

CLUSTAL 0(1.2.4) multiple sequence alignment

SRR35994660_RNA PP230540.1:1409-2939	TTAGTAAATTACACCTTACAATTGAGCTAAATCATTATTGAATATAAGACCAAT -----	60 0
SRR35994660_RNA PP230540.1:1409-2939	GATAAAGGAAATTTATTCTATAAAAAGATTACAATCTATGCCATAATTAGCCACTT -----	120 0
SRR35994660_RNA PP230540.1:1409-2939	TATCGAACGATGATTATTTCTACTAATCATAAGACATTGGAACATTATATTCTATT -----CAACGATGATTATTTCTACTAATCATAAGACATTGGAACATTATATTCTATT *****	180 55
SRR35994660_RNA PP230540.1:1409-2939	TTGGAGCTTGAGCTGGTATAGTAGGCACATCACTAAGAATTAAATCCGAACAGAACTAG TTGGAGCTTGAGCTGGTATAGTAGGCACATCACTAAGAATTAAATCCGAACAGAACTAG *****	240 115
SRR35994660_RNA PP230540.1:1409-2939	GACAACCAGGTTATTAAATTGGAGATGATCAAACCTATAATGTTATTGTAACCGCACATG GACAACCAGGTTATTAAATTGGAGATGATCAAACCTATAATGTTATTGTAACCGCACATG *****	300 175
SRR35994660_RNA PP230540.1:1409-2939	CATTCAATTAAATCTCTTATAGTTACCTATTATAATTGGAGGATTGGAAATTGAT CATTCAATTAAATCTCTTATAGTTACCTATTATAATTGGAGGATTGGAAATTGAT *****	360 235
SRR35994660_RNA PP230540.1:1409-2939	TAGTACCATTAATATTAGGAGCTCCTGATATAGCATTCTCGAATAAATAATATAAGAT TAGTACCATTAATATTAGGAGCTCCTGATATAGCATTCTCGAATAAATAATATAAGAT *****	420 295
SRR35994660_RNA PP230540.1:1409-2939	TTTGACTTTACCTCCATCATTAAACCCTTTATTAAACCAGAAGAATAGTTGAAAATGGTG TTTGACTTTACCTCCATCATTAAACCCTTTATTAAACCAGAAGAATAGTTGAAAATGGTG *****	480 355
SRR35994660_RNA PP230540.1:1409-2939	CAGGAACAGGATGAAACAGTTATCCACCTCTATCAACAGGAATTGCTCATGCAGGAGCAT CAGGAACAGGATGAAACAGTTATCCACCTCTATCAACAGGAATTGCTCATGCAGGAGCAT *****	540 415
SRR35994660_RNA PP230540.1:1409-2939	CCGTTGACTTAGCAATTTCATTACATTAGCGGGAATTCTTCATTCTAGGAGCTG CCGTTGACTTAGCAATTTCATTACATTAGCGGGAATTCTTCATTCTAGGAGCTG *****	600 475
SRR35994660_RNA PP230540.1:1409-2939	TAAATTTATTACCACTATAATTAAATACGAGCACCGAGAATCTACTAGATCAAACAC TAAATTTATTACCACTATAATTAAATACGAGCACCGAGAATCTACTAGATCAAACAC *****	660 535
SRR35994660_RNA PP230540.1:1409-2939	CATTATTGTTGAGCAGTTGGATTACAGCTTTTATTATTATCATTACAGTCC CATTATTGTTGAGCAGTTGGATTACAGCTTTTATTATTATCATTACAGTCC *****	720 595
SRR35994660_RNA PP230540.1:1409-2939	TAGCCGGTGCTATTACTATATTAAACAGACCGAAATCTAAATACATCATTGATC TAGCCGGTGCTATTACTATATTAAACAGACCGAAATCTAAATACATCATTGATC *****	780 655
SRR35994660_RNA PP230540.1:1409-2939	CCGCAGGAGGGGGATCCAATTCTATATCAACATTATTGATTTGGACATCCTG CCGCAGGAGGGGGATCCAATTCTATATCAACATTATTGATTTGGACATCCTG *****	840 715
SRR35994660_RNA PP230540.1:1409-2939	AAGTTTATATTCTTACCAAGGATTGGTATAATTCTCATATTTCAGTCAAGAAA AAGTTTATATTCTTACCAAGGATTGGTATAATTCTCATATTTCAGTCAAGAAA *****	900 775
SRR35994660_RNA PP230540.1:1409-2939	GAGGAAAAAGGAAGCCTTGGTACATTAGGGATAATTGCAATATTAGCTATTGGTT GAGGAAAAAGGAAGCCTTGGTACATTAGGGATAATTGCAATATTAGCTATTGGTT *****	960 835

SRR35994660_RNA PP230540.1:1409-2939	TATAGGATTGTTGATGAGCACATCATATTTACTGTTGGAATAGATGTTGATACCC TATAGGATTGTTGATGAGCACATCATATTTACTGTTGGAATAGATGTTGATACCC *****	1020 895
SRR35994660_RNA PP230540.1:1409-2939	GAGCATATTCACTCAGCAACTATAATTATTGAGTACCAACAGGAATTAAAATTTTA GAGCATATTCACTCAGCAACTATAATTATTGAGTACCAACAGGAATTAAAATTTTA *****	1080 955
SRR35994660_RNA PP230540.1:1409-2939	GATGACTCGTACCCCTCATGGATCTCAACTTCTTATAATCCTTCACTATTATGATCAT GATGACTCGTACCCCTCATGGATCTCAACTTCTTATAATCCTTCACTATTATGATCAT *****	1140 1015
SRR35994660_RNA PP230540.1:1409-2939	TAGGTTCGTATTCTTACATTGAGGATTAACAGGTATTGTTCTGCCAACTCAT TAGGTTCGTATTCTTACATTGAGGATTAACAGGTATTGTTCTGCCAACTCAT *****	1200 1075
SRR35994660_RNA PP230540.1:1409-2939	CAATTGATATTACCTACATGATACTTATTATGAGTTGCTCATTTCCATTATGTCTTAT CAATTGATATTACCTACATGATACTTATTATGAGTTGCTCATTTCCATTATGTCTTAT *****	1260 1135
SRR35994660_RNA PP230540.1:1409-2939	CAATAGGGGCAGTATTGCTATTAGCAGGATTATTCACTGATACCCATTATTCTCAG CAATAGGGGCAGTATTGCTATTAGCAGGATTATTCACTGATACCCATTATTCTCAG *****	1320 1195
SRR35994660_RNA PP230540.1:1409-2939	GATTAACAATAATCCAAATGACTAAAATACAATTAGTTATTTATTGGGTAA GATTAACAATAATCCAAATGACTAAAATACAATTAGTTATTTATTGGGTAA *****	1380 1255
SRR35994660_RNA PP230540.1:1409-2939	ATTTAACATTTCCCACAACACTTCTGGACTAGCAGGAATACCACGACGATATTCTG ATTTAACATTTCCCACAACACTTCTGGACTAGCAGGAATACCACGACGATATTCTG *****	1440 1315
SRR35994660_RNA PP230540.1:1409-2939	ATTATCCAGATGCTTACACATCATGAAATTTTATCTTCACTAGGTTCAACCATTTCAT ATTATCCAGATGCTTACACATCATGAAATTTTATCTTCACTAGGTTCAACCATTTCAT *****	1500 1375
SRR35994660_RNA PP230540.1:1409-2939	TAATTGGTATTATTATTAATTTTATTGAGAAAGAATGATCTAAATCGAAAAC TAATTGGTATTATTATTAATTTTATTGAGAAAGAATGATCTAAATCGAAAAC *****	1560 1435
SRR35994660_RNA PP230540.1:1409-2939	TTATATTCCTATAAATTAAATGATCTTACAATGATACCAAAATCTCCCTCCAGCAG TTATATTCCTATAAATTAAATGATCTTACAATGATACCAAAATCTCCCTCCAGCAG *****	1620 1495
SRR35994660_RNA PP230540.1:1409-2939	AACACTCTTATTCAAGATTACCTATTTATCTAATTACTAATATGGCAGAAAAGTGCAG AACACTCTTATTCAAGATTACCTATTTATCTAATT----- *****	1680 1531
SRR35994660_RNA PP230540.1:1409-2939	GAATTAAAGCTTCAATTAAAGAATTCCAGATCGGAAGAGCACACGCTCTGAACCTCCAGT ----- -----	1740 1531
SRR35994660_RNA PP230540.1:1409-2939	CACTCTGCATAATCTGGGG 1760 ----- 1531	