

CLUSTAL O(1.2.4) multiple sequence alignment

SRR35994660_RNA PP230540.1:1409-2939	TTAGTAAATATTACACCTTTAGAATTGCAGTCTAAAATCATTATTGAATATAAGACCAAT -----	60 0
SRR35994660_RNA PP230540.1:1409-2939	GATAAAGGAAATTTTATTCATAAAAAGATTTACAATCTATCGCCTAATATTCAGCCACTT -----	120 0
SRR35994660_RNA PP230540.1:1409-2939	TATCGCAACGATGATTATTTTCTACTAATCATAAAGACATTGGAACATTATATTTTCATT ----CAACGATGATTATTTTCTACTAATCATAAAGACATTGGAACATTATATTTTCATT *****	180 55
SRR35994660_RNA PP230540.1:1409-2939	TTGGAGCTTGAGCTGGTATAGTAGGCACATCACTAAGAATTTTAATCCGAACAGAACTAG TTGGAGCTTGAGCTGGTATAGTAGGCACATCACTAAGAATTTTAATCCGAACAGAACTAG *****	240 115
SRR35994660_RNA PP230540.1:1409-2939	GACAACCAGGTTATTTAATTGGAGATGATCAAACCTATAATGTTATTGTAACCGCACATG GACAACCAGGTTATTTAATTGGAGATGATCAAACCTATAATGTTATTGTAACCGCACATG *****	300 175
SRR35994660_RNA PP230540.1:1409-2939	CATTCATTATAATCTTCTTTATAGTTATACCTATTATAATTGGAGGATTTGGAAATTGAT CATTCATTATAATCTTCTTTATAGTTATACCTATTATAATTGGAGGATTTGGAAATTGAT *****	360 235
SRR35994660_RNA PP230540.1:1409-2939	TAGTACCATTAATATTAGGAGCTCCTGATATAGCATTTCTCGAATAAATAATATAAGAT TAGTACCATTAATATTAGGAGCTCCTGATATAGCATTTCTCGAATAAATAATATAAGAT *****	420 295
SRR35994660_RNA PP230540.1:1409-2939	TTTGACTTTTACCTCCATCATTAAACCTTTTATTAACCAGAAGAATAGTTGAAATGGTG TTTGACTTTTACCTCCATCATTAAACCTTTTATTAACCAGAAGAATAGTTGAAATGGTG *****	480 355
SRR35994660_RNA PP230540.1:1409-2939	CAGGAACAGGATGAACAGTTTATCCACCTCTATCAACAGGAATTGCTCATGCAGGAGCAT CAGGAACAGGATGAACAGTTTATCCACCTCTATCAACAGGAATTGCTCATGCAGGAGCAT *****	540 415
SRR35994660_RNA PP230540.1:1409-2939	CCGTTGACTTAGCAATTTTTTCATTACATTTAGCGGGAATTTCTTCAATTCTAGGAGCTG CCGTTGACTTAGCAATTTTTTCATTACATTTAGCGGGAATTTCTTCAATTCTAGGAGCTG *****	600 475
SRR35994660_RNA PP230540.1:1409-2939	TAAATTTTATTACCACTATAATTAATATACGAGCACCAGGAATATCACTAGATCAAACAC TAAATTTTATTACCACTATAATTAATATACGAGCACCAGGAATATCACTAGATCAAACAC *****	660 535
SRR35994660_RNA PP230540.1:1409-2939	CATTATTTGTTTGAGCAGTTGGAATTACAGCTCTTTTATTATTATTATCATTACCACTCC CATTATTTGTTTGAGCAGTTGGAATTACAGCTCTTTTATTATTATTATCATTACCACTCC *****	720 595
SRR35994660_RNA PP230540.1:1409-2939	TAGCCGGTGCTATTACTATATTATTAACAGACCGAAATCTAAATACATCATTTTTTGATC TAGCCGGTGCTATTACTATATTATTAACAGACCGAAATCTAAATACATCATTTTTTGATC *****	780 655
SRR35994660_RNA PP230540.1:1409-2939	CCGCAGGAGGAGGGGATCCAATTCTATATCAACATTTATTTTGATTTTTTGGACATCCTG CCGCAGGAGGAGGGGATCCAATTCTATATCAACATTTATTTTGATTTTTTGGACATCCTG *****	840 715
SRR35994660_RNA PP230540.1:1409-2939	AAGTTTATATTCTTATTCTACCAGGATTTGGTATAATTTCTCATATTATCAGTCAAGAAA AAGTTTATATTCTTATTCTACCAGGATTTGGTATAATTTCTCATATTATCAGTCAAGAAA *****	900 775
SRR35994660_RNA PP230540.1:1409-2939	GAGGAAAAAGGAAGCCTTTGGTACATTAGGGATAATTTATGCAATATTAGCTATTGGTT GAGGAAAAAGGAAGCCTTTGGTACATTAGGGATAATTTATGCAATATTAGCTATTGGTT *****	960 835

SRR35994660_RNA PP230540.1:1409-2939	TATTAGGATTTGTTGTATGAGCACATCATATATTTACTGTTGGAATAGATGTTGATACCC TATTAGGATTTGTTGTATGAGCACATCATATATTTACTGTTGGAATAGATGTTGATACCC *****	1020 895
SRR35994660_RNA PP230540.1:1409-2939	GAGCATATTTCACTTCAGCAACTATAATTATTGCAGTACCAACAGGAATAAAATTTTAA GAGCATATTTCACTTCAGCAACTATAATTATTGCAGTACCAACAGGAATAAAATTTTAA *****	1080 955
SRR35994660_RNA PP230540.1:1409-2939	GATGACTCGCTACCCCTTCATGGATCTCAACTTTCTTATAATCCTTCATTATTATGATCAT GATGACTCGCTACCCCTTCATGGATCTCAACTTTCTTATAATCCTTCATTATTATGATCAT *****	1140 1015
SRR35994660_RNA PP230540.1:1409-2939	TAGGTTTCGTATTCTTATTTACAATTGGAGGATTAACAGGTATTGTTCTTGCCAACTCAT TAGGTTTCGTATTCTTATTTACAATTGGAGGATTAACAGGTATTGTTCTTGCCAACTCAT *****	1200 1075
SRR35994660_RNA PP230540.1:1409-2939	CAATTGATATTATCCTACATGATACTTATTATGTAGTTGCTCATTTCCATTATGTCTTAT CAATTGATATTATCCTACATGATACTTATTATGTAGTTGCTCATTTCCATTATGTCTTAT *****	1260 1135
SRR35994660_RNA PP230540.1:1409-2939	CAATAGGGGCAGTATTTGCTATTATAGCAGGATTTATTTCACTGATACCCCTTTATTCTCAG CAATAGGGGCAGTATTTGCTATTATAGCAGGATTTATTTCACTGATACCCCTTTATTCTCAG *****	1320 1195
SRR35994660_RNA PP230540.1:1409-2939	GATTAACAATAAATCCCAAATGACTAAAAATACAATTTATAGTTATATTTATTGGGGTAA GATTAACAATAAATCCCAAATGACTAAAAATACAATTTATAGTTATATTTATTGGGGTAA *****	1380 1255
SRR35994660_RNA PP230540.1:1409-2939	ATTTAACATTTTTCCACAACACTTTCTTGACTAGCAGGAATACCACGACGATATTCTG ATTTAACATTTTTCCACAACACTTTCTTGACTAGCAGGAATACCACGACGATATTCTG *****	1440 1315
SRR35994660_RNA PP230540.1:1409-2939	ATTATCCAGATGCTTACACATCATGAAATATTTTATCTTCATTAGGTTCAACCATTTTCAT ATTATCCAGATGCTTACACATCATGAAATATTTTATCTTCATTAGGTTCAACCATTTTCAT *****	1500 1375
SRR35994660_RNA PP230540.1:1409-2939	TAATTGGTATTATTATATTAATTTTTATTTTATGAGAAAGAATGATCTCAAATCGAAAAC TAATTGGTATTATTATATTAATTTTTATTTTATGAGAAAGAATGATCTCAAATCGAAAAC *****	1560 1435
SRR35994660_RNA PP230540.1:1409-2939	TTATATTTCTATAAAATTTAAATAGATCTTTAGAATGATACCAAAATCTCCCTCCAGCAG TTATATTTCTATAAAATTTAAATAGATCTTTAGAATGATACCAAAATCTCCCTCCAGCAG *****	1620 1495
SRR35994660_RNA PP230540.1:1409-2939	AACACTCTTATTTCAGAAATTACCTATTTTATCTAATTACTAATATGGCAGAAAAGTGCGAT AACACTCTTATTTCAGAAATTACCTATTTTATCTAATT----- *****	1680 1531
SRR35994660_RNA PP230540.1:1409-2939	GAATTTAAGCTTCATTTATAAAGAATTCAGATCGGAAGAGCACACGTCTGAACTCCAGT -----	1740 1531
SRR35994660_RNA PP230540.1:1409-2939	CACTCTGCATAATCTGGGGG -----	1760 1531