

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA  
FACULDADE DE MEDICINA VETERINÁRIA E ZOOTECNIA

VARIABILIDADE DAS REGIÕES CODIFICANTES DAS  
PROTEÍNAS P26 E GP90 DO VÍRUS DA ANEMIA  
INFECCIOSA EQUINA CIRCULANTE NO PANTANAL  
BRASILEIRO

JAQUELINE ASSUMPÇÃO DINIZ

Botucatu – SP

2022

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA  
FACULDADE DE MEDICINA VETERINÁRIA E ZOOTECNIA

VARIABILIDADE DAS REGIÕES CODIFICANTES DAS  
PROTEÍNAS P26 E GP90 DO VÍRUS DA ANEMIA  
INFECCIOSA EQUINA CIRCULANTE NO PANTANAL  
BRASILEIRO

JAQUELINE ASSUMPÇÃO DINIZ

Tese apresentada junto ao Programa de  
Pós-Graduação em Medicina  
Veterinária para obtenção do título de  
Doutora.

Orientador: Prof. Dr. João Pessoa Araújo  
Júnior

Co-orientador: Prof. Dr. Angelo José Magro

FICHA CATALOGRÁFICA ELABORADA PELA SEÇÃO TÉC. AQUIS. TRATAMENTO DA INFORM.  
DIVISÃO TÉCNICA DE BIBLIOTECA E DOCUMENTAÇÃO - CÂMPUS DE BOTUCATU - UNESP

BIBLIOTECÁRIA RESPONSÁVEL: ROSEMEIRE APARECIDA VICENTE-CRB 8/5651

Diniz, Jaqueline Assumpção.

Variabilidade das regiões codificantes das proteínas p26 e gp90 do vírus da anemia infecciosa equina circulante no pantanal brasileiro / Jaqueline Assumpção Diniz. - Botucatu, 2022

Tese (doutorado) - Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho", Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia

Orientador: João Pessoa Araújo Júnior

Coorientador: Angelo José Magro

Capes: 50502000

1. Anemia infecciosa equina.
2. *Lentivirus* equinos.
3. Infecções por *retroviridae*.
4. Proteínas dos *retroviridae*.
5. Reação em cadeia da polimerase.

Palavras-chave: *Lentivirus*; Proteínas p26 e gp 90;  
Variabilidade genética; Vírus da anemia infecciosa equina.

Nome do Autor: Jaqueline Assumpção Diniz

Título: VARIABILIDADE DAS REGIÕES CODIFICANTES DAS PROTEÍNAS  
P26 E GP90 DO VÍRUS DA ANEMIA INFECCIOSA EQUINA CIRCULANTE NO  
PANTANAL BRASILEIRO

#### COMISSÃO EXAMINADORA

Prof. Dr. João Pessoa Araújo Júnior

Presidente e Orientador

Departamento de Microbiologia e Imunologia

IB – UNESP - Botucatu

Dra. Marcia Furlan Nogueira T de Lima

Membro Titular

Departamento Instituição: Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária  
(Embrapa)

Prof. Dr. Marcos Bryan Heinemann

Membro Titular

Departamento de Medicina Veterinária Preventiva e Saúde Animal

FMVZ – USP – São Paulo

Dra. Sueli Akemi Taniwaki Miyagi

Membro Titular

Departamento de Medicina Veterinária Preventiva e Saúde Animal

FMVZ – USP – São Paulo

Prof. Dr. Jose Paes de Oliveira Filho

Membro Titular

Departamento Clínica de grandes animais FMVZ/UNESP/Botucatu

Data da Defesa: 27 de maio de 2022.

## Dedicatória

*À minha mãe (Mafalda)*

*Ao meu pai (Geosvaldo)*

## **Agradecimentos**

A Deus, fonte de força e esperança.

Aos meus pais, Geosvaldo e Mafalda, e meu irmão Anderson, pelo amor incondicional, por acreditarem e pela torcida para esta conquista.

Ao meu namorado Cassio, por toda ajuda, companheirismo, compreensão, dedicação e carinho.

Aos meus familiares, pelo carinho e incentivo.

Ao Prof. Dr. João Pessoa Araújo Júnior, pela orientação, disponibilidade, oportunidade e colaboração para a concretização deste trabalho, contribuindo na minha formação acadêmica.

Ao Co-orientador Angelo José Magro, pela disponibilidade, por toda ajuda com as análises do projeto principalmente na etapa final.

Às colaboradoras do projeto Márcia Furlan Nogueira T. de Lima e Camila Malossi Dantas, por todo suporte, pelo compartilhamento de conhecimento, dicas e momentos de descontração.

Aos Professores e pesquisadores que aceitaram participar da banca de qualificação e da defesa como membro titular e como suplente: Prof. Dr. Márcio Garcia Ribeiro, Prof. Dr. Ricardo Luiz Moro de Sousa, Prof. Dr. Marcos Bryan Heinemann, Prof. Dr. Jose Paes de Oliveira Filho, Prof. Dr. Alexandre Secorun Borges, Prof. Dr. Paulo Eduardo Martins Ribolla, Profa. Dra. Helena Lage Ferreira, Dra. Sueli Akemi Taniwaki Miyagi, Dra. Marcia Furlan Nogueira T de Lima, Dra. Tais Fukuta da Cruz.

Aos animais utilizados no projeto, sem os quais não seria possível a realização do trabalho.

Às minhas amigas Annie, Crys, Planc, Kess, Dani, Vi e Lu pelas mensagens de força, bons momentos de convivência e por sempre estarem presentes na minha vida.

Aos amigos que fiz no IBTEC e foram MUITOS!!! Pelas dicas, suporte, apoio, amizade, conversas, convivência e momentos de descontração.

Aos amigos que conquistei fora do IBTEC, pelas conversas, alegria e bons momentos de convivência.

Aos funcionários do IBTEC, por toda a ajuda, em especial ao Cris (Cristiano Oliveira), pela eficiência.

Aos funcionários do programa de pós-graduação da UNESP-FMVZ Campus Botucatu, pelas orientações e ajuda, em especial para o Carlos Roberto Rodrigues Filho pela eficiência e paciência.

À Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo pelo suporte financeiro, FAPESP (Nº Processo 2018/13111-9).

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001.

A todos que de alguma forma, contribuíram para a realização deste trabalho.

## Lista de Quadros

QUADRO 1 - Ocorrência da Anemia Infecciosa Equina no Brasil.....	25
QUADRO 2 - Oligonucleotídeos utilizados nas reações de <i>Seminested</i> e qPCR. .....	36
QUADRO 3 - Sequências dos oligonucleotídeos utilizados nas reações de PCR, <i>Seminested</i> e <i>Nested</i> direcionados a região alvo <i>gag</i> do vírus da AIE.....	39
QUADRO 4 - <i>Primers</i> aplicados nas reações de PCR, <i>Seminested</i> e <i>Nested</i> para amplificação de parte do gene <i>env</i> do vírus da AIE.....	40
QUADRO 5 - Combinações dos <i>primers</i> utilizados na amplificação e clonagem das amostras juntamente com o resultado dos testes sorológicos e moleculares das 63 amostras.....	46
QUADRO 6 - Epítomos da proteína p26 pertencente ao gene <i>gag</i> . ....	49
QUADRO 7 - Frequências dos aminoácidos encontradas nas posições do Epítopo 1.....	50
QUADRO 8 - Frequências dos aminoácidos encontradas nas posições do Epítopo 2.....	51
QUADRO 9 - Frequências dos aminoácidos encontradas nas posições do Epítopo 3.....	52
QUADRO 10 - Frequências dos aminoácidos encontradas nas posições do Epítopo 4.....	53
QUADRO 11 - Frequências dos aminoácidos encontradas nas posições do Epítopo 5.....	53
QUADRO 12 - Combinações dos oligonucleotídeos utilizados na amplificação e clonagem das amostras juntamente com o resultado dos testes sorológicos e moleculares.....	54
QUADRO 13 - Análise estrutural dos epítopo da gp90 correspondente ao gene <i>env</i> . ....	57
QUADRO 14 - Frequências dos aminoácidos encontradas nas posições do Epítopo 1.....	58

## Lista de Figuras

FIGURA 1 - Representação do vírion da Anemia Infecciosa Equina e suas principais estruturas.....	18
FIGURA 2 - Representação esquemática da replicação do vírus da Anemia Infecciosa Equina.....	20
FIGURA 3 - Casos de AIE no Brasil no 1º semestre de 2021.....	22
FIGURA 4 - Resumo das fases da doença e os eventos que podem ocorrer em um animal.....	27
FIGURA 5 – Principais sinais clínicos observados na AIE.....	28
FIGURA 6 - Regiões geográficas de coleta das amostras.....	35
FIGURA 7 - Representação esquemática do genoma do vírus.....	36
FIGURA 8 - Representação esquemática das sequências POCONE-BRA01 e POCONE-BRA02, respectivamente, com os genes alvos em destaque.....	37
FIGURA 9 - Representação do genoma do vírus e das regiões alvo dos <i>primers</i> para as reações de PCR, <i>Seminested</i> e <i>Nested</i> .....	40
FIGURA 10 - Esquema do genoma do vírus e das regiões de amplificação dos oligonucleotídeos.....	42
FIGURA 11 - Análise filogenética da região da p26 do gene <i>gag</i> do vírus da Anemia infecciosa equina.....	49
FIGURA 12 - Análise filogenética da região da gp90 do gene <i>env</i> do vírus da Anemia infecciosa equina.....	57

## **Lista de Gráficos**

GRÁFICO 1- Doenças Notificadas em equinos (2000-2021). .....	23
--	----

## Sumário

1 INTRODUÇÃO .....	15
2 REVISÃO DE LITERATURA DA AIE .....	17
2.1 HISTÓRICO .....	17
2.2 ETIOLOGIA.....	17
2.3 CICLO DE REPLICAÇÃO VIRAL.....	19
2.4 VÍRUS X HOSPEDEIRO .....	20
2.4.1 Variação antigênica.....	21
2.5 EPIDEMIOLOGIA.....	22
2.6 PATOGENIA E SINAIS CLÍNICOS .....	25
2.7 DIAGNÓSTICO .....	28
2.8 PREVENÇÃO E CONTROLE .....	30
3 JUSTIFICATIVA .....	30
4 OBJETIVOS .....	34
4.1 GERAL.....	34
4.2 ESPECÍFICOS .....	34
5 MATERIAIS E MÉTODOS .....	34
5.1 ANIMAIS E AMOSTRAS .....	35
5.2 ANÁLISES LABORATORIAIS.....	35
5.2.1 Extração de ácidos nucléicos.....	36
5.2.2 Desenho dos oligonucleotídeos .....	37
5.2.3 Eletroforese .....	42
5.2.4 Clonagem.....	42
5.2.5 Purificação e preparo das amostras para o sequenciamento .....	42
5.2.6 Sequenciamento .....	43
5.2.7 Análise das sequências obtidas da região do gene <i>gag</i> correspondente a p26 e da gp 90 pertencente ao gene <i>env</i> .....	44
5.2.8 Análise filogenética .....	44

6 RESULTADOS.....	45
7 DISCUSSÃO.....	58
8 CONCLUSÕES/CONSIDERAÇÕES FINAIS.....	63
BIBLIOGRAFIA.....	64
Anexo 1 - Sequências de nucleotídeos das 63 amostras alinhadas compatíveis com a região codificadora da p26 no programa Geneious® pelo alinhamento ClustalW.....	92
Anexo 2 - Exibe o alinhamento estrutural dos epítomos da p26. ....	110
Anexo 3 - Sequências das 31 amostras alinhadas compatíveis com a região codificadora da gp90 no programa Geneious® pelo alinhamento ClustalW. .	123
Anexo 4 - Exibe o alinhamento estrutural dos epítomos da gp90. ....	128
Anexo 5 - Clones da amostra 7734 da região gp90 da combinação B. ....	145
Anexo 6 - Clones da amostra 7599 da região gp90 da combinação B. ....	146
Anexo 7 - Clones da amostra 8002 da região gp90 da combinação B. ....	147
Anexo 8 - Clones da amostra 8089 da região gp90 da combinação B. ....	148
Anexo 9 - Clones da amostra 9000 da região gp90 da combinação B. ....	149
Anexo 10 - Clones da amostra 11 da região gp90 da combinação E. ....	150
Anexo 11 - Clones da amostra 3613 da região gp90 da combinação E. ....	151
Anexo 12 - Clones da amostra 7575 da região gp90 da combinação E. ....	152
Anexo 13 - Clones da amostra 7722 da região gp90 da combinação E. ....	153
Anexo 14 - Clones da amostra 7731 da região gp90 da combinação E. ....	155
Anexo 15 - Clones da amostra 3 da região gp90 da combinação O.....	156
Anexo 16 - Clones da amostra 6 da região gp90 da combinação O.....	157
Anexo 17 - Clones da amostra 8 da região gp90 da combinação O.....	158
Anexo 18 - Clones da amostra 9 da região gp90 da combinação O.....	159
Anexo 19 - Clones da amostra 3613 da região gp90 da combinação O.....	160
Anexo 20 - Clones da amostra 7573 da região gp90 da combinação O.....	161
Anexo 21 - Clones da amostra 7586 da região gp90 da combinação O.....	162

Anexo 22 - Clones da amostra 7599 da região gp90 da combinação O.....	163
Anexo 23 - Clones da amostra 7640 da região gp90 da combinação O.....	164
Anexo 24 - Clones da amostra 7966 da região gp90 da combinação O.....	165
Anexo 25 - Clones da amostra 7991 da região gp90 da combinação O.....	166
Anexo 26 - Clones da amostra 8003 da região gp90 da combinação O.....	167
Anexo 27 - Clones da amostra 8020 da região gp90 da combinação O.....	168
Anexo 28 - Clones da amostra 9105 da região gp90 da combinação O.....	169
Anexo 29 - Clones da amostra 9214 da região gp90 da combinação O.....	170

DINIZ, J.A. **Variabilidade das regiões codificantes das proteínas p26 e gp90 do vírus da Anemia Infeciosa Equina circulante no Pantanal brasileiro. Botucatu, 2022.** 170p. Tese (Doutorado) – Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Campus de Botucatu, Universidade Estadual Paulista.

## **Resumo**

A anemia infecciosa equina (AIE) é uma doença de notificação obrigatória pela OIE (Organização Mundial de Saúde Animal) causada por um retrovírus de distribuição mundial que atinge os equídeos. No Brasil, a região do Pantanal apresenta elevadas taxas de prevalência da doença. Os testes oficiais exigidos no diagnóstico são IDGA (Imunodifusão em Gel de Ágar) e o ELISA (Enzyme Linked Immunosorbent Assay), sendo as proteínas p26 e gp90 os principais antígenos utilizados, respectivamente. Testes moleculares como Reação em Cadeia pela Polimerase (PCR) e PCR em tempo real (qPCR) também têm sido utilizados e estudos comparando-os com os oficiais apresentam resultados discordantes. É aventada a hipótese de que isso é decorrente da variabilidade genética que pode tanto reduzir a capacidade de reconhecimento dos antígenos nos testes sorológicos como dos *primers* nos testes moleculares. Assim este trabalho tem como objetivo a análise das sequências codificadoras dos antígenos p26 e gp90 do vírus da AIE provenientes de equinos do Pantanal brasileiro. Dentre as análises realizadas, a p26 do gene *gag*, é uma proteína mais conservada do que a gp90 do gene *env*. A técnica de clonagem corrobora para essa afirmação, já que os clones obtidos da gp90 apresentaram regiões com inserção, deleção e *gaps*. A sequência POCONE-BRA02 utilizada em comparação com as sequências obtidas, exibiu maior identidade de nucleotídeo com as mesmas, do que com a sequência POCONE-BRA01. As frequências dos aminoácidos nos epítomos foram mais similares à sequência POCONE-BRA02. Essas informações são importantes para o aprimoramento do diagnóstico e devem ser aplicadas não somente para o vírus da AIE, mas também em outros lentivírus.

**Palavras-chaves:** Vírus da Anemia Infeciosa Equina, *Lentivirus*, proteínas p26 e gp90, variabilidade genética.

DINIZ, J.A. **Variability of the coding regions of the p26 and gp90 proteins of the equine infectious anemia virus circulating in the Brazilian Pantanal.** Botucatu, 2022. 170p. Tese (Doutorado) – Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Campus de Botucatu, Universidade Estadual Paulista.

## **Abstract**

Equine infectious anemia (EIA) is a disease that must be notified by the OIE (World Organization for Animal Health) caused by a retrovirus of worldwide distribution that affects horses. In Brazil, the Pantanal region has high rates of disease prevalence. Official tests applied in diagnosis are the IDGA (Agar Gel Immunodiffusion) and the ELISA (Enzyme Linked Immunosorbent Assay) with the p26 and gp90 proteins being the main antigens used respectively. Molecular tests such as PCR (Polymerase Chain Reaction) and qPCR (real-time PCR) are also applied and studies comparing them with officers are showing conflicting results. Thus, hypothesis is raised that this is due to genetic variability that can both reduce the ability to recognize antigens in serological tests and primers in molecular tests. This work aims to analyze coding sequences of p26 and gp90 antigens of AIE virus from Brazilian Pantanal. Among analyzes performed, p26 of gag gene is a protein that is more conserved than gp90 of env gene. Cloning technique corroborates this statement, since clones obtained from gp90 presented regions with insertion, deletion and gaps. POCONE-BRA02 sequence used in comparison with obtained sequences, exhibited greater nucleotide identity with than with the POCONE-BRA01 sequence. Amino acid frequencies in epitopes were more similar to sequence POCONE-BRA02. This information is important for diagnostic improvement and should be applied not only to EIA virus, but also to others lentivirus.

**Keywords:** Equine Infectious Anemia Virus, *Lentivirus*, p26 and gp90 proteins, genetic variability.

## 1 INTRODUÇÃO

A Anemia Infecciosa Equina (AIE) é uma enfermidade infectocontagiosa, que acomete cavalos, asininos e muares, causada por um vírus RNA envelopado pertencente à família *Retroviridae*, e ao gênero *Lentivirus* (ICTV, 2021). Como em todos os retrovírus, a enzima transcriptase reversa é capaz de transcrever o RNA viral em DNA e, posteriormente, por atividade da integrase, o material genético se integra ao DNA cromossômico da célula infectada (MURPHY, 1999; QUINN, 2005). Este fato contribui para o sucesso na disseminação e manutenção do vírus, visto que os animais permanecem infectados pelo resto da vida.

A Organização Mundial de Saúde Animal (OIE, 2022) preconiza notificação obrigatória de equídeos acometidos por AIE. No Brasil, em 1981 foi implantado um programa sanitário pelo Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA) intitulado de Programa Nacional de Sanidade de Equídeos (PNSE), o qual tem por objetivo o controle das doenças que acometem a população equídea, incluindo a AIE (MAPA, 2017).

No Pantanal, os animais reagentes aos testes oficiais não são eliminados, pois a região é considerada “área de alto risco”. Assim, esses animais portadores do vírus são isolados em regime vitalício, como uma das medidas previstas na Instrução Normativa 45/2004.

O Programa de Controle e Prevenção da AIE no Pantanal Sul-matogrossense (CAIEPAN), elaborado pela Embrapa Pantanal em parceria com a Comissão Estadual para o controle da AIE no Estado do Mato Grosso do Sul (CECAIE-MS), recomenda a realização do diagnóstico de todos os equídeos da propriedade, posteriormente segregação dos animais negativos em piquetes a uma distância de 200 metros, com a finalidade de impedir a transmissão mecânica pelos insetos hematófagos. Os animais negativos devem ser retestados a cada três a quatro meses. No caso de resultado positivo, o animal deve ser reconduzido para o rebanho de positivos. Os animais submetidos aos testes de diagnósticos, com dois resultados negativos consecutivos, devem ser monitorados a cada seis meses (SILVA et al., 2004).

Silva; Abreu; Barros (2001) verificaram que após adesão destas medidas houve redução da prevalência média da AIE em uma propriedade assistida,

porém Abreu et al. (2004), relataram que somente 15% das propriedades aderiram de fato às medidas preconizadas.

A transmissão iatrogênica do vírus é uma das formas mais relevante que contribui para a manutenção deste agente. Apesar das orientações quanto à disseminação do vírus entre os animais pela utilização de material contaminado, principalmente agulhas, é comum a reutilização desses materiais a fim de otimizar o trabalho (ISSEL E FOIL, 2015). Comparada com a intervenção humana, de acordo com estudos, a probabilidade de transmissão do vírus pelos artrópodes é insignificante (BORGES et al., 2013; VILAMIU et al. 2013; ISSEL E FOIL, 2015).

Os vírus de RNA possuem elevada taxa de erro na replicação, o que contribui para o surgimento de mutações, ao redor de  $10^{-5}$  mutações por base de replicação (TROMAS; ELENA, 2010).

O vírus da AIE é um retrovírus, portanto, o material genético é de RNA, a replicação é realizada pela transcriptase reversa, que é uma enzima com baixa atividade de correção (*proofreading*), como outras RNA polimerases RNA dependentes dos vírus RNA. No caso de retrovírus, cada vírion é composto por duas fitas de ssRNA e os eventos de recombinação podem ser frequentes (LEROUX; CADORÉ; MONTELARO, 2004; SIMON-LORIERE; HOLMES, 2011). Esse fenômeno pode ocorrer durante a replicação do vírus e pela passagem em vários hospedeiros (DOMINGO et al., 1996; ISSEL et al., 2014).

A capacidade de mutação do vírus da AIE e, conseqüentemente, a alta variabilidade dificulta a caracterização do patógeno. Este fato explica a escassez de sequências de genoma completo no banco de sequências GenBank The National Center for Biotechnology Information ([www.ncbi.nlm.nih.gov](http://www.ncbi.nlm.nih.gov)). Outro problema decorrente da variabilidade do vírus está relacionado ao diagnóstico, pois estudos com métodos moleculares têm apresentado valores de sensibilidade mais elevados do que os testes sorológicos oficiais (LANGEMEIER et al., 1996; CULLINANE et al., 2007; ISSEL et al., 2013; SCICLUNA et al., 2013; RICOTTI et al., 2016; ROMO-SÁENZ et al., 2021). As mutações podem ocorrer nos genes codificantes das proteínas p26 e gp90, que são utilizados no sorodiagnóstico. Dessa forma, estudos direcionados ao esclarecimento da variabilidade das regiões codificantes dessas proteínas podem contribuir para o desenvolvimento e/ou aprimoramento das técnicas diagnósticas.

## 2 REVISÃO DE LITERATURA DA AIE

### 2.1 HISTÓRICO

A AIE é uma doença infecciosa conhecida como Febre dos Pântanos, Malária Equina, AIDS do cavalo, Mal do Cochilo ou Cochilão. O primeiro relato ocorreu na França, em 1843, mas somente em 1904, Vallée e Carré identificaram o agente etiológico (LIGNÉ, 1843).

O primeiro relato da doença no Brasil ocorreu em 1968, em equinos da raça Puro Sangue Inglês (PSI) (DUPONT et al., 1968). No mesmo ano, a doença foi relatada por Guerreiro e colaboradores (1968) em um animal da cavalaria da Polícia Militar no Rio de Janeiro, e Silva et al. (1968) descreveram a doença em animais do Clube Hípico Fluminense.

Estudos indicam que a introdução do agente no Pantanal ocorreu em 1970, o que resultou na disseminação do vírus e elevada taxa de morbidade dos animais (SILVA; ABREU; BARROS, 2001).

### 2.2 ETIOLOGIA

O vírus da anemia infecciosa equina é o agente causador da AIE em equídeos. Pertence à família *Retroviridae*, subfamília *Orthoretrovirinae*, gênero *Lentivirus* (ICTV, 2021). Outros nove vírus de importância veterinária e humana pertencem ao mesmo gênero e apresentam algumas similaridades com o vírus da AIE, como o Vírus da Artrite-Encefalite Caprina, Vírus da Imunodeficiência Humana (HIV), Vírus da Imunodeficiência Felina (FIV), Vírus da Imunodeficiência Símia e Vírus Maedi-Visna (ICTV, 2021).

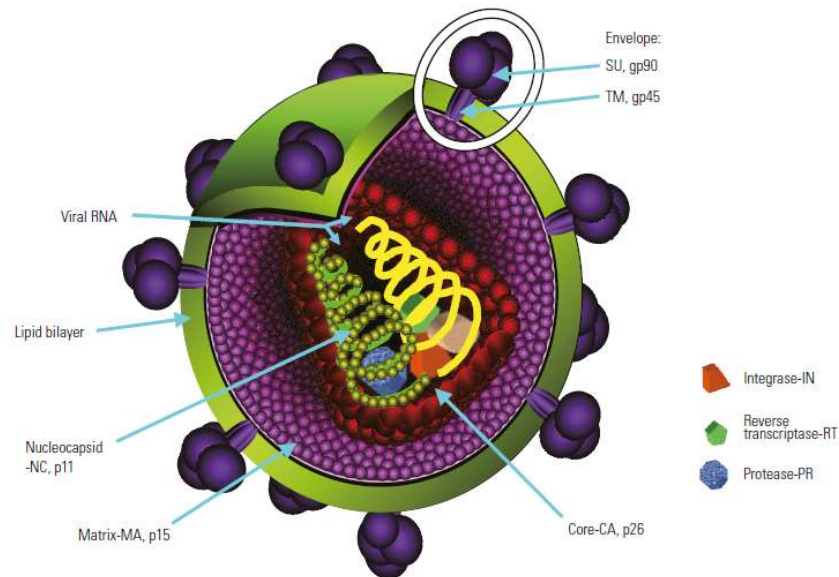


FIGURA 1 - Representação do vírion da Anemia Infecciosa Equina e suas principais estruturas.

Fonte: (ISSEL E FOIL, 2015).

Legenda: Proteínas: p26: Proteína do Capsídeo – Core-CA; p15 Matriz – MA; p11 nucleocapsídeo – NC; gp90: glicoproteína de superfície – SU; gp45: glicoproteínas transmembrana – TM  
Enzimas: Transcriptase reversa – RT; Integrase – IN; Protease - PR

O vírion do vírus da AIE (Figura 1) exibe dimensões de 80-100 nm de diâmetro e o envelope é derivado da membrana plasmática de células do hospedeiro (MURPHY et al., 1999). O genoma do vírus é composto de duas moléculas de RNA fita simples com 8,2 kb cada, é formado por três genes estruturais principais denominados de: *gag*, *pol* e *env* (COOK et al., 2009). O gene *gag* codifica as proteínas p26 do capsídeo, p15 da matriz, p11 e p9 do nucleocapsídeo, que são originadas a partir da clivagem da poliproteína precursora Pr55gag. O ciclo de replicação do vírus depende da montagem destas proteínas. O gene *pol* codifica a transcriptase reversa, a integrase e a protease e possui função de síntese de DNA, integração ao genoma e maturação viral respectivamente (STEPHENS; CASEY; RICE, 1986; HUSSAIN, et al., 1988). O gene *env* codifica as glicoproteínas transmembrana gp45, e de superfície gp90, as quais são determinantes para entrada do vírus na célula hospedeira (TIMONEY et al., 1988). O vírus apresenta também genes acessórios: *tat*, *rev* e S2, que codificam proteínas regulatórias. A região codificadora do genoma integrado é flanqueada por duas sequências denominadas LTR (*long terminal repeats*) que têm como função principal o

controle da expressão gênica na célula infectada (COOK, et al., 2013; ISSEL, et al., 2014).

### 2.3 CICLO DE REPLICAÇÃO VIRAL

O ciclo viral (Figura 2) tem início pela interação da glicoproteína de superfície do vírus com receptores específicos nas células alvo, como os macrófagos/monócitos e também a proteína ELR-1 (*Equine Lentivirus receptor-1*). A fusão da membrana do vírus e liberação do núcleo capsídeo para o citoplasma ocorre a partir de eventos endossomais. No envelope a subunidade SU é relevante no contato com o receptor, e a subunidade TM é importante na fusão com a membrana celular (SELLON et al., 1994; SELLON et al., 1996; ZHANG et al., 2005; GOFF, 2007).

Após adentrar na célula hospedeira, o vírus sofre desnudação de forma parcial, o RNA viral é copiado pela transcriptase reversa viral, e originará uma fita dupla de DNA do genoma viral. Em seguida, o DNA viral é exportado para o núcleo e por meio da integrase será integrado ao DNA do hospedeiro, sendo denominado DNA proviral. Essa integração ocorre pelas porções terminais dos LTRs (DESROSIERS, 2007; RAVAZOLLO E COSTA, 2007; SAXENA E CHITTI, 2016).

Posteriormente, a célula hospedeira iniciará a transcrição do provírus, a qual será regulada pela proteína *tat*. Assim com a ajuda da proteína *rev* ocorrerá a síntese dos RNAs mensageiros virais. As proteínas do capsídeo serão estruturadas e agrupadas em uma forma imatura. O envelope será formado durante a maturação através da membrana plasmática de células do hospedeiro. Consequentemente, o vírus passará pelo processo de brotamento por meio da proteína precursora gag; e maturação. Em seguida ocorrerá a liberação de novas partículas virais, as quais estarão prontas para infectar células-alvo (SELLON et al., 1994; SELLON et al., 1996; DESROSIERS, 2007; SAXENA & CHITTI, 2016).

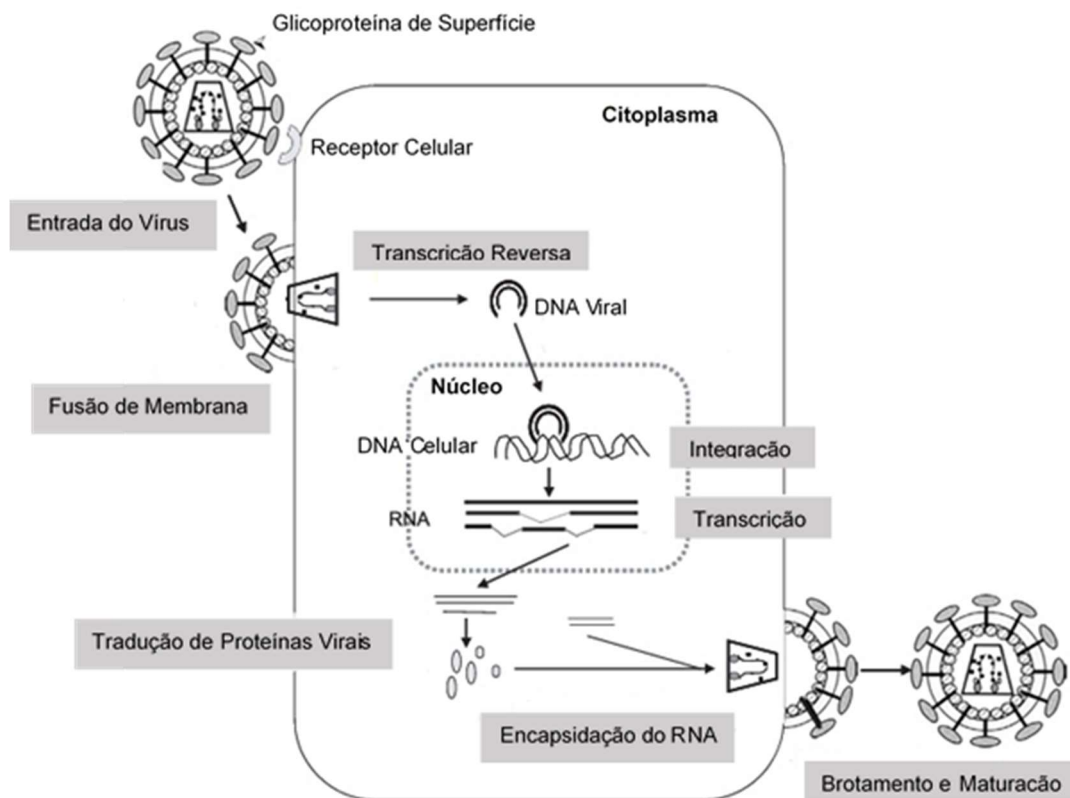


FIGURA 2 - Representação esquemática da replicação do vírus da Anemia Infecciosa Equina.

Fonte: Adaptado de LEROUX; CADORÉ; MONTELARO (2004).

## 2.4 VÍRUS X HOSPEDEIRO

Os lentivírus possuem algumas particularidades que colaboram para a persistência do vírus no hospedeiro. Como a capacidade do DNA proviral se integrar no genoma celular, permitindo que o vírus escape dos mecanismos de defesa do hospedeiro. Além disso, utilizam as células do sistema imunológico para se replicarem, as quais são utilizadas para eliminar as células infectadas, dessa forma o hospedeiro não consegue combater e eliminar o vírus (NARAYAN et al. 1997, CALLADO et al. 1999). E ainda, possuem elevadas taxas de mutação ao longo do processo de replicação, por falhas na transcriptase reversa, levando a diversidade genética e conseqüentemente propiciando o escape do sistema imunológico do hospedeiro (CHEEVERS et al. 1993).

Estima-se que os erros que acontecem a cada ciclo de transcrição reversa resultem na adição de uma ou mais mutações no genoma viral, gerando aumento na variabilidade genética. A organização do genoma dos retrovírus também

permite a recombinação genética, uma vez que apresenta duas cópias de RNA viral, as quais podem propiciar mutações pontuais ou coinfeção celular (SIMON-LORIERE; HOLMES, 2011).

#### 2.4.1 Variação antigênica

Altas taxas de mutação são observadas no vírus da AIE devido aos erros gerados pela transcriptase reversa. Apesar dos erros, grande parte das mutações são deletérias para os vírus, como ocorre para todos os vírus RNA, no entanto, as principais características virais permanecem, como genéticas, patológicas e morfológicas. Dessa maneira, surgiu o conceito de *quasispecies*, definido como um conjunto de variantes genéticas semelhantes originadas por erros na replicação (EIGEN; SCHUSTER, 1977; EIGEN, 1993; DOMINGO et al., 1996; ISSEL et al., 2014).

Na AIE, o surgimento das *quasispecies* está associado aos novos casos clínicos da doença, ao longo dos episódios febris (KIM; CASEY, 1992; LICHTENSTEIN et al., 1996; LEROUX et al., 1997; HOWE et al., 2002; LEROUX; CADORÉ; MONTELARO, 2004).

A persistência do vírus é também determinada pelas variantes genômicas. Isso possibilita que o agente escape da resposta imune do hospedeiro, provocando aumento na intensidade dos sinais clínicos (KONO et al., 1973; MONTELARO et al., 1984). Variantes antigênicas podem ser alteradas no intervalo de duas semanas e aparecem a cada ciclo da doença no hospedeiro (PAYNE et al., 1987). No contexto das *quasispecies*, além das mutações que levam a variabilidade genética, há também outros eventos, como recombinação ou duplicação de genes (COOK, 2020; LIU et al., 2019).

O estudo das *quasispecies* possibilita identificar se as regiões de mutações colaboram para a atenuação do vírus, fato que pode ocorrer pela pressão seletiva, assim pode haver perdas evolutivas como mudanças na virulência, e o vírus pode apresentar inserções e deleções (LIU et al., 2019).

O surgimento das *quasispecies* dificulta o desenvolvimento de medicamentos antivirais e vacinas, os quais são importantes para o controle da transmissão viral, principalmente para os vírus do gênero *Lentivirus*, no qual está inserido o vírus do HIV (ISSEL et al., 2014). Estudos estão sendo realizados para

entender a dinâmica desse fenômeno e desenvolver métodos efetivos de controle do vírus (BACCAM et al., 2003; WANG et al., 2018; CONG LIU et al., 2019).

## 2.5 EPIDEMIOLOGIA

A AIE é uma enfermidade de distribuição mundial. Casos da infecção já foram relatados em algumas regiões da Europa, como a Alemanha, Espanha, Suíça e Países Baixos. A Itália e a Romênia são países considerados endêmicos (ROBERTS, 2017).

No Brasil, o vírus da AIE está disseminado por todas as regiões do país (Figura 3), e de acordo com os dados disponibilizados pelo MAPA no ano de 2000 até o primeiro semestre de 2021, a AIE foi a doença de notificação compulsória em equinos mais notificada, seguida da Raiva e do Mormo (Gráfico 1). A doença é considerada endêmica no Pantanal, que abrange parte do Mato Grosso e Mato Grosso do Sul, na Ilha de Marajó no Pará e no norte de Minas Gerais (ALMEIDA et al., 2006; BUENO et al., 2020).

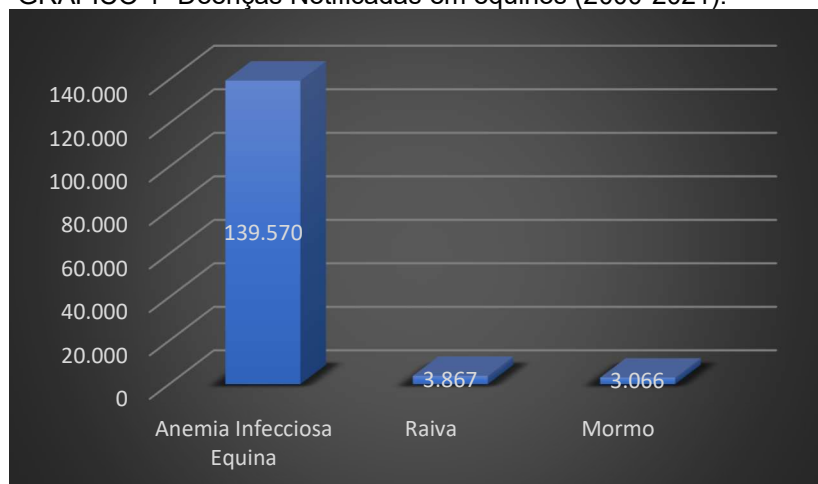


FIGURA 3 - Casos de AIE no Brasil no 1º semestre de 2021.

Fonte: <https://indicadores.agricultura.gov.br/saudeanimal/index.htm>. Acesso em: 24 abril 2022.

Legenda: AIE – Anemia Infecciosa Equina

GRÁFICO 1- Doenças Notificadas em equinos (2000-2021).



Fonte: <https://indicadores.agricultura.gov.br/saudeanimal/index.htm> Acesso em: 24 abril 2022.

Os equídeos (cavalos, asininos e muares) pertencem à família *Equidae* e são animais suscetíveis ao vírus da AIE independente da raça, sexo e idade (VAN DER KOLK; VELDHUIS KROEZE, 2014).

Os principais vetores envolvidos na transmissão do vírus são os tabanídeos (*Tabanus* sp.). No entanto, as moscas dos estábulos (*Stomoxys* sp.), também participam na disseminação da AIE (BARROS; FOIL, 2007; SELLON, 1993). É importante salientar que os insetos são vetores mecânicos, pois o vírus não possui capacidade de se replicar no interior de suas estruturas (BARROS; FOIL, 2007; ISSEL; FOIL, 2015).

Na gestação, a fêmea pode transmitir o vírus da AIE aos potros por via transplacentária, e pode abortar caso apresente episódios de viremia. O leite e o colostro também podem ser vias de transmissão do vírus. (SELLON, 1993; COOK et al., 2013; SELLON; LONG, 2014).

A infecção por meio da via venérea pode ocorrer, de maneira rara, e os machos infectados apresentam redução na qualidade do sêmen (SELLON, 1993).

A transmissão por contato com saliva e urina também pode ocorrer, com menor probabilidade (SELLON, 1993; ISSEL; FOIL, 2015; BUENO, 2020). A disseminação do vírus via aerógena ocorre de maneira incomum (BOLFA et al., 2016; BUENO, 2020).

A forma mais significativa na transmissão do vírus é pela via iatrogênica, com utilização ou reutilização de material e/ou objetos contaminados como

material cirúrgico, esporas, material de casqueamento, cabresto, agulhas contaminadas e na transfusão de sangue de animais infectados para os sadios (ISSEL; COGGINS, 1979; CLABOUGH, 1990; COOK et al., 2001; NOCITI et al., 2008).

Os humanos possuem papel relevante na transmissão do vírus, já que muitas vezes há o desconhecimento em relação aos aspectos sanitários, por provavelmente não haver suporte veterinário, aliado à questão cultural em relação ao uso de materiais contaminados nos equídeos, principalmente agulhas, o que propicia a disseminação do vírus aos animais sadios. Alguns autores acreditam que os insetos apresentam papel insignificante na transmissão da AIE e o manejo dos animais possui maior impacto (BORGES et al., 2013; VILAMIU et al., 2013 e ISSEL E FOIL, 2015).

De acordo com dados do Brasil baseados em levantamentos sorológicos por IDGA (Imunodifusão em Gel de Ágar), a frequência de ocorrência da enfermidade é variável, uma vez que depende da região pesquisada e da população equídea examinada (BRAGA, 2000). Os estudos têm mostrado que a frequência de ocorrência pode oscilar de 0,06% a 66,92% (Quadro 1) (SILVA et al., 1999a; SILVA et al., 1999b; SILVA; ABREU; BARROS.; 2001; SANTOS et al., 2001; HEINEMANN et al., 2002; ALMEIDA et al., 2006; PENA et al., 2006; BADINI et al., 2007; AGUIAR et al., 2008; GUIMARÃES et al., 2011; HEIDEMANN et al., 2012; SILVA et al., 2013; SEAPA, 2014; CUTOLO et al., 2014; CHAVES et al., 2015; FREITAS et al., 2015; LIMA et al., 2015; SOBIESKI et al., 2015; NOGUEIRA et al., 2017; OLIVEIRA et al., 2017; CRUZ, et al., 2020; CURSINO et al., 2020).

QUADRO 1 - Ocorrência da Anemia Infecciosa Equina no Brasil.

Local	Frequência de positivos	Referência
Mato Grosso do Sul	24,80%	SILVA et al., 1999a
Mato Grosso do Sul	39,70%	SILVA et al., 1999b
Acre	7,50%	SANTOS et al., 2001
Pará	17,71%	HEINEMANN et al., 2002
Minas Gerais	3,10%	ALMEIDA et al., 2006
Pará	1,34%	PENA et al., 2006
Rio de Janeiro	2,15%	BADINI et al., 2007
Rondônia	9,60%	AGUIAR et al., 2008
Bahia	5,90%	GUIMARÃES et al., 2011
Distrito Federal	1,81	MORAES, 2011
Pará	12,79%	HEIDEMANN et al., 2012
Mato Grosso	31,5%	BORGES et al., 2013
Rio Grande do Norte	2,86%	SILVA et al., 2013
Paraíba	1,29%	SILVA et al., 2013
Ceará	3,10%	SILVA et al., 2013
São Paulo	4,70%	CUTOLO et al., 2014
Rio Grande do Sul	0,30%	SEAPA 2014
Maranhão	19,51%	CHAVES et al., 2015
Pará	46,26%	FREITAS et al., 2015
Maranhão	27,36%	LIMA et al., 2015
Rio Grande do Sul	0,06%	SOBIESKI et al., 2015
Rondônia	1,15%	GUIARAUD et al., 2017
Mato Grosso do Sul	38,60%	NOGUEIRA et al., 2017
Rio Grande do Norte	1,6%	OLIVEIRA et al., 2017
Distrito Federal	1,81%	MORAES et al., 2017
Rio de Janeiro	11,80%	CRUZ et al., 2020
Mato Grosso e Mato Grosso do Sul	66,92%	CURSINO et al., 2021

Legenda: Teste de diagnóstico utilizado: IDGA – Imunodifusão em Gel de Ágar

## 2.6 PATOGENIA E SINAIS CLÍNICOS

O agente infeccioso pode ser transmitido de várias formas aos equídeos, incluindo picada de insetos hematófagos, contato com secreção, excreção e objetos contaminados (ISSEL; COGGINS 1979, CLABOUGH, 1990; COOK et al., 2001; NOCITI et al., 2008). Após a entrada do vírus no hospedeiro, ocorre replicação no interior de monócitos e macrófagos presentes em tecidos como

fígado, baço, pulmões, rins, linfonodos e glândulas adrenais (MCGUIRE; CRAWFORD; HENSON, 1971; SELTON et al., 1992).

Os animais podem apresentar linfadenomegalia, hepatomegalia e esplenomegalia, devido a ativação de macrófagos, liberação de interleucinas IL-1 e 6 e fator de necrose tumoral (TNF- $\alpha$ ). O vírus pode formar imunocomplexos, os quais se ligam às hemácias, plaquetas e ao endotélio estimulando os mecanismos de inflamação imunomediada como hemólise, vasculite, agregação plaquetária e compromete o processo de formação das células sanguíneas (CONSTABLE et al., 2016; RADOSTITS et al., 2000; WEIBLEN, 2001). A deposição de imunocomplexos pode resultar em anemia, glomerulonefrite, hepatite e linfadenopatia (TRAUB-DARGATZ, 1993; TIZARD, 2002).

Os animais infectados podem apresentar três fases da doença: aguda, crônica e assintomática (Figura 4). Na fase aguda, apresentam hipertermia com temperatura variando de 40,5°C a 41°C, redução de apetite e a maioria apresenta trombocitopenia e anemia. O óbito pode ocorrer de duas a três semanas após o início dos sinais clínicos (SELTON, 2008). Já na fase crônica, os principais sinais clínicos são: febre, leucopenia, perda de peso, icterícia, edema, trombocitopenia, hemorragias, glomerulonefrite, ataxia e letargia (LEROUX; CADORÉ; MONTELARO, 2004). A figura 5 ilustra alguns dos sinais clínicos.

Na fase crônica, os animais exibem sinais clínicos de forma intermitente ao longo de um ano. Isto se deve às elevadas taxas de mutação no qual o RNA viral é transcrito em DNA pela transcrição reversa (HAMMOND et al., 1997; LEROUX et al., 2001; MEALEY et al., 2003).

Posteriormente, alguns equídeos não apresentam sinais clínicos. Nesta fase são classificados como assintomáticos e podem atuar como fonte importante na disseminação do vírus dificultando o controle e erradicação da AIE (MONTELARO, et al.; 1993; TENCZA et al., 2000). O sistema imune destes animais possui papel relevante para manutenção da condição corporal normal, o que permite alguns equídeos infectados exibirem desempenho atlético (SELTON, 2008).

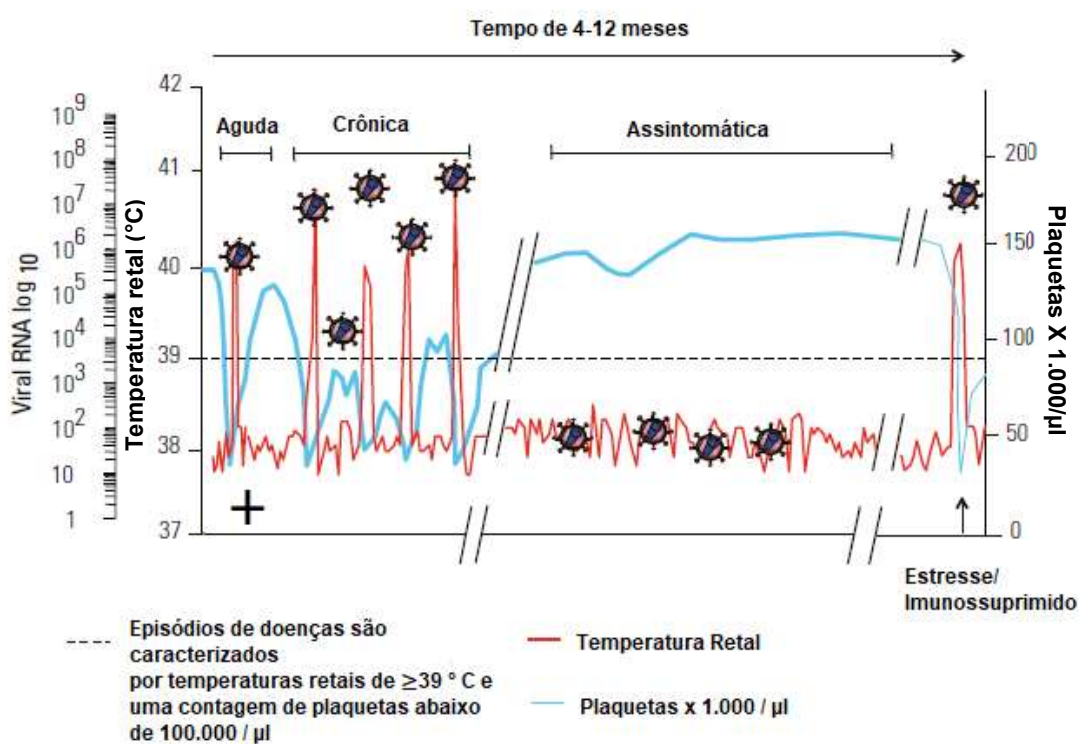


FIGURA 4 - Resumo das fases da doença e os eventos que podem ocorrer em um animal infectado pela AIE.

Fonte: Adaptado de ISSEL E FOIL (2015).

Legenda: AIE: Anemia Infecciosa Equina

a- Edema na região Peitoral.



b- Animal com emagrecimento.





FIGURA 5 – Principais sinais clínicos observados na AIE.

Fonte: (Márcio Garcia Ribeiro – FMVZ – UNESP/Botucatu, 2011)

Legenda: AIE – Anemia Infecciosa Equina

## 2.7 DIAGNÓSTICO

O diagnóstico da enfermidade pode ser baseado em testes sorológicos, cultivo celular e métodos moleculares. O isolamento viral pode ser utilizado na identificação do agente infeccioso, porém é mais trabalhoso, de alto custo e passível de contaminação pela necessidade de manipulação dos cultivos celulares (NAGARAJAN; SIMARD, 2001).

A OIE reconhece os testes IDGA e ELISA (Enzyme Linked Immunosorbent Assay) como confiáveis, porém recomenda que um resultado positivo pelo ELISA seja confirmado pelo IDGA. No Brasil, também há esta recomendação devido a possibilidade de ocorrer falso-positivo, e a Portaria nº 378, de 17 de Dezembro de 2014 reconhece o IDGA como método oficial confirmatório no diagnóstico de AIE (OIE, 2013; BRASIL, 2014).

O teste do IDGA apresenta elevada especificidade e fácil execução (COGGINS e NORCROSS, 1970; COGGINS et al., 1972; SELLON, 1993). O antígeno utilizado no teste é a proteína p26, a qual é altamente conservada em relação aos demais antígenos. No entanto, se as amostras testadas não apresentarem quantidades de anticorpos suficientes, podem exibir resultados

falso-negativos (ISSEL; COOK, 1993; LANGEMEIER et al., 1996; COOK; LEROUX; ISSEL, 2013).

O método do ELISA é capaz de detectar os animais acometidos em estágios iniciais da infecção (BALL et al., 1992; RWAMBO et al., 1990). Há vários *kits* de ELISA internacionalmente licenciados para o diagnóstico da AIE, a maioria tem como alvo anticorpos anti-p26 e anti-gp45 (COOK et al., 2013). O ELISA competitivo (cELISA) identifica anticorpos contra p26 e apresenta alta correlação com o IDGA (MONTELARO et al., 1993; LANGEMEIER et al., 1996); o ELISA que utiliza a proteína gp90 recombinante, apresenta resultados semelhantes ao IDGA (REIS et al., 2012). Os testes de ELISA comerciais disponíveis para o diagnóstico da AIE são o Teste IDEXX cELISA EIA e VETLISA AIE IgG, não há especificação pelos fabricantes a respeito dos antígenos que são utilizados.

O teste Immunoblot é um método sorológico considerado sensível e específico, já que é capaz de detectar anticorpos contra múltiplos antígenos (COOK et al., 2005; SCICLUNA et al., 2013).

Os métodos moleculares também podem ser utilizados no diagnóstico da AIE. Estudos têm apontado resultados discordantes entre os testes moleculares e os sorodiagnósticos (LANGEMEIER et al., 1996; CULLINANE et al., 2007; CAPPELLI et al., 2011; ISSEL et al., 2013; SCICLUNA et al., 2013; RICOTTI et al., 2016). O teste de PCR (Reação em Cadeia pela Polimerase) descrito pela OIE para detecção de AIE não se mostrou eficiente no Brasil, tendo em vista a elevada variação genética do vírus (CAPPELLI et al., 2011). Duas reações direcionadas à amplificação do gene *gag* são recomendadas pela OIE, como complementares aos testes sorológicos, uma é a *nested* PCR (NAGARAJAN; SIMARD, 2001) e a outra é a qPCR (COOK et al., 2002).

De acordo com alguns trabalhos, a *nested*-PCR exibiu elevados valores de sensibilidade na detecção de animais acometidos pelo vírus da AIE (HINES; MAURY, 2001; NAGARAJAN; SIMARD, 2001; DONG et al., 2012; CAVALCANTE, 2014). A *seminested*, aplicada em amostras de equinos, apresentou alta sensibilidade em relação aos testes sorológicos (MALOSSI et al., 2016a; CURSINO et al., 2018).

Outro teste molecular utilizado na identificação dos animais acometidos pelo vírus é a PCR em tempo real, que exibe melhor desempenho do que os métodos de sorodiagnóstico (MALOSSI, 2016a).

## 2.8 PREVENÇÃO E CONTROLE

Como não há tratamento eficaz, são adotadas medidas de prevenção e controle visando evitar a disseminação da AIE. Assim, de acordo com o PNSE, dentre várias medidas é recomendado que ao adquirir um animal, este deve ser submetido a quarentena para a realização do teste IDGA. O mesmo exame de diagnóstico é utilizado para emitir o GTA (Guia de Trânsito Animal), controle de trânsito animal, certificação em eventos e de propriedades.

A partir de resultado positivo para AIE, ocorre a interdição da propriedade seguida de investigação epidemiológica e é necessário que os animais sejam eutanasiados. Em regiões consideradas de alto risco, como no Pantanal, é preconizado o isolamento dos equídeos reagentes, tendo em vista que a eutanásia é impraticável, já que a manutenção da pecuária na região depende da presença desses animais para o manejo dos bovinos (SILVA; ABREU; BARROS, 2001).

Os retrovírus são inativados pelo calor a 56°C por 30 minutos, por ação dos solventes lipídicos e detergentes (MURPHY et al, 1999).

## 3 JUSTIFICATIVA

O Pantanal é designado como a maior planície inundável do mundo. Com uma área de cerca de 250 mil Km<sup>2</sup>, ocupa parte do Brasil, Bolívia e Paraguai. Cerca de 70% do Pantanal está localizado no Brasil, abrangendo parte dos estados de Mato Grosso e Mato Grosso do Sul (SANTOS, 2001; BAZZO et al., 2012).

O clima tropical associado ao relevo com baixas altitudes torna algumas áreas da região propícias aos alagamentos na época das chuvas (SANTOS, 2001; BAZZO et al., 2012).

A região do Pantanal é constituída por grandes fazendas privadas e muitas dessas propriedades ficam isoladas, em especial durante o período das grandes

enchentes. Com isso o cavalo é de primordial importância como meio de transporte local, possibilitando a interação dos pantaneiros com fazendas vizinhas (JULIANO et al., 2016; SANTOS et al., 2020).

Dessa forma, o cavalo tem grande relevância econômica, pois não há pecuária de corte nas áreas inundáveis do Pantanal sem o uso desses animais. O cavalo tem um papel importante no manejo diário das fazendas, e nas comitivas que transportam o gado de um local para outro (JULIANO et al., 2016; SANTOS et al., 2020).

A maioria dos equinos existentes no Pantanal possuem algumas características dos cavalos Pantaneiros, porém são animais impuros, pois de acordo com ABCCP (Associação Brasileira de Criadores de Cavalos Pantaneiros), não atendem às características da raça (SANTOS et al., 2004). A população de equinos também é composta por cavalos mestiços, oriundos dos acasalamentos com diversas raças, e foram capazes de se adaptar às condições bioclimáticas da região (SANTOS et al., 1995). E ainda há uma pequena porcentagem de equinos da raça Pantaneiro.

O Cavalo Pantaneiro é descendente do cavalo Ibérico trazido ao Brasil na época da colonização (SANTOS et al., 1992; EGITO et al., 2016; SANTOS et al., 2020). O cavalo Pantaneiro possui algumas características importantes para a adaptação ao ambiente do Pantanal, como casco resistente à umidade; tolerância ao calor; alta fertilidade; hábito alimentar rudimentar, já que muitos animais são alimentados com pasto nativo do Pantanal, sem suplementação; tolerância às doenças e parasitas; entre outras (SANTOS et al., 2016a; SANTOS et al., 2016b; SANTOS et al., 2016c; SANTOS et al., 2016d; SANTOS et al., 2020). Essas características fazem com que o Cavalo Pantaneiro seja conhecido pela expressão “rústico por natureza” (SANTOS et al., 2016a; SANTOS et al., 2016b; SANTOS et al., 2016c; SANTOS et al., 2016d).

Tanto os animais de raça pura quanto os mestiços são suscetíveis à algumas doenças. A AIE se estabeleceu no Pantanal e se tornou endêmica devido às condições dessa região propícias à disseminação do vírus.

Dados da ABCCP estimam 5000 cavalos registrados e mais de 130 criadores. Devido ao valor competitivo, estes animais geram interesse por parte dos proprietários rurais. Entretanto, como são animais provenientes de locais com alta prevalência de AIE uma imagem negativa é associada aos mesmos.

Por outro lado, o cavalo Pantaneiro é importante para o desenvolvimento da economia local. Dessa maneira, novas estratégias devem ser aplicadas com o objetivo de controlar a disseminação do vírus na região, como a utilização de testes de diagnóstico fidedignos.

Apesar do reconhecimento do IDGA e do ELISA como testes oficiais, estudos têm reportado resultados discordantes quando comparados com os métodos moleculares. Langemeier et al. (1996) e Cullinane et al. (2007) comprovaram que os resultados obtidos no diagnóstico molecular diferem dos testes sorológicos.

Scicluna et al. (2013) concluíram que o diagnóstico negativo em mueres pelo teste de IDGA era na verdade positivo pelos testes de ELISA e immunoblot, e ainda observaram que as cargas virais das amostras negativas eram equivalentes às aquelas que exibiam reações positivas. Assim, animais positivos podem apresentar resultado negativo pelo teste oficial, o que pode resultar numa maior disseminação do vírus.

De acordo com Issel et al. (2013), o uso de apenas o IDGA como diagnóstico não é recomendado, visto que os equídeos infectados por AIE produzem anticorpos contra p26, gp45 e gp90, que são as proteínas mais relevantes e podem não ser identificados pelo IDGA. De acordo com os autores, o mais indicado seria a associação deste teste com o ELISA.

Ricotti et al. (2016) identificaram animais positivos utilizando a PCR, que anteriormente haviam apresentado resultado negativo nos testes sorológicos de IDGA e/ou ELISA. Neste mesmo estudo, concluíram que animais sem sinais clínicos são capazes de permanecerem soronegativos por pelo menos 24 meses.

Romo-Sáenz e colaboradores (2021) ao realizarem testes de diagnóstico sorológicos (IDGA) e moleculares (*Nested*, *Semi-nested*) na detecção de vírus da AIE, verificaram que os teste moleculares detectaram número maior de amostras positivas em relação aos sorológicos.

Uma explicação para os resultados divergentes pode estar relacionada às mutações que possivelmente ocorrem no gene *gag*, que codifica a p26 utilizada no teste de IDGA, e no gene *env*, que codifica a gp90 utilizada no teste de ELISA. Desse modo, modificações nos genes do vírus podem resultar em mudanças estruturais que podem predispor à produção de anticorpos que são incapazes

de reconhecer os antígenos empregados nos testes, levando a resultados falso-negativos (SALINOVICH et al., 1986; PAYNE et al., 1989; LEROUX et al., 1997; ZHENG et al., 1997a,b; BELSHAN et al., 1998; LEROUX et al., 2001).

Dessa maneira, há necessidade do desenvolvimento de novas técnicas de diagnósticos que apresentem valores de sensibilidade e especificidades elevados. Os métodos moleculares exibem elevada sensibilidade diagnóstica e analítica, porém são técnicas de alto custo, principalmente quando aplicadas em número elevado de animais. Assim os testes sorológicos são métodos de diagnósticos alternativos, pois apresentam menor custo e rápida realização. Portanto, estudos que esclareçam a variabilidade das regiões codificantes das proteínas p26 e gp90 utilizadas nos sorodiagnósticos são importantes para garantir melhor acurácia dos resultados.

No Brasil, já foi realizado o sequenciamento do genoma do vírus da anemia infecciosa circulante no Pantanal. Este recurso possibilita melhor caracterização do vírus, contribuindo para fornecer dados a respeito da epidemiologia e, além disso, pode colaborar no desenvolvimento e/ou aprimoramento das técnicas de diagnóstico (MALOSSI et al., 2016b; CURSINO et al., 2018; CURSINO et al., 2020; MALOSSI et al., 2020).

Deshiere e colaboradores (2019) aplicaram o método de enriquecimento viral com subsequente sequenciamento de nova geração (NGS), o que permitiu obter sequências completas do genoma do vírus circulante na França, e ainda compará-las com algumas sequências já descritas.

Malossi et al. (2020), aliando várias técnicas como clonagem, sequenciamento de Sanger e sequenciamento NGS, obtiveram o genoma completo e caracterização de duas variantes do vírus da AIE provenientes de animais da região do Pantanal. Ainda analisaram a variabilidade genética diante de outras sequências já publicadas em bancos de dados.

Cursino et al. (2020) utilizaram o sequenciamento de Sanger de amostras provenientes do Pantanal. Apesar de obterem uma sequência pequena do vírus (*tat-gag*), conseguiram observar a diversidade genética em comparação com outras sequências publicadas, além de aplicarem os testes de IDGA, ELISA e PCR, e concluírem que os resultados foram discordantes entre os métodos de diagnóstico.

Neste cenário, o presente estudo pretende investigar a variabilidade dos genes codificantes das proteínas p26 e gp90, o que possibilitará o aprimoramento e desenvolvimento de novas técnicas e, ainda, auxiliará no esclarecimento da epidemiologia molecular e o desempenho de provas diagnósticas do agente na região do Pantanal. Este estudo é fundamental, pois ao ser observado alta variabilidade dessas proteínas teremos certeza de que essa característica interfere nos testes diagnósticos, principalmente sorológicos gerando resultados falso-negativos. E será útil para proposição de novos projetos visando a produção de proteínas recombinantes com essas novas características que poderão substituir os antígenos utilizados atualmente no IDGA e ELISA.

## **4 OBJETIVOS**

### **4.1 GERAL**

Caracterização dos antígenos p26 e gp90 de estirpes do vírus da anemia infecciosa equina provenientes do Pantanal brasileiro.

### **4.2 ESPECÍFICOS**

Mapeamento dos epítomos a partir das sequências obtidas dos genes *gag* e *env*. Comparação dos epítomos obtidos com base nos existentes em banco de dados e em estudos publicados.

Definir se os epítomos possuem potencial de mudança ou se já estão alterados.

Verificar se as eventuais mudanças encontradas estão associadas a resultados negativos nos testes diagnósticos.

## **5 MATERIAIS E MÉTODOS**

Na execução do projeto houve a colaboração das pesquisadoras Dra. Camila Malossi Dantas do Instituto de Biotecnologia (IBTEC) da Universidade

Estadual Paulista – Unesp, Botucatu - SP e a Dra. Márcia Furlan Nogueira T. de Lima da Embrapa Pantanal.

## 5.1 ANIMAIS E AMOSTRAS

A coleta das amostras e o uso das mesmas foi aprovada pela Comissão de Ética no Uso de Animais da Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia da Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” - Campus Botucatu (FMVZ/UNESP) - protocolo CEUA Nº 0136/2021.

Foram utilizadas amostras da capa leucocitária e plasma de equinos provenientes de fazendas ou carroceiros da região do Pantanal. Ao todo, foram coletados sangue de animais pertencentes à nove fazendas e quatro carroceiros (Quadro 5 e 12), sendo que apenas uma fazenda está localizada na cidade de Poconé, no Mato Grosso (MT). As outras amostras pertencem à cidade de Corumbá no Mato Grosso Sul (MS) (Figura 6).

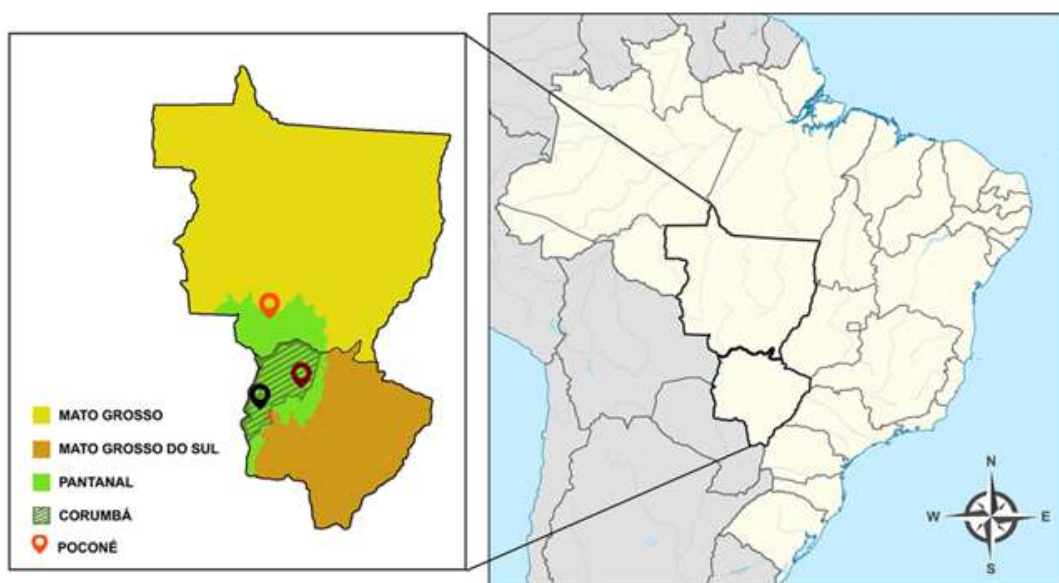


FIGURA 6 - Regiões geográficas de coleta das amostras.

Fonte: Adaptado de CURSINO et al., (2018).

## 5.2 ANÁLISES LABORATORIAIS

As amostras foram previamente analisadas pelos testes de diagnósticos de IDGA, ELISA, *seminested* e PCR em tempo real (qPCR) (Quadro 2).

Os testes de IDGA e ELISA foram executados no laboratório da Embrapa Pantanal. Para o IDGA utilizou-se o *kit* da Bruch e para o ELISA *rgp90*, *kit* AIEbio da Bioclin-Quibasa, ambos de acordo com as instruções do fabricante, seguindo o protocolo de diagnóstico oficial. Os testes moleculares foram realizados no IBTEC. Os resultados das reações de *Seminested-PCR* foram obtidos através do emprego de oligonucleotídeos direcionados à amplificação de duas regiões, a 5'LTR (regiões longas terminais) e o gene *Tat* (Figura 7) com base no protocolo descrito por Dong e colaboradores (2012) (Quadro 2). Na qPCR o alvo das reações foi o gene *Tat*, amplificando um produto de 71 pb (pares de bases) (MALOSSI et al., 2019) (Quadro 2).

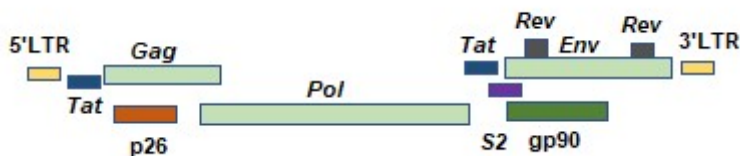


FIGURA 7 - Representação esquemática do genoma do vírus

Legenda: 5' LTR / 3' LTR: região repetida terminal; *Gag*: Antígenos específicos de grupo; *Pol*: Polimerase; *Env*: Envelope; *Tat*: gene acessório; *S2*: gene acessório; *Rev*: gene acessório; *p26*: Proteína do Capsídeo; *gp90*: glicoproteína de superfície.

QUADRO 2 - Oligonucleotídeos utilizados nas reações de *Seminested* e qPCR.

	Nome do primer	Sequência	Tamanho do produto amplificado	Referência
<b>Seminested</b>	EIAV Itr2F	ATTCTGCGGTCTGAGTCC	229 pb	DONG et al., 2012
	EIAV Itr1R	CAGGAACACCTCCAGAAGAC		DONG et al., 2012
	EIAV Itr2F	ATTCTGCGGTCTGAGTCCCT	198-203 pb	DONG et al., 2012
	EIAV Itr2R	TAAGTTCTCCTCTGCTGT		DONG et al., 2012
<b>qPCR</b>	EIAV F	GAACCTGGCTGATCGTAGGA	71 pb	MALOSSI et al 2020
	EIAV Itr1R	CAGGAACACCTCCAGAAGAC		DONG et al., 2012

Legenda: pb: pares de base

### 5.2.1 Extração de ácidos nucleicos

As amostras da capa leucocitária e/ou plasma foram submetidas ao procedimento de extração de ácidos nucleicos utilizando-se o *kit* illustra blood genomicPrep Mini Spin (GE Healthcare).

### 5.2.2 Desenho dos oligonucleotídeos

O desenho dos oligonucleotídeos foi baseado nas sequências POCONE-BRA01 (MN560970) e POCONE-BRA02 (MN560971) (Figura 8) oriundas da região do Pantanal em Poconé - MT (MALOSSI et al., 2020).

POCONE-BRA01 possui genoma de 8016 pb, a região correspondente a p26 (gene *gag*) tem 705 pb, e a gp90 (gene *env*) possui 1376 pb. POCONE-BRA02 possui 7969 pb e a região correspondente a p26 do gene *gag* possui 705 pb, a gp90 do gene *env* tem em torno de 1323 pb.

Na figura 8, é apresentado o esquema do genoma do vírus das amostras POCONE-BRA01 e POCONE-BRA02, e as regiões de interesse no gene *gag* (p26) e no gene *env* (gp90).

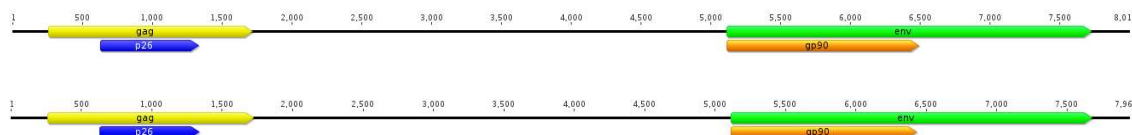


FIGURA 8 - Representação esquemática das sequências POCONE-BRA01 e POCONE-BRA02, respectivamente, com os genes alvos em destaque.

Legenda: *Gag*: gene que codifica a proteínas p26; p26: principal antígeno utilizado no teste de IDGA; *Env*: gene que codifica a glicoproteína de superfície gp90; gp90: principal antígeno utilizado no teste de ELISA.

No desenho dos oligonucleotídeos foram utilizadas algumas estratégias, como o alinhamento das sequências POCONE-BRA01 e POCONE-BRA02, posteriormente foram desenhados alguns *primers* no programa *Geneious®* v.8.1.9 (KEARSE et al., 2012). O *software Primal Scheme* também foi utilizado para confecção dos oligonucleotídeos, a partir das duas sequências citadas foram criados iniciadores correspondentes a cada uma. Outro método utilizado para obtenção de novos *primers* foi através das sequências obtidas do

sequenciamento, em seguida foram alinhadas e os iniciadores foram confeccionados no programa *Geneious*® v.8.1.9.

#### 5.2.2.1 Teste e padronização das reações utilizando *primers* direcionados ao gene *gag*

A partir dos oligonucleotídeos disponíveis do gene *gag* foram padronizadas as reações (Quadro 3) e na figura 9 podem ser visualizadas as regiões alvo das mesmas. Nas reações de PCR foram utilizados 10 µL da enzima 1X GoTaq® Long PCR Master Mix, 0,5 µM (10 pmol/ µL) de cada *primer*, 4 µL de DNA molde, totalizando 20 µL.

O ciclo das reações de PCR (A, I) foi padronizado com: desnaturação inicial a 95° C durante 10 minutos; 40 ciclos consistindo de desnaturação a 95° C durante 30 segundos, *annealing* 58° C durante 30 segundos e extensão a 72° C durante 1 minuto; extensão final a 72° C durante 10 minutos.

Na amplificação das reações de *seminested* (C, E, F) e *nested* (B, G, H, J, K, L) foram utilizados 2 µL de DNA molde, 10 µL de 1X Colorless GoTaq®, 0,5 µM (10 pmol/ µL) de cada *primer*, totalizando 20 µl de cada reação. O ciclo de amplificação consistiu de desnaturação inicial a 95° C durante cinco minutos; 40 ciclos compreendidos de desnaturação a 95° C durante 30 segundos, *annealing* 56° C por 30 segundos e extensão a 72° C durante 30 segundos; extensão final a 72° C durante cinco minutos.

As reações de *nested* com os iniciadores M, N, O e P foram padronizadas com ciclo de amplificação constituído de desnaturação inicial a 95° C durante cinco minutos; 40 ciclos compreendidos de desnaturação a 95° C durante 30 segundos, *annealing* 54° C por 30 segundos e extensão a 72° C durante um minuto; extensão final a 72° C durante cinco minutos.

O termociclador Veriti™ Thermal Cycler (ThermoFisher Scientific, Applied Biosystems, Waltham, MA, EUA) foi utilizado nas reações.

QUADRO 3 - Sequências dos oligonucleotídeos utilizados nas reações de PCR, *Seminested* e *Nested* direcionados a região alvo *gag* do vírus da AIE.

Sequência-alvo	Nome do primer	Sequência do primer	Tamanho do produto amplificado
<i>PCR A</i>	<b>F1</b>	CAATTGAGGRATGTCATTCC	1032 pb
	<b>R2</b>	CTGRCTAGACAGATGTCCTG	
<i>Nested B</i>	<b>F2</b>	GGYAAAARRCAGCCTGAG	670 pb
	<b>R1</b>	CCTCTAAWGWATCTTCTGGCC	
<i>Seminested C</i>	<b>F3</b>	GATRGCKGAAGATTGGGA C	586 pb
	<b>R2</b>	CTGRCTAGACAGATGTCCTG	
<i>PCR D</i>	<b>3F</b>	AGGCATCTTTCCAAGTCTGAA	893 pb
	<b>R2</b>	CTGRCTAGACAGATGTCCTG	
<i>Seminested E</i>	<b>3F</b>	AGGCATCTTTCCAAGTCTGAA	750 pb
	<b>4R</b>	CCGTGCCTATATCCCTACAAGC	
<i>Seminested F</i>	<b>4F</b>	CCATTACCAAACCCACCCCTTGG	558 pb
	<b>R2</b>	CTGRCTAGACAGATGTCCTG	
<i>Nested G</i>	<b>3F</b>	AGGCATCTTTCCAAGTCTGAA	436 pb
	<b>3R</b>	TCCATCTGCCTTTCTCTAGGAACT	
<i>Nested H</i>	<b>4F</b>	CCATTACCAAACCCACCCCTTGG	415 pb
	<b>4R</b>	CCGTGCCTATATCCCTACAAGC	
<i>PCR I</i>	<b>3F</b>	AGGCATCTTTCCAAGTCTGAA	1069 pb
	<b>5R2</b>	TGTGTCTGAACCCCTTCCCTT	
<i>Nested J</i>	<b>F4</b>	GCT ATG AGA CAT TTG AGG C	213 pb
	<b>R2</b>	CT GRC TAG ACA GAT GTC CTG	
<i>Nested K</i>	<b>4F2</b>	CATCCATTGCCAAACCCACCTT	417 pb
	<b>4R2</b>	AGTGCCGATATCCCTACAAGCA	
<i>Nested L</i>	<b>4F2</b>	CATCCATTGCCAAACCCACCTT	561 pb
	<b>R2</b>	CTGRCTAGACAGATGTCCTG	
<i>Nested M</i>	<b>F4</b>	AGATGTRGTGCCAGGACAAG	634 pb
	<b>R3</b>	CAGATGTCCTGGCTTTCCAC	
<i>Nested N</i>	<b>F5</b>	CATTRCCAAACCCACCTWTGG	550 pb
	<b>R4</b>	GACAGATGTCCTGGCTTTCC	
<i>Nested O</i>	<b>F6</b>	GCACAAGGACCTATTCCTATG	488 pb
	<b>R5</b>	GTTTGTTTTGCCCTTGGAGG	
<i>Nested P</i>	<b>F7</b>	GATGTGGTACCAGGACAAGC	313 pb
	<b>R6</b>	GGTAAGGCTCTTTAGGGCC	

Legenda:

pb: pares de bases; K: G,T; R: A,G; W: A,T

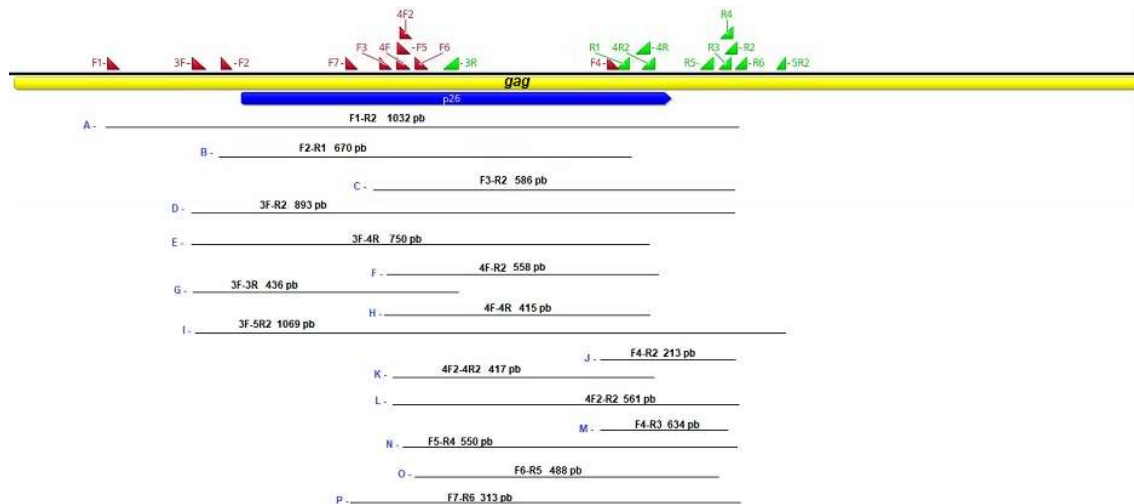


FIGURA 9 - Representação do genoma do vírus e das regiões alvo dos *primers* para as reações de PCR, *Seminested* e *Nested*.

Legenda: *Gag*: gene que codifica a proteína p26; p26: proteína do capsídeo; pb: pares de bases

#### 5.2.2.2 Teste e padronização das reações utilizando iniciadores direcionados ao gene *env*

A partir dos *primers* obtidos do gene *env* foram padronizadas as reações (Quadro 4), na figura 10 podem ser visualizadas as regiões alvo das mesmas. Nas reações de PCR foram utilizados 10  $\mu$ L da enzima 1X GoTaq® Long PCR Master Mix, 0,5  $\mu$ M (10 pmol/  $\mu$ L) de cada *primer*, 4  $\mu$ L de DNA molde, totalizando 20  $\mu$ L.

O ciclo de amplificação das reações de PCR A e D foi constituído de desnaturação inicial a 95° C durante cinco minutos; 40 ciclos compreendidos de desnaturação a 95° C durante 30 segundos, *annealing* 56° C por 30 segundos e extensão a 72° C durante 1 min; extensão final a 72° C durante cinco minutos. Nas reações de PCR N e S, a reação de amplificação foi padronizada com temperatura de *annealing* de 58° C.

Para a amplificação das reações de *seminested* e *nested* foram utilizados 2  $\mu$ L de DNA molde, 10  $\mu$ L de 1X Colorless GoTaq®, 0,5  $\mu$ M (10 pmol/  $\mu$ L) de cada *primer*, totalizando 20  $\mu$ L de cada reação. O ciclo foi igualmente efetuado ao das reações de PCR A e D.

QUADRO 4 - *Primers* aplicados nas reações de PCR, *Seminested* e *Nested* para amplificação de parte do gene *env* do vírus da AIE.

Sequência-alvo	Nome do primer	Sequência do primer	Tamanho do produto amplificado
PCR A	<b>18F2</b>	TGGTGCTGTAGTGGTCAATGATG	1050 pb
	<b>20R1</b>	GACAATGTTTCACCCTTGCCCA	
<i>Nested B</i>	<b>19F2</b>	TGGAAAGGGGGTAACATGGTCA	420 pb
	<b>19R2</b>	ACATCCAGGAAAAGTACCCCAAC	
<i>Nested C</i>	<b>20F2</b>	GGTATGAAGGTGTGGCACATCC	412 pb
	<b>20R2</b>	GCCCAAGTGCATTGTCATTGT	
PCR D	<b>21F1</b>	TGAGAATCAAAAGGCAATTCTTATTCCA	1232 pb
	<b>24R1</b>	CCGGAATCCAGTTTGCTATATGACT	
<i>Seminested E</i>	<b>21F1</b>	TGAGAATCAAAAGGCAATTCTTATTCCA	743 pb
	<b>22R2</b>	CCGCCACTATTGCTGATATTCCA	
<i>Seminested F</i>	<b>21F1</b>	TGAGAATCAAAAGGCAATTCTTATTCCA	391 pb
	<b>21R1</b>	TGTCCCATTACAAGGTGTTAGGC	
<i>Seminested G</i>	<b>21F2</b>	AGCACTTATTGGGATTTACATGGT	433 pb
	<b>21R2</b>	AGCTGTTGTTATAGCACCTTGTC	
<i>Seminested H</i>	<b>21F1</b>	TGAGAATCAAAAGGCAATTCTTATTCCA	392 pb
	<b>21R2</b>	AGCTGTTGTTATAGCACCTTGTC	
<i>Nested I</i>	<b>22F1</b>	GGTCAACTGCACTGTGGCTAAA	412 pb
	<b>22R1</b>	ATTGGCCCGAGAAGTAACAGGA	
<i>Nested J</i>	<b>22F2</b>	TGCCAGGTGGAGAAAAGACTT	439 pb
	<b>22R2</b>	CCGCCACTATTGCTGATATTCCA	
<i>Seminested K</i>	<b>23F2</b>	GAATGGAAATTGATAAAAGGTTCCGGT	601 pb
	<b>24R1</b>	CCGGAATCCAGTTTGCTATATGACT	
<i>Seminested L</i>	<b>23F2</b>	GAATGGAAATTGATAAAAGGTTCCGGT	305 pb
	<b>23R1</b>	TGGACATCTGCATGGGTCTGAA	
<i>Seminested M</i>	<b>23F2</b>	GAATGGAAATTGATAAAAGGTTCCGGT	416 pb
	<b>23R2</b>	TGTCCCCAAGAATCATTCCATGG	
PCR N	<b>1F</b>	CTCTGGTGGTATGAAGGTGTG	572 pb
	<b>1R</b>	GGTGGCTGTACAYACARCC	
<i>Nested O</i>	<b>2F</b>	GTATGAAGGTGTGGCACATCC	559 pb
	<b>2R</b>	CTGTACACATARCCTAATAGG	
<i>Nested P</i>	<b>2F</b>	GTATGAAGGTGTGGCACATCC	508 pb
	<b>3R</b>	CGGTGGCTGTACACATAACC	
<i>Nested Q</i>	<b>3F</b>	GGCAGAAGGCTATTCATCAG	486 pb
	<b>4R</b>	ATCCAGGAAAAGTACCCCAAC	
<i>Nested R</i>	<b>4F</b>	GGCAAAGGAGATTCTACGG	487 pb
	<b>5R</b>	ATCCAGGAAAAGTACCCCAAC	
PCR S	<b>5F</b>	GKACARTGACAATMRCATTGG	599 pb
	<b>6R</b>	GAATAGGAGTAATACCGGAACC	

Legenda:

pb: pares de bases; K: G,T; M: A,C; R: A,G

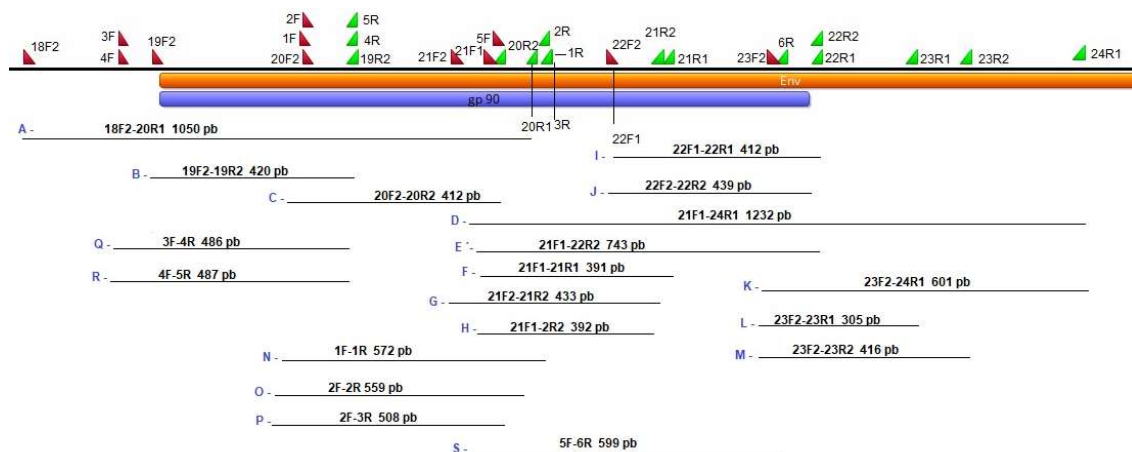


FIGURA 10 - Esquema do genoma do vírus e das regiões de amplificação dos oligonucleotídeos.

Legenda:

*Env*: gene que codifica a proteína gp90; gp90: glicoproteína de superfície; pb: pares de bases.

### 5.2.3 Eletroforese

A análise dos produtos amplificados pela PCR convencional foi realizada através da técnica de eletroforese em gel de agarose a 1,5% constituído de tampão TBE 1X (0,045M Tris-borato e 1mM EDTA, pH 8) e corante Neotaq Brilliant Green Plus (7 µL/100 mL), seguido de imersão em cuba horizontal com tampão de corrida TBE 0,5X. O gel foi submetido à voltagem constante de 100 V e posterior observação em fotodocumentador. As bandas foram comparadas com padrão de peso molecular que possui fragmentos múltiplos.

### 5.2.4 Clonagem

O procedimento de clonagem foi realizado em algumas amostras (Quadro 5 e 12) que não obtiveram bom resultado no sequenciamento e também com amostras que não alcançaram valor mínimo de quantificação para a realização do sequenciamento. O procedimento de clonagem seguiu o protocolo do kit pGEM-T Easy (Promega, Madison, EUA).

### 5.2.5 Purificação e preparo das amostras para o sequenciamento

Para as amostras que foram amplificadas pelas reações de *seminested* e/ou *nested*, na eletroforese foi observado que havia mais de uma banda amplificada na mesma amostra. Dessa maneira foi necessário utilizar todo o produto dessas reações, aplicar no gel de agarose, recortar a banda de interesse e por fim purificar. Essa purificação foi realizada com o kit GFX™ PCR DNA and GEL Band Purification (GE Healthcare, Buckinghamshire, Reino Unido).

Como as amostras oriundas da clonagem apresentaram bandas únicas no gel de agarose, foi possível purificar o produto da reação de PCR. Nesse caso, a purificação utilizou *beads* magnéticas e estante magnética Dynal® (Invitrogen, Oslo, Noruega), de acordo com o seguinte protocolo: homogeneização do volume de PCR em tubos de 1,5 mL para 2X o volume de *beads*, incubação por cinco minutos, disposição dos tubos na estante magnética, incubação por 2 minutos, retirada do líquido do tubo sem tocar nas *beads* e lavagem das mesmas com 200 µL de etanol 80%. Após 30 segundos retirada do etanol, repetir o procedimento, retirada de todo o conteúdo e espera de dez minutos até as *beads* secarem.

Em seguida, retirada do tubo da estante magnética e homogeneização das *beads* com 30 µL de água nuclease *free*, incubação de cinco minutos, posteriormente reposicionamento dos tubos na estante magnética e espera de dois minutos. Retirada do eluído (30 µL) e acondicionamento em novo tubo de 1,5 mL.

Depois que as amostras foram purificadas, a próxima etapa consistiu na quantificação, a qual foi realizada no equipamento de espectrofotometria Nanodrop ND-1000 Spectrophotometer (Nano Drop Technologies Inc., Wilmington, DE, USA). Após esse procedimento, foi realizado o preparo das amostras para o sequenciamento, que consistiu em utilizar 7,5 µL da amostra purificada e 1,5 µL de *primer*. É importante ressaltar que para se obter bom resultado foram utilizados os dois *primers* (*forward* e *reverse*).

### 5.2.6 Sequenciamento

As amostras obtidas pela amplificação da PCR convencional e pela clonagem foram sequenciadas pelo método de Sanger utilizando *primer* da PCR ou do plasmídeo, respectivamente (SANGER; NICKLEN; COULSON, 1977).

O sequenciamento de DNA foi realizado no Instituto de Biotecnologia – IBTEC - Unesp Campus Botucatu. O equipamento utilizado foi o sequenciador automático de DNA (Sanger), modelo ABI 3500 (Applied Biosystems).

### **5.2.7 Análise das sequências obtidas da região do gene *gag* correspondente a p26 e da gp 90 pertencente ao gene *env*.**

As amostras foram analisadas em conjunto com POCONE-BRA01 e POCONE-BRA02. Primeiramente, as amostras foram alinhadas pelo programa Clustal W e, em seguida, foi realizada a análise de identidade no programa Geneious®.

5.2.7.1 Seleção e análise dos epítomos da p26 (gene *gag*) e gp 90 (gene *env*).

Os epítomos (Quadro 6 e 13) foram selecionados a partir do banco de dados The Immune Epitope Database (IEDB) e do banco de dados público do NCBI (*National Center for Biotechnology Information*). Foram selecionadas todas as sequências publicadas das regiões deste estudo.

As sequências correspondentes aos epítomos foram alinhadas utilizando a ferramenta de alinhamento múltiplo *MUSCLE* (EDGAR, 2004) e em seguida, o alinhamento resultante foi analisado com um *script Python* elaborado para determinar a frequência de resíduos de aminoácidos presentes nas diversas posições correspondentes aos epítomos.

O programa GeneDoc 2.7® (NICHOLAS e NICHOLAS, 1997) foi utilizado na análise estrutural dos epítomos (Quadro 6 e 13) com base nas sequências POCONE-BRA01, POCONE-BRA02 e nas sequências disponíveis no banco de dados público do NCBI (*National Center for Biotechnology Information*). Este item foi executado em colaboração com o Co-orientador Prof. Dr. Angelo José Magro.

### **5.2.8 Análise filogenética**

Na análise filogenética, foram utilizadas as sequências completas da região p26 do gene *gag* e da região gp90 do gene *env*, das amostras deste projeto em conjunto com as sequências POCONE-BRA01, POCONE-BRA02, Liaoning (AF327877), Devon (MH580897), Cornwall (MH580898), IRE F2 (JX480631), IRE F3 (JX480632), IRE F4 (JX480633), IRE H3 (JX480634), Miyazaki (JX003263), Wyoming (AF033820), ITA SA (KM247555), ITA DE (KM247554), SERB-1 (MT338937.1), Bau Gard co (MK593462.1), Ecl Gard co (MK593463.1), Wyoming (AF033820), DLV8-2 (HM141915.1), DV31-2 (HM141919.1), DV10-3 (HM141910.1), DV3-5 (HM141909.1), DLV2-6 (HM141920.1), DLV9-7 (HM141922.1), DLV18-8 (HM141923.1), DLV19-9 (HM141917.1), DLV5-10 (HM141921.1), DLV15-16 (HM141918.1), DLV10-19 (HM141916.1), DLV7-18 (HM141914.1), DLV3-A (HM141913.1), DV117 (HM141912.1), DV35-20 (HM141911.1).

O alinhamento e a árvore filogenética foram obtidos utilizando o programa MEGA X (KUMAR, et al., 2018). As sequências foram alinhadas pelo algoritmo CLUSTAL W (LARKIN, et al., 2007). O método *Maximum Likelihood* e o modelo evolutivo Jones – Taylor – Thornton (JTT) foram utilizados na construção das árvores filogenéticas com *bootstrapping* de 1000 replicadas (JONES; TAYLOR; THOMTON, 1992; KUMAR et al., 2018).

## 6 RESULTADOS

Tendo em vista a dificuldade de amplificação das amostras foi preciso utilizar algumas estratégias, deste modo, várias reações foram padronizadas. Algumas amostras amplificaram com um tipo de reação, outras exigiram diferentes reações. E ainda, algumas amostras necessitaram de duas a três ampliações após a reação de PCR.

Com todas as estratégias aplicadas para a amplificação da p26 do gene *gag* foi obtido o sequenciamento de Sanger de 63 amostras (Quadro 5) sendo que 27 amostras foram reunidas no grupo concordante (amostras positivas para AIE nos testes sorológicos e moleculares) e o restante no grupo discordante (amostras com resultados diferentes entre o sorodiagnóstico e o diagnóstico

molecular). Em 35 amostras foi efetuado o procedimento de clonagem (Quadro 5).

Vale ressaltar, que em três amostras foi obtido o sequenciamento completo da região p26 do gene *gag*, porém apresentaram códons de parada substituindo os aminoácidos e portanto, foram retiradas das análises.

QUADRO 5 - Combinações dos *primers* utilizados na amplificação e clonagem das amostras juntamente com o resultado dos testes sorológicos e moleculares das 63 amostras.

Continua

Faz. ou Prop.	Animal	IDGA	ELISA	Semi-Nested	qPCR	Clonag	Seq	Combinações dos <i>primers</i>	Alvos da clonag
1	1	+	+	+	+	sim	sim	A,B,F	B
1	3	+	+	+	+	sim	sim	A,B,J	J
1	5	+	+	-	+	não	sim	D,B,H,F,J	
1	6	i	+	+	+	sim	sim	A,B,C	B,C
1	8	+	+	+	+	sim	sim	A,B,C	B,C
1	11	+	+	+	+	sim	sim	A,B,C	B,C
1	13	+	+	+	+	sim	sim	A,B,C	B,C
2	7535	+	s/dado	-	+	sim	sim	D,G,H,J	H
2	8996	+	+	+	+	sim	sim	D,E,F	B
2	8998	+	+	+	+	sim	sim	A,B,N	B
2	9000	+	+	+	+	não	sim	D,E,F	
3	7573	-	+	+	+	sim	sim	A,B,K,M,N	B,K
3	7575	+	s/dado	+	+	sim	sim	D,G,J,K	K
3	7586	+	+	+	+	não	sim	D,E,F	
3	7599	+	s/dado	+	+	não	sim	A,G,H,J	
3	7647	-	+	-	+	não	sim	A,G,M,N	
3	9105	-	-	+	+	não	sim	A,B,C	
4	7640	-	-	-	+	sim	sim	A,B,C,M	B
4	7722	+	s/dado	+	-	não	sim	A,B,C	
4	7996	+	s/dado	-	+	não	sim	A,G,O	
4	7998	+	s/dado	+	+	sim	sim	A,G,J,K	K
4	8002	+	s/dado	+	+	sim	sim	D,G,H,J	H
4	8003	+	s/dado	+	+	não	sim	A,B,C	
4	8005	+	s/dado	+	+	não	sim	A,B,C	
4	9203	+	+	+	+	sim	sim	A,B,C	B,C
4	9206	+	+	+	+	sim	sim	A,B,C	C
5	7683	+	s/dado	+	+	sim	sim	A,B,C,H	C
5	7716	-	+	+	+	não	sim	A,C,G	
5	7728	-	-	+	+	sim	sim	I,G,K,O	K

Conclusão

Faz ou Prop	Animal	IDGA	ELISA	Semi-Nested	qPCR	Clonag	Seq	Combinações dos primers	Alvos da clonag
5	7734	-	+	+	+	sim	sim	A,B,K,M,N	K
5	7740	+	s/dado	+	+	sim	sim	I,G,K,M,N	K
5	7960	-	-	+	+	sim	sim	A,G,N	N
5	7966	+	s/dado	+	+	não	sim	D,E,F	
5	7981	-	-	+	-	não	sim	A,B,K,O	
5	7991	-	-	+	+	não	sim	D,E,F	
5	9207	+	+	+	+	não	sim	A,C,G	
6	7697	+	s/dado	+	+	sim	sim	I,G,L	L
6	7731	-	-	+	+	sim	sim	A,B,F,G	F
6	9213	+	+	+	+	sim	sim	A,B,C	C
6	9214	+	+	+	+	não	sim	D,E,F	
7	8013	+	s/dado	+	+	não	sim	D,E,F	
7	8014	-	i	+	+	sim	sim	A,G,H,J	G
7	8017	-	+	+	+	sim	sim	I,G,K,N	K
7	8018	+	+	-	+	sim	sim	A,B,C	B
7	8019	-	+	+	+	não	sim	A,G,M,N	
7	8020	-	+	-	+	não	sim	A,B,G,J	
7	8052	-	-	+	+	sim	sim	A,B,K,O	K
7	8159	-	+	+	+	sim	sim	A,B,H	B,M
7	8983	+	+	-	+	não	sim	A,B,C	
7	8988	+	+	+	+	sim	sim	A,B,C	B,C
7	8990	+	+	+	+	sim	sim	A,B,H,P	B
8	8070	-	-	+	+	não	sim	A,G,N	
8	8083	-	+	-	+	não	sim	A,C,G,N	
8	8085	+	s/dado	+	+	sim	sim	A,C,G	G
8	8086	-	+	+	+	sim	sim	A,B,K,O	K
8	8087	-	+	+	+	sim	sim	A,B,F	F
8	8088	-	+	+	+	não	sim	A,B,M,N	
8	8089	-	+	-	+	não	sim	I,G,H,J	
9	8146	i	-	-	+	sim	sim	A,G,K,M,N	K,M
10	3601	+	+	-	+	não	sim	A,B,F,G	
11	3613	-	+	+	+	não	sim	A,C,E	
12	3621	-	+	+	+	não	sim	A,B,J	
13	6611	-	s/dado	+	+	não	sim	A,B,C	

Legenda: Faz: Fazenda; Prop: Proprietário; Clonag: Clonagem; Seq: Sequenciamento; Comb: Combinação; +: amostra positiva; -: amostra negativa; i: resultado indeterminado; IDGA: Imunodifusão em Gel de Ágar; ELISA: Enzyme-linked immuno sorbent assay; qPCR: PCR em tempo real.

O Anexo 1 exibe o alinhamento de nucleotídeos de todas as sequências obtidas para a região codificadora da p26 juntamente com as sequências POCONE-BRA01 e POCONE-BRA02. Na figura 11 pode ser observada a análise filogenética da p26 (gene *gag*) das 63 sequências de aminoácidos juntamente com outras sequências de diferentes regiões geográficas.

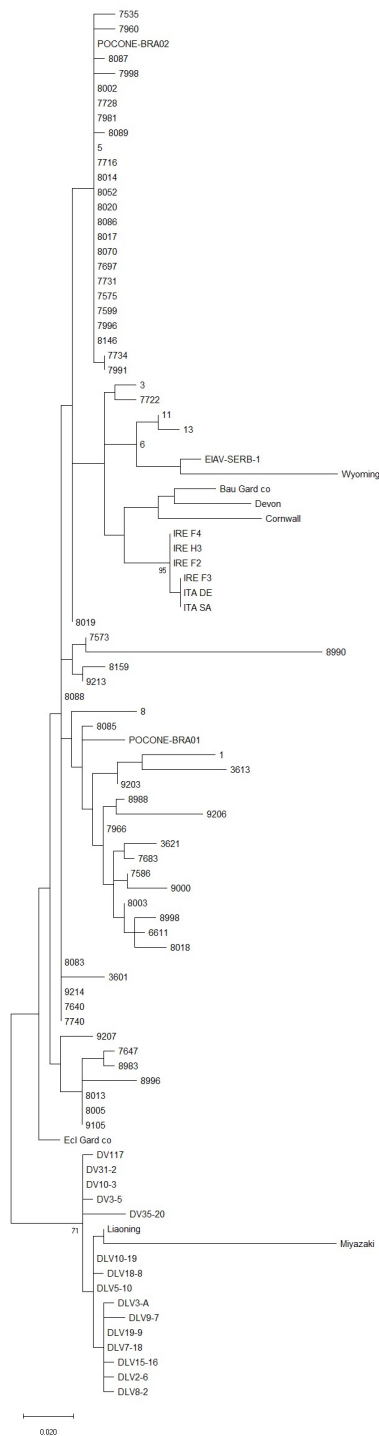


FIGURA 11 - Análise filogenética da região da p26 do gene *gag* do vírus da Anemia infecciosa equina.

Legenda: Árvore filogenética utilizando o método Maximum Likelihood e o modelo evolutivo Jones – Taylor – Thornton (JTT). A árvore foi enraizada no ponto médio. Valores de Bootstrap menores que 70 foram omitidos.

Isolados de diferentes regiões geográficas identificados com o nome de referência, número de acesso e país respectivamente:

Wyoming\_AF033820 Estados Unidos; Cornwall\_MH580898.1 Reino Unido; KT764951.1 França; Ecl Gar co \_MK593463.1 França; Devon\_MH580897.1 Reino Unido; Bau Gard co \_MK593462.1 França; IRE\_F3\_JX480632 Irlanda; IRE\_H3\_JX480634 Irlanda; IRE\_F2\_JX480631 Irlanda; IRE\_F4\_JX480633 Irlanda; ITA\_DE\_KM247554 Itália; ITA\_SA\_KM247555 Itália; Miyazaki\_JX003263 Japão; Liaoning\_AF327877 China; DLV9-7\_HM141922.1 China; DV10-3\_HM141910.1 China; DV312\_HM141919.1 China; DV3-5\_HM141909.1 China; DV117\_HM141912.1 China; DV35-20\_HM141911.1 China; DLV15-16\_HM141918.1 China; DLV18-8\_HM141923.1 China; DLV5-10\_HM141921.1 China; DLV19-9\_HM141917.1 China; DLV10-19\_HM141916.1 China; DLV2-6\_HM141920.1 China; DLV3-A\_HM141913.1 China; DLV8-2\_HM141915.1 China; DLV718\_\_HM141914.1 China.

As sequências de nucleotídeos obtidas foram alinhadas e comparadas com as sequências POCONE-BRA01, POCONE-BRA02 e Wyoming. A identidade de POCONE-BRA01 confrontada com as sequências variou de 88,01 a 98,08%, e a POCONE-BRA02 a variação foi de 89,43 a 99,86%. A de Wyoming (AF033820) identidade observada em relação à p26 do gene *gag* variou de 77,73 a 82,98%.

Na análise estrutural dos cinco epítomos presentes no quadro 6 não foi observado diferença estrutural. O anexo 2, exibe o alinhamento estrutural dos mesmos.

QUADRO 6 - Epítomos da proteína p26 pertencente ao gene *gag*.

	Epítomo	POCONE-BRA01	POCONE-BRA02
HU et al., 2016	<sup>73</sup> NLDKIAEE <sup>80</sup>	<sup>73</sup> LLDKMAED <sup>80</sup>	<sup>73</sup> LLDKIAED <sup>80</sup>
CHONG et al., 1991	<sup>158</sup> KEPYPEFVDRLLSQI <sup>172</sup>	<sup>158</sup> KEPYPEFVDRLLSQI <sup>172</sup>	<sup>158</sup> KEPYPEFVDRLLSQI <sup>172</sup>
HU et al., 2016	<sup>199</sup> RNAMRHLRPEDTLEEKMYAC <sup>218</sup>	<sup>199</sup> RNAMRHLRPEDSLEEKLYAC <sup>218</sup>	<sup>199</sup> KNAMRHLRPEDTLEEKLYAC <sup>218</sup>
SOUTULLO et al., 2007	<sup>200</sup> NAMRHL <sup>205</sup>	<sup>200</sup> NAMRHL <sup>205</sup>	<sup>200</sup> NAMRHL <sup>205</sup>
SOUTULLO et al., 2007	<sup>215</sup> MYACRD <sup>220</sup>	<sup>215</sup> LYACRD <sup>220</sup>	<sup>215</sup> LYACRD <sup>220</sup>

Os quadros de 7 a 11 ilustram a análise das frequências dos aminoácidos, encontradas nas diferentes posições dos epítomos da p26 do gene *gag*. A frequência de aminoácidos dos epítomos, apresentou maior correspondência

com POCONE-BRA02, porém apresentou algumas divergências em relação a sequência de referência.

QUADRO 7 - Frequências dos aminoácidos encontradas nas posições do Epítopo 1.

<b>Epítopo 1 (<i>gagp26</i>) - <sup>73</sup>NLDKIAEE<sup>80</sup></b>						
<b>Posição</b>	<b>Resíduos de aminoácidos (frequência)</b>					
1- <b>N</b>	L(76,6%)	N(18,0%)	V(2,1%)	A(1,1%)	C(1,1%)	I (1,1%)
2- <b>L</b>	L(96,8%)	I(1,1%)				
3- <b>D</b>	D(90,4%)	E(9,6%)				
4- <b>K</b>	K(100%)					
5- <b>I</b>	I(92,5%)	M(3,2%)	V(1,1%)			
6- <b>A</b>	A(98,9%)	T(1,1%)				
7- <b>E</b>	E(89,3%)	Q(6,4%)	D(3,2%)			
8- <b>E</b>	D(79,8%)	E(18,0%)	N(1,1%)			

Legenda: A: Alanina, N: Asparagina, D: Ácido aspártico, E: Ácido glutâmico, C: Cisteína, Q: Glutamina, I: Isoleucina, L: Leucina, K: Lisina, M: Metionina, T: Treonina, V: Valina.

QUADRO 8 - Frequências dos aminoácidos encontradas nas posições do Epítopo 2.

<b>Epítopo 2 (gagp26) - 158KEPYPEFVDRLLSQI172</b>			
<b>Posições</b>	<b>Resíduos de aminoácidos (frequência)</b>		
1- <b>K</b>	K(100%)		
2- <b>E</b>	E(100%)		
3- <b>P</b>	P(100%)		
4- <b>Y</b>	Y(98,9%)	H(1,1%)	
5- <b>P</b>	P(97,9%)	Q(1,1%)	T(1,1%)
6- <b>E</b>	E(83,0%)	D(15,9%)	X(1,1%)
7- <b>F</b>	F(100%)		
8- <b>V</b>	V(87,2%)	I(11,7%)	L(1,1%)
9- <b>D</b>	D(98,9%)	X(1,1%)	
10- <b>R</b>	R(100%)		
11- <b>L</b>	L(95,7%)	X (3,2%)	I (1,1%)
12- <b>L</b>	L(100%)		
13- <b>S</b>	S(100%)		
14- <b>Q</b>	Q(100%)		
15- <b>I</b>	I (92,5%)	V(6,4%)	X(1,1%)

Legenda:

R: Arginina, D: Ácido aspártico, E: Ácido glutâmico, Q: Glutamina, H: Histidina, I: Isoleucina, L: Leucina, K: Lisina, F: Fenilalanina, P: Prolina, S: Serina, Y: Tirosina, T: Treonina, V: Valina.

QUADRO 9 - Frequências dos aminoácidos encontradas nas posições do Epítopo 3.

<b>Epítopo 3 (gagp26) - 199RNAMRHLRPEDTLEEKMYAC<sup>218</sup></b>				
<b>Posição</b>	<b>Resíduos de aminoácidos (frequência)</b>			
<b>1-R</b>	K(94,7%)	R(3,2%)	E(1,0%)	X(1,0%)
<b>2-N</b>	N(90,4%)	A(6,4%)	S(3,2%)	
<b>3-A</b>	A(98,9%)	T(1,1%)		
<b>4-M</b>	M(98,9%)	L(1,1%)		
<b>5-R</b>	R(97,9%)	X(2,1%)		
<b>6-H</b>	H(100,0%)			
<b>7-L</b>	L(100,0%)			
<b>8-R</b>	R(96,8%)	X(3,2%)		
<b>9-P</b>	P(91,5%)	S(5,3%)	X(3,2%)	
<b>10-E</b>	E(98,9%)	K(1,1%)		
<b>11-D</b>	D(100,0%)			
<b>12-T</b>	T(85,1%)	S(11,7%)	X(2,1%)	K(1,1%)
<b>13-L</b>	L(100,0%)			
<b>14-E</b>	E(98,9%)	X(1,1%)		
<b>15-E</b>	E(92,5%)	D(5,3%)	K(1,1%)	X(1,1%)
<b>16-K</b>	K(100,0%)			
<b>17-M</b>	L(79,8%)	M(20,2%)		
<b>18-Y</b>	Y(100,0%)			
<b>19-A</b>	A(98,9%)	T(1,1%)		
<b>20-C</b>	C(97,9%)	Y(2,1%)		

Legenda:

A: Alanina, R: Arginina, N: Asparagina, D: Ácido aspártico, E: Ácido glutâmico, C: Cisteína, H: Histidina, L: Leucina, K: Lisina, M: Metionina, P: Prolina, S: Serina, Y: Tirosina, T: Treonina.

QUADRO 10 - Frequências dos aminoácidos encontradas nas posições do Epítopo 4.

Epítopo 4 (gagp26) - <sup>200</sup> NAMRHL <sup>205</sup>				
Posições	Resíduos de aminoácidos (frequência)			
1-N	N(90,4%)	A(6,4%)	S(3,2%)	
2-A	A(98,9%)	T(1,1%)		
3-M	M(98,9%)	L(1,1%)		
4-R	R(97,9%)	X(2,1%)		
5-H	H(100,0%)			
6-L	L(100%)			

Legenda:

A: Alanina, R: Arginina, N: Asparagina, H: Histidina, L: Leucina, M: Metionina, S: Serina, T: Treonina.

QUADRO 11 - Frequências dos aminoácidos encontradas nas posições do Epítopo 5.

Epítopo 5 (gagp26) - <sup>215</sup> MYACRD <sup>220</sup>		
Posições	Resíduos de aminoácidos (frequência)	
1- M	L (79,8%)	M (20,2%)
2- Y	Y (100%)	
3- A	A (97,9%)	T (1,1%)
4- C	C (97,9%)	Y (2,1%)
5- R	R (98,9%)	X (1,1%)
6- D	D (98,9%)	E (1,1%)

Legenda:

A: Alanina, R: Arginina, D: Ácido aspártico, E: Ácido glutâmico, C: Cisteína, L: Leucina, M: Metionina, Y: Tirosina, T: Treonina.

Em relação as sequências da região do gene *env* correspondente a gp90, várias estratégias foram utilizadas, tendo como base as que foram executadas para o gene *gag*. Dessa maneira, vários *primers* foram desenhados (Quadro 4), apesar disso, em algumas amostras foi obtido o sequenciamento parcial.

Ao todo foram sequenciadas 55 amostras, sendo 31 com sequenciamento completo e 24 sequências parciais (Quadro 12). E ainda essas amostras foram

reunidas em dois grupos: concordante contendo 26 amostras e discordantes com 29 amostras. Em 36 amostras foi realizado o procedimento de clonagem (Quadro 12). Assim como ocorreu com algumas amostras no gene *gag*, no gene *env* uma amostra apresentou stop códon no meio da sequência.

QUADRO 12 - Combinações dos oligonucleotídeos utilizados na amplificação e clonagem das amostras juntamente com o resultado dos testes sorológicos e moleculares.

Continua

Faz ou Prop	Animal	IDGA	ELISA	Semi-Nested	qPCR	Clonag	Seq	Comb. dos primers	Alvos da clonag
1	1	+	+	+	+	sim	parcial	A,B,D,E	E
1	3	+	+	+	+	sim	sim	A,B,D,E,K,N,O	O
1	5	+	+	-	+	não	sim	A,B,D,E,K,N,O	
1	6	i	+	+	+	sim	sim	A,B,D,E,K,N,O	O
1	8	+	+	+	+	sim	sim	A,B,D,E,N,O	O
1	9	+	-	-	+	sim	sim	A,B,D,E,L,N,O	O
1	11	+	+	+	+	sim	parcial	A,B,D,E	E
1	13	+	+	+	+	sim	sim	A,B,C,D,E,L	E
2	8996	+	+	+	+	sim	sim	A,B,D,E,K,N,O	E
2	8998	+	+	+	+	não	sim	A,B,C,D,E,K,N	
2	9000	+	+	+	+	sim	parcial	A,B,D,E,K	B
3	7573	-	+	+	+	sim	parcial	B,O,D,E,J	O
3	7575	+	s/dado	+	+	sim	parcial	A,B,O,P,D,E	E
3	7586	+	+	+	+	sim	sim	A,B,D,E,K,N,O	O
3	7599	+	s/dado	+	+	sim	sim	A,B,D,G,J,N,O	B,O
3	7671	+	+	+	+	sim	parcial	A,B,E	B
3	9105	-	-	+	+	sim	sim	A,B,D,E,K,N,O	O
4	7640	-	-	-	+	sim	sim	A,B,D,L,K,N,O,S	O,S
4	7722	+	s/dado	+	-	sim	sim	A,B,C,D,E	E
4	7996	+	s/dado	-	+	não	sim	D,F,H,N,O,R	
4	7998	+	s/dado	+	+	não	sim	A,B,C,D,E	
4	8002	+	s/dado	+	+	sim	parcial	A,B,D,G	B
4	8003	+	s/dado	+	+	sim	sim	A,D,E,K,N,O	O
4	8005	+	s/dado	+	+	não	sim	A,B,D,E,K,N,O	
4	9203	+	+	+	+	não	parcial	A,B,D,E	
4	9206	+	+	+	+	não	sim	A,B,C,D,E	
5	7716	-	+	+	+	não	parcial	G,N,O,P	
5	7728	-	-	+	+	não	parcial	D,E	
5	7734	-	+	+	+	sim	sim	A,B,D,G,J,K,N,O	B,O
5	7740	+	s/dado	+	+	sim	parcial	A,B	B

Conclusão

Faz ou Prop	Animal	IDGA	ELISA	Semi-Nested	qPCR	Clonag	Seq	Comb. dos primers	Alvos da clonag
5	7960	-	-	+	+	sim	parcial	A,B	B
5	7966	+	s/dado	+	+	sim	sim	A,B,D,E,K,N,O	O
5	7981	-	-	+	-	não	sim	G,L,N,O,Q,S	
5	7991	-	-	+	+	sim	parcial	D,E,G,O,R,S	O
5	9207	+	+	+	+	sim	sim	A,B,D,E,K,N,O	O
6	7731	-	-	+	+	sim	parcial	A,B,D,E	E
6	9213	+	+	+	+	não	sim	A,B,D,E,K,N,O	
6	9214	+	+	+	+	sim	sim	A,B,D,E,K,N,O	O
7	8017	-	+	+	+	não	parcial	D,L,S	
7	8018	+	+	-	+	sim	parcial	A,B,C,D,E,K,M	B
7	8020	-	+	-	+	sim	parcial	D,K,N,O,S,	O
7	8052	-	-	+	+	não	parcial	D,E,N,O	
7	8983	+	+	-	+	não	sim	A,B,D,E,N,O	E
7	8988	+	+	+	+	não	sim	D,E,K,N,O,Q	
7	8990	+	+	+	+	não	sim	A,B,D,E,K,N,O	
8	8070	-	-	+	+	sim	sim	A,B,D,J,N,O,S	J
8	8083	-	+	-	+	não	parcial	A,B,D,G	
8	8085	+	s/dado	+	+	não	parcial	A,B,D,E,Q,S	
8	8087	-	+	+	+	não	parcial	D,K	
8	8088	-	+	+	+	não	parcial	G,N,O,S	
8	8089	-	+	-	+	sim	sim	A,B,D,E,K,N,O	B
9	8146	i	-	-	+	sim	sim	A,B,C,D,F,G,J,K	F
9	8159	-	+	+	+	sim	parcial	A,B,D,G,I	B,I
10	3601	+	+	-	+	sim	parcial	A,B	B
11	3613	-	+	+	+	sim	sim	A,D,E,K,N,O	E,O

Legenda: Faz: Fazenda; Prop: Proprietário; Clonag: Clonagem; Seq: Sequenciamento; Comb: Combinação; +: amostra positiva; -: amostra negativa; i: resultado indeterminado; IDGA: Imunodifusão em Gel de Ágar; ELISA: Enzyme-linked immuno sorbent assay.

As 31 amostras foram alinhadas e comparadas com as sequências POCCONE-BRA01 e POCCONE-BRA02. A identidade de POCCONE-BRA01 confrontada com as sequências variou de 73,35 a 78,85%, e a POCCONE-BRA02 a variação foi de 73,04 a 95,23%.

O Anexo 3 ilustra o alinhamento de nucleotídeos da região codificadora da gp90 de todas as sequências em conjunto com as sequências POCCONE-BRA01 e POCCONE-BRA02. Na figura 12 é apresentada a análise filogenética da região

gp90 (gene *env*) das 31 sequências juntamente com outras sequências de diferentes regiões geográficas.

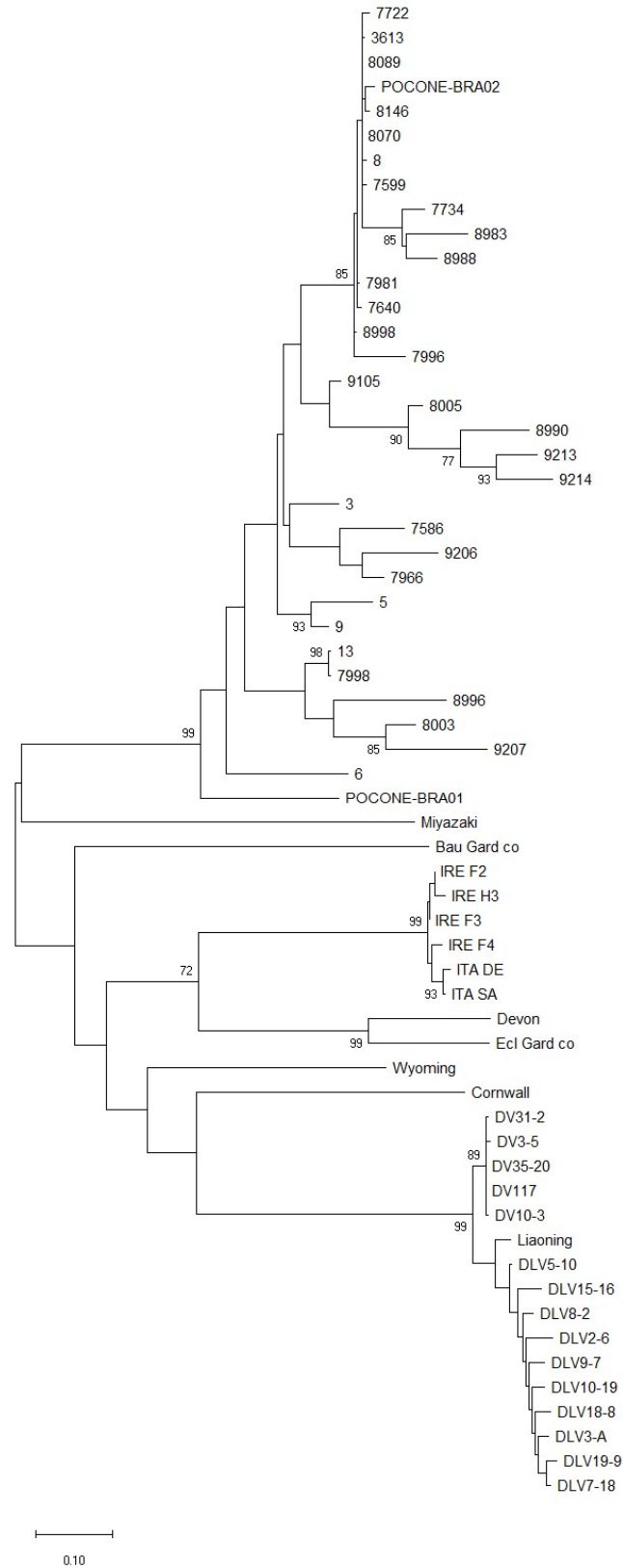


FIGURA 12 - Análise filogenética da região da gp90 do gene *env* do vírus da Anemia infecciosa equina.

Legenda: Árvore filogenética utilizando o método Maximum Likelihood e o modelo evolutivo Jones – Taylor – Thornton (JTT). A árvore foi enraizada no ponto médio. Valores de Bootstrap menores que 70 foram omitidos.

Isolados de diferentes regiões geográficas identificados com o nome de referência, número de acesso e país respectivamente:

Wyoming\_AF033820 Estados Unidos; Cornwall\_MH580898.1 Reino Unido; KT764951.1

França; Ecl Gar co \_MK593463.1 França; Devon\_MH580897.1 Reino Unido; Bau Gard

co\_MK593462.1 França; IRE\_F3\_JX480632 Irlanda; IRE\_H3\_JX480634 Irlanda;

IRE\_F2\_JX480631 Irlanda; IRE\_F4\_JX480633 Irlanda; ITA\_DE\_KM247554 Itália;

ITA\_SA\_KM247555 Itália; Miyazaki\_JX003263 Japão; Liaoning\_AF327877 China; DLV9-

7\_HM141922.1 China; DV10-3\_HM141910.1 China; DV312\_HM141919.1 China; DV3-

5\_HM141909.1 China; DV117\_HM141912.1 China; DV35-20\_HM141911.1 China; DLV15-

16\_HM141918.1 China; DLV18-8\_HM141923.1 China; DLV5-10\_HM141921.1 China; DLV19-

9\_HM141917.1 China; DLV10-19\_HM141916.1 China; DLV2-6\_HM141920.1 China; DLV3-

A\_HM141913.1 China; DLV8-2\_HM141915.1 China; DLV718\_\_HM141914.1 China.

O quadro 14 apresenta a análise das frequências dos aminoácidos, referente as posições do epítipo da gp90 do gene *env*. Os outros epítipos (Quadro 13) foram analisados, porém não tiveram correspondências com as sequências analisadas, somente a sequência Wyoming (AF033820) foi correspondente, assim só foi realizada a análise do epítipo 1.

A identidade da sequência Wyoming confrontada com as amostras deste trabalho variou de 58,92 a 64,20%.

QUADRO 13 - Análise estrutural dos epítipo da gp90 correspondente ao gene *env*.

	Epítipo	POCONE-BRA01	POCONE-BRA02
BALL et al., 1991	<sup>225</sup> NINDTDTWIP <sup>234</sup>	<sup>235</sup> VQNDNNTWSP <sup>244</sup>	<sup>227</sup> QYNDNRTWAP <sup>236</sup>
BALL et al., 1991	<sup>185</sup> SNSVRVEDVT <sup>194</sup>		
RIDGELY; McGUIRE, 2002	<sup>195</sup> RVEDVTNTAEYW <sup>206</sup>		

QUADRO 14 - Frequências dos aminoácidos encontradas nas posições do Epítopo 1

Epítopo 1 (gp90) - <sup>225</sup> NINDTDTWIP <sup>234</sup>								
Posições	Resíduos de aminoácidos (frequência)							
1- N	Q(73,3%)	E(8,3%)	R(6,6%)	N(5,0%)	A(1,7%)	D(1,7%)	L(1,7%)	P(1,7%)
2- I	Y(42,6%)	I(13,1%)	R(13,1%)	S(13,1%)	Q(6,6%)	N(4,9%)	L(3,4%)	C(1,6%)
3- N	N(39,4%)	D(26,2%)	S(6,6%)	E(1,6%)	G(1,6%)	Q(1,6%)		
4- D	D(34,4%)	N(31,1%)	K(16,4%)	G(11,5%)				
5- T	N(34,4%)	S(8,2%)	T(1,6%)					
6- D	N(36,0%)	R(23,0%)	S(16,4%)	T(11,5%)	D(6,6%)	E(1,6%)		
7- T	T(85,2%)	S(13,1%)						
8- W	W(98,4%)							
9- I	A(39,3%)	I(34,5%)	V(16,5%)	R(1,6%)	S(1,6%)	Y(1,6%)		
10- P	P(98,4%)	L(1,6%)						

Legenda:

A: Alanina, R: Arginina, N: Asparagina, D: Ácido aspártico, E: Ácido glutâmico, C: Cisteína, G: Glicina, Q: Glutamina, I: Isoleucina, L: Leucina, K: Lisina, P: Prolina, S: Serina, Y: Tirosina, T: Treonina, W: Triptofano, V: Valina.

Na avaliação estrutural da gp90, poucas regiões se mostram conservadas (Anexo 4), dos três epítotos escolhidos (Quadro 13), apenas um apresentou correspondência com as frequências dos aminoácidos analisados, a partir do alinhamento foi possível observar que a região em questão apresenta: substituições, deleções e *gaps*.

Como foi utilizada a clonagem em algumas amostras, foi obtido clones de determinadas sequências. Os clones da região gp90 do gene *env* foram analisados e alinhados juntamente com as sequências de POCONE-BRA01 e POCONE-BRA02. Foram obtidos clones oriundos das amostras da combinação das reações B, E e O (Anexos 5 a 29).

## 7 DISCUSSÃO

A variabilidade do vírus da AIE contribui para sobrevivência do mesmo no hospedeiro, porém dificulta sua detecção, como pode ser observado no presente

estudo. Apesar da quantidade de *primers* testados, muitas amostras ainda não foram amplificadas totalmente para as regiões alvo (LICHTENSTEIN; ISSEL; MONTELARO, 1996; NAGARAJAN; SIMMARD, 2007; QUILIVAN; COOK; CULLINANE et al., 2007; TIGRE et al., 2017).

Da análise de identidade de nucleotídeos, foi observado que as amostras apresentaram maior nível de identidade com a sequência POCONE-BRA02 e, em muitas sequências obtidas, quando comparada com as de referência foi observado substituição de nucleotídeos (anexo 1 e 3) ao longo das sequências.

Malossi e colaboradores (2020) referiram que as sequências da Bahia, publicadas por Tigre et al. (2017) (KC213776 e KC213790) quando confrontadas com sequências parciais do gene *gag* de POCONE-BRA01 e POCONE-BRA02 apresentaram identidade de nucleotídeos variando entre 93,5% a 100%. No entanto, essas amostras também apresentam substituições de nucleotídeos.

Tal fato pode ser explicado pelas duas regiões terem condutas diferentes em relação ao controle do vírus da AIE. No Pantanal a eutanásia dos animais infectados não é recomendada em área de alto risco, enquanto em outros locais é preconizada pelo PNSE (MALOSSI et al., 2020). Ainda a diferença de nucleotídeos das amostras do Pantanal, bem como nas amostras deste estudo pode ser explicada pela manutenção do vírus no hospedeiro e, conseqüentemente, o surgimento de mutações (KONO et al., 1973; MONTELARO et al., 1984).

O stop códon que ocorreu em três amostras da sequência da região p26, e em uma para a região gp90 provavelmente é resultado das mutações G>A em códons TGG, sendo indicativos de hipermutação. No HVI, os códons de parada também ocorrem, e de acordo com HARRIS; LIDDAMENT (2004) esse mecanismo pode ser mediado pela proteína humana APOBEC3G. Nos ciclos replicativos que ocorrem sem essas alterações, o fator de infectividade viral (Vif) age com o objetivo de antagonizar o efeito de APOBEC, impedindo a deaminação e conseqüentemente a mutação viral. Assim acredita-se que vírus da AIE utilize os genes A3 com a mesma finalidade, já que não possui Vif, (ROSS, 2009; ZIELONKA et al., 2009).

As amostras que apresentaram os códons de parada, podem se tornar incapazes de se replicarem (ALLAVENA et al., 2018), ou perdem a capacidade

de expressão ou ainda podem expressar proteínas virais aberrantes (DELVIKS-FRANKENBERRY et al., 2016).

A clonagem realizada neste estudo, permitiu observar a grande variabilidade do vírus em questão. E ainda permitiu a análise de *quasispecies* de algumas sequências, sendo muito utilizada nos estudos de virulência e patogênese (PAYNE et al., 1994; COOK et al.; 1998).

O processo da *quasispecies* não se limita somente nas mutações como resultado da variabilidade genética, outros processos também podem ocorrer gerando efeitos deletérios para os vírus. De acordo com estudo realizado por Liu et al., (2019) para o gene *env* da AIE, foram identificadas regiões de mutações que estavam associadas a perda da virulência. Assim, essa perda acontece de forma evolutiva, ocorrendo inserções e deleções com variadas frequências e locais de mutação. E ainda nesse mesmo estudo foi observado que houve um aumento sucessivo das mutações entre as passagens. No presente estudo, também foram observadas essas inserções e deleções nos clones analisados.

Sob outra perspectiva, as mutações geradas pela pressão seletiva podem ser responsáveis pelas mudanças de tropismo dos vírus da AIE em infectar outras células, fato que já foi observado no HIV e no SIV que também pertencem ao gênero dos lentivírus (CONNORS et al., 1997; EDINGER et al., 1997; LIU et al., 2005; LIN et al., 2013; BUENO, 2020).

Cappelli e colaboradores (2017) acreditam que as mutações geradas pela pressão seletiva nas regiões do gene *env*, resistem as modificações dos aminoácidos, sem intervir na função e permite a replicação do vírus.

Os estudos da caracterização estrutural das proteínas são relevantes na identificação das alterações de funcionamento, estabilidade e/ou conservação das mesmas. Um estudo comparando a conformação estrutural cristalina da glicoproteína gp45 do vírus da AIE, a qual está relacionada a fusão do vírus à célula hospedeira, com a glicoproteína correlata gp41 do HIV, revelou uma conformação estrutural diversa na região proximal do peptídeo de fusão e na camada rica em asparagina entre as duas proteínas. Foi observado que essas diferenças afetaram na replicação da gp41 do HIV, porém a gp45 do vírus da AIE não foi afetada. Assim o vírus da AIE tem capacidade para se adaptar às mutações, colaborando para a evolução e o surgimento de *quasispecies* (DUAN et al., 2016).

Com relação à frequência de aminoácidos presente nos epítomos, foi observado que alguns mantiveram suas posições como nas sequências de referência e também nas sequências de POCONE-BRA01 e POCONE-BRA02, como no epítomo 2 e 4 da p26 do gene *gag*. Dessa maneira é possível afirmar que regiões na proteína p26 são conservadas. Alguns trabalhos afirmam que antigenicamente, a p26 é uma proteína mais estável e, por isso, é utilizada na detecção de anticorpos de animais infectados pelo vírus da AIE (COGGINS, NORCROSS e NUSBAUN, 1972; MONTELARO et al., 1984; SHANE et al., 1984; ISSEL et al., 2014).

Em outros epítomos (epítomo 1, posição 5 da p26 do gene *gag*; epítomo 3, posições 1 e 12 da p26 do gene *gag*; epítomo 1 posição 5 da gp90 do gene *env*) a frequência de aminoácidos nas posições da sequência de referência, de POCONE-BRA01 e de POCONE-BRA02 apresentaram diferenças, algumas posições o aa (aminoácido) substituído pertence ao mesmo grupo físico-químico, porém pequenas modificações de aminoácidos podem modificar a estrutura e função da proteína (DURHAM, 2007).

Alguns epítomos apresentaram substituição de aminoácido pelo mesmo grupo, porém a cadeia lateral pequena foi substituída por uma de maiores dimensões, o que pode induzir à desestabilização da proteína, sendo que a estabilidade é dependente da variação de energia entre os estados enovelado e desenovelado ( $\Delta G$ ) (NELSON; LEHNINGER; COX, 2019). Este fato foi observado no epítomo 1, posição 8 da p26 do gene *gag*; epítomo 5, posição 1 da p26 do gene *gag*; epítomo 1, posição 1 da gp90 do gene *env*; epítomo 9, posição 1 da gp90 do gene *env*. Essa alteração pode acarretar mudanças na conformação da proteína e pode fazer como que esses epítomos não sejam reconhecidos.

Os epítomos que apresentaram substituição de aminoácidos de grupos com características físico-químicas diferentes podem resultar em mudanças na conformação das proteínas, e conseqüentemente resultar no não reconhecimento desses epítomos. Dentre todos analisados, o epítomo 1, posição 1 da p26 do gene *gag*; o epítomo 1, posições 2 e 6 da gp90 do gene *env* revelaram este fato.

As mudanças nas propriedades físico-químicas, podem propiciar alterações na superfície viral. Com isso, novos sítios de interação podem ser formados e,

consequentemente, pode haver o aumento da afinidade por receptores, os quais podem ser utilizados pelo vírus ou podem permitir o reconhecimento de novas moléculas. Esses fatores poderiam aumentar a capacidade de invasão celular dos vírus mutantes e assim alterar o reconhecimento das células-alvo do vírus. O aumento da afinidade por receptores pode ser explicado pelos fenômenos da entalpia/entropia que ocorrem como resultado da interação entre moléculas (GILLI et al., 1994; DUNITZ, 1995; QIAN, 1998; BREITEN et al., 2013; CHODERA e MOBLEY, 2013; RYDE, 2014).

Dos cinco epítomos da p26 do gene *gag* analisados, apenas um aa apresentou a mudança de grupo, já na gp90 do gene *env* essa diferença ocorreu em dois aminoácidos dentro do mesmo epítopo. Além disso, dentre os epítomos analisados para a região gp90, somente um foi analisado, pois os outros não tiveram correspondência. Isso reforça que as mutações na gp90 do gene *env* resultam em mudanças da proteína, sendo mutações de maior impacto. (MONTELARO et al., 1984; HOWE et al., 2002; CRAIGO; MONTELARO, 2010)

Os epítomos do p26, avaliados em relação ao alinhamento estrutural, não apresentaram diferença tanto no grupo concordante como no discordante (Anexo 2). Assim, pode-se afirmar que a p26 é uma proteína conservada, de modo similar ao encontrado em outros estudos (CHONG et al., 1991; McGUIRE et al., 2000; FRASER et al., 2002; COOK et al., 2013).

Os epítomos do gene *env* da região gp90, quando avaliados pelo alinhamento estrutural, apresentaram regiões mais variáveis, com algumas inserções e deleções corroborando com estudos prévios que afirmaram que é uma região de predominante variação, durante a infecção persistente (HOWE et al., 2002; CRAIGO; MONTELARO, 2010).

Na análise da árvore filogenética (Figuras 11 e 12), foi possível observar que as amostras deste projeto apresentam diferenças entre si. Uma possível explicação para este fato é a persistência do vírus nos animais, já que os equídeos não são eliminados, colaborando para a variabilidade genética (LICHTENSTEIN; ISSEL; MONTELARO, 1996; LEROUX; ISSEL; MONTELARO, 1997; NAGARAJAN; SIMMARD, 2007; QUILLIVAN; COOK; CULLINANE, 2014, TIGRE et al., 2017).

A análise filogenética foi um estudo prévio, apesar disso foi possível verificar que as sequências do Pantanal estão agrupadas em diferentes clados

das sequências dos outros países indicando diversidade genética, e confirmando que a localização geográfica também é um fator que contribui para a variabilidade gênica do vírus (KECKESOVA et al., 2009; CAPOMACCIO et al., 2012; TIGRE et al., 2017; CURSINO et al., 2020; COSTA et al., 2022).

## 8 CONCLUSÕES/CONSIDERAÇÕES FINAIS

A maior dificuldade na execução do projeto foi em relação à amplificação das amostras, pois parece que cada amostra tem a sua particularidade. Assim há amostras que amplificaram uma parte da sequência alvo. No entanto, não amplificaram a outra parte, há amostras quando testadas com determinado par de *primers* não amplificaram, assim foi necessário fazer outra reação utilizando diferentes oligonucleotídeos, e ainda em algumas amostras utilizar o recurso da clonagem.

De acordo com os resultados apresentados, pode-se concluir que:

- A p26 do gene *gag* é uma proteína conservada, apesar de apresentar muitas substituições de nucleotídeos.
- A gp90 do gene *env* é uma proteína variável, porém um animal infectado, inicialmente produzir anticorpos para essa proteína. Assim é uma proteína importante, apesar da variabilidade, pois pode levar à detecção precoce do indivíduo infectado.
- Os clones resultantes da técnica de clonagem, evidenciam o aparecimento das quasispecies, principalmente nas regiões da gp90, o que reafirma que essa é uma região passível de mutação.
- A sequência POCONE-BRA02 exibiu maior nível de identidade de nucleotídeos com as sequências deste trabalho do que a POCONE-BRA01.
- As frequências dos aminoácidos nos epítomos também foram mais similares à sequência POCONE-BRA02.

- Apesar das sequências apresentarem correspondência com Wyoming, em relação a frequência de aminoácidos presentes nos epítomos, a identidade observada para os dois genes alvo exibiu resultado abaixo do esperado. Essa divergência se deve à diversidade do vírus, o que explica as variações e o modo como são agrupadas as sequências na árvore filogenética.

Os dados obtidos fornecem informações relevantes a respeito da evolução do vírus e são úteis para estudos sobre a disseminação do mesmo. O sequenciamento e a caracterização do vírus são de fundamental importância para análise e reconhecimento das regiões conservadas e hipervariáveis, as quais podem ser utilizadas para aprimorar os testes de diagnósticos, sendo úteis não apenas para o vírus da AIE, mas também para outros lentivírus.

## BIBLIOGRAFIA

ABREU, U. G. P.; SILVA, R. A. M. S.; BARROS, A. T. M. Avaliação do controle da anemia infecciosa equina em fazendas na Subregião da Nhecolândia, Pantanal Sul-Mato-Grossense, Corumbá, MS. *In: SIMPÓSIO SOBRE RECURSOS NATURAIS E SOCIOECONÔMICOS DO PANTANAL*, 4., 2004, Corumbá, MS. **Resumos** [...]. Corumbá: Embrapa Pantanal, 2004. 7 p.

AGUIAR, D. M.; CAVALCANTE, G. T.; LARA, M. C. C. S. H.; VILLALOBOS, E. M. C.; CUNHA, E. M. C.; OKUDA, L. H.; STÉFANO, E.; NASSAR, A. F. C.; SOUZA, G. O.; VASCONCELLOS, S. A.; LABRUNA, M. B.; CAMARGO, L. M. A.; GENNARI, S. M. Prevalência de anticorpos contra agentes virais e bacterianos em equinos do município de Monte Negro, Rondônia, Amazônia Ocidental Brasileira. **Brazilian Journal of Veterinary Research and Animal Science**, São Paulo, v. 45, n. 4, p. 269-276, 2008.

ALLAVENA, C.; RODALLEC, A.; LEPLAT, A.; HALL, N.; LUCO, C.; LE GUEN, L.; BERNAUD, C.; BOUCHEZ, S.; ANDRÉ-GARNIER, E.; BOUTOILLE, D.; FERRÉ, V.; RAFFI, F. Interest of proviral HIV-1 DNA genotypic resistance testing in virologically suppressed patients candidate for maintenance therapy. **Journal of Virological Methods**, Amsterdam, v. 251, p. 106-110, 2018.

ALMEIDA, V. M. A.; GONÇALVES, V. S. P.; MARTINS, M. F.; HADDAD, J. P. A.; DIAS, R. A.; LEITE, R. C.; REIS, J. K. P. Anemia infecciosa equina: prevalência em equídeos de serviço em Minas Gerais. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, Belo Horizonte, v. 58, n. 2, p. 141-148, 2006.

BADINI, P. V.; MORAES, A. P. R.; BITTENCOURT, A. J.; BRITO, S. N. Frequência da anemia infecciosa equina em animais apreendidos nas rodovias do Estado do Rio de Janeiro nos anos de 2000 e 2001. **Revista Universidade Rural**. Série Ciências da Vida, Seropédica, v. 27, p. 122-124, 2007.

BALL, J. M.; RUSHLOW, K. E.; ISSEL, C. J.; MONTELARO, R. C. Detailed mapping of the antigenicity of the surface unit glycoprotein of Equine infectious anemia virus by using synthetic peptide strategies. **Journal of Virology**, Washington, v. 66, n. 2, p. 732-742, 1992.

BARROS, A. T. M.; FOIL, L. D. The influence of distance on movement of tabanids (Diptera: *Tabanidae*) between horses. **Veterinary Parasitology**, Amsterdam, v. 144, n. 3-4, p. 380-384, 2007. DOI 10.1016/j.vetpar.2006.09.041.

BAZZO, J. C.; DE FREITAS, D. A. F.; SILVA, M. L. N.; CARDOSO, E. L.; SANTOS, S. A. Aspectos geofísicos e ambientais do Pantanal da Nhecolândia. **Revista de Geografia (UFPE)**, Recife, v. 29, n 1, p. 141-161, 2012.

BELSHAN, M.; HARRIS, M. E.; SHOEMAKER, A. E.; HOPE, T. J.; CARPENTER, S. Biological characterization of Rev variation in equine infectious anemia virus. **Journal of Virology**, Washington, v. 72, n. 5, p. 4421-4426, 1998.

BETTELHEIM, F.; BROWN, W.; CAMPBELL, M.; FARRELL, S. **Introdução à química geral, orgânica e bioquímica**. 9. ed. São Paulo: Cengage Learning, 2012.

BOLFA, P.; BARBUCEANU, F.; LEAU, SE.; LEROUX, C. Equine infectious anaemia in Europe: time to re-examine the efficacy of monitoring and control protocols? **Equine Veterinary Journal**, Hoboken, v. 48, n. 2, p. 140-142, 2016.

BORGES, A. M. C. M. **Soroprevalência da anemia infecciosa em equídeos do Pantanal**. 2012. 54 f. Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal de Mato Grosso, Cuiabá, MT, 2012.

BORGES, A. M. C. M.; SILVA, L. G.; NOGUEIRA, M. F.; OLIVEIRA A. C. S.; SEGRI, N. J.; FERREIRA, F.; WITTER, R.; AGUIAR, D. M. Prevalence and risk factors for equine infectious anemia in Poconé municipality, Northern Brazilian Pantanal. **Research in Veterinary Science**, London, v. 95, n. 1, p. 76-81, 2013.

BRAGA, R. M. **Cavalo lavradeiro em Roraima**: aspectos históricos, ecológicos e de conservação. Brasília: Embrapa Comunicação para Transferência de Tecnologia, 2000. 119p.

BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento - MAPA. Secretaria de Defesa Agropecuária. **Portaria nº 378, de 17 de dezembro de 2014**. Brasília: MAPA, 2014.

BREITEN B., LOCKETT M. R., SHERMAN W., FUJITA S., AL-SAYAH M., LANGE H., BOWERS C. M., HEROUX A., KRILOV G., WHINTESIDES G. M.; Water networks contribute to enthalpy/entropy compensation in protein-ligand binding. **Journal of the American Chemical Society**, Washington, v. 135, n. 41, p. 15579-15584, 2013.

BUENO, B. L.; CÂMARA, R. J. F.; MOREIRA, M. V. L.; GALINARI, G. C. F.; SOUTO, F. M.; VICTOR, R. M.; BICALHO, J. M.; ECCO, R.; DOS REIS, J. K. P. Molecular detection, histopathological analysis, and immunohistochemical

characterization of equine infectious anemia virus in naturally infected equids. **Archives of Virology**, Wien, v. 165, n. 6, p. 1333-1342, 2020. DOI 10.1007/s00705-020-04616-4.

CALLADO, A. K. C.; CASTRO, R. S.; NASCIMENTO, S. A.; SILVA-RODRIGUES, M. I. M.; PINTO-JÚNIOR, J. H.; TEIXEIRA, M. F. S. Preliminary characterization of the infection of synovial membrane cells by brazilian samples of small ruminants lentiviruses. **Ciência Veterinária nos Tropicós**, Recife, v. 2, n. 3, p. 152-159, 1999.

CAPOMACCIO, S.; CAPELLI, K.; COOK, R. F.; NARDI, F.; GIFFORD, R.; MARENZONI, M. L.; PASSAMONT, F. Geographic structuring of global EIAV isolates: a single origin for New World strains? **Virus Research**, Amsterdam, v. 163, n. 2, p. 656-659, 2012.

CAPPELLI, K.; CAPOMACCIO, S.; COOK, F. R.; FELICETTI, M.; MARENZONI, M. L.; COPPOLA, G.; VERINISUPPLIZI, A.; COLETTI, M.; PASSAMONTI, F. Molecular detection epidemiology and genetic characterization of novel european field isolates of equine infectious anemia virus. **Journal of Clinical Microbiology**, Washington, v. 49, n. 1, p. 27-33, 2011.

CAPPELLI, K.; COOK, R. F.; STEFANETTI, V.; PASSAMONTI, F.; AUTORINO, G. L.; SCICLUNA, M. T.; COLETTI, M.; VERINI SUPPLIZI, A.; CAPOMACCIO, S. Deep sequencing and variant analysis of an Italian pathogenic field strain of equine infectious anemia virus. **Transboundary and Emerging Diseases**, Berlin, v. 64, n. 6, p. 2104-2112, 2017.

CAVALCANTE, R. V. **Anemia infecciosa equina: padronização da PCR e estudo da transmissão e persistência de anticorpos em potros nascidos de éguas naturalmente infectadas**. 2014. 44 f. Dissertação (Mestrado em Medicina Veterinária) – Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Universidade Estadual Paulista, Botucatu, 2014.

CHAVES, D. P.; BRITO, D. R. B.; SANTOS, A. C. G.; VAZ, J. F. R.; ANUNCIACÃO, A. R. Soroprevalência de mormo, anemia infecciosa equina e brucelose do cavalo baixadeiro. **Revista Brasileira de Ciência Veterinária**, Niterói, v. 22, n. 1, p. 39-42, 2015.

CHEEVERS, W.; MCGUIRE, T.; NORTON, L. K.; CORDERY-COTTER, R.; KNOWLES, D. Failure of neutralizing antibody to regulate CAE lentivirus expression in vivo. **Virology**, New York, v. 196, n. 2, p. 835-839, 1993.

CHODERA, J. D.; MOBLEY D. L. Entropy-enthalpy compensation: role and ramifications in biomolecular ligand recognition and design. **Annual Review of Biophysics**, Palo Alto, v. 42, p. 121-142, 2013.

CHONG, Y. H.; PAYNE, S. L.; ISSEL, C. J.; MONTELARO, R. C.; RUSHLOW, K. E. Characterization of the antigenic domains of the major core protein (p26) of equine infectious anemia virus. **Journal of Virology**, Washington, v. 65, n. 2, p. 1007-1012, 1991.

CLABOUGH, D. L. The immunopathogenesis and control of equine infectious anemia. **Veterinary Medicine**, Lenexa, v. 85, n. 9, p. 1020-1027, 1990.

COGGINS, L.; NORCROSS, I. Immunodiffusion reaction in equine infectious anemia. **Cornell Veterinarian**, Ithaca, v. 60, n. 2, p. 330-335, 1970.

COGGINS, L.; NORCROSS, N. L.; NUSBAUM, S. R. Diagnosis of equine infectious anaemia by immunodiffusion test. **American Journal of Veterinary Research**, Schaumburg, v. 33, n. 1, p. 11-18, 1972.

CONNORS, M.; KOVACS, J. A.; KREVAT, S.; GEA-BANACLOCHE, J. C.; SNELLER, M. C.; FLANIGAN, M.; METCALF, J. A.; WALKER, R. E.; FALLOON, J.; BASELER, M.; FEUERSTEIN, I.; MASUR, H.; LANE, H. C. HIV infection induces changes in CD4<sup>+</sup> T-cell phenotype and depletions within the CD4<sup>+</sup> T-cell repertoire that are not immediately restored by antiviral or immune-based therapies. **Nature Medicine**, New York, v. 3, n. 5, p. 533-540, 1997.

CONSTABLE, P. D.; HINCHCLIFF, K. W.; DONE, S.; GRUENBERG, W. **Veterinary medicine**: a textbook of the diseases of cattle, horses, sheep, pigs, and goats. 11. ed. St. Louis: Elsevier, 2016. 2308 p.

COOK, S. J.; COOK, R. F.; MONTELARO, R. C.; ISSEL, C. J. Differential responses of *Equus caballus* and *Equus asinus* to infection with two pathogenic strains of equine infectious anemia virus. **Veterinary Microbiology**, Amsterdam, v. 79, n. 2, p. 93-109, 2001.

COOK, R. F.; COOK, S. J.; BOLIN, P. S.; HOWEB, L. J.; ZHOU, W.; MONTELARO, R. C.; ISSEL, C. J. Genetic immunization with codonoptimized equine infectious anemia virus (EIAV) surface unit (SU) envelope protein gene sequences stimulates immune responses in ponies. **Veterinary Microbiology**, Amsterdam, v. 108, n. 1-2, p. 23-37, 2005.

COOK, R. F.; COOK, S. J.; ISSEL, C. J.; Infectious diseases of the horse: equine infectious anaemia. *In*: MAIR, T. S.; HUTCHINSON, R. E. **Infectious diseases of the horse**. Cambridgeshire: Equine Veterinary Journal, 2009. p. 56-70.

COOK, R. F.; LEROUX, C.; COOK, S. J.; BERGER, S. L.; LICHTENSTEIN, D. L.; GHABRIAL, N. N.; MONTELARO, R. C.; ISSEL, C. J. Development and characterization of an in vivo pathogenic molecular clone of equine infectious anemia virus. **Journal of Virology**, Washington, v. 72, n. 2, p. 1383-1393, 1998.

COOK, R. F.; LEROUX, C.; ISSEL, C. J. Equine infectious anemia and equine infectious anemia virus in 2013: a review. **Veterinary Microbiology**, Amsterdam, v. 167, n. 1-2, p. 181-204, 2013.

COOK, S. J.; LI, G.; ZHENG, Y.; WILLAND, Z. A.; ISSEL, C. J.; COOK, R. F. Molecular characterization of the major Open Reading Frames (ORFs) and enhancer elements from four geographically distinct North American Equine Infectious Anemia Virus (EIAV) isolates. **Journal of Equine Veterinary Science**, New York, v. 85, p. 102852, 2020.

COSTA, V. M. D.; CURSINO, A. E.; FRANCO LUIZ, A. P. M.; BRAZ, G. F.; CAVALCANTE, P. H.; SOUZA, C. A.; SIMPLÍCIO, K. M. M. G.; DRUMOND, B. P.; LIMA, M. T.; TEIXEIRA, B. M.; KROON, E. G. Equine Infectious Anemia Virus (EIAV): evidence of circulation in donkeys from the Brazilian Northeast Region. **Journal of Equine Veterinary Science**, New York, v. 108, p. 103795, 2022.

CULLINANE, A.; QUINLIVAN, M.; NELLY, M.; PATTERSON, H.; KENNA, R.; GARVEY, M.; GILDEA, S.; LYONS, P.; FLYNN, M.; GALVIN, P.; NEYLON, M.; JANKOWSKA, K. Diagnosis of equine infectious anemia during the 2006 outbreak in Ireland. **The Veterinary Record**, Oxford, v. 161, n. 19, p. 647-652, 2007.

CURSINO, A. E.; LIMA, M. T.; NOGUEIRA, M. F.; DE AGUIAR, D. M.; FRANCO LUIZ, A. P. M.; ALVES, P. A.; ARAUJO JUNIOR, J. P.; KROON, E. G. Identification of large genetic variations in the equine infectious anemia virus tat-gag genomic region. **Transboundary Emerging Diseases**, Berlin, v. 68, n. 6, p. 3424-3432, 2020. DOI 10.1111/tbed.13946.

CURSINO, A. E.; VILELA, A. P. P.; FRANCO-LUIZ, A. P. M.; OLIVEIRA, J. G.; NOGUEIRA, M. F.; ARAÚJO JÚNIOR, J. P.; AGUIAR, D. M.; KROON, E. G. Equine infectious anemia virus in naturally infected horses from the Brazilian Pantanal. **Archives of Virology**, Wien, v. 163, p. 2385-2394, 2018. DOI <https://doi.org/10.1007/s00705-018-3877-8>.

CUTOLO, A. A.; GONÇALVES, V. L. N.; CORREZOLA, L. M.; GUNNEWIEK, M. F. K. Equine infectious anaemia in urban area horses of Monte Mor municipality, Campinas metropolitan area, São Paulo State, Brazil. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 35, n. 3, p. 1377-1382, 2014.

CRAIGO, J. K.; MONTELARO, R. C. EIAV envelope diversity: shaping viral persistence and encumbering vaccine efficacy. **Current HIV Research**, Hilversum, v. 8, n. 1, p. 81-86, 2010.

CRUZ, A. P. M.; DE AQUINO, M. H. C.; HELAYAEL, M. J. S. A.; SILVA, M. R.; RIBEIRO, J. B.; HOTT, M. C.; MAGALHÃES JR., W. C. P.; MENDONÇA, J. F. M.; SOUZA, G. N. Soroprevalência para anemia infecciosa equina em Equídeos apreendidos no município de Petrópolis, RJ, Brasil, 2015/2018. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 50, n. 4, p. e20190073, 2020.

DELVIKS-FRANKENBERRY, K. A.; NIKOLAITCHIK, O. A.; BURDICK, R. C.; GORELICK, R. J.; KEELE, B. F.; HU, W.-S., PATHAK, V. K. Minimal Contribution of APOBEC3-Induced G-to-A Hypermutation to HIV-1 Recombination and Genetic Variation. **PLoS Pathogens**, San Francisco, v. 12, n. 5, p. e1005646, 2016.

DESHIERE, A.; BERTHET, N.; LECOUTURIER, F.; GAUDAIRE, D.; HANS, A. Molecular characterization of Equine Infectious Anemia Viruses using targeted sequence enrichment and next generation sequencing. **Virology**, New York, v. 537, p. 121-129, 2019.

DESROSIERS, R. C. Nonhuman Lentiviruses. *In*: KNIPE, D. M.; HOWLEY, P. M (Eds.). **Fields virology**. 5. ed. Philadelphia: Lippincott, Williams and Wilkins, 2007. p. 2215-2241.

DOMINGO, E.; ESCARMIS, C.; SEVILLA, N.; MOYA, A.; ELENA, S. F.; QUER, J.; NOVELLA, I. S.; HOLLAND, J. J. Basic concepts in RNA virus evolution. **FASEB Journal**, Bethesda, v. 10, n. 8, p. 859-864, 1996. DOI 10.1096/fasebj.10.8.8666162.

DONG, J. B.; ZHU, W.; COOK, F. R.; GOTO, Y.; HORII, Y.; HAGA, T. Development of a nested PCR assay to detect equine infectious anemia proviral DNA from peripheral blood of naturally infected horses. **Archives of Virology**, Wien, v. 157, n. 11, p. 2105-2111, 2012.

DUAN, L.; DU, J.; WANG, X.; ZHOU, J.; WANG, X.; LIU, X. Structural and functional characterization of EIAV gp45 fusion peptide proximal region and asparagine-rich layer. **Virology**, New York, v. 491, p. 64-72, 2016.

DUNITZ J. D. Win some, lose some: enthalpy-entropy compensation in weak intermolecular interactions. **Chemistry & Biology**, London, v. 2, n. 11, p. 709-712, 1995.

DUPONT, O.; DACORSO FILHO, P.; MUCHALUAT, M. A. Diagnóstico da Anemia Infecciosa Equina no Rio de Janeiro. *In*: CONGRESSO FLUMINENSE DE MEDICINA VETERINÁRIA, 1., 1968, Niterói. **Anais** [...]. Rio de Janeiro: Sociedade Brasileira de Medicina Veterinária, 1968. p. 160-161.

DURHAM, E. H. A. B. **Bioinformática estrutural de proteínas modificadas por eventos de splicing alternativo**. 2007. 131 f. Tese (Doutorado em Ciências) – Universidade de São Paulo, São Paulo, 2007.

EDGAR, R. C. MUSCLE: multiple sequence alignment with high accuracy and high throughput. **Nucleic Acids Research**, Oxford, v. 32, n. 5, p. 1792-1797, 2004.

EDINGER, A. L.; MANKOWSKI, J. L.; DORANZ, B. J.; MARGULIES, B. J.; LEE, B.; RUCKER, J.; SHARRON, M.; HOFFMAN, T. L.; BERSON, J. F.; ZINK, M. C.; HIRSCH, V. M.; CLEMENTS, J. E.; DOMS, R. W. CD4-independent, CCR5-dependent infection of brain capillary endothelial cells by a neurovirulent simian immunodeficiency virus strain. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, Washington, v. 94, n. 26, p. 14742-14747, 1997.

EGITO, A. A.; MCMANUS, C.; ALBUQUERQUE, M. S. M.; SERENO, F. P. T. S.; SANTOS, S. A.; PAIVA, S. R.; MARIANTE, A. S. Caracterização genética. *In*: SANTOS, S. A.; SALIS, S. M.; COMASTRI FILHO, J. A. **Cavalo Pantaneiro: rústico por natureza**. Brasília: Embrapa SPI, 2016. Cap. 10, p. 233-257.

EIGEN, M.; SCHUSTER, P. A principle of natural self-organization. **Naturwissenschaften**, Berlin, v. 64, n. 11, p. 541-565, 1977.

FRASER, D. G.; OAKS, J. L.; BROWN, W. C.; MCGUIRE, T. C. Identification of broadly recognized, T helper 1 lymphocyte epitopes in an equine lentivirus. **Immunology**, Oxford, v. 105, n. 3, p. 295-305, 2002.

FREITAS, N. F. Q. R.; OLIVEIRA, C. M. C.; LEITE, R. C.; REIS, J. K. P.; OLIVEIRA, F. G.; BOMJARDIM, H. A.; SALVARANI, F. M.; BARBOSA, J. D. Equine infectious anemia on Marajo Island at the mouth of the Amazon river. **Pesquisa Veterinária Brasileira**, Rio De Janeiro, v. 35, n. 12, p. 947-950, 2015.

GILLI, P.; FERRETTI, V., GILLI, G.; BOREA, P. A. Enthalpy-entropy compensation in drug receptor binding. **Journal of Physical Chemistry**, Washington, v. 98, p. 1515-1518, 1994.

GOFF, S. P. Retroviridae: the Retroviruses and their replication. *In*: KNIPE, D. M.; HOWLEY, P. M. (eds). **Fields virology**. 5. ed. Philadelphia: Lippincott, Williams and Wilkins, 2007. p. 1999-2069.

GUIMARÃES, L. A.; BEZERRA, R. A.; MENDONÇA, C. E. D.; D'AFONSECA, W. O.; ALBUQUERQUE, G. R. Prevalência do vírus da anemia infecciosa equina na mesorregião do Sul Baiano, Bahia, Brasil. **Revista Brasileira de Medicina Veterinária**, Rio de Janeiro, v. 33, n. 2, p. 85-88, 2011.

GUIRAUD, A. C. C.; BELO, M. A. A.; MORAES, A. C.; MANRIQUE, W. G.; SOUZA, L. M.; CHARLIE-SILVA, I.; SOUZA, E. P. Levantamento soroepidemiológico de anemia infecciosa equina no estado de Rondônia, Brasil. **Ars Veterinaria**, Jaboticabal, v. 33, n. 1, p. 31-36, 2017.

HAMMOND, S. A.; COOK, S. J.; LICHTENSTEIN, D. L.; ISSEL, C. J.; MONTELARO, R. C. Maturation of the cellular anemia virus is a complex and lengthy process. **Journal of Virology**, Washington, v. 71, n. 5, p. 3840-3852, 1997.

HARRIS, R. S.; LIDDAMENT, M. T. Retroviral restriction by APOBEC proteins. **Nature Reviews. Immunology**, London, v. 4, n. 11, p. 868-877, 2004.

HEIDMANN, M. J.; FISCHER, V. L.; MANHEZZO, T. G.; SANTOS, J. D.; CASTRO, B. G. Estudo retrospectivo da anemia infecciosa equina na região Centro-sul do Pará, Brasil, 2007-2010. **Revista Brasileira de Medicina Veterinária**, Rio de Janeiro, v. 34, n. 3, p. 192-197, 2012.

HEINEMANN, M. B.; CORTEZ, A.; SOUZA, M. C. C.; GOTTI, T.; FERREIRA, F., HOMEM, V. S. F.; FERREIRA NETO, J. S.; SOARES, R. M.; SAKAMOTO, S. M.; CUNHA, M. S.; RICHTZENHAIN, L. J. Soroprevalência da anemia infecciosa equina, da arterite viral dos equinos e do aborto viral equino no município de Uruará, PA, Brasil. **Brazilian Journal of Veterinary Research and Animal Science**, São Paulo, v. 39, n. 1, p. 50-53, 2002.

HINES R.; MAURY W. DH82 cells: a macrophage cell line for the replication and study of equine infectious anemia virus. **Journal of Virological Methods**, Amsterdam, v. 95, n. 1-2, p. 47-56, 2001.

HIRSH, D. C.; ZEE, Y. C. **Microbiologia veterinária**. 2. ed. Rio de Janeiro: Guanabara Koogan S.A., 2003. 446 p.

HOWE, L.; LEROUX, C.; ISSEL, C. J.; MONTELARO, R. C. Equine infectious anemia virus envelope evolution in vivo during persistent infection progressively increases resistance to in vitro serum antibody neutralization as a dominant phenotype. **Journal of Virology**, Washington, v. 76, n. 21, p. 10588-10597, 2002.

HU, Z.; CHANG, H.; CHU, X.; LI, S.; WANG, M.; WANG, X. Identification and characterization of a common B-cell epitope on EIAV capsid proteins. **Applied Genetics and Molecular Biotechnology**, Berlin, v. 100, n. 24, p. 10531-10542, 2016.

HUSSAIN, K. A.; ISSEL, C. J.; RWAMBO, P. M.; ARNIZAUT, A. B.; BALL, J. M.; SCHNORR, K. L.; MONTELARO, R. C. Identification of gag precursor of equine infectious anaemia virus with monoclonal antibodies to the major viral core

protein, p26. **Journal of General Virology**, London, v. 69, pt. 7, p. 1719-1724, 1988.

INTERNATIONAL COMMITTEE ON TAXONOMY OF VIRUSES - ICTV. **Virus Taxonomy**: 2021 release. 2021. Disponível em: <http://talk.ictvonline.org/taxonomy>. Acesso em: 9 abr. 2021.

ISSEL, C. J.; COGGINS, L. Equine infectious anemia: current knowledge. **Journals of the American Veterinary Medical Association**, Schaumburg, v. 174, n. 7, p. 727-733, 1979.

ISSEL, C. J.; COOK, R. F. A review of techniques for the serologic diagnosis of equine infectious anemia. **Journal of Veterinary Diagnostic Investigation**, Thousand Oaks, v. 5, n. 1, p. 137-141, 1993.

ISSEL, C. J.; COOK, S. J.; COOK, R. F.; CORDES, T. R. Optimal paradigms to detect reservoirs of equine infectious anemia virus (EIAV). **Journal of Equine Veterinary Science**, New York, v. 19, n. 11, p. 728-732, 1999.

ISSEL, C. J.; COOK, R. F.; MEALEY, R. H.; HOROHOV, D. W. Equine infectious anemia in 2014: live with it or eradicate it? **Veterinary Clinics of North America. Equine Practice**, Philadelphia, v. 30, n. 3, p. 561-577, 2014.

ISSEL, C. J.; FOIL, L. D. Equine infectious anaemia and mechanical transmission: man and the wee beasts. **Scientific and Technical Review (International Office of Epizooties)**, Paris, v. 34, n. 2, p. 513-523, 2015.

ISSEL, C. J.; SCICLUNA, M. T.; COOK, S. J.; COOK, R. F.; CAPRIOLI, A.; RICCI, I.; ROSONE, F.; CRAIGO, J. K.; MONTELARO, R. C.; AUTORINO, G. L. Challenges and proposed solutions for more accurate serological diagnosis of equine infectious anaemia. **The Veterinary Record**, Oxford, v. 172, n. 8, p. 210, 2013.

JONES, D. T.; THAYLOR, W. R.; THORNTON, J. M. The rapid generation of mutation data matrices from protein sequences. **Computer Applications in the Biosciences**, Oxford, v. 8, n. 3, p. 275-282, 1992.

JULIANO, R. S.; SANTOS, S. A.; ABREU, U. G. P.; ARAÚJO, M. T. D. B. Interação homem-cavalo no Pantanal. *In*: SANTOS, S. A.; SALIS, S. M., COMASTRI FILHO, J. A. **Cavalo Pantaneiro**: rústico por natureza. Brasília: Embrapa, 2016. Cap. 19, p. 513-527.

KECKESOVA, Z.; YLINEN, L. M. J.; TOWERS, G. J.; GIFFORD, R. J.; KATZOURAKIS, A. Identification of a RELIK orthologue in the European hare (*Lepus europaeus*) reveals a minimum age of 12 million years for the lagomorph lentiviruses. **Virology**, New York, v. 384, n. 1, p. 7-11, 2009.

KONO, Y.; KOBAYASKI, K. Complement fixation test of equine infectious anemia. I. Specificity of the test. **National Institute of Animal Health Quarterly**, Tokyo, v. 6, n. 4, p. 194-203, 1966.

KUMAR, S.; STECHER, G.; LI, M.; KNYAZ, C.; TAMURA, K. MEGA X: molecular evolutionary genetics analysis across computing platforms. **Molecular Biology and Evolution**, New York, v. 35, n. 6, p. 1547-1549, 2018.

LANGEMEIER, J. L.; COOK, S. J.; COOK, R. F.; RUSHLOW, K. E.; MONTELARO, R. C.; ISSEL, C. J. Detection of equine infectious anemia viral RNA in plasma samples from recently infected and long-term inapparent carrier animals by PCR. **Journal of Clinical Microbiology**, Washington, v. 34, n. 6, p. 1481-1487, 1996.

LARKIN, M. A.; BLACKSHIELDS, G.; BROWN, N. P.; CHENNA, R.; MCGETTIGAN, P. A.; MCWILLIAM, H.; VALENTIN, F.; WALLACE, I. M.; WILM, A.; LOPEZ, R.; THOMPSON, J. D.; GIBSON, T. J.; HIGGINS, D. G. Clustal W and Clustal X version 2.0. **Bioinformatics**, Oxford, v. 23, n. 21, p. 2947-2948, 2007.

LEROUX, C.; CADORÉ, J.-L.; MONTELARO, R. C. Equine Infectious Anemia Virus (EIAV): what has HIV's country cousin got to tell us? **Veterinary Research**, London, v. 35, n. 4, p. 485-512, 2004.

LEROUX, C.; CRAIGO, J. K.; ISSEL, C. J.; MONTELARO R.C. Equine infectious anemia virus genomic evolution in progressor and nonprogressor ponies. **Journal of Virology**, Washington, v. 75, n. 10, p. 4570-4583, 2001.

LEROUX, C.; ISSEL, C. J.; MONTELARO, R. C. Novel and dynamic evolution of equine infectious anemia virus genomic Quasispecies associated with sequential disease cycles in an experimentally infected pony. **Journal of Virology**, Washington, v. 71, n. 12, p. 9627-9639, 1997.

LICHTENSTEIN, D. L.; ISSEL, C. J.; MONTELARO, R. C. Genomic Quasispecies associated with the initiation of infection and disease in ponies experimentally infected with equine infectious anemia virus. **Journal of Virology**, Washington, v. 70, n. 6, p. 3346-3354, 1996.

LIGNÉ, M. Mémoire et observations sur une maladie de sang, connue sous le nom d'anémie hydrohémie, cachexie acquise du cheval. **Recueil de Médecine Vétérinaire**, Paris, p. 30-44, 1843.

LIMA, F. C.; SERRA, O. R.; GAZOLA, A. G.; DIAS, H. L. C.; SANTOS, A. C. G.; DIAS, E. F.; LIMA, L. F. S.; CARVALHO, R. A. Conservação e condições gerais de manejo do grupamento genético equino Baixadeiro. In: I SIMPÓSIO INTERNACIONAL DE RAÇAS NATIVAS: SUSTENTABILIDADE E PROPRIEDADE INTELECTUAL, 2015, Teresina, PI. **Anais** [...] Teresina: MAPA, 2015.

LIN, Y.-Z.; YANG, F.; ZHANG, S.-Q.; SUN, L.-K.; WANG, X.-F.; DU, C.; ZHOU, J.-H. The soluble form of the EIAV receptor encoded by an alternative splicing variant inhibits EIAV infection of target cells. **PLoS One**, San Francisco, v. 8, n. 11, p. 1-9, 2013.

LIU, Q.; MA, J.; WANG, X. F.; XIAO, F.; LI, L.-J., ZHANG, J.-E.; LIN, Y.-Z.; DU, C.; HE, X.-J.; WANG, X.; ZHOU, J.-H. Infection with equine infectious anemia virus vaccine strain EIAVDLV121 causes no visible histopathological lesions in target organs in association with restricted viral replication and unique cytokine response. **Veterinary Immunology and Immunopathology**, Amsterdam, v. 170, p. 30-40, 2015.

LIU, C.; WANG, X. F.; WANG, Y.; CHEN, J.; ZHONG, Z.; LIN, Y.; WANG, X. Characterization of EIAV *env* Quasispecies during long-term passage in vitro: gradual loss of pathogenicity. **Viruses**, Basel, v. 11, n. 4, p. 1-12, 2019.

MALOSSE, C. D.; FIORATTI, E. G.; LIMA, M. F. N. T.; AGUIAR, D. M.; ULLMANN, L. S.; ARAÚJO JÚNIOR, J. P. Complete genome sequence of an Equine Infectious Anemia Virus from Brazil. *In*: BRAZILIAN CONGRESS OF VIROLOGY, 27., & MERCOSUR MEETING OF VIROLOGY, 11., 2016, Pirenópolis, GO. **Anais [...]**. Pirenópolis: SBV, 2016a. p. 173-174.

MALOSSE, C. D.; FIORATTI, E. G.; CARDOSO, J. F.; MAGRO, A. J.; KROON, E. G.; AGUIAR, D. M.; BORGES, A. M. C. M.; NOGUEIRA, M. F.; ULLMANN, L. S.; ARAUJO JÚNIOR, J. P. High genomic variability in Equine Infectious Anemia Virus obtained from naturally Infected horses in Pantanal, Brazil: an endemic region case. **Viruses**, Basel, v. 12, n. 207, p. 1-15. 2020. DOI 10.3390/v12020207.

MALOSSE, C. D.; LIMA, M. F. N. T.; AGUIAR, D. M.; ULLMANN, L. S.; ARAÚJO JÚNIOR, J. P. Detection of the current circulating equine infectious anemia virus in Brazil by quantitative PCR. *In*: BRAZILIAN CONGRESS OF VIROLOGY, 27., & MERCOSUR MEETING OF VIROLOGY, 11., 2016, Pirenópolis, GO. **Anais [...]**. Pirenópolis: SBV, 2016b. p. 174.

MAPA. Ministério Da Agricultura Pecuária e Abastecimento. **Sanidade de Equídeos**. Brasília: MAPA, 2017. Disponível em: <http://www.agricultura.gov.br/>. Acesso em: 28 janeiro 2022.

MARTI-RENOM, M.A.; STUART, A.; FISER, A.; SÁNCHEZ, R.; MELO, F.; SALI, A. Comparative protein structure modeling of genes and genomes. **Annual Review of Biophysics and Biomolecular Structure**, Palo Alto, v. 29, p. 291-325, 2000.

MCGUIRE, T. C.; CRAWFORD, T. B.; HENSON, J. B. Immunofluorescent localization of equine infectious anemia virus in tissue. **American Journal of Pathology**, New York, v. 62, n. 2, p. 283-294, 1971.

MCGUIRE, T. C.; LEIB, S. R.; LONNING, S. M.; ZHANG, W.; BYRNE, K. M.; MEALEY, R. H. Equine infectious anaemia virus proteins with epitopes most frequently recognized by cytotoxic T lymphocytes from infected horses. **Journal of General Virology**, London, v. 81, pt. 11, p. 2735-2739, 2000. DOI 10.1099/0022-1317-81-11-2735.

MEALEY, R. H.; ZHANG, B.; LEIB, S. R.; LITCKE, M. H.; MCGUIRE, T. C. Epitope specificity is critical for high and moderate avidity cytotoxic T lymphocytes associated with control of viral load and clinical disease in horses with equine infectious anemia virus. **Virology**, New York, v. 313, n. 2, p. 537-552, 2003.

MONTELARO, R. C.; PARECKH, B.; ORREGO, A.; ISSEL, C. J. Antigenic variation during persistent infection by equine infectious anemia virus, a retrovirus. **Journal of Biological Chemistry**, New York, v. 259, n. 16, p. 10539-10544, 1984.

MONTELARO, R. C.; BALL, J. M.; RUSHLOW, K. E. Equine retroviruses. *In*: LEVY, J (Ed.). **The retroviridae**. New York: Plenum Press, 1993. v. 2, p. 257-359.

MORAES, D. D. A. **Prevalência de mormo e anemia infecciosa equina em equídeos de tração do Distrito Federal**. 2011. Dissertação (Mestrado em Saúde Animal) - Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, Universidade de Brasília, Brasília, 2011.

MORAES, D. D. A.; GONÇALVES, V. S. P.; MOTA, A. L. A. A.; BORGES, J. R. J. Situação epidemiológica da anemia infecciosa equina em equídeos de tração do Distrito Federal. **Pesquisa Veterinária Brasileira**, Rio de Janeiro, v. 37, n. 10, p. 1074-1078, 2017.

MURPHY, F. A.; GIBBS, E. P. J.; HORZINEK, M. C.; STUDDERT, M. J. **Veterinary Virology**. 3. ed. San Diego: Academic Press, 1999. 640 p.

NAGARAJAN, M. M.; SIMARD, C. Detection of horses infected naturally with equine infectious anemia virus by nested polymerase chain reaction. **Journal of Virological Methods**, Amsterdam, v. 94, n. 1-2, p. 97-109, 2001.

NAGARAJAN, M. M.; SIMMARD, C. Gag genetic heterogeneity of equine infectious anemia virus (EIAV) in naturally infected horses in Canada. **Virus Research**, Amsterdam, v. 129, n. 2, p. 228-235, 2007.

NARAYAN, O.; JOAG, S. V.; CHEBLOUNE, Y.; ZINK, M.C.; CLEMENTS, J. E. Visna-maedi: the prototype lentiviral disease. *In*: NATHANSON, N. (ed.). **Viral pathogenesis**. Philadelphia: Lippincott-Raven, 1997. p. 657-668.

NELSON, D. L.; COX, M. M. **Princípios de bioquímica de Lehninger**. 7. ed. Porto Alegre: Artemed, 2019. 1312 p.

NOCITI, R. P.; NOCITI, D. L. P.; ROCHA, T. G.; AVILA, M. O.; SILVA, G. C. P. Prevalência da anemia infecciosa equina no estado do Mato Grosso de 2004 a 2007. *In*: CONBRAVET, 35., 2008, Gramado. **Anais** [...]. Porto Alegre: SOVERGS, 2008. Disponível em: <http://www.sovergs.com.br/conbravet2008/anais/cd/resumos/R0630-3.pdf>. Acesso em: 15 maio 2018.

NOGUEIRA, M. F.; NETO, A. A. C.; JULIANO, R. S.; SANTOS, C. J. S.; MONTEZUMA, E. S.; REIS, J. K. P. **ELISA rgp90 – metodologia alternativa para o diagnóstico da Anemia Infecciosa Equina no Pantanal**. Corumbá:

Embrapa Pantanal, 2009. 18 p. (Embrapa Pantanal. Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento, 93).

NOGUEIRA, M. F.; OLIVEIRA, J. M.; SANTOS, C. J. S.; PETZOLD, H. V.; AGUIAR, D. M.; JULIANO, R. S.; REIS, J. K. P.; ABREU, U. G. P. Anemia infecciosa equina em equídeos do Pantanal Sul, Brasil: soroprevalência e avaliação da adoção de um programa de controle. **Pesquisa Veterinária Brasileira**, Rio de Janeiro, v. 37, n. 3, p. 227-233, 2017.

NOGUEIRA, M. F.; PETZOLD, H. V.; JULIANO, R. S.; OLIVEIRA, L. C.; MARQUES, D. K. S.; REIS, J. K. P. Avaliação da adoção de medidas de prevenção e controle da AIE em equídeos de serviço em Corumbá. *In*: SIMPÓSIO SOBRE RECURSOS NATURAIS E SOCIOECONÔMICOS DO PANTANAL, 5., 2010, Corumbá. **Anais** [...]. Corumbá: Embrapa Pantanal, 2010.

ORGANIZAÇÃO MUNDIAL DE SAÚDE ANIMAL - OIE. Anemia infecciosa equina. *In*: ORGANIZAÇÃO MUNDIAL DE SAÚDE ANIMAL. **Manual de testes diagnósticos e vacinas para animais terrestres**. Paris: OIE, 2013. p. 6.

OLIVEIRA, A. L. C.; MONTEZUMA, E. S.; RAVAGLIA, E.; JULIANO, R. S.; NOGUEIRA, M. F. **Avaliação da prevenção e controle da anemia infecciosa equina no Pantanal**. Corumbá: Embrapa Pantanal, 2011. 5 p. (Embrapa Pantanal. Circular Técnica, 98).

OLIVEIRA, F. G.; COOK, R. F.; NAVES, J. H. F.; OLIVEIRA, C. H. S.; DINIZ, R. S.; FREITAS, F. J. C.; LIMA, J. M.; SAKAMOTO, S. M.; LEITE, R. C.; ISSEL, C. J.; REIS, J. K. P. Equine infectious anemia prevalence in feral donkeys from Northeast Brazil. **Preventive Veterinary Medicine**, Amsterdam, v. 140, p. 30-37, 2017. DOI 10.1016/j.prevetmed.2017.02.015.

PAYNE, S. L.; RUSHLOW, K.; DHRUVA, B. R.; ISSEL, C. J.; MONTELARO, R. C. Localization of conserved and variable antigenic domains of equine infectious anemia virus envelope glycoproteins using recombinant env-encoded protein

fragments produced in *Escherichia coli*. **Virology**, New York, v. 172, n. 2, p. 609-615, 1989.

PAYNE, S. L.; RAUSCH, J.; RUSHLOW, K.; MONTELARO, R. C.; ISSEL, C.; FLAHERTY, M.; PERRY, S.; SELTON, D.; FULLER, F. Characterization of infectious molecular clones of equine infectious anaemia virus. **Journal of General Virology**, London, v. 75, pt. 2, p. 425-429, 1994.

PENA, L. J.; PENA, D. A.; BARRIOS, P. R.; DALE, R.; LAMÊGO, M. R. A.; MORAES, M. P. Levantamento soroepidemiológico da infecção pelo vírus da Anemia Infeciosa Equina, da Influenza Equina-2 e do Herpesvírus Equino-1 em rebanhos do sul do Estado do Pará, Brasil. **Brazilian Journal of Veterinary Research and Animal Science**, São Paulo, v. 43, n. 4, p. 537-542, 2006.

PERRY, S. T.; FLAHERTY, M. T.; KELLEY, M. J.; CLABOUGH, D. L.; TRONICK, S. R.; COGGINS, L.; WHETTER, L.; LENGEL, C. R.; FULLER, F. The surface envelope protein gene region of equine infectious anemia virus is not an important determinant of tropism in vitro. **Journal of Virology**, Washington, v. 66, n. 7, p. 4085-4097, 1992.

PETTERSEN, E. F.; GODDARD, T. D.; HUANG, C. C.; COUCH, G. S.; GREENBLATT, D. M.; MENG, E. C.; FERRIN, T. E. UCSF Chimera-a visualization system for exploratory research and analysis. **Journal of Computational Chemistry**, New York, v. 25, n. 13, p. 1605-1612, 2004.

QIAN, H. Entropy-enthalpy compensation: conformational fluctuation and induced-fit. **The Journal of Chemistry Physics**, Melville, v. 109, n. 22, p. 10015-10017, 1998.

QUILIVAN, M.; COOK, R. F.; CULLINANE, A. Real-time quantitative RT-PCR and PCR assays for a novel European field isolate of equine infectious anaemia virus based on sequence determination of the gag gene. **The Veterinary Record**, Oxford, v. 160, n. 18, p. 616-618, 2007.

QUINN, P. J.; MARKEY, B. K.; CARTER, M. E.; DONNELLY, W. J.; LEONARD, F. C. Retroviridae. *In*: QUINN, P. J.; MARKEY, B. K.; CARTER, M. E.; DONNELLY, W. J.; LEONARD, F. C. **Microbiologia veterinária e doenças infecciosas**. 2. ed. Porto Alegre: Artmed, 2005. p. 346-358.

RADOSTITS, O. M.; GAY, C. C.; BLOOD, D. C.; HINCHCLIFF, K. W. **Veterinary medicine**. 9. ed. New York: WB Saunders; 2000. 1877 p.

RAVAZOLLO, A. M.; COSTA, U. M. Retroviridae. *In*: FLORES, E. F. **Virologia veterinária**. Santa Maria: Ed. da UFSM, 2007. Cap. 31, p. 809-838.

REIS, J. K. P. Métodos de diagnóstico e estratégias de controle da anemia infecciosa equina. **Ciência Veterinária nos Trópicos**, Recife, v. 18, n. 2, p. 58, 2015.

REIS, J. K. P.; DINIZ, R. S.; HADDAD, J. P. A.; FERRAZA, I. B. F.; CARVALHO, A. F.; KROON, E. G.; FERREIRA, P. C. P.; LEITE, R. C. Recombinant envelope protein (rgp90) ELISA for equine infectious anemia virus provides comparable results to the agar gel immunodiffusion. **Journal of Virological Methods**, Amsterdam, v. 180, n. 1-2, p. 62-67, 2012.

RICOTTI, S.; GARCIA, M. I.; VEAUTE, C.; BAILAT, A.; LUCCA, E.; COOK, R. F.; COOK, S. J.; SOUTULLO, A. Serologically silent, occult equine infectious anemia virus (EIAV) infections in horses. **Veterinary Microbiology**, Amsterdam, v. 187, p. 41-49, 2016.

ROBERTS, H. Equine infectious anaemia in Europe: an ongoing threat to the UK. **The Veterinary Record**, Oxford, v. 181, n. 17. p. 442-446, 2017.

ROMO-SÁENZ, C. I.; TAMEZ-GUERRA, P.; OLIVAS-HOLGUIN, A.; RAMOS-ZAYAS, Y.; OBREGÓN-MACÍAS, N.; GONZÁLEZ-OCHOA, G.; ZAVALA-DÍAZ DE LA SERNA, F. J.; RODRÍGUEZ-PADILLA, C.; TAMEZ-GUERRA, R.; GOMEZ-FLORES, R. Molecular detection of equine infectious anemia virus in clinically normal, seronegative horses in an endemic area of Mexico. **Journal of**

**Veterinary Diagnostic Investigation**, Columbia, v. 33, n. 4, p. 758-761, 2021.  
DOI 10.1177/10406387211006195.

ROSS, S. R. Are viruses inhibited by APOBEC3 molecules from their host species? **PLoS Pathogens**, San Francisco, v. 5, n. 4, p. 1-4, 2009.

RYDE, U. A fundamental view of enthalpy-entropy compensation. **Medical Chemistry Commun**, Cambridge, v. 5, n. 9, p. 1324-1336, 2014.

RWAMBO, P. M.; ISSEL, C. J.; ADAMS, W. V.; HUSSAIN, K. A.; MILLER, M.; MONTELARO, R. C. Equine infectious anemia virus (EIAV) humoral responses of recipient ponies and antigenic variation during persistent infection. **Archives of Virology**, Wien, v. 111, n. 3-4, p. 199-212, 1990.

SALINOVICH, O.; PAYNE, S. L.; MONTELARO, R. C.; HUSSAIN, K. A.; ISSEL, C. J.; SCHNORR, K. L. Rapid emergence of novel antigenic and genetic variants of equine infectious anemia virus during persistent infection. **Journal of Virology**, Washington, v. 57, n. 1, p. 71-80, 1986.

SANGER, F.; NICKLEN, S.; COULSON, A. R. DNA sequencing with chain-terminating inhibitors (DNA polymerase/nucleotide sequences/bacteriophage 4X174). **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, Washington, v. 74, n. 12, p. 5463-5467, 1977.

SANTOS, S. A. **Caracterização dos recursos forrageiros nativos da sub-região da Nhêcolândia, Pantanal, Mato Grosso do Sul, Brasil**. 2001. Tese (Doutorado em Nutrição e Produção Animal) - Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Universidade Estadual Paulista, Botucatu, 2001.

SANTOS, S. A.; SILVA, L. A. C.; MCMANUS, C.; ÍTAVO, C. C. B. F.; BARBOSA, B. R. P.; SILVA, G. A.; EGITO, A. A. Termorregulação e tolerância ao calor. *In*: SANTOS, S. A.; SALIS, S. M.; COMASTRI FILHO, J. A. **Cavalo Pantaneiro: rústico por natureza**. Brasília: Embrapa, 2016c. Cap. 11, p. 259-277.

SANTOS, S. A.; SILVA, L. A. C.; PAULA, A. C. S.; CRISPIM, S. M.; GARCIA, J. B. Uso do ambiente e hábito alimentar. *In*: SANTOS, S. A.; SALIS, S.M.; COMASTRI FILHO, J. A. **Cavalo Pantaneiro**: rústico por natureza. Brasília: Embrapa, 2016d. Cap. 13, p. 313-345.

SANTOS, J. D.; LOURENÇO, F. J.; CASTRO, B. G. Estudo retrospectivo da anemia infecciosa equina na região médio-norte Mato-Grossense, Brasil, 2006-2011. **Revista Brasileira de Medicina Veterinária**, Rio de Janeiro, v. 38, n. 1, p. 79-85, 2016.

SANTOS, S. A.; MAZZA, M. C. M.; SERENO, J. R. B.; ABREU, U. G. P.; SILVA, J. A. **Avaliação e conservação do Cavalo Pantaneiro**. Corumbá: EMBRAPA, 1995. 40 p. (EMBRAPA. Circular Técnica, 21).

SANTOS, S. A.; MAZZA, M. C. M.; SERENO, J. R. B.; MAZZA, C. A. S.; PEDREIRA, A. C. M. S.; MARIANTE, A. A. S.; SILVA, J. A.; MARQUES A. M. C. Sistema de criação de Cavalos Pantaneiros no Pantanal. **Archivos Zootecnia**, Córdoba, v. 53, n. 203, p. 333-336, 2004.

SANTOS, S. A.; MCMANUS, C.; PAIVA, S. R.; MARIANTE, A. S.; SILVA, J. A.; EGITO, A. A.; COMASTRI FILHO, J. A.; ALBUQUERQUE, M. S. M.; ABREU, U. G. Conservação e seleção. *In*: SANTOS, S. A.; SALIS, S. M.; COMASTRI FILHO, J. A. **Cavalo Pantaneiro**: rústico por natureza. Brasília: Embrapa, 2016b. Cap. 21, p. 539-371.

SANTOS, S. A.; PAIVA, S. R.; COMSTRI FILHO, J. A; RAMOS, A. F.; JULIANO, R. S.; NOGUEIRA, M. F.; PERES, I. A. H. F. S. Histórico, vivências e desafios do núcleo de conservação do cavalo Pantaneiro. **Revista Científica de Produção Animal**, Areia, v. 22, n. 2, p. 67-72, 2020.

SANTOS, R. M. L.; REIS, J. K. P.; SANTOS, F. G. A.; OLIVEIRA, I. C. S. Frequência de anemia infecciosa equina em equinos no Acre, 1986 a 1996. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, Belo Horizonte, v. 53, n. 3, p. 310-315, 2001.

SANTOS, S. A.; SERENO, J. R. B.; MAZZA, M. C. M.; MAZZA, C. A. Origin of the Pantaneiro horse in Brazil. **Archivos de Zootecnia**, Córdoba, v. 41, n. 154, p. 371-381, 1992.

SANTOS, S. A.; SOUZA, G. S.; MCMANUS, C. Crescimento e desenvolvimento. *In*: SANTOS, S. A.; SALIS, S. M.; COMASTRI FILHO, J. A. **Cavalo Pantaneiro: rústico por natureza**. Brasília: Embrapa, 2016a. Cap. 7, p. 147-179.

SAXENA, S. K.; CHITTI, S. V. Molecular biology and pathogenesis of retroviruses. *In*: SAXENA, S. K. **Advances in molecular retrovirology**. London: InTech, 2016. p. 1-18. Disponível em: <http://www.intechopen.com/books/advances-in-molecular-retrovirology>. Acesso em: 28 de jan. 2022.

SCICLUNA, M. T.; ISSEL, C. J.; COOK, F. R.; MANNA, G.; CERSINI, A.; ROSONE, F.; FRONTOSO, R.; CAPRIOLI, A.; ANTOGNETTI, V.; AUTORINO, G. L. Is a diagnostic system based exclusively on agar gel immunodiffusion adequate for controlling the spread of equine infectious anaemia? **Veterinary Microbiology**, Amsterdam, v. 165, n. 1-2, p. 123-134, 2013.

SECRETARIA DE AGRICULTURA, PECUÁRIA E AGRONEGÓCIO - SEAPA. **Inquérito soroepidemiológico da anemia infecciosa equina no Estado do Rio Grande do Sul**. Porto Alegre: SEAPA, 2014.

SELLON, D. C. Equine infectious anemia. **Veterinary Clinics of North America: Equine Practice**, Philadelphia, v. 9, n. 2, p. 321-336, 1993.

SELLON, D. C. Emerging infectious diseases. *In*: EUROPEAN VETERINARY CONFERENCE VOORJAARSDAGEN, 2008, Amsterdam. **Proceedings** [...]. Amsterdam: International Veterinary Information Service - IVIS, 2008. p. 292-293.

SELLON, D. C.; FULLER, F. J.; MCGUIRE, T. C. The immunopathogenesis of equine infectious anemia virus. **Virus Research**, Amsterdam, v. 32, n. 2, p. 111-138, 1994.

SELLON, D.; LONG, M. (eds.). **Equine infectious diseases**. 2. ed. Philadelphia: Elsevier, 2014. 649 p.

SELLON, D. C.; PERRY, S. T.; COGGINS, L.; FULLER, F. J. Wild-type equine infectious anemia virus replicates in vivo predominantly in tissue macrophages, not in peripheral blood monocytes. **Journal of Virology**, Washington, v. 66, n. 10, p. 5906-5913, 1992.

SELLON, D. C.; WALKER, K. M.; RUSSELL, K. E; PERRY, S. T.; COVINGTON, P.; FULLER, F. J. Equine infectious anemia virus replication is upregulated during differentiation of blood monocytes from acutely infected horses. **Journal of Virology**, Washington, v. 70, n. 1, p. 590-594, 1996.

SECRETARIA DE PLANEJAMENTO DO ESTADO DE MATO GROSSO - SEPLAN. **Anuário Estatístico de Mato Grosso**. Cuiabá, MT: Secretaria de Planejamento do Estado de Mato Grosso, 2013. v. 35. Disponível em: [www.anuario.seplan.mt.gov.br/2013](http://www.anuario.seplan.mt.gov.br/2013). Acesso em: 9 de abr. 2021.

SHANE, B. S.; ISSEL, C. J.; MONTELARO, R. C. Enzyme-linked immunosorbent assay for detection of equine infectious anemia virus p26 antigen and antibody. **Journal of Clinical Microbiology**, Washington, v. 19, n. 3, p. 351-355, 1984.

SILVA, R. A. M. S.; ABREU, U. G. P.; DE BARROS, A. T. M. **Anemia infecciosa equina**: epizootiologia, prevenção e controle no pantanal. Corumbá: Embrapa Pantanal, 2001. 32 p. Disponível em: <http://www.cpap.embrapa.br/publicacoes/online/CT29.pdf>. Acesso em: 9 abr. 2021.

SILVA, R. A. M. S.; ABREU, U. G. P.; DÁVILA, A. M. R.; RAMIREZ, L. Swamp fever in wild horses from the Pantanal, Brazil. **Revue D'Élevage et Médecine Vétérinaire des Pays Tropicaux**, Paris, v. 52, n. 2, p. 99-101, 1999b.

SILVA, R. A. M. S.; BARROS, A. T. M.; NETO, A. A. C.; LOPES, N.; CORTADA, V. M. C.; MATSUURA, T. M. S.; FELDENS, O.; MORI, A. E.; MADUREIRA, J.; SANTOS, S. A. A. P.; BANDINI, O. **Programa de prevenção e controle da anemia infecciosa equina no Pantanal Sul-Mato-Grossense**. Corumbá: Embrapa Pantanal, 2004. 17 p. (Embrapa Pantanal. Documentos, 68).

SILVA, R. A. M. S.; DÁVILA, A. M. R.; IVERSSON, L. B.; ABREU, U. G. P. Equine viral diseases in the Pantanal, Brazil. Studies carried out from 1990 to 1995. **Revue D'Élevage et Médecine Vétérinaire des Pays Tropicaux**, Paris, v. 52, n. 1, p. 9-12, 1999a.

SILVA, C. F.; PEQUENO, N. F.; CLEMENTINO, I. J.; AZEVEDO, S. S.; SILVA, A. Frequency of equine infectious anemia in equine in the states of Paraíba, Rio Grande do Norte and Ceará, Northeastern Brazil during 2010. **Brazilian Journal of Veterinary Research and Animal Science**, São Paulo, v. 50, n. 1, p. 12-17, 2013.

SIMON-LORIERE, E.; HOLMES, E. C. Why do RNA viruses recombine? **Nature Reviews Microbiology**, London, v. 9, n. 8, p. 617-626, 2011.

SOBIESKI, L. L.; ALGERI, L. E.; ALVES, J. L.; GRANJA, F. G.; SGANZERLA, L. F.; TONELLO, A. B.; ARRUDA, T. Z.; DAMETTO, L.; LUIZAMAHL, D.; RIBEIRO, T. M. D.; RITTER, F.; OLIVEIRA, D. S. Estudo retrospectivo da prevalência da anemia infecciosa equina na região do Rio Grande do Sul entre 2010 e 2015. **Revista Brasileira de Medicina Equina**, São Paulo, v. 11, n. 62, p. 26-29, 2015.

SOUTULLO, A.; SANTI, M. N.; PERIN, J. C.; BELTRAMINI, L. M.; BOREL, I. M.; FRANK, R.; TONARELLI, G. G. Systematic epitope analysis of the p26 EIAV core protein. **Journal of Molecular Recognition**, London, v. 20, n. 4, p. 227-237, 2007.

STEPHENS, R. M.; CASEY, J. W.; RICE, N. R. Equine infectious anemia virus gag and pol genes: relatedness to visna and AIDS virus. **Science**, New York, v. 231, n. 4738, p. 589-594, 1986.

TENCZA, S. B.; ISLAM, K. R.; KALIA, V.; NASIR, M. S.; JOLLEY, M. E.; MONTELARO, R. C. Development of a fluorescence polarization-based diagnostic assay for equine infectious anemia virus. **Journal of Clinical Microbiology**, Washington, v. 38, n. 5, p. 1854-1859, 2000.

TIGRE, D. M.; BRANDÃO, C. F. L.; PAULA, F. L.; CHINALIA, F. A.; CAMPOS, G. S.; SARDI, S. I. Characterization of isolates of equine infectious anemia virus in Brazil. **Archives of Virology**, Wien, v. 162, n. 3, p. 873-877, 2017.

TIMONEY, J. F.; GILLESPIE, J. H.; SCOTT, F. W. **Hagan and Bruner's microbiology and infectious diseases of domestic animals**. 8. ed. Ithaca: Cornell University Press; 1988. 951 p.

TIZARD, I. R. **Imunologia veterinária**: uma introdução. 6. ed. São Paulo: Roca, 2002. 532 p.

TROMAS, N.; ELENA, S. F. The rate spectrum of spontaneous mutation in a plan RNA virus. **Genetics**, Austin, v. 185, n. 3, p. 983-989, 2010.

VALLÉE, H.; CARRÉ, H. C. R. Hebd. Seances Acad. Sci. 139 Sur la nature infectieuse de l'anémie du cheval. **Comptes Rendus de l'Académie des Sciences**, Paris, v. 139, p. 331-333, 1904.

VAN DER KOLK, J. K.; VELDHUIS KROEZE, E. J. B. Equine Infectious anemia. *In*: VAN DER KOLK, J. K.; VELDHUIS KROEZE, E. J. B. **Infectious diseases of the horse**: diagnosis, pathology, management, and public health. London: Manson Publishing, 2013. 312 p.

VILAMIU, R. G. d'A.; TERNES, S.; MARQUES, A. P. D.; FURLAN, M. F. The role of horseflies in the prevalence of Equine Infectious Anemia (EIA) in the Brazilian Pantanal. *In: INTERNATIONAL CONFERENCE ON MATHEMATICAL METHODS AND MODELS IN BIOSCIENCES - BIOMATH, 2013, Sofia. Proceedings [...].* Sofia: BIOMATH, 2013. p. 99.

WANG, X. F.; LIU, Q.; WANG, Y. H.; WANG, S.; CHEN, J.; LIN, Y. Z.; MA, J.; ZHOU, J. H.; WANG, X. Characterization of equine infectious anemia virus long terminal repeat Quasispecies *in vitro* and *in vivo*. **Journal of Virology**, Washington, v. 92, n. 8, p. 1-19, 2018. DOI 10.1128/JVI.02150-17.

WEIBLEN, R. Doenças víricas. *In: RIET-CORREA F.; SCHILD A. L.; MÉNDEZ M. C.; LEMOS, R. A. A. Doenças de ruminantes e equinos.* 2. ed. São Paulo: Livraria Varela, 2001. p. 49-53.

WORLD ORGANISATION FOR ANIMAL HEALTH - OIE. **Animal diseases.** Paris: OIE, 2022. Disponível em: <https://www.oie.int/en/animal-health-in-the-world/oie-listed-diseases-2021/>. Acesso em: 28 abr. 2022.

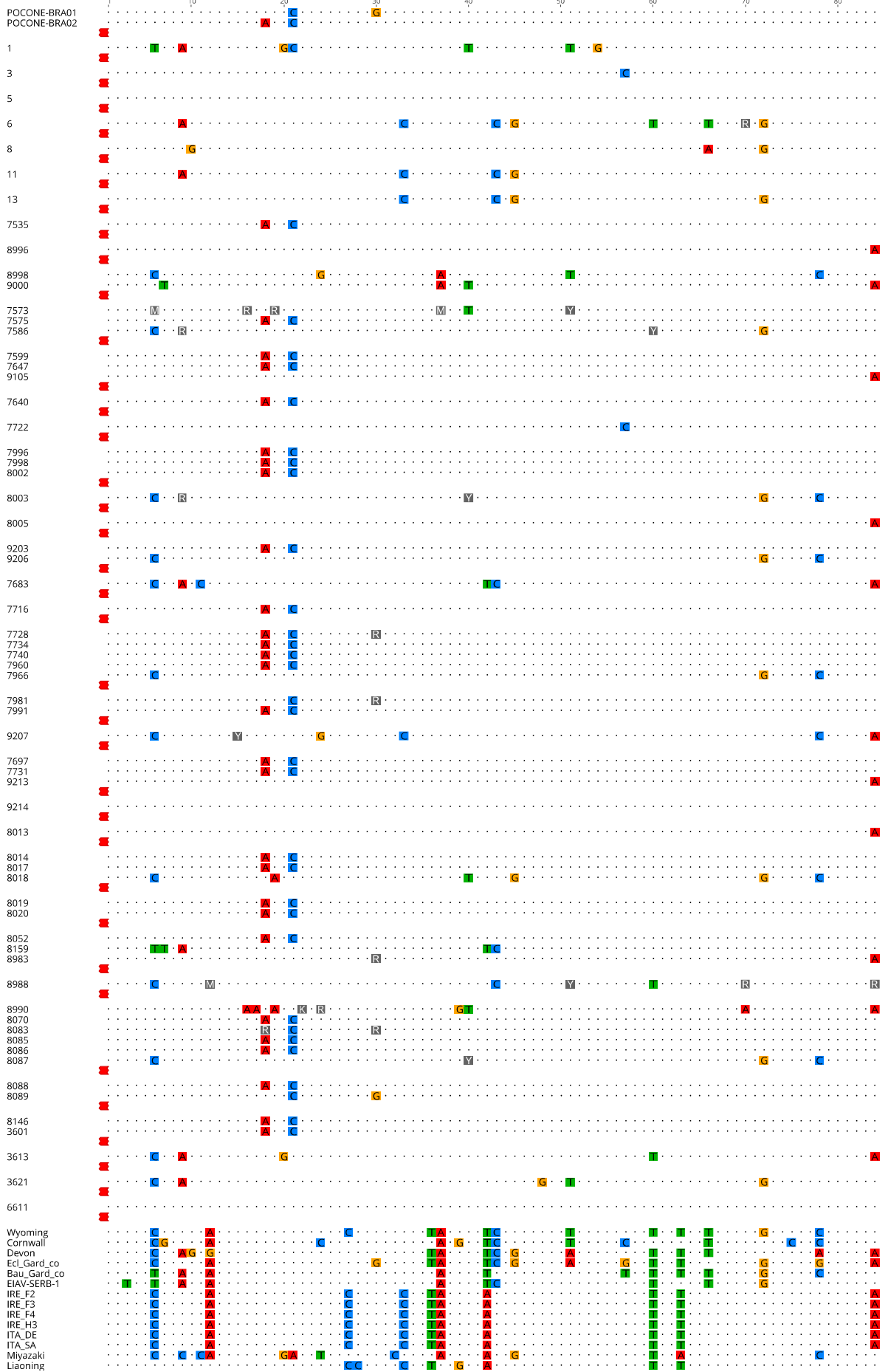
ZHANG, B.; JIN, S., JIN, J.; LI, F.; MONTELARO, R. C. A tumor necrosis factor receptor family protein serves as a cellular receptor for the macrophage-tropic equine lentivirus. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, Washington, v. 102, n. 28, p. 9918-9923, 2005.

ZHENG, Y. H.; NAKAYA, T.; SENTSUI, H.; KAMEOKA, M.; KISHI, M.; HAGIWARA, K.; TAKAHASHI, H.; KONO, Y.; IKUTA, K. Insertions, duplications and substitutions in restricted gp90 regions of equine infectious anaemia virus during febrile episodes in an experimentally infected horse. **The Journal of General Virology**, London, v. 78, pt. 4, p. 807-820, 1997a.

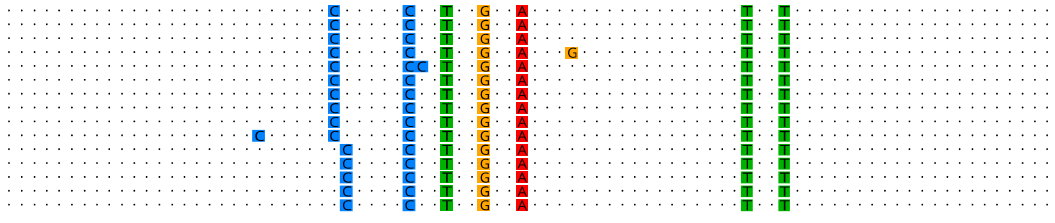
ZHENG, Y. H.; SENTSUI, H.; NAKAYA, T.; KONO, Y.; IKUTA, K. In vivo dynamics of equine infectious anemia viruses emerging during febrile episodes: insertions/duplications at the principal neutralizing domain. **Journal of Virology**, Washington, v. 71, n. 7, p. 5031-5039, 1997b.

ZIELONKA, J.; BRAVO, I. G.; MARINO, D.; CONRAD, E.; PERKOVIĆ, M.; BATTENBERG, M.; CICHUTEK, K.; MÜNK, C. Restriction of equine infectious anemia virus by equine APOBEC3 cytidine deaminases. **Journal of Virology**, Washington, v. 83, n. 15, p. 7547-7559, 2009.

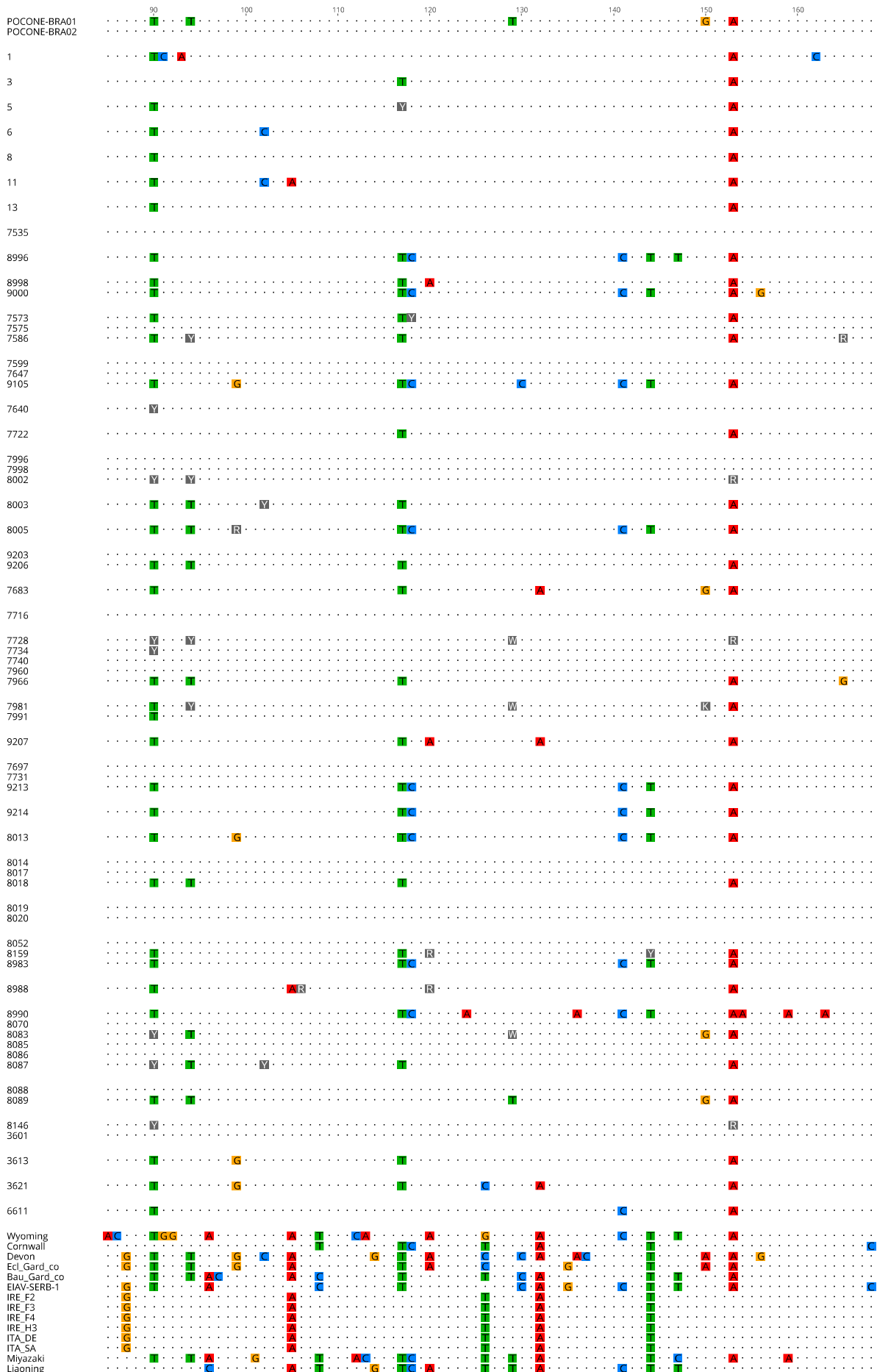
**Anexo 1** - Sequências de nucleotídeos das 63 amostras alinhadas compatíveis com a região codificadora da p26 no programa Geneious® pelo alinhamento ClustalW.



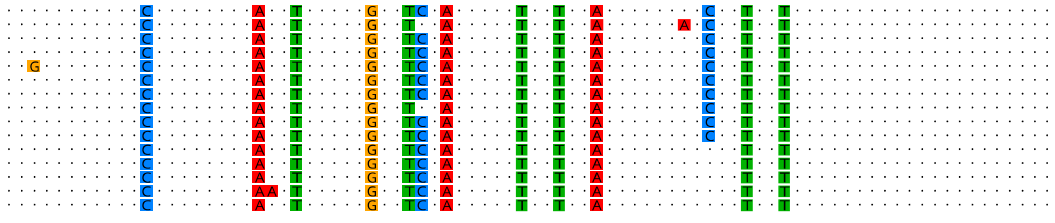
DLV5-10  
DLV18-8  
DLV19-9  
DLV15-16  
DLV2-6  
DLV8-2  
DLV3-A  
DLV7-18  
DLV10-19  
DLV9-7  
DV10-3  
DV31-2  
DV3-5  
DV35-20  
DV117



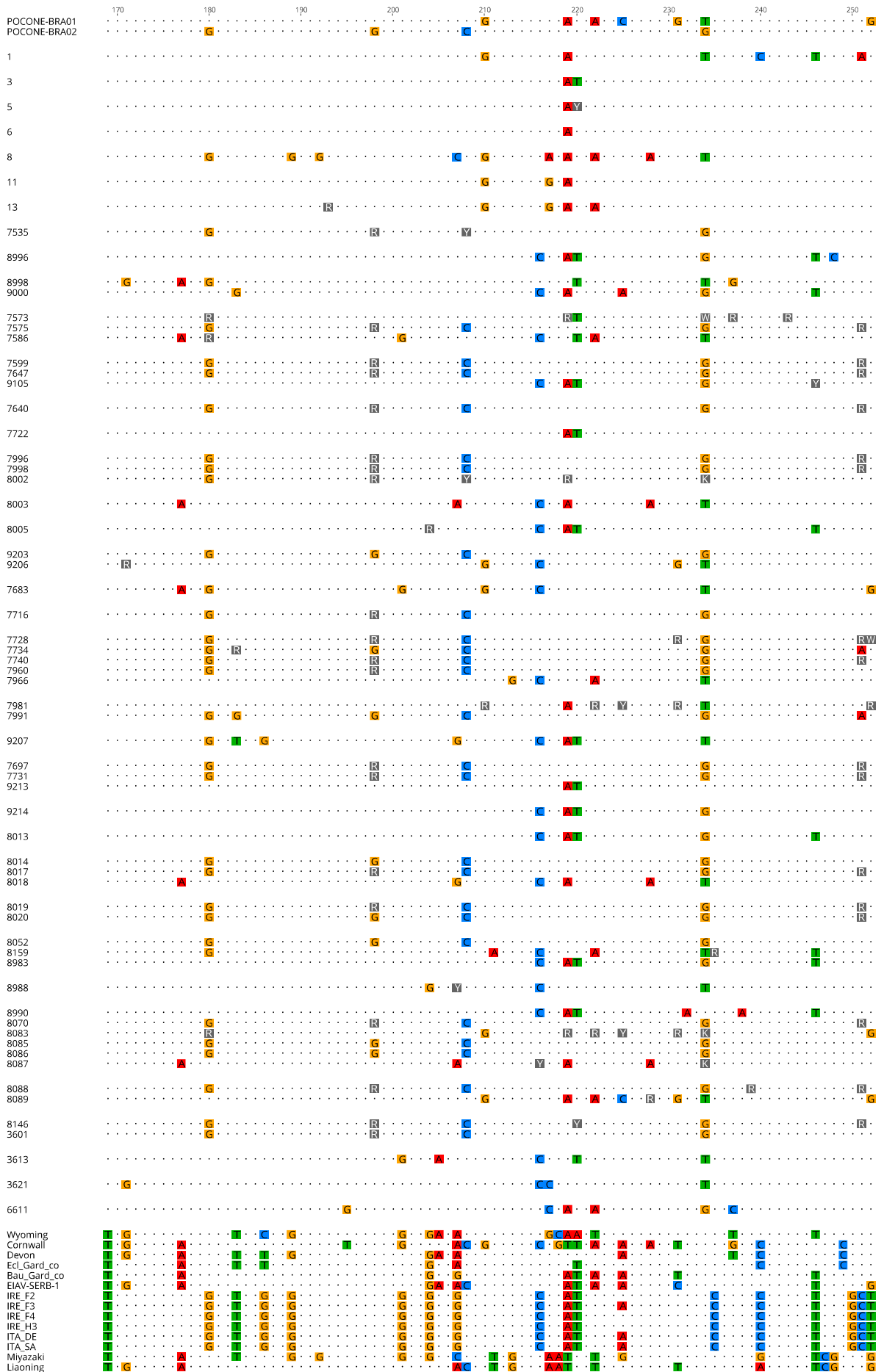
POCONE-BRA01  
POCONE-BRA02



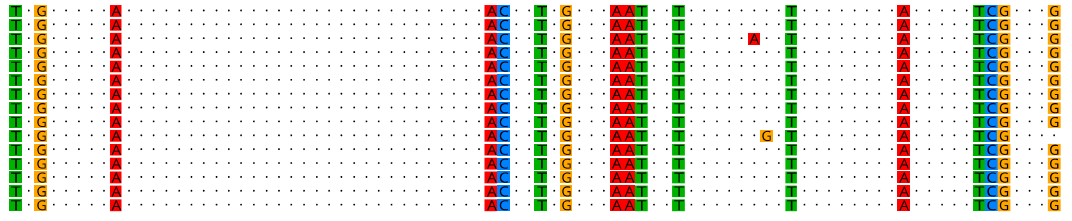
DLV5-10  
DLV18-8  
DLV19-9  
DLV15-16  
DLV2-6  
DLV8-2  
DLV3-A  
DLV7-18  
DLV10-19  
DLV9-7  
DV10-3  
DV31-2  
DV3-5  
DV35-20  
DV117

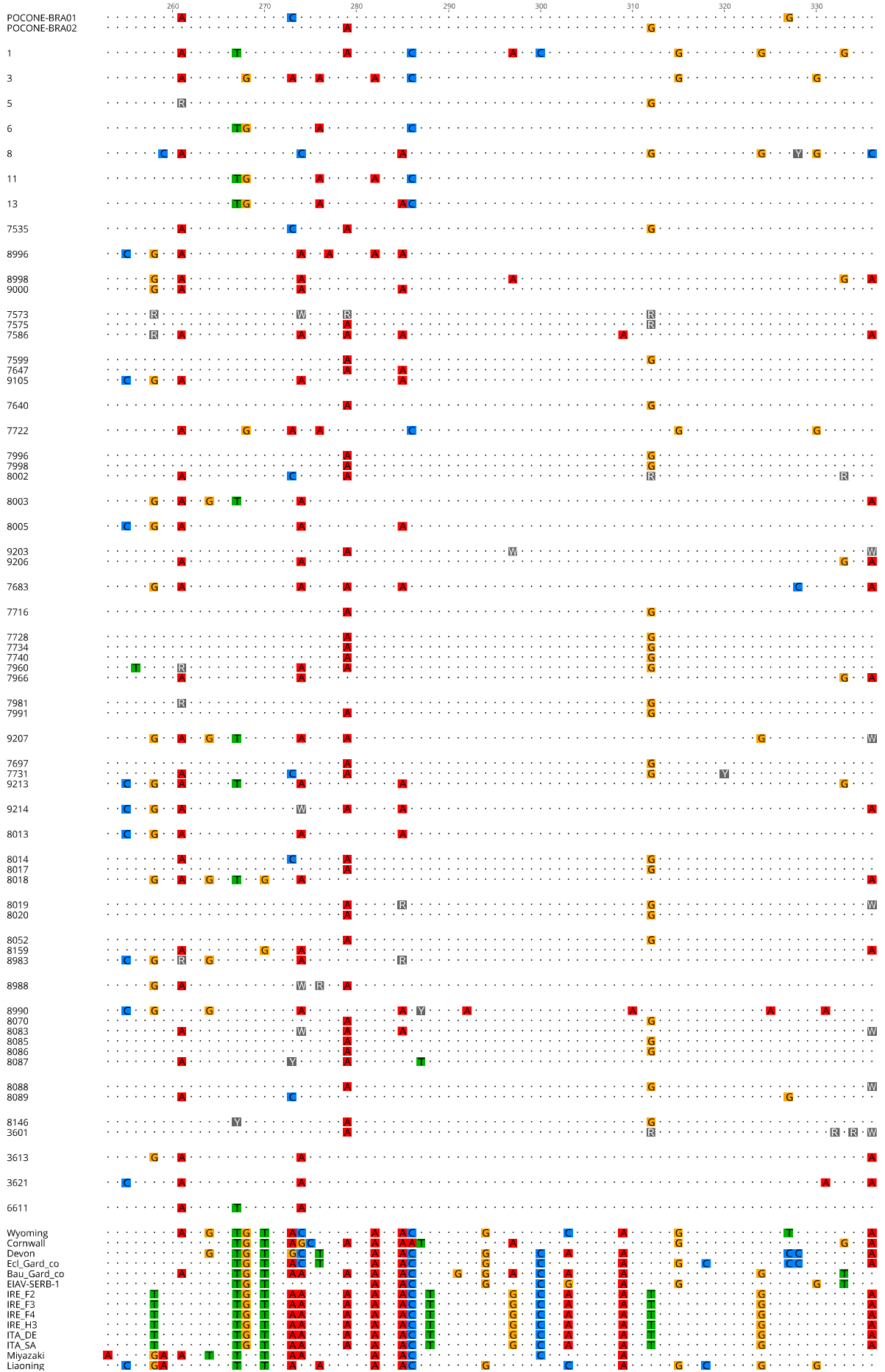


POCONE-BRA01  
POCONE-BRA02

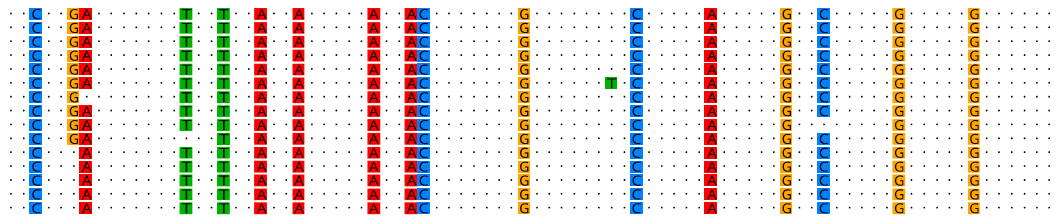


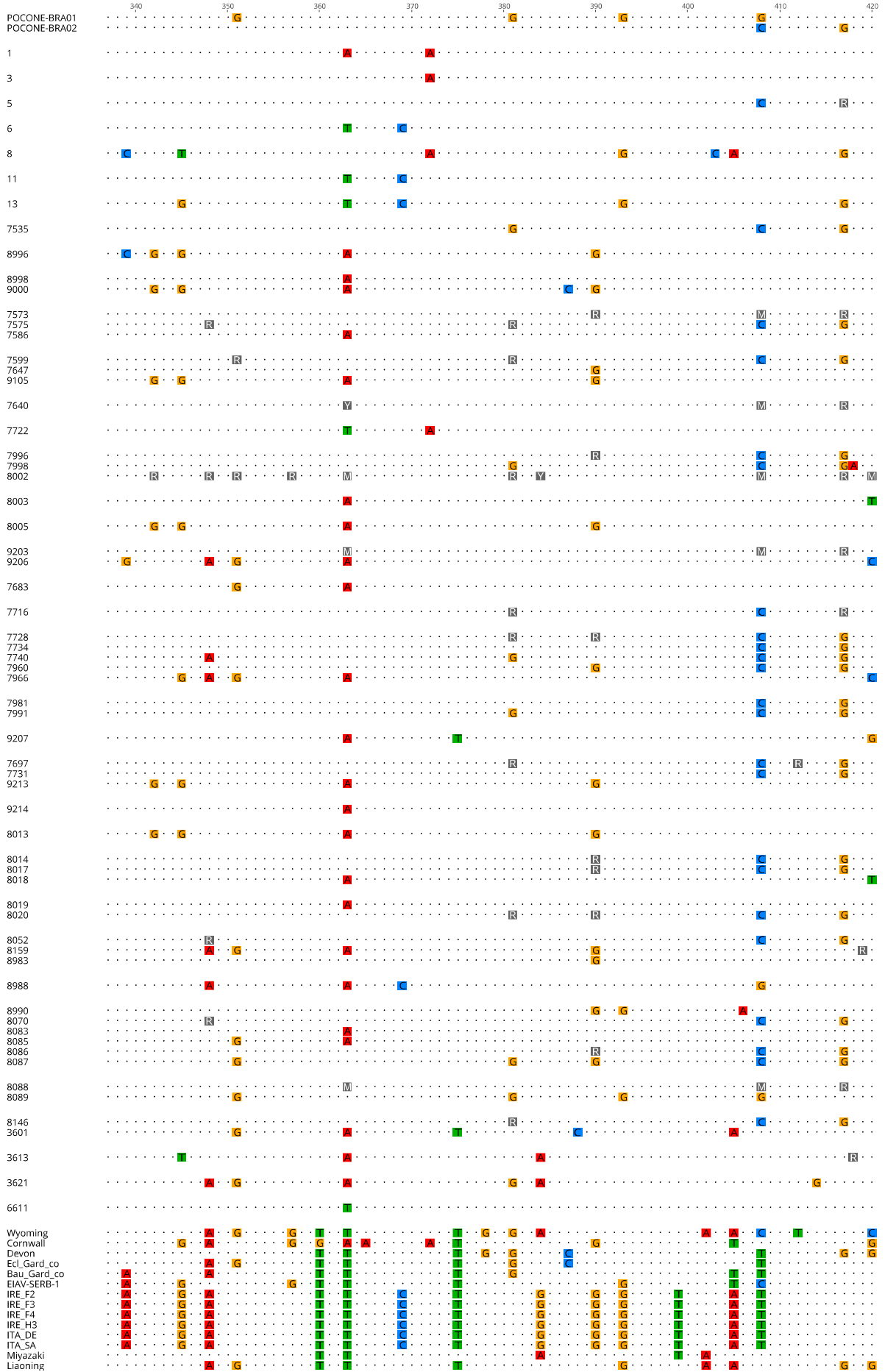
DLV5-10  
DLV18-8  
DLV19-9  
DLV15-16  
DLV2-6  
DLV8-2  
DLV3-A  
DLV7-18  
DLV10-19  
DLV9-7  
DV10-3  
DV31-2  
DV3-5  
DV35-20  
DV117



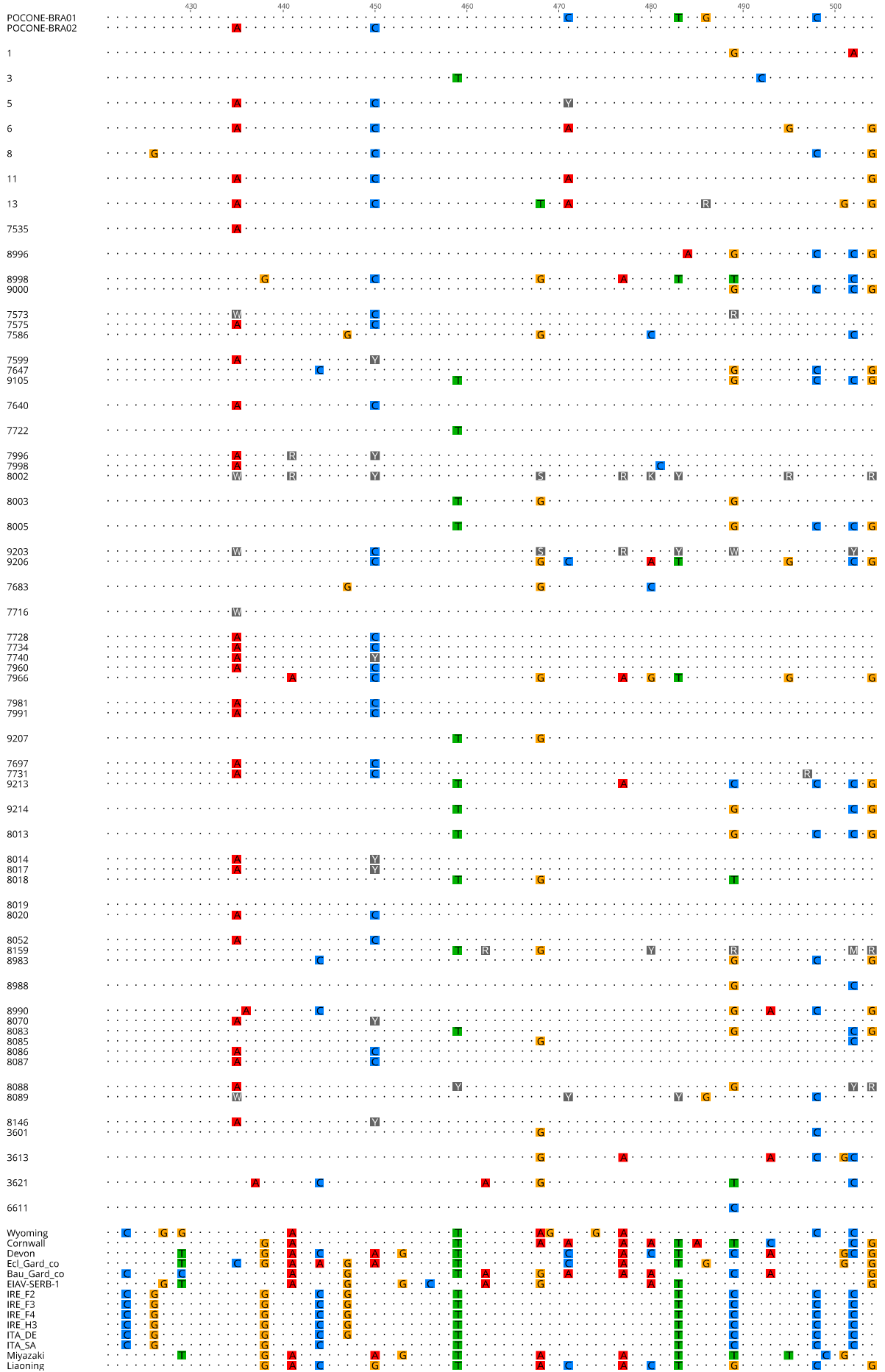


DLV5-10  
DLV18-8  
DLV19-9  
DLV15-16  
DLV2-6  
DLV8-2  
DLV3-A  
DLV7-18  
DLV10-19  
DLV9-7  
DV10-3  
DV31-2  
DV3-5  
DV35-20  
DV117

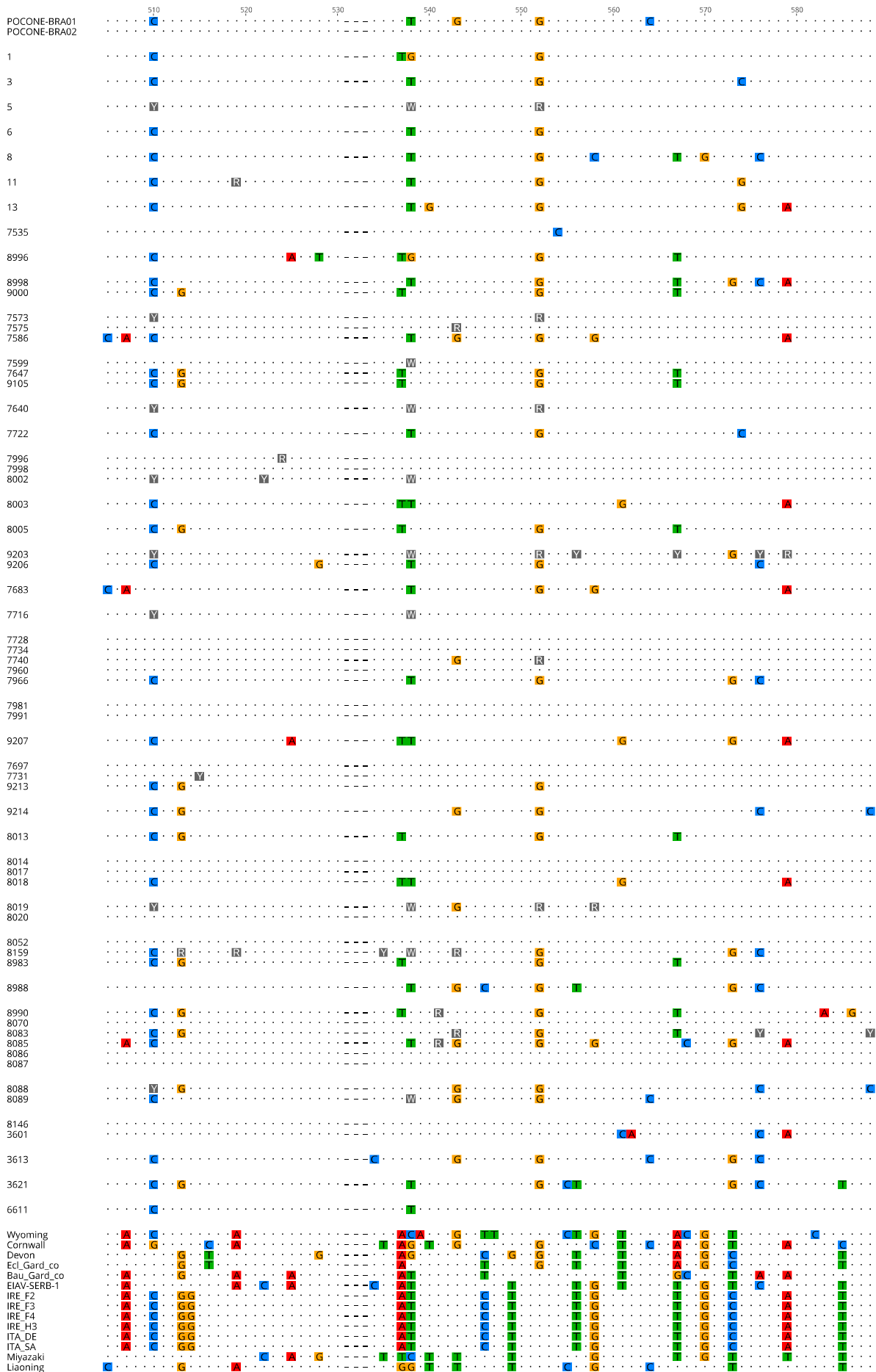




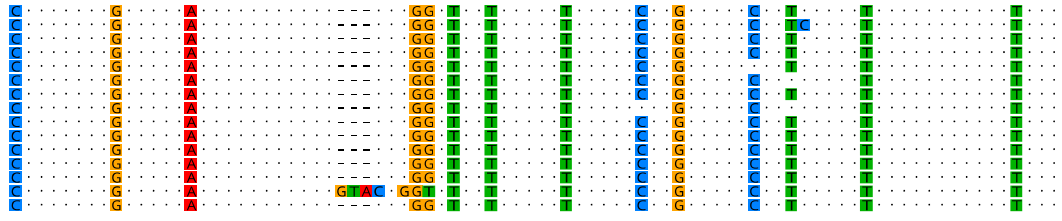


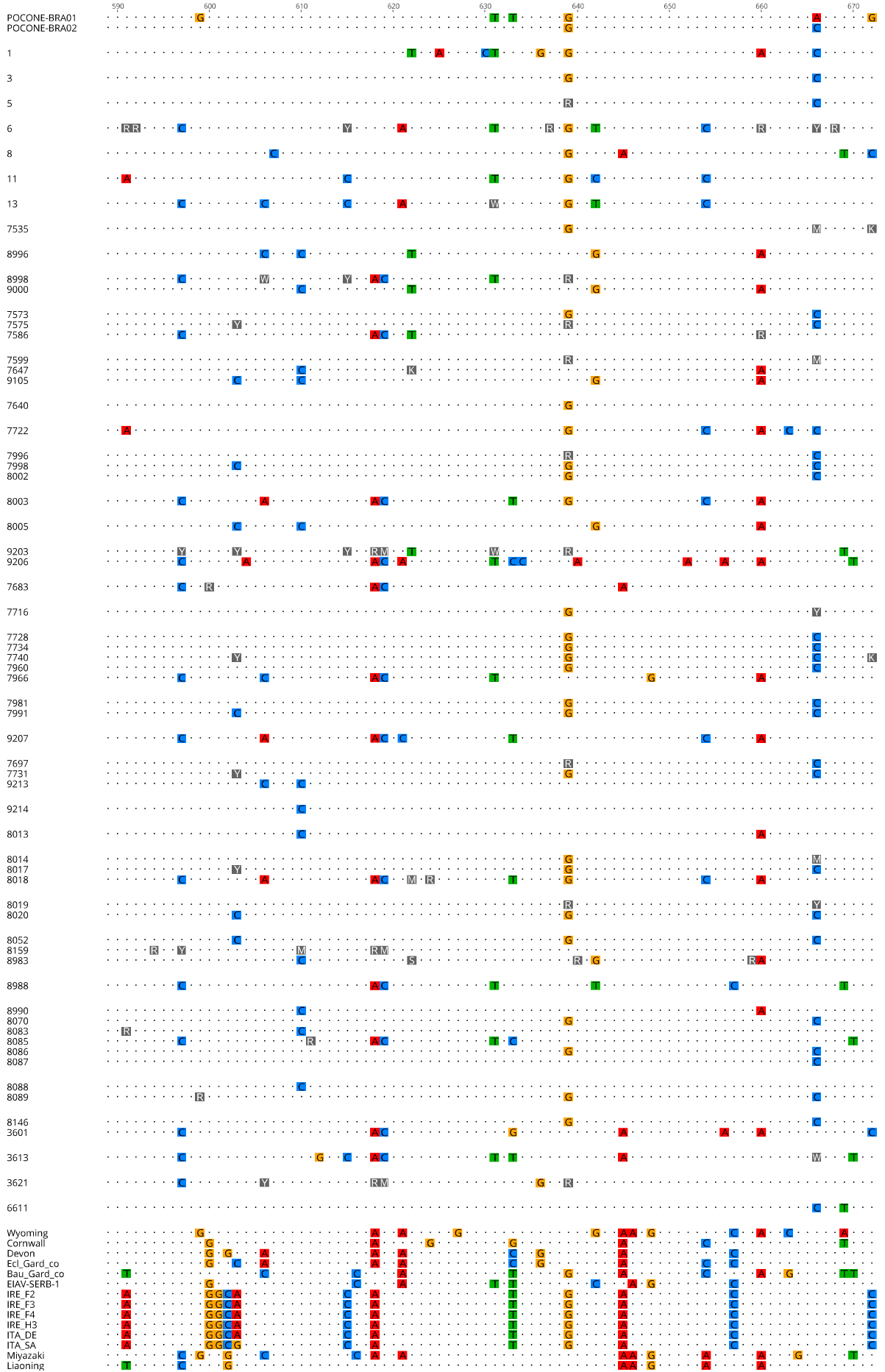




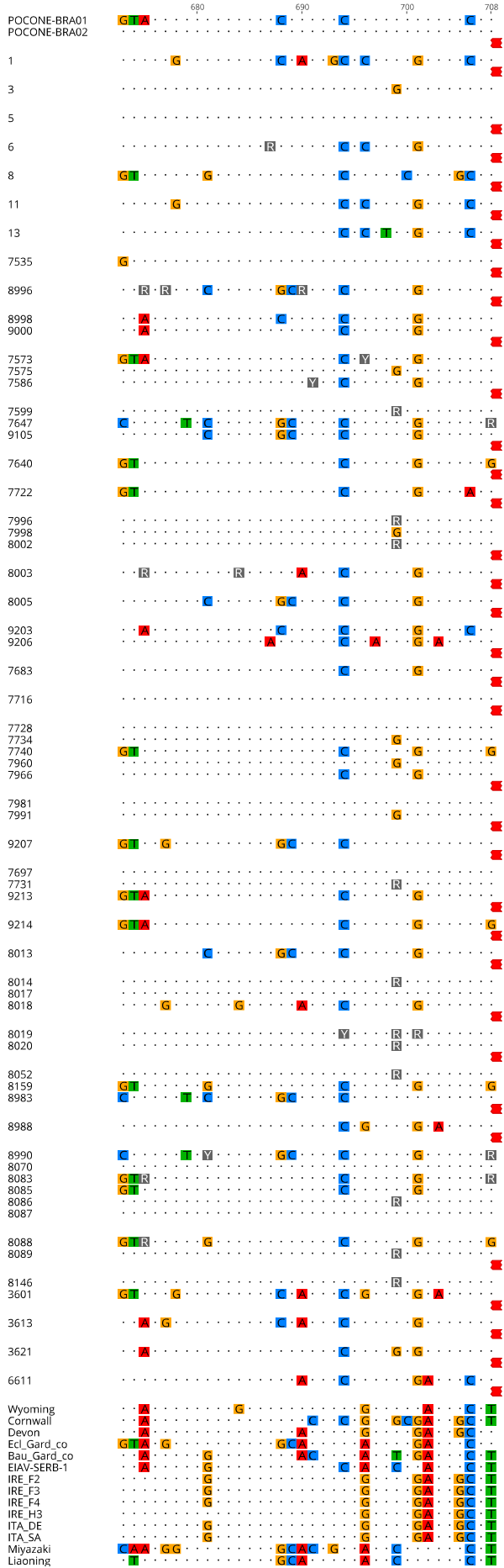


DLV5-10  
DLV18-8  
DLV19-9  
DLV15-16  
DLV2-6  
DLV8-2  
DLV3-A  
DLV7-18  
DLV10-19  
DLV9-7  
DV10-3  
DV31-2  
DV3-5  
DV35-20  
DV117











Legenda:

M: A, C

R: A, C, G, T

S: A, G

Y: C, T

W: A, C, T

**Anexo 2** - Exibe o alinhamento estrutural dos epítomos da p26.

	*	20	*	40	*	60	*	
POCONE-BRA	:	PIMIDGAGNRNFRPLT	PRGYTTWVNTIQQNNLLNEASVNL	FGILSV	DCTSEEMNA	FLDVVPGQAG	QKQVLLD	: 72
POCONE-BRA	:	PIMIDGAGNRNFRPLT	PRGYTTWVNTIQQNNLLNEASVNL	FGILSV	DCTSEEMNA	FLDVVPGQAG	QKQVLLD	: 72
8990_1	:	PIMIDKT-NRNFRLT	PRGYTTWVNTIQQNNLLNEASVNL	FRILSI	DCTSEKINT	FLDVVPGQAG	QKQVLLD	: 71
Miyazaki_1	:	PIITDGGNRNFRPLT	PRGYTTWVNTIQQNNLLSEASTN	LEFGILSV	DCTSEEMNA	FLDVVPGQAG	QKQVLLD	: 72
DV35-20_1	:	PIMIDGAGNRNFRPLT	PRGYTTWVNTIQQNNLLNETSVN	LEFGILSV	DCTSEEMNA	FLDVVPGQAG	QKQVLLD	: 72
DLV9-7_1	:	PIMIDGAGNRNFRPLT	PRGYTTWVNTIQQNNLLNEASVNL	FGILSV	DCTSEEMNA	FLDVVPGQAG	QKQVLLD	: 72
DV117_1	:	PIMIDGAGNRNFRPLT	PRGYTTWVNTIQQNNLLNEASVNL	FGILSV	DCTSEEMNA	FLDVVPGQAG	QKQVLLD	: 72
DV3-5_1	:	PIMIDGAGNRNFRPLT	PRGYTTWVNTIQQNNLLNEASVNL	FGILSV	DCTSEEMNA	FLDVVPGQAG	QKQVLLD	: 72
DV10-3_1	:	PIMIDGAGNRNFRPLT	PRGYTTWVNTIQQNNLLNEASVNL	FGILSV	DCTSEEMNA	FLDVVPGQAG	QKQVLLD	: 72
DV31-2_1	:	PIMIDGAGNRNFRPLT	PRGYTTWVNTIQQNNLLNEASVNL	FGILSV	DCTSEEMNA	FLDVVPGQAG	QKQVLLD	: 72
DLV3-A_1	:	PIMIDGAGNRNFRPLT	PRGYTTWVNTIQQNNLLNEASVNL	FGILSV	DCTSEEMNA	FLDVVPGQAG	QKQVLLD	: 72
DLV8-2_1	:	PIMIDGAGNRNFRPLT	PRGYTTWVNTIQQNNLLNEASVNL	FGILSV	DCTSEEMNA	FLDVVPGQAG	QKQVLLD	: 72
DLV2-6_1	:	PIMIDGAGNRNLRPLT	PRGYTTWVNTIQQNNLLNEASVNL	FGILSV	DCTSEEMNA	FLDVVPGQAG	QKQVLLD	: 72
DLV15-16_1	:	PIMIDGAGNRNFRPLA	PRGYTTWVNTIQQNNLLNEASVNL	FGILSV	DCTSEEMNA	FLDVVPGQAG	QKQVLLD	: 72
DLV19-9_1	:	PIMIDGAGNRNFRPLT	PRGYTTWVNTIQQNNLLNEASVNL	FGILSV	DCTSEEMNA	FLDVVPGQAG	QKQVLLD	: 72
DLV7-18_1	:	PIMIDGAGNRNFRPLT	PRGYTTWVNTIQQNNLLNEASVNL	FGILSV	DCTSEEMNA	FLDVVPGQAG	QKQVLLD	: 72
DLV18-8_1	:	PIMIDGAGNRNFRPLT	PRGYTTWVNTIQQNNLLNEASVNL	FGILSV	NCTSEEMNA	FLDVVPGQAG	QKQVLLD	: 72
Liaoning_1	:	PIMIDGAGNRNFRPLT	PRGYTTWVNTIQQNNLLNEASVNL	FGILSV	DCTSEEMNA	FLDVVPGQAG	QKQVLLD	: 72
DLV5-10_1	:	PIMIDGAGNRNFRPLT	PRGYTTWVNTIQQNNLLNEASVNL	FGILSV	DCTSEEMNA	FLDVVPGQAG	QKQVLLD	: 72
DLV10-19_1	:	PIMIDGAGNRNFRPLT	PRGYTTWVNTIQQNNLLNEASVNL	FGILSV	DCTSEEMNA	FLDVVPGQAG	QKQVLLD	: 72
Cornwall_1	:	PIVIDGAGNRNFRPLT	PRGYTTWVNTIQQNNLLNEASVNL	FGILSV	DCTSEEMNA	FLDVVPGQAG	QKQVLLD	: 72
8159_1	:	PILIDGAGNRNFRPLT	PRGYTTWVNTIQQNNLLNEASVNL	FGILSV	DCTSEEMNA	FLDVVPGQAG	QKQVLLD	: 72
8_1	:	PIMVDGAGNRNFRPLT	PRGYTTWVNTIQQNNLLNEASVNL	FGILSV	DCTSEEMNA	FLDVVPGQAG	QKQVLLD	: 72
3601_1	:	PIMIDGAGNRNFRPLT	PRGYTTWVNTIQQNNLLNEASVNL	FGILSV	DCTSEEMNA	FLDVVPGQAG	QKQVLLD	: 72
7573_1	:	PIMID--GNRNF-S	LT	PRGYTTWVNTIQQNNLLNEASVNL	-FGILSV	DCTSEEMNA	FLDVVPGQAG	QKQVLLD : 68
8983_1	:	PIMIDGAGNRNFRPLT	PRGYTTWVNTIQQNNLLNEASVNL	FGILSV	DCTSEEMNA	FLDVVPGQAG	QKQVLLD	: 72
7647_1	:	PIMIDGAGNRNFRPLT	PRGYTTWVNTIQQNNLLNEASVNL	FGILSV	DCTSEEMNA	FLDVVPGQAG	QKQVLLD	: 72
8083_1	:	PIMIDGAGNRNFRPLT	PRGYTTWVNTIQQNNLLNEASVNL	FG-LSV	DCTSEEMNA	FLDVVPGQAG	QKQVLLD	: 71
9213_1	:	PIMIDGAGNRNFRPLT	PRGYTTWVNTIQQNNLLNEASVNL	FGILSV	DCTSEEMNA	FLDVVPGQAG	QKQVLLD	: 72
9214_1	:	PIMIDGAGNRNFRPLT	PRGYTTWVNTIQQNNLLNEASVNL	FGILSV	DCTSEEMNA	FLDVVPGQAG	QKQVLLD	: 72
8088_1	:	PIMIDGAGNRNFRPLT	PRGYTTWVNTIQQNNLLNEASVNL	FGILSV	DCTSEEMNA	FLDVVPGQAG	QKQVLLD	: 72
7640_1	:	PIMIDGAGNRNFRPLT	PRGYTTWVNTIQQNNLLNEASVNL	FGILSV	DCTSEEMNA	FLDVVPGQAG	QKQVLLD	: 72

7740\_1 : PIMIDGAGNRNFRPLTPRGYTTWVNTIQQNNLLNEASVNLFGILSV DCTSEMNAFLDVVPGQAGQKQVLLD : 72  
Wyoming\_1 : PIMIDGAGNRNFRPLTPRGYTTWVNTIQTNGLLNEASQNLFGILSV DCTSEMNAFLDVVPGQAGQKQVLLD : 72  
EIAV-SERB- : PIIIDGAGNRNFRPLTPRGYTTWVNTIQQNNLLNEASVNLFGILSV DCTSEMNAFLDVVPGQAGQKQVLLD : 72  
6\_1 : PIIIDGAGNRNFRPLTPRGYTTW-NTIQQNNLLNEASVNLFGILSV DCTSEMNAFLDVVPGQAGQKQVLLD : 71  
11\_1 : PIIIDGAGNRNFRPLTPRGYTTWVNTIQQNNLLNEASVNLFGILSV DCTSEMNAFLDVVPGQAGQKQVLLD : 72  
13\_1 : PIMIDGAGNRNFRPLTPRGYTTWVNTIQQNNLLNEASVNLFGILSV DCTSEMNAFLDVVPGQA-QKQVLLD : 71  
1\_1 : PIIIDGGGNRNFRLTPRGYTTWVNTIQQNQLLNEASVNLFGILSV DCTSEMNAFLDVVPGQAGQKQVLLD : 72  
Devon\_1 : PIIVDGAGNRNFRPLTPRGYTTWVNTIQQNNLLNEASVNLFGILST DCTSEMNAFLDVVPGQAGQKQVLLD : 72  
3613\_1 : PIIIDGGGNRNFRLTPRGYTTWVNTIQQNNLLNEASVNLFGILSV DCTSEMNAFLDVVPGQAGQKQVLLD : 72  
Bau\_Gard\_c : PIIIDGAGNRNFRPLTPRGYTTWVNTIQQNNLLNEASVNLFGILSV DCTSEMNAFLDVVPGQAGQKQVLLD : 72  
9206\_1 : PIMIDGAGNRNFRPLTPRGYTTWVNTIQQNNLLNEASVNLFGILSV DCTSEMNAFLDVVPGQAGQKQVLLD : 72  
9203\_1 : PIMIDGAGNRNFRPLTPRGYTTWVNTIQQNNLLNEASVNLFGILSV DCTSEMNAFLDVVPGQAGQKQVLLD : 72  
8089\_1 : PIMIDGAGNRNFRPLTPRGYTTWVNTIQQNNLLNEASVNLFGILSV DCTSEMNAFLDVVPGQAGQKQVLLD : 72  
8002\_1 : PIMIDGAGNRNFRPLTPRGYTTWVNTIQQNN-LNEASVNLFGILSV DCTSEMNAFLDVVPGQAGQKQV-LD : 70  
7716\_1 : PIMIDGAGNRNFRPLTPRGYTTWVNTIQQNNLLNEASVNLFGILSV DCTSEMNAFLDVVPGQAGQKQVLLD : 72  
Ecl\_Gard\_c : PIMIDGAGNRNFRPLTPRGYTTWVNTIQQNNLLNEASVNLFGILSV DCTSEMNAFLDVVPGQAGQKQVLLD : 72  
7728\_1 : PIMIDGAGNRNFRPLTPRGYTTWVNTIQQNN-LNEASVNLFG-LSVDCTSEMNAFLDVVPGQAGQKQVLLD : 70  
7981\_1 : PIMIDGAGNRNFRPLTPRGYTTWVNTIQQNN-LNEASVNLFG-LSVDCTSEMNAFLDVVPGQAGQKQVLLD : 70  
7722\_1 : PIMIDGAGNRNFRPLTPRGYTTWVNTIQQNNLLNEASVNLFGILSV DCTSEMNAFLDVVPGQAGQKQVLLD : 72  
3\_1 : PIMIDGAGNRNFRPLTPRGYTTWVNTIQQNNLLNEASVNLFGILSV DCTSEMNAFLDVVPGQAGQKQVLLD : 72  
7731\_1 : PIMIDGAGNRNFRPLTPRGYTTWVNTIQQNNLLNEASVNLFGILSV DCTSEMNAFLDVVPGQAGQKQVLLD : 72  
7535\_1 : PIMIDGAGNRNFRPLTPRGYTTWVNTIQQNNLLNEASVNLFGILSV DCTSEMNAFLDVVPGQAGQKQV-LD : 71  
8087\_1 : PIMIDGAGNRNFR-LTPRGYTTWVNTIQQNNLLNEASVNLFGILSV DCTSEMNAFLDVVPGQAGQKQVLLD : 71  
8019\_1 : PIMIDGAGNRNFRPLTPRGYTTWVNTIQQNNLLNEASVNLFGILSV DCTSEMNAFLDVVPGQAGQKQVLLD : 72  
7960\_1 : PIMIDGAGNRNFRPLTPRGYTTWVNTIQQNNLLNEASVNLFGILSV DCTSEMNAFLDVVPGQAGQKQVLLD : 72  
7998\_1 : PIMIDGAGNRNFRPLTPRGYTTWVNTIQQNNLLNEASVNLFGILSV DCTSEMNAFLDVVPGQAGQKQVLLD : 72  
5\_1 : PIMIDGAGNRNFRPLTPRGYTTWVNTIQQNNLLNEASVNLFGILSV DCTSEMNAFLDVVPGQAGQKQVLLD : 72  
8146\_1 : PIMIDGAGNRNFRPLTPRGYTTWVNTIQQNNLLNEASVNLFGILSV DCTSEMNAFLDVVPGQAGQKQVLLD : 72  
7697\_1 : PIMIDGAGNRNFRPLTPRGYTTWVNTIQQNNLLNEASVNLFGILSV DCTSEMNAFLDVVPGQAGQKQVLLD : 72  
7996\_1 : PIMIDGAGNRNFRPLTPRGYTTWVNTIQQNNLLNEASVNLFGILSV DCTSEMNAFLDVVPGQAGQKQVLLD : 72  
7599\_1 : PIMIDGAGNRNFRPLTPRGYTTWVNTIQQNNLLNEASVNLFGILSV DCTSEMNAFLDVVPGQAGQKQVLLD : 72  
8014\_1 : PIMIDGAGNRNFRPLTPRGYTTWVNTIQQNNLLNEASVNLFGILSV DCTSEMNAFLDVVPGQAGQKQVLLD : 72  
8052\_1 : PIMIDGAGNRNFRPLTPRGYTTWVNTIQQNNLLNEASVNLFGILSV DCTSEMNAFLDVVPGQAGQKQVLLD : 72  
8086\_1 : PIMIDGAGNRNFRPLTPRGYTTWVNTIQQNNLLNEASVNLFGILSV DCTSEMNAFLDVVPGQAGQKQVLLD : 72

7575\_1 : PIMIDGAGNRNFRPLTPRGYTTWVNTIQQNNLLNEASVNLFGILSV DCTSEMNAFLDVVPGQAGQKQVLLD : 72  
8017\_1 : PIMIDGAGNRNFRPLTPRGYTTWVNTIQQNNLLNEASVNLFGILSV DCTSEMNAFLDVVPGQAGQKQVLLD : 72  
8020\_1 : PIMIDGAGNRNFRPLTPRGYTTWVNTIQQNNLLNEASVNLFGILSV DCTSEMNAFLDVVPGQAGQKQVLLD : 72  
8070\_1 : PIMIDGAGNRNFRPLTPRGYTTWVNTIQQNNLLNEASVNLFGILSV DCTSEMNAFLDVVPGQAGQKQVLLD : 72  
7734\_1 : PIMIDGAGNRNFRPLTPRGYTTWVNTIQQNNLLNEASVNLFGILSV DCTSEMNAFLDVVPGQAGQKQVLLD : 72  
7991\_1 : PIMIDGAGNRNFRPLTPRGYTTWVNTIQQNNLLNEASVNLFGILSV DCTSEMNAFLDVVPGQAGQKQVLLD : 72  
IRE\_F2\_1 : PIMIDGAGNRNFRPLTPRGYTTWVNTIQQNNLLNEASVNLFGILSV DCTSEMNAFLDVVPGQAGQKQVLLD : 72  
IRE\_F4\_1 : PIMIDGAGNRNFRPLTPRGYTTWVNTIQQNNLLNEASVNLFGILSV DCTSEMNAFLDVVPGQAGQKQVLLD : 72  
IRE\_H3\_1 : PIMIDGAGNRNFRPLTPRGYTTWVNTIQQNNLLNEASVNLFGILSV DCTSEMNAFLDVVPGQAGQKQVLLD : 72  
IRE\_F3\_1 : PIMIDGAGNRNFRPLTPRGYTTWVNTIQQNNLLNEASVNLFGILSV DCTSEMNAFLDVVPGQAGQKQVLLD : 72  
ITA\_DE\_1 : PIMIDGAGNRNFRPLTPRGYTTWVNTIQQNNLLNEASVNLFGILSV DCTSEMNAFLDVVPGQAGQKQVLLD : 72  
ITA\_SA\_1 : PIMIDGAGNRNFRPLTPRGYTTWVNTIQQNNLLNEASVNLFGILSV DCTSEMNAFLDVVPGQAGQKQVLLD : 72  
9000\_1 : PILIDGAGNRNFRSLTPRGYTTWVNTIQQNNLLNEASVNLFGILSV DCTSEMNAFLDVVPGQAGQKQVLLD : 72  
8996\_1 : PIMIDGAGNRNFRPLTPRGYTTWVNTIQQNNLLNEASVNLFGILSV DCTSEMNAFLDVVPGQAGQKQVLLD : 72  
3621\_1 : PIIIDGAGNRNFRPLTPRGYTTWVNTIQQNNLLNEASVNLFGILSV DCTSEMNAFLDVVPGQAGQKQVLLD : 72  
8085\_1 : PIMIDGAGNRNFRPLTPRGYTTWVNTIQQNNLLNEASVNLFGILSV DCTSEMNAFLDVVPGQAGQKQVLLD : 72  
8988\_1 : PIMIDGAGNRNFRPLTPRGYTTW-NTIQQNNLLNE-SVNLFGILSV DCTSEMNAFLDVVPGQAGQKQVLLD : 70  
8018\_1 : PIMIDGTGNRNFRSLTPRGYTTWVNTIQQNNLLNEASVNLFGILSV DCTSEMNAFLDVVPGQAGQKQVLLD : 72  
9207\_1 : PIMIDGAGNRNFRPLTPRGYTTWVNTIQQNNLLNEASVNLFGILSV DCTSEMNAFLDVVPGQAGQKQVLLD : 72  
7586\_1 : PI-IDGAGNRNFRPLTPRGYTTWVNTIQQNN-LNEASVNLFGILSV DCTSEMNAFLDVVPGQAGQKQVLLD : 70  
8003\_1 : PI-IDGAGNRNFR-LTPRGYTTWVNTIQQNNLLNEASVNLFGILSV DCTSEMNAFLDVVPGQAGQKQVLLD : 70  
9105\_1 : PIMIDGAGNRNFRPLTPRGYTTWVNTIQQNNLLNEASVNLFGILSV DCTSEMNAFLDVVPGQAGQKQVLLD : 72  
8005\_1 : PIMIDGAGNRNFRPLTPRGYTTWVNTIQQNNLLNEASVNLFGILSV DCTSEMNAFLDVVPGQAGQKQVLLD : 72  
8013\_1 : PIMIDGAGNRNFRPLTPRGYTTWVNTIQQNNLLNEASVNLFGILSV DCTSEMNAFLDVVPGQAGQKQVLLD : 72  
6611\_1 : PIMIDGAGNRNFRPLTPRGYTTWVNTIQQNNLLNEASVNLFGILSV DCTSEMNAFLDVVPGQAGQKQVLLD : 72  
7683\_1 : PIITDGAGNRNFRPLTPRGYTTWVNTIQQNNLLNEASVNLFGILSV DCTSEMNAFLDVVPGQAGQKQVLLD : 72  
8998\_1 : PIMIDGAGNRNFRPLTPRGYTTWVNTIQQNNLLNEASVNLFGILSV DCTSEMNAFLDVVPGQAGQKQVLLD : 72  
7966\_1 : PIMIDGAGNRNFRPLTPRGYTTWVNTIQQNNLLNEASVNLFGILSV DCTSEMNAFLDVVPGQAGQKQVLLD : 72

POCONE-BRA : LLDKMAEDW DNRHPLPNPPLVAPA QGPIPM T ARFIRGLGV PREROMEPAFDQFRQTYRQWI IEAMTEGIKIM : 144  
POCONE-BRA : LLDKIAEDW DNRHPLPNPPLVAPA QGPIPM T ARFIRGLGV PREROMEPAFDQFRQTYRQWI IEAMTEGIKIM : 144  
8990\_1 : LLDKITENW DNRHPLPNPPMVAP-QRPIPM T TRFIRRLRV PREROMEPAFDQFRQTYRQWI IETMTEGIKIM : 142

Miyazaki\_1 : NLEKIAEEWDRRNPFPNPPMVAPPQGPIPMPTARFIRGLGVPRERQMEPAFDQFRQTYRQWIIEAMTEGIKIM : 144  
DV35-20\_1 : NLDKIAEEWDRRHMPNPPPLVAPPQGPIPMPTARFIRGLGVPRERQMEPAFDQFRQTYRQWIIEAMTEGIKIM : 144  
DLV9-7\_1 : NLDKVAEEWDRRHMPNPPPLVAPPQGPIPMPTARFIRGLGVPRERQMEPAFDQFRQTYRQWIIEAMTEGIKIM : 144  
DV117\_1 : NLDKIAEEWDRRHMPNPPPLVAPPQGPIPMPTARFIRGLGVPRERQVEPAFDQFRQTYRQWIIEAMTEGIKIM : 144  
DV3-5\_1 : NLDKIAEEWDRRHMPNPPPLVAPPQGPIPMPTARFIRGLGVPRERQMEPAFDQFRQTYRQWIIEAMTEGIKIM : 144  
DV10-3\_1 : NLDKIAEEWDRRHMPNPPPLVAPPQGPIPMPTARFIRGLGVPRERQMEPAFDQFRQTYRQWIIEAMTEGIKIM : 144  
DV31-2\_1 : NLDKIAEEWDRRHMPNPPPLVAPPQGPIPMPTARFIRGLGVPRERQMEPAFDQFRQTYRQWIIEAMTEGIKIM : 144  
DLV3-A\_1 : NLDKIAEEWDRRHPLPNPPPLVAPPQGPIPMPTARFIRGLGVPRERQMEPAFDQFRQTYRQWIIEAMTEGIKIM : 144  
DLV8-2\_1 : NLDKIAEEWDRRHMPNPPPLVAPPQGPIPMPTARFIRGLGVPRERQMEPAFDQFRQTYRQWIIEAMTEGIKIM : 144  
DLV2-6\_1 : NLDKIAEEWDRRHMPNPPPLVAPPQGPIPMPTARFIRGLGVPRERQMEPAFDQFRQTYRQWIIEAMTEGIKIM : 144  
DLV15-16\_1 : NLDKIAEEWDRRHMPNPPPLVAPPQGPIPMPTARFIRGLGVPRERQMEPAFDQFRQTYRQWIIEAMTEGIKIM : 144  
DLV19-9\_1 : NLDKIAEEWDRRHMPNPPPLVAPPQGPIPMPTARFIRGLGVPRERQMEPAFDQFRQTYRQWIIEAMTEGIKIM : 144  
DLV7-18\_1 : NLDKIAEEWDRRHMPNPPPLVAPPQGPIPMPTARFIRGLGVPRERQMEPAFDQFRQTYRQWIIEAMTEGIKIM : 144  
DLV18-8\_1 : NLDKIAEEWDRRHMPNPPPLVAPPQGPIPMPTARFIRGLGVPRERQMEPAFDQFRQTYRQWIIEAMTEGIKIM : 144  
Liaoning\_1 : NLDKIAEEWDRRHMPNPPPLVAPPQGPIPMPTARFIRGLGVPRERQMEPAFDQFRQTYRQWIIEAMTEGIKIM : 144  
DLV5-10\_1 : NLDKIAEEWDRRHMPNPPPLVAPPQGPIPMPTARFIRGLGVPRERQMEPAFDQFRQTYRQWIIEAMTEGIKIM : 144  
DLV10-19\_1 : NLDKIAEEWDRRHMPNPPPLVAPPQGPIPMPTARFIRGLGVPRERQMEPAFDQFRQTYRQWIIEAMTEGIKIM : 144  
Cornwall\_1 : CLEKIAEDWDRRHPLPNAPAVAPIQGPIPMPTARFIRGLGVPRERQMEPAYDQFRQTYRQWIIDAMTEGIKIM : 144  
8159\_1 : LLDKIAEDWDRRHPLPNPPMVAPAQGPIPMPTARFIRGLGVPRERQMEPAFDQFRQTYRQWIIEAMTEGIKIM : 142  
8\_1 : ILDKIAEDWDRRHPLPNPPPLVAPAQGPIPMPTARFIRG-GVPRDRQMEPAFDQFRQTYRQWIIQAMTEGIKIM : 143  
3601\_1 : LLDKIAEDWDRRHPLPNPPPLVAPAQGPIPMPTARFIRGL--PRERQMEPAFDQFRQTYRQWIIEAMTEGIKIM : 142  
7573\_1 : LLDKIAED-DNRHPLPNPP-VAPAQGPIPMPTARFIRGLGVPRERQMEPAFDQFRQTYRQWIIEAMTEGIKIM : 138  
8983\_1 : LLDKIAEDWDRRHPLPNPPMVAPAQGPIPMPTARFIRGLGVPRERQMEPAFDQFRQTYRQWIIEAMTEGIKIM : 144  
7647\_1 : LLDKIAEDWDN-HPLPNPPPLVAPAQGPIPMPTARFIRGLGVPRERQMEPAFDQFRQTYRQWIIEAMTEGIKIM : 143  
8083\_1 : LLDK-AEDWDRRHPLPNPP-VAPAQGPIPMPTARFIRGLGVPRERQMEPAFDQFRQTYRQWIIEAMTEGIKIM : 141  
9213\_1 : LLDKIAEDWDRRHPLPNPPMVAPAQGPIPMPTARFIRGLGVPRERQMEPAFDQFRQTYRQWIIEAMTEGIKIM : 144  
9214\_1 : LLDKIAEDWDRRHPLPNPP-VAPAQGPIPMPTARFIRGLGVPRERQMEPAFDQFRQTYRQWIIEAMTEGIKIM : 143  
8088\_1 : LLDKIAE-WDN-HPLPNPPPLVAPAQGPIPMPTARFIRGLGVPRERQMEPAFDQFRQTYRQWIIEAMTEGIKIM : 142  
7640\_1 : LLDKIAEDWDN-HPLPNPPPLVAPAQGPIPMPTARFIRGLGVPRERQMEPAFDQFRQTYRQWIIEAMTEGIKIM : 143  
7740\_1 : LLDKIAEDWDN-HPLPNPPPLVAPAQGPIPMPTARFIRGLGVPRERQMEPAFDQFRQTYRQWIIEAMTEGIKIM : 143  
Wyoming\_1 : AIDKIADDWDRRHPLPNAPLVAPPQGPIPMPTARFIRGLGVPRERQMEPAFDQFRQTYRQWIIEAMSEGIKVM : 144  
EIAV-SERB- : LLEKIAEDWDRRHPLPNAPLVAPPQGPIPMPTARFIRGLGVPRERQMEPAFDQFRQTYRQWIIDAMTEGIKVM : 144  
6\_1 : LLDKIAEDWDRRHPLPNAPLVAPPQGPIPMPTARFIRGLGVPRERQMEPAFDQFRQTYRQWIIEAMTEGIKIM : 143  
11\_1 : VLDKIAEDWDRRHPLPNAPLVAPPQGPIPMPTARFIRGLGVPRERQMEPAFDQFRQTYRQWIIEAMTEGIKIM : 144

13\_1 : VLDKIAEDWDNRHPLPNAPLVAPPQGPIPMPTARFIRGLGVPRERQMEPAFDQFRQTYRQWIEAMTEGIKIM : 143  
1\_1 : LLDKIAEDWDNKHPLPNPPLVAPPQGPIPMPTARFIRGLGVPRERQMEPAFDQFRQTYRQWIEAMTEGIKIM : 144  
Devon\_1 : LLEKIAEDWDNRHPLPNAPLVAPPQGPIPMPTARFIRGLGVPRERQMEPAFDQFRQTYRQWIEAMTEGIKIM : 144  
3613\_1 : LLDKIAEDWDNRHPLPNPPMVAPAQGPIPMPTARFIRGLGVPRDRQMEPAFDQFRQTYRQWIEAMTEGIKIM : 143  
Bau\_Gard\_c : LLEKIAEDWDNRHPLPNAPMVAPPQGPIPMPTARFIRGLGVPRERQMEPAFDQFRQTYRQWIIDAMTEGIKIM : 144  
9206\_1 : LLDKMAEDWDNRHPLPNPPMVAPAQGPIPMPTARFIRGLGVPRERQMEPAFDQFRQTYRQWIEAMTEGIKIM : 144  
9203\_1 : LLDKIAEDWDNRHPLPNPPLVAPAQGPIPMPTARFIRGLGVPRERQMEPAFDQFRQTYRQWIEAMTEGIKIM : 144  
8089\_1 : LLDKMAEDWDNRHPLPNPPLVAPAQGPIPMPTARFIRGLGVPRERQMEPAFDQFRQTYRQWIEAMTEGIKIM : 144  
8002\_1 : LLDKIAEDWDNRHPLPNPPLVAPAQGPIPMPTARFIRGLGVPRERQMEPAFDQFRQTYRQWIEAMTEGIKIM : 142  
7716\_1 : LLDKIAEDWDNRHPLPNPPLVAPAQGPIPMPTARFIRGLGVPRERQMEPAFDQFRQTYRQWIEAMTEGIKIM : 144  
Ecl\_Gard\_c : LLDKIAEDWDNRHPLPNAPLVAPPQGPIPMPTARFIRGLGVPRERQMEPAFDQFRQTYRQWIEAMTEGIKIM : 144  
7728\_1 : LLDK-AEDWDN-HPLPNPPLVAPAQGPIPMPTARFIRGLGVPRERQMEPAFDQFRQTYRQWIEAMTEGIKIM : 140  
7981\_1 : LLDK-AEDWDNRHPLPNPPLVAPAQGPIPMPTARFIRGLGVPRERQMEPAFDQFRQTYRQWIEAMTEGIKIM : 141  
7722\_1 : LLDKIAEDWDNRHPLPNAPLVAPPQGPIPMPTARFIRGLGVPRERQMEPAFDQFRQTYRQWIEAMTEGIKIM : 144  
3\_1 : LLDKIAEDWDNRHPLPNAPLVAPPQGPIPMPTARFIRGLGVPRERQMEPAFDQFRQTYRQWIEAMTEGIKIM : 144  
7731\_1 : LLDKIAEDWDN-HPLPNPPLVAPAQGPIPMPTARFIRGLGVPRERQMEPAFDQFRQTYRQWIEAMTEGIKIM : 142  
7535\_1 : LLDKIAEDWDNRHPLPNPPLVAPAQGPIPMPTARFIRGLGVPRERQMEPAFDQFRQTYRQWIEAMTEGIKIM : 143  
8087\_1 : LLDKIAEDWDNRHPLPNPPLVAPVQGPIPMPTARFIRGLGVPRERQMEPAFDQFRQTYRQWIEAMTEGIKIM : 143  
8019\_1 : LLDKIAEDWDN-HPLPNPPLVAPAQGPIPMPTARFIRGLGVPRERQMEPAFDQFRQTYRQWIEAMTEGIKIM : 143  
7960\_1 : LLDKIAEDWDNRHSLPNPPMVAPAQGPIPMPTARFIRGLGVPRERQMEPAFDQFRQTYRQWIEAMTEGIKIM : 144  
7998\_1 : LLDKIAEDWDN-HPLPNPPLVAPAQGPIPMPTARFIRGLGVPRERQMEPAFDQFRQTYRQWIEAMTERIKIM : 143  
5\_1 : L-DKIAEDWDNRHPLPNPPLVAPAQGPIPMPTARFIRGLGVPRERQMEPAFDQFRQTYRQWIEAMTEGIKIM : 143  
8146\_1 : L-DKIAEDWDN-HPLPNPPLVAPAQGPIPMPTARFIRGLGVPRERQMEPAFDQFRQTYRQWIEAMTEGIKIM : 142  
7697\_1 : LLDKIAEDWDN-HPLPNPPLVAPAQGPIPMPTARFIRGLGVPRERQMEPAFDQFRQTYRQWIEAMTEGIKIM : 142  
7996\_1 : LLDKIAEDWDN-HPLPNPPLVAPAQGPIPMPTARFIRGLGVPRERQMEPAFDQFRQTYRQWIEAMTEGIKIM : 143  
7599\_1 : LLDKIAEDWDN-HPLPNPPLVAPAQGPIPMPTARFIRGLGVPRERQMEPAFDQFRQTYRQWIEAMTEGIKIM : 143  
8014\_1 : LLDKIAEDWDNRHPLPNPPLVAPAQGPIPMPTARFIRGLGVPRERQMEPAFDQFRQTYRQWIEAMTEGIKIM : 144  
8052\_1 : LLDKIAEDWDNRHPLPNPPLVAPAQGPIPMPTARFIRGLGVPRERQMEPAFDQFRQTYRQWIEAMTEGIKIM : 144  
8086\_1 : LLDKIAEDWDNRHPLPNPPLVAPAQGPIPMPTARFIRGLGVPRERQMEPAFDQFRQTYRQWIEAMTEGIKIM : 144  
7575\_1 : LLDKIAEDWDN-HPLPNPPLVAPAQGPIPMPTARFIRGLGVPRERQMEPAFDQFRQTYRQWIEAMTEGIKIM : 143  
8017\_1 : LLDKIAEDWDN-HPLPNPPLVAPAQGPIPMPTARFIRGLGVPRERQMEPAFDQFRQTYRQWIEAMTEGIKIM : 143  
8020\_1 : LLDKIAEDWDN-HPLPNPPLVAPAQGPIPMPTARFIRGLGVPRERQMEPAFDQFRQTYRQWIEAMTEGIKIM : 143  
8070\_1 : LLDKIAEDWDN-HPLPNPPLVAPAQGPIPMPTARFIRGLGVPRERQMEPAFDQFRQTYRQWIEAMTEGIKIM : 143  
7734\_1 : LLDKIAEDWDNKHPLPNPPLVAPAQGPIPMPTARFIRGLGVPRERQMEPAFDQFRQTYRQWIEAMTEGIKIM : 144

7991\_1 : LLDKIAEDWDNKHPLPNPPLVAPAQGPIPMTARFIRGLGVPRERQMEPAFDQFRQTYRQWIIEAMTEGIKIM : 144  
 IRE\_F2\_1 : LLDKIAQDWDNAHPLPNAPMVAPPQGPIPMTARFIRGLGVPRERQMEPAFDQFRQTYRQWIIEAMTEGIKIM : 144  
 IRE\_F4\_1 : LLDKIAQDWDNAHPLPNAPMVAPPQGPIPMTARFIRGLGVPRERQMEPAFDQFRQTYRQWIIEAMTEGIKIM : 144  
 IRE\_H3\_1 : LLDKIAQDWDNAHPLPNAPMVAPPQGPIPMTARFIRGLGVPRERQMEPAFDQFRQTYRQWIIEAMTEGIKIM : 144  
 IRE\_F3\_1 : LLEKIAQDWDNAHPLPNAPMVAPPQGPIPMTARFIRGLGVPRERQMEPAFDQFRQTYRQWIIEAMTEGIKIM : 144  
 ITA\_DE\_1 : LLEKIAQDWDNAHPLPNAPMVAPPQGPIPMTARFIRGLGVPRERQMEPAFDQFRQTYRQWIIEAMTEGIKIM : 144  
 ITA\_SA\_1 : LLEKIAQDWDNAHPLPNAPMVAPPQGPIPMTARFIRGLGVPRERQMEPAFDQFRQTYRQWIIEAMTEGIKIM : 144  
 9000\_1 : LLEKIAEDWDNRHPLPNPPMVAPAQGPIPMTARFIRGLGVPRERQMEPAFDQFRQTYRQWIIEAMTEGIKIM : 144  
 8996\_1 : LLDKIAEDWDTRHPLPNPPMMAQAQGPIPMTARFIRGLGVPRERQMEPAFDQFRQTYRQWIIEAMTEGIKIM : 144  
 3621\_1 : LLDKIAEDWDNRHPLPNPPMVAPAQGPIPMTARFIRGLRVPRERQMEPAFDQFRQTYRQWIIEAMTEGIKIM : 144  
 8085\_1 : LLDKIAEDWDNRHPLPNPPLVAPAQGPIPMTARFIRGLGVPRERQMEPAFDQFRQTYRQWIIEAMTEGIKIM : 144  
 8988\_1 : LLDKIAEDWDNRHPLPNPP-VAPAQGPIPMTARFIRGLGVPRERQMEPAFDQFRQTYRQWIIEAMTEGIKIM : 141  
 8018\_1 : LLDKIAEDWDNRHPLPNPPMVAPAQGPIPMTARFIRGLGVPRERQMEPAFDQFRQTYRQWIIEAMTEGIKIM : 144  
 9207\_1 : LLDKIAEDWDNRHPLPNPPMVAPAQGPIPMTARFIRGLGVPRERQMEPAFDQFRQTYRQWIIEAMTEGIKIM : 144  
 7586\_1 : LLDKIAEDWDNRHPLPNPPMVAPAQGPIPMTARFIRGLGVPRERQMEPAFDQFRQTYRQWIIEAMTEGIKIM : 142  
 8003\_1 : LLDKIAEDWDNRHPLPNPPMVAPAQGPIPMTARFIRGLGVPRERQMEPAFDQFRQTYRQWIIEAMTEGIKIM : 142  
 9105\_1 : LLDKIAEDWDNRHPLPNPPMVAPAQGPIPMTARFIRGLGVPRERQMEPAFDQFRQTYRQWIIEAMTEGIKIM : 144  
 8005\_1 : LLDKIAEDWDNRHPLPNPPMVAPAQGPIPMTARFIRGLGVPRERQMEPAFDQFRQTYRQWIIEAMTEGIKIM : 144  
 8013\_1 : LLDKIAEDWDNRHPLPNPPMVAPAQGPIPMTARFIRGLGVPRERQMEPAFDQFRQTYRQWIIEAMTEGIKIM : 144  
 6611\_1 : LLDKIADDWDNRHPLPNPPMVAPAQGPIPMTARFIRGLGVPRERQMEPAFDQFRQTYRQWIIEAMTEGIKIM : 144  
 7683\_1 : LLDKIAEDWDNRHPLPNPPMVAPAQGPIPMTARFIRGLGVPRERQMEPAFDQFRQTYRQWIIEAMTEGIKIM : 144  
 8998\_1 : LLDKIAEDWDNRHPLPNPPMVAPAQGPIPMTARFIRGLGVPRERQMEPAFDQFRQTYRQWIIEAMTEGIKIM : 144  
 7966\_1 : LLDKIAEDWDNRHPLPNPPMVAPAQGPIPMTARFIRGLGVPRERQMEPAFDQFRQTYRQWIIEAMTEGIKIM : 144

\* 160 \* 180 \* 200 \*  
 POCONE-BRA : IGKPKAQNIRQGPKEPYPEFVDRLLSQIKSEGH-SEITKFLTDTLTIQNANEECKNAMRHLRPEDSLEEKL : 215  
 POCONE-BRA : IGKPKAQNIRQGPKEPYPEFVDRLLSQIKSEGH-TEITKFLTDTLTIQNANEECKNAMRHLRPEDTLEEKL : 215  
 8990\_1 : IRKPKAQNIRQGPKEPYPEFIDRLLSQIKSEGH-T-ITKFLTDTLTIQNTDEECKNAMRHLRPEDTLEEKL : 212  
 Miyazaki\_1 : IGKPKAQNIRQGPKEPYPEFVDRLLSQIKSEGH-S-PDITKFLTDTLTIHNANEECRSAMRHLRPEDTLEEKM : 215  
 DV35-20\_1 : IGKPKAQNIRQGPKEPYPEFVDRLLSQIKSEGQYRSDITKFLTDTLTIQNANDECENAMRHLRPEDTLEEKM : 216  
 DLV9-7\_1 : IGKPKAQNIRQGPKEPYPEFIDRLLSQIKSEGH-PADITKFLTDTLTIQNANDECCKNAMRHLRPEDTLEEKM : 215  
 DV117\_1 : IGKPKAQNIRQGPKEPYPEFVDRLLSQIKSEGH-PADITKFLTDTLTIQNANDECCKNAMRHLRPEDTLEEKM : 215  
 DV3-5\_1 : IGKPKAQNIRQGPKEPYPEFVDRLLSQIKSEGH-PADITKFLTDTLTIQNANDECCKNAMRHLRPEDKLEEKM : 215

DV10-3\_1 : IGKPKAQNIRQGPKEPYPEFVDRLLSQIKSEGH-PADITKFLTDTLTIQNANDECKNAMRHLRPEDTLEEKM : 215  
 DV31-2\_1 : IGKPKAQNIRQGPKEPYPEFVDRLLSQIKSEGH-PADITKFLTDTLTIQNANDECKNAMRHLRPEDTLEEKM : 215  
 DLV3-A\_1 : IGKPKAQNIRQGPKEPYPEFIDRLLSQIKSEGH-PADITKFLTDTLTIQNANDECKNAMRHLRPEDTLEEKM : 215  
 DLV8-2\_1 : IGKPKAQNIRQGPKEPYPEFIDRLLSQIKSEGH-PADITKFLTDTLTIQNANDECKNAMRHLRPEDTLEEKM : 215  
 DLV2-6\_1 : IGKPKAQNIRQGPKEPYPEFIDRLLSQIKSEGH-PADITKFLTDTLTIQNANDECKNAMRHLRPEDTLEEKM : 215  
 DLV15-16\_1 : IGKPKAQNIRQGPKEPYPEFIDRLLSQIKSEGH-PADITKFLTDTLTIQNANDECKNAMRHLRPEDTLEEKM : 215  
 DLV19-9\_1 : IGKPKAQNIRQGPKEPYPEFIDRLLSQIKSEGH-PADITKFLTDTLTIQNANDECKNAMRHLRPEDTLEEKM : 215  
 DLV7-18\_1 : IGKPKAQNIRQGPKEPYPEFIDRLLSQIKSEGH-PADITKFLTDTLTIQNANDECKNAMRHLRPEDTLEEKM : 215  
 DLV18-8\_1 : IGKPKAQNIRQGPKEPYPEFVDRLLSQIKSEGH-PADITKFLTDTLTIQNANDECKNAMRHLRPEDTLEEKM : 215  
 Liaoning\_1 : IGKPKAQNIRQGPKEPYPEFVDRLLSQIKSEGH-PADITKFLTDTLTIQNANDECKSAMRHLRPEDTLEEKM : 215  
 DLV5-10\_1 : IGKPKAQNIRQGPKEPYPEFVDRLLSQIKSEGH-PADITKFLTDTLTIQNANDECKNAMRHLRPEDTLEEKM : 215  
 DLV10-19\_1 : IGKPKAQNIRQGPKEPYPEFVDRLLSQIKSEGH-PADITKFLTDTLTIQNANDECKNAMRHLRPEDTLEEKM : 215  
 Cornwall\_1 : IGKPKAQNIRQGPKEPYQDFLDRLLSQIKSEGHSAEITKFLTDTLTIQNANEECKNAMRHLRPEDTLEEKL : 215  
 8159\_1 : IGKPKAQNIRQGPKEPYPEFVDR-LSQIKSEGH---EITKFLTDTLTIQNANEECKNAM-HL-PEDTLEEKL : 208  
 8\_1 : IGKPKAQNIRQGPKEPYPEFVDRLLSQIKSEGH-SEITKFLTDTLTIQNANEECKNALRHLRPEDTLEEKL : 214  
 3601\_1 : IGKPKAQNIRQGPKEPYPEFVDRLLSQIKSEGH-TEITKFLTNTLTIQNANEECKNAMRHLRPEDTLEEKL : 213  
 7573\_1 : -GKPKAQNIRQGPKEPYPEFVDRLLSQIKSEGH-TEITKFLTDTLTIQNANEECKNAMRHLRPEDTLEEKL : 208  
 8983\_1 : IGKPKAQNIRQGPKEPYPEFVDRLLSQIKSEGH-TEITKFLTDTLTIQNANEECKNAMRHLR-EDTLE-KL : 213  
 7647\_1 : IGKPKAQNIRQGPKEPYPEFVDRLLSQIKSEGH-TEITKFLTDTLTIQNANEECKNAMRHLR-EDTLEEKL : 213  
 8083\_1 : IGKPKAQNIRQGPKEPYPEFVDRLLSQIKSEGH-TEITKFLTDTLTIQNANEECKNAMRHLRPEDTLEEKL : 212  
 9213\_1 : IGKPKAQNIRQGPKEPYPDFVDRLLSQIKSEGH-TEITKFLTDTLTIQNANEECKNAMRHLRPEDTLEEKL : 215  
 9214\_1 : IGKPKAQNIRQGPKEPYPEFVDRLLSQIKSEGH-TEITKFLTDTLTIQNANEECKNAMRHLRPEDTLEEKL : 214  
 8088\_1 : IGKPKAQNIRQGPKEPYPEFVDR-LSQIKSEGH-TEITKFLTDTLTIQNANEECKNAMRHLRPEDTLEEKL : 212  
 7640\_1 : IGKPKAQNIRQGPKEPYPEFVDRLLSQIKSEGH--EITKFLTDTLTIQNANEECKNAMRHLRPEDTLEEKL : 213  
 7740\_1 : IGKPKAQNIRQGPKEPYPEFVDRLLSQIKSEGH-TEITKFLTDTLTIQNANEECKNAMRHLRPEDTLEEKL : 214  
 Wyoming\_1 : IGKPKAQNIRQGAKEPYPEFVDRLLSQIKSEGH-QEISKFLTDTLTIQNANEECRNAMRHLRPEDTLEEKM : 215  
 EIAV-SERB- : IGKPKAQNIRQGPKEPYPEFVDRLLSQIKSEGH-SEITKFLTDTLTIQNANEECKNAMRHLRPEDSLEDKM : 215  
 6\_1 : IGKPKAQNIRQGPKEPYPEFVDRLLSQIKSEGH-SEITKFLTDTLTIQNANE-CKNAMRHLRPEDSL-DKL : 212  
 11\_1 : IGKPKAQNIRQGPKEPYPEFVDRLLSQIKSEGH-SEITKFLTDTLTVQNANEECKNAMRHLRPEDSLEDKL : 215  
 13\_1 : IGKPKAQNIRQGPKEPYPEFVDRLLSQIKSEGH-SEITKFLTDTLTVQNANEECKNAMRHLRPED-LEDKL : 213  
 1\_1 : IGKPKAQNIRQGPKEPYPEFVDRILSQIKSEGH-AEITKFLTDTLTIQNANEECKNAMRHLRSKDSLEEKL : 215  
 Devon\_1 : IGKPKAQNIRQGPKEPYPDFIDRLLSQIKSEGH-AEITKFLTDTLTIQNANEECKSAMRHLRPEDTLEEKL : 215  
 3613\_1 : IGKPKAQNIRQGPKEPYPEFIDRLLSQIKSEGH-TEITKFLTDTLTIQNANEECKNAMRHLRPEDSLEEKL : 214  
 Bau\_Gard\_c : IGKPKAQNIRQGPKEPYPDFIDRLLSQIKSEGH-SEITKFLTDTLTIQNANDECKNAMRHLRPEDTLEEKL : 215

9206\_1 : IGKPKAQNIRQGPKEPYPEFVDRLLSQIKSEGH-SEITKFLTDTLTIQNANEECKNTMRHLRPEDSLEEKKL : 215  
 9203\_1 : -GKPKAQNIRQGPKEPYP-FVDR-LSQIKSEGH--EITKF-TDTLTIQNANEECKNAMRHL-SED-LEEKKL : 208  
 8089\_1 : -GKPKAQNIRQGPKEPYPEFVDRLLSQIKSEGH--EITKFLTDTLTIQNANEECK-NAMRHLRPEDTLEEKKL : 212  
 8002\_1 : -GKPKAQNIRQGPKEPYPEFVDRLLSQIKSEGH--EITKFLTDTLTIQNANEECKNAMRHLRPEDTLEEKKL : 211  
 7716\_1 : -GKPKAQNIRQGPKEPYPEFVDRLLSQIKSEGH--EITKFLTDTLTIQNANEECKNAMRHLRPEDTLEEKKL : 213  
 Ecl\_Gard\_c : IGKPKAQNIRQGPKEPYPEFVDRLLSQIKSEGH-TEITKFLTDTLTIQNANEECKNAMRHLRPEDTLEEKKL : 215  
 7728\_1 : IGKPKAQNIRQGPKEPYPEFVDRLLSQIKSEGH-TEITKFLTDTLTIQNANEECKNAMRHLRPEDTLEEKKL : 211  
 7981\_1 : IGKPKAQNIRQGPKEPYPEFVDRLLSQIKSEGH-TEITKFLTDTLTIQNANEECKNAMRHLRPEDTLEEKKL : 212  
 7722\_1 : IGKPKAQNIRQGPKEPYPEFVDRLLSQIKSEGH-SEITKFLTDTLTIQNANEECKNAMRHLRPEDTLEEKKL : 215  
 3\_1 : IGKPKAQNIRQGPKEPYPEFVDRLLSQIKSEGH-SEITKFLTDTLTIQNANEECKNAMRHLRPEDTLEEKKL : 215  
 7731\_1 : IGKPKAQNIRQGPKEPYPEFV-RLLSQ-KSEGH-TEITKFLTDTLTIQNANEECKNAMRHLRPEDTLEEKKL : 211  
 7535\_1 : IGKPKAQNIRQGPKEPYPEFVDRLLSQIKSEGH-TEITKSLTDTLTIQNANEECKNAMRHLRPEDTLEEKKL : 214  
 8087\_1 : IGKPKAQNIRQGPKEPYPEFVDRLLSQIKSEGH-TEITKFLTDTLTIQNANEECKNAMRHLRPEDTLEEKKL : 214  
 8019\_1 : IGKPKAQNIRQGPKEPYPEFVDRLLSQIKSEGH--EITKFLTDTLTIQNANEECKNAMRHLRPEDTLEEKKL : 213  
 7960\_1 : IGKPKAQNIRQGPKEPYPEFVDRLLSQIKSEGH-TEITKFLTDTLTIQNANEECKNAMRHLRPEDTLEEKKL : 215  
 7998\_1 : IGKPKAQNIRQGPKEPHPEFVDRLLSQIKSEGH-TEITKFLTDTLTIQNANEECKNAMRHLRPEDTLEEKKL : 214  
 5\_1 : IGKPKAQNIRQGPKEPYPEFVDRLLSQIKSEGH--EITKFLTDTLTIQNANEECKNAMRHLRPEDTLEEKKL : 213  
 8146\_1 : IGKPKAQNIRQGPKEPYPEFVDRLLSQIKSEGH-TEITKFLTDTLTIQNANEECKNAMRHLRPEDTLEEKKL : 213  
 7697\_1 : IGKPKAQNIRQGPKEPYPEFVDRLLSQIKSEGH-TEITKFLTDTLTIQNANEECKNAMRHLRPEDTLEEKKL : 213  
 7996\_1 : IGKPKAQNIRQGPKEPYPEFVDRLLSQIKS-GHP-TEITKFLTDTLTIQNANEECKNAMRHLRPEDTLEEKKL : 213  
 7599\_1 : IGKPKAQNIRQGPKEPYPEFVDRLLSQIKSEGH--EITKFLTDTLTIQNANEECKNAMRHLRPEDTLEEKKL : 213  
 8014\_1 : IGKPKAQNIRQGPKEPYPEFVDRLLSQIKSEGH-TEITKFLTDTLTIQNANEECKNAMRHLRPEDTLEEKKL : 215  
 8052\_1 : IGKPKAQNIRQGPKEPYPEFVDRLLSQIKSEGH-TEITKFLTDTLTIQNANEECKNAMRHLRPEDTLEEKKL : 215  
 8086\_1 : IGKPKAQNIRQGPKEPYPEFVDRLLSQIKSEGH-TEITKFLTDTLTIQNANEECKNAMRHLRPEDTLEEKKL : 215  
 7575\_1 : IGKPKAQNIRQGPKEPYPEFVDRLLSQIKSEGH-TEITKFLTDTLTIQNANEECKNAMRHLRPEDTLEEKKL : 214  
 8017\_1 : IGKPKAQNIRQGPKEPYPEFVDRLLSQIKSEGH-TEITKFLTDTLTIQNANEECKNAMRHLRPEDTLEEKKL : 214  
 8020\_1 : IGKPKAQNIRQGPKEPYPEFVDRLLSQIKSEGH-TEITKFLTDTLTIQNANEECKNAMRHLRPEDTLEEKKL : 214  
 8070\_1 : IGKPKAQNIRQGPKEPYPEFVDRLLSQIKSEGH-TEITKFLTDTLTIQNANEECKNAMRHLRPEDTLEEKKL : 214  
 7734\_1 : IGKPKAQNIRQGPKEPYPEFVDRLLSQIKSEGH-TEITKFLTDTLTIQNANEECKNAMRHLRPEDTLEEKKL : 215  
 7991\_1 : IGKPKAQNIRQGPKEPYPEFVDRLLSQIKSEGH-TEITKFLTDTLTIQNANEECKNAMRHLRPEDTLEEKKL : 215  
 IRE\_F2\_1 : IGKPKAQNIRQGPKEPYPDFVDRLLSQVKSEGH-SEITKFLTDTLTIQNANEECKAAMRHLRPEDTLEEKKL : 215  
 IRE\_F4\_1 : IGKPKAQNIRQGPKEPYPDFVDRLLSQVKSEGH-SEITKFLTDTLTIQNANEECKAAMRHLRPEDTLEEKKL : 215  
 IRE\_H3\_1 : IGKPKAQNIRQGPKEPYPDFVDRLLSQVKSEGH-SEITKFLTDTLTIQNANEECKAAMRHLRPEDTLEEKKL : 215  
 IRE\_F3\_1 : IGKPKAQNIRQGPKEPYPDFVDRLLSQVKSEGH-SEITKFLTDTLTIQNANEECKAAMRHLRPEDTLEEKKL : 215

ITA\_DE\_1 : IGKPKAQNIRQGPKEPYPDFVDRLLSQVKSEGHP-SEITKFLDRTLTIQNANEECKAAMRHLRPEDTLEEKL : 215  
 ITA\_SA\_1 : IGKPKAQNIRQGPKEPYPDFVDRLLSQVKSEGHP-SEITKFLDRTLTIQNANEECKAAMRHLRPEDTLEEKL : 215  
 9000\_1 : IGKPKAQNIRQGPKEPYPEFVDRLLSQIKSEGHP-TEITKFLDRTLTIQNANEECKNAMRHLRSEDLEEKL : 215  
 8996\_1 : IGKPKAQNIRQGPKEPYTEFVDRLLSQIKSEGHP-AEITKFLDRTLTIQNANEECKNAMRHLRSEDLEEKL : 215  
 3621\_1 : IEKPKAQNIRQGPKEPYPDFVDRLLSQIKSEGHP-SEITKFLDRTLTIQNANEECKNAMRHL-PEDTLEEKL : 214  
 8085\_1 : IGKPKAQNIRQGPKEPYPEFVDRLLSQIKSEGHP-S-ITKFLDRTLTIQNANEECKNAM-HLRPESLEEKL : 213  
 8988\_1 : IGKPKAQNIRQGPKEPYPEFVDRLLSQIKSEGHP-SEITKFLDRTLTIQNANEECKNAMRHLRPESLEDKL : 212  
 8018\_1 : IGKPKAQNIRQGPKEPYPDFVDRLLSQIKSEGHP-SEITKFLDRTLTIQNANEECKNAMRHLR-EDTLEEKL : 214  
 9207\_1 : IGKPKAQNIRQGPKEPYPEFVDRLLSQIKSEGHP-SEITKFLDRTLTIQNANEECKNAMRHLRPEDTLEEKL : 215  
 7586\_1 : IGKPKAQNIRQGPKEPYPEFVDRLLSQIKSEGHP-SEITKFLDRTLTIQNANEECKNAMRHLRSEDLEEKL : 213  
 8003\_1 : IGKPKAQNIRQGPKEPYPEFVDRLLSQIKSEGHP-SEITKFLDRTLTIQNANEECKNAMRHLRPEDTLEEKL : 213  
 9105\_1 : IGKPKAQNIRQGPKEPYPEFVDRLLSQIKSEGHP-TEITKFLDRTLTIQNANEECKNAMRHLRPEDTLEEKL : 215  
 8005\_1 : IGKPKAQNIRQGPKEPYPEFVDRLLSQIKSEGHP-TEITKFLDRTLTIQNANEECKNAMRHLRPEDTLEEKL : 215  
 8013\_1 : IGKPKAQNIRQGPKEPYPEFVDRLLSQIKSEGHP-TEITKFLDRTLTIQNANEECKNAMRHLRPEDTLEEKL : 215  
 6611\_1 : IGKPKAQNIRQGPKEPYPDFVDRLLSQIKSEGHP-SEITKFLDRTLTIQNANEECKNAMRHLRPEDTLEEKL : 215  
 7683\_1 : IGKPKAQNIRQGPKEPYPEFVDRLLSQIKSEGHP-SEITKFLDRTLTIQNANEECKNAMRHLRPEDTLEEKL : 215  
 8998\_1 : IGKPKAQNIRQGPKEPYPDFVDRLLSQIKSEGHP-SEITKFLDRTLTIQNANEECKNAMRHLRPESLEEKL : 215  
 7966\_1 : IGKPKAQNIRQGPKEPYPEFVDRLLSQIKSEGHP-SEITKFLDRTLTIQNANEECKNAMRHLRPESLEEKL : 215

220 \*

POCONE-BRA : YACRDIGTVKQKMALLAKAL : 235  
 POCONE-BRA : YACRDIGTTKQKMMLFAKAL : 235  
 8990\_1 : YACRDIGTPKYKMALLARAL : 232  
 Miyazaki\_1 : YACRDVGSQRQKMALLAKAL : 235  
 DV35-20\_1 : YACRDIGTVKQKMALLAKAL : 236  
 DLV9-7\_1 : YACRDIGTMKQKMALLAKAL : 235  
 DV117\_1 : YACRDIGTVKQKMALLAKAL : 235  
 DV3-5\_1 : YACRDIGTVKQKMALLAKAL : 235  
 DV10-3\_1 : YACRDIGTVKQKMALLAKAL : 235  
 DV31-2\_1 : YACRDIGTVKQKMALLAKAL : 235  
 DLV3-A\_1 : YACRDIGTMKQKMALLAKAL : 235  
 DLV8-2\_1 : YACRDIGTMKQKMALLAKAL : 235  
 DLV2-6\_1 : YACRDIGTMKQKMALLAKAL : 235

DLV15-16\_1 : YACRDIGTMKQKMALLAKAL : 235  
 DLV19-9\_1 : YACRDIGTMKQKMALLAKAL : 235  
 DLV7-18\_1 : YACRDIGTMKQKMALLAKAL : 235  
 DLV18-8\_1 : YACRDIGTMKQKMALLAKAL : 235  
 Liaoning\_1 : YACRDIGTMKQKMALLAKAL : 235  
 DLV5-10\_1 : YACRDIGTMKQKMALLAKAL : 235  
 DLV10-19\_1 : YACRDIGTMKQKMALLAKAL : 235  
 Cornwall\_1 : YACRDIGTTKQKMMLLARAL : 235  
 8159\_1 : YACRDIGTVKQKMMLLARAL : 228  
 8\_1 : YACRDIGTVKQKMMLLAQAL : 234  
 3601\_1 : YAYRDIGTVKQKMMLLARTL : 233  
 7573\_1 : YACRDIGTVKQKMMLLARAL : 228  
 8983\_1 : YAC-DIGTPKYKMALLAKAL : 232  
 7647\_1 : YACRDIGTPKYKMALLARAL : 233  
 8083\_1 : YACRDIGTVKQKMMLLARAL : 232  
 9213\_1 : YACRDIGTVKQKMMLLARAL : 235  
 9214\_1 : YACRDIGTVKQKMMLLARAL : 234  
 8088\_1 : YACRDIGTVKQKMMLLARAL : 232  
 7640\_1 : YACRDIGTVKQKMMLLARAL : 233  
 7740\_1 : YACRDIGTVKQKMMLLARAL : 234  
 Wyoming\_1 : YACRDIGTTKQKMMLLAKAL : 235  
 EIAV-SERB- : YACRDIGTTKQKMMLLAKAL : 235  
 6\_1 : YACRDI-TTKQK-MLLARAL : 230  
 11\_1 : YACRDIGTTKQKMMLLARAL : 235  
 13\_1 : YACRDIGTTKQKMMLLVRAL : 233  
 1\_1 : YACRDIGTTKQKMMLLARAL : 235  
 Devon\_1 : YACRDIGTTKQKMILLARAL : 235  
 3613\_1 : YACRD-GSTRQKMMLLARAL : 233  
 Bau\_Gard\_c : YACREIGSTKQKMILLARAL : 235  
 9206\_1 : YTYRDIGSTKQKIMLLTRTL : 235  
 9203\_1 : YACRDIGTTKQKMMLLARAL : 228  
 8089\_1 : YACRDIGTTKQKMMLFAKAL : 232  
 8002\_1 : YACRDIGTTKQKMMLFAKAL : 231  
 7716\_\_1 : YACRDIGTTKQKMMLFAKAL : 233

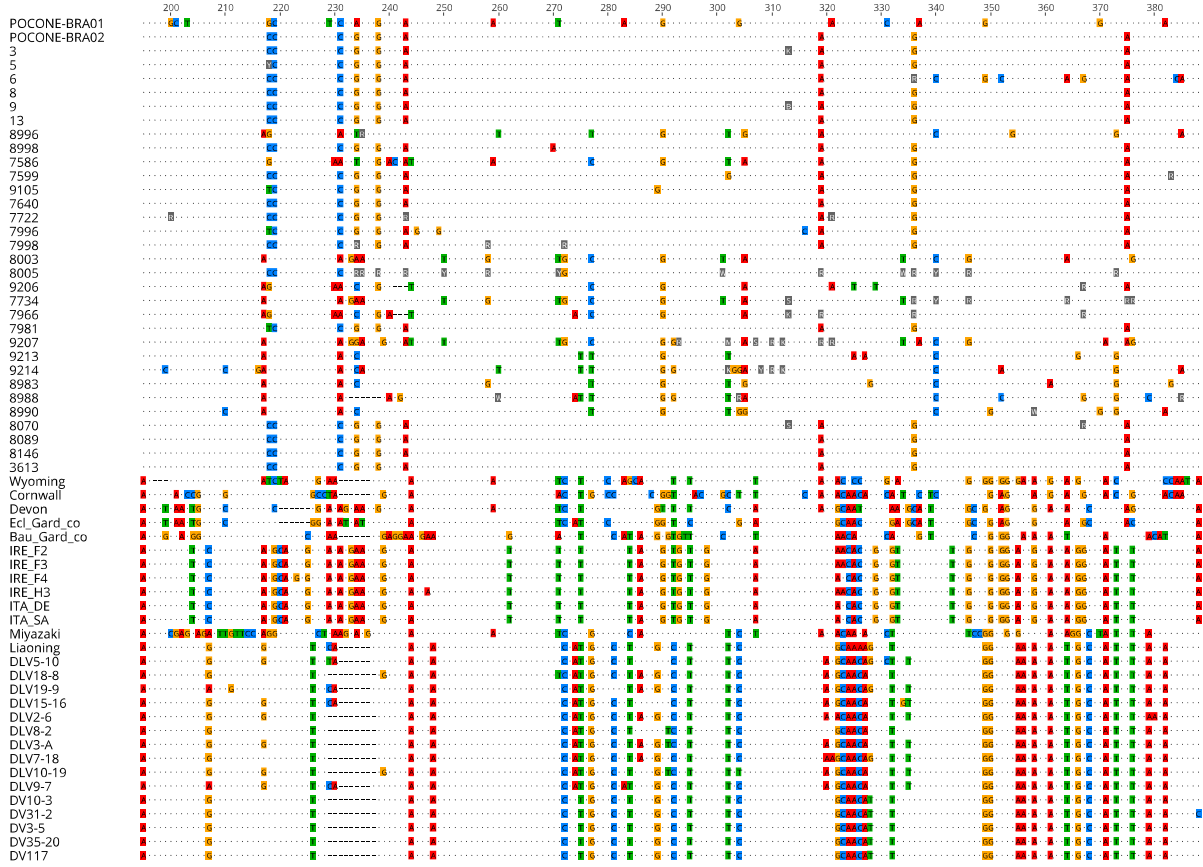
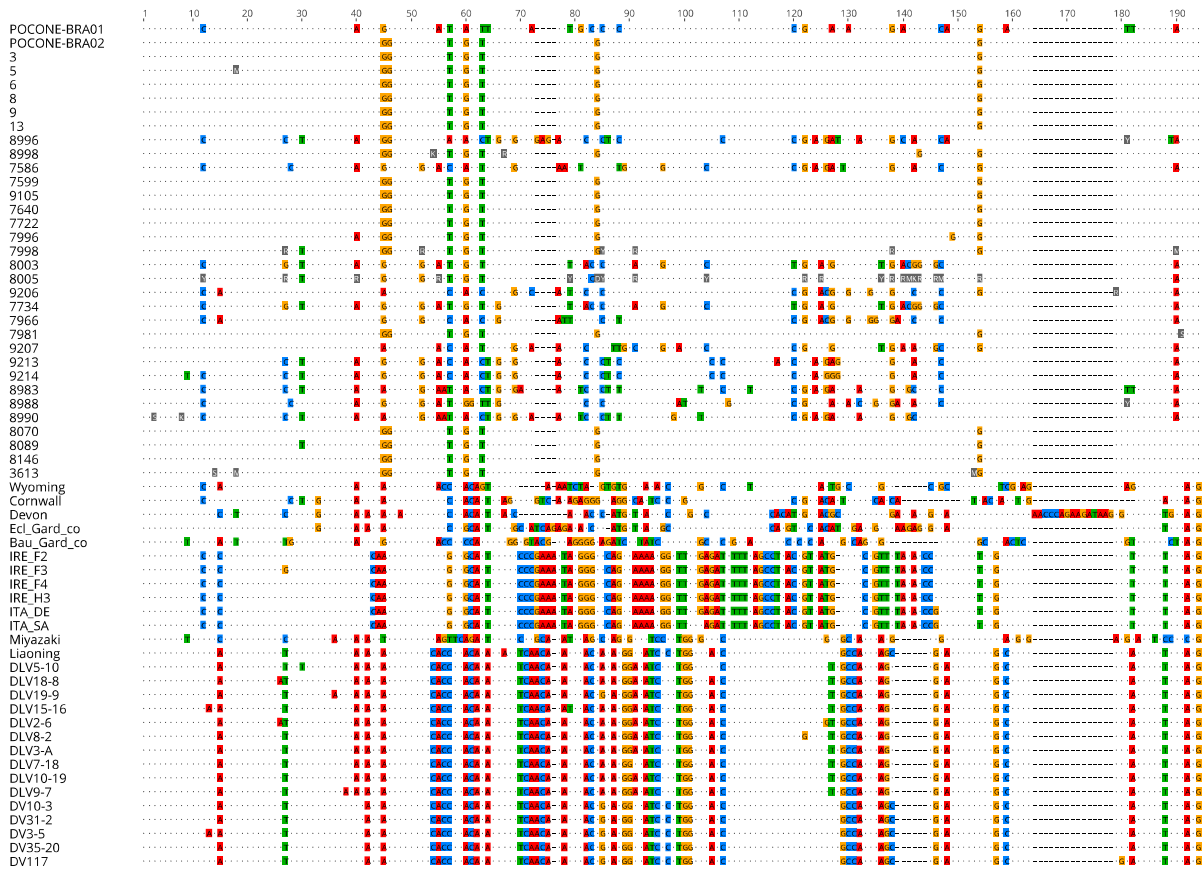
Ecl Gard\_c : YACRDIGTVRQKMALLARAL : 235  
7728\_1 : YACRDIGTTKQKMMLFAKAL : 231  
7981\_1 : YACRDIGTTKQKMMLFAKAL : 232  
7722\_1 : YACRDIGTVKQKMMLLARAI : 235  
3\_1 : YACRDIGTTKQKMMLFAKAL : 235  
7731\_1 : YACRDIGTTKQKMMLFAKAL : 231  
7535\_1 : YACRDIGTAKQKMMLFAKAL : 234  
8087\_1 : YACRDIGTTKQKMMLFAKAL : 234  
8019\_1 : YACRDIGTTKQKMML-A-AL : 231  
7960\_1 : YACRDIGTTKQKMMLFAKAL : 235  
7998\_1 : YACRDIGTTKQKMMLFAKAL : 234  
5\_1 : YACRDIGTTKQKMMLFAKAL : 233  
8146\_1 : YACRDIGTTKQKMMLFAKAL : 233  
7697\_1 : YACRDIGTTKQKMMLFAKAL : 233  
7996\_1 : YACRDIGTTKQKMMLFAKAL : 233  
7599\_1 : YACRDIGTTKQKMMLFAKAL : 233  
8014\_1 : YACRDIGTTKQKMMLFAKAL : 235  
8052\_1 : YACRDIGTTKQKMMLFAKAL : 235  
8086\_1 : YACRDIGTTKQKMMLFAKAL : 235  
7575\_1 : YACRDIGTTKQKMMLFAKAL : 234  
8017\_1 : YACRDIGTTKQKMMLFAKAL : 234  
8020\_1 : YACRDIGTTKQKMMLFAKAL : 234  
8070\_1 : YACRDIGTTKQKMMLFAKAL : 234  
7734\_1 : YACRDIGTTKQKMMLFAKAL : 235  
7991\_1 : YACRDIGTTKQKMMLFAKAL : 235  
IRE\_F2\_1 : YACRDIGTTKQKMMLLARAL : 235  
IRE\_F4\_1 : YACRDIGTTKQKMMLLARAL : 235  
IRE\_H3\_1 : YACRDIGTTKQKMMLLARAL : 235  
IRE\_F3\_1 : YACRDIGTTKQKMMLLARAL : 235  
ITA\_DE\_1 : YACRDIGTTKQKMMLLARAL : 235  
ITA\_SA\_1 : YACRDIGTTKQKMMLLARAL : 235  
9000\_1 : YACRDIGTTKQKMMLLARAL : 235  
8996\_1 : YACRDIGTT-HKMALLARAL : 234  
3621\_1 : YACRDIGTTKQKMMLLARAL : 234

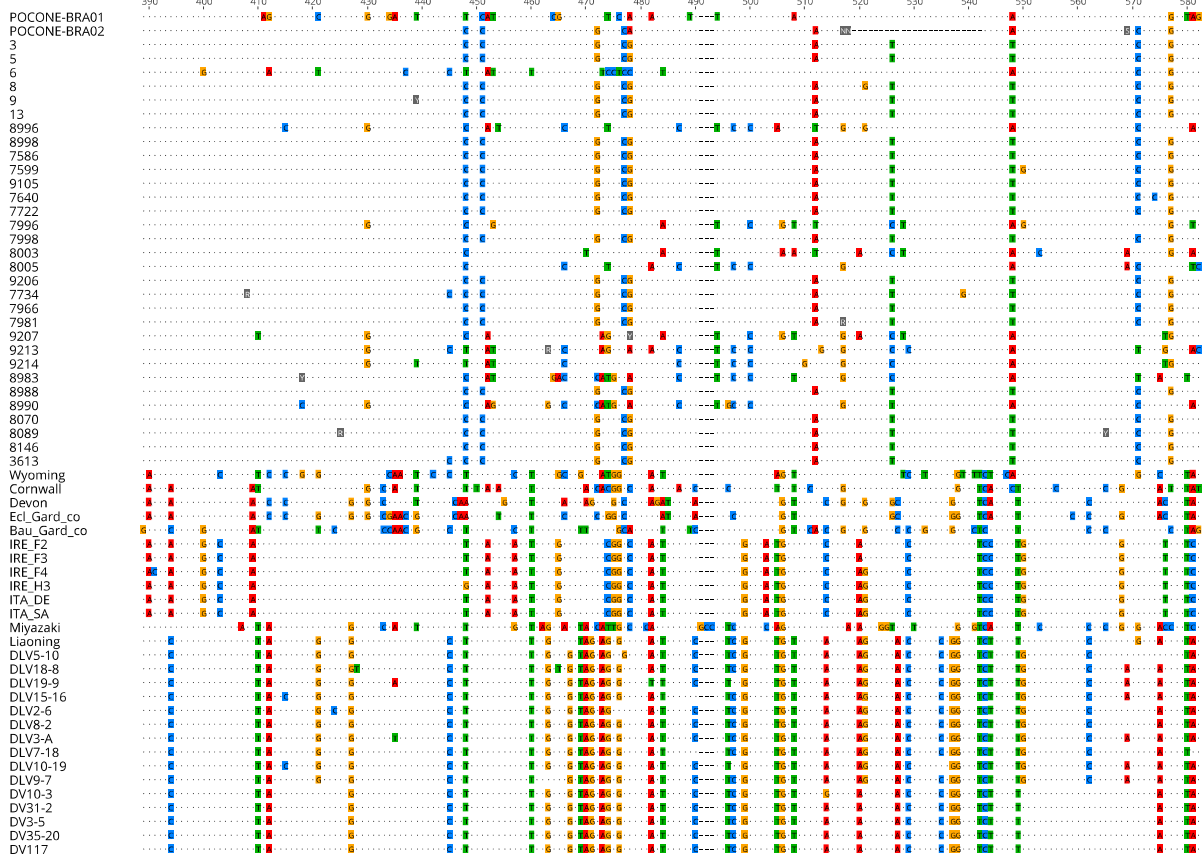
8085\_1 : YACRDIGSVKQKMMLLARAL : 233  
8988\_1 : YACRDIGTTKQKMMLLARTL : 232  
8018\_1 : YACRDIGTTRQKMILLARAL : 234  
9207\_1 : YACRDIGTVRQKMALLAKAL : 235  
7586\_1 : YACRDIGTTKQKMM-LARAL : 232  
8003\_1 : YACRDIGTTKQKMILLARAL : 233  
9105\_1 : YACRDIGTTKHKMALLARAL : 235  
8005\_1 : YACRDIGTTKHKMALLARAL : 235  
8013\_1 : YACRDIGTTKHKMALLARAL : 235  
6611\_1 : YACRDIGTTKQKMILLARAL : 235  
7683\_1 : YACRDIGTTKQKMMLLARAL : 235  
8998\_1 : YACRDIGTTKQKMLLLARAL : 235  
7966\_1 : YACRDIGTTKQKMMLLARAL : 235

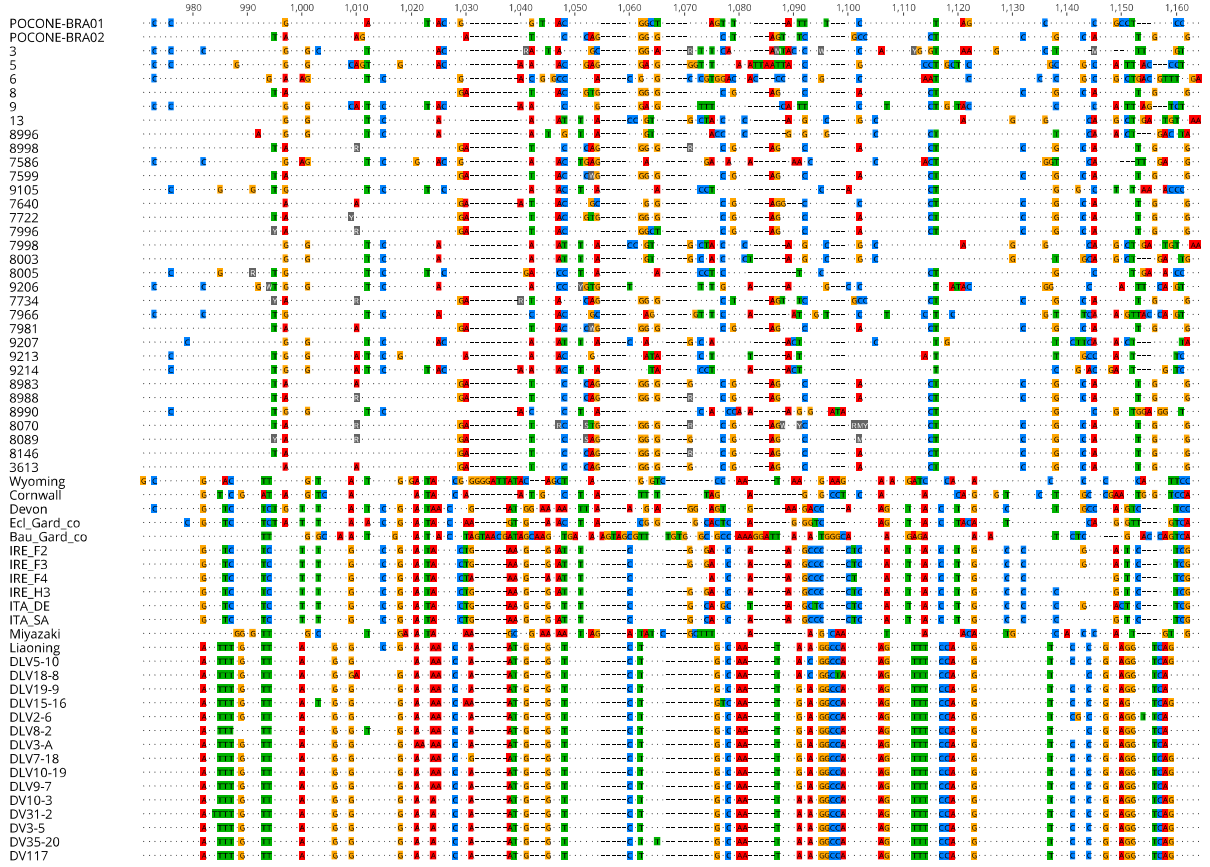
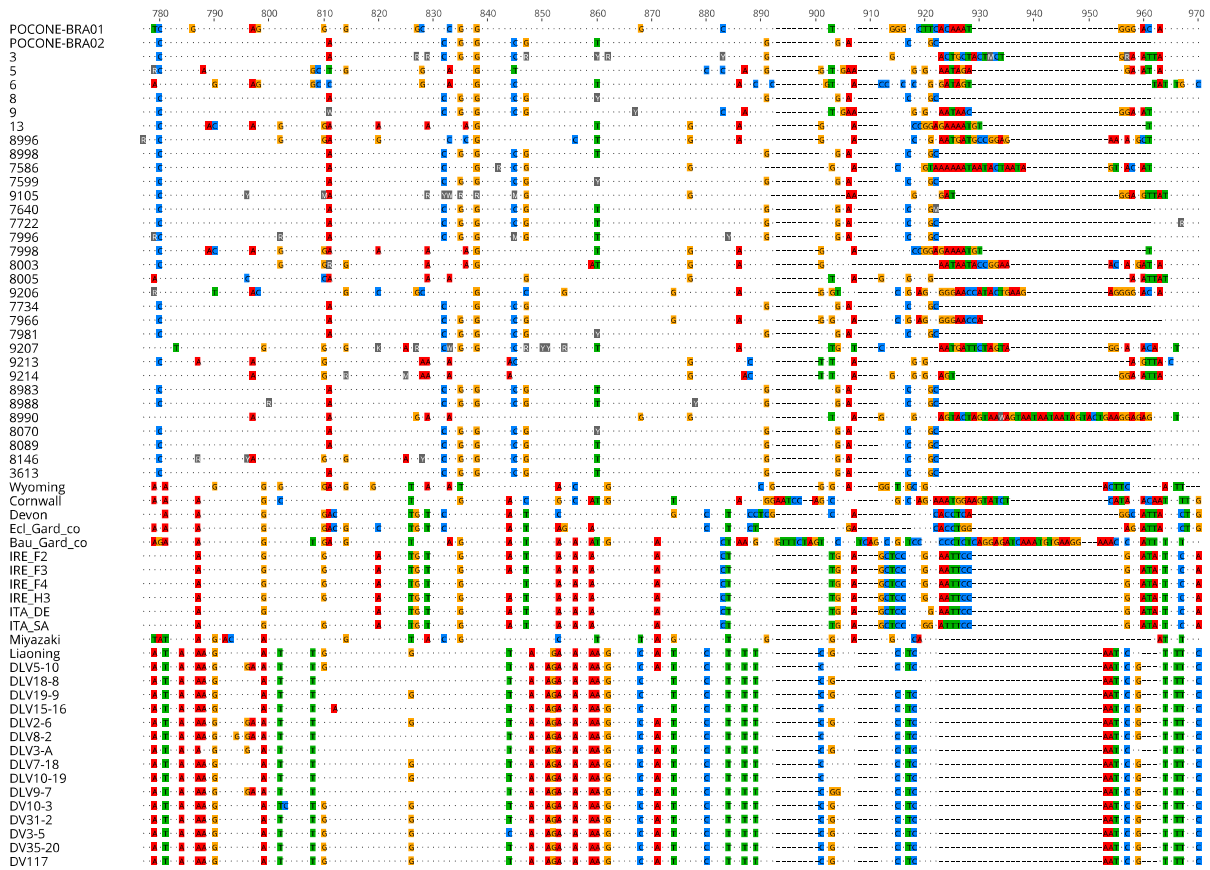
Legenda:

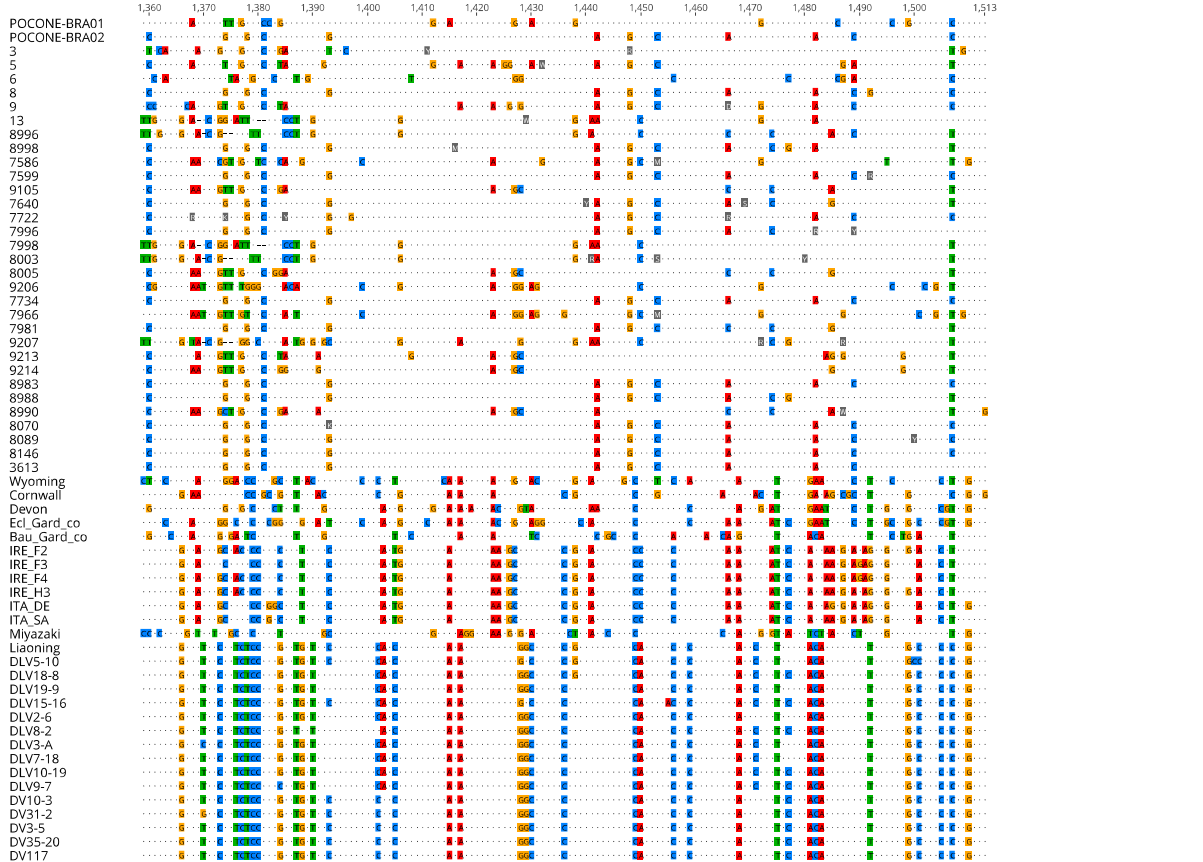
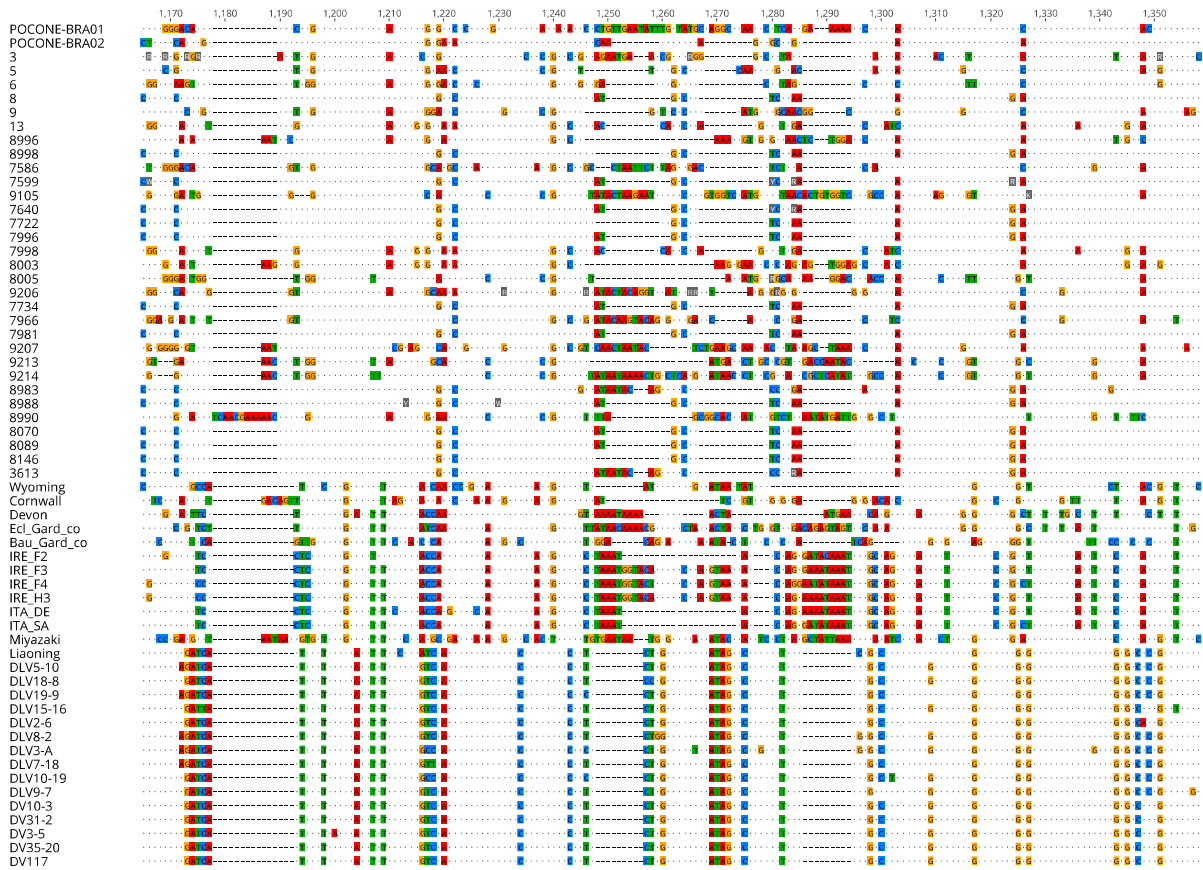
Na cor preta: regiões conservadas

**Anexo 3** - Sequências das 31 amostras alinhadas compatíveis com a região codificadora da gp90 no programa Geneious® pelo alinhamento ClustalW.









Legenda:

M: A, C

R: A, C, G, T

S: A, G

Y: C, T

W: A, C, T

**Anexo 4** - Exibe o alinhamento estrutural dos epítomos da gp90.

```

*          20          *          40          *          60          *
POCONE-BRA01 : MVSIAFYGGIPGGISTPVIQSSEE-AS--HTKGDITFKPYCSDEKSNRNTMAEERD-----SRRERREAY : 62
POCONE-BRA02 : MVSIAFYGGIPGGVSAPIVQSPEE-AT--CTKGDITFKPYCYNDNSNKDKKMAEGRD-----PRDRREMNA : 62
9207 : MVSIAFYGGIPGGVSTPVIQSPEE-TT--YIDGGKILKPYCSDENSNRKKAMAEGRD-----PRERREMNA : 62
9206 : MVSIAFYGGIPGGVSTPVIQSPED-TT--YTKGDITFKPYCSDTKSDRDKTMAEGR-----PRERREMNA : 61
7966 : MVSIAFYGGIPGGVSTPVVQSPEE-IT--YTKGDITFKPYCSDTKSGRDKTMAEGR-----PRERREMNA : 62
8996 : MVSIAFYGGIPGGISAPIVQSSEEETT--YSKGDITFQPYCSEGYNNRQKTMAEGR-----PRVRREMNA : 63
8003 : MVSIAFYGGIPGGISTPVIQSPEE-AT--HTKGGTILKPYCFDKNSNRTEAMAEGRD-----PRERREMNA : 62
13 : MVSIAFYGGIPGGVSAPIVQSPEE-AT--CTKGDITFKPYCYNDNSNKDKKMAEGRD-----PRDRREMNA : 62
7998 : MVSIAFYGGIPGGVSAPIVQSPEE-AT--CTKGDITFKPYCYNDNSN-DKKMAEGRD-----PR-RREMNA : 59
9213 : MVSIAFYGGIPGGISTPVIQSSEE-TT--YSKGDITISQPYYSKGDNSNREKTMAEGRD-----PRERREMNA : 62
9214 : MVSIAFYGGIPGGISTPVIQSSEE-TT--YSKGDITISQPYCSKGDNSNREKTMAEGRD-----PRERRDMNA : 62
6 : MVSIAFYGGIPGGVSAPIVQSPEE-AT--CTKGDITFKPYCYNDNSNKDKKMAEGRD-----PRDRREMNA : 62
8990 : IV-IAFYGGIPGGISTPVNQSSEE-TI--YSKGDAIFKPYCSEGNNNRGKKMAEGRD-----PRERREMNA : 61
8005 : MVSIAFYGGIPGG-STPV-QSPEE-AT---TKGDIT-KPYCY--NSN----MAEGRD-----PRERREMNA : 52
5 : MVSIAYGGIPGGVSAPIVQSPEE-AT--CTKGDITFKPYCYNDNSNKDKKMAEGRD-----PRDRREMNA : 61
7586 : MVSIAFYGGIPGGISTPVIQSPEE-NI--YTEGGTILKPYCSEGISNREKTMAEGRD-----PRERREMNA : 62
3 : MVSIAFYGGIPGGVSAPIVQSPEE-AT--CTKGDITFKPYCYNDNSNKDKKMAEGRD-----PRDRREMNA : 62
9105 : MVSIAFYGGIPGGVSAPIVQSPEE-AT--CTKGDITFKPYCYNDNSNKDKKMAEGRD-----PRDRREMNA : 62
8983 : MVSIAFYGGIPGGISTPVNQSSEK-TI--YSKGDITFQPYCSEGNNNRGKTMAEGRD-----SRRERREMNA : 62
9 : MVSIAFYGGIPGGVSAPIVQSPEE-AT--CTKGDITFKPYCYNDNSNKDKKMAEGRD-----PRDRREMNA : 62
8988 : MVSIAFYGGIPGGISTPVIQASEE-AT--YTKGDNIFRPYCSDEKTSREKTMAEGRD-----PRERREMNA : 62
7996 : MVSIAFYGGIPGGISAPIVQSPEE-AT--CTKGDITFKPYCYNDNSNKDKKVAEGRD-----PRDRREMNA : 62
7734 : MVSIAFYGGIPGGISTPVIQSPEE-AT--HTKGGTILKPYCFDKNSNRTEAMAEGRD-----PRERREMNA : 62
3613 : MVSI--YGGIPGGVSAPIVQSPEE-AT--CTKGDITFKPYCYNDNSNKDKKM-EGRD-----PRDRREMNA : 59
8089 : MVSIAFYGGIPGGVSAPIVQSPEE-AT--CTKGDITFKPYCYNDNSNKDKKMAEGRD-----PRDRREMNA : 62
7640 : MVSIAFYGGIPGGVSAPIVQSPEE-AT--CTKGDITFKPYCYNDNSNKDKKMAEGRD-----PRDRREMNA : 62
8070 : MVSIAFYGGIPGGVSAPIVQSPEE-AT--CTKGDITFKPYCYNDNSNKDKKMAEGRD-----PRDRREMNA : 62
7981 : MVSIAFYGGIPGGVSAPIVQSPEE-AT--CTKGDITFKPYCYNDNSNKDKKMAEGRD-----PRD-REMNA : 61
8 : MVSIAFYGGIPGGVSAPIVQSPEE-AT--CTKGDITFKPYCYNDNSNKDKKMAEGRD-----PRDRREMNA : 62
7599 : MVSIAFYGGIPGGVSAPIVQSPEE-AT--CTKGDITFKPYCYNDNSNKDKKMAEGRD-----PRDRREMNA : 62
7722 : MVSIAFYGGIPGGVSAPIVQSPEE-AT--CTKGDITFKPYCYNDNSNKDKKMAEGRD-----PRDRRE-N : 61
8998 : MVSIAFYGGIPGGVSAPIVQSP-E-AT--CTKGDITFKPYCYNDNSNKDEKMAEGRD-----PRDRREMNA : 60

```

```

8146      : MVSIAFYGGIPGGVVSAPIVQSPEE-AT--CTKGDITFKPYCYNDNSNKDKKMAEGRD-----PRDRREM : 62
Bau_Gard_co : MVSIAFYGGVPPGGISTPITHQPGGTAG--EDQYHTMLQPYCHTNS---QKKMAQDSE-----SRAQEEIR : 60
Miyazaki    : MVSIAFYGGIPGGISTPISSESEQADT--DKRGPMPVFPYCYNGS--NKRRMAEEGKQI--PPEEREELF : 64
Wyoming     : MVSIAFYGGIPGGISTPITQQSEKS----KCEENTMFPYCYNND--SKNSMAESKE-----ARDQEMNL : 59
IRE_F4      : MVSIAFYGGIPGGVQTPIVQQSEPEESKGSEKRDYEIFQPYCYDSS--YKTKMAEGRD-----SRYQEEMI : 63
IRE_H3      : MVSIAFYGGIPGGVQTPIVQQSEPEESKGSEKRDYEIFQPYCYDSS--YKTKMAEGRD-----SRYQEEMI : 63
IRE_F2      : MVSIAFYGGIPGGVQTPIVQQSEPEESKGSEKRDYEIFQPYCYDSS--YKTKMAEGRD-----SRYQEEMI : 63
IRE_F3      : MVSIAFYGGIPGGVQTPIVQQSEPEESKGSEKRDYEIFQPYCYDSS--YKTKMAEGRD-----SRYQEEMI : 63
ITA_DE      : MVSIAFYGGIPGGVQTPIVQQSEPEESKGSEKRDYEIFQPYCYDSS--YKTEMAEGRD-----SRYQEEMI : 63
ITA_SA      : MVSIAFYGGIPGGVQTPIVQQSEPEESKGSEKRDYKIFQPYCYDSS--YKTEMAEGRD-----SRYQEEMI : 63
DLV8-2     : MVSIAFYGGIPGGISTPITQQTESTDT--QKGDHVMVQPYCYDDS--HKEEMAEARD-----TRYQEEMN : 61
DLV18-8    : MVSIAFYGDIPGGISTPITQQTESTDT--QKGDHVMVQPYCYNDS--HKEEMAEARD-----TRYQEEMN : 61
DLV3-A     : MVSIAFYGGIPGGISTPITQQTESTDT--QKGDHVMVQPYCYNDS--HKEEMAEARD-----TRYQEEMN : 61
DLV2-6     : MVSIAFYGDIPGGISTPITQQTESTDT--QKGDHVMVQPYCYNGS--HKEEMAEARD-----TRYQEEMN : 61
DLV5-10    : MVSIAFYGGIPGGISTPITQQTESTDT--QKGDHVMVQPYCYNDS--HKEEMAEARD-----TRYQEEMN : 61
DLV7-18    : MVSIAFYGGIPGGISTPITQQTESTDT--QKGDHVMVQPYCYNDS--HKEEMAEARD-----TRYQEEMN : 61
DLV9-7     : MVSIAFYGGIPGEISTPITQQTESTDT--QKGDHVMVQPYCYNDS--HKEEMAEARD-----TRYQEEMN : 61
DLV15-16   : MVSITFYGGIPGGISTPITQQTESTDT--QKGDHVMVQPYCYNDS--HKEEMAEARD-----TRYQEEMN : 61
DLV19-9    : MVSIAFYGGIPGGISTPITQQTESTDT--QKGDHVMVQPYCYNDS--HKEEMAEARD-----TRYQEEMN : 61
DLV10-19   : MVSIAFYGGIPGGISTPITQQTESTDT--QKGDHVMVQPYCYNDS--HKEEMAEARD-----TRYQEEMN : 61
Liaoning   : MVSIAFYGGIPGGISTPITQQTKSTDT--QKGDHVMVQPYCYNDS--HKAEMAEARD-----TRYQEEMN : 61
DV3-5     : MVSITFYGGIPGGVSTPITQQTESTDT--QKGDHVMVQPYCYNDS--HKAEMAEARD-----TRYQEEMN : 61
DV31-2    : MVSIAFYGGIPGGVSTPITQQTESTDT--QKGDHVMVQPYCYNDS--HKAEMAEARD-----TRYQEEMN : 61
DV117     : MVSIAFYGGIPGGVSTPITQQTESTDT--QKGDHVMVQPYCYNDS--HKAEMAEARG-----TRYQEEMN : 61
DV10-3    : MVSIAFYGGIPGGVSTPITQQTESTDT--QKGDHVMVQPYCYNDS--HKAEMAEARD-----TRYQEEMN : 61
DV35-20   : MVSIAFYGGIPGGVSTPITQQTESTDT--QKGDHVMVQPYCYNDS--HKAEMAEARD-----TRYQEEMN : 61
Cornwall   : MVSIAFYGGLPPGGISTPIVQQSREVTE--GKDSHTIFKPYCSDTISTTGNKMA-----RNQEEKP : 58
Devon      : MVSIAFYGGIPGGISTPIVQQSNN----THDEDTVLKPYHIDTHSNREKKMAEGRNPEDKGPQCQEDKM : 65
Ecl_Gard_co : MVSIAFYGGIPGGISTPIVQQSEQSEK--SYDEGTFIFKPYHVTTYDSKREKMAEGRD-----PRYQEDKM : 63

```

```

6V I YG 6PG P 6 PY 6

```

```

      80          *          100          *          120          *          140
POCONE-BRA01 : LKEDAEENAKKRNDWWKIGMFMLCLMGATGGMLWWYEDVAHPQYIGLITVGGKLEGSGMTSAIECWGKF : 132
POCONE-BRA02 : LKEDPEEKARKRNDWWKIGMFMLCLMGTTGGILWWYEGVAHPRYIGLITVGGKLEESGMTSAIECWGTF : 132

```

9207 : LKEEKEEKEGKGNNDWWKIGMFVLCLMGA-GG-I--YE-VAHPQYIGLITVGGKLEESGMTSAIECWGSF : 127  
 9206 : LKEEEEEKK-TKSNDWWKIGMFMLCLMGATGGIWWYEDVAYPHYIGLITVGGKLEESGMTSAIECWGTF : 130  
 7966 : LKEEEEEKK-TKNNDWWKIGMFILCLMGATGGIWW-YEGVAHP-YIGLITVGGKLEESGMTSAIECWGTF : 129  
 8996 : LKEEEEEKE-KRSNDWWKLGMFMLCLMGATGGLVWWYEGVAHPHYIGLISVGGKLEESGMTSAIECWGTF : 132  
 8003 : LKEEKEEKEEKRSNDWWRIGMFVLCLMGATGGIWWYEGVAHPHYIGLITVGGKLEESGMTSAIECWGTF : 132  
 13 : LKEDPEEKARKRNNDWWKIGMFMLCLMGTTGGILWWYEGVAHPHYIGLITVGGKLEESGMTSAIECWGTF : 132  
 7998 : LKEDPEEKA-KRNNDWW-IGMF-LCLMGTTGGILWWYEGVAHPHYIGLITVGGKLEESGMTSAIECWGTF : 126  
 9213 : LKEEKEEKETKRSNDWWKIGMFMFCLMGATGGLLWWYEGVEHPHYIGLITVGGKLEESGMTSAIECWGTF : 132  
 9214 : LTEGKEEKETKRSNDWWKLGFMFMFCLMGATGG-I--YEGVAHPHYIGLITVGGKLEESGMTSAIECWGTF : 129  
 6 : LKEDPEEKARKRNNDWWKIGMFMLCLMGTTGGILWWYEGVAHP-YIGLITVGGKLEESGMTSAIECWGTF : 131  
 8990 : LTEEKEEKETKRSNDWWKIGMFMLCLMGATGGLVWWYEGVAHPHYIGLITVGGKLEESGMTSAIECWGTF : 131  
 8005 : LKEDPEEKA-KR-NDWW-IGMFVLCLMGTTGGILWWYEGVAHP-YIGLITVGGKLEESGMTSAIECWGTF : 118  
 5 : LKED-EEKARKRNNDWWKIGMFMLCLMGTTGGILWWYEGVAHPHYIGLITVGGKLEESGMTSAIECWGTF : 130  
 7586 : LKEDDEEEKMKNNNDWWKIGMFMLCLMGATGGILWWYEGVAHPHYIGLITVGGKLEESGMTSAIECWGTF : 132  
 3 : LKEDPEEKARKRNNDWWKIGMFMLCLMGTTGGILW-YEGVAHPHYIGLITVGGKLEESGMTSAIECWGTF : 131  
 9105 : LKEDSEEKARKRNNDWWKIGMFMLCLMGTTGGILWWYEGVAHPHYIGLITVGGKLEESGMTSAIECWGTF : 132  
 8983 : LKEEKEEKETKRSNDWWRIGMFMLCLMGATGGLVWWYEGVAHPHYIGLITVGGKLEESGMTSAIECWGTF : 132  
 9 : LKEDPEEKARKRNNDWWKIGMFMLCLMGTTGGILW-YEGVAHPHYIGLITVGGKLEESGMTSAIECWGTF : 131  
 8988 : LKEEKEEK--EKGNDWWK-GMFIFCLMGATGGILWWYEGVAHPHYIGLITVGGKLEESGMTSAIECWGTF : 128  
 7996 : LKEDSEEKARKRNDGWWKIGMFMLCLMGTTGGILWWYEGVAHPHYIGLITVGGKLEESGMTSAIECWGTF : 132  
 7734 : LKEEKEEKEEKRSNDWWRIGMFVLCLMGATGGIWW-YEGVAHP-YIGLITVGGKLE-SGMTSAIECW-TF : 128  
 3613 : LKEDPEEKARKRNNDWWKIGMFMLCLMGTTGGILWWYEGVAHPHYIGLITVGGKLEESGMTSAIECWGTF : 129  
 8089 : LKEDPEEKARKRNNDWWKIGMFMLCLMGTTGGILWWYEGVAHPHYIGLITVGGKLEESGMTSAIECWGTF : 132  
 7640 : LKEDPEEKARKRNNDWWKIGMFMLCLMGTTGGILWWYEGVAHPHYIGLITVGGKLEESGMTSAIECWGTF : 132  
 8070 : LKEDPEEKARKRNNDWWKIGMFMLCLMGTTGGILW-YEGVAHPHYIGLITVGGKLEESGMTSAIECWGTF : 131  
 7981 : LKEDSEEKARKRNNDWWKIGMFMLCLMGTTGGILWWYEGVAHPHYIGLITVGGKLEESGMTSAIECWGTF : 131  
 8 : LKEDPEEKARKRNNDWWKIGMFMLCLMGTTGGILWWYEGVAHPHYIGLITVGGKLEESGMTSAIECWGTF : 132  
 7599 : LKEDPEEKARKRNNDWWKIGMFMLCLMGTTGGVWWYEGVAHPHYIGLITVGGKLEESG-TSAIECWGTF : 131  
 7722 : LKEDPEEKARKR-NDWWKIGMFMLCLMGTTGGILWWYEGVAHPHYIGLITVGGKLEESGMTSAIECWGTF : 129  
 8998 : LKEDPEEKARKRNNDWWKIGMYMLCLMGTTGGILWWYEGVAHPHYIGLITVGGKLEESGMTSAIECWGTF : 130  
 8146 : LKEDPEEKARKRNNDWWKIGMFMLCLMGTTGGILWWYEGVAHPHYIGLITVGGKLEESGMTSAIECWGTF : 132  
 Bau\_Gard\_co : LKED--KEAKKEERNWWKMGLMLCLLGSVGGILWWYEGTAHTQFIGLVAIGGKLGKSHMTGAIECWGSF : 128  
 Miyazaki : QGE---ELKKERRNDWWKIGMFLCLLGTGGFLWWYEGQESHSHYIGPVAVGGGLNGSGMTSAIECWSSF : 131  
 Wyoming : K---EESKEEKRRNDWWKIGMFLCLAGTTGGILWWYEGLPQOHYIGLVAIGGRNLNGSGQSNALIECWGSF : 126

```

IRE_F4      : PKEESKGKEEKGRNDWWKIGMFMLCLLGAAGGILWVYE GAPDVHYIGLVAVGGRLNGSGMTNAIECWGTF : 133
IRE_H3      : PKEESKGKEEKGRKDWKIGMFMLCLLGAAGGILWVYEGTPDVHYIGLVAVGGRLNGSGMTNAIECWGTF : 133
IRE_F2      : PKEESKGKEEKGRNDWWKIGMFMLCLLGAAGGILWVYEGTPDVHYIGLVAVGGRLNGSGMTNAIECWGTF : 133
IRE_F3      : PKEESKGKEEKGRNDWWKIGMFMLCLLGAAGGILWVYEGTPDVHYIGLVAVGGRLNGSGMTNAIECWGTF : 133
ITA_DE      : PKEESKGKEEKGRNDWWKIGMFMLCLLGAAGGILWVYEGAPDVHYIGLVAVGGRLNGSGMTNAIECWGTF : 133
ITA_SA      : PKEESKGKEEKGRNDWWKIGMFMLCLLGAAGGILWVYEGAPDVHYIGLVAVGGRLNGSGMTNAIECWGTF : 133
DLV8-2     : RKED--KED-KRRNNWWKIGMFLLCLLGITGGFLWVYEQQHSHYIGLVTIGGRLNGSGMTSAIECWGSF : 128
DLV18-8    : RKED--KED-KGRNNWWKIGMFLLCLLGTTGGFLWVYERQHSYIGLVTIGGRLNGSGMTSAIECWGSF : 128
DLV3-A     : RKEE--KED-KRRNNWWKIGMFLLCLLGITGGFLWVYERQHSYIGLVTIGGRLNGSGMTSAIECWGSF : 128
DLV2-6     : RKEE--KED-KRRNNWWKIGMFLLCLLGTTGGFLWVYERQHSYIGLVTIGGRLNGSRMTSAIECWGSF : 128
DLV5-10    : RKEE--KEDNKRRNNWWKIGMFLLCLLGTTGGFLWVYERQHSYIGLVTIGGRLNGSGMTSAIECWGSF : 129
DLV7-18    : RKED--KED-KRRNNWWKIGMFLLCLLGTTGGFLWVYERQHSYIGLVTIGGRLNGSGMTSAIECWGSF : 128
DLV9-7     : QKEE--KEDNKRRNNWWKIGMFLLCLLGTTGGFLWVYERQHSYIGLVTIGGRLNGSGMTSAIECWGSF : 129
DLV15-16   : RKEE--KEDNKRRNNWWKIGMFLLCLLGTTGGFLWVYERQHSYIGLVTIGGRLNGSGMTSAIECWGSF : 129
DLV19-9    : QKED--KEDNKRRNNWWKIGMFLLCLLGTTGGFLWVYERQHSYIGLVTIGGRLNGSGMTSAIECWGSF : 129
DLV10-19   : RKEE--KED-KGRNNWWKIGMFLLCLLGITGGFLWVYERQHSYIGLVTIGGRLNGSGMTSAIECWGSF : 128
Liaoning   : RKEE--KEDNKRRNNWWKIGMFLLCLLGTTGGFLWVYEQKHSYIGLVTIGGRLNGSGMTSAIECWGSF : 129
DV3-5     : RKED--KED-KRRNNWWKIGMFLLCLLGTTGGFLWVYEQHSHYIGLVTIGGRLNGSGMTSAIECWGSF : 128
DV31-2    : RKED--KED-KRRNNWWKIGMFLLCLLGTTGGFLWVYEQHSHYIGLVTIGGRLNGSGMTSAIECWGSF : 128
DV117     : RKED--KED-KRRNNWWKIGMFLLCLLGTTGGFLWVYEQHSHYIGLVTIGGRLNGSGMTSAIECWGSF : 128
DV10-3    : RKED--KED-KRRNNWWKIGMFLLCLLGTTGGFLWVYEQHSHYIGLVTIGGRLNGSGMTSAIECWGSF : 128
DV35-20   : RKED--KED-KRRNNWWKIGMFLLCLLGTTGGFLWVYEQHSHYIGLVTIGGRLNGSGMTSAIECWGSF : 128
Cornwall   : LRED--KEEPKGRNDWWKIGMLLLCLMAGTTGLLWVYEQQHTHFIFGLVAVGGKLNKSGQTNAIECWGSF : 126
Devon      : LTED--TEEKRRNDWWKIGMFLLCLMGSTGGLLWVYEQSHKAFIFGLIAVGGKLEESGMTNAIECWGTF : 133
Ecl_Gard_co : LTED--KEDNKRRNDWWKIGMFLLCLMGATGGLWVYEQPHEAFIFGLVAVGGKLEDSGMTNAIECWGTF : 131

```

WW GM CL G 6 YE 5IG 6 6GG L S 3 AIECW F

```

* 160 * 180 * 200 *
POCONE-BRA01 : PGCRPFDNYFSYMTNRRITHVQNNI-VSLLSYHREITYIYKTMCTDSDHCQEYECRNVQLTGNGLKVNI- : 200
POCONE-BRA02 : PGCRPFTNYFSYETNRTIQETNDI-ATLLESYN-----CTDSDHCQ-YECERVRLNGNFSDRI-- : 188
9207         : PGCRPFTNYFSYKTNRTIHRNNET-ASLLEAYHREITFIYKTMCTDSDHCQEYVCE-VKLINETDKINIA : 195
9206         : PGCRPFTNYFSYETNRTIQETNDI-ATLLESYNREITYIYKTMCSDSSDHCQDYECERVRLNGNFSDRIS- : 198
7966         : PGCRPFTNYFSYETNRTIQETNDI-ATLLESYNREITYIYKTMCSDSSDHCQDYECERVQLK---NNI-NV : 194
8996         : PGCRPFTNYFSYNTNRTIHVNNDI-ASLLESYYREVTYIYKTMCTDSDHCQDYECKRINNITNNEISLNI- : 200

```

8003 : PGCRPFTNYFSYETNRTIYENNET-ASLLETYYREITFIYKTMCTDSDHCQKYE CNMVNIDNKVN--II- : 198  
13 : PGCRPFTNYFSYETNRTIQETNDT-ATLLESYNREITYIYKTMCS DSDHCQDYECERVRLN-NFSDRIS- : 199  
7998 : PGCRPFTNYFSYETNRTIQETNDT-ATLLESYNREITYIYKTMCS DSDHCQDYECERVQLNENNSGTVE- : 194  
9213 : PGCRPFTNYFSYMTNRTIHRKNNT-ASLLESYRREITYIYKTMCTDSDHCQDYGCTKINISEHNL----- : 196  
9214 : PGCRPFTNYFSYMTNRTIHENNDT-ASLLESCHREITYIYKTMCTDSDHCQEYVCDMVNMVNMTNMTNS- : 197  
6 : PGCRPFTNYFSYMTNRTIHSSNDT-ATLLESYHREITYIYKTMCTDSDHCQDYECMVVNITREGVLRI : 200  
8990 : PGCRPFTNYFSYRTNRTIHMKNNT-ASLLESYHREITYIYKTMCTDSDHCQDYECKRIGIKSTGDIY--- : 197  
8005 : PGCRPFTNYFSYETNRTIHVNNNT-ASLLESYHREITYIYKTMCTDSDHCQNYECSKVNITGSGGG--- : 184  
5 : PGCRPFTNYFSYETNRTIQETNDT-ATLLESYNREITYIYKTMCS DSDHCQDYECERVQLNEADNNI INV : 199  
7586 : PGCRPFTNYFSYETNRTIQETNDT-ATLLESYNREITYIYKTMCS DSDHCQDYECERVQLNENNSGTVE- : 200  
3 : PGCRPFTNYFSYETNRTIQETNDT-ATLLESYNREITYIYKTMCS DSDHCQDYECERVRLNGNFSDKIS- : 199  
9105 : PGCRPFTNYFSYETNRTIQETNDT-ATLLESYNREITYIYKTMCS DSDHCQDYECERVQLNENNSGTVE- : 200  
8983 : PGCRPFTNYFSYMTNRDIHMKNNT-ASLLESYHREITYIYKTMCTDSDHCQDYKCEKIAIKIINGTK-- : 199  
9 : PGCRPFTNYFSYETNRTIQETNDT-ATLLESYNREITYIYKTMCS DSDHCQDYECERVQLNENNSGTVE- : 199  
8988 : PGCRPFTNYFSYETNRTIQETNDT-ATLLESYNREITYIYKTMCS DSDHCQDYECERVQLKNTSNNI INV : 197  
7996 : PGCRPFTNYFSYGTNRTIHENNET-ASLLEAYYREITFIYKTMCTDSDHCQEYECYKVNIEKDYKIEV-- : 199  
7734 : PGCRPFTNYFSYETNRTIQETNDT-ATLLESYNREITYIYKAMCS DSDHCQDYECERVQLNENNSGTV-- : 195  
3613 : PGCRPFTNYFSYETNRTIQETNDT-ATLLESYNREITYIYKTMCS DSDHCQDYECERVQLNENNSGTV-- : 196  
8089 : PGC-PFTNYFSYETNRTIQETNDT-ATLLESYNREITYIYKTMCS DSDHCQDYECERVQLNEN-SGTV-- : 197  
7640 : PGCRPFTNYFSYETNRTIQETNDT-ATLLESYNREITYIYKTMCS DSDHCQDYECERVQLNENNSGTV-- : 199  
8070 : PGCRPFTNYFSYETNRTIQETNDT-ATLLESYNREITYIYKTMCS DSDHCQDYECERVQLNENNSGTV-- : 198  
7981 : PGCRPFTNYFSYETNRTIQETNDT-ATLLESYNREITYIYKTMCS DSDHCQDYECERVQLNENNSGTV-- : 198  
8 : PGCRPFTNYFSYETNRTIQETNDT-ATLLESYNREVTYIYKTMCS DSDHCQDYECERVQLNENNSGTV-- : 199  
7599 : PGCRPFTNYFSYETNRTIQETNDT-ATLLESYNREITYIYKTMCS DSDHCQDYECERVQLNENNSGTV-- : 198  
7722 : PGCRPFTNYFSYETNRTIQETNDT-ATLLESYNREITYIYKTMCS DSDHCQDYECERV-NGNFSDRI-- : 195  
8998 : PGCRPFTNYFSYETNRTIQETNDT-ATLLESYNREITYIYKTMCS DSDHCQDYECERVRLNGNFSDRI-- : 197  
8146 : PGCRPFTNYFSYETNRTIQETNDT-ATLLESYNREITYIYKTMCS DSDHCQDYECERV-NGNFSDRI-- : 198  
Bau\_Gard\_co : PGCRPFQYFSYETNRTIYEANDT-VTLLEAYNREVTHMYRTSCV DSDHCQEYDCRKVNLREVNLAE-IN : 196  
Miyazaki : PGCRPFNNYFSYETNKTINIDNNTAATLLQAYHRKIGYLYKTS CV DSDHCQEYTCQKFDADKIDNGST-- : 199  
Wyoming : PGCRPFQNYFSYETNRSMHMDNNT-ATLLEAYHREITFIYKSSCTDSDHCQEYQCCKVNLNSSDSSNSVR : 195  
IRE\_F4 : PGCRPFTNYFSYKTNRSIHADNNT-ATLLNAYHREVTYIYKTS CV DSDHCQEYVCQNISMTNKGST--LT : 200  
IRE\_H3 : PGCRPFTNYFSYKTNRSIHADNNT-ATLLNAYHREVTYIYKTS CV DSDHCQEYVCQNISMTDNGNN--I- : 199  
IRE\_F2 : PGCRPFTNYFSYKTNRSIHADNNT-ATLLNAYHREITYIYKTS CV DSDHCQEYVCQVVDMTDKNNT--LT : 200  
IRE\_F3 : PGCRPFTNYFSYKTNRSIHADNNT-ATLLNAYHREITYIYKTS CV DSDHCQEYVCQVVDMTDKNNT--LT : 200

```

ITA_DE      : PGC R P F T N Y F S Y K T N R S I H A D N N T - A T L L N A Y H R E V T Y I Y K T S C V D S D H C Q E Y V C Q A V N M T D G G N T -- L T : 200
ITA_SA      : PGC R P F T N Y F S Y K T N R S I H A D N N T - A T L L N A Y H R E V T Y I Y K T S C V D S D H C Q E Y V C Q V V N M T D R G N T -- L T : 200
DLV8-2     : PGC R P F T N Y F S Y E T N R T V S R D N N T - A T L L D A Y Q R E V T N I Y R T S C V D S D H C Q E Y K C K Q V Q L K K N S N N I I M N : 197
DLV18-8    : PGC R S F T N Y F S Y E T N R I V S R D N N T - A T L L D A Y Q R E V T N I Y R T S C V D S D H C Q K Y K C K Q V Q L E K N S N N I I M N : 197
DLV3-A     : PGC R P F I N Y F S Y E T N R T V S R D N N T - A T L L D A Y Q R E V T N I Y R T S C V D S D H C Q K Y K C K Q V Q L E K N S N N I I I N : 197
DLV2-6     : PGC R P F T N Y F S Y E T N R T V S R N N N T - A T L L D A Y Q R E V T N I Y R T S C V D S D H C Q E Y K C K Q V Q L E K N S N S I I M N : 197
DLV5-10    : PGC R P F T N Y F S Y E T N R T V S R S N N T - A T L L D A Y Q R E V T N I Y R T S C V D S D H C Q E Y E C K Q V Q L E K N S N N I I M N : 198
DLV7-18    : PGC R P F T N Y F S Y E T N R T V S R D N N T - A T L L D A Y Q R E V T N I Y R T S C V D S D H C Q E Y K C E Q V Q L E K N S N N I I M N : 197
DLV9-7     : PGC R P F T N Y F S Y E T N R T V S R D N N T - A T L L D A Y Q R E V T N I Y R T S C V D S D H C Q K Y K C K Q V Q L E K N S N N I I M N : 198
DLV15-16   : PGC R P F T N Y F S Y E T N R T V S R D N N T - A T L L D A Y Q R E V T N I Y R T S C V D S D H C Q K Y K C K Q V Q L E K N S N N I I M N : 198
DLV19-9    : PGC R P F N N Y F S Y E T N R T V S R D N Y T - A T L L D A Y Q R E V T N I Y R T S C V D S D H C Q K Y K C K Q V Q L E K N S N N I I M N : 198
DLV10-19   : PGC R P F T N Y F S Y E T N R T V S R D N N T - A T L L D A Y Q R E V T N I Y R T S C V D S D H C Q K Y K C K Q V Q L E K N S N N I I M N : 197
Liaoning   : PGC R P F T N Y F S Y E T N R T I S R D N N T - A T L L D A Y Q R E V T N I Y R T S C V D S D H C Q E Y K C K Q V Q L R E N S S N I I M N : 198
DV3-5      : PGC R P F T N Y F S Y E T N R T V S R D N N T - A T L L D A Y Q R E I T N I Y R T S C V D S D H C Q E Y K C K Q V Q L K E N S S N I I M N : 197
DV31-2     : PGC R P F T N Y F S Y E T N R T V S R D N N T - A T L L D A Y Q R E I T N I Y R T S C V D S D H C Q E Y K C K Q V Q L K E N S S N I I M N : 197
DV117      : PGC R P F T N Y F S Y E T N R T V S R D N N T - A T L L D A Y Q R E I T N I Y R T S C V D S D H C Q E Y K C K Q V Q L K E N S S N I I M N : 197
DV10-3     : PGC R P F T N Y F S Y E T N R T V S R D N N T - A T L L D A Y Q R E I T N I Y R T S C V D S D H C Q E Y K C K Q V Q L K E N S S N I I M N : 197
DV35-20    : PGC R P F T N Y F S Y E T N R T V S R D N N T - A T L L D A Y Q R E I T N I Y R T S C V D S D H C Q E Y K C K Q V Q L K E N S S N I I M N : 197
Cornwall   : PGC R P F N N Y F S F K T N R T I N T D N N T - A T L L D S Y H R E I T Y I Y K T S C L D S D H C Q E Y N C I K V N I ----- : 185
Devon      : PGC R P F T N Y F Q Y E A N R T I S E T N R S - A T L L E A Y H R E V T H I Y R T S C V D S D H C Q E Y T C K E V T L E L D S N G S H I K : 202
Ecl_Gard_co : PGC R P F E Q Y F Q Y D T N R T I H G T N E S - A T L L E A Y H R E I T H I Y R T S C V D S D H C Q E Y T C N E V I L N K N N T T V H T - : 199
PGC F YF 5 N4 6 N 3 3LL C DSDHCQ Y C

```

```

                220                *                240                *                260                *                280
POCONE-BRA01 : -----SYNTTLDTPYWNFKWLVCNQTENQKAILIPEEEMVQN-DNNTWSPRGCNSTWARVKHCPADLL : 262
POCONE-BRA02 : --S----V-EDNNNSTYWDFTWLLCNQTENKKTILVPEEEMIQYNDNRWAPKGCNDTWAKVKHCPMDLL : 251
9207         : -----Y-T-NSRSTWWGF-WLVCNQTENLKTILVPEEEM-PQ-GNTTWVLKGCNETWARVK-CQ-D-L : 250
9206         : -----VEDNNNSTYWDFTWLLCNQTENKKAIVLPEEEMIQYNDNRW-PKGCNTTWAKVKHCPADLL : 259
7966         : TV-----NN-GNSNTYW-F-WLLCNQTENKKTILVPEEEMILYNG-TTWAPKGCNDTWAKVKHCPMDLL : 254
8996         : -----TFKDPVHWDGNFTWLLCNQTENQKAILIPEEEMIRNDNNNT-APKGCNDTWARVKQCPMDLL : 261
8003         : -----ENSSEWNHTWGFWRWLECNQTENLKTILIPEEEMIQYD-NSTWAPKGCNDTWARVKHCPIDL : 259
13           : -----VEDNNNSTYWDF-W-LCNQTENQKAILIPEEEMIQYN--STWAPKDCNNTWARVKQCPIDL : 257
7998         : -----IS-GNSSTYWNFTWLLCNQTENKKAIVLPEEEMIQYN--STWAPKDCNNTWARVKQCPIDL : 252
9213         : ----TINIGSNSNVSNYWGFNWLLCNQTENQKAILIPEEEMMQY-GNNTWAPKGCNNTWARVKHCPKDI : 261

```

9214 : ---NDISVVNKTNWEAKWGFKWLVCNQ TENRKT I VIPEE EMIQQQDN-TWV PKGCNNTWARVKHC-KDIL : 262  
 6 : ITANVSVILNKTFWEPSWGFRLWLCNQ TENRKA I LIPEE EMQQQSD-DTWI PKGCNSTWAHVKHCPRDIL : 269  
 8990 : -----GGNNTNDTYWGFNWLLCNQ TENQKA I VIPEE EMIQYEN-NTWV PKGCNNTWAKVKHC PVDIL : 258  
 8005 : --S----INLGGN-NT-WGFEWLLCNQ TENQKA I LIPEE EMIQYND--TWI PKGCNDTWATVKHCPI DIL : 244  
 5 : TAS----NNNSDNSAYWNFTWLLCKQ TENKKT I LVPEE EMQD-SDNNTW- PKRCNDTWAHVKHCPRDIL : 263  
 7586 : -----ISGNSSTYWNFTWLLCNQ TENKKT I LVPEE EMIQYNDNRTWAPKGCNDTWAKVKHC PMDLL : 261  
 3 : -----V-EDNNNSTYWDFTWLLCNQ TEDKKA I LVPEE EMIQYNDNRTWAPKGCNDTWAKVKHC P-DLL : 260  
 9105 : -----ISGNSSTYW-FTWLLCNQ TENKKT I LVPEE EMIQYNDNRTWAPKGCNDTWA-VKHC P-D-L : 257  
 8983 : -----ETSGNKTYWGFNWLLCNQ TENQKA I -IPEE EMIQYNG-TTWAPKGCNDTWAKVKHC PMDLL : 258  
 9 : -----ISGNSSTYWNFTWLLCNQ TENKKT I LVPEE EMIQYNDN-TWAPKGCNDTWA-VKHC PMDLL : 258  
 8988 : TVG----N-NSGNSNTYWNFAWLLCNQ TENKKT I LVPEE EMIQYNG-TTWAPKGCND-WAKVKHC PMDLL : 260  
 7996 : --V-----QNNIWNSTWGFKWLKCNQ TENLKT I LIPEE EMIQCGNSTTW- PKGCNDTWAKVKHC PMDLL : 260  
 7734 : --E----I-S-GNSSTYWNFTWLLCDQ TENKKT I LVPEE EMIQYNDNRTWAPKGCNDTWAKVKHC PMDLL : 257  
 3613 : --E----I-S-GNSITYWNFTWLLCNQ TENQK-IL-PEE EMIQYNG-TTWAPKGCNDTWAKVKHC PMDLL : 255  
 8089 : --E----I-S-GNSSTYWNFTWLLCNQ TENKK-ILVPEE EMIQYNG-TTWAPKGCNDTWAKVKHC PMDLL : 257  
 7640 : --E----I-S-GNSSTYWNFTWLLCNQ TENKKT I LVPEE EMIQY-DNRTWAPKGCNDTWAKVKHC PMDLL : 260  
 8070 : --E----I-S-GNSSTYWNFTWLLCNQ TENKKT I LVPEE EMIQYND-RTWAPKGCNDTWAKVKHC PMDLL : 259  
 7981 : --E----I-S-GNSSTYWNFTWLLCNQ TENKKT I LVPEE E-IQYNDNRTWAPKGCNDTWAKVKHC PMDLL : 259  
 8 : --E----I-G-GNSSTYWNFTWLLCNQ TENKKT I LVPEE EMIQYNDNRTWAPKGCNDTWAKVKHC PMDLL : 261  
 7599 : --E----I-S-GNSSTYWNFTWLLCNQ TENKKT I LVPEE EMIQYNDNRTWAPKGCNDTWAKVKHC PMDLL : 260  
 7722 : --S----V-EDNNNSTYWDFTWLLCNQ TENQKA I LIPEE EMIQYNDNRTWAPKGCNDTWAKVKHC PMDLL : 258  
 8998 : --S----V-EDNNNSTYWDFTWLLCNQ TENKKT I LVPEE EMIQYNDNRTWAPKGCNDTWAKVKHC PMDLL : 260  
 8146 : --S----V-EDNNNSTYWDFTWLLCNQ TENKKT I LVPEE EMIQYNDNR-WAPKGCNNTWARVKHCQ-DLL : 259  
 Bau\_Gard\_co : I-----QVEPNETVSCWGFQWLECNQ TEGITT I LVPRE EMIQNSN-STWRP KGCNETWARVKHC PMDML : 259  
 Miyazaki : -----TINITIISP FNLLCNL TEKAKT I VVPEQ EMVNIS--NSWY PKGYNETWAKVKHCPI DILL : 257  
 Wyoming : V-----EDVMNTAEYWGFQWLECNQ TENFKT I LVPEN EMVNINDTDTWI PKGCNETWARVKRCPIDIL : 258  
 IRE\_F4 : I-----NITGDGTDYWGFQWLECNQ TENAKT M VVPI NEMVQIDN-SSWV PKGCNETWARVKQCPVDLL : 262  
 IRE\_H3 : -----IITGNGTDYWGFQWLECNQ TENAKT I VVPI NEMVQIDN-SSWV PKGCNETWARVKQCPVDLL : 260  
 IRE\_F2 : I-----SITGNGTDYWGFQWLECNQ TENAKT I VVPI NEMVRIDNSSWV PKGCNETWARVKQCPVDLL : 263  
 IRE\_F3 : I-----SITGNGTDYWGFQWLECNQ TENAKT I VVPI NEMVRIDNSSWV PKGCNETWARVKQCPVDLL : 263  
 ITA\_DE : I-----SITGNRTDYWGFRLWLCNQ TENAKT I VVPI NEMVQIDNSSWV PKGCNETWAKVKQCPVDLL : 263  
 ITA\_SA : I-----SITGNGTDYWGFQWLECNQ TENAKT I VVPM NEMVQIDNSSWV PKGCNETWARVKQCPVDLL : 263  
 DLV8-2 : -----NCSNNSCEEFWGFQWLECNQ TENAIT I LVPEV EMQQS-K-NTWI PKRCEKTWAKVKHC PMDLL : 258  
 DLV18-8 : -----NCSNNSCEEFWGFNWLECNQ TENAIT I LVPEV EMQQR-K-NTWI PKRCNETWAKVKHC PMDLL : 258

```

DLV3-A      : -----NCSNNSCEEFWGFFSWLECNQTESAITILVPEVEMQQR-K-NTWIPKGCKETWAKVKHCPMDLL : 258
DLV2-6      : -----NCSNNSCEEFWGFFNWLECNQTENAITILVPEVEMQQR-K-NTWIPKRCKKTWAKVKHCPMDLL : 258
DLV5-10     : -----NCSNNSCEEFWGFFNWLECNQTENAITILVPEVEMQQR-K-NTWIPKRCKKTWARVKHCPMDLL : 259
DLV7-18     : -----NCSNNSCEEFWGFFSWLECNQTESAITILVPEIEMQQR-K-NTWIPKRRCNETWAKVKHCPMDLL : 258
DLV9-7      : -----NCSNNSCEEFWGFFSWLECNQTESAIALVPEVEMQOS-K-NTWIPKRCKKTWAKVKHCPMDLL : 259
DLV15-16    : -----NCSNNSCEEFWGFFNWLECNQTENTITILVPEVEMQOR-K-NTWIPKRRCNETWAKIKHCPMDLL : 259
DLV19-9     : -----NCSNNSCEEFWGFFNWLECNQTENAITILVPEVEMQOR-K-NTWIPKRRCNETWAKVKHCPMDLL : 259
DLV10-19    : -----NCSNNSCEEFWGFFNWLECNQTENAITILVPEVEMQOR-K-NTWIPKRRCNETWAKVKHCPMDLL : 258
Liaoning    : -----NCSNNSCEEFWGFFSWLECNQTESAITILVPEVEMQ*SDN-NTWIPKRRCNETWARVKHCPMDLL : 259
DV3-5       : -----NCSSNSCEEFFRGFSWLECNQTENAITILVPDIEMQESDN-NTWIPKRCNETWARVKHCPMDLL : 259
DV31-2      : -----NCSSNSCEEFFRGFSWLECNQTENAITILVPDIEMQESDN-NTWIPKRCNETWARVKHCPMDLL : 259
DV117       : -----NCSSNSCEEFFRGFSWLECNQTENAITILVPDIEMQESDN-NTWIPKRCNETWARVKHCPMDLL : 259
DV10-3      : -----NCSSNSCEEFFRGFSWLECNQTENAITILVPDIEMQESDN-NTWIPKRCNETRARVKHCPMDLL : 259
DV35-20     : -----NCSSNSCEEFFRGFSWLECNQTENAITILVPDIEMQESDN-NTWIPKRCNETWARVKHCPMDLL : 259
Cornwall    : -----TNSTEAKFWGFFEWLECNQTENAKSILIPSEEMVRQNN-DSWIPKGCNETWAKVKHCPMDLL : 245
Devon       : V-----KEKNGSNGSYWGFFEWLECNQTENAKTILVSKEEMINLDN-ETWVPKGCNETWARLKHCPVDLL : 265
Ecl_Gard_co : S-----KGNNNTRTIYWGFFKWLECNQTEDAKTILVPEEEMMALDN-DTWIPKGCNETWARLKHCPVDLL : 262

```

F C TE 6 E 4 A 6K C D 6

```

*          300          *          320          *          340          *
POCONE-BRA01 : YGIHPIRLCVQPPFFLVKNNDGNF-----TNGNHTLSNCGPQISLGILDENKAVTREV----- : 315
POCONE-BRA02 : YGLHPIRLCVQPPFFLVRKED-----NHSRTLSNCGPQISLGILDSNKAAVKDA----- : 300
9207         : YGLH--RLCVQPPFFLVKNDSND-----SSRNSILSNCGPQISLGVLDDNKAATKEA----- : 301
9206         : YGIHPVRLCVQPPFFLVKEYDTED-----GNHTEEGNHTLSNCGPQIALGVLDDNKAAIKEA----- : 316
7966         : YGLHPIRLCVQPPFFLVKENNTE-----DGNHTLSNCGPQISLGILDDNKAAIKDA----- : 305
8996         : YGIHPIRLCVQPPFFLVKENNNTS-----N-DAGENARTLSNCGPQITLGVLDDNKAAIKEA----- : 317
8003         : YGIHPIRLCVQPPFFLVKENNNT-----GNNDHTLSNCGPQISLGVLDDNKAAIKEA----- : 311
13           : YGIHPIRLCVQPPFFLVKENNNT-----GENVRTLSNCGPQISLGVLDDNKAAIKEA----- : 309
7998         : YGIHPIRLCVQPPFFLVKENNNT-----GENVRTLSNCGPQISLGVLDDNKAAIKEA----- : 304
9213         : YGLHPIRLCVQPPFFLAKYNNNSE-----SYPLSNCGPQISLGVLDDNKAAVKEA----- : 311
9214         : YGIHPIRLCVQPPFFLTKYNNSD-----SGNYTLSNCGPQISLGVLDDNKAVTKA----- : 314
6_          : YGLHPIRLCVQPPFFLVNSNTN-----TSDSYMLSNCGPQISLGVLDDNKAAVRNG----- : 320
8990         : YGIHPIRLCVQPPFFLVKNNSSNSTS----SNNNSTEGERILSNCGPQISLGVLDDNKAAVKNA----- : 319
8005         : YGMHPIRLCVQPPFFLVKNNS-----NDRNYTLSNCGPQ-SLGILDDNKAAVKGA----- : 293

```

5 : YGLHPIRLCVQPPFFLIRDRNNSD-----NRRNHTLSNCGPQISLGVLDSNKAATKKA----- : 316  
7586 : Y-LHPIRLCVQPPFFLVKNNTNVKN-----NTNSNRTLSNCGPQISLGVLDDNKAATREA----- : 316  
3 : YGLHPIR-CVQPPFFLVRKNDDNN-----TAT--NYTLSNCGPQISLGVLDDNKAATK-A----- : 311  
9105 : YG-HPIRLCVQPPFFLVKNNS-----NDGSYTLSNCGPQMSLGI LDDNKAVAKEA----- : 306  
8983 : YGLHPIRLCVQPPFFLVRKED-----NHSRTLSNCGPQISLGI LDDNKAAVRDA----- : 307  
9 : YGLHPIRLC-QPPFFLIKNRNNSD-----NNGNRTLSNCGPQISLGVLDNNAVTKKA----- : 310  
8988 : YGLHPIRLCVQPP-FLVRKED-----NHSRTLSNCGPQISLGI L-NKAAVRDA----- : 307  
7996 : YG-HPIRLCVQPPFF-VRKED-----NHSRTLSNCGPQIS- GILD-NKAAVRDA----- : 305  
7734 : YGLHPIRLCVQPPFFLVRKED-----NHSRTLSNCGPQIS- GILD-NKAAVR-A----- : 303  
3613 : YGLHPIRLCVQPPFFLVRKED-----NHSRTLSNCGPQISLGI LDDNKAAVRDA----- : 304  
8089 : YGLHPIRLCVQPPFFLVRKED-----NHSRTLSNCGPQIS- GILD-NKAAVRDA----- : 304  
7640 : YGLHPIRLCVQPPFFLVRKED-----NH-RTL SNCGPQISLGI LDDNKAAVRNA----- : 308  
8070 : YGLHPIR-CVQPPFFLVRKED-----NHSRTLSNCGPQISLGI L-NKAAVRDA----- : 306  
7981 : YGLHPIR-CVQPPFFLVRKED-----NHSRTLSNCGPQISLGI LDDNKAAVRDA----- : 307  
8 : YGLHPIR-CVQPPFFLVRKED-----NHSRTLSNCGPQISLGI LDDNKAAVRDA----- : 309  
7599 : YGLHPIR-CVQPPFFLVRKED-----NHSRTLSNCGPQISLGI LDDNKAAVRDA----- : 308  
7722 : YGLHPIRLCVQPPFFLVRKED-----NHSRTLSNCGPQISLGI LDDNKAAVRDA----- : 307  
8998 : YGLHPIRLCVQPPFFLVRKED-----NHSRTLSNCGPQISLGI L-NKAAVRDA----- : 308  
8146 : YGLHPIRLCVQPPFFLVRKED-----NHSRTLSNCGPQISLGI LDDNKAAVRDA----- : 308  
Bau\_Gard\_co : YGIHPIRLCVQPPFFLMKVSSNMSDSSNPSQEIKCEGNTNCTLSNCGPQIFLGV LKDNRAVINSNDSKSD : 329  
Miyazaki : YGIHPIRLCVQPPFFLVRKNNDT-----NHTLSNCGPQVFLGV LDDNKTVVKSE----- : 306  
Wyoming : YGIHPIRLCVQPPFFLVQEKGIAD-----TSRIGNCGPTIFLGV LEDNKGVVRGDY----- : 309  
IRE\_F4 : YGIHPIRLCVQPPFFLVKNDSSND-----NSSNSTLSNCGPSIFLGI LEDNKAVVTK----- : 314  
IRE\_H3 : YGIHPIRLCVQPPFFLVKNDSSND-----NSSNSTLSNCGPSIFLGI LEDNKAVVTE----- : 312  
IRE\_F2 : YGIHPIRLCVQPPFFLVKNDSSND-----NSSNSTLSNCGPSIFLGI LEDNKAVVTE----- : 315  
IRE\_F3 : YGIHPIRLCVQPPFFLVKNDSSND-----NSSNSTLSNCGPSIFLGI LEDNKAVVTE----- : 315  
ITA\_DE : YGIHPIRLCVQPPFFLVKNDSSNS-----NSSNSTLSNCGPSIFLGI LEDNKAVVTE----- : 315  
ITA\_SA : YGIHPIRLCVQPPFFLVKNDSSNG-----ISSNSTLSNCGPSIFLGI LEDNKAVVTE----- : 315  
DLV8-2 : YGINRIRMCVQPPFFLFLKQNDTS-----NNTGILSNCGPLVFLGI LEDNKAAIQNG----- : 309  
DLV18-8 : YGINRIRMCVQPPFFLFLKQN-----NTGILSNCGPLVFLGI LENNKAAIQNG----- : 305  
DLV3-A : YGINRIRMCVQPPFFLFLKQNDTS-----NNTSILSNCGPLVFLGI LEDNKATI QNG----- : 309  
DLV2-6 : YGINRIRMCVQPPFFLFLKQNDTS-----NNTGILSNCGPLVFLGI LEDNKAAIQNG----- : 309  
DLV5-10 : YGINRIRMCVQPPFFLFLKQNDTS-----NNTGILSNCGPLVFLGI LEDNKAAIQNG----- : 310  
DLV7-18 : YGINRIRMCVQPPFFLFLKQNDTS-----NNTGILSNCGPLVFLGI LEDNKAAIQDG----- : 309

```

DLV9-7      : YGINRIRMVQPPFFLFKQDDTS-----NNTGILSNCGPLVFLGILEDNKAAIQNG----- : 310
DLV15-16   : YGINRIRMVQPPFFLFKQNDTS-----NNTGILSNCGPLVFLGILEDNKAAIQNG----- : 310
DLV19-9    : YGINRIRMVQPPFFLFKQNDTS-----NNTGILSNCGPLVFLGILEDNKAAIQNG----- : 310
DLV10-19   : YGINRIRMVQPPFFLFKQNDTS-----NNTGILSNCGPLVFLGILEDNKAAIQNG----- : 309
Liaoning    : YGINRIRMVQPPFFLFKQNDTS-----NNTSILSNCGPLVFLGILEDNKAAIQNG----- : 310
DV3-5      : YGINRIRMVQPPFFLFKQNDTS-----NNTGILSNCGPLVFLGILEDNKAAVQNG----- : 310
DV31-2     : YGINRIRMVQPPFFLFKQNDTS-----NNTGILSNCGLLVFLGILEDNKAAVQNG----- : 310
DV117      : YGINRIRMVQPPFFLFKQNDTS-----NNTGILSNCGPLVFLGILEDNKAAVQNG----- : 310
DV10-3     : YGINRIRMVQPPFFLFKQNDTS-----NNTGILSNCGPLVFLGILEDNKAAVQNG----- : 310
DV35-20    : YGINRIRMVQPPFFLFKQNDTS-----NNTGILSNCGPLVFLGILEDNKAAVQNG----- : 310
Cornwall    : YGIHPIRLCVQPPFFLVRNPDNDSQE-----NGSISYNNTLSNCGPPVYLGVLEDNKAVVQNG----- : 303
Devon       : YGIHPIRLCVQPPFFLASNNNNT-----SGNYTLSNCGPSIFLGILEDNKAVIKDG----- : 316
Ecl_Gard_co : YGIHPVRLCVQPPFFLAKN--NT-----WKNYTLNCGPSIFLGILEENKAVVKSG----- : 311
            Y      R C QPP F                                6 NCG      G6L N4

```

```

          360          *          380          *          400          *          420
POCONE-BRA01 : ----NCTVAKK--VFHFNDYSGQFISPIFYQCNL-SLTPCNGTN----SPVSIIRYDEDTVEYLIRNTVE : 374
POCONE-BRA02 : ----SCQVEKK-TFQFSKGHSGQLIVPIFYKCTITNLTRCYNNS----STISIIRYDEKNVQYLLCKTNN : 361
9207        : ----NCTLNRQN--IHYKDYSGQFVVPFIYFCFINLTICEGGNN----STISIIRRSNNSVQYLLCSTTN : 361
9206        : ----TCVLHKYS--INHKHYSGQFNTPIFYGCNFTNLQVCGNKN----SSISIIRYDAKNVQYLLCKNTT : 376
7966        : ----NCSVSKYT--IIYDDYFGHFTVPIFYDCIINVTQVCGSNN----SSISIIRYDNDNVQYLLCKNTS : 365
8996        : ----RCTVVKKP--IRRKDYSGQLIVPIFYNCNINLDICNKNKN----STISIIRYDDNVQYLLCKNSS : 377
8003        : ----NCTVVRQT--IYRNEYSGQYIVPIVYNCNISLEMCNDNKN----SAISIIRYGDKNVQYLLCKSEN : 371
13          : ----NCTPVRLT--IHRNEYSGQYIIPIVYECNISLEMCNGNNN----SAISIIRYGDKNVQYLLCKNTN : 369
7998        : ----NCTPVRLT--IHRNEYSGQYIIPIVYECNISLEMCNGNNN----SAISIIRYGDKNVQYLLCKNTN : 364
9213        : ----NCSVIKHN-I-YYKDYSGQFIVPIFYNCNL-NITSCVNNN----SSVSIIRYDSNVQYLLCKNDT : 370
9214        : ----NCTVLKPN-I-NYKDYSGQFIVPIFYNCEL-DIRSCEDNN----SSVSIIWYDNDNVQYLLCKYNK : 373
6_          : ----ACTLQTR-GLTLPRDYSGQIIAPIFYNCNL-SLTVCDGK---SNSSVSIIRYDENNLQYLLCRRND : 381
8990        : ----SCTVHKQ-NHNEKIDYSGQLIVPIFYKCNLSMEGICNKENSTKNSTISIIRYDENNVQYLLCNISG : 384
8005        : ----TCTVQKPT---IYTDYSGQLIVPIFYKCNLTIEKPCNG-N----GSVSIIRYDKDNVQYLLCKYND : 351
5           : ----NCEVKRYNNINYPKEYSGHLAAPIFYSCSL-NLTLCNQDN----SSVSIIRYDENNVQYLLCINDT : 377
7586        : ----NCEVNKR-KI-INKDYSGQLIVPIFYGCNI-TLERCYGTN----SSVSIIRYDAGNIQYLLCKPNS : 375
3           : ----NCSVE-Y-TI-YP-DYTG-VINPVFYHC-L-NLTV-----TSVSIIRYDKDNVQYLLCRKNE : 362
9105        : ----NCTVQKP-NIH--TNYSGQLIVPIFYKCDLIIKNPCDK-N----DSVSIIRYDQDNVQYLLCKYTK : 364

```

8983 : ----SCQVERK-TVQIPKEYSGQLIVPIFYKCTITNLTRCNNDN----STISIIIRYDKDNVQYLLCRNNT : 368  
9 : ----SCTVKKF-NIHF-KDYFGQLVTPIFYNCNL-NLSLCNNAS----SSVSIIRYDGDNVQYLLCKIHT : 369  
8988 : ----SCQVE-K-TVQIPKEYSGQLIVPIFYKCTITNLTRCNNDN----STISIIIRYDKDNV-YLLCKNDT : 366  
7996 : ----NCTVAKK-TVQIPKEYSGQLIVPIFYKCTITNLTRCNNDN----STISIIIRYDKDNVQYLLCKNDT : 366  
7734 : ----NCQVEKK-TFQFSKGHSGQLIVPIFYKCTITNLTRCNNDN----STISIIIRYDKDNVQYLLCKNDT : 364  
3613 : ----SCQVERK-TVQIPKEYSGQLIVPIFYKCTITNLTRCNNDN----STISIIIRYDKDNVQYLLCKNNT : 365  
8089 : ----SC-VERK-TVQIPK-YSGQLIVPIFYKCTITNLTRCNNDN----STISIIIRYDKDNVQYLLCKNDT : 363  
7640 : ----NCSVEKK-TVQA-KDYSGQLIVPIFYKCTITNLTRCNNDN----STISIIIRYDKDNVQYLLCKNDT : 368  
8070 : -----C-VE-K-TVQ--K--SGQLIVPIFYKCTITNLTRCNNDN----STISIIIRYDKDNVQYLLCKNDT : 360  
7981 : ----NC-VEKK-TVQIPKEYSGQLIVPIFYKCTITNLTRCNNDN----STISIIIRYDKDNVQYLLCKNDT : 367  
8 : ----NCVVEKK-TVQIPKEYSGQLIVPIFYKCTITNLTRCNNDN----STISIIIRYDKDNVQYLLCKNDT : 370  
7599 : ----NC-VEKK-TVQIPKEYSGQLIVPIFYKCTITNLTRC-NDN----STISIIIRYDKDNVQYLLCKNDT : 367  
7722 : ----NCVVEKK-TVQIPKEYSGQLIVPIFYKCTITNLTRCNNDN----STISIIIRYDKDNVQYLLCKNDT : 368  
8998 : ----SCQVE-K-TVQIPKEYSGQLIVPIFYKCTITNLTRCNNDN----STISIIIRYDKDNVQYLLCKNDT : 368  
8146 : ----SCQVE-K-TVQIPKEYSGQLIVPIFYKCTITNLTRCNNDN----STISIIIRYDKDNVQYLLCKNDT : 368  
Bau\_Gard\_co : NSSVTCEAAKRI--IQMGNYGGRYIVPIFYNCSEFET-QSC--NN---DTVSVIMHNTDNVQYLLCNRTE : 391  
Miyazaki : ---EKCKIIRFN--IKRQDYFGQYITPIVYNYTLN-ISRCNQKN--NKSVMYVIMYESGNIQYLLCNVNN : 367  
Wyoming : ---TACNVRRLN--INRKDYTGQYIVPIFYKCNFS-YTSC--DN---DPLISVIMYETNQVQYLLCNNNN : 369  
IRE\_F4 : ---GNCTLHKKN--INRPLYGQYIVPIFYKCNFS-YTSC--DN---DPLISVIMYEPDNVQYLLCNING : 373  
IRE\_H3 : ---GNCTLHRRN--INRPLYGQYIVPIFYKCNFS-YTSC--DN---DPLISVIMYEPDNVQYLLCNING : 371  
IRE\_F2 : ---GNCTLHRRN--INRPLYGQYIVPIFYKCSFN-YTSC--ND---DSLISVIRYEPDNVQYLLCNINN : 374  
IRE\_F3 : ---GNCTLHRRN--INRPLYGQYIVPIFYKCSFN-YTSC--NN---DSLISVIMYEPDNVQYLLCNING : 374  
ITA\_DE : ---GSCTLHRSTS--IYRSLYGGQYIVPIFYNCSEFET-QSC--NN---DSLISVIMHEPGNLQYLLCNINN : 374  
ITA\_SA : ---GNCTLHRTN--INRPLYGQYIVPIFYKCNFS-YTSC--NN---DSLISVIMYEPDNVQYLLCNINN : 374  
DLV8-2 : ----SCTLHRTN--IERPDYSGFYQVPIFYICNLTGLQSC--NN---RSIISIIMYESNNVQYLLCNTGN : 368  
DLV18-8 : ----SCTLHRTN--INRLDYSGFYQVPIFYICNLTGLQSC--NN---GSIISIIMYESNNVQYLLCNTSN : 364  
DLV3-A : ----SCTLHRTN--IERPDYSGFYQVPIFYICNLTGLQSC--NN---RSIISIIMYEPNNVQYLLCNTSN : 368  
DLV2-6 : ----SCTLHRTN--IERPDYSGFYQVPIFYICDLTGFQSC--NN---GSIISIIMYESNNVQYLLCNTSN : 368  
DLV5-10 : ----SCTLHRTN--INRPDYSGFYQVPIFYICNLTGLQSC--NN---RSIISIIMYESNNVQYLLCNTSN : 369  
DLV7-18 : ----SCTLHRTN--IERPDYSGFYQVPIFYICNLTGLQSC--NN---RSIISIIMYEFNNVQYLLCNTSN : 368  
DLV9-7 : ----SCTLHRTN--IERPDYSGFYQVPIFYICNLTGLQSC--NN---GSIISIIMYESNNVQYLLCNTSN : 369  
DLV15-16 : ----SCTLHRSN--IERPDYSGFYQVPIFYICNLTELQSC--NN---GLIISIIMYESNNVQYLLCNTSN : 369  
DLV19-9 : ----SCTLHRTN--IERPDYSGFYQVPIFYICNLTGLQSC--NN---RSIISIIMYESNNVQYLLCNTSN : 369  
DLV10-19 : ----SCTLHRTN--IERPDYSGFYQVPIFYICNLTGLQSC--NN---GSIISIIMYEPNNVQYLLCNTSN : 368

```

Liaoning      : ----SCTLHRTN--IKRPDYSGFYQVPIFYICNLTGLQSC--NN---GSIISIIMSESNNVQYLLCNTSN : 369
DV3-5        : ----SCTLHRTN--IKRPDYSGFYQVPIFYICNLTGLQSC--NN---GSIINIIMYESNNVQYLLCNTSN : 369
DV31-2       : ----SCTLHRTN--IKRPDYSGFYQVPIFYICNLTGLQSC--NN---GSIISIIMYESNNVQYLLCNTSN : 369
DV117        : ----SCTLHRTN--IKRPDYSGFYQVPIFYICNLTGLQSC--NN---GSIISIIMYESNNVQYLLCNTSN : 369
DV10-3       : ----SCTLHRTN--IKRPDYSGFYQVPIFYICNLTGLQSC--NN---GSIISIIMYESNNVQYLLCNTSN : 369
DV35-20      : ----SCTLHRTN--IKRPDYSGFYQVPIFYICNLTGLQSC--NN---GSIISIIMYESNNVQYLLCNTSN : 369
Cornwall     : ----SCTVYKID--ISRPDYTGQYIMPVFYNCSEFENVTPCINNN---DSSIISVIMSEKDNIQYLLCKNSS : 364
Devon        : ---EKCSIERKV--IERPNYSGQYIVPIFYNCSESLNV-TSC--ND---NSSISVIMYEPNNVQYLLCSKNK : 375
Ecl_Gard_co  : ----NCTVEKTL--IMRSDYSGQYITPIFYKCNISV-TSC--NN---GSSIISVIMYESNNVQYLLCNYNK : 369
              C              G      P6 Y              6 6I              6 YL6

```

```

*          440          *          460          *          480          *
POCONE-BRA01 : Y-LICKAKNITEKNFSCVVQTFGTIGQAHIELPRKNKKIIGNQFTQYNCSINDKTELEKWKLVKSSGITP : 443
POCONE-BRA02 : T-----D-AGNFSCVVQTFGKIGQAHIELPRNNKRIRENKFTQYNCSINNQTELKEWKLKIGSGITP : 422
9207         : TS---EAKNNIAKNFSCVVQTFGKIGQAHIELPKINKIQG-TKIARYNCVNNQTELREWKLKSSGITP : 427
9206         : GK---Y---IS-GEFSCVVQTFGTIGQAHIELPRNDKKLVGKTTQYNCSVNNQTELGRWKLVKSSGITP : 439
7966         : TE---N---DTNTGNFFCVVQTFGTIGQAHIELPRKNKKLVGNKITQYNCSINNQTELGRWELVKSGITP : 430
8996         : -----ENSGNFSCVVQTFGKIGQAHLDLPRISKRQE-LKPTQYNCSVNNQTELKEWKLVKSSGITP : 437
8003         : -----TSSGDFTCVVQTFGKIGQAHELMELPRIDKRQE-LKPTQYNCSVNNQTELKEWKLKSSGITP : 431
13           : -----TSNGNFI CVVQTFGKIGQAHELMELPRIDKKQE-LKPTQYNCSVNNQTEL-EWKLKSSGITP : 428
7998         : -----TSNGNFI CVVQTFGKIGQAHELMELPRIDKKQE-LKPTQYNCSVNNQTELKEWKLKSSGITP : 424
9213         : ST-----SDQYKCVAQVFGVIGQAHIELPRNNKRIVGNNITKYNCMNNQTELAEWKLVKSSGITP : 431
9214         : TDSSNNTNETRSYNASCVAQVFGVIGQAHIELPRNNKKIVGNKVTEYNCSINNQTELAEWKLVKSSGITP : 443
6_           : T-----NSNFSCVVQFFGTIGQAHIELPRKQKRINKETFRQYNCSINNQTELGEWKLVKSSGITP : 441
8990         : TNNV-----SNMIDVFCVVQTFGIIGQAHLFLPRNNKKIAGNKITKYNCVNNQTELAEWKLKSSGITP : 449
8005         : -T-----KDNTSCVAQFFGVIGQAHIELPRNNKKIVGNRITQYNCSINNQTELAEWKLVKSSGITP : 411
5            : QN-----RDNYS CVVQTFGTIGQAHIELPRNNKKIIGNNITRYNCVNNQTEWK-WKLKIGSGITP : 437
7586        : ID-----DNSANYS CVVQTFGTIGQAHIELPRNNKKIRGINIAQYNCSINNQTELKEWKLKIGSGITP : 438
3            : TN-----DNTNYS CVTQSFVKIGQAHELMELPRHTKRIEKNKITHYNCVNNQTELKEWKLVK-SGITP : 423
9105        : NNTVVNDNNTVVNAS CVRQVFG-IGQAHIELPRNNKKIVGNKITQYNCSINNQTELAEWKLVKSSGITP : 433
8983        : D-----NTPGKFS CVVQTFGKIGQAQIELPRNNKRIRENKFTQYNCSINNQTELKEWKLKIGSGITP : 430
9            : N-----DSNGNFS CVVQTFGTIGQAHIELPKNHKQIVGNNITQYNCSINNQTELREWKLKIGSGITP : 431
8988        : -----SENFSCVVQTFGKIGQAHIELPRNNKRIRENKFTQYNCSINNQTELKEWKLKIGSGITP : 425
7996        : -----SENFSCVVQTFGKIGQAHIELPRNNKRIRENKFTQYNCSINNQTELKEWKLKIGSGITP : 425

```

```

7734      : -----SENFS CVVQTFGKIGQAHIELPRNNKRIRENKFTQYNCSINNQTELKEWKLIKGSGITP : 423
3613      : D-----NTP-NFS CVVQTFGKIGQAHIELPRNNKRIRENKFTQYNCSINNQTELKEWKLIKGSGITP : 426
8089      : -----SENFS CVVQTFGKIGQAHIELPRNNKRIRENKFTQYNCSINNQTELKEWKLIKGSGITP : 422
7640      : -----NFS CVVQTFGKIGQAHIELPRNNKRIRENKFTQYNCSINNQTELKEWK- IKGSGITP : 424
8070      : -----SENFS CVVQTFGKIGQAHIELPRNNKRIRENKFT-YNCSINNQTELKEWKLIKGSGITP : 418
7981      : -----SENFS CVVQTFGKIGQAHIELPRNNKRIRENKFTQYNCSINNQTELKEWKLIKGSGITP : 426
8         : -----SENFS CVVQTFGKIGQAHIELPRNNKRIRENKFTQYNCSINNQTELKEWKLIKGSGITP : 429
7599      : -----NFS CVVQTFGKIGQAHIELPRNNKRIRENKFTQYNCSINNQTELKEWKLIKGSGITP : 424
7722      : -----SENFS CVVQTFGKIGQAHIELPRNNK- I -ENK- TQYDCSINNQTELKEWKLIKGSGITP : 424
8998      : -----SENFS CVVQTFGKIGQAHIELPRNNKRIRENKFTQYNCSINN- TELKEWKLIKGSGITP : 426
8146      : -----SENFS CVVQTFGKIGQAHIELPRNNKRIRENKFTQYNCSINNQTELKEWKLIKGSGITP : 427
Bau_Gard_co : NTNTS-----TTHQCVVQKFGVIGQVHLQLPRKNQKIENQKFTRYNCSINNQTELKSWKLLQTSGITP : 454
Miyazaki   : ENNNT-NITDAIKNYICIAQSFGKIGQAHLELPRPTKGIKQQNFTRYNCSINDQGEMRKWTLVKTSGITP : 436
Wyoming    : S-----NNYN CVVQSFGVIGQAHLELPRPNKRIRNQSFNQYNCSINNKTELETWKLIVKTSGITP : 428
IRE_F4     : TNNTSNN-TRNINNAS CIVQTFGTIGQAHLELPRKNKRIATPNFSHYNC TVNNKTEMQEWQLVKTSGITP : 442
IRE_H3     : TNNTSNN-TSKINNAS CIVQTFGTIGQAHLELPRKNKRIATPNFSHYNC TVNNKTEMQEWQLVKTSGITP : 440
IRE_F2     : T-----SDTNNAS CIVQTFGTIGQAHLELPRKNKRIATPNFSHYNC TVNNKTEMQEWQLVKTSGITP : 436
IRE_F3     : TNNTSNN-TSEINNAS CIVQTFGTIGQAHLELPRKNKRITEPNF SHYNC TVNNKTEMQEWQLVKTSGITP : 443
ITA_DE     : T-----SKINNAS CIVQTFGTIGQAHLELPRKNKRIAEPGF SHYNC TVNNKTEMQEWQLVKTSGITP : 436
ITA_SA     : T-----SDINNAS CIVQTFGTIGQAHLELPRKNKRIAEPDF SHYNC TVNNKTEMQEWQLVKTSGITP : 436
DLV8-2     : TNSTN-----NASVS CVVQSFGVIGQAHVALPRKNKRLQSPKFTQYNCTINNKTELROWQLVKTSGITP : 432
DLV18-8    : TNSTN-----NANVS CVVQSFGVIGQAHVALPRKNKRLQSPKFAQYNCTINNKTELROWQLVKTSGITP : 428
DLV3-A     : INSTS-----NASVS CVVQSFGVIGQAHVALPRKNKRLQSPKFAQYNCTINNKTELROWQLVKTSGITP : 432
DLV2-6     : TNSTN-----NANVS CVVQSFGVIGQAHVALPRKNKRLQSPKFAQYNCTINNKTELROWQLVKTSGITP : 432
DLV5-10    : TNSTN-----NANVS CVVQSFGVIGQAHVALPRKNKRLQSPKFAHYNCTINNKTELROWQLVKTSGITP : 433
DLV7-18    : TNSTN-----NANVS CVVQSFGVIGQAHVALPRKNKRLQSPKFAQYNCTINNKTELROWQLVKTSGITP : 432
DLV9-7     : TNSTN-----NANVS CVVQSFGVIGQAHVALPRKNKRLQSPNFAQYNCTINNKTELROWQLVKTSGITP : 433
DLV15-16   : TNSTN-----NANVS CVVQSFGVIGQAHVALPRKNKRLQSPKFAHYNCTINNKTELROWQLVKTSDITP : 433
DLV19-9    : TNSTN-----NANVS CVVQSFGVIGQAHVALPRKNKRLQSPKFAQYNCTINNKTELROWQLVKTSGITP : 433
DLV10-19   : TNSTN-----NANVF CVVQSFGVIGQAHVALPRKNKRLQSPKFAQYNCTINNKTELROWQLVKTSGITP : 432
Liaoning   : TNSTN-----NATVS CVVQSFGVIGQAHVALPRKNKRLQSPKFAHYNCTINNKTELROWQLVKTSGITP : 433
DV3-5      : TNSTN-----NANVS CVVQSFGVIGQAHVALPRKNKRLQSPKFAHYNCSINNKTELROWQLVKTSGITP : 433
DV31-2     : TNSTN-----NANVS CVVQSFGVIGQAHVALPRKNKRVQSPKFAHYNCSINNKTELROWQLVKTSGITP : 433
DV117     : TNSTN-----NANVS CVVQSFGVIGQAHVALPRKNKRLQSPKFAHYNCSINNKTELROWQLVKTSGITP : 433

```

DV10-3 : TNSTN-----NANVS**CVVQSFVIGQAHVALPRKNKRLQSPKFAHYNC**SINN**KTEL**RQ**WQLVKTSGITP** : 433  
 DV35-20 : TNSTN-----NANVS**CVVQSFVIGQAHVALPRKNKRLQSPKFAHYNC**SINN**KTEL**RQ**WQLVKTSGITP** : 433  
 Cornwall : N-----EGEYT**CVVQSFVIGLAHLELPRKNKKIKDQQFTTYNC**SVNN**KTEL**KE**WQLVKTSGITP** : 424  
 Devon : NKT-----NENHAC**IVQSFGTIGDAHLELPRKNKRIRGQTFTRYNC**TVND**KKEL**SK**WKLITSGITP** : 437  
 Ecl\_Gard\_co : TNNYNYTCV**QSSNYT****CVVQSFVIGQAHLELPRKNKKIGQORFAN**YNC**TVNNKTEL**ER**WKLVKTSGITP** : 439  
C6 Q FG IG 6 LP4 Y1C36N1 E W 6 S ITP

500

POCONE-BRA01 : FPVTSRANT**GLVRYKR** : 459  
 POCONE-BRA02 : IPITSQANT**GLIRYKR** : 438  
 9207 : FP-TSRA-T**GLIRYKR** : 441  
 9206 : FPVTSRANT**GLIRYKR** : 455  
 7966 : FPVTSRADT**GLIRYRR** : 446  
 8996 : LPITSRDNT**GLIRYKR** : 453  
 8003 : FPITSRANT**GLIRYKR** : 447  
 13 : FPVTSQANT**GLIRYKR** : 444  
 7998 : FPITSRANT**GLIRYKR** : 440  
 9213 : FPITSRSDT**GLIRYKR** : 447  
 9214 : FPITSRGNT**GLIRYKR** : 459  
 6 : FPITSRAET**GLIRYKR** : 457  
 8990 : LPITSRD-T**GLIRYKR** : 464  
 8005 : LPITSRGNT**GLIRYKR** : 427  
 5 : FPITSRAET**GLIRYKR** : 453  
 7586 : FPVTSRANT**GLIRYKR** : 454  
 3 : FPITSRANT**GLIRYRR** : 439  
 9105 : LPITSRDNT**GLIRYKR** : 449  
 8983 : IPITSQANT**GLIRYKR** : 446  
 9 : -PVTSQANT**GLIRYKR** : 446  
 8988 : IPITSRANT**GLIRYKR** : 441  
 7996 : IPITS-ANT**GLIRYKR** : 440  
 7734 : IPITSQANT**GLIRYKR** : 439  
 3613 : IPITSQANT**GLIRYKR** : 442  
 8089 : IPITSQANT**GL-RYKR** : 437  
 7640 : I-ITSRGNT**GLIRYKR** : 439

8070	:	IPITSQANTGLIRYKR	:	434
7981	:	LPITSRGNTGLIRYKR	:	442
8	:	IPITSQANTGLIRYKR	:	445
7599	:	IPITSQANTGLIRYKR	:	440
7722	:	-PITSQANTGLIRYKR	:	439
8998	:	IPITSQANTGLIRYKR	:	442
8146	:	IPITSQANTGLIRYKR	:	443
Bau_Gard_co	:	MPISSTANTGLVRYKR	:	470
Miyazaki	:	LPVSSDNSGLIRYKR	:	452
Wyoming	:	LPISSEANTGLIRHKR	:	444
IRE_F4	:	IPISSRNEEGLIRHKR	:	458
IRE_H3	:	IPISSRNEKGLVRHKR	:	456
IRE_F2	:	IPISSRNEKGLVRHKR	:	452
IRE_F3	:	IPISSRNEEGLIRHKR	:	459
ITA_DE	:	IPISSRSEKGLIRHKR	:	452
ITA_SA	:	IPISSRNEKGLIRHKR	:	452
DLV8-2	:	LPISSTANTGLVRHKR	:	448
DLV18-8	:	LPISSTANTGLVRHKR	:	444
DLV3-A	:	LPISSTANTGLVRHKR	:	448
DLV2-6	:	LPISSTANTGLVRHKR	:	448
DLV5-10	:	LPISSTANTGLARHKR	:	449
DLV7-18	:	LPISSTANTGLVRHKR	:	448
DLV9-7	:	LPISSTANTGLVRHKR	:	449
DLV15-16	:	LPISSTANTGLVRHKR	:	449
DLV19-9	:	LPISSTANTGLVRHKR	:	449
DLV10-19	:	LPISSTANTGLVRHKR	:	448
Liaoning	:	LPISSTANTGLVRHKR	:	449
DV3-5	:	LPISSTANTGLVRHKR	:	449
DV31-2	:	LPISSTANTGLVRHKR	:	449
DV117	:	LPISSTANTGLVRHKR	:	449
DV10-3	:	LPISSTANTGLVRHKR	:	449
DV35-20	:	LPISSTANTGLVRHKR	:	449
Cornwall	:	FPLSSESRTGLVRYKR	:	440
Devon	:	LPVSSSNTGLVRRKR	:	453

Ecl\_Gard\_co : IPI SSESNT GLV RKR : 455  
3S GL R 4R

Legenda:

Na cor preta: regiões conservadas

**Anexo 5** - Clones da amostra 7734 da região gp90 da combinação B.

POCONE-BRA01  
Frame 1  
A T G G T C A G C A T C G C G T T C T A T G G G G A A T C C A G G G G G A A T C T C T C G A C C C C T A T T A  
M V S I A F Y G G I P G G S T P I

POCONE-BRA02  
Frame 1  
A T G G T C A G C A T T G C G T T C T A T G G G G A A T C C A G G G G G A G T C T C G G C C C C T A T T G  
M V S I A F Y G G I P G G V S A P I

7734 clone 2  
Frame 1  
A T G G T C A G C A T T G C G T T C T A T G G G G A A T C C A G G G G G A G T C T C G G C C C C T A T T G  
M V S I A F Y G G I P G G V S A P I

7734 clone  
Frame 1  
A T G G T C A G C A T C G C G T T C T A T G G G G G A T C C A G G G G G A A T C T C T C G A C C C C T G T T A  
M V S I A F Y G G I P G G S T P V

POCONE-BRA01  
Frame 1  
T T C A T C T C A G A A G A A G C A G T C A C A C A A G G G G G A T A C A A T A T T T A A A C C C T A  
Q S S E E A S H T K G D T I F K P Y

POCONE-BRA02  
Frame 1  
T T C A G T C T C C A G A A G A G G C C A C T T G T A C A A A G G G G G A T A C A A T A T T T A A A C C C T A  
V Q S P E E A T C T K G D T I F K P Y

7734 clone 2  
Frame 1  
T T C A G T C T C C A G A A G A G G C C A C T T G T A C A A A G G G G G A T A C A A T A T T T A A A C C C T A  
V Q S P E E A T C T K G D T I F K P Y

7734 clone  
Frame 1  
T T C A G T C T C C G A A A G A G G C A C A C A C A A A A G G G G T A C A A T A C T T A A A C C C T A  
Q S P E E A T H T K G G T I L K P Y

POCONE-BRA01  
Frame 1  
T T G T T C T G A T G A A A A A G T A A C A G G A A T A A A A C A T G G C G G A A G A A A G A G A T T C A  
C S D E K S N R N K T M A E E R D S

POCONE-BRA02  
Frame 1  
T T G T T A T A A T G A C A A T A G T A A C A A G G A T A A A A A G A T G G C G G A A G G A A G A G A C C C A  
C Y N D N S N K D K K M A E G R D P

7734 clone 2  
Frame 1  
T T G T T A T A A T G A C A A T A G T A A C A A G G A T A A A A A G A T G G C G G A A G G A A G A G A C C C A  
C Y N D N S N K D K K M A E G R D P

7734 clone  
Frame 1  
T T G T T T T G A T A A G A A T A G T A A T A G G A C G G A A G C G A T G G C A G A A G G A A G A G A C C C A  
C F D K N S N R T E Y A M A E G R D P

POCONE-BRA01  
Frame 1  
A G A G A C G A A G A G A A G C G T A C C T G A A A G A A G A T G C A G A A G A A A A T G C A A A G A A G A  
R E R R E A Y L K E D A E E N A K K

POCONE-BRA02  
Frame 1  
A G A G A C G A A G A G A A A T G A A C C T G A A A G A A G A T C C A G A A G A A A A G G C A A G G A A G A  
R D R R E M N L K E D P E E K A R K

7734 clone 2  
Frame 1  
A G A G A C G A A G A G A A A T G A A C C T G A A A G A A G A T C C A G A A G A A A A G G C A A G G A A G A  
R D R R E M N L K E D P E E K A R K

7734 clone  
Frame 1  
A G A G A C G A A G A G A A A T G A A C C T G A A A G A A G A A A A G A A G A A A A G G A A G A A A A A A  
R E R R E M N L K E E K E E K E E K

POCONE-BRA01  
Frame 1  
G A A A C A A T G A C T G G T G G A A A A T A G G T A T G T T T A T G C T A T G T T T A T G G G A G C A A C  
R N N D W W K I G M F M L C L M G A T

POCONE-BRA02  
Frame 1  
G A A A C A A T G A C T G G T G G A A G A T A G G T A T G T T C A T G C T A T G T T T G A T G G G A C A A C  
R N N D W W K I G M F M L C L M G T T

7734 clone 2  
Frame 1  
G A A A C A A T G A C T G G T G G A A G A T A G G T A T G T T C A T G C T A T G T T T G A T G G G A C A A C  
R N N D W W K I G M F M L C L M G T T

7734 clone  
Frame 1  
G A A G C A A T G A T T G G T G G A G G A T A G G T A T G T T T G T G C T T G T T T G A T G G G A G C A A C  
R S N D W W R I G M F V L C L M G A T

POCONE-BRA01  
Frame 1  
A G G A G G A A T G C T C T W G T G G T A T G A G G A T G T G G C A C A C C A A T A T A T A G G A T T G  
G G M L W W Y E G D V A H P Q Y I G L

POCONE-BRA02  
Frame 1  
A G G A G G A A T A C T C T G G T G G T A T G A A G G T G T G G C A C A T C C A C G T T A T A T A G G A T T A  
G G I L W W Y E G A A H P R Y I G L

7734 clone 2  
Frame 1  
A G G A G G A A T A C T C T G G T G G T A T G A A G G T G C G G C A C A T C C A C G T T A T A T A G G A T T A  
G G I L W W Y E G A A H P R Y I G L

7734 clone  
Frame 1  
A G G A G G I A T A A T C T G G T G G T A T G A G G G T G T G G C A C A T C C C A T T A C A T A G G T T A  
G G I W W Y E G V A H P H Y I G L

POCONE-BRA01  
Frame 1  
A T T A C T G T T G T G G G A A A T T G G A A G A T S T G G A A T G A C T A G T G C T A T A G A A T G T T  
I T V G G K L E E S G M T S A I E C

POCONE-BRA02  
Frame 1  
A T T A C T G T T G T G G G A A A T T A G A A G A A T C T G G G A T G A C T A G T G C T A T A G A A T G T T  
I T V G G K L E E S G M T S A I E C

7734 clone 2  
Frame 1  
A T T A C T G T T G T G G G A A A T T A G A A G A A T C T G G G A T G A C T A G T G C T A T A G A A T G T T  
I T V G G K L E E S G M T S A I E C

7734 clone  
Frame 1  
A T T A C T G T T G T G G G A A A T T A G A A G G G T C T G G G A T G A C T A G T G C T A T A G A A T G T T  
I T V G G K L E G S G M T S A I E C

POCONE-BRA01  
Frame 1  
G G G G T A A G T T T T C C T G G C T G T  
W G K F P G C

POCONE-BRA02  
Frame 1  
G G G G T A C T T T T C C T G G A T G T  
W G T F P G C

7734 clone 2  
Frame 1  
G G G G T A C T T T T C C T G G A T G T  
W G T F P G C

7734 clone  
Frame 1  
G G G A T A C T T T T C C T G G A T G T  
W D T F P G C

**Anexo 6** - Clones da amostra 7599 da região gp90 da combinação B.

POCONE-BRA01  
Frame 1  
ATGGTCAGCATCGCGTTCTATGGGGGAATCCCAGGGGGAATCTCGACCCCTATTATTCAATCTTCA  
M V S I A F Y G G I P G G I S T P I Q S S

POCONE-BRA02  
Frame 1  
ATGGTCAGCATGCGTTCTATGGGGGAATCCCAGGGGGA GTCTCGGCCCTATTGTTCA GTCTCCA  
M V S I A F Y G G I P G G G V S A P I V Q S P

7599 clone 3  
Frame 1  
ATGGTCAGCATGCGTTCTATGGGGGAATCCCAGGGGGA GTCTCGGCCCTATTGTTCA GTCTCCA  
M V S I A F Y G G I P G G G V S A P I V Q S P

7599 clone  
Frame 1  
ATGGTCAGCATCGCGTTCTATGGGGG CATCCAGGGGGAATCTCGGCCCTATTGTACAATCTCTCG  
M V S I A F Y G G I P G G I S A P I V Q S S

7599 clone 2  
Frame 1  
ATGGTCAGCATCGCGTTCTATGGGGG CATCCAGGGGGAATCTCGGCCCTATTGTACAATCTCTCG  
M V S I A F Y G G I P G G I S A P I V Q S S

POCONE-BRA01  
Frame 1  
GAAGAAG --- C TAGT CACACCAAGGGGGATACAATATTTAAACCTATTGTTCTGATGAAAAGAGT  
E E --- A S H T K G D T I F K P Y C S D E K S

POCONE-BRA02  
Frame 1  
GAAGAGG --- CCACTTGTACAAAGGGGGATACAATATTTAAACCTATTGTTATATGACAATAGT  
E E --- A T C T K G D T I F K P Y C Y N D N S

7599 clone 3  
Frame 1  
GAAGAGG --- CCACTTGTACAAAGGGGGATACAATATTTAAACCTATTGTTATATGACAATAGT  
E E --- A T C T K G D T I F K P Y C Y N D N S

7599 clone  
Frame 1  
GAGGAGGAGACCACTTACTCCAAGGGGGGTACAATATTTCAACCCTATTGTTCTGAGGATATAAT  
E E E T Y S K G G T I F Q P Y C S E G Y N

7599 clone 2  
Frame 1  
GAGGAGGAGACCACTTACTCCAAGGGGGGTACAATATTTCAACCCTATTGTTCTGAGGATATAAT  
E E E T Y S K G D T I F Q P Y C S E G Y N

POCONE-BRA01  
Frame 1  
AACAGGATAAAACAATGGCGGAAGAAAGAGA CAAGAGAACGAAGAGAAAGCTACCTGAAAGAA  
N R N K T M A E E R D S R E R R E A Y L K E

POCONE-BRA02  
Frame 1  
AACAGGATAAAACAATGGCGGAAGAAAGAGACCCAAGAGACGAAGAGAAATGAACCTGAAAGAA  
N K D K K M A E G R D P R D R R E M N L K E

7599 clone 3  
Frame 1  
AACAGGATAAAACAATGGCGGAAGAAAGAGACCCAAGAGACGAAGAGAAATGAACCTGAAAGAA  
N K D K K M A E G R D P R D R R E M N L K E

7599 clone  
Frame 1  
AACAGGATAAAACAATGGCGGAAGAAAGAGACCCAAGAGACGAAGAGAAATGAACCTGAAAGAA  
N R Q K T M A E G R D P R V R R E M N L K E

7599 clone 2  
Frame 1  
AACAGGATAAAACAATGGCGGAAGAAAGAGACCCAAGAGACGAAGAGAAATGAACCTGAAAGAA  
N R Q K T M A E G R D P R V R R E M N L K E

POCONE-BRA01  
Frame 1  
GATGCAGAAGAAAAGCAAGAAAGAGAAACAATGACTGGTGGAAATAGGTATGTTATGCTATGT  
D C A E A N A K K R N N D W W K I G M F M L C

POCONE-BRA02  
Frame 1  
GATGCAGAAGAAAAGCAAGAAAGAGAAACAATGACTGGTGGAAAGATAGGTATGTTATGCTATGT  
D P E E K A R K R N N D W W K I G M F M L C

7599 clone 3  
Frame 1  
GATGCAGAAGAAAAGCAAGAAAGAGAAACAATGACTGGTGGAAAGATAGGTATGTTATGCTATGT  
D P E E K A R K R N N D W W K I G M F M L C

7599 clone  
Frame 1  
GAGAGAGAAAGAAAAGCAAGAAAGAGAAACAATGACTGGTGGAAAGATAGGTATGTTATGCTATGT  
E E E E K E M K R S N D W W K L G M F M L C

7599 clone 2  
Frame 1  
GAGAGAGAGAAAGAAAAGCAAGAAAGAGAAACAATGACTGGTGGAAAGATAGGTATGTTATGCTATGT  
E E E E K E M K R S N D W W K L G M F M L C

POCONE-BRA01  
Frame 1  
TTATGGGAGCAACAGGAGGAAATGCTCTGGTGGTATGAGATGTGGCACAACCACAATATATAGGA  
L M G A T G G M L W W Y E D V A H P G Y I G

POCONE-BRA02  
Frame 1  
TTGATGGGACCAACAGGAGGAACTACTCTGGTGGTATGAAGGTGTGGCACATCCACGTTATATAGGA  
L M G A T G G L W W Y E G V A H P R Y I G

7599 clone 3  
Frame 1  
TTGATGGGACCAACAGGAGGAACTACTCTGGTGGTATGAAGGTGTGGCACATCCACGTTATATAGGA  
L M G A T G G V L W W Y E G V A H P R Y I G

7599 clone  
Frame 1  
TTGATGGGAGCAACAGGAGGAACTAGTCTGGTGGTATGAAGGTGTGGCACATCCACATTAATAGGA  
L M G A T G G L W W Y E G V A H P H Y I G

7599 clone 2  
Frame 1  
TTGATGGGAGCAACAGGAGGAACTAGTCTGGTGGTATGAAGGTGTGGCACATCCACATTAATAGGA  
L M G A T G G F V W W Y E G V A H P H Y I G

POCONE-BRA01  
Frame 1  
TTGATTACTGTTGGTGGGAAATTGGAAGGATCTGGATGACTAGTGCTATAGAATGTTGGGGTAAAG  
L I T V G G K L E G S G M T S A I E C W G K

POCONE-BRA02  
Frame 1  
TTAATTACTGTTGGTGGGAAATTAGAAATCTGGGATGACTAGTGCTATAGAATGTTGGGGTACT  
L I T V G G K L E E S G M T S A I E C W G T

7599 clone 3  
Frame 1  
TTAATTACTGTTGGTGGGAAATTAGAAATCTGGGATGACTAGTGCTATAGAATGTTGGGGTACT  
L I T V G G K L E E S G V T S A I E C W G T

7599 clone  
Frame 1  
TTAATTACTGTTGGTGGGAAATTAGAAATCTGGGATGACTAGTGCTATAGAATGTTGGGGTACT  
L I S V G G K L E G S G I T S A I E C W G T

7599 clone 2  
Frame 1  
TTAATTACTGTTGGTGGGAAATTAGAAATCTGGGATGACTAGTGCTATAGAATGTTGGGGTACT  
L I S V G G K L E G S G I T S A I E C W G T

POCONE-BRA01  
Frame 1  
TTTCCTGGCTGT  
F P G C

POCONE-BRA02  
Frame 1  
TTTCCTGGATGT  
F P G C

7599 clone 3  
Frame 1  
TTTCCTGGATGT  
F P G C

7599 clone  
Frame 1  
TTTCCTGGATGT  
F P G C

7599 clone 2  
Frame 1  
TTTCCTGGATGT  
F P G C

**Anexo 7** - Clones da amostra 8002 da região gp90 da combinação B.

POCONE-BRA01  
Frame 1  
ATGGTCAGCATCGCGTTCTATGGGGGATCCAGGGGGGAATCTCGACCCCTATTATTCACTCTTCAGGAAGAAGCTAGCACAC  
M V S I A F Y G G I P G G I S T P L I Q S S E E A S H T

POCONE-BRA02  
Frame 1  
ATGGTCAGCATCGCGTTCTATGGGGGATCCAGGGGGGACTCTCGGCCCTATTGTTTCAGTCTCCAGAAGAGGCCACTGAC  
M V S I A F Y G G I P G G I S T P L V Q S P E E A T C T

8002 clone 2  
Frame 1  
ATGGTCAGCATCGCGTTCTATGGGGGATCCAGGGGGGACTCTCGGCCCTATTGTTTCAGTCTCCAGAAGAGGCCACTGAC  
M V S I A F Y G G I P G G I S T P L V Q S P E E A T C T

8002 clone  
Frame 1  
ATGGTCAGCATCGCGTTCTATGGGGGATCCAGGGGGGAATCTCGACCCCTATTATTTCAGTCTCCAGAAGAGGCCACTCACAC  
M V S I A F Y G G I P G G I S T P L V I Q S P E E A T H T

8002 clone 3  
Frame 1  
ATGGTCAGCATCGCGTTCTATGGGGGATCCAGGGGGGAATCTCGACCCCTATTATTTCAGTCTCCAGAAGAGGCCACTCACAC  
M V S I A F Y G G I P G G I S T P L V I Q S P E E A T H T

8002 clone 4  
Frame 1  
ATGGTCAGCATCGCGTTCTATGGGGGATCCAGGGGGGAATCTCGACCCCTATTATTTCAGTCTCCAGAAGAGGCCACTCACAC  
M V S I A F Y G G I P G G I S T P L V I Q S P E E A T H T

POCONE-BRA01  
Frame 1  
CAAGGGGTACAATAATTAAACCTATTGTTCTGATGAAAGAGTAAAGGAAATAAACAATGGCGAAGAAAGAGATCAA  
K G D T I F K P Y C S D E K S N R N K T M A E E R D S

POCONE-BRA02  
Frame 1  
AAAGGGGTACAATAATTAAACCTATTGTTATATGAAATAGTAAAGGAAATAAAGATGGCGAAGGAAGAGACCCAA  
K G D T I F K P Y C Y N D N S N K D K K M A E G R D P

8002 clone 2  
Frame 1  
AAAGGGGTACAATAATTAAACCTATTGTTATATGAAATAGTAAAGGAAATAAAGATGGCGAAGGAAGAGACCCAA  
K G D T I F K P Y C Y N D N S N K D K K M A E G R D P

8002 clone  
Frame 1  
AAAGGGGTACAATAATTAAACCTATTGTTTGTAGAAATAGTAAAGGAAAGCGATGGCGAAGGAAGAGACCCAA  
K G D T I L K P Y C F D K N S N R T E A M A E G R D P

8002 clone 3  
Frame 1  
AAAGGGGTACAATAATTAAACCTATTGTTTGTAGAAATAGTAAAGGAAAGCGATGGCGAAGGAAGAGACCCAA  
K G D T I L K P Y C F D K N S N R T E A M A E G R D P

8002 clone 4  
Frame 1  
AAAGGGGTACAATAATTAAACCTATTGTTTGTAGAAATAGTAAAGGAAAGCGATGGCGAAGGAAGAGACCCAA  
K G D T I L K P Y C F D K N S N R T E A M A E G R D P

POCONE-BRA01  
Frame 1  
GAGAACGAAGAGAAGCTACCTGAAAGAAGAGCAAGAAGAAATGAAAGAAAGAGAAACAATGACTGGTGGAAATAGGTATG  
R E R R E A Y L K E D P E E K A R K R N N D W W K I G M

POCONE-BRA02  
Frame 1  
GAGAACGAAGAGAAGAACTGAAAGAAGAGCAAGAAGAAAGGAAAGAAAGAGAAACAATGACTGGTGGAAATAGGTATG  
R D R R E M N L K E D P E E K A R K R N N D W W K I G M

8002 clone 2  
Frame 1  
GAGAACGAAGAGAAGAACTGAAAGAAGAGCAAGAAGAAAGGAAAGAAAGAGAAACAATGACTGGTGGAAATAGGTATG  
R D R R E M N L K E D P E E K A R K R N N D W W K I G M

8002 clone  
Frame 1  
GAGAACGAAGAGAAGAACTGAAAGAAGAGCAAGAAGAAAGGAAAGAAAGAGAAACAATGACTGGTGGAAATAGGTATG  
R E R R E M N L K E E K E E K E E K R N N D W W K I G M

8002 clone 3  
Frame 1  
GAGAACGAAGAGAAGAACTGAAAGAAGAGCAAGAAGAAAGGAAAGAAAGAGAAACAATGACTGGTGGAAATAGGTATG  
R E R R E M N L K E G K E E K E E K R N N D W W K I G M

8002 clone 4  
Frame 1  
GAGAACGAAGAGAAGAACTGAAAGAAGAGCAAGAAGAAAGGAAAGAAAGAGAAACAATGACTGGTGGAAATAGGTATG  
R E R R E M N L K E E K E E K E E K R N N D W W K I G M

POCONE-BRA01  
Frame 1  
TTTATGCTATGTTTATGGGAGCAACAGGAGGATCTCTGGTGGTATGAGGATGTGGCACAATCAATAATAGGTTTATG  
F M L C L M G A T G G I L W W Y E G V A H P R Y I G L I

POCONE-BRA02  
Frame 1  
TTTATGCTATGTTTATGGGAGCAACAGGAGGATCTCTGGTGGTATGAGGATGTGGCACAATCAATAATAGGTTTATG  
F M L C L M G A T G G I L W W Y E G V A H P R Y I G L I

8002 clone 2  
Frame 1  
TTTATGCTATGTTTATGGGAGCAACAGGAGGATCTCTGGTGGTATGAGGATGTGGCACAATCAATAATAGGTTTATG  
F M L C L M G A T G G I L W W Y E G V A H P R Y I G L I

8002 clone  
Frame 1  
TTTATGCTATGTTTATGGGAGCAACAGGAGGATCTCTGGTGGTATGAGGATGTGGCACAATCAATAATAGGTTTATG  
F V L C L M G A T G G I L W W Y E G V A H P H Y I G L I

8002 clone 3  
Frame 1  
TTTATGCTATGTTTATGGGAGCAACAGGAGGATCTCTGGTGGTATGAGGATGTGGCACAATCAATAATAGGTTTATG  
F V L C L M G A T G G I L W W Y E G V A H P H Y I G L I

8002 clone 4  
Frame 1  
TTTATGCTATGTTTATGGGAGCAACAGGAGGATCTCTGGTGGTATGAGGATGTGGCACAATCAATAATAGGTTTATG  
F V L C L M G A T G G I L W W Y E G V A H P H Y I G L I

POCONE-BRA01  
Frame 1  
TACTGTTGGTGGAAATTGAAGGATCTGGATGACTAGTGTATAGAATGTTGGGGTAACTTCTGGCTG  
T V G G K L E E S G M T S A I E C W G T F P G C

POCONE-BRA02  
Frame 1  
TACTGTTGGTGGAAATTGAAGGATCTGGATGACTAGTGTATAGAATGTTGGGGTAACTTCTGGATG  
T V G G K L E E S G M T S A I E C W G T F P G C

8002 clone 2  
Frame 1  
TACTGTTGGTGGAAATTGAAGGATCTGGATGACTAGTGTATAGAATGTTGGGGTAACTTCTGGATG  
T V G G K L E E S G M T S A I E C W G T F P G C

8002 clone  
Frame 1  
TACTGTTGGTGGAAATTGAAGGATCTGGATGACTAGTGTATAGAATGTTGGGGTAACTTCTGGATG  
T V G G K L E E S G M T S A I E C W G T F P G C

8002 clone 3  
Frame 1  
TACTGTTGGTGGAAATTGAAGGATCTGGATGACTAGTGTATAGAATGTTGGGGTAACTTCTGGATG  
T V G G K L E E S G M T S A I E C W G T F P G C

8002 clone 4  
Frame 1  
TACTGTTGGTGGAAATTGAAGGATCTGGATGACTAGTGTATAGAATGTTGGGGTAACTTCTGGATG  
T V G G K L E E S G M T S A I E C W G T F P G C

POCONE-BRA01  
Frame 1

POCONE-BRA02  
Frame 1

8002 clone 2  
Frame 1

8002 clone  
Frame 1

8002 clone 3  
Frame 1

8002 clone 4  
Frame 1

**Anexo 8** - Clones da amostra 8089 da região gp90 da combinação B.

POCONE-BRA01  
Frame 2  
ATGGTCAGCATCGCGTTCTATGGGGGAATCCAGGGGGAATCTCTGACCCCTATTATTCACTCTCCAGAAGAAGGAGTCAACA  
M V S I A F Y G G I P G G I S T P I I Q S S E E A S H

POCONE-BRA02  
Frame 2  
ATGGTCAGCATTGCGTTCTATGGGGGAATCCAGGGGAGTCTCGGCCCTATTGTTTCAGTCTCCAGAAGAGGCCACTTGTGA  
M V S I A F Y G G I P G G V S A P I V Q S P E E A T C

8089 clone 2  
Frame 2  
ATGGTCAGCATCGCGTTCTATGGGGGATCCAGGGGGAATCTCTGACCCCTGTTTTCAGTCTCCAGAAGAGGCACACA  
M V S I A F Y G G I P G G I S T P V I Q S P E E A T H

8089 clone  
Frame 2  
ATGGTCAGCATTGCGTTCTATGGGGGAATCCAGGGGAGTCTCGGCCCTATTGTTTCAGTCTCCAGAAGAGGCCACTTGTGA  
M V S I A F Y G G I P G G V S A P I V Q S P E E A R T C

8089 clone 3  
Frame 2  
ATGGTCAGCATTGCGTTCTATGGGGGAATCCAGGGGAGTCTCGGCCCTATTGTTTCAGTCTCCAGAAGAGGCCACTTGTGA  
M V S I A F Y G G I P G G V S A P I V Q S P E E A T C

8089 clone 4  
Frame 2  
ATGGTCAGCATTGCGTTCTATGGGGGAATCCAGGGGAGTCTCGGCCCTATTGTTTCAGTCTCCAGAAGAGGCCACTTGTGA  
M V S I A F Y G G I P G G V S A P I V Q S P E E A R T C

8089 clone 5  
Frame 2  
ATGGTCAGCATTGCGTTCTATGGGGGAATCCAGGGGAGTCTCGGCCCTATTGTTTCAGTCTCCAGAAGAGGCCACTTGTGA  
M V S I A F Y G G I P G G V S A P I V Q S P E E A T C

POCONE-BRA01  
Frame 2  
CCAAGGGGGATACAATATTTAAACCCTATTGTTTCATGAAAGTAACAGGATAAAAATGGCGGAAGAAAGAGATCA  
T K V S I A F Y G G I P G G V S A P I V Q S P E E A R T C

POCONE-BRA02  
Frame 2  
CAAAGGGGGATACAATATTTAAACCCTATTGTTATAATGACAATAGTAACAAGGATAAAAAGATGGCGGAAGGAAGAGACCCA  
T K G D T I F K P Y C Y N D N S N K D K K M A E G R D P

8089 clone 2  
Frame 2  
CAAAGGGGGATACAATATTTAAACCCTATTGTTTCATGAAAGTAACAGGATAAAAAGATGGCGGAAGGAAGAGACCCA  
T K G D T I F K P Y C Y N D N S N K D K K M A E G R D P

8089 clone  
Frame 2  
CAAAGGGGGATACAATATTTAAACCCTATTGTTATAATGACAATAGTAACAAGGATAAAAAGATGGCGGAAGGAAGAGACCCA  
T K G D T I F K P Y C Y N D N S N K D K K M A E G R D P

8089 clone 3  
Frame 2  
CAAAGGGGGATACAATATTTAAACCCTATTGTTATAATGACAATAGTAACAAGGATAAAAAGATGGCGGAAGGAAGAGACCCA  
T K G D T I F K P Y C Y N D N S N K D K K M A E G R D P

8089 clone 4  
Frame 2  
CAAAGGGGGATACAATATTTAAACCCTATTGTTATAATGACAATAGTAACAAGGATAAAAAGATGGCGGAAGGAAGAGACCCA  
T K G D T I F K P Y C Y N D N S N K D K K M A E G R D P

8089 clone 5  
Frame 2  
CAAAGGGGGATACAATATTTAAACCCTATTGTTATAATGACAATAGTAACAAGGATAAAAAGATGGCGGAAGGAAGAGACCCA  
T K G D T I F K P Y C Y N D N S N K D K K M A E G R D P

POCONE-BRA01  
Frame 2  
AGAGACCGAAGAGAAGCGACCTGAAAGAAGATGCAGAAGAAAAGCAAAGAGAAACAATGACTGGTGGAAATAGGTAT  
R E R R E A Y L K E D A E E N A K K R N N D W W K I G M

POCONE-BRA02  
Frame 2  
AGAGACCGAAGAGAAGAACTGAAAGAAGATCCAGAAGAAAAGCAAAGGAAGAGAACAATGACTGGTGGAAAGATAGGTAT  
R D R R E M N L K E D P E E K A R K R N N D W W K I G M

8089 clone 2  
Frame 2  
AGAGACCGAAGAGAAGAACTGAAAGAAGATCCAGAAGAAAAGCAAAGGAAGAGAACAATGACTGGTGGAAAGATAGGTAT  
R E R R E M N L K E E K E E K E E K R S N D W W R I G M

8089 clone  
Frame 2  
AGAGACCGAAGAGAAGAACTGAAAGAAGATCCAGAAGAAAAGCAAAGGAAGAGAACAATGACTGGTGGAAAGATAGGTAT  
R D R R E M N L K E D S A A A A A A R K R N N D W W K I G M

8089 clone 3  
Frame 2  
AGAGACCGAAGAGAAGAACTGAAAGAAGATCCAGAAGAAAAGCAAAGGAAGAGAACAATGACTGGTGGAAAGATAGGTAT  
R D R R E M N L K E D P E E K A R K R N N D W W K I G M

8089 clone 4  
Frame 2  
AGAGACCGAAGAGAAGAACTGAAAGAAGATCCAGAAGAAAAGCAAAGGAAGAGAACAATGACTGGTGGAAAGATAGGTAT  
R D R R E M N L K E D P E E K A R K R N N D W W K I G M

8089 clone 5  
Frame 2  
AGAGACCGAAGAGAAGAACTGAAAGAAGATCCAGAAGAAAAGCAAAGGAAGAGAACAATGACTGGTGGAAAGATAGGTAT  
R D R R E M N L K E D P E E K A R K R N N D W W K I G M

POCONE-BRA01  
Frame 2  
GTTATGCTATGTTTATGGGAGCAACAGGAGGAATGCTCTGGTGGTATGAGGATGTGGCACACCCACATATATAGGATTGA  
F M L C L M G A T G G M L W W Y E D V A H P Q Y I G L

POCONE-BRA02  
Frame 2  
GTTTCATGCTATGTTTATGGGAGCAACAGGAGGAATGCTCTGGTGGTATGAGGATGTGGCACATCCACGTTATATAGGATTAA  
F M L C L M G A T T G G I L W W Y E G V A H P R Y I G L

8089 clone 2  
Frame 2  
GTTATGCTATGTTTATGGGAGCAACAGGAGGATATCTCTGGTGGTATGAGGATGTGGCACATCCACATTAATATAGGATTAA  
F V L C L M G A T G G I W W Y E G V A H P H Y I G L

8089 clone  
Frame 2  
GTTTCATGCTATGTTTATGGGAGCAACAGGAGGAATGCTCTGGTGGTATGAGGATGTGGCACATCCACGTTATATAGGATTAA  
F M L C L M G A T T G G I L W W Y E G V A H P R Y I G L

8089 clone 3  
Frame 2  
GTTTCATGCTATGTTTATGGGAGCAACAGGAGGAATGCTCTGGTGGTATGAGGATGTGGCACATCCACGTTATATAGGATTAA  
F M L C L M G A T T G G I L W W Y E G V A H P R Y I G L

8089 clone 4  
Frame 2  
GTTTCATGCTATGTTTATGGGAGCAACAGGAGGAATGCTCTGGTGGTATGAGGATGTGGCACATCCACGTTATATAGGATTAA  
F M L C L M G A T T G G I L W W Y E G V A H P R Y I G L

8089 clone 5  
Frame 2  
GTTTCATGCTATGTTTATGGGAGCAACAGGAGGAATGCTCTGGTGGTATGAGGATGTGGCACATCCACGTTATATAGGATTAA  
F M L C L M G A T T G G I L W W Y E G V A H P R Y I G L

POCONE-BRA01  
Frame 2  
TTACTGTTGGTGGGAAATTAAGGAGACTCTGMAATGACTAGTGCTATAGAATGTTGGGGTACGTTTCTGGTGT  
I T V G G K L E E S G G M T S A I E C W G T F P G C

POCONE-BRA02  
Frame 2  
TTACTGTTGGTGGGAAATTAAGGAACTGGGATGACTAGTGCTATAGAATGTTGGGGTACTTTTCTGGATGT  
I T V G G K L E E S G G M T S A I E C W G T F P G C

8089 clone 2  
Frame 2  
TTACTGTTGGTGGGAAATTAAGGAGACTCTGGGATGACTAGTGCTATAGAATGTTGGGGTACTTTTCTGGATGT  
I T V G G K L E E S G G M T S A I E C W G T F P G C

8089 clone  
Frame 2  
TTACTGTTGGTGGGAAATTAAGGAACTGGGATGACTAGTGCTATAGAATGTTGGGGTACTTTTCTGGATGT  
I T V G G K L E E S G G M T S A I E C W G T F P G C

8089 clone 3  
Frame 2  
TTACTGTTGGTGGGAAATTAAGGAACTGGGATGACTAGTGCTATAGAATGTTGGGGTACTTTTCTGGATGT  
I T V G G K L E E S G G M T S A I E C W G T F P G C

8089 clone 4  
Frame 2  
TTACTGTTGGTGGGAAATTAAGGAACTGGGATGACTAGTGCTATAGAATGTTGGGGTACTTTTCTGGATGT  
I T V G G K L E E S G G M T S A I E C W G T F P G C

8089 clone 5  
Frame 2  
TTACTGTTGGTGGGAAATTAAGGAACTGGGATGACTAGTGCTATAGAATGTTGGGGTACTTTTCTGGATGT  
I T V G G K L E E S G G M T S A I E C W G T F P G C

**Anexo 9** - Clones da amostra 9000 da região gp90 da combinação B.

POCONE-BRA01 ATGGTCAGCATCGCGTTCTATGGGGGAATCCCAGGGGGAATCTC**G**ACCCCTATTAT**C**  
Frame 1 M V S I A F Y G G I P G G I S T P I I

POCONE-BRA02 ATGGTCAGCAT**T**CGCGTTCTATGGGGGAATCCCAGGGGGA**G**TCTC**GG**CCCTATT**GT****C**  
Frame 1 M V S I A F Y G G I P G G **V**S **A**P I **V**

9000 clone 2 ATGGTCAGCATCGCGTTCTATGGGGGAATCCCAGGGGGAATCTC**A**ACCCCTATTAT**C**  
Frame 1 M V S I A F Y G G I P G G I S T P I I

9000 clone 3 ATGGTCAGCATCGCGTTCTATGGGGGAATCCCAGGGGGAATCTC**A**ACCCCTATTAT**C**  
Frame 1 M V S I A F Y G G I P G G I S T P I I

POCONE-BRA01 AATCT**T**CAGAG**A**AG**G**CT**A**GT**C**AC**A**CC**A**AGGGG**A**T**A**CAATA**T**TTAAAC**C**CTATTG**T**T**C**  
Frame 1 Q S **S**E **E****A****S****H****T**K G **D****T**I **F**K P Y C S

POCONE-BRA02 **A**GTCTCCAGAG**A**AG**G**CC**A**CT**T**GT**A**CA**A**AGGGG**A**T**A**CAATA**T**TTAAAC**C**CTATTG**T**T**A**  
Frame 1 Q S P E **E****A****T****C****T**K G **D****T**I **F**K P Y C **Y**

9000 clone 2 AATCTCCAGAG**G**GG**A**CC**A**CT**A**T**G**ATA**A**AGGGG**G**T**G**CAATA**C**TTAAAC**C**CTATTG**T**T**C**  
Frame 1 Q S P E **G****T****N****Y****D****K**G **G****A**I **L**K P Y C S

9000 clone 3 AATCTCCAGAG**G**GG**A**CC**A**CT**A**T**G**ATA**A**AGGGG**G**T**G**CAATA**C**TTAAAC**C**CTATTG**T**T**C**  
Frame 1 Q S P E **G****T****N****Y****D****K**G **G****A**I **L**K P Y C S

POCONE-BRA01 TGATGAG**A**A**A**AGTAA**C**AG**G**A**T**A**A**A**C**AATGGCGGAAG**A**AAGAG**A**TT**C**AAGAGAA**C**GA  
Frame 1 D E **K**S N **R****N****K****T**M A E **E**R D **S**R E R

POCONE-BRA02 **T**AATG**A**CA**A**ATAGTAA**C**AAG**G**A**T**A**A**A**A**GATGGCGGAAGGAAGAGACCCAAGAGAA**C**GA  
Frame 1 **N****D****N**S N **K****D****K****K**M A E G R D P R **D**R

9000 clone 2 TGATGAG**C**ATAGTAA**A**AAG**C**T**G**A**A**GCGATGGCGGAAGGAAGAGACCCAAGAGAA**A**GA  
Frame 1 D E **H**S N **K****T****E****A**M A E G R D P R E R

9000 clone 3 TGATGAG**C**ATAGTAA**A**AAG**C**T**G**A**A**GCGATGGCGGAAGGAAGAGACCCAAGAGAA**A**GA  
Frame 1 D E **H**S N **K****T****E****A**M A E G R D P R E R

POCONE-BRA01 AGAGAA**G**C**G**ACCTGAAAGAAG**A**T**G**CAGAAAGAAA**G**CA**A**GA**A**GAGAA**A**CAATGACT  
Frame 1 R E **A****Y**L K E **D****A**E E **N****A****K**K R **N****N**D

POCONE-BRA02 AGAGAAATGAACCTGAAAGAAG**A**T**C**CAGAAAGAAA**G**CA**A**GG**A**A**G**AGAA**A**CAATGACT  
Frame 1 R E M N L K E **D****P**E E K **A****R**K R **N****N**D

9000 clone 2 AGAGAAATGAACCTGAAAGAAG**A**A**A**AGAAGAAA**G**A**A**ACGAA**A**AGA**A**GCAATGACT  
Frame 1 R E M N L K E **E****K**E E K **E****T**K R **S****N**D

9000 clone 3 AGAGAAATGAACCTGAAAGAAG**A**A**A**AGAAGAAA**G**A**A**ACGAA**A**AGA**A**GCAATGACT  
Frame 1 R E M N L K E **E****K**E E K **E****T**K R **S****N**D

POCONE-BRA01 GGTGGA**A**A**A**ATAGGTATGTT**T**AT**G**CT**A**TGT**T**AATGGGAGC**A**ACAGGAGGA**A**T**G**CTCTG  
Frame 1 W W K I G M F M **L****C**L M G A T G G **M****L**W

POCONE-BRA02 GGTGGAAGATAGGTATGTT**C**AT**G**CT**A**TGT**T**ATGGG**A**CA**A**ACAGGAGGA**A**T**A**CTCTG  
Frame 1 W W K I G M F M **L****C**L M G A T G G **L****V**W

9000 clone 2 GGTGGAAGATAGGTATGTT**C**AT**G**CT**A**TGT**T**ATGGG**A**CA**A**ACAGGAGGA**A**T**A**CTCTG  
Frame 1 W W K I G M F M **F****C**L M G A T G G **L****V**W

9000 clone 3 GGTGGAAGATAGGTATGTT**C**AT**G**CT**A**TGT**T**ATGGG**A**CA**A**ACAGGAGGA**A**T**A**CTCTG  
Frame 1 W W K I G M F M **F****C**L M G A T G G **L****V**W

POCONE-BRA01 GTGGTATGAGG**A**TGTGGCAC**A**CCAC**A**TA**A**ATAGGATT**G**ATTACTGTTGGTGG**G**AAA  
Frame 1 W Y E **D**V A H P **Q**Y I G L I T V G G K

POCONE-BRA02 GTGGTATGA**A**GGTGTGGCACATCCAC**G**T**A**A**A**ATAGGATTAATTACTGTTGGTGG**G**AAA  
Frame 1 W Y E **G**V A H P **R**Y I G L I T V G G K

9000 clone 2 GTGGTATGAGGGTGTGGCACATCCAC**A**TA**A**ATAGGATTAATTACTGTTGGTGG**A**AAA  
Frame 1 W Y E G V A H P H Y I G L I T V G G K

9000 clone 3 GTGGTATGAGGGTGTGGCACATCCAC**A**TA**A**ATAGGATTAATTACTGTTGGTGG**A**AAA  
Frame 1 W Y E G V A H P H Y I G L I T V G G K

POCONE-BRA01 TT**G**GAAAG**A**TCTGG**A**ATGACTAGTGCTATAGAATGTTGGGGT**A**AGTTT**C**CTGG**C**TGT  
Frame 1 L E G S G M T S A I E C W G **K**F P G C

POCONE-BRA02 TTAGAAG**A**A**T**CTGGGATGACTAGTGCTATAGAATGTTGGGGT**A**CTTTT**C**CTGGATGT  
Frame 1 L E **E**S G M T S A I E C W G T F P G C

9000 clone 2 TTAGAAG**G**TCTGGG**G**TGACTAGTGCTATAGAATGTTGGGGT**A**CTTTT**C**CTGGATGT  
Frame 1 L E G S G **V**T S A I E C W G T F P G C

9000 clone 3 TTAGAAG**G**TCTGGGATGACTAGTGCTATAGAATGTTGGGGT**A**CTTTT**C**CTGGATGT  
Frame 1 L E G S G M T S A I E C W G T F P G C

**Anexo 10** - Clones da amostra 11 da região gp90 da combinação E.



**Anexo 11** - Clones da amostra 3613 da região gp90 da combinação E.

POCONE-BRA01 GAGAATCAAAGGCAATTCTTATTCCAGAAGAAGAAATGGTACAGAAAGGATAAAT---ACTTGGGCCCTAGGGGATGTAAT  
Frame 1 E N Q K A I L I P E E E M V Q N D N N --- T W A P K G C N

POCONE-BRA02 GAGAATCAAAGGCAATTCTTATTCCAGAAGAAGAAATGATACAGTACAATGACATTCGCACTTGGGCCCCCTAAGGGATGTAAT  
Frame 1 E N Q K K T I L V N N E M I Q Y N D N R T W A P K G C N

3613 clone GAGAATCAAAGGCAATTCTTATTCCAGAAGAAGAAATGATACAGTACAATGGCACT---ACTTGGGCCCCCTAAGGGATGTAAT  
Frame 1 E N Q K A I L I P E E E M I Q Y N G T --- T W A P K G C N

3613 clone 2 GAGAATCAAAGGCAATTCTTATTCCAGAAGAAGAAATGATACAGTACAATGGCACT---ACTTGGGCCCCCTAAGGGATGTAAT  
Frame 1 E N Q K A I L I P E E E M I Q Y N G T --- T W A P K G C N

POCONE-BRA01 AGCACATGGGCAAAGGTTGAACATTGTCCAGCGGALCTGTTGTATGGGATACATCTATTAGGCTATGTGTGCAGCCACCATT  
Frame 1 S T W A R V K H C P A D L L Y G H P I R L C V Q P P F

POCONE-BRA02 GACACATGGGCAAAGTAAACATTGTCCAAATGGACTTGTGTATGGGCTGCATCTATTAGGTTATGTGTACAGCCACCATT  
Frame 1 D T W A K V K H C P M D L S Y G L H P I R L C V Q P P F

3613 clone GACACATGGGCAAAGTAAACATTGTCCAAATGGACTTGTGTATGGGCTGCATCTATTAGGTTATGTGTACAGCCACCATT  
Frame 1 D T W A K V K H C P M D L S Y G L H P I R L C V Q P P F

3613 clone 2 GACACATGGGCAAAGTAAACATTGTCCAAATGGACTTGTGTATGGGCTGCATCTATTAGGTTATGTGTACAGCCACCATT  
Frame 1 D T W A K V K H C P M D L S Y G L H P I R L C V Q P P F

POCONE-BRA01 TTCTGGTAAATAAAGATGGGAACTGCAAAATGGGAACTCACACTTAGAACTGTGGTCCACAAATATCACTGGGGATA  
Frame 1 F L V K N N D G N F T N G N H T L S N C G P Q I S L G I

POCONE-BRA02 TTTCTGGTAAAGAAAGAAGAT-----AATCATAGCCGCACACTTAGTAATTGTGGTCCACAAATATCACTAGGGATA  
Frame 1 F L V R K E D ----- N H S R T L S N C G P Q I S L G I

3613 clone TTTCTGGTAAAGAAAGAAGAT-----AATCATAGCCGCACACTTAGTAATTGTGGTCCACAAATATCACTAGGGATA  
Frame 1 F L V R K E D ----- N H S R T L S N C G P Q I S L G I

3613 clone 2 TTTCTGGTAAAGAAAGAAGAT-----AATCATAGCCGCACACTTAGTAATTGTGGTCCACAAATATCACTAGGGATA  
Frame 1 F L V R K E D ----- N H S R T L S N C G P Q I S L G I

POCONE-BRA01 TTAGATGAAATAAAGCTGTAAAGGAGGGLCACTGCTGCTGGCTAAAAAGTTTTCAT---TTTAAATGATATTCTGGA  
Frame 1 L D E N K A V T R S V N C T V A K K V F H --- F N D Y S G

POCONE-BRA02 TTAGATGCAATAAAGCTGCTGTAAGAGATGCCAGCTGCCAGGTGGAGAAAAGACTTTTCAGTTTCTAAAGGCTATTCTGGA  
Frame 1 L D S N K A A V K D A S C Q V E K K T F Q F S K G H S G

3613 clone TTAGATAACAATAAAGCTGCTGTAAGAGATGCCAGCTGCCAGGTGGAGAAAAGACTGTTTCAGATTCTAAAGATATTCTGGA  
Frame 1 L D N N K A A V R D A S C Q V E K K T V Q I P K E Y S G

3613 clone 2 TTAGATAACAATAAAGCTGCTGTAAGAGATGCCAGCTGCCAGGTGGAGAAAAGACTGTTTCAGATTCTAAAGATATTCTGGA  
Frame 1 L D N N K A A V R D A S C Q V E R K T V Q I P K E Y S G

POCONE-BRA01 CAGTTTATAGTCTATATTATCACTGATATTT---AGCCTACACCTTGAAATGGGCAAACTCAACAGTAAGTATTATC  
Frame 1 Q F I S P A T F Y Q C N L --- S L T P C N G N S P Y S I

POCONE-BRA02 CAGCTTATAGTCTATATTCTATAAGTGTACTATTACTAATCTGACAAGGTGCATAACACAGCTCAACAATAAGTATTATC  
Frame 1 Q L I V P I F Y K C T I T N L T R C Y N S S S T I S I I

3613 clone CAGCTTATAGTCTATATTCTATAAGTGTACTATTACTAATCTGACAAGGTGCATAACACAGCTCAACAATAAGTATTATC  
Frame 1 Q L I V P I F Y K C T I T N L T R C N N D N S T I S I I

3613 clone 2 CAGCTTATAGTCTATATTCTATAAGTGTACTATTACTAATCTGACAAGGTGCATAACACAGCTCAACAATAAGTATTATC  
Frame 1 Q L I V P I F Y K C T I T N L T R C N N D N S T I S I I

POCONE-BRA01 AGATATGATGAGGACCTGTTGAATATTTGATAGAACTGTTGAATAATGATATGCAAGGCAAAACACTGAAATA  
Frame 1 R Y D E K N V Q Y L L C K T --- N --- --- ATACAGATGCAGG  
Frame 1 R Y D K D N V Q Y L L C K N --- N T --- --- AGATAACTCCAGGA  
Frame 1 R Y D K D N V Q Y L L C K N --- N T --- --- AGATAACTCCAGGA  
Frame 1 R Y D K D N V Q Y L L C K N --- N T --- --- D N T P G

POCONE-BRA01 AAATTTTATGTTAGTACAACTTTTGGACAAATAGGACAGGCACATATAGAATACCCAGAAAATAAAAAGATAAGGAA  
Frame 1 N F S C V V Q T F F G A I I G Q A H I E L P R K N K K I I G

POCONE-BRA02 AATTTTTCATGTTAGTACAACTTTTGGAAAAATAGGACAGGCACATATAGAGTTACCCAGAAAATAAAAAGGATAAGAGAG  
Frame 1 N F S C V V Q T F F G A A A T G Q A H I E L P R N N K R I R E

3613 clone AATTTTTCATGTTAGTACAACTTTTGGAAAAATAGGACAGGCACATATAGAGTTACCCAGAAAATAAAAAGGATAAGAGAG  
Frame 1 N F S C V V Q T F F G A A A T G Q A H I E L P R N N K R I R E

3613 clone 2 AATTTTTCATGTTAGTACAACTTTTGGAAAAATAGGACAGGCACATATAGAGTTACCCAGAAAATAAAAAGGATAAGAGAG  
Frame 1 N F S C V V Q T F F G A A A T G Q A H I E L P R N N N K R I R E

POCONE-BRA01 AACAGTTCACACATATAAATGTTCAATAAATGATAGACAGAGTTAAGAAATGAAATTTGGTAAAAAGTTCCGGTATTACT  
Frame 1 N Q F T Q Y N C S I N D K T E L F K W K L V K S S G I T

POCONE-BRA02 AACAAATTCACACAGTATAAATGTTCAATAAATCAGACAGAGTTAAAGAATGAAATTTGATAAAAAGTTCCGGTATTACT  
Frame 1 N K F T Q Y N C S I N N Q T E L K E W K L I K G S G I T

3613 clone AACAAATTCACACAGTATAAATGTTCAATAAATCAGACAGAGTTAAAGAATGAAATTTGATAAAAAGTTCCGGTATTACT  
Frame 1 N K F T Q Y N C S I N N Q T E L K E W K L I K G S G I T

3613 clone 2 AACAAATTCACACAGTATAAATGTTCAATAAATCAGACAGAGTTAAAGAATGAAATTTGATAAAAAGTTCCGGTATTACT  
Frame 1 N K F T Q Y N C S I N N Q T E L K E W K L I K G S G I T

POCONE-BRA01 CCTTTTCTGTTACTTCTCGGCAAAACAGGATAGTTAGATACAAAAGA  
Frame 1 P F P V T S R A N T G L V R Y K R

POCONE-BRA02 CCTATTCTATTACTTCTCAGGCTAACACAGGATTAATAGATACAAAAGA  
Frame 1 P I P I T S Q A N T G L I R Y K R

3613 clone CCTATTCTATTACTTCTCAGGCTAACACAGGATTAATAGATACAAAAGA  
Frame 1 P I P I T S Q A N T G L I R/Y K R

3613 clone 2 CCTATTCTATTACTTCTCAGGCTAACACAGGATTAATAGATACAAAAGA  
Frame 1 P I P I T S Q A N T G L I R Y K R

**Anexo 12** - Clones da amostra 7575 da região gp90 da combinação E.

POCONE-BRA01  
Frame 2  
GAGAATCAAAGGCAATTCTTATTCCAGAAGAAGAAATGGTACAGMAGATATAA---ACTTGGGCCCTAGGGGATGTA  
E N Q K A I L I P E E E M V Q N D N ---N T W S P R G C

POCONE-BRA02  
Frame 2  
GAGAATAAAAGCGATTCTTGTCCAGAAGAAGAAATGATACAGTACAATGACANCGCCTTGGGCCCTAAGGGATGTA  
E N K K T I L V N D N R N T W A P K G C

7575 clone  
Frame 2  
GAGAATCAAAGGCAATTCTTATTCCAGAAGAAGAAATGATACAGTACAATGACANCGCCTTGGGCCCTAAGGGATGTA  
E N Q K A I L I P E E E M I Q Y N D N R T W A P K G C

7575 clone 2  
Frame 2  
GAGAATCAAAGGCAATTCTTATTCCAGAAGAAGAAATGATACGTACAATGCA---CCACTTGGGCCCTAAGGATGTA  
E N Q K A I L I P E E E M I L Y N G ---T T W A P K E C

POCONE-BRA01  
Frame 2  
ATAGCACATGGGCAAGGTTGAACATTGTCCAGCGGATCTGTTGTATGGGATACATCCTATTAGGTATGTGTGCGAGCCACCA  
N S T W A R V K H C P A D L L Y G I H P I R L C V Q P P

POCONE-BRA02  
Frame 2  
ATGACACATGGGCAAAAGTAAACATTGTCCAATGGACTTGTGTATGGGCTGCATCCTATTAGGTTATGTGTACAGCCACCA  
N D T W A K V K H C P M D L L Y G L H P I R L C V Q P P

7575 clone  
Frame 2  
ATGACACATGGGCAAAAGTAAACATTGTCCAATGGACTTGTGTATGGGCTGCATCCTATTAGGTTATGTGTACAGCCACCA  
N D T W A K V K H C P M D L L Y G L H P I R L C V Q P P

7575 clone 2  
Frame 2  
ATGACACATGGGCAAAAGTAAAGCATTGTCCAATGGACTTGTGTATGGGCTGCATCCTATTAGGTTATGTGTACAGCCACCA  
N D T W A K V K H C P M D L L Y G L H P I R L C V Q P P

POCONE-BRA01  
Frame 2  
TTTTCTCTGTAAATAAAGATGGGAACTGCAAAATGGGACCACACCTTAGCAATGTGGTCCACAAATATCACTGGG  
F F L V K N N D G N F I N G N H T L S N C G P Q I S L G

POCONE-BRA02  
Frame 2  
TTTTCTCTGTAAAGAAAAGAT-----AATCATAGCCGACACTTAGTAATTTGGTCCACAAATATCACTAGG  
F F L V R K E D -----N H S R T L S N C G P Q I S L G

7575 clone  
Frame 2  
TTTTCTCTGTAAAGAAAAGAT-----AATCATAGCCGACACTTAGTAATTTGGTCCACAAATATCACTAGG  
F F L V R K E D -----N H S R T L S N C G P Q I S L G

7575 clone 2  
Frame 2  
TTTTCTCTGTAAAGAAAAGAT-----AATCATAGCCGACACTTAGTAATTTGGTCCACAAATATCACTAGG  
F F L V R K E D -----N H S R T L S N C G P Q I S L G

POCONE-BRA01  
Frame 2  
GATATTAGATGAATAAAGCTGTCAAGGGAGGCACTGCACTGTGCAAAAAGTITTTCA---TTTAAAGACTATT  
I L D T W A K V K H C P M D L L Y G L H P I R L C V Q P P

POCONE-BRA02  
Frame 2  
GATATTAGATGCAATAAAGCTGCTGTAAAGATGCCAGCTGCCAGTGGAGAAAAGACTTTTCAGTTCTAAAGGCCATT  
I L D T W A K V K H C P M D L L Y G L H P I R L C V Q P P

7575 clone  
Frame 2  
GATATTAGATAACAATAAAGCTGCTGTAAAGATGCCAGCTGCCAGTGGAGAAAAGACTTTTCAGATTCTAAAGAATATT  
I L D N N K A A V R D A S C Q V E R K T V Q I P R E Y

7575 clone 2  
Frame 2  
GATATTAGATAACAATAAAGCTGCTGTAAAGATGCCAGCTGCCAGTGGAGAAAAGACTTTTCAGATTCTAGAGAAATT  
I L D N N K A A V R D A S C Q V E R K T V Q I P R E Y

POCONE-BRA01  
Frame 2  
CTGGACAGTTTATAGTCTCTATTTATAGTATCTT---AGCCTACACCTGTAATGGGACAAACTCACCACTAAGT  
S G Q L I V P I F Y K C T I T N L T R C Y N N S S T I S

POCONE-BRA02  
Frame 2  
CTGGACAGCTTATAGTCTCTATTTCTATAAGTGTACTATTACTAATCTGACAAGGTGCAATAACAGACTCAACAATAAGT  
S G Q L I V P I F Y K C T I T N L T R C N N E D S T I S

7575 clone  
Frame 2  
CTGGACAGCTTATAGTCTCTATTTCTATAAGTGTACTATTACTAATCTGACAAGGTGCAATAACAGACTCAACAATAAGT  
S G Q L I V P I F Y K C T I T N L T R C N N E D S T I S

7575 clone 2  
Frame 2  
CTGGACAGCTTATAGTCTCTATTTCTATAAGTGTACTATTACTAATCTGACAAGGTGCAATAACAGACTCAACAATAAGT  
S G Q L I V P I F Y K C T I T N L T R C N N E D S T I S

POCONE-BRA01  
Frame 2  
ATTATCAGATATGATGAGGACACTGTTGAATATTTGATAGMAACACTGTGAAATATGAAATGCAAGGCATAAACAACAC  
I I R Y D E D T V E Y L I R N T V E Y L I C K A K N I T

POCONE-BRA02  
Frame 2  
ATTATCAGGTATGATGAGAAATAATGTTCAATATTTGTTATGTAACAATA-----ATACAGAA  
I I R Y D E K N V Q Y L L C K T N -----N T D

7575 clone  
Frame 2  
ATTATCAGGTATGATAGGACAATGTTCAATATTTGTTATGTAACAATA-----GATAACAC  
I I R Y D K D N V Q Y L L C K N N T -----D N T

7575 clone 2  
Frame 2  
ATTATCAGGTATGATAGGACAATGTTCAATATTTGTTATGTAACAATA-----CAC  
I I R Y D K D N V Q Y L L C K N D -----D T

POCONE-BRA01  
Frame 2  
TGAAATAAATTTTCATGTGTAGTACAAACTTTTGGGCAATAGGACAGGCACATATAGACTACCCAGAAAATAAAAAGA  
E K N F S C V V Q T F G K I G Q A H I E L P R N K K R

POCONE-BRA02  
Frame 2  
TGCAGGAAATTTTCATGTGTAGTACAAACTTTTGGGCAATAGGACAGGCACATATAGAGTTACCCAGAAAATAAAAAGGA  
A G N F S C V V Q T F G K I G Q A H I E L P R N N K R

7575 clone  
Frame 2  
TGCAGGAAATTTTCATGTGTAGTACAAACTTTTGGGCAATAGGACAGGCACATATAGAGTTACCCAGAAAATAAAAAGGA  
P G N F S C V V Q T F G K I G Q A H I E L P R N N K R

7575 clone 2  
Frame 2  
TGCAGGAAATTTTCATGTGTAGTACAAACTTTTGGGCAATAGGACAGGCACATATAGAGTTACCCAGAAAATAAAAAGGA  
S E N F S C V V Q T F G K I G Q A H I E L P R N N K R

POCONE-BRA01  
Frame 2  
TAAAGGAAACAGTTCACACACATAAATGTTCAATAAATGATAGACAGAGTTAGAAATGGAAGTTGGTAAAAAAGTTCC  
I R E N K F T Q Y N C S I N N Q T E L K F W K L I K G S

POCONE-BRA02  
Frame 2  
TAAGAGAGAACAATTCACACACGATAAATGTTCAATAAATGATAGACAGAGTTAGAAATGGAAGTTGGTAAAAAAGTTCC  
I R E N K F T Q Y N C S I N N Q T E L K F W K L I K G S

7575 clone  
Frame 2  
TAAGAGAGAACAATTCACACACGATAAATGTTCAATAAATGATAGACAGAGTTAGAAATGGAAGTTGGTAAAAAAGTTCC  
I R E N K F T Q Y N C S I N N Q T E L K F W K L I K G S

7575 clone 2  
Frame 2  
TAAGAGAGAACAATTCACACACGATAAATGTTCAATAAATGATAGACAGAGTTAGAAATGGAAGTTGGTAAAAAAGTTCC  
I R E N K F T Q Y N C S I N N Q T E L K F W K L I K G S

POCONE-BRA01  
Frame 2  
GGTATTACTCCTTTCTCTGTTACTTCTCGGGCAACACAGGACTAGTTAGATACAAAAGA  
G I T P F P V T S R A N T G L V R Y K R

POCONE-BRA02  
Frame 2  
GGTATTACTCCTATTCTTCTCAGGCTAACACAGGATTAATAGATACAAAAGA  
G I T P I P I T S Q A N T G L I R Y K R

7575 clone  
Frame 2  
GGTATTACTCCTATTCTTCTCAGGCTAACACAGGATTAATAGATACAAAAGA  
G I T P I P I T S Q A N T G L I R Y K R

7575 clone 2  
Frame 2  
GGTATTACTCCTATTCTTCTCAGGCTAACACAGGATTAATAGATACAAAAGA  
G I T P I P I T S Q A N T G L I R Y K R

**Anexo 13** - Clones da amostra 7722 da região gp90 da combinação E.

POCONE-BRA01  
Frame 1 G A G A A T C A A A G G C A A T T C T T A T T C C A G A E A G A G A A A T M G T A C A G A A G A T A A - - - A  
E N Q K A I L I P E E E M V Q N D N N - - -

POCONE-BRA02  
Frame 1 G A G A A T A A A A G A C G A T T C T T G T T C C A G A E A G A G A A A T G A T A C A G T A C A A T G A C A A T C G C A  
E N K K T I L V P E E E M I Q Y N D N R

7722 clone 2  
Frame 1 G A G A A T C A A A G G C A A T T C T T A T T C C A G A E A G A G A A A T G A T A C A G T A C A A T G A C A A T C G C A  
E N Q K A I L I P E E E M I Q Y N D N R

7722 clone 3  
Frame 1 G A G A A T C A A A G G C A A T T C T T A T T C C A G A E A G A G A A A T G A T A C A G T A C A A T G A C A A T C G C A  
E N Q K A I L I P E E E M I Q Y N D N R

7722 clone  
Frame 1 G A G A A T C A A A G G C A A T T C T T A T T C C A G A E A G A G A A A T G A T A C G T A C A A T G C A C - - - C A  
E N Q K A I L I P E E E M I Q Y N G T - - -

POCONE-BRA01  
Frame 1 C T T G G C C C C T A G G G A T G T A A T A G C A C A T G G C A A G G G T G A A A C A T T G T C C A G C G G A G C T  
T W S P R G C N S T W A R V K H C C P A D L

POCONE-BRA02  
Frame 1 C T T G G C C C C T A A G G G A T G T A A T G A C A C A T G G C A A A A G T A A A A C A T T G T C C A A T G G A C T T  
T W A P K G C N D T W A K V K H C C P A M D L

7722 clone 2  
Frame 1 C T T G G C C C C T A A G G G A T G T A A T G A C A C A T G G C A A A A G T A A A A C A T T G T C C A A T G G A C T T  
T W A P K G C N D T W A K V K H C C P A M D L

7722 clone 3  
Frame 1 C T T G G C C C C T A A G G G A T G T A A T G A C A C A T G G C A A A A G T A A A A C A T T G T C C A A T G G A C T T  
T W A P K G C N D T W A K V K H C C P A M D L

7722 clone  
Frame 1 C T T G G C C C C T A A G G G A T G T A A T G A C A C A T G G C A A A A G T A A A A C A T T G T C C A A T G G A C T T  
T W A P K G C N D T W A K V K H C C P A M D L

POCONE-BRA01  
Frame 1 G T T G T A T G G G A T A C A T C C T A T T A G G C L A T A T G T G T G C A G C C A C C A T T T T T C T G G T A A A A A  
L Y G H P I R L C V Q P P F F L V K N

POCONE-BRA02  
Frame 1 G T T G T A T G G G C T G C A T C C T A T T A G R G T T A T G T G T A C A G C C A C C P A T T F T T T C T G G T A A G A A A A  
L Y G L H P I R L C V Q P P F F L V R K

7722 clone 2  
Frame 1 G T T G T A T G G G C T G C A T C C T A T T A G R G T T A T G T G T A C A G C C A C C P A T T F T T T C T G G T A A G A A A A  
L Y G L H P I R L C V Q P P F F L V R K

7722 clone 3  
Frame 1 G T T G T A T G G G C T G C A T C C T A T T A G R G T T A T G T G T A C A G C C A C C P A T T F T T T C T G G T A A G A A A A  
L Y G L H P I R L C V Q P P F F L V R K

7722 clone  
Frame 1 G T T G T A T G G G C T G C A T C C T A T T A G R G T T A T G T G T A C A G C C A C C P A T T F T T T C T G G T A A G A A A A  
L Y G L H P I R L C V Q P P F F L V R K

POCONE-BRA01  
Frame 1 A A G A T G G G A A C C A C A A T G G G A A C C A C A C A C T T A G C A A C T G T G G T C C A C A A A T A T C A  
N D G N F T N G G N H T L T A N C T G G T C C A C A A A T A T C A

POCONE-BRA02  
Frame 1 G A A G A T - - - - - A A T C A T A G C C G C A C A C T T A G T A A T T G T G G T C C A C A A A T A T C A T  
E D - - - - - N H S R T L S N C G P Q I S

7722 clone 2  
Frame 1 G A A G A T - - - - - A A T C A T A G C C G C A C A C T T A G T A A T T G T G G T C C A C A A A T A T C A T  
E D - - - - - N H S R T L S N C G P Q I S

7722 clone 3  
Frame 1 G A A G A T - - - - - A A T C A T A G C C G C A C A C T T A G T A A T T G T G G T C C A C A A A T A T C A T  
E D - - - - - N H S R T L S N C G P Q I S

7722 clone  
Frame 1 G A A G A T - - - - - A A T C A T A G C C G C A C A C T T A G T A A T T G T G G T C C A C A A A T A T C A  
E D - - - - - N H S R T L S N C G P Q I S

POCONE-BRA01  
Frame 1 T G G G A T A T T A G A T G A A A T A A A G C T G T A C A G G A G G C A A C T G C A C G T G C A A A A  
L G I L D E N K A V T R E V N C T V A K K

POCONE-BRA02  
Frame 1 T A G G A T A T T A G A T G A C A A T A A A G C T G C T G T A A A G A T G C C A A C T G C G T G G T G G A G A A A A  
L G I L D D N K A A V R D A N C V V E K K

7722 clone 2  
Frame 1 T A G G A T A T T A G A T G A C A A T A A A G C T G C T G T A A A G A T G C C A A C T G C G T G G T G G A G A A A A  
L G I L D D N K A A V R D A N C V V E K K

7722 clone 3  
Frame 1 T A G G A T A T T A G A T G A C A A T A A A G C T G C T G T A A A G A T G C C A A C T G C G T G G T G G A G A A A A  
L G I L D D N K A A V R D A N C V V E K K

7722 clone  
Frame 1 T A G G A T A T T A G A T G A C A A T A A A G C T G C T G T A A A G A T G C C A A C T G C G T G G T G G A G A A A A  
L G I L D D N K A A V R D A N C V V E K K

POCONE-BRA01  
Frame 1 A G T T T C A - - - T T A A T G A C T A T T C T G G A C A G T T T A T A A G T C T A T A T T F T A T C A A T G T  
V F H - - - F N D Y S G Q L I A V P I F Y K C

POCONE-BRA02  
Frame 1 G A C T T T T C A G T T T C T A A A G G C C A T T C T G G A C A G C T T A T A G T T C C T A T A T T C T A T A A G T G T  
T F Q F S K G H S G Q L I A V P I F Y K C

7722 clone 2  
Frame 1 G A C T T T T C A G A T T C C T A A A G A A T A T T C T G G A C A G C T T A T A G T T C C T A T A T T C T A T A A G T G T  
T V Q I P K E Y S G Q L I A V P I F Y K C

7722 clone 3  
Frame 1 G A C T T T T C A G A T T C C T A A A G A A T A T T C T G G A C A G C T T A T A G T T C C T A T A T T C T A T A A G T G T  
T V Q I P K E Y S G Q L I A V P I F Y K C

7722 clone  
Frame 1 G A C T T T T C A G A T T C C T A A A G A A T A T T C T G G A C A G C T T A T A G T T C C T A T A T T C T A T A A G T G T  
T V Q I P K E Y S G Q L I A V P I F Y K C

POCONE-BRA01  
Frame 1 A A T T T - - - A G C T A A C A C C T G A A T G G G A C A A A C T C A C A G T A A G T A T T A T C A G A T A T G  
N L - - - S L T P C N G T N S P V S I I R Y

POCONE-BRA02  
Frame 1 A C T A T T A C T A A T C T G A C A A G G T G C A A T A A C G A C A A C T C A A C A A T A A G T A T T A T C A G G T A T G  
T I T N L T R C Y N N S T I S I I R Y

7722 clone 2  
Frame 1 A C T A T T A C T A A T C T G A C A A G G T G C A A T A A C G A C A A C T C A A C A A T A A G T A T T A T C A G G T A T G  
T I T N L T R C A A C T C A A C A A T A A G T A T T A T C A G G T A T G

7722 clone 3  
Frame 1 A C T A T T A C T A A T C T G A C A A G G T G C A A T A A C G A C A A C T C A A C A A T A A G T A T T A T C A G G T A T G  
T I T N L T R C A A C T C A A C A A T A A G T A T T A T C A G G T A T G

7722 clone  
Frame 1 A C T A T T A C T A A T C T G A C A A G G T G C A A T A A C G A C A A C T C A A C A A T A A G T A T T A T C A G G T A T G  
T I T N L T R C A A C T C A A C A A T A A G T A T T A T C A G G T A T G

POCONE-BRA01  
Frame 1  
A T G A G G A C A C T G T T G A A T A T T T G A T A G A A A C A C T G T T G A A A A T T G A T A G C A A G G C A A  
D E D T V Q Y L I R N T V E Y L I C K A K

POCONE-BRA02  
Frame 1  
A T G A G A A A A T G T T C A A T A T T T G T T A T G T A A A A C A A A T A  
D E K N V Q Y L L C K T N

7722 clone 2  
Frame 1  
A T A A G G A C A A T G T T C A A T A T T T G T T A T G T A A A A T G A  
D K D N V Q Y L L C K N D

7722 clone 3  
Frame 1  
A T A A G G A C A A T G T T C A A T A T T T G T T A T G T A A A A T G A  
D K D N V Q Y L L C K N D

7722 clone  
Frame 1  
A T A A G G A C A A T G T T C A A T A T T T G T T A T G T A A A A T A A T A C A  
D K D N V Q Y L L C K N T

POCONE-BRA01  
Frame 1  
A A A C A C A C T G A A A A A A C T T T T C A T G T G T A G T A C A A A C T T T T G G A A C A A T A G G A C A G G C A  
N I T E K N F S C V V Q T F G T I G Q A

POCONE-BRA02  
Frame 1  
- A A C A G A T G C A G G T A A T T T T C A T G T G T A G T A C A A A C T T T T G G A A A A T A G G A C A G G C A  
- N T D T N V Q N Y F S C V V Q T F G K I G Q A

7722 clone 2  
Frame 1  
- - - - C A C T T C A G A A A A T T T T C A T G T G T A G T A C A A A C T T T T G G A A A A T A G G A C A G G C A  
- - - - T S E N F S C V V Q T F G K I G Q A

7722 clone 3  
Frame 1  
- - - - C A C T T C A G A A A A T T T T C A T G T G T A G T A C A A A C T T T T G G A A A A T A G G A C A G G C A  
- - - - T S E N F S C V V Q T F G K I G Q A

7722 clone  
Frame 1  
- G A A A C A C T C A G G A A A T T T T C A T G T G T A G T A C A A A C T T T T G G A A A A T A G G A C A G G C A  
- D N T P G N F S C V V Q T F G K I G Q A

POCONE-BRA01  
Frame 1  
C A T A T A G A A C T A C C C A G A A A A A A T A A A A A G A T A A I T G A A A C A G T T C A C A C A A T A T A T A A T T  
H I E L P R K N K K I I G N A F T Q Y N

POCONE-BRA02  
Frame 1  
C A T A T A G A G T T A C C C A G A A A C A A T A A A A G G A T A A G A G A G A A C A A A T T C A C A C A G T A T A A T T  
H I E L P R N N K R I I R E N K F T Q Y N

7722 clone 2  
Frame 1  
C A T A T A G A G T T A C C C A G A A A C A A T A A A A A G A T A A I T G A A A A C A A A C T C A C A C A G T A T A A T T  
H I E L P R N N K K I I G N A K F T Q Y N

7722 clone 3  
Frame 1  
C A T A T A G A G T T A C C C A G A A A C A A T A A A A G G A T A A G A G A G A A C A A A T T C A C A C A G T A T T G A T T  
H I E L P R N N K R I I R E N K F T Q Y D

7722 clone  
Frame 1  
C A T A T A G A G T T A C C C A G A G A C A A T A A A A G G A T A A G A G A G A A C A A A T T C A C A C A G T A T A A T T  
H I E L P R D N K R I I R E N K F T Q Y N

POCONE-BRA01  
Frame 1  
G T T C A A T A A A T G A T A G A C A G A G T T A G A A A A T G G A A G T T G T A A A A A G T T C A G G T A T T A C  
C S I N N D K T E L E K W K L V K S S G I

POCONE-BRA02  
Frame 1  
G T T C A A T A A A T A A T C A G A C A G A G T T A A A A G A A T G G A A A T T G A T A A A A G G T T C C G G T A T T A C  
C S I N N Q T E L K E W K L I K G S G I

7722 clone 2  
Frame 1  
G T T C A A T A A A T A A T C A G A C A G A G T T A A A A G A A T G G A A A T T G A T A A A A G G T T C C G G T A T T A C  
C S I N N Q T E L K E W K L I K G S G I

7722 clone 3  
Frame 1  
G T T C A A T A A A T A A T C A G A C A G A G T T A A A A G A A T G G A A A T T G A T A A A A G G T T C C G G T A T T A C  
C S I N N Q T E L K E W K L I K G S G I

7722 clone  
Frame 1  
G T T C A A T A A A T A A T C A G A C A G A G T T A A A A G A A T G G A A A T T G A T A A A A G G T T C C G G T A T T A C  
C S I N N Q T E L K E W K L I K G S G I

POCONE-BRA01  
Frame 1  
T C C T T T T C C T G T T A C T T C T C G G C C A A A C A G G A C T A G T T A G A T A C A A A A G A  
P F P V T S R A N T G L V R Y K R

POCONE-BRA02  
Frame 1  
T C C T A T T C C T A T T A C T T C T C A G G C T A A C A C A G G A T T A A T T A G A T A C A A A A G A  
P I P I T S Q A N T G L I R Y K R

7722 clone 2  
Frame 1  
T C C T A T T C C T A T T A C T T C T C A G G C T A A C A C A G G A T T A A T T A G A T A C A A A A G A  
P I P I T S Q A N T G L I R Y K R

7722 clone 3  
Frame 1  
T C C T G T T C C T A T T A C T T C T C A G G C T A A C A C A G G A T T A A T T A G A T A C A A A A G A  
P V P I T S Q A N T G L I R Y K R

7722 clone  
Frame 1  
T C C T A T T C C T A T T A C T T C T C A G G C T A A C A C A G G A T T A A T T A G A T A C A A A A G A  
P I P I T S Q A N T G L I R Y K R

**Anexo 14** - Clones da amostra 7731 da região gp90 da combinação E.

POCONE-BRA02 GAGAATAAAAAGCATTCTTTCCAGAGAAGAAATGATACAGTAAATGACAACTCGACTTGGGCCCTAAGGGATGTAATGACACATGGGCAAGAGTAAA  
Frame 1 E N K K A I L I P E E E M I Q Y N D N R T W A P K G C N D T W A K V K

POCONE-BRA01 GAGAATCAAAAGGCAATTCTTATCCAGAGAAGAAATGTACAGCATGATATAAT---ACTTGGTCCCTAGGGATGTAATGACACATGGGCAAGGGTGA  
Frame 1 E N Q K A I L I P E E E M I Q Y N V Q N D N N --- T W S P R G C N S T W A R V K

7731 clone 2 GAGAATCAAAAGGCAATTCTTATCCAGAGAAGAAATGATACAGTAAATGGACT---ACTTGGGCCCTAAGGGATGTAATGACACATGGGCAAGAGTAAA  
Frame 1 E N Q K A I L I P E E E M I Q Y N G T --- T W A P K G C N D T W A K V K

7731 clone GAGAATCAAAAGGCAATTCTTATCCAGAGAAGAAATGATACAGTAAATCTACT---TGGGCCCTAAGGGTGAATAACAGTGGGCAAGAGTAAA  
Frame 1 E N Q K A I L I P E E E M I Q Y N S T --- W A P K R G C N N T W A R V K

7731 clone 3 GAGAATCAAAAGGCAATTCTTATCCAGAGAAGAAATGATACAGTAAATCTACT---TGGGCCCTAAGGGTGAATAACAGTGGGCAAGAGTAAA  
Frame 1 E N Q K A I L I P E E E M I Q Y N S T --- W A P K R G C N N T W A R V K

POCONE-BRA02 ACATTGTCCAATGGATTTGTGTATGGCTGCATCCTATTAGTTATGTGTACAGCCACCATTTTTCTGGTAAAGAAAAGAGAT-----AATATA  
Frame 1 H C P M D L L Y G L H P I R L C V Q P P F F L V R K E D ----- N H

POCONE-BRA01 ACATTGTCCAATGGATTTGTGTATGGGATCCTATTAGTTATGTGTACAGCCACCATTTTTCTGGTAAAGAAAAGAGAT-----AATATA  
Frame 1 H C P M D L L Y G L H P I R L C V Q P P F F L V R K E D ----- N H

7731 clone 2 ACATTGTCCAATGGATTTGTGTATGGGATCCTATTAGTTATGTGTACAGCCACCATTTTTCTGGTAAAGAAAAGAGAT-----AATATA  
Frame 1 H C P M D L L Y G L H P I R L C V Q P P F F L V R K E D ----- N H

7731 clone ACATGTCCAATGGATTTGTGTATGGGATCCTATTAGTTATGTGTACAGCCACCATTTTTCTGGTAAAGAAAAGAGAT-----AATATA  
Frame 1 Q C P D L M Y G I H P I R L C V Q P P F F L V R K E N N --- N T G E N

7731 clone 3 ACATGTCCAATGGATTTGTGTATGGGATCCTATTAGTTATGTGTACAGCCACCATTTTTCTGGTAAAGAAAAGAGAT-----AATATA  
Frame 1 Q C P D L M Y G I H P I R L C V Q P P F F L V R K E N N --- N T G E N

POCONE-BRA02 GCGCACACTTAGTAATTTGGTCCACAATATCACTGGGATATTAGATGAATAAAGCTGTAAAGAGAGCCACTGCTGGTGGAGAAAAGACTTT  
Frame 1 S R T L S N C G P Q I S L G I L D E N K A V T R E V N C T V A K K V F

POCONE-BRA01 GCGCACACTTAGTAATTTGGTCCACAATATCACTGGGATATTAGATGAATAAAGCTGTAAAGAGAGCCACTGCTGGTGGAGAAAAGACTTT  
Frame 1 S R T L S N C G P Q I S L G I L D E N K A V T R E V N C T V A K K V F

7731 clone 2 GCGCACACTTAGTAATTTGGTCCACAATATCACTGGGATATTAGATGAATAAAGCTGTAAAGAGAGCCACTGCTGGTGGAGAAAAGACTTT  
Frame 1 S R T L S N C G P Q I S L G I L D E N K A V T R E V N C T V A K K V F

7731 clone GCGCACACTTAGTAATTTGGTCCACAATATCACTGGGATATTAGATGAATAAAGCTGTAAAGAGAGCCACTGCTGGTGGAGAAAAGACTTT  
Frame 1 V R T L S N C G P Q I S L G I L D D N K A A I K E A N C T P V R L T I

7731 clone 3 GCGCACACTTAGTAATTTGGTCCACAATATCACTGGGATATTAGATGAATAAAGCTGTAAAGAGAGCCACTGCTGGTGGAGAAAAGACTTT  
Frame 1 V R T L S N C G P Q I S L G I L D D N K A A I K E A N C T P V R L T I

POCONE-BRA02 CAGTTTCGTAAGGCCATTCTGGACAGTTTATGTTCTATATTATAGTGTACTATTCTAATCTGACAAAGGTGAT---AAACAGCTCAACAATAAG  
Frame 1 Q S K G H S G Q L I V P I F Y K C T I T N L T R C Y --- N N S S I I S

POCONE-BRA01 CA---TAAAGATTTATTCGGACGTTTATAAGTCTTATTTTAAATGTAATTT---AGCTAACAATCTGTAAT---GGGCAAACTCAAGTAAG  
Frame 1 H --- E N D Y S G Q Y I P I V Y F C N I --- S L F M C N G N N N S A I S

7731 clone 2 CAGTTTCGTAAGGCCATTCTGGACAGTTTATGTTCTATATTATAGTGTACTATTCTAATCTGACAAAGGTGAT---AAACAGCTCAACAATAAG  
Frame 1 Q I P K E Y S G Q L I V P I F Y K C T I T N L T R C N --- N T G F N I S

7731 clone CA---TAAAGATTTATTCGGACAGTTTATAATTCCTATAGTTTAAATGTAATTT---AGCTAACAATCTGTAAT---GGGCAAACTCAAGTAAG  
Frame 1 H --- R N E Y S G Q Y I P I V Y F C N I --- S L F M C N G N N N S A I S

7731 clone 3 CA---TAAAGATTTATTCGGACAGTTTATAATTCCTATAGTTTAAATGTAATTT---AGCTAACAATCTGTAAT---GGGCAAACTCAAGTAAG  
Frame 1 H --- R N E Y S G Q Y I P I V Y F C N I --- S L F M C N G N N N S A I S

POCONE-BRA02 TATTATCAGTATGATGAGAAAATGTTCAATTTTGTATGAAAAA---AATA-----ATACAGTCCAGGTAATTTTTTTCATGTG  
Frame 1 I I R Y D E K N V Q Y L L C K I --- N --- N I D A G N F S C

POCONE-BRA01 TATTATCAGTATGATGAGAAAATGTTCAATTTTGTATGAAAAA---AATA-----ATACAGTCCAGGTAATTTTTTTCATGTG  
Frame 1 I I R Y D E K N V Q Y L L C K N --- N --- N I D A G N F S C

7731 clone 2 TATTATCAGTATGATGAGAAAATGTTCAATTTTGTATGAAAAA---AATA-----ATACAGTCCAGGTAATTTTTTTCATGTG  
Frame 1 I I R Y D E K N V Q Y L L C K N --- N --- N I D A G N F S C

7731 clone TATTATCAGTATGATGAGAAAATGTTCAATTTTGTATGAAAAA---AATA-----ATACAGTCCAGGTAATTTTTTTCATGTG  
Frame 1 I I R Y D E K N V Q Y L L C K N --- N --- N I D A G N F S C

7731 clone 3 TATTATCAGTATGATGAGAAAATGTTCAATTTTGTATGAAAAA---AATA-----ATACAGTCCAGGTAATTTTTTTCATGTG  
Frame 1 I I R Y D E K N V Q Y L L C K N --- N --- N I D A G N F S C

POCONE-BRA02 TAGTACAAACTTTGGAAAAATAGGACAGGCACATATAGAGTTACCAGAAAATAAAGGATAAGACAGAACAAATTCACACATATAATTTGTTCAATAAAT  
Frame 1 V V Q T F G K I G Q A H I F L P R N N K R I R F N K F T G Y N C S I N

POCONE-BRA01 TAGTACAAACTTTGGAAAAATAGGACAGGCACATATAGAGTTACCAGAAAATAAAGGATAAGACAGAACAAATTCACACATATAATTTGTTCAATAAAT  
Frame 1 V V Q T F G K I G Q A H I F L P R N N K R I R E N K E T G Y N C S I N

7731 clone 2 TAGTACAAACTTTGGAAAAATAGGACAGGCACATATAGAGTTACCAGAAAATAAAGGATAAGACAGAACAAATTCACACATATAATTTGTTCAATAAAT  
Frame 1 V V Q T F G K I G Q A H I F L P R N N K R I R E N K E T G Y N C S I N

7731 clone TAGTACAAACTTTGGAAAAATAGGACAGGCACATATAGAGTTACCAGAAAATAAAGGATAAGACAGAACAAATTCACACATATAATTTGTTCAATAAAT  
Frame 1 V V Q T F G K I G Q A H M E L P R I D K R - Q E L L - - K P T Q Y N C S V N

7731 clone 3 TAGTACAAACTTTGGAAAAATAGGACAGGCACATATAGAGTTACCAGAAAATAAAGGATAAGACAGAACAAATTCACACATATAATTTGTTCAATAAAT  
Frame 1 V V Q T F G K I G Q A H M E L P R I D K R - Q E L L - - K P T Q Y N C S V N

POCONE-BRA02 AATCAGACAGAGTTAAAGAAATGGAAATTGATAAAAGTTCCGGTATTACTCTTTTCTATTACTTCTCGGCTAAACAGGATTAATAGATACAAAAGA  
Frame 1 N Q T E L K E W K L I K S S G I T P F P I T S R A N T I G L V R Y K R

POCONE-BRA01 GATAGACAGAGTTAGAAATGAAAGTTGTAAGAAAGTTCCGGTATTACTCTTTTCTATTACTTCTCGGCTAAACAGGATTAATAGATACAAAAGA  
Frame 1 D K T E L E K W K L V K S S G I T P F P V T S R A N T I G L V R Y K R

7731 clone 2 AATCAGACAGAGTTAAAGAAATGGAAATTGATAAAAGTTCCGGTATTACTCTTTTCTATTACTTCTCGGCTAAACAGGATTAATAGATACAAAAGA  
Frame 1 N Q T E L K E W K L I K S S G I T P I P I T S R A N T I G L I R Y K R

7731 clone AATCAGACAGAGTTAAAGAAATGGAAAGTTATAAAGTTCCGGTATTACTCTTTTCTATTACTTCTCGGCTAAACAGGATTAATAGATACAAAAGA  
Frame 1 N Q T E L K E W K L I K S S G I T P F P I T S R A N T I G L I R Y K R

7731 clone 3 AATCAGACAGAGTTAAAGAAATGGAAAGTTATAAAGTTCCGGTATTACTCTTTTCTATTACTTCTCGGCTAAACAGGATTAATAGATACAAAAGA  
Frame 1 N Q T E L K E W K L I K S S G I T P I P I T S R A N T I G L I R Y K R

**Anexo 15** - Clones da amostra 3 da região gp90 da combinação O.

POCONE-BRA01  
Frame 1  
TATGAAGGATGTGGCACACCCACAAATATATAGGATTGATTACTGTTGGTGGGAAATTGGAAGGATCTGGATGACTAGTGCTAT  
Y E D V A H P Q Y I G L I T V G G K L E G S G M T S A I

POCONE-BRA02  
Frame 1  
TATGAAGGTGTGGCACATCCACGTTATATAGGATTAATTACTGTTGGTGGGAAATTAGAAGAATCTGGGATGACTAGTGCTAT  
Y E G V A H P R Y I G L I T V G G K L E E S G M T S A I

3 clone  
Frame 1  
TATGAAGGTGTGGCACATCCACGTTATATAGGATTAATTACTGTTGGTGGGAAATTAGAAGAATCTGGGATGACTAGTGCTAT  
Y E G V A H P R Y I G L I T V G G K L E E S G M T S A I

3 clone 3  
Frame 1  
TATGAAGGTGTGGCACATCCACGTTATATAGGATTAATTACTGTTGGTGGGAAATTAGAAGAATCTGGGATGACTAGTGCTAT  
Y E G V A H P R Y I G L I T V G G K L E E S G M T S A I

POCONE-BRA01  
Frame 1  
AGAATGTTGGGGTAACTTTCTGGCTGTAGACCGTTTGATAAATATTTTAGTTACTGACTAACAGAGCTATACAGTACAA  
E C W G K F P G C R P F D N Y F S Y M T N R R I H V Q

POCONE-BRA02  
Frame 1  
AGAATGTTGGGGTACTTTTCTGGATGTAGACCATTTACTAACTATTTTAGCTACGAGACTAACAGAACTATACAGGAAACAA  
E C W G G T F P G C R P F T N Y F S Y E T N R T I Q E T

3 clone  
Frame 1  
AGAATGTTGGGGTACTTTTCTGGATGTAGACCATTTACTAACTATTTTAGCTACGAGACTAACAGAACTATACAGGAAACAA  
E C W G T F P G C R P F T N Y F S Y E T N R T I Q E T

3 clone 3  
Frame 1  
AGAATGTTGGGGTACTTTTCTGGATGTAGACCATTTACTAACTATTTTAGCTACGAGACTAACAGAACTATACAGGAAACAA  
E C W G T F P G C R P F T N Y F S Y E T N R T I Q E T

POCONE-BRA01  
Frame 1  
ATACACTGTTTCATTATTAGAGTCTATATAGAGAGATAAATATATATATAAAAACAATGTGTTCAGATAGTGATCATTGT  
N E T V S L L E S Y F R E I T Y I Y K T M C S D S D H C

POCONE-BRA02  
Frame 1  
ATGACACTGTACTATTATTAGAGTCTATAATAGNN-----TGTGTTCAGATAGTGATCATTGT  
N D T A T L L E S Y N R/S-----K C S D S D H C

3 clone  
Frame 1  
ATGACACTGTACTATTATTAGAGTCTATAATAGAGAGATAAATATATATATAAAAACAATGTGTTCAGATAGTGATCATTGT  
N D T A T L L E S Y N R E I T Y I Y K T M C S D S D H C

3 clone 3  
Frame 1  
ATGACACTGTACTATTATTAGAGTCTATAATAGAGAGATAAATATATATATAAAAACAATGTGTTCAGATAGTGATCATTGT  
N D T A T L L E S Y N R E I T Y I Y K T M C S D S D H C

POCONE-BRA01  
Frame 1  
CAAGAATATGAGTGTAGAAAGCTACAACTGACTGGAAATGGTTAAAGTGAATAAGCTACAAACAACTGACACAC  
Q E Y E C R N V Q L T G N G L K V N I S Y N T T L D T P

POCONE-BRA02  
Frame 1  
CAAACTATGAGTGCAGAAAGGGTCCGATAAATGGGAATT--TTAGTGAATGAATAGTGTGGAGGATAATAATAATAGCAC--  
Q H/D Y E C E R V R L N G N --F S D R I S V E D N N N S T

3 clone  
Frame 1  
CAAGACTATGAGTGCAGAAAGGGTCCGATAAATGGGAATT--TTAGTGAATGAATAGTGTGGAGGATAATAATAATAGCAC--  
Q D Y E C E R V R L N G N --F S D K I S V E D N N N S T

3 clone 3  
Frame 1  
CAAGACTATGAGTGCAGAAAGGGTCCGATAAATGGGAATT--TTAGTGAATGAATAGTGTGGAGGATAATAATAATAGCAC--  
Q D Y E C E R V H L N E N ---N S G T V F E I S G N S S T

POCONE-BRA01  
Frame 1  
TTATTGGATTTTCAATGTTGGGTATGTAATCAAACCTGAGAATCAAAAGGCAATTCATTCCAGAAGAAGAAATGTACAG-  
Y W D N F T W L L C N Q T E N K K T I L V P E E E M I Q

POCONE-BRA02  
Frame 1  
TTATTGGATTTTCAATGTTGGGTATGTAATCAAACCTGAGAATCAAAAGGCAATTCATTCCAGAAGAAGAAATGTACAGT  
Y W D F T W L L C N Q T E N K K T I L V P E E E M I Q

3 clone  
Frame 1  
TTATTGGATTTTCAATGTTGGGTATGTAATCAAACCTGAGAATCAAAAGGCAATTCATTCCAGAAGAAGAAATGTACAGT  
Y W D F T W L L C N Q T E N K K T I L V P E E E M I Q

3 clone 3  
Frame 1  
TTATTGGATTTTCAATGTTGGGTATGTAATCAAACCTGAGAATCAAAAGGCAATTCATTCCAGAAGAAGAAATGTACAGT  
Y W N F T W L L C N Q T E N K K T I L V P E E E M I Q

POCONE-BRA01  
Frame 1  
--AATGAATAACTTGGCCCTAGGGGATGTAATAGACATGGGCAAGGGTGAACATTGTCCAGCGGALCTGTTGTAT  
--N D N E T W S R G C N S T W A R V K H C P A D L L Y

POCONE-BRA02  
Frame 1  
ACAATGACAATCGCACTTGGGCCCTAAGGGATGTAATGACACATGGGCAAAAGTAAACATTGTCCAAATGGACTTGTGTAT  
Y N D N R T W A P K G C N D T W A K V K H C P M D L L Y

3 clone  
Frame 1  
ACAATGACAATCGCACTTGGGCCCTAAGGGATGTAATGACACATGGGCAAAAGTAAACATTGTCCAAATGGACTTGTGTAT  
Y N D N R T W A P K G C N D T W A K V K H C P M D L L Y

3 clone 3  
Frame 1  
ACAATGACAATCGCACTTGGGCCCTAAGGGATGTAATGACACATGGGCAAAAGTAAACATTGTCCAAATGGACTTGTGTAT  
Y N D N R T W A P K G C N D T W A K V K H C P M D L L H

POCONE-BRA01  
Frame 1  
GGGATCATCCTATTAGGTATGTGTG  
G H P I R L C V

POCONE-BRA02  
Frame 1  
GGGCTGCATCCTATTAGGTATGTGTG  
G L H P I R L C V

3 clone  
Frame 1  
GGGCTGCATCCTATTAGGTATGTGTG  
G L H P I R L C V

3 clone 3  
Frame 1  
GGGCTGCATCCTATTAGGTATGTGTG  
G L H P I R L C V

**Anexo 16** - Clones da amostra 6 da região gp90 da combinação O.

POCONE-BRA01 TATGAGGATGTGGCACACCCACATAATATAGGATTGATTAAGTGTGGTGGAAATTTGGAAGGATCTGGAAIT  
Frame 1 Y E G V A H P Q Y I G L I T V G G K L E G S G M

POCONE-BRA02 TATGAAGGTGTGGCAGATCCACGTTAATATAGGATTAACTACTGTTGGTGGAAATTTAGAAGAATCTGGGAT  
Frame 1 Y E G V A H P R Y I G L I T V G G K L E E S G M

6 clone TATGAAGGTGTGGCAGATCCACATTAATAGGATTGATTAAGTGTGGTGGAAATTTAGAAGAATCTGGGAC  
Frame 1 Y E G V A H P H Y I G L I T V G G K L E E S G T

6 clone 2 TATGAAGGTGTGGCAGATCCACATTAATAGGATTGATTAAGTGTGGTGGAAATTTAGAAGAATCTGGGAC  
Frame 1 Y E G V A H P H Y I G L I T V G G K L E E S G T

POCONE-BRA01 GACTAGTGCTATAGAAATGTTGGGGTAAAGTTTCCTGGCTGTAGACC GTTGAATAATATTTAGTTAATGA  
Frame 1 T S A I E C W G K F P G C R P F D N Y F S Y M

POCONE-BRA02 GACTAGTGCTATAGAAATGTTGGGGTAAAGTTTCCTGGCTGTAGACCATTACTAACTATTTAGTACGAGA  
Frame 1 T S A I E C W G T F P G C R P F T A N Y F S Y E

6 clone AACTAGTGCTATAGAAATGTTGGGGTAAAGTTTCCTGGCTGTAGACCATTACTAACTATTTAGTTAATGA  
Frame 1 T S A I E C W G T F P G C R P F T H Y F S Y M

6 clone 2 AACTAGTGCTATAGAAATGTTGGGGTAAAGTTTCCTGGCTGTAGACCATTACTAACTATTTAGTTAATGA  
Frame 1 T S A I E C W G T F P G C R P F T H Y F S Y M

POCONE-BRA01 CTAACAGACCGTATACATGTACAAAATAACTGTTTTCATTATTAGAGTCTATCATAGAGAGATAACATAT  
Frame 1 T N R R I H V Q N N T V S L L E S Y H R E I T Y

POCONE-BRA02 CTAACAGAACTATACAGGAAACAAATGAACTGCTACATTATTAGAGTCTATCATAGAGAGATAACATAT  
Frame 1 T N R T I Q E T N D T A T L L E S Y N R/S

6 clone CTAACAGAACTATACATTCCTCAATGAACTGCTACATTATTAGAGTCTATCATAGAGAGATAACATAT  
Frame 1 T N R T I H S S N D T A T L L E S Y H R E I T Y

6 clone 2 CTAACAGAACTATACATTCCTCAATGAACTGCTACATTATTAGAGTCTATCATAGAGAGATAACATAT  
Frame 1 T N R T I H S S N D T A T L L E S Y H R E I T H

POCONE-BRA01 ATATATAAAACAATGTGTACAGATAGTGATCATTGTCAAGAAATATGAGTGTAGAAACGTAACAAGTACT--  
Frame 1 I Y K T M C T D S D H C Q E Y E C R N V Q L T

POCONE-BRA02 -----TGTGTACAGATAGTGATCATTGTCAAGAACTATGAGTGTAGAAACGTAACAAGTACT--  
Frame 1 X C T D S D H C Q H/D Y E C E R V R L N

6 clone ATATATAAAACAATGTGTACAGATAGTGATCATTGTCAAGAACTATGAGTGTAGAAACGTAACAAGTACT--  
Frame 1 I Y K T M C T D S D H C Q D Y E C E M V V V N I

6 clone 2 ATATATAAAACAATGTGTACAGATAGTGATCATTGTCAAGAACTATGAGTGTAGAAACGTAACAAGTACT--  
Frame 1 I Y K T M C T D S D H C Q D Y E C E M V V V N I

POCONE-BRA01 -----GGTAATGGTTAAAGTGAATAAGC-----ACAAACAACACTGACACAC  
Frame 1 G N G L K V N I S Y N T T L D T

POCONE-BRA02 -----GGAAATTTAGTGAAGAAAGTGT-----GGAGGATAAATAAGTAC  
Frame 1 G N F S D R I S V E D N N N S T

6 clone AACCAAGAGAGGGTGTCTTAGAAATAATAACAGCTAATGTCTCTGTGATCCTTAATAAGACCTTCTGGGAA  
Frame 1 T R E G V L R I I T A N V S V I L N K T F W E

6 clone 2 AACCAAGAGAGGGTGTCTTAGAAATAATAACAGCTAATGTCTCTGTGATCCTTAATAAGACCTTCTGGGAA  
Frame 1 T R E G V L R I I T A N V S V I L N K T F W E

POCONE-BRA01 CTTATITGGAAATTTCAATGTTGGTATGTAATCAAAGTGAAGAAAGGCAATTTATTCCAGAAGAA  
Frame 1 P Y W N F K L V C N Q T E N Q K A I L I P E E

POCONE-BRA02 -TTATITGGAAATTTCAATGTTGTTATTGTAATCAAAGTGAAGAAAGGCAATTTATTCCAGAAGAA  
Frame 1 Y W D F T W L L C N Q T E N K K T I L V P E E

6 clone CTTCCGGGGTTTTCAGATGTTTATTGTAATCAAAGTGAAGAAAGGCAATTTATTCCAGAAGAA  
Frame 1 P S W G F R W L L C N Q T E N R K A I L I P E E

6 clone 2 CTTCCGGGGTTTTCAGATGTTTATTGTAATCAAAGTGAAGAAAGGCAATTTATTCCAGAAGAA  
Frame 1 P S W G F R W L L C N Q T E N R K A I L I P E E

POCONE-BRA01 GAAATGTACAG--ATGATATAACTTGGTCCCTAGGGGATGTAATAGCACATGGGCAGGGTGA  
Frame 1 E M V Q -- N D N N T W S P R G C N S T W A R V K

POCONE-BRA02 GAAATGTACAGAAATGACAAATCGCACTTGGGCCCTAAGGGATGTAATGACACATGGGCAGAAATGAAA  
Frame 1 E M I Q Y N D N R T W A P K G C N D T W A K V K

6 clone GAAATGTACAA--CAGTCA-GATGACACCTGGATCCCTAAGGGGTGTAATAGCACATGGGCACGTAAA  
Frame 1 E M Q Q -- Q S - D D T W I P K G C N S T W A H V K

6 clone 2 GAAATGTACAA--CAGTCA-GATGACACTTGGATCCCTAAGGGGTGTAATAGCACATGGGCACGTAAA  
Frame 1 E M Q Q -- Q S - D D T W I P K G C N S T W A H V K

POCONE-BRA01 ACATTGTCAGGGGATCTGTTGTATGGAAATACATCCTATTAGGCTATGTGTGACAG  
Frame 1 H C P A D L L Y G L H P I R L C V Q

POCONE-BRA02 ACATTGTCAGGGGATCTGTTGTATGGGCTGCATCCTATTAGGCTATGTGTGACAG  
Frame 1 H C P M D L L Y G L H P I R L C V Q

6 clone ACATTGTCAGGGGATCTGTTGTATGGGCTACATCCTATTAGGCTATGTGTGACAG  
Frame 1 H C P R D L L Y G L H P I R L C V Q

6 clone 2 ACATTGTCAGGGGATCTGTTGTATGGGCTACATCCTATTAGGCTATGTGTGACAG  
Frame 1 H C P R D L L Y G L H P I R L C V Q

**Anexo 17** - Clones da amostra 8 da região gp90 da combinação O.

POCONE-BRA01 Frame 1 TATGAGGATGTGGCACACCCACATATATAGGATTGATTACTGTTGGTGGGAAATTGAAGGATCTGGATGACTAGTGCTAT  
Y E D V A H P Q Y I G L I T V G G K L E G S G M T S A I

POCONE-BRA02 Frame 1 TATGAAGGTGTGGCACATCCACGTTATATAGGATTAATTACTGTTGGTGGGAAATTAGAAGAATCTGGGATGACTAGTGCTAT  
Y E G V A H P R Y I G L I T V G G K L E E S G M T S A I

8 clone Frame 1 TATGAAGGTGTGGCACATCCACGTTATATAGGATTAATTGCTGTTGGTGGGAAATTAGAAGAATCTGGATGACTAGTGCTAT  
Y E G V A H P R Y I G L I A V G G K L E E S G M T S A I

8 clone 2 Frame 1 TATGAAGGTGTGGCACATCCACGTTATATAGGATTAATTACTGTTGGTGGGAAATTAGAAGAATCTGGGATGACTAGTGCTAT  
Y E G V A H P R Y I G L I T V G G K L E E S G M T S A I

8 clone 3 Frame 1 TATGAAGGTGTGGCACATCCACGTTATATAGGATTAATTACTGTTGGTGGGAAATTAGAAGAATCTGGGATGACTAGTGCTAT  
Y E G V A H P R Y I G L I T V G G K L E E S G M T S A I

POCONE-BRA01 Frame 1 AGAATGTTGGGGTAAAGTTTCTGGTGTAGACCGTTTGATAAATTTTITAGTACTGACTAACAGACGTATACAGTACAA  
E C W G T F P G C R P F T N Y F S Y E T N R T I Q E T

POCONE-BRA02 Frame 1 AGAATGTTGGGGTACTTTTCTGGATGTAGACCATTACTACTATTTTACTAGCTACGAGACTAACAGAACTATACAGGAAACAA  
E C W G T F P G C R P F T N Y F S Y E T N R T I Q E T

8 clone Frame 1 AGAATGTTGGGGTACTTTTCTGGATGTAGACCATTACTACTATTTTACTAGCTACGAGACTAACAGAACTATACAGGAAACGA  
E C W G T F P G C R P F T S Y F S Y K A N R T I Q E T

8 clone 2 Frame 1 AGAATGTTGGGGTACTTTTCTGGATGTAGACCATTACTAGCTATTTTACTAGCTACAGGCTAACAGAACTATACAGGAAACGA  
E C W G T F P G C R P F T S Y F S Y K A N R T I Q E T

8 clone 3 Frame 1 AGAATGTTGGGGTACTTTTCTGGATGTAGACCATTACTACTATTTTACTAGCTACGAGACTAACAGAACTATACAGGAAACGA  
E C W G T F P G C R P F T N Y F S Y E T N R T I Q E T

POCONE-BRA01 Frame 1 ATAACTGTTTCATTATTAGAGTCTATATAGAGAGATAACATATATATATAAAACAATGTTCAGATAGTGATCATTGT  
N D T A T L L E S Y N R E I T Y I Y K T M C S D S D H C

POCONE-BRA02 Frame 1 ATGACTGTACATTATTAGAGTCTATAATAGNN-----TGTTTCAGATAGTGATCATTGT  
N D T A T L L E S Y N R E I T Y I Y K T M C S D S D H C

8 clone Frame 1 ATGACTGTACATTATTAGAGTCTATAATAGAGATAACTTATATATATAAAACAATGTTCAGATAGTGATCATTGT  
N D T A T L L E S Y N R E I T Y I Y K T M C S D S D H C

8 clone 2 Frame 1 ATGACTGTACATTATTAGAGTCTATAATAGAGAGAACTTATATATATAAAACAATGTTCAGATAGTGATCATTGT  
N D T A T L L E S Y N R E I T Y I Y K T M C S D S D H C

8 clone 3 Frame 1 ATGACTGTACATTATTAGAGTCTATAATAGAGAGTAACTTATATATATAAAACAATGTTCAGATAGTGATCATTGT  
N D T A T L L E S Y N R E V T Y I Y K T M C S D S D H C

POCONE-BRA01 Frame 1 CAAGATATGAGTGAAGACGTCAACTGATGGTAATGGGTAAGAGGAAATAGCAGACACACACTGACACAC  
Q H/D Y E C E R V Q L N E N --N S --G T V E I S G N S S T-

POCONE-BRA02 Frame 1 CAASACTATGAGTGCAGAAAGGGTCCGATAAATGGGAAT--TAGTGAAGAAAGGAGGGGATAATAATATAGCAC-  
Q H/D Y E C E R V Q L N E N --N S --G T V E I S G N S S T-

8 clone Frame 1 CAAGACTATGAGTGCAGAAAGGGTCCAACTAAATGAGAATA--ATAGTG--GAAGTGGAGATTGTGGTAAATAGTACAC-  
Q D Y E C E R V Q L N E N --N S --G T V E I S G N S S T-

8 clone 2 Frame 1 CAAGACTATGAGTGCAGAAAGGGTCCAACTAAATGAGAATA--ATAGTG--GAAGTGGAGATTGTGGTAAATAGTACAC-  
Q D Y E C E R V Q L N E N --N S --G T V E I S G N S S T-

8 clone 3 Frame 1 CAAGACTATGAGTGCAGAAAGGGTCCAACTAAATGAGAATA--ATAGTG--GAAGTGGAGATTGTGGTAAATAGTACAC-  
Q D Y E C E R V Q L N E N --N S --G T V E I S G N S S T-

POCONE-BRA01 Frame 1 TTATTGGAATTTCAATGGTTGGTATGTAATCAAACAGAGAAATGCAATTCATTTCAGAGAAGAAGAAATGTACAG  
Y W N F K W L V C N Q T E N K K T I L V P E E E M V Q

POCONE-BRA02 Frame 1 TTATTGGGATTTTCATGTTATTATGTAATCAAACAGAGAAATGCAATTCATTTCAGAGAAGAAGAAATGTACAG  
Y W D F T W L L C N Q T E N K K T I L V P E E E M I Q

8 clone Frame 1 TTATTGGAATTTTCATGTTATTATGTAATCAAACAGAGAAATGCAATTCATTTCAGAGAAGAAGAAATGTACAG  
Y W N F A W L L C N Q T E N K K T I L V P E E G M I L

8 clone 2 Frame 1 TTATTGGAATTTTCATGTTATTATGTAATCAAACAGAGAAATGCAATTCATTTCAGAGAAGAAGAAATGTACAG  
Y W N F A W L L C N Q T E N K K T I L V P E E G M I L

8 clone 3 Frame 1 TTATTGGAATTTTCATGTTATTATGTAATCAAACAGAGAAATGCAATTCATTTCAGAGAAGAAGAAATGTACAG  
Y W N F T W L L C N Q T E N K K T I L V P E E E M I Q

POCONE-BRA01 Frame 1 ATGATATAA--ACTTGGTCCCTAGGGGATGTAATAGCACATGGGCAAGGGTGAACATTGTCCAAGGATCTGTTGTAT  
N D N N -- T W S P R G C N S T W A R V K H C P A D L L Y

POCONE-BRA02 Frame 1 ACAATGACAACTGCCTTGGGCCCTAAGGATGTAATGACACATGGGCAAAAGTAAACATTGTCCAATGGACTTGTGTAT  
Y N D N R T W A P K G C N D T W A K V K H C P M D L L Y

8 clone Frame 1 ACAATGGCACT--CACTTGGGCCCTAAGGATGTAATGACACATGGGCAAAAGTAAACATTGTCCAATGGACTTGTGTAT  
Y N G T -- T W A P K G C N D T W A K V K H C P M D L L Y

8 clone 2 Frame 1 ACAATGGCACT--CACTTGGGCCCTAAGGATGTAATGACACATGGGCAAAAGTAAACATTGTCCAATGGACTTGTGTAT  
Y N G T -- T W A P K G C N D T W A K V K H C P M D L L Y

8 clone 3 Frame 1 ACAATGACAACTGCCTTGGGCCCTAAGGATGTAATGACACATGGGCAAAAGTAAACATTGTCCAATGGACTTGTGTAT  
Y N D N R T W A P K G C N D T W A K V K H C P M D L L Y

POCONE-BRA01 Frame 1 GGGATACATCCTATTAGGCTATGTGTGCAG  
G H P I R L C V Q

POCONE-BRA02 Frame 1 GGGCTGCATCCTATTAGGTATGTGTACAG  
G L H P I R L C V Q

8 clone Frame 1 GGGCTGCATCCTATTAGGTATGTGTACAG  
G L H P I R L C V Q

8 clone 2 Frame 1 GGGCTGCATCCTATTAGGCTATGTGTACAG  
G L H P I R L C V Q

8 clone 3 Frame 1 GGGCTGCATCCTATTAGGCTATGTGTACAG  
G L H P I R L C V Q

**Anexo 18** - Clones da amostra 9 da região gp90 da combinação O.

POCONE-BRA01  
Frame 1  
TATGAGGATGTGGCACACCCACATATATAGGATTGATTACTGTTGGTGGGAAATTGGAAGGATCTGGATGACTAGTGCTAT  
Y E D V A H P Q Y I G L I T V G G K L E G S G M T S A I

POCONE-BRA02  
Frame 1  
TATGAAGGTGTGGCACATCCACGTTATATAGGATTAATTACTGTTGGTGGGAAATTAGAAGAATCTGGGATGACTAGTGCTAT  
Y E G V A H P R Y I G L I T V G G K L E E S G M T S A I

9 clone  
Frame 1  
TATGAAGGTGTGGCACATCCACGTTATATAGGATTAATTACTGTTGGTGGGAAATTAGAAGAATCTGGGATGACTAGTGCTAT  
Y E G V A H P R Y I G L I T V G G K L E E S G M T S A I

9 clone 2  
Frame 1  
TATGAAGGTGTGGCACATCCACATTAATAGGATTAATTACTGTTGGGGAATTAAGAGGATCTGGGTGACTAGTGCTAT  
Y E G V A H P H Y I G L I T V G G K L E G S G V T S A I

9 clone 3  
Frame 1  
TATGAAGGTGTGGCACATCCACGTTATATAGGATTAATTACTGTTGGTGGGAAATTAGAAGAATCTGGGATGACTAGTGCTAT  
Y E G V A H P R Y I G L I T V G G K L E E S G M T S A I

POCONE-BRA01  
Frame 1  
AGAATGTTGGGTAGGTTTCTGGTGTAGACCGTTTGATAATTATTTAGTACAGGACTAACAGACGTATACAGTACAA  
E C W G T K F P G C R P F T N Y F S Y E T N R T I Q E T

POCONE-BRA02  
Frame 1  
AGAATGTTGGGTACTTTTCTGGATGTAGACCATTACTAACTATTTTACTACGAGACTAACAGAACTATACAGGAAACAA  
E C W G T T F P G C R P F T N Y F S Y E T N R T I Q E T

9 clone  
Frame 1  
AGAATGTTGGGTACTTTTCTGGATGTAGACCATTACTAACTATTTTACTACGAGACTAACAGAACTATACAGGAAACGA  
E C W G T T F P G C R P F T N Y F S Y E T N R T I Q E T

9 clone 2  
Frame 1  
AGAATGTTGGGTACTTTTCTGGATGTAGACCATTACTAACTATTTTACTACGAGACTAACAGAACTATACAGGAAACGA  
E C W G T T F P G C R P F T N Y F S Y E T N R T I Q E T

9 clone 3  
Frame 1  
AGAATGTTGGGTACTTTTCTGGATGTAGACCATTACTAACTATTTTACTACGAGACTAACAGAACTATACAGGAAACGA  
E C W G T T F P G C R P F T N Y F S Y E T N R T I Q E T

POCONE-BRA01  
Frame 1  
ATAACTGTTTTCATTATTAGAGTCTATATAGAGAGATAACATATATATATAAAACAATGTGTCAGATAGTGATCATTGT  
N G T V S L L E S Y H R E I T Y I Y K T M C T D S D H C

POCONE-BRA02  
Frame 1  
ATGACTGTACATTATTAGAGTCTATAATAGN-----NTGTGTCAGATAGTGATCATTGT  
N D T A T L L E S Y N R E I T Y I Y K T M C S D S D H C

9 clone  
Frame 1  
ATGACTGTACATTATTAGAGTCTATAATAGAGAGATAACTTATATATATAAAACAATGTGTTTTCAGATAGTGATCATTGT  
N D T A T L L E S Y N R E I T Y I Y K T M C S D S D H C

9 clone 2  
Frame 1  
ATGACTGTACATTATTAGAGTCTATAATAGAGAGATAACTTATATATATAAAACAATGTGTTTTCAGATAGTGATCATTGT  
N D T A T L L E S Y N R E I T Y I Y K T M C S D S D H C

9 clone 3  
Frame 1  
ATGACTGTACATTATTAGAGTCTATAATAGAGAGATAACTTATATATATAAAACAATGTGTTTTCAGATAGTGATCATTGT  
N D T A T L L E S Y N R E I T Y I Y K T M C S D S D H C

POCONE-BRA01  
Frame 1  
CAAGATATGAGTGAAGACGTCAACTGACTGGAAATGGGTAAGAAGAAATAGCAGACACACACTGACACAC  
Q E Y E C R N V Q L T G N G L K V N I S Y N T I L D T P

POCONE-BRA02  
Frame 1  
CAASACTATGAGTGCAGAAAGGGTCCGATAAATGGGAAT--TAGTGAAGAAAGGAGGGGATAATAATAGTACAC-  
Q H/D Y E C E R V R L N G N --F S D R I S V E D N N N S T-

9 clone  
Frame 1  
CAAGACTATGAGTGCAGAAAGGGTCCAACTAAATGAGAATA--ATAGTG--GAAGTGTGGAGATTAGTGGTAAATAGTACAC-  
Q D Y E C E R V Q L N E N --N S --G T V E I S G N S S T-

9 clone 2  
Frame 1  
CAAGACTATGAGTGCAGAAAGGGTCCAACTAAATGAGAATA--ATAGTG--GAAGTGTGGAGATTAGTGGTAAATAGTACAC-  
Q D Y E C E R V Q L N E N --N S --G T V E I S G N S S T-

9 clone 3  
Frame 1  
CAAGACTATGAGTGCAGAAAGGGTCCAACTAAATGAGAATA--ATAGTG--GAAGTGTGGAGATTAGTGGTAAATAGTACAC-  
Q D Y E C E R V Q L N E N --N S --G T V E V S G N S S T-

POCONE-BRA01  
Frame 1  
TTATTGGAATTTCAATAGTGGTGGTATGTAATCAAACAGAGAATGAAAGGCAATCTTTATTCAGAGAAGAAATGGTACAG  
Y W N F K W L V C N Q T E N K K T I L V P E E E M I Q

POCONE-BRA02  
Frame 1  
TTATTGGGATTTTCACATGTTTATTATGTAATCAAACAGAGAATGAAAGGCAATCTTTATTCAGAGAAGAAATGGTACAGT  
Y W D F T W L L C N Q T E N K K T I L V P E E E M I Q

9 clone  
Frame 1  
TTATTGGAATTTTCACATGTTTATTATGTAATCAAACAGAGAATGAAAGGCAATCTTTATTCAGAGAAGAAATGGTACAGT  
Y W N F T W L L C N Q T E N K K T I L V P E E E M I Q

9 clone 2  
Frame 1  
TTATTGGAATTTTCACATGTTTATTATGTAATCAAACAGAGAATGAAAGGCAATCTTTATTCAGAGAAGAAATGGTACAGT  
Y W N F T W L L C N Q T E N K K T I L V P E E E M I Q

9 clone 3  
Frame 1  
TTATTGGAATTTTCACATGTTTATTATGTAATCAAACAGAGAATGAAAGGCAATCTTTATTCAGAGAAGAAATGGTACAGT  
Y W N F T W L L C N Q T E N K K T I L V P E E E M I Q

POCONE-BRA01  
Frame 1  
ATGATATAAA--ACTTGGTCCCTAGGGGATGTAATAGCACATGGGCAAGGGTGAACATTGTCCAAGCGGATCTGTTGTAT  
N D N R T W A P K G C N D T W A K V K H C P M D L L Y

POCONE-BRA02  
Frame 1  
ACAATGACAATCGCACTTGGGCCCTAAGGGATGTAATGACACATGGGCAAAAGTAAACATTGTCCAATGGACTTGTGTAT  
Y N D N R T W A P K G C N D T W A K V K H C P M D L L Y

9 clone  
Frame 1  
ACAATGACAATCGCACTTGGGCCCTAAGGGATGTAATGACACATGGGCAAAAGTAAACATTGTCCAATGGACTTGTGTAT  
Y N D N R T W A P K G C N D T W A K V K H C P M D L L Y

9 clone 2  
Frame 1  
ACAATGACAATCGCACTTGGGCCCTAAGGGATGTAATGACACATGGGCAAAAGTAAACATTGTCCAATGGACTTGTGTAT  
Y N D N R T W A P K G C N D T W A K V K H C P M D L L Y

9 clone 3  
Frame 1  
ACAATGACAATCGCACTTGGGCCCTAAGGGATGTAATGACACATGGGCAAGGGTGAACATTGTCCAATGGACTTGTGTAT  
Y N G C A --C A C T T G G G C C C T A A G G G A T G T A A T G A C A C A T G G G C A A A G T A A A C A T T G T C C A A T G G A C T T G T T G T A T  
Y N G C A --C A C T T G G G C C C T A A G G G A T G T A A T G A C A C A T G G G C A A A G T A A A C A T T G T C C A A T G G A C T T G T T G T A T

POCONE-BRA01  
Frame 1  
GGGATACATCCTATTAGGCTATGT  
G H P I R L C

POCONE-BRA02  
Frame 1  
GGGCTGCATCCTATTAGGCTATGT  
G L H P I R L C

9 clone  
Frame 1  
GGGCTGCATCCTATTAGGCTATGT  
G L H P I R L C

9 clone 2  
Frame 1  
GGGCTGCATCCTATTAGGCTATGT  
G L H P I R L C

9 clone 3  
Frame 1  
GGGCTGCATCCTATTAGGCTATGT  
G L H P I R L C

**Anexo 19** - Clones da amostra 3613 da região gp90 da combinação O.

POCONE-BRA01  
Frame 1  
TATGAGGATGTGGCACACCCACATATATAGGATTGATTACTGTTGGTGGGAAATTGAAGGATCTGGATGACTAGTGCTAT  
Y E D V A H P Q Y I G L I T V G G K L E G S G M T S A I

POCONE-BRA02  
Frame 1  
TATGAAGGTGTGGCACATCCACGTTATATAGGATTAATTACTGTTGGTGGGAAATTAGAAGAATCTGGGATGACTAGTGCTAT  
Y E G V A H P R Y I G L I T V G G K L E E S G M T S A I

3613 clone  
Frame 1  
TATGAAGGTGTGGCACATCCACGTTATATAGGATTAATTACTGTTGGTGGGAAATTAGAAGAATCTGGGATGACTAGTGCTAT  
Y E G V A H P R Y I G L I T V G G K L E E S G M T S A I

3613 clone 2  
Frame 1  
TATGAAGGTGTGGCACATCCACGTTATATAGGATTAATTACTGTTGGTGGGAAATTAGAAGAATCTGGGATGACTAGTGCTAT  
Y E G V A H P R Y I G L I T V G G K L E E S G M T S A I

3613 clone 3  
Frame 1  
TATGAAGGTGTGGCACATCCACATTAATAGGATTAATTACTGTTGGTGGGAAATTAGAAGGGTCTGGGATGACTAGTGCTAT  
Y E G V A H P H Y I G L I T V G G K L E G S G M T S A I

POCONE-BRA01  
Frame 1  
AGAATGTTGGGGTAAAGTTTCTGGTGTAGACCGTTTGATAAGTTATTTTAGTACTGACTAACAGACGTATACAGTACAA  
E C W G T K F P G C Y R P F T N Y F S Y E T N R T I Q E T

POCONE-BRA02  
Frame 1  
AGAATGTTGGGGTACTTTTCTGGATGTAGACCATTTACTAATTTTACTAGCTACGAGACTAACAGAACTATACAGGAAACAA  
E C W G T T F P G C R P F T N Y F S Y E T N R T I Q E T

3613 clone  
Frame 1  
AGAATGTTGGGGTACTTTTCTGGATGTAGACCATTTACTAATTTTACTAGCTACGAGACTAACAGAACTATACAGGAAACAA  
E C W G T T F P G C R P F T N Y F S Y E T N R T I Q E T

3613 clone 2  
Frame 1  
AGAATGTTGGGGTACTTTTCTGGATGTAGACCATTTACTAATTTTACTAGCTACGAGACTAACAGAACTATACAGGAAACAA  
E C W G T T F P G C R P F T N Y F S Y E T N R T I Q E T

3613 clone 3  
Frame 1  
AGAATGTTGGGGTCTTTTCTGGATGTAGACCATTTACTAATTTTACTAGCTAGACTAACAGAACTATACAGGAAACAA  
E C W G T S F P G C R P F T N Y F S Y E T N R T I Q E T

POCONE-BRA01  
Frame 1  
ATAACTCTGTTTCATTATTAGAGTCATATATAGAGAGATAACATATATATATAAAACAATGTGTACAGATAGTGATCATTGT  
N N T V S L L E S Y H R E I T Y I Y K T M C T D S D H C

POCONE-BRA02  
Frame 1  
ATGACTGTACATTATTAGAGTCCTATAATAGNN-----TGTGTACAGATAGTGATCATTGT  
N D T A T L L E S Y N R E I T Y I Y K T M C T D S D H C

3613 clone  
Frame 1  
ATGACTGTACATTATTAGAGTCCTATAATAGAGAGATAACATATATATATAAAACAATGTGTGTGTACAGATAGTGATCATTGT  
N D T A T L L E S Y N R E I T Y I Y K T M C S D S D H C

3613 clone 2  
Frame 1  
ATGACTGTACATTATTAGAGTCCTATAATAGAGAGATAACATATATATATAAAACAATGTGTGTGTACAGATAGTGATCATTGT  
N D T A T L L E S Y N R E I T Y I Y K T M C S D S D H C

3613 clone 3  
Frame 1  
ATGAACTACTTCACTATTATTAGAGTCCTATATAGGAAATAACATATATGTATAAAACAATGTGTACAGATAGTGATCATTGT  
N F T T S L L E S Y H R E I T Y M Y K T M C T D S D H C

POCONE-BRA01  
Frame 1  
CAAGATATGAGTGAGAAAGTCAAC-TGACTGGAAATGGGAAAGGAAATAAAGACAAACACAACTGACACAC  
Q E Y E C R N V Q - L T G N G L K V N I S Y N I T L D I

POCONE-BRA02  
Frame 1  
CAASACTATGAGTGCAGAAAGGTCGAA-TAAATGGAAAT-TAGTGAAGAAAGTGTGGAGATAAT---AATAATAGCA  
Q H/D Y E C E R V R - L N G N F S D R I S V E D N --- N N S

3613 clone  
Frame 1  
CAAGACTATGAGTGCAGAAAGGTCCAAC-TAAATGGAAT-TAGTGG-----AATGTGAGATAGTGGAAATGATCA  
Q D Y E C E R V Q - L N E N S G - - - - - T V E I S G N S I

3613 clone 2  
Frame 1  
CAAGACTATGAGTGCAGAAAGGTCCAAC-TAAATAAGACTGTGTGAAGAAAGGTTGGAAATAGTGGAAATGATAGCA  
Q D Y E C E R V Q - L K N T S D D I I K V E I S G N S S

3613 clone 3  
Frame 1  
CAAGATATAGTGGGG-ATTCAACATACCGAAAGG-----CTGACGAA-  
Q E Y K C G E - Y N I T S N G - - - - - D E

POCONE-BRA01  
Frame 1  
CTTATTGGAAATTTCAATGGTTGGTATGTAATCAAATGAGAAATGAAAGGCAATTCTTTCCAGAGAAGAAATGGTACAG  
P Y W N F K W L V C N Q T E N Q K A I L P E E E M V R

POCONE-BRA02  
Frame 1  
CTTATTGGGATTTACATGTTTATTATGTAATCAAATGAGAAATAAAAGACGATTCTTGTCCAGAGAAGAAATGATACAG  
T Y W D F T W L L C N Q T E N K K T I L V P E E E M I Q

3613 clone  
Frame 1  
CTTATTGGAAATTTCAATGTTTATTATGTAATCAAATGAGAAATAAAAGACAATTTCTTGTCCAGAGAAGAAATGATACAG  
T Y W N F T W L L C N Q T E N K K T I L V P E E E M I Q

3613 clone 2  
Frame 1  
CTTATTGGGATTTACATGTTTATTATGTAATCAAATGAGAAATAAAAGACAATTTCTTGTCCAGAGAAGAAATGATACAG  
T Y W D F T W L L C N Q T E N K K T I L V P E E E M I L

3613 clone 3  
Frame 1  
-TATTGGGTTTTCAGTGGTTGATGTGTAACAACTGAGAAATGAAAGGCAATTTTTCCAGAGAAGAAATGATAGG  
-- Y W G F K W L M C N Q T E N Q K A I I I P E E E M I R

POCONE-BRA01  
Frame 1  
AATGATAAAT-----CTTGGCCCTAGGGGATGTAATAGCACATGGGCAAGGGTGAACATTGTCCACGGGACTGTT  
N D N N - - - - - T W S P R G C N S T W A R V K H C P A D L L

POCONE-BRA02  
Frame 1  
TACAATGACAATCG---CACTTGGGCCCTAAGGGATGTAATGACACATGGGCAAAAAGTAAACATTGTCCAAATGGACTTGT  
Y N D N R - - - - - T W A P K G C N D T W A K V K H C P M D L L

3613 clone  
Frame 1  
TACAATGGCAGT-----ACTTGGGCCCTAAGGGATGTAATGACACATGGGCAAAAAGTAAACATTGTCCAAATGGACTTGT  
Y N G T - - - - - T W A P K G C N D T W A K V K H C P M D L L

3613 clone 2  
Frame 1  
TACAATGGCAGT-----ACTTGGGCCCTAAGGGATGTAATGACACATGGGCAAAAAGTAAACATTGTCCAAATGGACTTGT  
Y N G T - - - - - T W A P K G C N D T W A K V K H C P M D L L

3613 clone 3  
Frame 1  
AATGATAAATGATAGACACTTGGGCCCTAAGGATGTAATACACATGGGCAAGAGTAAACATTGTCCAAAGAGTTT  
N D N D N D T W V P K G C N N T W A R V K H C P K D L L

POCONE-BRA01  
Frame 1  
GTATGGGATCATTCTATTAGGCTATGTGTG  
Y G I H P I R L C V

POCONE-BRA02  
Frame 1  
GTATGGGCTGCATCCTATTAGGCTATGTGTG  
Y G L H P I R L C V

3613 clone  
Frame 1  
GTATGGGCTGCATCCTATTAGGCTATGTGTG  
Y G L H P I R L C V

3613 clone 2  
Frame 1  
GTATGGACTGCATCCTATTAGGCTATGTGTG  
Y G L H P I K L C V

3613 clone 3  
Frame 1  
ATATGGGATCATTCTATTAGGCTATGTGTG  
Y G I H P I R L C V

**Anexo 20** - Clones da amostra 7573 da região gp90 da combinação O.

POCONE-BRA01 Frame 1 TATGAGGGTGTGGGCACACACATATATAGGATTGATTACTGTTGGTGGGAAATTGGAAGGATCTGGATGACTAGTGCATATA  
Y E G D V A H P Q Y I G L I T V G G K L E G S G M T S A I

POCONE-BRA02 Frame 1 TATGAAGGTGTGGGCACATCCACGTTATATAGGATTAATTAATCTGTTGGTGGGAAATTAGAAGAATCTGGGATGACTAGTGCATATA  
Y E G V A H P R Y I G L I T V G G K L E E S G M T S A I

7573 clone 2 Frame 1 TATGAAGGTGTGGGCACATCCACGTTATATAGGATTAATTAATCTGTTGGTGGGAAATTAGAAGAATCTGGGATGACTAGTGCATATA  
Y E G V A H P R Y I G L I T V G G K L E E S G M T S A I

7573 clone 3 Frame 1 TATGAAGGTGTGGGCACATCCACGTTATATAGGATTAATTAATCTGTTGGTGGGAAATTAGAAGAATCTGGGATGACTAGTGCATATA  
Y E G V A H P R Y I G L I T V G G K L E E S G M T S A I

7573 clone Frame 1 TATGAAGGTGTGGGCACATCCACGTTATATAGGATTAATTAATCTGTTGGTGGGAAATTAGAAGGGCTCTGGGATGACTAGTGCATATA  
Y E G V A H P R Y I G L I T V G G K L E G S G M T S A I

POCONE-BRA01 Frame 1 GAATGTTGGGGTAAAGTTTCCTGGCTGTAGACCGTTTGAATAATTTTGTACTAGTAACTAACAGACGTATACAGAACAAAT  
E C W G T K F P R Y C R P F T N Y F S Y E T N R T I Q E T N

POCONE-BRA02 Frame 1 GAATGTTGGGGTACTTTTCTGGATGTAGACCATTTACTAACTATTTTGTACTACGAGACTAACAGAACTATACAGGAAACAAAT  
E C W G T F P G C R P F T N Y F S Y E T N R T I Q E T N

7573 clone 2 Frame 1 GAATGTTGGGGTAACTTTTCTGGATGTAGACCATTTACTAACTATTTTGTACTACGAGACTAACAGAACTATACAGGAAACAAAT  
E C W G T F P G C R P F T N Y F S Y E T N R T I Q E T N

7573 clone 3 Frame 1 GAATGTTGGGGTACTTTTCTGGATGTAGACCATTTACTAACTATTTTGTACTACGAGACTAACAGAACTATACAGGAAACAAAT  
E C W G T F P G C R P F T N Y F S Y E T N R T I Q E T N

7573 clone Frame 1 GAATGTTGGGGTACTTTTCTGGATGTAGACCATTTACTAACTATTTTGTACTACGAGACTAACAGAACTATACAGGAAACAAAT  
E C W G T F P G C R P F T N Y F S Y E T N R T I Q E T N

POCONE-BRA01 Frame 1 AACACTGTTTCATTATTAGAGTCAATATAGAGAGATAACATATATATATAAAAACAATGTGTACAGATAGTGATCATTGTCAA  
N T V S L L E S Y H R E I T Y I Y K T M C T D S D H C Q

POCONE-BRA02 Frame 1 GACACTGTACATTATTAGAGTCTATAATAGNN-----TGTTGACAGATAGTGATCATTGTCAA  
D T A T L L E S Y N R E I T Y I Y K T M C S D S D H C Q

7573 clone 2 Frame 1 GACACTGTACATTATTAGAGTCTATAATAGAGAGATAACTTATATATATAAAAACAATGTGTTACAGATAGTGATCATCGTCAA  
D T A T L L E S Y N R E I T Y I Y K T M C S D S D H C Q

7573 clone 3 Frame 1 GACACTGTACATTATTAGAGTCTATAATAGAGAGATAACTTATATATATAAAAACAATGTGTTACAGATAGTGATCATTGTCAA  
D T A T L L E S Y N R E I T Y I Y K T M C S D S D H C Q

7573 clone Frame 1 GACACTGTACATTATTAGAGTCTATAATAGAGAGATAACTTATATATATAAAAACAATGTGTTACAGATAGTGATCATCGTCAA  
D T A T L L E S Y N R E I T Y I Y K T M C S D S D H C Q

POCONE-BRA01 Frame 1 GATATGAGTGAAGAGTCAACTGATGGGAATGGGTTAAAGTGAATAAAGCAACACAACTTGGACACACTTAT  
E Y E C R N V Q L N G N --E S D R I S V E D N N S T Y

POCONE-BRA02 Frame 1 SACTATGAGTGCAGAAAGGTCGAAATAAATGGGAAT--TTAGTGAGAAAGGAGGGATATAATAATAGCAC--TTAT  
H/D Y E C E R V R L N G N --E S D R I S V E D N N S T Y

7573 clone 2 Frame 1 GACTATGAGTGCAGAAAGGTCGAAATAAATGGGAAT--TTAGTG--GAAGTGTGGAGATTAGTGGTAATAGTAGCAC--TTAT  
D Y E C E R V Q L N E N --I S --G T V E I G G N S S T Y

7573 clone 3 Frame 1 GACTATGAGTGCAGAAAGGTCGAAATAAATGGGAAT--TTAGTG--GAAGTGTGGAGATTGGTGGTAATAGTAGCAC--TTAT  
D Y E C E R V Q L N E N --N S --G T V E I G G N S S T Y

7573 clone Frame 1 GACTATGAGTGCAGAAAGGTCGAAATAAATGGGAAT--TTAGTG--GAAGTGTGGAGATTAGTGGTAATAGTAGCAC--TTAT  
D Y E C E R V Q L N E N --N S --G T V E I S G N S S T Y

POCONE-BRA01 Frame 1 TGGAAATTCACATGGTTGGTATGTAACTCAAATGAGAATCAAAAAGGCAATTCCTTTCCAGAGAAGAAAGAAATGTACAG---AAT  
W N F K W L V C N Q T E N K K T I L V P E E E M I Q Y N

POCONE-BRA02 Frame 1 TGGGATTTACATGTTTATTATGTAACTCAAATGAGAATCAAAAAGGCAATTCCTTTCCAGAGAAGAAAGAAATGTACAGTACAAT  
W D F T W L L C N Q T E N K K T I L V P E E E M I Q Y N

7573 clone 2 Frame 1 TGGAAATTCACATGTTTATTATGTAACTCAAATGAGAATCAAAAAGGCAATTCCTTTCCAGAGAAGAAAGAAATGTACAGTACAAT  
W N F T W L L C N Q T E N K K T I L V P E E E M I Q Y N

7573 clone 3 Frame 1 TGGAAATTCACATGTTTATTATGTAACTCAAATGAGAATCAAAAAGGCAATTCCTTTCCAGAGAAGAAAGAAATGTACAGTACAAT  
W N F T W L L C N Q T E N K K T I L V P E E E M I Q Y N

7573 clone Frame 1 TGGAAATTCACATGTTTATTATGTAACTCAAATGAGAATCAAAAAGGCAATTCCTTTCCAGAGAAGAAAGAAATGTACAGTACAAT  
W N F T W L L C N Q T E N K K T I L V P E GGAAGAAATGTACAGTACAAT  
W N F T W L L C N Q T E N K K T I L V P E E M I Q D S

POCONE-BRA01 Frame 1 GAATAACTCTGGTCCCTAGGGATGTAATAGCACATGGGCAAGGGTGAACATTGTCCAAGGGAATCTGTTGTATGGGATA  
D N N T W S P R G C N S T W A R V K H C P A D L L Y G T

POCONE-BRA02 Frame 1 GACAATCGCACTTGGGCCCTAAGGGATGTAATGACACATGGGCAAAAGTAAAACATTGTCCAATGGACTTGTGTATGGGCTG  
D N R T W A P K G C N D T W A K V K H C P M D L L Y G L

7573 clone 2 Frame 1 GACAATCGCACTTGGGCCCTAAGGGATGTAATGACACATGGGCAAAAGTAAAACATTGTCCAATGGACTTGTGTATGGGCTG  
D N R T W A P K G C N D T W A K V K H C P M D L L Y G L

7573 clone 3 Frame 1 GACAATCGCACTTGGGCCCTAAGGGATGTAATGACACATGGGCAAAAGTAAAACATTGTCCAATGGACTTGTGTATGGGCTG  
D N R T W A P K G C N D T W A K V K H C P M D L L Y G L

7573 clone Frame 1 AACAACTGCACTTGGGCCCTAAGGGATGTAATGACACATGGGCAAAAGTAAAACATTGTCCAATGGACTTGTGTATGGGCTG  
N N D T W A P K G C N D T W A K V K H C P M D L L Y G L

POCONE-BRA01 Frame 1 CATCCTATTAGGCTATGTGTGCAG  
H P I R L C V Q

POCONE-BRA02 Frame 1 CATCCTATTAGGCTATGTGTACAG  
H P I R L C V Q

7573 clone 2 Frame 1 CATCCTATTAGGCTATGTGTACAG  
H P I R L C V Q

7573 clone 3 Frame 1 CATCCTATTAGGCTATGTGTACAG  
H P I R L C V Q

7573 clone Frame 1 CATCCTATTAGGCTATGTGTACAG  
H P I R L C V Q

**Anexo 21** - Clones da amostra 7586 da região gp90 da combinação O.

POCONE-BRA01 Frame1 TATGAGGTTGTGGGCACACCCACATATATAGGATTGATTACTGTTGGTGGGAAATTGGAAGGATCTGGATGACTAGTGCATATA  
Y E G D V A H P Q Y I G L I T V G G K L E G S G M T S A I

POCONE-BRA02 Frame1 TATGAAGGTGTGGGCACATCCACGTTATATAGGATTAATTAATCTGTTGGTGGGAAATTAGAAGAATCTGGGATGACTAGTGCATATA  
Y E G V A H P R Y I G L I T V G G K L E E S G M T S A I

7586 clone Frame1 TATGAAGGTGTGGGCACATCCACGTTATATAGGATTAATTAATCTGTTGGTGGGAAATTAGAAGAATCTGGGATGACTAGTGCATATA  
Y E G V A H P R Y I G L I T V G G K L E E S G M T S A I

7586 clone 2 Frame1 TATGAAGGTGTGGGCACATCCACGTTATATAGGATTAATTAATCTGTTGGTGGGAAATTAGAAGAATCTGGGATGACTAGTGCATATA  
Y E G V A H P R Y I G L I T V G G K L E E S G M T S A I

7586 clone 3 Frame1 TATGAAGGTGTGGGCACATCCACGTTATATAGGATTAATTAATCTGTTGGTGGGAAATTAGAAGAATCTGGGATGACTAGTGCATATA  
Y E G V A H P R Y I G L I T V G G K L E E S G M T S A I

POCONE-BRA01 Frame1 GAATGTTGGGGTAAAGTTTCCTGGCTGTAGACCGTTTGAATAATTTTATAGTACAGTGAACAGACGTATACAGTACAAAT  
E C W G T K F P G C Y R P F T N Y F S Y E T N R T I Q E T N

POCONE-BRA02 Frame1 GAATGTTGGGGTACTTTTCTGGATGTAGACCATTTACTAACTATTTTGTACTACGAGACTAACAGAACTATACAGGAAACAAAT  
E C W G T F P G C R P F T N Y F S Y E T N R T I Q E T N

7586 clone Frame1 GAATGTTGGGGTACTTTTCTGGATGTAGACCATTTACTAACTATTTTGTACTACGAGACTAACAGAACTATACAGGAAACGAAT  
E C W G T F P G C R P F T N Y F S Y E T N R T I Q E T N

7586 clone 2 Frame1 GAATGTTGGGGTACTTTTCTGGATGTAGACCATTTACTAACTATTTTGTACTACGAGACTAACAGAACTATACAGGAAACGAAT  
E C W G T F P G C R P F T N Y F S Y E T N R T I Q E T N

7586 clone 3 Frame1 GAATGTTGGGGTACTTTTCTGGATGTAGACCATTTACTAACTATTTTGTACTACGAGACTAACAGAACTATACAGGAAACGAAT  
E C W G T F P G C R P F T N Y F S Y E T N R T I Q E T N

POCONE-BRA01 Frame1 AACACTGTTTCATTATTAGAGTCAATATAGAGAGATAACATATATATATAAAAACAATGTGTACAGATAGTGATCATTGTCAA  
N T V S L L E S Y H R E I T Y I Y K T M C T D S D H C Q

POCONE-BRA02 Frame1 GACACTGTACATTATTAGAGTCTATAATAGNN-----TGTTGACAGATAGTGATCATTGTCAA  
D T A T L L E S Y N R E I T Y I Y K T M C S D S D H C Q

7586 clone Frame1 GACACTGTACATTATTAGAGTCTATAATAGAGAGATAACTTATATATATAAAAACAATGTGTTACAGATAGTGATCATTGTCAA  
D T A T L L E S Y N R E I T Y I Y K T M C S D S D H C Q

7586 clone 2 Frame1 GACACTGTACATTATTAGAGTCTATAATAGAGAGATAACTTATATATATAAAAACAATGTGTTACAGATAGTGATCATTGTCAA  
D T A T L L E S Y N R E I T Y I Y K T M C S D S D H C Q

7586 clone 3 Frame1 GACACTGTACATTATTAGAGTCTATAATAGAGAGATAACTTATATATATAAAAACAATGTGTTACAGATAGTGATCATTGTCAA  
D T A T L L E S Y N R E I T Y I Y K T M C S D S D H C Q

POCONE-BRA01 Frame1 GATATGAGTGTAGAACGTCAACTGATGGGAATGGGAAA--AGTGAATTAAGCAGAC-----ACAAGCATGGA  
E Y E C R N V Q L N G N F S D R L S V E D-----N N N

POCONE-BRA02 Frame1 SACTATGAGTGCAGAAAGGGTCCGATTAATGGGAATTAAGTGAAGAAAGTGGAGATA-----TAATAAT  
H/D Y E C E R V R L N G N F S D R L S V E D-----N N N

7586 clone Frame1 GACTATGAGTGCAGAAAGGGTCCAACTAAATGAGAAATAAGTGG-----AACTGTGGAGTTA-----GTGGAATAGT  
D Y E C E R V Q L N E N N S G-----I V E I-----S G N S

7586 clone 2 Frame1 GACTATGAGTGCAGAAAGGGTCCAACTAAATGAGAAATAAGTGG-----AACTGTGGAGTTA-----GTGGAATAGT  
D Y E C E R V Q L N E N N S G-----I V E I-----S G N S

7586 clone 3 Frame1 GACTATGAGTGCAGAAAGGGTCCAACTAAATGAGAAATAAGTGG-----AACTGTGGAGTTA-----GTGGAATAGT  
D Y E C E R V Q L N E N N S G-----I V E I-----S G N S

POCONE-BRA01 Frame1 CACACTTATTGGAAATTCATGGTTGGTATGTAATCAAACTGAGAATCAAAAGGCAATTCTTTCCAGAGAAGAAGAAATGGT  
L P Y W N F K W L V G C N Q T E N K K T I L V P E E E M V

POCONE-BRA02 Frame1 AGCAC-TTATTGGGATTTTACATGGTTATTATGTAATCAAACTGAGAATAAAAAGACGATTCTTGTCCAGAAGAAGAAGAAATGAT  
S T- Y W D F T W L L C N Q T E N K K T I L V P E E E M I

7586 clone Frame1 AGCAC-TTATTGGGAAATTTACATGGTTATTATGTAATCAAACTGAGAATAAAAAGGCAATTCTTGTCCAGAAGAAGAAGAAATGAT  
S T- Y W N F T W L L C N Q T E N K K T I L V P E E E M I

7586 clone 2 Frame1 AGCAC-TTATTGGAAATTTACATGGTTATTATGTAATCAAACTGAGAATAAAAAGACAATTCTTGTCCAGAAGAAGAAGAAATGAT  
S T- Y W N F T W L L C N Q T E N K K T I L V P E E E M I

7586 clone 3 Frame1 AACAC-TTATTGGAAATTTGATGGTTATTATGTAATCAAACTGAGAATAAAAAGACAATTCTTGTCCAGAAGAAGAAGAAATGAT  
N T- Y W N F A W L L C N Q T E N K K T I L V P E E E M I

POCONE-BRA01 Frame1 ACAGAAAGATAA--AA--ACTTGGTCCCTAGGGGATGTAATAGCACATGGGCAAGGGTGAACATTGTCCAAGGATCTGTT  
Q Y N D N R T W A P K G C N D T W A K V K H C P M D L L

POCONE-BRA02 Frame1 ACAGTACAATGACAATCGCACTTGGGCCCTAAGGGATGTAATGACACATGGGCAAAAGTAAAACATTGTCCAATGGACTTGT  
Q Y N D N R T W A P K G C N D T W A K V K H C P M D L L

7586 clone Frame1 ACAGTACAATGACAATCGCACTTGGGCCCTAAGGGATGTAATGACACATGGGCAAAAGTAAAACATTGTCCAATGGACTTGT  
Q Y N D N R T W A P K G C N D T W A K V K H C P M D L L

7586 clone 2 Frame1 ACAGTACAATGACAATCGCACTTGGGCCCTAAGGGATGTAATGACACATGGGCAAAAGTAAAACATTGTCCAATGGACTTGT  
Q Y N D N R T W A P K G C N D T W A K V K H C P M D L L

7586 clone 3 Frame1 ACAGTACAATGACAATCGCACTTGGGCCCTAAGGGATGTAATGACACATGGGCAAAAGTAAAACATTGTCCAATGGACTTGT  
Q Y N D N R T W A P K G C N D T W A R V K H C P M D L L

POCONE-BRA01 Frame1 GTATGGGATACATCCTATTAGGCTATGTGTCAG  
Y G H P I R L C V Q

POCONE-BRA02 Frame1 GTATGGGCTGCATCCTATTAGGCTATGTGTCAG  
Y G L H P I R L C V Q

7586 clone Frame1 GTATGGGCTGCATCCTATTAGGCTATGTGTCAG  
Y G L H P I R L C V Q

7586 clone 2 Frame1 GTATGGGCTGCATCCTATTAGGCTATGTGTCAG  
Y G L H P I R L C V Q

7586 clone 3 Frame1 GTATGGGCTGCATCCTATTAGGCTATGTGTCAG  
Y G L H P I R L C V Q

**Anexo 22** - Clones da amostra 7599 da região gp90 da combinação O.

POCONE-BRA01 TATGAGGATGTGGCACACCCACAAATATATAGGATTGATTACTGTTGGTGGGAAATTGGAAGGATCTGGAAATG  
Frame 1 Y E D V A H P Q Y I G L I T V G G K L E G S G M

POCONE-BRA02 TATGAAGGTGTGGCACATCCACGTTATATAGGATTAATTACTGTTGGTGGGAAATTAGAAGAATCTGGGATG  
Frame 1 Y E G V A H P R Y I G L I T V G G K L E E S G M

7599 clone TATGAAGGTGTGGCACATCCACGTTATATAGGATTAATTACTGTTGGTGGGAAATTAGAAGAATCTGGGATG  
Frame 1 Y E G V A H P R Y I G L I T V G G K L E E S G M

7599 clone 2 TATGAAGGTGTGGCACATCCACGTTATATAGGATTAATTACTGTTGGTGGGAAATTAGAAGAATCTGGGATG  
Frame 1 Y E G V A H P R Y I G L I T V G G K L E E S G M

POCONE-BRA01 ACTAGTGCTATAGAATGTTGGGGTAAAGTTTCCTGGCTGTAGACC GTTTGATAAATATTTTAGTTACTAGACT  
Frame 1 T S A I E C W G K F P G C R P F D N Y F S Y M T

POCONE-BRA02 ACTAGTGCTATAGAATGTTGGGGTACTTTTCCTGGATGTAGACCATTACTAATACTTTTAGCTACGAGACT  
Frame 1 T S A I E C W G T F P G C R P F T N Y F S Y E T

7599 clone ACTAGTGCTATAGAATGTTGGGGTACTTTTCCTGGATGTAGACCATTACTAATACTTTTAGCTACGAGACT  
Frame 1 T S A I E C W G T F P G C R P F T N Y F S Y E T

7599 clone 2 ACTAGTGCTATAGAATGTTGGGGTACTTTTCCTGGATGTAGACCATTACTAATACTTTTAGCTACGAGACT  
Frame 1 T S A I E C W G T F P G C R P F T N Y F S Y E T

POCONE-BRA01 AACAGAGGTATACAGTACAAATACACTGTTTCATTATTAGAGTCTATCATAGAGAGATAACATATATA  
Frame 1 N R R I H V Q N N T V S L L E S Y H R E I T Y I

POCONE-BRA02 AACAGAACTATACAGGAAACAAATGCACTGCTACATTATTAGAGTCTATAATAGNN-----  
Frame 1 N R T I Q E T N D T A T L L E S Y N R / S

7599 clone AACAGAACTATACAGGAAACGAATGCACTGCTACATTATTAGAGTCTATAATAGAGAGATAACTTATATA  
Frame 1 N R T I Q E T N D T A T L L E S Y N R E I T Y I

7599 clone 2 AACAGAACTATACAGGAAACGAATGCACTGCTACATTATTAGAGTCTATAATAGAGAGATAACTTATATA  
Frame 1 N R T I Q E T N D T A T L L E S Y N R E I T Y I

POCONE-BRA01 TATAAAACAATGTGTACAGATAGTGATCATTGTCAAGAATATGAGTGTAGAAACGTACAACGTGCTGGAAT  
Frame 1 Y K T M C S D S D H C Q E Y E C R N V Q L T G N

POCONE-BRA02 -----TGTGTACAGATAGTGATCATTGTCAASACTATGAGTGC GAAAGGGTCCGATTAATGGGAAT  
Frame 1 -----X C T D S D H C Q H/D Y E C E R V R L N G N

7599 clone TATAAAACAATGTGTACAGATAGTGATCATTGTCAAGACTATGAGTGC GAAAGGGTCCAACTAAAACCACT  
Frame 1 Y K T M C S D S D H C Q D Y E C E R V Q L K N T

7599 clone 2 TATAAAACAATGTGTACAGATAGTGATCATTGTCAAGACTATGAGTGC GAAAGGGTCCAACTAAAACCACT  
Frame 1 Y K T M C S D S D H C Q D Y E C E R V Q L N E N

POCONE-BRA01 GGGTAAAGTGAATAAAGCTACAAC-----ACAACACTTGACACACCTTATTGGAATTTCAAT  
Frame 1 G L K V N I S Y N -----T T L D T P Y W N F K

POCONE-BRA02 TT-TAGTGATGAATAAGTGTGGAGG-----ATAATAATAATAGCAC-TTATTGGGATTTCCACAT  
Frame 1 F S D R I S V E -----D N N N S T- Y W D F T

7599 clone AG-TAATATGTAAATAATGTGGGGTGGTAAATAATAGTGGTAATAGTACAC-TTATTGGAATTTGCAT  
Frame 1 S- N N V I N V A V G N N S G N S N T- Y W N F A

7599 clone 2 AA-TAGTGG-----AACTGTGGAGAT-----AGTGGTAATAGTACAC-TTATTGGAATTTCCACAT  
Frame 1 N- S G-----T V E I-----S G N S S T- Y W N F T

POCONE-BRA01 GGTTGGTATGTAATCAAACAGAGAATCAAAGGCAATTCTTATCCAGAAGAAGAAATGTACAG---AATG  
Frame 1 W L V C N Q T E N K K T I L V P E E E M V Q ---A T G

POCONE-BRA02 GGTTATTATGTAATCAAACAGAGAATAAAAAGACGATTCTTGTCCAGAAGAAGAAATGATACAGTACAATG  
Frame 1 W L L C N Q T E N K K T I L V P E E E M I Q Y N

7599 clone GGTTATTATGTAATCAAACAGAGAATAAAAAGACAAATTCTTGTCCAGAAGAAGAAATGATACAGTACAATG  
Frame 1 W L L C N Q T E N K K T I L V P E E E M I Q Y N

7599 clone 2 GGTTATTATGTAATCAAACAGAGAATAAAAAGACAAATTCTTGTCCAGAAGAAGAAATGATACAGTACAATG  
Frame 1 W L L C N Q T E N K K T I L V P E E E M I Q Y N

POCONE-BRA01 AATAATAACTTGGTCCCTAAGGGATGTAATAGCACATGGGCAAGGTTGAACATTGTCCAGCGGATCTGT  
Frame 1 D N N T W S P R G C N S T W A R V K H C P A D L

POCONE-BRA02 ACAATCGCACTTGGGCCCTAAGGGATGTAATGACACATGGGCAAAAGTAAAACATTGTCCAATGGACTTGT  
Frame 1 D N R T W A P K G C N D T W A K V K H C P M D L

7599 clone ACAATCGCACTTGGGCCCTAAGGGATGTAATGACACATGGGCAAAAGTAAAACATTGTCCAATGGACTTAT  
Frame 1 D N R T W A P K G C N D T W A K V K H C P M D L

7599 clone 2 ACAATCGCACTTGGGCCCTAAGGGATGTAATGACACATGGGCAAAAGTAAAACATTGTCCAATGGACTTGT  
Frame 1 D N R T W A P K G C N D T W A K V K H C P M D L

POCONE-BRA01 TGTATGGGATACATCCTATTAGGCTATGTGTGCAG  
Frame 1 L Y G H P I R L C V Q

POCONE-BRA02 TGTATGGGCTGCATCCTATTAGGCTATGTGTACAG  
Frame 1 L Y G L H P I R L C V Q

7599 clone TGTATGGGCTGCATCCTATTAGGCTATGTGTACAG  
Frame 1 L Y G L H P I R L C V Q

7599 clone 2 TGTATGGGCTGCATCCTATTAGGCTATGTGTACAG  
Frame 1 L Y G L H P I R L C V Q

**Anexo 23** - Clones da amostra 7640 da região gp90 da combinação O.

POCONE-BRA01 Frame 1 TATGAGGATGTGGCACACCCACATATATAGGATTGATTACTGTTGGTGGGAAATTGGAAGGATCTGGATGACTAGTGCTAT  
Y E D V A H P Q Y I G L I T V G G K L E G S G M T S A I

POCONE-BRA02 Frame 1 TATGAAGGTGTGGCACATCCACGTTATATAGGATTAATTACTGTTGGTGGGAAATTAGAAGAATCTGGGATGACTAGTGCTAT  
Y E G V A H P R Y I G L I T V G G K L E E S G M T S A I

7640 clone Frame 1 TATGAAGGTGTGGCACATCCACGTTATATAGGATTAATTACTGTTGGTGGGAAATTAGAAGAATCTGGGATGACTAGTGCTAT  
Y E G V A H P R Y I G L I T V G G K L E E S G M T S A I

7640 clone 2 Frame 1 TATGAAGGTGTGGCACATCCACGTTATATAGGATTAATTACTGTTGGTGGGAAATTAGAAGAATCTGGGATGACTAGTGCTAT  
Y E G V A H P R Y I G L I T V G G K L E E S G M T S A I

7640 clone 3 Frame 1 TATGAAGGTGTGGCACATCCACGTTATATAGGATTAATTACTGTTGGTGGGAAATTAGAAGAATCTGGGATGACTAGTGCTAT  
Y E G V A H P R Y I G L I T V G G K L E E S G M T S A I

POCONE-BRA01 Frame 1 AGAATGTTGGGTAGGTTTCTGGTGTAGACCGTTTGATAAGTTATTTTAGTACAGGACTAACAGACGTATACAGTACAA  
E C W G T F P G C R P F T N Y F S Y E T N R T I Q E T

POCONE-BRA02 Frame 1 AGAATGTTGGGTACTTTTCTGGATGTAGACCATTACTACTATTTTAGCTACGAGACTAACAGAACTATACAGGAAACAA  
E C W G T F P G C R P F T N Y F S Y E T N R T I Q E T

7640 clone Frame 1 AGAATGTTGGGTACTTTTCTGGATGTAGACCATTACTACTATTTTAGCTACGAGACTAACAGAACTATACAGGAAACGA  
E C W G T F P G C R P F T N Y F S Y E T N R T I Q E T

7640 clone 2 Frame 1 AGAATGTTGGGTACTTTTCTGGATGTAGACCATTACTACTATTTTAGCTACGAGACTAACAGAACTATACAGGAAACGA  
E C W G T F P G C R P F T N Y F S Y E T N R T I Q E T

7640 clone 3 Frame 1 AGAATGTTGGGTACTTTTCTGGATGTAGACCATTACTACTATTTTAGCTACGAGACTAACAGAACTATACAGGAAACGA  
E C W G T F P G C R P F T N Y F S Y E T N R T I Q E T

POCONE-BRA01 Frame 1 ATAACTGTTTCATTATTAGAGTATATATAGAGATAACATATATATATAAAACAATGTTCAGATAGTGATCATTGT  
N D T A T L L E S Y N R E I T Y I Y K T M C S D S D H C

POCONE-BRA02 Frame 1 ATGACTGTACATTATTAGAGTCTATAATAGNN-----TGTTTCAGATAGTGATCATTGT  
N D T A T L L E S Y N R E I T Y I Y K T M C S D S D H C

7640 clone Frame 1 ATGACTGTACATTATTAGAGTCTATAATAGAGATAACTTATATATATAAAACAATGTTCAGATAGTGATCATTGT  
N D T A T L L E S Y N R E I T Y I Y K T M C S D S D H C

7640 clone 2 Frame 1 ATGACTGTACATTATTAGAGTCTATAATAGAGATAACTTATATATATAAAACAATGTTCAGATAGTGATCATTGT  
N D T A T L L E S Y N R E I T Y I Y K T M C S D S D H C

7640 clone 3 Frame 1 ATGACTGTACATTATTAGAGTCTATAATAGAGATAACTTATATATATAAAACAATGTTCAGATAGTGATCATTGT  
N D T A T L L E S Y N R E I T Y I Y K T M C S D S D H C

POCONE-BRA01 Frame 1 CAAGATATGAGTGAAGCGTCAACTGATGGAAATGGGTTAAAGGAAATAAGCTACACACACTGACACAC  
Q D Y E C E R V Q L N E N F S D R I S V E D N N N S T

POCONE-BRA02 Frame 1 CAASACTATGAGTGCAGAAAGGGTCCGATAAATGGGAATTTAGGTAGAATAAGGTGGAGATAAATAATAGCAC  
Q H/D Y E C E R V Q L N E N F S D R I S V E D N N N S T

7640 clone Frame 1 CAAGACTATGAGTGCAGAAAGGGTCCGATAAATGGGAATTTAGGTAGAATAAGGTGGAGATAAATAATAGCAC  
Q D Y E C E R V Q L N E N F S D R I S V E D N N N S T

7640 clone 2 Frame 1 CAAGACTAGAGTGCAGAAAGGGTCCAACTAAATGGAATTTAGGTAGAATAAGGTGGAGATAAATAATAGCAC  
Q D Y E C E R V Q L N E N F S D R I S V E D N N N S S T

7640 clone 3 Frame 1 CAAGACTAGAGTGCAGAAAGGGTCCAACTAAATGGAATTTAGGTAGAATAAGGTGGAGATAAATAATAGCAC  
Q D Y E C E R V Q L N E N F S D R I S V E D N N N S S T

POCONE-BRA01 Frame 1 GTTATTGGAATTTCAATGGTTGGTATGTAATCAAATGAGAAATGAAAGCAATTCCTTCCAGAGAAGAAATGGTACAG  
P Y W N F D W L V C N Q T E N K K T I L V P E E E M I Q

POCONE-BRA02 Frame 1 TTTATTGGGATTTTCACATGTTTATTATGTAATCAAATGAGAAATGAAAGCAATTCCTTCCAGAGAAGAAATGATACAG  
Y W D F T W L L C N Q T E N K K T I L V P E E E M I Q

7640 clone Frame 1 TTTATTGGGATTTTCACATGTTTATTATGTAATCAAATGAGAAATGAAAGCAATTCCTTCCAGAGAAGAAATGATACAG  
Y W D F T W L L C N Q T E N K K T I L V P E E E M I Q

7640 clone 2 Frame 1 TTTATTGGAATTTTCACATGTTTATTATGTAATCAAATGAGAAATGAAAGCAATTCCTTCCAGAGAAGAAATGATACAG  
Y W N F T W L L C N Q T E N K K T I L V P E E E M I Q

7640 clone 3 Frame 1 TTTATTGGAATTTTCACATGTTTATTATGTAATCAAATGAGAAATGAAAGCAATTCCTTCCAGAGAAGAAATGATACAG  
Y W N F T W L L C N Q T E N K K T I L V P E E E M I Q

POCONE-BRA01 Frame 1 ---AATGAATAACTTGGTCCCTAGGGATGTAATAGCACATGGGCAAGGGTGAACATTGTCCAGGATCTGTTGTA  
--- N D N N T W S P R G C N S T W A R V K H C P A D L L Y

POCONE-BRA02 Frame 1 TACAATGACAATCGCACTTTGGGCCCTAAGGGATGTAATGACACATGGGCAAAAGTAAAACATTGTCCAATGGACTTGTGTA  
Y N D N R T W A P K G C N D T \* A K V K H C P M D L L Y

7640 clone Frame 1 TACAATGACAATCGCACTTTGGGCCCTAAGGGATGTAATGACACATGGGCAAAAGTAAAACATTGTCCAATGGACTTGTGTA  
Y N D N R T W A P K G C N D T \* A K V K H C P M D L L Y

7640 clone 2 Frame 1 TACAATGACAATCGCACTTTGGGCCCTAAGGGATGTAATGACACATGGGCAAAAGTAAAACATTGTCCAATGGACTTGTGTA  
Y N D N R T W A P K G C N D T \* A K V K H C P M D L L Y

7640 clone 3 Frame 1 TACAATGACAATCGCACTTTGGGCCCTAAGGGATGTAATGACACATGGGCAAAAGTAAAACATTGTCCAATGGACTTGTGTA  
Y N D N R T W A P K G C N D T \* A K V K H C P M D L L Y

POCONE-BRA01 Frame 1 TGGGATACATCCTATTAGGCTATGTGTGACG  
G H P I R L C V Q

POCONE-BRA02 Frame 1 TGGGCTGCATCCTATTAGGCTATGTGTACAG  
G L H P I R L C V Q

7640 clone Frame 1 TGGGCTGCATCCTATTAGGCTATGTGTACAG  
G L H P I R L C V Q

7640 clone 2 Frame 1 TGGGCTGCATCCTATTAGGCTATGTGTACAG  
G L H P I R L C V Q

7640 clone 3 Frame 1 TGGGCTGCATCCTATTAGGCTATGTGTACAG  
G L H P I R L C V Q

**Anexo 24** - Clones da amostra 7966 da região gp90 da combinação O.

POCONE-BRA01 Frame1 TATGAGGATGTGGCACACCCACATATATAGGATTGATTACTGTTGGTGGGAAATTGGAAGGATCTGGATGACTAGTGCTAT  
Y E D V A H P Q Y I G L I T V G G K L E G S G M T S A I

POCONE-BRA02 Frame1 TATGAAGGTGTGGCACATCCACGTTATATAGGATTAATTACTGTTGGTGGGAAATTAGAAGAATCTGGGATGACTAGTGCTAT  
Y E G V A H P R Y I G L I T V G G K L E E S G M T S A I

7966 clone 3 Frame1 TATGAAGGTGTGGCACATCCACGTTATATAGGATTAATTACTGTTGGTGGGAAATTAGAAGAATCTGGGATGACTAGTGCTAT  
Y E G V A H P R Y I G L I T V G G K L E E S G M T S A I

7966 clone 2 Frame1 TATGAAGGTGTGGCACATCCACGTTATATAGGATTAATTACTGTTGGTGGGAAATTAGAAGAATCTGGGATGACTAGTGCTAT  
Y E G V A H P R Y I G L I T V G G K L E E S G M T S A I

7966 clone Frame1 TATGAAGGTGTGGCACATCCACGTTATATAGGATTAATTACTGTTGGTGGGAAATTAGAAGGATCTGGGATGACTAGTGCTAT  
Y E G V A H P R Y I G L I T V G G K L E G S G M T S A I

POCONE-BRA01 Frame1 AGAATGTTGGGGTAAAGTTTCTGGTGTAGACCGTTTGATAAGTTATTTTAGTACAGTGAACAGACGTATACAGTACAA  
E C W G T F P G C R P F T N Y F S Y E T N R T I Q E T

POCONE-BRA02 Frame1 AGAATGTTGGGGTACTTTTCTGGATGTAGACCATTACTACTATTTTAGCTACGAGACTAACAGAACTATACAGGAAACAA  
E C W G T F P G C R P F T N Y F S Y E T N R T I Q E T

7966 clone 3 Frame1 AGAATGTTGGGGTACTTTTCTGGATGTAGACCATTACTACTATTTTAGCTACGAGACTAACAGAACTATACAGGAAACGA  
E C W G T F P G C R P F T N Y F S Y E T N R T I Q E T

7966 clone 2 Frame1 AGAATGTTGGGGTACTTTTCTGGATGTAGACCATTACTACTATTTTAGCTACGAGACTAACAGAACTATACAGGAAACGA  
E C W G T F P G C R P F T N Y F S Y E T N R T I Q E T

7966 clone Frame1 AGAATGTTGGGGTACTTTTCTGGATGTAGACCATTACTACTATTTTAGCTACGAGACTAACAGAACTATACAGGAAACGA  
E C W G T F P G C R P F T N Y F S Y E T N R T I Q E T

POCONE-BRA01 Frame1 ATAACTGTTTCATTATTAGAGTATATATAGAGATAAATATATATATAAAACAATGTTCAGATAGTGATCATTGT  
N D T A T L L E S Y N R E I T Y I Y K T M C S D S D H C

POCONE-BRA02 Frame1 ATGACTGTACATTATTAGAGTCTATAATAGN-----TGTTGTCAGATAGTGATCATTGT  
N D T A T L L E S Y N R E I T Y I Y K T M C S D S D H C

7966 clone 3 Frame1 ATGACTGTACATTATTAGAGTCTATAATAGAGAGATAAATTATATATATAAAACAATGTTCAGATAGTGATCATTGT  
N D T A T L L E S Y N R E I T Y I Y K T M C S D S D H C

7966 clone 2 Frame1 ATGACTGTACATTATTAGAGTCTATAATAGAGAGATAAATTATATATATAAAACAATGTTCAGATAGTGATCATTGT  
N D T A T L L E S Y N R E I T Y I Y K T M C S D S D H C

7966 clone Frame1 ATGACTGTACATTATTAGAGTCTATAATAGAGAGATAAATTATATATATAAAACAATGTTCAGATAGTGATCATTGT  
N D T A T L L E S Y N R E I T Y I Y K T M C S D S D H C

POCONE-BRA01 Frame1 CAAGATATGAGTGAAGACGTCAACTGAL-----TGGAATGGGTAAAGTGATATAAGCTCAACAAAGCA  
Q D Y E C E R V Q L T G N G L K V N I S Y N T I

POCONE-BRA02 Frame1 CAASACTATGAGTGCAGAAAGGGTCCGATATA-----TGGGAAT---TTAGTGAAGATAAGTGTGGGGATAATAA  
Q H/D Y E C E R V R L N ----- G N --- F S D R I S V E D N N

7966 clone 3 Frame1 CAAGACTATGAGTGCAGAAAGGGTCCGATATA-----TGGGAAT---TTAGTGAAGATAAGTGTGGGGATAATAA  
Q D Y E C E R V Q L A R L N ----- G N --- F S D R I S V E D N N

7966 clone 2 Frame1 CAAGACTATGAGTGCAGAAAGGGTCCAACTAAAACACAGTAAATATAAATAAATGTGAGGTAGTAAATAAGTGTAA  
Q D Y E C E R V Q L K N T S N N I I N V T V S N N T I G N

7966 clone Frame1 CAAGACTATGAGTGCAGAAAGGGTCCAACTAAAACAGTAAATATAAATAAATGTGAGGTAGTAAATAAGTGTAA  
Q D Y E C E R V Q L K K I R N N I L N V T V S N N N S G N

POCONE-BRA01 Frame1 TTGACACACTTATTGGATTTCATATGGTTGGTAGTAATCAAATGAGAATCAAAAGCAATTCATTCCAGAAGAAGAA  
L D T P Y W G F K V L V C N Q T E N K K T I L V P E E E

POCONE-BRA02 Frame1 TATAGCAC-TTATTGGGATTTTCATGTTATTATGTAATCAAATGAGAATAAAAGACGATTCTTGTCCAGAAGAAGAA  
N S T Y W D F T W L L C N Q T E N K K T I L V P E E E

7966 clone 3 Frame1 TATAGCAC-TTATTGGGATTTTCATGTTATTATGTAATCAAATGAGAATAAAAGACAAATTCCTTGTCCAGAAGAAGAA  
N S T Y W D F T W L L C N Q T E N K K T I L V P E E E

7966 clone 2 Frame1 TAGTAACAC-TTATTGGGATTTTCATGTTATTATGTAATCAAATGAGAATAAAAGACAAATTCCTTGTCCAGAAGAAGAA  
S N T Y W D F T W L L C N Q T E N K K T I L V P E E E

7966 clone Frame1 TAGTAACAC-TTATTGGGATTTTCATGTTATTATGTAATCAAATGAGAATAAAAGACAAATTCCTTGTCCAGAAGAAGAA  
S N T Y W G F A L C N Q T E N K K T I L V P E E E

POCONE-BRA01 Frame1 ATGTACAGATGATAATAA---ACTTGGCCCTAGGGGATGTAATAGCACATGGGCAAGGTTGAACATTGTCCAAGGGA  
M V Q N D N N --- T W S P R G C N S T W A R V K H C P A D

POCONE-BRA02 Frame1 ATGACTGTACAATGACATCGCCTTGGGCCCTAAGGGATGTAATGACACATGGGCAAAAGTAAACATTGTCCAATGGA  
M I Q Y N D N R T W A P K G C N D T W A K V K H C P M D

7966 clone 3 Frame1 ATGACTGTACAATGACAC---CACTTGGGCCCTAAGGGATGTAATGACACATGGGCAAAAGTAAACATTGTCCAATGGA  
M I L Y N G T--- T W A P K G C N D T W A K V K H C P M D

7966 clone 2 Frame1 ATGACTGTACAATGACAC---CACTTGGGCCCTAAGGGATGTAATGACACATGGGCAAAAGTAAACATTGTCCAATGGA  
M I L Y N G T--- T W A P K G C N D T W A K V K H C P M D

7966 clone Frame1 ATGACTGTACAATGACAC---CACTTGGGCCCTAAGGGATGTAATGACACATGGGCAAAAGTAAACATTGTCCAATGGA  
M I L Y N G T--- T W A P K G C N D T W A K V K H C P M D

POCONE-BRA01 Frame1 CTGTGTATGGGATACATCCTATTAGGCTATGTGTCAG  
L L Y G L H P I R L C V Q

POCONE-BRA02 Frame1 CTTGTGTATGGGCTGCATCCTATTAGGCTATGTGTCACAG  
L L Y G L H P I R L C V Q

7966 clone 3 Frame1 CTTGTGTATGGGCTGCATCCTATTAGGCTATGTGTCACAG  
L L Y G L H P I R L C V Q

7966 clone 2 Frame1 CTTGTGTATGGGCTGCATCCTATTAGGCTATGTGTCACAG  
L L Y G L H P I R L C V Q

7966 clone Frame1 CTTGTGTATGGGCTGCATCCTATTAGGCTATGTGTCACAG  
L L Y G L H P I R L C V Q

**Anexo 25** - Clones da amostra 7991 da região gp90 da combinação O.

POCONE-BRA01 Frame1 TATGAGGATGTGGCACACCCACATATATAGGATTGATTACTGTTGGTGGGAAATTGGAAGGATCTGGATGACTAGTGCTAT  
Y E D V A H P Q Y I G L I T V G G K L E G S G M T S A I

POCONE-BRA02 Frame1 TATGAAGGTGTGGCACATCCACGTTATATAGGATTAATTACTGTTGGTGGGAAATTAGAAGAATCTGGGATGACTAGTGCTAT  
Y E G V A H P R Y I G L I T V G G K L E E S G M T S A I

7991 clone 2 Frame1 TATGAAGGTGTGGCACATCCACGTTATATAGGATTAATTACTGTTGGTGGGAAATTAGAAGAATCTGGGATGACTAGTGCTAT  
Y E G V A H P R Y I G L I T V G G K L E E S G M T S A I

7991 clone 3 Frame1 TATGAAGGTGTGGCACATCCACGTTATATAGGATTAATTACTGTTGGTGGGAAATTAGAAGAATCTGGGATGACTAGTGCTAT  
Y E G V A H P R Y I G L I T V G G K L E E S G M T S A I

7991 clone Frame1 TATGAAGGTGTGGCACATCCACGTTATATAGGTTAATTACTGTTGGTGGGAAATTAGAAGAATCTGGGATGACTAGTGCTAT  
Y E G V A H P R Y I G L I T V G G K L E E S G M T S A I

POCONE-BRA01 Frame1 AGAATGTTGGGGTAAAGTTTCTGGTGTAGACCGTTTGATAAGTATTTTAGTACAGTGAACAGACGTATACAGTAA  
E C W G T F P G C R P F T N Y F S Y E T N R T I Q E T

POCONE-BRA02 Frame1 AGAATGTTGGGGTACTTTTCTGGATGTAGACCATTACTAATTTTAGCTACGAGACTAACAGAACTATACAGGAAAC  
E C W G T F P G C R P F T N Y F S Y E T N R T I Q E T

7991 clone 2 Frame1 AGAATGTTGGGGTACTTTTCTGGATGTAGACCATTACTAATTTTAGCTACGAGACTAACAGAACTATACAGGAAAC  
E C W G T F P G C R P F T N Y F S Y E T N R T I Q E T

7991 clone 3 Frame1 AGAATGTTGGGGTACTTTTCTGGATGTAGACCATTACTAATTTTAGCTACAGGCTAACAGAACTATACAGGAAAC  
E C W G T F P G C R P F T N Y F S Y E T N R T I Q E T

7991 clone Frame1 AGAATGTTGGGGTACTTTTCTGGATGTAGACCATTACTAATTTTAGCTACGAGACTAACAGAACTATACAGGAAAC  
E C W G T F P G C R P F T N Y F S Y E T N R T I Q E T

POCONE-BRA01 Frame1 ATAACTGTTTCATTATTAGAGTATATATAGAGATAACATATATATATAAAACAATGTTCAGATAGTGATCATTGT  
N D T A T L L E S Y N R E I T Y I Y K T M C S D S D H C

POCONE-BRA02 Frame1 ATGACTGTACATTATTAGAGTCTATAATAGNN-----TGTTTCAGATAGTGATCATTGT  
N D T A T L L E S Y N R E I T Y I Y K T M C S D S D H C

7991 clone 2 Frame1 ATGACTGTACATTATTAGAGTCTATAATAGAGATAACTTATATATATAAAACAATGTTCAGATAGTGATCATTGT  
N D T A T L L E S Y N R E I T Y I Y K T M C S D S D H C

7991 clone 3 Frame1 ATGACTGTACATTATTAGAGTCTATAATAGAGATAACTTATATATATAAAACAATGTTCAGATAGTGATCATTGT  
N D T A T L L E S Y N R E I T Y I Y K T M C S D S D H C

7991 clone Frame1 ATGACTGTACATTATTAGAGTCTATAATAGAGATAACTTATATATATAAAACAATGTTCAGATAGTGATCATTGT  
N D T A T L L E S Y N R E I T Y I Y K T M C S D S D H C

POCONE-BRA01 Frame1 CAAGATATGAGTGAAGACGTTCAACTGACTGGAAATGGGAA--AGTGAATATAGGTAACA-----CAACA  
Q E Y E C R N V Q L T G N G L K V N I S Y N C A F I

POCONE-BRA02 Frame1 CAASACTATGAGTGCAGAAAGGGTCCGATTAATGGGAATTAGTGATAGAATAAGTGTGGAGGATAT-----AA  
Q H/D Y E C E R V R L N G N F S D R I S V E D N-----N

7991 clone 2 Frame1 CAAGCTATGAGTGCAGAAAGGGTCCAACTAAAGACTAGTGAATGATAAAGGTGGAAGTACTAGT-----GGTAA  
Q D Y E C E R V Q L K S T S D I I K V E I S-----G N

7991 clone 3 Frame1 CAAGACTATGAGTGCAGAAAGGGTCCAACTAAAGACTAGTGAATGATAAAGGTGGAAGTACTAGTAAAGAGGGTAA  
Q D Y E C E R V Q L K N T S N N M I N V T V S N D S G N

7991 clone Frame1 CAAGACTATGAGTGCAGAAAGGGTCCAACTAAAGACTAGTGAAGTGAAGTACTAGTAAAGAGGGTAA  
Q D Y E C E R V Q L K N S E N S S G-----I V E I-----G N

POCONE-BRA01 Frame1 TTGRCACACCTTATTGGATTTCATATGGTTGGTATGTAATCAAAGTGAATCAAAAGCAATTCCTATTCCAGAAGAAGAA  
L D T P Y W G N F K W L V C N Q T E N K K T I L V P E E E

POCONE-BRA02 Frame1 TATAGCAC-TTATTGGGATTTACATGTTATTATGTAATCAAAGTGAATCAAAAGCAATTCCTATTCCAGAAGAAGAA  
N S T- Y W D F T W L L C N Q T E N K K T I L V P E E E

7991 clone 2 Frame1 TAGTACAC-TTATTGGGATTTACATGTTATTATGTAATCAAAGTGAATCAAAAGCAATTCCTATTCCAGAAGAAGAA  
S S T- Y W D F T W L L C N Q T E N K K T I L V P E E E

7991 clone 3 Frame1 TAGTACAC-TTATTGGGATTTACATGTTATTATGTAATCAAAGTGAATCAAAAGCAATTCCTATTCCAGAAGAAGAA  
S S T- Y W D F T W L L C N Q T E N K K T I L V P E E E

7991 clone Frame1 TAGTACAC-TTATTGGGATTTACATGTTATTATGTAATCAAAGTGAATCAAAAGCAATTCCTATTCCAGAAGAAGAA  
S S T- Y W D F T W L L C N Q T E N K K T I L V P E E E

POCONE-BRA01 Frame1 ATGTACAGATGATATAAT---ACTTGGCCCTAGGGGATGTAATAGCACATGGGCAAGGGTGAACATTGTCCAAGGGA  
M V Q N D N N---T W S P R G C N S T W A R V K H C P A D

POCONE-BRA02 Frame1 ATGATACAGTACAATGACAATCGCACTTGGGCCCTAAGGATGTAATGACACATGGGCAAAAGTAAACATTGTCCAATGGA  
M I Q Y N D N R T W A P K G C N D T W A K V K H C P M D

7991 clone 2 Frame1 ATGATACAGTACAATGACAATCGCACTTGGGCCCTAAGGATGTAATGACACATGGGCAAAAGTAAACATTGTCCAATGGA  
M I Q Y N D N R T W A P K G C N D T W A K V K H C P M D

7991 clone 3 Frame1 ATGATACAGTACAATGACAATCGCACTTGGGCCCTAAGGATGTAATGACACATGGGCAAAAGTAAACATTGTCCAATGGA  
M I Q Y N D N R T W A P K G C N D T W A K V K H C P M D

7991 clone Frame1 ATGATACAGTACAATGACAATCGCACTTGGGCCCTAAGGATGTAATGACACATGGGCAAAAGTAAACATTGTCCAATGGA  
M I Q Y N D N R T W A P K G R N D T W A K V K H C P M D

POCONE-BRA01 Frame1 CTGTGTATGGGATACATCCTATTAGGTATGTGTGCAG  
L L Y G H P I R L C V Q

POCONE-BRA02 Frame1 CTTGTGTATGGGCTGCATCCTATTAGGTTATGTGTACAG  
L L Y G L H P I R L C V Q

7991 clone 2 Frame1 CTTGTGTATGGGCTGCATCCTATTAGGTTATGTGTACAG  
L L Y G L H P I R L C V Q

7991 clone 3 Frame1 CTTGTGTATGGGCTGCATCCTATTAGGTTATGTGTACAG  
L L Y G L H P I R L C V Q

7991 clone Frame1 CTTGTGTATGGGCTGCATCCTATTAGGTTATGTGTACAG  
L L Y G L H P I R L C V Q

**Anexo 26** - Clones da amostra 8003 da região gp90 da combinação O.

POCONE-BRA01 TATGAGGATGTGGCACACCCACATAATAGGATTGATTACTGTTGGTGGGAAATTGGAAGGATCT  
Frame 1 Y E D V A H P Q Y I G L I T V G G K L E G S

POCONE-BRA02 TATGAAGGTGTGGCACATCCACGTTAATAGGATTAATTACTGTTGGTGGGAAATTAGAAGAACT  
Frame 1 Y E G V A H P R Y I G L I T V G G K L E E S

8003 clone 2 TATGAAGGTGTGGCACATCCATTATAGGTTAATTACTGTTGGTGGGAAATTAGAAGGTCT  
Frame 1 Y E G V A H P H Y I G L I T V G G K L E G S

8003 clone 3 TATGAAGGTGTGGCACATCCATTATAGGTTAATTACTGTTGGTGGGAAATTAGAAGGTCT  
Frame 1 Y E G V A H P H Y I G L I T V G G K L E G S

POCONE-BRA01 GGATGACTAGTGTCTATAGAATGTTGGGTAAGTTTCCTGGTGTAGACCGTTTGATAATATTTT  
Frame 1 G M T S A I E C W G K F P G C R P F D N Y F

POCONE-BRA02 GGGATGACTAGTGTCTATAGAATGTTGGGTTACTTTTCCTGGATGTAGACCATTTACTAACTATTTT  
Frame 1 G M T S A I E C W G T F P G C R P F T N Y F

8003 clone 2 GGGATGACTAGTGTCTATAGAATGTTGGGTTACTTTTCCTGGATGTAGACCATTTACTAACTATTTT  
Frame 1 G M T S A I E C W G T F P G C R P F T N Y F

8003 clone 3 GGGATGACTAGTGTCTATAGAATGTTGGGTTACTTTTCCTGGATGTAGACCATTTACTAACTATTTT  
Frame 1 G M T S A I E C W G T F P G C R P F T N Y F

POCONE-BRA01 AGTACAGACTAACAGACGTATACATGACAAATAACTGTTTCATTATTAGAGTCATATCAT  
Frame 1 S Y M T N R R I H V Q N N T V S L L E S Y H

POCONE-BRA02 AGCTAGAGACTAACAGAACTATACAGAAACAATGACTGCTACATTATTAGAGTCATATAAT  
Frame 1 S Y E T N R T I Q E T N D T A T L L E S Y N

8003 clone 2 AGCTAGAGACTAACAGAACTATATGAAAAAATGAACTGCTTCATTATTAGAGCATATTAT  
Frame 1 S Y E T N R T I Y E N N E T A S L L E T Y Y

8003 clone 3 AGCTAGAGACTAACAGAACTATATGAAAAAATGAACTGCTTCATTATTAGAGCATATTAT  
Frame 1 S Y E T N R T I Y E N N E T A S L L E A Y Y

POCONE-BRA01 AGAGAGATAACATAATATATAAAACAATGTGTACAGAGAGTATCATTGTCAAAGAATGAGTGC  
Frame 1 R E I T F I Y K T M C T D S D H C Q K Y E C

POCONE-BRA02 AGNN-----TGTGTACAGAGAGTATCATTGTCAAASACATGAGTGC  
Frame 1 R/S-----X C T D S D H C Q H/D Y E C

8003 clone 2 AGAGAAATAACCTTTATATATAAAACAATGTGTACAGAGAGTATCATTGTCAAATAATGAGTGC  
Frame 1 R E I T F I Y K T M C T D S D H C Q K Y E C

8003 clone 3 AGAGAAATAACCTTTATATATAAAACAATGTGTACAGAGAGTATCATTGTCAAATAATGAGTGC  
Frame 1 R E I T F I Y K T M C T D S D H C Q K Y E C

POCONE-BRA01 AGAAACGTACAACTGACTGGTAATGGGTAAGTGAATATAAGCTACAACACACACTTGACACA  
Frame 1 R N V O L T G N G L K V N I S Y N T T L D T

POCONE-BRA02 GAAAGGTCGATTAATGGGAAT--AGTAGAATAAGTGTGGAGGATAATAATAGCA  
Frame 1 E R V R L N G N F S D R I S V E D N N N S

8003 clone 2 AAATGGTAAAT--ATTGCAAT-----AAGGTAATATAA--TAGAGAACAGTCTGAATGGA  
Frame 1 N M V N -- I D N ----- K V N I -- I E N S S E W

8003 clone 3 AAATGGTAAAT--ATTGCAAT-----AAGGTAATATAA--TAGAGAACAGTCTGAATGGA  
Frame 1 N M V N -- I D N ----- K V N I -- I E N S S E W

POCONE-BRA01 -CCTA--TGGAAATTTCAAATGGTTGGATGTAATCAAACCTGAGAATCAAAGCAATTCTTATTC  
Frame 1 -P Y -W N F K W L V C N Q T E N Q K A | L I

POCONE-BRA02 --CCTA--TGGGATTTCAATGGTTAATGTAATCAAACCTGAGAATAAAAAGACGATTCTTGTT  
Frame 1 -T Y -W D F T W L L C N Q T E N K K T I L V

8003 clone 2 ATCACAGTGGGGTTTTCAGGTGGTTAGATGTAATCAAACCTGAGAATCAAAGCAATTCTTATTC  
Frame 1 N H T W G F R W L E C N Q T E N L K T I L I

8003 clone 3 ATCACAGTGGGGTTTTCAGGTGGTTAGATGTAATCAAACCTGAGAATCAAAGCAATTCTTATTC  
Frame 1 N H T W G F R W L E C N Q T E N L K T I L I

POCONE-BRA01 CAGAAGAAGAAATGTACAGAA---TGATAATAACTTTGGCCCTAGGGGATGTAATAGCACAT  
Frame 1 P E E E M V Q N --- D N N T W S P R G C N S T

POCONE-BRA02 CAGAAGAAGAAATGATACAGTAAATGAAATCGCACTTGGGCCCTAAGGGATGTAATGACACAT  
Frame 1 P E E E M I Q Y N D N R T W A P K G C N D T

8003 clone 2 CAGAAGAAGAAATGATACAGTAAATGAAATCGCACTTGGGCCCTAAGGGATGTAATGACACGT  
Frame 1 P E E E M I Q Y --- D N S T W A P K G C N D T

8003 clone 3 CAGAAGAAGAAATGATACAGTAAATGAAATCGCACTTGGGCCCTAAGGGATGTAATGACACGT  
Frame 1 P E E E M I R Y --- D N S T W A P K G C N D T

POCONE-BRA01 GGGCAAGGGTGAAACATTGT  
Frame 1 W A R V K H C

POCONE-BRA02 GGGCAAAGTAAACATTGT  
Frame 1 W A K V K H C

8003 clone 2 GGGCAAGGGTGAAACATTGT  
Frame 1 W A R V K H C

8003 clone 3 GGGCAAGGGTGAAACATTGT  
Frame 1 W A R V K H C

**Anexo 27** - Clones da amostra 8020 da região gp90 da combinação O.

POCONE-BRA01  
Frame 1  
TATGAGGATGTGGCACACCCACAAATATATAGGATTGATTACTGTTGGTGGGAAATTGGAAGGATCTGGAAAT  
Y E D V A H P Q Y I G L I T V G G K L E G S G M

POCONE-BRA02  
Frame 1  
TATGAAGGTGTGGCACATCCACGTTATATAGGATTAATTACTGTTGGTGGGAAATTAGAAGAATCTGGGAT  
Y E G V A H P R Y I G L I T V G G K L E E S G M

8020 clone 2  
Frame 1  
TATGAAGGTGTGGCACATCCACGTTATATAGGATTAATTACTGTTGGTGGGAAATTAGAAGAATCTGGGAT  
Y E G V A H P R Y I G L I T V G G K L E E S G M

8020 clone 3  
Frame 1  
ATGAAGGTGTGGCACATCCACGTTATATAGGATTAATTACTGTTGGTGGGAAATTAGAAGAATCTGGGAT  
E G V A H P R Y I G L I T V G G K L E E S G M

POCONE-BRA01  
Frame 1  
GACTAGTGCTATAGAATGTTGGGGTAAAGTTTCCTGGTGTAGACC GTTGA TAA TATTTTGTACATGA  
T S A I E C W G K F P G C R P F D N Y F S Y M

POCONE-BRA02  
Frame 1  
GACTAGTGCTATAGAATGTTGGGGTACTTTTCCTGGATGTAGACCATTACTAATCTATTTAGCTACGAGA  
T S A I E C W G T F P G C R P F T N Y F S Y E

8020 clone 2  
Frame 1  
GACTAGTGCTATAGAATGTTGGGGTACTTTTCCTGGATGTAGACCATTACTAATCTATTTAGCTACGAGA  
T S A I E C W G T F P G C R P F T N Y F S Y E

8020 clone 3  
Frame 1  
GACTAGTGCTATAGAATGTTGGGGTACTTTTCCTGGATGTAGACCATTACTAATCTATTTAGCTACAGG  
T S A I E C W G T F P G C R P F T N Y F S Y K

POCONE-BRA01  
Frame 1  
CTAACAGACGGTATACAGTACAAATACACTGTTTCATTATTAGAGTCAATATCATAGAGAGATAACATAT  
T N R R I H V Q N N T V S L L E S Y H R E I T Y

POCONE-BRA02  
Frame 1  
CTAACAGAACTATACAGGAAACAAATGACACTGCTACATTATTAGAGTCCCTATAATAGNN-----  
T N R T I Q E T N D T A T L L E S Y N R / S -----

8020 clone 2  
Frame 1  
CTAACAGAACTATACAGGAAACGAATGACACTGCTACATTCATTAGAGTCCCTATAATAGAGAGATAACTTAT  
T N R T I Q E T N D T A T S L E S Y N R E I T Y

8020 clone 3  
Frame 1  
CTAACAGAACTATACAGGAAACGAATGACACTGCTACATTATTAGAGTCCCTATAATAGAGAGATAACTTAT  
A N R T I Q E T N D T A T L L E S Y N R E I T Y

POCONE-BRA01  
Frame 1  
ATATATAAAACAATGTGTACAGATAGTGATCATTGTCAAGAATATGAGTGTAGAAACGTACAACGTGACTGG  
I Y K T M C T D S D H C Q E Y E C R N V Q L T G

POCONE-BRA02  
Frame 1  
-----TGTGTACAGATAGTGATCATTGTCAA SACTATGAGTGC GAAAGGGTCCGAT TAAATGG  
-----X C T D S D H C Q H/D Y E C E R V R L N G

8020 clone 2  
Frame 1  
ATATATAAAACAATGTGTACAGATAGTGATCATTGTCAAGACTATGAGTGC GAAAGGGTCCCAACTAAATGA  
I Y K T M C S D S D H C Q D Y E C E R V Q L N E

8020 clone 3  
Frame 1  
ATATATAAAACAATGTGTACAGATAGTGATCATTGTCAAGACTATGAGTGC GAAAGGGTCCCAACTAAATGA  
I Y K T M C S D S D H C Q D Y E C E R V Q L N E

POCONE-BRA01  
Frame 1  
TAATGGGTAAAAGTGAATATAAGC-TACAACACAACACCTTGACACACTTATTGGAATTTCAATAGGTTG  
N G L K V N I S - Y N T T L D T P Y W N F K W L

POCONE-BRA02  
Frame 1  
GAAT---TTAGTGATGAATAGGAGGATTAATAATAGTGCAC-TTATTGGGATTTCACATGGTTA  
N ---F S D R I S V E D N N N S T Y W D F T W L

8020 clone 2  
Frame 1  
GAAT---AATAGTGGAACTGTGGAGATAGTGGTAATAGTAGCAC-TTATTGGAATTTACATGGTTA  
N ---N S G T V E I S G N S S T Y W N F T W L

8020 clone 3  
Frame 1  
GAAT---AATAGTGGAACTGTGGAGATAGTGGTAATAGTAGCGC-TTATTGGAATTTACATGGTTA  
N ---N S G T V E I S G N S S A Y W N F T W L

POCONE-BRA01  
Frame 1  
GTATGTAATCAAACCTGAGAATCAAAAAGCAATTCCTATTCCAGAAGAAGAAATGGTACAG---AATGATAA  
V C N Q T E N K K T I L V P E E E M V Q ---N D N

POCONE-BRA02  
Frame 1  
TTATGTAATCAAACCTGAGAATAAAAAGACAATTCTTGTCCAGAAGAAGAAATGATACAGTACAATGACAA  
L C N Q T E N K K T I L V P E E E M I Q Y N D N

8020 clone 2  
Frame 1  
TTATGTAATCAAACCTGAGAATAAAAAGACAATTCTTGTCCAGAAGAAGAAATGATACAGTACAATGACAA  
L C N Q T E N K K T I L V P E E E M I Q Y N D N

8020 clone 3  
Frame 1  
TTATGTAATCAAACCTGAGAATAAAAAGACAATTCTTGTCCAGAAGAAGAAATGATACAGTACAATGACAA  
L C N Q T E N K K T I L V P E E E M I Q Y N D N

POCONE-BRA01  
Frame 1  
TAA TACTTGGTCCCCTAGGGGATGTAATAGCAGATGGGCAAGGGTGA AACATTGTCCAGCGGATCTGTTGT  
N T W S P R G C N S T W A R V K H C P A D L L

POCONE-BRA02  
Frame 1  
TCGCACTTGGGCCCTAAGGGATGTAATGACACATGGGCAAAAAGTAAAACATTGTCCAATGGACTTGTGTG  
R T W A P K G C N D T W A K V K H C P M D L L

8020 clone 2  
Frame 1  
TCGCACTTGGGCCCTAAGGGATGTAATGACACATGGGCAAAAAGTAAAACATTGTCCAATGGACTTGTGTG  
R T W A P K G C N D T W A K V K H C P M D L L

8020 clone 3  
Frame 1  
CCGCACTTGGGCCCTAAGGGATGTAATGACACATGGGCAAAAAGTAAAACATTGTCCAATGGACTTGTGTG  
R T W A P K G C N D T W A K V K H C P M D L L

POCONE-BRA01  
Frame 1  
ATGGGATACATCCTATTAGGCTATGTGTGCAG  
Y G I H P I R L C V Q

POCONE-BRA02  
Frame 1  
ATGGGCTGCATCCTATTAGGCTATGTGTGCAG  
Y G L H P I R L C V Q

8020 clone 2  
Frame 1  
ATGGGCTGCATCCTATTAGGCTATGTGTGCAG  
Y G L H P I R L C V Q

8020 clone 3  
Frame 1  
ATGGGCTGCATCCTATTAGGCTATGTGTGCAG  
Y G L H P I R L C V Q

**Anexo 28** - Clones da amostra 9105 da região gp90 da combinação O.

POCONE-BRA01 Frame 1 TATGAGGATGTGGCACACCCACATATATAGGATTGATTACTGTTGGTGGGAAATTGGAAGGATCTGGATGACTAGTGCTAT  
Y E D V A H P Q Y I G L I T V G G K L E G S G M T S A I

POCONE-BRA02 Frame 1 TATGAAGGTGTGGCACATCCACGTTATATAGGATTAATTACTGTTGGTGGGAAATTAGAAGAATCTGGGATGACTAGTGCTAT  
Y E G V A H P R Y I G L I T V G G K L E E S G M T S A I

9105 clone Frame 1 TATGAAGGTGTGGCACATCCACGTTATATAGGATTAATTACTGTTGGTGGGAAATTAGAAGAATCTGGGATGACTAGTGCTAT  
Y E G V A H P R Y I G L I T V G G K L E E S G M T S A I

9105 clone 2 Frame 1 TATGAAGGTGTGGCACATCCACGTTATATAGGATTAATTACTGTTGGTGGGAAATTAGAAGAATCTGGGATGACTAGTGCTAT  
Y E G V A H P R Y I G L I T V G G K L E E S G M T S A I

9105 clone 3 Frame 1 TATGAAGGTGTGGCACATCCACGTTATATAGGATTAATTACTGTTGGTGGGAAATTAGAAGAATCTGGGATGACTAGTGCTAT  
Y E G V A H P R Y I G L I T V G G K L E E S G M T S A I

POCONE-BRA01 Frame 1 AGAATGTTGGGGTAAAGTTTCTGGTGTAGACCGTTTGATTAATTTTAGTACAGGACTAACAGACGTATACAGTACAA  
E C W G T F P G C R P F T N Y F S Y E T N R T I Q E T

POCONE-BRA02 Frame 1 AGAATGTTGGGGTACTTTTCTGGATGTAGACCATTTACTAATTTTAGCTACGAGACTAACAGAACTATACAGGAAAC  
E C W G T F P G C R P F T N Y F S Y E T N R T I Q E T

9105 clone Frame 1 AGAATGTTGGGGTACTTTTCTGGATGTAGACCATTTACTAATTTTAGCTACGAGACTAACAGAACTATACAGGAAAC  
E C W G T F P G C R P F T N Y F S Y E T N R T I Q E T

9105 clone 2 Frame 1 AGAATGTTGGGGTACTTTTCTGGATGTAGACCATTTACTAATTTTAGCTACGAGACTAACAGAACTATACAGGAAAC  
E C W G T F P G C R P F T N Y F S Y E T N R T I Q E T

9105 clone 3 Frame 1 AGAATGTTGGGGTACTTTTCTGGATGTAGACCATTTACTAATTTTAGCTACGAGACTAACAGAACTATACAGGAAAC  
E C W G T F P G C R P F T N Y F S Y E T N R T I Q E T

POCONE-BRA01 Frame 1 ATAACTGTTTTCATTATTAGAGTATATATAGAGATAAATATATATATAAAACAATGTTCAGATAGTGATCATTGT  
N D T A T L L E S Y N R E I T Y I Y K T M C S D S D H C

POCONE-BRA02 Frame 1 ATGACTGTACATTATTAGAGTCTATAATAGN-----TGTTTCAGATAGTGATCATTGT  
N D T A T L L E S Y N R E I T Y I Y K T M C S D S D H C

9105 clone Frame 1 ATGACTGTACATTATTAGAGTCTATAATAGAGATAAATATATATATAAAACAATGTTCAGATAGTGATCATTGT  
N D T A T L L E S Y N R E I T Y I Y K T M C S D S D H C

9105 clone 2 Frame 1 ATGACTGTACATTATTAGAGTCTATAATAGAGATAAATATATATATAAAACAATGTTCAGATAGTGATCATTGT  
N D T A T L L E S Y N R E I T Y I Y K T M C S D S D H C

9105 clone 3 Frame 1 ATGACTGTACATTATTAGAGTCTATAATAGAGATAAATATATATATAAAACAATGTTCAGATAGTGATCATTGT  
N D T A T L L E S Y N R E I T Y I Y K T M C S D S D H C

POCONE-BRA01 Frame 1 CAAGATATGAGTGAAGCGTCAACTGATGGTAAGGTAAGGAAATAGCACAACACACTGACACAC  
Q E Y E C R N V Q L T G N G L K V N I S Y N T I L D T P

POCONE-BRA02 Frame 1 CAASACTATGAGTGCAGAAAGGGTCCGATAAATGGGAATTTAGTGAAGAAAGGAGGAGGATAAATAATAGCAC  
Q H/D Y E C E R V Q L N E N --N S --G T V E I S G N S S T-

9105 clone Frame 1 CAAGACTATGAGTGCAGAAAGGGTCCAACTAAATGAGAATA--ATAGTG--GAAGTGGAGATTAGTGGTAAATAGTACAC  
Q D Y E C E R V Q L N E N --N S --G T V E I S G N S S T-

9105 clone 2 Frame 1 CAAGACTATGAGTGCAGAAAGGGTCCAACTAAATGAGAATA--ATAGTG--GAAGTGGAGATTAGTGGTAAATAGTACAC  
Q D Y E C E R V Q L N E N --N S --G T V E I S G N S S T-

9105 clone 3 Frame 1 CAAGACTATGAGTGCAGAAAGGGTCCAACTAAATGAGAATA--ATAGTG--GAAGTGGAGATTAGTGGTAAATAGTACAC  
Q D Y E C E R V Q L N E N --N S --G T V E I S G N S S T-

POCONE-BRA01 Frame 1 TTATTGGAATTTCAATAGTTGGTATGTAATCAAACAGAGAATCAAAAGGCAATTCATTCCAGAGAAGAAATGTTACAG  
Y W N F K W L L C N Q T E N K K T I L V P E E E M I Q

POCONE-BRA02 Frame 1 TTATTGGGATTTTCACATGTTTATTATGTAATCAAACAGAGAATCAAAAGGCAATTCATTCCAGAGAAGAAATGATAACAGT  
Y W D F T W L L C N Q T E N K K T I L V P E E E M I Q

9105 clone Frame 1 TTATTGGAATTTTCACATGTTTATTATGTAATCAAACAGAGAATCAAAAGGCAATTCATTCCAGAGAAGAAATGATAACAGT  
Y W N F T W L L C N Q T E N K K T I L V P E E E M I Q

9105 clone 2 Frame 1 TTATTGGAATTTTCACATGTTTATTATGTAATCAAACAGAGAATCAAAAGGCAATTCATTCCAGAGAAGAAATGATAACAGT  
Y W N F T W L L C N Q T E N K K T I L V P E E E M I Q

9105 clone 3 Frame 1 TTATTGGGATTTTCACATGTTTATTATGTAATCAAACAGAGAATCAAAAGGCAATTCATTCCAGAGAAGAAATGATAACAGT  
Y W D F T W L L C N Q T E N K K T I L V P E E E M I Q

POCONE-BRA01 Frame 1 --AATGAATAACTTGGTCCCTAGGGGATGTAATAGCACATGGGCAAGGGTGAACATTGTCCAAGGATCTGTTGTAT  
-- N D N N T W S P R G C N S T W A R V K H C P A D L L Y

POCONE-BRA02 Frame 1 ACAATGACAATCGCACTTGGGCCCTAAGGGATGTAATGACACATGGGCAAAAGTAAACATTGTCCAATGGACTTGTGTAT  
Y N D N R T W A P K G C N D T W A K V K H C P M D L L Y

9105 clone Frame 1 ACAATGACAATCGCACTTGGGCCCTAAGGGATGTAATGACACATGGGCAAAAGTAAACATTGTCCAATGGACTTGTGTAT  
Y N D N R T W A P K G C N D T W A K V K H C P M D L L Y

9105 clone 2 Frame 1 ACAATGACAATCGCACTTGGGCCCTAAGGGATGTAATGACACATGGGCAAAAGTAAACATTGTCCAATGGACTTGTGTAT  
Y N D N R T W A P K G C N D T W A K V K H C P M D L L Y

9105 clone 3 Frame 1 ACAATGACAATCGCACTTGGGCCCTAAGGGATGTAATGACACATGGGCAAAAGTAAACATTGTCCAATGGACTTGTGTAT  
Y N D N R T W A P K G C N D T W A K V K H C P M D L L Y

POCONE-BRA01 Frame 1 GGGATACATCCTATTAGGTATGTGTGCAG  
G H P I R L C V Q

POCONE-BRA02 Frame 1 GGGCTGCATCCTATTAGGTTATGTGTACAG  
G L H P I R L C V Q

9105 clone Frame 1 GGGCTGCATCCTATTAGGTTATGTGTACAG  
G L H P I R L C V Q

9105 clone 2 Frame 1 GGGCTGCATCCTATTAGGTTATGTGTACAG  
G L H P I R L C V Q

9105 clone 3 Frame 1 GGGCTGCATCCTATTAGGTTATGTGTACAG  
G L H P I R L C V Q

**Anexo 29** - Clones da amostra 9214 da região gp90 da combinação O.

POCONE-BRA01 TATGAGGATGTGGCACACCCACATAATAGGATTGATTAAGTGTGGTGGGAAATTGGAAGGATCTGGAAAT  
Frame 1 Y E G D V A H P Q Y I G L I T V G G K L E G S G M

POCONE-BRA02 TATGAAGGTGTGGCACATCCACGTTAATAGGATTAATTAAGTGTGGTGGGAAATTAGAGAAGATCTGGGAT  
Frame 1 Y E G V A H P R Y I G L I T V G G K L E E S G M

9214 clone TATGAAGGTGTGGCACATCCACATTAATAGGATTAATTAAGTGTGGTGGGAAATTAGAGAAGATCTGGGAT  
Frame 1 Y E G V A H P H Y I G L I T V G G K L E G S G M

9214 clone 2 TATGAAGGTGTGGCACATCCACATTAATAGGATTAATTAAGTGTGGTGGGAAATTAGAGAAGATCTGGGAT  
Frame 1 Y E G V A H P H Y I G L I T V G G K L E G S G M

POCONE-BRA01 GACTAGTGCTATAGAATGTTGGGGTAAAGTTTCCTGGTGTAGACC GTTGAATAATATTTTATGTTACTATGA  
Frame 1 T S A I E C W G K F P G C R P F D N Y F S Y M

POCONE-BRA02 GACTAGTGCTATAGAATGTTGGGGTACTTTTCCTGGATGTAGACCATTACTAACTATTTTATGTTACTGAGA  
Frame 1 T S A I E C W G T F P G C R P F T N Y F S Y E

9214 clone AACTAGTGCTATAGAATGTTGGGGTACTTTTCCTGGATGTAGACCATTACTAACTATTTTATGTTACTGAGA  
Frame 1 T S A I E C W G T F P G C R P F T N Y F S Y E

9214 clone 2 AACTAGTGCTATAGAATGTTGGGGTACTTTTCCTGGATGTAGACC GTTACTAACTATTTTATGTTACTATGA  
Frame 1 T S A I E C W G T F P G C R P F T N Y F S Y M

POCONE-BRA01 CTAACAGACCGTATACATGTAACAAATACACTGTTTCATTAATAGAGTCAATATCATAGAGAGATAACATAT  
Frame 1 T N R R I H V Q N N T V S L L E S Y H R E I T Y

POCONE-BRA02 CTAACAGAACTATACAGGAAACAAATGACACTGCTACATTATAGAGTCCATATATAGNN-----  
Frame 1 T N R T I Q E T N D T A T L L E S Y N R/S-----

9214 clone CTAACAGAACTATACAGGAAACGAATGACACTGCTACATTATAGAGTCCATATATAGAGAGATAACCTAT  
Frame 1 T N R T I Q E T N D T A T L L E S Y N R E I T Y

9214 clone 2 CTAACAGAACCATACATGAAATAATGACACTGCTTCATCATAGAGTCCGTTCATAGGAGATAACCTAT  
Frame 1 T N R T I H E N N D T A S L L E S C H R E I T Y

POCONE-BRA01 ATATATAAAACAATGTGTACAGATAGTGATCATTGTCAAGATATGAGTGTAGAAACGTACA---ACTGAC  
Frame 1 I Y K T M C T D S D H C Q E Y E C R N V Q---L T

POCONE-BRA02 -----TGTGTACAGATAGTGATCATTGTCAASACTATGAGTGCAGAAAGGTCG-----ATTAAA  
Frame 1 -----X C T D S D H C Q H/D Y E C E R V R---L N

9214 clone ATATATAAAACAATGTGTTCAGATAGTGATCATTGTCAAGATATGAGTGCAGAAAGGTCGCA---ACTAAG  
Frame 1 I H K T M C S D S D H C Q D Y E C E R V Q---L S

9214 clone 2 ATATATAAAACAATGTGTACAGATAGTGATCATTGTCAAGATATGAGTGTGCGAATATGGTAAATATGGTAAA  
Frame 1 I Y K T M C T D S D H C Q E Y V C D M V N M V N

POCONE-BRA01 TGGTAATGGGTTAAAGTGAATATAGCTAACACACACTTGACACACC-----TTATTGGAAATT  
Frame 1 G G N G L K V N T T L D T P-----Y W N

POCONE-BRA02 TGGGAAT-----TTAGTGAATGAATAGGTGGAGGATTAATAATAGCAC-----TTATTGGGATT  
Frame 1 G N-----F S D R I S V E D N N S T-----Y W D

9214 clone TGAAGAT-----AATAGTGGAACTGTGGAGATTAGTGGTAAATAGTGCAC-----TTATTGGAAATT  
Frame 1 E N-----N S G T V E I S G N S S T-----Y W N

9214 clone 2 TATGACTAATATGACTAATAGTAAATGATATATCAGTCGTCATAAACAACACTGGGAGGCCAAATGGGGTT  
Frame 1 M T N M T N S N D I S V V N K T N W E A K W G

POCONE-BRA01 TCAATGGTTGGTATGTAATCAAACCTGAGAATCAAAAGGCAATTCTTATCCAGAAGAAGAATGTTACAG  
Frame 1 F K W L V C N Q T E N R K T I L V P E E E M I Q

POCONE-BRA02 TCACATGGTTATGTAATCAAACCTGAGAATAAAAAGACGATTCTTGTCCAGAAGAAGAATGATACAG  
Frame 1 F T W L L C N Q T E N K K T I L V P E E E M I Q

9214 clone TCACATGGTTATGTAATCAAACCTGAGAATAAAAAGACAATTCTTGTCCAGAAGAAGAATGATACAG  
Frame 1 F T W L L C N Q T E N K K T I L V P E E E M I L

9214 clone 2 TCAAGTGGTTATGTAATCAAACCTGAGAATCGAAAGACAATTGTTATCCAGAAGAAGAATGATACAA  
Frame 1 F K W L V C N Q T E N R K T I V I P E E E M I Q

POCONE-BRA01 AATGATATAA---TACTTGGTCCCTAGGGGATGTAATAGCACATGGGCAAGGGTGAACATTGTCCAGC  
Frame 1 N D N N---T W S P R G C N S T W A R V K H C P A

POCONE-BRA02 TACAATGACAACTCGACTTGGGCCCTAAGGGATGTAATGACACATGGGCAAAAGTAAAACATTGTCCAAT  
Frame 1 Y N D N R T W A P K G C N D T W A K V K H C P M

9214 clone TACAATGGCAC---TACTTGGGCCCTAAGGGATGTAATGACACATGGGCAAAAGTAAAACATTGTCCAAT  
Frame 1 Y N G T---T W A P K G C N D T W A K V K H C P M

9214 clone 2 CAACAAGATAATCGTACTTGGTCCCTAAGGGATGTAATAACACATGGGCAAGGGTGAACATTGTCAAAA  
Frame 1 Q Q D N R T W V P K G C N N T W A R V K H C Q K

POCONE-BRA01 GGAATCTGTTGTATGGGATCATCCTATTAGGCTATGTGTGC  
Frame 1 D L L Y G I H P I R L C V

POCONE-BRA02 GGACTTGTGTATGGGCTGCATCCTATTAGGCTATGTGTAC  
Frame 1 D L L Y G L H P I R L C V

9214 clone GGACTTGTGTATGGGCTGCATCCTATTAGGCTATGTGTAC  
Frame 1 D L L Y G L H P I R L C V

9214 clone 2 AGATATATTATATGGAAATCATCCTATTAGGCTATGTGTAC  
Frame 1 D I L Y G I H P I R L C V