCTCAAAAATAGTAGGTATAGCACTGAATATCTCGAGGGAGTATGAAAATATTTA  136

Query  133  TCTCAGATATTTAATCTCAAAATAACTATTTCTTAAAATAAATAATCAGACTATGTGCGA  192
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  137  TCTCAGATATTTAATCTCAAAATAACTATTTCTTAAAATAAATAATCAGACTATGTGCGA  196

Query  193  TAAGGTAGATAGTCGAAAGGGAAACAGCCCAGAACAGTAATTAAAGCTCCCCAATTAATA  252
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  197  TAAGGTAGATAGTCGAAAGGGAAACAGCCCAGAACAGTAATTAAAGCTCCCCAATTAATA  256

Query  253  TTAAGTGAAATAAAAGTTGTTGGATATCTAAAACAGTTA  291
            ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||
Sbjct  257  TTAAGTGAAATAAAAGTTGTTGGATATCTAAGACAGTTA  295
```

Tablo A.72

mt26S-30-R
AATCTGCTGATGATACAAATCGGACTAGGATATAGCTGGTTTTCTGCGAAAATTGTTT TGGCAAATTGTTTATTCCTCTAAAAAATAGTAGGTATAGCACTGAATATCTCGAGGGA GTATGAAAATATTTATCTCAGATATTTAATCTCAAAATAACTATTTCTTAAAATAAAT AATCAGACTATGTGCGATAAGGTAGATAGTCGAAAGGGAAACAGCCCAGAACAGTAA TTAAAGCTCCCCAATTAATATTAAGTGAAATAAAAGTTGTTGGATATCTAAAACAGTT AAGAAGTGGGCTTGGATCAGCCATCCACAGT

```
Query  13   ATACAAATCGGACTAGGATATAGCTGGTTTTCTGCGAAAATTGTTTTGGCAAATTGTTTA  72
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  18   ATACAAATCGGACTAGGATATAGCTGGTTTTCTGCGAAAATTGTTTTGGCAAATTGTTTA  77

Query  73   TTCCTCTAAAAAATAGTAGGTATAGCACTGAATATCTCGAGGGAGTATGAAAATATTTAT  132
            ||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  78   TTCCTCTCAAAAATAGTAGGTATAGCACTGAATATCTCGAGGGAGTATGAAAATATTTAT  137

Query  133  CTCAGATATTTAATCTCAAAATAACTATTTCTTAAAATAAATAATCAGACTATGTGCGAT  192
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  138  CTCAGATATTTAATCTCAAAATAACTATTTCTTAAAATAAATAATCAGACTATGTGCGAT  197

Query  193  AAGGTAGATAGTCGAAAGGGAAACAGCCCAGAACAGTAATTAAAGCTCCCCAATTAATAT  252
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  198  AAGGTAGATAGTCGAAAGGGAAACAGCCCAGAACAGTAATTAAAGCTCCCCAATTAATAT  257

Query  253  TAAGTGAAATAAAAGTTGTTGGATATCTAAAACAGTTA  290
            |||||||||||||||||||||||||||||| |||||||
Sbjct  258  TAAGTGAAATAAAAGTTGTTGGATATCTAAGACAGTTA  295
```

Tablo A.73

mt26S-31-R

GGCGAGCATCAGAATCAATCGGACTAGGATATAGCTGGTTTTCTGCGAAAATTGTTTT
GGCAAATTGTTTATTCCTCTAAAAAATAGTAGGTATAGCACTGAATATCTCGAGGGAG
TATGAAAATATTTATCTCAGATATTTAATCTCAAAATAACTATTTCTTAAAATAAATA
ATCAGACTATGTGCGATAAGGTAGATAGTCGAAAGGGAAACAGCCCAGAACAGTAAT
TAAAGCTCCCCAATTAATATTAAGTGAAATAAAAGTTGTTGGATATCTAAAACAGTTA
AGAAGTGGGCTTGGAACAGCCATCCAAA

```
Query  17   AATCGGACTAGGATATAGCTGGTTTTCTGCGAAAATTGTTTTGGCAAATTGTTTATTCCT  76
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  23   AATCGGACTAGGATATAGCTGGTTTTCTGCGAAAATTGTTTTGGCAAATTGTTTATTCCT  82

Query  77   CTAAAAAATAGTAGGTATAGCACTGAATATCTCGAGGGAGTATGAAAATATTTATCTCAG  136
            || |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  83   CTCAAAAATAGTAGGTATAGCACTGAATATCTCGAGGGAGTATGAAAATATTTATCTCAG  142

Query  137  ATATTTAATCTCAAAATAACTATTTCTTAAAATAAATAATCAGACTATGTGCGATAAGGT  196
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  143  ATATTTAATCTCAAAATAACTATTTCTTAAAATAAATAATCAGACTATGTGCGATAAGGT  202

Query  197  AGATAGTCGAAAGGGAAACAGCCCAGAACAGTAATTAAAGCTCCCCAATTAATATTAAGT  256
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  203  AGATAGTCGAAAGGGAAACAGCCCAGAACAGTAATTAAAGCTCCCCAATTAATATTAAGT  262

Query  257  GAAATAAAAGTTGTTGGATATCTAAAACAGTTA  289
            ||||||||||||||||||||||||| |||||||
Sbjct  263  GAAATAAAAGTTGTTGGATATCTAAGACAGTTA  295
```

Tablo A.74

mt26S-32-R

CAAAATCCCCAGCCATGTGTGTGATCAATCGGACTAGGATATAGCTGGTTTTCTGCGA
AAATTGTTTTGGCAAATTGTTTATTCCTCTTAAAAATAGTAGGTATAGCACTGAATATC
TCGAGGGAGTATGAAAATATTTATCTCAGATATTTAATCTCAAAATAACTATTTCTTA
AAATAAATAATCAGACTATGTGCGATAAGGTAGATAGTCGAAAGGGAAACAGCCCAG
AACAGTAATTAAAGCTCCCCAATTAATATTAAGTGAAATAAAAGTTGTTGGATATCTA
AAACAGTTAAGAAGTGGGCTTGAAAAGCCATCCAAAGT

```
Query  27   AATCGGACTAGGATATAGCTGGTTTTCTGCGAAAATTGTTTTGGCAAATTGTTTATTCCT  86
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  23   AATCGGACTAGGATATAGCTGGTTTTCTGCGAAAATTGTTTTGGCAAATTGTTTATTCCT  82

Query  87   CTTAAAAATAGTAGGTATAGCACTGAATATCTCGAGGGAGTATGAAAATATTTATCTCAG  146
            || |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  83   CTCAAAAATAGTAGGTATAGCACTGAATATCTCGAGGGAGTATGAAAATATTTATCTCAG  142

Query  147  ATATTTAATCTCAAAATAACTATTTCTTAAAATAAATAATCAGACTATGTGCGATAAGGT  206
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  143  ATATTTAATCTCAAAATAACTATTTCTTAAAATAAATAATCAGACTATGTGCGATAAGGT  202

Query  207  AGATAGTCGAAAGGGAAACAGCCCAGAACAGTAATTAAAGCTCCCCAATTAATATTAAGT  266
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  203  AGATAGTCGAAAGGGAAACAGCCCAGAACAGTAATTAAAGCTCCCCAATTAATATTAAGT  262

Query  267  GAAATAAAAGTTGTTGGATATCTAAAACAGTTA  299
            ||||||||||||||||||||||||| |||||||
Sbjct  263  GAAATAAAAGTTGTTGGATATCTAAGACAGTTA  295
```

Tablo A.75

mt26S-33-R

CTTACTAACCTACCTTGGTGTGTGATACAATCGGACTAGGATATAGCTGGTTTTCTGC
GAAAATTGTTTTGGCAAATTGTTTATTCCTCTAAAAAATAGTAGGTATAGCACTGAAT
ATCTCGAGGGAGTATGAAAATATTTATCTCAGATATTTAATCTCAAAATAACTATTTC
TTAAAATAAATAATCAGACTATGTGCGATAAGGTAGATAGTCGAAAGGGAAACAGCC
CAGAACAGTAATTAAAGCTCCCCAATTAATATTAAGTGAAATAAAAGTTGTTGGATAT
CTAAAACAGTTAAGAAGTGGGCTTGGAGCCAGCCATCTGAAAGA

```
Query  25   ATAC-AATCGGACTAGGATATAGCTGGTTTTCTGCGAAAATTGTTTTGGCAAATTGTTTA  83
            |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  18   ATACAAATCGGACTAGGATATAGCTGGTTTTCTGCGAAAATTGTTTTGGCAAATTGTTTA  77

Query  84   TTCCTCTAAAAAATAGTAGGTATAGCACTGAATATCTCGAGGGAGTATGAAAATATTTAT  143
            ||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  78   TTCCTCTCAAAAATAGTAGGTATAGCACTGAATATCTCGAGGGAGTATGAAAATATTTAT  137

Query  144  CTCAGATATTTAATCTCAAAATAACTATTTCTTAAAATAAATAATCAGACTATGTGCGAT  203
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  138  CTCAGATATTTAATCTCAAAATAACTATTTCTTAAAATAAATAATCAGACTATGTGCGAT  197

Query  204  AAGGTAGATAGTCGAAAGGGAAACAGCCCAGAACAGTAATTAAAGCTCCCCAATTAATAT  263
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  198  AAGGTAGATAGTCGAAAGGGAAACAGCCCAGAACAGTAATTAAAGCTCCCCAATTAATAT  257

Query  264  TAAGTGAAATAAAAGTTGTTGGATATCTAAAACAGTTA  301
            |||||||||||||||||||||||||||||| |||||||
Sbjct  258  TAAGTGAAATAAAAGTTGTTGGATATCTAAGACAGTTA  295
```

Tablo A.76

mt26S-36-R

TGTGTGTGATCAATCGGACTAGGATATAGCTGGTTTTCTGCGAAAATTGTTTTGGCAA
TTGTTTATTCCTCTTAAAAATAGTAGGTATAGCACTGAATATCTCGAGGGAGTATGAA
AATATTTATCTCAGATATTTAATCTCAAAATAACTATTTCTTAAAATAAATAATCAGA
CTATGTGCGATAAGGTAGATAGTCGAAAGGGAAACAGCCCAGAACAGTAATTAAAGC
TCCCCAATTAATATTAAATGAAATAAAAGTTGTTGGATATCTAAAACAGTTAAAAAGT
GGGCTTGGAACCCCCCCTCAAGGTGA

```
Query  12   AATCGGACTAGGATATAGCTGGTTTTCTGCGAAAATTGTTTTGGC-AATTGTTTATTCCT  70
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||
Sbjct  23   AATCGGACTAGGATATAGCTGGTTTTCTGCGAAAATTGTTTTGGCAAATTGTTTATTCCT  82

Query  71   CTTAAAAATAGTAGGTATAGCACTGAATATCTCGAGGGAGTATGAAAATATTTATCTCAG  130
            || |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  83   CTCAAAAATAGTAGGTATAGCACTGAATATCTCGAGGGAGTATGAAAATATTTATCTCAG  142

Query  131  ATATTTAATCTCAAAATAACTATTTCTTAAAATAAATAATCAGACTATGTGCGATAAGGT  190
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  143  ATATTTAATCTCAAAATAACTATTTCTTAAAATAAATAATCAGACTATGTGCGATAAGGT  202

Query  191  AGATAGTCGAAAGGGAAACAGCCCAGAACAGTAATTAAAGCTCCCCAATTAATATTAAAT  250
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |
Sbjct  203  AGATAGTCGAAAGGGAAACAGCCCAGAACAGTAATTAAAGCTCCCCAATTAATATTAAGT  262

Query  251  GAAATAAAAGTTGTTGGATATCTAAAACAGTTA  283
            ||||||||||||||||||||||||| |||||||
Sbjct  263  GAAATAAAAGTTGTTGGATATCTAAGACAGTTA  295
```

Tablo A.77

mt26S-37-R

ATGGTGCAGATGAATACAAATCGGACTAGGATATAGCTGGTTTTCTGCGAAAATTGTT
TTGGCAAATTGTTTATTCCTCTTAAAAATAGTAGGTATAGCACTGAATATCTCGAGGG
AGTATGAAAATATTTATCTCAGATATTTAATCTCAAAATAACTATTTCTTAAAATAAA
TAATCAGACTATGTGCGATAAGGTAGATAGTCGAAAGGGAAACAGCCCAGAACAGTA
ATTAAAGCTCCCCAATTAATATTAAGTGAAATAAAAGTTGTTGGATATCTAAAACAGT
TAAGAAGTGGGCTTGGAAACAGCCATACAAA

```
Query  13   AATACAAATCGGACTAGGATATAGCTGGTTTTCTGCGAAAATTGTTTTGGCAAATTGTTT  72
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  17   AATACAAATCGGACTAGGATATAGCTGGTTTTCTGCGAAAATTGTTTTGGCAAATTGTTT  76

Query  73   ATTCCTCTTAAAAATAGTAGGTATAGCACTGAATATCTCGAGGGAGTATGAAAATATTTA  132
            |||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  77   ATTCCTCTCAAAAATAGTAGGTATAGCACTGAATATCTCGAGGGAGTATGAAAATATTTA  136

Query  133  TCTCAGATATTTAATCTCAAAATAACTATTTCTTAAAATAAATAATCAGACTATGTGCGA  192
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  137  TCTCAGATATTTAATCTCAAAATAACTATTTCTTAAAATAAATAATCAGACTATGTGCGA  196

Query  193  TAAGGTAGATAGTCGAAAGGGAAACAGCCCAGAACAGTAATTAAAGCTCCCCAATTAATA  252
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  197  TAAGGTAGATAGTCGAAAGGGAAACAGCCCAGAACAGTAATTAAAGCTCCCCAATTAATA  256

Query  253  TTAAGTGAAATAAAAGTTGTTGGATATCTAAAACAGTTA  291
            ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||
Sbjct  257  TTAAGTGAAATAAAAGTTGTTGGATATCTAAGACAGTTA  295
```

Tablo A.78

mt26S-40-R

GGTGCACACAATACAAATCGGACTAGGATATAGCTGGTTTTCTGCGAAAATTGTTTTG
GCAAATTGTTTATTCCTCTCAAAAATAGTAGGTATAGCACTGAATATCTCGAGGGAGT
ATGAAAATATTTATCTCAGATATTTAATCTCAAAATAACTATTTCTTAAAATAAATAA
TCAGACTATGTGCGATAAGGTAGATAGTCGAAAGGGAAACAGCCCAGAACAGTAATT
AAAGCTCCCTAATTAATATTAAGTGAAATAAAAGTTGTTGGATATCTAAAACAGTTAA
GAAGTGGGCTTGGAATAGCCATCCAAAGT

```
Query  10   AATACAAATCGGACTAGGATATAGCTGGTTTTCTGCGAAAATTGTTTTGGCAAATTGTTT  69
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  17   AATACAAATCGGACTAGGATATAGCTGGTTTTCTGCGAAAATTGTTTTGGCAAATTGTTT  76

Query  70   ATTCCTCTCAAAAATAGTAGGTATAGCACTGAATATCTCGAGGGAGTATGAAAATATTTA  129
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  77   ATTCCTCTCAAAAATAGTAGGTATAGCACTGAATATCTCGAGGGAGTATGAAAATATTTA  136

Query  130  TCTCAGATATTTAATCTCAAAATAACTATTTCTTAAAATAAATAATCAGACTATGTGCGA  189
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  137  TCTCAGATATTTAATCTCAAAATAACTATTTCTTAAAATAAATAATCAGACTATGTGCGA  196

Query  190  TAAGGTAGATAGTCGAAAGGGAAACAGCCCAGAACAGTAATTAAAGCTCCCTAATTAATA  249
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||
Sbjct  197  TAAGGTAGATAGTCGAAAGGGAAACAGCCCAGAACAGTAATTAAAGCTCCCCAATTAATA  256

Query  250  TTAAGTGAAATAAAAGTTGTTGGATATCTAAAACAGTTA  288
            ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||
Sbjct  257  TTAAGTGAAATAAAAGTTGTTGGATATCTAAGACAGTTA  295
```

Tablo A.79

mt26S-42-R

CGTAGCACATCAGTACAATCGGACTAGGATATAGCTGGTTTTCTGCGAAAATTGTTTT
GGCAAATTGTTTATTCCTCTCAAAAATAGTAGGTATAGCACTGAATATCTCGAGGGAG
TATGAAAATATTTATCTCAGATATTTAATCTCAAAATAACTATTTCTTAAAATAAATA
ATCAGACTATGTGCGATAAGGTAGATAGTCGAAAGGGAAACAGCCCAGAACAGTAAT
TAAAGCTCCCCAATTAATATTAAGTGAAATAAAAGTTGTTGGATATCTAAAACAGTTA
AGAAGTGGGCTTGGAAACAGCCATCCAA

```
Query  14    TAC-AATCGGACTAGGATATAGCTGGTTTTCTGCGAAAATTGTTTTGGCAAATTGTTTAT  72
             ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  19    TACAAATCGGACTAGGATATAGCTGGTTTTCTGCGAAAATTGTTTTGGCAAATTGTTTAT  78

Query  73    TCCTCTCAAAAATAGTAGGTATAGCACTGAATATCTCGAGGGAGTATGAAAATATTTATC  132
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  79    TCCTCTCAAAAATAGTAGGTATAGCACTGAATATCTCGAGGGAGTATGAAAATATTTATC  138

Query  133   TCAGATATTTAATCTCAAAATAACTATTTCTTAAAATAAATAATCAGACTATGTGCGATA  192
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  139   TCAGATATTTAATCTCAAAATAACTATTTCTTAAAATAAATAATCAGACTATGTGCGATA  198

Query  193   AGGTAGATAGTCGAAAGGGAAACAGCCCAGAACAGTAATTAAAGCTCCCCAATTAATATT  252
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  199   AGGTAGATAGTCGAAAGGGAAACAGCCCAGAACAGTAATTAAAGCTCCCCAATTAATATT  258

Query  253   AAGTGAAATAAAAGTTGTTGGATATCTAAAACAGTTA  289
             ||||||||||||||||||||||||||||| |||||||
Sbjct  259   AAGTGAAATAAAAGTTGTTGGATATCTAAGACAGTTA  295
```

Tablo A.80

mt26S-43-R

CGGGAAATCTCCTACATCGGATAGGTATAGTGGTTTCTGCAATTGTTTGGCAATTGTT
ATTCCTCTTAAAATATAGATACACTGAATATCTCAGGGATATGAAAATATTTATCTCA
ATATTTAATCTCAAAATAACTATTTCTTAAAATAAATAATCAACTATGTGCGATAAGA
ATATCAAAGGGAAACAGCCCATAACAAAATTATAGCTCCCCAATTATATTAATGGTTC
GTTTTTGGGTTTCTTACTACTTAATCTGGGGTTGGTTGCCCGTTCCCAA

```
Query  16    ATCGGA-TAGG-TATAG-TGG-TTTCTGC---AATTG-TTTGGC-AATTG-TTATTCCTC  65
             |||||| |||| ||||| ||| |||||||    ||||| |||||| ||||| |||||||||
Sbjct  24    ATCGGACTAGGATATAGCTGGTTTTCTGCGAAAATTGTTTTGGCAAATTGTTTATTCCTC  83

Query  66    T-TAAAATA-TA-G-ATA-CACTGAATATCTC-AGGGA-TATGAAAATATTTATCTCA-A  117
             |  |||||| || | ||| ||||||||||||| ||||| |||||||||||||||||| |
Sbjct  84    TCAAAAATAGTAGGTATAGCACTGAATATCTCGAGGGAGTATGAAAATATTTATCTCAGA  143

Query  118   TATTTAATCTCAAAATAACTATTTCTTAAAATAAATAATCA-ACTATGTGCGATAAG--A  174
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||  |
Sbjct  144   TATTTAATCTCAAAATAACTATTTCTTAAAATAAATAATCAGACTATGTGCGATAAGGTA  203

Query  175   -ATA-TC-AAAGGGAAACAGCCCATAACAA-AATTATAGCTCCCCAATTA-TATTAA  226
              ||| || |||||||||||||||| ||||   ||||| ||||||||||||| ||||||
Sbjct  204   GATAGTCGAAAGGGAAACAGCCCAGAACAGTAATTAAAGCTCCCCAATTAATATTAA  260
```

Tablo A.81

mt26S-48-R

GTAACTCATGAAATACAATCGGACTAGGATATAGCTGGTTTTCTGCGAAAATTGTTTT
GGCAAATTGTTTATTCCTCTAAAAAATAGTAGGTATAGCACTGAATATCTCGAGGGAG
TATGAAAATATTTATCTCAGATATTTAATCTCAAAATAACTATTTCTTAAAATAAATA
ATCAGACTATGTGCGATAAGGTAGATAGTCGAAAGGGAAACAGCCCAGAACAGTAAT
TAAAGCTCCCCAATTAATATTAAGTGAAATAAAAGTTGTTGGATATCTAAAACAGTTA
AGAAGTGGGCTTGGAAACAACCATCAAACAG

```
Query  9    TGAAATAC-AATCGGACTAGGATATAGCTGGTTTTCTGCGAAAATTGTTTTGGCAAATTG  67
            |||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  14   TGAAATACAAATCGGACTAGGATATAGCTGGTTTTCTGCGAAAATTGTTTTGGCAAATTG  73

Query  68   TTTATTCCTCTAAAAAATAGTAGGTATAGCACTGAATATCTCGAGGGAGTATGAAAATAT  127
            ||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  74   TTTATTCCTCTCAAAAATAGTAGGTATAGCACTGAATATCTCGAGGGAGTATGAAAATAT  133

Query  128  TTATCTCAGATATTTAATCTCAAAATAACTATTTCTTAAAATAAATAATCAGACTATGTG  187
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  134  TTATCTCAGATATTTAATCTCAAAATAACTATTTCTTAAAATAAATAATCAGACTATGTG  193

Query  188  CGATAAGGTAGATAGTCGAAAGGGAAACAGCCCAGAACAGTAATTAAAGCTCCCCAATTA  247
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  194  CGATAAGGTAGATAGTCGAAAGGGAAACAGCCCAGAACAGTAATTAAAGCTCCCCAATTA  253

Query  248  ATATTAAGTGAAATAAAAGTTGTTGGATATCTAAAACAGTTA  289
            |||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||
Sbjct  254  ATATTAAGTGAAATAAAAGTTGTTGGATATCTAAGACAGTTA  295
```

Tablo A.82

mt26S-54-R

CTAACCTGATGAATACAAATCGGACTAGGATATAGCTGGTTTTCTGCGAAAATTGTTT
TGGCAAATTGTTTATTCCTCTAAAAAATAGTAGGTATAGCACTGAATATCTCGAGGGA
GTATGAAAATATTTATCTCAGATATTTAATCTCAAAATAACTATTTCTTAAAATAAAT
AATCAGACTATGTGCGATAAGGTAGATAGTCGAAAGGGAAACAGCCCAGAACAGTAA
TTAAAGCTCCCCAATTAATATTAAGTGAAATAAAAGTTGTTGGATATCTAAAACAGTT
AAGAAGTGGGCTTGGAAACAGAACATCAAACAG

```
Query  12   AATACAAATCGGACTAGGATATAGCTGGTTTTCTGCGAAAATTGTTTTGGCAAATTGTTT  71
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  17   AATACAAATCGGACTAGGATATAGCTGGTTTTCTGCGAAAATTGTTTTGGCAAATTGTTT  76

Query  72   ATTCCTCTAAAAAATAGTAGGTATAGCACTGAATATCTCGAGGGAGTATGAAAATATTTA  131
            |||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  77   ATTCCTCTCAAAAATAGTAGGTATAGCACTGAATATCTCGAGGGAGTATGAAAATATTTA  136

Query  132  TCTCAGATATTTAATCTCAAAATAACTATTTCTTAAAATAAATAATCAGACTATGTGCGA  191
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  137  TCTCAGATATTTAATCTCAAAATAACTATTTCTTAAAATAAATAATCAGACTATGTGCGA  196

Query  192  TAAGGTAGATAGTCGAAAGGGAAACAGCCCAGAACAGTAATTAAAGCTCCCCAATTAATA  251
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  197  TAAGGTAGATAGTCGAAAGGGAAACAGCCCAGAACAGTAATTAAAGCTCCCCAATTAATA  256

Query  252  TTAAGTGAAATAAAAGTTGTTGGATATCTAAAACAGTTA  290
            ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||
Sbjct  257  TTAAGTGAAATAAAAGTTGTTGGATATCTAAGACAGTTA  295
```

Tablo A.83

mt26S-59-R
CTTAGCTTCATGAATACAAATCGGACTAGGATATAGCTGGTTTTCTGCGAAAATTGTT TTGGCAAATTGTTTATTCCTCTTAAAAATAGTAGGTATAGCACTGAATATCTCGAGGG AGTATGAAAATATTTATCTCAGATATTTAATCTCAAAATAACTATTTCTTAAAATAAA TAATCAGACTATGTGCGATAAGGTAGATAGTCGAAAGGGAAACAGCCCAGAACAGTA ATTAAAGCTCCCCAATTAATATTAAGTGAAATAAAAGTTGTTGGATATCTAAAACAGT TAAGAAGTGGGCTTGGAAACAGCCATCCAAAAA

```
Query  13   AATACAAATCGGACTAGGATATAGCTGGTTTTCTGCGAAAATTGTTTTGGCAAATTGTTT  72
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  17   AATACAAATCGGACTAGGATATAGCTGGTTTTCTGCGAAAATTGTTTTGGCAAATTGTTT  76

Query  73   ATTCCTCTTAAAAATAGTAGGTATAGCACTGAATATCTCGAGGGAGTATGAAAATATTTA  132
            |||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  77   ATTCCTCTCAAAAATAGTAGGTATAGCACTGAATATCTCGAGGGAGTATGAAAATATTTA  136

Query  133  TCTCAGATATTTAATCTCAAAATAACTATTTCTTAAAATAAATAATCAGACTATGTGCGA  192
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  137  TCTCAGATATTTAATCTCAAAATAACTATTTCTTAAAATAAATAATCAGACTATGTGCGA  196

Query  193  TAAGGTAGATAGTCGAAAGGGAAACAGCCCAGAACAGTAATTAAAGCTCCCCAATTAATA  252
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  197  TAAGGTAGATAGTCGAAAGGGAAACAGCCCAGAACAGTAATTAAAGCTCCCCAATTAATA  256

Query  253  TTAAGTGAAATAAAAGTTGTTGGATATCTAAAACAGTTA  291
            |||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||
Sbjct  257  TTAAGTGAAATAAAAGTTGTTGGATATCTAAGACAGTTA  295
```

Tablo A.84

mt26S-60-R
ATCGGCAGCAGATTACAATCGGACTAGGATATAGCTGGTTTTCTGCGAAAATTGTTTT GGCAAATTGTTTATTCCTCTTAAAAATAGTAGGTATAGCACTGAATATCTCGAGGGAG TATGAAAATATTTATCTCAGATATTTAATCTCAAAATAACTATTTCTTAAAATAAATA ATCAGACTATGTGCGATAAGGTAGATAGTCGAAAGGGAAACAGCCCAGAACAGTAAT TAAAGCTCCCCAATTAATATTAAGTGAAATAAAAGTTGTTGGATATCTAAAACAGTTA AGAAGTGGGCTTGAACAGCCATCCAAAAT

```
Query  14   TAC-AATCGGACTAGGATATAGCTGGTTTTCTGCGAAAATTGTTTTGGCAAATTGTTTAT  72
            ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  19   TACAAATCGGACTAGGATATAGCTGGTTTTCTGCGAAAATTGTTTTGGCAAATTGTTTAT  78

Query  73   TCCTCTTAAAAATAGTAGGTATAGCACTGAATATCTCGAGGGAGTATGAAAATATTTATC  132
            |||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  79   TCCTCTCAAAAATAGTAGGTATAGCACTGAATATCTCGAGGGAGTATGAAAATATTTATC  138

Query  133  TCAGATATTTAATCTCAAAATAACTATTTCTTAAAATAAATAATCAGACTATGTGCGATA  192
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  139  TCAGATATTTAATCTCAAAATAACTATTTCTTAAAATAAATAATCAGACTATGTGCGATA  198

Query  193  AGGTAGATAGTCGAAAGGGAAACAGCCCAGAACAGTAATTAAAGCTCCCCAATTAATATT  252
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  199  AGGTAGATAGTCGAAAGGGAAACAGCCCAGAACAGTAATTAAAGCTCCCCAATTAATATT  258

Query  253  AAGTGAAATAAAAGTTGTTGGATATCTAAAACAGTTA  289
            |||||||||||||||||||||||||||| ||||||||
Sbjct  259  AAGTGAAATAAAAGTTGTTGGATATCTAAGACAGTTA  295
```

Tablo A.85

mt26S-63-R
GGTGGTCATGAATACAAATCGGACTAGGATATAGCTGGTTTTCTGCGAAAATTGTTTT GGCAAATTGTTTATTCCTCTTAAAAATAGTAGGTATAGCACTGAATATCTCGAGGGAG TATGAAAATATTTATCTCAGATATTTAATCTCAAAATAACTATTTCTTAAAATAAATA ATCAGACTATGTGCGATAAGGTAGATAGTCGAAAGGGAAACAGCCCAGAACAGTAAT TAAAGCTCCCCAATTAATATTAAGTGAAATAAAAGTTGTTGGATATCTAAAACAGTTA AGAAGTGGGCTTGGAAACAGCCATCAAACAG

```
Query  11   AATACAAATCGGACTAGGATATAGCTGGTTTTCTGCGAAAATTGTTTTGGCAAATTGTTT  70
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  17   AATACAAATCGGACTAGGATATAGCTGGTTTTCTGCGAAAATTGTTTTGGCAAATTGTTT  76

Query  71   ATTCCTCTTAAAAATAGTAGGTATAGCACTGAATATCTCGAGGGAGTATGAAAATATTTA  130
            |||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  77   ATTCCTCTCAAAAATAGTAGGTATAGCACTGAATATCTCGAGGGAGTATGAAAATATTTA  136

Query  131  TCTCAGATATTTAATCTCAAAATAACTATTTCTTAAAATAAATAATCAGACTATGTGCGA  190
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  137  TCTCAGATATTTAATCTCAAAATAACTATTTCTTAAAATAAATAATCAGACTATGTGCGA  196

Query  191  TAAGGTAGATAGTCGAAAGGGAAACAGCCCAGAACAGTAATTAAAGCTCCCCAATTAATA  250
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  197  TAAGGTAGATAGTCGAAAGGGAAACAGCCCAGAACAGTAATTAAAGCTCCCCAATTAATA  256

Query  251  TTAAGTGAAATAAAAGTTGTTGGATATCTAAAACAGTTA  289
            ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||
Sbjct  257  TTAAGTGAAATAAAAGTTGTTGGATATCTAAGACAGTTA  295
```

Tablo A.86

mt26S-65-R
GGAATAGATGAAATACAAATCGGACTAGGATATAGCTGGTTTTCTGCGAAAATTGTTT TGGCAAATTGTTTATTCCTCTCAAAAATAGTAGGTATAGCACTGAATATCTCGAGGGA GTATGAAAATATTTATCTCAGATATTTAATCTCAAAATAACTATTTCTTAAAATAAAT AATCAGACTATGTGCGATAAGGTAGATAGTCGAAAGGGAAACAGCCCAGAACAGTAA TTAAAGCTCCCTAATTAATATTAAGTGAAATAAAAGTTGTTGGATATCTAAAACAGTT AAGAAGTGGGCTTGGAAACAGCCATCAAACAG

```
Query  5    TAGATGAAATACAAATCGGACTAGGATATAGCTGGTTTTCTGCGAAAATTGTTTTGGCAA  64
            ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  11   TAG-TGAAATACAAATCGGACTAGGATATAGCTGGTTTTCTGCGAAAATTGTTTTGGCAA  69

Query  65   ATTGTTTATTCCTCTCAAAAATAGTAGGTATAGCACTGAATATCTCGAGGGAGTATGAAA  124
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  70   ATTGTTTATTCCTCTCAAAAATAGTAGGTATAGCACTGAATATCTCGAGGGAGTATGAAA  129

Query  125  ATATTTATCTCAGATATTTAATCTCAAAATAACTATTTCTTAAAATAAATAATCAGACTA  184
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  130  ATATTTATCTCAGATATTTAATCTCAAAATAACTATTTCTTAAAATAAATAATCAGACTA  189

Query  185  TGTGCGATAAGGTAGATAGTCGAAAGGGAAACAGCCCAGAACAGTAATTAAAGCTCCCTA  244
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |
Sbjct  190  TGTGCGATAAGGTAGATAGTCGAAAGGGAAACAGCCCAGAACAGTAATTAAAGCTCCCCA  249

Query  245  ATTAATATTAAGTGAAATAAAAGTTGTTGGATATCTAAAACAGTTA  290
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||
Sbjct  250  ATTAATATTAAGTGAAATAAAAGTTGTTGGATATCTAAGACAGTTA  295
```

Tablo A.87

mt26S-68-R

CTTTCATCATGACTACAATCGGACTAGGATATAGCTGGTTTTCTGCGAAAATTGTTTTG
GCAAATTGTTTATTCCTCTAAAAAATAGTAGGTATAGCACTGAATATCTCGAGGGAGT
ATGAAAATATTTATCTCAGATATTTAATCTCAAAATAACTATTTCTTAAAATAAATAA
TCAGACTATGTGCGATAAGGTAGATAGTCGAAAGGGAAACAGCCCAGAACAGTAATT
AAAGCTCCCCAATTAATATTAAGTGAAATAAAAGTTGTTGGATATCTAAAACAGTTAA
GAAGTGGGCTTGGAAACAGCAATCAAACAGA

```
Query  14   TAC-AATCGGACTAGGATATAGCTGGTTTTCTGCGAAAATTGTTTTGGCAAATTGTTTAT  72
            ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  19   TACAAATCGGACTAGGATATAGCTGGTTTTCTGCGAAAATTGTTTTGGCAAATTGTTTAT  78

Query  73   TCCTCTAAAAAATAGTAGGTATAGCACTGAATATCTCGAGGGAGTATGAAAATATTTATC  132
            |||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  79   TCCTCTCAAAAATAGTAGGTATAGCACTGAATATCTCGAGGGAGTATGAAAATATTTATC  138

Query  133  TCAGATATTTAATCTCAAAATAACTATTTCTTAAAATAAATAATCAGACTATGTGCGATA  192
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  139  TCAGATATTTAATCTCAAAATAACTATTTCTTAAAATAAATAATCAGACTATGTGCGATA  198

Query  193  AGGTAGATAGTCGAAAGGGAAACAGCCCAGAACAGTAATTAAAGCTCCCCAATTAATATT  252
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  199  AGGTAGATAGTCGAAAGGGAAACAGCCCAGAACAGTAATTAAAGCTCCCCAATTAATATT  258

Query  253  AAGTGAAATAAAAGTTGTTGGATATCTAAAACAGTTA  289
            ||||||||||||||||||||||||||||| |||||||
Sbjct  259  AAGTGAAATAAAAGTTGTTGGATATCTAAGACAGTTA  295
```

Tablo A.88

mt26S-75-R

ATTCTGCTGATGATACAAATCGGACTAGGATATAGCTGGTTTTCTGCGAAAATTGTTT
TGGCAAATTGTTTATTCCTCTAAAAAATAGTAGGTATAGCACTGAATATCTCGAGGGA
GTATGAAAATATTTATCTCAGATATTTAATCTCAAAATAACTATTTCTTAAAATAAAT
AATCAGACTATGTGCGATAAGGTAGATAGTCGAAAGGGAAACAGCCCAGAACAGTAA
TTAAAGCTCCCCAATTAATATTAAGTGAAATAAAAGTTGTTGGATATCTAAAACAGTT
AAGAAGTGGGCTTGAACCGCCATCAAAAAGA

```
Query  13   ATACAAATCGGACTAGGATATAGCTGGTTTTCTGCGAAAATTGTTTTGGCAAATTGTTTA  72
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  18   ATACAAATCGGACTAGGATATAGCTGGTTTTCTGCGAAAATTGTTTTGGCAAATTGTTTA  77

Query  73   TTCCTCTAAAAAATAGTAGGTATAGCACTGAATATCTCGAGGGAGTATGAAAATATTTAT  132
            ||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  78   TTCCTCTCAAAAATAGTAGGTATAGCACTGAATATCTCGAGGGAGTATGAAAATATTTAT  137

Query  133  CTCAGATATTTAATCTCAAAATAACTATTTCTTAAAATAAATAATCAGACTATGTGCGAT  192
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  138  CTCAGATATTTAATCTCAAAATAACTATTTCTTAAAATAAATAATCAGACTATGTGCGAT  197

Query  193  AAGGTAGATAGTCGAAAGGGAAACAGCCCAGAACAGTAATTAAAGCTCCCCAATTAATAT  252
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  198  AAGGTAGATAGTCGAAAGGGAAACAGCCCAGAACAGTAATTAAAGCTCCCCAATTAATAT  257

Query  253  TAAGTGAAATAAAAGTTGTTGGATATCTAAAACAGTTA  290
            |||||||||||||||||||||||||||||| |||||||
Sbjct  258  TAAGTGAAATAAAAGTTGTTGGATATCTAAGACAGTTA  295
```

Tablo A.89

mt26S-82-R

AATTCTGCTGATGATACAAATCGGACTAGGATATAGCTGGTTTTCTGCGAAAATTGTT
TTGGCAAATTGTTTATTCCTCTAAAAAATAGTAGGTATAGCACTGAATATCTCGAGGG
AGTATGAAAATATTTATCTCAGATATTTAATCTCAAAATAACTATTTCTTAAAATAAA
TAATCAGACTATGTGCGATAAGGTAGATAGTCGAAAGGGAAACAGCCCAGAACAGTA
ATTAAAGCTCCCCAATTAATATTAAGTGAAATAAAAGTTGTTGGATATCTAAAACAGT
TAAGAAGTGGGCTTGGAACCCGCCCATCCAAAAA

```
Query  14   ATACAAATCGGACTAGGATATAGCTGGTTTTCTGCGAAAATTGTTTTGGCAAATTGTTTA  73
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  18   ATACAAATCGGACTAGGATATAGCTGGTTTTCTGCGAAAATTGTTTTGGCAAATTGTTTA  77

Query  74   TTCCTCTAAAAAATAGTAGGTATAGCACTGAATATCTCGAGGGAGTATGAAAATATTTAT  133
            ||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  78   TTCCTCTCAAAAATAGTAGGTATAGCACTGAATATCTCGAGGGAGTATGAAAATATTTAT  137

Query  134  CTCAGATATTTAATCTCAAAATAACTATTTCTTAAAATAAATAATCAGACTATGTGCGAT  193
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  138  CTCAGATATTTAATCTCAAAATAACTATTTCTTAAAATAAATAATCAGACTATGTGCGAT  197

Query  194  AAGGTAGATAGTCGAAAGGGAAACAGCCCAGAACAGTAATTAAAGCTCCCCAATTAATAT  253
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  198  AAGGTAGATAGTCGAAAGGGAAACAGCCCAGAACAGTAATTAAAGCTCCCCAATTAATAT  257

Query  254  TAAGTGAAATAAAAGTTGTTGGATATCTAAAACAGTTA  291
            |||||||||||||||||||||||||||||| |||||||
Sbjct  258  TAAGTGAAATAAAAGTTGTTGGATATCTAAGACAGTTA  295
```

Tablo A.90

mt26S-83-R

GCTCCCATCTGATACAATCGGACTAGGATATAGCTGGTTTTCTGCGAAAATTGTTTTG
GCAAATTGTTTATTCCTCTAAAAAATAGTAGGTATAGCACTGAATATCTCGAGGGAGT
ATGAAAATATTTATCTCAGATATTTAATCTCAAAATAACTATTTCTTAAAATAAATAA
TCAGACTATGTGCGATAAGGTAGATAGTCGAAAGGGAAACAGCCCAGAACAGTAATT
AAAGCTCCCCAATTAATATTAAGTGAAATAAAAGTTGTTGGATATCTAAAACAGTTAA
GAAGTGGGCTTGGAAACAGCCATCCACACA

```
Query  12   ATAC-AATCGGACTAGGATATAGCTGGTTTTCTGCGAAAATTGTTTTGGCAAATTGTTTA  70
            |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  18   ATACAAATCGGACTAGGATATAGCTGGTTTTCTGCGAAAATTGTTTTGGCAAATTGTTTA  77

Query  71   TTCCTCTAAAAAATAGTAGGTATAGCACTGAATATCTCGAGGGAGTATGAAAATATTTAT  130
            ||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  78   TTCCTCTCAAAAATAGTAGGTATAGCACTGAATATCTCGAGGGAGTATGAAAATATTTAT  137

Query  131  CTCAGATATTTAATCTCAAAATAACTATTTCTTAAAATAAATAATCAGACTATGTGCGAT  190
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  138  CTCAGATATTTAATCTCAAAATAACTATTTCTTAAAATAAATAATCAGACTATGTGCGAT  197

Query  191  AAGGTAGATAGTCGAAAGGGAAACAGCCCAGAACAGTAATTAAAGCTCCCCAATTAATAT  250
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  198  AAGGTAGATAGTCGAAAGGGAAACAGCCCAGAACAGTAATTAAAGCTCCCCAATTAATAT  257

Query  251  TAAGTGAAATAAAAGTTGTTGGATATCTAAAACAGTTA  288
            |||||||||||||||||||||||||||||| |||||||
Sbjct  258  TAAGTGAAATAAAAGTTGTTGGATATCTAAGACAGTTA  295
```

Tablo A.91

mt26S-84-R

AACTCTCCATCTGATACAATCGGACTAGGATATAGCTGGTTTTCTGCGAAAATTGTTTT
GGCAAATTGTTTATTCCTCTTAAAAATAGTAGGTATAGCACTGAATATCTCGAGGGAG
TATGAAAATATTTATCTCAGATATTTAATCTCAAAATAACTATTTCTTAAAATAAATA
ATCAGACTATGTGCGATAAGGTAGATAGTCGAAAGGGAAACAGCCCAGAACAGTAAT
TAAAGCTCCCCAATTAATATTAAGTGAAATAAAAGTTGTTGGATATCTAAAACAGTTA
AGAAGTGGGCTTGGAACCAGCCATCCAAA

```
Query  14   ATAC-AATCGGACTAGGATATAGCTGGTTTTCTGCGAAAATTGTTTTGGCAAATTGTTTA  72
            |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  18   ATACAAATCGGACTAGGATATAGCTGGTTTTCTGCGAAAATTGTTTTGGCAAATTGTTTA  77

Query  73   TTCCTCTTAAAAATAGTAGGTATAGCACTGAATATCTCGAGGGAGTATGAAAATATTTAT  132
            ||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  78   TTCCTCTCAAAAATAGTAGGTATAGCACTGAATATCTCGAGGGAGTATGAAAATATTTAT  137

Query  133  CTCAGATATTTAATCTCAAAATAACTATTTCTTAAAATAAATAATCAGACTATGTGCGAT  192
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  138  CTCAGATATTTAATCTCAAAATAACTATTTCTTAAAATAAATAATCAGACTATGTGCGAT  197

Query  193  AAGGTAGATAGTCGAAAGGGAAACAGCCCAGAACAGTAATTAAAGCTCCCCAATTAATAT  252
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  198  AAGGTAGATAGTCGAAAGGGAAACAGCCCAGAACAGTAATTAAAGCTCCCCAATTAATAT  257

Query  253  TAAGTGAAATAAAAGTTGTTGGATATCTAAAACAGTTA  290
            |||||||||||||||||||||||||||||| |||||||
Sbjct  258  TAAGTGAAATAAAAGTTGTTGGATATCTAAGACAGTTA  295
```

Tablo A.92

SOD-1-F

AAAGCAGCGCGTGTCACGTGCGAATGACGTAGATGCTTTGTTCTTTGTTTAAAGCCCT
TTTTTAAAATTATAGCTTCATTATAACAAACATCACCGTGCTTACGTAACAAATTTTAA
TTTAGCTTTGGAAAAATATAATGAATATGATTCTTCTGTGGATTTAGCAACTCGTATG
AATCTTTTAACATCTATTAAGTTTCATGGTGGTGGTAGGTATAGGAAAGATAAGAACT
ATTGATTTGAATATTTTTTATAGGTCATATTAATCATTCTTTATATTGGGAAAGCCTTC
TTCCACCAAAAGAAGGTGGAGGACAAGTTATTGATGGGCCTTTAGTTGATGCAATTAA
AAAGGAATGGGGAAGTGTTGACCAATTCATTCGTACATTTAATACACATTTGTCTGGG
ATTCAAGGAAGTGGGTGGTGTTGGCTCGTAAAAATACCTTCAAGTCGACAACTTTTTA
TTCAAACAACGATGGTACTTTTCTTCTTATACTCTTTAGTGTCTGATTTGAATAGAATC
AAGATCTTGTTACTCAAGGCAAAGTTATTCTTGGAATAGTAAAGTTACTTTATATTGTT
TTATAAATAATTAATTGTTTTATAGGATGCGGGGGGAACATGA

```
Query  25   TGACGTAGATGCTTTGTTCTTTGTTTAAAGCCCTTTTTTAAAATTATAGCTTCATTATAA  84
            ||| ||| || |||| |||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  81   TGAGGTAAATACTTT-TTCTTTGTTTAAAGYCCTTTTTTAAAATTATAGCTTCATTATAA  139

Query  85   CAAACATCACCGTGCTTACGTAACAAATTTTAATTTAGCTTTGGAAAAATATAATGAATA  144
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||
Sbjct  140  CAAACATCACCGTGCTTACGTAACAAATTTTAATTTAGCWTTGGAAAAATATAATGAATA  199

Query  145  TGATTCTTCTGTGGATTTAGCAACTCGTATGAATCTTTTAACATCTATTAAGTTTCATGG  204
            ||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  200  TGATTCTTCTGTGGAYTTAGCAACTCGTATGAATCTTTTAACATCTATTAAGTTTCATGG  259

Query  205  TGGTGGTAGGTATAGGAAAGATAAGAACTATTGATTTGAATATTTTTTATAGGTCATATT  264
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  260  TGGTGGTAGGTATAGGAAAGATAAGAACTATTGATTTGAATATTTTTTATAGGTCATATT  319

Query  265  AATCATTCTTTATATTGGGAAAGCCTTCTTCCACCAAAAGAAGGTGGAGGACAAGTTATT  324
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  320  AATCATTCTTTATATTGGGAAAGCCTTCTTCCACCAAAAGAAGGTGGAGGACAAGTTATT  379

Query  325  GATGGGCCTTTAGTTGATGCAATTAAAAAGGAATGGGGAAGTGTTGACCAATTCATTCGT  384
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  380  GATGGGCCTTTAGTTGATGCAATTAAAAAGGAATGGGGAAGTGTTGACCAATTCATTCGT  439

Query  385  ACATTTAATACACATTTGTCTGGGATTCAAGGAAGTGGGTGGTGTTGGCTCGTAAAAATA  444
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  440  ACATTTAATACACATTTGTCTGGGATTCAAGGAAGTGGGTGGTGTTGGCTCGTAAAAATA  499

Query  445  CCTTCAAGTCGACAACTTTTTATTCAAACAACGATGGTACTTTTCTTCTTATACTCTTTA  504
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  500  CCTTCAAGTCGACAACTTTTTATTCAAACAACGATGGTACTTTTCTTCTTATACTCTTTA  559

Query  505  GTGTCTGATTTGAATAGAATCAAGATCTTGTTACTCAAGGCAAAGTTATTCTTGGAATAG  564
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  560  GTGTCTGATTTGAATAGAATCAAGATCTTGTTACTCAAGGCAAAGTTATTCTTGGAATAG  619

Query  565  TAAAGTTACTTTATATTGTTTTATAAATAATTAATTGTTTTATAGGATGCGGGGGGAACA  624
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||| ||||
Sbjct  620  TAAAGTTACTTTATATTGTTTTATAAATAATTAATTGTTTTATAGGATGCGTGGG-AACA  678

Query  625  TG  626
            ||
Sbjct  679  TG  680
```

Tablo A.93

SOD-2-F

TCGTAGCGCGCCGTACATGTTGCTTGAGGTATATACTTTTTCTTTGTTTAAAGCCCTTT
TTTAAAATTATAGCTTCATTATAACAAACATCACCGTGCTTACGTAACAAATTTTAATT
TAGCTTTGGAAAAATATAATGAATATGATTCTTCTGTGGATTTAGCAACTCGTATGAA
TCTTTTAACATCTATTAAGTTTCATGGTGGTGGTAGGTATAGGAAAGATAAGAACTAT
TGATTTGAATATTTTTTATAGGTCATATTAATCATTCTTTATATTGGGAAAGCCTTCTT
CCACCAAAAGAAGGTGGAGGACAAGTTATTGATGGGCCTTTAGTTGATGCAATTAAA
AAGGAATGGGGAAGTGTTGACCAATTCATTCGTACATTTAATACACATTTGTCTGGGA
TTCAAGGAAGTGGGTGGTGTTGGCTCGTAAAAATACCTTCAAGTCGACAACTTTTTAT
TCAAACAACGATGGTACTTTTCTTCTTATACTCTTTAGTGTCTGATTTGAATAGAATCA
AGATCTTGTTACTCAAGGCAAAGTTATTCTTGGAATAGTAAAGTTACTTTATATTGTTT
TATAAATAATTAATTGTTTTATAGGATGGGGGGGAAAACTGTAAATTGT

```
Query  20   TTGCTTGAGGTATATACTTTTTCTTTGTTTAAAGCCCTTTTTTAAAATTATAGCTTCATT  79
            |||||||||||| ||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||
Sbjct  76   TTGCTTGAGGTAAATACTTTTTCTTTGTTTAAAGYCCTTTTTTAAAATTATAGCTTCATT  135

Query  80   ATAACAAACATCACCGTGCTTACGTAACAAATTTTAATTTAGCTTTGGAAAAATATAATG  139
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||
Sbjct  136  ATAACAAACATCACCGTGCTTACGTAACAAATTTTAATTTAGCWTTGGAAAAATATAATG  195

Query  140  AATATGATTCTTCTGTGGATTTAGCAACTCGTATGAATCTTTTAACATCTATTAAGTTTC  199
            ||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  196  AATATGATTCTTCTGTGGAYTTAGCAACTCGTATGAATCTTTTAACATCTATTAAGTTTC  255

Query  200  ATGGTGGTGGTAGGTATAGGAAAGATAAGAACTATTGATTTGAATATTTTTTATAGGTCA  259
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  256  ATGGTGGTGGTAGGTATAGGAAAGATAAGAACTATTGATTTGAATATTTTTTATAGGTCA  315

Query  260  TATTAATCATTCTTTATATTGGGAAAGCCTTCTTCCACCAAAAGAAGGTGGAGGACAAGT  319
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  316  TATTAATCATTCTTTATATTGGGAAAGCCTTCTTCCACCAAAAGAAGGTGGAGGACAAGT  375

Query  320  TATTGATGGGCCTTTAGTTGATGCAATTAAAAAGGAATGGGGAAGTGTTGACCAATTCAT  379
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  376  TATTGATGGGCCTTTAGTTGATGCAATTAAAAAGGAATGGGGAAGTGTTGACCAATTCAT  435

Query  380  TCGTACATTTAATACACATTTGTCTGGGATTCAAGGAAGTGGGTGGTGTTGGCTCGTAAA  439
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  436  TCGTACATTTAATACACATTTGTCTGGGATTCAAGGAAGTGGGTGGTGTTGGCTCGTAAA  495

Query  440  AATACCTTCAAGTCGACAACTTTTTATTCAAACAACGATGGTACTTTTCTTCTTATACTC  499
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  496  AATACCTTCAAGTCGACAACTTTTTATTCAAACAACGATGGTACTTTTCTTCTTATACTC  555

Query  500  TTTAGTGTCTGATTTGAATAGAATCAAGATCTTGTTACTCAAGGCAAAGTTATTCTTGGA  559
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  556  TTTAGTGTCTGATTTGAATAGAATCAAGATCTTGTTACTCAAGGCAAAGTTATTCTTGGA  615

Query  560  ATAGTAAAGTTACTTTATATTGTTTTATAAATAATTAATTGTTTTATAGGATG  612
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  616  ATAGTAAAGTTACTTTATATTGTTTTATAAATAATTAATTGTTTTATAGGATG  668
```

Tablo A.94

SOD-5-F

AAAGCATCGCGAGTGATGTGCGTGGGGTATATACTTTTTCTTTGTTTAAAGTCCTTTTT
TAAAATTATAGCTTCATTATAACAAACATCACCGTGCTTACGTAACAAATTTTAATTT
AGCTTTGGAAAAATATAATGAATATGATTCTTCTGTGGACTTAGCAACTCGTATGAAT
CTTTTAACATCTATTAAGTTTCATGGTGGTGGTAGGTATAGGAAAGATAAGAACTATT
GATTTGAATATTTTTTATAGGTCATATTAATCATTCTTTATATTGGGAAAGCCTTCTTC
CACCAAAAGAAGGTGGAGGACAAGTTATTGATGGGCCTTTAGTTGATGCAATTAAAA
AGGAATGGGGAAGTGTTGACCAATTCATTCGTACATTTAATACACATTTGTCTGGGAT
TCAAGGAAGTGGGTGGTGTTGGCTCGTAAAAATACCTTCAAGTCGACAACTTTTTATT
CAAACAACGATGGTACTTTTCTTCTTATACTCTTTAGTGTCTGATTTGAATAGAATCAA
GATCTTGTTACTCAAGGCAAAGTTATTCTTGGAATAGTAAAGTTACTTTATATTGTTTT
ATAAATAATTAATTGTTTTATAGGATGCGTGGGAACATGAA

```
Query  14   TGATGTGCGTGGGGTATATACTTTTTCTTTGTTTAAAGTCCTTTTTTAAAATTATAGCTT  73
            |||| ||| || |||| ||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||
Sbjct  72   TGATTTGCTTGAGGTAAATACTTTTTCTTTGTTTAAAGYCCTTTTTTAAAATTATAGCTT  131

Query  74   CATTATAACAAACATCACCGTGCTTACGTAACAAATTTTAATTTAGCTTTGGAAAAATAT  133
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||
Sbjct  132  CATTATAACAAACATCACCGTGCTTACGTAACAAATTTTAATTTAGCWTTGGAAAAATAT  191

Query  134  AATGAATATGATTCTTCTGTGGACTTAGCAACTCGTATGAATCTTTTAACATCTATTAAG  193
            ||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  192  AATGAATATGATTCTTCTGTGGAYTTAGCAACTCGTATGAATCTTTTAACATCTATTAAG  251

Query  194  TTTCATGGTGGTGGTAGGTATAGGAAAGATAAGAACTATTGATTTGAATATTTTTTATAG  253
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  252  TTTCATGGTGGTGGTAGGTATAGGAAAGATAAGAACTATTGATTTGAATATTTTTTATAG  311

Query  254  GTCATATTAATCATTCTTTATATTGGGAAAGCCTTCTTCCACCAAAAGAAGGTGGAGGAC  313
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  312  GTCATATTAATCATTCTTTATATTGGGAAAGCCTTCTTCCACCAAAAGAAGGTGGAGGAC  371

Query  314  AAGTTATTGATGGGCCTTTAGTTGATGCAATTAAAAAGGAATGGGGAAGTGTTGACCAAT  373
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  372  AAGTTATTGATGGGCCTTTAGTTGATGCAATTAAAAAGGAATGGGGAAGTGTTGACCAAT  431

Query  374  TCATTCGTACATTTAATACACATTTGTCTGGGATTCAAGGAAGTGGGTGGTGTTGGCTCG  433
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  432  TCATTCGTACATTTAATACACATTTGTCTGGGATTCAAGGAAGTGGGTGGTGTTGGCTCG  491

Query  434  TAAAAATACCTTCAAGTCGACAACTTTTTATTCAAACAACGATGGTACTTTTCTTCTTAT  493
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  492  TAAAAATACCTTCAAGTCGACAACTTTTTATTCAAACAACGATGGTACTTTTCTTCTTAT  551

Query  494  ACTCTTTAGTGTCTGATTTGAATAGAATCAAGATCTTGTTACTCAAGGCAAAGTTATTCT  553
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  552  ACTCTTTAGTGTCTGATTTGAATAGAATCAAGATCTTGTTACTCAAGGCAAAGTTATTCT  611

Query  554  TGGAATAGTAAAGTTACTTTATATTGTTTTATAAATAATTAATTGTTTTATAGGATGCGT  613
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  612  TGGAATAGTAAAGTTACTTTATATTGTTTTATAAATAATTAATTGTTTTATAGGATGCGT  671

Query  614  GGGAACATG  622
            |||||||||
Sbjct  672  GGGAACATG  680
```

Tablo A.95

SOD-7-F

AGCGTGTCACGCTCTCTTTTGCATTGAGGTAATACTTTTTCTTTGTTTAAAGCCCTTTTT
TAAAATTATAGCTTCATTATAACAAACATCACCGTGCTTACGTAACAAATTTTAATTT
AGCTTTGGAAAAATATAATGAATATGATTCTTCTGTGGATTTAGCAACTCGTATGAAT
CTTTTAACATCTATTAAGTTTCATGGTGGTGGTAGGTATAGGAAAGATAAGAACTATT
GATTTGAATATTTTTTATAGGTCATATTAATCATTCTTTATATTGGGAAAGCCTTCTTC
CACCAAAAGAAGGTGGAGGACAAGTTATTGATGGGCCTTTAGTTGATGCAATTAAAA
AGGAATGGGGAAGTGTTGACCAATTCATTCGTACATTTAATACACATTTGTCTGGGAT
TCAAGGAAGTGGGTGGTGTTGGCTCGTAAAAATACCTTCAAGTCGACAACTTTTTATT
CAAACAACGATGGTACTTTTCTTCTTATACTCTTTAGTGTCTGATTTGAATAGAATCAA
GATCTTGTTACTCAAGGCAAAGTTATTCTTGGAATAGTAAAGTTACTTTATATTGTTTT
ATAAATAATTAATTGTTTTATAGGATGCGGGGGGAAACATGGA

```
Query  18   TTTGCATTGAGGT-AATACTTTTTCTTTGTTTAAAGCCCTTTTTTAAAATTATAGCTTCA  76
            ||||| ||||||| |||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||
Sbjct  75   TTTGC-TTGAGGTAAATACTTTTTCTTTGTTTAAAGYCCTTTTTTAAAATTATAGCTTCA  133

Query  77   TTATAACAAACATCACCGTGCTTACGTAACAAATTTTAATTTAGCTTTGGAAAAATATAA  136
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||
Sbjct  134  TTATAACAAACATCACCGTGCTTACGTAACAAATTTTAATTTAGCWTTGGAAAAATATAA  193

Query  137  TGAATATGATTCTTCTGTGGATTTAGCAACTCGTATGAATCTTTTAACATCTATTAAGTT  196
            ||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  194  TGAATATGATTCTTCTGTGGAYTTAGCAACTCGTATGAATCTTTTAACATCTATTAAGTT  253

Query  197  TCATGGTGGTGGTAGGTATAGGAAAGATAAGAACTATTGATTTGAATATTTTTTATAGGT  256
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  254  TCATGGTGGTGGTAGGTATAGGAAAGATAAGAACTATTGATTTGAATATTTTTTATAGGT  313

Query  257  CATATTAATCATTCTTTATATTGGGAAAGCCTTCTTCCACCAAAAGAAGGTGGAGGACAA  316
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  314  CATATTAATCATTCTTTATATTGGGAAAGCCTTCTTCCACCAAAAGAAGGTGGAGGACAA  373

Query  317  GTTATTGATGGGCCTTTAGTTGATGCAATTAAAAAGGAATGGGGAAGTGTTGACCAATTC  376
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  374  GTTATTGATGGGCCTTTAGTTGATGCAATTAAAAAGGAATGGGGAAGTGTTGACCAATTC  433

Query  377  ATTCGTACATTTAATACACATTTGTCTGGGATTCAAGGAAGTGGGTGGTGTTGGCTCGTA  436
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  434  ATTCGTACATTTAATACACATTTGTCTGGGATTCAAGGAAGTGGGTGGTGTTGGCTCGTA  493

Query  437  AAAATACCTTCAAGTCGACAACTTTTTATTCAAACAACGATGGTACTTTTCTTCTTATAC  496
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  494  AAAATACCTTCAAGTCGACAACTTTTTATTCAAACAACGATGGTACTTTTCTTCTTATAC  553

Query  497  TCTTTAGTGTCTGATTTGAATAGAATCAAGATCTTGTTACTCAAGGCAAAGTTATTCTTG  556
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  554  TCTTTAGTGTCTGATTTGAATAGAATCAAGATCTTGTTACTCAAGGCAAAGTTATTCTTG  613

Query  557  GAATAGTAAAGTTACTTTATATTGTTTTATAAATAATTAATTGTTTTATAGGATGCGGGG  616
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||
Sbjct  614  GAATAGTAAAGTTACTTTATATTGTTTTATAAATAATTAATTGTTTTATAGGATGCGTGG  673

Query  617  GGAAACATG  625
            | || ||||
Sbjct  674  G-AA-CATG  680
```

Tablo A.96

SOD-11-F
GTCGCAGCGTGCACTCAGTTGCTTGAGGTAAATACTTTTTCTTTGTTTAAAGCCCTTTT TTAAAATTATAGCTTCATTATAACAAACATCACCGTGCTTACGTAACAAATTTTAATTT AGCTTTGGAAAAATATAATGAATATGATTCTTCTGTGGATTTAGCAACTCGTATGAAT CTTTTAACATCTATTAAGTTTCATGGTGGTGGTAGGTATAGGAAAGATAAGAACTATT GATTTGAATATTTTTTATAGGTCATATTAATCATTCTTTATATTGGGAAAGCCTTCTTC CACCAAAAGAAGGTGGAGGACAAGTTATTGATGGGCCTTTAGTTGATGCAATTAAAA AGGAATGGGGAAGTGTTGACCAATTCATTCGTACATTTAATACACATTTGTCTGGGAT TCAAGGAAGTGGGTGGTGTTGGCTCGTAAAAATACCTTCAAGTCGACAACTTTTTATT CAAACAACGATGGTACTTTTCTTCTTATACTCTTTAGTGTCTGATTTGAATAGAATCAA GATCTTGTTACTCAAGGCAAAGTTATTCTTGGAATAGTAAAGTTACTTTATATTGTTTT ATAAATAATTAATTGTTTTATAGGTAGGGGGAAAAACCGTAGATTGGAT

```
Query  19   TTGCTTGAGGTAAATACTTTTTCTTTGTTTAAAGCCCTTTTTTAAAATTATAGCTTCATT  78
            |||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||
Sbjct  76   TTGCTTGAGGTAAATACTTTTTCTTTGTTTAAAGYCCTTTTTTAAAATTATAGCTTCATT  135

Query  79   ATAACAAACATCACCGTGCTTACGTAACAAATTTTAATTTAGCTTTGGAAAAATATAATG  138
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||
Sbjct  136  ATAACAAACATCACCGTGCTTACGTAACAAATTTTAATTTAGCWTTGGAAAAATATAATG  195

Query  139  AATATGATTCTTCTGTGGATTTAGCAACTCGTATGAATCTTTTAACATCTATTAAGTTTC  198
            ||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  196  AATATGATTCTTCTGTGGAYTTAGCAACTCGTATGAATCTTTTAACATCTATTAAGTTTC  255

Query  199  ATGGTGGTGGTAGGTATAGGAAAGATAAGAACTATTGATTTGAATATTTTTTATAGGTCA  258
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  256  ATGGTGGTGGTAGGTATAGGAAAGATAAGAACTATTGATTTGAATATTTTTTATAGGTCA  315

Query  259  TATTAATCATTCTTTATATTGGGAAAGCCTTCTTCCACCAAAAGAAGGTGGAGGACAAGT  318
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  316  TATTAATCATTCTTTATATTGGGAAAGCCTTCTTCCACCAAAAGAAGGTGGAGGACAAGT  375

Query  319  TATTGATGGGCCTTTAGTTGATGCAATTAAAAAGGAATGGGGAAGTGTTGACCAATTCAT  378
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  376  TATTGATGGGCCTTTAGTTGATGCAATTAAAAAGGAATGGGGAAGTGTTGACCAATTCAT  435

Query  379  TCGTACATTTAATACACATTTGTCTGGGATTCAAGGAAGTGGGTGGTGTTGGCTCGTAAA  438
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  436  TCGTACATTTAATACACATTTGTCTGGGATTCAAGGAAGTGGGTGGTGTTGGCTCGTAAA  495

Query  439  AATACCTTCAAGTCGACAACTTTTTATTCAAACAACGATGGTACTTTTCTTCTTATACTC  498
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  496  AATACCTTCAAGTCGACAACTTTTTATTCAAACAACGATGGTACTTTTCTTCTTATACTC  555

Query  499  TTTAGTGTCTGATTTGAATAGAATCAAGATCTTGTTACTCAAGGCAAAGTTATTCTTGGA  558
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  556  TTTAGTGTCTGATTTGAATAGAATCAAGATCTTGTTACTCAAGGCAAAGTTATTCTTGGA  615

Query  559  ATAGTAAAGTTACTTTATATTGTTTTATAAATAATTAATTGTTTTATAGG  608
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  616  ATAGTAAAGTTACTTTATATTGTTTTATAAATAATTAATTGTTTTATAGG  665
```

Tablo A.97

SOD-12-F

ATGCCTCCTCATGTGTCTGTGCGTAGAGGTATATGCTTTTTCTTTGTTATAAATGCCCT
TTTTTAAAATTATAGCTTCATTATAACAAACATCACCGTGCTTACGTAACAAATTTTAA
TTTAGCTTTGGAAAAATATAATGAATATGATTCTTCTGTGGATTTAGCAACTCGTATG
AATCTTTTAACATCTATTAAGTTTCATGGTGGTGGTAGGTATAGGAAAGATAAGAACT
ATTGATTTGAATATTTTTTATAGGTCATATTAATCATTCTTTATATTGGGAAAGCCTTC
TTCCACCAAAAGAAGGTGGAGGACAAGTTATTGATGGGCCTTTAGTTGATGCAATTAA
AAAGGAATGGGGAAGTGTTGACCAATTCATTCGTACATTTAATACACATTTGTCTGGG
ATTCAAGGAAGTGGGTGGTGTTGGCTCGTAAAAATACCTTCAAGTCGACAACTTTTTA
TTCAAACAACGATGGTACTTTTCTTCTTATACTCTTTAGTGTCTGATTTGAATAGAATC
AAGATCTTGTTACTCAAGGCAAAGTTATTCTTGGAATAGTAAAGTTACTTTATATTGTT
TTATAAATAATTAATTGTTTTATAGGATGCGGGGGGAAACATGGAA

```
Query  26   GAGGTATATGCTTTTTCTTTGTTATAAATGCCCTTTTTTAAAATTATAGCTTCATTATAA  85
            |||||| || ||||||||||||| |||| | |||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  82   GAGGTAAATACTTTTTCTTTGTT-TAAA-GYCCTTTTTTAAAATTATAGCTTCATTATAA  139

Query  86   CAAACATCACCGTGCTTACGTAACAAATTTAATTTAGCTTTGGAAAAATATAATGAATA  145
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||
Sbjct  140  CAAACATCACCGTGCTTACGTAACAAATTTAATTTAGCWTTGGAAAAATATAATGAATA  199

Query  146  TGATTCTTCTGTGGATTTAGCAACTCGTATGAATCTTTTAACATCTATTAAGTTTCATGG  205
            ||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  200  TGATTCTTCTGTGGAYTTAGCAACTCGTATGAATCTTTTAACATCTATTAAGTTTCATGG  259

Query  206  TGGTGGTAGGTATAGGAAAGATAAGAACTATTGATTTGAATATTTTTTATAGGTCATATT  265
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  260  TGGTGGTAGGTATAGGAAAGATAAGAACTATTGATTTGAATATTTTTTATAGGTCATATT  319

Query  266  AATCATTCTTTATATTGGGAAAGCCTTCTTCCACCAAAAGAAGGTGGAGGACAAGTTATT  325
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  320  AATCATTCTTTATATTGGGAAAGCCTTCTTCCACCAAAAGAAGGTGGAGGACAAGTTATT  379

Query  326  GATGGGCCTTTAGTTGATGCAATTAAAAAGGAATGGGGAAGTGTTGACCAATTCATTCGT  385
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  380  GATGGGCCTTTAGTTGATGCAATTAAAAAGGAATGGGGAAGTGTTGACCAATTCATTCGT  439

Query  386  ACATTTAATACACATTTGTCTGGGATTCAAGGAAGTGGGTGGTGTTGGCTCGTAAAAATA  445
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  440  ACATTTAATACACATTTGTCTGGGATTCAAGGAAGTGGGTGGTGTTGGCTCGTAAAAATA  499

Query  446  CCTTCAAGTCGACAACTTTTTATTCAAACAACGATGGTACTTTTCTTCTTATACTCTTTA  505
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  500  CCTTCAAGTCGACAACTTTTTATTCAAACAACGATGGTACTTTTCTTCTTATACTCTTTA  559

Query  506  GTGTCTGATTTGAATAGAATCAAGATCTTGTTACTCAAGGCAAAGTTATTCTTGGAATAG  565
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  560  GTGTCTGATTTGAATAGAATCAAGATCTTGTTACTCAAGGCAAAGTTATTCTTGGAATAG  619

Query  566  TAAAGTTACTTTATATTGTTTTATAAATAATTAATTGTTTTATAGGATGCGGGGGGAAAC  625
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||| || |
Sbjct  620  TAAAGTTACTTTATATTGTTTTATAAATAATTAATTGTTTTATAGGATGCGTGGG-AA-C  677

Query  626  ATG  628
            |||
Sbjct  678  ATG  680
```

Tablo A.98

SOD-19-F
ATCCGTCTCGCGACTCATCAGCGTGAGGCATATACTTTTTCTTTGTTTAAAGCCCTTTT TTAAAATTATAGCTTCATTATAACAAACATCACCGTGCTTACGTAACAAATTTTAATTT AGCTTTGGAAAAATATAATGAATATGATTCTTCTGTGGATTTAGCAACTCGTATGAAT CTTTTAACATCTATTAAGTTTCATGGTGGTGGTAGGTATAGGAAAGATAAGAACTATT GATTTGAATATTTTTTATAGGTCATATTAATCATTCTTTATATTGGGAAAGCCTTCTTC CACCAAAAGAAGGTGGAGGACAAGTTATTGATGGGCCTTTAGTTGATGCAATTAAAA AGGAATGGGGAAGTGTTGACCAATTCATTCGTACATTTAATACACATTTGTCTGGGAT TCAAGGAAGTGGGTGGTGTTGGCTCGTAAAAATACCTTCAAGTCGACAACTTTTTATT CAAACAACGATGGTACTTTTCTTCTTATACTCTTTAGTGTCTGATTTGAATAGAATCAA GATCTTGTTACTCAAGGCAAAGTTATTCTTGGAATAGTAAAGTTACTTTATATTGTTTT ATAAATAATTAATTGTTTTATAGGATGCGGGGGGAAACATGAA

```
Query  21   GCGTGAGGCATATACTTTTTCTTTGTTTAAAGCCCTTTTTTAAAATTATAGCTTCATTAT  80
            || ||||| | ||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  78   GCTTGAGGTAAATACTTTTTCTTTGTTTAAAGYCCTTTTTTAAAATTATAGCTTCATTAT  137

Query  81   AACAAACATCACCGTGCTTACGTAACAAATTTTAATTTAGCTTTGGAAAAATATAATGAA  140
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||
Sbjct  138  AACAAACATCACCGTGCTTACGTAACAAATTTTAATTTAGCWTTGGAAAAATATAATGAA  197

Query  141  TATGATTCTTCTGTGGATTTAGCAACTCGTATGAATCTTTTAACATCTATTAAGTTTCAT  200
            ||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  198  TATGATTCTTCTGTGGAYTTAGCAACTCGTATGAATCTTTTAACATCTATTAAGTTTCAT  257

Query  201  GGTGGTGGTAGGTATAGGAAAGATAAGAACTATTGATTTGAATATTTTTTATAGGTCATA  260
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  258  GGTGGTGGTAGGTATAGGAAAGATAAGAACTATTGATTTGAATATTTTTTATAGGTCATA  317

Query  261  TTAATCATTCTTTATATTGGGAAAGCCTTCTTCCACCAAAAGAAGGTGGAGGACAAGTTA  320
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  318  TTAATCATTCTTTATATTGGGAAAGCCTTCTTCCACCAAAAGAAGGTGGAGGACAAGTTA  377

Query  321  TTGATGGGCCTTTAGTTGATGCAATTAAAAAGGAATGGGGAAGTGTTGACCAATTCATTC  380
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  378  TTGATGGGCCTTTAGTTGATGCAATTAAAAAGGAATGGGGAAGTGTTGACCAATTCATTC  437

Query  381  GTACATTTAATACACATTTGTCTGGGATTCAAGGAAGTGGGTGGTGTTGGCTCGTAAAAA  440
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  438  GTACATTTAATACACATTTGTCTGGGATTCAAGGAAGTGGGTGGTGTTGGCTCGTAAAAA  497

Query  441  TACCTTCAAGTCGACAACTTTTTATTCAAACAACGATGGTACTTTTCTTCTTATACTCTT  500
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  498  TACCTTCAAGTCGACAACTTTTTATTCAAACAACGATGGTACTTTTCTTCTTATACTCTT  557

Query  501  TAGTGTCTGATTTGAATAGAATCAAGATCTTGTTACTCAAGGCAAAGTTATTCTTGGAAT  560
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  558  TAGTGTCTGATTTGAATAGAATCAAGATCTTGTTACTCAAGGCAAAGTTATTCTTGGAAT  617

Query  561  AGTAAAGTTACTTTATATTGTTTTATAAATAATTAATTGTTTTATAGGATGCGGGGGGAA  620
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||| ||
Sbjct  618  AGTAAAGTTACTTTATATTGTTTTATAAATAATTAATTGTTTTATAGGATGCGTGGG-AA  676

Query  621  ACATG  625
             ||||
Sbjct  677  -CATG  680
```

Tablo A.99

SOD-26-F

GACCGAATTCGTGCCGATCGTGACGCGTGGAGAACAGATACTTTTTCTTTGTTTAAAG
CCCTTTTTTAAAATTATAGCTTCATTATAACAAACATCACCGTGCTTACGTAACAAATT
TTAATTTAGCTTTGGAAAAATATAATGAATATGATTCTTCTGTGGATTTAGCAACTCGT
ATGAATCTTTTAACATCTATTAAGTTTCATGGTGGTGGTAGGTATAGGAAAGATAAGA
ACTATTGATTTGAATATTTTTTATAGGTCATATTAATCATTCTTTATATTGGGAAAGCC
TTCTTCCACCAAAAGAAGGTGGAGGACAAGTTATTGATGGGCCTTTAGTTGATGCAAT
TAAAAAGGAATGGGGAAGTGTTGACCAATTCATTCGTACATTTAATACACATTTGTCT
GGGATTCAAGGAAGTGGGTGGTGTTGGCTCGTAAAAATACCTTCAAGTCGACAACTTT
TTATTCAAACAACGATGGTACTTTTCTTCTTATACTCTTTAGTGTCTGATTTGAATAGA
ATCAAGATCTTGTTACTCAAGGCAAAGTTATTCTTGGAATAGTAAAGTTACTTTATATT
GTTTTATAAATAATTAATTGTTTTATAGGATGCGGGGGGAACATGGA

```
Query  38   ATACTTTTTCTTTGTTTAAAGCCCTTTTTTAAAATTATAGCTTCATTATAACAAACATCA  97
            ||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  89   ATACTTTTTCTTTGTTTAAAGYCCTTTTTTAAAATTATAGCTTCATTATAACAAACATCA  148

Query  98   CCGTGCTTACGTAACAAATTTTAATTTAGCTTTGGAAAAATATAATGAATATGATTCTTC  157
            |||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  149  CCGTGCTTACGTAACAAATTTTAATTTAGCWTTGGAAAAATATAATGAATATGATTCTTC  208

Query  158  TGTGGATTTAGCAACTCGTATGAATCTTTTAACATCTATTAAGTTTCATGGTGGTGGTAG  217
            |||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  209  TGTGGAYTTAGCAACTCGTATGAATCTTTTAACATCTATTAAGTTTCATGGTGGTGGTAG  268

Query  218  GTATAGGAAAGATAAGAACTATTGATTTGAATATTTTTTATAGGTCATATTAATCATTCT  277
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  269  GTATAGGAAAGATAAGAACTATTGATTTGAATATTTTTTATAGGTCATATTAATCATTCT  328

Query  278  TTATATTGGGAAAGCCTTCTTCCACCAAAAGAAGGTGGAGGACAAGTTATTGATGGGCCT  337
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  329  TTATATTGGGAAAGCCTTCTTCCACCAAAAGAAGGTGGAGGACAAGTTATTGATGGGCCT  388

Query  338  TTAGTTGATGCAATTAAAAAGGAATGGGGAAGTGTTGACCAATTCATTCGTACATTTAAT  397
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  389  TTAGTTGATGCAATTAAAAAGGAATGGGGAAGTGTTGACCAATTCATTCGTACATTTAAT  448

Query  398  ACACATTTGTCTGGGATTCAAGGAAGTGGGTGGTGTTGGCTCGTAAAAATACCTTCAAGT  457
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  449  ACACATTTGTCTGGGATTCAAGGAAGTGGGTGGTGTTGGCTCGTAAAAATACCTTCAAGT  508

Query  458  CGACAACTTTTTATTCAAACAACGATGGTACTTTTCTTCTTATACTCTTTAGTGTCTGAT  517
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  509  CGACAACTTTTTATTCAAACAACGATGGTACTTTTCTTCTTATACTCTTTAGTGTCTGAT  568

Query  518  TTGAATAGAATCAAGATCTTGTTACTCAAGGCAAAGTTATTCTTGGAATAGTAAAGTTAC  577
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  569  TTGAATAGAATCAAGATCTTGTTACTCAAGGCAAAGTTATTCTTGGAATAGTAAAGTTAC  628

Query  578  TTTATATTGTTTTATAAATAATTAATTGTTTTATAGGATGCGGGGGGAACATG  630
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||| ||||||
Sbjct  629  TTTATATTGTTTTATAAATAATTAATTGTTTTATAGGATGCGTGGG-AACATG  680
```

Tablo A.100

SOD-28-F

TACGGGAATCGGCGTAGTCGTGATGCGTGGAGAACAGATACTTTTTCTTTGTTTAAAG
TCCTTTTTTAAAATTATAGCTTCATTATAACAAACATCACCGTGCTTACGTAACAAATT
TTAATTTAGCTTTGGAAAAATATAATGAATATGATTCTTCTGTGGACTTAGCAACTCGT
ATGAATCTTTTAACATCTATTAAGTTTCATGGTGGTGGTAGGTATAGGAAAGATAAGA
ACTATTGATTTGAATATTTTTTATAGGTCATATTAATCATTCTTTATATTGGGAAAGCC
TTCTTCCACCAAAAGAAGGTGGAGGACAAGTTATTGATGGGCCTTTAGTTGATGCAAT
TAAAAAGGAATGGGGAAGTGTTGACCAATTCATTCGTACATTTAATACACATTTGTCT
GGGATTCAAGGAAGTGGGTGGTGTTGGCTCGTAAAAATACCTTCAAGTCGACAACTTT
TTATTCAAACAACGATGGTACTTTTCTTCTTATACTCTTTAGTGTCTGATTTGAATAGA
ATCAAGATCTTGTTACTCAAGGCAAAGTTATTCTTGGAATAGTAAAGTTACTTTATATT
GTTTTATAAATAATTAATTGTTTTATAGGATGCGTGGGGAACATGAA

```
Query  38   ATACTTTTTCTTTGTTTAAAGTCCTTTTTTAAAATTATAGCTTCATTATAACAAACATCA  97
            ||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  89   ATACTTTTTCTTTGTTTAAAGYCCTTTTTTAAAATTATAGCTTCATTATAACAAACATCA  148

Query  98   CCGTGCTTACGTAACAAATTTTAATTTAGCTTTGGAAAAATATAATGAATATGATTCTTC  157
            |||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  149  CCGTGCTTACGTAACAAATTTTAATTTAGCWTTGGAAAAATATAATGAATATGATTCTTC  208

Query  158  TGTGGACTTAGCAACTCGTATGAATCTTTTAACATCTATTAAGTTTCATGGTGGTGGTAG  217
            |||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  209  TGTGGAYTTAGCAACTCGTATGAATCTTTTAACATCTATTAAGTTTCATGGTGGTGGTAG  268

Query  218  GTATAGGAAAGATAAGAACTATTGATTTGAATATTTTTTATAGGTCATATTAATCATTCT  277
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  269  GTATAGGAAAGATAAGAACTATTGATTTGAATATTTTTTATAGGTCATATTAATCATTCT  328

Query  278  TTATATTGGGAAAGCCTTCTTCCACCAAAAGAAGGTGGAGGACAAGTTATTGATGGGCCT  337
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  329  TTATATTGGGAAAGCCTTCTTCCACCAAAAGAAGGTGGAGGACAAGTTATTGATGGGCCT  388

Query  338  TTAGTTGATGCAATTAAAAAGGAATGGGGAAGTGTTGACCAATTCATTCGTACATTTAAT  397
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  389  TTAGTTGATGCAATTAAAAAGGAATGGGGAAGTGTTGACCAATTCATTCGTACATTTAAT  448

Query  398  ACACATTTGTCTGGGATTCAAGGAAGTGGGTGGTGTTGGCTCGTAAAAATACCTTCAAGT  457
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  449  ACACATTTGTCTGGGATTCAAGGAAGTGGGTGGTGTTGGCTCGTAAAAATACCTTCAAGT  508

Query  458  CGACAACTTTTTATTCAAACAACGATGGTACTTTTCTTCTTATACTCTTTAGTGTCTGAT  517
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  509  CGACAACTTTTTATTCAAACAACGATGGTACTTTTCTTCTTATACTCTTTAGTGTCTGAT  568

Query  518  TTGAATAGAATCAAGATCTTGTTACTCAAGGCAAAGTTATTCTTGGAATAGTAAAGTTAC  577
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  569  TTGAATAGAATCAAGATCTTGTTACTCAAGGCAAAGTTATTCTTGGAATAGTAAAGTTAC  628

Query  578  TTTATATTGTTTTATAAATAATTAATTGTTTTATAGGATGCGTGGGGAACATG  630
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||
Sbjct  629  TTTATATTGTTTTATAAATAATTAATTGTTTTATAGGATGCGTGGG-AACATG  680
```

Tablo A.101

SOD-30-F

ATCGCCGAGCGCGCTACTGCATCCGTCCTCTTGTTCTTTGTTTAAATGTCCTTTTTTAA
AATTATAGCTTCATTATAACAAACATCACCGTGCTTACGTAACAAATTTTAATTTAGCT
TTGGAAAAATATAATGAATATGATTCTTCTGTGGACTTAGCAACTCGTATGAATCTTTT
AACATCTATTAAGTTTCATGGTGGTGGTAGGTATAGGAAAGATAAGAACTATTGATTT
GAATATTTTTTATAGGTCATATTAATCATTCTTTATATTGGGAAAGCCTTCTTCCACCA
AAAGAAGGTGGAGGACAAGTTATTGATGGGCCTTTAGTTGATGCAATTAAAAAGGAA
TGGGGAAGTGTTGACCAATTCATTCGTACATTTAATACACATTTGTCTGGGATTCAAG
GAAGTGGGTGGTGTTGGCTCGTAAAAATACCTTCAAGTCGACAACTTTTTATTCAAAC
AACGATGGTACTTTTCTTCTTATACTCTTTAGTGTCTGATTTGAATAGAATCAAGATCT
TGTTACTCAAGGCAAAGTTATTCTTGGAATAGTAAAGTTACTTTATATTGTTTTATAAA
TAATTAATTGTTTTATAGGATGCGGGGGGAACATGAA

```
Query  30   CTTGTTCTTTGTTTAAATGTCCTTTTTTAAAATTATAGCTTCATTATAACAAACATCACC  89
            ||| ||||||||||||| | ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  92   CTTTTTCTTTGTTTAAA-GYCCTTTTTTAAAATTATAGCTTCATTATAACAAACATCACC  150

Query  90   GTGCTTACGTAACAAATTTTAATTTAGCTTTGGAAAAATATAATGAATATGATTCTTCTG  149
            |||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  151  GTGCTTACGTAACAAATTTTAATTTAGCWTTGGAAAAATATAATGAATATGATTCTTCTG  210

Query  150  TGGACTTAGCAACTCGTATGAATCTTTTAACATCTATTAAGTTTCATGGTGGTGGTAGGT  209
            |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  211  TGGAYTTAGCAACTCGTATGAATCTTTTAACATCTATTAAGTTTCATGGTGGTGGTAGGT  270

Query  210  ATAGGAAAGATAAGAACTATTGATTTGAATATTTTTTATAGGTCATATTAATCATTCTTT  269
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  271  ATAGGAAAGATAAGAACTATTGATTTGAATATTTTTTATAGGTCATATTAATCATTCTTT  330

Query  270  ATATTGGGAAAGCCTTCTTCCACCAAAAGAAGGTGGAGGACAAGTTATTGATGGGCCTTT  329
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  331  ATATTGGGAAAGCCTTCTTCCACCAAAAGAAGGTGGAGGACAAGTTATTGATGGGCCTTT  390

Query  330  AGTTGATGCAATTAAAAAGGAATGGGGAAGTGTTGACCAATTCATTCGTACATTTAATAC  389
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  391  AGTTGATGCAATTAAAAAGGAATGGGGAAGTGTTGACCAATTCATTCGTACATTTAATAC  450

Query  390  ACATTTGTCTGGGATTCAAGGAAGTGGGTGGTGTTGGCTCGTAAAAATACCTTCAAGTCG  449
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  451  ACATTTGTCTGGGATTCAAGGAAGTGGGTGGTGTTGGCTCGTAAAAATACCTTCAAGTCG  510

Query  450  ACAACTTTTTATTCAAACAACGATGGTACTTTTCTTCTTATACTCTTTAGTGTCTGATTT  509
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  511  ACAACTTTTTATTCAAACAACGATGGTACTTTTCTTCTTATACTCTTTAGTGTCTGATTT  570

Query  510  GAATAGAATCAAGATCTTGTTACTCAAGGCAAAGTTATTCTTGGAATAGTAAAGTTACTT  569
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  571  GAATAGAATCAAGATCTTGTTACTCAAGGCAAAGTTATTCTTGGAATAGTAAAGTTACTT  630

Query  570  TATATTGTTTTATAAATAATTAATTGTTTTATAGGATGCGGGGGGAACATG  620
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||| ||||||
Sbjct  631  TATATTGTTTTATAAATAATTAATTGTTTTATAGGATGCGTGGG-AACATG  680
```

Tablo A.102

SOD-31-F
AAAGTTATAGGCGGCGTCGTCTGCGTGGGCGCATATGCGTGTAGTCTTTGTTTACAGC GCCTTTTTGAAAATTATAGCTTCATTATAACAAACATCACCGTGCTTACGTAACAAAT TTTAATTTAGCTTTGGAAAAATATAATGAATATGATTCTTCTGTGGATTTAGCAACTCG TATGAATCTTTTAACATCTATTAAGTTTCATGGTGGTGGTAGGTATAGGAAAGATAAG AACTATTGATTTGAATATTTTTTATAGGTCATATTAATCATTCTTTATATTGGGAAAGC CTTCTTCCACCAAAAGAAGGTGGAGGACAAGTTATTGATGGGCCTTTAGTTGATGCAA TTAAAAAGGAATGGGGAAGTGTTGACCAATTCATTCGTACATTTAATACACATTTGTC TGGGATTCAAGGAAGTGGGTGGTGTTGGCTCGTAAAAATACCTTCAAGTCGACAACTT TTTATTCAAACAACGATGGTACTTTTCTTCTTATACTCTTTAGTGTCTGATTTGAATAG AATCAAGATCTTGTTACTCAAGGCAAAGTTATTCTTGGAATAGTAAAGTTACTTTATA TTGTTTTATAAATAATTAATTGTTTTATAGGATGCGTGGGGAACATGAA

```
Query  45    TCTTTGTTTACAGCGCCTTTTTGAAAATTATAGCTTCATTATAACAAACATCACCGTGCT  104
             |||||||||| ||  ||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  97    TCTTTGTTTAAAG-YCCTTTTTTAAAATTATAGCTTCATTATAACAAACATCACCGTGCT  155

Query  105   TACGTAACAAATTTTAATTTAGCTTTGGAAAAATATAATGAATATGATTCTTCTGTGGAT  164
             ||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||| 
Sbjct  156   TACGTAACAAATTTTAATTTAGCWTTGGAAAAATATAATGAATATGATTCTTCTGTGGAY  215

Query  165   TTAGCAACTCGTATGAATCTTTTAACATCTATTAAGTTTCATGGTGGTGGTAGGTATAGG  224
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  216   TTAGCAACTCGTATGAATCTTTTAACATCTATTAAGTTTCATGGTGGTGGTAGGTATAGG  275

Query  225   AAAGATAAGAACTATTGATTTGAATATTTTTTATAGGTCATATTAATCATTCTTTATATT  284
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  276   AAAGATAAGAACTATTGATTTGAATATTTTTTATAGGTCATATTAATCATTCTTTATATT  335

Query  285   GGGAAAGCCTTCTTCCACCAAAAGAAGGTGGAGGACAAGTTATTGATGGGCCTTTAGTTG  344
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  336   GGGAAAGCCTTCTTCCACCAAAAGAAGGTGGAGGACAAGTTATTGATGGGCCTTTAGTTG  395

Query  345   ATGCAATTAAAAAGGAATGGGGAAGTGTTGACCAATTCATTCGTACATTTAATACACATT  404
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  396   ATGCAATTAAAAAGGAATGGGGAAGTGTTGACCAATTCATTCGTACATTTAATACACATT  455

Query  405   TGTCTGGGATTCAAGGAAGTGGGTGGTGTTGGCTCGTAAAAATACCTTCAAGTCGACAAC  464
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  456   TGTCTGGGATTCAAGGAAGTGGGTGGTGTTGGCTCGTAAAAATACCTTCAAGTCGACAAC  515

Query  465   TTTTTATTCAAACAACGATGGTACTTTTCTTCTTATACTCTTTAGTGTCTGATTTGAATA  524
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  516   TTTTTATTCAAACAACGATGGTACTTTTCTTCTTATACTCTTTAGTGTCTGATTTGAATA  575

Query  525   GAATCAAGATCTTGTTACTCAAGGCAAAGTTATTCTTGGAATAGTAAAGTTACTTTATAT  584
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  576   GAATCAAGATCTTGTTACTCAAGGCAAAGTTATTCTTGGAATAGTAAAGTTACTTTATAT  635

Query  585   TGTTTTATAAATAATTAATTGTTTTATAGGATGCGTGGGGAACATG  630
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||
Sbjct  636   TGTTTTATAAATAATTAATTGTTTTATAGGATGCGTGGG-AACATG  680
```

Tablo A.103

SOD-32-F
GGCGATCGAGTGACTACTGACGGCTTGATGAATTTCTTTGTTTAAAGCCCTTTTTTAAA ATTATAGCTTCATTATAACAAACATCACCGTGCTTACGTAACAAATTTTAATTTAGCTT TGGAAAAATATAATGAATATGATTCTTCTGTGGATTTAGCAACTCGTATGAATCTTTT AACATCTATTAAGTTTCATGGTGGTGGTAGGTATAGGAAAGATAAGAACTATTGATTT GAATATTTTTTATAGGTCATATTAATCATTCTTTATATTGGGAAAGCCTTCTTCCACCA AAAGAAGGTGGAGGACAAGTTATTGATGGGCCTTTAGTTGATGCAATTAAAAAGGAA TGGGGAAGTGTTGACCAATTCATTCGTACATTTAATACACATTTGTCTGGGATTCAAG GAAGTGGGTGGTGTTGGCTCGTAAAAATACCTTCAAGTCGACAACTTTTTATTCAAAC AACGATGGTACTTTTCTTCTTATACTCTTTAGTGTCTGATTTGAATAGAATCAAGATCT TGTTACTCAAGGCAAAGTTATTCTTGGAATAGTAAAGTTACTTTATATTGTTTTATAAA TAATTAATTGTTTTATAGGATGCGTGGGAACATGAA

```
Query  33   TTTCTTTGTTTAAAGCCCTTTTTTAAAATTATAGCTTCATTATAACAAACATCACCGTGC  92
            ||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  95   TTTCTTTGTTTAAAGYCCTTTTTTAAAATTATAGCTTCATTATAACAAACATCACCGTGC  154

Query  93   TTACGTAACAAATTTTAATTTAGCTTTGGAAAAATATAATGAATATGATTCTTCTGTGGA  152
            |||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  155  TTACGTAACAAATTTTAATTTAGCWTTGGAAAAATATAATGAATATGATTCTTCTGTGGA  214

Query  153  TTTAGCAACTCGTATGAATCTTTTAACATCTATTAAGTTTCATGGTGGTGGTAGGTATAG  212
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  215  YTTAGCAACTCGTATGAATCTTTTAACATCTATTAAGTTTCATGGTGGTGGTAGGTATAG  274

Query  213  GAAAGATAAGAACTATTGATTTGAATATTTTTTATAGGTCATATTAATCATTCTTTATAT  272
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  275  GAAAGATAAGAACTATTGATTTGAATATTTTTTATAGGTCATATTAATCATTCTTTATAT  334

Query  273  TGGGAAAGCCTTCTTCCACCAAAAGAAGGTGGAGGACAAGTTATTGATGGGCCTTTAGTT  332
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  335  TGGGAAAGCCTTCTTCCACCAAAAGAAGGTGGAGGACAAGTTATTGATGGGCCTTTAGTT  394

Query  333  GATGCAATTAAAAAGGAATGGGGAAGTGTTGACCAATTCATTCGTACATTTAATACACAT  392
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  395  GATGCAATTAAAAAGGAATGGGGAAGTGTTGACCAATTCATTCGTACATTTAATACACAT  454

Query  393  TTGTCTGGGATTCAAGGAAGTGGGTGGTGTTGGCTCGTAAAAATACCTTCAAGTCGACAA  452
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  455  TTGTCTGGGATTCAAGGAAGTGGGTGGTGTTGGCTCGTAAAAATACCTTCAAGTCGACAA  514

Query  453  CTTTTTATTCAAACAACGATGGTACTTTTCTTCTTATACTCTTTAGTGTCTGATTTGAAT  512
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  515  CTTTTTATTCAAACAACGATGGTACTTTTCTTCTTATACTCTTTAGTGTCTGATTTGAAT  574

Query  513  AGAATCAAGATCTTGTTACTCAAGGCAAAGTTATTCTTGGAATAGTAAAGTTACTTTATA  572
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  575  AGAATCAAGATCTTGTTACTCAAGGCAAAGTTATTCTTGGAATAGTAAAGTTACTTTATA  634

Query  573  TTGTTTTATAAATAATTAATTGTTTTATAGGATGCGTGGGAACATG  618
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  635  TTGTTTTATAAATAATTAATTGTTTTATAGGATGCGTGGGAACATG  680
```

Tablo A.104

SOD-33-F

CCTAATCTTTTCTATGAGTTGCGTTGAGGTAATACTTTTTCTTTGTTTAAAGCCCTTTTT
TAAAATTATAGCTTCATTATAACAAACATCACCGTGCTTACGTAACAAATTTTAATTT
AGCTTTGGAAAAATATAATGAATATGATTCTTCTGTGGATTTAGCAACTCGTATGAAT
CTTTTAACATCTATTAAGTTTCATGGTGGTGGTAGGTATAGGAAAGATAAGAACTATT
GATTTGAATATTTTTTATAGGTCATATTAATCATTCTTTATATTGGGAAAGCCTTCTTC
CACCAAAAGAAGGTGGAGGACAAGTTATTGATGGGCCTTTAGTTGATGCAATTAAAA
AGGAATGGGGAAGTGTTGACCAATTCATTCGTACATTTAATACACATTTGTCTGGGAT
TCAAGGAAGTGGGTGGTGTTGGCTCGTAAAAATACCTTCAAGTCGACAACTTTTTATT
CAAACAACGATGGTACTTTTCTTCTTATACTCTTTAGTGTCTGATTTGAATAGAATCAA
GATCTTGTTACTCAAGGCAAAGTTATTCTTGGAATAGTAAAGTTACTTTATATTGTTTT
ATAAATAATTAATTGTTTTATAGGTCGGGGGGAAAAACAGATGAAA

```
Query  1    CCTAATCTTTTCT-ATGAGTTGCGTTGAGGT-AATACTTTTTCTTTGTTTAAAGCCCTTT  58
            ||| ||| ||||| |||| |||| ||||||| |||||||||||||||||||||| |||||
Sbjct  58   CCTTATC-TTTCTCATGATTTGC-TTGAGGTAAATACTTTTTCTTTGTTTAAAGYCCTTT  115

Query  59   TTTAAAATTATAGCTTCATTATAACAAACATCACCGTGCTTACGTAACAAATTTTAATTT  118
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  116  TTTAAAATTATAGCTTCATTATAACAAACATCACCGTGCTTACGTAACAAATTTTAATTT  175

Query  119  AGCTTTGGAAAAATATAATGAATATGATTCTTCTGTGGATTTAGCAACTCGTATGAATCT  178
            ||| |||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||
Sbjct  176  AGCWTTGGAAAAATATAATGAATATGATTCTTCTGTGGAYTTAGCAACTCGTATGAATCT  235

Query  179  TTTAACATCTATTAAGTTTCATGGTGGTGGTAGGTATAGGAAAGATAAGAACTATTGATT  238
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  236  TTTAACATCTATTAAGTTTCATGGTGGTGGTAGGTATAGGAAAGATAAGAACTATTGATT  295

Query  239  TGAATATTTTTTATAGGTCATATTAATCATTCTTTATATTGGGAAAGCCTTCTTCCACCA  298
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  296  TGAATATTTTTTATAGGTCATATTAATCATTCTTTATATTGGGAAAGCCTTCTTCCACCA  355

Query  299  AAAGAAGGTGGAGGACAAGTTATTGATGGGCCTTTAGTTGATGCAATTAAAAAGGAATGG  358
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  356  AAAGAAGGTGGAGGACAAGTTATTGATGGGCCTTTAGTTGATGCAATTAAAAAGGAATGG  415

Query  359  GGAAGTGTTGACCAATTCATTCGTACATTTAATACACATTTGTCTGGGATTCAAGGAAGT  418
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  416  GGAAGTGTTGACCAATTCATTCGTACATTTAATACACATTTGTCTGGGATTCAAGGAAGT  475

Query  419  GGGTGGTGTTGGCTCGTAAAAATACCTTCAAGTCGACAACTTTTTATTCAAACAACGATG  478
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  476  GGGTGGTGTTGGCTCGTAAAAATACCTTCAAGTCGACAACTTTTTATTCAAACAACGATG  535

Query  479  GTACTTTTCTTCTTATACTCTTTAGTGTCTGATTTGAATAGAATCAAGATCTTGTTACTC  538
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  536  GTACTTTTCTTCTTATACTCTTTAGTGTCTGATTTGAATAGAATCAAGATCTTGTTACTC  595

Query  539  AAGGCAAAGTTATTCTTGGAATAGTAAAGTTACTTTATATTGTTTTATAAATAATTAATT  598
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  596  AAGGCAAAGTTATTCTTGGAATAGTAAAGTTACTTTATATTGTTTTATAAATAATTAATT  655

Query  599  GTTTTATAGG  608
            ||||||||||
Sbjct  656  GTTTTATAGG  665
```

Tablo A.105

SOD-36-F

GCATACGCGCTATGAGATGCTTGAGGTATATACTTTTTCTTTGTTTAAAGCCCTTTTTT
AAAATTATAGCTTCATTATAACAAACATCACCGTGCTTACGTAACAAATTTTAATTTA
GCTTTGGAAAAATATAATGAATATGATTCTTCTGTGGATTTAGCAACTCGTATGAATC
TTTTAACATCTATTAAGTTTCATGGTGGTGGTAGGTATAGGAAAGATAAGAACTATTG
ATTTGAATATTTTTTATAGGTCATATTAATCATTCTTTATATTGGGAAAGCCTTCTTCC
ACCAAAAGAAGGTGGAGGACAAGTTATTGATGGGCCTTTAGTTGATGCAATTAAAAA
GGAATGGGGAAGTGTTGACCAATTCATTCGTACATTTAATACACATTTGTCTGGGATT
CAAGGAAGTGGGTGGTGTTGGCTCGTAAAAATACCTTCAAGTCGACAACTTTTTATTC
AAACAACGATGGTACTTTTCTTCTTATACTCTTTAGTGTCTGATTTGAATAGAATCAAG
ATCTTGTTACTCAAGGCAAAGTTATTCTTGGAATAGTAAAGTTACTTTATATTGTTTTA
TAAATAATTAATTGTTTTATAGGTGGGGGGAAACACTAGAAAATTTTTT

```
Query  12   ATGAGATGCTTGAGGTATATACTTTTTCTTTGTTTAAAGCCCTTTTTTAAAATTATAGCT  71
            ||||  ||||||||||| ||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||
Sbjct  71   ATGATTTGCTTGAGGTAAATACTTTTTCTTTGTTTAAAGYCCTTTTTTAAAATTATAGCT  130

Query  72   TCATTATAACAAACATCACCGTGCTTACGTAACAAATTTTAATTTAGCTTTGGAAAAATA  131
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||
Sbjct  131  TCATTATAACAAACATCACCGTGCTTACGTAACAAATTTTAATTTAGCWTTGGAAAAATA  190

Query  132  TAATGAATATGATTCTTCTGTGGATTTAGCAACTCGTATGAATCTTTTAACATCTATTAA  191
            |||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  191  TAATGAATATGATTCTTCTGTGGAYTTAGCAACTCGTATGAATCTTTTAACATCTATTAA  250

Query  192  GTTTCATGGTGGTGGTAGGTATAGGAAAGATAAGAACTATTGATTTGAATATTTTTTATA  251
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  251  GTTTCATGGTGGTGGTAGGTATAGGAAAGATAAGAACTATTGATTTGAATATTTTTTATA  310

Query  252  GGTCATATTAATCATTCTTTATATTGGGAAAGCCTTCTTCCACCAAAAGAAGGTGGAGGA  311
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  311  GGTCATATTAATCATTCTTTATATTGGGAAAGCCTTCTTCCACCAAAAGAAGGTGGAGGA  370

Query  312  CAAGTTATTGATGGGCCTTTAGTTGATGCAATTAAAAAGGAATGGGGAAGTGTTGACCAA  371
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  371  CAAGTTATTGATGGGCCTTTAGTTGATGCAATTAAAAAGGAATGGGGAAGTGTTGACCAA  430

Query  372  TTCATTCGTACATTTAATACACATTTGTCTGGGATTCAAGGAAGTGGGTGGTGTTGGCTC  431
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  431  TTCATTCGTACATTTAATACACATTTGTCTGGGATTCAAGGAAGTGGGTGGTGTTGGCTC  490

Query  432  GTAAAAATACCTTCAAGTCGACAACTTTTTATTCAAACAACGATGGTACTTTTCTTCTTA  491
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  491  GTAAAAATACCTTCAAGTCGACAACTTTTTATTCAAACAACGATGGTACTTTTCTTCTTA  550

Query  492  TACTCTTTAGTGTCTGATTTGAATAGAATCAAGATCTTGTTACTCAAGGCAAAGTTATTC  551
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  551  TACTCTTTAGTGTCTGATTTGAATAGAATCAAGATCTTGTTACTCAAGGCAAAGTTATTC  610

Query  552  TTGGAATAGTAAAGTTACTTTATATTGTTTTATAAATAATTAATTGTTTTATAGG-TGGG  610
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| || |
Sbjct  611  TTGGAATAGTAAAGTTACTTTATATTGTTTTATAAATAATTAATTGTTTTATAGGATGCG  670

Query  611  GGGGAA  616
             |||||
Sbjct  671  TGGGAA  676
```

Tablo A.106

SOD-37-F

TCAATTTCGTGTTCACAGGATTTGCTTGAGGTAAATACTTTTTCTTTGTTTAAAGCCCT
TTTTTAAAATTATAGCTTCAAAATAACAAACATCACCGTGCTTACGTAACAAATTTTA
ATTTAGCTTTGGAAAAATATAATGAATATGATTCTTCTGTGGATTTAGCAACTCGTAT
GAATCTTTTAACATCTATTAAGTTTCATGGTGGTGGTAGGTATAGGAAAGATAAGAAC
TATTGATTTGAATATTTTTTATAGGTCATATTAATCATTCTTTATATTGGGAAAGCCTT
CTTCCACCAAAAGAAGGTGGAGGACAAGTTATTGATGGGCCTTTAGTTGATGCAATTA
AAAAGGAATGGGGAAGTGTTGACCAATTCATTCGTACATTTAATACACATTTGTCTGG
GATTCAAGGAAGTGGGTGGTGTTGGCTCGTAAAAATACCTTCAAGTCGACAACTTTTT
ATTCAAACAACGATGGTACTTTTCTTCTTATACTCTTTAGTGTCTGATTTGAATAGAAT
CAAGATCTTGTTACTCAAGGCAAAGTTATTCTTGGAATAGTAAAGTTACTTTATATTGT
TTTATAAATAATTAATTGTTTTATAGGATGCGGGGGGAAACATGGAAGGTGAC

```
Query  12   TTCACAGGATTTGCTTGAGGTAAATACTTTTTCTTTGTTTAAAGCCCTTTTTTAAAATTA  71
            ||| || ||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||
Sbjct  66   TTCTCATGATTTGCTTGAGGTAAATACTTTTTCTTTGTTTAAAGYCCTTTTTTAAAATTA  125

Query  72   TAGCTTCAAAATAACAAACATCACCGTGCTTACGTAACAAATTTTAATTTAGCTTTGGAA  131
            ||||||||  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||
Sbjct  126  TAGCTTCATTATAACAAACATCACCGTGCTTACGTAACAAATTTTAATTTAGCWTTGGAA  185

Query  132  AAATATAATGAATATGATTCTTCTGTGGATTTAGCAACTCGTATGAATCTTTTAACATCT  191
            |||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  186  AAATATAATGAATATGATTCTTCTGTGGAYTTAGCAACTCGTATGAATCTTTTAACATCT  245

Query  192  ATTAAGTTTCATGGTGGTGGTAGGTATAGGAAAGATAAGAACTATTGATTTGAATATTTT  251
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  246  ATTAAGTTTCATGGTGGTGGTAGGTATAGGAAAGATAAGAACTATTGATTTGAATATTTT  305

Query  252  TTATAGGTCATATTAATCATTCTTTATATTGGGAAAGCCTTCTTCCACCAAAAGAAGGTG  311
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  306  TTATAGGTCATATTAATCATTCTTTATATTGGGAAAGCCTTCTTCCACCAAAAGAAGGTG  365

Query  312  GAGGACAAGTTATTGATGGGCCTTTAGTTGATGCAATTAAAAAGGAATGGGGAAGTGTTG  371
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  366  GAGGACAAGTTATTGATGGGCCTTTAGTTGATGCAATTAAAAAGGAATGGGGAAGTGTTG  425

Query  372  ACCAATTCATTCGTACATTTAATACACATTTGTCTGGGATTCAAGGAAGTGGGTGGTGTT  431
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  426  ACCAATTCATTCGTACATTTAATACACATTTGTCTGGGATTCAAGGAAGTGGGTGGTGTT  485

Query  432  GGCTCGTAAAAATACCTTCAAGTCGACAACTTTTTATTCAAACAACGATGGTACTTTTCT  491
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  486  GGCTCGTAAAAATACCTTCAAGTCGACAACTTTTTATTCAAACAACGATGGTACTTTTCT  545

Query  492  TCTTATACTCTTTAGTGTCTGATTTGAATAGAATCAAGATCTTGTTACTCAAGGCAAAGT  551
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  546  TCTTATACTCTTTAGTGTCTGATTTGAATAGAATCAAGATCTTGTTACTCAAGGCAAAGT  605

Query  552  TATTCTTGGAATAGTAAAGTTACTTTATATTGTTTTATAAATAATTAATTGTTTTATAGG  611
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  606  TATTCTTGGAATAGTAAAGTTACTTTATATTGTTTTATAAATAATTAATTGTTTTATAGG  665

Query  612  ATGCGGGGGGAAACATG  628
            ||||| ||| || ||||
Sbjct  666  ATGCGTGGG-AA-CATG  680
```

Tablo A.107

SOD-40-F

TCATAAAGGGGCATATGCATTGGCTTGAGAGTAAATACTTTTTCTTTGTTTAAAGCCCT
TTTTTAAAATTATAGCTTCATTATAACAAACATCACCGTGCTTACGTAACAAATTTTAA
TTTAGCTTTGGAAAAATATAATGAATATGATTCTTCTGTGGATTTAGCAACTCGTATG
AATCTTTTAACATCTATTAAGTTTCATGGTGGTGGTAGGTATAGGAAAGATAAGAACT
ATTGATTTGAATATTTTTTATAGGTCATATTAATCATTCTTTATATTGGGAAAGCCTTC
TTCCACCAAAAGAAGGTGGAGGACAAGTTATTGATGGGCCTTTAGTTGATGCAATTAA
AAAGGAATGGGGAAGTGTTGACCAATTCATTCGTACATTTAATACACATTTGTCTGGG
ATTCAAGGAAGTGGGTGGTGTTGGCTCGTAAAAATACCTTCAAGTCGACAACTTTTTA
TTCAAACAACGATGGTACTTTTCTTCTTATACTCTTTAGTGTCTGATTTGAATAGAATC
AAGATCTTGTTACTCAAGGCAAAGTTATTCTTGGAATAGTAAAGTTACTTTATATTGTT
TTATAAATAATTAATTGTTTTATAGGATGCGGGGGAAACATGGA

```
Query  15   ATGCATTGGCTTGAGAGTAAATACTTTTTCTTTGTTTAAAGCCCTTTTTTAAAATTATAG  74
            ||| ||| ||||||| ||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||
Sbjct  71   ATG-ATTTGCTTGAG-GTAAATACTTTTTCTTTGTTTAAAGYCCTTTTTTAAAATTATAG  128

Query  75   CTTCATTATAACAAACATCACCGTGCTTACGTAACAAATTTTAATTTAGCTTTGGAAAAA  134
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||
Sbjct  129  CTTCATTATAACAAACATCACCGTGCTTACGTAACAAATTTTAATTTAGCWTTGGAAAAA  188

Query  135  TATAATGAATATGATTCTTCTGTGGATTTAGCAACTCGTATGAATCTTTTAACATCTATT  194
            |||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  189  TATAATGAATATGATTCTTCTGTGGAYTTAGCAACTCGTATGAATCTTTTAACATCTATT  248

Query  195  AAGTTTCATGGTGGTGGTAGGTATAGGAAAGATAAGAACTATTGATTTGAATATTTTTTA  254
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  249  AAGTTTCATGGTGGTGGTAGGTATAGGAAAGATAAGAACTATTGATTTGAATATTTTTTA  308

Query  255  TAGGTCATATTAATCATTCTTTATATTGGGAAAGCCTTCTTCCACCAAAAGAAGGTGGAG  314
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  309  TAGGTCATATTAATCATTCTTTATATTGGGAAAGCCTTCTTCCACCAAAAGAAGGTGGAG  368

Query  315  GACAAGTTATTGATGGGCCTTTAGTTGATGCAATTAAAAAGGAATGGGGAAGTGTTGACC  374
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  369  GACAAGTTATTGATGGGCCTTTAGTTGATGCAATTAAAAAGGAATGGGGAAGTGTTGACC  428

Query  375  AATTCATTCGTACATTTAATACACATTTGTCTGGGATTCAAGGAAGTGGGTGGTGTTGGC  434
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  429  AATTCATTCGTACATTTAATACACATTTGTCTGGGATTCAAGGAAGTGGGTGGTGTTGGC  488

Query  435  TCGTAAAAATACCTTCAAGTCGACAACTTTTTATTCAAACAACGATGGTACTTTTCTTCT  494
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  489  TCGTAAAAATACCTTCAAGTCGACAACTTTTTATTCAAACAACGATGGTACTTTTCTTCT  548

Query  495  TATACTCTTTAGTGTCTGATTTGAATAGAATCAAGATCTTGTTACTCAAGGCAAAGTTAT  554
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  549  TATACTCTTTAGTGTCTGATTTGAATAGAATCAAGATCTTGTTACTCAAGGCAAAGTTAT  608

Query  555  TCTTGGAATAGTAAAGTTACTTTATATTGTTTTATAAATAATTAATTGTTTTATAGGATG  614
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  609  TCTTGGAATAGTAAAGTTACTTTATATTGTTTTATAAATAATTAATTGTTTTATAGGATG  668

Query  615  CGGGGGAAACATG  627
            || ||||| ||||
Sbjct  669  CGTGGGAA-CATG  680
```

Tablo A.108

SOD-42-R

GATTTAAGAGGCAACATGGAGTAAACGTTACAAGTCCGAATGACTTTGCCTTGAGTA
ACAAGATCTTGATTCTATTCAAATCAGACACTAAAGAGTATAAGAAGAAAAGTACCA
TCGTTGTTTGAAGAAAAGTTGTCGACTTGAAGGTATTTTTACGAGCCAACACCACCCA
CTTCCTTGAATCCCAGACAAATGTGTATTAAATGTACGAATGAATTGGTCAACACTTC
CCCATTCCTTTTTAATTGCATCAACTAAAGGCCCATCAATAACTTGTCCTCCACCTTCT
TTTGGTGGAAGAAGGCTTTCCTCCCATAAAGAATGATGATTATGACCTATAAAAAATA
TTCAAATCATCAGTTCTTATCTTTCCTACACCTACCACCACCATGAAGCTTTTTAGATG
TTGTTTAAATTCATACGAGTGGTTGTTGTCCTCCAAAAAATAATTTTATTTATAATTTT
TTTTATAAACACAATTATGGTTTTTTTCTTCACAGCGATGTTTGTGTGTGATATGGAAG
CAATCATTATAAAGACGGTCTTTAAACAAAGAATAAGTATTTACCTCAAGCAAATCAT
GAGAAAGATAAGGTTCAAGTGCCTAAAAAAGACTAATTAAACCCGCGTGAG

```
Query  20   AGTAAACGTTACAAGTCC--GAATGACTTTGCCTTGAGTAACAAGATCTTGATTCTATTC  77
            ||| ||| |||| | |||  |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  629  AGT-AACTTTACTATTCCAAGAATAACTTTGCCTTGAGTAACAAGATCTTGATTCTATTC  571

Query  78   AAATCAGACACTAAAGAGTATAAGAAGAAAAGTACCATCGTTGTTTGAA-GAAAAGTTGT  136
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||  |||||||||
Sbjct  570  AAATCAGACACTAAAGAGTATAAGAAGAAAAGTACCATCGTTGTTTGAATAAAAAGTTGT  511

Query  137  CGACTTGAAGGTATTTTTACGAGCCAACACCACCCACTTCCTTGAATCCCAGACAAATGT  196
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  510  CGACTTGAAGGTATTTTTACGAGCCAACACCACCCACTTCCTTGAATCCCAGACAAATGT  451

Query  197  GTATTAAATGTACGAATGAATTGGTCAACACTTCCCCATTCCTTTTTAATTGCATCAACT  256
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  450  GTATTAAATGTACGAATGAATTGGTCAACACTTCCCCATTCCTTTTTAATTGCATCAACT  391

Query  257  AAAGGCCCATCAATAACTTGTCCTCCACCTTCTTTTGGTGGAAGAAGGCTTTCCTCCCAT  316
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||    ||
Sbjct  390  AAAGGCCCATCAATAACTTGTCCTCCACCTTCTTTTGGTGGAAGAAGGCTTTCCCAATAT  331

Query  317  AAAGAATGATGATTATGACCTATAAAAAATATTCAAATCATCAGTTCTTATCTTTCCTAC  376
            |||||||||| | |||||||||||||||||||||||||||  ||||||||||||||||| 
Sbjct  330  AAAGAATGATTAATATGACCTATAAAAAATATTCAAATCAATAGTTCTTATCTTTCCTAT  271

Query  377  ACCTACCACCACCATGAAGCTTTTTAGATGTTGTTTAAATTCATACGAGTGGTTGTTGTC  436
            |||||||||||||||||| |||  ||||||||    | ||||||||||||  | | |   
Sbjct  270  ACCTACCACCACCATGAAACTTAATAGATGTTAA-AAGATTCATACGAGT--T-GCTAAR  215

Query  437  CTCCAAAAAATAATTTTATTTATAATTTTTTTTATAAACACAATTATGGTTTTTTTCTTC  496
             |||| | || |||  |||| || || |||||   |  |  |||||   || ||   |  
Sbjct  214  -TCCACAGAAGAATCATATTCATTATATTTTTCCAAWGCTAAATTAAAATTTGTTACGTA  156

Query  497  A-CAGCGATGTTTGTGTGTGATATGGAAGCAATCATTATAAAGACGGTCTTTAAACAAAG  555
            | || || || | || ||| |||  ||||| || ||| |||| | || ||||||||||||
Sbjct  155  AGCA-CGGTGAT-GTTTGTTATAATGAAGCTATAATTTTAAAAAAGGRCTTTAAACAAAG  98

Query  556  AATAAGTATTTACCTCAAGCAAATCATGAGAAAGATAAGGTTCAAGTGCCTAAAAAAGAC  615
            || ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||
Sbjct  97   AAAAAGTATTTACCTCAAGCAAATCATGAGAAAGATAAGGTTCAAGTGCCTAAAAA-GAC  39

Query  616  TAATTAAACCC  626
            ||||||||||
Sbjct  38   TAATTAAACCC  28
```

Tablo A.109

SOD-43-F

ATCCCACGCGCGGCGTGAATGCGTGGGACATGACGTGCCTTTGTTTAAAGCCCTTTTT
TAAAATTATAGCTTCATTATAACAAACATCACCGTGCTTACGTAACAAATTTTAATTT
AGCTTTGGAAAAATATAATGAATATGATTCTTCTGTGGATTTAGCAACTCGTATGAAT
CTTTTAACATCTATTAAGTTTCATGGTGGTGGTAGGTATAGGAAAGATAAGAACTATT
GATTTGAATATTTTTTATAGGTCATATTAATCATTCTTTATATTGGGAAAGCCTTCTTC
CACCAAAAGAAGGTGGAGGACAAGTTATTGATGGGCCTTTAGTTGATGCAATTAAAA
AGGAATGGGGAAGTGTTGACCAATTCATTCGTACATTTAATACACATTTGTCTGGGAT
TCAAGGAAGTGGGTGGTGTTGGCTCGTAAAAATACCTTCAAGTCGACAACTTTTTATT
CAAACACCGATGGTACTTTTCTTCTTATACTCTTTAGTGTCTGATTTGAATAGAATCAA
GATCTTGTTACTCAAGGCAAAGTTATTCTTGGAATAGTAAAGTTACTTTATATTGTTTT
ATAAATAATTAATTGTTTTATAGGATGCGTGGGAACATGAAGATGAC

```
Query  39   CTTTGTTTAAAGCCCTTTTTTAAAATTATAGCTTCATTATAACAAACATCACCGTGCTTA  98
            |||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  98   CTTTGTTTAAAGYCCTTTTTTAAAATTATAGCTTCATTATAACAAACATCACCGTGCTTA  157

Query  99   CGTAACAAATTTTAATTTAGCTTTGGAAAAATATAATGAATATGATTCTTCTGTGGATTT  158
            |||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||
Sbjct  158  CGTAACAAATTTTAATTTAGCWTTGGAAAAATATAATGAATATGATTCTTCTGTGGAYTT  217

Query  159  AGCAACTCGTATGAATCTTTTAACATCTATTAAGTTTCATGGTGGTGGTAGGTATAGGAA  218
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  218  AGCAACTCGTATGAATCTTTTAACATCTATTAAGTTTCATGGTGGTGGTAGGTATAGGAA  277

Query  219  AGATAAGAACTATTGATTTGAATATTTTTTATAGGTCATATTAATCATTCTTTATATTGG  278
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  278  AGATAAGAACTATTGATTTGAATATTTTTTATAGGTCATATTAATCATTCTTTATATTGG  337

Query  279  GAAAGCCTTCTTCCACCAAAAGAAGGTGGAGGACAAGTTATTGATGGGCCTTTAGTTGAT  338
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  338  GAAAGCCTTCTTCCACCAAAAGAAGGTGGAGGACAAGTTATTGATGGGCCTTTAGTTGAT  397

Query  339  GCAATTAAAAAGGAATGGGGAAGTGTTGACCAATTCATTCGTACATTTAATACACATTTG  398
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  398  GCAATTAAAAAGGAATGGGGAAGTGTTGACCAATTCATTCGTACATTTAATACACATTTG  457

Query  399  TCTGGGATTCAAGGAAGTGGGTGGTGTTGGCTCGTAAAAATACCTTCAAGTCGACAACTT  458
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  458  TCTGGGATTCAAGGAAGTGGGTGGTGTTGGCTCGTAAAAATACCTTCAAGTCGACAACTT  517

Query  459  TTTATTCAAACACCGATGGTACTTTTCTTCTTATACTCTTTAGTGTCTGATTTGAATAGA  518
            |||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  518  TTTATTCAAACAACGATGGTACTTTTCTTCTTATACTCTTTAGTGTCTGATTTGAATAGA  577

Query  519  ATCAAGATCTTGTTACTCAAGGCAAAGTTATTCTTGGAATAGTAAAGTTACTTTATATTG  578
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  578  ATCAAGATCTTGTTACTCAAGGCAAAGTTATTCTTGGAATAGTAAAGTTACTTTATATTG  637

Query  579  TTTTATAAATAATTAATTGTTTTATAGGATGCGTGGGAACATG  621
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  638  TTTTATAAATAATTAATTGTTTTATAGGATGCGTGGGAACATG  680
```

Tablo A.110

SOD-48-R
CTACTTCAGATAAAAACAAAGAGAAAAAAAAACCATCCCGAGACATAGCTTTGCCTT GAGTAACAAGATCTTGATTCTATTTATATCAAAAAACTAAAGAGTATAAGAAGAAAA GTACCATCGTTGTTTGAATAAAAAGTTGTCGACTTGAAGGTATTTTTACGAGCCAACA CCACCCACTTCCTTGAATCCCAGACAAATGTGTATTAAATGTACGAATGAATTGGTCA ACACTTCCCCATTCCTTTTTAATTGCATCAACTAAAGGCCCATCAATAACTTGTCCTCC ACCTTCTTTTGGTGGAAGAAGGCTTTCCCAATATAAAGAATGATGAATATGACCTATA AAAAATATTCAAATCAATAGTTCTTATCTTTCCTATACCTACCACCACCATGAAACTTA ATAGATGTTAAAAGATTCATACGAGTTGCTAAATCCACAGAAGAATCATATTCATTAT ATTTTTCCTAAGCTAAATTAAAATTTGTTTCTTCATCACGGTGATGTTTGTGTGTATGA AGGAATAATTTTATAAAAGGGCTGTCTTTAAACAAAGAAAAGTATTTACCTCAAGC AAATCATGAGAAAGATAAGGTTCAAGTGCCTAAAAAGACTAATTAAACCCCAGGTAA T

```
Query  41   AGACATAGCTTTGCCTTGAGTAACAAGATCTTGATTCTATTTATATCAAAAAACTAAAGA  100
            ||| ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||| | ||||  | ||||||||
Sbjct  611  AGA-ATAACTTTGCCTTGAGTAACAAGATCTTGATTCTATTCAAATCA-GACACTAAAGA  554

Query  101  GTATAAGAAGAAAAGTACCATCGTTGTTTGAATAAAAAGTTGTCGACTTGAAGGTATTTT  160
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  553  GTATAAGAAGAAAAGTACCATCGTTGTTTGAATAAAAAGTTGTCGACTTGAAGGTATTTT  494

Query  161  TACGAGCCAACACCACCCACTTCCTTGAATCCCAGACAAATGTGTATTAAATGTACGAAT  220
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  493  TACGAGCCAACACCACCCACTTCCTTGAATCCCAGACAAATGTGTATTAAATGTACGAAT  434

Query  221  GAATTGGTCAACACTTCCCCATTCCTTTTTAATTGCATCAACTAAAGGCCCATCAATAAC  280
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  433  GAATTGGTCAACACTTCCCCATTCCTTTTTAATTGCATCAACTAAAGGCCCATCAATAAC  374

Query  281  TTGTCCTCCACCTTCTTTTGGTGGAAGAAGGCTTTCCCAATATAAAGAATGATGAATATG  340
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||
Sbjct  373  TTGTCCTCCACCTTCTTTTGGTGGAAGAAGGCTTTCCCAATATAAAGAATGATTAATATG  314

Query  341  ACCTATAAAAAATATTCAAATCAATAGTTCTTATCTTTCCTATACCTACCACCACCATGA  400
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  313  ACCTATAAAAAATATTCAAATCAATAGTTCTTATCTTTCCTATACCTACCACCACCATGA  254

Query  401  AACTTAATAGATGTTAAAAGATTCATACGAGTTGCTAAATCCACAGAAGAATCATATTCA  460
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||
Sbjct  253  AACTTAATAGATGTTAAAAGATTCATACGAGTTGCTAARTCCACAGAAGAATCATATTCA  194

Query  461  TTATATTTTTCCTAAGCTAAATTAAAATTTGTTTCTTCATCACGGTGATGTTTGTGTGT-  519
            |||||||||||| | |||||||||||||||||| | | | ||||||||||||||| | |
Sbjct  193  TTATATTTTTCCAAWGCTAAATTAAAATTTGTTACGTAAGCACGGTGATGTTTGT-TATA  135

Query  520  ATGAAGGAATAATTTTATAAAAGGGCTGTCTTTAAACAAAGAAAAGTATTTACCTCAAG  579
            ||||||  ||||||||| |||||| ||    ||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  134  ATGAAGCTATAATTTTAAAAAAGGRCT----TTAAACAAAGAAAAGTATTTACCTCAAG  79

Query  580  CAAATCATGAGAAAGATAAGGTTCAAGTGCCTAAAAAGACTAATTAAACCC  630
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  78   CAAATCATGAGAAAGATAAGGTTCAAGTGCCTAAAAAGACTAATTAAACCC  28
```

Tablo A.111

SOD-54-R

ATTTTTTAAACAAATGAAAAGACACTGAAACTATTCCGAGAAGAACTTTGCCTTGAGT
AACAAGATCTTGATTCTATTCAAATCAGACACTAAAGAGTATAAGAAGAAAAGTACC
ATCGTTGTTTGAATAAAAAGTTGTCGACTTGAAGGTATTTTTACGAGCCAACACCACC
CACTTCCTTGAATCCCAGACAAATGTGTATTAAATGTACGAATGAATTGGTCAACACT
TCCCCATTCCTTTTTAATTGCATCAACTAAAGGCCCATCAATAACTTGTCCTCCACCTT
CTTTTGGTGGAAGAAGGCTTTCCCACTATAAAGAATGATGAATATGACCTATAAAAAA
TATTCAAATCAATAGTTCTTATCTTTCCTATACCTACCACCACCATGAAACTTATTAGA
TGTTGAAAGATTCATACGAGTTGTTGGGTCCTCAAAAAAATCATATTCATTATATTTTT
TTTAAGCTAAATAAAAATTTGTTTCTTCTGCACGGCGATGTTTGTGTGTAAGAAGAAA
TCATTTTTTATAAGGGCGGTCTTTAAACAAAGAATAAGTATTTACCTCAGGCAAATCA
AGAGAAAGATAAGGTTCAAGTGCCTAAAAAAGACTAATTAAACCCCGGGTGATAGAT
GCGTGA

```
Query  30   ACTATTCCGAGAAGAACTTTGCCTTGAGTAACAAGATCTTGATTCTATTCAAATCAGACA  89
            |||||||| |||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  620  ACTATTCCAAGAATAACTTTGCCTTGAGTAACAAGATCTTGATTCTATTCAAATCAGACA  561

Query  90   CTAAAGAGTATAAGAAGAAAAGTACCATCGTTGTTTGAATAAAAAGTTGTCGACTTGAAG  149
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  560  CTAAAGAGTATAAGAAGAAAAGTACCATCGTTGTTTGAATAAAAAGTTGTCGACTTGAAG  501

Query  150  GTATTTTTACGAGCCAACACCACCCACTTCCTTGAATCCCAGACAAATGTGTATTAAATG  209
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  500  GTATTTTTACGAGCCAACACCACCCACTTCCTTGAATCCCAGACAAATGTGTATTAAATG  441

Query  210  TACGAATGAATTGGTCAACACTTCCCCATTCCTTTTTAATTGCATCAACTAAAGGCCCAT  269
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  440  TACGAATGAATTGGTCAACACTTCCCCATTCCTTTTTAATTGCATCAACTAAAGGCCCAT  381

Query  270  CAATAACTTGTCCTCCACCTTCTTTTGGTGGAAGAAGGCTTTCCCACTATAAAGAATGAT  329
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||
Sbjct  380  CAATAACTTGTCCTCCACCTTCTTTTGGTGGAAGAAGGCTTTCCCAATATAAAGAATGAT  321

Query  330  GAATATGACCTATAAAAAATATTCAAATCAATAGTTCTTATCTTTCCTATACCTACCACC  389
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  320  TAATATGACCTATAAAAAATATTCAAATCAATAGTTCTTATCTTTCCTATACCTACCACC  261

Query  390  ACCATGAAACTTATTAGATGTTGAAAGATTCATACGAGTTGTTGGGTCCTCAAAAAAATC  449
            ||||||||||||| |||||||| |||||||||||||||||| |   ||| || || ||||
Sbjct  260  ACCATGAAACTTAATAGATGTTAAAAGATTCATACGAGTTGCTAARTCCACAGAAGAATC  201

Query  450  ATATTCATTATATTTTTTTTAAGCTAAATAAAAATTTGTTTCTTCTGCACGGCGATGTTT  509
            |||||||||||||||||   | ||||||| |||||||||| | |  |||||| |||||||
Sbjct  200  ATATTCATTATATTTTTCCAAWGCTAAATTAAAATTTGTTACGTAAGCACGGTGATGTTT  141

Query  510  GTGTGTAA-GAAGAAATCATTTTTTATAAGGGCGGTCTTTAAACAAAGAATAAGTATTTA  568
            || | ||| ||||  || |||||  | |||| |    ||||||||||||| |||||||||
Sbjct  140  GT-TATAATGAAGCTATAATTTTAAAAAAGGRC----TTTAAACAAAGAAAAAGTATTTA  86

Query  569  CCTCAGGCAAATCAAGAGAAAGATAAGGTTCAAGTGCCTAAAAAAGACTAATTAAACCC  627
            ||||| |||||||| ||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||
Sbjct  85   CCTCAAGCAAATCATGAGAAAGATAAGGTTCAAGTGCCTAAAAA-GACTAATTAAACCC  28
```

Tablo A.112

SOD-59-R
GTGGTTGGGGAATACAAGGAAAAATAGATATATCCGGAATAGCTTTGCCTTGAGTAA CAAGATCTTGATTCTATTCAAATCAGACACTAAAGAGTATAAGAAGAAAAGTACCAT CGTTGTTTGAATAAAAAGTTGTCGACTTGAAGGTATTTTTACGAGCCAACACCACCCA CTTCCTTGAATCCCAGACAAATGTGTATTAAATGTACGAATGAATTGGTCAACACTTC CCCATTCCTTTTTAATTGCATCAACTAAAGGCCCATCAATAACTTGTCCTCCACCTTCT TTTGGTGGAAGAAGGCTTTCCCAATATAAAGAATGATGAATATGACCTATAAAAAAT ATTCAAATCAATAGTTCTTATCTTTCCTATACCTACCACCACCATGAAACTTAATAGAT GTTAAAAGATTCATACGAGTTGCTTAGTCCACAGAAGAATCATATTCATTATATTTTTC CAAAGCTAAATTAAAATTTGTTACTTAAGCACGGTGATGTTTGTTTGTATGAAGCTAT AATTTTTTAAAAGGAGGTTCTTCGAAGAAAAAGTATTTGTATCCCTCAGGTCATGAGG GGAGAGAAGATGGGTTTGCCGGGCTGAAAAAGACGAATCCCACCAACCGGAATAGG ATGCGTGGGAACATG

```
Query  37   GAATAGCTTTGCCTTGAGTAACAAGATCTTGATTCTATTCAAATCAGACACTAAAGAGTA  96
            ||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  610  GAATAACTTTGCCTTGAGTAACAAGATCTTGATTCTATTCAAATCAGACACTAAAGAGTA  551

Query  97   TAAGAAGAAAAGTACCATCGTTGTTTGAATAAAAAGTTGTCGACTTGAAGGTATTTTTAC  156
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  550  TAAGAAGAAAAGTACCATCGTTGTTTGAATAAAAAGTTGTCGACTTGAAGGTATTTTTAC  491

Query  157  GAGCCAACACCACCCACTTCCTTGAATCCCAGACAAATGTGTATTAAATGTACGAATGAA  216
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  490  GAGCCAACACCACCCACTTCCTTGAATCCCAGACAAATGTGTATTAAATGTACGAATGAA  431

Query  217  TTGGTCAACACTTCCCCATTCCTTTTTAATTGCATCAACTAAAGGCCCATCAATAACTTG  276
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  430  TTGGTCAACACTTCCCCATTCCTTTTTAATTGCATCAACTAAAGGCCCATCAATAACTTG  371

Query  277  TCCTCCACCTTCTTTTGGTGGAAGAAGGCTTTCCCAATATAAAGAATGATGAATATGACC  336
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||
Sbjct  370  TCCTCCACCTTCTTTTGGTGGAAGAAGGCTTTCCCAATATAAAGAATGATTAATATGACC  311

Query  337  TATAAAAAATATTCAAATCAATAGTTCTTATCTTTCCTATACCTACCACCACCATGAAAC  396
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  310  TATAAAAAATATTCAAATCAATAGTTCTTATCTTTCCTATACCTACCACCACCATGAAAC  251

Query  397  TTAATAGATGTTAAAAGATTCATACGAGTTGCTTAGTCCACAGAAGAATCATATTCATTA  456
            ||||||||||||||||||||||||||||||||| | ||||||||||||||||||||||||
Sbjct  250  TTAATAGATGTTAAAAGATTCATACGAGTTGCTAARTCCACAGAAGAATCATATTCATTA  191

Query  457  TATTTTTCCAAAGCTAAATTAAAATTTGTTACTTAAGCACGGTGATGTTTGTTTGTATGA  516
            ||||||||||| |||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||   ||||
Sbjct  190  TATTTTTCCAAWGCTAAATTAAAATTTGTTACGTAAGCACGGTGATGTTTGTTATAATGA  131

Query  517  AGCTATAATTTTTTAAAAGGAGGTTCTTCGAAGAAAAAGTATTT  560
            ||||||||||||  ||||||   ||   | ||||||||||||||
Sbjct  130  AGCTATAATTTTAAAAAAGGRCTTTAAACAAAGAAAAAGTATTT  87
```

Tablo A.113

SOD-60-F
TCGAACGCAACTGCTTTTCGTGAAGGGAGACGTAATACTTTTTCTTTGTTTGAGGTCCT TTTTGAAAATTATAGCTTCATTATAACAAACATCACCGTGCTTACGTAACAAATTTTA ATTTAGCTTTGGAAAAATATAATGAATATGATTCTTCTGTGGACTTAGCAACTCGTAT GAATCTTTTAACATCTATTAAGTTTCATGGTGGTGGTAGGTATAGGAAAGATAAGAAC TATTGATTTGAATATTTTTTATAGGTCATATTAATCATTCTTTATATTGGGAAAGCCTT CTTCCACCAAAAGAAGGTGGAGGACAAGTTATTGATGGGCCTTTAGTTGATGCAATTA AAAAGGAATGGGGAAGTGTTGACCAATTCATTCGTACATTTAATACACATTTGTCTGG GATTCAAGGAAGTGGGTGGTGTTGGCTCGTAAAAATACCTTCAAGTCGACAACTTTTT ATTCAAACAACGATGGTACTTTTCTTCTTATACTCTTTAGTGTCTGATTTGAATAGAAT CAAGATCTTGTTACTCAAGGCAAAGTTATTCTTGGAATAGTAAAGTTACTTTATATTGT TTTATAAATAATTAATTGTTTTATAGGATGCGTGGGGAACATGAA

```
Query  34   AATACTTTTTCTTTGTTTGAGGTCCTTTTTGAAAATTATAGCTTCATTATAACAAACATC  93
            |||||||||||||||||| | | ||||||| |||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  88   AATACTTTTTCTTTGTTTAAAGYCCTTTTTTAAAATTATAGCTTCATTATAACAAACATC  147

Query  94   ACCGTGCTTACGTAACAAATTTTAATTTAGCTTTGGAAAAATATAATGAATATGATTCTT  153
            |||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  148  ACCGTGCTTACGTAACAAATTTTAATTTAGCWTTGGAAAAATATAATGAATATGATTCTT  207

Query  154  CTGTGGACTTAGCAACTCGTATGAATCTTTTAACATCTATTAAGTTTCATGGTGGTGGTA  213
            ||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  208  CTGTGGAYTTAGCAACTCGTATGAATCTTTTAACATCTATTAAGTTTCATGGTGGTGGTA  267

Query  214  GGTATAGGAAAGATAAGAACTATTGATTTGAATATTTTTTATAGGTCATATTAATCATTC  273
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  268  GGTATAGGAAAGATAAGAACTATTGATTTGAATATTTTTTATAGGTCATATTAATCATTC  327

Query  274  TTTATATTGGGAAAGCCTTCTTCCACCAAAAGAAGGTGGAGGACAAGTTATTGATGGGCC  333
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  328  TTTATATTGGGAAAGCCTTCTTCCACCAAAAGAAGGTGGAGGACAAGTTATTGATGGGCC  387

Query  334  TTTAGTTGATGCAATTAAAAAGGAATGGGGAAGTGTTGACCAATTCATTCGTACATTTAA  393
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  388  TTTAGTTGATGCAATTAAAAAGGAATGGGGAAGTGTTGACCAATTCATTCGTACATTTAA  447

Query  394  TACACATTTGTCTGGGATTCAAGGAAGTGGGTGGTGTTGGCTCGTAAAAATACCTTCAAG  453
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  448  TACACATTTGTCTGGGATTCAAGGAAGTGGGTGGTGTTGGCTCGTAAAAATACCTTCAAG  507

Query  454  TCGACAACTTTTTATTCAAACAACGATGGTACTTTTCTTCTTATACTCTTTAGTGTCTGA  513
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  508  TCGACAACTTTTTATTCAAACAACGATGGTACTTTTCTTCTTATACTCTTTAGTGTCTGA  567

Query  514  TTTGAATAGAATCAAGATCTTGTTACTCAAGGCAAAGTTATTCTTGGAATAGTAAAGTTA  573
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  568  TTTGAATAGAATCAAGATCTTGTTACTCAAGGCAAAGTTATTCTTGGAATAGTAAAGTTA  627

Query  574  CTTTATATTGTTTTATAAATAATTAATTGTTTTATAGGATGCGTGGGGAACATG  627
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||
Sbjct  628  CTTTATATTGTTTTATAAATAATTAATTGTTTTATAGGATGCGTGGG-AACATG  680
```

Tablo A.114

SOD-63-R

CAGGCCCTACTTAATTGTCTATAGCTATTACGATTGCCGAGAATAACTTTGCCTTGAGT
AACAAGATCTTGATTCTATTCAAATCAGACACTAAAGAGTATAAGAAGAAAAGTACC
ATCGTTGTTTGAATAAAAAGTTGTCGACTTGAAGGTATTTTTACGAGCCAACACCACC
CACTTCCTTGAATCCCAGACAAATGTGTATTAAATGTACGAATGAATTGGTCAACACT
TCCCCATTCCTTTTTAATTGCATCAACTAAAGGCCCATCAATAACTTGTCCTCCACCTT
CTTTTGGTGGAAAAAGGCTGTCCCACCAAAATGAATGATGATTATGACCTATAATAAA
TATTATAATCAATAGTTCTTATCTTTCCTATACCTACCACCACCATGAAACTTATTAGA
TGTTGATAGATGAATCCGAGTTGTGGTGTCCTCCAAAAAAAAATATTCATTATAAATT
TTTTTATAAAAACAAAAATTGTTTTTTTCTTCACACCCGATGTATGTTTGTTATAATGA
AGCTATCATTTTAAAGAAGGACTTTAAACAAAGAATAAGTATTTACCTCAAGCAAATC
ATGAGAAAGATAAGGTTCAAGTGCCTAAAAAGACTAATTAAAAACGGGATAAA

```
Query  28    TTACGATTGCCGAGAATAACTTTGCCTTGAGTAACAAGATCTTGATTCTATTCAAATCAG  87
             |||| ||| || ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  622   TTACTATT-CCAAGAATAACTTTGCCTTGAGTAACAAGATCTTGATTCTATTCAAATCAG  564

Query  88    ACACTAAAGAGTATAAGAAGAAAAGTACCATCGTTGTTTGAATAAAAAGTTGTCGACTTG  147
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  563   ACACTAAAGAGTATAAGAAGAAAAGTACCATCGTTGTTTGAATAAAAAGTTGTCGACTTG  504

Query  148   AAGGTATTTTTACGAGCCAACACCACCCACTTCCTTGAATCCCAGACAAATGTGTATTAA  207
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  503   AAGGTATTTTTACGAGCCAACACCACCCACTTCCTTGAATCCCAGACAAATGTGTATTAA  444

Query  208   ATGTACGAATGAATTGGTCAACACTTCCCCATTCCTTTTTAATTGCATCAACTAAAGGCC  267
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  443   ATGTACGAATGAATTGGTCAACACTTCCCCATTCCTTTTTAATTGCATCAACTAAAGGCC  384

Query  268   CATCAATAACTTGTCCTCCACCTTCTTTTGGTGGAAAAAGGCTGTCCCACCAAAATGAAT  327
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||| |||||  | || ||||
Sbjct  383   CATCAATAACTTGTCCTCCACCTTCTTTTGGTGGAAGAAGGCTTTCCCAATATAAAGAAT  324

Query  328   GATGATTATGACCTATAATAAATATTATAATCAATAGTTCTTATCTTTCCTATACCTACC  387
             ||| | ||||||||||||| |||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  323   GATTAATATGACCTATAAAAAAATATTCAAATCAATAGTTCTTATCTTTCCTATACCTACC  264

Query  388   ACCACCATGAAACTTATTAGATGTTGATAGATGAATCCGAGTTGTGGTGTCCTCCAAAAA  447
             |||||||||||||||| |||||||| | ||||  || |||||||     ||| |  || |
Sbjct  263   ACCACCATGAAACTTAATAGATGTTAAAAGATTCATACGAGTTGCTAARTCCACAGAAGA  204

Query  448   AAAATATTCATTATAAATTTTTTTATAA--AAACAAAAATTGTTTTTTTCTTCA-CACCC  504
             |  ||||||||||||  |||||  |     |||  |||||| | ||   | | | |||
Sbjct  203   ATCATATTCATTATA--TTTTTCCAAWGCTAAATTAAAATT-TGTTA--CGTAAGCACG-  150

Query  505   GATGTATGTTTGTTATAATGAAGCTATCATTTTAAAGAAGGACTTTAAACAAAGAATAAG  564
             | || |||||||||||||||||||||| |||||||| |||| |||||||||||||| |||
Sbjct  149   G-TG-ATGTTTGTTATAATGAAGCTATAATTTTAAAAAAGGRCTTTAAACAAAGAAAAAG  92

Query  565   TATTTACCTCAAGCAAATCATGAGAAAGATAAGGTTCAAGTGCCTAAAAAGACTAATTAA  624
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  91    TATTTACCTCAAGCAAATCATGAGAAAGATAAGGTTCAAGTGCCTAAAAAGACTAATTAA  32

Query  625   A  625
             |
Sbjct  31    A  31
```

Tablo A.115

SOD-65-R
CTAAGTGAGAACAACTATGTAAGTAGCTTTACTATTCCAAGAATAACTTTGCCTTGAG TAACAAGATCTTGATTCTATTCAAATCAGACACTAAAGAGTATAAGAAGAAAAGTAC CATCGTTGTTTGAATAAAAAGTTGTCGACTTGAAGGTATTTTTACGAGCCAACACCAC CCACTTCCTTGAATCCCAGACAAATGTGTATTAAATGTACGAATGAATTGGTCAACAC TTCCCCATTCCTTTTTAATTGCATCAACTAAAGGCCCATCAATAACTTGTCCTCCACCT TCTTTTGGTGGAAGAAGGCTTTCCCAATATAAAGAATGATGAATATGACCTATAAAAA ATATTCAAATCAATAGTTCTTATCTTTCCTATACCTACCACCACCATGAAACTTAATAG ATGTTAAAAGATTCATACGAGTTGCTAAATCCACAGAAGAATCATATTCATTATATTT TTCCAAAGCTAAATTAAAATTTGTTACTTAAGCACGGTGATGTTTGTTAGTAAGAAGG AATCATTTAATTTAAGGGCGTGCTTTAAACAAAGAATAAGTATTTACCTCAAGCAAAT CATGAGAAAGATAAGGTTCAAGTGCCTAAAAAGACTAATTAAACCAGGGGGTA

```
Query  10   AACAACTATGTAAGTAGCTTTACTATTCCAAGAATAACTTTGCCTTGAGTAACAAGATCT  69
            ||||| |||  ||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  639  AACAA-TAT-AAAGTAACTTTACTATTCCAAGAATAACTTTGCCTTGAGTAACAAGATCT  582

Query  70   TGATTCTATTCAAATCAGACACTAAAGAGTATAAGAAGAAAAGTACCATCGTTGTTTGAA  129
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  581  TGATTCTATTCAAATCAGACACTAAAGAGTATAAGAAGAAAAGTACCATCGTTGTTTGAA  522

Query  130  TAAAAAGTTGTCGACTTGAAGGTATTTTTACGAGCCAACACCACCCACTTCCTTGAATCC  189
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  521  TAAAAAGTTGTCGACTTGAAGGTATTTTTACGAGCCAACACCACCCACTTCCTTGAATCC  462

Query  190  CAGACAAATGTGTATTAAATGTACGAATGAATTGGTCAACACTTCCCCATTCCTTTTTAA  249
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  461  CAGACAAATGTGTATTAAATGTACGAATGAATTGGTCAACACTTCCCCATTCCTTTTTAA  402

Query  250  TTGCATCAACTAAAGGCCCATCAATAACTTGTCCTCCACCTTCTTTTGGTGGAAGAAGGC  309
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  401  TTGCATCAACTAAAGGCCCATCAATAACTTGTCCTCCACCTTCTTTTGGTGGAAGAAGGC  342

Query  310  TTTCCCAATATAAAGAATGATGAATATGACCTATAAAAAATATTCAAATCAATAGTTCTT  369
            ||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  341  TTTCCCAATATAAAGAATGATTAATATGACCTATAAAAAATATTCAAATCAATAGTTCTT  282

Query  370  ATCTTTCCTATACCTACCACCACCATGAAACTTAATAGATGTTAAAAGATTCATACGAGT  429
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  281  ATCTTTCCTATACCTACCACCACCATGAAACTTAATAGATGTTAAAAGATTCATACGAGT  222

Query  430  TGCTAAATCCACAGAAGAATCATATTCATTATATTTTTCCAAAGCTAAATTAAAATTTGT  489
            |||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||
Sbjct  221  TGCTAARTCCACAGAAGAATCATATTCATTATATTTTTCCAAWGCTAAATTAAAATTTGT  162

Query  490  TACTTAAGCACGGTGATGTTTGTTAGTAA-GAAGGAATCATTTAATTTAAGGGCGTGCTT  548
            ||| ||||||||||||||||||||| ||| ||||  || |||| |   ||||     |||
Sbjct  161  TACGTAAGCACGGTGATGTTTGTTA-TAATGAAGCTATAATTTTAAAAAAGGR----CTT  107

Query  549  TAAACAAAGAATAAGTATTTACCTCAAGCAAATCATGAGAAAGATAAGGTTCAAGTGCCT  608
            ||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  106  TAAACAAAGAAAAAGTATTTACCTCAAGCAAATCATGAGAAAGATAAGGTTCAAGTGCCT  47

Query  609  AAAAAGACTAATTAAACC  626
            ||||||||||||||||||
Sbjct  46   AAAAAGACTAATTAAACC  29
```

Tablo A.116

SOD-68-F

AGACGCATCGACGGCGTGGTGTGCGTGGAGATATATACTTTGTTCTTTGTTTAAAGCC
CTTTTTTAAAATTATAGCTTCATTATAACAAACATCACCGTGCTTACGTAACAAATTTT
AATTTAGCTTTGGAAAAATATAATGAATATGATTCTTCTGTGGATTTAGCAACTCGTA
TGAATCTTTTAACATCTATTAAGTTTCATGGTGGTGGTAGGTATAGGAAAGATAAGAA
CTATTGATTTGAATATTTTTTATAGGTCATATTAATCATTCTTTATATTGGGAAAGCCT
TCTTCCACCAAAAGAAGGTGGAGGACAAGTTATTGATGGGCCTTTAGTTGATGCAATT
AAAAAGGAATGGGGAAGTGTTGACCAATTCATTCGTACATTTAATACACATTTGTCTG
GGATTCAAGGAAGTGGGTGGTGTTGGCTCGTAAAAATACCTTCAAGTCGACAACTTTT
TATTCAAACAACGATGGTACTTTTCTTCTTATACTCTTTAGTGTCTGATTTGAATAGAA
TCAAGATCTTGTTACTCAAGGCAAAGTTATTCTTGGAATAGTAAAGTTACTTTATATTG
TTTTATAAATAATTAATTGTTTTATAGGATGCGGGGGGAACATGAA

```
Query  28   GAGATATATACTTTGTTCTTTGTTTAAAGCCCTTTTTTAAAATTATAGCTTCATTATAAC  87
            ||| || ||||||| ||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  82   GAGGTAAATACTTT-TTCTTTGTTTAAAGYCCTTTTTTAAAATTATAGCTTCATTATAAC  140

Query  88   AAACATCACCGTGCTTACGTAACAAATTTTAATTTAGCTTTGGAAAAATATAATGAATAT  147
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||
Sbjct  141  AAACATCACCGTGCTTACGTAACAAATTTTAATTTAGCWTTGGAAAAATATAATGAATAT  200

Query  148  GATTCTTCTGTGGATTTAGCAACTCGTATGAATCTTTTAACATCTATTAAGTTTCATGGT  207
            |||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  201  GATTCTTCTGTGGAYTTAGCAACTCGTATGAATCTTTTAACATCTATTAAGTTTCATGGT  260

Query  208  GGTGGTAGGTATAGGAAAGATAAGAACTATTGATTTGAATATTTTTTATAGGTCATATTA  267
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  261  GGTGGTAGGTATAGGAAAGATAAGAACTATTGATTTGAATATTTTTTATAGGTCATATTA  320

Query  268  ATCATTCTTTATATTGGGAAAGCCTTCTTCCACCAAAAGAAGGTGGAGGACAAGTTATTG  327
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  321  ATCATTCTTTATATTGGGAAAGCCTTCTTCCACCAAAAGAAGGTGGAGGACAAGTTATTG  380

Query  328  ATGGGCCTTTAGTTGATGCAATTAAAAAGGAATGGGGAAGTGTTGACCAATTCATTCGTA  387
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  381  ATGGGCCTTTAGTTGATGCAATTAAAAAGGAATGGGGAAGTGTTGACCAATTCATTCGTA  440

Query  388  CATTTAATACACATTTGTCTGGGATTCAAGGAAGTGGGTGGTGTTGGCTCGTAAAAATAC  447
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  441  CATTTAATACACATTTGTCTGGGATTCAAGGAAGTGGGTGGTGTTGGCTCGTAAAAATAC  500

Query  448  CTTCAAGTCGACAACTTTTTATTCAAACAACGATGGTACTTTTCTTCTTATACTCTTTAG  507
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  501  CTTCAAGTCGACAACTTTTTATTCAAACAACGATGGTACTTTTCTTCTTATACTCTTTAG  560

Query  508  TGTCTGATTTGAATAGAATCAAGATCTTGTTACTCAAGGCAAAGTTATTCTTGGAATAGT  567
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  561  TGTCTGATTTGAATAGAATCAAGATCTTGTTACTCAAGGCAAAGTTATTCTTGGAATAGT  620

Query  568  AAAGTTACTTTATATTGTTTTATAAATAATTAATTGTTTTATAGGATGCGGGGGGAACAT  627
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||| |||||
Sbjct  621  AAAGTTACTTTATATTGTTTTATAAATAATTAATTGTTTTATAGGATGCGTGGG-AACAT  679

Query  628  G  628
            |
Sbjct  680  G  680
```

Tablo A.117

SOD-75-F

AGCGCTCGTGTTTCAGTTGCTTGAGGTAAATACTTTTTCTTTGTTTAAAGCCCTTTTTTA
AAATTATAGCTTCATTATAACAAACATCACCGTGCTTACGTAACAAATTTTAATTTAG
CTTTGGAAAAATATAATGAATATGATTCTTCTGTGGATTTAGCAACTCGTATGAATCTT
TTAACATCTATTAAGTTTCATGGTGGTGGTAGGTATAGGAAAGATAAGAACTATTGAT
TTGAATATTTTTTATAGGTCATATTAATCATTCTTTATATTGGGAAAGCCTTCTTCCAC
CAAAAGAAGGTGGAGGACAAGTTATTGATGGGCCTTTAGTTGATGCAATTAAAAAGG
AATGGGGAAGTGTTGACCAATTCATTCGTACATTTAATACACATTTGTCTGGGATTCA
AGGAAGTGGGTGGTGTTGGCTCGTAAAAATACCTTCAAGTCGACAACTTTTTATTCAA
ACAACGATGGTACTTTTCTTCTTATACTCTTTAGTGTCTGATTTGAATAGAATCAAGAT
CTTGTTACTCAAGGCAAAGTTATTCTTGGAATAGTAAAGTTACTTTATATTGTTTTATA
AATAATTAATTGTTTTATAGGATGGGGGAGAAACACTATAAAGAGGGAT

```
Query  17   TTGCTTGAGGTAAATACTTTTTCTTTGTTTAAAGCCCTTTTTTAAAATTATAGCTTCATT  76
            |||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||
Sbjct  76   TTGCTTGAGGTAAATACTTTTTCTTTGTTTAAAGYCCTTTTTTAAAATTATAGCTTCATT  135

Query  77   ATAACAAACATCACCGTGCTTACGTAACAAATTTTAATTTAGCTTTGGAAAAATATAATG  136
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||  ||||||||||||||||
Sbjct  136  ATAACAAACATCACCGTGCTTACGTAACAAATTTTAATTTAGCWTTGGAAAAATATAATG  195

Query  137  AATATGATTCTTCTGTGGATTTAGCAACTCGTATGAATCTTTTAACATCTATTAAGTTTC  196
            |||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  196  AATATGATTCTTCTGTGGAYTTAGCAACTCGTATGAATCTTTTAACATCTATTAAGTTTC  255

Query  197  ATGGTGGTGGTAGGTATAGGAAAGATAAGAACTATTGATTTGAATATTTTTTATAGGTCA  256
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  256  ATGGTGGTGGTAGGTATAGGAAAGATAAGAACTATTGATTTGAATATTTTTTATAGGTCA  315

Query  257  TATTAATCATTCTTTATATTGGGAAAGCCTTCTTCCACCAAAAGAAGGTGGAGGACAAGT  316
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  316  TATTAATCATTCTTTATATTGGGAAAGCCTTCTTCCACCAAAAGAAGGTGGAGGACAAGT  375

Query  317  TATTGATGGGCCTTTAGTTGATGCAATTAAAAAGGAATGGGGAAGTGTTGACCAATTCAT  376
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  376  TATTGATGGGCCTTTAGTTGATGCAATTAAAAAGGAATGGGGAAGTGTTGACCAATTCAT  435

Query  377  TCGTACATTTAATACACATTTGTCTGGGATTCAAGGAAGTGGGTGGTGTTGGCTCGTAAA  436
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  436  TCGTACATTTAATACACATTTGTCTGGGATTCAAGGAAGTGGGTGGTGTTGGCTCGTAAA  495

Query  437  AATACCTTCAAGTCGACAACTTTTTATTCAAACAACGATGGTACTTTTCTTCTTATACTC  496
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  496  AATACCTTCAAGTCGACAACTTTTTATTCAAACAACGATGGTACTTTTCTTCTTATACTC  555

Query  497  TTTAGTGTCTGATTTGAATAGAATCAAGATCTTGTTACTCAAGGCAAAGTTATTCTTGGA  556
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  556  TTTAGTGTCTGATTTGAATAGAATCAAGATCTTGTTACTCAAGGCAAAGTTATTCTTGGA  615

Query  557  ATAGTAAAGTTACTTTATATTGTTTTATAAATAATTAATTGTTTTATAGGATGGG-GGGA  615
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| | ||||
Sbjct  616  ATAGTAAAGTTACTTTATATTGTTTTATAAATAATTAATTGTTTTATAGGATGCGTGGGA  675
```

Tablo A.118

SOD-82-F

AGTCCGCTGCTCCGCTACATGAGCGAATGGAGAGGACGTATCGTTGTTTGAAGTCCTT
TTTTAAAATTATAGCTTCATTATAACAAACATCACCGTGCTTACGTAACAAATTTTAAT
TTAGCTTTGGAAAAATATAATGAATATGATTCTTCTGTGGACTTAGCAACTCGTATGA
ATCTTTTAACATCTATTAAGTTTCATGGTGGTGGTAGGTATAGGAAAGATAAGAACTA
TTGATTTGAATATTTTTTATAGGTCATATTAATCATTCTTTATATTGGGAAAGCCTTCTT
CCACCAAAAGAAGGTGGAGGACAAGTTATTGATGGGCCTTTAGTTGATGCAATTAAA
AAGGAATGGGGAAGTGTTGACCAATTCATTCGTACATTTAATACACATTTGTCTGGGA
TTCAAGGAAGTGGGTGGTGTTGGCTCGTAAAAATACCTTCAAGTCGACAACTTTTTAT
TCAAACAACGATGGTACTTTTCTTCTTATACTCTTTAGTGTCTGATTTGAATAGAATCA
AGATCTTGTTACTCAAGGCAAAGTTATTCTTGGAATAGTAAAGTTACTTTATATTGTTT
TATAAATAATTAATTGTTTTATAGGATGCGTGGGGAACATGA

```
Query  41   TCGTTGTTTGAAGTCCTTTTTTAAAATTATAGCTTCATTATAACAAACATCACCGTGCTT  100
            || |||||| ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  97   TCTTTGTTTAAAGYCCTTTTTTAAAATTATAGCTTCATTATAACAAACATCACCGTGCTT  156

Query  101  ACGTAACAAATTTTAATTTAGCTTTGGAAAAATATAATGAATATGATTCTTCTGTGGACT  160
            |||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||| |
Sbjct  157  ACGTAACAAATTTTAATTTAGCWTTGGAAAAATATAATGAATATGATTCTTCTGTGGAYT  216

Query  161  TAGCAACTCGTATGAATCTTTTAACATCTATTAAGTTTCATGGTGGTGGTAGGTATAGGA  220
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  217  TAGCAACTCGTATGAATCTTTTAACATCTATTAAGTTTCATGGTGGTGGTAGGTATAGGA  276

Query  221  AAGATAAGAACTATTGATTTGAATATTTTTTATAGGTCATATTAATCATTCTTTATATTG  280
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  277  AAGATAAGAACTATTGATTTGAATATTTTTTATAGGTCATATTAATCATTCTTTATATTG  336

Query  281  GGAAAGCCTTCTTCCACCAAAAGAAGGTGGAGGACAAGTTATTGATGGGCCTTTAGTTGA  340
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  337  GGAAAGCCTTCTTCCACCAAAAGAAGGTGGAGGACAAGTTATTGATGGGCCTTTAGTTGA  396

Query  341  TGCAATTAAAAAGGAATGGGGAAGTGTTGACCAATTCATTCGTACATTTAATACACATTT  400
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  397  TGCAATTAAAAAGGAATGGGGAAGTGTTGACCAATTCATTCGTACATTTAATACACATTT  456

Query  401  GTCTGGGATTCAAGGAAGTGGGTGGTGTTGGCTCGTAAAAATACCTTCAAGTCGACAACT  460
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  457  GTCTGGGATTCAAGGAAGTGGGTGGTGTTGGCTCGTAAAAATACCTTCAAGTCGACAACT  516

Query  461  TTTTATTCAAACAACGATGGTACTTTTCTTCTTATACTCTTTAGTGTCTGATTTGAATAG  520
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  517  TTTTATTCAAACAACGATGGTACTTTTCTTCTTATACTCTTTAGTGTCTGATTTGAATAG  576

Query  521  AATCAAGATCTTGTTACTCAAGGCAAAGTTATTCTTGGAATAGTAAAGTTACTTTATATT  580
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  577  AATCAAGATCTTGTTACTCAAGGCAAAGTTATTCTTGGAATAGTAAAGTTACTTTATATT  636

Query  581  GTTTTATAAATAATTAATTGTTTTATAGGATGCGTGGGGAACATG  625
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||
Sbjct  637  GTTTTATAAATAATTAATTGTTTTATAGGATGCGTGGG-AACATG  680
```

Tablo A.119

SOD-84-F

TCACGCAGCGCGAGTGGATGCGTGGAGGTATATACTTTTTCTTTGTTTAAAGCCCTTTT
TTAAAATTATAGCTTCATTATAACAAACATCACCGTGCTTACGTAACAAATTTTAATTT
AGCTTTGGAAAAATATAATGAATATGATTCTTCTGTGGATTTAGCAACTCGTATGAAT
CTTTTAACATCTATTAAGTTTCATGGTGGTGGTAGGTATAGGAAAGATAAGAACTATT
GATTTGAATATTTTTTATAGGTCATATTAATCATTCTTTATATTGGGAAAGCCTTCTTC
CACCAAAAGAAGGTGGAGGACAAGTTATTGATGGGCCTTTAGTTGATGCAATTAAAA
AGGAATGGGGAAGTGTTGACCAATTCATTCGTACATTTAATACACATTTGTCTGGGAT
TCAAGGAAGTGGGTGGTGTTGGCTCGTAAAAATACCTTCAAGTCGACAACTTTTTATT
CAAACAACGATGGTACTTTTCTTCTTATACTCTTTAGTGTCTGATTTGAATAGAATCAA
GATCTTGTTACTCAAGGCAAAGTTATTCTTGGAATAGTAAAGTTACTTTATATTGTTTT
ATAAATAATTAATTGTTTTATAGGATGCGGGGGAAACATGGA

```
Query  25   GAGGTATATACTTTTTCTTTGTTTAAAGCCCTTTTTTAAAATTATAGCTTCATTATAACA  84
            |||||| ||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  82   GAGGTAAATACTTTTTCTTTGTTTAAAGYCCTTTTTTAAAATTATAGCTTCATTATAACA  141

Query  85   AACATCACCGTGCTTACGTAACAAATTTTAATTTAGCTTTGGAAAAATATAATGAATATG  144
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||
Sbjct  142  AACATCACCGTGCTTACGTAACAAATTTTAATTTAGCWTTGGAAAAATATAATGAATATG  201

Query  145  ATTCTTCTGTGGATTTAGCAACTCGTATGAATCTTTTAACATCTATTAAGTTTCATGGTG  204
            ||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  202  ATTCTTCTGTGGAYTTAGCAACTCGTATGAATCTTTTAACATCTATTAAGTTTCATGGTG  261

Query  205  GTGGTAGGTATAGGAAAGATAAGAACTATTGATTTGAATATTTTTTATAGGTCATATTAA  264
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  262  GTGGTAGGTATAGGAAAGATAAGAACTATTGATTTGAATATTTTTTATAGGTCATATTAA  321

Query  265  TCATTCTTTATATTGGGAAAGCCTTCTTCCACCAAAAGAAGGTGGAGGACAAGTTATTGA  324
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  322  TCATTCTTTATATTGGGAAAGCCTTCTTCCACCAAAAGAAGGTGGAGGACAAGTTATTGA  381

Query  325  TGGGCCTTTAGTTGATGCAATTAAAAAGGAATGGGGAAGTGTTGACCAATTCATTCGTAC  384
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  382  TGGGCCTTTAGTTGATGCAATTAAAAAGGAATGGGGAAGTGTTGACCAATTCATTCGTAC  441

Query  385  ATTTAATACACATTTGTCTGGGATTCAAGGAAGTGGGTGGTGTTGGCTCGTAAAAATACC  444
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  442  ATTTAATACACATTTGTCTGGGATTCAAGGAAGTGGGTGGTGTTGGCTCGTAAAAATACC  501

Query  445  TTCAAGTCGACAACTTTTTATTCAAACAACGATGGTACTTTTCTTCTTATACTCTTTAGT  504
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  502  TTCAAGTCGACAACTTTTTATTCAAACAACGATGGTACTTTTCTTCTTATACTCTTTAGT  561

Query  505  GTCTGATTTGAATAGAATCAAGATCTTGTTACTCAAGGCAAAGTTATTCTTGGAATAGTA  564
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  562  GTCTGATTTGAATAGAATCAAGATCTTGTTACTCAAGGCAAAGTTATTCTTGGAATAGTA  621

Query  565  AAGTTACTTTATATTGTTTTATAAATAATTAATTGTTTTATAGGATGCGGGGGAAACATG  624
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||| ||||
Sbjct  622  AAGTTACTTTATATTGTTTTATAAATAATTAATTGTTTTATAGGATGCGTGGGAA-CATG  680
```