

[Vebjørn Solhaug/8015]

Miljøtilpasninger hos Rødrandkjuke (*Fomitopsis pinicola*)

Universitetet i Sørøst-Norge

Fakultet for teknologi, naturvitenskap og maritime fag

Institutt for natur, helse og miljø

Postboks 4

3199 Borre

<http://www.usn.no>

© 2024 Vebjørn Solhaug

Denne avhandlingen representerer 60 studiepoeng

Sammendrag

Lokale genetiske variasjoner i Rødrandkjuke (*Fomitopsis pinicola*) ble utforsket ved at 30 kjuker ble samlet inn i Bø og Notodden i Sør-Norge. 17 individer ble funnet over 400 meter over havet, disse ble merket som «høy gruppe», og 13 individer ble funnet under 400 moh, og merket som «lav gruppe». Lab-arbeidet fulgte protokollen om ddRAD (Double digest restriction-site associated DNA) av Vivian-Smith og Sønstebo (2017), hvor 200 ng DNA fra hver prøve ble kuttet med restriksjonsenzymene PstI-HF og Mspl, i tillegg til at det ble ligert på korresponderende A og P1 adapttere for sekvensering med IonTorrent teknologi. Deretter ble DNAet amplifisert med PCR. Rødrandkjukene ble analysert med PCA (Principal Component Analysis) som viser at det er liten eller ingen genetisk variasjon mellom gruppene (høy og lav) basert på høyden over havet. Det ble oppdaget 6498 SNPer (Single nucleotide polymorphism), med en gjennomsnitts F_{ST} -verdi på 0.02 i prøvene, men kun 9 SNPer skiller seg ut som «uteliggere» basert på gjennomsnittet + 3 * standardavviket av F_{ST} -verdi. Kjukene ble også testet ved RDA (Redundancy Analysis) for å se om individene tilpasset seg miljøet de vokser, her ble det valgt ut 5 klimavariabler. RDA viser til 17 SNPer som skiller seg ut med påvirkning av klimaet. Gjennomsnittstemperatur i det kaldeste kvartalet i året og snømengde var variablene med størst påvirkning på de genetiske forskjellene mellom rødrandkjukene, mens klimavariabelen nedbør(regn) viste ingen påvirkning på genetiske forskjeller i dette studiet. De 17 SNPene oppdaget av RDA er alle lokalisert i proteiner, eller i underkategorier av proteiner, som blant annet utfører DNA-transkripsjon og påvirker/styrer stress i arten. Resultatet av dette studiet viser til at rødrandkjukeren tilpasser seg til en viss grad miljøet den vokser, og det er sannsynlig at miljøfaktorer som påvirker livssyklusen og vekstsesongen til individene har størst påvirkning på den genetiske forskjellen mellom individene.

Abstract

Local genetic variation in «Red-belted conk» (*Fomitopsis pinicola*) were studied by collecting 30 individuals from Bø and Notodden in Southern-Norway. 17 individuals were found over 400 meters above sea level, and was marked as «high group», and 13 found under 400 meters above sea level, and was marked as «low group». The lab-work followed the protocol about ddRAD (Double digest restriction-site associated DNA) of Vivian-Smith and Sønstebo (2017), where 200 ng DNA of each sample were cut down with the restriction enzymes PstI-HF and Mspl, additionally there was ligated on corresponding A and P1 adaptors for the sequencing with IonTorrent technology. After that, the DNA was amplified with PCR. The samples were analyzed with PCA (Principal Component Analysis). The PCA shows that there is little to no genetic variation between the groups (high and low) based on their height above sea level. There was a total of 6498 SNPs (Single nucleotide polymorphism) in the samples, with a mean value of 0.02 F_{ST} . There are 9 outliers SNPs based on: the meanvalue + 3* the standard deviation of the F_{ST} -value. The samples was also analyzed with RDA (Redundancy Analysis), to see if the species adapts to the local climate they grow, 5 climate variables were chosen for the analysis. The RDA resulted in 17 SNPs that the environment has a clear impact on. Mean temperature in the coldest quarter and the amount of snow, is the two factors with the strongest impact on the SNPs. Rainfall have no effect on the SNPs in this study. The 17 SNPs from RDA are all located in different kinds of proteins and sub-categories of proteins, that affect and control among other things the DNA transcription and stress. The result of this study shows that *Fomitopsis pinicola* adapts to its local climate, and that its likely that the environmental factors that affect the lifecycle and the growing season of the species, have the biggest impact on the the genetic variation among the individuals.

Innhold

Sammendrag	2
Abstract	3
Forord	6
1 Innledning	7
1.1 Artsbeskrivelse	9
1.2 Problemstilling/forskingsspørsmål:	11
2 Material og metode	12
2.1 Studieområdet	12
2.2 Feltarbeid	13
2.3 Lab-arbeid	13
2.3.1 Klargjørelse av prøver	13
2.3.2 DNA extraction- Soil Kit	13
2.3.3 Metode beskrivelse- ddRAD	13
2.4 Statistisk analyse	14
3 Resultater	16
3.1 Er det en genetisk forskjell på rødrandkjuken basert på hvilken høyde i terrenget de vokser?	16
3.2 Hvor stor genetisk forskjell er det mellom rødrandkjukene?	18
3.3 Hvordan tilpasser rødrandkjuken seg klimaet den vokser?	19
3.4 Hvor i genomet er SNPene lokalisert?	23
4 Diskusjon	24
5 Konklusjon	28

Referanser/litteraturliste	29
-----------------------------------	-----------

6 Vedlegg	33
------------------	-----------

Vedlegg 1: All informasjon om rødrandkjukene	33
--	----

Vedlegg 2: DNA electrophoresis	34
--------------------------------	----

Vedlegg 3: SNPer analysert	35
----------------------------	----

Forord

Jeg synes denne oppgaven har vært en spennende og lærerik prosess, hvor jeg har lært mye.

Det har vært spesielt interessant å få jobbe med ett studie hvor jeg fikk utføre flere ulike arbeidsoppgaver; feltarbeid, lab-arbeid, dataanalyser og til slutt skriveprosessen. Jeg vil takke min veileder Jørn Henrik Sønstebø for god veiledning og hjelp til å planlegge, og gjennomføre alle de ulike arbeidsoppgavene.

Notodden, 15.05.2024

Vebjørn Solhaug

1 Innledning

Alle organismer har habitat der de trives best. Over tid vil seleksjon føre til at individer blir bedre tilpasset habitatene de lever i, noe som fører til at tilpasninger varierer mellom ulike habitatet selv innen samme art. Når klimaet endrer seg må arter og populasjoner tilpasse seg det nye klimaet i området de lever, eller migrere til bedre egnede habitat (Polechová et al., 2009).

De pågående klimaendringene fører til store forandringer i miljøet mange steder, noe som gir mange arter store utfordringer med å tilpasse seg nytt klima. Noen av utfordringene klimaendringene fører med seg påvirker arters ulike sykluser. Denne trenden gjelder for både planter og sopper sin vekstsesong, fugler sine migreringstidspunkter, og er et direkte resultat av høyere temperaturer både om sommeren og om vinteren (Fitter & Fitter, 2002; Hoffmann & Sgrò, 2011; Jonzé et al., 2006; Kauserud et al., 2009). Hvis endringene i temperatur skjer fort i årene som kommer, er det ikke sikkert at artene vil ha nok tid til å tilpasse seg det nye miljøet de vokser i, eller migrere til et bedre egnet habitat (Bennie et al., 2010). Mange insektarter har allerede flyttet seg lengre nord, eller høyere opp i landskapet som følge av dette (Hill et al., 2011). Endringene vil også føre til ett nytt og ekstra press på artene som følge av tørke og varme perioder, som artene ikke er tilpasset. Spesielt truet er arter som allerede lever i veldig varme områder (Hoffmann & Sgrò, 2011). Populasjoner med liten genetisk variasjon vil også være utsatt for å ikke klare å tilpasse seg endringer i klimaet, fordi disse populasjonene har mer begrenset mulighet for tilpasning enn populasjoner med stor genetisk variasjon (Hoffmann & Sgrò, 2011).

I tillegg til klimaendringene foregår det en massiv oppdeling og- tap av habitat, noe som er en stor trussel mot mange arters liv, og det naturmangfoldet vi har i verden i dag (Huxel & Hastings, 2008; Swift & Hannon, 2010). Dette kommer som et resultat av flere menneskelige aktiviteter; utbygning av infrastruktur, nedhugging av store skogsområder, økt landbruk og vannkraftutbygging (Bodo et al., 2021). Naturlige forstyrrelser som skogbrann forekommer også hyppigere som følge av klimaendringer og tørre perioder (Abram et al., 2021). Slike endringer i naturen fører til at mange arter er merket som «truet» på IUCN (International Union for Conservation of Nature) sin rødliste, og noen mener vi nå er inne i den sjette store

masseutryddelsen av arter, men i motsetning til tidligere masseutryddelser er det nå menneskeskapte årsaker som får skylden (Cowie et al., 2022). I Norge er over 2700 arter satt på rødlisten, som betyr at de er merket som «nær truet» eller verre (Artsdatabanken, 2021a). Rødlisten inneholder mest informasjon om store dyregrupper som pattedyr og fugler, og gir dermed ikke et helhetlig bilde av situasjonen, da den mangler data på flere mindre former for liv (Cowie et al., 2022).

Med denne økende trusselen mot naturmangfoldet og de pågående klimaendringene er det viktig å forstå hvordan individer er tilpasset habitatene de lever i, og i hvor stor grad de er avhengig av evolusjon av nye tilpasninger for å overleve fremtiden. Det er viktig å skaffe informasjon om genetisk variasjon og historikken til arters utbredelse geografisk i stor og liten skala (Holderegger et al., 2006; Holderegger & Wagner, 2008; Segelbacher et al., 2010). Denne informasjonen er viktig for å ha best mulig forutsetning for å kunne bevare arter i årene som kommer (Segelbacher et al., 2010).

Genetisk forskning deles opp i to hoveddeler, der den ene ser på nøytral endring i genetisk variasjon over tid, og den andre ikke-nøytral variasjon, som er genetisk variasjon som følge av evolusjon og tilpasninger arter utvikler for å være best mulig rustet for å overleve (Holderegger et al., 2006). Ved å forske på nøytral variasjon vil man få informasjon om genetisk variasjon mellom ulike populasjoner på store geografiske områder, man kan da se på gen-flyt mellom populasjoner, hvordan arten er spredt utover landskapet, og fra hvilket område arten opprinnelig kommer fra (Holderegger et al., 2006). Ikke nøytral variasjon vil vise til lokale tilpasninger og evolusjon i sammenheng med klimaet. Forskning gjort på fisk av Matala et al (2014) viser til en sammenheng mellom lokalt klima, nedbør og temperatur, og en potensielt rask tilpasning individer har til det lokale klimaet (Matala et al., 2014). Informasjon om genetisk variasjon og hvilke spredningsmønstre en art har i naturen/landskapet vil være viktig i en tid der mer og mer naturlig habitat forsvinner, og noen habitater blir isolert og det blir større avstander mellom habitatene. Dette fører til at det blir vaskligere for arter å spre seg og opprettholde en god kondisjon (Holderegger & Wagner, 2008).

For å utforske genetikken til arter eller genetikken innad i populasjoner, kreves informasjon om DNAet til arten. Dette gjøres ved å utføre en PCR (polymerase chain reaction)

(Mackay et al., 2002). I PCR benytter man seg av noen primere som fester seg til ett bestemt sted på DNA-tråden som vil bli kopiert opp mange ganger (Mackay et al., 2002). Videre sekvenseres resultatene av en DNA analyse, for å tolke/beskrive DNA koden, dette kan bli gjort ved flere metoder (Merriman et al., 2012; Robledo et al., 2017; Shendure et al., 2017; Vivian-Smith & Sønstebo, 2017). En vanlig sekvenseringsmetode er Ion Torrent. Her blir det tatt i bruk en sensor/chip som leser en kjemisk prosess. Dette gjøres med et singelt nukleotidkjede og DNA polymerase. Deretter blir H⁺ lagt til som sender ut et signal basert på basene A, T, C og G. Basene gir fra seg ulike signaler som blir registrert av sensoren, dette foregår på en «semiconductor chip» og resulterer i data om DNA-sammensetningen til forsknings objektet (Merriman et al., 2012).

For å undersøke SNPer (single nucleotide polymorphism/ en base variasjon) gjennom hele genomet er ddRAD (double digested Restriction-site Associated DNA) en metode som blir tatt i bruk (Barría et al., 2018; Lavretsky et al., 2019; Vivian-Smith & Sønstebo, 2017), etter utført PCR. Protokollen (Vivian-Smith & Sønstebo, 2017) tar utgangspunkt i protokollen til Peterson fra 2012 (Peterson et al., 2012) med RAD sekvensering. Positive sider ved ddRAD er at det er en rask og enkel metode (Robledo et al., 2017), samtidig som den reduserer DNA, ved å bryte det ned med to restriksjonsenzymer samtidig (Barría et al., 2018). Ved å bruke ddRAD er det mulig å utforske hele genomet samtidig, metoden har også blitt brukt med suksess for å utforske gen flyt mellom populasjoner (Lavretsky et al., 2019).

1.1 Artsbeskrivelse

Rødrandkjuke er en vanlig art både i Europa og i Asia (Bishop, 2020). Rødrandkjukens skiller seg fra andre kjukearter ved en tydelig rød/gul stripe på den ytterste delen, før den blir mørk og grå (Figur 1). I Norge er den å finne over nesten hele landet, med unntak av høyfjellet og vidder. Den er merket som LC (Livskraftig), og er dermed utenfor rødlisten (Artsdatabanken, 2021b). Rødrandkjukens kan vokse på flere trearter som: gran (*Picea abies*), gråor (*Alnus incana*) (Hågvar, 2008), og jeg observerte den selv på bjørk (*Betula pubescens*) i løpet av feltarbeidet. Fruktlegemene til rødrandkjukens er flerårige (Hågvar, 2005), og forskningen til Hågvar (2008) viser til at de kan bli over 15 år gamle, men mange dør også

tidligere (Hågvar, 2008). Årsaker til dette kan være næringsinnholdet i treet den vokser, og antallet av individer av kjuken som vokser på samme tre. Det kan også ta flere år før kjuken dør, men når den først tørker ut, blir den relativt fort nedbrutt av insekter. Arten er beskrevet til å ha en vekstsesong fra mai til november, og den kan vokse opptil 5 cm på en vekstsesong, med en voksehastighet på 1 cm i måneden (Hågvar, 2005). Hvis rødrandkjukene faller av eller blir revet ned fra vokestedet sitt vil den ha egenskapen til å kunne gjenoppta fruktlegemet, og vokse den ut på nytt, dette er beviselig skjedd opptil 15 ganger på samme voksted (Hågvar, 2005).

Forskning på populasjoner av rødrandkjuke på tvers av landegrenser og i mindre lokale populasjoner viser til liten forskjell i nøytrale genetiske områder til arten. Dette viser arbeid av Höberg et al. (1999) til, der tre populasjoner av rødrandkjuke ble sammenlignet, en fra hver av landene; Russland, Sverige og Litauen. Halotypene fra flere individer fra de tre populasjonene ble sammelignet, uten noe stor genetisk variasjon mellom populasjonene. Dette tenkes å være et resultat av jevn kobling mellom populasjonene, mer enn at en populasjon sprer seg over store avstander til neste populasjon (Högberg et al., 1999).

Rødrandkjuke er tradisjonelt blitt brukt helsefremmende i flere asiatiske land, og forskning er blitt gjort på om kjuken kan inneholde kreftstoppende egenskaper, men mer forskning og informasjon kreves om dette før det kan konkluderes om kjuken har denne egenskapen (Bishop, 2020). Rødrandkjuke inneholder antioksidanter, og det er gjort mye forskning på arten i sammenheng om den kan brukes som en antioksidantkilde til mat. Forskning viser til at dette vil være mulig (Limin et al., 2015; Sevindik et al., 2017).



Figur 1. Rødrandkjuker funnet under feltarbeidet i 2023 i Notodden. Den er enkel å kjenne igjen, med en tydelig rød/gul farge ytterkant. Foto: Privat.

1.2 Problemstilling/forskningsspørsmål:

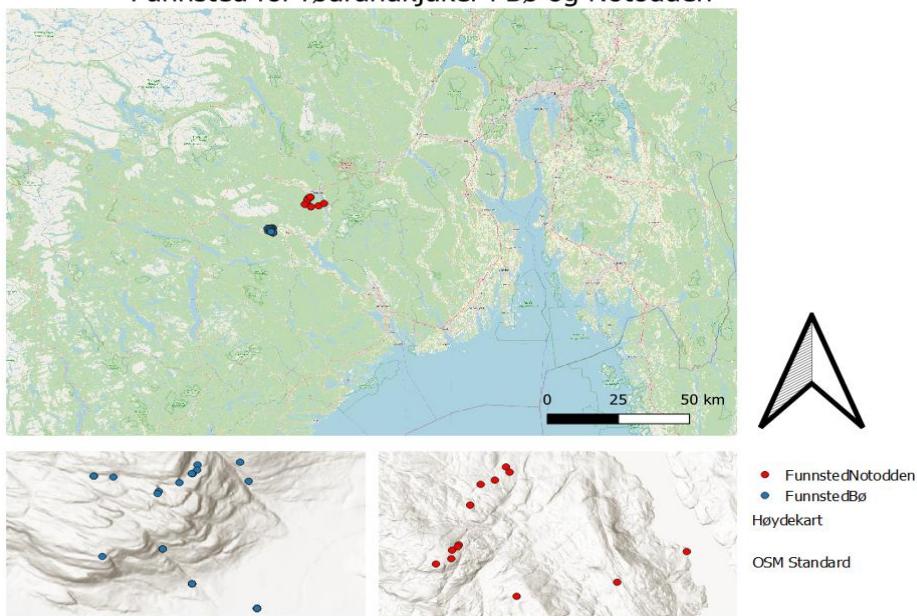
Er det en genetisk forskjell i rødrandkjukene basert på hvilken høyde i terrenget de vokser? Hvordan tilpasser rødrandkjukene seg til hvilket klima og på hvilken høyde over havet de vokser?

2 Material og metode

2.1 Studieområdet

Feltarbeidet som var å samle inn rødrandkjuker ble utført på sommeren og høsten 2023, på Notodden i Telemark, Sør-Norge. Det ble samlet inn 13 kjuker fra forskjellige høyder i terrenget (Vedlegg 1). Studieområdet for feltarbeidet strekker seg fra Heddalsvannet (16 moh) som ligger mellom Vessia og Notodden sentrum til det høyeste punktet Tåråfjelltoppen (826 moh) ($\sim N59.5282, \varnothing 9.2518$) (Figur 2). Det er landbruksaktivitet i de lavtliggende delene av området, mens høyere opp i terrenget er det mye skog, med både gran, furu (*Pinus sylvestris*), noen mindre områder med bjørk, or og osp (*Populus tremula*), i tillegg til større og mindre områder med flatehogst. Det ble også samlet inn 17 rødrandkjuker til analyse i Bø ($\sim N59.4205 \varnothing 8.9731$), i Telemark for å få et større materiale, av min veileder (Jørn Henrik Sønstebø) (Figur 2). Også i Bø er det landbrukslandskap i de lavtliggende områdene, med skog og fjell i de høytliggende delene av området. De ble samlet inn på høyder opptil 700 meter over havet.

Funnsted for rødrandkjuker i Bø og Notodden



Figur 2. Kart over studieområdet der feltarbeidet ble utarbeidet i 2023 på Notodden og i Bø i Telemark, Sør-Norge. Rødrandkjuker fra Notodden er markert med en rød prikk, og kjuker fra Bø med blå prikk. Det ble søkt etter kjuker fra 16 moh til 826 moh.

2.2 Feltarbeid

Feltarbeidet ble som nevnt utført fra juli på sommeren og gjennom høsten i 2023 på Notodden og i Bø (Figur 2). På hvert funn av en rødrandkjuke ble koordinatene av lokaliteten merket ved hjelp av GPS (Garmin GPSmap 60CSx), samt høyden over havet. Feltarbeidet ble gjennomført ved å systematisk søke etter rødrandkjuker på ulike høyder fra 20 til 800 meter over havet, for å få så stor differanse i høyde som mulig i studieområdet. GPS og papirposer til oppbevaring av kjuken var utstyret som ble benyttet. Etter rødrandkjukene ble samlet inn, ble de oppbevart på et tørt sted, uten mye sollys til tørking frem til lab-arbeidet. Papirposene kjukene lå i til tørk var åpne, og ble byttet to ganger, da kjuken frigir vann.

2.3 Lab-arbeid

2.3.1 Klargjørelse av prøver

Lab-arbeidet begynte med å skjære ut små deler fra hver kjuke. Dette ble gjort med skalpell, pinsett og en gassbrenner til å vaske skalpellen mellom hver kjuke. For å få ut mest DNA, ble biter i midten av kjuken benyttet. Den ytterste kanten ble skåret vekk, sammen med de eldste delene av kjuken, som det er større sjanse for at inneholder dødt DNA og også DNA fra andre arter.

2.3.2 DNA extraction- Soil Kit

For isolering av DNA ble «DNeasy PowerSoil Pro Kits» benyttet, på grunn av den strukturelle oppbygningen av rødrandkjukeren.

2.3.3 Metode beskrivelse- ddRAD

For lab-arbeidet benyttet jeg meg av protokollen for ddRAD av Vivian-Smith og Sønstebo (2017). Kort fortalt ble 200 ng DNA fra hver prøve kuttet med restriksjonsenzymene PstI-HF og Mspl og i samme prosess ble det ligert på korresponderende A og P1 adaptere for

sekvensering med IonTorrent teknologi. Adaptere (både A og P1) inneholdt DNA-tager slik at sekvenser fra ulike prøver kunne gjenkjennes etter sekvensering.

Etter kutting og ligering, ble DNA-tråder på ca. 300-400 bp valgt ut ved hjelp av e-gel Size selection II system, og E-Gel Power Snap Electrophoresis System (ThermoFisher) (Vedlegg 2). De utvalgte DNA fragmentene ble amplifisert ved hjelp av PCR (Vivian-Smith & Sønstebo, 2017) og det resulterende biblioteket ble kvantifisert ved hjelp av Ion Library Taqman quantification kit (ThermoFisher). Biblioteket ble videre forberedt til sekvensering og lastet på Ion 530 chip (ThermoFisher) ved hjelp av Ion 510™ & Ion 520™ & Ion 530™ Kit – Chef (ThermoFisher) på Ion Chef (ThermoFisher). Sekvensering ble gjort på en Ion S5 (ThermoFisher) sekvenseringsmaskin.

2.4 Statistisk analyse

De resulterende sekvensene ble lastet ned fra Torrent server som ubam filer, og konvertert til fastqfiler ved hjelp av kommandoen bamtofastq (Lindenbaum, 2015). Deretter ble sekvensene demultiplekset i en fil fra hver prøve ved hjelp av cutadapt (Martin, 2011). ddRAD sekvensene ble mappet til referansegenomet sekvensert av (Kancherla et al., 2017), ved hjelp av Bowtie2 (Langmead & Salzberg, 2012). Varianter ble identifisert i GATK 4.0 pipeline (Van der Auwera & O'Connor, 2020), ved hjelp av haplotype caller. Den resulterende vcf-filen ble filtrert for varianter som ble funnet i mindre enn 2 individer og steder som ble identifisert i mindre en 70% av individene ved hjelp av VCFtools (Danecek et al., 2011).

Dataanalyser ble gjort i RStudio (RStudioCoreTeam, 2023) og lagring av informasjon ble gjort i Microsoft Excel®. For å undersøke om det er noen genetiske forskjeller mellom individer fra stor eller liten høyde over havet delte vi først prøvene inn i to grupper fra 0-400 m og fra 400-NN m over havet og estimerte «Fixation index» (F_{ST}) mellom gruppene. F_{ST} -verdier kan gå mellom 0-1, der 0 viser til ingen genetisk variasjon. Jeg estimerte F_{ST} per genetisk locus. Videre gjennomførte jeg en «Principal component analysis» (PCA) for å se på genetisk forskjell mellom prøvene og de to høydegruppene. For å ikke kun se på enkelt gen forskjeller, men

heller større regioner, ble 10 og 10 SNPer satt sammen til ett «vindu» med 7 SNPer mellom hverandre for å skape en overlapp. Vinduene ble også brukt til å se på nukleotid diversiteten innad i høydegruppene. Dette ble gjort med den ikke-parametriske metoden «LOESS» til å lage en regresjonsmodell av nukleotid diversiteten gjennom hele genomet. Til slutt ble en «Redundacy analysis» (RDA) utført for å se om det var noen miljøfaktorer/klimavariabler som har påvirket den genetiske variasjonen, ved å følge (R.Forester, 2019). Før RDA ble gjennomført ble filen konvertert fra VCF til RAW med VCFtools (Danecek et al., 2011) og PLINK (Purcell et al., 2007). Jeg utforsket også hvor i genomet utvalgte SNPer av betydning var lokalisert, ved å legge de inn på NIH (*National Library of Medicine* 2024), i fasta format, og brukte funksjonen «Blastn» (Zhang et al., 2000) for nukleotider. For å utforske hver SNP, ble det tatt med 1000 basepar på hver side av SNPen for å identifisere nærliggende gen.

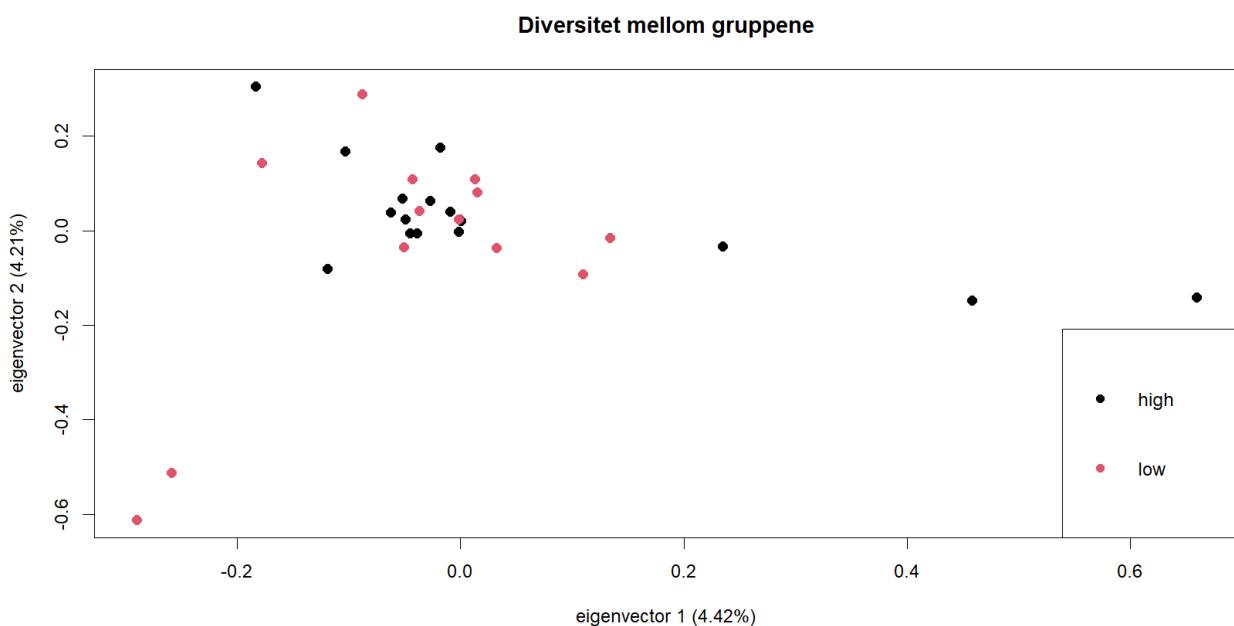
Informasjon om klima brukt i RDA analysene ble hentet fra WorldClim (worldclim.org, 2020), variablene benyttet er: «mean_temp_cold_month» som er gjennomsnitts temperaturen i celsius den kaldeste måneden, «mean_temp_cold_Q» som er gjennomsnitts temperaturen i celsius i det kaldeste kvartalet i året, «prec_season» som viser til koeffisient variasjonen, altså variasjon i nedbør i løpet av en måned, gjennom hele året, og er forholdet mellom standardavviket av totalt nedbør gjennom en måned, og gjennomsnittet av totalt nedbør i løpet av en måned. Data om snø ble hentet fra SeNorge.no (SeNorge, 2024), der snødataene er gjennomsnittlig årlig snø maksimum omregnet til mm vann fra 1991-2020. Disse variablene ble valgt ut for å minimere korrelasjon mellom variabler.

3 Resultater

Det ble tatt prøver av 30 rødrandkjuker fra 15-800 meters høyde. Gjennomsnittlig fikk jeg 14.4 ng/ul, med en variasjonsbredde på 3.4- 92.6 og en median på 10.6 etter DNA isolering. Renheten på prøvene (260/280 ratio) var i gjennomsnitt 1.72 med en variasjonsbredde på 1.34- 1.88 og en median på 1.76 (Vedlegg 1). Det ble totalt funnet 6498 SNPer gjennom analysene.

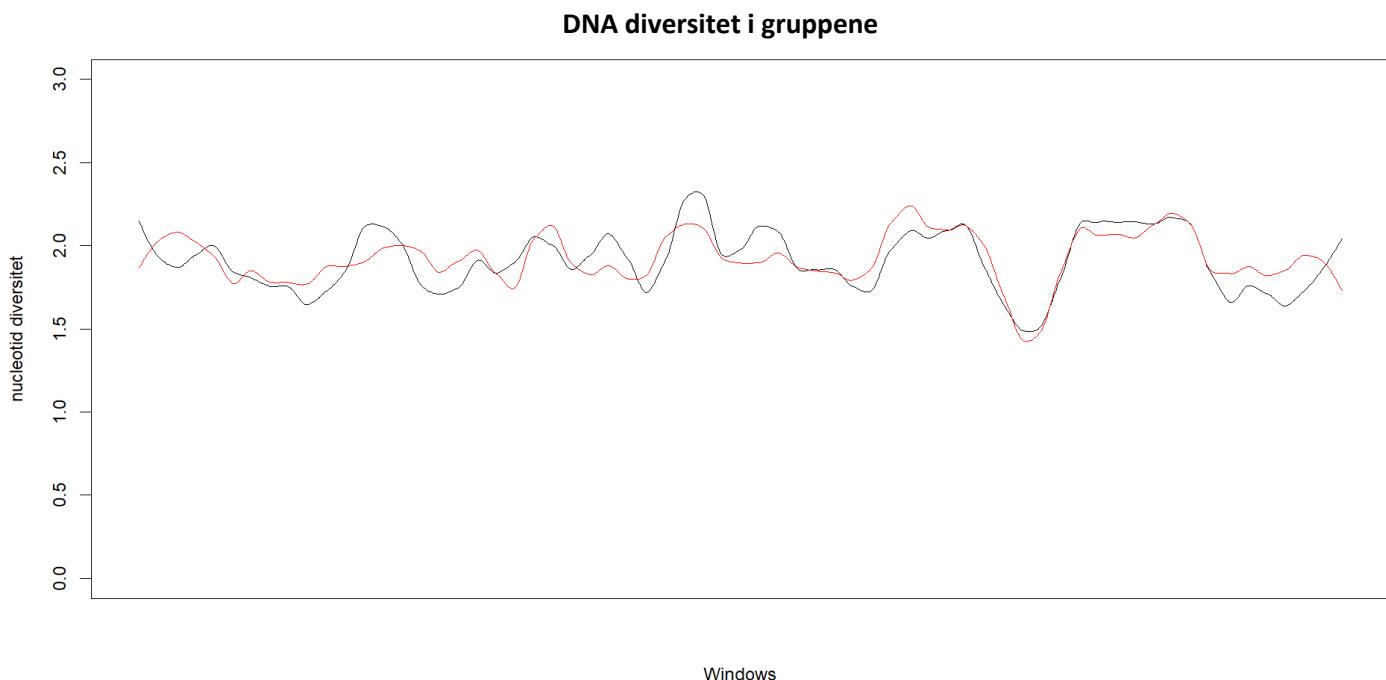
3.1 Er det en genetisk forskjell på rødrandkjukeren basert på hvilken høyde i terrenget de vokser?

Figur 3 viser PCA plot av de analyserte individene av rødrandkjukene delt inn i to grupper. Kjuker funnet over 400 meter over havet er definert som høy gruppe (sort), og de kjukene funnet lavere enn 400 meter over havet er definert som lav gruppe (rød) (Figur 3). 13 kjuker er merket som lav gruppe og 17 som høy gruppe. De to første PCA aksene forklarer henholdsvis 4,42% og 4,21% av variasjonen i dataene, men det er tydelig at det ikke er en struktur basert på om de kommer fra ulik høyde over havet.



Figur 3. Viser PCA mellom rødrandkjukene fra Notodden og Bø i Telemark i Sør-Norge, delt opp i to grupper der rød er lavere 400 meter over havet og sort er høyere enn 400 meter over havet.
Gruppene har ikke noe struktur og liten variasjon mellom seg.

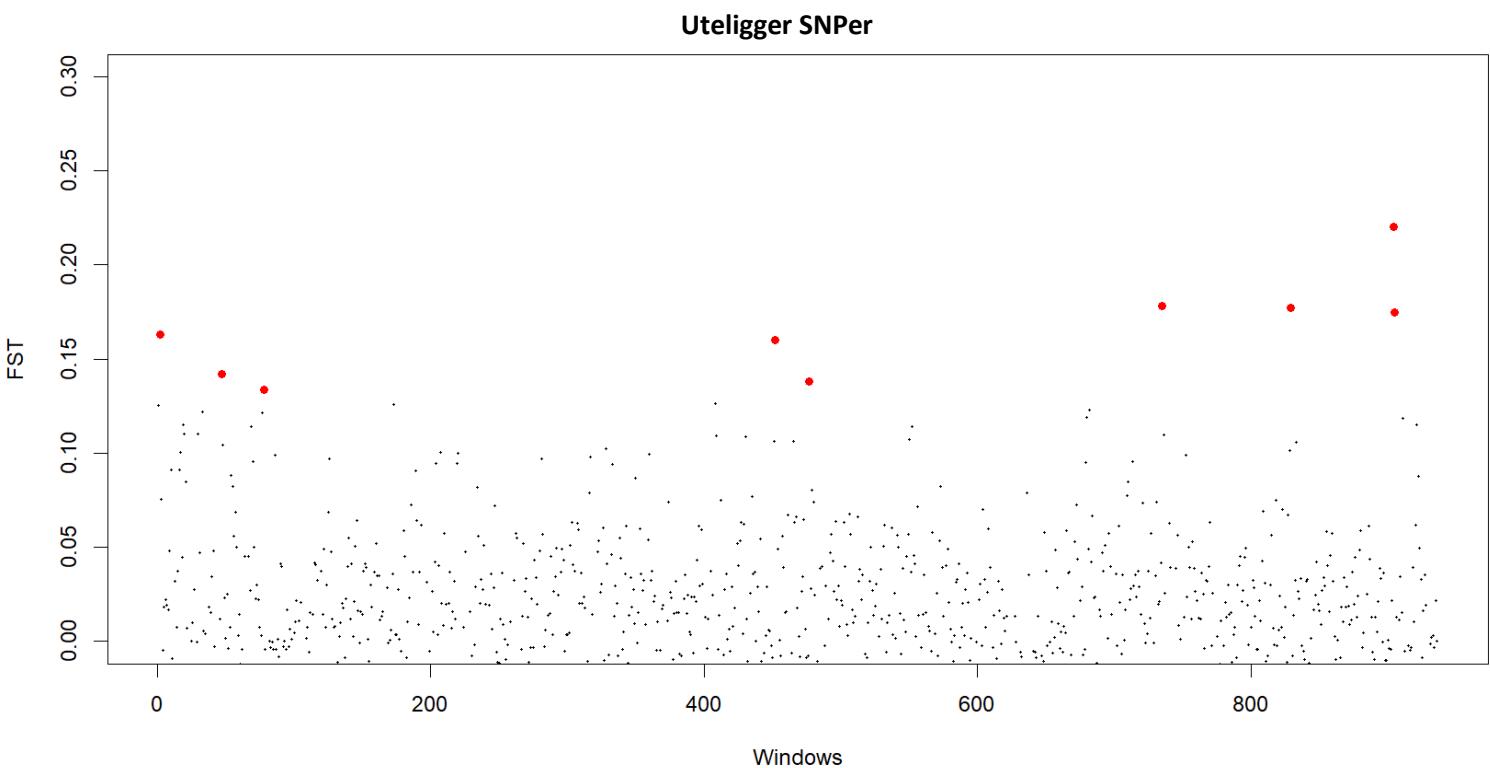
Den genetiske diversiteten innad i de to gruppene basert på høyde, følger samme mønster og er tilnærmet lik gjennom hele genomet (Figur 4). Den lave gruppen (<400 moh) er merket som rød og den høye gruppen (>400 moh) er merket som sort.



Figur 4. Viser DNA strukturen til gruppen høyere enn 400 meter over havet (sort) og gruppen under 400 meter over havet (rød) fra Notodden og Bø i Telemark, Norge. DNA strukturen er her fremstilt med regresjonsmodellen «LOESS». Y-aksen viser DNA forskjell/nukleotid diversitet, mens x-aksen er «vinduene» satt sammen i genomet.

3.2 Hvor stor genetisk forskjell er det mellom rødrandkjukene?

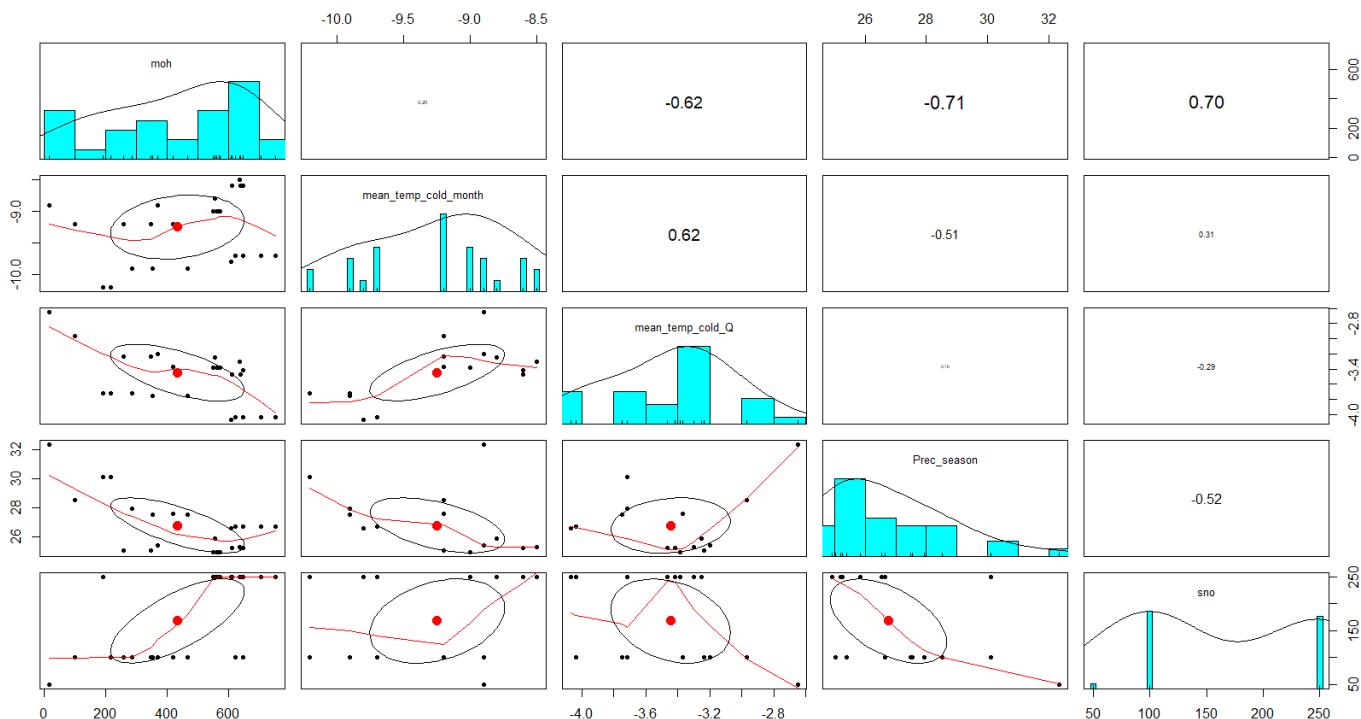
Jeg fant totalt 6498 SNPer ved hjelp av ddRAD analyse. Parvis F_{ST} mellom de to gruppene (høy og lav) viser at de fleste punktene har en F_{ST} rundt 0, noe som betyr at det ikke er noen genetiske forskjeller. Gjennomsnittlig F_{ST} -verdi er 0.02, og standardavviket (sd) er 0.05. Ni «uteligger» SNPer er merket med rødt, som skiller seg ut med en F_{ST} -verdi på basert på: gjennomsnittet + 3*sd (Figur 5). Disse «uteliggerne» er SNPer som potensielt kan ha vært utsatt for seleksjon og derfor resultert i større genetisk forskjeller mellom høy og lav gruppe.



Figur 5. Viser alle SNPene, de SNPene som har en verdi basert på gjennomsnitt + 3*sd er merket som røde. Y-aksen viser F_{ST} som går fra 0-1 der 0 viser ingen genetisk forskjell og 1 viser til stor genetisk forskjell. X-aksen viser genomet, men der 10 og 10 SNPer er satt sammen med 7 imellom, slik at det blir en overlapp mellom vinduene med 10 SNPer. Dette er blitt gjort for at det ikke kun skal være enkelt SNPer, men heller genetiske regioner i genomet som skiller seg ut.

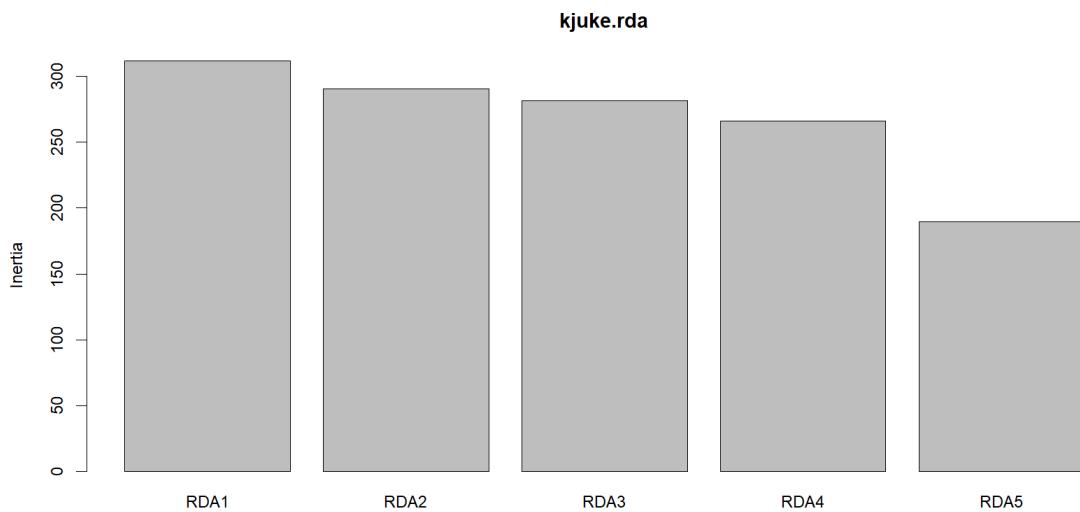
3.3 Hvordan tilpasser rødrandkjukken seg klimaet den vokser?

Figur 6 viser de 5 miljøvariablene som ble benyttet i analysene sin korrelasjon til hverandre. De største positive korrelasjonene er mellom variablene: «mean temp_cold_month» og «mean_temp_cold_Q» med en positiv korrelasjons verdi på 0.62, og «moh» og «sno» med en verdi på 0.70. «Moh» og «Prec_season» er de miljøvariablene med størst negativ korrelasjon med en verdi på -0.71.



Figur 6. Miljøvariablenes korrelasjon seg imellom. Moh er meter over havet på funnstedet av kjukken, «mean_temp_cold_month» er gjennomsnitts temperaturen i den kaldeste måneden, «mean_temp_cold_Q» er gjennomsnitts temperaturen i det kaldeste kvartalet i året, «prec_season» er koeffisient variasjonen, altså variasjon i nedbør i løpet av en måned, gjennom hele året, og er forholdet mellom standardavviket av totalt nedbør gjennom en måned og gjennomsnittet av totalt nedbør i løpet av en måned. Siste miljøvariabel er «sno», som er gjennomsnittlig årlig snø maksimum omregnet til mm vann fra 1991-2020.

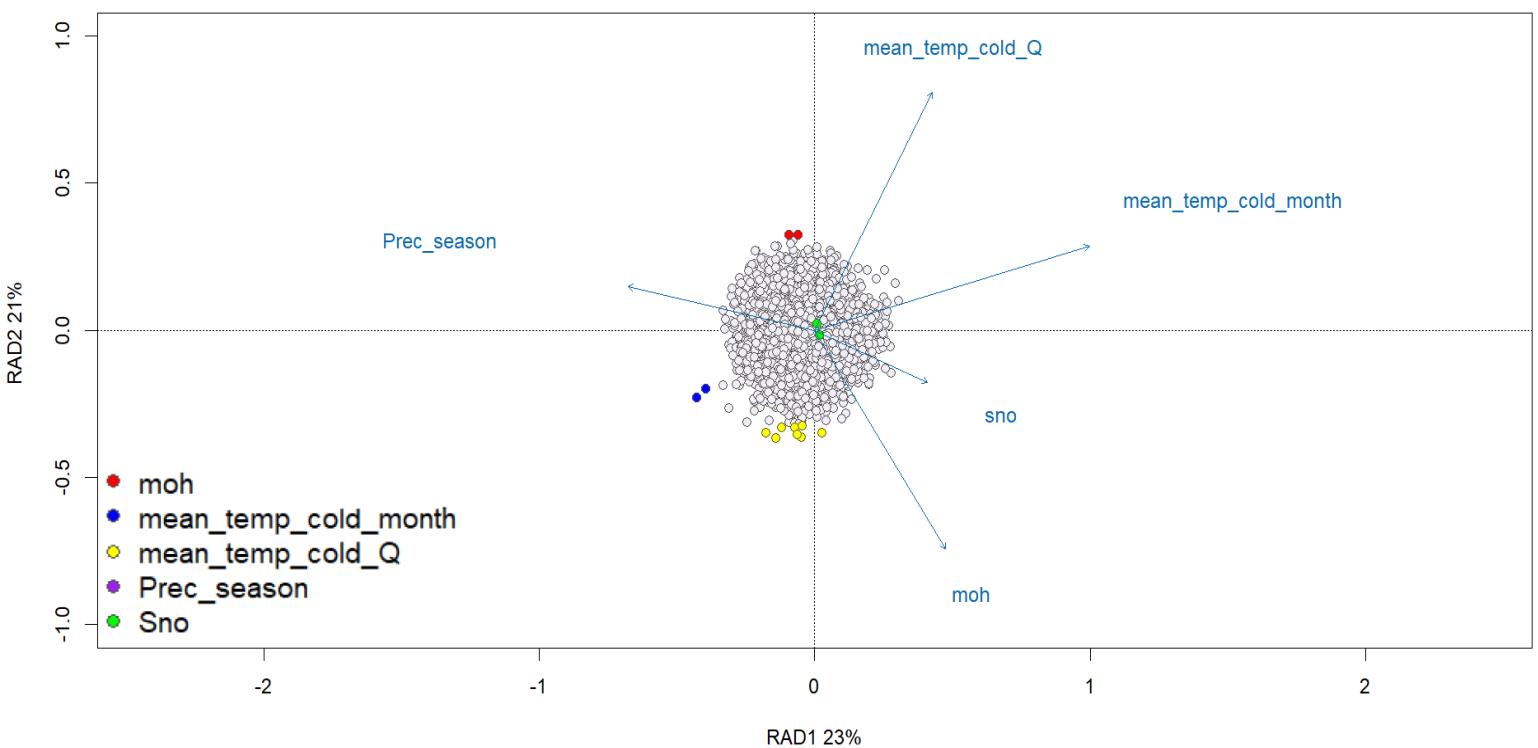
RDA aksene RDA1, RDA2, RDA3 og RDA4, viser mest variasjon og vil derfor være hensiktsmessige og bruke for videre RDA analyse, mens RDA5 viser til mindre variasjon (Figur 7).



Figur 7. Viser RDA aksene, og hvor mye variasjon hver akse viser. Ser her at RDA1, RDA2, RDA3 og RDA4 er de aksene som viser mest variasjon, RDA5 forklarer mindre variasjon.

RDA analyse oppdaget 17 SNPene som viste signifikant avvik fra resten av SNPene og, er da sannsynligvis sterkere knyttet til klimavariablene som RDA analysen ble begrenset til (Figur 8). Av disse 17 SNPene har 10 høyest korrelasjon med gjennomsnittlig temperatur kaldeste kvartal (mean_temp_cold_Q), tre SNPene har høyest korrelasjon til mengden snø (sno), to SNPene til gjennomsnittlig temperatur kaldeste måned (mean_temp_cold_month), og to SNPene til meter over havet (moh). Klimavariablene: «mean_temp_cold_Q», «moh», «mean_temp_cold_month» og «sno» er alle positivt korrelert til hverandre, mens «prec_season» er negativt korrelert. Det er tydelige mønster i SNPene, nemlig at de SNPene som blir påvirket av samme klimavariabel ligger alle grupper. Disse gruppene ligger alle som «uteliggere», og skiller seg ut fra resten av SNPene, ved unntak av de SNPene som blir påvirket av «sno», de ligger sentralt i figuren. RDA1 forklarer 23% og RDA2 21% av variasjonen i dataene. Vektoren for miljøvariablen «sno» er den svakeste, mens de andre vektorene er tilnærmet like hverandre.

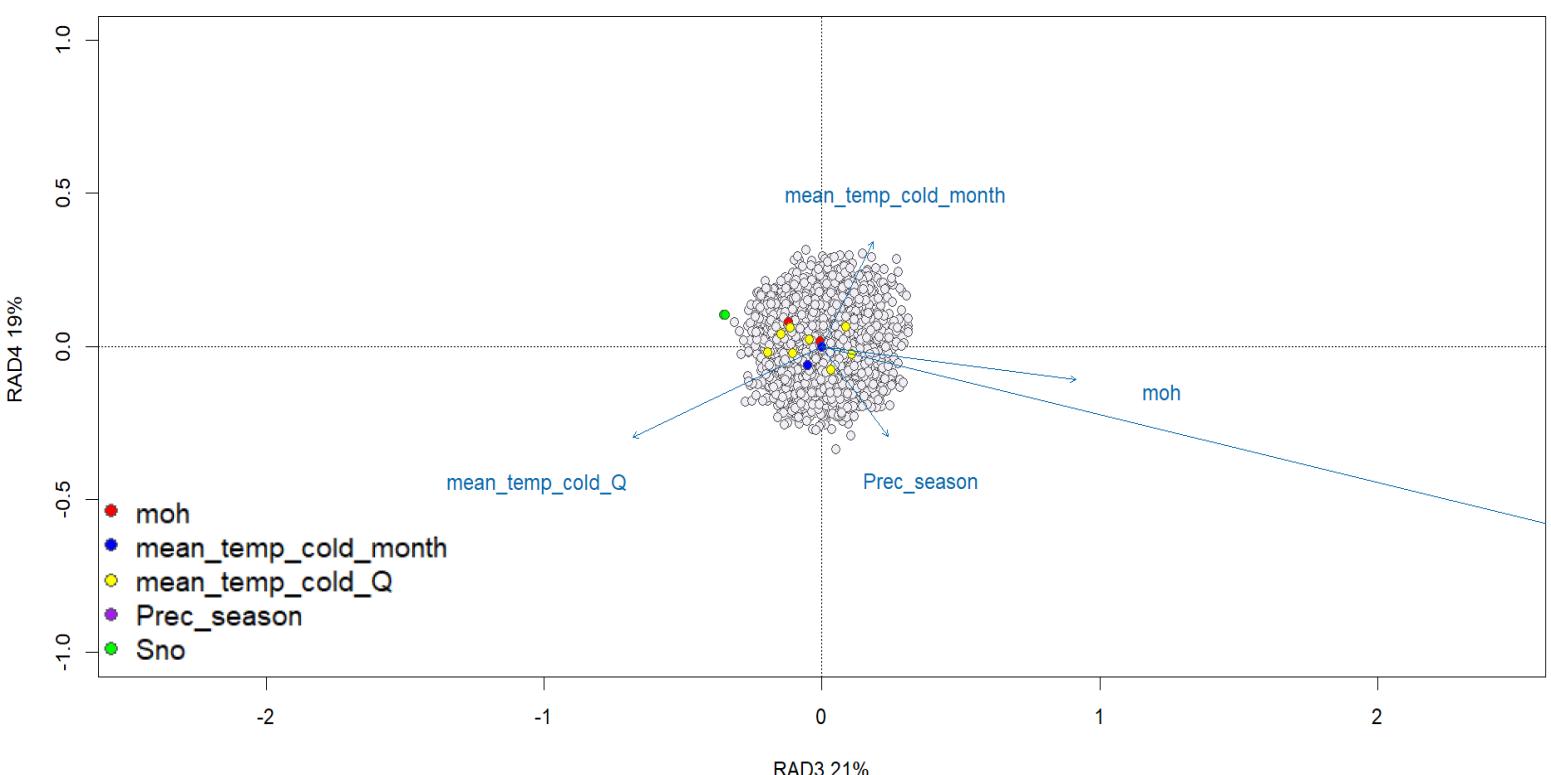
Klimavariablene forhold til SNPene



Figur 8. Klimavariablene forhold til hverandre og deres påvirkning på SNPene fra rødrandkjuker. Her vist med RDA1 (23%) og RDA2(21%). De grå prikkene er SNPene som ikke viser til å bli påvirket av miljøet, og de fargeide SNPene viser til en genetisk forskjell basert på klimavariablene.

Figur 9 viser RDA med aksene RDA3(21%) og RDA4(19%), og viser at SNPene påvirket av klimavariablene, ligger sentralt i figuren. Det er kun SNPene påvirket av «sno» som er gruppert, og som ligger som «uteliggere». De restende SNPene påvirket av klimavariablene er ikke gruppert, men ligger fortsatt relativt tett hverandre, og er sentralt i figuren. SNPene i figur 9 fordeler seg dermed helt motsatt av hvordan de fordelte seg i Figur 8. Vektoren for variablen «sno» er den sterkeste.

Klimavariablene s forhold til SNPene



Figur 9. Forholdet mellom klimavariablene og deres påvirkning på den genetsike forskjellen i rødrandkjukene, SNPer som viser til en variasjon er merket som fargeide prikker, SNPene som er grå viser ikke til påvirkning av klimavariablene. Her vist med aksene RDA3 og RDA4 som viser nesten like mye variasjon som RDA2 (Figur 7).

3.4 Hvor i genomet er SNPene lokalisert?

De 17 SNPene som viser påvirkning fra miljøvariablene var lokalisert på ulike steder i genomet (Tabell 1) (Vedlegg 3). Alle SNPene var lokalisert i ulike typer proteiner, og det ble registrert totalt 7 ulike typer for proteiner. Proteingruppene med flest tilhørende SNPer er «TauD-domain containing protein» og gruppen «endonuclease/exonuclease/phosphate», med 3 SNPer. SNP nummer 5 og 13 ikke fikk resultat. SNP nummer 2-4 og nummer 12 er ikke karakteriserte proteiner.

Tabell 1. Viser en oversikt over hvor i genomet SNPer av rødrandkjuke som har påvist påvirkning av miljøvariabler. Scaffold viser til DNA sekvensen (Vedlegg 3), som ble lagt inn i «Blastn» funksjonen på NIH, og i kolonnen «hvor i genomet» er resultatet på hvor SNPene er lokalisert.

SNP	Scaffold	Hvor i genomet
1	MPVS01000020.1:116361-118361	membrane protein-domain-containing protein
2	MPVS01000086.1:121149-123149	uncharacterized protein
3	MPVS01000010.1:321618-323618	uncharacterized protein
4	MPVS01000010.1:321638-323638	uncharacterized protein
5	MPVS01000017.1:61598-63598	na
6	MPVS01000002.1:108568-110568	translation initiation factor 1-like protein
7	MPVS01000325.1:54337-56337	proteasome subunit
8	MPVS01000054.1:58286-60286	TIM-barrel-protein domain-containing protein
9	MPVS01000006.1:731655-733655	Endonuclease/exonuclease/phosphatase
10	MPVS01000006.1:731683-733683	Endonuclease/exonuclease/phosphatase
11	MPVS01000006.1:731763-733763	Endonuclease/exonuclease/phosphatase
12	MPVS01000073.1:100522-102522	uncharacterized protein
13	MPVS01000075.1:60813-62813	na
14	MPVS01000097.1:35057-37057	HbrB-domain-containing protein
15	MPVS01000105.1:43626-45626	TauD-domain-containing protein
16	MPVS01000105.1:43692-45692	TauD-domain-containing protein
17	MPVS01000105.1:43696-45696	TauD-domain-containing protein

4 Diskusjon

Det ble samlet inn 30 rødrandkjuker til dette studiet. 13 kjuker ble funnet under 400 meter over havet og ble merket som lav gruppe og 17 ble funnet over 400 meter over havet og merket som høy gruppe. Det er liten genetisk forskjell mellom den høye og lave gruppen, og de følger hverandre tett genetisk gjennom hele genomet. F_{ST} -test oppdaget SNPer, med lav gjennomsnitts F_{ST} -verdi, og 9 «uteligger» SNPer som skiller seg ut, basert på F_{ST} -verdien av gjennomsnittet + 3*standardavviket. RDA oppdaget 17 SNPer med sterk påvirkning av klimavariablene. Temperaturvariablene og snø viser størst påvirkning på SNPer, mens nedbør viser ikke til noen påvirkning. SNPene var alle lokalisert i ulike proteingrupper.

Med en gjennomsnitts F_{ST} -verdi på 0.02 viser det til en liten genetisk variasjon mellom gruppen som er over 400 meter over havet og gruppen som er under 400 meter over havet. Dette viser også til en liten forskjell mellom Notodden og Bø, da det er individer fra begge steder i begge grupper. I tidligere forskning på rødrandkjuke, hvor det ble forsøkt på genetisk variasjon mellom populasjoner vises det til samme resultat. Höberg et al. (1995) utforsket det som ble beskrevet som fire populasjoner, der en var fra Finland og 3 fra Sverige, og viser til en F_{ST} -verdi på 0.17 mellom alle de fire populasjonene, og F_{ST} -verdi på 0.13 mellom de tre populasjonene i Sverige. Av den totale genetiske variasjonen registrert i den forskningen, ved AMOVA (Analysis of Molecular Variance), var kun 7,68% av variasjonen mellom den finske og de svenske populasjonene, og kun 0.72% viste til variasjon mellom de tre populasjonene i Sverige. De resterende 91.6% viste til genetisk variasjon innad i samme populasjoner (Högberg et al., 1995). Höberg et al. (1999) utforsket genetisk variasjon mellom tre populasjoner, en fra hvert av landende, Sverige, Russland og Litauen, i tillegg til en populasjon fra Sveits som hadde gjennomgått en grunnleggereffekt. F_{ST} -verdien var nær 0 også mellom disse populasjonene, selv med store geografiske avstader mellom populasjonene. Dette kan komme som et resultat av en tett tilknytning mellom populasjoner med genflyt, og dermed at sporer spres mellom populasjoner, eller at kjukene er del av en stor populasjon med genflyt mellom flere geografiske områder. Det tyder også på at rødrandkjukene har samme opphav når arten oprinnelig spredte seg i landskapet (Högberg et al., 1999; Högberg et al., 1995).

Resultater som viser til liten gentisk forskjell mellom populasjoner som mine resultater og de resultater som er beskrevet i litteraturen kan vise til Hardy-Weinberg-prinsippet (Högberg et al., 1999). Höberg et al. (1999) fant også at populasjonene var i Hardy-Weinberg likevekt. Dette prisnippet sier at den genetiske variasjonen vil være konstant fra generasjon til generasjon, hvis noen kriterier er til stede i populasjonen; ingen seleksjon, migrering eller mutasjon, i tillegg til ett stort antall individer med tilfeldig formering i populasjonen (Guo & Tompson, 1992).

I de 30 kjukene analysert så er det registrert 6498 enkelt gen variasjoner (SNPer), der 9 av disse skiller seg ut som «uteliggere», med en F_{ST} -verdi høyere enn gjennomsnittet + 3* standardavviket av resten av til SNPene i datasettet. «Uteliggerne» har en F_{ST} -verdi som ligger mellom 0.15 og 0.20, som er høyere enn allerede beskrevede F_{ST} -verdier for rødrandkjuk (Högberg et al., 1999; Höberg et al., 1995). Dette resultatet viser til at det er noen genetiske forskjeller mellom kjukene, innad i samme populasjon. Genetisk variasjon innad i samme rødrandkjukepopulasjoner er også beskrevet tidligere, da 91.6% av all oppdaget genetisk variasjon av rødrandkjuk var innad i samme populasjon i arbeidet av Höberg et al (1995), men det er ikke beskrevet en signifikant genetisk variasjon mellom populasjoner i tidlige forskning (Högberg et al., 1999). Genetisk variasjon på et lokalt nivå tenkes ikke å være et resultat av genetisk flyt, men er på grunn av et stort antall individer rødrandkjuk i samme populasjoner (Högberg et al., 1999). Lokale variasjoner mellom rødrandkjukene kan kanskje tyde på at individene tilpasser seg det lokale klimaet de vokser, og klimaets variasjoner mellom ulike habitater.

Av meter over havet (moh) og de fire andre klimavariablene, er det snø (sno) og gjennomsnittstemperaturen i det kaldeste kvartalet (mean_temp_cold_Q) som har påvirkning på flest SNPer, av de 17 SNPene som skiller seg ut med RDA. Figur 8 viser til grupperinger av SNPer som blir påvirket av samme klimavariabel, som betyr at de er nært tilknyttet hverandre. Figur 9 viser mindre grupperinger, men mange av SNPene som blir påvirket av samme klimavariabel ligger fortsatt tett. Snø og gjennomsnittstemperaturen i det kaldeste kvartalet er to variabler som endrer seg i stor grad med økende meter over havet, da snøen ligger mye lengere i de mer høytliggende områdene av dette lokale området, enn de lavtliggende, hvor det er snø i kun korte perioder i løpet av vinteren. Prec_season viser ikke til noen SNPer, som

betyr at nedbør ikke hadde noen sterk effekt på genetiske forskjeller mellom rødrandkjuker i dette studiet. Dette resultatet samsvarer bra med allerede beskrevet effekter av klima på andre arter, da snø og gjennomsnittstemperaturen i det kaldeste kvartalet er to variabler som kan påvirke vekstsesongen til arter (Kauserud et al., 2009). Siden vekstsesongen til rødrandkjukeren er beskrevet til å være mellom mai til november (Hågvar, 2005), vil dette være en periode hvor mengden snø varierer stort basert på høyden over havet individet vokser, og det er derfor mulig at snø er en av klimavariablene med størst påvirkning på SNPene.

Flere klimavariabler vil ha en påvirkning på livsyklusen og vekstsesongen til mange arter. Temperatur, og spesielt temperaturen om vinteren er beskrevet til å ha en effekt på når soppers vekstsesong begynner om våren (Kauserud et al., 2009), og en signifikant effekt på når blomster blomstrer om våren (Fitter & Fitter, 2002). Den genetiske variasjonen som er mellom rødrandkjukene, kan vise til at individer tilpasser seg lokalklimaet de lever i. Individene av rødrandjuke som vokser høyere opp i landskapet vil være utsatt for større mengder snø og kaldere temperaturer. Samtidig vil også temperaturen i større grad være stabil gjennom vinteren, og individene som lever høyt oppe vil kanskje i mindre grad være utsatt for forstyrrelser i form av perioder med frost og tining.

De 17 SNPene som ble påvirket av miljøet var alle lokalisert i proteiner. Funksjonene til disse proteinene er det forsket lite på i rødrandjuke, men er forsket på i andre arter (Staszczak, 2007). En av SNPene viser til «Proteasome subunit», dette er et proteinkompleks som har flere oppgaver, blant annet å bryte ned andre proteiner i cellen (Keiji, 2009). Det er også blitt beskrevet undergrupper av proteasomer, blant annet «26S- og 30S proteasomes» (Keiji, 2009). 26S proteasome er beskrevet til å styre blant annet transkripsjonsregulering og stressregulering (Staszczak, 2007). Det tenkes også at nedbrytning ved proteasomer spiller en rolle i aktiviteten til ligninet, også i andre nedbrytersopper enn rødrandjuke, og i rosettsopp (*Phlebia radita*) og silkekjuke (*Trametes versicolor*) er dette beskrevet (Staszczak, 2007). Tre av SNPene ble merket som «endonuclease/exonuclease/phosphatase» som er en proteinfamilie som inneholder mange ulike proteiner og enzymer. De utfører flere oppgaver i DNAet, som DNA replikasjon og næringsrenegering (Yang, 2010). Tidligere studier har funnet SNPer med signifikante assosiasjoner til temperatur i gener som koder helikaser som også er involvert i DNA replikasjon (E.Ellison et al., 2011).

Selv om det er en relativt liten genetisk variasjon innad i samme populasjon av rødrandkjuke, med PCA som viser til kun 9 SNPer som skiller seg ut som «uteliggere», og liten forskjell mellom populasjoner over store geografiske avstander (Högberg et al., 1999; Högberg et al., 1995), har det tidligere blitt spekulert om det kan være flere underarter av rødrandkjuke (Haight et al., 2017). Denne teorien deler opp rødrandkjukene inn i fire ulike grupper, basert på ulike stamfedre av arten som viser til hvordan arten spredte seg i geografisk i landskapet. Allikevel er det kun beskrevet en gruppe av arten i Europa (Haight et al., 2017; Högberg et al., 1999) som er *Fomitopsis pinicola*, men i Nord-Amerika vises det til tre ulike grupper: *Fomitopsis ochracea*, og to andre ubeskrevede grupper (Haight et al., 2017).

Med lave F_{ST} -verdier for rødrandkjuke og tegn som viser til at det er en stor populasjon i hele Europa (Haight et al., 2017; Högberg et al., 1999), er det likheter å trekke til andre arter. Rosenkjukken (*Fomitopsis rosea*) er det blitt gjort lignende forskning på, der det er blitt sammenlignet fem populasjoner fra Skandinavia og Finland, med en beskrevet F_{ST} -verdi på 0.013 mellom populasjonene (Kauserud & Schaumacher, 2003). Dette er nærmest min gjennomsnitts F_{ST} -verdi på 0.02, og litt lavere enn tidligere beskrevet F_{ST} -verdi på 0.17 for rødrandkjuke (Högberg et al., 1995). Andre mindre sopper som *Mycosphaerella fijiensis* er blitt beskrevet til å ha en F_{ST} -verdi på 0.32, som viser til større genetisk variasjon, i forskning der populasjoner av arten fra flere kontinenter ble utforsket og sammenlignet (Carlier et al., 1996). Det er også arter som er beskrevet til å ha større variasjon mellom populasjoner, som Reinsdyrene (*Rangifer tarandus platyrhynchus*) på Svalbard, de har blitt beskrevet til å ha en F_{ST} -verdi på 0.5, på mye mindre avstand enn, nevnte sopper (Keller et al., 2024).

Mange arter tilpasser seg genetisk til lokalt klima (DeMarche et al., 2018), nå også med rødrandkjuke som et eksempel. Dette gjør artene bedre rustet til å stå imot klimaendringer, da det viser til evne for tilpasning der den lever i dag, og at arten kan tilpasse seg nye leveområder (Atkins & Travis, 2010). Dette kan sees i mange ulike organismer som, i sopp (Bazzicalupo, 2022), i planter som rødkløver (*Trifolium pratense*), ulike typer gress arter (Joshi et al., 2008), og i større pattedyr som reinsdyr (Keller et al., 2024). Arters lokale genetiske variasjoner kan komme som resultat av flere årsaker som tilpasning til klima (Roy et al., 2015), men også tilfeldige hendelser som flaskehalseffekten (Keller et al., 2024).

5 Konklusjon

Dette studiet inneholder 30 analyserte rødrandkjuker samlet inn fra 16 til 800 meter over havet, på små geografiske avstander for å utforske lokal tilpasning til klimaet og til høyde over havet. Dette var det gjort lite forskning på fra før av, da det tidligere har blitt satt søkelys på å utforske genetiske forskjeller mellom rødrandkjukepopulasjoner fra større geografiske avstander og på tvers av landegrenser. Dette studiet har derfor økt forståelsen for hvordan rødrandkjukeren tilpasser seg lokalt. Rødrandkjukeren viser liten genetisk forskjell innad i grupper basert på hvilken høyde (moh) i terrenget den vokser. Her kan det ses likheter til tidligere gjort forskning på arten, hvor det er blitt sammenlignet populasjoner på store områder (Högberg et al., 1999; Högberg et al., 1995), som viser til liten forskjell mellom populasjonene. Rødrandkjukeren tilpasser seg til en viss grad det lokale miljøet den lever, og det viser seg at det er kald gjennomsnittstemperatur i de kaldeste delene av året og snømengde som har størst påvirkning på genetiske forskjeller mellom individene av arten. Dette er to variabler som kan ha en påvirkning på vekstsesongen til kjukken, og er trolig derfor de har størst påvirkning. SNPene som var påvirket av miljøet var alle lokalisert i ulike proteiner som kontrollerte blant annet DNA-transkripsjon og stress, som kanskje påvirker til hvordan kjukken tilpasser seg ulike miljøer, og deres ulike utfordringer for individet.

Jeg tenker fortsatt at det er rom for mer forskning på rødrandjuke, kanskje i litt større målestokk, enn det jeg har utført her. Det ville vært interessant med et enda større datasett av rødrandkjuker, fra ulike habitater med større forskjeller mellom seg, som for eksempel å sammenligne individer som vokser ved kysten, mot individer som vokser enda høyere i terrenget opp mot tregrensen. I tillegg til å se på effekten av flere variabler, som kanskje kan påvirke livssyklusen til rødrandkjukeren som effekt av sollys, eller forskjeller mellom hvilken treart kjukken vokser på.

Referanser/litteraturliste

- Abram, N. J., Henley, B. J., Gupta, A. S., Lippmann, T. J. R., Clarke, H., Dowdy, A. J., Sharples, J. J., Nolan, R. H., Zhang, T., Wooster, M. J., Wurtzel, J. B., Meissner, K. J., Pitman, A. J., Ukkola, A. M., Murphy, B. P., Tapper, N. J., & Boer, M. M. (2021). Connections of climate change and variability to large and extreme forest fire in southeast Australia. *Communications Earth & Environment* 2(8).
<https://doi.org/https://doi.org/10.1038/s43247-020-00065-8>
- Artsdatabanken. (2021a). Antall arter på rødlista. Norsk rødliste for 2021. Retrieved 23.01 from <https://artsdatabanken.no/rodlisteforarter2021/Resultater/Antallarterparodlista>
- Artsdatabanken. (2021b). Rødrandtjuke *Fomitopsis pinicola* (Sw.:Fr.) P.Karst. Retrieved 24.01 from <https://artsdatabanken.no/taxon/Fomitopsis%20pinicola/56833>
- Atkins, K. E., & Travis, J. M. J. (2010). Local adaptation and the evolution of species' ranges under climate change. *Journal of Theoretical Biology*, 266(3), 449-457.
<https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.jtbi.2010.07.014>
- Barría, A., A., C. K., Yoshida, G. M., Correa, K., Jedlicki, A., Lhorente, J. P., Davidson, W. S., & Yáñez, J. M. (2018). Genomic predictions and genome-wide association study of resistance against *Piscirickettsia salmonis* in coho salmon (*Oncorhynchus kisutch*) using ddRAD sequencing. *G3: Genes, genomes, genetics*, 8(4), 1183-1194.
<https://doi.org/https://doi.org/10.1534/g3.118.200053>
- Bazzicalupo, A. (2022). Local adaptation in fungi. *FEMS Microbiology Reviews*(6).
<https://doi.org/https://doi.org/10.1093/femsre/fuac026>
- Bennie, J., Kubin, E., Wiltshire, A., Huntley, B., & Baxter, R. (2010). Predicting spatial and temporal patterns of bud-burst and spring frost risk in north-west Europe: the implications of local adaption to climate. *Global Change Biology*, 16(5), 1503-1514.
<https://doi.org/https://doi.org/10.1111/j.1365-2486.2009.02095.x>
- Bishop, K. S. (2020). Characterisation of Extracts and Anti-Cancer Activities of *Fomitopsis pinicola*. *Nutrients*, 12(3). <https://doi.org/https://doi.org/10.3390/nu12030609>
- Bodo, T., Gimah, B. G., & Seomoni, K. J. (2021). Deforestation and Habit Loss: Human Causes, Consequences and Possible Solutions. *Journal of Geographical Research*, 4(2), 22-30. <https://doi.org/https://doi.org/10.30564/jgr.v4i2.3059>
- Carlier, J., Lebrun, M. H., Zapater, M. F., Dubois, C., & Mourichon, X. (1996). Genetic structure of the global population of banana black leaf streak fungus, *Mycosphaerella fijiensis*. *Molecular Ecology*, 5(4), 499-510.
<https://doi.org/https://doi.org/10.1046/j.1365-294X.1996.00116.x>
- Cowie, R. H., Bouchet, P., & Fontaine, B. (2022). The Sixth Mass Extinction: fact, fiction or speculation? *BIOLOGICAL REVIEWS*, 97(2), 640-663.
<https://doi.org/https://doi.org/10.1111/brv.12816>
- Danecek, P., Auton, A., Abecasis, G., Albers, C. A., Banks, E., DePristo, M. A., Handsaker, R. E., Lunter, G., Marth, G. T., Sherry, S. T., McVean, G., Durbin, R., & Group, G. P. A. (2011). The variant call and VCFtools. *Bioinformatics*, 27(15), 2156-2158.
<https://doi.org/https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btr330>
- DeMarche, M. L., Doak, D. F., & Morris, W. F. (2018). Incorporating local adaptation into forecasts of species' distribution and abundance under climate change. *Global Change Biology*, 25(3), 775-793. <https://doi.org/https://doi.org/10.1111/gcb.14562>
- E.Ellison, C., Hall, C., Kowbel, D., Welch, J., B.Brem, R., N.L.Glass, & W.Taylor, J. (2011). Population genomics and local adaptation in wild isolates of a model microbial eukaryote. *Proceeding of the National Academy of Sciences*, 108(7), 2831-2836.
<https://doi.org/https://doi.org/10.1073/pnas.1014971108>

- Fitter, A. H., & Fitter, R. S. R. (2002). Rapid Changes in Flowering Time in British Plants. *Science*, 296(5573), 1689-1691.
<https://doi.org/https://doi.org/10.1126/science.1071617>
- Guo, S. W., & Tompson, E. A. (1992). Performing the Exact Test of Hardy-Weinberg Proportion for Multiple Alleles. *Biometrics*, 48(2), 361-372.
<https://doi.org/https://doi.org/10.2307/2532296>
- Haight, J.-E., Laursen, G. A., Glaeser, J. A., & Taylor, L. (2017). Phylogeny of *Fomitopsis pinicola*: a species complex. *Mycologia*, 108(5), 925-938.
<https://doi.org/https://doi.org/10.3852/14-225R1>
- Hill, J. K., Griffiths, H. M., & Thomas, C. D. (2011). Climate Change and Evolutionary Adaptations at Species' Range Margins. *Annual Review of Entomology*, 56, 143-159.
<https://doi.org/https://doi.org/10.1146/annurev-ento-120709-144746>
- Hoffmann, A. A., & Sgrò, C. M. (2011). Climate change and evolutionary adaptation *Nature*, 470, 479-485. <https://doi.org/https://doi.org/10.1038/nature09670>
- Holderegger, R., Kamm, U., & Gugerli, F. (2006). Adaptive vs. neutral genetic diversity: implications for landscape genetics. *Landscape Ecology*, 21, 797-807.
<https://doi.org/https://doi.org/10.1007/s10980-005-5245-9>
- Holderegger, R., & Wagner, H. H. (2008). Landscape Genetics. *BioScience*, 58(3), 199-207.
<https://doi.org/https://doi.org/10.1641/B580306>
- Huxel, G. R., & Hastings, A. (2008). Habitat Loss, Fragmentation and Restoration. *RESTORATION ECOLOGY*, 7(3), 309-315.
<https://doi.org/https://doi.org/10.1046/j.1526-100X.1999.72024.x>
- Högberg, N., Holdenrieder, O., & Stenlind, J. (1999). Population structure of the wood decay fungus *Fomitopsis pinicola*. *Heredity* 83(3), 354-360.
<https://doi.org/https://doi.org/10.1038/sj.hdy.6885970>
- Högberg, N., Stenlind, J., & Karlson, J. O. (1995). Genetic differentiation in *Fomitopsis pinicola* (Schwartz: Fr.) Karst studied by means of arbitrary primed-PCR. *Molecular Ecology*, 4(6), 675-680. <https://doi.org/https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.1995.tb00268.x>
- Hågvar, S. (2005). Rødrandtjuke vokste ut igjen 15 ganger. *Blyttia*, 63.
- Hågvar, S. (2008). Hvor fort vokser knuskkjuke og rødrandkjuk? *NORSK BOTANISK FORENINGSTIDSKRIFT*, 66.
- Jonzé, N., Lindén, A., Ergon, T., Knudsen, E., Vik, J. O., Rubolini, D., Piacentini, D., Brinch, C., Spina, F., & Stenseth, N. C. (2006). Rapid Advance of Spring Arrival Dates in Long-Distance Migratory Birds. *Science*, 312(5782), 1959-1961. <https://doi.org/DOI:10.1126/science.1126119>
- Joshi, J., Schmid, B., Caldeira, M. C., Dimitrakopoulos, P. G., Good, J., Harris, R., Hector, A., Huss-Danell, K., Jumpponen, A., Minns, A., Mulder, C. P. H., Pereira, J. S., Prinz, A., Scherer-Lorenzen, M., Simantziouras, A.-S. D., Terry, A. C., Troumbis, A. Y., & Lawton, J. H. (2008). Local adaptation enhances performance of common plant species. *Ecology Letters*, 4(6), 536-544. <https://doi.org/https://doi.org/10.1046/j.1461-0248.2001.00262.x>
- Kancherla, R. P., Durling, M. B., Stenlind, J., & Högberg, N. (2017). Draft genome of the brown-rot fungus *Fomitopsis pinicola* GR9-4. *Data in Brief*, 15, 496-500.
<https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.dib.2017.09.043>
- Kauserud, H., Heegaard, E., Semenov, M. A., Boddy, L., Halvorsen, R., Stige, L. C., Sparks, T. H., Gange, A. C., & Stenseth, N. C. (2009). Climate change and spring-fruiting fungi *Proceeding of the Royal Society B: Biological Sciences* 277(1685), 1169-1177.
<https://doi.org/https://doi.org/10.1098/rspb.2009.1537>
- Kauserud, H., & Schaumacher, T. (2003). Genetic structure of Fennoscandian populations of the threatened wood-decay fungus *Fomitopsis rosea* (Basidiomycota). *Mycological Research*, 107(2), 155-163. <https://doi.org/doi:10.1017/S0953756203007214>

- Keiji, T. (2009). The proteasome: overview of structure and functions. *Proceeding of the Japan Academy. Series B Physical and biological sciences*, 85(1), 12-36.
<https://doi.org/10.2183/pjab.85.12>
- Keller, F. L., Le Moullec, M., Ellegaard, M. R., Rosvold, J., Peeters, B., Burnett, H. A., Pedersen, Å. Ø., Brealey, J. C., Dussex, N., Bieker, V. C., Hansen, B. B., & Martin, M. D. (2024). A palaeogenomic investigation of overharvest implications in an endemic wild reindeer subspecies. *Molecular Ecology*, 33(5).
<https://doi.org/https://doi.org/10.1111/mec.17274>
- Langmead, B., & Salzberg, S. (2012). Fast-gapped-read alignment with Bowtie 2. *Nature Methods*, 9(4), 357-359. <https://doi.org/https://doi.org/10.1038/nmeth.1923>
- Lavretsky, P., DaCosta, J. M., Sorenson, M. D., McCracken, K. G., & Peters, J. L. (2019). ddRAD-seq data reveal significant genome-wide population structure and divergent genomic regions that distinguish the mallard and close relatives in North America. *Molecular Ecology*, 28(10), 2594-2609.
<https://doi.org/https://doi.org/10.1111/mec.15091>
- Limin, H., Zhicun, S., Jike, L., Ruyu, T., & Shiru, J. (2015). Characterization and antioxidant activities of extracellular and intracellular polysaccharides from *Fomitopsis pinicola*. *Carbohydrate Polymers*, 141, 54-59.
<https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.carbpol.2015.11.048>
- Lindenbaum, P. (2015). JVarkit: java-based utilities for Bioinformatics. *f1000research*.
<https://doi.org/http://dx.doi.org/10.6084/m9.figshare.1425030>
- Mackay, I. M., Arden, K. E., & Nitsche, A. (2002). Real-time PCR in virology. *Nucleic Acids Research*, 30(6), 1292-1305. <https://doi.org/https://doi.org/10.1093/nar/30.6.1292>
- Martin, M. (2011). Cutadapt Removed Adapter Sequences from High-Throughput Sequencing Reads. *EMBnet.journal*, 17(1), 10-12.
<https://doi.org/https://doi.org/10.14806/ej.17.1.200>
- Matala, A. P., Ackerman, M. W., Campell, M. R., & Narum, S. R. (2014). Relative contributions of neutral and non-neutral genetic differentiation to inform conservation of steelhead trout across highly variable landscapes. *Evolutionary Applications*, 7(6), 682-701. <https://doi.org/https://doi.org/10.1111/eva.12174>
- Merriman, B., Ion Torrent R&D Team, & Rothberg, J. M. (2012). Progress in Ion Torrent semiconductor chip based sequencing. *Electrophoresis*, 33(23), 3397-3417.
<https://doi.org/https://doi.org/10.1002/elps.201200424>
- National Library of Medicine (2024).
https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi?PROGRAM=blastn&BLAST_SPEC=GeoBlast&PAGE_TYPE=BlastSearch
- Peterson, B. K., Weber, J. N., Kay, E. H., Fisher, H. S., & Hoekstra, H. E. (2012). Double Digest RADseq: An Inexpensive Method for De Novo SNP Discovery and Genotyping in Model and Non-Model Species. *PLoS one*, 7(5).
<https://doi.org/https://doi.org/10.1371/journal.pone.0037135>
- Polechová, J., Barton, N., Marion, G., Rice, S. H., & Whitlock, M. C. (2009). Species' Range: Adaptation in Space and Time. *The American Naturalist*, 174(5), E186-E204.
<https://doi.org/https://doi.org/10.1086/605958>
- Purcell, S., Neale, B., Todd-Brown, K., Thomas, L., Ferreira, M. A. R., Bender, D., Maller, J., Sklar, P., de Bakker, P. I. W., Daly, M. J., & Sham, P. C. (2007). PLINK: A Tool Set for Whole-Genome Association and Population-Based Linkage Analyses. *American Journal of Human Genetics*, 81(3), 559-575. <https://doi.org/10.1086/519795>
- R.Forester, B. (2019). Detecting multilocus adaptation using Redundancy Analysis (RDA). Retrieved 25.03 from https://popgen.nescent.org/2018-03-27_RDA_GEA.html#session-information
- Robledo, D., Palaiokostas, C., Bargelloni, L., Martínez, P., & Houston, R. (2017). Applications of genotyping by sequencing in aquaculture breeding and genetics

Reviews in Aquaculture, 10(3), 670-682.

<https://doi.org/https://doi.org/10.1111/raq.12193>

- Roy, D. B., Oliver, T. H., Botham, M. S., Beckmann, B., Brereton, T., Dennis, R. L. H., Harrower, C., Phillimore, A. B., & Thomas, J. A. (2015). Similarities in butterfly emergence dates among populations suggest local adaptation to climate. *Global Change Biology*(9), 3313-3322. <https://doi.org/https://doi.org/10.1111/gcb.12920>
- RStudioCoreTeam. (2023). *R: A language and environment for statistical computing*. In R Foundation for Statistical Computing.
- Segelbacher, G., Cushman, S. A., Epperson, B. K., Fortin, M.-J., Francois, O., Hardy, O. J., Holderegger, R., Taberlet, P., Waits, L. P., & Manel, S. (2010). Applications of landscape genetics in conservation biology: concepts and challenges. *Conservation Genetics*, 11, 375-385. <https://doi.org/https://doi.org/10.1007/s10592-009-0044-5>
- SeNorge. (2024). SeNorge.
- Sevindik, M., Akgu, H., Akata, I., Alli, H., & Selamoglu, Z. (2017). Fomitopsis pinicola in healthful dietary approach and their therapeutic potentials. *Acta Alimentaria*, 46(4), 464-469. <https://doi.org/https://doi.org/10.1556/066.2017.46.4.9>
- Shendure, J., Balasubramanian, S., Church, G. M., Gilbert, W., Rogers, J., Schloss, J. A., & Waterson, R. H. (2017). DNA sequencing at 40: past, present and future. *Nature*, 550, 345-353. <https://doi.org/https://doi.org/10.1038/nature24286>
- Staszczak, M. (2007). The 26S proteasome of the lignin-degrading Basidiomycete *Phlebia radiata*. *Enzyme and Microbial Technology*, 40(2), 347-353. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.enzmictec.2006.05.005>
- Swift, T. L., & Hannon, S. J. (2010). Critical thresholds associated with habitat loss: a review of the concepts, evidence, and applications. *BIOLOGICAL REVIEWS*, 85(1), 35-53. <https://doi.org/https://doi.org/10.1111/j.1469-185X.2009.00093.x>
- Van der Auwera, G., & O'Connor, B. (2020). *Genomics in the Cloud: Using Docker, GATK, and WDL in Terra* (1st edition).
- Vivian-Smith, A., & Sønstebo, J. H. (2017). A streamlined ddRAD tag protocol for use with the Ion Torrent sequencer, as a versatile probe for populations, genetics and genomics.
- worldclim.org. (2020). *WorldClim*.
- Yang, W. (2010). Nucleases: diversity of structure, function and mechanism. *Quarterly Reviews of Biophysics*, 44(1), 1-93. <https://doi.org/doi:10.1017/S0033583510000181>
- Zhang, Z., Schwartz, S., Wagner, L., & Miller, W. (2000). A greedy algorithm for aligning DNA sequences. *Journal of Computational Biology: a journal of computational molecular cell biology*, 7(1-2), 203-214. <https://doi.org/doi:10.1089/10665270050081478>

6 Vedlegg

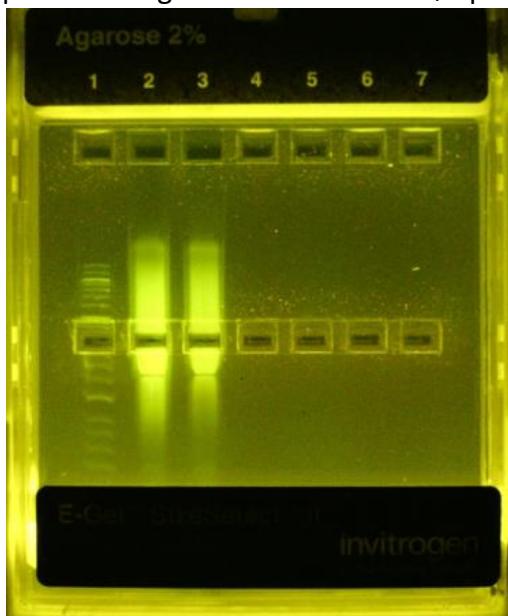
Vedlegg 1: All informasjon om rødrandkjukene

Vedlegg 1. Viser all informasjonen lagret og brukt i analysene av de 30 rødrandkjukene.

Sample	Innsamler	Hvor	Latitude	Longitude	MOH	DNA (ng/ μ)	A260/A2 80	Mean_temp_cold_month °C	Mean_temp_cold_Q°C	Prec_season	Sno
V1	Vebjørn Solhaug	Notodden	59.52264387	9.18094986	623	7.3	1.45	-9.7	-4	26.6	100
V2	Vebjørn Solhaug	Notodden	59.5220969	9.18036369	649	5.9	1.67	-9.7	-4	26.6	100
V3	Vebjørn Solhaug	Notodden	59.52115757	9.17776065	706	6.3	1.52	-9.7	-4	26.6	250
V4	Vebjørn Solhaug	Notodden	59.51876042	9.17739459	754	10.2	1.83	-9.7	-4	26.6	250
V5	Vebjørn Solhaug	Notodden	59.53965485	9.19147418	353	4.5	1.66	-9.9	-3.7	27.4	100
V6	Vebjørn Solhaug	Notodden	59.54083911	9.19823614	286	9.9	1.79	-9.9	-3.7	27.9	100
V7	Vebjørn Solhaug	Notodden	59.5120139	9.2561331	421	12.4	1.87	-9.2	-3.3	27.5	100
V8	Vebjørn Solhaug	Notodden	59.5205681	9.2892747	16	9.3	1.78	-8.9	-2.6	32.3	50
V9	Vebjørn Solhaug	Notodden	59.54306429	9.2052525	216	14.2	1.59	-10.2	-3.7	30.1	100
V10	Vebjørn Solhaug	Notodden	59.53382519	9.18641993	468	10.4	1.88	-9.9	-3.7	27.4	100
V12	Vebjørn Solhaug	Notodden	59.5081372	9.2083792	608	92.6	1.34	-9.8	-4	26.5	250
V13	Vebjørn Solhaug	Notodden	59.54453071	9.20352821	193	14.1	1.78	-10.2	-3.7	30.1	250
J1	Jørn Henrik Sønstebo	Bø	59.419605	8.94231	555	30.6	1.83	-8.8	-3.2	25.83	250
J2	Jørn Henrik Sønstebo	Bø	59.429014	8.944493	648	9.5	1.84	-8.6	-3.4	25.2	250
J3	Jørn Henrik Sønstebo	Bø	59.429136	8.940605	637	3.4	1.7	-8.5	-3.3	25.2	250
J4	Jørn Henrik Sønstebo	Bø	59.429136	8.940605	637	6.4	1.75	-8.5	-3.3	25.2	250
J5	Jørn Henrik Sønstebo	Bø	59.428526	8.971504	259	11.1	1.8	-9.2	-3.2	25.0	100
J6	Jørn Henrik Sønstebo	Bø	59.430798	8.96981	348	5.7	1.66	-9.2	-3.2	25.0	100
J7	Jørn Henrik Sønstebo	Bø	59.430467	8.961288	561	13.9	1.72	-9	-3.3	24.9	250
J8	Jørn Henrik Sønstebo	Bø	59.429869	8.961215	551	12.4	1.75	-9	-3.3	24.9	250
J9	Jørn Henrik Sønstebo	Bø	59.429416	8.960311	572	15.3	1.71	-9	-3.3	24.9	250
J10	Jørn Henrik Sønstebo	Bø	59.429434	8.960149	571	5.5	1.77	-9	-3.3	24.9	250
J11	Jørn Henrik Sønstebo	Bø	59.428362	8.957675	611	23.9	1.81	-8.6	-3.4	25.2	250
J13	Jørn Henrik Sønstebo	Bø	59.427064	8.953317	640	19.4	1.77	-8.6	-3.4	25.2	250
J14	Jørn Henrik Sønstebo	Bø	59.4205	8.954353	371	15.6	1.83	-8.9	-3.2	28.5	100
J15	Jørn Henrik Sønstebo	Bø	59.4205	8.954353	371	7.8	1.72	-8.9	-3.2	28.5	100
J16	Jørn Henrik Sønstebo	Bø	59.41346	8.973191	100	7.7	1.69	-9.2	-3.2	28.5	100
J17	Jørn Henrik Sønstebo	Bø	59.41346	8.973191	100	16.2	1.78	-9.2	-3.2	28.5	100
J18	Jørn Henrik Sønstebo	Bø	59.41346	8.973191	100	9.2	1.51	-9.2	-3.2	28.5	100
J19	Jørn Henrik Sønstebo	Bø	59.41346	8.973191	100	10.9	1.75	-9.2	-3.2	28.5	100

Vedlegg 2: DNA electrophoresis

Vedlegg 2. DNA-tråder på ca. 300-400 bp ble valgt ut ved hjelp av e-gel Size selection II system, og E-Gel Power Snap Electrophoresis System (ThermoFisher). Bilde til høyere er tidlig i prosessen og det til venstre rett før prosessen er ferdig.



Vedlegg 3: SNPer analysert

Vedlegg 3: DNA-koden tilhørende SNPene av rødrandkjuke påvirket av miljøfaktorene i RDA, analysert ved «Blastn» funksjonen på NIH (*National Library of Medicine 2024*).

>MPVS01000020.1:116361-118361

```
TAGAAGACGCATGCCATTGGCGGAGGACAGATGCGCAATGGTGTGGATATGAGAACATTGACCCG  
TGAACGACCAATTGCCAATAATTGTTGAAACGTCGAAGAGCCTGAGTATGCCACAAGGCAGTT  
GAGAACTAGACTGGGCCGCGCTGATCATGAAGACGCACCATATTGCCAGGGACGTCTGGACTCTC  
TCGATGTCTTGTAATGAGGGAGGCGATGACCAGCACGCCATGAGACCCCTGGTGACCTGCCA  
TTCAATGAGTCGGAGGAAGCTACCACGGTGCCTGAGTGCCTGCCTACAGGGCGGTTGGCAA  
GCAGCCGGCAGCCTGACTGGTCTACATCGGGTagtcgtcagaagaagccgtCTTGTGTCGCCATTGCG  
ACGAGAGAGGAGAGATAATGGCAGGGAGAGGCTGGGAGAGGCTGGGAGAGTGGCtgaggcccg  
cgagccgggtggatCGCAGAGAGTCCCAGAAATGGAAGGCCGCCACCGTTGCGTCTACGTCA  
CCGCCAAGCACTGCCGCCCTCTCGATCCGCCCGCGAAGCCACCGCTagccaccgacgccgacgcct  
tCTTGATGCCATCTCGCTGGCTACTGATCATCACTGTTGGTCACAATGCAGAACCGAGCAATCAG  
TCCTTCCTTATACACAACGTGCTattgcgagcggagcgcgcgcgcgcgcgcgcgcgcgcgcgcgc  
CAAACATGTACAAATTGTCCGCTCGCAAATAATATTCTCTCATAGTGGCATGAAACACGGCCTCCC  
GCTTCAGAAAGGCTCTTAATTCTCAAGGAAATCACAAAACACGCTACTGTATGAGCTTGACCGTA  
ATATGTACATTCACCGCGACTACGCCCTTCTGATGCGTATATCGCTCTGCAATGTCCGTGCCAC  
GACGGCGACTTAGACGCCATCCGCCCTGGGCCACACTGACTTACGCGTCCGAGCCTGTTCAAAG  
GCAGAAAAATCCAATAATGAGTAGCCTGGAGGACACTGTGTTAACACAGAGGAGTCGGATTAAA  
CGAACATCGCTGGGGAGACACAGTGTCTGCATTATATCCAATCAGGCTATCCAAGACGTGACCT  
ATgtacgactcgacacgcgcgcgcgcgcgcgcgcgcgcgcgcgcgcgcgcgcgcgcgcgcgc  
AGTTCGTTCTGCGCTCCCCGCCAGCGTCAAATTGATAGATCGCTGTAAACGTCAGATCCCAGC  
TGCAGCGTAGTTACGGCGATGAGGGTGCCTACGAGTGAGATGTCAGTAAACTGGAATTCTATGC  
AGAGGACGGAGACTGTCACccggggcgagggcggcaggCTAGTCCTGGCGGGTCCAGGCTCCGTC  
GGTGGCCTACAACGTACGCTGTGGCCCGCGGTGAGAGTAGCGTGTAGCGTAATG  
ATCCTACTACACGACATAAAGCTGAAGGAACCGGTGGGACTCCAAGCAGGGAGGCCTGAGTGGGG  
CCTCCCTCTGAGCCAGTAGTCAGTACACATATTACGCGAGCAGAAGATGGGGAAAGGACCCATGC  
TTGCGGGCAGCCAGGGAGACGGGCCAGTCAGGCTAGGCTTCGCCGTGCCCTACAAGCGGGAC  
ACCATAACCGAGTCTGCTTAACGCCAGGTACTTGTAGcagcatcgcttcgtcggtgcGGCGCTGATATAC  
AGCGTGTAGTGAATGTTCTAAGAGTGATAAAGATCCGGGGATATTGCACTTACAGGGGTGAG  
GCCCTCCAAGCGAGCGACCAACTGACGAGGTCTACGCTcgggggtggcggcggag
```

gcgggggcttGGCTCACCGCGACCGCAATCCATGTCCAACGTTGTCATTTCGCTCGCGGGAGAACGC
CACGAACGGAGTCAGCGCATGAACAGAGC

>MPVS01000086.1:121149-123149

CATCTCGGCCAGCACGTATCCAGAGAGGCCCTCGATCGCAGCGGTGACGAAGACCTGCGGAAGA
CATCGCGCGGGTGTAGTGGATTCCACCTCCGAACCAAGGACTGAAACCGAGCACTACGGCAC
CAGGGACAACACTGAACCGATGCCGACCAGACACAGAGGCAGGTACCGCTGCCTCAACTGAATGATAG
TGAGAAATGTGGTACATCATACTTCTGAGATGGTATGCACTTAACCTACGACGAAGGTAGCAAGTC
TTCCCGTGAAttctcgccgtcgagccACCTCAGTCCCCTTTCTGGCTAGTCAGCACTGCGTGCACGGCAC
GACTCGAGTCCTCAGACGGATGCAGGAGGGTGAAGCAAGGTGCGAGTCGCGTTGAGGGGCA
TTGCATGCTTCTGTGCGGAGCTCGTAGAGGCCTACGCCGTAGATGCCGGAGGGACGCGTTGCCT
CGCGTCAAACACGAGACCGATAGGTCCGCTGCTTATCTGAGTAAAGTTATGAATTGAA
CGCCTGGGTCGTTAGGAAGCCACCAAGCGCAGGATTGACCGCGTCCAGATGGAGGATGTT
TACGCCACTTCCACGtactcctcctcgagtGCCACGCTAGGGAGACGCCAGCGCACACTCCTGCGCAT
ATCCAATCACGATTCACTCCACCGTGAACGATATCCTAGACACCCAGGACGACCTCCGAGCA
AAGTCGTTGCGAATGGTCACTCCGGAGCATTCAATTCTAAGGCCTGCGACGCCGTAGGCCTGCA
CGAGGTTATGGATCCTGAAAGGCAGAAAGTAAAGCGAGTCTCCACCGTCAGAGTCTGACGACACA
GAGCGGTATGCAGTAGCATGATGAAAAGCGTAGCAAAGATGATGTACCAACGGTCTTCAGTCAG
TATTGCTGCGTGACCAGGCGTGAACGGTGGTAGTGGTTCTATTAAATAGTAGGGCGCTATGTTGC
ATTCGTGGTGGACGAGTGACGGTGGTGCCTCGTATGGCGCTCCTGCCCGTACGGCGACGA
ACTCCTCCCGCAGCTgcgtccacgacgagctccccatccctccaggatCATGACAGTGCACCCGTCTATTCT
ACAATAAGACAACAGTAATTAAACCTCGCTCAGACCGTGTGAGTGCCATGCCGTCTGCCCGGGCTT
TTGCCTAACCGTGTCCAATCTGCAGGTCACTGCATGGCCAGCTCAATGTCGCCCCGACGTGGAC
GAGACCGCTTCCAGGTCTCGCTCGCTCCCGCCATGATCATCTCTCAGAGATGGCGACAAGAC
CTTCCTCATtgccgccatcctcgccatgcGCCACCCAcggctcgcttcgcggcgctcgctcgatgTCC
TTCCCTCTGCCGAGCTGGAAATCTCCCGACGCTCCTACCGCGGAGATGGACTCAGTTCTCCGC
GGCAattcttctcggttcgGCGCGAAGATGCTGCAGGAGGCACGATGCCAGaacaagatggag
gaggagatgaaggaggcgaggaagacaTCGAGGGCGATGAGGCGCGTGCAGACGGAACCAGCTGATGG
TGGTGAaggcgccgtggaggCAATCccgctggaggaggctcgaggaggcggtcgGCCGGAGGCGACGTCCGGA
CGTTGAGCGTAAGCTGAACGGGAGTACACggcgccgaaggcgaaagtccGCTGCGAAAGAGTACGCCGA
TGCATGCCAATTCTGCAGCTTCTTGGGCGTGTGTCAGTCATTGCTTGCAGCTGCCATGTGAGTCCGAT
CGCGAGTGGGAGATGGAGCCAGATCTACTATTGCTTGCAGCTGCCATGTGAGTCCGAT
ACATTCACTGCGACGAATCTCACTCATGAACACTTCAAGAATGTTACCTCGTAACGTTGGTAC
C

>MPVS01000010.1:321618-323618

CTGATGCGTTCCCGATGTTGTCGATGGCGTACGTTCCAAAGTCTCAGTTGCCTCCGGCTTGC
TCATTGTTGATCAGATACGAGAGCTTACAAGATAGGATCAAGGATGCCTCGCCAACCTCGCCAAC
CCGGCCATTCTGAGCGCGGTATCGAACCTATTAGCTGAGTGGCGTACATGCCGAGAGGAACGGG
ACCGCACCTGGatcagcgctcgctgagctTGAGGATGGTCAAGCCCCATGGGCCTGGCCGAGCCATCTA
CTCGCGCTTGAAGAGCAGGGCATGCAGGGCTTGCACAGCTTCCAGTCCACCTCAAACCAGG
GCCACGCAACGAAGATGATGAATTGGATATGGAGTTGTTATGAAGATCATCGAGTGAAGGGGGT
CTACACTTCGACGTTGATCATGTTAACGTTAGGTTCTCGCGCATCTAACCTAACACATACTATT
CTGTAGAGTTGACACTACACTTGCCTGGTCGCTGGTCGATATGAGTCTGTTAACATGTGGGT
GTACTTAATGGCGTCGATGCACTAGCGCTATGAGGATATCGCTTCAGTCTAGTTACATCACAC
ACTTAGCTTGTCTGTTGCTGGCGTACTGGCTGGACAGATGCTTCCCTGGTATGCTGCCTGAACG
ACCCCTATGCACGTGGAGTGCCTTccgggacgaggaccgcgaAAGTGGCGGAGAGAGCGCGTCTCGGA
GTGCAGCATCGCAGACTCATGACCTCACTTGACCTCACTCACCAGGACACAGCTATATTATATGG
GATTCCCTGAGGCGTCGCTGGACCGATACCGACCTCGGCTTGCTCACACATTACACCAATCGTC
TCAGGCCAGCCTCGGGATATCTCATCTAACTGactgcctcgccgtcgtaTCTCCCGTACCAACTCCGTAC
AGCCGTCTGCAACGAGGGCCGATACTATATAGTCACCTCAAACACGCCGCCAGCGAGACACAAT
GGCTTCCCTGCGCGACCACACTCCGACTCGCCAATGTCTAACAGCCTGCAGCGCATACCCAcA
acatcgacgacctgACGTTAGCGTTGGCGAACCTTCGCGTGGAACCTCCCAGAGCCCCCGACCTGCC
ACCTGCTGCTGTGGAAAGGAGGATTGTGAGACTAGCAAGACGTGGCTAGCATGGAAATCCAAGATG
GAGAGTCGGTTAGTGCTAGCGCAGGTTGCTCCCTACTGGACATATCTCGGAATCACTGTATGA
CCTTCTTCTATCAGAGGTAGGACAGGCACTCTTGAGAGACATGAGGCTTTGTTGTCGCGAGGGAG
GTTCGTATGATACTCTTCGTAACCGCGCCAATGAATGACAGGTAGCCACAGAGCTGGCTTCCCT
GCGCCCTGTTGACTCGACCGAACATTCTGGCGAGGAACACGTTGATGCTCGCGTGCAGAGC
TTGTGAGGCAGGTGCGCGTCAACTACGCCGTCTCAGTCATGACTGAACCTTGTCTTAAAT
GCAGTCCTAGAGAAGGTACGACAGACATGTTCGCGACATACGCTACTATTGATACTGGAGACGTCA
GCGTCTACGCAAGCTTGTGATAGCGAAGTCCGAGACATCCAACAAGGCGGCCTTgcaggagct
gcaggaggcCGTAGCAACGTGGCCGTCTGACTGCGCAGGCTGCACGATGGCCGGTGGAGAAT
CGTTGGCTATTGCACTGCAGGACCGAGATGACATGCAACAGGAGCGGGATAGGCCCTCCACAGG
GCTCGTTGGCTGAATCTGCATCAGCACCTGAAAGAGCAGTGCCTGCGTGGCCGCGTTGTAT
GCCCTACGTTCATGCTTACGTCTTACCCAGCTAAGCTCAAGCACAAGTcgcgcttcgcgaggacctcg
catGCAGCGAAGTCACAGACAAC

>MPVS01000010.1:321638-323638

GTGTCGATGGCGTACGTTCCAAAGTCTCAGTTGCCTCCGGCTGCTCATTGTTGATCAGATACG
AGAGCTTACAAGATAGGATCAAGGATGCCACTCCGCCAACCGGCCATTCTGAGCGCGGT
ATCGAACCTATTAGTGGCGTACATGATGCCAGAGGAACGGGACCGCACCTGGatcagcgctgc
gctgagctTGAGGATGGTCAGCCCCATGGCCTGGCGCAGCCATCTACTCGCGCTGAAGAGCAGG
GCATGCAGGGTCTTGCACAGCTTCCAGTCACCTCAAACCAGGGCACGCAACGAAGATGAT
GAATTGGATATGGAGTTGGTTATGAAGATCATCGAGTGAAGGGGTCTACACTTCGACGTTGAT
CATGTTAACGTAGGTTCTCGCGATCTAACACACATACTATTACTGTAGAGTTGACACTACA
CTTGCTCTGGTCGCTGGTCGATATGAGTCTGTTAACATGTGGGTGACTTAATGGCGTCGATGC
ACTAGCGCTATGTAGGATATCGCTTCAGTCTAGTCATATCACACACTTAGCTGTCTGG
GCGTACTGGCTGGACAGATGCTTCCCTGGTATGCTGCCGAACGACCCCTATGCACGTGGAGTG
CCTTccggacgaggaccgcgaAAGTGGCGAGAGAGCGCGTCTGGAGTGCAGCATCGCGACTCATCG
ACCTCACTTGACCTCACTCACCAGGACACAGCTATATTATATGGGATTCTGAGGGCTGCTG
GACCGATACCGACCTCGGCTTACACATTACACCCATCGTCTCAGGCCAGCCTCGGGATATC
TCATCTAACTGactgcctcgccgtcgtaTCTCCGCGTACCAACTCCGTACAGCGTCTGCAACGAGGGCC
GATACTATATAGTCACCTCAAACACGCCGCCAGCGAGACACAATGGCTCCCTGCGCGACCAC
TCACTCCGACTCGCAATGCTAACAGCCTGCAGCGCATCACCCacaacatcgacgacactgACGTTAGCG
TTGGCGAACCTTCGCGTGGAACCTCCCCAGAGCCCCCGACCTGCCACCTGCTGCTGTGGAAAGG
AGGATTGTGAGACTAGCAAGACGTGGTAGCATGGAATCCAAGATGGAGAGTCGTTAGTGTCA
GCGCAGGTTCGTCTCCCTACTGGACATATCTCGGAATCACTGTATGACCTTCTATCAGAGGTA
GGACAGGCACTCCTGAGAGACATGAGGCTTGTGCGCAGGGAGGTTGTATGATACTCTT
CGTAACCGCGCCAATGAATGACAGGTAGCCACAGAGCTCGGCTCCCTGCGCCCTGTGAGTC
ACCGAAACATTCTGGCGAGGAACACGTTGATGCTCGTTGCAGAGCTGTGAGGCAGGTGCGC
GTCGAACCTACGCCGTCTCAGTCATGACTGAACCTTGTCTAGAATGCAGTCCTAGAGAAGGT
ACGACAGACATGTTCGCGACATACGCATACTATTGATACTGGAGACGTCAGCGTCTACGCAAGCTC
TTGTGCATAGCGAAGTCCTGGAGACATCCAACAAGGCCCTTgcaggagctgcaggaggcccgtAGCAA
CGTGGCCCGTCTGACTGCGCAGGCTGCACGATGCCGGGTGGAGAATGTTGGCTATTGCACT
GCAGGACCGAGATGACATGCAACAGGAGCGGGATAGGCCCTCACAGGGCTGTTGGCTGAATC
TCGCATCAGCACCTGAAAGAGCAGTGCCTGCGTGTGCTGAGTCAGTCACGTTCATGCT
TACGTCTTACCCAGCTAAGCTCAAGCACAAGTcgcgcttcgcgaggacactcgacatGCAGCGAAGTCAC
AGACAACAGATGTCGGATGAGGTCTA

>MPVS01000017.1:61598-63598

GATAGGTCAAGACACCGCCAACATTGTTGGGAGGAGTGCCATTACCCAGATGGCTGGCGACGC
AGACTGCGGACATGAACGCAAGACTAGGGTCAGCGCAGAGACTCTGGCTAGTAGGGCCACTTGA
GTCCATGGCTCGACCGCTCGTATGAACAATCGTGTGTGATGGTCGAGCAATTGAATTG

TCTACTAACAGGTATGAACGAATGACGGTTGTGAAACGATGATGACCCATACTGGCTTGCCGCT
CACCAAGTCTAGACTTGATGCCGCCGGCATCCCGCCTATTCTGCCTAGTCGCTCTCGTGAGCAGT
TCTTGTTCACAAGAAGGCCAACCTTACGAGGGGAAGCGCGCTCCAAAACGAATACAGTAAGTAA
GCCATGTGTCCTACGACGTACCACTCACCAGAGCTCTCGAATAGAGCCCTGGCTACTCCCACGAA
CTAGGAGAAAGTCGCTCAATGGTGGCGCGACGCTGCTCTCCAGGAAAATCTCACGCGATTCCAT
CCTAGACTCCGAGTGTGTCGTCACCACACACCGACCCGGCTTTTCGTACTGGCCCTGACTCA
GCTAGCCCCGCTGTGCAGCCGTGAAATCGCAGGCCCTGCAGGGAGGCCGCTGCCGATGCTCTGGAA
CGTCGAAGAAATCTCAGTGGCGGCTCTGATTAATGATTCTCACCGACGATTGGAGGACAGAGTT
CGCTTCCCGTTTGTCCCGATGTCAGCTGAACCTGATGTGTCGACGTGGGTGTGAAACGCTGTCTG
TGCTCAACGCAGGGCCTGGTAACGCCTGAGCACACGACTACCGCGAGGCTGCACCTGTGAAGCTAA
GACGCACACACGTGAGTCTGCAGTCCGTACTACCGATTGCACTGATATACTCACCGCAATTGATGTCGA
GCTTGACTCAGTCGACTGAAATCGAAAGTGTACAGCAAGTGTGGCAGTCCCCAACAGCACAT
TGCATATCTGTGTGGAATTGCTTGTCAACGTAGTTCACGACAACGAAGGCACATCTGTACCTTATA
ATAAGCGTCGCTAGCGTCGCCTCCATGTCATAGTCGCCTCATGCTAACGCACACTGCCGTTAGTA
TCATGAACGACGCCAGCGCCGGTGTATTGCTGGCTACTGTTACTGTAGTGACAATGCGGACGA
TAAGGTTACAATGTTCCAGACAGACGTACAAAACACTAGTAGAGACATCCCTAACGAAACGATTCCAACC
CAGCGACATGTTCTTCCAGCGTGTATATCCAGCAGAACACCAAGCCGACATCAGCAGCAAGGT
CGTAGGGCTAGAGTCTAGACAGGCATGCTTGATGCTGATCCGGAGTCGTGAGGTGTGCGAAC
GTTGAGGTATGCAAACGTaaacggcggcagcgcatTATGCGCCCCGTGCGGGTGTGTAAGCTGTG
AAGCTGACCGGGTTTGGTGCCTGGGATGGAGCCGGCAGATGTAGCACCTAGCGCACCGGGCG
GTCCAGGCCCTGCGGGCTAACGGCAGGAAAGCATATGTGCTCAAAAGGTGGACATCGATGAG
TAGCCCCGGAGTGTATTGCAGTtgatgcggatgcggatgcggataTATTGAAGTTGGGTGCGGATGAGTG
ATGATGCGGGTAGAGGTGTGGATGGGGTAGACAGAAAGATTGAATGCGGTGCAATGATGGG
TTGATAAAACATGCGGACATGGTGAAGCAGGGAGCAAGAGGTCCAGCATAGGAGCATAGAGTcct
tcgaggacgatgcgcggaGTCGCGTCAAGCGGCCGTCGAACACACATCGTTGAGGCGTTGGTGGACC
TTCAAGATGCGACAccgacgctgctgtctcACTCCTCCTGGCTCTTCGCGTAGAACACCAGGCCA
AACATCCCTGCCTtgccgtcgtcatcatccatGTCTCGTCA

>MPVS01000002.1:108568-110568

TTGCACTTGTCTGGCACGGGACTGCTTACTTCTAAAGCAACGCATAACGACTCGCAGGGAGAATG
TCCACACCAACAGGAGCGACAAAGTCGAGTAGTAAGTACGAGAGAAATATACATGCCTAAACGCGT
CAAAGGTTTTCGACGCAACCTCTGGCATGCAGCTCATATGCTCGTGGGTGCTGGCTGATT
ATATGACGAAGTCGTTGATCTACAGGAGAAGCCAAGTCTGCACTACcggtgcgcggcgagcggcCG
GAGGACAACCAACGTACTCTACTATGAGAAGGCAGCGTGAGTGGATAATGCCGTCGACTGTAGTC
GACACACAACGGGTGACGAGAAACTGTGTACCCACCTGCCGCAAGAGTGCCTCTACCAACACCG

CCTGAGGTGTTGAAGCCGGTGTGACGGTAGCGAAAATGATGCTATTGTACAACAGTGGTGTGTTCG
ATACCTTCTCGATACATTCAACTCGGCCTCCCCATGTGTGATACCCTGGTTCATGTAACCTTCAGCAC
TCTGCCAGACTAAAAAGCAACTGCCACTGACCTCATCCAGCGACATCGAGGCCGATCAGTCCCCT
ccgccttcttcttcactTCCACAACGTTATCGCTGGGATGCCCTCAATGggcccgcgccgtcctcgat
catctcgacatgtcgccgGATACGTCGCCCTGCACCACGATCTCGTCAGTCCCTGAGGTCGACGTCTGCGATG
CGAGGCACCTGTTGCGAACTCTGTGCCAAGAACATTGGCAGTCTTGTAGGTCGACGTCTGCGATG
CGGGAGTGTAGTGAGAATTGCCGAGAGATAGGCGAGGTAGAGCACAATTAGGAAGCGAAGCAA
CGGTGCACGCACCGAAGGCCTCGAGCCATGTACAGCCGTACGAACATTGCGCTTGTCCGCTCTATT
CGCTTGTGGTTATCTCGACGCCCTGAGGGAGCGCATAAAAGCTCAGGTACATGATTGACAACCGATG
GAAGAGATGGAACGTaccatcttcttcttcgcgcgcctccgctTCGCTTGTGCTTGCCTTTCGCGGT
GTCCTCTCTAGCTTCTCTGAGCCTCAAGACTGAGCCTTCAAGTTGCTGTAGTGCCTCTGTG
TTTCGTCAGTGGTGCACAAAGGCAGCCTAGCACGAGCGGATGTACCCCTGGAGTAGTACTTCTCGT
AGAGGTGGGGTGCCTCGCAACCAACTCCTGCATCTCGTTAGATGCGAGCCAAACTCGCAATA
CTCCACAGGGAAAGTCATACTAGGGCAGGAATGCATGAGAAGAGGCATGATGCGACAGCTGCAG
AGTGAGAATATCTTACCTCCGCAGTAGAGTACCTCACGGGCTGTACCTGCGCAGCCATGTTGGTT
CTGTGTCCGCCATGATGTCCTCGCAAAGTGAGGTAATAGAGATTGGCACAGATCGAGCAGTAGCT
GATGTCGCTCGCTGATGGGGCTGGTGAGGACAAGGTCTCTGAGCTAGACGTAGCGGATCGAGTGG
TGCACGGTGGCTGAAGACTGCATTGGGTTGACCGAAGTACCCGAGGCGCGGAGTGAACGCATGA
GCGCTTGTGCACACTCCTAGTGACATCGACGTGTTGGTCCAGTCATTACTCTTACGCAT
GCTTTCACTTTGTCCGATGGGAAAGACACATCCAACGACCGAAGTCACAGAAGTTTACGT
AGCCTGCCGCCGATACATTACCTAGGGTCAGAGTACTGGcacacgcgtcgagggagATATAGAAGG
CATGAGTTGGTGCCTGGGATACTTGGGTTGGCTAGCCGCGTTGCTGAATGCGTTGCAATTG
CCTAGCAGTCTGTTGATGACGAAAGGGGTTCTGGACTGCCTCTACTAGCACCTCAAGGGACTCAT
CGCAACGTGGTGTGCACG

>MPVS01000325.1:54337-56337

AACCCAAACTCGACAGGGAGTATTCTGAGCGCCTGCACAGCGGACCGACGGCGAGCCTGATCTC
ATGTACGCCCCGCGCCGACTggttgagcgcgagcgatccgGAAGAAGGGGGCGAAGGCATCCGAGAGGC
GACGCGGCTGCAATGCCATTACACTGTATCCTATAAGAGTGGCTCATGCACAGGGTGCAGCC
ACCGCGACGCTCGAACGCGCAGCACCGTAATGAATGGTCTCAATAGAACGCGAACCCATTGAC
CTGAATAGTACAGCGTACCTGGCGAAGGCGTGCCTCGCCTAGCAAGCTAACGTCAGTTGACTAGTAC
TCGACCGTATTGCTAGAATCGATCAGCGTGCCTCGCCTAGCAAGCTAACGTCAGTTGACTAGTAC
TGTCCAGCGACGCGTCTGATGATGCATACTACATATATTACGACTCGCTCGAGAGAGTCAGCT
ATGCCGTCTGATCCTGTGCTTATGTCGCTCGTAGGTCGTGAGATCTGCATTGCTGGAAGCATGT
CGGTTAGCACTGGGTAGCACCCTGTTGACCGCTGTTCATGCAATCGGAGCACGGTCCGGTGGGC

CAATGCCGGTTCACCATTGACAGATCTACTGCAGCGGGTGTGAAGGGAGAGCCTACTGTCCGAG
TTCCCCGAGCCTGGCATGCCTGAGGGAGGGCTAGACGAAAGTAGACTAGCACGCAACGCC
GGATCGTCCCCTTTAGCTTGGTCCATGAGCACGGAGCACGTACGCACATCGCAAGGGACGA
CCCCCGCGAGATAAGACACGCTGGCATGTGACAAGCTCGTACAGTCATGCTTGCGTCATG
CACCCCTGCAGGTCTGTGCAGTGCAGTACCAAGCGAAGGGCAGACAGCTGCCACGCATTGGC
AGCTATCCATTGGTACTGTACATTACGCGTGCACCGCGAAGCGCGCCAGGTATCGTATCGGCC
AAGAATATTACTACAGCGACTGAAcggggcgccgaggaggatgcaagagcggcgccgtggaGAGCTGC
TTCAATGTGTGGATGCGTATCGAAGAAAACACGGCGTACGATACTCCTCTCCCTCTAGTCTTC
TTAGATCTCTCGACGACGAACATGCGGCCCCCTCCGCCCTCGCTGTTAGTCTGCAGACCGCC
GATACTTGCAGCTCCTGCGTACTCCGCCCCCGCCAACACAACGTAGATCTGAGGCCATGCC
CCTATTATGTCGGTGCAGACAAAATGAGTATCACACTGGAGAGTCGTAAGTATAACGGACCTCAA
TGTGGCGCTGTGCACTCGTAACCGAGTCGATGACGATTGACAGTACGTCTGGAGAGGGAGAT
GCGTGGGATGGTTGGTCCGGGGCCGGTGTCTGATTCTGAAATAGATCTAATGTGAAGTC
GGCGTGTGTACGACTGTGCACGGTGGTGGTagcagcagcggcgaggggagaACGTACCTGATTGT
GAACGGCTGAACGAGAGACTGAGCGGCACCGCGGCTGACATGCTCACGCTCGTAGGAACCAAC
AGGATCGAAGGAGTAGACGGGCCGTGCCTATAGGAGTGGAGAGTAAGTCAATGCGCGTGGCA
TGCCTGAGAGCCTGTATGCGAGACGTGGAGCAACGcaccgtctcctcgatgccGCCAGGATGTT
ACGTAGTACGGGAAGAACGTTGCGTAGAGCATCGTCTGGATGAGTCGCGCATCGCACGGAG
AGGCATGTCTTGCGTGTGCATGACGGTACCAACTGGTACAGAGCGTCAGACGGCGGTAAACGT
GGCGATGGTGAAGagagacgcacccgactcgagccgtctcaccccttcaAAACATGTTACCGT
GCCATTGACGGCGAGCACTGCGCGTCAGTTCTGA

>MPVS01000054.1:58286-60286

cgaggataCCGGACCAGTACCGCGACTCCGCAAGCTTCTCTAGGGCCGCCACCGCGCCGGTC
GGAAGACGTAGGTGGTGCACGGTAGGCAGAGAGCAGTTCTCGCGCGTACGTACCGCAGGC
GTAACGCCAACATAGTGTATCGCAATGCGTTTCCCCAGGAGACGAGCGAAACATGCCAGT
GAGAGGGTGTGAATTGGTACACGGTAAGTTGGCAGGCCATGCCAACCGCTG
CATTCTCGAGGATGGGCAGAGTATGCGTTCAATCCGGCGATGCTTACACGCTGTGC
acgtcgctcgccgacatACGCGTGTACGTCTCCCCGGCACGGTGCTCACGATGAGCT
GAGCGGAAGGGCGCTCGCATCACCTCTGCGCAGAGCGATGATCCCCGCT
GCTGCATGAATCTCTTGTGAAGGCTACTGACGGTGAGTACACGCGTCCGG
GAGATGAGCTCCCCCGAGGGAGGCCATCAAATCAGGAGGTGTGGCAAGC
GACATCGGCTTGTGAAGGCTACTGACGGTGAGTACACGCGTCCGG
CAGTGAACACCGTGATCATGGACCAAGTTGCGTACGTATAAGAG
AGTCCAAATGAGAAGGACAGTCGGATTGCGAGGT
CATGGCTTCTGAAGTCAAGATTGCGAGCT

GCATTCGGTGGTGCATCGTCCCGCACTATGTAATGCATGAGAAGTTGACAGAGCCGAGTAGTACTAT
CTCTGGCGCACTCCAACAATTAGATGGCACATGACACAGGGAGCGGTGCCCTAAATCAGCTTT
ATACCTATAACCAACGGAGCGGCATGACGGAAGGCCACTCTGAGTCAATTGACATGACGCTGCTGA
CGTAGATGCTGTAGTAGTGCAAGGTGACCTACAGAAAATTCTGGCGAGCGACAGTATCGCTTCCGAG
CTGAACACTCCACTCTCACCTGACCACCGACATGCCACGTCCCACAAACAGAGAGGAAGCGTTGA
AGCGTCTCCGGGAGACACTTGCATCAAGGAAAATAATTCTAGGTGCCGGCGCAGGTATGTATCAGTA
CCACCACATTTCATACAAGGGCATGAAATGCGGACATAACCCATTACATCAAGGTATCGGGCTTCG
GCAAAGTTCATTGAGAAGGGAGGTGCGGATCTAATGTCCTATAACATAGCGGCCGCTCCGCATGG
CAGGACGTGGTTCGCTCGCCGGCCTCATGCCCTACGGCGACGCAAATGCCATTGCTGAGATGGT
TCGTCCGGTCCAGCCCCTTAATTGACTACTTCGCTGAAAAGCATCGCATGCCAACCTCTAGGCAAAC
GAAGTCCTCCTGTTGCCAGCGCGCCGGGTCTGGCAGGCGTCTGCGGTACCGACCCATTAGAT
CCATGCCCGGGTCCCTCGGCAGCTCGGACATCGGTTCTGCGCGTGCAGAACTCCGACGGT
GGGCCTCATAGATGGGAACCTTCGTCAGAACCTAGAAGAGACTGGAATGAGCTATGCAATGGAAGT
CGAGATGATTGCGAGGCGACCAAGCTCGGACTCCTGACCAACGCCTACGTgttcgacgtcgaccaggCCG
TCGCCATGacgcgcgcggcgccgtGCTGGTCGTACACATGGGCTGACCACCTCGGCAGCATTGGC
GCGCAGACCAGCGTCACCCCTAACGACTGCGTACACGATTAGGCCTGccgcgacgcccggcgtcgaggtt
AACCCGGATATTATCGTGTATGCCACGGAGGGCGATCGCACGGCGAGGATGCGGATTACGTC
CTGAGCAGGACAAAGGGGTGCAAtggcttctcgccgtcca

>MPVS01000006.1:731655-733655

TCGGGCCCCACGTACGAGGAGGCTCCGCTGCCCTCTGGTGTGGTCTATCCCGCCCCGCCCTGGGAGAAG
CCCGACGCCTGGTGCCACACCGGGTATGCCGACCTACCGTCCCCACCGCGCTAACGACTCCGGG
AGAGGGAGACAGGGCAGCTGTCTGCGCGCTGCGCCCTCGATGCCACAACTGCTCTGCC
TGCACACCCGCTGATTGTTGCGCTAGTACGCatgtcgagcatgcgcataactgTAGAGTACTGTTCG
TAAGTAGTTGCAAGCCCGCCTCCCTGCATCCTGTTGCTTCTGTTGAATTTCACATTGCT
AGCGCCGCAAGTGTACTATATCATCACACCTGACATTGTTAAATCCACGCCTGATGTACAGTACG
CACGACCAGAGGACGTATCAGATTCTGACACATTACATAGTGTAGTACATTGCTCAGATTGTA
CGTCCGCGAACACCGGCCGATGGTCACTAGCGAGTACGCCGTCAGCGAGGTGCCACCT
GTACCGTCCCGGGCTGGAGCACGCCCTAGTCGCGAGCCAACGCCACACATAAGGACACTC
ACCACCCGCCGCTGCTCCACAAACACAAAGTCGATCCTCGTACAGCTCGCTCCCCAGGGCG
GTTGAACCCCGTGAACGTCGCAAAGTCGCCAGAGATCCGCATGCCGGCTCCGCCCTGAGATCG
CGCAGCAGAAGTCGTCGCGCTGCCGGCACCTGTacttctcgccgtacgtCTCGTTAATGGGCACGG
GCAGGAGCACGCCGTGGCGATCTGGTATGCCGGAGTCGTACCGTGCACGCCGCTGTTGAAGT
CCCcggtgacgtacggcgccggaggctcggtGCGCCTCGTaccgcgcacgcgcgaggagcatcgatgcggcgaggcgcc
gctgcgcgtcgagcggtcgaggtggGTGTTGATGAAGGTGAATATCTGGAGGACGTCTGAAGCGGGC

GACCTCGCAGACACGGAATGAACCTGCGTCGGGATACTTGGATGGTCAAGGGCTGTCTCTGCG
AACACGGGTTGCGCATCAGAATGTAGACGGCCGCATGGAGTGTGGAGTGCTGCTCACGAAAGCC
AGAAGGATTCATGGTGCACCAGAGTCAGCTCTGACCTGTGGTCCGAGCTACTGTGAGCTCAGCAAC
ACCAATGAAGTTGTGGCCGGTACTACTTCTTAGAATATAGGGCAGAATTGCCAGCTTGTTC
CATCATCGGGCCTACGCCGACCTGGAGGATGGTCGAGTCGCTCAGCTCACAGCATACTGCA
CGCACCCATGCCAGTCATCTCAAGCAATTCTCGAGGTCGTGGACCTGTCGGACTAATGCCTCCTG
GAAGCCTGGCAAGCAGGATCATGGATAGGCGTAGTACGGTTGCAGGGACGACTACCAATCACG
TTGGACCTCGTGCAGCAGCTTGCACACCTCAGCCTCTGGTCTCCATGGTACCTCTCCGA
CCACCCCTAGGAAGCGTGGCGCTGCAGAGGGTCCGGAAGTGTCTCTATGGATTCTGAACAGATAT
CCGGTCGGCTGCGAGTCGTATCGCAGGTTGTACGTCGCTATGCGCATCTGCCGTGATGATGAGG
GCTGAAGATACTGGAAGATGTGACCGGTTGAGGAACCAGAGAAATAGTCAACCACGATAGA
AAACGGCGCCTCATGTACTCTGACTAGACACTGTTACGAGCAATTAGACTGAAGAGACTGTACGG
TGAAGACACGCGGCCATGCGCTAACCTGGACACCGTCTGGCTGACATGGCATGCAATTGTGCCA
CTtacctcgctcgccggcaCACGGGAGGTGTCAGTCAGTGCAATTAGTGGTATTGCAGAGCGTGCAGA
GAGTAGATATCACTATAAGTAATGCCT

>MPVS01000006.1:731683-733683

CCCTCTGGTGTGGTCTATCCGCCCGCCTGGAGAAGCCGACGCCCTGGGCCACACGGGTATGC
CGCACCTACCGCCCCACCGCGCTAACGACTCCCAGGAGAGGGAGACAGGGCAGCTGTCTGCCG
CGCTGTCGCCGCTCGATGCCACAAGTCTCGCCCTGCGGACACCCGCTGATTGTTGCTCCTA
GTACGCatgtcgagcatgcataactgTAGAGTAAGTGTAGTTGCAAGCCCGCCTCCCTCGC
ATCCTGTTGCTTGTGAATTTCACATTGCTAGCGCCGAAGTGTACTATATCATCACAC
CTTGACATTGTTAAATCCACGCCGTGATGTACAGTACGCACGACCAGAGGACGTATCAGATTGAC
ACATTACATAGTGTAGTACATTGCTCAGATTGACGTCCGCGAACACCGGCCGATGGTCACTA
GCGAGTACGCCGTCCGTCAGCGAGGTGCCACCTGTACGCGTCCGCGGCTGGAGCACGCC
AAGTCGCGAGCCAACCGGCCACACATAAGGACACTCACCAACCCGCCGCTGCTTCAACAAACCAA
AGTCGATCCCGATGCCGGCTCCGCTGAGATCGCGCAGCACGAAGTCGCGCGTCGCCGG
AGAGATCCGCATGCCGGCTCCGCTGAGATCGCGCAGCACGAAGTCGCGCGTCGCCGG
CACCTGTacttctcccgaaacgtCTCGTTAATGGGACGGGCGGAGCACGCCGTGGCGATCTGGTAT
GCGCCCGAGTCGTACCCGTGCGACCGCCTGTTGAAGTCCCggtgacgatgacgggccccggagggtcggtGCG
CCTCGTaccgcgcacgcgcgaggagcatcgatcgatcgccgaggccgctcgccgtcgagcggtcgtcgagggtggGTGTTGAT
GAAGGTGAATATCTGGAGGACGTCTGAAGCGGGCGACCTCGCAGACACGGAATGAACCTGCGTC
GGGATACTGGATGGTCAAGGGCTGTCTGCGAACACGGTTGCGCATCAGAATGTAGACG
GCCCGCATGGAGGTGGAGTGCTCACGAAAGCCAGAAGGATTGTCAGTGACCAAGAGTCAGCT
CTGACCTGTGGTCCGAGCTACTGTGAGCTCAGCAACACCAATGAAGTTGTGGCCGGTACTACTTC

TTGTAGAATATAGGGCAGAATTGCCAGCTGTTGCCATCATGCCGACCTGGAGGA
TGGGTCAGTCGCTCTCAGCTCACAGCATACGCTGCACGCCATGCCAGTCATCTCAAGCAATT
CTGCGAGGTCGTGGACCTGCGACTAATGCCCTGGAAGCCTGGCAAGCAGGATCATGGATAGG
CGTAGTACGGGTTGCAGGGACGACTACCCAATCACGTTGGACCTCGTCAGCAGCTGTTGCGCA
ACCTTCAGCCTCCTGGTGCCTACGGTACCTCTCCGACCACCCTAGGAAGCAGCTGGCGCTGCAGAG
GGTCCGGAAGTGTCTATGGATTCTGAACAGATATCCGGTCGGCTGCGAGTCGTATGCAGGTT
GTACGTCGCTATGCGCATCTGGCGTGATGATGAGGGCTGAAGATACTGGAAGATGTGACCGGG
TTTGAGGAACCAGAGAAATAGTCAACCACGATAGAAAACGGCGCCTCATGTACTTTGACTAGAC
ACTGTTACGAGCAATTAGACTGAAGAGACTGTACGGTAAGACACCGCCATGCGCTAACCTG
GACACCGTCTGGCTCGACATGGCATGCATTGTGCCACTtacctcgctcgccggcaCACGGGAGGTGTC
AGTCGAGTGCAATTAGTGGTATTGCAGAGCGTGCAGAGAGTAGATATCACTATAAGTAATGCCCTGGT
ATCGAGTTGAAGTCCGTCTGAGCTT

>MPVS01000006.1:731763-733763

CCCACCGCGCTCAACGACTCCCGGGAGAGGGAGACAGGGCAGCTGTCTGCCGCTGTCGCCGCT
CTCGATGCCACAAC TGCTCTGCCCTCGGGACACCCCGCTGATTGTTGCGCTAGTACGCatgtcgagc
atgcgcataactgTAGAGTACTGTTCGTAAGTAGTTGCAAGCCCGCCTCCCTCGCATCCTGTTGCCCT
GTTCTGTTGAATTTCCACATTGCTAGCGCCGCAAGTGTACTATATCATCACACCTGACATTGTTT
AAATCCACGCCCTGATGTACAGTACGCACGACCAGAGGACGTATCAGATTCTGACACATTACATAGTG
TAGTACATTCGTGCAGATTGTGACGTCCCGAACACCCGGCGATGGTCACTAGCGAGTACGCCGT
CGTCCGTAGCGAGGTGCCACCTGTACCGTCCCGCGTGGAGCACGCCCTAAGTCGCGAGCCA
ACCGGCCACACATAAGGACACTCACCAACCCGCCGTGCTCCACCAAACACAAAGTCGATCCTCGT
TACACGCTCGCGTCCCCAGGGCGGTGAACCCCGTGAACGTCGCAAAGTCCAGAGATCCGCATGC
GCGCGTCTCGCCTGAGATCGCGCACGAAGTCGCGCGTCGCCGGCACCTGTacttctccg
cgaacgtCTCGTTAATGGGCACGGCGGGAGCACGCCGTGGCGATCTGGTATGCGCCGAGTCGTAC
CCGTGCGACGCGCTGTTGAAGTCCCcggtgacgatgacggcgccggaggcgctGCGCTCGTaccgcgcacgc
cgaggaggcatcgatcgccgaggcgccgctcgccgtcgaggcggtggGTGTTGATGAAGGTGAATATCTT
GGAGGACGTCTGAAGCGGGGACCTCGCAGACACGGAATGAACCTGCGTCGGGATACTGGATG
GTTCGAAGGGCTTGTCTCGAACACGGGTTGCGCATCAGAATGTAGACGGCCGCATGGAGTG
TGGAGTGTGCTCACGAAAGCCAGAAGGATTATGGTGCACCAGAGTCAGCTCTGACCTGTGGGTC
CGAGCTACTGTGAGCTCAGAACACCAATGAAGTTGGCCGGTACTACTTCTGTAGAATATAGG
GCAGAATTGCCAGCTGTTGCCATCATGCCCTACGCCACCTGGAGGATGGTCGAGTCGT
CTCAGCTCACAGCATACGCTGCACGCCACCATGCCAGTCATCTCAAGCAATTCTGCGAGGTGCGT
GACCTGTGGACTAATGCCCTGGAACGCTGGCAAGCAGGATCATGGATAGGCGTAGTACGGGTT
TGCAGGGACGACTACCAATCACGTTGGACCTCGTCAGCAGCTGCGAACCTTCAGCCTCCT

GGTGCTCCATGGTACCTCTCCGACCACCCCTAGGAAGCGTGGCGCTGCAGAGGGTCCGGAAGTGT
CTCTATGGATTCTCGAACAGATATCGGTCGGGCTCGAGTCGTATCGCAGGTTGTACGTCGCTATG
CGCATCTGCCGTGATGATGAGGGCTGAAGATAACTGGAAGATGTGACCGGGTTGAGGAACCAG
AGAAAATAGTCAACCACGATAGAAAACGGCGCCTCATGTACTCTGACTAGACACTGTTACGAGCA
ATTAGACTGAAGAGACTGTACGGTGAAGACACGCCATGCGCTAACCTGGACACCGTCTGGC
TCGACATGGCATGCATTGTGCCACTtacctcgtgctcgccggcaCACGGGAGGTGTCAGTCGAGTGCAATT
AGTGGTATTGCAGAGCGTGCAGAGAGTAGATATCACTATAAGTAATGCCTGGTATCGAGTTGAAGTC
CGTCTGAGCTTGAGTGAGGACCAGTGCACGAACGGCTAGGCCTATAATCAAATTGTTGGTCAAA
TTCATTATAGACGAGGGCCTGGC

>MPVS01000073.1:100522-102522

GACCGAAATACAGCATCGAGTACCCATCTAGGTACACTGCCGAGGATCCTACTTCGCCCTATC
ATACACTGCTACtccctgaggcctgagggaTCTGTATGCCACCTGGGGATCATGGTCGAGCCTTCAA
GTGGATAATATCCACGTCTGGTCCAACGTCGGCGATCCAACCCCTGCTACGTATgggaagtgcgaagtc
gtcccgGGTGTACGAAATGCAGATCACTCACGAGTGGAACCAACGTGCACTGTTGTGCCGACACC
TGAGTAGCCTCTTGTGAAAGATGCTCGCAGCTAGAGGCGTACATGAGACACTATCCAATTG
CAGGTGGACGAAACCATACGGGATCCTCTGACACATTGCCCTGACTGCCGCTTGTACTGCACTGTC
CGAGTTGTGAAGCCGCCGGCAATGGTCCCGTCACCATCCGAATGCCGAAAGCGTATCCCACCTC
CGTGTGCCCGGCAATGGTCCCGTCACCATCCGAATGCCGAAAGCGTATGGTCACTGCACTGTC
CAGTTCCATTGGAGGTGCCATGCGCTTGAGTACAGAGTCACGATGATTAGGCTATACGCCAGTAAG
CCCGCCGTAGAGTACCAACGCGTAACGACCATTACTACGAGGCTACGAGCGTTACAGATAACTG
AGCGCCGTGTCAGCAGTCGCAAGGCAGCATTCAAATAGCAACGCACGATTGCCACTGCACTGTC
AGGACGGCGTAAGTCAGCCTGCGCTGCCAGGAACATCTACGTCTGTTGAGCTCAATGGTCCA
CTGACAGGCAGCAGAGACTCACAGATAACAAGGGTGGCGAAGGCAGAACGCTCTGTGGCGTATGATA
GGGTCAAACGTGATCAAGCGCGCTTATGTCTCCTCCACTTACGTCGGATGAGTCTGGTTCGC
GTGAATAGTAATGAACAATCTACCAACGTGGCGAATATATTAGACGCACCGTAGACATTGTGTC
AGAATGAGTATGTTGATCACGGAGTCGGCCTGGCATGAAACACGTCTCAGCGAGGTGCCCTGC
CCACACACAATGATACGCACCTCTGAACCCGGAGCGGGACCGATGAAGGGAGTAGCCCTGCACTA
CAACGAATAGGACGTCTGCAGCAATGGCACATACAAGTAGTGTGCGTAAGAGAGACGCTGTAAAATTC
ATGTTAAGAGACAGTCTAAGAGCGTGTGGCTGGAACAGGATGGTACCTCAACTGGCTGTGGAA
CTGTCGGTTGGCAGAACGCGTGTACCGGTAATCagctgctcaagcgctgAACTGAGGCTCGGTTCTTGC
TTACAGTCTGACAGTGATACCTTGAACGATGAGTCAGTCTCGTAGGCGCTCTGCAGATAACGAA
GGACGTACCAAATCCACCGGCTGAACAGCGTTGCGACCGTCAGTTACGACCTACTACGCGCGATGC
GACACTAACCTACACCAACTAGCGACAGGAGCGCCTGAGGAGTACGTTGAGCTCGTGAATTGGGG
CAGTGTGTATGCGTACTATCAATGCTATGACGAAGGCAAGCGAGTAGGACAGATCCCCTTCCGTCG

GTGGACTACGAAGCGTAATTGTCACATCTGACGAACACCGCGATGCTGAGCGCTCACATTTTGTA
GGCGATGCAATAATAAACTACTGCCCATGAGTAAACGGGTGAGATATGGGTGAGGAACGTACAGCC
TGACGACCGTCGATACAGAGGCCTAGTGTGGCGTGGTTGATCAAGATGCGTAAAATAGCCCAC
ATTGTTAACGTACCACGATAGCTATGAGGAGCTACGGAGACAACACCTTCAACGGACGCCCTCG
ATTGAGGGACGGGGGACGTACCGAAAGACTCCTACGGAGAGAGGGTGAGACCATTGAACAGAACG
AGAAACACAGACATACCATGGCGCCCAGATGCTGCTTGGTATGGAGATTGT

>MPVS01000075.1:60813-62813

cgaggagactgcgggTGGCCGGATCCTATCACCCCTACACAGCCTCGTGCATCGAGTACAAC
TGCACGATGCAACTCATGCCCTGGTTGACCCCGCATTGATGCTGCAAATTGGAAGAACTACGCAT
CTCGCACGAAGACAGCGGGCCGACAGGCCGCTGCTCTCAGCATGATAACACGCTTCGCTTG
GCAGGCTGACTTGAAGCAGCTGGACCTGGGTGGACTGGGTAGAGGTTGCTCCAACGTCGCG
TTTGCCTCATAGCCGGGAAATCGTTGAAATCGAGCTTAGACTTAGACCTCAATTACAAACCGCAAATA
GACCTCGTTCCAACGTGTTGGAAGATCTAGCCCTGAACTCTGGATGTTCCCCAGTACTGAG
CACActcgagcgtgcgtcgTCACTTATTACAAGCATCACTAGTCCCACCTCAAGAAGGTCTGCGTCGT
CATCTGTCTCAAAGATCACGAAagctcgactcgagcgtTGCCAGATCGTACTGCGTCAGCGCGGAGA
CTCCCATCAACATCCAAGCATTACACCGTGCTGAGCTCAGAACTCTCCTGAGATTACCGGAGAAG
GGGGTGCCTGGATATTGGCTGGAGAGCCGCAGCAAAGCCTGAAAGATGAAGATCGCAGCATC
TGCCAAATGCCTCGTTTACCCCTTCGCTCCATGGTGGACCGCGGACTATGACCCTCGGGTAG
AGCCGAATCCTACCTTACCTCGGCTCCGAGACCGTAAGAACAGCAAAGATGTTCCGGTGC
GATCACAGCATACAGCACACATGCCACTCATTCTAGGCAAATAGGGGGTTGTCGACCGTGG
GCAGCTCAGCTCCACTCGGTTGAGGTACAGCGTCGAGTAACCTATAATATGTGAAGGCAG
ATTGCTGTTCATGGCGCGCGTAGTTGATGTGCGGATCGTGGACAGGGATGTCGAAAGGAA
CGATACCGCAAGATGTCATCATGCTGTTGAGTGACGATGTTCCGATGTTGATCTAGAAGA
CACCGGCTATAACGCAGCCCGTATAGTGACAGCGCAGTTGACAtggccggcgctcgtaTC
CTAGCGAAGCCGTGAGTACAACAGTAAAGCGGTGCAACAGCGAGTATAACGTGTTAACTACCAAT
ATTGCAAGCAGCGGCTCGAGCTACCGCACTAACgcgtcgctcaTGATATCCAAGTTGACAGCGTG
ATTCTAAGGCTGTCAGTCGGAAGCATTGATGCTCACGCCAGAGTCAAGCAGccccgacgcggac
gactgGCGCATCATTCAATTGCGCAGGACCTGCGCAATTGTTGCGTGCCTCGTGGCTCAGGCTAATA
ACACCCCGGTGGAGGGACTTCGACCTACGTTGGCGAATTGAGCAGCAATGATTGACAGCGTCAG
GGTCAATAGGGGATATGACAAGCCCCCGGTGTCGAGACAAacgcgcggaggaggaaaggac
ggatcCATTGGGCAGCGCGCACGTGCCAGCATTGATTGATGTCATCGCGTCGCCTGACTCGATTG
ATCGCTGAGAATCGTTGTCGACTCATCCTCGCAGCCTGCGTAAACGACAGATGTTCCGTGG
GGCCGTGATTCACTTGCATGCTCTATTCCGAACGCACTGTTCCATTGTCGTTACTGAATCCGAC
AGGATTGCGATCGCTCGCACGATCGACTTACGCACATGATGCTGCCAGTAAGCAAGTACTTCCAGTC

ACCTTCATcgcgccgtcgacgtcgaaACACGAGGCCTTAGTCAATGTGTGGGCCTCACCCCTAACCGAT
GGGCCGAAGAGAACTCCACGCAAATGATAGCGAGTCTTCTACAGTCGCCGGTCGCGCAATCCTCG
GTCGCTTCTCGCGTTTC

>MPVS01000097.1:35057-37057

GTGAGTCATATTCCGTCGTCGACCTGCCGGATGTCACCTCTGTACAGTGAGGACCTGAACCAAC
TGGTCAAACGACATCTACAAGCAGTCGTCTCGCAGTCTCCGGCGAAGGCATTGCCATCTGGAGCA
TGACACCTCCGAACACTCATCGCGTCCGGCATGGTACACTGAACGCGAAGATcagcgacatcgacgacgaga
agctgACAGGACGTGTTGAGCTGTGGGGCTTCTGGGATCAGGTATTGCCGTATGTCGAAGGG
GTGCGTCATCCGCTGGCGTCCGCAGACGCCACTCATAGACAAACCTTAGGCCTACTGCCTCTGCA
AACGGACCCGCTATTGTCGTCGCTATACCGCGTACCGAAAGGACACAAACCCACACCACACCTATA
ACGAACGGGAACGGGAAAGGCTAATGTCCTCGCTATGCTCCAGTCAGCAGGCCAGATCGACGTT
CGCACCGTCGCCCTGCAGTCGTTCCGGACTCTGTCATCCTCCCCATCTGCATCGATGTACACCCG
CCTCGCAATGTCGAAGGACGACATTGCCAGAGAGTCGTTGTCGTCGAGCCGGTTGCAGCAG
ATGTACGCTGCCCTCCCCTATGACATCACACGTGTTGCTTGACTGTGACGCAGGCTTCTGTGCTTG
TCTCGCAGAGACCGCGACCGATATCGTTCTCTCACGTGGCACCTCCCCACCTACACCAGGGAA
GCGGCCGTGCAACACCTCTCCGAGCCATCCGGCACCCCTAACGCAACTCGAACGCAACATGCAGC
GGGGCAGCGCcaccccttcctcccccagccGCGCGATAGGCGGGCTGGATAGCACAGAAGTACGACC
CGAGACGGAGCGCGTGCACGGGcgacggcgcgagcggggagggcgaggagggcgaggacgaggcgccccgg
gggacgagaCACCGCGGATGGCGCGCTCGCATCTGAcgcacctgcgcgagcggatAAGGAGTTCT
TGGAGTCGCTGAGGTACGTACGCCAATGAGGAGCGTGCCTCGTCTGGGGTGGTGCCTGATTGGAT
GGGTGGACGGATAGGAGCCGGATCCGGagcgcgtggacggcgggTGGGGGTTGGCgtgagcggcgagga
gaacaaggcgaggacgaggaggagaataTGGATTGGATCAGGCCAGGTGCGTTGAATGGACGTCCC
GTTGGCTTGGTGGTGTATTGCTAATGCTAGTTGCATGGTTGcaggccgtcgagcggatGGTTG
GCATGAACACGCCCGGTAGGGCTCGCGGGCGAGTGGAAAGCGGTTCAGGCAGGATATCACTAA
GTTATGGTCATCTGTACGTTGTCACCTAGCTGTGGGCCGGTGTGACGGACGCCTGGTAGAA
TCTGGACTGGACATCACGACATTGTATGTACTGTGCTTCCGCTTGCATTGCTTGCT
TCTCTCTAGGTACGACTTCGCTCCCTACTGCCTGGATAGGACTACACATGTGTCTGCGCAGA
CGCTCGGCATTAGGATTGGGGACCAGACAGCAATCTGTGTTCTGTGCAGAATGGCTAGAAT
GGACTTGCAGCTGGCTGCCACACCGCGCCTCGTACAGTTATAATTGCAAATATTGCTGAGCGC
CGCAGGCACACCGGTCCGGCACGAAGCCCTTAAGCTCCCTAAGTCGCCAGCGGGACGCAAAG
TAAAAGCGTTCTTTGAAAGACCGATCGAGGCACAAGCGCGACGTCCAACTGTACCCGACATGC
CCAGGTACGACATGCTCAGGTAAACGCTGTGCTGGTTGACCTGCCCCACTTGCCGATCAGTCC
TTTCATTCTAACAGTGCAGGAAATACATTGTATGGCTATGAGGCGTAACGAATGCATATACCAA
CCAAAAAGAGTCCTT

>MPVS01000105.1:43626-45626

AAGGGTCACATCCGGCCTTGCTGCGATGCTTACAGTTGGATATAGCAATAACACAGCAGTCCTC
CGGCAGCATAATACGACAATCAGTGAGCTAATACTCACGTTCCGTGCGCATGCTCTCATACTAGTA
TGCACCCTGCCCTACTTCGACTACCTatccctccctccccgGACCCCGCCCTCTCAATGCATCTGCAC
ATTGACCATCTTGTCACTGGGACGCCACTGCAAACAGTGGTGGGTGACTGACTGACTCTGTGCTT
CAGGCAAACGATGCGGTGAGTGTACTGCCTGTTCAACAAAGATCGCATCCTGCCGTGACGGGGCG
CCGCCTGGCGATGGGGTGGACGTTCCCACAGGCTCACGGCGGGCAACTACGCTAAGGTAGCCGGC
TCTCGAGAAgttcgcctgctcgacgccTGAGTGGATGGCTGGAGCGCGTGCAGGAACACGACGGCTGC
GGGGAGAggcgcttgagcgcggcgaccTGCGACGGGAccctgcgtcgccgggtgtCAGGCGacaagacgaggaa
gagcgcggCTGGCGTGCCTGGAGCTCGTAGGGGATATCCGAGTGCCAGGGCGTGGTGTGGT
CGTCGAGGTTGTAGGTCGTCTCATCGCAGCAGACGAGGTACCTCTGCCAGCATCAATCGATTAC
CAGCGTCGGTGCCTGCCACCCCTACCCACCTGTCGACTCGGCCAGACGCCACCGACGGCCGC
CCTGCTCCCGTGCACGCACAGGCTCCGCCGTGACAGGCCTGCTCCAACAGTGTGCCAC
CCAAATCCGCTGCCCGGTCCGGTTGATGCATACCGCACGTAGTCTCCGCGtggcgagagcggcgtcG
GGAAGAGATATGGCGCCTGGTGTGGgtccgtgcgcgcgtgcggcaCTGGCGCTGCTGGGGCGCGGTGGT
CTGCCGATGCCGGAGCCACTCTCGGGGAAGGCACTTGGTGAAGGCAGCGCGTCAAGCAGGGGT
CGATGGTAAAAGTAGATAGGGACGTACCGTTGTGGCGTGGTACAGCCGGCCGAGCGTTCTGT
GCTGCCAAACATGGTATCCTGGGTCTGACAATCTACAGTACTCACCAGCAGCATCAGCACGAC
GGCCGTTGCCGGGAAGGCATGGTTGTGGATGCCGAAGACATCGACCGCATCCGCCAGATCTGCTTG
ACCTGCGCAAGACCCCTCTCGAGTGCAGCCACGCCGACGACCAACGCAAGGCAGGACATGTCCGCA
TTGCGTTCTGCTGCTGCCACACTCAGCTAGCCAAAGGGCTTGTACCGTCTGCTGGAGCGGC
CTCACAAAGTGTAGCATGGATTGTGCTCCGCCCTTGCTCGAAAGCATTGTGAGTGTAGGCG
AGCAGTCCTCCCGATGCTGCCATAGCCCACCATCAATCAAATGACTCACCTGGATTCTAACCC
AGTCAAGTTGCTGGCTGGCTACTGCTCGTTGTTGCCACAGCTAGCCAAAGGGCTTGTACCGTCTGCTGGAGCGGC
AGAAGGCAGCTCCGCATCCGATGTCTTCTGCAGTGAAGTTGCTACGGATAGCCTGAGCCCCGGAA
CCATGTTGATAATAACAGACGAGGAACGAGGATGAGGGCAGGGCGCATGCAGACCGAGCGGAAC
GAACGAAGCGACGTGCACAGCTTATAATACACCTCTGGCCGGAGGCCCTTCCAAAGGGGG
CGGCCGGGCTGCCAGCCGGAGCTCGGCCCGACGCATCAAGTGGCATCAGTATTGATGAGT
ATAATCCTATCTAAAGCTGCATCAAATTGATGCACCCCTTCTAGCGTCTGTGATTGGCTGCATGGT
ACGGCTGAGTGACGTTCAAGCGAGGCATCATGATGCATCATGGAACGAGTTACAATAATGCT
GTGAACCTCAGTCACGGCAAACGTATCGTT

>MPVS01000105.1:43692-45692

TCCGGCAGCATAATACGACAATCAGTGAGCTAATACTCACGTTCCGTGCGCGATGCTCTCATACTAG
TATGCACCCTGCCCTACTTCGACTACCTatccctcctcccccggACCCCGCCCTCTCAATGCATCTGC
ACATTGACCATCTTGTCACTGGGACGCCACTGCAAACAGTGGTGGGTGACTGACTCTGTGC
TTCAGGCAAACGATGCGGTGAGTGTACTGCCTGTTCAACAAGATGCATCCTCGCCTGTGACGGGGC
GCCGCCTGGCGATGGGGTGGACGTTCCCACAGGCTCACGGCGGGCAACTACGCTAAGGTAGCCGG
CTCTCGAGAAgttcgcctgctcgacgccTGAGTGGATGGCTGGAGCGCGTGCAGGAACACGACGGGCTG
CGGGGAGAggcgcttgagcgccgaccTGCACGGGAGccctgcgtcgccgggtgtCAGGCGacaagacgagga
agagcgcggCTGGCCGTGCGCTGGAGCTCGTAGGGATATCGAGTGCAGGCCAGGCGTGGTGTGGGT
CGTCGAGGTTGTAGGTCGTCTCATCGCAGCAGCAGGAGGTACCTCTGCCAGCATCAATCGATTAC
CAGCGTCGGTGCCTGCCACCCCTCACCCACCTGTCGACTCGGCCAGACGTCCACCGACGGCCGC
CCTGCTCCCGTTCGCACGCACAGGCTCCGCCGTCGACAGGCGCTGCTCCAACAGTGTGCCCCAC
CCAAATCCGCTGCCCGGTCCGGTTGATGCATACCGCACGTAGTCTCCGCGtggcgagagcggcgtcG
GGAAGAGATATGGCGCTGGTGTGGtccgtgcgcgcgtgcggcaCTGGCGCTGCTGGGGCGCGTGGT
CTGCCGATGCCGGAGCCACTCTCGGGGAAGGCACTTGGTGAGGGCAGCGCGTCAGAGCGGGGT
CGATGGTAAAGTAGATAGGGACGTACCGTTGTGGCGTGGTACAGCCGGCCAGCGTTCTGT
GCTGCCAAACATGGTATCCTGGGTCTGACAATCTACAGTGACTCACCAGCGACATCAGCACGAC
GGCCGTTGCCGGGAAGGCATGGTTGTGGATGCCAAGACATCGACCGCATCCGCCAGATCTGCTTG
ACCTGCGCAAGACCCCTCTGAGTGCAGCCACGCCGACGACCAACGCAAGGCAGGACATGTCCGA
TTGCGTTCTGCTGCCACACTCAGCTAGCCAAGGGCTGTTACGTCTGCTGGAGCGGC
CTCACAAAGTGTAGCATGGATTGTGCTCCGCCCTCCTGCTGAAAGCATTGTGCAGTGTCAAGGCG
AGCAGTCCTCCCGATGCTGCCATAGCCCACCATCAATCAAATGACTCACCTGGATTCCCTACCC
AGTCAAGTTGCTGGCTGGCTACTGCTCGTTGTTGCCACCACAGTGGTTGGTCCCGAGACGT
AGAAGGCAGTCCGCATCCGATGTCTTCCTGCAGTGAGTTGCTACGGATAGCCTGAGCCCCGGAA
CCATGTTGATAATAACAGACGAGGAACGAGGATGAGGGCAGGGCGCATGCAGACCGAGCGAAC
GAACGAAGCGACGTGCACAGCTTATAATACACCTCCTGGCCGGAGGCCCTTCCCAAAGGGGGAA
CGGCCGGGCCTGCCAGCCGGAGCTCGGCCGGACGCATCAAGTTGGCATCAGTATTGATGAGT
ATAATCCTATCTAAAGCTGCATCAAATTGATGCACCCCTTCTAGCGTCTGTGATTGGCTGCATGGT
ACGGCTGAGTGACGTTCAAGCGAGGCATCATGATGCATCATGAGGGAACGAGTTACAATAATGCT
GTGAACTCCAGTCACGGCAAACGTATGTTCAAGACCATAAATTCAAGTACAAGTCACAGACCGCC
CGAACTGTGCTTGTAGCCCACCTGTCACAG

>MPVS01000105.1:43696-45696

GCAGCATAATACGACAATCAGTGAGCTAATACTCACGTTCCGTGCGCGATGCTCTCATACTAGTATG
CACCCCTGCCCTACTTCGACTACCTatccctcctcccccggACCCCGCCCTCTCAATGCATCTGCACAT
TGACCATCTTGTCACTGGGACGCCACTGCAAACAGTGGTGGGTGACTGACTCTGTGCTTCA

GGCAAACGATGCGGTGAGTGTACTGCCTGTTCAACAAGATCGCATCCTGCCGTGACGGGGCGCC
GCCTGGCGATGGGGTGGACGTTCCCACAGGCTCACGGCGGGCAACTACGCTAAGGTAGCCGGCTC
TCGAGAAgttcgcctgctcgacgcctGAGTGGATCGGCTGGAGCGCGTGCAGGAACACGACGGCTGCGG
GGAGAaggcgttgagcgccgaccTGCGACGGGGAccctgcgtgcggccgggtcAGGGCGacaagacgaggaaga
gcccgtCTGGCGTGCCTGGAGCTCGTAGGGATATCCGAGTGCCAGGCGGTGGTCGTGGTCG
TCGAGGTTGTAGGTCGTCTCATCGCAGCAGACGAGGTACCTCTGCCAGCATCAATCGATTACCA
GCGTCGGTGCCTGCCACCCACCTGTCGCACTGCCAGCGTCCACCGACGCCGCC
GCTCCGCGTTCGCACGCACAGGCTCCGCCGTCGACAGGCCTGCTCCAACAGTGTGCCCCCCACCA
AATCCGCTGCCCGGTCGGTTGATGCATAACCGCACGTAGTCTCCGCGTcggcggcaCTGGCGCTGCTGGCGCGGTGGTCG
AGAGATATGGCGCCTGGTGTGGtccgtgcgcgtgcggcaCTGGCGCTGCTGGCGCGGTGGTCG
CCGATGCGGGAGCCACTCTCGGGGAAGGCACTTGGTGAGGGCAGCGCGTCAGAGCGGGTCGA
TGGTAAAAGTAGATAGGGACGTACCGTTGTGGCGTGGTCACAGCCGCCAGCGTTCTGTGCT
CGCCAAACATGGTATCCTGGGTCTGACAATCTACAGTGAUTCACCAGCGACATCAGCACGACGGC
CGTTGCCGGGAAGGCATGGTTGTGGATGCCAAGACATCGACCGCATCCGCCAGATCTGCTTGACC
TGCAGAACCCCTCTCGAGTGCAGCCACGCCAGCACGCAAGGCAGGACATGTCGCATTG
CGTCGTTCTGCTGCCACACTCAGCTAGCCAAGGGCTGTCAGTCTGCTGGAGCGGCC
ACAAGTGTAGCATGGGATTGTGCTCCGCCCTCTGCTCGAAAGCATTGTGCAGTGTCAAGCGAGC
AGTCCTCCTCCGATGCTGCCATAGCCCACCATCAATCAAATGACTCACCTGGATTCCCTACCCAGT
CAAGTTGCTGCTGGCTGGCTACTGCTCGTTGTCGCCACACAGTGGTGGTCCGAGACGTAG
AAGGCAGCTCCGCATCCGATGTCTTCTGCAGTGAGTTGCTACGGATAGCCTGAGCCCCGGAACC
ATGTTGATAATAACAGACGAGGAACGAGGATGAGGGCAGGGCGCATGCAGACCGAGCGGAACGA
ACGAAGCGACGTGCACAGCTTATAATACACCTCCTGGCCCGAGGCCCTTCCCAAAGGGGACG
GCCGGGCCTGCCAGCCGGAGCTCGGCCCGACGCATCAAGTGGCATCAGTATTGATGAGTAT
AATCCTATCTAAAGCTTGCATCAAATTGATGCACCCCTTCTAGCGTCTGTGATTGGCTGCATGGTAC
GGCTGAGTGACGTTCAAGCGAGGCATCATGATGCATCATGGGAACGAGTTCACAATAATGCTGT
GAACCTCAGTCACGGCAAAGTGTATCGTTCAGACCATAAATTCAAGTGACAAGTCACAGACCGCCCCG
AACTGTGCTTGTAGCCCACTTGTCACAGGTCA