
Rodrigo Barbosa Gonçalves

Filogenia molecular das abelhas Augochlorini
(Hymenoptera, Apidae)

Molecular phylogeny of Augochlorini bees
(Hymenoptera, Apidae)

São Paulo
2011

Rodrigo Barbosa Gonçalves

Filogenia molecular das abelhas Augochlorini
(Hymenoptera, Apidae)

Molecular phylogeny of Augochlorini bees
(Hymenoptera, Apidae)

Tese apresentada ao Instituto de Biociências da Universidade de São Paulo, para a obtenção de Título de Doutor em Ciências Biológicas, na Área de Zoologia.

Orientador(a): Dr. Carlos Roberto Ferreira Brandão

EXEMPLAR CORRIGIDO
Original se encontra disponível no
Instituto de Biociências

São Paulo

2011

Ficha Catalográfica

Barbosa Gonçalves, Rodrigo
Filogenia molecular das abelhas
Augochlorini (Hymenoptera, Apidae)
145 páginas

Tese (Doutorado) - Instituto de
Biociências da Universidade de São Paulo.
Departamento de Zoologia.

1. Sistemática 2. Neotropical 3.
Biogeografia I. Universidade de São Paulo.
Instituto de Biociências. Departamento de
Zoologia.

Comissão Julgadora:

Prof. Dr. Eduardo Andrade Botelho de Almeida

Profa. Dra. Maria Cristina Arias

Prof. Dr. Gabriel Augusto Rodrigues de Melo

Prof. Dr. Silvio Shiguelo Nihei

Prof. Dr. Carlos Roberto Ferreira Brandão
Presidente

Dedicatória

Este trabalho é dedicado a memória de **Pe. Jesus Santiago Moure**

Epígrafe

Whether the marvels of nature inspire belief in a creator (*New York Times*):

Not for me. It's a process called evolution (Jerome G. Rozen, Jr.)

Agradecimentos

Agradeço aos colegas que cederam material fresco para obtenção de sequências de DNA: Antonio Tony Aguiar, Eduardo Eddie Almeida, Laurence Packer, Leandro Pepê Santos, Paschoal Grossi e Gabriel Melo.

Aos Doutores Charles Michener, Michael Engel, Danniel Bennett, Jerome Rozen e John Ascher pela ajuda durante as minhas visitas ao SEMC e o AMNH.

Aos colegas do Laboratório de Biologia Molecular do MZSP que me ensinaram pacientemente quase todas as técnicas laboratoriais empregadas nesse estudo, Ana Bondioli, Janice Cunha, Pedro Carvalho, Fabiola Faria, Camila Ribas, Allysson Alce Pinheiro. Ainda, agradeço a Elaine Françoso e a professora Maria Cristina Arias pelo auxílio e incentivo na etapa inicial do trabalho.

Ao professor Eduardo Almeida pelo auxílio inestimável com as análises e interpretações dos resultados.

Aos colegas do Museu de Zoologia da Universidade de São Paulo e do Laboratório de Hymenoptera que me suportaram esse tempo, especialmente Rodrigo Feitosa, Rogério Rosa e Ricardo Kawada.

Ao amigo Ladislau Faria Jr. que defendeu minha mesa esse tempo contra ataques bárbaros e ao Dr. Emmett Lathrop Brown por ter desenvolvido o capacitor de fluxo.

Aos professores George Eickwort e Michael Engel pelos trabalhos anteriores com o grupo, permitindo assim que eu desenvolvesse esta tese.

A Fundação de Apoio a Pesquisa do Estado de São Paulo pelo financiamento em forma de bolsa de doutorado de acordo com o processo 07/01296-0.

Ao professor Dr. Carlos Roberto F. Brandão pela orientação e suporte inestimáveis.

À minha mãe, Valdivina Guerreiro Barbosa, pela compreensão durante o período em que estive envolvido com a pós-graduação.

À minha esposa, Nicolle Veiga Sydney, que me acompanhou e incentivou todo esse tempo.

Índice

Introdução	01
Material e Métodos	13
Amostragem de táxons	13
Extração de DNA	17
Marcadores moleculares, amplificação e sequenciamento	18
Alinhamento de sequencias	22
Dados morfológicos	24
Teste de incongruência da diferença de comprimento	25
Métodos filogenéticos	26
Inferências biogeográficas	29
Abreviaturas e termos	30
Resultados	31
Dados moleculares	31
Análises moleculares	36
Dados morfológicos reanalisados	49
Evidência total	51
Discussão	54
As hipóteses moleculares	54
As hipóteses morfológicas	58
Filogenia, evolução e distribuição de Augochlorini	60
Perspectivas e conclusão	73
Resumo	75
Abstract	76
Referências	77

Anexo I. Matrizes de dados

Anexo II. Lista de caracteres morfológicos e seus respectivos estados

Anexo III. Árvores filogenéticas

Índice de tabelas

Tabela 1. Classificação genérica de Augochlorini adotada para a seleção dos terminais	08
Tabela 2. Terminais utilizados nas análises do presente estudo	14
Tabela 3. Marcadores moleculares empregados nas análises	19
Tabela 4. Visão geral dos dados empregados no presente estudo	31
Tabela 5. Modelos evolutivos selecionados para cada partição de dados	34
Tabela 6. Valores de suporte de ramos.	38

Índice de figuras

Figura 1. Esquema do conhecimento prévio sobre o relacionamento entre os gêneros de Augochlorini.	11
Figura 2. Mapa para o Fator de Alongamento 1 a.	20
Figura 3. Frequências das bases de nucleotídeos para cada gene	32
Figura 4. Parâmetro alpha da distribuição gamma das taxas	33
Figura 5. Consenso estrito (dados moleculares, parcimônia)	37
Figura 6. Consenso estrito (dados moleculares não ambíguos, parcimônia)	39
Figura 7. Consenso de maioria (dados moleculares completos, máxima verossimilhança).	41
Figura 8. Consenso de maioria (dados moleculares reduzidos, máxima verossimilhança)	42
Figura 9. Consenso de maioria (dados moleculares completos, inferência Bayesiana, modelo GTR+I+G).	44
Figura 10. Consenso de maioria (dados moleculares completos, inferência Bayesiana, modelo particionado)	45
Figura 11. Consenso de maioria (dados moleculares reduzidos, inferência Bayesiana, modelo GTR+I+G)	46
Figura 12. Consenso de maioria (dados moleculares reduzidos, inferência Bayesiana, modelo particionado)	47
Figura 13. Consenso de maioria (dados moleculares completos, relógio molecular)	49
Figura 14. Consenso estrito (dados morfológicos, parcimônia)	50
Figura 15. Consenso estrito (dados combinados, parcimônia)	52
Figura 16. Consenso estrito (dados combinados (não ambíguos), parcimônia)	53
Figura 17. Sumário das hipóteses moleculares	57
Figura 18. Um sumário das possíveis relações filogenéticas entre os gêneros de Augochlorini	61
Figura 19. Períodos de diversificação de Augochlorini	65
Figura 20. Mapa com áreas selecionadas e gêneros com distribuição inclusa nestas áreas	66
Figura 21. Mapa com os traços generalizados e nós biogeográficos para Augochlorini	67

INTRODUÇÃO

Augochlorini pertence à Halictinae, uma das sete subfamílias de Apidae, segundo a classificação de Melo & Gonçalves (2005). A tribo, que reúne quase 600 espécies descritas, é reconhecida como monofilética, conforme já sugerido por Moure (1943), verificado por Pesenko (1999, 2004) e corroborado por Danforth *et al.* (2004, 2008), sendo que os dois últimos estudos foram baseados em dados moleculares. A sua posição filogenética é conhecida: as relações entre as tribos de Halictinae seguem a seguinte topologia: (Rophitini, (Nomiini, (Nomioidini, (Halictini, Augochlorini)))) (segundo Danforth *et al.* 2004, 2008). Segundo as hipóteses correntes, Augochlorini é o grupo-irmão de Halictini, uma tribo que por sua vez consiste em um grupo muito diverso com mais de 1000 espécies descritas, com distribuição mundial, sendo dividida em quatro subtribos (Thrinchostomina, (Caenohalictina, (Sphecodina, Halictina))).

Apesar deste conhecimento sobre as relações filogenéticas em Halictinae, as relações entre os 35 gêneros de Augochlorini não são bem conhecidas. Existem algumas hipóteses na literatura, porém as mesmas são pouco robustas e em grande parte incongruentes, além de serem baseadas apenas em dados de morfologia externa. É neste contexto, que são apresentadas aqui análises filogenéticas baseadas principalmente em dados moleculares, incluindo ou não dados morfológicos. O conjunto de dados é explorado sob diferentes abordagens, inclusive com a datação das cladogêneses. Dessa forma, uma nova compreensão sobre a história evolutiva do grupo poderá ser gerada.

A tribo Augochlorini

Augochlorini apresenta 587 espécies descritas até o momento, distribuídas em 35 gêneros (Moure 2007, Tabela 1). A classificação genérica do grupo varia de acordo com o autor (Engel 2000, Michener 2007, Moure 2007), especialmente quanto ao tratamento dos subgêneros. Engel (2000) reconhece duas subtribos, Augochlorina e Corynurina, além de uma miríade de táxons, especialmente do grupo de família, que correspondem em algum grau à sua hipótese filogenética.

O grupo é conhecido dentre os Halictinae por apresentar em geral coloração metálica muito brilhante, podendo exibir tons de verde e azul com alguns reflexos vermelhos, castanhos e alaranjados; em alguns casos a coloração pode ser enegrecida, com fraco brilho metálico. Augochlorini é um elemento comum na região Neotropical. Sua diversidade é notória na porção sul da região devido à elevada riqueza relativa de gêneros, bem como pela presença comum de gêneros como *Augochlora*, *Augochloropsis* e *Neocorynura*. Conforme registro em muitos dos levantamentos da fauna das áreas de campos naturais do sul do Brasil (Gonçalves & Melo 2005), Augochlorini pode representar um dos grupos mais ricos entre as tribos de abelhas, porém, as regiões a noroeste da América do Sul, incluindo suas áreas de altitude mais elevada, podem apresentar uma fauna mais rica do que a atualmente registrada (Gonzalez & Engel 2004). Entre os registros de Augochlorini estão localidades de toda a região Neotropical, chegando a ocorrer na região Neártica (até o sul do Canadá), desde o centro sul do Chile e da Argentina (Michener 2007). A presença na região Neártica se restringe a espécies consideradas como derivadas dos gêneros *Augochlora*, *Augochlorella* e *Augochloropsis*, que podem chegar até o sul do Canadá, além de algumas *Pseudaugochlora* e *Temnosoma* que chegam ao Arizona e Texas, nos Estados Unidos. Já os demais grupos têm sua distribuição norte restrita ao centro sul do México. A distribuição ao sul está normalmente limitada ao norte da Argentina e ao sul dos países limítrofes, sendo que apenas dois gêneros, *Corynura* e *Halictillus*, estariam presentes no Chile. Examinando a topologia do cladograma de Engel (2000: Fig. 78) para Augochlorini, nota-se que as duas subtribos se sobrepõem no sudeste da América do Sul, porém Corynurina está presente na região Neotemperada

ou Neantártica e Augochlorina alcança a América Central e Região Neártica.

A história natural das espécies da tribo é marcada pela plasticidade quando comparada à de outros grupos de abelhas com riqueza comparável. As abelhas Augochlorini nidificam primariamente no solo, com algumas espécies de pelo menos quatro grupos nidificando em madeira apodrecida (*Augochlora* s.s., *Neocorynura*, *Megalopta* e *Xenochlora*; ver Tierney et al. 2008). O ninho é escavado a partir de um túnel central e as células de cria estão frequentemente associadas, formando densos agrupamentos isolados da parede do solo, por um espaço de ar, sustentados por pilares de terra (Eickwort & Sakagami 1979). Augochlorini exibe diversos graus de compartilhamento de ninhos; desde espécies solitárias a espécies primitivamente eussociais e até mesmo com significativa variação intraespecífica (Michener 2007). Polimorfismo céfálico, possivelmente associado ao comportamento social, pode ser observado em cinco gêneros, *Augochlora*, *Corynurella*, *Megalopta*, *Rhinocorynura* e *Xenochlora* (Gonçalves 2010a). Uma boa revisão de vários aspectos da história natural do grupo pode ser encontrada em Danforth & Eickwort (1997).

Augochlorini apresenta grupos cleptoparasitas, sendo eles todas as espécies de *Temnosoma*, parte das espécies de *Megalopta* [consideradas como um subgênero à parte, *M. (Noctoraptor)*] e *Megaloptina minuta*, sendo que estas três linhagens não são aparentadas, postulando-se, portanto, o surgimento independente do cleptoparasitismo ao menos três vezes (Engel 2000). No grupo ocorre certa plasticidade quanto ao horário de forrageamento. A maioria das espécies é diurna, mas alguns gêneros voam ao amanhecer, outras ao crepúsculo e algumas ainda, em dias muito nublados (*Megommation*, *Megaloptilla*) e até mesmo à noite (*Megalopta*, *Megaloptidia*), sendo que também estes grupos parecem não ser relacionados (Engel 2000).

Não existem registros inequívocos de especificidade quanto ao uso de recursos florais, porém há grupos com a glossa relativamente muito longa (*Ariphanarthra*) ou com a face alongada (espécies de *Chlerogas*, *Chlerogella*, *Ischnomelissa*). Estas características podem estar relacionadas com mecanismos de acesso a recursos em flores de corola longa (Engel 2009a), apesar de nenhuma

associação desta natureza ter sido evidenciada até o presente momento. Estes grupos têm sido coletados em espécies de plantas que não apresentam corola ou outra estrutura alongada.

Origem da tribo

Michener (1979) entendeu o padrão de distribuição dos Halictinae como resultante de diversas radiações a partir do hemisfério norte, onde estão presentes os Rophitini, bem como a partir da riqueza de representantes de outras tribos. Michener (1979) conhecia apenas *Penapis* em Rhophitini, sendo que a descoberta de mais gêneros e espécies relacionadas a este gênero, todas restritas à América do Sul, tornou a teoria de origem no hemisfério norte menos atraente, especialmente pela hipótese robusta de que os gêneros de Rophitini da América do Sul formam um grupo monofilético e irmão dos demais Rophitini (a partir de evidências de Rozen 1997, Danforth et al. 2004 e Patiny et al. 2007).

Em uma interpretação mais recente, Danforth et al. (2004) postulam uma origem gondwânica para os Halictinae e africana para Nomiini + Nomioidini + Halictini + Augochlorini. As ocupações do hemisfério norte e da América do Sul por estes grupos teriam sido eventos posteriores, ocorridos entre 70 e 55 milhões de anos, segundo a proposta de datação realizada pelos autores. Uma última hipótese leva em consideração a distinção morfológica entre as tribos, que pode ter resultado de extinções de formas intermediárias na transição Cretáceo/Terciário, o que teria também afetado os grupos especialistas das três tribos mais próximas à raiz do grupo.

O cenário de Danforth et al. (2004) pode ser considerado um pouco frágil devido à pouca resolução biogeográfica de Halictini, sobretudo da linhagem (Sphecodina + Halictina), como já apontado por Gonçalves & Melo (2010). Halictina + Sphecodina possui uma ampla distribuição e Caenohalictina possui distribuição Neotropical, ambas formando o grupo irmão de Trinchostomina, que possui distribuição na África e sudeste da Ásia. É possível que, caso Halictina tenha origens na América do Sul e visto que Augochlorini também é Neotropical, a presença de Trinchostomina no velho mundo resulte de um evento de dispersão ou expansão posterior de distribuição. Estes eventos

podem ser tão plausíveis quanto às dispersões de Augochlorini e Caenohalictina para a região Neotropical. De qualquer maneira, é com esse pano de fundo, no início da separação da América do Sul e África, que ocorreu o surgimento de Augochlorini.

Segundo Danforth et al. (2004), com base na datação dos eventos de cladogênese de Halictinae, o intervalo de diversificação das primeiras linhagens de Augochlorini seria entre 35 e 65 milhões de anos. Fósseis de Augochlorini do âmbar Dominicano, Mioceno inferior ao médio, sugerindo uma idade mínima para a tribo de 20 milhões de anos (segundo a datação de Iturralde-Vinent & MacPhee 1996) foram estudados por Engel (1995b, 1996, 1997, 2001) e Engel & Rightmyer (2000). São conhecidas seis espécies de três táxons de nível genérico, *Augochlora*, *Neocorynura* e *Oligochlora* (este gênero conhecido apenas no registro fóssil). Nenhum fóssil foi descrito para o âmbar Báltico, mais antigo, que data de cerca de 40 milhões de anos, conforme esperado, visto que não existem indícios que o grupo pudesse ocorrer fora das Américas durante o Eoceno. A própria presença de Augochlorini no Caribe hoje não é muito comum, exceto pela ocorrência alguns gêneros, como *Augochlora* (Engel 1995b, Genaro 2008, Genaro & Franz 2008). Por fim, os fósseis não são suficientes para atestar a antiguidade do grupo, visto que as espécies pertencem a gêneros entendidos como derivados e não relacionados segundo a topologia de Engel (2000).

Classificação genérica

O primeiro tratamento genérico para Augochlorini, delineando também o conceito atualmente aceito para a tribo, foi o de Eickwort (1969a). Esse trabalho apresentou uma revisão histórica dos nomes genéricos propostos até aquela data e representa uma ótima referência para se entender, em uma perspectiva histórica, a classificação do grupo até aquele momento. Eickwort (1969a, b) estudou os grupos de Halictinae da região Neotropical e endossou o reconhecimento formal de Augochlorini. Em um destes estudos, Eickwort (1969a) revisou em detalhe a morfologia do grupo, disponibilizando uma terminologia padronizada para suas estruturas, bem como

delimitando inúmeros caracteres. Eickwort (1969a) reconheceu 34 gêneros e sete subgêneros. Além disso, apresentou diagnoses e ilustrações para todos os gêneros reconhecidos e uma chave de identificação.

O segundo tratamento genérico foi proposto 30 anos depois por Engel (2000). Este autor revisou a classificação de Eickwort considerando táxons do nível genérico, inclusive grupos fósseis que haviam sido descritos nos anos 1990. Engel (2000) refez as diagnoses para todos os grupos e incluiu na chave de Eickwort os novos táxons. O esquema de Engel reconhece 30 gêneros e 11 subgêneros. Engel (2000) reconheceu diversos taxa do grupo de tribo dentro de Augochlorini, como as subtribos Augochlorina e Corynurina, baseando-se nos clados que obteve em sua análise filogenética. Estes nomes não vêm sendo empregados na literatura desde a sua proposição.

As duas classificações mais recentes para Augochlorini são as do catálogo de Moure (2007) e do livro de Michener (2007, tendo a 1^a edição sido publicada em 2000), amplamente baseadas nos dois estudos precedentes. Michener não tratou dos gêneros fósseis e reconheceu alguns gêneros como subgêneros, reduzindo a classificação a um total de 25 gêneros, mas com um aumento no numero de subgêneros (18). No Catálogo Moure foi adotada outra abordagem; reconheceram-se os gêneros fósseis e optou-se por elevar alguns subgêneros, reconhecendo 35 gêneros e nove subgêneros (Moure 2007).

A classificação adotada aqui prioriza, para efeitos de seleção de terminais para as análises, as decisões tomadas por Moure (2007) em contraposição a algumas decisões tomadas por Michener (2007), estas decisões estão listadas abaixo:

1. não reconhecimento de subgêneros de *Augochloropsis*, visto que muitos nomes estão disponíveis e não existe nenhum estudo que suporte a monofilia dos subgêneros;
2. reconhecimento de *Megommation*, *Megaloptina* e *Stilbochlora* a nível de gênero, em virtude da variação morfológica no grupo; com *Megommation minutum* sob *Megaloptina*;
3. *Neocorynurella* como gênero à parte de *Andinaugochlora* (*sensu* Michener 2000);
4. *Noctoraptor* sinonimizado sob *Megalopta*;

5. *Ceratalictus* e *Pereirapis* como gêneros à parte de *Augochlorella*.

Quanto às modificações introduzidas em trabalhos recentes (2007–presente) cabe discutir:

1. a incorporação da descrição de *Paracorynurella* (Gonçalves 2010a), que foi embasada em uma filogenia com base em dados morfológicos para a subtribo Corynurina;
2. a descrição de *Rhynchochlora* (Engel 2007) não teve embasamento filogenético e infelizmente este grupo é conhecido apenas por uma única fêmea. Suas características apontam, por similaridade, para um relacionamento com *Chlerogas*, apesar da espécie não possuir a redução no número de flagelômeros, uma das principais características diagnósticas de *Chlerogas*;
3. a proposta de sinonímia de *Andinaugochlora* e *Neocorynurella* sob *Neocorynura* (*sensu* Smith-Pardo 2005a,b) foi baseada em dados morfológicos conforme tese de doutoramento ainda não publicada (Smith-Pardo 2005b). Aqui, este grupo (*Neocorynura*, (*Neocorynurella*, *Andinaugochlora*)) é mencionado no texto como “grupo *Neocorynura*”, mas com os grupos ainda com *status* de gênero. No momento, considero os táxons descritos por Smith-Pardo (2005a) e por Smith-Pardo & Gonzalez (2009), incluídos originalmente em *Neocorynura* s.l. *sensu* Smith-Pardo (2005a,b), sob *Andinaugochlora*. Já as espécies *Andinaugochlora centralpina* e *Neocorynurella cosmetor* deveriam ser tratadas em *Neocorynura* s.s. de acordo com a topologia de Smith-Pardo (2005b). Infelizmente os dados não estão publicados, tornando a classificação do grupo confusa e irresoluta.

Tabela 1. Classificação genérica de Augochlorini adotada para a seleção dos terminais. S – número total de espécies nominais do gênero. Último tratamento sistemático exclui descrições isoladas de espécie. * gênero de espécies fósseis.

Táxon	S	Último tratamento sistemático
Subtribo Augochlorina Beebe		
<i>Andinaugochlora</i> Eickwort, 1969	13	Smith-Pardo & Gonzalez (2009)
<i>Ariphanarthra</i> Moure, 1951	1	
<i>Augochlora</i> (<i>Augochlora</i>) Smith, 1853	87	
<i>Augochlora</i> (<i>Electraugochlora</i>) Engel, 2000	1	
<i>Augochlora</i> (<i>Oxystoglossella</i>) Eickwort, 1969	26	
<i>Augochlorella</i> Sandhouse, 1937	16	Coelho (2004)
<i>Augochlorodes</i> Moure, 1958	6	Gonçalves & Melo (2008)
<i>Augochloropsis</i> Cockerell, 1897	137	
<i>Caenoaugochlora</i> (<i>Caenoaugochlora</i>) Michener, 1954	17	Gonçalves & Engel (2010)
<i>Caenoaugochlora</i> (<i>Ctenoaugochlora</i>) Eickwort, 1969	6	Engel & Gonçalves (2010) in part
<i>Ceratalictus</i> Moure, 1943	10	Coelho & Gonçalves (2010)
<i>Chlerogas</i> Vachal, 1904	11	Engel (2009b), Engel & Gonzalez (2010)
<i>Chlerogella</i> Michener, 1954	34	Engel (2009a, 2010)
<i>Chlerogelloides</i> Engel, Brooks & Yanega, 1997	2	
<i>Ischnomelissa</i> Engel, 1997	5	Brooks & Engel (2002)
<i>Megalopta</i> Smith, 1853	30	Santos & Silveira (2010), Gonzalez et al (2010)
<i>Megaloptidia</i> Cockerell, 1900	3	Engel & Brooks (1998)
<i>Megaloptilla</i> Moure & Hurd, 1987	2	Engel & Brooks (1999); Engel (2000)
<i>Megaloptina</i> Eickwort, 1969	3	
<i>Megommation</i> Moure, 1943	2	Gonçalves & Santos (2010)
<i>Micrommation</i> Moure, 1969	1	Smith-Pardo & Engel (2005)
<i>Neocorynura</i> Schrottky, 1910	76	Smith-Pardo (2010) in part
<i>Neocorynurella</i> Engel in Engel & Klein, 1997	2	
<i>Oligochlora</i> (<i>Oligochlora</i>) Engel, 1996*	3	
<i>Oligochlora</i> (<i>Soliapis</i>) Engel, 2000*	2	
<i>Paroxystoglossa</i> Moure, 1940	9	Moure (1960)
<i>Pereirapis</i> Moure, 1943	8	
<i>Pseudaugochlora</i> Michener, 1954	8	Almeida (2008)
<i>Stilbochlora</i> Engel, Brooks & Yanega, 1997	1	
<i>Rhynchochlora</i> Engel, 2007	1	
<i>Temnosoma</i> Smith, 1853	7	
<i>Thectochlora</i> Moure, 1940	5	Gonçalves & Melo (2006)
<i>Xenochlora</i> Engel, Brooks & Yanega, 1997	4	
Subtribo Corynurina Engel		
<i>Corynura</i> (<i>Corynura</i>) Spinola, 1851	18	
<i>Corynura</i> (<i>Callistochlora</i>) Michener, 1997	2	Moure (1964)
<i>Corynurella</i> Eickwort, 1969	9	Gonçalves (2010)
<i>Halictillus</i> Moure, 1947	6	Gonçalves (2010b); Gonzalez-Vaquero (2010) in part
<i>Paracorynurella</i> Gonçalves, 2010	4	Gonçalves (2010a)
<i>Rhectomia</i> Moure, 1947	3	Gonçalves (2010a)
<i>Rhinocorynura</i> Schrottky, 1909	6	Gonçalves & Melo (2010a)

Hipóteses prévias sobre o relacionamento entre os gêneros

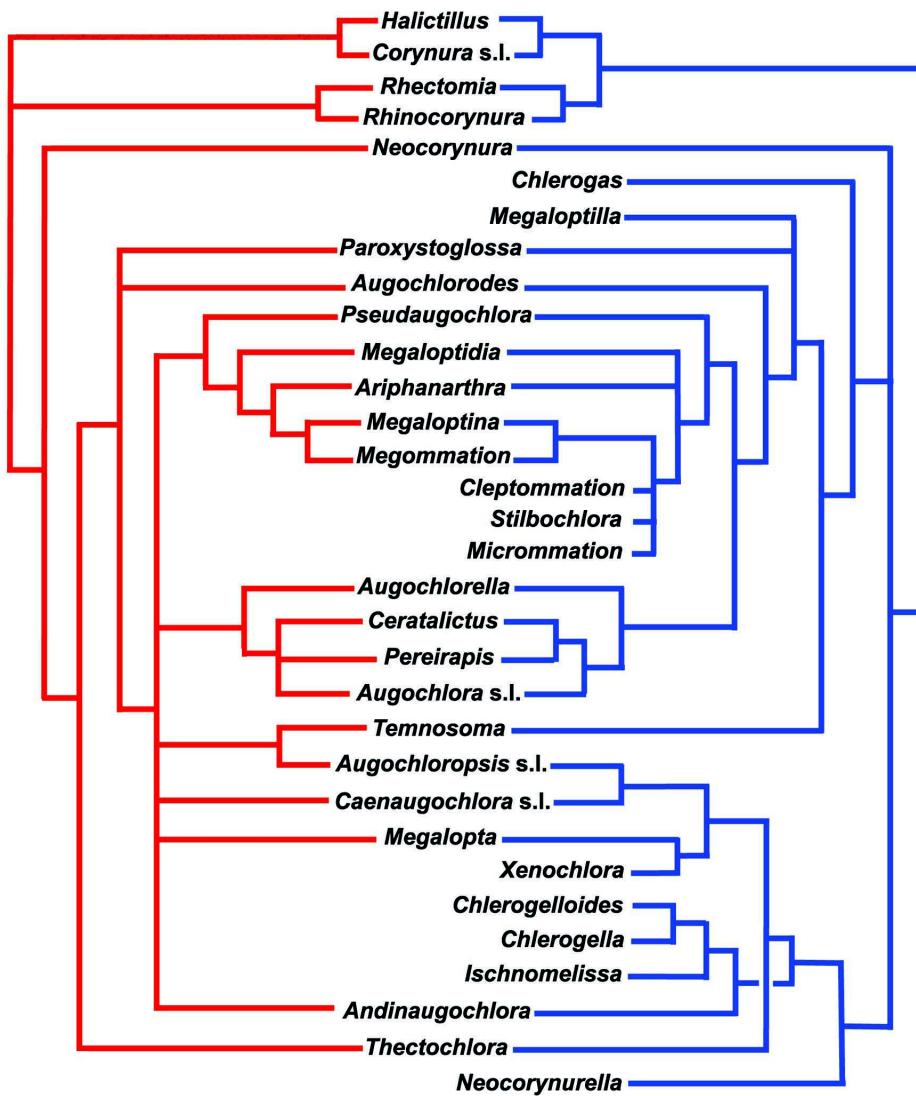
Ao contrário do conhecimento considerado robusto sobre as relações entre as tribos de Halictinae e a sobre a monofilia de Augochlorini, as hipóteses de relacionamento entre os gêneros desta tribo são controversas e, de uma maneira geral, inconclusivas. Na sua revisão, Eickwort (1969a) propôs dendrogramas para os táxons do grupo de gênero utilizando abordagens fenéticas. Foram realizadas duas análises, uma utilizando matriz de distância e outra uma matriz de correlação, tendo os resultados destas análises sido fortemente discrepantes. Naquele estudo, alguns grupos de gêneros foram sugeridos, como o caso do “grupo Augochlora” (incluindo *Augochlora*, *Augochlorella*, *Ceratalictus* e *Pereirapis*) e o “grupo Megaloptidia” (incluindo *Ariphanarthra*, *Megaloptidia*, *Megaloptina* e *Megommation*). Estes agrupamentos foram mais tarde corroborados por outros trabalhos. Os dados empregados por Eickwort (1969a) serviram de base para dois estudos cladísticos posteriores, discutidos a seguir.

Danforth & Eickwort (1997) utilizaram a matriz de caracteres gerada por Eickwort (1969a) para estudarem a origem da eussocialidade no grupo, utilizando uma abordagem cladística para a análise dos dados. As topologias resultantes das diferentes técnicas aplicadas neste estudo foram também discrepantes entre si. Danforth & Eickwort (1997) trataram os caracteres como ordenados e aplicaram metodologias há muito consideradas controversas como: pesagem sucessiva, ancestral hipotético e enraizamento no grupo interno. Algumas hipóteses de relacionamentos envolvendo um número restrito de gêneros, como os encontrados por Eickwort (1969a), foram corroborados, porém pouco se avançou na delimitação das principais linhagens do grupo. Os próprios autores indicaram o baixo índice de consistência e o baixo suporte dos ramos como indicativo da pouca robustez das análises.

Mais recentemente, um terceiro estudo filogenético foi conduzido por Engel (2000), que incluiu novos táxons que foram descritos na literatura desde então em uma nova análise cladística, mas baseou seu estudo principalmente nos caracteres delineados por Eickwort (1969a). Os resultados de Engel (2000) resolvem uma politomia basal evidenciada por Danforth & Eickwort

(1997), estabelecendo dois clados irmãos tratados como subtribos, *Corynurina* e *Augochlorina*. Contudo, os resultados de Engel (2000) são em grande parte discrepantes em relação às análises precedentes, e os primeiros eventos cladogenéticos do grupo ainda permanecem obscuros. A análise de Engel (2000) apresenta dois pontos fracos: o primeiro foi o grande número de árvores obtidas (mais de 5000), sendo que a árvore apresentada na publicação não constitui um consenso dessas árvores, nem foi obtida através da reanálise da sua matriz de dados; a segunda deficiência foi a abordagem de plano básico para os gêneros, também utilizada pelos autores precedentes. A Figura 1 ilustra o conflito das duas proposições mais recentes para relacionamentos em *Augochlorini*.

A forte incongruência entre as hipóteses geradas, aliada ao baixo poder explicativo de cada uma, impossibilita a construção de uma hipótese conciliadora que tenha resolução suficiente para poder indicar ao menos as principais linhagens dentro da tribo e sugerir algum esquema de relacionamento. Alguns gêneros permanecem sem nenhuma indicação sobre suas relações dentro da tribo, como é o caso de *Augochlorodes*, *Chlerogas*, *Paroxystoglossa*, *Megaloptilla*, *Temnosoma* e *Thectochlora*. Esta falta de resolução gerada pela inconsistência das hipóteses prévias, torna difícil até mesmo entender padrões que possam ser obtidos por meio de outras bases de dados.



Danforth & Eickwort (1997)

Engel (2000)

Figura 1. Comparação das hipóteses prévias para o relacionamento filogenético entre os gêneros de Augochlorini.

Dados moleculares e filogenias de abelhas

Dados moleculares aplicados a estudos filogenéticos de abelhas têm apresentado poder explanatório relativamente alto, tanto isoladamente quanto em combinação com dados da morfologia (Engel 2010). O acelerado crescimento da utilização do DNA em reconstruções filogenéticas em outros grupos de seres vivos (Bybee et al. 2009) vem encontrando eco no caso dos Apidae. Como um exemplo bem recente, Cardinal et al. (2010) apresentaram hipóteses filogenéticas acerca das relações entre as tribos de Apinae, apoiadas em dados moleculares. Suas análises suportam grupos que não vinham sendo reconhecidos até então com base em dados morfológicos

(Roig-Alsina & Michener 1993) e lançam nova luz sobre o estudo do grupo. Filogenias baseadas em dados moleculares existem em grande número para os Halictinae, especialmente envolvendo seus grupos maiores (Danforth et al. 2004, 2008, Patiny et al. 2007) ou gêneros (Danforth 1999, Danforth et al. 1999, 2003, Danforth & Ji 2001, Gibbs 2009a,b).

Mais interessantes têm sido os estudos que combinam dados morfológicos e moleculares; exemplos são conhecidos para diversos grupos e diferentes escopos, como para Melittinae (Michez 2009), Xeromelissini (Almeida et al. 2008), Bombina (Cameron & Williams 2003), Euglossina (Michel-Salzat et al. 2004) e Xylocopina (Leys et al. 2002). Como um exemplo mais próximo do presente grupo de estudo, Patiny et al. (2007) analisaram as relações entre os gêneros de Rhophitini, encontrando resultados que apontam para o poder explanatório relativamente alto dos dados moleculares, os quais recuperaram relações já indicadas pelos dados morfológicos, e ainda lançam luz às hipóteses complementares.

Objetivos

O objetivo principal deste estudo é realizar uma análise filogenética da tribo Augochlorini empregando dados moleculares, a fim de entender as relações filogenéticas entre os seus gêneros, além de gerar subsídios para futuras decisões sistemáticas e taxonômicas para o grupo.

Os objetivos específicos são: (1) prover pela primeira vez, uma boa amostragem de dados moleculares para os gêneros, (2) explorar este conjunto de dados sob diferentes abordagens metodológicas, inclusive a datação dos ramos, (3) re-analisar os dados morfológicos disponíveis, bem como complementar esta fonte de dados, (4) entender a contribuição relativa destas duas fontes de dados, (5) entender os padrões de distribuição do grupo.

MATERIAL E MÉTODOS

Amostragem de táxons

A Tabela 2 apresenta as espécies amostradas e utilizadas como terminais nas análises. Quanto ao grupo interno, do total de 35 gêneros reconhecidos atualmente (Tabela 1), foi possível obter dados moleculares de 27 deles, seja por meio de sequenciamentos ou pelo acesso a sequências do Genbank. Nos casos em que foram obtidas sequências originais, amostrou-se, sempre que possível, mais de um exemplar de cada gênero. Os exemplares foram coletados e aprovisionados em álcool absoluto, identificados e numerados individualmente de acordo com uma planilha de dados referente à localidade onde cada um foi coletado. Todos os *vouchers* foram depositados no Museu de Zoologia da USP.

Para dois gêneros não amostrados, os relacionamentos com outros Augochlorini já haviam sido inferidos com certo grau de confiança. *Chlerogella* assemelha-se muito a *Ischnomelissa*, sendo que, segundo Engel (2000), ambos são aparentados filogeneticamente, o que pode ter levado Michener (2007) a tratar *Ischnomelissa* sob *Chlerogella*. *Paracorynurella* mostra relacionamentos com *Rhinocorynura* e *Corynurella* segundo o estudo de Gonçalves (2010a). Quanto a *Megaloptilla*, gênero também não amostrado, este possui caracteres compartilhados com *Paroxystoglossa* e em menor grau com *Neocorynura* (Engel & Brooks 1999). Outro gênero não amostrado, *Rhynchochlora* é possivelmente uma linhagem basal de *Chlerogas* (Engel 2007), porém como este grupo é conhecido por apenas uma fêmea, sendo o único grupo não incluído nas análises.

Para o grupo externo foram selecionados representantes das demais tribos de Halictinae, com especial atenção aos Halictini, possível grupo-irmão de Augochlorini (Danforth et al. 2004, 2008, Pesenko 1999, 2004, Michener 2000, 2007). Para todas as análises, a raiz foi posicionada em espécies de Rophitini, também de acordo com hipóteses precedentes que apontam para a relação de grupo-irmão desta tribo com as demais (Danforth et al. 2004, 2008, demais referências).

Tabela 2. Terminais empregados nas análises filogenéticas. Código – abreviatura utilizada em algumas árvores. Morfologia – terminais com dados morfológicos amostrados. 28s, wingless, opsina e ef – genes amostrados, alguns com números prévios de acesso no Genbank. Localidade – locais de amostragem do material adicionado pelo presente estudo.

Táxon	Código	Morfologia	28S	WINGLESS	OPSINA	EF	Localidade
AUGOCHLORINI							
<i>Andinaugochlora micheneri</i> Eickwort, 1969	142_And_mic	X	X	X	X	X	Equador, Napo, Cosanga
<i>Ariphanarthra palpalis</i> Moure, 1951	53_Ari_pal	X	X	X			Brasil, São Paulo, Ubatuba
<i>Augochlora caerulea</i> Cockerell, 1900	113_Aug_cae		X	X	X	X	Brasil, São Paulo, Salesópolis
<i>Augochlora crfamphitrite</i>	112_Aug_amp	X	X	X	X	X	Brasil, São Paulo, Salesópolis
<i>Augochlora pura</i> Say, 1837	Aug_pur			AY455897.1	AY455897.1	AF140314	
<i>Augochlora semiramis</i> (Schrottky, 1910)	21_Aug_sem	X	X	X	X		Brasil, Paraná, Ponta Grossa
<i>Augochlora aff. repandidostris</i>	335_Aug_rep	X					Brasil, Mato Grosso, Chapada
<i>Augochlora sp.</i>	268_Aug_JIR		X	X			Brasil, Rondônia, Porto Velho
<i>Augochlorella aurata</i> Smith, 1853	248_Ala_aur	X	X		X	X	USA, Arizona, Portal
<i>Augochlorella ephyra</i> (Schrottky, 1910)	111_Ala_eph	X	X		X	X	Brasil, São Paulo, Salesópolis
<i>Augochlorella pomoniella</i> (Cockerell, 1915)	Aug_pom	X	AY654507.1	AY222572.1	AY227935.1	AF435373.1	
<i>Augochlorella uraniana</i> Smith, 1853	46_Ala_ura	X	X				Brasil, São Paulo, Nazaré Paulista
<i>Augochlorodes politus</i> Gonçalves & Melo, 2008	90_Aes_pol	X	X	X	X	X	Brasil, Paraná, Ponta Grossa
<i>Augochlorodes turifaciens</i> Moure, 1958	189_Aes_tur	X	X	X	X	X	Brasil, Paraná, Piraquara
<i>Augochloropsis cognata</i> Moure, 1944	212_Ais_cog	X	X	X	X		Brasil, São Paulo, Salesópolis
<i>Augochloropsis cupreola</i> (Cockerell, 1900)	132_Ais_cup	X	X	X	X	X	Brasil, Paraná, Piraquara
<i>Augochloropsis metallica</i> (Fabricius, 1793)	Ais_met			AY222571.1	AY227934.1	AF140315.1	
<i>Augochloropsis sparsilis</i> (Vachal, 1903)	88_Ais_sp	X	X	X	X	X	Brasil, Paraná, Piraquara
<i>Augochloropsis sp.1</i>	176_Ais_sp		X	X	X		Equador, Napo, Tena
<i>Augochloropsis sp.2</i>	331_Ais_sp4						Costa Rica, Guanacaste
<i>Caenaugochlora inermis</i> (Vachal, 1904)	190_Cae_ine	X	X	X	X	X	Mexico, Chamela
<i>Caenaugochlora quichua</i> Gonçalves & Engel, 2010	Cae_qui	X					
<i>Caenaugochlora perfectinata</i> (Michener, 1954)	Cte_per	X					
<i>Caenaugochlora sp</i>	329_Cae_sp						Costa Rica, Guanacaste
<i>Ceratalictus clonius</i> Brèthes, 1909	06_Cer_clo	X	X	X	X	X	Brasil, Santa Catarina, Pomerode
<i>Ceratalictus psoraspis</i> (Vachal, 1911)	Cer_pso	X					
<i>Chlerogas cyanea</i> Brooks & Engel, 1999	143_Chl_cya	X	X		X	X	Ecuador, Napo, Cosanga
<i>Chlerogella arhynchia</i> Engel, 2010	262_Chl_arh	X					

Tabela 2. Continuação

<i>Chlerogelloides simplex</i> Engel & Brooks, 2000	Chl_sim						
<i>Corynura patagonica</i> (Cockerell, 1919)	Cor_pat	X		AY222573.1	AY227936.1		
<i>Corynura chloris</i> (Spinola, 1851)	Cor_chl	X					
<i>Corynurella cognata</i> Gonçalves, 2010	14_Cor_cog	X	X	X	X	X	Brasil, Paraná, Almirante Tamand
<i>Halictillus loureiroi</i> Moure, 1941)	109_Hal_lou	X	X	X	X	X	Brasil, Paraná, Campo Magro
<i>Ischnomelissa lescheni</i> (Brooks & Engel, 1998)	151_Isc_les	X	X	X	X	X	Ecuador, Pichincha, Tandayapa
<i>Ischnomelissa zonata</i> Engel, 1997	145_Isc_zon	X	X	X	X	X	Ecuador, Pichincha, Tandayapa
<i>Megalopta furunculosa</i> Hinojosa-Díaz & Engel, 2003	269_Noc_fur	X	X	X	X	X	Brasil, Rondônia, Porto Velho
<i>Megalopta genalis</i> Meade- Waldo, 1916	Meg_gen	X		AY222574.1	AY227937.1	AF140316.1	
<i>Megalopta guimaraes</i> Santos & Silveira, 2010	193_Meg_gui	X	X	X	X	X	Brasil, MT, Chapada dos Guimarã
<i>Megaloptidia nocturna</i> (Friese, 1926)	260_Mia_noc	X	X			X	
<i>Megalopta byroni</i> Engel, Brooks & Yanega, 1997	Meg_byr	X					
<i>Megaloptina sp</i>	271_Mna_sp1	X	X	X	X		Brasil, Rondônia, Porto Velho
<i>Megaloptina minutula</i> Friese, 1926)	334_Mna_min	X					Brasil, Mato Grosso, Chapada
<i>Megommation insigne</i> (Smith, 1853)	30_Meg_ins	X	X	X		X	Brasil, Paraná, Guaratuba
<i>Micrommation larocai</i> Moure, 1969	87_Mic_lar	X	X	X	X	X	Brasil, Paraná, Piraquara
<i>Neocorynura aenigma</i> (Gribodo, 1894)	130_Neo_aen	X	X	X	X	X	Brasil, Paraná, Piraquara
<i>Neocorynura discolor</i> (Smith, 1879)	Neo_dis	X		AY222575.1	AY227938.1	AF140317.1	
<i>Neocorynura melamptera</i> Moure, 1943	26_Neo_mel	X	X	X	X	X	Brasil, Paraná, Antonina
<i>Neocorynura oiospermi</i> (Schrottky, 1909)	253_Neo_oio	X	X	X	X	X	Brasil, Paraná, Antonina
<i>Neocorynura sp.1</i>	177_Neo_sp1		X		X	X	Ecuador, Pichincha, Tandayapa
<i>Neocorynurella seeleyi</i> Engel & Klein, 1997	158_Nea_see	X	X	X	X	X	Ecuador, Napo, Cosanga
<i>Neocorynura sp.2</i>	159_Neo_sp2		X		X		Ecuador, Napo, Cosanga
<i>Paracorynurella betoi</i> Gonçalves, 2010	Par_bet	X					
<i>Paroxystoglossa aff</i> <i>brachycera</i>	133_Par_aff	X	X	X	X	X	Brasil, Paraná, Piraquara
<i>Paroxystoglossa barbata</i> Moure, 1960	141_Par_bar	X	X	X	X	X	Argentina, CO, Capilla del Monte
<i>Paroxystoglossa transversa</i> Moure, 1943	108_Par_tra	X	X		X	X	Brasil, São Paulo, Salesópolis
<i>Pereirapis semiaurata</i> (Spinola, 1853)	77_Per_sem	X	X		X	X	Brasil, Amazonas, Novo Airão
<i>Pseudaugochlora callaina</i> Almeida, 2008	Pse_cal	X					
<i>Pseudaugochlora aff</i> <i>pandora</i>	123_Pse_pan	X	X				Colombia, Santa Fé
<i>Pseudaugochlora simulata</i> Almeida, 2008	127_Pse_sim	X	X	X	X	X	Brasil, Santa Catarina, Pomerode

Tabela 2. Continuação

<i>Rhectomia catarina</i> Gonçalves, 2010	196_Rec_cat	X	X		X	X	Brasil, Santa Catarina
<i>Rhinocorynura briseis</i> (Smith, 1879)	01_Rhi_bri	X	X	X	X	X	Brasil, Paraná, Tijucas do Sul
<i>Rhinocorynura brunnea</i> Gonçalves & Melo	101_Rhi_bru	X	X	X	X	X	Brasil, MS, Porto Murtinho
<i>Rhinocorynura inflaticeps</i> (Ducke, 1906)	92_Rhi_inf	X	X	X	X	X	Brasil, Paraná, Ponta Grossa
<i>Rhynchochlora chlegopsis</i> Engel, 2008	Rhy_chl	X					
<i>Stilbochlora eickworti</i> (Engel, Brooks & Yaneira, 1997)	267_Sti_eic	X	X	X	X	X	Ecuador, Orellana, Yasuni
<i>Temnosoma sp.1</i>	134_Tem_sp1	X	X	X		X	Brasil, São Paulo, Salesópolis
<i>Temnosoma sp.2</i>	328_Tem_sp2	X					Brasil, Rondônia, Porto Velho
<i>Thectochlora alaris</i> (Vachal, 1904)	100_The_ala	X	X	X	X	X	Brasil, MS, Porto Murtinho
<i>Thectochlora basistrata</i> (Strand, 1910)	128_The_bas	X	X	X	X	X	Brasil, Paraná, Ponta Grossa
<i>Thectochlora brachycera</i> Gonçalves & Melo, 2006	116_The_bra	X	X	X	X	X	Brasil, MT, Tangara da Serra
<i>Xenochlora nigrofemorata</i> (Smith, 1879)	270_Xen_nig	X	X	X		X	Brasil, Rondônia, Porto Velho

RHOPHTHINI

<i>Penapis penai</i> Michener, 1965	Pen_pen		A Y654513.1	A Y222558.1	A Y227921.1	AF435401.1	
<i>Conanthalictus conanthi</i> (Cockerell, 1901)	Con_con	X	DQ072144.1	EF411185.1	EF416856.1	EF411176.1	

NOMINI

<i>Dieunomia nevadensis</i> (Cresson, 1874)	Die_nev	X	A Y654512.1	A Y222568.1	A Y227931.1	AF435396.1	
<i>Lipotriches australica</i> (Smith, 1875)	Lip_aus			A Y222567.1	A Y227930.1	AF435395.1	

NOMOIDINI

<i>Nomioides facilis</i> (Smith, 1853)	Nom_fac	X	A Y654511.1	A Y222566.1	A Y227929.1	AF435394.1	
---	---------	---	-------------	-------------	-------------	------------	--

HALICITINI

<i>Agapostemon tyleri</i> Cockerell, 1917)	Aga_tyl	X	A Y654506.1	A Y222577.1	A Y227940.1	AF140320.1	
<i>Caenohalictus mourei</i> Almeida & Laroca, 2004	194_Cae_mou		X			X	Brasil, Santa Catarina, Pomerode
<i>Caenohalictus sp.1</i>	185_Cae_sp1		X		X	X	
<i>LasioGLOSSUM zephyrum</i> (Smith, 1853)	Las_zep	X		A Y222607.1		AF264812.1	Ecuador, Pichincha, Tandayapa
<i>Mexalictus arizonicensis</i> Eickwort, 1978	Mex_ari			A Y222595.1	A Y227959.1	AF140322.1	
<i>P. ochromerus</i> (Vachal, 1904)	195_Pse_och						Brasil, Paraná, Ponta Grossa
<i>Ruizantheda proxima</i> (Spinola, 1851)	Rui_pro	X		A Y222587.1	A Y227950.1	AF435407.1	
<i>Sphecodes confertus</i> Say, 1837	Sph_con			EU203227.1		EU203258.1	
<i>Thrinchostoma torridum</i> (Smith, 1879)	Thr_tor			EU203221.1	EU203283.1	EU203252.1	

Extração de DNA

A extração de DNA foi feita seguindo protocolos adaptados de dois kits comerciais, “*Wizard Genomic DNA Purification Kit*” (Promega) e “*Dneasy Blood & Tissues Kit*” (Qiagen). Os protocolos foram testados e adaptados até gerarem material de qualidade para a amplificação. O tecido utilizado foi a musculatura de voo, obtida através da dissecação de exemplares conservados em álcool absoluto ou pernas conservadas em álcool ou secas. Seguem abaixo os protocolos com as modificações adotadas (em aspas as soluções dos *kits* originais).

Protocolo (Promega): 1. Adicionar 600 µl de “Nuclei Lysis Solution” a um tubo de 1,5 ml contendo o tecido e manter no gelo; 2. Adicionar 15 µl de Proteinase K 20mg/ml; 3. Incubar por 3 horas ou até a digestão total em um banho com 55°C; 4. Adicionar 3µl de RNase ao lisado nuclear e misturar a amostra por inversão de duas a cinco vezes; incubar em banho de 37°C por 15–30 minutos; 5. Deixar a amostra esfriar em temperatura ambiente por cinco minutos; 6. Adicionar 200µl de “Protein Precipitation Solution” e agitar formando vórtice vigorosamente em alta velocidade por 20 segundos; 7. Manter no congelador por cinco minutos; 8. Centrifugar por 10 minutos a 14.000 × g (a proteína precipitada formará uma grande massa branca); 9. Cuidadosamente remover o sobrenadante contendo o DNA (deixando apenas a massa de proteínas no tubo) e transferi-lo para um tubo de 1,5ml contendo 600µl de isopropanol; 10. Misturar a solução por inversão; 11. Centrifugar por 10 minutos a 14,000 × g (o DNA formará uma pequena massa branca) e decantar cuidadosamente o sobrenadante; 12. Adicionar 600µl de etanol 70% e inverter gentilmente o tubo diversas vezes para lavar o DNA; 13. Centrifugar por 15 minutos a 14.000 × g; 14. Cuidadosamente aspirar o etanol, cuidando para que a massa de DNA não seja aspirada; 15. Deixar o tubo secando por 60 minutos; 16. Adicionar 60µl de “DNA Rehydration Solution” e reidratar o DNA em temperatura ambiente por duas horas; 17. Guardar o DNA a -20°C.

Protocolo (Qiagen): 1. Macerar o material em um eppendorf de 1,5 ml, adicionar 180µl de “Buffer ATL” e 20µl de proteinase K; 2. Agitar em vórtice vigorosamente e deixar incubando a 56°C durante 24 horas, vortexando ocasionalmente; 3. Agitar em vórtice, adicionar 200µl de

“Buffer AL”, agitar em vórtice, adicionar 200 μ l de álcool absoluto, agitar em vórtice; 4. Pipetar a mistura para uma “mini spin column” em um tubo coletor de 2ml, centrifugar a 8000 rpm por 1 minuto, descartar o tubo coletor com seu conteúdo; 5. Colocar “mini spin column” em um tubo coletor de 2 ml, adicionar 500 μ l de “Buffer AW1”, centrifugar a 8000 rpm por 1 minuto, descartar o escoamento e tubo coletor; 6. Transferir para o “mini spin column” em um tubo coletor de 2ml, adicionar 500 μ l de “Buffer AW2”, centrifugar a 14000 rpm por 3 minutos, descartar o escoamento e tubo coletor; 7. Colocar “mini spin column” em um tubo de 1,5ml, adicionar 100 μ l de “Buffer AE”, centrifugar a 8000 rpm por 1 minuto, descartar o “mini spin column” e reservar o eluído (mistura DNA + Buffer).

Marcadores moleculares, amplificação e sequenciamento

A Tabela 3 resume as informações sobre os marcadores moleculares empregados. A escolha primária de genes nucleares é devido à sua baixa taxa de substituição em comparação a genes mitocondriais. Ainda, estes genes possuem comparativamente maior robustez na resolução, homogeneidade na taxa de variação e na simetria nas taxas das matrizes de transformações em relação aos genes mitocondriais (Lin & Danforth 2004). A busca por sítios com menor taxa de substituição baseia-se na evidência da idade do grupo apresentada na Introdução. Os genes selecionados para este trabalho pertencem a duas classes, o gene ribossomal 28S e três genes codificadores de proteína, todos eles nucleares.

A porção amplificada do gene 28S inclui os segmentos de expansão D2 e D3 integralmente, sendo os iniciadores para esta região gênica derivados do trabalho de Hancock et al. (1988), que estudou *Drosophila*. As regiões de expansão possuem taxas de mudança maiores que as demais regiões (Linares et al. 1991), especialmente com relação a outras porções do DNA ribossomal. Segundo Belshaw & Quicke (1997), ao menos a região D2 não é sensível a diferentes matrizes de custos no alinhamento. Segundo Mardulyn & Whitfield (1999), a composição de bases não apresenta um viés para A e T, não sendo portanto tão influenciadas por possíveis altas frequências

de homoplasias.

Tabela 3. Marcadores moleculares empregados nas análises filogenéticas, seus iniciadores (*primers*), sequências, temperaturas de anelamento (Tann) e referências originais sobre seus iniciadores.

Locus	Gene	Primer	Seqüência	Tann	Referência
28S rRNA	28S	Bel28S-For (D2-3665F) Mar28S-Rev (D3-4283R)	5'-AGA GAG AGT TCA AGA GTA CGT G-3' 5'-TAG TTC ACC ATC TTT CGG GTC CC -3'	48	Belshaw & Quicke (1997) Madrlyn & Whifield (1999)
EF-1 α	Fator de alongamento (EF-1 α)	HaF2For1 F2-rev1	5'-GGY AAA GGW TCC TTC AAR TAT GC-3' 5'-A ATC AGC AGC ACC TTT AGG TGG -3'	48	Danforth et al. (1999) Danforth et al. (1999)
		For4 Rev3	5'-GCY CCT GGR CAY AGA GAT TTY A - 3' 5'-TAR TCA GAC ACC TCT RRC CRT C -3'	52	Este estudo Este estudo
		Opsin-For (=LWRhFor) Opsin-Rev (=LWRhRev)	5'-AAT TGC TAT TAY GAR ACN TGG GT-3' 5'-ATA TGG AGT CCA NGC CAT RAA CCA-3'	51	Danforth et al. (2004) Danforth et al. (2004)
Wingless	Wingless	BeewgFor Lepwg2a (Rev)	5'-GGC AGC ATY CAG TCS TGY TCC TGC GA -3' 5'-ACT ICG CAR CAC CAR TGG AAT GTR CA -3'	56	Danforth et al. (1999) Danforth et al. (1999)

As sequências de DNA obtidas de regiões de genes codificadores de proteínas têm provido dados úteis para reconstruções filogenéticas para um grande número de insetos, incluindo abelhas (Ascher et al. 2001), sendo que três destes genes foram utilizados neste estudo. O gene *Wingless* (*Wg*) pertence a uma família de genes codificadores de proteína envolvidos na embriogênese animal. Os iniciadores utilizados compreendem tanto regiões de exons como de íntrons. De maneira geral, o íntron é removido das análises devido à grande variação no seu comprimento e na sua grande variabilidade que resultam em dificuldades no alinhamento (p.ex., Almeida & Danforth 2009).

A Rodopsina Verde (conhecida como *long-wavelength rhodopsin*, abreviada “ops”) pertence a uma família gênica que codifica receptores protéicos envolvidos nos primeiros passos da transmissão visual em insetos (Chang et al. 1996, Townson et al. 1998). O estudo deste gene, assim como o do Fator de Alongamento, permite resolver relações mais antigas, sendo empregado em níveis de tribo e famílias de abelhas. A porção amplificada da Rodopsina constitui-se em dois exons e dois íntrons, estes também comumente excluídos das análises como os íntrons do *Wingless*, apesar de apresentarem menor variação (Ascher et al. 2001). Aqui optou-se por manter os dois íntrons, já que as relações dentro do grupo interno são mais recentes que aquelas comumente estudadas nos estudos citados.

O Fator de Alongamento 1-alfa (EF-1a) codifica uma proteína envolvida na ligação de tRNA em um sítio ribossomal durante o processo de tradução. O EF1a tem sido amplamente utilizado na reconstrução filogenética de grandes grupos de abelhas, incluindo halictíneos, sendo em geral responsável em grande parte pelas resoluções dos clados (Danforth et al. 2004). A porção amplificada compreende parte da cópia F2 do gene e inclui um ítron. Para esta porção foi desenvolvido um novo par de iniciadores (**For4** e **Rev3**) visando melhorar os produtos de PCR para o gene (Figura 2). Este novo par gerou comparativamente mais sucesso e a maioria das sequências foram obtidas com ele. Na Figura 2 consta o mapa com os iniciadores disponíveis para o gene, incluídos os dois novos.

Fator de alongamento 1 alpha (cópia F2)

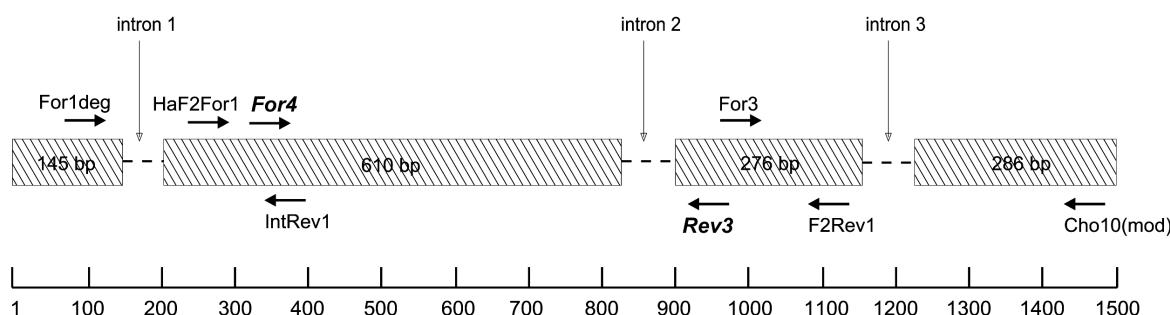


Figura 2. Mapa com as regiões do Fator de Alongamento 1 alpha comumente utilizadas em análises filogenéticas de abelhas, com indicação de *primers* disponíveis, incluindo For4 e Rev3, desenhados para o presente estudo. Modificado do original de Danforth et al. (2004).

Os iniciadores universais para o Citocromo Oxidase subunidade 1 (CO1) foram propostos por Folmer *et al.* (1994) para a amplificação de um fragmento de 710 pares de bases, testados em invertebrados; este mesmo gene é utilizado no projeto *Barcodeing Animal Life*. Para as abelhas, este gene tem sido aplicado em filogenias para espécies de um gênero (e.g. Danforth 1999), mas já foi utilizado, inclusive com desenvolvimento de iniciadores alternativos, para reconstrução filogenética dentro de uma tribo (Almeida *et al.* 2008), mostrando uma taxa comparativamente elevada de informação filogenética por número de caracteres gerados. Para o CO1, utilizando os pares de *primers* LCO e HCO, a taxa de sucesso foi baixíssima, sendo que em duas de seis amostras que

apresentavam bandas suficientemente fortes na eletroforese para serem sequenciadas (cerca de 20 ng/ul), ocorreu contaminação com *Wolbachia* e uma terceira foi considerada insatisfatória. *Wolbachia* é um gênero de a-proteobactérias comumente encontrada em artrópodes, sendo que suas taxas de infestação nos insetos podem variar de 17 a 76% (como citado por Hoy 2003). Contaminações com esta bactéria foram registradas para outras abelhas no projeto de *barcoding* de abelhas (L. Packer com. pess.).

Para todos os genes foram utilizados os seguintes reagentes e concentrações: *Promega PCR Master Mix* (mistura comercial de *Taq* DNA polimerase, dNTPs, MgCl₂ e tampões) - 12,5 µl; Primer Forward – 5 µl (5mM); Primer Reverse – 5 µl (5mM); DNA – 2,5 µl. As temperaturas e tempos de cada ciclo foram as seguintes: desnaturação inicial - 94°C – 5'; seguida de 35 ciclos de desnaturação - 94°C – 1', anelamento - 48-56°C – 1` a 1,15' e extensão - 72°C – 1'; extensão final - 64°C – 10'; preservação - 10°C – 0'. As temperaturas específicas de anelamento para cada par de *primer* constam na Tabela 3.

Os produtos de PCR foram purificados utilizando o “Promega Wizard SV Gel and PCR Clean-Up System” seguindo o seguinte protocolo modificado: 1. Adicionar volume igual de “Membrane Binding Solution” ao da amostra ao tubo de PCR amplificado; 2. Inserir a Minicoluna SV no tubo coletor; 3. Transferir o produto preparado de PCR na minicoluna; incubar em temperatura ambiente por um minuto; 4. Centrifugar a 14,000 × g por 1 minuto; descartar o conteúdo do tubo e reinserir a minicoluna; 5. Adicionar 700µl de “Membrane Wash Solution”, centrifugar a 14.000 × g por 1 minuto; descartar o conteúdo do tubo e reinserir a minicoluna; 6. Repetir o passo 5 com 500µl de “Membrane Wash Solution”, centrifugar a 14,000 × g por 5 minutos; 7. Descartar o conteúdo e centrifugar novamente por um minuto com a tampa da centrífuga aberta para permitir a evaporação total; 8. Transferir a minicoluna a um tubo de 1.5ml; 9. Adicionar 40µl de água livre de nuclease à minicoluna; incubar à temperatura ambiente por um minuto, centrifugar a 14,000 × g por 1 minuto; 10. descartar a minicoluna e guardar a amostra em – 20°C; ou utilizando o *ExoSap-IT* segundo o seguinte protocolo: 1. Adicionar 2ul a cada 5ul de

produto de PCR; 2. Conservar a 37°C durante 15'; 3. E 80°C durante 15'. As etapas de extração e purificação foram realizadas no Laboratório de Biologia Molecular do Museu de Zoologia da USP.

As amostras purificadas foram submetidas ao Setor de Sequenciamento de DNA do Centro de Estudos do Genoma Humano, Instituto de Biociências – USP. As reações de sequenciamento para cada fita foram realizadas de acordo com os protocolos para o MegaBACE 1000 e do ABI 3730 DNA Analyser (Applied Biosystems). As reações de sequenciamento são feitas utilizando o BigDye® Terminator v3.1 Cycle Sequencing Kit (código 4337456). As corridas são realizadas em capilares de 36cm utilizando o polímero POP7. As sequências foram analisadas com o software *Sequencing Analysis 5.3.1*, utilizando o *Base Caller KB*.

Alinhamento de sequências

As sequências obtidas foram examinadas no *Bioedit* (Hall 1999). Para cada amostra, a fita líder e o reverso complementar da fita reversa foram alinhados utilizando o comando *optimal global alignment* e foi então gerada uma sequência de consenso. A sequência consensual foi examinada para corrigir eventuais discrepâncias e erros de leitura das duas fitas sequenciadas. Todas as sequências individuais foram submetidas à busca de sequências similares no *Genbank* com a ferramenta *BLAST* global.

O alinhamento múltiplo é o passo em que a homologia primária, *sensu* de Pinna (1991), é determinada, sendo análogo ao processo de construção e codificação de caracteres morfológicos. Modificações no alinhamento de um mesmo banco de dados podem ter uma influência maior no resultado da análise filogenética do que métodos alternativos de inferência (Morrison & Ellis, 1997). O alinhamento geralmente utiliza como critério a maximização da soma das similaridades de todos os pares das sequências. Essa maximização é realizada de maneira progressiva, incluindo sequências ao longo do procedimento. Morrison (2009) apresenta uma interessante reflexão sobre o alinhamento múltiplo com relação à falta de contribuições teóricas e de procedimentos de alinhamento que não produzidos através da similaridade. O programa ClustalW é o mais utilizado

para o alinhamento e é considerado um passo inicial conveniente para realizar os mesmos, sendo necessário, contudo, que o alinhamento produzido seja conferido a fim de corrigir inconsistências. Apesar dessa correção em geral ser realizada manualmente (não seguindo um critério definido) é considerada por alguns autores como a mais adequada (Edgar & Batzoglou 2006), especialmente para a detecção de erros óbvios. Outras abordagens para o alinhamento são: utilizar uma árvore ou um alinhamento pré-definido para “guiar” o alinhamento; utilizar a conformação predita dos produtos dos genes; alternar algoritmos durante o alinhamento refinando-o. Alternativamente, pode-se usar o método de otimização direta dos dados, como implementado pelo programa POY, que dispensa o alinhamento das sequências.

No presente estudo foi utilizado o programa MAFFT v.6 (Katoh et al. 2009). Neste programa é possível adotar as seguintes abordagens: combinar os resultados de diferentes estratégias de alinhamento; utilizar o cálculo da consistência como critério adicional do alinhamento progressivo e utilizar o refinamento iterativo, o que torna o procedimento mais rápido e efetivo. A matriz para cada partição de dados foi submetida ao programa através do argumento para o alinhamento [linsi input.fas > output.fas].

O alinhamento dos íntrons dos genes EF-1a, opsina e *wg*, bem como o alinhamento das regiões das alças do 28S, merecem mais atenção. A remoção das sequências de íntrons para algumas análises é um procedimento usual e muito utilizado em filogenias de abelhas. O início e final de cada íntron é marcado por códons específicos de início e término de sequências. Aqui foi utilizado como ponto de partida o trabalho de Long *et al.* (1998) que reconheceu as bases AG e AG como bons indicadores do início e final dos íntrons respectivamente.

Quanto ao 28S, foram verificadas várias regiões de alças gerando muita dificuldade de alinhamento não ambíguo. Desta forma, algumas regiões são também comumente excluídas da análise (p.ex. Danforth et al. 2006; Almeida & Danforth 2009). O programa Gblocks 0.91b (Castresana 2000) foi utilizado para delimitar as porções conservadas dos genes, por meio da identificação de regiões de alinhamento demasiadamente ambíguo. Todos os parâmetros de análise

foram selecionados de modo a preservar o maior número de pares de bases originais, permitindo também a permanência de regiões com *gaps*. Este tratamento promoveu a remoção cerca de 100 pares de bases, todos de regiões com muitos *indels* e pouca fidelidade no alinhamento.

Com base nestes critérios foram delimitados dois conjuntos de dados moleculares para as análises filogenéticas, um primeiro contendo toda a porção amplificada para cada um dos quatro genes, conjunto este denominado de “dados moleculares completos” e um segundo no qual foram excluídas regiões de alinhamento ambíguo (como íntrons e outras regiões variáveis), conjunto denominado de “dados moleculares reduzidos”. Estes dois conjuntos de dados são importantes para entender a contribuição dos dados moleculares para a reconstrução das relações entre os Augochlorini. As sequências alinhadas de cada gene, assim como a matriz morfológica, foram combinadas utilizando o programa SequenceMatrix (Meier et al. 2006) ou no Winclada (Nixon 1999-2004) e exportadas para análise.

Dados morfológicos

A matriz original de Engel (2000), com 51 terminais e 84 caracteres, foi compilada a fim de servir como base para a elaboração de uma matriz revista de dados morfológicos. Foram utilizadas espécies como terminais, substituindo assim, a abordagem de plano básico de gêneros utilizada por Engel (2000) e por autores precedentes (Eickwort 1969a; Danforth & Eickwort 1997). Buscou-se utilizar ao menos duas espécies de cada táxon do nível de gênero, sendo que foi considerado prioritário examinar as mesmas espécies utilizadas para a obtenção dos dados moleculares. As seguintes coleções foram examinadas a fim de se estudar as espécies terminais, bem como a diversidade morfológica: American Museum of Natural History (AMNH), Coleção Pe. J.S.Moure, Departamento de Zoologia da Universidade Federal do Paraná (DZUP), Division of Entomology, University of Kansas (SEMC) e Museu de Zoologia da Universidade de São Paulo (MZSP). Cabe ressaltar que, com exceção de *Rhynchochlora*, gênero monotípico e conhecido apenas pelo exemplar tipo (depositado no British Museum of Natural History, BMNH), representantes de todos

os demais táxons do nível de gênero foram estudados.

Os caracteres empregados por Danforth & Eickwort (1997) foram também analisados para buscar a correspondência e a complementação dos caracteres empregados por Engel (2000). Caracteres comuns entre os utilizados na presente tese e aqueles empregados por Engel (2000) e Danforth & Eickwort (1997) encontram-se indicados por colchetes na lista de caracteres, mantendo-se sua numeração original (Anexo II). A base de dados dos dois trabalhos é comum e baseada em Eickwort (1969a), sendo que as diferenças foram, em maior parte, devido aos critérios de codificação. Entretanto, examinou-se os terminais em busca de caracteres adicionais.

Foram realizadas dissecções do aparelho de ferrão, assim como dissecções completas de exemplares de algumas espécies disponíveis, mas poucos novos caracteres puderam ser adicionados àqueles já disponíveis. Os caracteres utilizados por Pesenko (1999, 2004) para estudo da filogenia de Halictinae, foram introduzidos em uma tentativa de evidenciar as relações entre as tribos. Por fim, caracteres comportamentais foram removidos devido ao baixo número de terminais com dados disponíveis em literatura. A matriz final inclui 74 terminais e 95 caracteres, todos tratados como não ordenados ou aditivos. A lista de caracteres e dos seus respectivos estados encontra-se no Anexo II. A matriz de estados de caracteres dos terminais é apresentada no Anexo I.

Teste de incongruência da diferença de comprimento

O teste de incongruência da diferença de comprimento (ILD) foi proposto formalmente por Farris et al. (1994) e trata da diferença do números de passos (igual comprimento) da árvore obtida com dados combinados e a soma dos comprimentos das árvores obtidas com os dados de cada partição. A diferença pode ser comparada a partições ao acaso (desde que no mesmo número e tamanho em caracteres das partições originais) para gerar uma probabilidade associada e assim avaliar a hipótese nula de que os dados são congruentes. Um passo especialmente importante quando se compara partições morfológicas e moleculares através do ILD é a supressão de caracteres invariáveis devido à grande diferença no número total de caracteres entre elas, o que pode enviesar

o teste (Cunningham 1997).

O ILD é o teste mais utilizado para determinar a significância estatística da incongruência entre as partições de dados (Hipp et al. 2004), porém não mede a contribuição de cada partição (Gatesy et al. 1999) e, como observado por de Salle & Brower (1997), não serve como critério para determinar se uma dada partição deve ser ignorada ou receber um peso menor na análise, e ainda, se outros fatores que não a incongruência entre as partições podem gerar valores significativos para o ILD (Hipp et al. 2004). Apesar destas críticas, a utilização do ILD está de acordo com a abordagem condicional, pois testa se partições são homogêneas a ponto de poderem ser combinadas (Bull et al. 1993; de Queiroz et al. 1995).

O ILD foi calculado com o Nona, com auxílio da interface do Winclada, seguindo os seguintes passos: 1. todas as matrizes foram abertas no Winclada; 2. para cada matriz, os caracteres não informativos foram deletados; 3. foi executado o comando Analyze/Farris et al. Incongruence test (ILD); 4. o número de replicações foi estipulado em 1000; 5. o arquivo <.arn> foi consultado para visualizar os resultados.

Métodos filogenéticos

Frente às inúmeras possibilidades de abordagens de reconstrução filogenética com referência aos conjuntos de dados disponíveis, foram selecionadas algumas análises visando a exploração dos dados e a busca da congruência entre as hipóteses obtidas:

- (1) análise de parcimônia para os dados moleculares completos;
- (2) idem para dados moleculares reduzidos;
- (3) análise de máxima verossimilhança (modelo GTR+I+G) para os dados moleculares completos;
- (4) idem para dados moleculares reduzidos;
- (5) análises de inferência bayesiana (modelo GTR+I+G para todas as partições e modelos evolutivos diferentes para cada partição) para os dados moleculares completos, com e sem

- datação dos ramos;
- (6) ídem para dados moleculares reduzidos;
- (7) análise de parcimônia para os dados morfológicos;
- (8) análise de parcimônia para os dados moleculares completos combinados com os dados morfológicos;
- (9) análise de parcimônia para os dados moleculares reduzidos combinados com os dados morfológicos.

Para a parcimônia, as matrizes foram submetidas a buscas heurísticas no programa TNT, usando o *default* de todas as opções (*Sectorial Search, Ratchet, Drift, Tree Fusing, Xmult*), aplicando o *New Technology Search*, procurando em 1000 hits a árvore com menor número de passos. As matrizes foram ainda submetidas ao programa Winona (argumento: hold10000; mult1000; h/20; max*) e ao Paup* (argumento: hsearch addseq=random hold=20 nreps=10000 rseed=123) para conferir a possibilidade de outros programas obterem árvores mais curtas. O programa Paup* foi também utilizado para a obtenção dos suportes dos ramos (vide abaixo).

Para a análise de máxima verossimilhança, foi utilizado o programa GARLI 0.96 Beta (Zwickl 2006). A matriz concatenada foi analisada com o modelo GTR+I+G (modelo geral de reversão ao longo do tempo com taxa de variação entre os sítios *gamma*-distribuída e proporção de sítios invariáveis), visto que deve existir heterogeneidade dos dados e que neste tipo de análise cada partição não pode ter um modelo evolutivo particular. A finalização da análise ocorreu após 5.000.000 gerações (stopgen) quando nenhum escore mais alto de verossimilhança foi encontrado (“genthreshfortopoterm = 100000”). As medidas de *bootstrap* foram calculadas a partir de 1.000 replicações (bootstrapreps = 1000), com as frequências calculadas através do consenso de maioria através do Winclada.

A análise de inferência Bayesiana foi realizada através do programa MrBayes 3.1.2 (Huesenbeck & Ronquist 2005). Esta análise foi precedida pela seleção de modelos evolutivos a fim de permitir a utilização de diferentes modelos para diferentes partições. A seleção de modelos para

cada partição foi realizada com o auxílio do programa jModelTest 0.1.1 (Posada 2008), através do teste estatístico entre cada modelo, cuja verossimilhança é calculada empregando o programa Phym (Guindon & Gascuel 2003). A abordagem para a seleção do modelo envolveu a adoção do *Akaike Information Content* (AIC) e do *Bayesian Information Content* (BIC) sugerido por Posada & Buckley (2004). Para o cálculo da verossimilhança foram utilizados os esquemas JC, HKY e GTR, permitindo variação na frequência (+F) e na variação das taxas (+I+G), utilizado o *default* do jModelTest. Os modelos selecionados foram então considerados na confecção do bloco do MrBayes do arquivo Nexus.

Para a reconstrução bayesiana com datação dos ramos, a matriz de dados moleculares foi submetida ao programa Beast 1.4 (Drummond & Rambaut 2007) com os mesmos critérios empregados no MrBayes, modelo GTR+I+G aplicado aos dados completos. O modelo escolhido para o relógio molecular foi o relógio “relaxado” (log-normal não correlacionado), o qual permite a variação nas taxas de substituição em diferentes ramos da filogenia. Como *priors* foram atribuídas as idades 25 (± 5) milhões de anos para o ancestral comum imediato de *Neocorynura* e *Augochlora*, incluindo todos os seus terminais e assumindo que ambos os gêneros são monofiléticos. Este intervalo foi selecionado para incorporar a variação na estimativa da idade dos fósseis de âmbar dominicano.

O suporte particionado de Bremer (PBS; Baker & DeSalle 1997, Baker et al. 1998) provê uma medida de quanto diferentes partições de dados contribuem para o índice de decaimento (suporte de Bremer) para cada nó, dentro do contexto da análise combinada de partições. O índice parcial para cada partição de dados é determinado pela subtração do número de passos para aquela partição na árvore mais parcimoniosa, do número de passos da mesma partição na árvore mais curta sem o nó em questão. Estes índices podem ser positivos ou negativos para a partição, mas a soma deles, para um dado nó, deve ser igual ao índice geral (para os dados em conjunto), desde que as partições sejam mutuamente exclusivas e juntas contenham todos os caracteres da análise original. O suporte de Bremer e o PBS foram calculados através do programa Paup*, com o auxílio do

TreeRot.v.3 (Sorenson & Franzosa 2007). Os passos para o cálculo do suporte particionado foram os seguintes: (1) realizada uma busca pelas árvores mais parcimoniosas (AMPs) com o Paup* (os parâmetros de busca são apresentados acima), sendo salva apenas a árvore de consenso estrito; (2) executado o programa TreeRot, explicitando os arquivos de comando e de log, afirmando o cálculo do PBS, com os nomes das partições de acordo com o *block assumptions* do arquivo original do Paup*; (3) no Paup* o arquivo de comando gerado no TreeRot foi executado; (4) no TreeRot foram analisados os resultados do Paup* para gerar os valores de suporte particionado. O suporte de Bremer (BS) foi calculado da mesma maneira exceto pela opção em não indicar as partições de dados.

A visualização e edição das árvores se deram utilizando os programas Winclada para as análises de parcimônia e consensos de maioria, FigTree v.1.3.1 (Rambaut 2006-2009) para as análises de máxima verossimilhança e inferência bayesiana e para os suportes dos ramos.

Inferências biogeográficas

Registros de distribuição de todas as espécies dos gêneros de Augochlorini, exceto aqueles distribuídos amplamente na região Neotropical (*Augochlora*, *Augochlorella*, *Augochloropsis*, *Megalopta*, *Neocorynura*, *Pseudaugochlora* e *Temnosoma*) foram compilados a partir da literatura e de material proveniente das instituições visitadas. As localidades, de acordo com as etiquetas originais, foram georreferenciadas com o auxílio do *GoogleMaps*. Para se refinar o entendimento de padrões congruentes entre diferentes gêneros, foi utilizada a abordagem de análise de traços, comum à Panbiogeografia (p. ex. Craw et al. 1999). Para cada gênero, os registros geográficos foram unidos pela distância geográfica mínima para compor os traços individuais. Em um segundo momento, os traços individuais congruentes foram somados a fim de determinar os traços generalizados e estes últimos utilizados para determinar os nós. Para atribuir as distribuições dos gêneros de Augochlorini aos componentes biogeográficos, foi utilizado, em um primeiro momento, o esquema biogeográfico e a nomenclatura de áreas de Amorim & Pires (1996), observando

algumas modificações introduzidas por Camargo & Pedro (2003). Com as distribuições concordantes dos gêneros, as mesmas utilizadas para os traços, os limites das áreas relevantes foram ajustados a fim de delimitar as áreas de distribuição para os Augochlorini. Com estes dados aliados às hipóteses filogenéticas e datações dos ramos, foram tecidas inferências sobre a biogeografia do grupo, as quais são apresentadas a medida em que se discute a evolução de cada linhagem de Augochlorini.

Abreviaturas e termos

Ao longo do texto algumas abreviaturas e termos especiais são utilizados consistentemente para facilitar a leitura, e estão listadas abaixo:

28s, 28s_blocos – gene 28S, gene 28S processado pelo Gblocks.

AnMa – área de distribuição geográfica no centro dos Andes e na América Central

BS, EPBS, HPBS, PBS – suporte de Bremer, somatória do suporte particionado de Bremer, suporte oculto de Bremer, suporte particionado de Bremer.

clado a - *Augochlorodes, Augochloropsis*, o gr. *Megaloptidia* e *Pseudaugochlora*

clado b – *Chlerogas*, gr. *Neocorynura*, *Paroxystoglossa*, *Temnosoma*

clado c - *Caenaugochlora*, gr. *Augochlora*, *Megalopta* s.l. e *Thectochlora*

clado abc – clado a + clado b + clado c

ILD – teste de incongruência da diferença do comprimento

dados moleculares completos – dados moleculares incluindo regiões de alinhamento ambíguo, alças do 28S e íntrons dos demais genes

dados moleculares reduzidos – dados moleculares excluindo regiões citadas acima

ef, ef_exon – Fator de Alongamento 1-alpha, éxon do Fator de Alongamento 1-alpha

ops, ops_exon – Rodopsina Verde, éxons da Rodopsina Verde

NWAm – noroeste da Amazônia, **SE** – sudeste da Região Neotropical

wg, wg_exon – *wingless*, éxon do *wingless*

RESULTADOS

Dados moleculares

Os quatro genes estudados foram amplificados com sucesso para um grande número de terminais (Tabela 2). Em particular, a amplificação do 28S foi a mais bem sucedida, com sequências disponíveis em todos os casos de extrações positivas. Quanto às sequências disponíveis no *GenBank* ocorreu o inverso, para os táxons analisados existem menos sequências de 28S depositadas do que dos demais genes, tornando assim a amostragem homogênea em número absoluto de terminais para cada partição molecular (Tabela 4).

Tabela 4. Visão geral dos dados empregados no presente estudo. Informação – número máximo menos número mínimo de passos; Total – dados moleculares e morfológicos combinados; 28s_blocos e Molecular_2 – removidas regiões ambíguas, ef_exon, ops_exon e wg_exon – removidos íntrons.

Táxons	Número de caracteres	Caracteres informativos	Informação	Informação/Número de caracteres
28s	63	801	265	1936
28s_blocos	63	614	206	1476
ef	68	610	178	1543
ef_exon	68	485	131	1051
ops	60	725	285	2085
ops_exon	60	470	159	1283
wg	64	907	203	1268
wg_exon	64	632	126	767
Molecular	76	3043	931	6832
Molecular_2	76	2201	622	4577
Morfologia	74	93	86	524
Total	87	3136	1011	7299
Total_2	87	2294	708	5101

O número médio de caracteres por gene ficou em 760, mas o número por partição variou na ordem de 300 pares de bases (Tabela 4). A razão da informação (medida pelo número máximo menos o número mínimo de passos para uma dada matriz) pelo número de caracteres (como calculado por Almeida & Danforth 2009), foi homogênea entre todas as partições, exceto pela baixa razão encontrada para o *wingless*, o que poderia indicar uma baixa informação neste loco. A remoção de regiões ambíguas reduziu o número de caracteres totais e informativos, mas diminuiu

relativamente menos na razão entre informação e caracteres, deixando os dados ainda comparáveis em número absoluto. Ainda, seguindo esta métrica, os dados moleculares apresentaram pouca informação quando comparados aos dados morfológicos.

As frequências de cada nucleotídeo para cada gene são apresentadas na Figura 3. Os genes Fator de Alongamento e *wingless* apresentaram as maiores diferenças nas composições das bases, o primeiro com um viés A-T e o segundo com um viés G-C. As frequências para as regiões não ambíguas se mantiveram semelhantes para todos os genes, com suaves diferenças nas frequências de algumas bases.

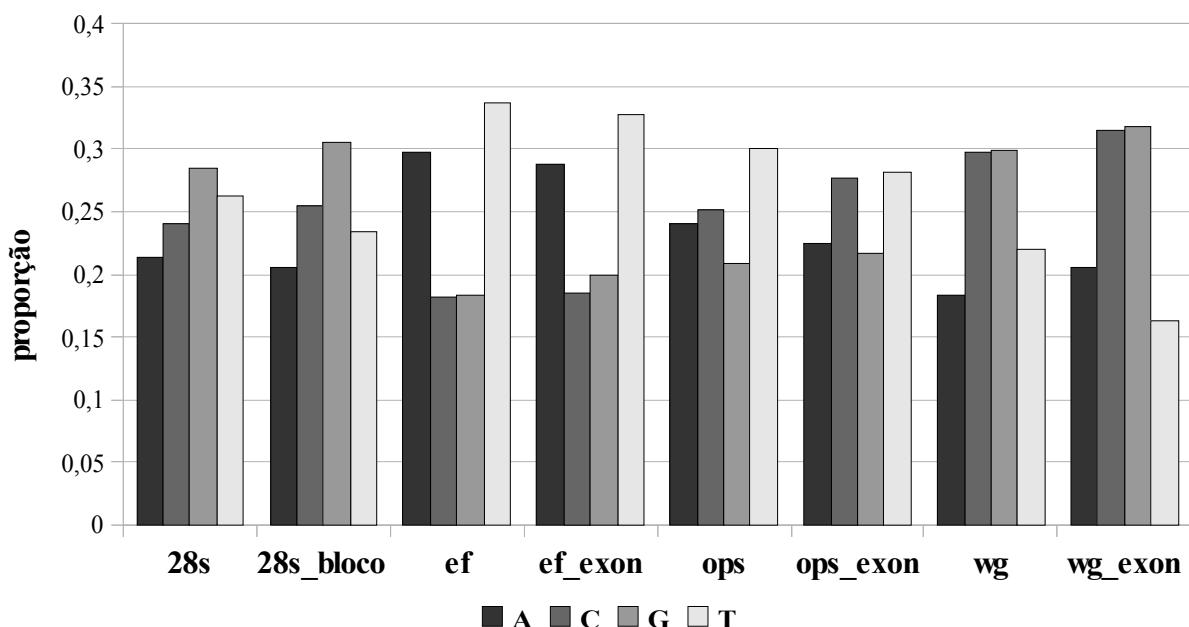


Figura 3. Frequências relativas das bases de nucleotídeos para cada um dos locos deste estudo, incluindo ou não regiões de alinhamento ambíguo.

A Figura 4 apresenta o parâmetro alfa da distribuição gama, que serve como aproximação do quanto as taxas de substituição são variáveis dentro de cada gene, sendo que seu valor é inversamente proporcional à variação (Lin & Danforth 2004). Segundo este parâmetro, 28S e Rodopsina apresentam taxas mais homogêneas de variação entre seus sítios, enquanto o Fator de Alongamento e, sobretudo, o *wingless*, apresentam taxas mais heterogêneas. Quando excluídas regiões de alinhamento ambíguo, todos os genes mostraram um aumento na heterogeneidade das taxas de substituição, sendo que o gene que apresentou maior modificação para este parâmetro foi a Rodopsina, levando a um aumento na heterogeneidade dos dados.

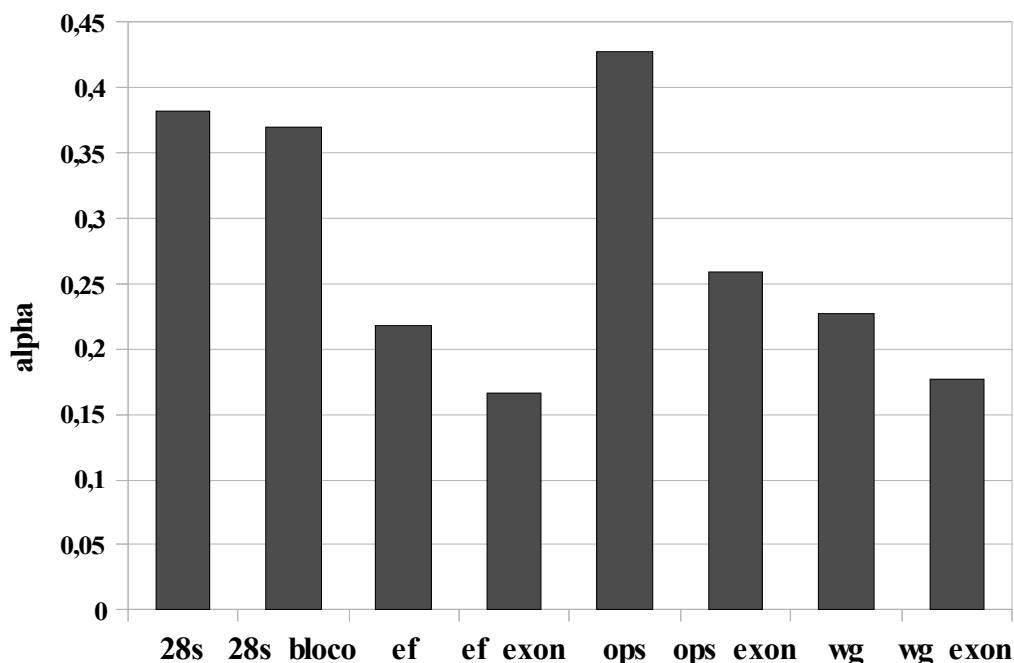


Figura 4. Parâmetro alfa da distribuição gama das taxas calculado para cada um dos locos deste estudo, incluindo ou não regiões de alinhamento ambíguo.

Os testes de incongruência de comprimento (ILD) realizados para cada par de partições moleculares apresentaram resultados significantes estatisticamente para todos os casos ($p<0,01$), indicando que todas as partições moleculares são incongruentes entre si. De maneira similar, esta incongruência foi também verificada quando testado o conjunto de dados moleculares e morfológicos.

Os modelos evolutivos selecionados para cada partição de dados, de acordo com cada tipo de teste empregado, estão discriminados na Tabela 5. Nota-se que examinando um maior número de modelos (11 esquemas), foram selecionados modelos evolutivos mais complexos. Assim, em grande parte dos casos, os modelos foram diferentes quando estimados para 3 e para 11 esquemas de substituição. O tipo de teste foi também importante, porém em menor parte quando selecionado um menor número de modelos. Entretanto, foi possível perceber que o AIC mostrou tendência de selecionar modelos mais simples (como citado por Posada 2003).

Quando comparadas partições com ou sem regiões de alinhamento ambíguo, os testes apresentaram certa discrepância, sobretudo no teste de mais esquemas de substituição (11).

Tabela 5. Modelos evolutivos selecionados para cada partição de dados, incluindo ou não regiões de alinhamento ambíguo. Modelos testados conforme 3 e 11 esquemas de substituição de nucleotídeos. Em itálico modelos selecionados mais de uma vez para cada gene. AIC – alkaike information content, BIC – bayesian information content.

Gene	Teste	Modelo selecionado (3)	Modelo selecionado (11)
28s	AIC	GTR+G	TVM+I+G
	BIC	<i>SYM+G</i>	TVMef+G
28s_blocos	AIC	<i>GTR+I+G</i>	GTR+I+G
	BIC	<i>GTR+I+G</i>	TVM+I+G
ef	AIC	<i>HKY+G</i>	TPM3uf+G
	BIC	<i>HKY+G</i>	HKY+G
ef_exon	AIC	<i>HKY+I+G</i>	HKY+I+G
	BIC	<i>HKY+I+G</i>	HKY+I+G
ops	AIC	<i>HKY+G</i>	TPM1uf+G
	BIC	<i>HKY+G</i>	HKY+G
ops_exon	AIC	SYM+I+G	TrNef+I+G
	BIC	<i>K80+I+G</i>	TrNef+I+G
wg	AIC	GTR+G	TIM3+G
	BIC	<i>HKY+G</i>	TrN+G
wg_exon	AIC	<i>GTR+G</i>	GTR+G
	BIC	<i>GTR+G</i>	TIM3+G
Combinados	AIC	<i>GTR+G</i>	<i>GTR+G</i>
	BIC	<i>GTR+G</i>	TIM3ef+G
Combinados 2	AIC	<i>GTR+I+G</i>	GTR+I+G
	BIC	<i>GTR+I+G</i>	TIM3ef+I+G

Para a utilização nas reconstruções filogenéticas com modelos particionados, foram selecionados os modelos marcados na Tabela 5 em negrito e itálico. Estes modelos foram muito convergentes entre os conjuntos de dados, com a indicação de modelos HKY e GTR como mais apropriados na maior parte dos casos. Quando dois modelos diferentes foram selecionados para cada partição, optou-se por utilizar o modelo com o menor número de premissas. Por exemplo, no caso do éxon da Rodopsina (ops_exon) foi adotado o modelo K80+I+G por ter por premissa dois custos de substituição, enquanto o modelo SYM+I+G tem por premissas seis custos diferentes de substituição. Assim, o modelo com o menor número de premissas, K80+I+G, foi utilizado para a inferência Bayesiana.

No caso dos dados moleculares combinados, foi utilizado em ambos os casos o modelo GTR+I+G, a fim de permitir a comparação entre as bases de dados nas reconstruções de máxima verossimilhança e inferência bayesiana.

Análises moleculares

Para a análise de **parcimônia** da matriz de dados moleculares, todos os programas utilizados convergiram quanto ao resultado de suas buscas, gerando 216 árvores com 4634 passos cada, cujo consenso estrito encontra-se na Figura 5. Dentre os resultados congruentes com hipóteses precedentes, destacam-se a monofilia de Augochlorini e a sua posição com relação aos demais Halictinae. Outros resultados esperados foram: a monofilia do grupo *Augochlora* e do grupo *Rhinocorynura*; a relação de grupo-irmão de *Megalopta* s.l. + *Xenochlora*; e a posição de *Andinaugochlora* e *Neocorynurella* próximos a *Neocorynura* (o grupo Neocorynura).

Foi evidenciada uma tricotomia na base de Augochlorini que envolve *Ischnomelissa*, o grupo *Corynura* e o restante dos terminais da tribo. Esta tricotomia juntamente com a relação do grupo *Rhinocorynura* com os demais Augochlorini é conflitante com o reconhecimento das subtribos Augochlorina e Corynurina (*sensu* Engel 2000) como linhagens naturais. Quanto ao restante dos terminais, formam-se três grandes agrupamentos, relacionados na Figura 3 como a, b e c. O **Clado a** apresenta uma politomia envolvendo *Augochlorodes*, *Augochloropsis*, o grupo *Megaloptidia* e *Pseudaugochlora*. Neste clado, o grupo *Megaloptidia* surge como parafilético, visto que *Stilbochlora* é relacionada com *Pseudaugochlora* segundo esta análise. O grupo **b** é composto pelo grupo *Neocorynura* e gêneros afins e o **Clado c** composto pelo grupo *Augochlora* e gêneros afins. Estes dois últimos agrupamentos estão relacionados entre si e com *Paroxystoglossa* em uma tricotomia. Nesta topologia o agrupamento **b** está sinalizado entre aspas, visto que *Paroxystoglossa* pode ser mais proximamente relacionada a *Neocorynura* e gêneros afins (vide análises seguintes).

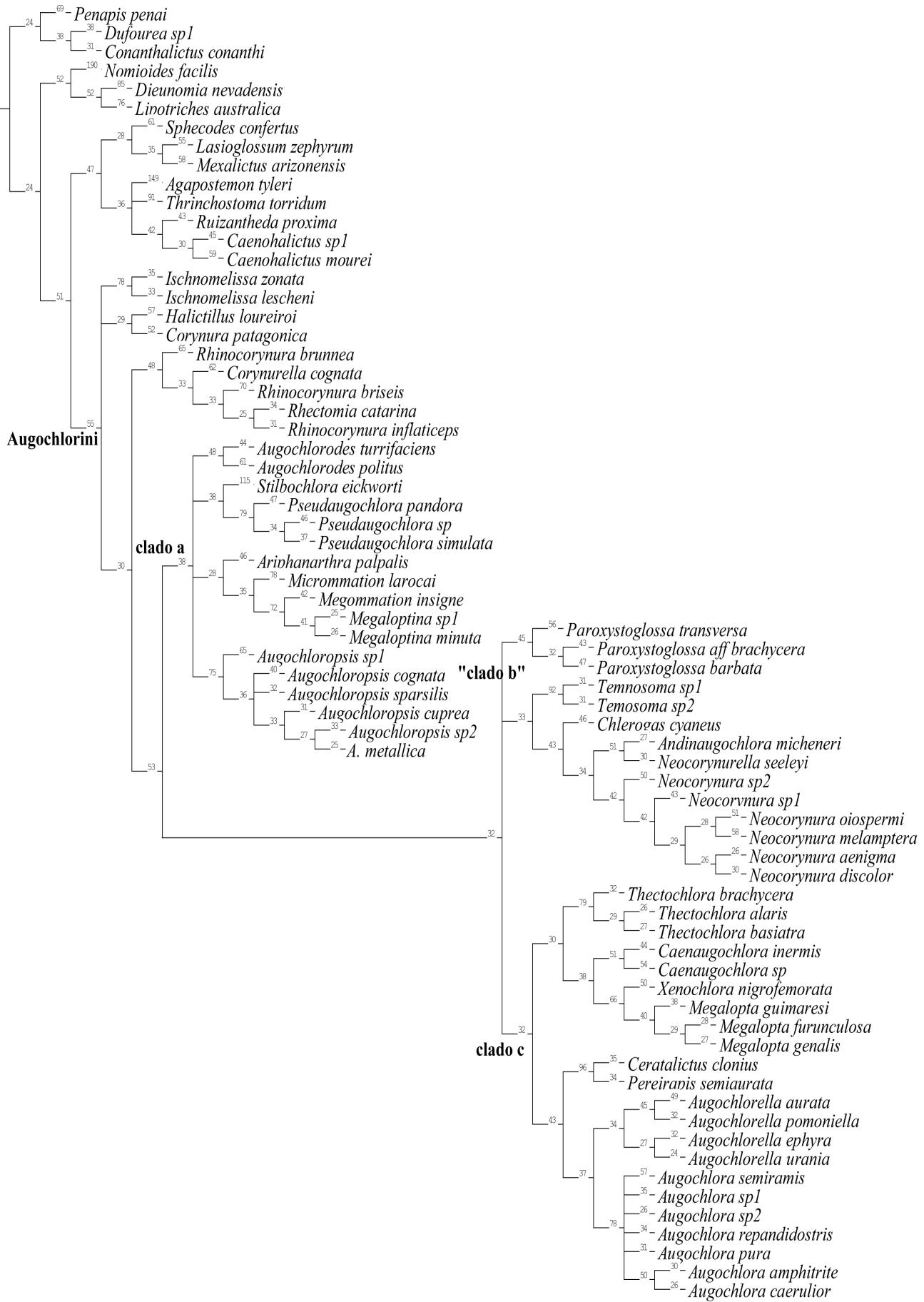


Figura 5. Consenso estrito (dados moleculares completos, parcimônia), números nos ramos indicam seu comprimentos absolutos (= número de passos).

Quando removidas as regiões ambíguas do 28S e os íntrons dos demais genes foram encontradas 36 árvores de 3000 passos cada, cujo consenso está representado na Figura 6. A topologia é diferente da análise precedente em dois pontos principais. *Ischnomelissa* ocupa uma posição de grupo-irmão com o restante dos representantes de Augochlorini, mas Corynurina é ainda parafilética em relação ao restante dos gêneros, como na análise precedente. Outra diferença importante é a resolução diferente entre os três grandes clados de Augochlorini definidos anteriormente. Foi recuperada uma relação mais próxima entre os clados que contém os grupos *Megaloptidia* e *Augochlora* (**Clados a e c**) do que com o clado que contém o grupo *Neocorynura* (**Clado b**). Quanto às semelhanças entre os dois conjuntos de dados, a resolução do **Clado c** e do **Clado b** é muito semelhante e a baixa definição entre os membros do **Clado c** é mantida.

A Tabela 6 apresenta um sumário dos valores de suporte de Bremer para as duas hipóteses obtidas (dados moleculares completos e reduzidos). Árvores com os valores individuais constam nas Figuras A1–A10 (Anexo III). Para cada conjuntos de dados, os valores de suporte particionado foram baixos para o suporte dos seus respectivos clados (a+c ou b+c).

Tabela 6. Valores de suporte de ramos (particionado, somatória do particionado, EPBS, suporte total, BS, e suporte oculto, HPBS) para clados selecionados, incluindo ou não seqüências de alinhamento ambíguo. TMC – clado *Thectochlora*, *Megalopta* e *Caenaugochlora*. MC – clado *Megalopta*, *Caenaugochlora*. Em negrito valores contrastantes entre as hipóteses abc e bac.

	Dados moleculares completos							Dados moleculares reduzidos						
	28s	ef	ops	wg	EPBS	BS	HPBS	28s	ef	ops	wg	EPBS	BS	HPBS
Augochlorini	0	5	1.5	10.5	17	14	3	-0.67	3.63	-0.35	9.38	11.99	14	-2.01
Ischnomelissa basal								-0.66	0.66	-0.34	1.34	1	1	0
Corynura basal	0	-1	2.5	-1.5	0	0	0							
Rhinocorynura + demais	-0.63	-1.75	2	1.37	1	1	0	-1.18	0.17	2.27	0.75	2	2	0
(Clado a, Clado b, Clado c)	-0.03	-2.32	0.31	9.84	7.8	8	0	7.98	0.29	1.97	0.76	11	9	2
(Clado a Clado c)								-1.49	0.5	-1.01	3	1	1	0
(Clado b Clado c)	0.06	-2.32	2.57	0.68	1	1	0							
Clado a	-2.09	1.43	1.91	0.75	2	2	0	0.72	3.08	-0.1	-0.69	3	3	0
Clado b								-0.74	0.07	0.8	1.87	2	2	0
Clado c	0.47	0.66	3.64	-2.46	2.31	1	1.3	2.33	-1.33	0.33	0.67	2	2	0
grupo Neocorynura	10	-3.5	6.92	-4.25	9.17	6	3	5.32	-0.31	-1.32	1.31	5.31	5	0.31
TMC	3.99	-3.49	4.75	-4.25	1	1	0							
MC	4	-3.5	4.75	-4.25	1	1	0	2.01	-1.67	2.33	-0.67	2	2	0
grupo Augochlora	-0.01	-0.99	-2.49	11.5	8	8	0	6.02	-1.98	-1.56	1.51	4	4	0

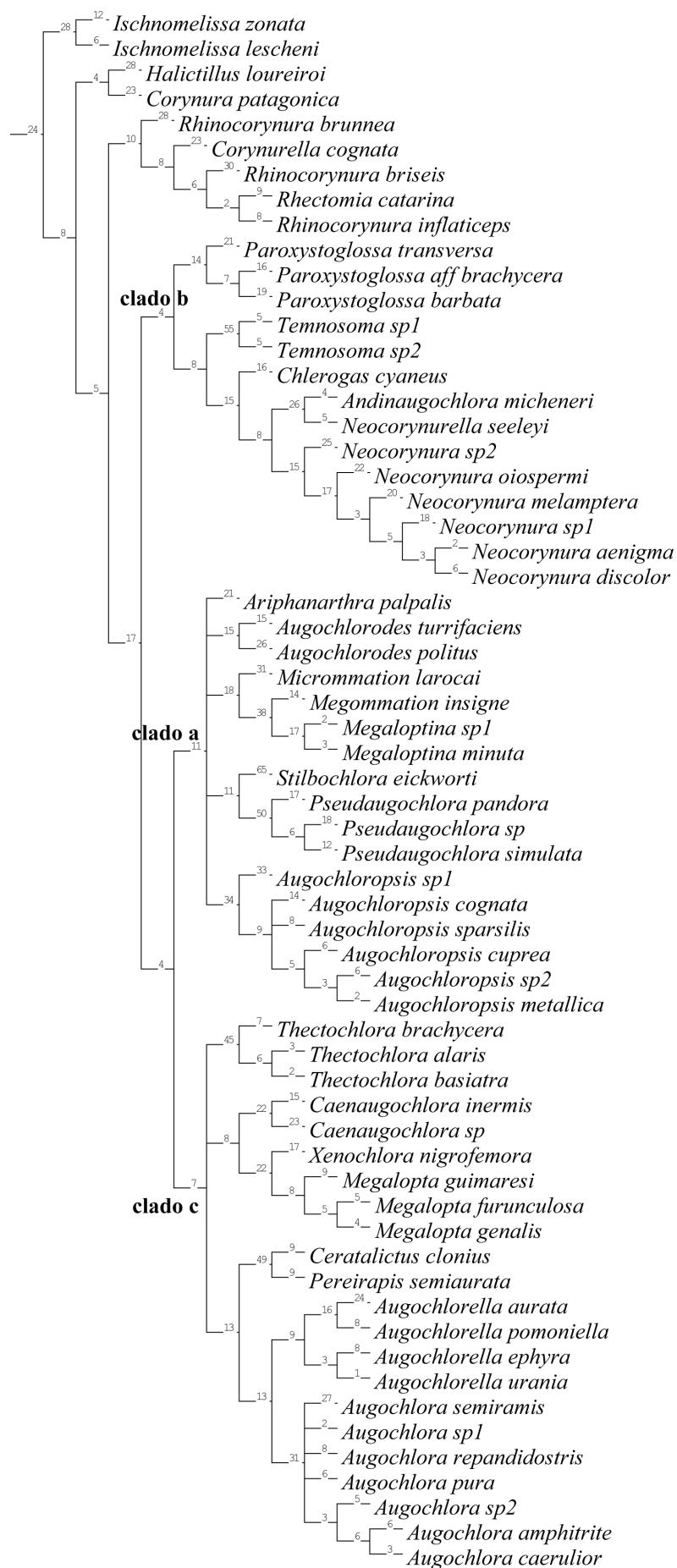


Figura 6. Consenso estrito (dados moleculares reduzidos, parcimônia), números nos ramos indicam seu comprimentos absolutos. Grupo externo não mostrado (mesma topologia da figura anterior).

A Figura 7 apresenta a hipótese obtida pela **máxima verossimilhança** ($\ln L = -26968.5094$) a partir da análise do conjunto completo dos dados moleculares. A árvore resultante apresenta grande semelhança, quanto à sua topologia, com aquela obtida através da parcimônia com a mesma base de dados, recuperando os três grandes clados e suas inter-relações (**Clado a, (Clado b, Clado c)**). Diferentemente da hipótese derivada da parcimônia, não foi evidenciada a politomia entre o grupo *Corynura*, *Ischnomelissa* e os demais Augochlorini. Porém, na presente análise, o grupo *Corynura* aparece como parafilético em relação ao restante dos Augochlorini. Quanto ao **Clado b**, a posição de *Paroxystoglossa* aparece resolvida, sendo o gênero grupo-irmão dos demais terminais (Fig. 6).

Quando foram analisados os dados moleculares excluindo regiões de alinhamento ambíguo (Figura 8, $\ln L = -18706.85462$), a hipótese encontrada foi semelhante à hipótese obtida pela análise de parcimônia sobre os mesmos dados. A resolução entre os três grandes grupos de Augochlorini é a mesma daquela encontrada com este conjunto de dados quando analisado através do critério da parcimônia ((**Clado b, (Clado c, Clado a)**)). Contudo, como na máxima verossimilhança dos dados completos, o grupo *Corynura* surge como parafilético em relação aos demais Augochlorini.

Comparando os valores de *bootstrap* entre as duas hipóteses de máxima verossimilhança, aquela realizada sobre a matriz de dados moleculares completos teve maiores valores nos seus principais ramos, sobretudo aqueles atrelados à resolução dos **Clados a, b e c**, em comparação àquela realizada com os dados moleculares reduzidos.



Figura 7. Consenso de maioria (dados moleculares completos, máxima verossimilhança). Números nos ramos referem-se aos valores de bootstrap.



Figura 8. Consenso de maioria (dados moleculares reduzidos, máxima verossimilhança). Números nos ramos referem-se aos valores de bootstrap.

Os resultados das **análises bayesianas** estão nas Figuras 9 a 12. As diferenças mais notáveis entre os resultados foram em função dos dois conjuntos de dados empregados, de maneira similar aos resultados de parcimônia e máxima verossimilhança. Quando diferentes modelos foram aplicados aos dados, poucas diferenças entre as topologias foram evidenciadas.

As Figuras 9 e 10 apresentam as análises referentes aos dados moleculares completos, utilizando os modelos comum e particionado, respectivamente. Ambas as hipóteses são bastante semelhantes entre si e com a máxima verossimilhança aplicada ao mesmo conjunto de dados (Figura 7), por exemplo, recuperando o grupo *Corynura* como parafilético em relação aos demais Augochlorini e as mesmas relações entre os três maiores clados (**Clado a (Clado b, Clado c)**). Nos dois casos os valores das probabilidades posteriores, indicadas nas figuras, o suporte aos três clados e na relação **Clado b+c** ficaram acima de 99% (Figs. 9 e 10).

Quando analisados os dados moleculares reduzidos (Figuras 11 e 12), as topologias também são semelhantes entre si e com a análise de máxima verossimilhança (Figura 8), refletindo novamente a hipótese (**Clado b (Clado a, Clado c)**). Porém, quando aplicado o modelo evolutivo GTR+I+G para todas as partições dos dados moleculares reduzidos, foi evidenciada uma relação de *Thectochlora* com o grupo *Augochlora*, e não com os gêneros *Caenaugochlora*, *Megalopta* e *Xenochlora*. O valor das probabilidades posteriores no **Clado a+c** foi baixa nas duas hipóteses (0,63 e 0,76). Valores mais baixos do que aqueles obtidos nas análises dos dados completos foram também encontrados em outros clados, inclusive naqueles que envolveram *Thectochlora*.

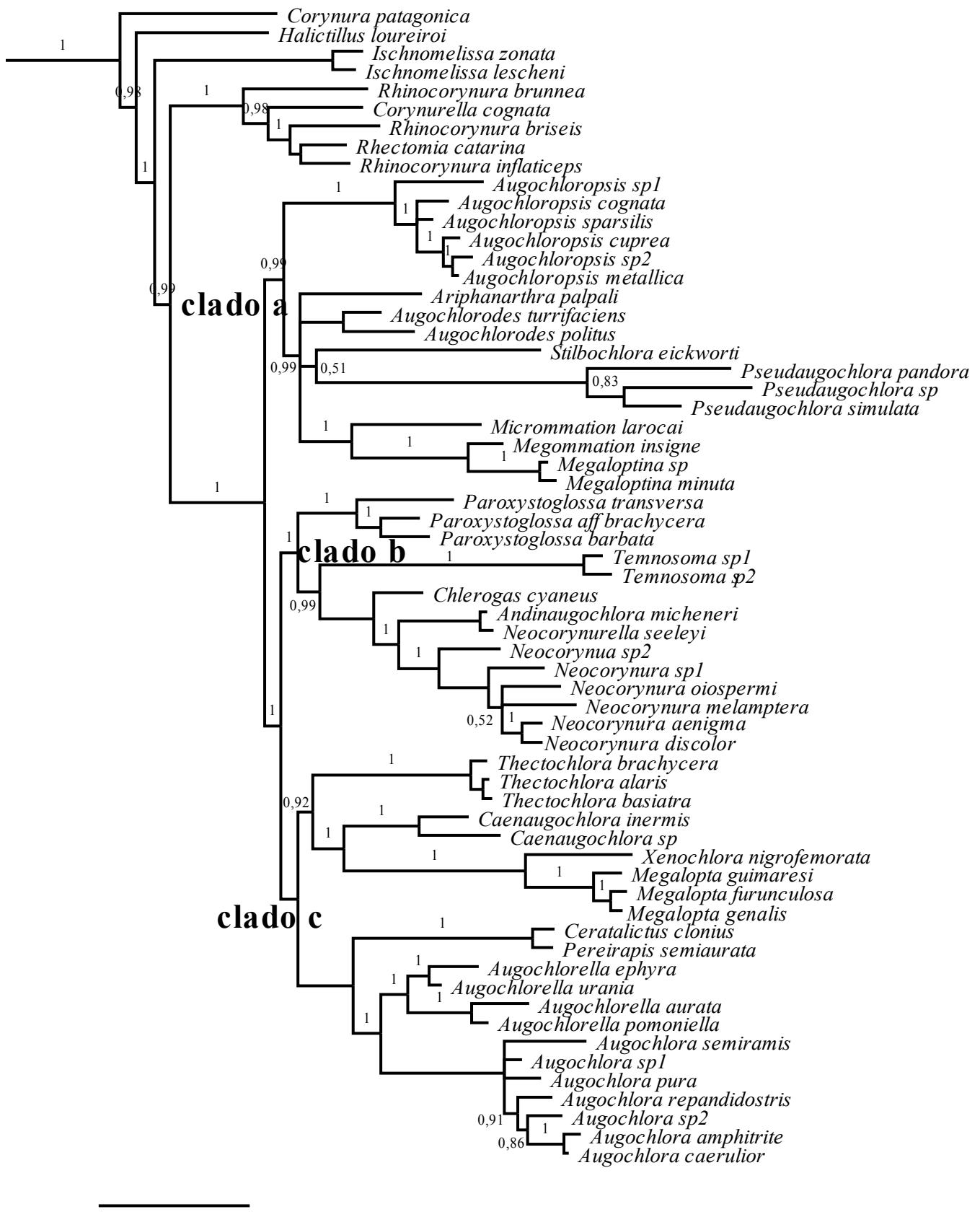


Figura 9. Consenso de maioria (dados moleculares completos, inferência Bayesiana, modelo GTR+I+G). Números nos ramos referem-se às probabilidades posteriores..

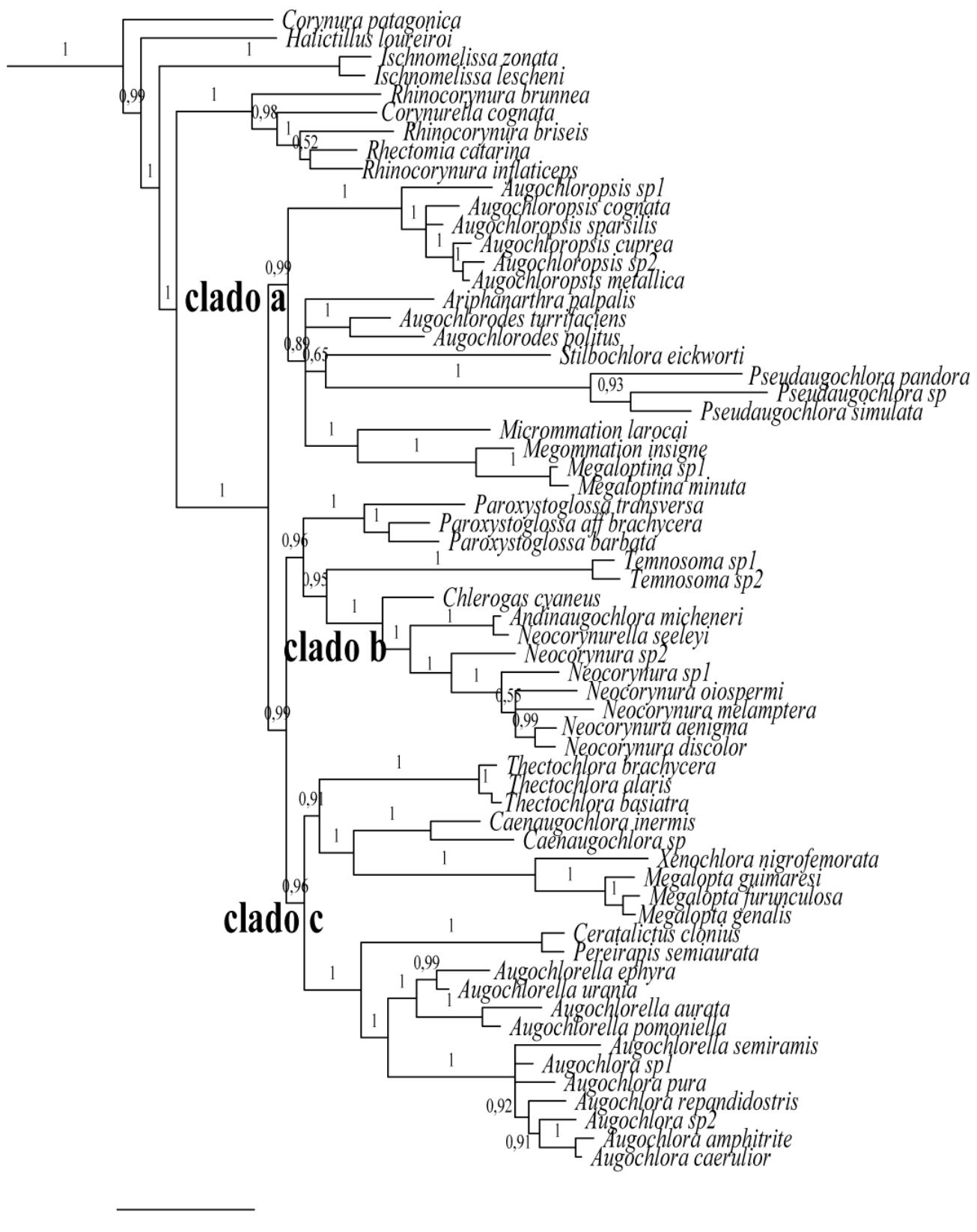


Figura 10. Consenso de maioria (dados moleculares completos, inferência Bayesiana, modelo particionado). Números nos ramos referem-se às probabilidades posteriores.

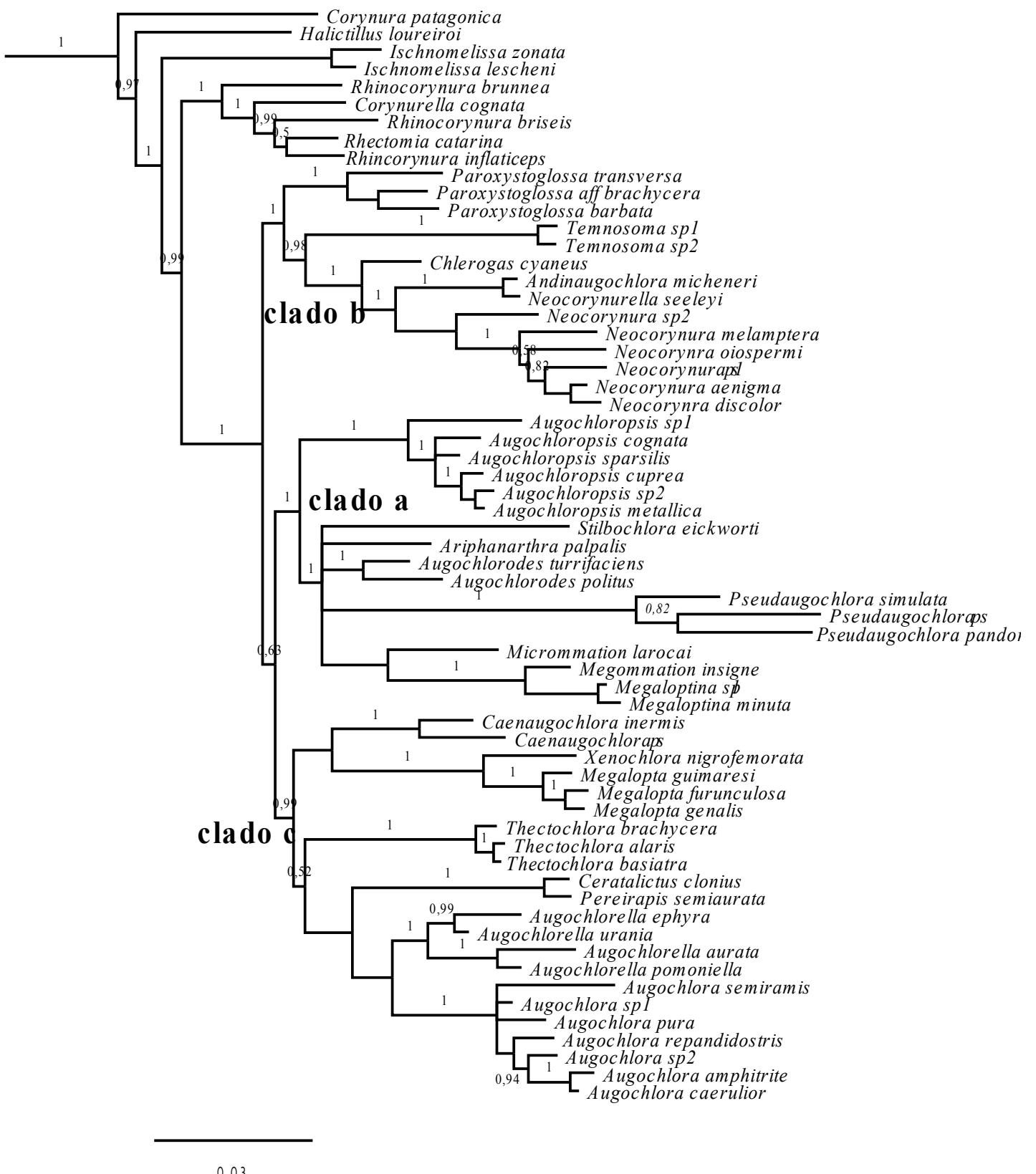


Figura 11. Consenso de maioria (dados moleculares reduzidos, inferência Bayesiana, modelo GTR+I+G). Números nos ramos referem-se a probabilidade posterior.

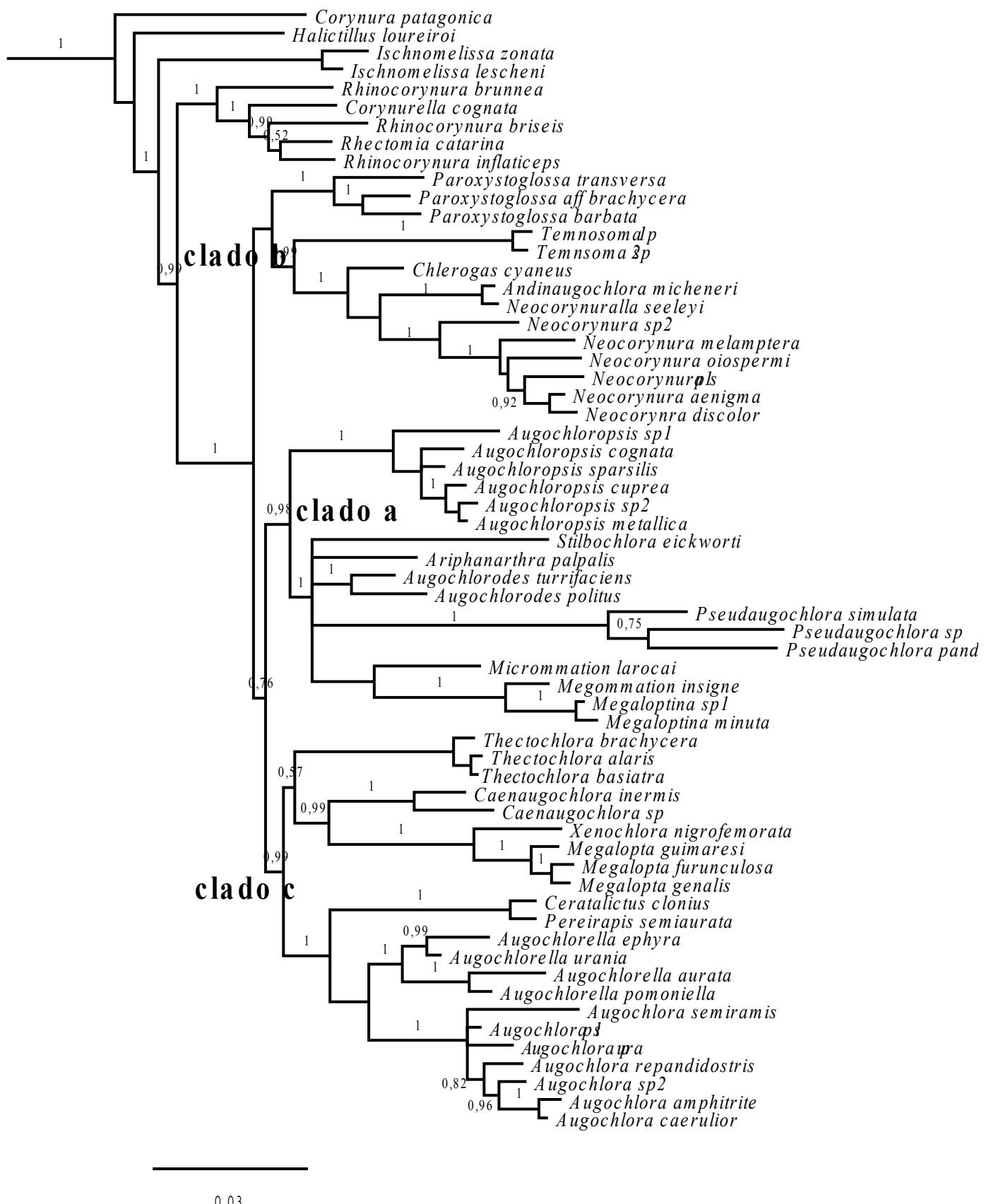
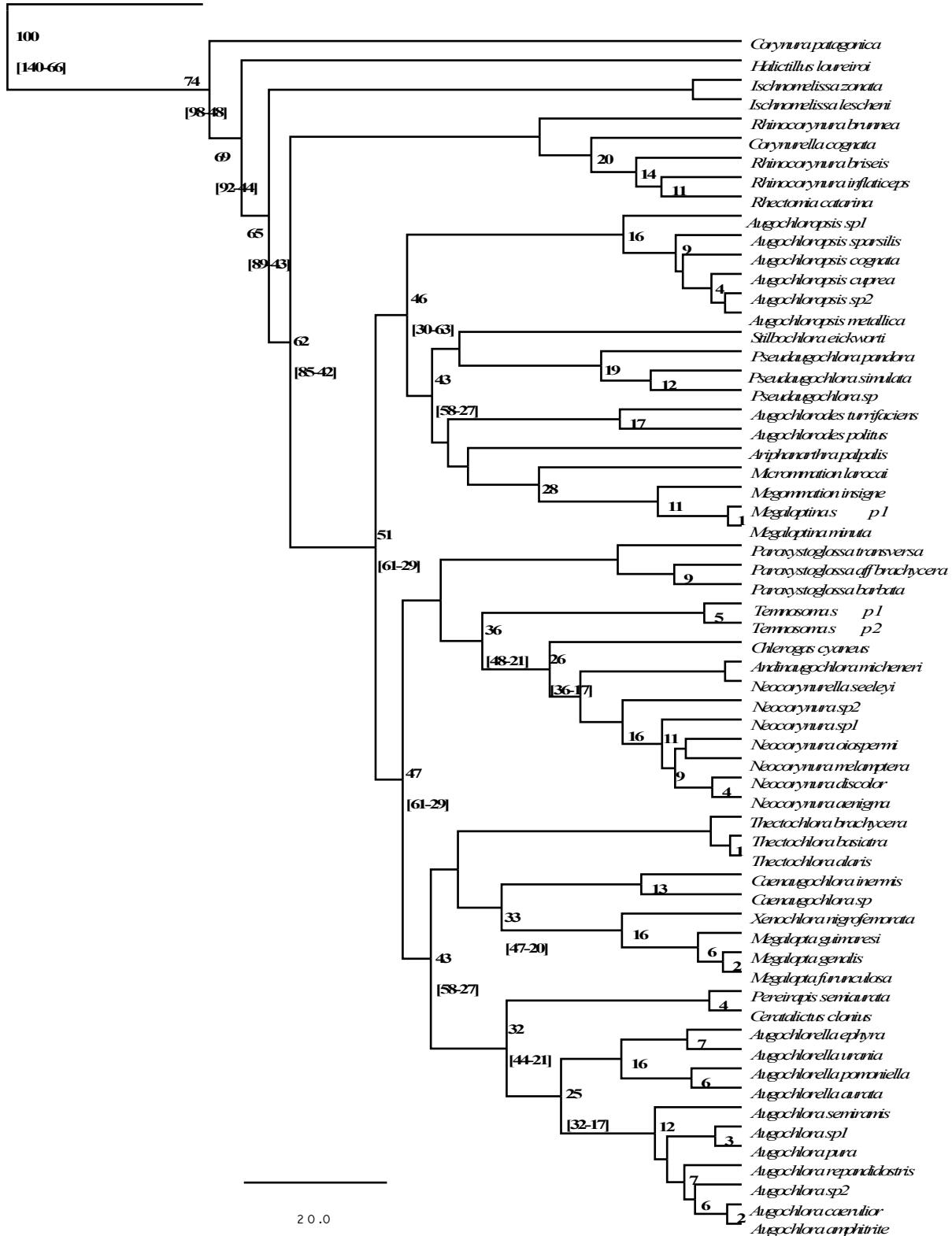


Figura 12. Consenso de maioria (dados moleculares reduzidos, inferência Bayesiana, modelo particionado). Números nos ramos referem-se às probabilidades posteriores..

A Figura 13 apresenta a árvore obtida pela inferência bayesiana dos dados moleculares completos, utilizando o relógio molecular durante a reconstrução da árvore filogenética.

Figura 13. Consenso de maioria (dados moleculares reduzidos, inferência Bayesiana, relógio molecular flexibilizado,



modelo GTR+I+G). Valores no nós indicam idades estimadas em milhões de anos, alguns nós com intervalos de confiança entre colchetes. Grupo externo não apresentado.

Dados morfológicos

A análise de parcimônia da matriz de dados morfológicos resultou em 15 árvores com 187 passos cada, com o consenso estrito entre estas árvores (190 passos) apresentado na Figura 14. A topologia é bem menos resolvida quando comparada às topologias obtidas a partir da análise dos dados moleculares. Os dados morfológicos suportam a monofilia das subtribos Corynurina e Augochlorina (com duas sinapomorfias para cada) e *Ischnomelissa* aparece relacionada à *Chlerogella* e *Chlerogelloides* em Augochlorina.

Dentro de Augochlorina, nenhum dos três clados (**a**, **b** e **c**) recuperados pelos dados moleculares foi evidenciado integralmente pelos dados morfológicos, sendo que uma politomia envolveu quatro grupos, além daquele de *Ischnomelissa* e gêneros relacionados. Um grupo, formado pelo grupo Megaloptidia, *Augochlorodes* e *Pseudaugochlora*, foi semelhante ao **clado a** obtido pela análise dos dados moleculares, exceto pela não inclusão de *Augochloropsis*, que estaria relacionado a um segundo grupo, junto com *Caenaugochlora*, *Megalopta* e *Paroxystoglossa*. Outro clado recuperado é o formado pelos grupos Augochlora e Neocorynura e pelo gênero *Temosoma*. Finalmente, *Thectochlora* não apresentou relação com nenhum outro gênero na subtribo, ficando isolado na politomia.

Para o grupo Augochlora, a topologia entre seus gêneros foi a mesma que aquela obtida por dados moleculares, assim como as relações entre os gêneros do grupo Neocorynura. Já o grupo Megaloptidia figurou como parafilético com *Augochlorodes* devido a posição de *Stilbochlora*.

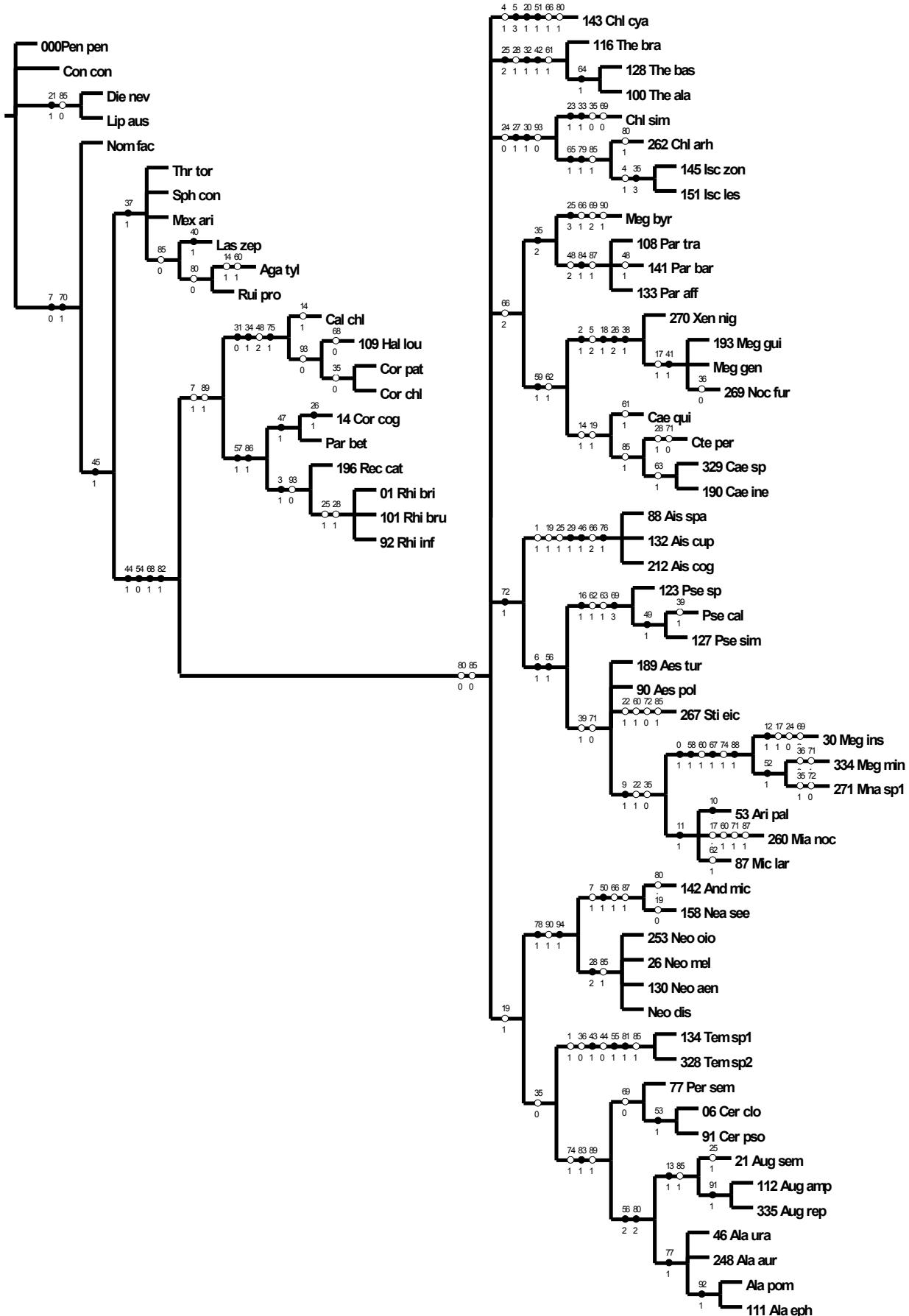


Figura 14. Consenso estrito (dados morfológicos, parcimônia). Números nos ramos referem-se aos estados de caráter apomórficos otimizados de modo não ambíguo (círculos cheios = apomorfias únicas; círculos vazios = apomorfias homoplásticas).

Evidência total

Os dados morfológicos combinados com os dados moleculares resultaram hipóteses representadas nas Figuras 15 (para dados moleculares completos) e 16 (para dados moleculares excluindo regiões de alinhamento ambíguo). No primeiro caso as análises encontraram um elevado número de árvores e o consenso ficou restrito às primeiras 1000 árvores mais parcimoniosas encontradas. No segundo caso foi encontrado um menor número de árvores e observa-se convergência com o resultado da análise dos dados moleculares reduzidos.

Na primeira hipótese (dados completos, Figura 15) é apresentado um consenso de 1000 árvores de 4842 passos cada. Uma politomia envolve os grupos *Corynura* e *Rhinocorynura*, *Ischnomelissa* e os demais Augochlorini. O próximo agrupamento apresenta uma politomia envolvendo os três clados delimitados nas análises precedentes, **Clado abc**. Os **Clados a** e **b** surgem como monofiléticos, mas o **Clado b** não foi recuperado, visto que *Temnosoma* e *Paroxystoglossa* não possuem afinidades com nenhum grupo em particular. O **Clado c** (*Augochlora* e gêneros afins) aparece com a mesma resolução dos dados moleculares.

Na segunda análise (dados reduzidos, Figura 16), consenso de 144 árvores de 3208 passos cada, foi recuperada a relação entre Corynurina (grupos *Corynura* e *Rhinocorynura*) e *Ischnomelissa* e gêneros afins. Desta forma, Corynurina seria monofilético e grupo-irmão da linhagem de *Ischnomelissa*. Os demais Augochlorini formaram um outro clado e suas relações foram, em grande parte, semelhantes àquelas encontradas nas análises dos dados moleculares. Os três grandes clados são recuperados como monofiléticos, porém a relação entre eles não foi resolvida. As relações entre os membros do **Clado b** e do **Clado c** são as mesmas que aquelas dos dados moleculares analisados em separado. O **Clado a**, de maneira similar às demais análises, é o menos resolvido.

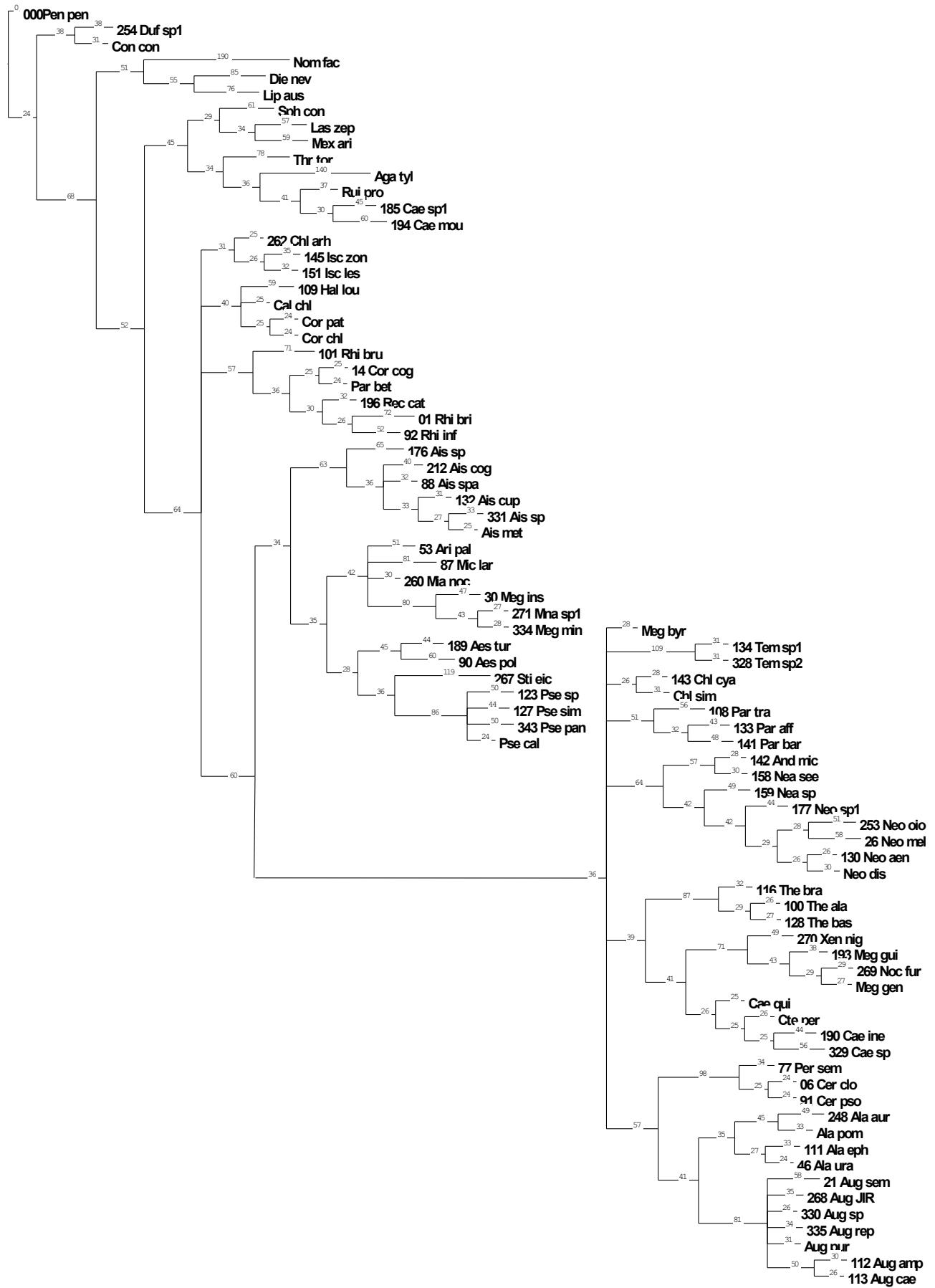


Figura 15. Consenso estrito (dados combinados, parcimônia). Números nos ramos referem-se ao número de transformações otimizadas (não ambíguas).

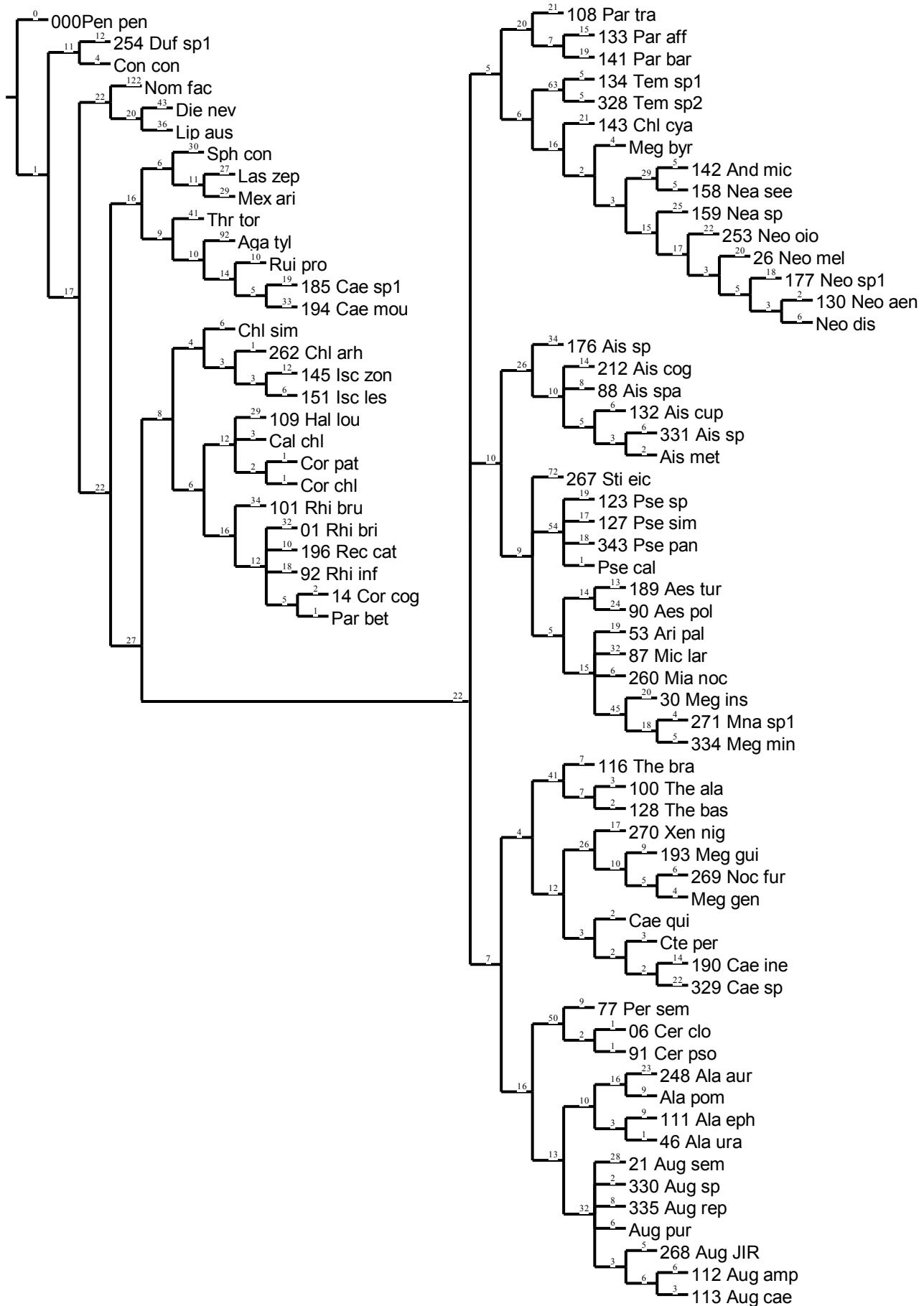


Figura 16. Consenso estrito (dados combinados (não ambíguos), parcimônia). Números nos ramos referem-se ao número de transformações otimizadas (não ambíguas).

DISCUSSÃO

As hipóteses moleculares

Com base no sucesso da obtenção de seqüências e nas topologias obtidas com diferentes abordagens analíticas, os dados de origem molecular se mostraram úteis para o entendimento das relações entre os gêneros de Augochlorini. Esta relevância já era esperada, visto que estudos precedentes com halictíneos, baseados em dados moleculares, obtiveram resultados confiáveis (p.ex. Danforth 1999a, b, 2003, Danforth & Ji 2001, Danforth et al. 2004, 2008, Gibbs 2009, Patiny et al. 2007). Relações de parentesco já antecipadas por evidências advindas da morfologia, tanto para o grupo interno como para os grupos externos, apontam para a relativa robustez dos dados oriundos de sequências de DNA. Outro atestado para a robustez deste tipo de dados é o fato das análises utilizando diferentes critérios de otimização (parcimônia, máxima verossimilhança e inferência bayesiana) terem recuperado topologias muito semelhantes entre si e em geral bem resolvidas. Como exemplos de resultados robustos ressaltam-se a monofilia de Augochlorini e de todos os gêneros avaliados e a relação de alguns grupos de gêneros, como o grupo *Augochlora*, grupo *Neocorynura*, e *Megalopta* + *Xenochlora*.

A taxa de informação pelo número de caracteres para os dados moleculares foi de cerca de 2,3, um valor semelhante ao obtido por Almeida et al. (2008) para um grupo com escopo menor e inferior àqueles obtidos para um grupo de escopo maior (Almeida & Danforth 2009). Os genes que apresentaram mais vieses na frequência das bases, Fator de Alongamento e *wingless*, foram também aqueles com maior heterogeneidade nas taxas de substituição entre os sítios. Outra convergência entre estas duas partições foram os valores de suporte particionado, que para os dados completos apresentaram sinais semelhantes, não sendo porém esta relação muito óbvia quando analisados os dados reduzidos.

O suporte particionado de Bremer foi indicador para o diferente sinal filogenético entre cada gene, sendo que para os dados completos, a Rodopsina foi o gene com o maior valor de suporte positivo para os clados analisados. Este padrão de um gene com maior número de valores positivos

foi encontrado por outros autores que utilizaram esta medida de suporte para avaliar as filogenias entre espécies (Cameron & Williams 2003, Janda et al. 2004, Leys et al. 2002), mas diferente do caso da reconstrução para táxons do grupo de família (Buffington et al. 2007), onde nenhum gene teve hegemonia do sinal dos valores de suporte, como ocorreu no presente estudo para os dados moleculares reduzidos. De qualquer maneira, para os dois conjuntos de dados analisados, os valores de suporte de cada partição variaram para a maioria dos clados, apontando também para a heterogeneidade do banco de dados. Outro fato interessante foi o *wingless* apresentar, em módulo, elevados valores de suporte de ramos, o que de certa maneira não era esperado a partir da análise da razão da quantidade de informação por número de caracteres, já que este gene foi o que apresentou a menor razão e teria, portanto pouca informação disponível. Assim é possível que a qualidade da informação filogenética seja elevada para este marcador neste caso.

Outro indicador da heterogeneidade no sinal evolutivo de cada gene foi o ILD, que apontou para uma incongruência estatística entre eles. Entretanto, como observado por de Salle e Brower (1997), o teste não serve como critério para determinar se uma dada partição deva ser ignorada ou receber um peso relativamente menor na interpretação, apenas para inferir o quanto os dados possuem sinais heterogêneos. Outros fatores como a habilidade diferente para reconhecer divergências em diferentes níveis podem gerar valores significativos para o ILD (Hipp et al., 2004).

A utilização ou não dos íntrons do Fator de Alongamento, Rodopsina e *wingless* e das regiões de alinhamento ambíguo do 28S teve importante consequência nas topologias obtidas, com referência a relação entre os **Clados a, b e c**. O conjunto de caracteres pode trazer algum sinal filogenético estruturado (como através de homologias ou homoplasias) ou pode não ter nenhuma estruturação, sendo fruto apenas do acaso, sendo denominado de ruído filogenético (*noise*). Porém, diferentemente de Wenzel (1999, sua Fig. 3), que encontrou aumento na resolução das topologias quando o ruído era introduzido, aqui a inserção de ruído proveu uma resolução diferente para uma determinada porção da árvore. Ainda, deve se ter em mente que os ramos associados aos **Clados a, b e c** são muito curtos em todas as análises o que indica uma rápida diversificação em três

linhagens, que seria portanto de difícil evidenciação (vide abaixo).

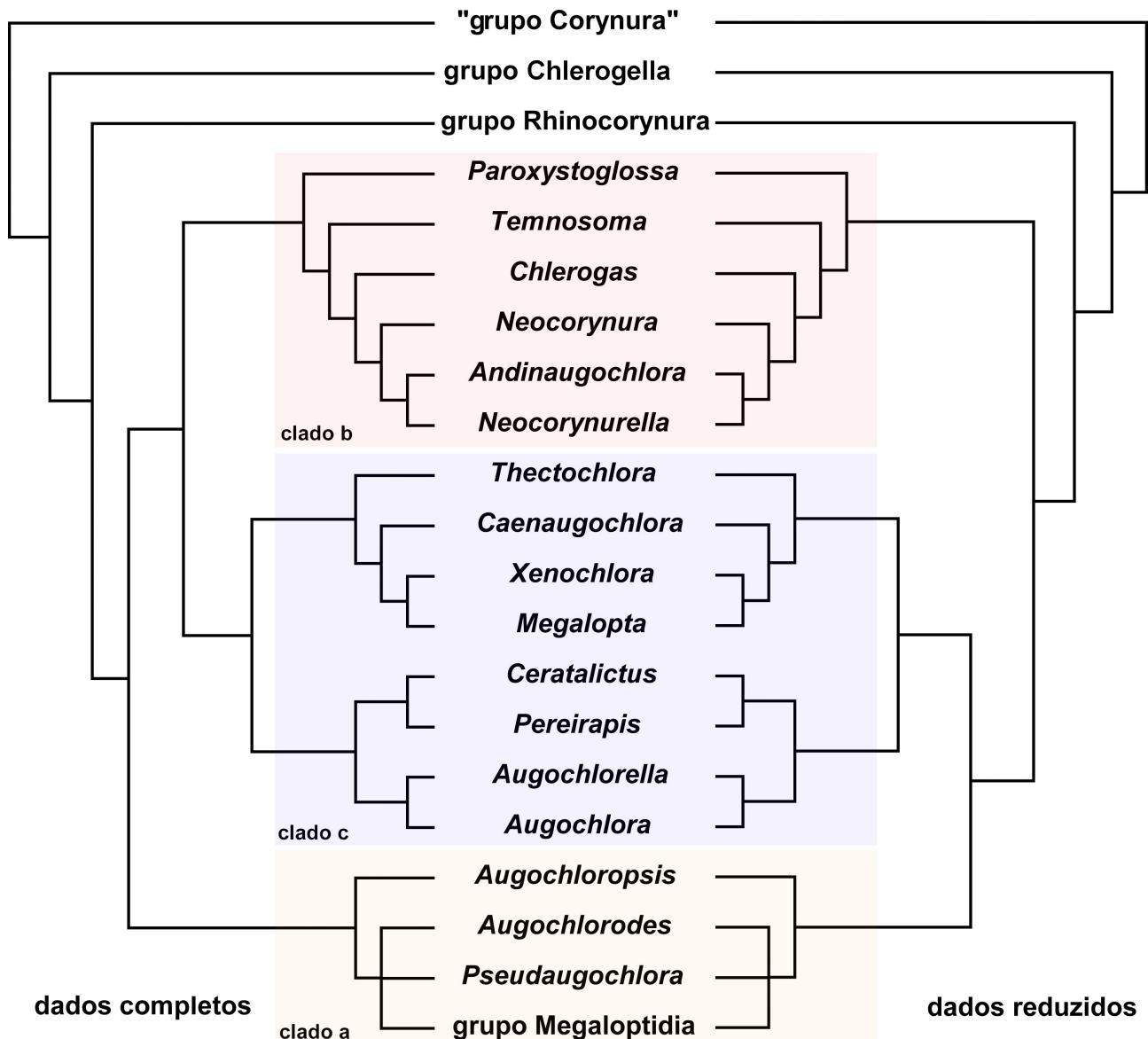
O critério de otimização trouxe também diferenças entre as hipóteses, sobretudo quanto à relação na base de Augochlorini. Os dois métodos probabilísticos não recuperaram a monofilia do grupo *Corynura*, ao contrário da reconstrução da parcimônia, mas as topologias dos primeiros foram de modo geral mais resolvidas. A abordagem metodológica que introduziu menos variação entre as topologias foi a aplicação de modelos evolutivos diferentes para cada partição ou o uso de um só modelo para todas elas, o que foi aplicado na inferência bayesiana. A convergência dos resultados nestas abordagens é vista como positiva e indicadora da robustez dos dados como um todo.

Comparando mais a fundo as hipóteses moleculares com aquelas oriundas de análises de dados morfológicos propostas por Eickwort (1969a), Danforth & Eickwort (1997), Engel (2000) e este trabalho, observou-se uma discrepância de grande parte dos resultados, sobretudo quanto à resolução entre as primeiras linhagens de Augochlorini. As hipóteses baseadas em dados moleculares, sumariadas na Figura 17, apontaram consistentemente para a não monofilia das subtribos propostas por Engel (2000), Corynurina e Augochlorina. Na maioria dos casos, a resolução molecular aponta para o grupo *Corynura* como grupo irmão dos demais Augochlorini, seguindo por cladogêneses sucessivas de *Ischnomelissa* e do grupo *Rhinocorynura* em relação aos demais gêneros. O ponto fraco das análises filogenéticas apresentadas aqui, pode ser a baixa representação do grupo *Corynura*, com apenas duas espécies, uma de cada gênero, amostradas para dados moleculares, e também do grupo de *Ischnomelissa*, que, de acordo com dados morfológicos, deve incluir ao menos o gênero *Chlerogella* (veja abaixo).

As análises dos dados moleculares definiram com maior ou menor grau de confiabilidade três principais linhagens de Augochlorini, que foram referidas como **Clados a, b e c**. As relações entre estes grupos diferiram em função do conjunto de dados empregados. Porém, os valores de suporte *bootstrap* para a máxima verossimilhança e de probabilidades posteriores para a inferência bayesiana foram maiores quando analisados os dados completos. Estes valores apontam para a

hipótese (**Clado a (Clado b, Clado c)**) como mais robusta que (**Clado b (Clado a, Clado c)**).

Figura 17. Sumário das hipóteses moleculares baseadas em sequências com e sem regiões de alinhamento ambíguo.



Grupo externo não apresentado. Entre aspas grupo parafilético segundo as análises.

O **Clado a** é composto pelo grupo Megaloptidia, juntamente com os gêneros *Pseudaugochlora*, *Augochloropsis* e *Augochlorodes*. A relação de proximidade do grupo Megaloptidia com *Pseudaugochlora* já havia sido sugerida a partir de dados morfológicos (Danforth & Eickwort 1997, Engel 2000), mas a relação com os outros dois gêneros ainda não havia sido proposta. Contudo, é importante ressaltar que a re-análise dos dados morfológicos recuperou a relação próxima de *Augochlorodes* com o grupo Megaloptidia (Figura 14). Os dados

moleculares não encontraram suporte para sustentação da monofilia do grupo *Megaloptidia*, o que não era esperado, visto que o grupo possui uma sinapomorfia morfológica considerada robusta (razão do comprimento e largura da língua), especialmente para os gêneros *Ariphanarthra*, *Megaloptidia*, *Megaloptina*, *Megommation* e *Micrommation*. Acreditava-se que *Stilbochlora* apresentasse este caráter, mas o premento é notavelmente mais larga do que nos demais representantes do grupo. É plausível que este gênero seja irmão dos demais.

O **Clado b** inclui os seguintes gêneros, *Paroxystoglossa*, *Temnosoma*, *Chlerogas*, *Andinaugochlora*, *Neocorynurella* e *Neocorynura*. Os três últimos gêneros já haviam sido sugeridos como pertencentes a um mesmo grupo (Smith-Pardo 2005a,b), mas relações próximas com *Paroxystoglossa*, *Temnosoma* e *Chlerogas* não haviam sido propostas ainda.

Por fim, o terceiro grupo, **Clado c**, compreendeu o grupo Augochlora, que já havia sido reconhecido por diversos autores (Eickwort, 1969a, Danforth & Eickwort, 1997, Engel, 2000, Michener, 2000, 2007) e outro agrupamento com os gêneros *Thectochlora*, *Caenaugochlora* e *Megalopta* s.l. (inclui *Xenochlora* e *Noctoraptor*). Os dois últimos posicionaram-se como grupos-irmãos em todas as análises, mas *Thectochlora* pode ser considerada como grupo-irmão do grupo Augochlora (Figura 11 e Figura 6 em parte).

As hipóteses morfológicas

Tanto Danforth & Eickwort (1997) como Engel (2000) já apontaram para a pouca robustez das suas hipóteses. Estes dois estudos e também a análise apresentada aqui resultam de sucessivas re-interpretações da morfologia externa do grupo, tomadas a partir do estudo de Eickwort (1969a) e da inclusão de novos táxons como terminais. Apesar do trabalho de Eickwort (1969a) ter sido cuidadoso, os caracteres de morfologia externa baseados nas características estudadas por este autor e autores subsequentes, parecem insuficientes para resolver as relações entre as linhagens de Augochlorini.

A abordagem de Danforth & Eickwort (1997) apresentou muitos pontos fracos, um deles a

utilização de um ancestral hipotético para o enraizamento da árvore. O resultado foi uma topologia muito pouco resolvida e com resultados inesperados como a não-monofilia do grupo *Augochlora*. Quando os autores posicionaram a raiz no grupo interno (*Corynura* e gêneros afins), descartando o ancestral hipotético, a análise se apresentou mais resolvida (hipótese representada na sua Figura 1). Assim, percebe-se que a escolha dos terminais foi inadequada neste caso, impossibilitando interpretações da evolução morfológica do grupo a partir destas hipóteses. Outro aspecto importante foi a codificação dos caracteres baseada em proporções de estruturas, reflexo da abordagem fenética adotada por Eickwort (1969a).

A análise de Engel (2000) resultou em um grande número de árvores, acima de 1000, mas as diferenças entre as mesmas se reduziram aos grupos-externos (veja em anexo, Figura A11 com a otimização dos caracteres). Em Augochlorini, a topologia foi bem resolvida, exceto por uma tricotomia na base de Augochlorina. Porém, muitos dos clados desta topologia foram sustentados por poucos sinapormorfias, aliás alguns são homoplásticos. Um exemplo é o clado composto pelos grupos *Augochlora* e *Megaloptidia*, que é suportado pelo estado 5-1: “ângulo da sutura epistomal aproximadamente ortogonal”. Este caráter, que possui três estados, teria ao menos dois passos em uma otimização de índice de consistência 100 (sem homoplasias). Entretanto, nesta hipótese, o caráter apresenta 14 passos na topologia, com índice de consistência muito inferior à condição ótima (14). O índice de consistência avalia a homoplasia como uma fração da mudança dos estados de um caráter ao longo da árvore, sendo portanto uma medida direta do efeito das homoplasias (Farris 1989). Visto de outra maneira, o ângulo do sulco epistomal teria mudado de estado ao menos 14 vezes ao longo da evolução do grupo, sendo que uma destas mudanças definiu o clado em questão. Este exemplo drástico ilustra que muitos caracteres empregados nesta análise apresentam alto nível de homoplasia reduzindo a confiança em grupos suportados.

Na presente análise, a matriz de dados proposta não apresentou dados suficientes para resolver os grandes grupos de Augochlorini, resultando em uma grande politomia. Este resultado pode ter sido devido à supressão de caracteres e estados na construção da matriz de dados, a fim de

minimizar os possíveis efeitos de homoplasias. Os dados disponíveis apontaram de maneira pouco ambígua apenas para a formação de pequenos grupos que envolvem, de maneira geral, de dois a quatro gêneros ou para o reconhecimento dos gêneros como linhagens monofiléticas.

Filogenia, evolução e distribuição de Augochlorini

A monofilia de Augochlorini, bem como sua relação com Halictini, já foi testada diversas vezes (Alexander & Michener 1995, Engel 2000, Danforth et al. 2004, Pesenko 2004, Danforth et al 2008) e os resultados obtidos aqui não refutam esta hipótese. As estimativas das idades destes ramos também foram congruentes com as hipóteses precedentes (Danforth et al. 2004). Agrupamentos de um pequeno número de gêneros como *Rhinocorynura* e *Rhectomia* s.l.; *Andinaugochlora*, *Neocorynurella* e *Neocorynura*, *Megalopta* s.l. e *Xenochlora*; *Augochlora*, *Augochlorella*, *Ceratalictus* e *Pereirapis*, já haviam sido indicados por outros autores (Eickwort 1969a, Danforth & Eickwort 1997, Engel 2000, Michener 2000, 2007, Coelho 2004, Smith-Pardo 2005b, Gonçalves 2010, Gonçalves & Coelho 2010) e também foram recuperados nas análises conduzidas aqui. Poucas dúvidas restavam quanto à monofilia dos gêneros de Augochlorini, e todos foram recuperados como monofiléticos exceto *Megommation* sensu Engel et al. (1997), que incluía *Stilbochlora*, que com dados moleculares e morfológicos não se posiciona proximamente de *Megommation* e *Megaloptina*.

Abaixo segue uma discussão sobre a filogenia, evolução e distribuição do grupo, baseando-se amplamente nas hipóteses dos dados moleculares e em menor grau nas hipóteses morfológicas e de evidência total. Dado um sumário de como as relações entre os gêneros são entendidas no presente momento (Figura 18), as idades estimadas para os clados (Figura 19) e a distribuição geográfica dos gêneros (Figuras 20 e 21), são apresentados alguns comentários sobre os grupos. Para a discussão dos dados morfológicos é interessante examinar os mesmos otimizados na topologia molecular (Anexo, Figura 12).

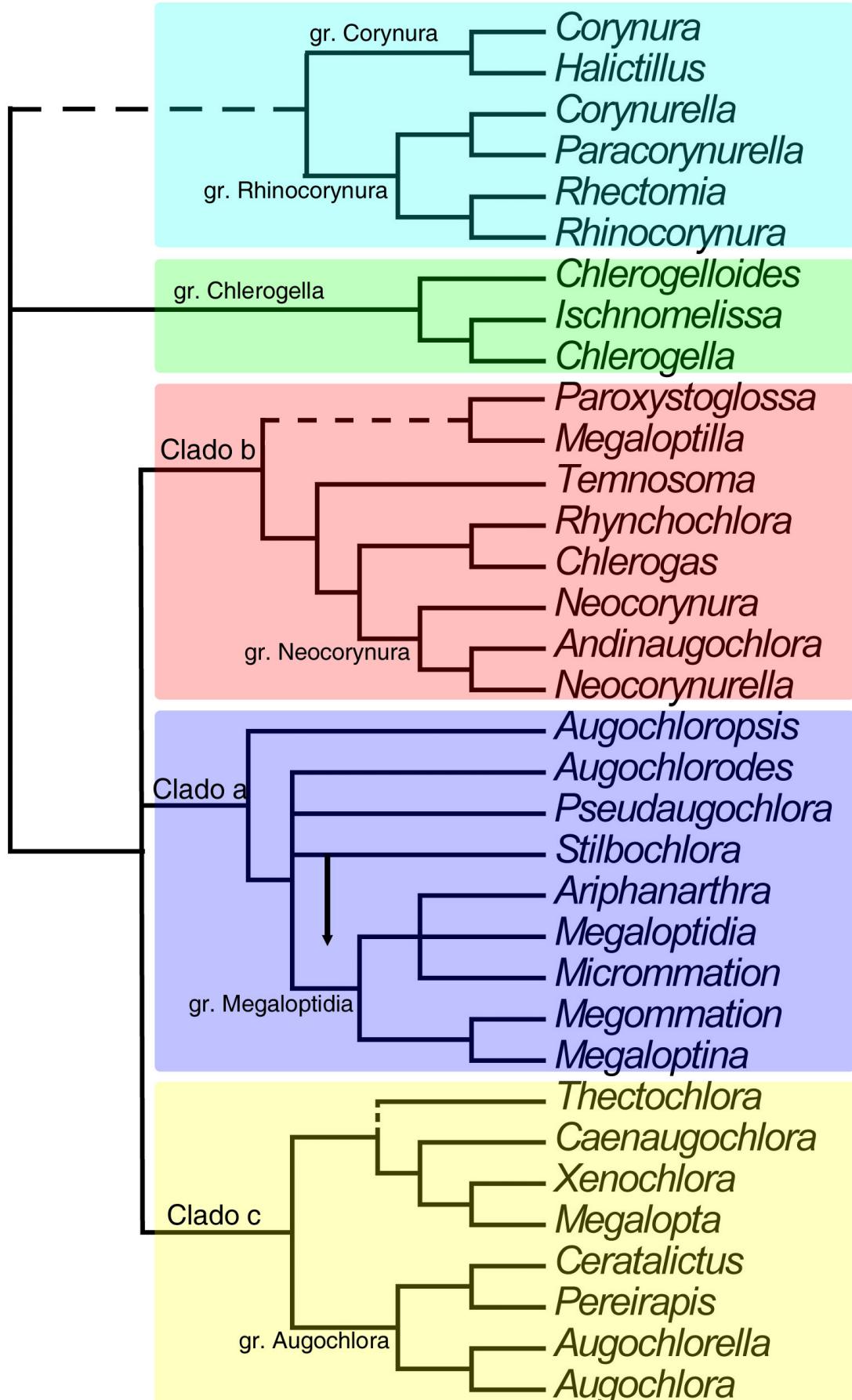


Figura 18. Um sumário das relações filogenéticas entre os gêneros de Augochlorini, valendo-se de hipóteses baseadas em moléculas e morfologia. Linhas tracejadas – pouca robustez no grupo ou na sua posição. Seta – topologia alternativa com dados morfológicos apenas.

Os primeiros Augochlorini. A noção de que o grupo *Corynura* e o grupo *Rhinocorynura* seriam aparentados, formando a subtribo Corynurina, adveio do trabalho de Engel (2000), que se baseou na presença do pente de cerdas na gálea, um caráter não ambíguo na sua reconstrução, para definir o grupo. Porém este pente está presente em representantes de Nomiini, no gênero *Neocorynurella* e em alguns representantes de *Neocorynura* (Michener 2000). A sua presença em Corynurina poderia representar simplesmente sua retenção. No presente estudo, a presença do lobo basal do gonostilo também sustenta o grupo, porém este lobo é compartilhado com membros do grupo *Augochlora*.

Já o caráter que sustenta Augochlorina sensu Engel (2000) é a base da gálea inserida próximo à base do estípite. Todavia, neste trabalho, este estado foi verificado em representantes do grupo *Rhinocorynura* o que tornaria plausível, julgando este caráter apenas, a hipótese de que este grupo seria mais aparentado com os demais Augochlorini do que com o grupo *Corynura*. Os dados moleculares suportam bem Augochlorina exceto *Ischnomelissa*, porém dados morfológicos que sustentem este agrupamento não são conhecidos.

Para a sistemática do grupo não parece razoável, com as evidências acumuladas até o presente momento que refutam a monofilia dos grupos em questão, utilizar as duas subtribos propostas por Engel (2000). Entre todos os autores que trabalharam com o grupo, apenas Engel (2000) adotou essa classificação, sendo que autores posteriores (Michener 2007, Moure 2007) não as reconheceram. Alternativamente, com um futuro acúmulo de evidências moleculares e morfológicas, o grupo Chlerogella pode vir a ser considerado uma linhagem aparentada com os grupos *Corynura* e *Rhinocorynura* (hipótese de evidência total), definindo assim uma subtribo.

Dentre os resultados obtidos pelos dados moleculares, a posição de *Ischnomelissa* próximo à base de Augochlorini foi um dos mais inesperados. Este gênero é claramente relacionado com *Chlerogella* (Michener 2000; Engel 2000; este estudo—dados morfológicos). A relação entre ambos é suportada por duas sinapomorfias: margem apical do S5 do macho com tufos de cerdas longas e volsela com eixos oblíquos. É possível que *Ischnomelissa* seja uma linhagem de *Chlerogella* definida, por exemplo, pela presença de muitos dentes no esporão interno da tibia

posterior. Assim, a classificação de Michener (2000), que assume ambos gêneros como sinônimos, seria adequada.

Com as evidências morfológicas disponíveis até o momento, o grupo formado por *Chlerogella* e *Ischnomelissa* é também relacionado com *Chlerogelloides*, pela presença de crista lateral do pronoto não carenada, prosterno expandido em forma losangular e o metaposnoto de tão longo a mais longo que o mesoscutelo e o metanoto combinados. Este gênero reúne duas espécies muito distintas entre si, especialmente quanto aos caracteres sexuais dos machos. Seguindo estas sugestões, o grupo Chlerogella incluiria os gêneros *Ischnomelissa*, *Chlerogella* e *Chlerogelloides*, com o mesmo escopo da a infratribo Ischnomelissiti de Engel (2000) .

O período inicial de diversificação destes três grupos, gr. *Corynura*, gr. *Rhinocorynura* e gr. *Chlerogella* se deu por volta de 75 a 60 milhões de anos atrás (maa), com um considerável espaço de tempo para a diversificação do **Clado abc** (50 maa) (Figura 19). Este período é justamente correspondente à transição entre o Cretáceo e o Terciário, marcada por uma grande extinção de 75% das espécies (Brenchley & Haerper 1998) e sucede a separação da América do Sul e da África e a irradiação das Angiospermas. Neste período, a América do Sul estava sobre grande pressão devido ao contato com a placa de Nazca, iniciando o soerguimento dos Andes, e um grande mar raso, o mar Salamanquense, ocupou grande parte do continente, avançando da Patagônia ao sul do Peru, em diagonal, isolando o sul do Brasil do extremo oeste da América (Uliana & Biddle 1988). Este evento de quebra pode ser o responsável pela distribuição atual da linhagem de *Corynura* e *Halictillus* (Figura 20) e pelo seu isolamento do restante dos Augochlorini, o que reproduziria um padrão muito conhecido para diversos grupos (Roig-Juñent & Coscarón 2001).

Porém, especialmente pela falta de resolução das hipóteses apresentadas aqui, com referência às primeiras quebras de Augochlorini, a distribuição biogeográfica do grupo Chlerogella nas florestas nubladas andinas e ocupando a Amazônia e do grupo Rhinocorynura no sudeste brasileiro, são de difícil reconstrução no momento. Parece que no caso do gr. Chlerogella ocorreu um isolamento precoce no oeste da região, tendo o grupo se dispersado para o norte, chegando até a

América Central. Para o gr. *Rhinocorynura*, parece ter havido uma tendência oposta, a de ocupar a porção leste, da mesma maneira que parece ter ocorrido com a linhagem **abc** de Augochlorini.

O **Clado abc** de Augochlorini se originou por volta de 50 milhões de anos atrás e deu, rapidamente, origem a três grupos, com suas primeiras quebras internas também ocorrendo em um curto espaço de tempo. Este período coincide bem com o ótimo climático do Eoceno (Zachos et al. 2001) marcado pelo arrefecimento do efeito estufa, impulsionado pelo deslocamento da Antártica ao círculo polar. Os eventos sincrônicos com a queda da temperatura propiciaram a diversificação deste clado, ocupando diversas vezes diferentes sub-regiões e províncias da região Neotropical. Esta ocupação pode ter se dado a partir do sudeste da região (SE), visto que nos três grupos existem gêneros próximos à base que ocupam hoje esta área, sugerindo que o ancestral do grupo pudesse ter a mesma distribuição em paralelo com o grupo *Rhinocorynura*. Com o entendimento atual da resolução filogenética do grupo, nota-se que existem várias replicações de táxons para as áreas delimitadas, revelando um padrão que confere com observações de autores prévios (Amorim & Pires 1996).

Analizando a distribuição dos Augochlorini, nota-se que ocupam quatro principais áreas na América do Sul (Figura 20), com base nos seus traços generalizados (Figura 21): região Neotemperada; sudeste da América do Sul (SE); noroeste da Amazônia (NWAm); e Andes e América Central (AnMA). Estes traços produziram três nós importantes, no Equador, no sudeste do Peru e no centro da Bolívia. Estes nós, que já foram reconhecidos por outros autores (Nihei & Carvalho 2005; Morrone 2003) estão em uma região conhecidamente importante para a biogeografia da América do Sul, sendo pontos que estão próximos de uma zona de transição entre as regiões Neotropical e Neotemperada, segundo os esquemas de Morrone (2001) e também na transição entre as áreas AnMA e SWAm (sudoeste da Amazônia) (Amorim & Pires 1996; Camargo & Pedro 2003). É possível que estes nós refletem áreas híbridas, já reconhecidas na literatura, as quais contenham grupos tanto da Amazônia quanto dos Andes em seu limite de distribuição.

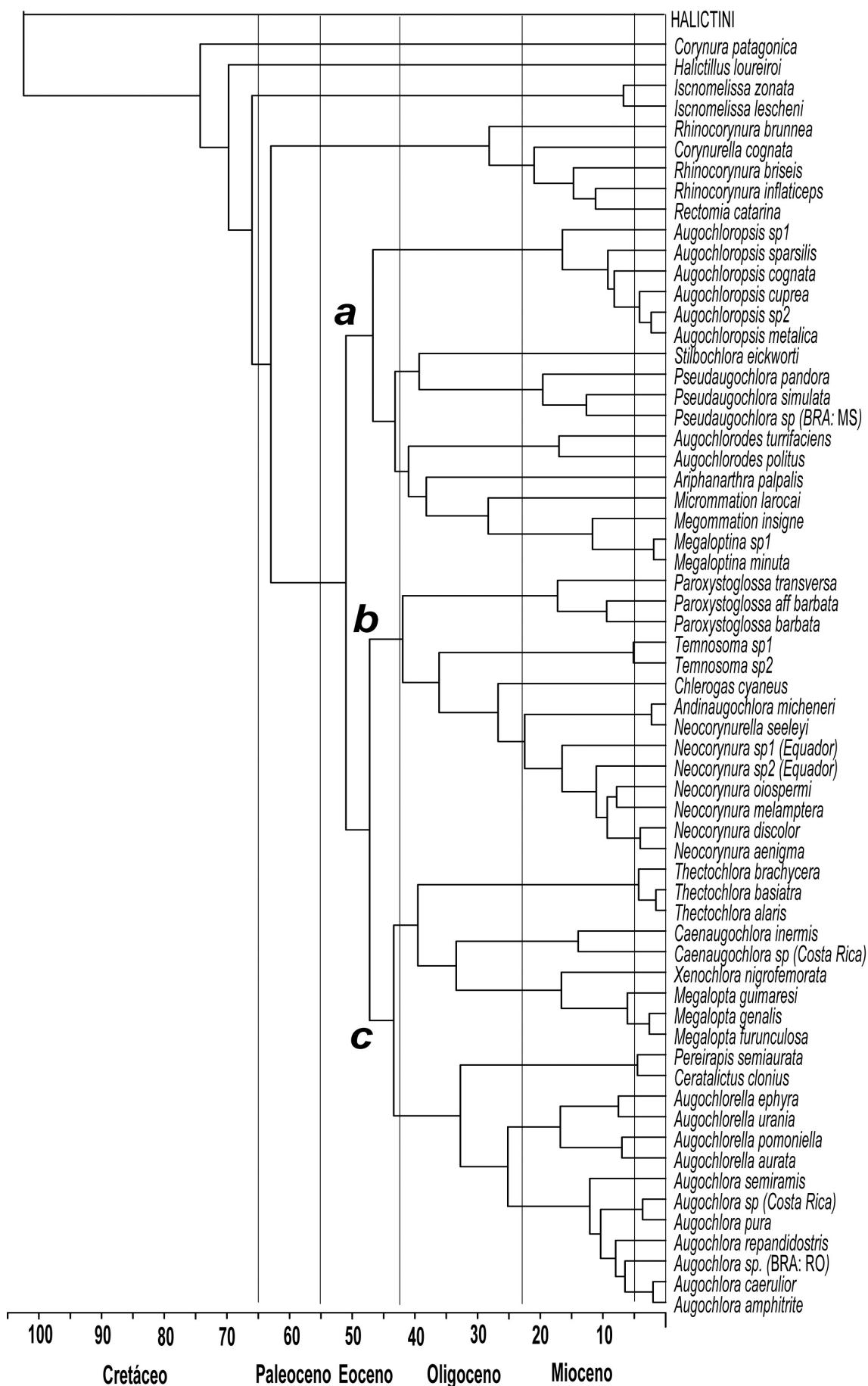


Figura 19. Períodos de diversificação de Augochlorini.



Figura 20. Mapa com áreas selecionadas e gêneros utilizados para a sua delimitação. Grupos de ampla distribuição excluídos. Letras em parenteses referem-se aos clados a, b e c.

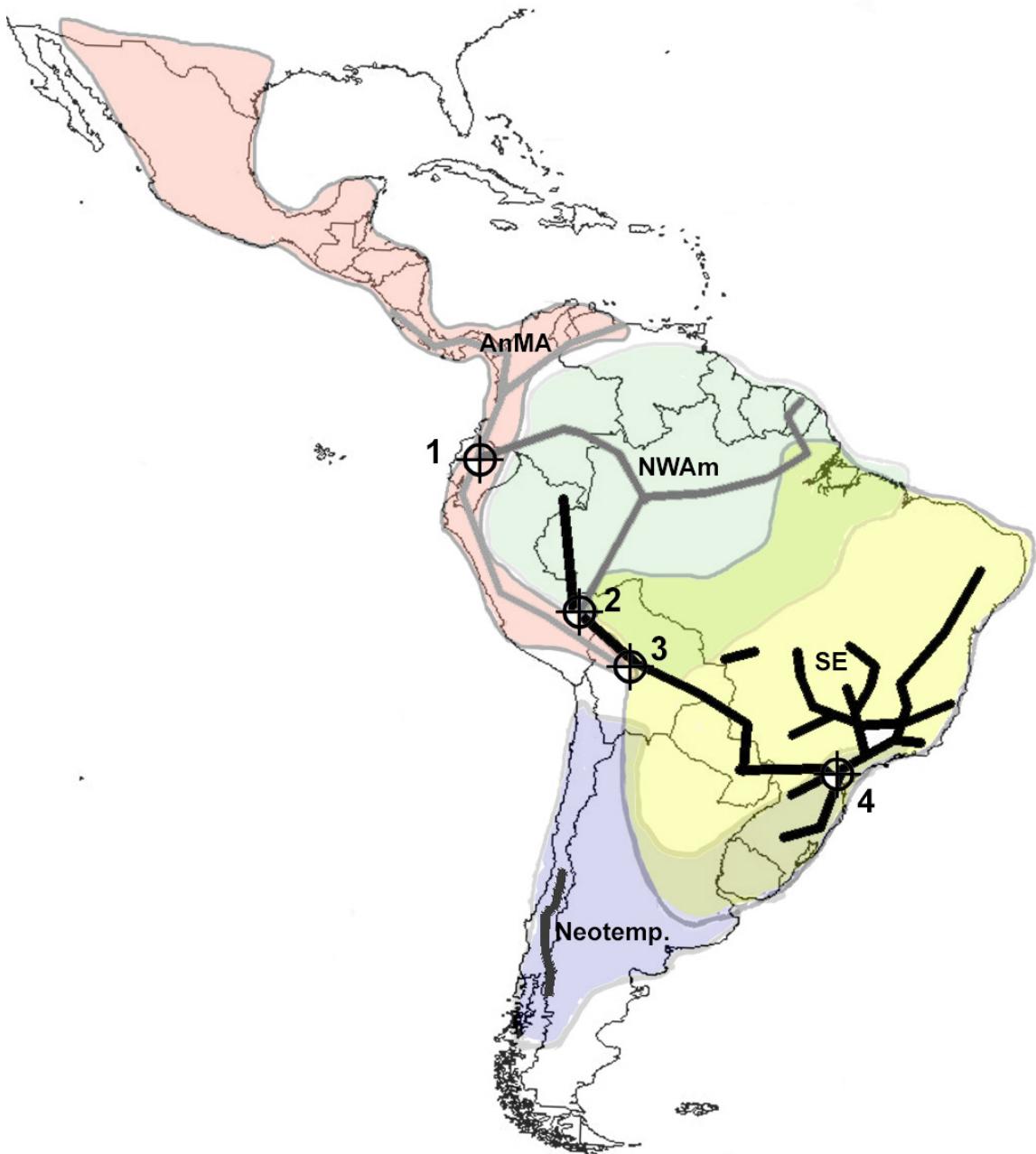


Figura 21. Mapa com os traços generalizados e nós biogeográficos para Augochlorini. Nó número 4 estimado a partir dos traços generalizados da área SE com um traço individual de um gênero da área Neotropical.

Um quarto nó, na região do Paraná, foi inferido pela confluência do traço individualizado de *Halictillus* com os traços generalizados dos gêneros que ocorrem no sudeste da Região Neotropical. Esta prática, de não apenas utilizar traços generalizados para se obter nós, auxilia na detecção de padrões importantes (p.ex. Nihei & Carvalho 2003). Esta região é a que apresenta a maior concentração de gêneros de Augochlorini, distribuídos em várias linhagens. Não se pode descartar a importância da região para a diversificação do grupo, mas também o seu papel não deve estar

superestimado, especialmente pelo fato de ser a porção da região Neotropical mais bem amostrada para abelhas.

***Neocorynura* e gêneros afins.** Os dados moleculares suportam, na maioria das análises, um agrupamento do grupo *Neocorynura* e os gêneros *Chlerogas*, *Paroxystoglossa* e *Temnosoma*. A inserção de *Paroxystoglossa* neste grupo pode ser justificada pelo seu padrão corporal geral, inclusive da genitália dos machos, como já sugerido informalmente por outros autores (Eickwort 1969a; Engel 2000). Do mesmo modo, o gênero *Megaloptilla* possui caracteres em comum com *Paroxystoglossa* e com o grupo *Neocorynura*, sendo plausível que também integre o grupo. Já as posições de *Chlerogas* e *Temnosoma* são mais controversas. Existe uma evidência, o labro do macho com forte quilha, que sustenta uma relação de *Temnosoma* com *Augochloropsis*. Porém, a morfologia externa de *Temnosoma*, que apresenta muitas reduções ligadas ao seu hábito cleptoparasita, não fornece evidências adicionais que sustentem relação com qualquer grupo de Augochlorini. Assim, a hipótese baseada em dados moleculares é a melhor indicação do posicionamento deste gênero no grupo. *Chlerogas* é um gênero com mais de 10 espécies, todas com certo grau de alongamento da cabeça e com grande variação na morfologia da sua genitália (Engel 2010). O gênero apresenta ainda uma redução de um flagelômero em ambos os sexos e a presença de esporão pectinado no macho. Essas características podem ser consideradas como testemunhas de uma grande modificação morfológica do grupo, que pode mascarar as suas relações. De qualquer maneira, não existe uma hipótese robusta que sugira o posicionamento deste gênero em outro agrupamento. Por fim, cabe lembrar que *Rhynchochlora chlerogopsis*, recentemente descrita (Engel 2007), pode vir a ser considerado como uma espécie de *Chlerogas*.

O clado acima não foi recuperado em todas as análises de dados moleculares, inclusive em uma das duas de evidência total, o que é um forte indício de sua instabilidade. Com os caracteres morfológicos conhecidos até o momento é impossível diagnosticar este grupo ou qualquer um de seus clados, com exceção do grupo *Neocorynura*. Este grupo foi reconhecido por Smith-Pardo (2005b) como *Neocorynura* s.l., com base nos dados não publicados de sua tese de doutoramento.

Este autor elencou três caracteres diagnósticos do grupo, presença de um processo na margem anterior do labro, placa basitibial alongada e poros da superfície da gálea uniformemente distribuídos. Outras características do grupo são a volsela longa e lobo anterior do gonóstilo voltado para a linha média.

A distribuição do grupo apresenta um padrão interessante. A maior parte dos gêneros ocorre nos Andes, a maioria deles ocupando o sul da América Central. *Neocorynura* que tem ampla distribuição, tem na sua base espécies coletadas no Equador, sugerindo também uma possível origem na região do norte dos Andes. *Temnosoma* possui distribuição Neotropical e a ausência de filogenias consistentes para o grupo impossibilita sua inclusão na análise. Por fim *Paroxystoglossa*, que posiciona-se na base do grupo, é o único grupo que ocorre apenas no sudeste da região Neotropical.

Megaloptidia e gêneros afins. O grupo Megaloptidia foi definido por Eickwort (1969a) e ampliado por Engel et al. (1997). A posição de *Stilbochlora* foi, contudo, surpreendente, permanecendo distante de *Megommation*, gênero do qual foi considerado como subgênero por alguns autores (Engel et al. 1997; Engel 2000; Michener 2000, 2007). Dados morfológicos re-analisados aqui suportam em parte a hipótese molecular, contribuindo para o entendimento do grupo. Todo o grupo, com exceção de *Stilbochlora* é definido por três caracteres, o premento estreito e alongado (mais de sete vezes mais longo que largo) e esporão interno da tibia posterior serreado com a porção basal alargada. O alongamento do premento é uma característica também presente em *Silbochlora*, mas este gênero apresenta um condição intermediária no grau de alongamento.

Os dados moleculares e morfológicos trouxeram novas evidências apontando para a relação do grupo Megaloptidia com *Augochlorodes*, um pequeno gênero de cinco espécies que não tinha o posicionamento bem definido. Esse agrupamento é suportado pela superfície dorsal do pronoto com uma fileira bem marcada de cerdas eretas e longas, pela veia alar 1a. M-cu tocando a célula basal depois da 2a. Rs-m e no macho pela margem apical do oitavo esterno contínua. Apesar de

Augochlorodes ser um gênero com apenas cinco espécies, o macho é conhecido para apenas uma delas (Gonçalves & Melo 2008), dificultando a busca por caracteres adicionais.

A relação do grupo com *Pseudaugochlora* já foi salientada por Engel (2000) e Michener (2000, 2007) e foi corroborada aqui pela verificação da característica da porção apical da gálea que estreitasse-se gradativamente e a presença de filamentos anais na margem apical do proctíger (presente no grupo *Augochlora* também). *Pseudaugochlora* possui doze espécies reconhecidas até o momento, mas apenas a fauna brasileira foi revisada (Almeida 2008). A morfologia sexual secundária do macho é heterogênea e um estudo filogenético pode revelar caracteres que posicionem melhor este grupo.

Merece mais atenção o posicionamento de *Augochloropsis* como grupo irmão do clado que contém os grupos discutidos acima, grupo esse que é suportado apenas pelo formato da espícula do oitavo esterno do macho, alargando-se a partir da base. *Augochloropsis* é o gênero com maior número de espécies (137) do grupo, alocadas em três (Engel 2000), dois (Michener 2000) ou em nenhum subgênero (Moure 2007). A maior parte delas possui características morfológicas bem marcadas, tégula recortada e banda de setas no ápice dos tergos. Um grupo dentro do gênero, reconhecido por alguns autores (Engel 2000) como *Glyptochlora*, merece mais atenção e pode estar na base do grupo e fornecer evidências morfológicas que apontem para o posicionamento do gênero na árvore de Augochlorini. Michener (2000) reconheceu este grupo dentro do subgênero *Paraugochloropsis*, mas somente uma análise filogenética (L.Santos, em andamento) poderá esclarecer a natureza dos três subgêneros de *Augochloropsis*.

Em todo este clado é verificado um padrão de distribuição diferente daquele do **Clado b** (*Neocorynura* e gêneros afins). *Augochloropsis* e *Pseudaugochlora* possuem ampla distribuição na região Neotropical e apenas a resolução entre seus grupos pode apontar algum padrão de distribuição entre suas espécies. Os demais gêneros do clado ocupam ou o sudeste (SE) ou o noroeste (NWAm) da região, sem penetrar na porção andina. *Augochlorodes*, *Ariphanarthra* e *Micrommation* são restritos ao sul da área SE. *Megommation* ocorre tanto no sul da SE como no seu

extremo norte (Gonçalves & Santos 2010). *Megaloptina* e *Megaloptidia* ocorrem principalmente no norte da SE, mas chegando até o nordeste do Brasil. Por outro lado, *Stilbochlora* é o único grupo restrito ao noroeste da Amazônia (NWAm). Um refinamento da análise da distribuição e uma filogenia para as espécies do gr. *Megaloptidia* melhorariam o entendimento da história biogeográfica deste grupo na região.

***Augochlora* e gêneros afins.** O grupo *Augochlora* é um dos mais robustos de Augochlorini (Danforth & Eickwort 1997; Engel 2000; Michener 2000, 2007; Coelho 2004; Coelho & Gonçalves 2010). O grupo possui uma série de características que o suportam, cinco apresentadas aqui: crista pré-occipital carenada a lamelada, esporão interno da metatíbia serreado com a porção basal alargada, genitália do macho com lobos dorsais da gonobase largos, situados lateralmente às gonapófises, superfície dorsal da gonapófise com crista e, por fim, lobo basal presente.

As supostas relações entre seus gêneros variam de acordo com os trabalhos que consideram *Augochlorella* (Danforth & Eickwort 1997; Engel 2000; Coelho 2004), ou *Augochlora* como grupo-irmão dos demais (Michener 2000, 2007). Os dados moleculares, por sua vez, suportam uma topologia diferente ((*Ceratalictus*, *Pereirapis*), (*Augochlorella*, *Augochlora*)), sendo que o clado (*Ceratalictus*, *Pereirapis*) já havia sido sugerido por Coelho (2004) e Engel (2000). Este dois gêneros são suportados pela margem apical do S7 reta; já a relação de *Augochlorella* e *Augochlora* pelos filamentos anais na margem apical do proctíger longos e largos e pela superfície ventral da gonapófise com dente largo. *Augochlorella* e *Ceratalictus* foram revisados recentemente (Coelho 2004, Coelho & Gonçalves 2010), mas *Pereirapis* e *Augochlora* não.

Pereirapis possui oito espécies segundo Moure (2007), mas Engel (2000) havia optado pelo reconhecimento de apenas uma espécie. Apesar do grupo possuir uma morfologia externa muito homogênea, o exame de genitálias de exemplares de várias regiões do Brasil mostrou certa variação, o que indica que mais estudos precisam ser realizados para estabilizar a taxonomia de *Pereirapis*. De acordo com vários autores (Engel 2000; Michener 2000, 2007; Moure 2007) *Augochlora* possui dois subgêneros recentes e um extinto, não existindo contudo, filogenias que

suportem seus subgêneros, o que é dificultado pela elevada riqueza do grupo (114 espécies nominais).

O grupo Augochlora é relacionado a um outro clado que incluiu, na maioria das análises moleculares, os gêneros *Thectochlora*, *Caenaugochlora*, e *Megalopta* s.l. Estes três gêneros possuem morfologia bem característica, especialmente *Thectochlora* e *Megalopta* s.l.. *Megalopta* inclui espécies que voam em condições de pouca luminosidade, inclusive espécies de hábito cleptoparasita (o subgênero *Noctoraptor*) e está intimamente relacionado com *Xenochlora* como evidenciado com a inúmeras características morfológicas e moleculares.

A relação de *Megalopta* com *Caenaugochlora* já foi advogada por Engel (2000) e dados morfológicos empregados no presente estudo também sustentam esse agrupamento: margens dos esternos três a cinco com recortes ou concavidades. *Caenaugochlora* apresenta dois subgêneros, *Ctenaugochlora* com relativamente pouca diversidade morfológica e poucas espécies descritas e *Caenaugochlora* s.s. que possui muita variação intraespecífica e maior riqueza, necessitando de uma revisão para publicar suas formas não descritas. É possível que *Caenagogchlora* s.s. seja parafilético em relação a *Ctenaugochlora*, condição que merece ser examinada no futuro.

A posição de *Thectochlora* neste grupo é mais controversa, especialmente pela ausência de dados morfológicos que a sustentem. O gênero possui cinco espécies bastante homogêneas e mesmo o cladograma que expressa as relações entre elas (Gonçalves & Melo 2006) esclarece pouco sobre esta história. Uma das análises empregadas no presente estudo apontou para a relação deste gênero com o grupo *Augochlora*, porém os resultados foram pouco robustos.

A distribuição do grupo é de difícil interpretação devido à ocupação em toda a região neotropical dos gêneros *Augochlora*, *Augochlorella*, *Megalopta* s.l. e *Pereirapis*. Um estudo filogenético foi conduzido para as espécies de *Augochlorella* (Coelho 2004) e indica a divisão do gênero em dois grupos, um ocupando a América Central até a região Neártica (grupo aurata) e outro na América Central de do Sul (grupo ephyra), ambas com representantes basais no sul da América Central. Quanto aos demais gêneros, *Caenaugochlora* é um elemento do norte dos Andes e

América Central (AnMA), já *Ceratalictus* e *Thectochlora* são elementos típicos do sudeste (SE) da América do Sul.

Perspectivas e Conclusão

Tanto a ampliação da base de dados molecular para todos os gêneros e subgêneros de Augochlorini, como a disponibilização de sequências para mais espécies de grupos pouco amostrados, como por exemplo gr. *Corynura* e gr. *Chlerogella*, pode trazer maior resolução às árvores obtidas. A amostragem taxonômica é crucial para diminuir o efeito de artefatos ou ruído nos dados e assim pode melhorar o suporte dos agrupamentos recuperados. A amostragem de outros genes pode também contribuir para a robustez das análises. Neste caso é sugerido um gene cujas taxas de mudança permitam a resolução das primeiras cladogêneses da tribo, porção da filogenia mais instável nas análises apresentadas aqui.

Dados de morfologia externa já foram bem explorados (Eickwort 1969, Danforth & Eickwort 1997, Engel 2000, este estudo) e podem trazer informações relevantes apenas na medida em que os gêneros sejam revisados e o volume de dados aumente para mais terminais. Porém, para esgotar a fonte de dados da morfologia, ainda cabe o desafio de se estudar a morfologia interna, a anatomia dos órgãos e a ultraestrutura. Outra fonte que pode ser explorada é o comportamento, especialmente aquele relacionado à biologia da nidificação, completando os dados já disponíveis na literatura.

Quanto à classificação sistemática da tribo é conveniente neste momento adotar a classificação proposta por Moure (2007), que se ajusta melhor às hipóteses apresentadas aqui. O tratamento de Engel (2000) já está desatualizado e apresenta muitos conflitos com as hipóteses aqui propostas. A classificação de Michener (2000, 2007) assume muitas sinonímias, que estão em parte contraditas pelos resultados mostrados acima. Destas sinonímias, as que parecem adequadas de serem mantidas são: *Neocorynurella*, que pode ser considerado sinônimo de *Andinaugochlora*, com suas duas espécies em nova combinação; e *Ischnomelissa*, que pode ser considerado subgênero de

Chlerogella.

As hipóteses moleculares aqui desenvolvidas apresentaram novas evidências que permitem guiar futuros estudos para o grupo, a fim de se compreender a evolução dentro de cada um dos seus clados. Os dados de DNA podem trazer evidências para grupos cuja morfologia apresente um grande nível de homoplasias, o que dificulta a reconstrução filogenética e o entendimento da evolução. Outra relevância dos dados moleculares, aqui evidenciada, a possibilidade de datar os ramos, o que permite atrelar os eventos de diversificação do grupo com eventos de quebra de áreas biogeográficas. Neste contexto, a presente tese apresentou avanços significativos na compreensão da filogenia de Augochlorini.

RESUMO

Augochlorini (Halictinae) é um elemento comum na região Neotropical, e a história natural das suas espécies é marcada pela plasticidade quando comparada a outras abelhas. A tribo é grupo-irmão de Halictini, e seus fósseis datam pelos menos do âmbar Dominicano (cerca de 20 milhões de anos). As relações entre os gêneros de Augochlorini foram reconstruídas de maneira insatisfatória, sendo as hipóteses existentes em parte incongruentes, pouco robustas e baseadas apenas em dados morfológicos. Neste sentido, o presente estudo apresenta uma abordagem filogenética empregando dados moleculares. Para 76 terminais, foram obtidas sequências de DNA de quatro genes, 28S, Fator de Alongamento 1-alfa, Rodopsina Verde e *wingless*, somando 3043 pares de bases alinhadas. Análises de máxima parcimônia, máxima verossimilhança e inferência bayesiana foram conduzidas para os dados moleculares em conjunto, incluindo ou não regiões de alinhamento ambíguo (alças e íntrons). Os resultados, em consenso, apontam para a parafilia das duas subtribos de Augochlorini sensu Engel, com três grupos de gêneros, gr. *Corynura*, gr. *Rhinocorynura* e gr. *Chlerogella* formando uma politomia na base. Os demais gêneros formam um agrupamento que é dividido em três grandes clados, cujas relações não foram bem resolvidas. O primeiro é composto pelo grupo Megaloptidia e os gêneros *Augochloropsis*, *Augochlorodes* e *Pseudaugochlora*, o segundo pelo grupo Neocorynura mais *Chlerogas*, *Paroxystoglossa* e *Temnosoma*, e o terceiro pelo grupo Augochlora e *Caenaugochlora*, *Megalopta* e *Thectochlora*. As primeiras linhagens de Augochlorini se diversificaram entre 70–60 milhões de anos atrás, sendo que desde 50 milhões de anos vem ocorrendo uma gradativa diversificação do grupo. A re-análise da morfologia externa do grupo não foi útil para entender melhor a evolução do grupo que em trabalhos anteriores, inclusive diminuindo o poder explicativo da hipótese gerada pela evidência total. As hipóteses moleculares apresentaram novas evidências que guiam futuros estudos para o grupo, para que se possa entender a evolução dentro de cada um dos seus clados.

Palavras-chave: sistemática molecular, filogenia, abelhas, Halictidae.

ABSTRACT

Molecular phylogeny of Augochlorini bees (Hymenoptera, Apidae). Augochlorini (Halictinae) is a common element in the Neotropical region, and his natural history is known by their relatively plasticity when compared to other bees. Augochlorini is sister-group of Halictini, and its oldest fossils date from the Dominican amber (about 20 million years before present). The phylogenetic relationships among their genera were only superficially reconstructed, the competing hypothesis are not entirely congruent nor robust and were based only on morphological data. With this background, this study aims to present a molecular phylogeny to Augochlorini. It was obtained, for 76 terminals, DNA sequences of four genes, 28S, Elongation Factor 1-alpha, Green Rodopsin and Wingless, giving a 3043 base pair alignment. Maximum parsimony, maximum likelihood and Bayesian inference analyses were carried out for the molecular data, including or excluding regions of ambiguous alignment (loops and introns). The results, based on consensus trees, suggest the paraphyly of both Augochlorini subtribes (sensu Engel), with three groups of genera, gr. *Corynura*, gr. *Rhinocorynura* e gr. *Chlerogella* forming a basal polytomy with a clade containing the remaining genera. This clade has three subgroups, whose phylogenetic relationships were not well stabilized. The first group consists of gr. *Megaloptidia* and *Augochloropsis*, *Augochlorodes*, and *Pseudaugochlora*, the second group of gr. *Neocorynura* plus *Chlerogas*, *Paroxystoglossa*, and *Temnosoma*, and the third group consists of gr. *Augochlora* and *Caenaugochlora*, *Megalopta*, and *Thectochlora*. The first Augochlorini lineages diversified by 70 to 60 million years ago, and since 50 mya there has been a gradual diversification of the group. The reanalysis of augochlorines external morphology was not helpful for understanding the evolution of the group, and also reduced the explanatory power of the total evidence hypothesis. The molecular hypothesis brought new evidences to guide future studies for the group, and positively favored the conception about the evolution of Augochlorini main clades.

Key-words: molecular systematics, phylogeny, bees, Halictidae.

REFERÊNCIAS

- Almeida, E.A.B. 2008. Revision of the Brazilian Species of *Pseudaugochlora* Michener 1954 (Hymenoptera: Halictidae: Augochlorini). **Zootaxa 1679:** 1-38.
- Almeida, E.A.B., Packer, L., Danforth, B.N. 2008. Phylogeny of the Xeromelissinae (Hymenoptera: Colletidae) based upon morphology and molecules. **Apidologie 39:** 75–85
- Almeida, E.A.B., Danforth, B. N. 2009. Phylogeny of colletid bees (Hymenoptera: Colletidae) inferred from four nuclear genes. **Molecular Phylogenetics and Evolution 50:** 290-309.
- Amorim, D.S., Pires, M.R.S. 1996. **Neotropical biogeography and a method for maximum biodiversity estimation**, p. 183-219. In: Bicudo, C.E.M., Menezes, N.A. Biodiversity in Brazil: A First approach. CNPq, São Paulo.
- Ascher, J.S., Danforth, B.N., Ji, S. 2001. Phylogenetic utility of the major opsin in bees (Hymenoptera: Apoidea): a reassessment. **Molecular Phylogenetics and Evolution 19 (1):** 76-93.
- Baker, R.H., DeSalle, R. 1997. Multiple sources of character information and the phylogeny of Hawaiian drosophilids. **Systematic Biology 46:** 654-673.
- Baker, R.H., Yu, X.B., DeSalle, R. 1998. Assessing the relative contribution of molecular and morphological characters in simultaneous analysis trees. **Molecular Phylogenetics and Evolution 9:** 427-436.
- Belshaw, R., Quicke, D.L.J., 1997. A molecular phylogeny of the Aphidiinae (Hymenoptera: Braconidae). **Molecular Phylogenetics and Evolution 7:** 281–293.
- Brenchley, P.J., Haerper, D.A. 1998. **Palaecology: ecosystems, environments and evolution.** 1. ed. Londres: Chapman & Hall, 402p.
- Brooks, R.W., Engel, M.S. 1998. New bees of the genus *Ischnomelissa* Engel, with a key to the species (Hymenoptera: Halictidae; Augochlorini). **Deutsche Entomologische Zeitschrift 45:** 181-189.
- Bybee, S.M.; Zaspel, J.M.; Beucke, K.A.; Scott, C.H.; Smith, B.W.; Branham, M.A. 2009. Are

molecular data supplanting morphological data in modern phylogenetic studies?

Systematic Entomology **35** (1): 2-5.

Buffington, M.L.; Nylander, J.A.A.; Heraty, J.M. 2007. The phylogeny and evolution of Figitidae (Hymenoptera: Cynipoidea). **Cladistics** **23**: 403-431.

Bull, J.J.; Huelsenbeck, J.P.; Cunningham, C.W.; Swofford, D.; Waddell, P.J. 1993. Partitioning and combining data in phylogenetic analysis. **Systematic Biology** **42**: 384-397.

Camargo, J.M.F., Pedro, S.R.M. 2003. Meliponini Neotropicais: O gênero *Partamona* Schwarz, 1939 (Hymenoptera, Apidae, Apinae): bionomia e biogeografia. **Revista Brasileira de Entomologia** **47**(3): 311-372.

Cameron, S.A.; Williams, P.H. 2003. Phylogeny of bumble bees in the New World subgenus *Fervidobombus* (Hymenoptera: Apidae): Congruence of molecular and morphological data. **Molecular Phylogenetics and Evolution** **28**: 552-563.

Cardinal, S., Straka, J., Danforth, B.N. 2010. Comprehensive phylogeny of apid bees reveals the evolutionary origins and antiquity of cleptoparasitism. **Proceedings of the National Academy of Sciences** **107**: 16207–16211.

Castresana, J. 2000. Selection of conserved blocks from multiple alignments for their use in phylogenetic analysis. **Molecular Biology and Evolution** **17**: 540-552.

Chang, B.S.W., Ayers, D., Smith, W.C., Pierce, N.E. 1996. Cloning of the gene encoding honeybee long-wavelength rhodopsin: a new class of insect visual pigments. **Gene** **173**: 215-219.

Coelho, B.W.T. 2004. A review of the bee genus *Augochlorella* (Hymenoptera: Halictidae: Augochlorini). **Systematic Entomology** **29**: 282–323.

Coelho, B.W.T., Gonçalves, R.B.G. 2010. A taxonomic revision of the augochlorine bee genus *Ceratalictus* Moure (Hymenoptera, Apoidea). **Zootaxa** **2675**: 1-25

Cunningham, C.W. 1997. Can tree incongruence tests predict when data should be combined? **Molecular Biology and Evolution** **14**: 733-740.

Craw, R.C., Grehan, J.R., Heads, M.J. 1999). **Panbiogeography: Tracking the History of Life.** Oxford University Press, New York.

Danforth, B.N., 1999. Phylogeny of the bee genus *Lasioglossum* (Hymenoptera: Halictidae) based on mitochondrial cytochrome oxidase. **Systematic Entomology** **24**: 377–393.

Danforth, B.N., G.C. Eickwort. 1997. **The evolution of social behavior in the Augochlorini sweat bees (Hymenoptera: Halictidae) based on a phylogenetic analysis of the genera.** In: Choe, J.C., Crespi, B. J. (eds). *The evolution of social behavior in insects and arachnids.* 270-292p.

Danforth, B.N., Conway, L., Ji, S. 2003. Phylogeny of eusocial *Lasioglossum* reveals multiple losses of eusociality within a primitively eusocial clade of bees (Hymenoptera: Halictidae). **Systematic Biology** **52(1)**: 23-36.

Danforth, B.N., Ji., S. 2001. Australian *Lasioglossum* + *Homalictus* form a monophyletic group: resolving the "Australian enigma". **Systematic Biology** **50(2)**: 268-283.

Danforth, B.N., Sipes, S., Fang, J., Brady, S.G. 2006. The history of early bee diversification based on five genes plus morphology. **Proceedings of the National Academy of Sciences** **103**: 15118-15123.

Danforth, B.N., Brady, S.G., Sipes, S.D., Pearson, A., 2004. Single-copy nuclear genes recover Cretaceous-age divergences in bees. **Systematic Biology** **55**: 309–326.

Danforth, B.N., Eardley, C., Packer, L., Walker, Pauly, A., Randrianambinintsoa, F.J. 2008. Phylogeny of Halictidae with an emphasis on endemic African Halictinae. **Apidologie** **39**: 86-101.

Danforth, B.N., Sauquet, H., Packer, L. 1999. Phylogeny of the bee genus *Halictus* (Hymenoptera: Halictidae) based on parsimony and likelihood analyses of nuclear EF-1 α sequence data. **Molecular Phylogenetics and Evolution** **13(3)**: 605-618.

Drummond, A.J., Rambaut, A. 2007. BEAST: Bayesian evolutionary analysis by sampling trees. **BMC Evolutionary Biology** **7**: 214.

Edgar, R.C., Batzouglou, S. 2006. Multiple sequence alignment. **Current Opinion in Structural Biology** **16**: 368-373.

Eickwort, G.C. 1969a. A comparative morphological study and generic revision of the augochlorine bees (Hymenoptera: Halictidae). **The University of Kansas Science Bulletin** **48**: 325-524.

Eickwort, G.C. 1969b. Tribal positions of Western Hemisphere green sweat bees, with comments on their nest architecture (Hymenoptera: Halictidae). **Annals of the Entomological Society of America** **62 (3)**: 652–660

Eickwort, G.C., Sakagami, S.F. 1979. A classification of nest architecture of bees in the tribe Augochlorini (Hymenoptera: Halictidae: Halictinae), with description of a Brazilian nest of *Rhinocorynura inflaticeps*. **Biotropica** **11(1)**: 28-37.

Engel, M.S. 1995a. The bee genus *Rhectomia* (Hymenoptera: Halictidae): discovery of the male and two new species. **Journal of the New York Entomological Society** **103**: 302–310.

Engel, M.S. 1995b. *Neocorynura electra*, a new fossil bee species from Dominican amber (Hymenoptera: Halictidae). **Journal of the New York Entomological Society** **103**: 317–323.

Engel, M.S. 1996. New augochlorine bees (Hymenoptera: Halictidae) in Dominican amber, with a brief review of fossil Halictidae. **Journal of the Kansas Entomological Society, Suppl.** **69**: 334–345.

Engel, M.S. 1997. A new fossil bee from the Oligo-Miocene Dominican amber (Hymenoptera: Halictidae). **Apidologie** **28**: 97– 102.

Engel, M.S. 2000. Classification of the bee tribe Augochlorini (Hymenoptera: Halictidae). **Bulletin of the American Museum of Natural History** **250**: 1-90.

Engel M.S. 2001. A monograph of the baltic amber bee and evolution of the Apoidea (Hymenoptera). **Bulletin of the American Museum of Natural History** **259**. 192p.

Engel, M.S. 2007. Two new augochlorine bees from Ecuador (Hymenoptera: Halictidae). **Acta Entomologica Slovenica** **15**: 21-29.

- Engel, M.S. 2009a. Revision of the bee genus *Chlerogella* (Hymenoptera, Halictidae), Part I: Central American species. **ZooKeys** 23: 47–75.
- Engel, M.S. 2009b. Notes on the augochlorine bee genus *Chlerogas* (Hymenoptera: Halictidae). **Caldasia** 31(2): 449–457.
- Engel, M.S. 2010. Revision of the bee genus *Chlerogella* (Hymenoptera, Halictidae), Part II: South American species and generic diagnosis. **ZooKeys** 47: 1-100.
- Engel, M.S., Brooks, R.W. 1998. The nocturnal bee genus *Megaloptidia* (Hymenoptera: Halictidae). **Journal of Hymenoptera Research** 7: 1-14.
- Engel, M.S., Brooks, R.W. 1999. **The augochlorini bee genus *Megaloptilla* (Hymenoptera: Halictidae)**. In: Byers, G. W., R. H. Hagen, R. W. Brooks (eds). Entomological Contributions in Memory of Byron A. Alexander. University of Kansas Natural History Museum Special Publication 24. pp. 9-15
- Engel, M.S., Gonçalves, R.B. 2010. A revised key to the species of *Caenaugochlora* (*Ctenaugochlora*) (Hymenoptera: Apoidea: Augochlorini), with the description of a new species from Costa Rica. **Genus** 21 (1): 101 – 110.
- Engel, M.S., Gonzalez, V.H. 2010. A new species of *Chlerogas* from the Andes of central Colombia (Hymenoptera: Halictidae). **Caldasia** 31(2): 441-447.
- Engel, M. S., Rightmyer, M.G. 2000. A new augochlorine bee species in Tertiary amber from the Dominican Republic (Hymenoptera: Halictidae). **Apidologie** 31: 431–436.
- Farris, J.S. 1989. The retention index and the rescaled consistency index. **Cladistics** 5: 417-419.
- Farris, J.S., Källersjö, M., Kluge, A.G., Bult, C. 1994. Testing significance of incongruence. **Cladistics** 10: 315-319.
- Gatesy, J., O'Grady, P., Baker, R.H. 1999. Corroboration among data sets in simultaneous analysis: Hidden support for phylogenetic relationships among higher level Artiodactyla taxa. **Cladistics** 15: 271-313.
- Genaro, J.A. 2008. Origins, composition and distribution of the bees of Cuba (Hymenoptera:

Apoidea: Anthophila). **Insecta Mundi** **52**: 1-16

Genaro, J.A., Franz, N.M.. 2008. The bees of greater Puerto Rico (Hymenoptera: Apoidea: Anthophila). **Insecta Mundi** **40**:1-24.

Gibbs, J. 2009a. Integrative taxonomy identifies new (and old) species in the *Lasioglossum (Dialictus) tegulare* (Robertson) species group (Hymenoptera, Halictidae). **Zootaxa** **2032**: 1–38

Gibbs, J. 2009b. New species in the *Lasioglossum petrellum* species group identified through an integrative taxonomic approach. **Canadian Entomologist** **141**: 371–396

Gonçalves, R.B. 2010a. Phylogeny and revision of the Neotropical bee genus *Rhectomia* s.l. Moure (Hymenoptera, Apidae, Augochlorini). **Systematic Entomology** **35**: 90-117.

Gonçalves, R.B. 2010b. Notes on the identity of *Halictus glabrescens* Cockerell and description of a new Species of *Halictillus* Moure (Hymenoptera, Apidae s.l., Halictinae). **Neotropical Entomology** **39 (5)**: 752-756.

Gonçalves, R.B., Engel, M.S. 2010. The bee genus *Caenaugochlora* (Hymenoptera, Apoidea) and its constituent subgenera, with new species of *Caenaugochlora* s. str. from Ecuador. **Zookeys** **37**: 69–80.

Gonçalves, R.B., Melo, G.A.R. 2005. A comunidade de abelhas (Hymenoptera, Apidae s. l.) em uma área restrita de campo natural no Parque Estadual de Vila Velha, Paraná: diversidade, fenologia e fontes florais de alimento. **Revista Brasileira de Entomologia** **49**: 557-571.

Gonçalves, R. B., Melo, G. A. R. 2006. Revision of the bee genus *Thectochlora* Moure (Hymenoptera, Apidae, Halictinae). **Zootaxa** **1331**: 1-30.

Gonçalves, R.B., Melo, G.A.R. 2008. New species of the bee genus *Augochlorodes* (Hymenoptera, Apidae). **Journal of Natural History** **42(19)**: 1385-1403.

Gonçalves, R.B., Melo, G.A.R. 2010. Phylogeny of the bee subtribe Caenohalictina (Hymenoptera, Apidae). **Zoologica Scripta** **39 (2)**: 187-197.

Gonçalves, R.B., Santos, L.M. 2010. Notes and new species of the halictine genus *Megommation*

- Moure (Hymenoptera, Apidae, Augochlorini). **Zootaxa** **2685**: 57-64.
- Gonzalez, V.H., Engel, M.S. 2004. The tropical Andean bee fauna (Insecta: Hymmenoptera: Apoidea), with examples from Colombia. **Entomologische Abhandlungen** **62(1)**: 65-75.
- Gonzalez, V.H., Griswold, T., Ayala, R. 2010. Two new species of nocturnal bees of the genus *Megalopta* (Hymenoptera: Halictidae) with keys to species. **Revista de Biología Tropical** **58 (1)**: 255-263.
- Gonzalez-Vaquero, R.A. 2010. Revisión sistemática del género *Halictillus* (Hymenoptera: Halictidae: Augochlorini) en la Argentina. **Revista de la Sociedad Entomológica de Argentina** **69 (1-2)**: 65-89.
- Guindon, S., Gascuel, O. (2003) A simple, fast and accurate algorithm to estimate large phylogenies by maximum likelihood. **Systematic Biology** **52**: 696-704.
- Hall, T.A. 1999. BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. **Nucleic Acids Symposium** **41**:95-98.
- Hipp, A. L.; Hall, J. C.; Systma, K. J. 2004. Congruence versus phylogenetic accuracy: Revisiting the incongruence length difference test. **Systematic Biology** **53 (1)**: 81-89.
- Hoy, M.A. 2003. **Insect Molecular Genetics: an introduction to principles and applications**. 2nd edition. Academic Press. 544p.
- Hancock, J.M., Tautz, D. Dover, G.A. 1988. Evolution of the secondary structures and compensatory mutations of the ribosomal RNAs of *Drosophila melanogaster*. **Molecular Biology and Evolution** **5**: 393-414
- Itturalde-Vinent, M.A., MacPhee, R.D.E. 1996. Age and paleogeographical origin of Dominican amber. **Science** **273**: 1850–1852.
- Hancock, J.M., Tautz, T., Dover, G.A. 1988. Evolution of the secondary structures and compensatory mutations of the ribosomal RNAs of *Drosophila melanogaster*. **Molecular Biology and Evolution** **5(4)**: 393-414.
- Hipp, A.L.; Hall, J.C.; Systma, K.J. 2004. Congruence versus phylogenetic accuracy: Revisiting the

- incongruence length difference test. **Systematic Biology** **53** (1): 81-89.
- Janda, M.; Folkova, D.; Zrzavy, J. 2004. Phylogeny of *Lasius* ants based on mitochondrial DNA and morphology, and the evolution of social parasitism in the Lasiini (Hymenoptera, Formicidae). **Molecular Phylogenetics and Evolution** **33**: 595-614.
- Katoh, K., Asimenos, G. Toh H. 2009. Multiple alignment of DNA with MAFFT. **Methods Molecular Biology** **537**: 39-64
- Leys, R., Cooper, S.J.B., Schwarz, M.P. 2002. Molecular phylogeny and historical biogeography of the large carpenter bees, genus *Xylocopa* (Hymenoptera: Apidae). **Biological Journal of the Linnean Society** **77**: 249-266.
- Lin, C.P., Danforth, B.N. 2004. How do insect nuclear and mitochondrial gene substitution patterns differ? Insights from Bayesian analyses of combined datasets. **Molecular Phylogenetics and Evolution** **30**: 186-702.
- Linares, A.R., Hancock, J.M., Dover, G.A. 1991. Secondary structure constraints on the evolution of *Drosophila* 28S ribosomal RNA expansion segments. **Journal of Molecular Biology** **219**: 381–390.
- Mardulyn, P., Whitfield, J.B., 1999. Phylogenetic signal in the COI, 16S, and 28S genes for inferring relationships among genera of Microgastrinae (Hymenoptera: Braconidae): evidence of a high diversification rate in this group of parasitoids. **Molecular Phylogenetics and Evolution** **12**: 282–294.
- Melo, G.A.R., Gonçalves, R.B. 2005. Higher-level bee classifications (Hymenoptera, Apoidea, Apidae sensu lato). **Revista Brasileira de Zoologia** **22**: 53–159.
- Meier, R., Kwong, S., Vaidya, G., Ng, P.K.L. 2006. DNA Barcoding and taxonomy in Diptera: a tale of high intraspecific variability and low identification success. **Systematic Biology** **55**: 715-728.
- Michener, C.D. 1979. Biogeography of the bees. **Annals of the Missouri Botanical Garden** **66**: 277-347.

Michener, C.D. 2007. **The Bees of the World**. Johns Hopkins University Press, Baltimore, Maryland. 953p. 2nd edition.

Michel-Salzat, A., Cameron, S.A., Oliveira, M.L. 2004. Phylogeny or the orchid bees (Hymenoptera: Apinae: Euglossini): DNA and morphology yield equivalent patterns. **Molecular Phylogenetics and Evolution** **32**: 309-323.

Michez, D., Patiny, S., Danforth, B.N. 2009. Phylogeny of the bee family Melittidae (Hymenoptera: Anthophila) based on combined molecular and morphological data. **Systematic Entomology** **34**: 574-597.

Morrison, D.A., Ellis, J.T. 1997. Effects of nucleotide sequence alignment on phylogeny estimation: a case study of 18S rDNAs of Apicomplexa. **Molecular Biology and Evolution** **14**: 428-441.

Morrison, D.A. 2009. Why would phylogeneticists ignore computerized sequence alignment? **Systematic Biology** **58** (1): 150-158.

Morrone, J.J. 2001. **Biogeografia de América Latina y el Caribe**. Manuales Thesis SEA 3. Sociedad Entomológica Aragonesa, Zaragoza.

Morrone, J.J. 2003. **Homología biogeográfica primaria de la familia Trichodactylidae (Crustacea: Decapoda)**. In: Morrone, J.J. & Llorente, K. (eds). Una perspectiva latinoamericana de la biogeografía. Las prensas de Ciencias, Facultad de Ciencias, UNAM, Mexico, p. 241-245.

Moure, J. S. 1943. Abelhas de Batatais (Hym. Apoidea). **Arquivos do Museu Paranaense** **3**: 145-203.

Moure, J.S. 1960. A review of the genus *Paroxystoglossa* (Hymenoptera: Halictidae). **University of Kansas Science Bulletin** **40**: 121-133.

Moure, J.S. 1964. Two new genera of halictine bees from the Araucanian subregion of South America. **Journal of the Kansas Entomological Society** **37**: 265-275.

Moure, J.S. 2007. **Augochlorini**. In: Moure, J.S., Urban, D., Melo, G.A.R. (orgs). Catalogue of

- Bees (Hymenoptera, Apoidea) in the Neotropical Region. Curitiba, Sociedade Brasileira de Entomologia, p. 62-82.
- Moure, J.S., Hurd, P.D. 1987. **An Annotated Catalog of the Halictid Bees of the Western Hemisphere (Hymenoptera: Halictidae)**. Smithsonian Press, Washington, DC. 405p.
- Nihei, S.S., Carvalho, C.J.B. 2005. Distributional patterns of the Neotropical fly genus *Polietina* Schnabl & Dziedzicki (Diptera, Muscidae): a phylogeny-supported analysis using panbiogeographic tools. **Papéis Avulsos de Zoologia** **45(5)**: 313-326.
- Patiny, S., Michez, D., Danforth, B.N. 2007. Phylogenetic relationships and host-plant evolution within the basal clade of Halictidae (Hymenoptera, Apoidea). **Cladistics** **23**: 1-15.
- Pesenko Y.A. 1999. Phylogeny and classification of the family Halictidae revised (Hymenoptera: Apoidea). **Journal of the Kansas Entomological Society** **72**: 104–123.
- Pesenko, Y.A. 2004. The phylogeny and classification of the tribe Halictini, with special reference to the *Halictus* genus group (Hymenoptera: Halictidae). **Zoosystematica Rossica** **13**: 83–113.
- de Pinna, M.C.C. 1991. Concepts and tests of homology in the cladistic paradigm. **Cladistics** **7**: 367-394.
- Posada D. 2008. jModelTest: Phylogenetic Model Averaging. **Molecular Biology and Evolution** **25**: 1253-1256.
- Posada, D., Buckley, T.R. 2004. Advantages of AIC and Bayesian approaches over likelihood ratio tests for model selection in phylogenetics. **Systematic Biology** **53**: 793-808.
- de Queiroz, A.; Donoghue, M.J.; Kim, J. 1995. Separate versus combined analysis of phylogenetic evidence. **Annual Review of Ecology and Systematics** **26**: 657-681.
- Rambaut, A. 2006-2009. **FigTree v1.3.1**. Institute of Evolutionary Biology, University of Edinburgh. <http://tree.bio.ed.ac.uk/software/figtree/>
- Roig-Alsina A., Michener, C.D. 1993. Studies of the phylogeny and classification of long tongued bees (Hymenoptera: Apoidea). **University of Kansas Science Bulletin** **55**: 124–162.

Roig-Juñent, S., Coscarón, S. 2001. Biogeographical history of the Neotropical and Neantarctic

Simuliidae (Diptera). **Revista del Museo Argentino de Ciencias Naturales** **3**(2): 119-134.

Rozen, J.G., Jr. (1997). South American Rophitine bees (Hymenoptera: Halictidae: Rophitinae).

American Museum Novitates **3206**: 1-27

Sakagami, S.F., Moure, J.S. 1965. Cephalic polymorphism in some neotropical halictine bees (Hymenoptera-Apoidea). **Anais da Academia Brasileira de Ciências** **37**: 303-313.

de Salle, R.; Brower, A.V.Z. 1997. Process partitions, congruence, and the independence of characters: Inferring relationships among closely related Hawaiian *Drosophila* from multiple gene regions. **Systematic Biology** **46**: 751-764.

Santos, L.M., Silveira, F.A. 2010. Taxonomic notes on *Megalopta* Smith, 1853 (Hymenoptera: Halictidae: Augochlorini) with a synopsis of the species in the state of Minas Gerais, Brazil. **Zootaxa** **2194**: 1-20.

Smith-Pardo, A.H. 2005a. A new species of *Neocorynura* from Ecuador (Hymenoptera: Halictidae), with notes on taxonomy of the genus. **Zootaxa** **1051**: 55-64.

Smith-Pardo, A.H. 2005b. **Phylogeny and classification of the bee genus Neocorynura (Hymenoptera: Apidae: Augochlorini)** [Ph. D. dissertation]. Lawrence: University of Kansas. 268 p.

Smith-Pardo, A.H., Gonzalez, V. H. 2009. A revision of *Neocorynura* bees of the *joannisi* group with new geographical records for other Andean species (Hymenoptera: Halictidae, Augochlorini). **Studies on Neotropical Fauna & Environment** **44**(2): 115-129.

Smith-Pardo, A.H. 2010. Taxonomic revision of the species of *Neocorynura* (Hymenoptera: Halictidae: Augochlorini) inhabiting Argentina and Paraguay. **Zootaxa** **2507**: 44-68.

Sorenson, M.D., Franzosa, E.A. 2007. **TreeRot, version 3**. Boston University, Boston, MA.

Tierney, S. M., Gonzales-Ojeda, T., Wcislo, W. T. 2008. Nesting biology and social behavior of *Xenochlora* bees (Hymenoptera: Halictidae: Augochlorini) from Perú. **Journal of the Kansas Entomological Society** **81** (1): 61-72.

Thompson, J.D., Higgins, D.G., Gibson, T.J. 1994. CLUSTAL W: improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignments through sequence weighting, position specific gap penalties and weight matrix choice. **Nucleic Acids Research** **22**: 4673-4680.

Townson, S.M., Chang, B.S., Salcedo, E., Chadwell, L.V., Pierce, N.V., Britt, S.G. 1998. Honeybee blue- and ultraviolet-sensitive opsins: cloning, heterologous expression in *Drosophila*, and physiological characterization. **Journal of Neurosciences** **18**: 2412-2422.

Uliana, M.A., Biddle, K.T. 1988. Mesozoic-Cenozoic paleogeographic and geodynamic evolution of Southern South America. **Revista Brasileira de Geociencias** **18**(2): 172-190.

Zachos, J. Pagani, M. Sloan, L., Thomas, E., Billups, K. 2001. Trends, Rhythms, and Aberrations in Global Climate 65 Ma to present. **Science** **292**: 686-693.

ANEXO I - Matrizes de dados

1. Matriz molecular

CHARSET 28s = 1-801;

CHARSET ef = 802-1411;

CHARSET ops = 1412-2136;

CHARSET wg = 2137-3043;

	0	5	10	15	20	25	30	35	40	45	50	55	60	65
000Pen pen	???													
01 Rhi bri	AAAGATCGAATGGGAGATTCATGACAAC-GAGGCT-GGCTTCCG-TTG-ATGTGC-GATAACCCGA													
06 Cer clo	AAAGATCGAATGGGAGATTCAACGAAAAC-GAGGCA-GGCTTCCG-TTG-ATGAGC-GATAACCCGA													
100 The ala	AAAGATCGAATAGGGAGATTCATGACAAC-GAGGCT-GGCTTCCG-TTG-ATGTGC-GATAACCCGA													
101 Rhi bru	AAAGATCGAATGGGAGATTCATGACAAC-GAGACT-GGCTTCCG-TTG-ATGTGC-GATAACCCGA													
108 Par tra	AAAGATCGAATAGGGAGACTCATGACAAC-GAGGCT-GGCTTCCG-TTG-ATCGGC-GATAACCCGA													
109 Hal lou	AAAGATCGAATGGGAGATTCATGACAAC-GAGGCT-GGCTTCCG-TTG-ATGTGC-GATAACCCGA													
111 Ala eph	AAAGATCGAATCGGGAGATTCAACGAAAAC-GGGGCT-GGCTTCCG-TTG-ATGTGC-GATAACCTGA													
112 Aug amp	AAAGATCGAATGGGAGATTCAACGAAAAC-GAGACC-GGCTTCCGTATG-ATGCGC-GATAACCTGA													
113 Aug cae	AAAGATCGAATCGGGAGATTCAACGAAAAC-GAGACC-GGCTTCCG-TTG-ATGCGC-GATAACCTGA													
116 The bra	AAAGATCGAATAGGGAGATTCATGACAAC-GAGGCT-GGCTTCCG-TTG-ATGTGC-GATAACCCGA													
123 Pse sp	AAAGATCGAATGGGAGATTCATGACGAC-GAGGCT-GGCTTCCG-TTGGCGCGT-GATCTCCGG													
127 Pse sim	AAAGATCGAATGGGAGATTCATGACGAC-GAGGCT-GGCTTCCG-TTG-GCGCT-GATGCTCCGG													
128 The bas	AAAGATCGAATAGGGAGATTCATGACAAC-GAGGCT-GGCTTCCG-TTG-ATGTGC-GATAACCCGA													
130 Neo aen	AAAGATCGAATGGGAGATTCATGACAAC-GAGGCT-GGCTTCCG-TTG-ATGCGC-GATAACCCGA													
132 Ais cup	AAAGATCGAATGGGAGATTCATGATAACAGGGGCT-GGCTTCCG-TTG-ATGCGC-GATAACCCGA													
133 Par aff	AAAGATCGAATAGGGAGACTCATGACAAC-GAGGCT-GGCTTCCG-ATG-ACGCGC-GATAACCCGA													
134 Tem spl	AAAGATCGAATAGGGAGATTCAACGACAAC-GAGGCT-GGCTTCCG-TTG-ATGCGC-GATAACCTGA													
141 Par bar	AAAGATCGAATAGGGAGACTCATGACGAC-GAGGCT-GGCTTCCG-TTG-ACGCGC-GATAACCCGA													
142 And mic	-----													
143 Chl cya	AAAGATCGAATAGGGAGATTCATGACAAC-GAGGCT-GGCTTCCG-TTG-ATGTGC-GATAACCCGA													
145 Isc zon	AAAGATCGAATGGGACATTATCATGACAAC-GAGGCT-GGCTTCCG-TTG-ATGTGC-GATAACCCGA													
14 Cor cog	AAAGATCGAATGGGAGATTCATGACGAC-GAGGCT-GGCTTCCG-TTG-ATGTGC-GATAACCCGA													
151 Isc les	AAAGATCGAATGGGAGATTCATGACAAC-GAGGCT-GGCTTCCG-TTG-ATGTGC-GATAACCCGA													
158 Nea see	AAAGATCGAATAGGGAGATTCATGACGAC-GGGGTT-GGCTTCCG-TGG-ATGTGC-GATAACCCGA													
159 Nea sp	AAAGATCGAATAGGGAGATTCATGACAACAGGGCT-GGCTTCCG-TTG-ATGTGC-GATAACCCGA													
176 Ais sp	aaagatcgaaatgggagattcatgcataac?gaggct?ggctccg?ttg?acgcgcagataccccgt													
177 Neo sp1	AAAGATCGAATAGGGAGATTCATGACAACGAGGCT-GGCTTCCG-TTG-ATGCGC-GATAACCCGA													
185 Cae sp1	AAAGATCGAAAGGGAGATTCATGTCGAC-GAGGCT-GGCTTCCG-TTG-GTGCAGATAACCCCG													
189 Aes tur	AAAGATCGAATGGGAGATTCATGACAAC-GAGGCT-GGCTTCCG-TAG-ACGTC-GATAACCCGA													
190 Cae ine	AAAGATCGAATGGGAGATTCATGACAAC-GAGGCT-GGCTTCCG-TTG-ATGCGC-GATGCCCGA													
193 Meg gui	AAAGATCGAATGGGAGATTCATGATAAC-GAGGCT-GGCTTCCG-TTG-GCGTC-GATAACCCGA													
194 Cae mou	AAAGATCGAATGGGAGATTCATGACGAC-GTGGCT-GGCTTCCG-TTG-GTGCAGATAACCCCG													
196 Rec cat	AAAGATCGAATGGGAGATTCATGACAAC-GAGGCT-GGCTTCCG-TTG-GTGTGC-GATAACCCGA													
212 Ais cog	AAAGATCGAATGGGAGATTCATGATAACAGGAGGGT-GGCTTCCG-TTG-ACGCGC-GATAACCCGA													
21 Aug sem	AAAGATCGAATGGGAGATTCATGACAAC-GAGGCT-GGCTTCCGTATG-ATGCGC-GATAACCTGA													
248 Ala aur	AAAGATCGAATGGGAGATTCAACGAAAAC-GGGGCT-GGCTTCCG-TCG-ATGCGC-GATAACCTGA													
253 Neo oio	AAAGATCGAATAGGGAGATTCATGACAACGAGGCT-GGCTTCCG-TTG-ATGCGC-GATAACCCGA													
254 Duf sp1	AAAGATCGAATGGGAGATTCATGGCAGC-GAAGCT-GGCTTCCG-TTG-GTGC-GATAACCTGA													
267 Sti eic	AAAGATCGAATGGGAGATTCAACGACAAC-GAGGCT-GGCTTCCG-TTG-ACGTGT-GATAACCCGA													
268 Aug JIR	AAAGATCGAATGGGAGATTCAACGAAAAC-GGGGCT-GGCTTCCG-TTG-ATGCGC-GATAACCTGA													
269 Noc fur	AAAGATCGAATGGGAGATTCATGATAAC-GAGGCTGGCTTCCG-TTG-GCGTC-GATAACCCGA													
26 Neo mel	AAAGATCGAATAGGGAGATTCATGACAACGAGGCT-GGCTTCCG-TTG-ATGCGCAGATAACCCGA													
270 Xen nig	AAAGATCGAATGGGAGATTCATGATAAC-GAGGCA-GGCTTCCG-TTG-GCGTC-GATAACCCGA													
271 Mna sp1	AAAGATCGAATGGGAGATTCATGACGAC-GATGCT-GGCTTCCG-TAG-GCATGC-GATGTCCCGA													
30 Meg ins	AAAGATCGAATGGGAGATTCATGACGAC-GATGCT-GGCTTCCG-TAG-ACGTC-GATAACCCGA													
328 Tem sp2	AAAGATCGAATAGGGAGGTCAACGACAAC-GAGGCT-GGCTTCCG-TTG-ATGCGC-GATAACCTGA													
329 Cae sp	AAAGATCGAATGGGAGATTCATGAGAAC-GAGGCT-GGCTTCCG-TTG-ATGCGC-GATAACCCGA													
330 Aug sp	AAAGATCGAATGGGAGATTCAACGAAAAC-GGGGCT-GGCTTCCG-TTG-ATGCGC-GATAACCTGA													
331 Ais sp	aaagatcgaaatgggagattcatgcataacggggct?ggctccg?ttg?atgcgc?gatacccgaa													
334 Meg min	AAAGATCGAATGGKAGATTATCGACGAC-GATGCT-GGCTTCCG-TAG-GCACK-GATGTCCCGA													
335 Aug rep	AAAGATCGAATGGGAGATTCAACGAAAAC-GGGGCT-GGCTTCCG-TTG-ATGCGC-GATAACCTGA													
343 Pse pan	AAAGATCGAATGGGAGATTCATGACGAC-GAGGCT-GGCTTCCG-TTG-GCGCGT-GATGTCCCGA													

46 Ala ura	AAAGATCGAATCGGGAGATTCAACGAAAAC-GGGGCT-GGCTTCCGTTG-ATGTGC-GATAACCTGA	53 Ari pal	AAAGATCGAATAGGGAGATTCATGACAAC-GATGCT-GGCTTCCG-TTG-ACGTC-GATAACCCGA	77 Per sem	AAAGATCGAACAGGGAGATTCAACGAAAAC-GAGGCT-GGCTTCCG-TTG-ATGAGC-GATAACCCGA	87 Mic lar	AAAGATCGAATGGGGAGATTCAACGACAAC-GAGGCT-GGCTTCCG-TAG-ACGTC-GATAACCCGA	88 Ais spa	AAAGATCGAATGGGGAGATTCAACGACAAC-GAGGCT-GGCTTCCG-TTG-ATGAGC-GATAACCCGA	90 Aes pol	AAAGATCGAATGGGGAGATTCAACGACAAC-GAGGCT-GGCTTCCG-TTG-ACGTC-GATAACCCGA	92 Rhi inf	AAAGATCGAATGGGGAGATTCAACGACAAC-GAGGCT-GGCTTCCG-TTG-GTGTGC-GATAACCCGA	Aga tyl	AAAGATCGAATGGGGAGATTCAACGACAAC-GAGGCT-GGCTTCCG-TTG-ATGCGCAGATAACCCGA	Ais met	???	Ala pom	AAAGATCGAATGGGGAGATTCAACGAAAAC-GGGGCT-GGCTTCCG-TTG-ATGTGC-GATAACCTGA	Aug pur	??..	Die nev	AAAGATCGAATGGGGAGATTCATGATGAC-GAGGCT-GGCTTCCG-TTGCGCGCAGATAACCCGA	Las zep	??..	Lip aus	??..	Meg gen	??..	Mex ari	????????????????..	Neo dis	????????????..	Nom fac	AAAGATCGAATGGGGAGATTCAACGAAAAC-GGGGCT-GGCTTCCG-TTG-ATGCGC-GATAACCCGA	Rui pro	????????????..	Sph con	????????????..	Thr tor	????????..																																				
68 73 78 83 88 93 98 103 108 113 118 123 128 133		000Pen pen	??..	01 Rhi bri	A----TGG---ACC---TT---CG---TGGTCAAT--GCGAGGGCACACCATTCGCG	06 Cer clo	A----TGGT---TCC---TT---CG---TGGTCAAT--GCAAGGGCACACCATCTTCGCG	100 The ala	A----TGG---GCC---TT---CG---TGGTCAAT--GCGAGGGCACACCATCTTCGCG	101 Rhi bru	A----TGG---ACC---TT---CG---TGGTCAAT--GCGAGGGCACGCCACCTTCGCG	108 Par tra	A----TGGTT---CCC---TT---CG---TGGTCAAT--GCGAGGGTACACCGTCTTCGCG	109 Hal lou	A----TGG---GCC---TT---CG---TGGTCAAT--GCGAGGGTACACCACTTCGCG	111 Ala eph	A----TGGT---TCC---TT---CG---TGGTCAAT--GAGAGGGCACACCGTCTTCGCG	112 Aug amp	A----TGGT---TCC---CT---CG---TGGTCAAT--GAGATGGTACACCATCTTCGCG	113 Aug cae	A----TGGT---TCC---CT---CG---TGGTCAAT--GAGAGGGTACACCATCTTCGCG	116 The bra	A----TGG---GCC---TT---CG---TGGTCAAT--GCGAGGGTACACCGTCTTCGCG	123 Pse sp	A----TTAGTT---CTCCT---TT---CGCGG-GAGTTCTAGTGGGAGGGTACACGTTCTTCGCG	127 Pse sim	A----TTAGTT---CTCCT---TT---CACGG-GGGTTCTAGTGGGAGGGTACACCGTTTCGCG	128 The bas	A----TGG---GCC---TT---CG---TGGTCAAT--GCGAGGGCACACCATCTTCGCG	130 Neo aen	A----TGG---ACC---TT---CGT-GGTTCAAT--GCGAGGGCACACCATCTTCGCG	132 Ais cup	A----TGG---GCC---TT---CG---TGGTCAAT--GCGAGGGTACACCGTCTTCGCG	133 Par aff	A----TGGTT---CCC---TT---CG---TGGTCAAT--GCGAGGGTACACCGTCTTCGCG	134 Tem sp1	A----TGG---TCC---TT---TGC-GGGGCTCAAT--GAGAGGGCACACCATCTTCGCG	141 Par bar	A----TGGTT---CCC---TT---GG---TGGTCAAT--GCGAGGGTACACCGTTTCGCG	142 And mic	-----CAAT--GCGAGGGTACACCATCCGCGGA	143 Chl cya	A----TGT---ACCA---TT---ATT-GGTTCAAT--GCGAGGGCACACCATCTTCGCG	145 Isc zon	A----TGG---GCC---TC---TG---TGGTCAAT--GCGAGGGTACACCCACCTTCGCG	14 Cor cog	A----TGG---GCC---TT---CG---TGGTCAAT--GAGAGGGCACGCCACCTTCGCG	151 Isc les	A----TGG---GCC---TT---TG---TGGTCAAT--GCGAGGGTACACCATCTTCGCG	158 Nea see	A----TGG---CCA---TT---CG---TGGTCAAT--GCGAGGGTACACCATCCGCGGA	159 Nea sp	A----TGG---CCA---TC---CGT-GGTTCAAT--GCGAGGGCACACCATCTTCGCG	176 Ais sp	a????????tggt??tcc????tc?????cg??tggtcaat??cgagggtaacccgtttcggc	177 Neo sp1	A----TGG---ACC---CT---CGC---AGC-GTTTTCAAT--GCGAGGGCACACCATCTTCGCG	185 Cae sp1	A----GTGG---GCTAGTATTA---TT---AT-TGGTACAAT--GCGAGGGTACACCATCTTCGCG	189 Aes tur	A----TGG---GCC---TT---CG---TGGTCAAT--GCGAGGGCACACCGTCTTCGCG	190 Cae ine	A----TGG---ACC---TT---CG---TGGTCAAT--GCGAGGGTACACCATCTTCGCG	193 Meg gui	A----TGGTT---CCC---TT---CG---TGGTCAAT--GCGAGGGCACACCGTCTTCGCG	194 Cae mou	A----GTGG---GCC---TT---AC-TGGTCAAT--GCGAGGGTACACCATCTTCGCG	196 Rec cat	A----TGG---ACC---TT---CG---TGGTCAAT--GCGAGGGTACACCCACCTTCGCG	212 Ais cog	A----TGG---GCC---TT---CG---TGGTCAAT--GCGAGGGTACACCGTCTTCGCG	21 Aug sem	A----TGGT---TCC---CT---CGT-GGTTCAAT--GAGAGGGTACACCATCTTCGCG	248 Ala aur	A----TGGT---TCC---TT---TGC-CGGTCAAT--GAGAGGGTACACCATCTTCGCG	253 Neo oio	A----TGG---ACC---CT---AGT-GGTTCAAT--GCGAGGGCACACCATCTTCGCG

254 Duf sp1 CT-----TTGGG-GCC----TT-----CG--TGGTCCAAT--GCGAGGGCACACAATCTCGGT
 267 Sti eic A-----TGGG---CCC----AC-----CG--TGGTCCAAT--GCGAGGGTACCCCGTCTCGGC
 268 Aug JIR A-----TGTT---TCC----CT-----CG--TGGTCCAAT--GAGAGGGTACACCATCTCGGC
 269 Noc fur A-----TGGT---CCC----TT-----CGT-GGATGCAAT--GCGAGGGCACACCGTCTCGGC
 26 Neo mel A-----TGG---ACC----TT-----CGT-GGGTCCAAT--GCGAGGGTACACCATCTCGGC
 270 Xen nig A-----TGGAC-ACC----TT-----CG--TGGTCCAAT--GCGAGGGCACACCGTCTCGGC
 271 Mna sp1 T-----TATAG-GCCCCG-AT-----AG--TGGCACCAGT--GCGGGGATACGTGTCGCGC
 30 Meg ins T-----TATAG-GCC----TT-----CG--TGGTCCAAT--GCGGGGATACGCTGTCGCGC
 328 Tem sp2 A-----TGGG---TCC----TT-----TGC-GGGGCTCAAT--GAGAGGGCACACCATCTCGGC
 329 Cae sp A-----TGG---GCC----TT-----CG--TGGTCCAAT--GCGAGGGCACACCATCTCGGC
 330 Aug sp A-----TGTT---TCC----CT-----CG--TGGTCCAAT--GAGAGGGTACACCATCTCGGC
 331 Ais sp a??????tgg??gccc?t??????cg??tggccat??cgagggtacaccgttccgc
 334 Meg min T-----TATAG-GCCCCG-AT-----AG--TGGCACCAGT--GCGGGGATACGTGTCGCGC
 335 Aug rep A-----TGTT---TCC----CT-----CG--TGGTCCAAT--GAGAGGGTACACCATCTCGGC
 343 Pse pan A-----TAGTTGTTCCG---TTTCA-ACCGGG-GATTCTAGTTGGCAGGGTACACAGTCTCGGC
 46 Ala ura A-----TGTT---TCC----TT-----CG--TGGTCCAAT--GAGAGGGCACACCGTCTCGGC
 53 Ari pal A-----TGG---GCC----TT-----CG--TGGTCCAAT--GCGAGGGCACACCGTCTCGGC
 77 Per sem A-----TGTT---TCC----TT-----CG--TGGTCCAAT--GCAAGGGGCACACCATCTCGGC
 87 Mic lar A-----TGTT---TCC----TT-----CG--TGGTCCAAT--GCGAGGGCACACCGTTACCGC
 88 Ais spa A-----TGG---GCC----TT-----CG--TGGTCCAAT--GCGAGGGTACACCGTCTCGGC
 90 Aes pol A-----TGG---GCC----TT-----CG--TGGTCCAAC--GCGAGGGTACACCGTCTCGGC
 92 Rhi inf A-----TGG---ACC----TT-----CG--TGGTCCAAT--GCGAGGGCACACCATCTCGGC
 Aga tyl G-----AACGTACTATAATC----C--GGTAGTTCGAAC--GCGAGGGTACACCATCAGCGGC
 Ais met ???
 Ala pom A-----TGTT---TCC----TT-----CGC-CGTTCCAAT--GAGAGGGCACACCATCTCGGC
 Aug pur ???
 Con con ???
 Cor pat ???
 Die nev A-----TGG---GCCGTTCA----CG--CGTTCCAAT--GCGAGGGTACACCGCTTCGCG
 Las zep ???
 Lip aus ???
 Meg gen ???
 Mex ari ???
 Neo dis ???
 Nom fac A-----CGG---GTT-----TAATATCCAT--GCGTGGGCACACCGTCTCGGC
 Rui pro ???
 Sph con ?????????????????????????????????????
 Thr tor ?????????????????????????????????

 136 141 146 151 156 161 166 171 176 181 186 191 196 201
 | | | | | | | | | | | | | | | |
 000Pen pen ???
 01 Rhi bri --AAAT-----GTTCCG---CTACGTA-GTTGTCGACTTCTCCCTTAGTAGAAC
 06 Cer clo --AAAT-----GTTCCG---TCTCGTA-GTTGTCGACTTCTCCCTTAGAAC
 100 The ala --AAAT-----GTTCCG---CTACGTA-GTTGTCGACTTCTCCCTTAGAAC
 101 Rhi bri --AAAT-----GTTCCAG---TTACGTA-GTTGTCGACTTCTCCCTTAGAAC
 108 Par tra --AAAT-----GTTCCG---CAACGTA-GTTGTCGACTTCTCCCTTAGAAC
 109 Hal lou --AAAT-----GTTCCG---CTACGTA-GTCGTCGACTTCTCCCTTAGAAC
 111 Ala eph --AAAT-----GTTCCAG---TCTCGTA-GTTGTCGACTTCTCCATTGTAGAAC
 112 Aug amp --AAAT-----GTTCCG---CCTCGTACGGTGCACCTCTCCATTGTAGAAC
 113 Aug cae --AAAT-----GTTCCG---CTACGTA-GTTGTCGACTTCTCCATTGTAGAAC
 116 The bra --AAAT-----GTTCCG---CTACGTA-GTTGTCGACTTCTCCCTTAGAAC
 123 Pse sp --AAAT-----GTTCCG---TCGGTA-GTCGTCGACTTCTCCCTGGTAGAAC
 127 Pse sim --AAAT-----GTTCCG---TCGGTA-GTCGTCGACTTCTCCCTGGTAGAAC
 128 The bas --AAAT-----GTTCCG---CTACGTA-GTTGTCGACTTCTCCCTTAGAAC
 130 Neo aen --AAAT-----GTTCCG---CAACGTA-GTCGTCGACTTCTCCCTTAGAAC
 132 Ais cup --AAAT-----GTTCCG---CTACGTA-GTCGTCGACTTCTCCCTGGTAGAAC
 133 Par aff --GATT-----GTTCCG---CTACGTA-GTTGTCGACTTCTCCCTTAGAAC
 134 Tem sp1 --AAAT-----GTTCCG---CTACGTA-GTTGTCGACTTCTCCCTTAGAAC
 141 Par bar --AAAT-----GTTCCG---CTACGTA-GTTGTCGACTTCTCCCTTAGAAC
 142 And mic --AAAT-----GTTCCG---CAACGTA-GTCGTCGACTTCTCCCTTAGAAC
 143 Chl cya --AAAT-----GTTCCG---CAACGTA-GTCGTCGACTTCTCCCTTAGAAC
 145 Isc zon --AAAT-----GTTCCG---CTACGTA-GTCGTCGACTTATCCCTTAGAAC
 14 Cor cog --AAAT-----GTTCCG---CTACGTA-GTTGTCGACTTCTCCCTTAGAAC

151 Isc les --AAAT-----GTTCCG---CTACGTA-GTCGTCGACTTATCCCTGGTAGAAC
 158 Nea see --AAAT-----GTTCCG---CAACGTA-GTCGTCGACTTCTCCCTTAGAAC
 159 Nea sp --AAAT-----GTTCCG---CAACGTA-GTCGTCGACTTCTCCCTTAGAAC
 176 Ais sp ctaat?????????????gttcgg??ctacgta?gtcgacttctccctgtagaac
 177 Neo sp --AAAC-----GTTCCG---CAACGTA-GTCGTCGACTTCTCCCTATGTAGAAC
 185 Cae sp1 --AAAT-----GTTCCG---CTACGTA-GTCGTCGACTTCTCCCTAGTAGAAC
 189 Aes tur --AAAT-----GTTCCG---CCACGTA-GTTGTCGACTTCTCCCTGGTAGAAC
 190 Cae ine --AAAT-----GTTCCG---CTACGTA-ATCGTGCACTTCTCCCTGGTAGAAC
 193 Meg gu --AAAT-----GTTCCG---CAACGTA-GTCGTCGACTTCTCCCTTAGAAC
 194 Cae mou --GGTAAATTTGAAACATGAT-AGTCGG---CTACGTA-GTCGTCGACTTCTCCCTAGTAGAAC
 196 Rec cat --AAAT-----GTTCCG---CTCGTA-GTTGTCGACTTCTCCCTAGTAGAAC
 212 Ais cog --AAAT-----GTTCCG---CTCGTA-GTCGTCGACTTCTCCCTGGTAGAAC
 21 Aug sem --AAAT-----GTTCCG---CCTCGTA-GTTGTCGACTTCTCCCTATGTAGAAC
 248 Ala aur --AAAT-----GTTCCG---CTCGTA-GTTGTCGACTTCTCCCTATGTAGAAC
 253 Neo oio --AAAT-----GTTCCG---CAACGTA-GTCGTCGACTTCTCCCTATGTAGAAC
 254 Duf sp1 --GAAC-----GTTCCG---ATACGTA-GTCGTCGACTTCTCCCTAGTAGAAC
 267 Sti eic --AACT-----GATCCG---CAATGTA-GTTGTCGACTTCTCCCTGGTAGAAC
 268 Aug JIR --AAAT-----GTTCCG---CTCGTA-GTTGTCGACTTCTCCCTATGTAGAAC
 269 Noc fur --AAAT-----GTTCCG---CAACGTA-GTCGTCGACTTCTCCCTTAGAAC
 26 Neo mel --AAAT-----GTTCCG---CAACGTA-GTCGTCGACTTCTCCCTATGTAGAAC
 270 Xen nig --AAAT-----GTTCCG---CAACGTA-GTCGTCGACTTCTCCCTGGTAGAAC
 271 Mna sp1 TTAAAT-----GTTCCG---CTCGTA-GTCGTCGACTTCTCCCTGGTAGAAC
 30 Meg ins TTAAAT-----GTTCCG---CTATGTA-GTCGTCGACTTCTCCCTGGTAGAAC
 328 Tem sp2 --AAAT-----GTTCCG---CTACGTA-GTTGTCGACTTCTCCCTATGTAGAAC
 329 Cae sp --AAAT-----GTTCCG---CTACGTA-ATCGTGCACTTCTCCCTGGTAGAAC
 330 Aug sp --AAAT-----GTTCCG---CTCGTA-GTTGTCGACTTCTCCCTATGTAGAAC
 331 Ais sp ?aaat?????????????gttcgg??ctacgta?gtcgacttctccctgtagaac
 334 Meg min TTAAAT-----GTTCCG---CTCGTA-GTCGTCGACTTCTCCCTGGTAGAAC
 335 Aug rep --AAAT-----GTTCCG---CCTCGTA-GTTGTCGACTTCTCCATTGTAGAAC
 343 Pse pan --AAAT-----GTTCCG---TCGGTA-GTCGTCGACTTCTCCCTGGTAGAAC
 46 Ala ura --AAAT-----G-TCCAG---CTCGTA-GTTGTCGACTTCTCCATTGTAGAAC
 53 Ari pal --AAAT-----GTTCCG---CTCGTA-GTTGCGCAGTCTCCCTGGTAGAAC
 77 Per sem --AAAT-----GTTCCG---TCTCGTA-GTTGTCGACTTCTCCCTGGTAGAAC
 87 Mic lar --AAAT-----GTTCCG---CTACGTA-GTTGTCGACTTCTCCCTGGTAGAAC
 88 Ais spa --AAAT-----GTTCCG---CAACGTA-GTTGTCGACTTCTCCCTGGTAGAAC
 90 Aes pol --AAAT-----GTTCCG---CCACGTA-GTTGTCGACTTCTCCCTGGTAGAAC
 92 Rhi inf --AAAT-----GTTCCG---ATACGTA-GTTGTCGACTTCTCCCTAGTAGAAC
 Aga tyl CTAAT-----GTTCCG---CAACGTA-GTCGTCGACTTCTCCCTAGTAGAAC
 Ais met ???
 Ala pom --AAAT-----GTTCCG---CCTCGTA-GTTGTCGACTTCTCCCTGGTAGAAC
 Aug pur ?????????????????????????????????
 Con con ?????????????????????????????
 Cor pat ?????????????????????????????
 Die nev CTAAAT-----GTTCCG---CTACGTA-GTCGTCGACTTCTCCCTAGTAGAAC
 Las zep ?????????????????????????
 Lip aus ?????????????????????
 Meg gen ?????????????????????
 Mex ari ?????????????????
 Neo dis ?????????????????
 Non fac --AAAT-----GTTCCG---CTATGTA-GTCGTCGACTTCTCCCTAGTAGAAC
 Rui pro ?????????????????
 Sph con ?????????????????
 Thr tor ?????????????????

 204 209 214 219 224 229 234 239 244 249 254 259 264 269
 | | | | | | | | | | | | | |
 000Pen pen ?????????????????????????????
 01 Rhi bri GTCGCGACCC-GTTGCGTGTGGTCTACGGCCGAG-----TT-GT-TGCCGTGTC-GTGTG-
 06 Cer clo GTCGCGACCC-GTTGCGTGTGGTCTACGGCACGG-----TG-GT-TGCCGTGTC-GTGTGCGCT-
 100 The ala GTCGCGACCC-GTTGCGTGTGGTCTACGGCACGG-----TT-GT-TGACTGTC-GCGTC-GCCT-
 101 Rhi bri GTCGCGACCC-GTTGCGTGTGGTCTACGGCACGG-----TT-GT-TGCCGTGTC-GTGTGCGCT-
 108 Par tra GTCGCGACCC-GTTGCGTGTGGTCTACGGCACGG-----TT-GT-TGCCGTGTC-GCGTC-GCCT-
 109 Hal lou GTCGCGACCC-GTTGCGTGTGGTCTACGGCACGG-----TT-GT-TGCCGTGTC-GTGTGCGCT-
 111 Ala eph GTCGCGACCC-GTTGCGTGTGGTCTACGGCACGG-----TT-GT-TGCCGTGTC-GCGTC-GTCTT-

112 Aug amp GTCGCGACCCAGTTGCGTGTGGTCTACGGCACGAG-----TT-GT-TGCCCTGTC-GCGTCTGTCT-
 113 Aug cae GTCGCGACCC-GTTGCGTGTGGTCTACGGCACGAG-----TT-GT-TGCCCTGTC-GCGTCT-GCTT-
 116 The bra GTCGCGACCC-GTTGCGTGTGGTCTACGGCACGAG-----TT-GT-TGACTGTC-GCGTCT-GCCT-
 123 Pse sp GTCGCGACCC-GTTGCGTGTGGTCTACGGCACGAG-----TT-GT-TGACTGCTGGGGGCCT--127 Pse
 sim GTCGCGACCC-GTTGCGTGTGGTCTACGGCACGAG-----TT-TT-CGACTGCCTGGGGGCCT--
 128 The bas GTCGCGACCC-GTTGCGTGTGGTCTACGGCACGAG-----TT-GT-TGACTGTC-GCGTCT-GCCT-
 130 Neo aen GTCGCGACCC-GTTGCGTGTGGTCTACGGTCGAG-----TT-GT-TGCCCTGTC-GCGTCTGGCTT-
 132 Ais cup GTCGCGACCC-GTTGCGTGTGGTCTACGGCCCAG-----TTT-GT-TGACTGTC-GCGTCT-GCTT-
 133 Par aff GTCGCGACCC-GTTGCGTGTGGTCTACGGCACGAG-----TTT-GT-TGCCCTGTC-GTGTCTGGCTT-
 134 Tem sp1 GTCGCGACCC-GTTGCGTGTGGTCTACGGCTCGGG-----TT-GT-GGACTGTC-GCGTCAACCT-
 141 Par bar GTCGCGACCC-GTTGCGTGTGGTCTACGGCACGAG-----TTTT-GT-TGCCCTGTC-GCGTCTGGCTT-
 142 And mic GTCGCGACCC-GTTGCGTGTGGTCTACGGCTCGAG-----GTC-GT-TGCCCTGTC-GCGTCTGGCTT-
 143 Chl cya GTCGCGACCC-GTTGCGTGTGGTCTACGGCTCGAG-----TT-GT-TGCCCTGTC-GCGTCTGGCTT-
 145 Isc zon GTCGCGACCC-GTTGCGTGTGGTCTACGGCCCAG-----TT-GT-TGCCCTGTC-GTGTCTGGCTT-
 14 Cor cog GTCGCGACCC-GTTGCGTGTGGTCTACGGCCCAG-----TT-GT-TGCCCTGTC-GTGTCT-GCCA-
 151 Isc les GTCGCGACCC-GTTGCGTGTGGTCTACGGCCCAG-----TT-GT-TGCCCTGTC-GTGTCT-GCCG-
 158 Nea see GTCGCGACCC-GTTGCGTGTGGTCTACGGCTCGAG-----GTC-GT-TGCCCTGTC-GCGTCTGGCTT-
 159 Nea sp GTCGCGACCC-GTTGCGTGTGGTCTACGGCTCGAG-----TT-GT-TGCCCTGTC-GCGTCTGGCTT-
 176 Ais sp gtcgcgaccc?gttgcgtcgctacggcccag????ttt?gt?tgactgtc?ggtc?gtt?
 177 Neo sp1 GTCGCGACCC-GTTGCGTGTGGTCTAAAGGCTCGAG-----TTGGT-TGCCCTGTC-GTGTCTGGCTT-
 185 Cae sp1 GTCGCGACCC-GTTGCGTGTGGTCTACGGCTCGGG-----TT-GT-TGCCCTGTC-GTGTCT-GTA-
 189 Aes tur GTCGCGACCC-GTTGCGTGTGGTCTACGGCACGAG-----TT-GT-TGCCCTGTC-GCGTCT-GCTT-
 190 Cae ine GTCGCGACCC-GTTGCGTGTGGTCTACGGCTCGAG-----TTT-GT-TGACTGCC-GTGTCT-GCTT-
 193 Meg gui GTCGCGACCC-GTTGCGTGTGGTCTACGGCACGAG-----TT-GT-TGACTGTCGGCGTCTGGCTT-
 194 Cae mou GTCGCGACCC-GTTGCGTGTGGTCTACGGCCCAG-----AT-GG-TGCCCTGTC-GTGTCTGGCTT-
 196 Rec cat GTCGCGACCC-GTTGCGTGTGGTCTACGGCCCAG-----TT-GT-TGCCCTGTC-GTGTCT-GCGA-
 212 Ais cog GTCGCGACCC-GTTGCGTGTGGTCTACGGCCCAG-----TTT-GT-TGACTGTC-GCGTCT-GCTT-
 21 Aug sem GTCGCGACCCAGTTGCGTGTGGTCTACGGCACGAG-----TT-GT-TGCCCTGTC-GCGTCTGTCT-
 248 Ala aur GTCGCGACCC-GTTGCGTGTGGTCTACGGCACGGG-----TC-GT-TGCCCTGTC-GCGTCT-GTCT-
 253 Neo oio GTCGCGACCC-GTTGCGTGTGGTCTACGGCTCGAG-----TT-GT-TGCCCTGTC-GCGTCTGGCTT-
 254 Duf sp1 GTCGCGACCC-GTTGCGTGTGGTCTACGGCCCAG-----TT-TTGA-TGACTGCC-GCGTCGCTT-
 267 Sti eic GTCGCGACCC-GTTGCGTGTGGTCTACGGCACGAG-----TTTT-GT-TGCCCTGTC-GCGTCTGGCTT-
 268 Aug JIR GTCGCGACCC-GTTGCGTGTGGTCTACGGCACGAG-----TT-GT-TGCCCTGTC-GCGTCT-GCTT-
 269 Noc fur GTCGCGACCC-GTTGCGTGTGGTCTACGGCACGAG-----TT-GT-TGACTGTCGGCGTCTGGCTT-
 26 Neo mel GTCGCGACCC-GTTGCGTGTGGTCTACGGCTCGAG-----TT-GT-TGCCCTGCC-GCGTCGCTT-
 270 Xen nig GTCGCGACCC-GTTGCGTGTGGTCTACGGCCCAG-----TT-GT-TGACTGTCGGCGTCTGGCTT-
 271 Mna sp1 GTCGCGACCC-GTTGCGTGTGGTCTACGGCCCAG-----TTT-GT-TGCCCTGTC-GCGTCTGGCTT-
 30 Meg ins GTCGCGACCC-GTTGCGTGTGGTCTACGGCTCGGG-----TT-GT-TGCCCTGTC-GCGTCTGGCTT-
 328 Tem sp2 GTCGCGACCC-GTTGCGTGTGGTCTACGGCTCGGG-----TT-GTGGGA-TGACTGCC-GCGTCACCTT-
 329 Cae sp GTCGCGACCC-GTTGCGTGTGGTCTACGGCTCGAG-----TTT-GT-TGACTGCC-GTGTCTGGCTT-
 330 Aug sp GTCGCGACCC-GTTGCGTGTGGTCTACGGCACGAG-----TT-GT-TGCCCTGTC-GCGTCT-GTTT-
 331 Ais sp gtcgcgaccc?gttgcgtcgctacggcccag????ttt?gt?tgactgtc?ggtc?gtt?
 334 Meg min GTCGCGACCC-GTTGCGTGTGGTCTACGGCCCAG-----TTT-GT-TGCCCTGTC-GCGTCTGGCTT-
 335 Aug rep GTCGCGACCC-GTTGCGTGTGGTCTACGGCACGAG-----TT-GT-TGCCCTGTC-GCGTCT-GCTT-
 343 Pse pan GTCGCGACCC-GTTGCGTGTGGTCTACGGCACGAG-----CGTTCTGACTGTCGGTCTGGCTT-
 46 Ala ura GTCGCGACCC-GTTGCGTGTGGTCTACGGCACGAG-----TT-GT-TGCCCTGTCGGCGTCT-GTCT-
 53 Ari pal GTCGCGACCC-GTTGCGTGTGGTCTACGGCACGAG-----TT-GT-TGCCCTGTC-GCGTCT-GCTT-
 77 Per sem GTCGCGACCC-GTTGCGTGTGGTCTACGGCACGG-----TG-GT-TGCCCTGTC-GTGTCTGGCTT-
 87 Mic lar GTCGCGACCC-GTTGCGTGTGGTCTACGGCACGAG-----TTT-GT-TGCCCTGTC-GTGTCTGGCTT-
 88 Ais spa GTCGCGACCC-GTTGCGTGTGGTCTACGGCCCAG-----TTT-GT-TGACTGTC-GCGTCT-GCTT-
 90 Aes pol GTCGCGACCC-GTTGCGTGTGGTCTACGGCACGAG-----TG-GT-TGCCCTGTC-GCGTCT-GCCTT-
 92 Rhi inf GTCGCGACCC-GTTGCGTGTGGTCTACGGCCCAG-----TT-GT-TGCCCTGTC-GTGTCT-GCCA-
 Aga tyl GTCGCGACCC-GTTGCGTGTGGTCTACGGCCCAG-----CG-GT-TGCCCTGCC-GTGTCTGGCTT-
 Ais met ??
 Ala pom GTCGCGACCC-GTTGCGTGTGGTCTACGGCACGGG-----TT-GT-TGCCCTGTC-GCGTCT-GTCT-
 Aug pur ??
 Con con ??
 Cor pat ??
 Die nev GTCGCGACCC-GTTGCGTGTGGCTACAGCCCAG-----TTAA-TGACTGCC-GCGAATGCTAC
 Las zep ??
 Lip aus ??
 Meg gen ??
 Mex ari ??
 Neo dis ??
 Nom fac GTCGCGACCC-GTTGCGTGTGGTCTACGGCCCAG-----TT-GT-TGACTGCC-GTGTCTGGCTT-

Rui pro ??
 Sph con ??
 Thr tor ??
 272 277 282 287 292 297 302 307 312 317 322 327 332 337
 000Pen pen ??
 01 Rhi bri -CT-TGCG-CACACGGCAGACGCTCGATGCCCTGGCCGGTGCCTGACGGTACTCT-----G-ACG
 06 Cer clo -GG-TTGCCTACACGACAGACCTCTGAACGCCCTGGCCGGTGCCTGACGGTACTCT-----T-ACG
 100 The ala -TG-CGCG-TTCACGACAGACGCTCGATCACCTGCCCTGGCCGGTGCCTGACGGTACTCT-----G-ACG
 101 Rhi bri -CT-CGCG-CACACGGCAGACGCTCGATGCCCTGGCCGGTGCCTGACGGTACTCT-----G-ACG
 108 Par tra -CG-TGCG-TACACGGCAGACGCTCGATGCCCTGGCCGGTGCCTGACGGTACTCT-----G-ACG
 109 Hal lou -CG-TGCG-CACACGGCAGACGCTCGATGCCCTGGCCGGTGCCTGACGGTACTCT-----G-ACG
 111 Ala eph -TG-TGCG-TACACGGCAGACGCTCGATGCCCTGGCCGGTGCCTGACGGTACTCT-----GACG
 112 Aug amp -CG-TGCG-TACACGGCAGACGCTCGATGCCCTGGCCGGTGCCTGACGGTACTCT-----G-ACG
 113 Aug cae -CG-TGCG-TACACGGCAGACGCTCGATGCCCTGGCCGGTGCCTGACGGTACTCT-----G-ACG
 116 The bra -TG-CGCG-TTCACGACAGACGCTCGATGCCCTGGCCGGTGCCTGACGGTACTCT-----G-ACG
 123 Pse sp -TG-CGCG-CTCGCGACAGAGGCTCGTGCCTGCCGGCTGCGCAGCGTACGCTGTGTGGT-AAG
 127 Pse sim -CG-TGCG-CTCGCGACAGAGGCTCGTGCCTGCCGGCTGCGCAGCGTACGCTGTGTGGT-----ATG
 128 The bas -TG-CGCG-TTCACGACAGACGCTCGATCACCTGCCCTGGCCGGTGCCTGACGGTACTCT-----G-ACG
 130 Neo aen -TG-CGCG-TTCACGACAGACGCTCGATGCCCTGGCCGGTGCCTGACGGTACTCTGA-----GAG-ACG
 132 Ais cup -CG-CGCG-TACACGGCAGACGCTCGATGCCCGGGCTGCGTACGGTACTCTGT-----GAACG
 133 Par aff -CG-TGCG-CACACGGCAGACGCTCGATGCCCTGGCCGGTGCCTGACGGTACTACT-----G-ACG
 134 Tem sp1 -AACCGGT-TACACGGCAGACGACTGAACGCCCTGGCCGGTGCCTGACGGTACACT-----G-ACG
 141 Par bar -CG-TGCG-TACACGGCAGACGCTCGATGCCCTGGCCGGTGCCTGACGGTACTCAAT-----G-ACG
 142 And mic -TG-CGCG-TTCACGCGAACAGCTCGATGTCCC GGCGACTGCGCAGCGTACTCT-----G-ACG
 143 Chl cya -CG-TGCG-TTCACGCGAACAGCTCGAAGCTCTGGCCGGTGCCTGACGGTACTCT-----G-ACG
 145 Isc zon -CG-TGCG-CACACGGCAGACGCTCGATGCCCTGGCCGGTGCCTGACGGTACTCT-----G-ACG
 14 Cor cog -CT-TGCG-CACACGGCAGACGCTCGATGCCCTGGCCGGTGCCTGACGGTACTCT-----G-ACG
 151 Isc les -CG-TGCG-CACACGGCAGACGCTCGATGCCCTGGCCGGTGCCTGACGGTACTCT-----G-ACG
 158 Nea see -TG-CGCG-TTCACGCGAACAGCTCGATGTCCC GGCGACTGCGCAGCGTACTCT-----G-ACG
 159 Nea sp -TG-TGCG-TTCACGCGAACAGCTCGATGCCCTGGCCGGCTGCGCAGCGTACTCT-----G-ACG
 176 Ais sp ?cg??cgcg?tacacggcagacgctcgatccccggccggctgcgtacggtaactctgt???gaacg
 177 Neo sp1 -TG-CGCG-TTCACGATAGACGCTCGGTGTCCTGCCGACTGCCGACGGTACTCTGC-----GAG-ACG
 185 Cae sp1 -CG-CGCG-CACACGGCAGACGCTCGATGCCCTGGCCGGTGCCTGACGGTACTCT-----G-ACG
 189 Aes tur -CG-TGCG-TACACGGCAGACGCTCGATGCCCTGGCCGGTGCCTGCGTACGGTACACTGT-----G-ACG
 190 Cae ine -CG-GCG-TACACGGTACAGCGCTCGAAGCTGCCCTGGCCGGTGCCTGCGCAGCGTACGCTGT-----G-ACG
 193 Meg gui -CG-CGCG-TACACGACAGACGCTCGATGCCCGGGCTGCGTACGGTACACTAT-----TTT-ACG
 194 Cae mou -CG-GCG-CACACGGCAGACGCTCGATGCCCTGGCCGGTGCCTGCGTACGGTACTCT-----G-ACG
 196 Rec cat -TT-TGCG-CACACGGCAGACGCTCGTGCCTGCCGGCTGCGTACGGTACTCT-----G-ACG
 212 Ais cog -CG-CGCG-TACACGGCAGACGCTCGATGCCCTGGCCGGTGCCTGCGTACGGTACTCCGT-----GAACG
 21 Aug sem -CG-TGCG-TACACGGCAGACGCTCGATGCCCTGGCCGGTGCCTGCGCAGCGTACTCT-----G-ACG
 248 Ala aur -AG-TGGG-TACACGGCAGACGCTCGAAGCCCGGGCTGCGTACGGTACTCT-----G-ACG
 253 Neo oio -TG-TGCG-TTCACGCGAACAGCTCGATGCCCTGGCCGGCTGCGCAGCGTACTCT-----GAG-ACG
 254 Duf sp1 -CG-TGCG-CACACGGCAGACGCTCGATGCCCTGGCCGGCTGCGTACGGTACTCT-----G-ACG
 267 Sti eic -CG-CGCG-TTCACGCGAACAGCTCGATGCCCTGGCCGGTGCCTGCGTACGGTACGCTGT-----G-ACG
 268 Aug JIR -CG-TGCG-TACACGGCAGACGCTCGATGCCCTGGCCGGTGCCTGCGCAGCGTACTCT-----G-ACG
 269 Noc fur -CG-CGCG-TACACGACAGACGCTCGATGCCCGGGCTGCGTACGGTACACTAT-----TTT-ACG
 26 Neo mel -TG-CGCG-TTCACGCGAACAGCTCGATGCCCTGGCCGGCTGCGCAGCGTACTCT-----GAG-ACG
 270 Xen nig -CC-AAGG-CACACGACAGACGCTCGATGCCCTGGCCGGCTGCGCAGCGTACTCT-----G-ACG
 271 Mna sp1 -GG-TGCG-TGCGCGCAGACGCTCGATGCCCTGGCCGGCTGCGTACGGTACGCTGTGAGAG-ACG
 30 Meg ins -GG-TGCG-TGCGCGCAGACGCTCGATGCCCTGGCCGGCTGCGTACGGTACGCTGTGAGAG-ACG
 328 Tem sp2 -AACCGGT-TACACGGCAGACGCTCGAAGCCCTGCCCTGGCCGGCTGCGCAGCGTACACT-----G-ACG
 329 Cae sp -CG-GCG-TACACGGCAGACGCTCGAAGCCCTGCCCTGGCCGGCTGCGCAGCGTACACT-----G-ACG
 330 Aug sp -CG-TGCG-TACACGGCAGACGCTCGATGCCCTGGCCGGCTGCGCAGCGTACTCT-----G-ACG
 331 Ais sp ?cg??cgcg?tacacggcagacgctcgatccccggccggctgcgtacggtaactctgt???gaacg
 334 Meg min -GG-TGCG-TACACGGCAGACGCTCGATGCCCTGGCCGGCTGCGTACGGTACGCTGTGAGAG-ACG
 335 Aug rep -CG-TGCG-TACACGGCAGACGCTCGATGCCCTGGCCGGCTGCGCAGCGTACTCT-----G-ACG
 343 Pse pan -CG-TGCG-TTCACGCGAACAGGCTCGTGCCTGCCCTGGCCGGCTGCGTACGGTACGCTGTGAGAG-ACG
 46 Ala ura -TG-TGCG-TACACGGCAGACGCTCGATGCCCTGGCCGGCTGCGCAGCGTACTCT-----G-ACG
 53 Ari pal -CG-TGCG-TACACGGCAGACGCTCGTGCCTGCCCTGGCCGGCTGCGTACGGTACACTGT-----G-ACG
 77 Per sem -GG-TTGCCTACACGGCAGACGCTCGAAGCCCGGGCTGCGTACGGTACGCTGTGAGAG-ACG
 87 Mic lar -GG-TGCGTACACGGCAGACGCTCGATGCCCTGGCCGGCTGCGCAGCGTACTCT-----G-ACG
 88 Ais spa -GG-TGCGTACACGGCAGACGCTCGATGCCCTGGCCGGCTGCGCAGCGTACTCT-----G-ACG
 90 Aes pol -GG-TGCGTACACGGCAGACGCTCGATGCCCTGGCCGGCTGCGCAGCGTACTCT-----G-ACG
 92 Rhi inf -GG-TGCGTACACGGCAGACGCTCGATGCCCTGGCCGGCTGCGTACGGTACGCTGTGAGAG-ACG
 Aga tyl -GG-TGCGTACACGGCAGACGCTCGATGCCCTGGCCGGCTGCGTACGGTACGCTGTGAGAG-ACG
 Ais met -GG-TGCGTACACGGCAGACGCTCGATGCCCTGGCCGGCTGCGCAGCGTACTCT-----G-ACG
 Ala pom -GG-TGCGTACACGGCAGACGCTCGATGCCCTGGCCGGCTGCGCAGCGTACTCT-----G-ACG
 Aug pur -GG-TGCGTACACGGCAGACGCTCGATGCCCTGGCCGGCTGCGCAGCGTACTCT-----G-ACG
 Con con -GG-TGCGTACACGGCAGACGCTCGATGCCCTGGCCGGCTGCGTACGGTACGCTGTGAGAG-ACG
 Cor pat -GG-TGCGTACACGGCAGACGCTCGATGCCCTGGCCGGCTGCGTACGGTACGCTGTGAGAG-ACG
 Die nev -GG-TGCGTACACGGCAGACGCTCGATGCCCTGGCCGGCTGCGCAGCGTACTCT-----G-ACG
 Las zep -GG-TGCGTACACGGCAGACGCTCGATGCCCTGGCCGGCTGCGCAGCGTACTCT-----G-ACG
 Lip aus -GG-TGCGTACACGGCAGACGCTCGATGCCCTGGCCGGCTGCGCAGCGTACTCT-----G-ACG
 Meg gen -GG-TGCGTACACGGCAGACGCTCGATGCCCTGGCCGGCTGCGTACGGTACGCTGTGAGAG-ACG
 Mex ari -GG-TGCGTACACGGCAGACGCTCGATGCCCTGGCCGGCTGCGTACGGTACGCTGTGAGAG-ACG
 Neo dis -GG-TGCGTACACGGCAGACGCTCGATGCCCTGGCCGGCTGCGTACGGTACGCTGTGAGAG-ACG
 Nom fac -GG-CGCG-TACACGGCAGACGCTCGATGCCCTGGCCGGCTGCGTACGGTACTCTGT-----GAACG

90 Aes pol -CG--TGGC-TACACGGAGACGCTCGTACGCCGCTGGCGCTGCGTGACGGTACACTGT--GAG-ACG
92 Rhi inf -CT--TGGC-CACACGGAGACGCTCGATGCCGCTGGCGCTGCGTGACGGTACACTGT----G-ACG
Aga tyl -CG-CGCG-CACACGGAGACCTCGATGCCGCGCTGCGTGACGGTACCTCGA---G-ACG
Ais met ??
Ala pom -TG-TGGC-TACACGGAGACGCTCGAACGCCGGCGCTGCGTGACGGTACCTCGA---G-ACG
Aug pur ??
Con con ??
Cor pat ??
Die nev -CC--AGCG-TCGC GGAACTCTCGCTGGCGCTGCGTGACGGTAGCT----G-ACG
Las zep ??
Lip aus ??
Meg gen ??
Mex ari ??
Neo dis ??
Nom fac -TG--TGC-TACTCAGCAGACTCTGGTGACCTGACCCGCTGCGTGACGGTATTCT----T-ACG
Rui pro ??
Sph con ??
Thr tor ??

340 345 350 355 360 365 370 375 380 385 390 395 400 405
| | | | | | | | | | | | | | | |
000Pen pen ??
01 Rhi bri GTATCGGGCCGC-AACCAA----TCCA----TTTA----CG----AA----TGC-G-TGT
06 Cer clo GTATCGGGCCGC-AACCAA----TCCA----TTTT----CG----AA----TGTG-TGT
100 The ala GTATCGGGCCGC-AACCAA----TCCA----TTTTT----CG----AA----TGT-T-GT
101 Rhi bru GTATCGGGCCGC-AACCAA----TCCA----TTTC----CG----AA----TGTG-TGT
108 Par tra GTATCGGGCCGC-AACCAA----TCCA----TTTTTTTT--CGAAT----AA----TGTG-TGT
109 Hal lou GTATCGGGCCGC-AACCAA----TCCA----TTTT----CG----AA----TGTG-TGT
111 Ala eph GTATCGGGCCGC-AACCAA----TCCA----TTTTT----CG----AA----TGTG-TGT
112 Aug amp GTATCGGGCCGC-AACCAA----TCCA----TTTCT----AG----AA----TGTG-TGT
113 Aug cae GTATCGGGCCGC-AACCAA----TCCA----TTTCT----TG----AA----TATGTG-TGT
116 The bra GTATCGGGCCGC-AACCAA----TACA----TTTT----CG----AA----TGTG-TGT
123 Pse sp GTATAGGGCCGC-ATCTAGATAATC-ACA----TTGTTGGGATG-----TGT----TTT
127 Pse sim GTATAGGGCCGC-AACTAGATAATC-ACA----TTCTGGATGTG-----TGTG-TGT
128 The bas GTATCGGGCCGC-AACCAA----TCCA----TTTT----CG----AA----TGTG-TGT
130 Neo aen GTATAGGGCCGC-AACCAA----TTGT-CATTCTCGTCGCG----AG-AATGACA-TAT
132 Ais cup GTATCGGGCCGC-AACCAA----TCCA----TTTT----CG----AA----TGTG-TGT
133 Par aff GTATCGGGCCGC-AACCAA----TCCA----TTTT----CG----AA----TGTG-TGT
134 Tem sp1 GTATCGGGCCGC-AACCAA----TCCA----TCTTT----CG----AA----TGTG-TGT
141 Par bar GTATCGGGCCGC-AACCAA----TCCA----TTTTTTA--CA----AA----TGTG-TGT
142 And mic GTATTGGGCCGC-AACCAA----TCCA-CCATTCAATCTCGAGAG--AATGTCGA-A-TCT
143 Chl cya GTATCGGGCCGC-AACCAAAG----TCCA----TTTT----CG----AA----TGTG-TGT
145 Isc zon GTATCGGGCCGC-AACCAA----TCCA----TTT----CG----AA----TGTG-TGT
14 Cor cog GTATCGGGCCGC-AACCAA----TCCA----TTTC----CG----AA----TGTG-TGT
151 Isc les GTATCGGGCCGC-AACCAA----TCCA----TTTT----CG----AA----TGTG-TGT
158 Nea see GTATTGGGCCGC-AACCAA----TCCA-CCATTCAATCTTCrGAGAG--AATGTCGA-A-TCT
159 Nea sp GTATCGGGCCGC-AACCAA----TTTCCCGTTCTCACG--AG----ATTGGGACA-TAT
176 Ais sp gtatcgggccgc?accaa??????tcca????ttt?????cg??????aa????tgtg?tgt
177 Neo sp GTATAGGGCCGC-AACCAA----TTGT-CATTCTTCAGGAG----AA----TGACCAT-TAT
185 Cae sp1 GTATCGGGCCGC-AACCAA----TCCA----TTTT----CG----AA----TGTG-TGT
189 Aes tur GTATCGGGCCGC-AACCAAAG----TCCA----TTTT----CG----AA----TGTG-TGT
190 Cae ine GTATCGGGCCGC-AACCAA----TCCA----TTTT----CG----AA----TGTGAG-TGT
193 Meg qui GTATCGGGCCGC-AGCTGC----TCCA----TTTT----CG----AA----TGTTA-TTT
194 Cae mou GTATCGGGCCGC-AACCAA----TCCA----TTTT----CG----AA----TGTG-TGT
196 Rec cat GTATCGGGCCGC-AACCAA----TCCA----TTTC----CG----AA----TGTG-TGT
212 Ais cog GTATCGGGCCGC-AACCAA----TCCA----TTTTT----CG----AA----TGTG-TGT
21 Aug sem GTATCGGGCCGC-AACCAA----TCCA----TTTCT----CG----AA----TATGTG-TGT
248 Ala aur GTATCGGGCCGC-AACCAA----TCCA----TTTTT----CG----AA----TGTG-TGT
253 Neo oio GTATAGGGCCGC-TACAAA----CTGT-CATTGCGCTCGCGGC--GA----ATGACG-TAT
254 Duf sp1 GTATCGGGCCGC-AACCAA----ATCCA----TTTT----CG----AA----TGTA-CGT
267 Sti eic GTATCGGGCCGC-AACCAA----TCCA----TTTT----CG----AA----TGTG-TGT
268 Aug JIR GTATCGGGCCGC-AACCAA----TCCA----TTTCT----TG----AA----TATGTG-TGT
269 Noc für GTATTGGGCCGC-AACTTGC----TCCA----TTTT----CG----AA----TGTG-TGT
26 Neo mel GTATTGGGCCCs-AACCAA----ATTGTCCTTCTCGTCGCCGGG--A--TTGGACA-TAT

270 Xen nig GTATTGGGCCGC-AACAGTC-----TGTG-TGT
271 Mna sp1 GTATTGGGCCGC-AACCAA----TCCA----TTTT----CG----AA----TGTG-TGT
30 Meg ins GTATCGGGCCGC-AACCAA----TCCA----TTTT----CG----AA----TGTG-TGT
328 Tem sp2 GTATCGGGCCGC-AACCAA----TCCAT-TCTTTT----CG----AA----TGTG-TGT
329 Cae sp GTATCGGGCCGC-AACCAA----TCCA----CTTTAA----CG----AA----TGTG-TGT
330 Aug sp GTATCGGGCCGC-AACCAA----TCCA----TTTCT----CG----AA----TATGTG-TGT
331 Ais sp gtatcgcccgc?accaa?????tcca??ttttt?????cg??????aa????tgtg?tgt
334 Meg min GTATTGGGCCGC-AACCAA----TCCA----TTTT----CG----AA----TGTG-TGT
335 Aug rep GTATCGGGCCGC-AACCAA----TCCA----TATTCT----TG----AA----TATGTG-TGT
343 Pse pan GTATAGGGCCGC-AACTAAACATCCACA---CCACCCGTGTCGGT-----TTGTGATT
46 Ala ura GTATCGGGCCGC-AACCAA----TCCA----TTTTT----CG----AA----TGTG-TGT
53 Ari pal GTATCGGGCCGC-AACCAA----TCCA----TTTT----CG----AA----TGTG-TGT
77 Per sem GTATCGGGCCGC-AACCAA----TCCA----TTTT----CG----AA----TGTG-TGT
87 Mic lar GTATAGGGCCGCAGACCAA----TCCA----TTTTT----CG----AA----TGTG-TGT
88 Ais spa GTATCGGGCCGC-AACCAA----TCCA----TTTTT----CG----AA----TGTG-TGT
90 Aes pol GTATAGGGCCGC-AACCAA----TCCA----TTTT----CG----AA----TGTG-TGT
92 Rhi inf GTATCGGGCCGC-AACCAA----TCCA----TTTC----CG----AA----TGTG-TGT
Aga tyl GTATAGGGCCGC-AGCAAT----CGAAT----TTT----CG----AG----TGC-G-TGT
Ais met ??
Ala pom GTATCGGGCCGC-AACCAA----TCCA----TTTTT----CG----AA----TATGTG-TGT
Aug pur ??
Con con ??
Cor pat ??
Die nev GTATCGGGCCGC-AACCAA----TCCA----TAATA----AT----TATGTG-TGT
Las zep ??
Lip aus ??
Meg gen ??
Mex ari ??
Neo dis ??
Nom fac GTATCGGGCCGC-AACCAA----TCCA----TTTGA----AG----AA----TGTG-TGT
Rui pro ??
Sph con ??
Thr tor ??

408 413 418 423 428 433 438 443 448 453 458 463 468 473
| | | | | | | | | | | | | | | |
000Pen pen ??
01 Rhi bri GCG-TCAGGCCGCCGAAGCTC-GGT-TAGT----T-TA---CCCGGA-G-GTACGGAC-CTGGTGC
06 Cer clo GCG-TCAGGCCGCCGAAGCTC-GGC-TAGA----ATA---CTCGGATG-GTACGGAC-CTGGTGC
100 The ala GCG-TCAGGCCGCCGAAGCTC-GGT-TAGTAAAT-TA---CCCGGA-G-GTACGGAC-CGGGTGC
101 Rhi bru GCG-TCAGGCCGCCGAAGCTC-GGT-TAGT----T-TA---CCCGGA-G-GTACGGAC-CTGGTGC
108 Par tra GCG-TCAGGCCGCCGAAGCTC-GGT-TAGT-AATCCA---CCCGGATG-GTACGGAC-CTGGTGC
109 Hal lou GCG-TCAGGCCGCCGAAGCTC-GGT-TAGT----T-TA---CCCGGA-G-GTACGGAC-CTGGTGC
111 Ala eph GCG-TCAGGCCGCCGAAGCTC-GCT-TGG----TA---CCCGGATG-GTACGGAC-CTGGTGC
112 Aug amp GCG-TCAGGCCGCCGAAGCTC-TGC-TAGT----T-TA---CCCG
113 Aug cae GCG-TCAGGCCGCCGAAGCTC-TGC-TAGT----T-TA---CCCGGATG-GTACGGAC-CTGGTGC
116 The bra GCG-TCAGGCCGCCGAAGCTC-GGT-TAGTAAAT-TA---CCCGGA-G-GTACGGAC-CGGGTGC
123 Pse sp GCG-TCAGGCCGCCGAAGCTC-GGT-TAGA----TA---TAACCGGTG-GTACGGAC-CTGGTGC
127 Pse sim GCG-TCAGGCCGCCGAAGCTC-GGT-TAGT----TA---ACCGGTG-GTACGGAC-CTGGTGC
128 The bas GCG-TCAGGCCGCCGAAGCTC-GGT-TAGTAAAT-TA---CCCGGA-G-GTACGGAC-CGGGTGC
130 Neo aen GCG-TCAGGCCGCCGAAGCTC-GGC-TAT----AA---CCCGGATG-GTACGGAC-CTAGCGC
132 Ais cup GCG-TCAGGCCGCCGAAGCTC-GGT-TAGT-AAT-TA---CCCGGA-G-GTACGGAC-CTGGTGC
133 Par aff GCG-TCAGGCCGCCGAAGCTC-GGT-TAGT-AAT-CA---CCCGGATG-GTACGGAC-CTGGTGC
134 Tem sp1 GCG-TCAGGCCGCCGAAGCTC-GGT-TAGTAAAT-TA---CCCGGATG-GTACGGAC-CTGGTGC
141 Par bar GCG-TCAGGCCGCCGAAGCTC-GGT-TAGT-AAT-CA---CCCGGA-G-GTACGGAC-CGGGTGC
142 And mic GCG-TCAGGCCGCCGAAGCTC-GGC-TAGT-AAT-TA---CCCGGATG-GTACGGAC-CTAGTGCC
143 Chl cya GCG-TCAGGCCGCCGAAGCTC-GGT-TAGTAAAT-TA---CCCGGATG-GTACGGAC-CTGGTGC
145 Isc zon GCG-TCAGGCCGCCGAAGCTC-GGT-TAGT----T-TA---CCCGTAGGTAGCGAC-CTGGTGC
14 Cor cog GCG-TCAGGCCGCCGAAGCTC-GGT-TAGT----T-TA---CCCGGA-G-GTACGGAC-CTGGTGC
151 Isc les GCG-TCAGGCCGCCGAAGCTC-GGT-TAGT----T-TA---CCCGGA-G-GTACGGAC-CTGGTGC
158 Nea see GCG-TCAGGCCGCCGAAGCTC-GGC-TAGT-AAT-TA---CCCGGATG-GTACGGAC-CTAGTGCC
159 Nea sp GCG-TCAGGCCGCCGAAGCTC-GGC-TAGT-AAT-TA---CCCGGA-G-GTACGGAC-CTGGTGC
176 Ais sp gcg?ttagccccccgcgaagctc?ggt?tag?at?ta??ctcggatg?gtacggac?ccgggtcc
177 Neo sp1 GCG-TCAGGCCGCCGAAGCTC-GGC-TAT----AA---CCCGGATG-GTACGGAC-CTAGTGCC

544 549 554 559 564 569 574 579 584 589 594 599 604 609
 | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
 000 Pen pen ??
 01 Rhi bri ---C---GA-----ATTACCGGTCAAGCAGCCTACTGCCTTGGGTACTCTCAGGACC
 06 Cer clo ---T---GA-----ATTACCGGTCAAGCAGCCTACTGCCTTGGGTCTCTCAGGACC
 100 The ala ---T---GA-----ATTACCGGTCAAGCAGCCTACTGCCTTGGGTCTCTCAGGACC
 101 Rhi bru ---C---GA-----ATTACCGGTCAAGCAGCCTACTGCCTTGGGTACTCTCAGGACC
 108 Par tra ---T---GA-----ATTACCGGTCAAGCAGCCTACTGCCTTGGGTCTCTCAGGACC
 109 Hal lou ---C---GA-----ATTACCGGTCAAGCAGCCTACTGCCTTGGGTACTCTCAGGACC
 111 Ala eph ---T---GA-----ATTACCGGTCAAGCAGCCTACTGCCTTGGGTCTCTCAGGACC
 112 Aug amp -----
 113 Aug cae ---T---GA-----ATTACCGGTCAAGCAGCCTACTGCCTTGGGTACTCTCAGGACC
 116 The bra ---T---GA-----ATTACCGGTCAAGCAGCCTACTGCCTTGGGTCTCTCAGGACC
 123 Pse sp ---G---AA-----AATACCGGTCAAGCAGCCTACTGCCTTGGGTACTCTCAGGACC
 127 Pse sim ---TCTATATTCAATAGATAACGA-TATACCGGTCAAGCAGCCTACTGCCTTGGGTACTCTCAGGACC
 128 The bas ---T---GA-----ATTACCGGTCAAGCAGCCTACTGCCTTGGGTCTCTCAGGACC
 130 Neo aen ---T---AA-----ATTACCGGTCAAGCAGCCTACTGCCTTGGGTCTCTCAGGACC
 132 Ais cup ---T---GA-----ATTACCGGTCAAGCAGCCTACTGCCTTGGGTCTCTCAGGACC
 133 Par aff ---T---GA-----ATTACCGGTCAAGCAGCCTACTGCCTTGGGTCTCTCAGGACC
 134 Tem sp1 ---T---GT-----ATTACCGGTCAAGCAGCCTACTGCCTTGGGTCTCTCAGGACC
 141 Par bar ---TTT-GAT-----ATTACCGGTCAAGCAGCCTACTGCCTTGGGTCTCTCAGGACC
 142 And mic ---T---GA-----ATTACCGGTCAAGCAGCCTACTGCCTTGGGTCTCTCAGGACC
 143 Chl cya ---T---GA-----ATTACCGGTCAAGCAGCCTACTGCCTTGGGTCTCTCAGGACC
 145 Isc zon ---C---GA-----ATTACCGGTCAAGCAGCCTACTGCCTTGGGTACTCTCAGGACC
 14 Cor cog ---C---GA-----ATTACCGGTCAAGCAGCCTACTGCCTTGGGTACTCTCAGGACC
 151 Isc les ---C---GA-----ATTACCGGTCAAGCAGCCTACTGCCTTGGGTACTCTCAGGACC
 158 Nea see ---TC---AA-----ATTACCGGTCAAGCAGCCTACTGCCTTGGGTCTCTCAGGACC
 159 Nea sp ---T---GA-----ATTACCGGTCAAGCAGCCTACTGCCTTGGGTCTCTCAGGACC
 176 Ais sp ???t??ga????????????@attacccgtctacggacgactctgtttgggtccctctcaggacc
 177 Neo sp1 ---T---GA-----ATTACCGGTCAAGCAGCCTACTGCCTTGGGTCTCTCAGGACC
 185 Cae sp1 ---T---GA-----ATTACCGGTCAAGCAGCCTACTGCCTTGGGTACTCTCAGGACC
 189 Aes tur ---T---GA-----ATTACCGGTCAAGCAGCCTACTGCCTTGGGTACTCTCAGGACC
 190 Cae ine ---T---GA-----ATTACCGGTCAAGCAGCCTACTGCCTTGGGTACTCTCAGGACC
 193 Meg gui -TGTGTTCAAAATCCT-----ATTACCGGTCAAGCAGCCTACTGCCTTGGGTACTCTCAGGACC
 194 Cae mou ---T---GA-----ATTACCGGTCAAGCAGCCTACTGCCTTGGGTACTCTCAGGACC
 196 Rec cat ---C---GA-----ATTACCGGTCAAGCAGCCTACTGCCTTGGGTACTCTCAGGACC
 212 Ais cog ---T---GA-----ATTACCGGTCAAGCAGCCTACTGCCTTGGGTCTCTCAGGACC
 21 Aug sem ---A---GA-----ATTACCGGTCAAGGACACTACTGCCTTGGGTACTCTCAGGACC
 248 Ala aur ---T---GA-----ATTACCGGTCAAGGACGCTACTGCCTTGGGTACTCTCAGGACC
 253 Neo oio ---T---A-----ATTACCGGTCAAGGACGACsCTACTGCCTTGGGTCTCTCAGGACC
 254 Duf sp1 ---C---GA-----ATTACCGGTCAAGGACGCTACTGCCTTGGGTACTCTCAGGACC
 267 Sti eic ---T---GA-----ATTACCGGTCAAGGACGCTACTGCCTTGGGTACTCTCAGGACC
 268 Aug JIR ---T---GA-----ATTACCGGTCAAGGACGCTACTGCCTTGGGTACTCTCAGGACC
 269 Noc fur ---TCTTGAAATCCT-----ATTACCGGTCAAGGACGCTACTGCCTTGGGTACTCTCAGGACC
 26 Neo mel ---T---GA-----ATTACCGGTCAAGGACGCTACTGCCTTGGGTCTCTCAGGACC
 270 Xen nig ---GTTGACAAATG-----ATTACCGGTCAAGGACGCTACTGCCTTGGGTACTCTCAGGACC
 271 Mna sp1 ---TC---AA-----ATTACCGGTCAAGGACGCTACTGCCTTGGGTCTCTCAGGACC
 30 Meg ins ---T---GA-----ATTACCGGTCAAGGACGCTACTGCCTTGGGTCTCTCAGGACC
 328 Tem sp2 ---T---GT-----ATTACCGGTCAAGGACGCTACTGCCTTGGGTCTCTCAGGACC
 329 Cae sp ---T---GA-----ATTACCGGTCAAGGACGCTACTGCCTTGGGTACTCTCAGGACC
 330 Aug sp ---T---GA-----ATTACCGGTCAAGGACGCTACTGCCTTGGGTACTCTCAGGACC
 331 Ais sp ???t??ga????????????@attacccgtctacggacgactctgtttgggtccctctcaggacc
 334 Meg min ---TC---AA-----ATTACCGGTCAAGGACGCTACTGCCTTGGGTCTCTCAGGACC
 335 Aug rep ---T---GA-----ATTACCGGTCAAGGACGCTACTGCCTTGGGTACTCTCAGGACC
 343 Pse pan ---TATTGA-----AATACCGGTCAAGGACGCTACTGCCTTGGGTACTCTCAGGACC
 46 Ala ura ---T---GA-----ATTACCGGTCAAGGACGCTACTGCCTTGGGTACTCTCAGGACC
 53 Ari pal ---T---GA-----ATTACCGGTCAAGGACGCTACTGCCTTGGGTACTCTCAGGACC
 77 Per sem ---T---GA-----GTACCGGTCAAGGACGCTACTGCCTTGGGTACTCTCAGGACC
 87 Mic lar ---TA---GA-----ATTACCGGTCAAGGACGCTACTGCCTTGGGTACTCTCAGGACC
 88 Ais spa ---T---GA-----ATTACCGGTCAAGGACGCTACTGCCTTGGGTACTCTCAGGACC
 90 Aes pol ---T---GA-----ATTACCGGTCAAGGACGCTACTGCCTTGGGTACTCTCAGGACC
 92 Rhi inf ---C---GA-----ATTACCGGTCAAGGACGCTACTGCCTTGGGTACTCTCAGGACC
 Aga tyl ---T---GA-----ATTACCGGTCAAGGACGCTACTGCCTTGGGTACTCTCAGGACC
 Ais met ???
 Ala pom ---T---GA-----ATTACCGGTCAAGGACGCTACTGCCTTGGGTACTCTCAGGACC

Aug pur ???
 Con con ???
 Cor pat ???
 Die nev ---G---AA-----ATTACCGGTCAAGGACGCTACTGCCTTGGGTACTCTCAGGACC
 Las zep ???
 Lip aus ???
 Meg gen ???
 Mex ari ???
 Neo dis ???
 Nom fac ---T---GA-----ATTACCGGTCAAGGACGCTACTGCCTTGGGTACTCTCAGGACC
 Rui pro ???
 Sph con ???
 Thr tor ???

612 617 622 627 632 637 642 647 652 657 662 667 672 677
 | | | | | | | | | | | | | | | | |
 000 Pen pen ???
 01 Rhi bri CGTCTTGAACACGGACCAAGGAGTCTAACATGTGCGCAGTCATTGGACATG---TAAACCTAAA
 06 Cer clo CGTCTTGAACACGGACCAAGGAGTCTAACATGTGCGCAGTCATTGGACATG---TAAACCTAAA
 100 The ala CGTCTTGAACACGGACCAAGGAGTCTAACATGTGCGCAGTCATTGGACACT---TAAACCTAAA
 101 Rhi bru CGTCTTGAACACGGACCAAGGAGTCTAACATGTGCGCAGTCATTGGACATG---TAAACCTAAA
 108 Par tra CGTCTTGAACACGGACCAAGGAGTCTAACATGTGCGCAGTCATTGGACTTG---TTGAAACCTAAA
 109 Hal lou CGTCTTGAACACGGACCAAGGAGTCTAACATGTGCGCAGTCATTGGACATG---TAAACCTAAA
 111 Ala eph CGTCTTGAACACGGACCAAGGAGTCTAACCTGTGCGCAGTCATTGGACTCG---TTGAAACCTAAA
 112 Aug amp -----
 113 Aug cae CGTCTTGAACACGGACCAAGGAGTCTAACATGTGCGCAGTCATTGGACTCT---TAAACCTAAA
 116 The bra CGTCTTGAACACGGACCAAGGAGTCTAACATGTGCGCAGTCATTGGACTC---TAAACCTAAA
 123 Pse sp CGTCTTGAACACGGACCAAGGAGTCTAACATGTGCGCAGTCATTGGACA
 127 Pse sim CGTCTTGAACACGGACCAAGGAGTCTAACATGTGCGCAGTCATTGGACTTG---TAAACCTAAA
 128 The bas CGTCTTGAACACGGACCAAGGAGTCTAACATGTGCGCAGTCATTGGACTCG---TAAACCTAAA
 130 Neo aen CGTCTTGAACACGGACCAAGGAGTCTAACATGTGCGCAGTCATTGGACTTG---TGAACCTAAA
 132 Ais cup CGTCTTGAACACGGACCAAGGAGTCTAACATGTGCGCAGTCATTGGACTTG---TAAACCTAAA
 133 Par aff CGTCTTGAACACGGACCAAGGAGTCTAACATGTGCGCAGTCATTGGACATG---TAAACCTAAA
 134 Tem sp1 CGTCTTGAACACGGACCAAGGAGTCTAACATGTGCGCAGTCATTGGACTTG---TAAACCTAAA
 141 Par bar CGTCTTGAACACGGACCAAGGAGTCTAACATGTGCGCAGTCATTGGACTTG---TGTGAAACCTAAA
 142 And mic CGTCTTGAACACGGACCAAGGAGTCTAACATGTGCGCAGTCATTGGACTTG---TAAACCTAAA
 143 Chl cya CGTCTTGAACACGGACCAAGGAGTCTAACATGTGCGCAGTCATTGGACTTG---TAAACCTGAA
 145 Isc zon CGTCTTGAACACGGACCAAGGAGTCTAACATGTGCGCAGTCATTGGACTTG---TAAACCTAAA
 14 Cor cog CGTCTTGAACACGGACCAAGGAGTCTAACATGTGCGCAGTCATTGGACATG---TAAACCTAAA
 151 Isc les CGTCTTGAACACGGACCAAGGAGTCTAACATGTGCGCAGTCATTGGACATG---TAAACCTAAA
 158 Nea see CGTCTTGAACACGGACCAAGGAGTCTAACATGTGCGCAGTCATTGGACTTG---TGTGAAACCTAAA
 159 Nea sp CGTCTTGAACACGGACCAAGGAGTCTAACATGTGCGCAGTCATTGGACTTG---TGAACCTAAA
 176 Ais sp cgtcttgaacacggaccaaggagtctaacatgtgcgcgagtcactggacttg????taaacctaaa
 177 Neo sp1 CGTCTTGAACACGGACCAAGGAGTCTAACATGTGCGCAGTCATTGGACTTG---TGTGAAACCTAAA
 185 Cae sp CGTCTTGAACACGGACCAAGGAGTCTAACATGTGCGCAGTCATTGGACATG---TAAACCTAAA
 189 Aes tur CGTCTTGAACACGGACCAAGGAGTCTAACATGTGCGCAGTCATTGGACTTG---TAAACCTAAA
 190 Cae ine CGTCTTGAACACGGACCAAGGAGTCTAACATGTGCGCAGTCATTGGACTCG---TTAAACCTAAA
 193 Meg gui CGTCTTGAACACGGACCAAGGAGTCTAACATGTGCGCAGTCATTGGACTCG---TTAAACCTAAA
 194 Cae mou CGTCTTGAACACGGACCAAGGAGTCTAACATGTGCGCAGTCATTGGATATG---TAAACCTAAA
 196 Rec cat CGTCTTGAACACGGACCAAGGAGTCTAACATGTGCGCAGTCATTGGACATG---TAAACCTAAA
 212 Ais cog CGTCTTGAACACGGACCAAGGAGTCTAACATGTGCGCAGTCATTGGACTTG---TAAACCTAAA
 21 Aug sem CGTCTTGA-----
 248 Ala aur CGTCTTGAACACGGACCAAGGAGTCTAACATGTGCGCAGTCATTGGACTCG---TTAAACCTAAA
 253 Neo oio CGTCTTGAACACGGACCAAGGAGTCTAACATGTGCGCAGTCATTGGACTTG---TGTGAAACCTAAA
 254 Duf sp1 CGTCTTGAACACGGACCAAGGAGTCTAACATGTGCGCAGTCATTGGACATG---TAAACCTAAA
 267 Sti eic CGTCTTGAACACGGACCAAGGAGTCTAACATGTGCGCAGTCATTGGACTCT---ATGAAACCTAAA
 268 Aug JIR CGTCTTGAACACGGACCAAGGAGTCTAACATGTGCGCAGTCATTGGACTCT---TAAACCTAAA
 269 Noc fur CGTCTTGAACACGGACCAAGGAGTCTAACATGTGCGCAGTCATTGGACTCG---ATTAACACCTAAA
 26 Neo mel CGTCTTGAACACGGACCAAGGAGTCTAACATGTGCGCAGTCATTGGACTTG---TATGAAACCTAAA
 270 Xen nig CGTCTTGAACACGGACCAAGGAGTCTAACATGTGCGCAGTCATTGGACTCG---ATTAACACCTAAA
 271 Mna sp1 CGTCTTGAACACGGACCAAGGAGTCTAACATGTGCGCAGTCATTGGACTTG---TAAACCTAAA
 30 Meg ins CGTCTTGAACACGGACCAAGGAGTCTAACATGTGCGCAGTCATTGGACTTG---TAAACCTAAA
 328 Tem sp2 CGTCTTGAACACGGACCAAGGAGTCTAACATGTGCGCAGTCATTGGACTTG---TAAACCTAAA
 329 Cae sp CGTCTTGAACACGGACCAAGGAGTCTAACATGTGCGCAGTCATTGGACTCG---TTAAACCTAAA

330 Aug sp CGTCTTGAACACGGACCAAGGAGTCTAACATGTGCGCAGTCATTGGGACTGT---TAAACCTAAA
 331 Ais sp cgtcttaaacacggaccaaggagtctaacatgtgcgcgagtcactggacttg????ttaaccta
 334 Meg min CGTCTTGAACACGGACCAAGGAGTCTAACATGTGCGCAGTCAGTGGACTTG---TAAACCTAAA
 335 Aug rep CGTCTTGAACACGGACCAAGGAGTCTAACATGTGCGCAGTCATTGGGACTTG---TAAACCTAAA
 343 Pse pan CGTCTTGAACACGGACCAAGGAGTCTAACATGTGCGCAGTCATTGGGACTTG---TAAACCTAAA
 46 Ala ura CGTCTTGAACACGGACCAAGGAGTCTAACATGTGCGCAGTCATTGGGACTTG---TAAACCTAAA
 53 Ari pal CGTCTTGAACACGGACCAAGGAGTCTAACATGTGCGCAGTCAGTGGACTTG---TAAACCTAAA
 77 Per sem CGTCTTGAACACGGACCAAGGAGTCTAACATGTGCGCAGTCATTGGGACTTG---TAAACCTAAA
 87 Mic lar CGTCTTGAACACGGACCAAGGAGTCTAACATGTGCGCAGTCAGTGGACTTG---TAAACCTAAA
 88 Ais spa CGTCTTGAACACGGACCAAGGAGTCTAACATGTGCGCAGTCAGTGGACTTG---TAAACCTAAA
 90 Aes pol CGTCTTGAACACGGACCAAGGAGTCTAACATGTGCGCAGTCAGTGGACTTG---TAAACCTAAA
 92 Rhi inf CGTCTTGAACACGGACCAAGGAGTCTAACATGTGCGCAGTCATTGGACATG---TAAACCTAAA
 Aga tyl CGTCTTGAACACGGACCAAGGAGTCTAACATGTGCGCAGTCATTGGACAGA---TAAACCTAAA
 Ais met ???
 Ala pom CGTCTTGAACACGGACCAAGGAGTCTAACATGTGCGCAGTCATTGGACTCG---TAAACCTAAA
 Aug pur ???
 Con con ???
 Cor pat ???
 Die nev CGTCTTGAACACGGACCAAGGAGTCTAACATGTGCGCAGTCATTGGATTT---GAAACCTAAA
 Las zep ?????????????????????????????????
 Lip aus ?????????????????????????????
 Meg gen ?????????????????????????????
 Mex ari ?????????????????????????
 Neo dis ?????????????????????
 Nom fac CGTCTTGAACACGGACCAAGGAGTCTAACATGTGCGCAGTCATTGGACATG---TAAGCTAAA
 Rui pro ?????????????????????
 Sph con ?????????????????
 Thr tor ?????????????????

 680 685 690 695 700 705 710 715 720 725 730 735 740 745
 | | | | | | | | | | | | | | | |
 000Pen pen ???
 01 Rhi bri GGCATCATGAAAGTGAAGGTTGCC-CTTT-----GC--GTCGACCGATGGAGGAT-GGGCCGCGT
 06 Cer clo GGCATAATGAAAGTGAAGGTCGAT-CTTT-----GC--GTCGACCGAGGGAGGAT-GGGCTGCGT
 100 The ala GGCATCATGAAAGTGAAGGTTGAC-C-TT-----GC--GTCGACCGAGGGAGGAT-GGGCCGCGT
 101 Rhi bru GGCATCATGAAAGTGAAGGTTGCC-CTTT-----GC--GTCGACCGAGGGAGGAT-GGGCCGCGT
 108 Par tra GGCATAATGAAAGTAAAGTTGAC-CTTT-----GC--GTCGACCGAGGGAGGAT-GGGCCGCGT
 109 Hal lou GGCATCATGAAAGTGAAGGTTGCC-CTTC-----GC--GTCGACCGAGGGAGGAT-GGGCCGCGT
 111 Ala eph GGCATAATGAAAGTAAAGTCGAC-CTTT--TGCAACA-GTCGACCGAGGGAGGAT-GGGCCGCGT
 112 Aug amp -----
 113 Aug cae GGCATCATGAAAGTAAAGTCGAT-CTTT-----GC--GTCGACCGAGGGAGGAT-GGGCCGCGT
 116 The bra GGCATCATGAAAGTGAAGGTTGAC-C-TT-----GC--GTCGACCGAGGGAGGAT-GGGCCGCGT
 123 Pse sp -----
 127 Pse sim GGCATAATGAAAGTAAAGTCGACGCC-CTTC-----GCGCGTCGACAGAGGGAGGAT-GGGCCGCGT
 128 The bas GGCATCATGAAAGTGAAGGTTGAC-C-TT-----GC--GTCGACCGAGGGAGGAT-GGGCCGCGT
 130 Neo aen GGCATAATGAAAGTAAAGTCGTT-CTTA-----GC--ATCGACCGAGGGAGGAT-GGGCCGCGT
 132 Ais cup GGCATAATGAAAGTAAAGTCGAC-CTTC-----GC--GTCGACCGAGGGAGGAT-GGGCCGCGT
 133 Par aff GGCATAATGAAAGTGAAGGTTGAC-CTTT-----GC--GTCGACCGAGGGAGGAT-GGGCCGCGT
 134 Tem sp1 GGCATCATGAAAGTAAAGTCGAT--CCAT-----GC--GTCGACCGAGGGAGGAT-GGGCCGCGT
 141 Par bar GGCATAATGAAAGTGAAGGTTGAC-CTTT-----GC--GTCGACCGAGGGAGGAT-GGGCCGCGT
 142 And mic GGCATAATGAAAGTAAAGTCGAG-CTTT-----GC--ATCGACCGAGGGAGGAT-GGGCCGCGT
 143 Chl cya GGCACAATGAAAGTAAAGTCGAC-CTTT-----GC--ATCGACCGAGGGAGGAT-GGGCCGCGT
 145 Isc zon GGCATCATGAAAGTGAAGGTTGAC-CTTT-----GC--GTCGACCGAGGGAGGAT-GGGCCGCGT
 14 Cor cog GGCATCATGAAAGTGAAGGTTAGGC-CTTT-----GC--GTCGACCGAGGGAGGAT-GGGCCGCGT
 151 Isc les GGCATCATGAAAGTGAAGGTTGAC-CTTT-----GC--GTCGACCGAGGGAGGAT-GGGCCGCGT
 158 Nea see GGCATAATGAAAGTAAAGTCGAG-CTKA-----GC--ATCGACCGAGGGAGGAT-GGGCCGCGT
 159 Nea sp GGCATAATGAAAGTAAAGTCGAT-CTTT-----GC--ATCGAGTGAAGGAGGAT-GGGCCGCGT
 176 Ais sp ggcataatgaaagtaaaagtgcac?cttc?????gc??gtcgcaggaggagat?ggccgcgt
 177 Neo sp1 GGCATCATGAAAGTAAAGTCGTT-CTTA-----GC--ATCGACCGAGGGAGGAT-GGGCCGCGT
 185 Cae sp1 GGCATCATGAAAGTGAAGGTCGATCTTA-----GC--ATCGACCGAGGGAGGAT-GGGCCGCGT
 189 Aes tur GGCATCATGAAAGTAAAGGTTGAC-CTTT-----GC--GTCGACCGAGGGAGGAT-GGGCCGCGT
 190 Cae ine GGCATCATGAAAGTAAAGGTTGAC-CTTT-----GC--GTCGACCGAGGGAGGAT-GGGCCGCGT
 193 Meg gui GGCATCATGAAAGTGAAGGTTGAC-CTTT-----GC--GTCGACCGAGGGAGGAT-GGGCCGCGT
 194 Cae mou GGCATCATGAAAGTGAAGGAGGAT-GGGCCGCGT

196 Rec cat GGCATCATGAAAGTGAAGGTTGCC-CTTT-----GC--GTCGACCGAGGGAGGAT-GGGCCGCGT
 212 Ais cog GGCATCATGAAAGTAAAGTCGAC-CTTT-----GC--GTCGACCGAGGGAGGAT-GGGCCGCGT
 21 Aug sem -----
 248 Ala aur GGCATCATGAAAGTAAAGTCGAT-CTTT-----AAAAAA-GTCGACCGAGGGAGGAT-GGGCCGCGT
 253 Neo oio GGCATCATGAAAGTAAAGTCGTT-CwTa-----GC--ATCGACCGAGGGAGGAT-GGGCCGCGT
 254 Duf sp1 GGCATCATGAAAGTGAAGGTCGCG-CTTT-----GC--GTCGACCGAGGGAGGAT-GGGCCGCGT
 267 Sti eic GGCATCATGAAAGTAAAGTCGTCGCTC-----GC--GTCGACCGAGGGAGGAT-GGGCCGCGT
 268 Aug JIR GGCATCATGAAAGTAAAGTCGAT-CTTT-----GC--GTCGACCGAGGGAGGAT-GGGCCGCGT
 269 Noc fur GGCATCATGAAAGTGAAGGTCG-CTTT-----GC--GTCGACCGAGGGAGGAT-GGGCCGCGT
 26 Neo mel GGCATCATGAAAGTAAAGTCGTT-CTTA-----GC--ATCGACCGAGGGAGGAT-GGGCCGCGT
 270 Xen nig GGCATCATGAAAGTGAAGGTTGAC-CTTT-----GC--GTCGACCGAGGGAGGAT-GGGCCGCGT
 271 Mna sp1 GGCATCATGAAAGTAAAGTTGAC-CTTT-----GC--GTCGACCGAGGGAGGAT-GGGCCGCGT
 30 Meg ins GGCATCATGAAAGTAAAGGTCGAC-CATT-----GCTGGTCGACGCCAGGGAGGAT-GGGCCGCGT
 328 Tem sp2 GGCATCATGAAAGTAAAGTCGTT-CCAT-----GC--GTCGACCGAGGGAGGAT-GGGCCGCGT
 329 Cae sp GGCATCATGAAAGTGAAGGTCGAG-CTTT-----GC--GTCGACCGAGGGAGGAT-GGGCCGCGT
 330 Aug sp GGCATCATGAAAGTAAAGTCGAT-CTTT-----GC--GTCGACCGAGGGAGGAT-GGGCCGCGT
 331 Ais sp ggcataatgaaagtaaaagtgcac?cttc?????gc??gtcgcaggaggagat?ggccgcgt
 334 Meg min GGCATCATGAAAGTAAAGTTGAC-CTTT-----GC--GTCGACCGAGGGAGGAT-GGGCCGCGT
 335 Aug rep GGCATCATGAAAGTAAAGTCGAT-CTTT-----GC--GTCGACCGAGGGAGGAT-GGGCCGCGT
 343 Pse pan GGCATCATGAAAGTGAAGGTCGACGCC-CTTC-----GGCCTGCGACAGAGGGAGGAT-GGGCCGCGT
 46 Ala ura GGCATCATGAAAGTAAAGTCGAT-CTTT-----GC--GTCGACCGAGGGAGGAT-GGGCCGCGT
 53 Ari pal GGCATCATGAAAGTAAAGTCGAC-CTTT-----GC--GTCGACCGAGGGAGGAT-GGGCCGCGT
 77 Per sem GGCATCATGAAAGTAAAGTTGAC-CTTT-----GC--GTCGACCGAGGGAGGAT-GGGCTGCGT
 87 Mic lar GGCATCATGAAAGTAAAGTTGAC-CTTT-----GC--GTCGACCTAGGGAGGAT-GGGCCGCGT
 88 Ais spa GGCATCATGAAAGTAAAGTCGAC-C-TT-----GC--GTCGACCGAGGGAGGAT-GGGCCGCGT
 90 Aes pol GGCATCATGAAAGTAAAGTTGAC-C-TT-----GC--GTCGACCGAGGGAGGAT-GGGCCGCGT
 92 Rhi inf GGCATCATGAAAGTGAAGGTTGCC-CTTT-----GC--GTCGACCGAGGGAGGAT-GGGCCGCGT
 Aga tyl GGCATCATGAAAGTGAAGGTTGAC-CTTT-----GC--ATCGACCGAGGGAGGAT-GGGCCGCGT
 Ais met ?????????????????????????????
 Ala pom GGCATCATGAAAGTAAAGTCGAT-CTTT-----AAAAAA-GTCGACCGAGGGAGGAT-GGGCCGCGT
 Aug pur ?????????????????????
 Con con ?????????????????
 Cor pat ?????????????????
 Die nev GGCATCATGAAAGTAAAGTCGTC-CTTT-----GC--GACGACCGAGGGAGGAT-GGGCCGCGT
 Las zep ?????????????????
 Lip aus ?????????????????
 Meg gen ?????????????????
 Mex ari ?????????????????
 Neo dis ?????????????????
 Nom fac GGCATCATGAAAGTGAAGGTTGCC-CTTT-----GC--GTCGACCGAGGGAGGAT-GGGTCGCGT
 Rui pro ?????????????????
 Sph con ?????????????????
 Thr tor ?????????????????

 748 753 758 763 768 773 778 783 788 793 798 803 808 813
 | | | | | | | | | | | | | | |
 000Pen pen ???AGAGATTTTATCAA
 01 Rhi bri TACGA--TGCAGGCTCGCACTCCGGGGCGTCTCGTCTCATTGCGAGAAGAGAGAGATTTCATCAA
 06 Cer clo TACGA--TGCAGGCTCGCACTCCGGGGCGTCTCGTCTCATTGCGAGAAGAGAGAGATTTCATCAA
 100 The ala CACGA--TGCAGGCTCGCACTCCGGGGCGTCTCGTCTCATTGCGAGAAGAGAGAGATTTCATCAA
 101 Rhi bru TACGA--TGCAGGCTCGCACTCCGGGGCGTCTCGTCTCATTGCGAGAAGAGAGAGATTTCATCAA
 108 Par tra CACGA--TGCAGGCTCGCACTCCGGGGCGTCTCGTCTCATTGCGAGAAGAGAGAGATTTCATCAA
 109 Hal lou TACGA--TGCAGGCTCGCACTCCGGGGCGTCTCGTCTCATTGCGAGAAGAGAGAGATTTCATCAA
 111 Ala eph CACGA--TGCAGGCTCGCACTCCGGGGCGTCTCGTCTCATTGCGAGAAGAGAGAGATTTCATCAA
 112 Aug amp -----AGAGATTTCATCAA
 113 Aug cae CACGA--TGCAGGCTCGCACTCCGGGGCGTCTCGTCTCATTGCGAGAAGAGAGAGATTTCATCAA
 116 The bra CACGA--TGCAGGCTCGCACTCCGGGGCGTCTCGTCTCATTGCGAGAAGAGAGAGATTTCATCAA
 123 Pse sp -----AGAGATTTCATCAA
 127 Pse sim CACGA--TGCAGGCTCGCACTCCGGGGCGTCTCGTCTCATTGCGAGAAGAGAGAGATTTCATCAA
 128 The bas CACGA--TGCAGGCTCGCACTCCGGGGCGTCTCGTCTCATTGCGAGAAGAGAGAGATTTCATCAA
 130 Neo aen CACGA--TGCAGGCTCGCACTCCGGGGCGTCTCGTCTCATTGCGAGAAGAGAGAGATTTCATCAA
 132 Ais cup CACGA--TGCAGGCTCGCACTCCGGGGCGTCTCGTCTCATTGCGAGAAGAGAGAGATTTCATCAA
 133 Par aff CACGA--TGCAGGCTCGCACTCCGGGGCGTCTCGTCTCATTGCGAGAAGAGAGAGATTTCATCAA
 134 Tem sp1 CACGA--TGCAGGCTCGCACTCCGGGGCGTCTCGTCTCATTGCGAGAAGAGAGAGATTTCATCAA

Lip aus	AACATGATTACTGGTACATCTCAGGCTGATTGTGCTGATTGATTGTTGCTGCTGGTACTGGTGAATT
Meg gen	AACATGATTACTGGTACATCTCAGGCTGACTGTGCCATTAAATTGTTGCTGCTGGTACTGGTGAATT
Mex ari	AACATGATTACTGGTACATCTCAAGCGATTGTGCCATTAAATTGTTGCTGCTGGTACTGGTGAATT
Neo dis	AACATGATTACTGGTACATCTCAGGCTGACTGTGCCATTAAATTGTTGCTGCTGGTACTGGTGAATT
Nom fac	AACATGATTACTGGTACATCTCAAGCTGATTGTGCCATTAAATTGTTGCTGCTGGTACTGGTGAATT
Rui pro	AACATGATTACTGGTACATCTCAGGCTGATTGTGCCATTAAATTGTTGCTGCTGGTACTGGTGAATT
Sph con	AACATGATTACTGGTACATCTCAGGCTGATTGTGCCATTAAATTGTTGCTGCTGGTACTGGTGAATT
Thr tor	AACATGATTACTGGTACATCTCAGGCTGATTGTGCCATTAAATTGTTGCTGCTGGTACTGGTGAATT

884 889 894 899 904 909 914 919 924 929 934 939 944 949

000Pen pen	CGAAGCTGGTATTTCGAAAAAATGGACAAACTCGTGAGCACGCTTGCTGTTTCACTCTGGTGTAA
01 Rhi bri	TGAGGCTGGTATTTCGAAAAAATGGACAAACCCGTGAGCATGCTGCTCGTTTACTCTGGGAGTC
06 Cer clo	CGAAGCTGGTATTTCGAAAAAATGGACAAACCCGTGAGCATGCTGCTCGTTTACTCTGGTGTAA
100 The ala	TGAAGCTGGTATTTCGAAAAAATGGACAAACCCGTGAGCATGCTGCTCGTTTACTCTGGTGTAA
101 Rhi bru	CGAAGCTGGTATTTCGAAAAAATGGACAAACCCGTGAGCATGCTGCTCGTTTACTCTGGTGTAA
108 Par tra	TGAAGCTGGTATTTCGAAAAAATGGACAAACAcyCGTGAGCATGCTGCTCGTTTACTCTGGGAGTC
109 Hal lou	TGAAGCTGGTATTTCGAAAAAATGGACAAACTCGTGAGCATGCTGCTCGTTTACTCTGGTGTAA
111 Ala eph	CGAAGCTGGTATTTCGAAAAAATGGACAAACTCGTGAGCATGCTGCTCGTTTACTCTGGTGTAA
112 Aug amp	CGAAGCTGGTATTTCGAAAAAATGGACAAACCCGTGAGCATGCTGCTGCTCGTTTACTCTGGTGTAA
113 Aug cae	CGAAGCTGGTATTTCGAAAAAATGGACAAACCCGTGAGCATGCTGCTGCTCGTTTACTCTGGTGTAA
116 The bra	TGAAGCTGGTATTTCGAAAAAATGGACAAACCCGTGAGCATGCTGCTCGTTTACTCTGGTGTAA
123 Pse sp	TGAAGCTGGTATTTCGAAAAAATGGACAAACCCGTGAGCATGCTGCTCGTTTACTCTGGTGTAA
127 Pse sim	TGAAGCCGGTATTTCGAAAAAATGGACAAACCCGTGAGCATGCTGCTCGTTTACCTCTGGTGTAA
128 The bas	TGAAGCTGGTATTTCGAAAAAATGGACAAACCCGTGAGCATGCTGCTCGTTTACTCTGGTGTAA
130 Neo aen	CGAAGCTGGTATTTCGAAAAAATGGACAAACCCGTGAGCATGCTGCTCGTTTACTCTGGTGTAA
132 Ais cup	TGAAGCTGGTATTTCGAAAAAATGGACAAACCCGTGAGCATGCTGCTCGTTTACTCTGGTGTAA
133 Par aff	CGAAGCTGGTATTTCGAAAAAATGGACAAACCCGTGAGCATGCTGCTCGTTTACTCTGGTGTAA
134 Tem sp1	CGAAGCTGGTATTTCGAAAAAATGGACAAACCCGTGAGCATGCTGCTCGTTTACTCTGGTGTAA
141 Par bar	TGAAGCTGGTATTTCGAAAAAATGGACAAACCCGTGAGCATGCTGCTCGTTTACTCTGGTGTAA
142 And mic	CGAAGCTGGTATTTCGAAAAAATGGACAAACCCGTGAGCATGCTGCTCGTTTACTCTGGTGTAA
143 Chl cya	CGAAGCTGGTATTTCGAAAAAATGGACAAACCCGTGAGCATGCTGCTCGTTTACTCTGGTGTAA
145 Isc zon	CGAAGCTGGTATTTCGAAAAAATGGACAAACCCGTGAGCATGCTGCTCGTTTACTCTGGTGTAA
14 Cor cog	TGAAGCCGGTATTTCGAAAAAATGGACAAACCCGTGAGCATGCTGCTCGTTTACTCTGGGAGTC
151 Isc les	CGAAGCTGGTATTTCGAAAAAATGGACAAACCCGTGAGCATGCTGCTCGTTTACTCTGGTGTAA
158 Nea see	CGAAGCTGGTATTTCGAAAAAATGGACAAACCCGTGAGCATGCTGCTCGTTTACTCTGGTGTAA
159 Nea sp	CGAAGCTGGTATTTCGAAAAAATGGACAAACCCGTGAGCATGCTGCTCGTTTACTCTGGTGTAA
176 Ais sp	tgaagctggatttcgaaaaatggacaaacccgtgagcatgtctcgcttactctggtgtaa
177 Neo sp1	CGAAGCTGGTATTTCGAAAAAATGGACAAACCCGTGAGCATGCTGCTCGTTTACTCTGGTGTAA
185 Cae sp1	TGAAGCTGGTATTTCGAAAAAATGGACAAACTCGTGAGCATGCTGCTGCTGCTCGTTTACTCTGGGAGTC
189 Aes tur	TGAAGCCGGTATTTCGAAAAAATGGACAAACCCGTGAGCATGCTGCTGCTGCTCGTTTACTCTGGTGTAA
190 Cae ine	TGAAGCTGGTATTTCGAAAAAATGGACAAACCCGTGAGCATGCTGCTCGTTTACTCTGGTGTAA
193 Meg gui	TGAAGCTGGTATTTCGAAAAAATGGACAAACCCGTGAGCATGCTGCTCGTTTACTCTGGTGTAA
194 Cae mou	TGAAGCTGGTATTTCGAAAAAATGGACAAACTCGTGAGCATGCTGCTGCTGCTCGTTTACTCTGGGAGTC
196 Rec cat	TGAAGCCGGTATTTCGAAAAAATGGACAAACCCGTGAGCATGCTGCTGCTGCTCGTTTACTCTGGGAGTC
212 Ais cog	TGAAGCTGGTATTTCGAAAAAATGGACAAACCCGTGAGCATGCTGCTCGTTTACTCTGGTGTAA
21 Aug sem	???
248 Ala aur	TGAAGCTGGTATTTCGAAAAAATGGACAAACCCGTGAGCATGCTGCTCGTTTACTCTGGTGTAA
253 Neo oio	CGAAGCTGGTATTTCGAAAAAATGGACAAACCCGTGAGCATGCTGCTCGTTTACTCTGGTGTAA
254 Duf sp1	CGAAGCTGGTATTTCGAAAAAATGGACAAACTCGTGAGCATGCTGCTCGTTTACTCTGGTGTAA
267 Sti eic	TGAAGCTGGTATTTCGAAAAAATGGACAAACCCGTGAGCATGCTGCTCGTTTACTCTGGTGTAA
268 Aug JIR	???
269 Noc fur	TGAAGCTGGTATTTCGAAAAAATGGACAAACCCGTGAGCATGCTGCTCGTTTACTCTGGTGTAA
26 Neo mel	CGAAGCTGGTATTTCGAAAAAATGGACAAACCCGTGAGCATGCTGCTCGTTTACTCTGGTGTAA
270 Xen nig	CGAAGCTGGTATTTCGAAAAAATGGACAAACCCGTGAGCATGCTGCTCGTTTACTCTGGTGTAA
271 Mna sp1	TGAAGCCGGTATTTCGAAAAAATGGACAAACCCGTGAGCATGCTGCTCGTTTACTCTGGTGTAA
30 Meg ins	TGAAGCTGGTATTTCGAAAAAATGGACAAACCCGTGAGCATGCTGCTCGTTTACTCTGGTGTAA
328 Tem sp2	CGAAGCTGGTATTTCGAAAAAATGGACAAACCCGTGAGCATGCTGCTCGTTTACTCTGGTGTAA
329 Cae sp	CGAAGCTGGTATTTCGAAAAAATGGACAAACCCGTGAGCATGCTGCTCGTTTACTCTGGTGTAA
330 Aug sp	???
331 Ais sp	tgaagctggatttcgaaaaatggacaaacccgtgagcatgtctcgcttactctggtgtaa
334 Meg min	???
335 Aug rep	???
343 Pse pan	TGAAGCTGGTATTTCGAAAAAATGGACAAACCCGTGAGCATGCTGCTCGTTTACTCTGGTGTAA

46 Ala ura	???
53 Ari pal	???
77 Per sem	CGAAGCTGGTATTTCGAAAAAATGGACAAACCCGTGAGCATGCTGCTCGCTTTACTCTGGTGTAA
87 Mic lar	TGAAGCTGGTATTTCGAAAAAATGGACAAACCCGTGAGCATGCTGCTCGCTTTACTCTGGTGTAA
88 Ais spa	TGAAGCCGGTATTTCGAAAAAATGGACAAACCCGTGAGCATGCTGCTCGCTTTACTCTGGTGTAA
90 Aes pol	TGAGCCGGTATTTCGAAAAAATGGACAAACCCGTGAGCATGCTGCTCGCTTTACTCTGGTGTAA
92 Rhi inf	TGAAGCCGGTATTTCGAAAAAATGGACAAACCCGTGAGCATGCTGCTCGCTTTACTCTGGGCGTCA
Aga tyl	CGAAGCCGGTATTTCGAAAAAATGGACAAACCCGTGAGCATGCTGCTCGCTTTACTCTGGGCGTAA
Ais met	TGAAGCTGGTATTTCGAAAAAATGGACAAACCCGTGAGCATGCTGCTCGCTTTACTCTGGTGTAA
Ala pom	CGAAGCTGGATTTCGAAAAAATGGACAAACCCGTGAGCATGCTGCTCGCTTTACTCTGGTGTAA
Aug pur	CGAAGCTGGTATTTCGAAAAAATGGACAAACCCGTGAGCATGCTGCTCGCTTTACTCTGGTGTAA
Con con	CGAAGCTGGTATTTCGAAAAAATGGACAAACTCGTGAAACATGCTGCTCGCTTTACTCTGGTGTAA
Cor pat	???
Die nev	CGAAGCTGGTATTTCGAAAAAATGGACAAACCGTGCAGCAGCTGCTCGCTTTACTCTGGTGTCA
Las zep	CGAAGCTGGTATTTCGAAAAAATGGACAAACCCGTGAGCATGCTGCTCGCTTTACTCTGGGCGTAA
Lip aus	CGAAGCTGGTATTTCGAAAAAATGGACAAACTCGTGAGCATGCTGCTCGCTTTACTCTGGGCGTCA
Meg gen	TGAAGCTGGTATTTCGAAAAAATGGACAAACCCGTGAGCATGCTGCTGCTCGCTTTACCTCTGGGCGTAA
Mex ari	TGAAGCTGGTATTTCGAAAAAATGGACAAACCCGTGAGCATGCTGCTGCTCGCTTTACTCTGGGCGTAA
Neo dis	CGAAGCTGGTATTTCGAAAAAATGGACAAACCCGTGAGCATGCTGCTGCTGCTCGCTTTACCTCTGGGCGTAA
Nom fac	CGAAGCTGGTATTTCGAAAAAATGGACAAACCCGTGAGCATGCTGCTGCTGCTCGCTTTACCTCTGGGCGTAA
Rui pro	TGAAGCTGGTATTTCGAAAAAATGGACAAACCCGTGAGCATGCTGCTGCTGCTCGCTTTACCTCTGGGCGTAA
Sph con	CGAAGCTGGTATTTCGAAAAAATGGACAAACCCGTGAGCATGCTGCTGCTGCTCGCTTTACCTCTGGGCGTAA
Thr tor	TGAAGCTGGTATTTCGAAAAAATGGACAAACCCGTGAGCATGCTGCTGCTGCTCGCTTTACCTCTGGGCGTAA

952 957 962 967 972 977 982 987 992 997 1002 1007 1012 1017	
000Pen pen	AGCAGCTGATTGTTGGTTAACAAAGATGGACTCTACTGAACCACCATACTCCGAATCTCGTTTCGAA
01 Rhi bri	AGCAATTGATTGTTGGCGTGAACAAAGATGGATTACTGAACCAGCATACTCCGAAGCCGATTGGAA
06 Cer clo	AACAATTGATTGTTGGCGTGAACAAAGATGGATTACTGAACCACCATACTCCGAAGCCGATTGGAA
100 The ala	AACAATTGATTGTTGGCGTGAACAAGATGGATTACTGAACCACCATACTCTGAAGCCGATTGGAA
101 Rhi bru	AACAATTGATTGTTGGCGTGAACAAGATGGATTACTGAACCACCATACTCGGAAGCCGATTGGAA
108 Par tra	AGCAATTGATTGTTGGCGTGAACAAAGATGGATTACTGAACCACCATACTCTGAAGCCGATTGGAA
109 Hal lou	AGACATTGATTGTTGGCGTGAACAAAGATGGATTACTGAACCACCATACTCTGAAGCCGATTGGAA
111 Ala eph	AACAATTGATTGTTGGCGTGAACAAGATGGATTACTGAACCACCATACTCTGAAGCCGATTGGAA
112 Aug amp	AACAATTGATTGTTGGCGTGAACAAGATGGATTACTGAACCACCATACTCGGAAGCCGATTGGAA
113 Aug cae	AACAATTGATTGTTGGCGTGAACAAGATGGATTACTGAACCACCATACTCGGAAGCCGATTGGAA
116 The bra	AACAGTTGATTGTTGGCGTGAACAAAGATGGATTACTGAACCACCATACTCTGAAGCCGATTGGAA
123 Pse sp	AACAATTGATTGTTGGCGTAAACAAGATGGATTACTGAACCACCATACTCTGAAGCCGATTGGAA
127 Pse sim	AACAATTGATTGTTGGCGTAAACAAGATGGATTACTGAACCACCATACTCTGAAGCCGATTGGAA
128 The bas	AACAGTTGATTGTTGGCGTGAACAAGATGGATTACTGAACCACCATACTCTGAAGCCGATTGGAA
130 Neo aen	AACAATTGATTGTTGGCGTGAACAAGATGGATTACTGAACCACCATACTCTGAAGCCGATTGGAA
132 Ais cup	AACAATTGATTGTTGGCGTGAACAAGATGGATTACTGAACCACCATACTCTGAAGCCGATTGGAA
133 Par aff	AACAATTGATTGTTGGCGTGAACAAGATGGATTACTGAACCACCATACTCCGAAGCCGATTGGAA
134 Tem sp1	AACAATTGATTGTTGGCGTGAACAAGATGGATTACTGAACCACCATACTCCGAAGCCGATTGGAA
141 Par bar	AACAATTGATTGTTGGCGTGAACAAGATGGATTACTGAACCACCATACTCTGAAGCCGATTGGAA
142 And mic	AACAATTGATTGTTGGCGTGAACAAGATGGATTACTGAACCACCATACTCTGAAGCCGATTGGAA
143 Chl cya	AACAATTGATTGTTGGCGTGAACAAGATGGATTACTGAACCACCATACTCTGAAGCCGATTGGAA
145 Isc zon	AACAATTGATTGTTGGCGTGAACAAGATGGATTACTGAACCACCATCTGAAGCCGATTGGAA
14 Cor cog	AACAATTGATTGTTGGCGTGAACAAGATGGATTACTGAACCACCATACTCTGAAGCCGATTGGAA
151 Isc les	AACAATTGATTGTTGGCGTGAACAAGATGGATTACTGAACCACCATACTCTGAAGCCGATTGGAA
158 Nea see	AACAATTGATTGTTGGCGTGAACAAGATGGATTACTGAACCACCATACTCTGAAGCCGATTGGAA
159 Nea sp	AACAATTGATTGTTGGCGTGAACAAGATGGATTACTGAACCACCATACTCTGAAGCCGATTGGAA
176 Ais sp	aacaattgattttgggttgtaaccaatggattttactctgaaccacccataactctgaagccgattttgaa
177 Neo sp1	AACAATTGATTGTTGGCGTGAACAAGATGGATTACTGAACCACCATACTCTGAAGCCGATTGGAA
185 Cae sp1	AACAATTGATCTGGGTGAACAAGATGGACTCTACCGAACCCACCATACTCTGAAGCCGATTGGAA
189 Aes tur	AACAATTGATTGTTGGCGTGAACAAGATGGACTCTACCGAACCCACCATACTCTGAAGCCGATTGGAA
190 Cae ine	AACAATTGATTGTTGGCGTGAACAAGATGGACTCTACCGAACCCACCATACTCCGAAGCCGATTGGAA
193 Meg gui	AACAATTGATTGTTGGCGTGAACAAGATGGATTACTGAACCACCATACTCTGAAGCCGATTGGAA
194 Cae mou	AACAATTGATCTGGGTGAACAAGATGGACTCTACCGAACCCACCATACTCTGAAGCCGATTGGAA
196 Rec cat	AGCAATTGATTGTTGGGTGAACAAGAAATGGATTCCACTGAACCACCATACTCCGAAGCCGATTGGAA
212 Ais cog	AACAATTGATTGTTGGGTGAACAAGATGGATTACTGAACCACCATACTCTGAAGCCGATTGGAA
21 Aug sem	???
248 Ala aur	AACAATTGATTGTTGGCGTGAACAAGATGGATTACTGAACCACCATACTCTGAAGCCGATTGGAA
253 Neo oio	AACAATTGATTGTTGGCGTGAACAAGATGGATTACTGAACCACCATACTCTGAAGCCGATTGGAA

254	Duf	sp1	AGCAGCTGATCGTGGTAAACAAGATGGACTCCACTGAACCACCATACTCTGAAGCTGATTGAG
267	Sti	eic	AACAAATTGATTGTTGGCGTAACAAAGATGGATTCTACTGAACCACCATACTCTGAAGGCCGTTTGGAA
268	Aug	JIR	???
269	Noc	fur	AACAAATTGATTGTTGGCGTAACAAAGATGGATTCTACTGAACCACCATACTCTGAAGGCCGATTGAA
26	Neo	mel	AACAAATTGATTGTTGGCGTAACAAAGATGGATTCTACTGAACCACCATACTCTGAAGGCCGATTGAA
270	Xen	nig	AACAAATTGATTGTTGGCGTAACAAAGATGGATTCTACTGAACCACCATACTCTGAAGGCCGATTGAA
271	Mna	sp1	AACAAATTGATTGTTGGCGTAACAAAGATGGATTCTACTGAACCACCATACTCTGAAGGCCGATTGAA
30	Meg	ins	AACAACTGATTGTTGGCGTAACAAAGATGGATTCTACTGAACCACCATACTCTGAAGGCCGATTGAA
328	Tem	sp2	AACAAATTGATTGTTGGCGTAACAAAGATGGATTCTACTGAACCACCATACTCCGAAGGCCGATTGAA
329	Cae	sp	AACAAATTGATTGTTGGCGTAACAAAGATGGATTCTACTGAAGGCCACCATACTCCGAAGGCCGATTGAA
330	Aug	sp	???
331	Ais	sp	aacaatttggatgttgggtgtgaacaagatggattctactgaaccacccatactctgaagcccgatttga
334	Meg	min	???
335	Aug	rep	???
343	Pse	pae	AACAAATTGATTGTTGGCGTAACAAAGATGGATTCTACTGAACCACCATACTCTGAAGGCCGATTGAA
46	Ala	ura	???
53	Ari	pai	???
77	Per	sem	AACAAATTGATTGTTGGCGTAACAAAGATGGATTCTACTGAACCACCATACTCTGAAGGCCGATTGAA
87	Mic	lar	AACAAATTGATTGTTGGGTGAACAAAGATGGATTCTACTGAACCACCATACTCTGAAGGCCGATTGAA
88	Ais	spa	AACAAATTGATTGTTGGGTGAACAAAGATGGATTCTACTGAACCACCATACTCTGAAGGCCGATTGAA
90	Aes	pol	AACAAATTGATTGTTGGCGTAACAAAGATGGACTCTACTGAGGCCACCATACTCTGAAGGCCGATTGAA
92	Rhi	inf	AGCAATTGATTGTTGGCGTAACAAAGATGGATTCTACTGAACCACCATACTCCGAAGGCCGATTGAA
Aga	tyl		AACAGTTGATCTGGGTGAACAAAGATGGATTCTACTGAACCACCATACTCCGAAGGCCGATTGAA
Ais	met		AACAAATTGATTGTTGGGTGAACAAAGATGGATTCTACTGAACCACCATACTCTGAAGGCCGATTGAA
Ala	pom		AACAAATTGATTGTTGGCGTAACAAAGATGGATTCTACTGAACCACCATACTCTGAAGGCCGATTGAA
Aug	pur		AACAAATTGATTGTTGGCGTAACAAAGATGGATTCTACTGAACCACCATACTCTGAAGGCCGATTGAA
Con	con		AACAGCTGATCTGGGTGTTAACAAAGATGGACTCTACTGAACCACCATACTCTGAAGCTGATTGAA
Cor	pat		???
Die	nev		AGCAATTGATTGTTGGGTGAACAAAGATGGATTCTACTGAACCACCATACTCCGAGGCTGATTGAA
Las	zep		AACAAATTGATCTGGGTGAACAAAGATGGATTCTACCGAACCCATACAGCGAAGGCCGATTGAA
Lip	aus		AGCAACTGATCGTCGGAGTGAATAAGATGGATTCTACTGAACCACCATACTCTGAAGGCTGATTGAG
Meg	gen		AACAAATTGATTGTTGGCGTAACAAAGATGGATTCTACTGAACCACCATACTCTGAAGGCCGATTGAA
Mex	ari		AACAATTGATTGTTGGGTGAATAAAATGGATTCTACTGAACCACCATACTCCGAACCCCGATTGAA
Neo	dis		AACAAATTGATTGTTGGGTGAACAAAGATGGATTGTACTGAACCACCATACTCTGAAGGCCGATTGAA
Nom	fac		AGCAACTGATTGTCGGTGAACAAAGATGGATTCCACCGAACCCATACTCTGAAGGACTGATTGAG
Rui	pro		AACAAATTGATCTGGGTGAACAAAGATGGACTCTACTGAACCACCATACTCTGAAGGCCGATTGAA
Sph	con		AACAAATTGATCTGGGTGAACAAAGATGGATTCCACCGAACCCATACTCTGAAGGCCGATTGAA
Thr	tor		AACAACTAATCGTGGTAAACAAGATGGATTCTACTGATCCACCATACTCCGAAGGCCGATTGAA
1085			1020 1025 1030 1035 1040 1045 1050 1055 1060 1065 1070 1075
000	Pen	pen	GAAATCAAGAAAAGAAGTATCTCTACATCAAAAAAATTGGTTACAACCCCGCTGCTGTCATTGCT
01	Rhi	bri	GAAATCAAGAAAAGGAAAGTATCATCTACATTAAGAAAATTGGTTACAATCCTTCCGCTGTTGCATTG
06	Cer	clo	GAAATTAAAGAAGGAAAGTATCGCTGATCATTAAAGAAAATTGGTTACACTCTCGCCGCTGTTGCATTG
100	The	ala	GAAATCAAGAAAAGAAGTATCGCTGATCATTAAAGAAAATTGGTTACACGCCGCTGCTGTTGCATTG
101	Rhi	bru	GAAATCAAGAAAAGAAGTATCTCTGATCACATCAAGAAAATTGGTTAATCTCTGCTGCTGTTGCATTG
108	Par	tra	GAAATCAAGAAAAGGAAAGTATCATCTACATTAAGAAAATTGGTTACAATCCTGCCGCTGTTGCATTG
109	Hal	lou	GAAATCAAGAAAAGGAAAGTGTGCTCTACATTAAGAAAATTGGTTACAATCCTGCTGCTGTTGCATTG
111	Ala	eph	GAAATTAAAGAAGGAAAGTATCTCTGCTGATATCAAGAAAATTGGTTACACTCCCGCCGCTGTTGCATTG
112	Aug	amp	GAAATCAAGAAAAGGAAAGTATCTCTGCTGATCACATCAAGAAAATTGGTTAATACTCTGCTGCTGTTGCATTG
113	Aug	cae	GAAATCAAGAAAAGGAAAGTATCTCTGCTGATCACATCAAGAAAATTGGTTAATACTCTGCTGCTGTTGCATTG
116	The	bra	GAAATCAAGAAAAGGAAAGTATCGTCATACATTAAGAAAATTGGTTACACTCTGCTGCTGTTGCATTG
123	Pse	sp	GAAATTAAAGAAGGAAAGTATCGTCATACATTAAGAAAATTGGTTACACTCTGCTGCTGTTGCATTG
127	Pse	sim	GAAATTAAAGAAGGAAAGTATCGTCATACATTAAGAAAATTGGTTACACACCCGGCGCTGTTGCATTG
128	The	bas	GAAATCAAGAAAAGGAAAGTATCGCTGATCATTAAGAAAATTGGTTACACTCTGCTGCTGTTGCATTG
130	Neo	aen	GAAATCAAGAAAAGGAAAGTATCGTCATACATTAAGAAAATTGGTTACACTCTGCCGCTGTTGCATTG
132	Ais	cup	GAAATCAAGAAAAGGAAAGTATCATCATACATTAAGAAAATTGGTTACACCCGCTGCTGTTGCCGTTG
133	Par	aff	GAAATCAAGAAAAGGAAAGTATCGTCATACATTAAGAAAATTGGTTACACTCTGCCGCTGCTGTTGCCGTTG
134	Tem	sp1	GAAATAAAAGAAGGAAAGTATCGCTGATCATTAAGAAAATTGGTTACACTCTGCCGCTGCTGATTG
141	Par	bar	GAAATCAAGAAAAGGAAAGTATCGTCATACATTAAGAAAATTGGTTACACTCTGCTGCTGTTGCATTG
142	And	mic	GAAATCAAGAAAAGGAAAGTATCGTCATACATTAAGAAAATTGGTTACACTCTGCCGCTGTTGCATTG
143	Chl	cya	GAAATCAAGAAAAGGAAAGTATCGTCATACATTAAGAAAATTGGTTACACTCTGCCGCTGTTGCATTG
145	Isc	zon	GAAATCAAGAAAAGGAAAGTATCGTCATACATTAAGAAAATTGGTTACATCCCGCTGCTGTTGCATTG

14	Cor cog	GAAATCAAGAAGGAAGTATCATCCTACATTAAGAAAATGGTTACAATCCCTCGCTGGTCATTGT
151	Isc les	GAAATCAAGAAGGAAGTATCGTCCTACATTAAGAAAATGGTTACAATCCCGCTGCTGGTCATTGT
158	Nea see	GAAATCAAGAAGGAAGTATCGTCATACATTAAGAAAATGGTTACAACTCCCTGCCGCTGGTCATTGT
159	Nea sp	GAAATCAAGAAGGAAGTATCGTCATACATTAAGAAAATGGTTACA CACTCCGCCGCTGGTCATTGT
176	Ais sp	gaaattaagaagaagtatcgctgacatattaagaaaatggttacacgcgtccgcgttgcgttcgt
177	Neo sp1	GAAATCAAGAAGGAAGTATCGTCATACATTAAGAAAATGGTTACACTCCCTGCCGCTGGTCATTGT
185	Cae sp	GAAATCAAGAAGGAAGTATCGTCATACATTAAGAAAATGGTTACA CACCAGCAGCAGTGCTTCGT
189	Aes tur	GAAATCAAGAAGGAAGTATCGTCATACATTAAGAAAATGGTTACA CCCCAGCAGTGCTTCGT
190	Cae ine	GAAATCAAAAGGAAGTATCGTCATACATTAAGAAAATGGTTACACTCCGCCGCTGGTCATTGT
193	Meg gui	GAAATCAAGAAGGAAGTATCGTCATACATTAAGAAAATGGTTACACTCCGCCGCTGGTCATTGT
194	Cae mou	GAAATCAAGAAGGAAGTATCGTCATACATTAAGAAAATGGCTAACACCCGGCAGCTGGTCATTGT
196	Rec cat	GAAATCAAGAAGGAAGTATCATCCTACATTAAGAAAATGGTTACAATCCGCCGCTGGTCATTGT
212	Ais cog	GAAATCAAGAAGGAAGTATCGTCATACATTAAGAAAATCGGTTACACGCCGCTGCTGGTCATTGT
21	Aug sem	???
248	Ala aur	GAAATCAAGAAGGAAGTATCCTGCATACATTAAGAAAATGGTTACACTCCGCCGAGTGCTTCGT
253	Neo oio	GAAATCAAGAAGGAAGTATCGTCATACATTAAGAAAATGGTTACACTCCGCCGCTGGTCATTGT
254	Duf sp1	GAAATAAGAAGGAAGTGTGCTTACATTAAGAAAATGGTTATAACCCGCTGCTGGTCATTGT
267	Sti eic	GAAATCAAGAAGGAAGTATCGTCGTCATTAAGAAAATGGTTACACTCCGCCGCTGGTCATTGT
268	Aug JIR	???
269	Noc fur	GAAATCAAGAAGGAAGTATCGTCGTCATTAAGAAAATGGTTACACTCCGCCGCTGGTCATTGT
26	Neo mel	GAAATCAAGAAGGAAGTATCGTCATACATTAAGAAAATGGTTACACTCCGCCGCTGGTCATTGT
270	Xen nig	GAAATCAAAAAGGAAGTATCATCGTCATTAAGAAAATGGTTACACTCCAGCCGCTGGTCATTGT
271	Mna sp1	GAAATCAAGAAGGAAGTATCGTCATACATTAAGAAAATGGTTACACTCCGCCGCTGGTCATTGT
30	Meg ins	GAAATCAAGAAGGAAGTATCGTCGTCATTAAGAAAATGGTTACACTCCGCCGCTGGTCATTGT
328	Tem sp2	GAAATAAGAAGGAAGTATCGTCATACATTAAGAAAATGGTTACACTCCGCCGCTGGTCATTGT
329	Cae sp	GAAATCAAAAAGGAAGTATCGTCGTCATTAAGAAAATGGTTACACTCCAGCCGCTGGTCATTGT
330	Aug sp	???
331	Ais sp	gaaatcaagaaggaaagtatcgctgacatattaagaaaatcggttacacgcgtctgttgctgt
334	Meg min	???
335	Aug rep	???
343	Pse paa	GAAATTAAGAAGGAAGTATCGTCATACATTAAGAAAATGGTTACACTCCGCCGCTGGTCATTGT
46	Ala ura	???
53	Ari pal	???
77	Per sem	GAAATCAAGAAGGAAGTATCGTCGTCATTAAGAAAATGGTTACACTCCGCCGCTGGTCATTGT
87	Mic lar	GAAATCAAGAAGGAAGTATCGTCGTCATTAAGAAAATGGTTACACTCCGCCGCTGGTCATTGT
88	Ais spa	GAAATCAAGAAGGAAGTATCGTCGTCATTAAGAAAATGGTTACACTCCGCCGCTGGTCATTGT
90	Aes pol	GAAATCAAGAAGGAAGTATCGTCGTCATTAAGAAAATGGTTACACTCCGCCGCTGGTCATTGT
92	Rhi inf	GAAATCAAGAAGGAAGTATCATCCTACATTAAGAAAATGGTTACAATCCGCCGCTGGTCATTGT
Aga tyl		GAAATCAAGAAGGAAGTGTGCTTACATTAAGAAAATGGTTACAACCCCGCAGCTGGCTTCTGT
Ais met		GAAATCAAGAAGGAAGTATCGTCGTCATTAAGAAAATGGTTACAACCCCGCAGCTGGCTTCTGT
Ala pom		GAAATCAAGAAGGAAGTATCCCTCGTCATCATTAAGAAAATGGTTACACTCCGCCGCTGGTCATTGT
Aug pur		GAAATCAAGAAGGAAGTATCCCTCGTCATCATCAAGAAAATGGTTACACTCCGCCGCTGGTCATTGT
Con con		GAAATCAAGAAGGAAGTGTGCTTACATTAAGAAAATGGTTACAACCCCGCAGCTGGCTTCTGT
Cor pat		???
Die nev		GAAATCAAGAAGGAAGTATCATCTTATATAAGAAAATGGTTACAACCCGCTGCTGTTGCTTCGT
Las zep		GAAATCAAGAAGGAAGTGTGCTCATCGTCATTAAGAAAATGGTTACAACCCAGCTGCCGTTGCTTCGT
Lip aus		GAAATCAAGAAGGAAGTATCGTCGTCATTAAGAAAATGGTTACAACCCGCTGCTGTTGCTTCGT
Meg gen		GAAATCAAGAAGGAAGTATCGTCGTCATTAAGAAAATGGTTACAACCCGCTGCTGTTGCTTCGT
Mex ari		GAAATTAAGAAGGAAGTATCATCCCTACATTAAGAAAATGGTTACAACCCGCTGCTGTTGCTTCGT
Neo dis		GAAATCAAGAAGGAAGTATCGTCATACATTAAGAAAATGGTTACACTCCGCCGCTGGTCATTGT
Nom fac		GAAATCAAGAAGGAAGTATCGTCGTCATTAAGAAAATGGTTACAACCCAGCTGCTGTTGCTTCGT
Rui pro		GAAATCAAGAAGGAAGTATCGTCGTCATTAAGAAAATGGTTACAACCCAGCTGCCGCTGGTCATTGT
Sph con		GAAATCAAGAAGGAAGTATCATCTTACATTAAGAAAATGGTTACAACCCAGCCGCTGGTCATTGT
Thr tor		GAAATCAAGAAGGAAGTATCATCCTACATTAAGAAAATGGTTACAATCCGCCGCTGGTCATTGT
1153		1088 1093 1098 1103 1108 1113 1118 1123 1128 1133 1138 1143 1148
000Pen pen		GCCAATCTCTGGTGGCATGGAGATAACATGTTGGAGTTCTCCAAAGATGCCCTGGTCAGGGAT
01 Rhi bri		GCCAATTTCGGTGGCATGGTGGACAAACATGTTGGAAATTCTCCAAAGATGCCCTGGTCAGGGAT
06 Cer clo		GCCAATTTCGGTGGCATGGAGACAAACATGTTGGAAAGTTCTCCAAAGATGCCCTGGTCAGGGAT
100 The ala		TCCAATTTCGGTGGCATGGAGATAACATGTTGGAAAGTTCTCCAAAGATGCCCTGGTCAGGGAT
101 Rhi bru		GCCAATTTCGGTGGCATGGAGACAAACATGTTGGAAAGTTCTCCAAAGATGCCCTGGTCAGGGAT
108 Par tra		GCCAATTTCGGTGGCATGGAGACAAACATGTTGGAAAGTTCTCCAAAGATGCCCTGGTCAGGGAT

109 Hal lou GCCAATTCTCGGTTGGCATGGAGACACATGTTGAAATTCTCCAAGATGCCCTGGTCAAGGGAT
111 Ala eph GCCAATTCTCTGGGTGGCATGGAGACACATGTTGAAAGTCTCCAAGATGCCCTGGTCAAGGGAT
112 Aug amp GCCAATTCTGGGTGGCATGGAGACACATGTTGAAAGTATCTCCAAGATGCCCTGGTCAAGGGAT
113 Aug cae GCCAATTCTGGGTGGCATGGAGACACATGTTGAAAGTATCTCCAAGATGCCCTGGTCAAGGGAT
116 The bra TCCAATTCTGGGTGGCATGGAGATAACATGTTGAAAGTTCTCCAAGATGCCCTGGTCAAGGGAT
123 Pse sp GCCAATTCTGGGTGGCATGGAGACACATGTTGAAAGTTCTGCCAAGATGCCCTGGTCAAGGGAT
127 Pse sim GCCAATTCTGGGTGGCATGGAGACACATGTTGAAAGTTCTGCCAAGATGCCCTGGTCAAGGGAT
128 The bas TCCAATTCTGGGTGGCATGGAGATAACATGTTGAAAGTCTCCAAGATGCCCTGGTCAAGGGAT
130 Neo aen GCCAATTCCGGTTGGAGACACATGTTGAAATTCTCCAAGATGCCCTGGTCAAGGGAT
132 Ais cup ACCAATTCCGGTTGGAGACACATGTTGAAAGTTCTCCAAGATGCCCTGGTCAAGGGAT
133 Par aff GCCAATTCTGGGTGGCATGGAGACACATGTTGAAATTCTCCAAGATGCCCTGGTCAAGGGAT
134 Ten sp1 GCCAATTCTGGGTGGCATGGAGACACATGTTGAAAGTTCTCCAAGATGCCCTGGTCAAGGGAT
141 Par bar GCCAATTCTGGGTGGCATGGAGACACATGTTGAAAGTTCTCCAAGATGCCCTGGTCAAGGGAT
142 And mic GCCAATTCCGGTTGGCATGGAGACACATGTTGAAATTCTCCAAGATGCCCTGGTCAAGGGAT
143 Chl cya GCCAATTCTGGGTGGCATGGAGACACATGTTGAAATTCTCCAAGATGCCCTGGTCAAGGGAT
145 Isc zon GCCAATTCTGGGTGGCATGGAGACACATGTTGAAATTCTCCAAGATGCCCTGGTCAAGGGAT
14 Cor cog GCCAATTCCGGTTGGCATGGAGACACATGTTGAAATTCTCCAAGATGCCCTGGTCAAGGGAT
151 Isc les GCCAATTCCGGTTGGCATGGAGACACATGTTGAAATTCTCCAAGATGCCCTGGTCAAGGGAT
158 Nea see GCCAATTCCGGTTGGCATGGAGACACATGTTGAAATTCTCCAAGATGCCCTGGTCAAGGGAT
159 Nea sp GCCAATTCCGGTTGGAGACACATGTTGAAATTCTCCAAGATGCCCTGGTCAAGGGAT
176 Ais sp gccaattctgggtggcatggagacacatgttggaaagtcttccaaagatgccttggttcaaggat
177 Neo sp1 GCCAATTCCGGTTGGAGACACATGTTGAAATTCTCCAAGATGCCCTGGTCAAGGGAT
185 Cae sp1 GCCAATCTCTGGTTGGCATGGAGACACATGTTGAAAGTCTCTCCAAAATGCCCTGGTCAAGGGAT
189 Aes tur GCCAATTCTGGGTGGCATGGAGACACATGTTGAAAGTTCTCCAAGATGCCCTGGTCAAGGGAT
190 Cae ine GCCAATTCCGGTTGGCATGGAGACACATGTTGAAAGTTCTCCAAGATGCCCTGGTCAAGGGAT
193 Meg gui GCCAATTCTGGGTGGCATGGAGACACATGTTGAAAGTTCTCCAAGATGCCCTGGTCAAGGGAT
194 Cae mou GCCAATTCTGGGTGGCATGGAGACACATGTTGAAAGTTCTCCAAGATGCCCTGGTCAAGGGAT
196 Rec cat GCCAATTCTGGGTGGCATGGAGACACATGTTGAAATTCTCCAAGATGCCCTGGTCAAGGGAT
212 Ais cog ACCAATTCCGGTTGGCATGGAGACACATGTTGAAAGTTCTCCAAGATGCCCTGGTCAAGGGAT
21 Aug sem ???
248 Ala aur GCCAATTCTGGGTGGCATGGAGACACATGTTGAAATTCTCCAAGATGCCCTGGTCAAGGGAT
253 Neo oio GCCAATTCCGGTTGGAGACACATGTTGAAAGTTCTCCAAGATGCCCTGGTCAAGGGAT
254 Duf sp1 GCGATCTCTGGTTGGCATGGAGATAATATGTTGAAATCTCTCCAAAATGCCCTGGTCAAGGGAT
267 Sti eic GCCTATTCTGGGTGGCATGGAGACACATGTTGAAAGTTCTCCAAGATGCCCTGGTCAAGGGAT
268 Aug JIR ???
269 Noc fur GCCAATTCTGGGTGGCATGGAGACACATGTTGAAAGTTCTCCAAGATGCCCTGGTCAAGGGAT
26 Neo mel GCCAATTCCGGTTGGAGACACATGTTGAAATTCTCCAAGATGCCCTGGTCAAGGGAT
270 Xen nig GCCAATTCTGGGTGGCATGGAGACACATGTTGAAAGTTCTCCAAGATGCCCTGGTCAAGGGAT
271 Mna sp1 GCCAATTCTGGGTGGCATGGAGACACATGTTGAAAGTTCTGCCAAGATGCCCTGGTCAAGGGAT
30 Meg ins GCCAATTCTGGGTGGCATGGAGACACATGTTGAAAGTTCTGCCAAGATGCCCTGGTCAAGGGAT
328 Tem sp2 GCCAATTCCGGTTGGCATGGAGACACATGTTGAAAGTTCTCCAAGATGCCCTGGTCAAGGGAT
329 Cae sp GCCAATTCCGGTTGGCATGGAGACACATGTTGAAAGTTCTCCAAGATGCCCTGGTCAAGGGAT
330 Aug sp ???
331 Ais sp accaatatccgggtggcatggagacacatgttggaaagtcttccaaagatgccttggttcaaggat
334 Meg min ???
335 Aug rep ???
343 Pse pan GCCAATTCTGGGTGGCATGGAGACACATGTTGAAAGTTCTCCAAGATGCCCTGGTCAAGGGAT
46 Ala ura ???
53 Ari pal ???
77 Per sem GCCAATTCTGGGTGGCATGGAGACACATGTTGAAAGTTCTCCAAGATGCCCTGGTCAAGGGAT
87 Mic lar GCCAATTCTGGGTGGCATGGAGACACATGTTGAAAGTTCTCCAAGATGCCCTGGTCAAGGGAT
88 Ais spa ACCAATTCTGGGTGGCATGGAGACACATGTTGAAAGTTCTCCAAGATGCCCTGGTCAAGGGAT
90 Aes pol GCCAATTCCGGTTGGCATGGAGACACATGTTGAAAGTTCTCCAAGATGCCCTGGTCAAGGGAT
92 Rhi inf GCCAATTCCGGTTGGCATGGAGACACATGTTGAAATTCTCCAAGATGCCCTGGTCAAGGGAT
Aga tyl GCCAATTCTGGGTGGCATGGAGACACATGTTGAAATTCTCCAAGATGCCCTGGTCAAGGGAT
Ais met ACCAATATCCGGTTGGCATGGAGACACATGTTGAAAGTTCTCCAAGATGCCCTGGTCAAGGGAT
Ala pom GCCAATTCTGGGTGGCATGGAGACACATGTTGAAAGTTCTCCAAGATGCCCTGGTCAAGGGAT
Aug pur GCCAATTCTGGGTGGCATGGAGACACATGTTGAAAGTATCTCCAAGATGCCCTGGTCAAGGGAT
Con con GCCAATTCTGGGTGGCATGGAGATAATATGTTGAAAGCTTCTCCAAGATGCCCTGGTCAAGGGAT
Cor pat ???
Die nev GCCAATTCTGGGTGGCATGGAGATAACATGTTGAAAGTTCTCCAAGATGCCCTGGTCAAGGGAT
Las zep ACCAATCTCTGGCTGGCATGGAGACACATGTTGAAAGCTTCTCCAAGATGCCCTGGTCAAGGGAT
Lip aus ACCAATTCTGGGTGGCATGGAGATAACATGTTGAAAGTTCTCCAAGATGCCCTGGTCAAGGGAT
Meg gen GCCAATTCTGGGTGGCATGGAGACACATGTTGAAAGTTCTCCAAGATGCCCTGGTCAAGGGAT
Mex ari ACCGATTCTGGGTGGCATGGAGACACATGTTGAAAGTCTCTCCAAGATGCCCTGGTCAAGGGAT

77 Per sem GGGCTGTCAGCGCAAGGAAGGTAAGGCAGAAGGAAAATGCCTTATCGAAGGCTTGTGCCCCATTCT
 87 Mic lar GGGCTGTCAGGCCAAGGATGTTAAGGCCAAGGAAAATGCCTTATGAGGCTTGTGCCCCATTCT
 88 Ais spa GGGCTGTCAGCGCAAGGATGTTAAGGCCAAGGAAAATGCCTTATGAGGCTTGTGCCCCATTCT
 90 Aes pol GGGCTGTCAGGCCAAGGATGTTAAGGCCAAGGAAAATGCCTTATGAGGCTTGTGCCCCATTCT
 92 Rhi inf GGGCTGTCAGGCCAAGGAAAGGTAAGGCTTGTGCCCCATTCT
 Aga tyl GGGCTGTCAGGCCAAGGAAAGGTAAGGCTTGTGCCCCATTCT
 Ais met GGGCTGTCAGGCCAAGGATGTTAAGGCCAAGGAAAATGCCTTATGAGGCTTGTGCCCCATTCT
 Ala pom GGGCTGTCAGGCCAAGGAAAGGTAAGGCTTGTGCCCCATTCT
 Aug pur GGGCTGTCAGGCCAAGGAAAGGTAAGGCTTGTGCCCCATTCT
 Con con GGGCTGTCAGGCCAAGGAAAGGTAAGGCTTGTGCCCCATTCT
 Cor pat ???
 Die nev GGGCTGTCAGGCCAAGGAAAGGTAAGGCTTGTGCCCCATTCT
 Las zep GGGCTGTCAGGCCAAGGAAAGGTAAGGCTTGTGCCCCATTCT
 Lip aus GGGCTGTCAGGCCAAGGAAAGGTAAGGCTTGTGCCCCATTCT
 Meg gen GGGCTGTCAGGCCAAGGAAAGGTAAGGCTTGTGCCCCATTCT
 Mex ari GGGCTGTCAGGCCAAGGAAAGGTAAGGCTTGTGCCCCATTCT
 Neo dis GGGCTGTCAGGCCAAGGAAAGGTAAGGCTTGTGCCCCATTCT
 Nom fac GGGCTGTCAGGCCAAGGAAAGGTAAGGCTTGTGCCCCATTCT
 Rui pro GGGCTGTCAGGCCAAGGAAAGGTAAGGCTTGTGCCCCATTCT
 Sph con GGGCTGTCAGGCCAAGGAAAGGTAAGGCTTGTGCCCCATTCT
 Thr tor GGGCTGTCAGGCCAAGGAAAGGTAAGGCTTGTGCCCCATTCT

	1224	1229	1234	1239	1244	1249	1254	1259	1264	1269	1274	1279	1284
1289													

000Pen pen CCACCCACAAGGACCTACAGACAAGGCCACTTCGACTTCTCAGGTAAAGAATTGTTATTAAT---
 01 Rhi bri CCACCTACAGGACCTACAGACAAGGCCACTTCGACTTCTCAGGTAAAGAATTGTTATGTTCT---
 06 Cer clo CCACCTACAGGACCTACAGACAAGGCCACTTCGACTTCTCAGGTAAAGAATTGTTATGTC---
 100 The ala CCACCTACAGGACCTACAGACAAGGCCACTTCGACTTCTCAGGTAAAGAATTGTTATCCT---
 101 Rhi bru CCGCCTACAGGACCTACAGACAAGGCCACTTCGACTTCTCAGGTAAAGAATTGTTATCATAC---
 108 Par tra CCGCCTACAGGACCTACAGACAAGGCCACTTCGACTTCTCAGGTAAAGAATTGTTATGTTCT---
 109 Hal lou CCGCCTACAGGACCTACAGACAAGGCCACTTCGACTTCTCAGGTAAAGAATTGTTATCATAC---
 111 Ala eph CCGCCTACAGGACCTACAGACAAGGCCACTTCGACTTCTCAGGTAAAGAATTGTTATGTC---
 112 Aug amp CCGCCTACAGGACCTACAGACAAGGCCACTTCGACTTCTCAGGTAAAGAATTGTTATCATAC---
 113 Aug cae CCGCCTACAGGACCTACAGACAAGGCCACTTCGACTTCTCAGGTAAAGAATTGTTATCATAC---
 116 The bra CCGCCTACAGGACCTACAGACAAGGCCACTTCGACTTCTCAGGTAAAGAATTGTTACCCCT---
 123 Pse sp CCGCCTACAGGACCTACAGACAAGGCCACTTCGACTTCTCAGGTAAAGAATTGTTATGTTCT---
 127 Pse sim CCGCCTACAGGACCTACAGACAAGGCCACTTCGACTTCTCAGGTAAAGAATTGTTATCTT---
 128 The bas CCGCCTACAGGACCTACAGACAAGGCCACTTCGACTTCTCAGGTAAAGAATTGTTACCCCT---
 130 Neo aen CCGCCTACAGGACCTACAGACAAGGCCACTTCGACTTCTCAGGTAAAGAATTGTTATGTT---
 132 Ais cup CCGCCTACAGGACCTACAGACAAGGCCACTTCGACTTCTCAGGTAAAGAATTGTTATGTC---
 133 Par aff CCGCCTACAGGACCTACAGACAAGGCCACTTCGACTTCTCAGGTAAAGAATTGTTATGTC---
 134 Tem spi CCGCCTACAGGACCTACAGACAAGGCCACTTCGACTTCTCAGGTAAAGAATTGTTATGTC---
 141 Par bar CCGCCTACAGGACCTACAGACAAGGCCACTTCGACTTCTCAGGTAAAGAATTGTTATGTC---
 142 And mic CCGCCTACAGGACCTACAGACAAGGCCACTTCGACTTCTCAGGTAAAGAATTGTTACCGTAT---
 143 Chl cya CCGCCTACAGGACCTACAGACAAGGCCACTTCGACTTCTCAGGTAAAGAATTGTTACCGTAT---
 145 Isc zon CCGCCTACAGGACCTACAGACAAGGCCACTTCGACTTCTCAGGTAAAGAATTGTTACCGTAC---
 14 Cor cog CCGCCTACAGGACCTACAGACAAGGCCACTTCGACTTCTCAGGTAAAGAATTGTTATGTT---
 151 Isc les CCGCCTACAGGACCTACAGACAAGGCCACTTCGACTTCTCAGGTAAAGAATTGTTACCGTAC---
 158 Nea see CCGCCTACAGGACCTACAGACAAGGCCACTTCGACTTCTCAGGTAAAGAATTGTTACCGTAT---
 159 Nea sp CCGCCTACAGGACCTACAGACAAGGCCACTTCGACTTCTCAGGTAAAGAATTGTTACCGTAT---
 176 Ais sp ccacctaacaaggactacagacaaggcttcggcttccttcggtaaaaaattgtacccatacac??
 177 Neo sp1 CCGCCTACAGGACCTACAGACAAGGCCACTTCGACTTCTCAGGTAAAGAATTGTTACCGTAT---
 185 Cae spi CACACCTTCGAGACCTACAGACAAGGCCACTTCGACTTCTCAGGTAAAGAATTGTTATGTT---
 189 Aes tur CCGCCTACAGGACCTACAGACAAGGCCACTTCGACTTCTCAGGTAAAGAATTGTTATGTC---
 190 Cae ine CCGCCTACAGGACCTACAGACAAGGCCACTTCGACTTCTCAGGTAAAGAATTGTTATCTAC---
 193 Meg gui CCGCCTACAGGACCTACAGACAAGGCCACTTCGACTTCTCAGGTAAAGAATTGTTATCTAC---
 194 Cae mou CACACCTTCGAGGCTACAGACAAGGCCACTTCGACTTCTCAGGTAAAGAATTGTTATAT---
 196 Rec cat CCGCCTACAGGACCTACAGACAAGGCCACTTCGACTTCTCAGGTAAAGAATTGTTATTC---
 212 Ais cog CACACCTACAGGACCTACAGACAAGGCCACTTCGACTTCTCAGGTAAAGAATTGTTACCGTACGG---
 21 Aug sem ???
 248 Ala aur CCGCCTACAGGACCTACAGACAAGGCCACTTCGACTTCTCAGGTAAAGAATTGTTATCTAC---
 253 Neo oio CCGCCTACAGGACCTACAGACAAGGCCACTTCGACTTCTCAGGTAAAGAATTGTTATGTT---
 254 Duf sp1 CACACCTACAGGACCTACAGACAAGGCCACTTCGACTTCTCAGGTAAAGAATTGTTATTAAT---

267 Sti eic CCGCCTACAGGACCTACAGACAAGGCCACTTCGACTTCTCAGGTAAAGAATTGTTACAGTAC---
 268 Aug JIR ???
 269 Noc fur CCGCCTACAGGACCTACAGACAAGGCCACTTCGACTTCTCAGGTAAAGAATTGTTACAGTAC---
 26 Neo mel CCGCCTACAGGACCTACAGACAAGGCCACTTCGACTTCTCAGGTAAAGAATTGTTATGTT---
 270 Xen nig CCGCCTACAGGACCTACAGACAAGGCCACTTCGACTTCTCAGGTAAAGAATTGTTACAGTAC---
 271 Mna sp1 CCGCCTACAGGACCTACAGACAAGGCCACTTCGACTTCTCAGGTAAAGAATTGTTACAGTAC---
 30 Meg ins CCACCTACAGGACCTACAGACAAGGCCACTTCGACTTCTCAGGTAAAGAATTGTTACAGTAC---
 328 Tem sp2 CCGCCTACAGGACCTACAGACAAGGCCACTTCGACTTCTCAGGTAAAGAATTGTTATGTT---
 329 Cae sp CCGCCTACAGGACCTACAGACAAGGCCACTTCGACTTCTCAGGTAAAGAATTGTTACAGTAC---
 330 Aug sp ???
 331 Ais sp ccacctaacaaggactacagacaaggcttcggcttccttcggtaagaattgtacccatacac??
 334 Meg min ???
 335 Aug rep ???
 343 Pse pan CCACCTACAGGACCTACAGACAAGGCCACTTCGACTTCTCAGGTAAAGAATTGTTATCTT---
 46 Ala ura ???
 53 Ari pal ???
 77 Per sem CCACCTACAGGACCTACAGACAAGGCCACTTCGACTTCTCAGGTAAAGAATTGTTATGTC---
 87 Mic lar CCACCTACAGGACCTACAGACAAGGCCACTTCGACTTCTCAGGTAAAGAATTGATAACCGTAC---
 88 Ais spa CCACCTACAGGACCTACAGACAAGGCCACTTCGACTTCTCAGGTAAAGAATTGATAACCGTAC---
 90 Aes pol CCGCCTACAGGACCTACAGACAAGGCCACTTCGACTTCTCAGGTAAAGAATTGTTACCCGTAC---
 92 Rhi inf CCGCCTACAGGACCTACAGACAAGGCCACTTCGACTTCTCAGGTAAAGAATTGTTATGTC---
 Aga tyl CCGCCTACAGGACCTACAGACAAGGCCACTTCGACTTCTCAGGTAAAGAATTGTTATGTCATA---
 Ais met CCGCCTACAGGACCTACAGACAAGGCCACTTCGACTTCTCAGGTAAAGAATTGTTATGTCATA---
 Ala pom CCGCCTACAGGACCTACAGACAAGGCCACTTCGACTTCTCAGGTAAAGAATTGTTATGTCATA---
 Aug pur CCGCCTACAGGACCTACAGACAAGGCCACTTCGACTTCTCAGGTAAAGAATTGTTATGTCATA---
 Con con CCGCCTACAGGACCTACAGACAAGGCCACTTCGACTTCTCAGGTAAAGAATTGTTATGTCATA---
 Cor pat ???
 Die nev CCGCCTACAGGACCTACAGACAAGGCCACTTCGACTTCTCAGGTAAAGAATTGTTATGTCATA---
 Las zep CCGCCTACAGGACCTACAGACAAGGCCACTTCGACTTCTCAGGTAAAGAATTGTTATGTCATA---
 Lip aus CCGCCTACAGGACCTACAGACAAGGCCACTTCGACTTCTCAGGTAAAGAATTGTTATGTCATA---
 Meg gen CCGCCTACAGGACCTACAGACAAGGCCACTTCGACTTCTCAGGTAAAGAATTGTTATGTCATA---
 Mex ari CCGCCTACAGGACCTACAGACAAGGCCACTTCGACTTCTCAGGTAAAGAATTGTTATGTCATA---
 Neo dis CCGCCTACAGGACCTACAGACAAGGCCACTTCGACTTCTCAGGTAAAGAATTGTTATGTCATA---
 Nom fac CCGCCTACAGGACCTACAGACAAGGCCACTTCGACTTCTCAGGTAAAGAATTGTTATGTCATA---
 Rui pro CCGCCTACAGGACCTACAGACAAGGCCACTTCGACTTCTCAGGTAAAGAATTGTTATGTCATA---
 Sph con CCGCCTACAGGACCTACAGACAAGGCCACTTCGACTTCTCAGGTAAAGAATTGTTATGTCATA---
 Thr tor CCGCCTACAGGACCTACAGACAAGGCCACTTCGACTTCTCAGGTAAAGAATTGTTATGTCATA---

	1292	1297	1302	1307	1312	1317	1322	1327	1332	1337	1342	1347	1352
1357													

000Pen pen A---C---AA-GAA-----ATTAAAG-AT-----
 01 Rhi bri A---C---AATAGT-----ATTAAA-TT-----
 06 Cer clo A---C---GAGAAT-----ATTAAATT-----
 100 The ala A---C---AAT-----ATTAAAC-TT-----
 101 Rhi bru A---G---GATAAT-----ATTAAA-TT-----
 108 Par tra A---C---AAkRGT-----ATTAAA-TT-----
 109 Hal lou A---C---AATAGT-----ATCAAAT-TT-----
 111 Ala eph A---C---GATAGT-----ATTAAA-TT-----
 112 Aug amp A---C---GAGAAT-----ATTAAA-TT-----
 113 Aug cae A---G---GATAAT-----ATTAAA-TT-----
 116 The bra A---C---AAT-----ATTAAAC-TT-----
 123 Pse sp ATACC---AATAGT-----ATTAAA-TT-----
 127 Pse sim ATACC---AATAGT-----ATTAAA-TT-----
 128 The bas A---C---AAT-----ATTAAAT-TT-----
 130 Neo aen A---C---GATAGT-----ATTAAA-TT-----
 132 Ais cup G---C---AATAGT-----ATTAAA-TT-----
 133 Par aff A---C---GA---T-----ATTAAA-TT-----
 134 Tem spi -----
 141 Par bar A---C---GA---T-----ATTAAA-TT-----
 142 And mic A---C---GAGAGT-----ATTAAA-TT-----
 143 Chl cya A---C---GATAGT-----ATTAAA-TT-----
 145 Isc zon A---C---GAGAATAT-----ATTAAA-TT-----
 14 Cor cog A---C---AATAAT-----ATTAAA-TT-----

151 Isc les A---CAGAATAAT-----ATTAAA-TT-----
 158 Nea see A---C---GACAGT-----ATTAAA-TT-----
 159 Nea sp A---C---GATAGT-----ATTAAA-TT-----
 176 Ais sp ??????aaatg?????????actaaattt?????????????????????????
 177 Neo sp1 A---C---GATAGT-----ATTAAA-TT-----
 185 Cae sp1 G---C---AATTGT-----ATTAAA-CT-----
 189 Aes tur A---C---GATGGT-----ATTAAA-TT-----
 190 Cae ine A---T---GATAGT-----ATTAAA-TT-----
 193 Meg gui A---T---GATAGT-----ATTAAA-TT-----
 194 Cae mou G---C---AATTGT-----ATTAAA-CT-----
 196 Rec cat A---C---AATAGT-----ATTAAA-TT-----
 212 Ais cog -----AATAGT-----ACTAAATT-----
 21 Aug sem ??
 248 Ala aur A---T---GATAGT-----ATTAAA-TT-----
 253 Neo oio A---C---TATAGT-----ATTAAA-TT-----
 254 Duf sp1 A---C---AA---AA-----ACTAAG-GT-----
 267 Sti eic A---C---AATAGTATGCCACTAGGTAAA-TT-----
 268 Aug JIR ??
 269 Noc fur A---T---GATAGT-----ATTAAA-TT-----
 26 Neo mel A---C---GATAGT-----ATTAAA-TT-----
 270 Xen nig A---T---GATAGT-----ATTAAA-TT-----
 271 Mna sp1 TATACA-AATAGT-----ATTAAA-CT-----
 30 Meg ins A---C---ACTAGT-----ATTAAA-TT-----
 328 Tem sp2 mCCATA-TACAAT-----ATTAAA-CT-----
 329 Cae sp A---T---GATAAT-----ATTAAA-CT-----
 330 Aug sp ??
 331 Ais sp ??????aaatg?????????actaaattt?????????????????????????
 334 Meg min ??
 335 Aug rep ??
 343 Pse pan GATACC-GATAGT-----ATTAAATT-----
 46 Ala ura ??
 53 Ari pal ??
 77 Per sem A---C---AAGAAT-----ATTAAA-CT-----
 87 Mic lar A---C---GATAAT-----ATTAAA-TT-----
 88 Ais spa G---C---AATAGT-----ACTAAA-TT-----
 90 Aes pol A---C---GATGGT-----ATGAAA-TT-----
 92 Rhi inf A---C---AATAGT-----ATTAAA-TT-----
 Aga tyl A---T---AATGTT-----ATTAAA-TT-----
 Ais met G---C---AATAGT-----ACTAAA-TT-----
 Ala pom A---T---GATAGT-----ATTAAA-TT-----
 Aug pur A---G---GATAAT-----ATTAAA-TT-----
 Con con A---C---AATGAA-----ACCACCA-AT-----
 Cor pat ??
 Die nev A---T---AATAGT-----ATTAAA-TT-----
 Las zep C---C---AATATT-----ATTAAA-CT-----
 Lip aus A---T---GATAGT-----ATTAAA-CT-----
 Meg gen A---T---GATAGT-----ATTAAA-TT-----
 Mex ari A---C---AGTAGT-----ATCGAA-CC-----
 Neo dis A---C---GATAGT-----ATTAAA-TT-----
 Nom fac A---A---AATCTT-----CTCTTA-----
 Rui pro A---T---AATGTT-----ATTAAA-CT-----
 Sph con A---C---AATAGT-----ATTAAA-TT-----
 Thr tor A---C---AATAGC-----ATTAAA-CTAATGCATAATGCTAAATAGCATTATGCATAGCA

1425	1360	1365	1370	1375	1380	1385	1390	1395	1400	1405	1410	1415	1420

000Pen pen -----TGGATCTGTTATTTATGATGATATCATTGATAACTCATT-CGGCATGTGGCTCCATATGGA
 01 Rhi bri -----TA-GATC-----TTTTCATGATGATAACATCTATTAACATCATT-CGGCATGTGGCTCCATATGTT
 06 Cer clo -----TG-GGTT-----TTTTCATGATGATAACATATATTACTCATT-CGGCATGTGGCTCCATATGGA
 100 The ala -----TG-AGCC-----TTTTCATGATGATAACACTTATTAACATCATT-CGGCATGTGGCTCCATATGTT
 101 Rhi bru -----TG-GGTT-----TTTTCTGCTGATGATAACACTTATTAACATCATT-CGGCATGTGGCTCCATATGGA
 108 Par tra -----TA-GATC-----TTTTCATGATGATAACATCTATTAACATCATT-CGGCATGTGGCTCCATATGGA
 109 Hal lou -----TG-GTCT-----TTTTCATGATGATAACATCTATTACTCATT-CGGCATGTGGCTCCATATGGA

111 Ala eph -----TG-GGGC-----TTTTCATGATGATAACACTTATTAACATCATT-CGGCATGTGGCTCCATATGGA
 112 Aug amp -----TGTGTT-----TTTTCTGCTGATGATAACATCTATTACTCATT-CGGCATGTGGCTCCATATGGA
 113 Aug cae -----TGTGTT-----TTTTCTGCTGATGATAACATCTATTACTCATT-CGGCATGTGGCTCCATATGGA
 116 The bra -----TA-AGTC-----TTTTCATGATGATAACACTTATTAACATCATT-CGGCATGTGGCTCCATATGGA
 123 Pse sp -----G-GAA-----CTTTCATGATGATAACACCTTATTAACATCATT-CGGCATGTGGCTCCATATGGA
 127 Pse sim -----TG-GAAC-----TTTTCATGATGATAACATCTATTACTCATT-CGGCATGTGGCTCCATATGGA
 128 The bas -----TG-AGCC-----TTTTCATGATGATAACACTTATTAACATCATT-CGGCATGTGGCTCCATATGGA
 130 Neo aen -----TG-AGCC-----TTTTCATGATGATAACATCTATTACTCATT-CGGCATGTGGCTCCATATGGA
 132 Ais cup -----TA-CCTC-----TTTTGATGATGATAACATCTATTACTCATT-CGGCATGTGGCTCCATATGGA
 133 Par aff -----TG-AGCC-----TTTTCATGATGATAACATCTATTACTCATT-CGGCATGTGGCTCCATATGGA
 134 Tem sp1 -----TG-GGCC-----TTTTCATGATGATAACATCTATTACTCATT-CGGCATGTGGCTCCATATGGA
 141 Par bar -----TG-AGCC-----TTTTCATGATGATAACACCTACTACTCATT-CGGCATGTGGCTCCATATGGA
 142 And mic -----TA-AGCC-----TTTTCATGATGATAACATCTATTACTCATT-CGGCATGTGGCTCCATATGGA
 143 Chl cya -----TG-AGCC-----TTTTCATGATGATAACATCTATTACTCATT-CGGCATGTGGCTCCATATGGA
 145 Isc zon -----TG-GGCT-----TTTTCATGATGATAACATCTATTACTCATT-CGGCATGTGGCTCCATATGGA
 14 Cor cog -----TA-GGCC-----TTTTCATGATGATAACATCTATTACTCATT-CGGCATGTGGCTCCATATGGA
 151 Isc les -----TG-GCC-----TTTTCATGATGATAACATCTATTACTCATT-CGGCATGTGGCTCCATATGGA
 158 Nea see -----TA-AGCC-----TTTTCATGATGATAACATCTATTACTCATT-CGGCATGTGGCTCCATATGGA
 159 Nea sp -----TG-AGCC-----TTTTCATGATGATAACATCTATTACTCATT-CGGCATGTGGCTCCATATGGA
 176 Ais sp ??????gctcc?ttttgggtatgataacatctat?actcat?cgcgatgtggctccatatgga
 177 Neo sp1 -----TG-AGCC-----TTTTCATGATGATAACATCTATTACTCATT-CGGCATGTGGCTCCATATGGA
 185 Cae sp1 -----GGGTTTCTTTACATGATGATAACATCTATTACTCATT-CGGCATGTGGCTCCATATGGA
 189 Aes tur -----TC-GGCC-----TTTTCATGATGATAACACCTTATTAACATCATT-CGGCATGTGGCTCCATATGGA
 190 Cae ine -----TG-AACC-----TTTTCATGATGATAACATCTATTACTCATT-CGGCATGTGGCTCCATATGGA
 193 Meg gui -----TG-AGCC-----TTTTCATGATGATAACATCTATTACTCATT-CGGCATGTGGCTCCATATGGA
 194 Cae mou -----GGGTTTCTTTACATGATGATAACATCTATTACTCATT-CGGCATGTGGCTCCATATGGA
 196 Rec cat -----TA-GATC-----TTTTCATGATGATAACATCTATTACTCATT-CGGCATGTGGCTCCATATGGA
 212 Ais cog -----ACCTCTTTGATGATGATAACATCTAT-ACTCAT-CGGCATGTGGCTCCATATGGA
 21 Aug sem ??
 248 Ala aur -----TG-GGCC-----TTTTCATGATGATAACATCTATTACTCATT-CGGCATGTGGCTCCATATGGA
 253 Neo oio -----TG-AGCC-----TTTTCATGATGATAACATCTATTACTCATT-CGGCATGTGGCTCCATATGGA
 254 Duf sp1 -----TGGATGTTGCTCTTATGATGATAGTA-TGATAACTCATT-CGGCATGTGGCTCCATATGGA
 267 Sti eic -----TG-AACC-----TTTCGATGATGATAACATCTATTACTCATT-CGGCATGTGGCTCCATATGGA
 268 Aug JIR ??
 269 Noc fur -----TG-AGCC-----TTTTCATGATGATAACATCTATTACTCATT-CGGCATGTGGCTCCATATGGA
 26 Neo mel -----TG-AGCC-----TTTTCATGATGATAACATCTATTACTCATT-CGGCATGTGGCTCCATATGGA
 270 Xen nig -----TG-AGCC-----TTTCATGATGATAACATCTACTACTCATT-CGGCATGTGGCTCCATATGGA
 271 Mna sp1 -----GAGCC-----TTTTCATGATGATAACATCTATTACTCATT-CGGCATGTGGCTCCATATGGA
 30 Meg ins -----TG-AGCC-----TTTTCATGATGATAACATCTATTACTCATT-CGGCATGTGGCTCCATATGGA
 328 Tem sp2 -----GATCC-----TTTCTTATGATGATAACAT-TAT-ACTCAT-CGGCATGTGGCTCCATATGGA
 329 Cae sp -----GAGCC-----TTTTCATGATGATAACATCTATTACTCATT-CGGCATGTAGCTCCATATGGA
 330 Aug sp ??
 331 Ais sp ??????actcttttgatgatgataacatctat?actcat?cgcgatgtggctccatatgga
 334 Meg min ??
 335 Aug rep ??
 343 Pse pan -----GGAAC-----TTTTCATGATGATAACATCTATTACTCATT-CGGCATGTGGCTCCATATGGA
 46 Ala ura ??
 53 Ari pal ??
 77 Per sem -----TG-GGTT-----TTTTCATGATGATAACATATATTACTCATT-CGGCATGTGGCTCCATATGGA
 87 Mic lar -----TA-GATC-----TTTTCATGATGATAACATCTATTACTCATT-CGGCATGTGGCTCCATATGGA
 88 Ais spa -----TA-CCTC-----TTTTGATGATGATAACATCTATTACTCATT-CGGCATGTGGCTCCATATGGA
 90 Aes pol -----TC-GGCC-----TTTTCATGATGATAACATCTATTACTCATT-CGGCATGTGGCTCCATATGGA
 92 Rhi inf -----TA-GATC-----TTTTCATGATGATAACATCTATTACTCATT-CGGCATGTGGCTCCATATGGA
 Aga tyl -----GAAATTCTTACATGATGATAACATCTATTACTCATT-CGGCATGTGGCTCCATATGGA
 Ais met -----TA-CCTC-----TTTTGATGATGATAACATCTATTACTCATT-CGGCATGTGGCTCCATATGGA
 Ala pom -----TG-GGCC-----TTTTCATGATGATAACATCTATTACTCATT-CGGCATGTGGCTCCATATGGA
 Aug pur -----TGTGTT-----TTTTCTGCTGATGATAACATCTATTACTCATT-CGGCATGTGGCTCCATATGGA
 Con con -----TGGCTGTTGCTCTTATGATGATATCATTGATAACTCATT-CGGCATGTGGCTCCATATGGA
 Die nev -----TA-CCTC-----TTTTCTGATGATGATAACATCTATTACTCATT-CGGCATGTGGCTCCATATGGA
 Las zep -----GGGTTTCTTACATGATGATAACATCTATTACTCATT-CGGCATGTGGCTCCATATGGA
 Lip aus -----TG-GGTT-----TTTTGATGATGATAACATCTATTACTCATT-CGGCATGTGGCTCCATATGGA
 Meg gen -----TG-AGCC-----TTTTCATGATGATAACATCTATTACTCATT-CGGCATGTGGCTCCATATGGA
 Mex ari -----GCGGTTTCTTACATGATGATAACATCTATTACTCATT-CGGCATGTGGCTCCATATGGA
 Neo dis -----TG-AGCC-----TTTTCATGATGATAACATCTATTACTCATT-CGGCATGTGGCTCCATATGGA

Nom fac	-----AGATTTCCCTTCTCGTATGATAACACCGATTACTCATT-C CGCGATGTGGCTCCATATGGA	87 Mic lar	CTATGACC ATGATCGCATTGACAGATAACACGTATAGT GAAAGGTTAGCTGGTAAACC ACTGACC
Rui pro	-----GGGATTTCTTACATGATGATAACATCTTACTCATT-C CGCGATGTGGCTCCATATGGA	88 Ais spa	CTATGACGATGATCGCATTGACAGATAACACGTATAGT GAAAGGTTAGCTGGCAAAACC ACTGACC
Sph con	-----AAAGTTTCTTCATGATGATAACATCTTACTCATT-C CGCG?????????????????????	90 Aes pol	CTATGACGATGATCGCATTGACAGATAACACGTATAGT GAAAGGTTAGCTGGCAAAACC ACTGACC
Thr tor	TTAAACTGGGGTTTATGTCATGATGATAACATCTTCTCATT-C CGCGATGTGGCTCCATATGGA	92 Rhi inf	CTATGACGATGATCGCATTGACAGATAACACGTATAGT GAAAGGTTAGCTGGCAAAACC ATTGTCC
		Aga tyl	CAATGACGGCATCGCATTGACAGATAACACGTATAGT GAAAGGTTAGCTGGCAAAACC ACTGACC
		Ais met	CTATGACGATGATCGCATTGACAGATAACACGTATAGT GAAAGGTTAGCTGGCAAAACC ACTGACC
		Ala pom	CTATGACGTTGATCGCATTGACAGATAACACGTATAGT GAAAGGTTAGCTGGCAAAACC ACTGACC
1493	1428 1433 1438 1443 1448 1453 1458 1463 1468 1473 1478 1483 1488	Aug pur	???
		Con con	CTTATCTGAAAACCATTGACC
000Pen pen	CAATGACATTGATCGCATTGACAGATAACACGTATAGT GAAAGGTTAGCTGGTAAAGCCGCTGACC	Cor pat	CGATGACGATGATCGCATTGACAGATAACACGTATAGT GAAAGGTTAGCTGGCAAAACC ACTGACC
01 Rhi bri	CTATGACCATGATCGCATTGACAGATAACACGTATAGT GAAAGGTTAGCTGGCAAAACC ATTGTACC	Die nev	CAATGACAATGATCTCATTGACAGATAACACGTATAGT GAAAGGTTATCCGCAAAACC ACTGACC
06 Cer clo	CTATGACGGCATCGCATTGACAGATAACACGTATAGT GAAAGGTTAGCTGGCAAAACC ACTGACC	Las zep	???
100 The ala	CTATGACGTTGATCGCATTGACAGATAACACGTATAGT GAAAGGTTAGCTGGCAAAACC CTGACC	Lip aus	CAATGACAATGATCGCATTGACAGATAACACGTATAGT GAAAGGTTATCCGCAAAACC ACTGACC
101 Rhi bru	CTATGACGATGATCGCATTGACAGATAACACGTATAGT GAAAGGTTAGCTGGCAAAACC ATTGTACC	Meg gen	CTATGACCATGATCGCATTGACAGATAACACGTATAGT GAAAGGTTAGCTGGCAAAACC CTGACC
108 Par tra	CTATGACCATGATCTCATTGACAGATAACACGTATAGT GAAAGGTTAGCTGGCAAAACC ACTGACC	Mex ari	CAATGACGATGATTCATTGACAGATAACACGTATAGT GAAAGGTTAGCTGGCAAAACC ATTGTACC
109 Hal lou	CGATGACGCTGATCGCATTGACAGATAACACGTATAGT GAAAGGTTAGCTGGCAAAACC ACTGACC	Neo dis	CTATGACGATGATCTCATTGACAGATAACACGTATAGT GAAAGGTTAGCTGGCAAAACC CTGACC
111 Ala eph	CTATGACCATGATCGCATTGACAGATAACACGTATAGT GAAAGGTTAGCTGGCAAAACC ACTGACC	Nom fac	CAATGACAATGATTGATCGCATTGACAGATAACACGTATAGT GCAAGGTTATCTGGTAAGCCACTGACC
112 Aug amp	CTATGACGTTGATCGCATTGACAGATAACACGTATAGT GAAAGGTTAGCTGGCAAAACC ATTGTACC	Rui pro	CAATGACGATGATCTCATTGACAGATAACACGTATAGT GAAAGGTTAGCCGCAAAACC ACTGACC
113 Aug cae	CTATGACGTTGATCGCATTGACAGATAACACGTATAGT GAAAGGTTAGCTGGCAAAACC ATTGTACC	Sph con	???
116 The bra	CTATGACGTTGATCGCATTGACAGATAACACGTATAGT GAAAGGTTAGCTGGCAAAACC CTGACC	Thr tor	CAATGACGATGATCGCATTGACAGATAACACGTATAGT GAAAGGTTATCCGCAAAACC ACTGACC
123 Pse sp	???		
127 Pse sim	CTATGACGATGATCGCATTGACAGATAACACGTATAGT GAAAGGTTAGCTGGCAAAACC ACTGACC		
128 The bas	CTATGACGTTGATCGCATTGACAGATAACACGTATAGT GAAAGGTTAGCTGGCAAAACC CTGACC	1496	1501
130 Neo aen	CTATGACGATGATCTCGTCGACAGATAACACGTATAGT GAAAGGTTAGCTGGCAAAACC CTGACC	1506	1511
132 Ais cup	CTATGACGATGATCGCATTGACAGATAACACGTATAGT GAAAGGTTAGCTGGCAAAACC CTGACC	1516	1521
133 Par aff	CTATGACGATGATCTCATTGACAGATAACACGTATAGT GAAAGGTTAGCTGGCAAAACC CTGACC	1526	1531
134 Tem sp1	???	1536	1541
141 Par bar	CTATGACGATGATCTCATTGACAGATAACACGTATAGT GAAAGGTTAGCTGGCAAAACC CTGACC	1546	1551
142 And mic	CTATGACGATGATCTCATTGACAGATAACACGTATAGT GAAAGGTTAGCTGGCAAAACC CTGACC		
143 Chl cya	CTATGACGATGATCTCATTGACAGATAACACGTATAGT GAAAGGTTAGCTGGCAAAACC CTGACC		
145 Isc zon	CGATGACCATGATCTCATTGACAGATAACACGTATAGT GAAAGGTTAGCTGGCAAAACC CTGACC		
14 Cor cog	CTATGACGATGATCGCATTGACAGATAACACGTATAGT GAAAGGTTAGCTGGCAAAACC ATTGTCC		
151 Isc les	CGATGACGATGATCTCATTGACAGATAACACGTATAGT GAAAGGTTAGCTGGCAAAACC CTGACC		
158 Nea see	CTATGACGATGATCTCATTGACAGATAACACGTATAGT GAAAGGTTAGCTGGCAAAACC CTGACC		
159 Nea sp	CTATGACGATGATCTCATTGACAGATAACACGTATAGT GAAAGGTTAGCTGGCAAAACC CTGACC		
176 Ais sp	ctatgacgatgatcgcatcgacagataacactgtatcgtaaaagggttagctgttaaccactgacc		
177 Neo sp1	CTATGACGATGATCTCATTGACAGATAACACGTATAGT GAAAGGTTAGCTGGCAAAACC CTGACC		
185 Cae sp1	CAATGACGACATAAGCTCATTGACAGATAACACGTATAGT GAAAGGTTAGCTGGCAAAACC CTGACC		
188 Aes tur	CTATGACGATGATCGCATTGACAGATAACACGTATAGT GAAAGGTTAGCTGGCAAAACC CTGACC		
190 Cae ine	CTATGACGTTGATTCATTGACAGATAACACGTATAGT GAAAGGTTAGCTGGCAAAACC CTGACC		
193 Meg gui	CTATGACCATGATCGCATTGACAGATAACACGTATAGT GAAAGGTTAGCTGGTAAACC ACTGACC		
194 Cae mou	???		
196 Rec cat	???		
212 Ais cog	CTATGACGATGATCGCATTGACAGATAACACGTATAGT GAAAGGTTAGCTGGTAAACC ACTGACC		
21 Aug sem	CTATGACGTTGATCGCATTGACAGATAACACGTATAGT GAAAGGTTAGCTGGCAAAACC CTGACC		
248 Ala aur	CTATGACGTTGATCGCATTGACAGATAACACGTATAGT GAAAGGTTAGCTGGCAAAACC CTGACC		
253 Neo oio	CTATGACGATGATCTCATTGACAGATAACACGTATAGT GAAAGGTTAGCTGGCAAAACC CTGACC		
254 Duf sp1	???		
267 Sti eic	CAATGACGATGATCGCATTGACAGATAACACGTATAGT GAAAGGTTAGCTGGCAAAACC CTGACC		
268 Aug JIR	???		
269 Noc fur	CTATGACCATGATCGCATTGACAGATAACACGTATAGT GAAAGGTTAGCTGGTAAACC ACTGACC		
26 Neo mel	CTATGACGATGATCTCATTGACAGATAACACGTATAGT GAAAGGTTAGCTGGCAAAACC CTGACC		
270 Xen nig	???		
271 Mna sp1	CTATGACCATGATCGCATTGACAGATAACACGTATAGT GAAAGGTTAGCTGGCAAAACC CTGACC		
30 Meg ins	CTATGACCATGATCGCATTGACAGATAACACGTATAGT GAAAGGTTAGCTGGCAAAACC CTGACC		
328 Tem sp2	CTATGACGATGATCTCATTGACAGATAACACGTATAGT GAAAGGTTAGCTGGCAAAACC CTGACC		
329 Cae sp	CTATGACGTTGATTCATTGACAGATAACACGTATAGT GAAAGGTTAGCTGGCAAAACC CTGACC		
330 Aug sp	???		
331 Ais sp	ctatgacgatgatcgcatcgacagataacactgtatcgtaaaagggttagctggcaaccactgacc		
334 Meg min	???		
335 Aug rep	???		
343 Pse pan	???		
46 Ala ura	???		
53 Ari pal	???		
77 Per sem	CTATGACGGCATCGCATTGACAGATAACATGTAATGTAAGGTTAGCTGGCAAAACC CTGACC		
		212 Ais cog	ATTAACGGAGACACTTCCTCGTATACTGGGTTAGCTGGTGTCTCTGATTGGACCATCGGCCATT
		21 Aug sem	ATTAACGGAGACACTTCCTCGTATACTGGGATCATGGTTGTTCTCTAGTTGGACCATCGGCCATT
		248 Ala aur	ATTAACGGAGACACTTCCTCGTATACTGGGATATGGTTGTTCTCTGCTTTGGGACCATCGGCCATT
		253 Neo oio	ATTAACGGAGACACTTCCTCGTATACTGGGATATGGTTGTTCTCTGATTGGGACCATCGGCCATT
		254 Duf sp1	???
		267 Sti eic	ATTAACGGAGACACTTCCTCGTATACTGGGATATGGGTGTTCTCTGCTTTGGGACCATCGGCCATT

268 Aug JIR ???
 269 Noc fur ATCAACGGAGCACTGCCGTATAATGGGTATATGGACGTTCGCTCTGGACCATCGGCCAT
 26 Neo mel ATTAACGGAKACTTCTCGTATACTGGGTATATGGTTCTCCCTGGGTTGGACCATCGCACCCAT
 270 Xen nig ???
 271 Mna sp1 ATTAACGGAGCACTTCTCGTATACTGGGTATATGGGTGTTCTCTGCTTGGACTATCGGCCCAT
 30 Meg ins ATTAACGGAGCACTTCTCGTATACTGGGTATATGGGTGTTCTCTGCTTGGACTATCGGCCCAT
 328 Tem sp2 ATTAACGGAGCACTTCTCGTATACTGGGTATATGGGTGTTCTCTGGGCTGGACCATCGGCCAT
 329 Cae sp ATTAACGGAGCACTTCTCGTATACTGGGTATATGGGTGTTCTCGCTTGGACCATCGGCCAT
 330 Aug sp ???
 331 Ais sp attaacggagacttctcggtatactgggtatctgggtgttcctctgatggaccattgcgcctat
 334 Meg min ???
 335 Aug rep ???
 343 Pse pan ???
 46 Ala ura ???
 53 Ari pal ???
 77 Per sem ATTAACGGAGCACTTCTCGTATACTGGGTATATGGGTGTTCTCTACTTGGACCATCGCACCCAT
 87 Mic lar ATTAACGGAGCACTTCTCGTATACTGGGTATATGGGTGTTCTCTGGACCATCGGCCCAT
 88 Ais spa ATTAACGGAGCACTTATCGGTATACTGGGTATCTGGGTGTTCTCTGATTTGGACCATCGGCCAT
 90 Aes pol ATTAACGGAGCACTTCTCGTATACTGGGTATATGGGTGTTCTCTGCTTGGACCATCGGCCAT
 92 Rhi inf ATTAACGGAGCACTTCTCGTATACTGGGTATATGGGTGTTCTCCCTGCTTGGACCATCGGCCAT
 Aga tyl ATTAACGGAGCACTTCTCGTATACTGGGTATATGGGTGTTCTCTGGGATATGGACCATCGGCCAT
 Ais met ATTAACGGAGCACTTCTCGTATACTGGGTATATGGGTGTTCTCTGGGACCATCGGCCAT
 Ala pom ATTAACGGAGCACTTCTCGTATACTGGGTATATGGGTGTTCTCTGGGACCATCGGCCAT
 Aug pur ?????????????????????????????????????
 Con con ATTAACGGAGCTTCCTCGTATACTGGGTATATGGCTCTCTGGGACTATCGGCCAT
 Cor pat ATTAACGGAGCACTTCTCGTATACTGGGTATATGGCTCTCTGGGACTATCGGCCAT
 Die nev ATTAACGGAGCACTTCTCGTATACTGGGTATATGGGTGTTCTCTGGGACTATCGGCCAT
 Las zep ?????????????????????????????????
 Lip aus ATTAACGGAGCACTTCTCGTATACTGGGTATATGGCTCTCTGGGACTATCGGCCAT
 Meg gen ATCAACGGAGACTTGCCTATAATGGCTATATGGGACTCTGGGACCATCGGCCAT
 Mex ari ATTAGGGAGCACTTCTCGTATACTGGGTATATGGGTGTTCTCTGGGACTATCGGCCAT
 Neo dis ATTAACGGAGCACTTCTCGTATACTGGGTATATGGGTGTTCTCCCTGGGTTGGACCATCGCACCCAT
 Nom fac ATTAACGGGGCCTTCTCGTATACTGGGATATGGGTGTTCTCTAGTTGGACCATCGCTCCGAT
 Rui pro ATTAACGGAGCACTTCTCGTATACTGGGTATATGGGTGTTCTCTAGTTGGGACTATCGGCCAT
 Sph con ?????????????????????????????????????
 Thr tor ATTAATGGAGCACTTCTCGTATACTGGGAATATGGGTGTTCTCCCTGGGCTGGACCATCGGCCAT

1564	1569	1574	1579	1584	1589	1594	1599	1604	1609	1614	1619	1624
1629												
000Pen pen	GTTCGGCTGGAATCGGTAA-T-				-GTCTTATTAAATTGGT-							
01 Rhi bri	GTTCGGCTGGAACCGGTAA-T-G-				-CCCCGATTACCCCC-CT							
06 Cer clo	GTTCGGCTGGAACCGGTAA-T-A-				-CTTAACTCATCCC-CT							
100 The ala	GTTCGGCTGGAACCGGTAA-TCC-				-CCTCGACTCATCCC-CT							
101 Rhi bru	GTTCGGCTGGAACCGGTAA-T-G-				-CCCCGGCTCACCCC-CT							
108 Par tra	GTTCGGCTGGAACCGGTAA-T-A-				-CCTCAAATCATCCC-CT							
109 Hal lou	GTTCGGCTGGAACCGGTAA-T-G-				-CCCCGACTCATCTC-CT							
111 Ala eph	GTTCGGCTGGAACCGGTAA-T-A-				-CTTAACTCATCCC-CT							
112 Aug amp	GTTCGGCTGGAATCGGTAA-T-A-				-CTTAAATTACATCAC-TG-							
113 Aug cae	GTTCGGCTGGAATCGGTAA-T-A-				-CCTTAAATTACATCAC-TG-							
116 The bra	GTTCGGCTGGAACCGGTAA-TCC-				-CTCGACTCATCCC-CT							
123 Pse sp	?????????????????????????????											
127 Pse sim	GTTCGGCTGGAACCGGTAA-T-A-				-CCTCGACCATCTC-CT							
128 The bas	GTTCGGCTGGAACCGGTAA-TCC-				-CCTCGACTCATCCC-CT							
130 Neo aen	GTTCGGCTGGAACCGGTAA-T-A-				-CCTCAAATCATCCC-CT							
132 Ais cup	GTTCGGCTGGAACCGGTAA-T-A-				-ACTCAAATCTTCCC-CT							
133 Par aff	GTTCGGCTGGAACCGGTAA-T-A-				-TCTCAAATCATCCC-CT							
134 Tem sp1	?????????????????????????????											
141 Par bar	GTTCGGCTGGAACCGGTAA-T-A-				-CCTCAAATCATCTC-CT							
142 And mic	GTTCGGCTGGAACCGGTAA-T-A-				-CCTCAAATCATCCC-CT							
143 Chl cya	GTTCGGCTGGAACCGGTAA-T-A-				-CCTCAAATCATCCC-CT							
145 Isc zon	GTTCGGCTGGAACCGGTAA-T-G-				-CCCCGACTCATTTAAC							
14 Cor cog	GTTCGGCTGGAACCGGTAA-T-G-				-CCCCGACTCACCCC-CT							
151 Isc les	GTTCGGCTGGAACCGGTAA-T-G-				-CCCCGACTCATTTAAC							

158 Nea see	GTTCGGCTGGAACCGGTAA-T-A-----	CCTAAACTCATCCC-CT-----	AAA
159 Nea sp	GTTCGGCTGGAACCGGTAA-T-A-----	CCTCAACTCATCCC-CT-----	AAA
176 Ais sp	gttcggctggaacccgtat?at?a??????actcgactcatccc?ct????????????aaa		
177 Neo sp1	GTTCGGCTGGAACCGGTAA-T-A-----	CATCAAATCATCCC-TT-----	AAA
185 Cae sp1	ATTAGGCTGGAACCGGTAA-T-CCTCTCCCTGGACCATCCC-CG-----		
189 Aes tur	GTTCGGCTGGAACCGGTAA-T-A-----	CCTCAACTCGTCCC-CT-----	AAA
190 Cae ine	GTTCGGCTGGAACCGGTAA-T-A-----	CCTCAACCGATCCC-CT-----	AAA
193 Meg gui	GTTCGGCTGGAACCGGTAA-T-A-----	CCTCAACGATCCC-CTA-----	AAA
194 Cae mou	??		
196 Rec cat	??		
212 Ais cog	GTTCGGCTGGAACCGGTAA-T-A-----	ACTCAAATCATCCC-CT-----	AAA
21 Aug sem	GTTCGGCTGGAATCGGTAA-T-A-----	CCTTAATTACAC-CG-----	AAA
248 Ala aur	GTTCGGCTGGAACCGGTAA-T-A-----	CCTGAACATCATCCC-CT-----	ACA
253 Neo oio	GTTCGGCTGGAACCGGTAA-T-A-----	CCTCAACTCATCCC-TT-----	AAA
254 Duf sp1	??		
267 Sti eic	GTTCGGCTGGAACCGGTAA-TAA-----	CCTCAACTCATCCC-CT-----	AAA
268 Aug JIR	??		
269 Noc fur	GTTCGGCTGGAACCGGTAA-T-A-----	CCTCAACGATCAT-CTA-----	AAA
270 Xen nig	??		
271 Mna sp1	GTTCGGCTGGAACCGGTAA-T-A-----	CCTCAACTCATCCC-TT-----	AAA
30 Meg ins	GTTCGGCTGGAACCGGTAA-T-A-----	CCTCAACATCATCCC-CT-----	AAA
328 Tem sp2	rTTCGGCTGGAACCGGTAA-T-----	ACCTCGGCTAATCC-CT-----	CGAA
329 Cae sp	GTTCGGCTGGAACCGGTAA-T-A-----	CATCGACCGATCyc-C-----	AAA
330 Aug sp	??		
331 Ais sp	gttcggctggaacccgtat?at?a??????actcaatttttc?ct????????????aaa		
334 Meg min	??		
335 Aug rep	??		
343 Pse pan	??		
46 Ala ura	??		
53 Ari pal	??		
77 Per sem	GTTCGGCTGGAACCGGTAA-T-A-----	TCTTAACTCATCCC-CT-----	AAA
87 Mic lar	GTTCGGCTGGAACCGGTAA-AC-A-----	CCTCAACTGACCCC-CT-----	AAA
88 Ais spa	GTTCGGCTGGAACCGGTAA-T-A-----	CCTCAACTATCCC-CT-----	AAA
90 Aes pol	GTTCGGCTGGAACCGGTAA-T-A-----	CCTCAACTCGTCCC-CT-----	ACA
92 Rhi inf	GTTCGGCTGGAACCGGTAA-T-G-----	CCCCGACTCATCCC-CT-----	AAA
Aga tyl	GTTCGGCTGGAACCGGTAA-T-T-----	-CGGTACCC-CC-----	GAA
Ais met	GTTCGGCTGGAACCGGTAA-T-A-----	-ACTCAATTCTTTC-CT-----	AAA
Ala pom	GTTCGGCTGGAACCGGTAA-T-A-----	CCTGAACATCATCCC-CT-----	AAA
Aug pur	??		
Con con	GTTCGGCTGGAATCGGTAA-AA-----	TCTCATTAAATTGGC-----	CCG
Cor pat	GTTCGGCTGGAACCGGTAA-T-G-----	CCCCGCTCATCCC-CT-----	AAA
Die nev	GTTCGGCTGGAATCGGTAA-T-T-----	TTCCTCTCTGGTTCGCTTATTCGCTTTGAA	
Las zep	????????????????????????????		
Lip aus	GTTCGGCTGGAATCGGTAA-T-T-----	-TCGCTTGTGTTAAATCGAAT-----	C
Meg gen	GTTCGGCTGGAACCGGTAA-T-A-----	CCTCAACGCTCATCTC-CTA-----	AAA
Mex ari	GTTCGGCTGGAACCGGTAA-T-T-----	CCTACCGTTCGATCCC-CT-----	AAA
Neo dis	GTTCGGCTGGAACCGGTAA-T-A-----	CCTCAACTCATCCC-TT-----	AAA
Nom fac	GTTCGGATGGAACCGGTAA-AC-G-----	AAATCTCCCTTATCTTCT	
Rui pro	GTTCGGCTGGAACCGGTAA-T-T-----	CTCTCCCTGGTTCGATCCC-CG-----	GAA
Sph con	????????????????????????????		
Thr tor	GTTCGGCTGGAACCGGTAA-T-A-----	CCTCCCGTTCATCCC-C-----	GAA
1697	1632 1637 1642 1647 1652 1657 1662 1667 1672 1677 1682 1687 1692		
000Pen pen	TCGATC--GCAGCAGTCGTATACTTTCATCCCCCTCGGATTAATTACA-----	-CGCATT	
01 Rhi bri	TTCAT-----TCAC-----	CC-TCAAACAC-----	GCTTT
06 Cer clo	TCAAAC--TCCG-----	CC-TTTAAATAC-----	GCTTT
100 The ala	TCGAAC--CCGC-----	CC-TTAAACCAC-----	GCTTT
101 Rhi bru	TCGAAC--GGCC-----	CC-TCAAACGC-----	GCCCT
108 Par tra	TCGAAC--TCAC-----	CC-TTAAACAGC-----	GCTTC
109 Hal lou	TCGAGC--TCAC-----	CC-ATTATACAC-----	GCTCT
111 Ala eph	TCGAAC--TCAC-----	CC-TTTAAACAC-----	GCTTT

112 Aug amp CCGAAC---TCAC-----CCTTTTAACAC-----GCTTT
 113 Aug cae CCGAAC---TCAC-----CCTTTTAACAC-----GCTTT
 116 The bra TCGAAC---CCGC-----CC-TTAAACCAC-----GCTTT
 123 Pse sp ??
 127 Pse sim TCGAGC---ACAC-----CC-TTAAACTC-----GCTTT
 128 The bas TCGAAC---CCGC-----CC-TTAAACCAC-----GCTTT
 130 Neo aen TCGAAC---TCGC-----CC-ATTAAACAC-----GCTTT
 132 Ais cup TCGAGC---TCAC-----CC-TTAAACAC-----GCTTT
 133 Par aff TCGAAC---TCAC-----CC-TTAAACAC-----GCTTC
 134 Tem sp1 ??
 141 Par bar TCGAAC---TCAC-----CC-TTAAACAA-----GCTTC
 142 And mic TCGAAC---TCAC-----CC-TTAAACAC-----GATTT
 143 Chl cya TCGAAC---TCAT-----CC-TTAAACAC-----GCTTT
 145 Isc zon TTAA-----ACGC-----AGCTTAAACGCTCA-----TCTCT
 14 Cor cog TCGAAT---TCAC-----CC-TCAAACGC-----GCTCT
 151 Isc les CTAA-----ACGC-----AGATTTAAACGCTC-----TCTCT
 158 Nea see TCGAAC---TCAC-----CC-TTAAACAC-----GATTT
 159 Nea sp TCGAAC---TCAC-----CC-TTAAACAC-----GCTTT
 176 Ais sp tcgagc??tac?????????????cc?ttaaaacac?????????gcttt
 177 Neo sp1 TCGAAC---TCGC-----CC-TTAAACAC-----GCTTT
 185 Cae sp1 TGTAAAT---ACAC-----CCCCTTAAACATC-----GAACGCGATT
 189 Aes tur TTGAGC---TCAC-----AC-TTAAACAC-----GCTTT
 190 Cae ine TCGAAC---GCAC-----AC-TTAAACAC-----GCTTT
 193 Meg gui TCGAAC---TCGC-----CC-TTAAACAC-----GCTCT
 194 Cae mou ??
 196 Rec cat ??
 212 Ais cog TCGAGC---TCAC-----CC-TTAAACAC-----GCTTT
 21 Aug sem CCGAAC---TCAC-----CCTTTTAACAC-----TCTTT
 248 Ala aur TCGAAC---TCAC-----CC-TTAAACAC-----GCTTT
 253 Neo oio TTGAGC---TCGC-----CC-TTAAACAC-----GCTTT
 254 Duf sp1 ??
 267 Sti eic TCGAGC---TCGC-----CC-TTAAACAC-----GCTTT
 268 Aug JIR ??
 269 Noc fur TCGAAC---TCGC-----CC-TTAAACAC-----GCTTT
 26 Neo mel TCGAAC---TCGT-----CC-TTAAACAC-----GCTTT
 270 Xen nig ??
 271 Mna sp1 TCGAAC---TAAC-----GC-TATAAACAC-----GTTTT
 30 Meg ins TCGAAC---TAAC-----AC-TTAAACAC-----GTTTT
 328 Tem sp2 TCAA-----GCCA-----TCCTCTGAAGCG-----GCATT
 329 Cae sp TCGAAC---GCAC-----CCTTTAACCGC-----GCTTT
 330 Aug sp ??
 331 Ais sp tcgagc??tac?????????????cc?ttaaaacac?????????gcttt
 334 Meg min ??
 335 Aug rep ??
 343 Pse pan ??
 46 Ala ura ??
 53 Ari pal ??
 77 Per sem TCAAAC---TCAC-----CC-TTAAATAC-----GCTTT
 87 Mic lar TCGAGC---TCAT-----CC-TTAAACAC-----GCTTT
 88 Ais spa TCGAGC---TCAC-----CC-TTAAACAC-----GCTTT
 90 Aes pol TTGAGC---TCAC-----CC-TTAAACAC-----GGTT
 92 Rhi inf TCTAGT---TCAC-----CC-TCAAACGC-----GCTCT
 Aga tyl TCGAATCGCATAC-----ACCCCTAAACATC-----AAACGCGATT
 Ais met TCGAGC---TCAC-----CC-TTAAACAC-----GCTTT
 Ala pom TCGAAC---TCR-----CC-TTAAACAC-----GCTTT
 Aug pur ??
 Con con TCGATC---GCGTAATCGTAGAATCCTTTCATC-CCTAGAATTACAC-----CGTGT
 Cor pat TCGAGC---TCAA-----CC-TTAAACAC-----GCTCT
 Die nev TCGTATT-TTAC-----TCTCCCAATCGGATGGCTT-----CCTAT
 Las zep ??
 Lip aus ACAGATT-TCGTC-----TCTTTAACCGTCTCAGCTAAACGCGCTTC
 Meg gen TCGAAC---TCGC-----CC-TTAAACAC-----GCTTT
 Mex ari TCTGAC---ACAC-----CTTGTTAACAGCTTCTCAGCTAAACGCGCTTC
 Neo dis TCGAAC---TCGC-----TC-TTAAACAC-----GCTTT
 Nom fac -----CATCGTAAATTCTGGTCGCG-----TCTCTCGAACAC-----AGTT

Rui pro TCGAAT---ACAC-----CCsCTTATAACATyT-----GAACGCGATT
 Sph con ??
 Thr tor TCGAAT---ATAC-----CAGCCGAAACGTCT-----AAACGCGGTT

 1765 1700 1705 1710 1715 1720 1725 1730 1735 1740 1745 1750 1755 1760
 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
 000Pen pen ---T----CTCGTTAGATATGTAACATGACGGCATGGCACCGATTACTTCAGCAC
 01 Rhi bri T---T---CTTTCAGATATGTTCCCGAAGGCAACATGACAGCTTGGGACTGTATTACTCAATCA
 06 Cer clo C---T---ACTCTCAGATACGTTCTCGAGGGTAACATGACCCGCTTGGGCACCGATTACTCAATCG
 100 The ala C---TTCTCTCCCCAGATACGTTCCCGAGGGTAACATGACCCGCTTGGGCACCGATTACTCAATAG
 101 Rhi bri T---T---CTTCTCAGATACGTTCCCGAGGGCAACATGACAGCTTGGGACTGTATTACTCAATCA
 108 Par tra C---T---TCCATCAGATACGTTCCCGAGGGTAACATGACCCGCTTGGGCACCGATTACTCAATAG
 109 Hal lou C---T---ATTCTTAGATACGTTCCCGAGGGCAACATGACCCGCTTGGGCACCGATTACTCAATAG
 111 Ala eph C---T---ACTCTCAGATACGTTCCCGAGGGTAATGACCCGCTTGGGCACCGATTACTCAATAG
 112 Aug amp T---C---AATTCTCAGATACGTTCCCGAGGGTAACATGACCCGCTTGGGCACCGATTACTCAATAG
 113 Aug cae T---C---AATTCTCAGATACGTTCCCGAGGGTAACATGACCCGCTTGGGCACCGATTACTCAATAG
 116 The bra C---TTCTCTCCCCAGATACGTTCCCGAGGGTAACATGACCCGCTTGGGCACCGATTACTCAATAG
 123 Pse sp ??
 127 Pse sim C---T---TCTCTCAGATACGTTCCCGAGGGTAACATGACCCGCTTGGGCACCGATTACTCAATAG
 128 The bas C---TTCTCTCTCAGATACGTTCCCGAGGGTAACATGACCCGCTTGGGCACCGATTACTCAATAG
 130 Neo aen C---T---TCCCACAGATACGTTCCCGAGGGTAACATGACCCGCTTGGGCACCGATTACTCAATAG
 132 Ais cup C---T---TTCTCTCAGATACGTTCCCGAGGGTAACATGACCCGCTTGGGCACCGATTACTAAATAG
 133 Par aff C---T---TCCATCAGATACCTTCTCGAGGGTAACATGACCCGCTTGGGCACCGATTACTCAATAG
 134 Tem sp1 ??
 141 Par bar C---T---TCCATCAGATACGTTCCCGAGGGTAACATGACCCGCTTGGGCACCGATTACTCAATAG
 142 And mic C---T---TCCCACAGATACGTTCCCGAGGGTAACATGACCCGCTTGGGCACCGATTACTCAATAG
 143 Chl cya C---T---TCCCACAGATACGTTCCCGAGGGTAACATGACCCGCTTGGGCACCGATTACTCAATAG
 145 Isc zon C---T---CTCTCAGATACGTTCCCGAGGGCAACATGACCCGCTTGGGACTGTATTACTCAACAG
 14 Cor cog T---T---CTTCTCAGATACGTTCCCGAGGGTAACATGACCCGCTTGGGCACCGATTACTCAATCA
 151 Isc les C---T---CTCTCAGATACGTTCCCGAGGGCAACATGACCCGCTTGGGCACCGATTACTCAACAG
 158 Nea see C---T---TCCCACAGATACGTTCCCGAGGGTAACATGACCCGCTTGGGCACCGATTACTCAATAG
 159 Nea sp C---T---TCCCACAGATACGTTCCCGAGGGTAACATGACCCGCTTGGGCACCGATTACTCAATAG
 176 Ais sp c??t????ttcctcagatacgttccggaggtaacatgaccgcttgcggcaccgattactaaacag
 177 Neo sp1 C---T---TCCCACAGATACGTTCCCGAGGGTAACATGACCCGCTTGGGCACCGATTACTCAATAG
 185 Cae sp1 TT---T---CTTCTCAGATACGTTCCCGAGGGTAACATGACCCGCTTGGGCACCGATTACTCGCCA
 189 Aes tur C---T---TCTCTCAGATACGTTCCCGAGGGTAACATGACCCGCTTGGGCACCGATTACTCAATAG
 190 Cae ine C---T---TCCCTCAGATACGTTCCCGAGGGTAACATGACCCGCTTGGGCACCGATTACTGAATAG
 193 Meg gui C---T---TCCCTCAGATACGTTCCCGAGGGTAACATGACCCGCTTGGGCACCGATTACTGAACAG
 194 Cae mou ??
 196 Rec cat ??
 212 Ais cog C---T---TCCCTCAGATACGTTCCCGAGGGTAACATGACCCGCTTGGGCACCGATTACTAAATAG
 21 Aug sem C---C---ACTTCAGATACGTTCCCGAGGGTAACATGACCCGCTTGGGCACCGATTACTCAATAG
 248 Ala aur CTAT---ACTCTCAGATACGTTCCCGAGGGTAACATGACCCGCTTGGGCACCGATTACTTCAGTAG
 253 Neo oio C---T---TCCCACAGATACGTTCCCGAGGGTAACATGACCCGCTTGGGCACCGATTACTCAATAG
 254 Duf sp1 ??
 267 Sti eic C---T---TCCCTCAGATACGTTCCCGAGGGTAACATGACCCGCTTGGGCACCGATTACTGAATAG
 268 Aug JIR ??
 269 Noc fur C---T---TCCCTCAGATACGTTCCCGAGGGTAACATGACCCGCTTGGGCACCGATTACTTGAAACAG
 26 Neo mel C---T---TCCCACAGATACGTTCCCGAGGGTAACATGACCCGCTTGGGCACCGATTACTCAATAK
 270 Xen nig ??
 271 Mna sp1 CTTC---CTTCTCAGATACGTTCCCGAGGGTAACATGACCCGCTTGGGCACCGATTACTGAATAC
 30 Meg ins CTTC---CTTCTCAGATACGTTCCCGAGGGTAACATGACCCGCTTGGGCACCGATTACTTGAAATAC
 328 Tem sp2 T---T---TCCCTCAGATACGTTCCCGAGGGCAACATGACCCGCTTGGGCACCGATTACTCAACAG
 329 Cae sp A---T---TCCCTCAGATACGTTCCCGAGGGTAACATGACCCGCTTGGGAAACCGATTACTGAATAG
 330 Aug sp ??
 331 Ais sp c??t????ttcctcagatacgttccggaggtaacatgaccgcttgcggcaccgattactaaatag
 334 Meg min ??
 335 Aug rep ??????????????????????????????????????
 343 Pse pan ??????????????????????????????????????
 46 Ala ura ??????????????????????????????????????
 53 Ari pal ??????????????????????????????????????
 77 Per sem C---T---ACTCTCAGATACGTTCCCGAGGGTAACATGACCCGCTTGGGCACCGATTACTCAATCG
 87 Mic lar C---T---TCCCTCAGATACGTTCCCGAGGGTAACATGACCCGCTTGGGCACCGATTACTCAATAG

88 Ais spa C---T-----TTCCCTCAGATACTGGTCCCAGGGTAACATGACCGCTTGCGGCACCGATTACTTAAATAG
 90 Aes pol C---T-----TCCTTCAGATACTGGTCCCAGGGTAACATGACCGCTTGCGGCACCGATTACTCAATAG
 92 Rhi inf T---T-----CTTTTCAGATACTGGTCCCAGGGCAACATGACAGCTTGTGGCACCGATTACTCAATCA
 Aga tyl TC-T-----CTTCTCAGATACTGGTCCCAGGGTAACATGACCGCTTGCGGCACCGATTACTCAATCA
 Ais met C---T-----TCCTTCAGATACTGGTCCCAGGGTAACATGACCGCTTGCGGCACCGATTACTTAAATAG
 Ala pom CTAT-----ATTCTCAGATACTGGTCCCAGGGTAACATGACCGCTTGCGGCACCGATTACTCACTAG
 Aug pur ???
 Con con ---T-----CTTCTTAGATACTGGTCCCAGGGTAACATGACCGCATGGGCACCGATTACTCACTAG
 Cor pat C---T-----CTTCTCAGATACTGGTCCCAGGGCAACATGACCGCTTGCGGCACCGATTACTCACTAG
 Die nev C---T-----TTATCTCAGATACTGGTCCCAGGGTAATATGACCGCTTGCGGCACCGATTACTCACTAG
 Las zep ???
 Lip aus C---T-----TCCATCAGATACTGGCAGAGGCCAACATGACCGCTGCGGAACCGATTACTCACTAG
 Meg gen C---T-----CTTCTCAGATACTGGTCCCAGGGTAACATGACCGCTTGCGGCACCGATTACTGGACAG
 Mex ari ---T-----CTTCTCAGATACTGGTCCCAGGGTAACATGACCGCTTGCGGCACCGATTACTGGACAG
 Neo dis C---T-----TCCCACAGATACTGGTCCCAGGGTAACATGACCGCTTGCGGCACCGATTACTCAATAG
 Nom fac G---T-----TCCCAGATACTGGTCCCAGGGCAACATGACCGCTTGCGGCACCGATTACTCACTAG
 Rui pro TC-T-----CTTCTCAGATACTGGTCCCAGGGTAACATGACCGCTTGCGGCACCGATTACTCACTAG
 Sph con ???
 Thr tor TC-T-----CTTCTCAGATACTGGTCCCAGGGTAACATGACCGCTTGCGGCACCGATTACTCACTAG

1768 1773 1778 1783 1788 1793 1798 1803 1808 1813 1818 1823 1828
 1833 | | | | | | | | | | | | | |

000Pen pen AGACATAGTGTCTGTCCTCATGATTCTCAGCATCTGGGTATCTTGTCCCGTTGTCCTCA
 01 Rhi bri AGACATCTGTCACCTCTCATGATGTACGGTCTCTGGGTATACTCTTCCCGTGGGACTCA
 06 Cer clo AGACATCTGTCACCTCTCATGATGTACGGTCTCTGGGTATACTCTGCCCCCTGGGACTCA
 100 The ala AGACCTCTGTCCTCTCATGATGTACGGTCTCTGGGTATACTCTGCCCCCTGGGACTCA
 101 Rhi bru AGACATCTGTCACCTCTCATGATGTACGGTCTCTGGGTATACTCTGCCCCCTGGGACTCA
 108 Par tra AGACATAGTGTCTACCTCTCATGATGTACGGTCTCTGGGTATACTCTTCCCTCGGACTCA
 109 Hal lou AGACATAGTGTCTCTCATGATGTACGGTCTCTGGGTATACTCTTCCCGTGGGCTTA
 111 Ala eph AGACATTGTCACCTCTCATGATGTACGGTCTCTGGGTATACTCTTCCCGTGGGACTCA
 112 Aug amp GGACTCTGTCCTACCTCTCATGATGTACGGTCTCTGGGTATACTCTTCCCGTGGGACTCA
 113 Aug cae GGACTCTGTCCTACCTCTCATGATGTACGGTCTCTGGGTATACTCTTCCCGTGGGACTCA
 116 The bra AGACCTCTGTCCTCTCATGATGTACGGTCTCTGGGTATACTCTTCCCGTGGGACTCA
 123 Pse sp ???
 127 Pse sim AGACATCTGTCACCTCTCATGATGTACGGTCTCTGGGTATACTCTTCCCGTGGGACTCA
 128 The bas AGACCTCTGTCCTCTCATGATGTACGGTCTCTGGGTATACTCTGCCCCCTGGGACTCA
 130 Neo aen AGACCTCTGTCCTCTCATGATGTACGGTCTCTGGGTATACTCTTCCCGTGGGACTCA
 132 Ais cup AGACATAGTGTCCGTCCTCATGATGTACGGTCTCTGGGTATACTCTTCCCGTGGGACTCA
 133 Par aff AGACATAGTGTCCACCTCTCATGATGTACGGTCTCTGGGTATACTCTTCCCGTGGGACTCA
 134 Tem spi ???
 141 Par bar AGACATAGTGTCCACCTCTCATGATGTACGGTCTCTGGGTATACTCTTCCCGTGGGACTCA
 142 And mic AGACTTGTGTCACCTCTCATGATGTACGGTCTCTGGGTATACTCTTCCCGTGGGACTCA
 143 Chl cya AGACTTGTGTCACCTCTCATGATGTACGGTCTCTGGGTATACTCTTCCCGTGGGACTCA
 145 Isc zon AGATTTCTGTCCTCTCATGATGTACGGTCTCTGGGTATACTCTTCCCGTGGGACTCA
 14 Cor cog AGACATCTGTCACCTCTCATGATGTACGGTCTCTGGGTATACTCTTCCCGTGGGACTCA
 151 Isc les AGATTTCTGTCCTCTCATGATGTACGGTCTCTGGGTATACTCTTCCCGTGGGACTCA
 158 Nea see AGACTTGTGTCACCTCTCATGATGTACGGTCTCTGGGTATACTCTTCCCGTGGGACTCA
 159 Nea sp AGACCTCTCATGATGTACGGTCTCTGGGTATACTCTTCCCGTGGGACTCA
 176 Ais sp agatatagttgccgtctccattctataatgtacgggtatctgggtatacttctccctctcgactca
 177 Neo spi AGACCTCTGTCCTCTCATGATGTACGGTCTCTGGGTATACTCTTCCCGTGGGACTCA
 185 Cae spi AGACATCTGTCCTCATGATGTACGGTCTCTGGGTATACTCTTCCCGTGGGACTCA
 189 Aes tur AGACATAGTGTGACCTCTCATGATGTACGGTCTCTGGGTATACTCTTCCCGTGGGACTCA
 190 Cae ine AGAAATCTGTCACCTCTCATGATGTACGGTCTCTGGGTATACTCTTCCCGTGGGACTCA
 193 Meg qui AGACATATGTCCTCTCATGATGTACGGTCTCTGGGTATACTCTTCCCGTGGGACTCA
 194 Cae mou ???
 196 Rec cat ???
 212 Ais cog AGACATAGTGTGTCCTCATGATGTACGGTCTCTGGGTATACTCTTCCCGTGGGACTCA
 21 Aug sem GGACTCTGTCCTCATGATGTACGGTCTCTGGGTATACTCTTCCCGTGGGACTCA
 248 Ala aur AGACATTGATCCACCTCTCATGATGTACGGTCTCTGGGTATACTCTTCCCGTGGGACTCA
 253 Neo oio AGACCTTGTGTCCTCTCATGATGTACGGTCTCTGGGTATACTCTTCCCGTGGGACTCA
 254 Duf spi ???
 267 Sti eic AGATATTGTCACCTCTCATGATGTACGGTCTCTGGGTATACTCTTCCCGTGGGACTCA
 268 Aug JIR ???

269 Noc fur AGACATATCGTCCTCTCTATCTCATGTTATACGGTACTGGGTACTCTTCCCGTGGGACTCA
 26 Neo mel AGACCTCTGTCCTCTCTATCTCATGTTATACGGTACTGGGTACTCTTCCCGTGGGACTCA
 270 Xen nig ???
 271 Mna spi AGACTTCTGTCACCTCTCATGATGTACGGTACTGGGTACTCTTCCCGTGGGACTCA
 30 Meg ins AGACTTCTGTCACCTCTCATGATGTACGGTACTGGGTACTCTTCCCGTGGGACTCA
 328 Tem spi2 AGACTTGTGTCACCTCTCATGATGTACGGCATCTGGGTTACTCTTCCCGTGGGACTCA
 329 Cae sp AGACATTGTCACCTCTCATGATGTACGGATCTGGGTACTCTTCCCGTGGGACTCA
 330 Aug sp ???
 331 Ais sp agacatagtgccgtctccatctcataatgtacggtatctgggtatacttcccgtcgactca
 334 Meg min ???
 335 Aug rep ???
 343 Pse pan ???
 46 Ala ura ???
 53 Ari pal ???
 77 Per sem AGACATCGTGTCCACCTCTCATGATGTACGGTCTCTGGGTACTCTGTCCTCGGACTCA
 87 Mic lar AGACTTGTGTCCTCTCATGATGTACGGTCTCTGGGTACTCTTCCCGTGGGACTCA
 88 Ais spa AGACATAGTGTGTCCTCATGATGTACGGTACTGGGTACTCTTCCCGTGGGACTCA
 90 Aes pol AGACATAGTGTGTCCTCATGATGTACGGTACTGGGTACTCTTCCCGTGGGACTCA
 92 Rhi inf AGACATCGTGTCCACCTCTCATGATGTACGGTACTGGGTACTCTTCCCGTGGGACTCA
 Aga tyl GGACATCTGTCGCTCTCATGATGTACGGCATCTGGGTACTCTTCCCGTGGGACTCA
 Ais met AGACATAGTGTGTCCTCATGATGTACGGTACTGGGTACTCTTCCCGTGGGACTCA
 Ala pom AGACATTGTCACCTCTCATGATGTACGGTACTGGGTACTCTTCCCGTGGGACTCA
 Aug pur ???
 Con con AGACATAGTGTGTCCTCATGATGTACGGTACTGGGTACTCTTCCCGTGGGACTCA
 Cor pat AGACATCTGTCGCTCTCATGATGTACGGTACTGGGTACTCTGCCCCGCTGGGACTCA
 Die nev AGACATCTGTCGCTCTCATGATGTACGGTACTGGGTACTCTTCCCGTGGGACTCA
 Las zep ?????????????????????????????????????
 Lip aus AGACATCGTGTCCGTCCTCATGATGTACGGTACTGGGTACTCTGCCCCGCTGGGACTCA
 Meg gen AGACATCTGTCCTCATGATGTACGGTACTGGGTACTCTGCCCCGCTGGGACTCA
 Mex ari AGACATCTGTCGCTCTCATGATGTACGGTACTGGGTACTCTTCCCGTGGGACTCA
 Neo dis AGACCTCTGTCCTCTCATGATGTACGGTACTGGGTACTCTTCCCGTGGGACTCA
 Nom fac AGACATCTGTCCTCGTTGTTACTCTGGGTACTGGGATATTGTCCTCGGACTCA
 Rui pro AGATATCTGTCGCTCTCATGATGTACGGTACTGGGTACTCTTCCCGTGGGACTCA
 Sph con ?????????????????????????????????????
 Thr tor AGATATGTTGTCGCTCTCATGATGTACGGCATCTGGGTACTCTTCCCGTGGGACTCA

1836 1841 1846 1851 1856 1861 1866 1871 1876 1881 1886 1891 1896
 1901 | | | | | | | | | | | | | |

000Pen pen TCATTTACAGTTATGGGTTCATCATCCTAACAGGCTCTGCACAGAGAAAATATGCGCAGAACGCC
 01 Rhi bri TCTGCTACAGTACTGGTTTCATCATCCTAACAGCAGTCTGGCCACAGAAAAACATCGCTAACAGGCC
 06 Cer clo TCTGTTACAGTTACTGGTTTCATCATCAGCAGCGGTGTCGGCCACAGAAAAACATGCCAACAGGCC
 100 The ala TCTGCTACAGTACTGGTTTCATCATCCTAACAGCAGTCTGGCCACAGAAAAACATGCCAACAGGCC
 101 Rhi bri TCTGCTACAGTACTGGTTTCATCATCCTAACAGCAGTCTGGCCACAGAAAAACATGCCAACAGGCC
 108 Par tra TCTGCTACAGTACTGGTTTCATCATCCTAACAGCAGTCTGGCCACAGAAAAACATGCCAACAGGCC
 109 Hal lou TCTGCTACAGTTACTGGTTTCATCATCCTAACAGCAGTCTGGCCACAGAAAAACATGCCAACAGGCC
 111 Ala eph TCTGCTACAGTACTGGTTTCATCATCCTAACAGCAGTCTGGCCACAGAAAAACATGCCAACAGGCC
 112 Aug amp TCTGCTACAGTACTGGTTTCATCATCAGTCAGTCAGTCTGGCCACAGAAAAACATGCCAACAGGCC
 113 Aug cae TCTGCTACAGTACTGGTTTCATCATCCTAACAGCAGTCTGGCCACAGAAAAACATGCCAACAGGCC
 116 The bra TCTGCTACAGTACTGGTTTCATCATCCTAACAGCAGTCTGGCCACAGAAAAACATGCCAACAGGCC
 123 Pse sp ?????????????????????????????????
 127 Pse sim TCTGCTACAGTACTGGTTTCATCATCCTAACAGCAGTCTGGCCACAGAAAAACATGCCAACAGGCC
 128 The bas TCTGCTACAGTACTGGTTTCATCATCCTAACAGCAGTCTGGCCACAGAAAAACATGCCAACAGGCC
 130 Neo aen TCTGCTACAGTACTGGTTTCATCATCCTAACAGCAGTCTGGCCACAGAAAAACATGCCAACAGGCC
 132 Ais cup TCTGCTACAGTACTGGTTTCATCATCCTAACAGCAGTCTGGCCACAGAAAAACATGCCAACAGGCC
 133 Par aff TCTGCTACAGTACTGGTTTCATCATCCTAACAGCAGTCTGGCCACAGAAAAACATGCCAACAGGCC
 134 Tem spi ?????????????????????????????
 141 Par bar TCTGCTACAGTACTGGTTTCATCATCCTAACAGCAGTCTGGCCACAGAAAAACATGCCAACAGGCC
 142 And mic TCTGCTACAGTACTGGTTTCATCATCCTAACAGCAGTCTGGCCACAGAAAAACATGCCAACAGGCC
 143 Chl cya TCTGCTACAGTACTGGTTTCATCATCCTAACAGCAGTCTGGCCACAGAAAAACATGCCAACAGGCC
 145 Isc zon TCTGCTACAGTACTGGTTTCATCATCCTAACAGCAGTCTGGCCACAGAAAAACATGCCAACAGGCC
 14 Cor cog TCTGCTACAGTACTGGTTTCATCATCCTAACAGCAGTCTGGCCACAGAAAAACATGCCAACAGGCC
 151 Isc les TCTGCTACAGTACTGGTTTCATCATCCTAACAGCAGTCTGGCCACAGAAAAACATGCCAACAGGCC
 158 Nea see TCTGCTACAGTACTGGTTTCATCATCCTAACAGCAGTCTGGCCACAGAAAAACATGCCAACAGGCC

159	Nea sp	TCTGCTACAGCTACTGGTTCATATCCAAGCAGTCTCTGCCAACGAGAAAAACATGCGGAACAAGCG	113	Aug cae	AAGAAAATGAACGTTGCCCTCTCGCATCGAaaaaaccagaacaccagTGCGAATGC
176	Ais sp	tctgctacagtactggttcatatccaaggactctgtcacgaaaaacatgcgcgaacaaggcg	116	The bra	AAAAAGATGAACGTTGCCCTCTCGCATCGAaaaaaccagaacaccagTGCGAATGC
177	Neo sp1	TCTGCTACAGCTACTGGTCATATCCAAGCAGTCTCTGCCAACGAGAAAAACATGCGGAACAAGCG	123	Pse sp	???
185	Cae sp1	TCTGCTACAGCTACTGGTCATATCCAAGCAGTCTCTGCCAACGAGAAAAACATGCGGAACAAGCG	127	Pse sim	AAGAAAATGAACGTTGCCCTCTCGCATCGAaaaaaccagaacaccagTGCGAATGC
189	Aes tur	TCTGCTACAGCTACTGGTCATATCCAAGCAGTCTCTGCCAACGAGAAAAACATGCGGAACAAGCG	128	The bas	AAAAGATGAACGTTGCCCTCTCGCATCGAaaaaaccagaacaccagTGCGAATGC
190	Cae ine	TCTGCTACAGCTACTGGTCATATCCAAGCAGTCTCTGCCAACGAGAAAAACATGCGGAACAAGCG	130	Neo aen	AAGAAAATGAACGTTGCCCTCTCGCATCGAataaccagaacaccagGCCGAATGC
193	Meg gui	TCTGCTACAGCTACTGGTCATATCCAAGCAGTCTCTGCCAACGAGAAAAACATGCGGAACAAGCG	132	Ais cup	AAGAAAATGAACGTTGCCCTCTCGCATCGAataaccagaacaccagTGCGAATGC
194	Cae mou	???	133	Par aff	AAGAAAATGAACGTTGCCCTCTCGCATCGAataaccagaacaccagTGCGAATGC
196	Rec cat	???	134	Tem sp1	???
212	Ais cog	TCTGCTACAGCTACTGGTCATATCCAAGCAGTCTCTGCCAACGAGAAAAACATGCGGAACAAGCG	141	Par bar	AAGAAAATGAACGTTGCCCTCTCGCATCGAataaccagaacaccagTGCGAATGC
21	Aug sem	TCTGCTACAGCTACTGGTCATATCAGTGCAGTGTCTGCTCACGAGAAAAACATGCGTAACAAGCG	142	And mic	AAGAAAATGAACGTTGCCCTCTCGCATCGAacaACGGAACAACCAGGCCGAATGC
248	Ala aur	TCTGCTACAGCTACTGGTCATATCAGCAGTGTCTGCCAACGAGAAAAACATGCGGAACAAGCG	143	Chl cya	AAGAAAATGAACGTTGCCCTCTCGCATCGAataaccagaacaccagGCCGAATGC
253	Neo oio	TCTGCTACAGTACTGGTCATATCCAAGCAGTCTCTGCCAACGAGAAAAACATGCGGAACAAGCG	145	Isc zon	AAGAAAATGAACGTTGCCCTCTCGCATCGAataaccagaacaccagTGCGAATGC
254	Duf sp1	???	14	Cor cog	AAGAAAATGAACGTTGCCCTCTCGCATCGAataaccagaacaccagTGCGAATGC
267	Sti eic	TCTGCTACAGCTACTGGTCATATCGCAGTATCTGCCAACGAGAAAAACATGCGGAACAAGCA	151	Isc les	AAGAAAATGAACGTTGCCCTCTCGCATCGAataaccagaacaccagTGCGAATGC
268	Aug JIR	???	158	Nea see	AAGAAAATGAACGTTGCCCTCTCGCATCGAACAACGCCGAATGC
269	Noc fur	TCTGCTACAGCTACTGGTTATCATCCAAGCAGTCTGCCAACGAGAAAAACATGCGGAACAAGCG	159	Nea sp	AAGAAAATGAACGTTGCCCTCTCGCATCGAataaccagaacaccagGCCGAATGC
26	Neo mel	TCTGCTACAGTACTGATTCATATCCAAGCAGTCTGCCAACGAGAAAAACATGCGGAACAAGCG	176	Ais sp	aagaagatgaacggtcgctctcgatcatcggaacaaaaccaggctgtaatgc
270	Xen nig	???	177	Neo sp1	AAGAAAATGAACGTTGCCCTCTCGCATCGAataaccagaacaccagGCCGAATGC
271	Mna sp1	TCTGCTACAGCTACTGGTCATCTCCAAGCAGTGTCTGCCAACGAGAAAAACATGCGGAACAAGCC	185	Cae sp1	AAAAGATGAATGTTGCCCTCTCGCATCGAataaccagGCCGAATGC
30	Meg ins	TCTGCTACAGCTACTGGTCATCTCCAAGCAGTGTCTGCCAACGAGAAAAACATGCGGAACAAGCC	189	Aes tur	AAGAAAATGAACGTTGCCCTCTCGCATCGAataaccagGCCGAATGC
328	Tem sp2	TCTGCTACAGCTACTGGTCATATCCAAGCAGTCTGCCAACGAGAAAAACATGCGGAACAAGCG	190	Cae ine	AAGAAAATGAACGTTGCCCTCTCGCATCGAataaccagGCCGAATGC
329	Cae sp	TCTGCTACAGCTACTGGTCATATCCAAGCAGTCTGCCAACGAGAAAAACATGCGGAACAAGCA	193	Meg gui	AAGAAAATGAACGTTGCCCTCTCGCATCGAataaccagGCCGAATGC
330	Aug sp	???	194	Cae mou	???
331	Ais sp	tttgctacagtactgtgtccatatccaaggactctgtcacgaaaaacatgcgcgaacaaggcg	196	Rec cat	???
334	Meg min	???	212	Ais cog	AAGAAAATGAACGTTGCCCTCTCGCATCGAataaccagaacaccagTGCGAATGC
335	Aug rep	???	21	Aug sem	AAGAAAATGAACGTTGCCCTCTCGCATCGAataaccagaacaccagTGCGAATGC
343	Pse pan	???	248	Ala aur	AAGAAAATGAACGTTGCCCTCTCGCATCGAataaccagaacaccagTGCGAATGC
46	Ala ura	???	253	Neo oio	AAGAAAATGAACGTTGCCCTCTCGCATCGAataaccagaacaccagGCCGAATGC
53	Ari pal	???	254	Duf sp1	???
77	Per sem	TCTGTTACAGTACTGGTCATATCGCAGCGTGTCTGCCAACGAGAAAAACATGCGGAACAAGCG	267	Sti eic	AAGAAAATGAACGTTGCCCTCTCGCATCGTGGAAACCGAGACCGCGCTGAATGC
87	Mic lar	TCTGCTACAGCTACTGGTCATCTCCAAGCGCTCTGCTCACGAGAAAAACATGCGGAACAAGCG	268	Aug JIR	???
88	Ais spa	TCTGCTACAGTACTGGTCATATCCAAGCAGTGTGCTCACGAGAAAAACATGCGGAACAAGCG	269	Noc fur	AAGAAAATGAACGTTGCCCTCTCGCATCGAataaccagGCCGAATGC
90	Aes pol	TCTGCTACAGTACTGGTCATATCCAAGCAGTGTCTGCCAACGAGAAAAACATGCGGAACAAGCG	270	Xen nig	???
92	Rhi inf	TCTGCTACAGTACTGGTCATATCCAAGCAGTGTCTGCCAACGAGAAAAACATGCGTAACAAGCG	271	Mna sp1	AAGAAAATGAACGTTGCCCTCTCGCATCGAataaccagGCCGAATGC
Aga tyl	TCTGCTACAGTATTGGTCATATCCAAGCGGTCTCGCTCACGAGAAAAACATGCGGAACAAGCG	30	Meg ins	AAGAAAATGAACGTTGCCCTCTCGCATCGAataaccagGCCGAATGC	
Ais met	TTTGCTACAGTACTGGTCATATCCAAGCAGTCTGCTCACGAGAAAAACATGCGGAACAAGCG	328	Tem sp2	AAGAAAATGAACGTTGCCCTCTCGCATCGAataaccagGCCGAATGC	
Ala pom	TCTGCTACAGTACTGGTCATATCCAAGCAGTGTGCCCCAGAGAAAAACATGCGGAACAAGCG	329	Cae sp	AAGAAAATGAACGTTGCCCTCTCGCATCGAataaccagGCCGAATGC	
Aug pur	???	330	Aug sp	?????????????????????????????????????	
Con con	TCATTTACAGTACTGGTCATATCCAAGGCTGTAGCCGCGCACGAGAGAATAATGCGGAACAAGCT	331	Ais sp	aagaagatgaacggtccctctcgatcatcggaataaccaggactgtaatgc	
Cor pat	TCTGCTACAGTACTGGTCATATTGCGGTCTGCCAACGAGAAAAACATGCGGAACAAGCG	334	Meg min	???	
Die nev	TCATCTACAGTACTGGTCATATTCCAAGCGGTGCGCTCACGAGAAAAACATGGGGAAACAAGCT	335	Aug rep	???	
Las zep	???	343	Pse pan	?????????????????????????????????????	
Lip aus	TCTGTTACAGTACTGGTCATATCCAAGCGGTGCGACTCACGAGAGAACATGGGGAAACAAGCG	46	Ala ura	?????????????????????????????????	
Meg gen	TCTGCTACAGTACTGGTTATCATCCAAGCAGTGTGCCAACGAGAAAAACATGCGGAACAAGCG	53	Ari pal	?????????????????????????????????	
Mex ari	TCATCTACAGTACTGGTCATATCCAAGCGGTCTGCCAACGAGAAAAACATGCGGAACAAGCG	77	Per sem	AAAAAGATGAATGTTGCCCTCTCGCATCGAataaccagGCCGAATGC	
Neo dis	TCTGCTACAGTACTGGTCATATCCAAGCAGTGTGCCAACGAGAAAAACATGCGGAACAAGCG	87	Mic lar	AAGAAAATGAACGTTGCCCTCTCGCATCGAataaccagGCCGAATGC	
Nom fac	TCATCTACAGTACTGGTTATCATCCAAGCGGTGCGGCCAACGAGAGAACATGAGGGAAACAAGCT	88	Ais spa	AAGAAAATGAACGTTGCCCTCTCGCATCGAataaccagGCCGAATGC	
Rui pro	TCTGCTACAGTACTGGTCATATCCAAGCAGTCAGCGCTCACGAGAAAAACATGCGTAACAAGCG	90	Aes pol	AAGAAAATGAACGTTGCCCTCTCGCATCGAataaccagGCCGAATGC	
Sph con	???	92	Rhi inf	AAGAAAATGAACGTTGCCCTCTCGCATCGAataaccagGCCGAATGC	
Thr tor	TCTGCTACAGTACTGGTCATATCCAAGCGGTCTGCCAACGAGAACATGCGGAACAAGCG	Aga tyl	AAAAAGATGAACGTTGCCCTCTCGCATCGAataaccagGCCGAATGC		
		Ais met	AAGAAAATGAACGTTGCCCTCTCGCATCGAataaccagGCCGAATGC		
1969		1904 1909 1914 1919 1924 1929 1934 1939 1944 1949 1954 1959 1964	Ala pom	AAGAAAATGAACGTTGCCCTCTCGCATCGAataaccagGCCGAATGC	
000	Pen pen	AAGAAAATGAACGTTGCCCTCTCGCATCGAataaccagGCCGAATGC	Aug pur	?????????????????????????	
01	Rhi bri	AAGAAAATGAACGTTGCCCTCTCGCATCGAataaccagGCCGAATGC	Con con	AAGAAAATGAACGTTGCCCTCTCGCATCGAataaccagGCCGAATGC	
06	Cer clo	AAAAAGATGAATGTTGCCCTCTCGCATCGAataaccagGCCGAATGC	Cor pat	AAGAAAATGAACGTTGCCCTCTCGCATCGAataaccagGCCGAATGC	
100	The ala	AAAAAGATGAACGTTGCCCTCTCGCATCGAataaccagGCCGAATGC	Die nev	AAAAAGATGAACGTTGCCCTCTCGCATCGAataaccagGCCGAATGC	
101	Rhi bru	AAGAAAATGAACGTTGCCCTCTCGCATCGAataaccagGCCGAATGC	Las zep	?????????????????????	
108	Par tra	AAGAAAATGAACGTTGCCCTCTCGCATCGAataaccagGCCGAATGC	Lip aus	AAAAAGATGAACGTTGCCCTCTCGCATCGAataaccagGCCGAATGC	
109	Hal lou	AAGAAAATGAACGTTGCCCTCTCGCATCGAataaccagGCCGAATGC	Meg gen	AAGAAAATGAACGTTGCCCTCTCGCATCGAataaccagGCCGAATGC	
111	Ala eph	AAGAAAATGAACGTTGCCCTCTCGCATCGAataaccagGCCGAATGC	Mex ari	AAAAAGATGAACGTTGCCCTCTCGCATCGAataaccagGCCGAATGC	
112	Aug amp	AAGAAAATGAACGTTGCCCTCTCGCATCGAataaccagGCCGAATGC	Neo dis	AAAAAGATGAACGTTGCCCTCTCGCATCGAataaccagGCCGAATGC	
			Nom fac	AAAAAGATGAACGTTGCCCTCTCGCATCGAataaccagGCCGAATGC	
			Rui pro	AAAAAGATGAACGTTGCCCTCTCGCATCGAataaccagGCCGAATGC	

Sph con	???	90 Aes pol	GAAGGTACGGATA-----CTCG-----CTTAAGGGGTG-----AGC-----
Thr tor	AAGAAGATGAACGTGGCATCTCGCATCCGAGAACATCGAATACTAGCGCTGAATGCAAACATTGC	92 Rhi inf	GAAGGTACAGATA-----CTTG-----TTAAAGAGCTA-----AGC-----
		Aga tyl	rAAGGTATCGACGGGT-----CTTCT-----CGAAAAGAACGAACGGG-A-----AAC-----
2037	1972 1977 1982 1987 1992 1997 2002 2007 2012 2017 2022 2027 2032	Ais met	GAAGGTACGGATA-----CTCG-----TTAAAGGGGT-----AGC-----
		Ala pom	GAAGGTACGGATA-----CTCG-----TTGA-GGGTA-----AGC-----
		Aug pur	???
		Con con	GAAGGTACAAACGT-----ATTCGCA-TACTTATACATTATGTTCCAACGATACTGTCCTCT-----
		Cor pat	GAAGGTACGGTT-----CTCG-----TTTAAAGAGGT-----AGC-----
		Die nev	GAAGGTATACAT-----CCGA-----ATAACGGAGGA-----ATC-----
		Las zep	???
		Lip aus	CAAGGTACCGTAC-----ACGA-----ATAACAGGGAA-----TGC-----
		Meg gen	GAAGGTACGGATA-----CTCG-----TTTATGGGATA-----AGC-----
		Mex ari	GAAGGTATCGATA-----TTCGCCATGTACCGAACCAGCGTGTACCGTCTAGATGT-AAT-----
		Neo dis	GAAGGTATGGATA-----CTCG-----TTTAAAGGGTG-----AGC-----
		Nom fac	CAAGGTACCGTT-----GATCTTAAATCTCACAGTAATCATTAACATTATCT-----AGA-----
		Rui pro	AAAGGTATTAATA-----TTCG-----TATGAAAGTATCAACCGG-A-----AAC-----
		Sph con	???
		Thr tor	GAAGGTATCGATA-----CTCG-----TATGAAAGTATCAACGGAGA-----AAC-----
		2105	2040 2045 2050 2055 2060 2065 2070 2075 2080 2085 2090 2095 2100
		000Pen pen	GAAATCGTGTCCCT-----CTAC-AT-----TGAGATCCTGATAATTCTAGGTTGCT
		01 Rhi bri	----TA---TCGT-----ATAC-TG-----ATACACACGATTGATTCAGGTCGCT
		06 Cer clo	----TA---TCGT-----ATAC-GA-----AGACACGTGACTGCTTCAGGTTGCT
		100 The ala	----TA---TCGA-----ATACGGAG-----AGACACCGCATTGCTTCAGGTCGCT
		101 Rhi bru	----TG---TCGT-----GTAC-TG-----AGACACCGCATTGATTCAGGTTGCT
		108 Par tra	----TA---TCGT-----ATAC-GG-----AGACACACAATTGCTTCAGGTTGCT
		109 Hal lou	----TA---TCGT-----ATAC-GG-----AGACACACGATTGATTCAGGTCGCT
		111 Ala eph	----TA---TCAT-----ATAC-GG-----AGATACACGATTGCTTCAGGTTGCT
		112 Aug amp	----TA---TTGT-----ATAC-GT-----AACACCGCATTGCTTCAGGTTGCT
		113 Aug cae	----TA---TCGT-----ATAC-GT-----AACACCGCATTGCTTCAGGTTGCT
		116 The bra	----TA---TCGA-----ATACGGAG-----AGACACCGCATTGCTTCAGGTCGCT
		123 Pse sp	???
		127 Pse sim	----TA---TCGT-----ATAC-GG-----AGACACACGATTGATTCAGGTTGCT
		128 The bas	----TA---TCGA-----ATACGGAG-----AGACACCGCATTGCTTCAGGTCGCT
		130 Neo aen	----TA---TCGT-----ATAC-GG-----AGACACACGATTGCTTCAGGTTGCT
		132 Ais cup	----TA---TCGT-----ATAC-GG-----AGACACACGATTGATTCAGGTCGCT
		133 Par aff	----TA---TCGT-----ATAC-GG-----AGACACACGATTGCTTCAGGTTGCT
		134 Tem sp1	???
		141 Par bar	----TA---TCGT-----ATAC-GG-----AGACACACGATTGATTCAGGTCGCT
		142 And mic	----TA---TCGT-----ATAC-GG-----AGACACACGATTGCTTCAGGTCGCT
		143 Chl cya	----TA---TCGT-----ATAC-GG-----AGACACACGATTGCTTCAGGTCGCT
		145 Isc zon	----TA---TCGT-----ATAC-GG-----AGACACACGATTGATTCAGGTCGCT
		148 Duf spi	----CA---TCGT-----ATAC-TG-----AGACACCGCATTGATTCAGGTCGCT
		151 Sti eic	----TA---TCGT-----ATAC-GG-----AGACATACGATTGATTCAGGTCGCT
		158 Aug JIR	???
		269 Noc fur	----TA---TCGT-----ATAC-GG-----AGACACACGATTGCTTCAGGTCGCT
		266 Neo mel	----TA---TCGT-----ATAC-GG-----AGACACACGATTGATTCAGGTCGCT
		270 Xen nig	???
		271 Mna sp1	----TA---TCGT-----ATAC-GG-----AGACACACGATTGATTCAGGTCGCT
		30 Meg ins	----TA---TCGT-----ATAC-GG-----AGACACACGATTGATTCAGGTCGCT
		328 Tem sp2	AAAGGTACGGATG-----CT-----CGTTAAAAGTGCCT-----GGC-----
		329 Cae sp	TAAGGTACGGATA-----CTCG-----TTAAAGGGATA-----AGC-----
		330 Aug sp	???
		331 Ais sp	qaaggtacggata?????ctcg????????taaaggggta?????????agc?????
		334 Meg min	???
		335 Aug rep	???
		343 Pse pan	???
		46 Ala ura	???
		53 Ari pal	???
		77 Per sem	GAAGGTATGGATA-----CTCG-----CTTAA-GGGTA-----AGT-----
		87 Mic lar	GAAGGTACGGATA-----CTCG-----TTAAAGGGTTA-----AGC-----
		88 Ais spa	GAAGGTACGGATA-----CTCG-----TTAAAGGGTA-----AGC-----

26 Neo mel -----TA--TCGT----ATAC--GG-----AGACACACGATTGCTTCTAGGGTGC
 270 Xen nig ??
 271 Mna sp1 -----TA--TCAT----ATAC--GG-----AGACACACGATTGATCCAGTCGCT
 30 Meg ins -----TA--TCAT----ATAC--GG-----AGACACACGATTGATCCAGTCGCT
 328 Tem sp2 -----TA--TCGT----ATAC--GG-----AAATGTACATACTGGCCCCAGTCGCT
 329 Cae sp -----TA--TCGT----ATAC--GG-----AGATACACGATTCTTCAGTCGCT
 330 Aug sp ??
 331 Ais sp ?????ta?tcgt??atac?gg????????????????agacacacgattgtccaggcgc
 334 Meg min ??
 335 Aug rep ??
 343 Pse pan ??
 46 Ala ura ??
 53 Ari pal ??
 77 Per sem -----TA--TCGT----ATAC--GA-----AGACACGTTGACTGCTTCCAGGTGCT
 87 Mic lar -----TA--TCAT----ATACGGGG-----AGACACACGATTGATCCAGTCGCT
 88 Ais spa -----TA--TCGT----ATAC--GG-----AGACACACGATTGATCCAGTCGCT
 90 Aes pol -----TA--TCGT----ATAC--GG-----AGACACACGATTGATCCAGGTGCT
 92 Rhi inf -----TA--TCGT----ATAC--TG-----AGACACCGATTGATTCAGTCGCT
 Aga tyl -----TAGCGCGT----ATAC--GG-----AAACATGCGATTGATTCAGTCGCT
 Ais met -----TA--TCGT----ATAC--GG-----AGACACACGATTGATCCAGTCGCT
 Ala pom -----TA--TCAT----ATAC--GG-----AGACACACGATTGATCCAGGTGCT
 Aug pur ??
 Con con -ACGTCG---TCCT----CTAC---AT-----CGAGATTCGATGTTCCAGGTGCT
 Cor pat -----TA--GCGT----ATAC--GG-----AGACACACGATTGATCCAGTCGCT
 Die nev -----AT--TCGGCTATTCT----AAAGAGTCCAATGATT---CAGGTGCT
 Las zep ??
 Lip aus -----TC--GCCTTCCGATTC--GA-----AAGGAATTCGCGTGAATT---CAGGTGCT
 Meg gen -----TA--TCGC----ATAC--GG-----AGACACACGATTGCTTCAGTCGCT
 Mex ari -----AT--ATGT----ATAC--GG-----AGACCGCGATTGATTCAGTCGCT
 Neo dis -----TA--TCGT----ATAC--GG-----AGACACACGATTGCTTCAGGTGCT
 Nom fac -----GA--TCAT----AATCGGGT-----CACTGTACCGCGTGTCTAGGTGCT
 Rui pro -----TA--GCGT----ATAC--GG-----AGACACACGATTGTTTCAGTCGCT
 Sph con ??
 Thr tor -----TA--GCGT----GTAC--GGTCTGATACGrACTGACGTGCACCGCATTGAGTCGCT

2108 2113 2118 2123 2128 2133 2138 2143 2148 2153 2158 2163 2168

2173

| | | | | | | | | | | | | | |
 000Pen pen CTCATGACAATTCCTTGTGGTTCATGG-----
 01 Rhi bri CTGATGACGATTTCTCTTGTGGTTCATGG-----GCTGCTCGAACACATCGGCTA
 06 Cer clo CTGATGACKATTCCTTGTGGTTCATGGCGACTGGGAATGGGGTGGCTCGAACACATCGGCTA
 100 The ala CTGATGACGATTTCTTGTGGTTCATGGCGACTGGGAATGGGGCGCTGCTCGAACACATCGGCTA
 101 Rhi bru CTGATGACGATTTCTTGTGGTTCATGG-----GCTGCTCGAACACATCGGCTA
 108 Par tra CTGATGACGATTTCTCTTGTGGTTCATGG-----
 109 Hal lou CTGATGACAATTCCTTGTGGTTCATGGCGACTGGGAATGGGGTGGCTCGAACACATCGGCTA
 111 Ala eph CTGATGACGATTTCTTGTGGTTCATGG-----
 112 Aug amp CTGATGACGATTTCTTGTGGTTCATGGCGACTGGGAATGGGGCGCTGCTCGAACACATCGGCTA
 113 Aug cae CTGATGACGATTTCTTGTGGTTCATGGGTACTGGGAATGGGGCGCTGCTCGAACACATCGGCTA
 116 The bra CTGATGACGATTTCTTGTGGTTCATGG-----CTGCTCGAACACATCGGCTA
 123 Pse sp ??????????????????????????????????
 127 Pse sim CTGATGACGATTTCTTGTGGTTCATGGCGACTGGGAATGGGGTGGCTGCTCGAACACATGGCTA
 128 The bas CTGATGACGATTTCTTGTGGTTCATGGCGACTGGGAATGGGGCGCTGCTCGAACACATCGGCTA
 130 Neo aen CTGATGACGATTTCTTGTGGTTCATGGCGACTGGGAATGGGGTGGCTGCTCGAACACATCGGCTA
 132 Ais cup CTGATGACAATTCCTTGTGGTTCATGGCGACTGGGAATGGGGCGCTGCTCGAACACATCGGCTA
 133 Par aff CTGATGACGATTTCTTGTGGTTCATGGCGACTGGGAATGGGGTGGCTGCTCGAACACATCGGCTA
 134 Tem sp1 ?????????????????????GGCACTGGGAATGGGGCGCTGCTCGAACACATCGGCTA
 141 Par bar CTGATGACGATTTCTTGTGGTTCATGGCGACTGGGAATGGGGTGGCTGCTCGAACACATCGGCTA
 142 And mic CTGATGACGATTTCTTGTGGTTCATGGCGACTGGGAATGGGGTGGCTGCTCGAACACATCGGCTA
 143 Chl cya CTGATGACGATTTCTTGTGGTTCATGGCGACTGGGAATGGGGTGGCTGCTCGAACACATCGGCTA
 145 Isc zon CTGATGACGATTTCTTGTGGTTCATGGCGACTGGGAATGGGGCGCTGCTCGAACACATCGGCTA
 151 Isc les CTGATGACGATTTCTTGTGGTTCATGGCGACTGGGAATGGGGTGGCTGCTCGAACACATCGGCTA
 158 Nea see CTGATGACGATTTCTTGTGGTTCATGGCGACTGGGAATGGGGTGGCTGCTCGAACACATCGGCTA
 159 Nea sp CTGATGACGATTTCTTGTGGTTCATGG-----

176 Ais sp ctgatgacaattccttggttcatggcgactggaatggggcgctgctcgacaaatcggt
 177 Neo sp1 CTGATGACGATTTCTTGTGGTTCATGG-----GGGGTGGCTGCTCGAACACATCGGCTA
 185 Cae sp1 sTGATGACGATTTCTTGTGGTTCATGG?????????????????????????????????
 189 Aes tur CTGATGACGATTTCTTGTGGTTCATGGCGACTGGGAATGGGGTGGCTGCTCGAACACATCGGCTA
 190 Cae ine CTGATGACGATTTCTTGTGGTTCATGGCGACTGGGAATGGGGTGGCTGCTCGAACACATCGGCTA
 193 Meg gui CTGATGACGATTTCTTGTGGTTCATGGCGACTGGGAATGGGGTGGCTGCTCGAACACATCGGCTA
 194 Cae mou ??
 196 Rec cat ??
 212 Ais cog CTGATGACAACTTCTTGTGGTTCATGGCGACTGGGAATGGGGCGCTGCTCGAACACATCGGCTA
 21 Aug sem CTGATGACGATTTCTTGTGGTTCATGGCGACTGGGAATGGGGCGCTGCTCGAACACATCGGCTA
 248 Ala aur CTGATGACAACTTCTTGTGGTTCATGGCGACTGGGAATGGGGCGCTGCTGACAAACATCGGCTA
 253 Neo oio CTGATGACGATTTCTTGTGGTTCATGGCGACTGGGAATGGGGTGGCTGCTCGAACACATCGGCTA
 254 Duf sp1 ??
 267 Sti eic CTGATGACGATTTCTTGTGGTTCATGGCGACTGGGAATGGGGCGCTGCTCGAACACATCGGCTA
 268 Aug JIR ??
 269 Noc fur CTGATGACGATTTCTTGTGGTTCATGGCGACTGGGAATGGGGCGCTGCTCGAACACATCGGCTA
 26 Neo mel CTGATGACGATTTCTTGTGGTTCATGGCGACTGGGAATGGGGTGGCTGCTCGAACACATCGGCTA
 270 Xen nig ?????????????????????????GGCACTGGGAATGGGGCGCTGCTCGAACACATCGGCTA
 271 Mna sp1 CTGATGACGATTTCTTGTGGTTCATGGCGATTGGGAATGGGGCGCTGCTCGAACACATCGGCTA
 30 Meg ins CTGATGACGATTTCTTGTGGTTCATGGCGATTGGGAATGGGGCGCTGCTCGAACACATCGGCTA
 328 Tem sp2 CTGATGACGATTTCTTGTGGTTCATGGCGACTGGGAATGGGGTGGCTGCTCGAACACATCGGCTA
 329 Cae sp CTGATGACsATTTCTTGTGGTTCATGGCGACTGGGAATGGGGCGCTGCTCGAACACATCGGCTA
 330 Aug sp ??
 331 Ais sp ctgatgacaattccttggttcatggcgactggaatggggcgctgctcgacaaatcggt
 334 Meg min ??????????????????????????????????????
 335 Aug rep ??
 343 Pse pan ??
 46 Ala ura ??
 53 Ari pal ??
 77 Per sem CTGATGACGATTTCTTGTGGTTCATGGCGACTGGGAATGGGGTGGCTGCTCGAACACATCGGCTA
 87 Mic lar CTGATGACGATTTCTTGTGGTTCATGGCGACTGGGAATGGGGCGCTGCTCGAACACATCGGCTA
 88 Ais spa CTGATGACAACTTCTTGTGGTTCATGGCGACTGGGAATGGGGCGCTGCTCGAACACATCGGCTA
 90 Aes pol CTGATGACGATTTCTTGTGGTTCATGGCGACTGGGAATGGGGCGCTGCTCGAACACATCGGCTA
 92 Rhi inf CTGATGACGATTTCTTGTGGTTCATGG-----CTGCTCGAACACATCGGCTA
 Aga tyl CTGATGACGATTTCTTGTGGTTCATGG-----
 Ais met CTGATGACAACTTCTTGTGGTTCATGG-----
 Ala pom CTGATGACAACTTCTTGTGGTTCATGG-----
 Aug pur ??
 Con con CTGATGACCATCTCTTGTGGTTCATGG?????????????????????????????
 Cor pat CTGATGACGATTTCTTGTGGTTCATGG-----
 Die nev TTGATGACGATTTCTTGTGGTTCATGG-----
 Las zep ??????????????????????????????????
 Lip aus TTGATGACGATTTCTTGTGGTTCATGG-----
 Meg gen CTGATGACGATTTCTTGTGGTTCATGG-----
 Mex ari CTGATGACGATTTCTTGTGGTTCATGG-----
 Neo dis CTGATGACGATTTCTTGTGGTTCATGG-----
 Nom fac CTGATGACAACTCCTTGTGGTTCATGG-----
 Rui pro CTGATGACGATTTCTTGTGGTTCATGG-----
 Sph con ??????????????????????????????
 Thr tor CTGATGACGATTTCTTGTGGTTCATGG-----

2176 2181 2186 2191 2196 2201 2206 2211 2216 2221 2226 2231 2236

2241

| | | | | | | | | | | |
 000Pen pen -----
 01 Rhi bri CGGCTTCAAGTCTCCCGCGAGTTCCTCGATACTGGCGAACCGCCGCCGAACCTGCCGAGAAGATGA
 06 Cer clo CGGGTTCAAGTCTCCCGCGAGTTCCTCGATACTGGCGAGCGCCGCCGAACCTGCCGAGAAGATGA
 100 The ala CGGCTTCAAGTCTCCCGCGAGTTCCTCGATACCGGCGAACCTGCCGAGAAGATGA
 101 Rhi bru CGGCTTCAAGTCTCCCGCGAGTTCCTCGATACCGGCGAACCTGCCGAGAAGATGA
 108 Par tra ??
 109 Hal lou CGGTTTCAAGTCTCTCGCGAGTTCCTCGATACCGGCGAACCTGCCGAGAAGATGA
 111 Ala eph ??
 112 Aug amp CGGCTTCAAGTCTCCCGCGAGTTCCTCGATACTGGCGAACCGCCGCCGAACCTGCCGAGAAGATGA
 113 Aug cae CGGCTTCAAGTCTCCCGCGAGTTCCTCGATACTGGCGAACCGCCGCCGAACCTGCCGAGAAGATGA

116 The bra CGGCTTCAAGTTCTCCCGAGTCGATACCGCGAACCGGGCGGAACCTGCGCAGAAGAGATGA
 123 Pse sp ???
 127 Pse sim CGGCTTCAAGTTCTCCCGAGTCGATACCGCGAACCGGGCGGAACCTCCGCAGAAAATGA
 128 The bas CGGCTTCAAGTTCTCCCGAGTCGATACCGCGAACCGGGCGGAACCTGCCGAGAAAGATGA
 130 Neo aen CGGCTTCAAGTTCTCCCGAGTCGATACAGCGAACCGGGCGGAACCTGCCGAGAAAGATGA
 132 Ais cup CGGCTTCAAGTTCTCCCGAGTCGATACCGCGAACCGGGCGGAACCTyCGCAGAAGATGA
 133 Par aff CGGCTTCAAGTTCTCCCGAGTCGATACCGCGAACCGGGCGGAACCTGCCGAGAAAGATGA
 134 Tem sp1 CGGCTTCAAGTTCTCCCGAGTCGATACCGCGAACCGGGCGGAACCTGCCGAGAAAGATGA
 141 Par bar CGGCTTCAAGTTCTCCCGAGTCGATACCGCGAACCGGGCGGAACCTGCCGAGAAAGATGA
 142 And mic CGGTTTCAAGTTCTCCCGAGTCGATACCGCGAACCGGGCGGAACCTGCCGAGAAAGATGA
 143 Chl cya CGGTTTCAAGTTCTCCCGAGTCGATACCGCGAACCGGGCGGAACCTGCCGAGAAAGATGA
 145 Isc zon CGGCTTCAAGTTCTCCCGAGTCGATACGGCGAACCGGGCGTAACCTGCCGAGAAAGATGA
 14 Cor cog CGGCTTCAAGTTCTCCCGAGTCGATACGGCGAACCGGGCGAACCTGCCGAGAAAGATGA
 151 Cae les ???
 158 Nea see CGGTTTCAAGTTCTCCCGAGTCGATACCGCGAACCGGGCGAACCTGCCGAGAAAGATGA
 159 Nea sp -----GTTCTCCCGAGTCGATACAGCGAACCGCGATGGAGAACTGGCGAGAAAGATGA
 176 Ais sp cgcttcaagtcccgagtcgataccggcgaaacccggcgaaacctgcgagaagatga
 177 Neo sp1 CGGCTTCAAGTTCTCCCGAGTCGATACAGCGAACCGGGGsCsAACCTGCCGAGAAAGATGA
 185 Cae sp1 ???
 189 Aes tur CGGCTTCAAGTTCTCCCGAGTCGATACCGCGAACCGGGCGAACCTGCCGAGAAAGATGA
 190 Cae ine CGGCTTCAAGTTCTCCCGAGTCGATACGGCGAACCGGGCGAACCTGCCGAGAAAGATGA
 193 Meg qui CGGTTTCAAGTTCTCCCGAGTCGATACCGCGAGCGGGCGCTAACGCCGAGAAAGATGA
 194 Cae mou ???
 196 Rec cat ???
 212 Ais cog CGGCTTCAAGTTCTCCCGAGTCGATACCGCGAACCGGGCGAACCTGCCGAGAAAGATGA
 21 Aug sem CGGCTTCAAGTTCTCCCGAGTCGATACCGCGAACCGGGCGAACCTGCCGAGAAAGATGA
 248 Ala aur CGGTTTCAAGTTCTCCCGAGTCGATACGGCGAACCGGGCGAACCTACCGGAGAAAGATGA
 253 Neo oio CGGCTTCAAGTTCTCCCGAGTCGATACAGCGAGCGCGAACCTGCCGAGAAAGATGA
 254 Duf sp1 ???
 267 Sti eic CGGCTTCAAGTTCTCCCGAGTCGATACCGCGAACCGGGCGAACCTGCCGAGAAAGATGA
 268 Aug JIR CGGCTTCAAGTTCTCCCGAGTCGATACGGCGAACCGGGCGAACCTGCCGAGAAAGATGA
 269 Noc fur CGGCTTCAAGTTCTCCCGAGTCGATACCGCGAGCGCGGCCGTAATGCCGAGAAAGATGA
 26 Neo mel CGGCTTCAAGTTCTCCCGAGTCGATACAGCGAACCGGGCGAACCTGCCGAGAAAGATGA
 270 Xen nig CGGCTTCAAGTTCTCCCGAGTCGATACCGCGAACCGGGCGAACCTGCCGAGAAAGATGA
 271 Mna sp1 CGGCTTCAAGTTCTCCCGAGTCGATACCGCGAACCGGGCGAACCTGCCGAGAAAGATGA
 30 Meg ins CGGCTTCAAGTTCTCGCGAGTCGACACGGCGAACCGGGCGAACCTGCCGAGAAAGATGA
 328 Tem sp2 CGGCTTCAAGTTCTCCCGAGTCGATACCGCGAACCGGGCGAACCTGCCGAGAAAGATGA
 329 Cae sp CGGCTTCAAGTTCTCCCGAGTCGATACGGCGAACCGGGCGAACCTGCCGAGAAAGATGA
 330 Aug sp ???
 331 Ais sp cgcttcaagtcccgagtcgataccggcgaaacctcccgagaaagatga
 334 Meg min -----
 335 Aug rep CGGCTTCAAGTTCTCCCGAGTCGATACGGCGAACCGGGCGAACCTGCCGAGAAAGATGA
 343 Pse pan ???
 46 Ala ura ???
 53 Ari pal CGGCTTCAAGTTCTCGCGAGTCGATACAGCGAGCGAGCGGAACCTGCCGAGAAAGATGA
 77 Per sem CGGCTTCAAGTTCTCCCGAGTCGATACGGCGAGCGGGCGAACCTGCCGAGAAAGATGA
 87 Mic lar CGGCTTCAAGTTCTCCCGAGTCGATACGGCGAGCGGGCGAACCTGCCGAGAAAGATGA
 88 Ais spa CGGCTTCAAGTTCTCCCGAGTCGATACCGCGAACCGGGCGAACCTGCCGAGAAAGATGA
 90 Aes pol CGGCTTCAAGTTCTCCCGAGTCGATACGGCGAACCGGGCGAACCTGCCGAGAAAGATGA
 92 Rhi inf CGGCTTCAAGTTCTCCCGAGTCGATACCGCGAACCGGGCGAACCTGCCGAGAAAGATGA
 Aga tyl -----
 Ais met -----
 Ala pom -----
 Aug pur -----
 Con con ???
 Cor pat -----
 Die nev -----
 Las zep -----
 Lip aus -----
 Meg gen -----
 Mex ari -----
 Neo dis -----
 Nom fac -----
 Rui pro -----
 Sph con -----

Thr tor -----
 2309 2244 2249 2254 2259 2264 2269 2274 2279 2284 2289 2294 2299 2304
 000 Pen pen -----
 01 Rhi bri ATCTGCACAAACGAAGCCGAAGAGCGGTAAAGTGGTAATT-----
 06 Cer clo ATCTGCACAAACAAATGAAGGCCGAGAGCGGTAAAGTGGCT-----
 100 The ala ACCTGCACAAACGAAGCCGGCAGAGCGGTAAAGTGGGT-----
 101 Rhi bri ATCTGCACAAACGAAGCCGCAGAGCGGTAAAGTGGTAATT-----
 108 Par tra ???
 109 Hal lou ATCTGCACAAACGAAGCCGGCAGAGCGGTAAAGTGTCAAT-----
 111 Ala eph ???
 112 Aug amp ATCTGCACAAACGAAGCCGCAGAGCGGTAAAGTGGCAAT-----
 113 Aug cae ATCTGCACAAACGAAGCCGCAGAGCGGTAAAGTGGCAAT-----
 116 The bra ACCTGCACAAACGAAGCCGGCAGAGCGGTAAAGTGGGT-----
 123 Pse sp ???
 127 Pse sim ATCTGCACAAACGAAGCCGCAGAGCGGTAAAGTGGCACAT-----
 128 The bas ACCTGCACAAACGAAGCCGGCAGAGCGGTAAAGTGG-----
 130 Neo aen ATCTGCACAAACGAAGCCGGTAGAGCGGTAAAGTGGCT-----
 132 Ais cup ATCTGCACAAACGAAGCCGCAGAGCGGTAAAGTGGTC-----
 133 Par aff ATCTGCACAAACGAAGCCGCAGAGCGGTAAAGTGGTCT-----
 134 Tem sp1 ATCTGCACAAACGAAGCCGCCAGAGCGGTAAAGCCAGTGT-----
 141 Par bar ATCTGCACAAACGAAGCCGGCAGAGCGGTAAAGTGGCT-----
 142 And mic ATCTGCACAAACGAAGCCGCAGAGCGGTAAAGTGGCT-----
 143 Chl cya ATCTGCACAAACGAAGCCGGCAGAGCGGTAAAGTGGCT-----
 145 Isc zon ATCTGCACAAACGAAGCTGGCAGAGCGGTAAAGTGTGATCT-----
 14 Cor cog ATCTGCACAAACGAAGCCGGCAGAGCGGTAAAGTGTGATA-----
 151 Cae les ?????????????????????????????????????
 158 Nea see ATCTGCACAAACGAAGCCGGCAGAGCGGTAAAGTGGCT-----
 159 Nea sp ATCTGCACAAACGAAGCCGTAGAGCGGTAAAGTGGCT-----
 176 Ais sp acctgaccaaacaacgacggccggcggcgtaatggcggtccctc tg??????ttcgttc??tgt
 177 Neo sp1 ATCTGCACAAACGAAGCCGGTAGAGCGGTAAAGTGGCT-----
 185 Cae sp1 ???
 189 Aes tur ATCTGCACAAACGAAGCCGGCAGAGCGGTAAAGTGGCATCT-----
 190 Cae ine AtYTGCAACAAACGAAGCCGGCAGAGCGGTAAAGTGGCT-----
 193 Meg qui ATCTGCACAAACGAAGCCGGCAGAGCGGTAAAGTCCGGCT-----
 194 Cae mou ?????????????????????????????????????
 196 Rec cat ?????????????????????????????????????
 212 Ais cog ATCTGCACAAACGAAGCCGGCAGAGCGGTAAAGTGGCT-----
 21 Aug sem ATCTGCACAAACGAAGCCGGCAGAGCGGTAAAGTGGAAAT-----
 248 Ala aur ATCTGCACAAACGAAGCCGGCAGAGCGGTAAAGTGGCT-----
 253 Neo oio ATCTGCACAAACGAAGCCGGTAGAGCGGTAAAGTGGCT-----
 254 Duf sp1 ?????????????????????????????????????
 267 Sti eic ATCTGCACAAACGAAGCCGGCAGAGCGGTAAAGTGGCACC-----
 268 Aug JIR ATCTGCACAAACGAAGCCGGCAGAGCGGTAAAGTGGCAAT-----
 269 Noc fur ATCTGCACAAACGAAGCCGGCAGAGCGGTAAAGTGGCT-----
 26 Neo mel ATCTGCACAAACGAAGCCGGTAGAGCGGTAAAGTGGCT-----
 270 Xen nig ATCTGCACAAACGAAGCCGGCAGAGCGGTAAAGTGGCGC-----
 271 Mna sp1 ACCTGCACAAACGAAGCCGGCAGAGCGGTAAAGTGGCATCT-----
 30 Meg ins ACCTGCACAAACGAAGCCGGCAGAGCGGTAAAGTGGCATCT-----
 328 Tem sp2 ATCTGCACAAACGAAGCCGGCAGAGCGGTAAAGTGGAGTGT-----
 329 Cae sp ATCTGCACAAACGAAGCCGGCAGAGCGGTAAAGTGGCT-----
 330 Aug sp ?????????????????????????????????
 331 Ais sp atctgaccaaacaacgacggccggcggcgtaatggcggtccctc tg??????ttcgttc??tgt
 334 Meg min -----
 335 Aug rep ATCTGCACAAACGAAGCCGGCAGAGCGGTAAAGTGGCAAT-----
 343 Pse pan ?????????????????????????????????
 46 Ala ura ?????????????????????????
 53 Ari pal ATCTGCACAAACGAAGCCGGCAGAGCGGTAAAGTGGCT-----
 77 Per sem ATCTGCACAAACGAAGCCGGCAGAGCGGTAAAGTGGCT-----
 87 Mic lar ATCTGCACAAACGAAGCCGGCAGAGCGGTAAAGTGGCGT-----
 88 Ais spa ATCTGCACAAACGAAGCCGGCAGAGCGGTAAAGTGGCT-----
 90 Aes pol ATCTGCACAAACGAAGCCGGCAGAGCGGTAAAGTGGCT-----
 92 Rhi inf ATCTGCACAAACGAAGCCGGCAGAGCGGTAAAGTGGCT-----
 Aga tyl -----
 Ais met -----
 Ala pom -----
 Aug pur -----
 Con con ?????????????????????
 Cor pat -----
 Die nev -----
 Las zep -----
 Lip aus -----
 Meg gen -----
 Mex ari -----
 Neo dis -----
 Nom fac -----
 Rui pro -----
 Sph con -----

177	Neo	sp1	-
185	Cae	sp1	???
189	Aes	tur	-
190	Cae	ine	-
193	Meg	gui	-
194	Cae	mou	???
196	Rec	cat	???
212	Ais	cog	-
21	Aug	sem	-
248	Ala	aur	-
253	Neo	ocio	-
254	Duf	sp1	???
267	Sti	eic	-
268	Aug	JIR	-
269	Noc	fur	-
26	Neo	mel	-
270	Xen	nig	-
271	Mna	sp1	-
30	Meg	ins	-
328	Ten	sp2	-
329	Cae	sp	-
330	Aug	sp	???
331	Ais	sp	???
334	Meg	min	-
335	Aug	rep	-
343	Pse	pan	???
46	Ala	ura	???
53	Ari	pal	-
77	Per	sem	-
87	Mic	lar	-
88	Ais	spa	-
90	Aes	pol	-
92	Rhi	inf	TTCTTAAAGTTGAAGGATTGGCTAACGATTGCAAACATTCGGATCCGACCCAACTCG
Aga	tyl	-	-
Ais	met	-	-
Ala	pom	-	-
Aug	pur	-	-
Con	con	-	???
Cor	pat	-	-
Die	nev	-	-
Las	zep	-	-
Lip	aus	-	-
Meg	gen	-	-
Mex	ari	-	-
Neo	dis	-	-
Nom	fac	-	-
Rui	pro	-	-
Sph	con	-	-
Thr	tor	-	-
2513			2448 2453 2458 2463 2468 2473 2478 2483 2488 2493 2498 25
000	Pen	pen	
01	Rhi	bri	AACAAATTCTCGACTCGACTCGATAACATCTCATCGAGGAGGAA--ACCTGAGAAGAGGCGA-GATT
06	Cer	clo	-GTAGTC--CCGGATCAAGAGGCAGA-GACT
100	The	ala	-G--GAAC---CCGGAAAGAGGCGA-GACT
101	Rhi	bri	AACAAATTCTCGACCCGACTCGAAACATCTCATCGAGGAGGAA--ACCTGAGAAGAGGCAA-GATT
108	Par	tra	???
109	Hal	lou	-G--GAAC---GCGAGAAGAGGCGA-GATT
111	Ala	eph	???
112	Aug	amp	-G--GTGTAG--CCGGCGAAAGAAGCGA-GACT
113	Aug	cae	-G--GTGTAG--CCGGCGAAAGAAGCGA-GACT
116	The	bra	-G--GAAC---CCGGAAGAGGCGA-GACT

123 Pse sp ???
127 Pse sim -----A-CGCA-----CCGGAGGGCGA-GACT
128 The bas -----G-GAAC-----CCGGAAAGGGCGA-GACT
130 Neo aen -----G-GTAC-----CCGGAAAGGGCGA-GACT
132 Ais cup -----CCTATCC-----CCCGGAAGAGGTGAGACy
133 Par aff -----T-GTCC-----CCGGAAAGGGCGA-GACT
134 Tem spl -----G-GTAG-----CCGGAAAGGGCGA-GACT
141 Par bar -----G-GTCC-----CCGGAAAGGGCGA-GACT
142 And mic -----GGTGTAC-----CCGGAAAGGGCGA-GACT
143 Chl cya -----G-GTAC-----CCGGAAAGACGCCA-GACT
145 Isc zon -----G-GCAC-----TCGAGAAGGGCGA-GATT
14 Cor cog AACAAATTCTCGACTCGACTCGATGCATCTCTATCGAGGAAGGA--ACCTCGGAAGGACGA-GATT
151 Isc les ???
158 Nea see -----GGTGTAC-----CCGGAAAGGGCGA-GACT
159 Nea sp -----GTAC-----CCGGAAAGGGCGA-GACT
176 Ais sp ?????????????????????????????????????agtgcc???:cccgaaagggctgagact
177 Neo spl -----GTAC-----CCGGAAAGGGCGA-GACT
185 Cae spl ???
189 Aes tur -----G-GTAC-----TCGGAAGTGGCGA-GACT
190 Cae ine -----A-GGTAC-----CCGGCAGGGCGAGGACT
193 Meg gui -----ACGGTCGAA-----GCGGAAAAGGGTGGCGA-GACT
194 Cae mou ???
196 Rec cat ???
212 Ais cog -----CGTATCC-----CCCGGAAGGGCGAGACT
21 Aug sem -----GCTGTGTAG-----CCGGAGAAAGAGCGA-GACT
248 Ala aur -----G-CCAC-----CCAGTGGAAAGGGCGA-GACT
253 Neo oio -----G-GTAC-----CCGGAAAGGGCGA-GACT
254 Duf spl ???
267 Sti eic -----G-CGCG-----CCGGCAGCGACGA-GACT
268 Aug JIR -----G-GTGTAG-----CCGGAGAAAGATAACGG-GACT
269 Noc fur -----ACGGTCGAA-----GCGGAAAAGGGTGGCGA-GACT
26 Neo mel -----G-GTAC-----CAGGAAGGGCGA-GACT
270 Xen nig -----GACGGTCGAA-----GCGGAAAAG-CGGCGA-GACT
271 Mna spl -----G-GTAC-----CCGGAAAGGGCGA-GACT
30 Meg ins -----G-GTAT-----CCGGAAAGGGCGA-GACT
328 Tem sp2 -----G-GTAG-----CCGGAAAGTGGCGA-GACT
329 Cae sp -----A-GGTAC-----CCGGAAAGGGCGAGGACT
330 Aug sp ???
331 Ais spa ??????????????????????????????aacctatcc???:cccgaaagggctgagact
334 Meg min -----
335 Aug rep -----GTGTAG--CCGGATAAAAGAACCGG-GACT
343 Pse pan ???
46 Ala ura ???
53 Ari pal -----GGT-----GTACAGA-----CTCGGAAGGGCGA-GACT
77 Per sem -----GTAGCC-----CCGGATGAAGAGGCAGA-GACT
87 Mic lar -----A-----GGGTAGGGCGAGGACT
88 Ais spa -----CGTATCC-----CCGGAAAGGGCGAGACT
90 Aes pol -----G-GTAT-----CCGAAAGGGCG-GACT
92 Rhi inf AACAAATTCTCGACTCGACTCGATACATCTCTATCGAGGAAAAA--ACCTGAGAAGTGGCAA-GATT
Aga tyl
Ais met
Ala pom
Aug pur
Con con
Cor pat
Die nev
Las zep
Lip aus
Meg gen
Mex ari
Neo dis
Nom fac
Rui pro
Sph con
Thr tor

	2516	2521	2526	2531	2536	2541	2546	2551	2556	2561	2566	2571	2576	Aga tyl	
2581														Ais met	
														Ala pom	
000Pen pen	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Aug pur	
01 Rhi bri	CGACG	---	TTTCG	T	TTTCCGC	CAGCACGTG	TCTCG	CGGAGATGAGG	GAGGTGCAA	-	-	-	-	Con con	
06 Cer clo	CGACG	---	TTCCG	T	TTTCTGC	CAGCACGT	TCTCTCG	CGGAGATGAGG	GAGGAGTGCAA	-	-	-	-	Cor pat	
100 The ala	CGATGG	---	TTCCCTT	T	TTTCCGC	CAGCACGTG	TCTCG	CGGAGATGAGG	GAGGAGTGCAA	-	-	-	-	Die nev	
101 Rhi bru	CGACG	---	TTTCG	T	TTTCCCACAGCACGTG	TCTCG	CGGAGATGAGG	GAGGAGTGCAA	-	-	-	-	Las zep		
108 Par tra	???????	???????	???????	???????	???????	???????	???????	???????	???????	???????	???????	???????	???????	Lip aus	
109 Hal lou	CGACG	---	TATCG	T	TTTCTGC	CAGCACGTG	TCTCG	CGGAGATGAGG	GAGGAGTGCAA	-	-	-	-	Meg gen	
111 Ala eph	???????	???????	???????	???????	???????	???????	???????	???????	???????	???????	???????	???????	???????	Mex ari	
112 Aug amp	CGACG	---	TTCGT	T	TTTCCGC	CAGCACGT	TCTCG	CGGAGATGAGG	GAGGAGTGCAA	-	-	-	-	Neo dis	
113 Aug cae	CGACG	---	TTCGT	T	TTTCCGC	CAGCACGT	TCTCG	CGGAGATGAGG	GAGGAGTGCAA	-	-	-	-	Nom fac	
116 The bra	CGATGG	---	TTCCCTT	T	TTTCCGC	CAGCACGTG	TCTCG	CGGAGATGAGG	GAGGAGTGCAA	-	-	-	-	Rui pro	
123 Pse sp	???????	???????	???????	???????	???????	???????	???????	???????	???????	???????	???????	???????	???????	Sph con	
127 Pse sim	CGACG	---	TTTC	T	TTTCCGC	CAGCACGTG	TCTCG	CGGAGATGAGG	GAGGAGTGCAA	-	-	-	-	Thr tor	
128 The bas	CGATGG	---	TTCCCTT	T	TTTCCGC	CAGCACGTG	TCTCG	CGGAGATGAGG	GAGGAGTGCAA	-	-	-	-		
130 Neo aen	CGACG	---	TTTCG	T	TTGCCG	CAGCACGTG	TCTCG	CGGAGATGAGG	GAGGAGTGCAA	-	-	-	-	2584	
132 Ais cup	CGACG	---	TTTCG	T	TTTCCGC	CAGCACGTG	TCTCG	CGGAGATGAGG	GAGGAGTGCAA	-	-	-	-	2589	
133 Par aff	CGACG	---	TTTCG	T	TTTCCGC	CAGCACGTG	TCTCG	CGGAGATGAGG	GAGGAGTGCAA	-	-	-	-	2594	
134 Tem spl	CGACG	---	TTTCG	T	TTTCCGC	CAGCACGTG	TCTCG	CGGAGATGAGG	GAGGAGTGCAA	-	-	-	-	2599	
141 Par bar	CGACG	---	TTTCG	T	TTTCCGC	CAGCACGTG	TCTCG	CGGAGATGAGG	GAGGAGTGCAA	-	-	-	-	2604	
142 And mic	CGACG	---	TTTCG	T	TTGTC	CCGCAGCACGTG	TCTCG	CGGAGATGAGG	GAGGAGTGCAA	-	-	-	-	2609	
143 Chl cya	CGACG	---	TTTCG	T	TTGTC	CCGCAGCACGTG	TCTCG	CGGAGATGAGG	GAGGAGTGCAA	-	-	-	-	2614	
145 Isc zon	CGACG	---	TTTCAT	T	TTTCCGC	CAGCACGTG	TCTCG	CGGAGATGAGG	GAGGAGTGCAA	-	-	-	-	2619	
146 Cor cog	CGACG	---	TTTCG	T	TTTCCCACAGCACGTG	TCTCG	CGGAGATGAGG	GAGGAGTGCAA	-	-	-	-	2624		
151 Isc les	???????	???????	???????	???????	???????	???????	???????	???????	???????	???????	???????	???????	???????	2629	
158 Nea see	CGACG	---	TTTCG	T	TTGTC	CCGCAGCACGTG	TCTCG	CGGAGATGAGG	GAGGAGTGCAA	-	-	-	-	2634	
159 Nea sp	CGACG	---	TTTCG	T	TTGTC	CCGCAGCACGT	TCTCG	CGGAGATGAGG	GAGGAGTGCAA	-	-	-	-	2639	
176 Ais sp	cgacg?	tttcgt?	tttccgc	cagcacgt	tctcg	cgagatg	aggcagg	gtgca	aa	-	-	-	-	2644	
177 Neo sp1	CGACG	---	TTTCG	T	TTGTC	CCGCAGCACGTG	TCTCG	CGGAGATGAGG	GAGGAGTGCAA	-	-	-	-	000Pen pen	
185 Cae sp1	???????	???????	???????	???????	???????	???????	???????	???????	???????	???????	???????	???????	???????	AGGTTGCCAAACTTCCGCGTGG	
189 Aes tur	CGACG	---	TTTCG	T	TTTCCGC	CAGCACGTG	TCTCG	CGGAGATGAGG	GAGGAGTGCAA	-	-	-	-	01 Rhi bri	
190 Cae ine	CGACG	---	TTTCG	T	TTTCCGC	CAGCACGTG	TCTCG	CGGAGATGAGG	GAGGAGTGCAA	-	-	-	-	06 Cer clo	
193 Meg gui	CGACG	---	GTGTTACG	TTTCTCC	CCCCC	CGCAGCACGTG	TCTCG	CGGAGATGAGG	GAGGAGTGCAA	-	-	-	-	100 The ala	
194 Cae mou	???????	???????	???????	???????	???????	???????	???????	???????	???????	???????	???????	???????	???????	101 Rhi bru	
196 Rec cat	???????	???????	???????	???????	???????	???????	???????	???????	???????	???????	???????	???????	???????	108 Par tra	
212 Ais cog	CGACG	---	TTTCG	T	TTTCCGC	CAGCACGT	TCTCG	CGGAGATGAGG	GAGGAGTGCAA	-	-	-	-	109 Hal lou	
21 Aug sem	CGACG	---	TTCTG	TTTCTTT	TTT	TTTCCGC	CAGCACGT	TCTCG	CGGAGATGAGA	GACAAG	GAGT	GTC	AA	111 Ala eph	
248 Ala aur	CGACG	---	TTTCG	T	TTTCCGC	CAGCACGTG	TCTCG	CGGAGATGAGG	GAGG	CAGG	AGT	GTC	AA	112 Aug amp	
253 Neo oio	CGACG	---	TTTCG	T	TTGTC	CCGCAGCACGTG	TCTCG	CGGAGATGAGG	GAGG	CAGG	AGT	GTC	AA	113 Aug cae	
254 Duf sp1	???????	???????	???????	???????	???????	???????	???????	???????	???????	???????	???????	???????	???????	116 The bra	
267 Sti eic	CGACG	---	TTTCG	T	TTTCCC	CGCAGCACGTG	TCTCG	CGGAGATGAGG	GAGG	CAGG	AGT	GTC	AA	123 Pse sp	
268 Aug JIR	CGACG	---	TTTCG	T	TTTCCGC	CAGCACGTG	TCTCG	CGGAGATGAGG	GAGG	CAGG	AGT	GTC	AA	127 Pse sim	
269 Noc fur	CGACG	---	GTGTTACG	TTTTC	CC	TTTCCGC	CAGCACGTG	TCTCG	CGGAGATGAGG	GAGG	CAGG	AGT	GTC	AA	128 The bas
26 Neo mel	CGACG	---	TTTCG	T	TTGTC	CCGCAGCACGTG	TCTCG	CGGAGATGAGG	GAGG	CAGG	AGT	GTC	AA	130 Neo aen	
270 Xen nig	CGACG	---	GTACGAA	TTTT	CCCCC	CGCAGCACGTG	TCTCG	CGGAGATGAGG	GAGG	CAGG	AGT	GTC	AA	132 Ais cup	
271 Mna sp1	CGACG	---	TTTCG	T	TTTCCGC	CAGCACGTG	TCTCG	CGGAGATGAGG	GAGG	CAGG	AGT	GTC	AA	133 Par aff	
30 Meg ins	CGACG	---	TATCG	T	TTTCCGC	CAGCACGTG	TCTCG	CGGAGATGAGG	GAGG	CAGG	AGT	GTC	AA	134 Tem sp1	
328 Tem sp2	GGACG	---	TTTCG	T	TTTCCGC	CAGCACGTG	TCTCG	CGGAGATGAGG	GAGG	CAGG	AGT	GTC	AA	141 Par bar	
329 Cae sp	CGACG	---	TTTCG	T	TTTCCGC	CAGCACGTG	TCTCG	CGGAGATGAGG	GAGG	CAGG	AGT	GTC	AA	142 And mic	
330 Aug sp	???????	???????	???????	???????	???????	???????	???????	???????	???????	???????	???????	???????	???????	143 Chl cya	
331 Ais sp	cgacg?	tttcgt?	tttccgc	cagcacgt	tctcg	cgagatg	aggcagg	gtgca	aa	-	-	-	-	145 Isc zon	
334 Meg min	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	146 Cor cog	
335 Aug rep	CGACG	---	TTCTG	T	TTTCCGC	CAGCACGT	TCTCG	CGGAGATGAGA	GACAAG	GAGT	GTC	AA	147 GTGCCACGGCATGTCGGCTCTGCACCGTCAAGACCTGCTGGATGAGG		
343 Pse pan	???????	???????	???????	???????	???????	???????	???????	???????	???????	???????	???????	???????	???????	GTGCCACGGCATGTCGGCTCTGCACCGTCAAGACCTGCTGGATGAGG	
46 Ala ura	???????	???????	???????	???????	???????	???????	???????	???????	???????	???????	???????	???????	???????	GTGCCACGGCATGTCGGCTCTGCACCGTCAAGACCTGCTGGATGAGG	
53 Ari pal	CGACG	---	TTCTCTTT	T	TTGTC	CCGCAGCACGTG	TCTCG	CGGAGATGAGG	GAGG	CAGG	AGT	GTC	AA	148 Ala aur	
77 Per sem	CGACG	---	TTCCG	T	TTTCCGC	CAGCACGT	TCTCG	CGGAGATGAGG	GAGG	CAGG	AGT	GTC	AA	149 Neo oio	
87 Mic lar	CGACG	---	ATCGTTT	T	TTTCCGC	CAGCACGTG	TCTCG	CGGAGATGAGG	GAGG	CAGG	AGT	GTC	AA	150 Duf sp1	
88 Ais spa	CGACG	---	TTTCG	T	TTTCCGC	CAGCACGTG	TCTCG	CGGAGATGAGG	GAGG	CAGG	AGT	GTC	AA	151 Sti eic	
90 Aes pol	CGACG	---	TTCCG	T	TTTCCGC	CAGCACGTG	TCTCG	CGGAGATGAGG	GAGG	CAGG	AGT	GTC	AA	152 Aug JIR	
92 Rhi inf	CGACG	---	TTTCG	T	TTTCCGC	CAGCACGTG	TCTCG	CGGAGATGAGG	GAGG	CAGG	AGT	GTC	AA	153 Noc fur	
														GTGCCACGGCATGTCGGCTCTGCACCGTCAAGACCTGCTGGATGAGG	

127 Pse sim CG-----AGGCAATGGAACCGCAGTACGCCAGCAACTCGG-CCAGCAACTCGGTGCACGGACATCGG
128 The bas CG-----CGGCAACGGAACCGCAGTACGCCAGCAACTCGG-CCAGCAACTCGGTGCACGGCACCGGG
130 Neo aen CG-----GGGAAATGGAACCGCAGTACGCCAGCAACTCGG-CCAGCAACTCGGTGCACGGCACCGGG
132 Ais cup -----
133 Par aff CG-----GGGCAATGGAACCGCAGTACGCCAGCAACTCGG-CCAGCAACTCGGTGCACGGCACCGGG
134 Tem spl CG-----GGGCAACGGAACCGCAGTACGCCAGCAACTCGG-CCAGCAACTCGGTGCACGGCACCGGG
141 Par bar CG-----GGGCAATGGAACCGCAGTACGCCAGCAACTCGG-CCAGCAACTCGGTGCACGGCACCGGG
142 And mic CG-----GGGCAATGGAACCGCAGTACGCCAGCAACTCGG-CCAGCAACTCGGTGCACGGCACCGGG
143 Chl cya CG-----GGGCAATGGAACCGCAGTACGCCAGCAACTCGG-CCAGCAATTCGGTGCACGGCACCGGG
145 Isc zon CG-----GGGCAATGGAACCGCAGTACGCCAGCAACTCGG-CCAGCAACTCGGTGCACGGCACCGGG
14 Cor cog CG-----GGGCAATGGAACCGCAGTACGCCAGCAACTCGG-CCAGCAACTCGGTGCACGGCACCGGG
151 Isc les ???
158 Nea see CG-----GGGCAATGGAACCGCAGTACGCCAGCAATTCTCGG-CCAGCAACTCGGTGCACGGCACCGGG
159 Nea sp CG-----GGGAAATGGAACCGCAGTACGCCAGCTTCCTCGG-CCAGCAACTCGGTGCACGGyCTCCGGG
176 Ais sp cg?????ggcaatgggaacgcgataggcagaactcg?ccagaactcggtgcacggccatcggy
177 Neo spl CG-----GGGAAATGGAACCGCAGTACGCCWkCwAyTCGG-CCAGCAACTCGGTGCACGGCACCGTG
185 Cae spl ???
189 Aes tur CG-----GGGCAATGGAACCGCAGTACGCCAGCAACTCGG-CCAGCAACTCGGTGCACGGCACCGGG
190 Cae ine CG-----TGGCAATGGAACCGCAGTACGCCAGCAATTCTCGG-CCAGCAACTCGGTGCACGGCACCGGG
193 Meg gui CG-----GGGCAACGGAACCGCAGTACGCCAGCAACTCGG-CCAGCAACTCGGTGCACGGCACCGGG
194 Cae mou ???
196 Rec cat ???
212 Ais cog CG-----GGGCAATGGAACCGCAGTACGCCAGCAACTCGG-CCAGCAACTCGGTGCACGGCACCGGG
21 Aug sem CG-----GGGCAACGGAACCGCAGTACGCCAGCAACTCGG-CCAGCAACTCGGTGCACGGCACCGGG
248 Ala aur CG-----GGGCAATGGAACCGCAGTACGCCAGCAACTCGG-CCAGCAATTCGGTGCATGGCACCGGG
253 Neo oio CG-----GGGAAATGGAACCGCAGTACGCCAGCAACTCGG-CCAGCAACTCGGTGCATGGCACCGGG
254 Duf spl ???
267 Sti eic CG-----GGGCAACGGAACCGCAGTACGCCAGCAACTCGG-CCAGCAACTCGGTGCACGGCACCGGG
268 Aug JIR CG-----TGGCAACGGAACCGCAGTACGCCAGCAACTCGG-CCAGCAATTCTCGGTGCACGGCACCGGG
269 Noc fur CG-----GGGCAACGGAACCGCAGTACGCCAGCAACTCGG-CCAGCAACTCGGTGCACGGCACCGGG
26 Neo mel CG-----GGGAAATGGAACCGCAGTACGCCAGCAACTCGG-CCAGCAACTCGGTGCACGGCACCGGG
270 Xen nig CG-----GGGCAACGGAACCGCAGTACGCCAGCAACTCGG-CCAGCAACTCGGTGCACGGCACCGGG
271 Mna spl CG-----GGGCAATGGAACCGCAGTACGCCAGCAACTCGG-CCAGCAACTCGGTGCACGGCACCGGG
30 Meg ins CG-----GGGCAATGGAACCGCAGTACGCCAGCAACTCGG-CCAGCAACTCGGTGCACGGCACCGGG
328 Tem sp2 CG-----GGGCAACGGAACCGCAGTACGCCAGCAACTCGG-CCAGCAACTCGGTGCACGGCATCGGG
329 Cae sp CG-----GGGCAATGGAACGCCATGGCAGCAACTCGG-CCAGCAACTCGGTGCACGGCACCGGG
330 Aug sp ???
331 Ais sp cg?????ggcaatgggaacgcgataggcagaactcg?ccagaactctgtgcacggccacggg
334 Meg min CG-----GGGCAATGGAACCGCAGTACGCCAGCAACTCGG-CCAGCAACTCGGTGCACGGCACCGGG
335 Aug rep CG-----TGGCAACGGAACCGCAGTACGCCAGCAACTCGG-CCAGCAACTCGGTGCACGGCACCGGG
343 Pse pan ???
46 Ala ura ???
53 Ari pal CG-----GGGCAACGGAACCGCAGTACGCCAGCAACTCGG-CCAGCAACTCGGTGCACGGCACCGGG
77 Per sem CG-----GGGCAACGGAACCGCAGTACGCCAGCAACTCGG-CCAGCAACTCGGTGCACGGCACCGGG
87 Mic lar CG-----GGGCAACGGAACCGCAGTACGCCAGCAACTCGG-CCAGCAACTCGGTGCACGGCACCGGG
88 Ais spa CG-----GGGCAATGGAACCGCAGTACGCCAGCAACTCGG-CCAGCAACTCGGTGCACGGCACCGGG
90 Aes pol CG-----GGGCAATGGAACCGCAGTACGCCAGCAACTCGG-CCAGCAACTCGGTGCACGGCACCGGG
92 Rhi inf CG-----GGGCAATGGAACCGCAGTACGCCAGCAACTCGG-CCAGCAACTCGGTGCACGGCACCGGG
Aga tyl CG-----CGGGAACGTTAACCGCAGTACGCCAGCAACTCGG-CCAGCAACTCGGTGCACGGCACCGGG
Ais met CG-----GGGCAATGGAACCGCAGTACGCCAGCAACTCGG-CCAGCAACTCGGTGCACGGCACCGGG
Ala pom CG-----GGGCAATGGAACCGCAGTACGCCAGCAACTCGG-CCAGCAACTCGGTGCACGGCACCGGG
Aug pur CG-----TGGCAACGGAACCGCAGTACGCCAGCAACTCGG-CCAGCAACTCGGTGCACGGCACCGGG
Con con ???
Cor pat CG-----GGGCAATGGAACCGCAGTACGCCAGCAACTCGG-CCAGCAACTCGGTGCACGGCACCGGG
Die nev CG-----CGGGAAATGGAACCGCAGTACGCCAGCAACTCGG-CCAGCAACTCGGTGCACGGCACCGGG
Las zep CG-----CGGTAAATGGAACCGCAGTACGCCAGCAACTCGG-CCAGCAACTCGGTGCACGGCACCGGG
Lip aus CG-----CGGGAAATGGAACCGCAGTACGCCAGCAACTCGG-CCAGTAATTCTCGGTGCACGGCACCGGG
Meg gen CG-----GGGCAACGGAACCGCAGTACGCCAGCAACTCGG-CCAGCAACTCGGTGCACGGCACCGGG
Mex ari CG-----GGGCAACGGAACCGCAGTACGCCAGCAACTCGG-CCAGCAACTCGGTGCACGGCACCGGG
Neo dis CG-----GGGAAATGGAACCGCAGTACGCCAGCAACTCGG-CCAGCAACTCGGTGCACGGCACCGGG
Nom fac CG-----GGGTAACGTTAACCGCAGTACGCCAGCAACTCGG-CCAGCAATTCTCGGTGCACGGTATCGGG
Rui pro CG-----TGGCAACGGAACCGCAGTACGCCAGCAACTCGG-CCAGCAACTCGGTGCACGGCACCGGG
Sph con CG-----GGGCAACGGAACCGCAGTACGCCAGCAACTCGG-CCAGCAATTCTCGGTGCACGGCACCGGG
Thr tor CGCGGGAAACGGGAACGGGAACCGCAGTACGCCAGCAACTCGG-CCAGCAACTCGGTGCACGGCACCGGG

	2788	2793	2798	2803	2808	2813	2818	2823	2828	2833	2838	2843	2848
2853													
000	Pen	pen	AGGGTCTGGGTCGTCGACATCGGTACAACCTCCAGCTGAAACCGTACAACCC-CGAGCACAAGCCACC										
01	Rhi	bri	ACGGTCTGGGTCGCCGTACAGGTACTACTCCAGTTGAAACCGTACAATCC-GGAGCACAAGCCGCC										
06	Cer	clo	ACGGGCTGGGTCGCCGCACAGGTACAACCTCCAGCTGAAACCGTACAATCC-GGAGCACAAGCCGCC										
100	The	ala	ACGGGCTGGTGC CGGGCACAGGTACAACCTCCAGCTGAAACCGTACAATCC-GGAGCACAAGCCGCC										
101	Rhi	bru	ACGGTCTGGTGC CGGGCACAGGTACAACCTCCAGCTGAAACCGTACAATCC-GGAGCACAAGCCGCC										
108	Par	tra	???										
109	Hal	lou	ACGGTCTGGGTCGTCGACACAGGTACAACCTCCAGCTGAAACCGTACAATCC-GGAGCATAAGCCGCC										
111	Ala	eph	???										
112	Aug	amp	ACGGGCTGGGTCGCCGCACAGGTACAACCTCCAGCTGAAACCGTACAATCC-GGAGCACAAGCCGCC										
113	Aug	cae	ACGGGCTGGGTCGCCGCACAGGTACAACCTCCAGCTGAAACCGTACAATCC-GGAGCACAAGCCGCC										
116	The	bra	ACGACTCTGGTGC CGGGCACAGGTACAACCTCCAGCTGAAACCGTACAATCC-GGAGCACAAGCCGCC										
123	Pse	sp	???										
127	Pse	sim	ACGGGTTGGGTCGTCGGCATAGGTACAACCTCCAGCTGAAACCGTACAATCC-GGAGCACAAGCCGCC										
128	The	bas	ACGGGCTGGTGC CGGGCACAGGTACAACCTCCAGCTGAAACCGTACAATCC-GGAGCACAAGCCGCC										
130	Neo	aen	ATGGGCTGGGTCGCCGCACAGGTACAACCTCCAGCTGAAACCGTACAATCC-GGAGCATAAACCGCC										
132	Ais	cup	-----										
133	Par	aff	ACGGGTTGGGTCGCCGCACAGGTACAACCTCCAGCTGAAACCGTACAATCC-GGAGCACAAGCCGCC										
134	Tem	sp1	ACGGACTGGGTCGCGGCACAGGTACAACCTCCAGCTGAAACCGTACAATCC-GGAGCATAAGCCGCC										
141	Par	bar	ACGGGTTGGGTCGCCGCACAGGTACAACCTCCAGCTGAAACCGTACAATCC-GGAGCACAAGCCGCC										
142	And	mic	ACGGGCTGGTGC CGGGCACAGGTACAACCTCCAGCTGAAACCGTACAATCC-GGAGCACAAGCCGCC										
143	Chl	cya	ACGGGCTGGTGC CGGGCACAGGTACAACCTCCAGCTGAAACCGTACAATCC-GGAGCACAAGCCGCC										
145	Isc	zon	ATGGTCTGGGTCGCCGCACAGGTACAACCTCCAGCTGAAACCGTACAATCC-GGAGCACAACCGCC										
14	Cor	cog	ACGGTCTGGGTCGCCGTACAGGTACAACCTCCAGCTGAAACCGTACAATCC-GGAGCACAAGCCGCC										
151	Isc	les	???										
158	Nea	see	ACGGGCTGGGTCGCCGCATAGGTACAACCTCCAGCTGAAACCGTACAATCC-GGAGCACAAGCCGCC										
159	Nea	sp	ACGGGCTGGGTCGCCGCAGCAGGTACAACCTCCAGCTGAAACCGTACAATCCGGAGCACAR-CCGCC										
176	Ais	sp	acggctctggccgcggcacaggtaacaactccagttgaaaccgtacaatcc?ggagcacaagccgcc										
177	Neo	sp1	ATGGGCTGGGTCGCCGCACAGGTACAACCTCCAGCTGAAACCGTACAATCC-GGAGCACAAGCCCTCC										
185	Cae	sp1	???										
189	Aes	tar	ACGGGCTGGGTCGCCGCACAGGTACAACCTCCAGCTGAAACCGTACAATCC-GGAGCACAAGCCGCC										
190	Cae	ine	ACGGGCTGGGTCGCCGCACAGGTACAACCTCCAGCTGAAACCGTACAATCC-GGAGCACAAGCCGCC										
193	Meg	gui	ACGGATTGGGCCGCCGCACAGGTACAACCTCCAGCTGAAACCGTACAATCC-GGAGCACAAGCCGCC										
194	Cae	mou	???										
196	Rec	cat	???										
212	Ais	cog	ACGGTCTGGGCCGCCGTACAGGTACAACCTCCAGCTGAAACCGTACAATCC-GGAGCACAAGCCGCC										
21	Aug	sem	ACGGGCTCGGTCGCCGCACAGGTACAACCTCCAGCTGAAACCGTACAATCC-GGAGCACAAGCCCCC										
248	Ala	aur	ACGGCCTGGGTCGCCGCACAGGTACAACCTCCAGCTGAAACCGTACAATCC-GGAGCATAAGCCGCC										
253	Neo	oio	ATGGGCTGGGTCGCCGCACAGGTACAACCTCCAGCTGAAACCGTACAATCC-GGAGCACAACCGCC										
254	Duf	sp1	???										
267	Sti	eic	ACGGGCTGGGCCGCCACAGGTACAACCTCCAGCTGAAACCGTACAACCC-GGAGCACAAGCCGCC										
268	Aug	JIR	ACGGGCTGGGTCGCCGCACAGGTACAACCTCCAGCTGAAACCGTACAATCC-GGAGCACAAGCCGCC										
269	Noc	fur	ACGGATTGGGCCGCCGCACAGGTACAACCTCCAGCTGAAACCGTACAATCC-GGAGCACAAGCCGCC										
26	Neo	mel	ATGGGCTGGGTCGCCGCACAGGTACAACCTCCAGCTGAAACCGTACAATCC-GGAGCACAACCGCC										
270	Xen	nig	ACGGGCTGGGCCGCCACAGGTACAACCTCCAGCTGAAACCGTACAATCC-GGAGCACAAGCCGCC										
271	Mna	sp1	ACGGGCTGGGTCGCCGCACAGGTACAACCTCCAGCTGAAACCGTACAATCC-GGAGCACAAGCCGCC										
30	Meg	ins	ACGGGCTGGGTCGCCGCACAGGTACAACCTCCAGCTGAAACCGTACAATCC-TGAGCCAAGCCGCC										
328	Tem	sp2	ACGGACTGGGTCGCGGCACAGGTACAACCTCCAGCTGAAACCGTACAATCC-GGAGCATAAGCCGCC										
329	Cae	sp	ACGGGCTGGGTCGCCGCACAGGTACAACCTCCAGCTGAAACCGTACAATCC-GGAGCACAAGCCGCC										
330	Aug	sp	???										
331	Ais	sp	acggctctggacggcgtcataggtacaactccagtgaaaccgtacaatcc?ggagcacaagccgcc										
334	Meg	min	ACGGGCTGGGTCGCCGCACAGGTACAACCTCCAGCTGAAACCGTACAATCC-GGAGCACAAGCCGCC										
335	Aug	rep	ACGGGCTGGGTCGCCGCATAGGTACAACCTCCAGCTGAAACCGTACAATCC-GGAGCACAAGCCGCC										
343	Pse	pan	???										
46	Ala	ura	???										
53	Ari	pai	ACGGCTGGGTCGCCGCACAGGTACAACCTCCAGCTGAAACCGTATAATCC-GGAGCACAAGCCGCC										
77	Per	sem	ACGGGCTGGGTCGCCGCACAGGTACAACCTCCAGCTGAAACCGTACAATCC-GGAGCACAAGCCGCC										
87	Mic	lar	ACGGGCTGGGCCGCCGCACAGGTACAACCTCCAGCTGAAACCGTACAATCC-GGAGCACAAGCCGCC										
88	Ais	spa	ACGGTCTGGGCCGCCGTACAGGTACAACCTCCAGCTGAGACCGTACAATCC-GGAGCACAAGCCGCC										
90	Aes	pol	ACGGGCTAGGTGCCGCCACAGGTACAACCTCCAGCTGAAACCGTACAATCC-GGAGCACAAGCCGCC										
92	Rhi	inf	ATGGGCTGGGTCGCCGTACAGGTACAACCTCCAGCTGAAACCGTACAATCC-GGAGCACAAGCCGCC										

Aga tyl	AAGGTTGGTCCCGCATCGTACAACTTCAGCTGAAACCGTACAACCCC-GGAGCACAAGCTCC	271	Mna sp1	CGGGCCGAAGGATCTGGTCTACCTGGAGCGCTCGCCGCGTTCTCGGAGAAGAACCCGAAGTTGGCA										
Ais met	ACGGTCTGGGCCGGCATCGTACACTTCAGCTGAAACCGTACAATCC-GGAGCACAAGCCGC	30	Meg ins	CGGGCCGAAGGATCTGGTCTACCTGGAGCGCTCGCCGCGTTCTCGGAGAAGAACCCGAAGTTGGCA										
Ala pom	ACGGGCTGGTCCCGCACAGGTAYAACTTCAGCTGAGGCCATACATCC-GGAGCATAAGCCGCC	328	Tem sp2	CGGGCCGAAGGACTGGTCTACCTGGAGCGCTCGCCGCGTTCTCGGAGAAGAACCCGAAGTTGGCA										
Aug pur	ACGGGCTGGGCCCGCACAGGTACACTTCAGCTGAGGCCATACATCC-GGAGCACAAGCCGCC	329	Cae sp	CGGGCCAAGGAYCTGGTCTATCTGGAGCGCTCGCCGCGTTCTCGGAGAAGAACCCAAACTGGGA										
Con con	???	330	Aug sp	???										
Cor pat	ATGGTCTGGTCCCGCACAGGTACACTTCAGCTGAAACCGTACAATCC-GGAGCACAAGCCGCC	331	Ais sp	cgggccaaggactgtctatctggagccgtcgccgcgttcggagaagaaccgcgaactggca										
Die nev	AAGGTCTGGTCCCGCACAGGTACACTTCAGCTGAAACCGTACAACCCC-CGAGCACAAGCTCC	334	Meg min	CGGGCCGAAGGACTGGTCTACCTGGAGCGCTCGCCGCGTTCTCGGAGAAGAACCCGAAGTTGGCA										
Las zep	AAGGTCTGGTCCCGCACAGGTACACTTCAGCTGAAACCGTACAACCCC-GGAGCACAAGCCGCC	335	Aug rep	CGGGCCAAGGACTGGTCTACCTGGAGCGCTCCCGCGCTTTCGAGAAGAACCTCGAAGCTGGCA										
Lip aus	ACGGCCTGGTCCCGCACAGGTACACTTCAGCTGAGGCCATACATCC-GGAGCACAAGCCGCC	343	Pse pan	???										
Meg gen	ACGGATTGGGCCCGCACAGGTACACTTCAGCTGAAACCGTACAATCC-GGAGCACAAGCCGCC	46	Ala ura	???										
Mex ari	AGGGTTGGTCCCGCACAGGTACACTTCAGCTGAAACCGTACAACCCC-GGAGCACAAGCCGCC	53	Ari pal	CGGGCCAAGGACTGGTCTACCTGGAGCGCTCGCCGCGTTCTCGGAGAAGAACCCGAAGCTGGGA										
Neo dis	ATGGGCTGGTCCCGCACAGGTACACTTCAGCTGAAACCGTACAATCC-GGAGCACAAGCCGCC	77	Per sem	CGGGCCAAGGACTGGTCTACCTGGAGCGCTCGCCGCGTTCTCGGAGAAGAACCCAAACTGGCA										
Nom fac	AGGGTTAGGGCGAGACATAGGTACAACTTCAGTTGAGAACCGTACAACCCC-GGAACACAAAGCCGC	87	Mic lar	CGGGCCAAGGACTGGTCTACCTGGAGCGCTCGCCGCGTTCTCGGAGAAGAACCCGAAGTTGGCA										
Rui pro	AGGGTTGGTCCCGCACAGGTACACTTCAGCTGAAACCGTACAACCCC-GGAGCACAAGCCGCC	88	Ais spa	CGGGCCAAGGACTGGTCTACCTGGAGCGCTCGCCGCGTTCTCGGAGAAGAACCCGAAGCTGGCA										
Sph con	ATGGCTGGTCCCGCACAGGTACACTTCAGCTGAGGCCATACATCC-GGAGCACAAGCCGCC	90	Aes pol	CGGGCCAAGGACTGGTCTACCTGGAGCGCTCGCCGCGTTCTCGGAGAAGAACCCGAAGCTGGCA										
Thr tor	AGGGTTGGTCCCGCACAGGTACACTTCAGCTGAAACCGTACAACCCC-GGAGCACAAGCCrcc	92	Rhi inf	CGGACCAAGGACTGGTCTACCTGGAGCTTCTCGCCGCGTTCTCGGAGAAGAACCCGAAGCTGGCA										
			Aga tyl	CGGGCCAAGGACTGGTCTACCTGGAGCTTCGCCGCGTTCTCGGAGAAGAACCTAAAGCTGGCA										
2856	2861	2866	2871	2876	2881	2886	2891	2896	2901	2906	2911	2916	Ais met	CGGGCCAAGGACTGGTCTACCTGGAGCTTCGCCGCGTTCTCGGAGAAGAACCCGAAGCTGGCA
2921	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Ala pom	CGGGCCAAGGACTGGTCTACCTGGAGCGCTCGCCGCGTTCTCGGAGAAGAACCCGAAGCTGGCA
000Pen pen	AGGGCCCAAGGACTGGTATACCTGGAGCCGCTGCCGTTCTCGGAGAAGAACCCGAAGCTGGTA	Con con	CGGGCCAAGGACTGGTCTACCTGGAGCGCTCGCCGCGTTCTCGGAGAAGAACCCGAAGCTGGCA											
01 Rhi bri	CGGGCCCAAGGACTGGTCTATCTGGAGCGCTGCCGTTCTCGGAGAAGAACCCGAAGCTGGCA	Cor pat	CGGACCAAGGACTGGTCTACCTGGAGCGCTGCCGCGTTCTCGGAGAAGAACCCGAAGCTGGCA											
06 Cer clo	CGGGCCCAAGGACTGGTCTACCTGGAGCGCTGCCGTTCTCGGAGAAGAACCCGAAGCTGGCA	Die nev	CGGGCCCAAGGACTGGTCTACCTGGAGCGCTGCCGCGTTCTCGGAGAAGAACCTAACTAGGGCA											
100 The ala	CGGGCCCAAGGACTGGTCTACCTGGAGCGCTGCCGTTCTCGGAGAAGAACCCGAAGCTGGCA	Las zep	GGGGCCAAGGACTGGTCTACCTGGAGCGCTGCCGCGTTCTCGGAGAAGAACCCGAAGCTGGCA											
101 Rhi bru	CGGGCCCAAGGACTGGTCTACCTGGAGCGCTGCCGTTCTCGGAGAAGAACCCGAAGCTGGCA	Lip aus	CGGTCAGGACTGGTCTACCTGGAGCGCTGCCGCGTTCTCGGAGAAGAACCCGAAGCTGGCA											
108 Par tra	???	Meg gen	CGGGCCCAAGGACTGGTCTATCTGGAGCGCTGCCGCGTTCTCGGAGAAGAACCCGAAGATGGGA											
109 Hal lou	CGGACCAAGGACTGGTTACCTAGAGCCGTGCGCGCTTTGCGAGAAGAACCCGAAGCTGGCA	Mex ari	CGGGCCCAAGGACTGGTCTACCTGGAGCGCTGCCGCGTTCTCGGAGAAGAACCCGAAGCTGGGA											
111 Ala eph	???	Neo dis	CGGGCCAAGGACTGGTCTACCTGGAGCGCTGCCGCGTTCTCGGAGAAGAACCCGAAGCTGGCA											
112 Aug amp	CGGGCCCAAGGACTGGTCTACCTGGAGCGCTGCCGTTCTCGGAGAAGAACCTGAAGCTGGCA	Nom fac	CGGTCAGGACTGGTACTTGGAAACCGTGCCTGCCGCGTTCTCGGAGAAGAACCCGAACACTGGTA											
113 Aug cae	CGGGCCCAAGGACTGGTCTACCTGGAGCGCTGCCGTTCTCGGAGAAGAACCTGAAGCTGGCA	Rui pro	CGGACCAAGGACTGGTCTACCTGGAGCGCTGCCGCGTTCTCGGAGAAGAACCCGAAGCTGGTA											
116 The bra	CGGGCCCAAGGACTGGTCTACCTGGAGCGCTGCCGCGTTCTCGGAGAAGAACCCGAACACTGGCA	Sph con	CGGGCCCAAGGACTGGTCTACCTGGAGCGCTGCCGCGTTCTCGGAGAAGAACCCGAACACTGGCA											
123 Pse sp	???	Thr tor	CGGGCCCAAGGACTGGTCTACCTGGAGCGCTGCCGCGTTCTCGGAGAAGAACCCGAACACTGGCA											
127 Pse sim	CGGGCCCAAGGACTGGTCTACCTGGAGCGCTGCCGCGTTCTCGGAGAAGAACCCGAAGCTGGCA												2984	
128 The bas	CGGGCCCAAGGACTGGTCTACCTGGAGCGCTGCCGCGTTCTCGGAGAAGAACCCAAACTGGCA	2924	2929	2934	2939	2944	2949	2954	2959	2964	2969	2974	2979	
130 Neo aen	CGGGCCCAAGGACTGGTCTACCTGGAGCGCTGCCGCGTTCTCGGAGAAGAACCCGAAGCTGGCA	2989	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
132 Ais cup	-	000Pen pen	TCCCTGGTACCCACGGTACAGCTGCAACGACAGGATCGGGTCTGAGCTGATGTGC											
133 Par aff	CGGGCCCAAGGACTGGTCTACCTGGAGCGCTGCCGCGTTCTCGGAGAAGAACCCGAAGCTGGCA	01 Rhi bri	TCCCTGGCACTCACGGCAGACAGTGCACAGCACAGCATAGGGCTGGACGGCTGAGCTGATGTGC											
134 Tem sp1	CGGGCCCAAGGACTGGTCTACCTGGAGCGCTGCCGCGTTCTCGGAGAAGAACCCGAAGCTGGCA	06 Cer clo	TCCCTGGCACCCACGGCAGACAGTGCACAGCACAGCATAGGGCTGGACGGCTGAGCTGATGTGC											
141 Par bar	CGGGCCCAAGGACTGGTCTACCTGGAGCGCTGCCGCGTTCTCGGAGAAGAACCCGAAGCTGGCA	100 The ala	TCCCTGGCACCCACGGCAGACAGCATAGGCAGACACCAGCATAGGGCTGGACGGCTGAGCTGATGTGC											
142 And mic	CGGGCCCAAGGACTGGTCTATCTGGAGCGCTGCCGCGTTCTCGGAGAAGAACCCGAAGCTGGCA	101 Rhi bru	TCCCTGGCACCCACGGCAGACAGTCACAGTCACAGCACAGCATAGGGCTGGACGGCTGAGCTGATGTGC											
143 Chl cya	CGGGCCCAAGGACTGGTCTACCTGGAGCGCTGCCGCGTTCTCGGAGAAGAACCCGAAGTGGCA	108 Par tra	???											
145 Isc zon	CGGGCCCAAGGACTGGTCTACCTGGAGCGCTGCCGCGTTCTCGGAGAAGAACCCGAAGCTGGCA	109 Hal lou	TCCCTGGCACTCACGGCAGACAATGCAACGACACCGCATAGGGCTGGACGGTTCTCGGAGCTGATGTGC											
144 Cor cog	CGGGCCCAAGGACTGGTCTACCTGGAGCGCTGCCGCGTTCTCGGAGAAGAACCCGAAGCTGGCA	111 Ala eph	???											
151 Isc les	???	112 Aug amp	TCCCTGGCACCCACGGCAGACAGTCACAGCACAGCACAGCATAGGGCTGGACGGCTGAGCTGATGTGC											
158 Nea see	CGGGCCCAAGGACTGGTCTATCTGGAGCGCTGCCGCGTTCTCGGAGAAGAACCCGAAGCTGGAA	113 Aug cae	TCCCTGGCACCCACGGCAGACAGTCACAGTCACAGCACAGCATAGGGCTGGACGGCTGAGCTGATGTGC											
159 Nea sp	CGGGCCCAAGGACTGGTCTACCTGGAGCGCTGCCGCGTTCTCGCAGAAGAACCCGAAGCTGGSCA	116 The bra	TCCCTGGCACCCACGGCAGACAGTCACAGCACAGCATAGGGCTGGACGGCTGAGCTGATGTGC											
176 Ais sp	cgggccaaggactgttcatctggacccgtccggccgggttcgcgaaaggacccgaaggctggca	123 Pse sp	???											
177 Neo sp1	CGGGCCCAAGGACTGGTCTACCTGGAGCGCTGCCGCGTTCTCGGAGAAGAACCCGAAGCTGGCA	127 Pse sim	TCCCTGGTACCCACGGCAGACAGTCACAGCACACCGCATAGGGCTGGACGGCTGAGCTGATGTGC											
185 Cae sp1	???	128 The bas	TCCCTGGCACCCACGGCAGACAGTCACAGCACAGCATAGGGCTGGACGGCTGAGCTGATGTGC											
189 Aes tur	CGGGCCCAAGGACTCTGCTACCTGGAGCGCTGCCGCGTTCTCGGAGAAGAACCCGAAGCTGGCA	130 Neo aen	TCCCTGGCACCCACGGCAGACAGTCACAGCACAGCATAGGGCTGGACGGCTGAGCTGATGTGT											
190 Cae ine	CGGGCCCAAGGACTCTGCTACCTGGAGCGCTGCCGCGTTCTCGGAGAAGAACCCAAACTGGGA	132 Ais cup	-											
193 Meg qui	CGGGCCCAAGGACTCTGCTATCTGGAGCGCTGCCGCGTTCTCGGAGAAGAACCCGAAGATGGGA	133 Par aff	TCCCTGGCACCCACGGCAGACAGTCACAGCACACCGCATAGGGCTGGACGGTTCTCGGACCTGATGTGC											
194 Cae mou	???	134 Tem sp1	TCCCTGGCACCCACGGCAGACAGTCACAGCACACCGCATAGGGCTGGACGGTTCTCGGACCTGATGTGC											
196 Rec cat	???	141 Par bar	TCCCTGGCACCCACGGCAGACAGTCACAGCACACCGCATAGGGCTGGACGGTTCTCGGACCTGATGTGC											
212 Ais cog	CGGACCAAGGACTGGTCTACCTGGAGCGCTGCCGCGTTCTCGGAGAAGAACCCGAAGCTGGCA	142 And mic	TCCCTGGCACCCACGGCAGACAGTCACAGCACACCGCATAGGGCTGGACGGCTGAGCTGATGTGC											
21 Aug sem	CGGGCCCAAGGACTGGTCTACCTGGAGCGCTGCCGCGTTCTCGGAGAAGAACCCGAAGCTGGCA	143 Chl cya	TCCCTGGCACCCACGGCAGACAGTCACAGCACACCGCATAGGGCTGGACGGTTCTCGGACCTGATGTGC											
248 Ala aur	CGGACCAAGGACTGGTCTACCTGGAGCGCTGCCGCGTTCTCGGAGAAGAACCCGAAGCTGGCA	145 Isc zon	TCCCTGGCACCCACGGCAGACAGTCACAGCACACCGCATAGGGCTGGACGGTTCTCGGACCTGATGTGC											
253 Neo oio	CGGGCCCAAGGACTGGTCTACCTGGAGCGCTGCCGCGTTCTCGGAGAAGAACCCGAAGCTGGCA	144 Cor cog	TCCCTGGCACCCACGGCAGACAGTCACAGCACACCGCATAGGGCTGGACGGTTCTCGGACCTGATGTGC											
254 Duf sp1	???	151 Isc les	???											
267 Sti eic	CGGGCCCAAGGACTGGTCTACCTGGAGCGCTGCCGCGTTCTCGGAGAAGAACCCGAAGCTGGCA	158 Nea see	TCCCTGGCACCCACGGCAGACAGTCACAGCACACCGCATAGGGCTGGACGGCTGAGCTGATGTGC											
268 Aug JIR	CGGGCCCAAGGAYATTGGTCTACCTGGAGCGCTGCCGCGTTCTCGGAGAAGAACCCGAAGCTGGCA	159 Nea sp	TCCCTGGCACCCACGGCAGACAGTCAGGAGCACAGTCAGGAGCACAGTCAGGAGCACAGTCAGTGTGT											
269 Noc fur	CGGGCCCAAGGACTCTGCTACCTGGAGCGCTGCCGCGTTCTCGGAGAAGAACCCGAAGATGGGA	176 Ais sp	tccctggcacccacggcagrcgatcgcacaccaatcgatcgatgtgc											
266 Neo mel	CGGGCCCAAGGACTGGTCTACCTGGAGCGCTGCCGCGTTCTCGGAGAAGAACCCGAAGCTGGCA	177 Neo sp1	TCCCTGGCACCCACGGCAGACAGTCACAGCACACCGCATAGGGCTGGACGGCTGAGCTGATGTGT											
270 Xen rii	CGGGCCCAAGGACTGGTCTACCTGGAGCGCTGCCGCGTTCTCGGAGAAGAACCCAAAATGGGA													

185 Cae sp1 ???
 189 Aes tur TCCTCGCACCCACGGCAGACAGTGAACGACACCAGCATAGCGTGGACGCCCTGATGTGC
 190 Cae ine TCCTCGCACCCACGGCAGACAGTGAACGACACCAGCATAGCGTGGACGCCCTGATGTGC
 193 Meg gui TCCTCGCACCCACGGCAGACAGTGAACGACACCAGCATAGCGTGGACGCCCTGATGTGC
 194 Cae mou ???
 196 Rec cat ???
 212 Ais cog TyCTCGCACCCACGGCAGACAGTGAACGACACCAGCATAGCGTGGACGCCCTGATGTGC
 21 Aug sem TCCTCGCACCCACGGCAGACAGTGAACGACACCAGCATAGCGTGGACGCCCTGATGTGC
 248 Ala aur TCCTCGCACCCACGGCAGACAGTGAACGACACCAGCATAGCGTGGACGCCCTGATGTGC
 253 Neo oio TCCTCGCACCCACGGCAGACAGTGAACGACACCAGCATAGCGTGGACGCCCTGATGTGC
 254 Duf sp1 ???
 267 Sti eic TCCTCGCACCCACGGCAGACAGTGAACGACACCAGCATAGCGTGGACGCCCTGATGTGC
 268 Aug JIR TCCTCGCACCCACGGCAGACAGTGAACGACACCAGCATAGCGTGGACGCCCTGATGTGC
 269 Noc fur TCCTCGCACCCACGGCAGACAGTGAACGACACCAGCATAGCGTGGACGCCCTGATGTGC
 26 Neo mel TCCTCGCACCCACGGCAGACAGTGAACGACACCAGCATAGCGTGGACGCCCTGATGTGT
 270 Xen nig TCCTCGCACCCACGGCAGACAGTGAACGACACCAGCATAGCGTGGACGCCCTGATGTGC
 271 Mna sp1 TCCTCGCACCCACGGCAGACAGTGAACGACACCAGCATAGCGTGGACGCCCTGATGTGC
 30 Meg ins TCCTCGCACCCACGGCAGACAGTGAACGACACCAGCATAGCGTGGACGCCCTGATGTGC
 328 Tem sp2 TCCTCGCACCCACGGCAGACAGTGAACGACACCAGCATAGCGTGGACGCCCTGATGTGC
 329 Cae sp TCCTCGCACCCACGGCAGACAGTGAACGACACCAGCATAGCGTGGACGCCCTGATGTGC
 330 Aug sp ???
 331 Ais sp tctcggacccacggcagacactgcaacgacaccaggataggcgctcgacggctgcgaacctgtatgtgc
 334 Meg min TCCTCGCACCCACGGCAGACAGTGAACGACACCAGCATAGCGTGGACGCCCTGATGTGC
 335 Aug rep TCCTCGCACCCACGGTAGACAGTGAACGACACCAGCATAGCGTGGACGCCCTGATGTGC
 343 Pse pan ???
 46 Ala ura ???
 53 Ari pal TCCTCGCACCCACGGCAGACAGTGAACGACACCAGCATAGCGTGGACGCCCTGATGTGC
 77 Per sem TCCTTGCACCCACGGCAGACAGTGAACGACACCAGCATAGCGTGGACGCCCTGATGTGC
 87 Mic lar TCCTCGCACCCACGGCAGACAGTGAACGACACCAGCATAGCGTGGACGCCCTGATGTGC
 88 Ais spa TCCTCGCACCCACGGCAGACAGTGAACGACACCAGCATAGCGTGGACGCCCTGATGTGC
 90 Aes pol TCCTCGCACCCACGGCAGACAGTGAACGACACCAGCATAGCGTGGACGCCCTGATGTGC
 92 Rhi inf TCCTCGCACCCACGGCAGACAGTGAACGACACCAGCATAGCGTGGACGCCCTGATGTGC
 Aga tyl TCCCTGGTACCCACGGCAGACAGTGAACGACACCAGCATGGCGTGCAGCCTGACGCCCTGATGTGC
 Ais met TCCTCGCACCCACGGCAGACAGTGAACGACACCAGCATAGCGTGGACGCCCTGATGTGC
 Ala pom TCCTCGCACCCACGGCAGACAGTGAACGACACCAGCATAGCGTGGACGCCCTGATGTGC
 Aug pur TCCTCGCACCCACGGCAGACAGTGAACGACACCAGCATAGGGTGGACGCCCTGACGCCCTGATGTGC
 Con con ???
 Cor pat TCCTCGTACCCACGGCAGACAGTGAACGACACCAGCATAGCGTGGACGCCCTGACGCCCTGATGTGC
 Die nev TCCTCGCACCGCAGCTAGAGTGAACGACACCAGCATGGAGTCAGCCTGACGCCCTGATGTGC
 Las zep TCCTCGGACCCACGGTAGACAGTGAACGACACCAGCATGGAGTCAGCCTGACGCCCTGATGTGC
 Lip aus TCCTCGGACCCACGGCAGACAGTGAACGACACCAGCATGGAGTCAGCCTGACGCCCTGATGTGC
 Meg gen TCCTCGGACCCACGGCAGACAGTGAACGACACCAGCATGGAGTCAGCCTGACGCCCTGATGTGC
 Mex ari TCCTCGGACCCACGGCAGACAGTGAACGACACCAGCATGGAGTCAGCCTGACGCCCTGATGTGC
 Neo dis TCCTCGCACCCACGGCAGACAGTGAACGACACCAGCATAGCGTGGACGCCCTGACGCCCTGATGTGC
 Nom fac TCCTGGGACCGACGGCAGACAGTGAACGACACCAGATCGCGTGGACGCCCTGACGCCCTGATGTGC
 Rui pro TCCTGGGACCCACGGGAGACAGTGAACGACACCAGCATAGCGTGGACGCCCTGACGCCCTGATGTGC
 Sph con TCCTCGGACCCACGGGAGACAGTGAACGACACCAGCATAGCGTGGACGCCCTGACGCCCTGATGTGC
 Thr tor TCCTCGCACCCACGGGAGACAGTGAACGACACCAGCATAGCGTGGACGCCCTGACGCCCTGATGTGC

TABLE 45. Characters 2992 - 3042

	2992	2997	3002	3007	3012	3017	3022	3027	3032	3037	3042
000Pen pen											
01 Rhi bri	TGCGGCAGAGGCTACAAGACCCAAGGAGGTGACGGTCTGGAGAGATGCCG	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
06 Cer clo	TGCGGCAGAGGCTACAAGACCCAAGGAGGTGACGGTCTGGAGAGGTGCC	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
100 The ala	TGCGGCAGAGGCTACAAGACCCAAGGAGGTGACGGTCTGGAGAGGTGCC	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
101 Rhi bru	TGCGGCAGAGGCTACAAGACCCAAGGAGGTGACGGTCTGGAGAGGTGCC	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
108 Par tra	??	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
109 Hal lou	TGCGGCAGAGGCTACAAGACCCAAGGAGGTGACGGTCTGGAGAGGTGCC	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
111 Ala eph	??	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
112 Aug amp	TGCGGTAGAGGCTACAAGACCCAAGGAGGTGACGGTCTGGAGAGGTGCC	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
113 Aug cae	TGCGGCAGAGGCTACAAGACCCAAGGAGGTGACGGTCTGGAGAGGTGCC	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
116 The bra	TGCGGCAGAGGCTACAAGACCCAAGGAGGTGACTGGTCTGGAGAGGTGCC	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-

123 Pse sp ???
 127 Pse sim TGCGGCAGAGGCTACAAGACCCAAGGAGGTGACGGTCTGGAGAGGTGCC
 128 The bas TGCGGCAGAGGCTACAAGACCCAAGGAGGTGACGGTCTGGAGAGGTGCC
 130 Neo aer TGCGGCAGAGGCTACAAGACCCAAGGAGGTGACGGTCTGGAGAGGTGCC
 132 Ais cup -----
 133 Par aff TGCGGCAGAGGCTACAAGACCCAAGGAGGTGACGGTCTGGAGAGGTGCC
 134 Tem sp1 TGCGGCAGAGGCTACAAGACCCAAGGAGGTGACGGTCTGGAGAGGTGCC
 141 Par bar TGCGGCAGAGGCTACAAGACCCAAGGAGGTGACGGTCTGGAGAGGTGCC
 142 And mic TGCGGCAGAGGCTACAAGACCCAAGGAGGTGACGGTCTGGAGAGGTGCC
 143 Chl cya TGCGGCAGAGGCTACAATACCAAGAGGTGACGGTCTGGAGAGGTGCC
 145 Isc zon TGCGGCAGAGGCTACAAGACCCAAGGAGGTGACGGTCTGGAGAGGTGCC
 14 Cor cog TGCGGCAGAGGCTACAAGACCCAAGGAGGTGACGGTCTGGAGAGGTGCC
 151 Isc les ???
 158 Nea see TGCGGCAGAGGCTACAAGACCCAAGGAGGTGACGGTCTGGAGAGGTGCC
 159 Nea sp yCGGGCAGAGGCTAcwAGACCCAAGGAGGTGACGGGCCyCGAGAGGTGCC
 176 Ais sp tgccgcagaggctacaagacccaagaggtaacggctgtcgagaggctgcgc
 177 Neo sp TGCGGCAGAGGCTACAAGACCCAAGGAGGTGACGGTCTGGAGAGGTGCC
 185 Cae sp1 ?????????????????????????????????????
 189 Aes tur TGCGGCAGAGGCTACAAGACCCAAGGAGGTGACGGTCTGGAGAGGTGCC
 190 Cae ine TGCGGCAGAGGCTACAAGACCCAAGGAGGTGACGGTCTGGAGAG-----
 193 Meg gui TGCGGCAGAGGCTACAAGACCCAAGGAGGTGACGGTCTGGAGAGGTGCC
 194 Cae mou ?????????????????????????????????
 196 Rec cat ?????????????????????????????????
 212 Ais cog TGCGGCAGAGGCTACAAGACCCAAGGAGGTGACGGTCTGGAGAGGTGCC
 21 Aug sem TGCGGCAGAGGCTACAAGACCCAAGGAGGTGACGGTCTGGAGAGGTGCC
 248 Ala aur TGCGGCAGAGGCTACAAGACCCAAGGAGGTGACGGTCTGGAGAGGTGCC
 253 Neo oio TGCGGCAGAGGCTACAAGACCCAAGGAGGTGACGGTCTGGAGAGGTGCC
 254 Duf sp1 ?????????????????????????????
 267 Sti eic TGCGGCAGGGCTACAAGACCCAAGGAGGTGACGGTCTGGAGAGGTGCC
 268 Aug JIR TGCGGCAGAGGCTACAAGACCCAAGGAGGTGACGGTCTGGAGAGGTGCC
 269 Noc fur TGCGGCAGAGGCTACAAGACCCAAGGAGGTGACGGTCTGGAGAGGTGCC
 26 Neo mel TGCGGCAGAGGCTACAAGACCCAAGGAGGTGACGGTCTGGAGAGGTGCC
 270 Xen nig TGCGGCAGAGGCTACAAGACCCAAGGAGGTGACGGTCTGGAGAGGTGCC
 271 Mna sp1 TGCGGCAGAGGCTACAAGACCCAAGGAGGTGACGGTCTGGAGAGGTGCC
 30 Meg ins TGCGGCAGAGGCTACAAGACCCAAGGAGGTGACGGTCTGGAGAGGTGCC
 328 Tem sp2 TGCGGCAGAGGCTACAAGACCCAAGGAGGTGACGGTCTGGAGAGGTGCC
 329 Cae sp TGCGGCAGAGGCTACAAGACCCAAGGAGGTGACGGTCTGGAGAGGTGCC
 330 Aug sp ?????????????????????????????
 331 Ais sp tgccgcagaggctacaagacccaagaggtaacggctgtcgagaggctgcgc
 334 Meg min TGCGGCAGAGGCTACAAGACCCAAGGAGGTGACGGTCTGGAGAGGTGCC
 335 Aug rep TGCGGCAGAGGCTACAAGACCCAAGGAGGTGACGGTCTGGAGAGGTGCC
 343 Pse pan ?????????????????????????
 46 Ala ura ?????????????????????
 53 Ari pal TGCGGCAGAGGCTACAAGACCCAAGGAGGTGACGGTCTGGAGAGGTGCC
 77 Per sem TGCGGCAGAGGCTACAAGACCCAAGGAGGTGACGGTCTGGAGAGATGCC
 87 Mic lar TGCGGCAGAGGCTACAAGACCCAAGGAGGTGACGGTCTGGAGAGGTGCC
 88 Ais spa TGCGGCAGAGGCTACAAGACCCAAGGAGGTGACGGTCTGGAGAGGTGCC
 90 Aes pol TGCGGCAGAGGCTACAAGACCCAAGGAGGTGACGGTCTGGAGAGGTGCC
 92 Rhi inf TGCGGCAGAGGCTACAAGACCCAAGGAGGTGACGGTCTGGAGAG-TGCC
 Aga tyl TGCGGCAGGGCTACAAGACCCAAGGAGGTGACGGTCTGGAGAGGTGCC
 Ais met TGCGGCAGAGGCTACAAGACCCAAGGAGGTGACGGTCTGGAGAGATGCC
 Ala pom TGCGGCAGAGGCTACAAGACCCAAGGAGGTGACGGTCTGGAGAGGTGCC
 Aug pur TGCGGCAGAGGCTACAAGACCCAAGGAGGTGACGGTCTGGAGAGGTGCC
 Con con ?????????????????????
 Cor pat TGCGGCAGAGGCTACAAGACCCAAGGAGGTGACGGTCTGGAGAGGTGCC
 Die nev TGCGGCAGAGGCTACAAGACCCAAGGAGGTGACGGTCTGGAGAGGTGCC
 Las zep TGCGGCAGAGGCTACAAGACCCAAGGAGGTGACGGTCTGGAGAGGTGCC
 Lip aus TGCGGCAGAGGCTACAAGACCCAAGGAGGTGACGGTCTGGAGAGGTGCC
 Meg gen TGCGGCAGAGGCTACAAGACCCAAGGAGGTGACGGTCTGGAGAGGTGCC
 Mex ari TGCGGCAGAGGCTACAAGACCCAAGGAGGTGACGGTCTGGAGAGGTGCC
 Neo dis TGCGGCAGAGGCTACAAGACCCAAGGAGGTGACGGTCTGGAGAGGTGCC
 Nom fac TGCGGCAGAGGCTACAAGACCCAAGGAGGTGACGGTCTGGAGAGGTGCC
 Rui pro TGCGGCAGAGGCTACAAGACCCAAGGAGGTGACGGTCTGGAGAGGTGCC
 Sph con TGCGGCAGAGGCTACAAGACCCAAGGAGGTGACGGTCTGGAGAGGTGCC
 Thr tor TGCGGCAGAGGCTACAAGACCCAAGGAGGTGACGGTCTGGAGAGGTGCC

2. Matriz morfológica

ANEXO II - Lista de caracteres morfológicos e seus respectivos estados

Legenda:

[E] número do caráter empregado por Engel (2000)

[DE] número do caráter empregado por Eickwort & Danforth (1997)

[P] número do caráter empregado por Pesenko (1999)

Caracteres derivados da fêmea e seus estados

- 0. [E0] [DE2].** Margem apical do clípeo: (0) reta; (1) concava.
- 1. [E1] [DE13].** Processo distal do labro: (0) triangular; (1) quadrado.
- 2. [E2].** Quilha do processo distal do labro: (0) crista uniformemente fina; (1) expandida na base.
- 3.** Processo basal do labro: (?) inaplicável; (0) não inteiramente dividido; (1) inteiramente dividido, incluindo a porção basal.
- 91.** Mandíbulas: (0) bidentadas, mas com o sulco entre os dentes não bem marcados; (1) sulco fortemente marcado.
- 4. [E4].** Comprimento do espaço malar: (0) curto, menor que uma largura da base da mandíbula; (1) alongado, tão longo quanto, ou mais longo que a largura da base da mandíbula.
- 5. [E5] [DE1].** Ângulo epistomial: (0) obtuso ou linear; (1) aproximadamente ortogonal; (2) agudo.
- 6. [E6] [DE22].** Ápice da gálea: (0) lobado; (1) distintamente acuminado.
- 7. [E7][DE25].** Gálea: (0) sem pente de cerdas; (1) com pente de cerdas.
- 8. [E8] [DE21].** Base da gálea: (0) iniciando-se próximo à porção média da estípite; (1) inserida próximo à base da estípite.
- 9. [E10] [DE27].** Premento: (0) não modificado, menos que 7x mais longo que largo; (1) estreito e alongado, 7x ou mais de 7x longo que largo.
- 10. [E61] [DE26].** Palpo maxilar da fêmea: (0) não alongado; (1) alongado, estendendo-se

posteriormente além do metassoma.

11. [E3] [DE17]. Palpômero maxilar apical: (0) com o mesmo comprimento do quinto palpômeros; (1) mais comprido que o quinto palpômero.

12. [E62] [DE08]. Crista hipostomal em lamela: (0) ausente; (1) presente.

13. [E11] [DE09]. Ângulo anterior da crista hipostomal: (0) arredondado; (1) angulado, chegando a um ponto distinto.

14. [E12] [DE11]. Cerdas dos olhos compostos: (0) inconsíguas, tão longas quanto o diâmetro de omatídeo; (1) consíguas a longas, muitas vezes excedendo o diâmetro de um omatídeo.

15. Fronte: (0) não deprimida; (1) fortemente deprimida, sulcada acima dos alvéolos antenais.

16. [E66]. Vértice: (0) sem crista; (1) com crista posterior aos ocelos.

17. [E13] [DE12]. Ocelos: (0) normais; (1) fortemente aumentados.

18. [E14]. Sulco entre os ocelos: (0) ausente; (1) presente.

19. [E15] [DE4]. Crista pré-occipital: (0) arredondada, não carinada; (1) carinada a lamelada.

20. [E65]. Número de flagelômeros (Nr. fêmea/ Nr. Macho): (0) 10/11; (1) 9/10.

21. [P9] Braço da segunda ponte tentorial: (0) ausente; (1) presente.

22. Superfície dorsal do pronoto: (0) sem cerdas eretas na porção mediana; (1) com uma fileira de cerdas eretas e longas.

23. [E16] [DE31]. Superfície dorsal do pronoto, entre os ângulos: (0) pequena, sua maior parte coberta pelo mesoscuto; (1) convexa, inflada e expandida anteriormente, não escondida sob o mesoscuto.

24. [DE32]. Crista lateral do pronoto: (0) arredondada, não carenada; (1) angulada, frequentemente com uma carena distinta.

25. [DE32]. Carena lateral do pronoto: (?) inaplicável, (0) não lamelada; (1) carena formando lamela; (2) lamela distintamente elevada; (3) lamela completa.

- 26.** Carena lateral do pronoto: (0) não chegando à pró-pleura; (1) chegando à pró-pleura; (2) quase chegando à pró-pleura.
- 27.** Prosterno: (0) não expandido; (1) expandido, em forma losangular.
- 28. [E17] [DE33].** Borda anterior do mesoscuto: (0) arredondada; (1) deprimida na sua porção média, projetando-se para frente; (2) acuminada.
- 29. [E18] [DE35].** Tégula: (0) inteiramente ovalada; (1) porção posterior recortada.
- 30. [E19].** Comprimento do metaposnoto: (0) mais curto que o mesoscutelo e o metanoto combinados; (1) tão longa ou mais longa que o mesoscutelo e o metanoto combinados.
- 31. [E20] [DE38].** Cova propodeal: (0) fechada em recesso triangular; (1) não fechada em um recesso triangular.
- 32. [E63].** Trocânter médio: (0) não modificado; (1) com um gancho médio apical.
- 33. [E68].** Expansão nos fêmures médio e posterior: (0) ausente; (1) presente.
- 34. [E23].** Espinho metatibial: (0) ausente; (1) presente.
- 35. [E24] [DE42].** Esporão interno da metatibia: (0) serrado com a porção basal alargada; (1) pectinado. (2) serrado fino, (3) com muitos dentes.
- 36. [E25].** Escopa: (0) ausente; (1) presente.
- 37.** Basitarso e segundo tarsômero: (0) não fundidos; (1) fundidos.
- 38. [E26].** Face posterior do metapostnoto: (0) fortemente angulada com o propódeo; (1) declivosa.
- 39.** Ponto de encontro da veia 1a. M-cu na célula basal: (0) entre a 2a. rs-m e a Rs; (1) depois da 2a. Rs-m.
- 40. [E28].** Venação distal da asa: (0) forte; (1) enfraquecida.
- 41. [E29].** Hâmuli: (0) poucos, irregularmente espaçados; (1) uniformemente espaçados e numerosos.
- 42. [E30].** Porção anterior do T1: (0) sem acarinário; (1) com acarinário.

- 43. [E64].** Margens apicais de T1-2: (0) não deprimidas; (1) deprimidas.
- 44. [E31].** Margem apical do T5: (0) sem recorte mediano; (1) com recorte mediano.
- 45. [P31].** Fímbria pre-pigidial T5: (0) não dividido por uma área pilosa especializada; (1) divididas por uma área pilosa longitudinal.

Caracteres derivados do macho

- 46. [DE54].** Labro[macho]: (0) sem elevação basal; (1) com elevação basal.
- 47.** Fronte: (0) sem pêlos plumosos longos; (1) com muitos pêlos plumosos longos.
- 48. [E35] [50].** Comprimento relativo do F1 e F2: (0) F1 mais curto que F2; (1) F1 mais comprido que F2; (2) F2 2x ou mais comprido que F1.
- 49. [E67].** F11: (0) não modificado; (1) formando um gancho no ápice.
- 50. [DE53]** Placas antenais sensitivas: (0) ausentes; (1) presentes.
- 51. [E69].** Esporão interno da tibia posterior do macho: (0) serrado; (1) pectinado.
- 52. [E36].** Cerdas densas e plumosas em volta do espiráculo propodeal: (0) ausentes; (1) presentes.
- 53.** Tibia da perna posterior: (0) sem linha de cerdas; (1) com tufo de cerdas do mesmo diâmetro da tibia.
- 54. [E37].** Placa pigidial: (0) ausente; (1) presente.
- 55. [E70].** Recorte no T7: (0) presente; (1) ausente.
- 56. [E38] [DE59].** Filamentos anais na margem apical do proctíger: (0) ausentes; (1) presença de filamento finos e curtos; (2) filamentos longos e largos.
- 57. [E39] [DE60].** Microtriquias na margem apical do proctíger: (0) ausentes; (1) presentes.
- 58. [E40] [DE61].** Processo médio apical no S3: (0) ausente; (1) presente; (2) bilobado.
- 59. [DE61]** Ápice do S3: (0) não recortado; (1) com recorte mediano.
- 60. [E41] [DE63].** Grádulo do S4: (0) contínuo; (1) medianamente interrompido.

61. [E43] [DE65]. Margem lateral do S4: (0) reta. (1) com processo posterior formada pela superfície do disco.

62. [E43] [DE65]. Margem apical do S4: (0) reta; (1) com recorte mediano.

63. [E45]. Tufo apical de cerdas no S4: (0) ausente; (1) presente.

64. Pilosidade no S4: (0) cobrindo todo o disco ou restrita à margem posterior; (1) com um agrupamento de cerdas curtas no meio do esclerito.

65. Margem apical do S5: (0) sem tufo de cerdas longas; (1) com tufos de cerdas longas.

66. [E46]. Margem média apical do S5: (0) contínua, reta; (1) gentilmente concava; (2) recortada.

67. [E47] [DE70]. Gráculo do S6: (0) contínuo; (1) interrompido medianamente.

68. [E48] [DE71]. Margem médio apical do S6: (0) contínua, reta; (1) recortada.

69. [E49] [DE72]. Margem apical do S7: (0) contínua, reta; (1) com processo mediano; (2) com processo bilobado; (3) com processos laterais.

70. [P36]. S8: (0) esclerotizado, com projeção apical única e usualmente com braços baso-laterais moderados; (1) membranosos, sem uma projeção apical.

71. [E50] [DE73]. Margem apical do S8: (0) contínua, reta; (1) com processos medianos.

72. [E51] [DE75]. Espícula do S8: (0) ausente; (1) presente, estreita; (2) presente, alargada.

73. [E52] [DE74]. Ponto de fusão do S7 com S8: (0) no ápice do apódema; (1) antes do ápice do apódema.

74. [E54] [DE77]. Lobos dorsais da gonobase: (0) estreitos, situados entre os apódemas das gonapófises em vista dorsal; (1) largos, situados lateralmente às gonapófises.

75. Gonocoxito: (0) não modificado; (1) alargado.

76. [E55]. Canto apical interno da volsela: (0) sem formar um gancho; (1) formando um gancho.

77. Canto inferior da volssela: (0) canto externo inferior arredondado; (1) canto externo inferior acuminado.

- 78.** Relação largura e comprimento da volssela,: (0) largura menor que metade da comprimento; (1) largura metade do comprimento.
- 79.** Rotação da volsella,: (0) eixos não inclinados em referência à genitália; (1) eixos oblíquos.
- 80. [E56] [DE81].** Superfície ventral da gonapófise: (0) com dente; (1) sem dente, (2) com dente largo.
- 81. [E71].** Superfície dorsal da gonapófise: (0) sem processo longo; (1) com processo longo.
- 82.** Espícula do S8: (0) ausente; (1) presente.
- 83.** Superfície dorsal da gonapófise: (0) sem crista; (1) com crista.
- 84.** Superfície lateral externa da gonapófise: (0) sem espinho lateral; (1) com espinho lateral.
- 85.** Número de lobos no gonóstilo: (0) dois; (1) um.
- 86. [E59]** Lobo único: (?) inaplicável; (0) lobado; (1) bífido.
- 87. [E60]** Formato do lobo dorsal: (?) inaplicável; (0) lobado; (1) transversal a oblíquo.
- 88.** Lobo ventral do gonóstilo: (0) lobado; (1) em forma de cálice.
- 89. [E58] [DE78]** Lobo basal: (0) ausente; (1) presente.
- 90.** Lobo anterior do gonóstilo: (0) ereto; (1) voltado para a linha média da genitália.
- 92.** Projeção superior do processo dorsal do gonóstilo: (0) única; (1) bifurcada.
- 93.** Poros na superfície da gálea: (0) esparsamente distribuídos; (1) uniformemente distribuídos.

Anexo III – Árvores filogenéticas

A1. Dados moleculares completos, suporte de Bremer	02
A2. Dados moleculares completos, PBS 28s	03
A3. Dados moleculares completos, PBS ef	04
A4. Dados moleculares completos, PBS wg	05
A5. Dados moleculares, parcimônia, PBS ef	06
A6. Dados moleculares <i>reduzidos</i>, suporte de Bremer	07
A7. Dados moleculares <i>reduzidos</i>, PBS 28s	08
A8. Dados moleculares <i>reduzidos</i>, PBS ef	09
A9. Dados moleculares <i>reduzidos</i>, PBS wg	10
A10. Dados moleculares, <i>reduzidos</i>, PBS ef	11
A 11. Hipótese de Engel (2000)	12
A12. Otimização dos dados morfológicos no sumário das hipóteses	13

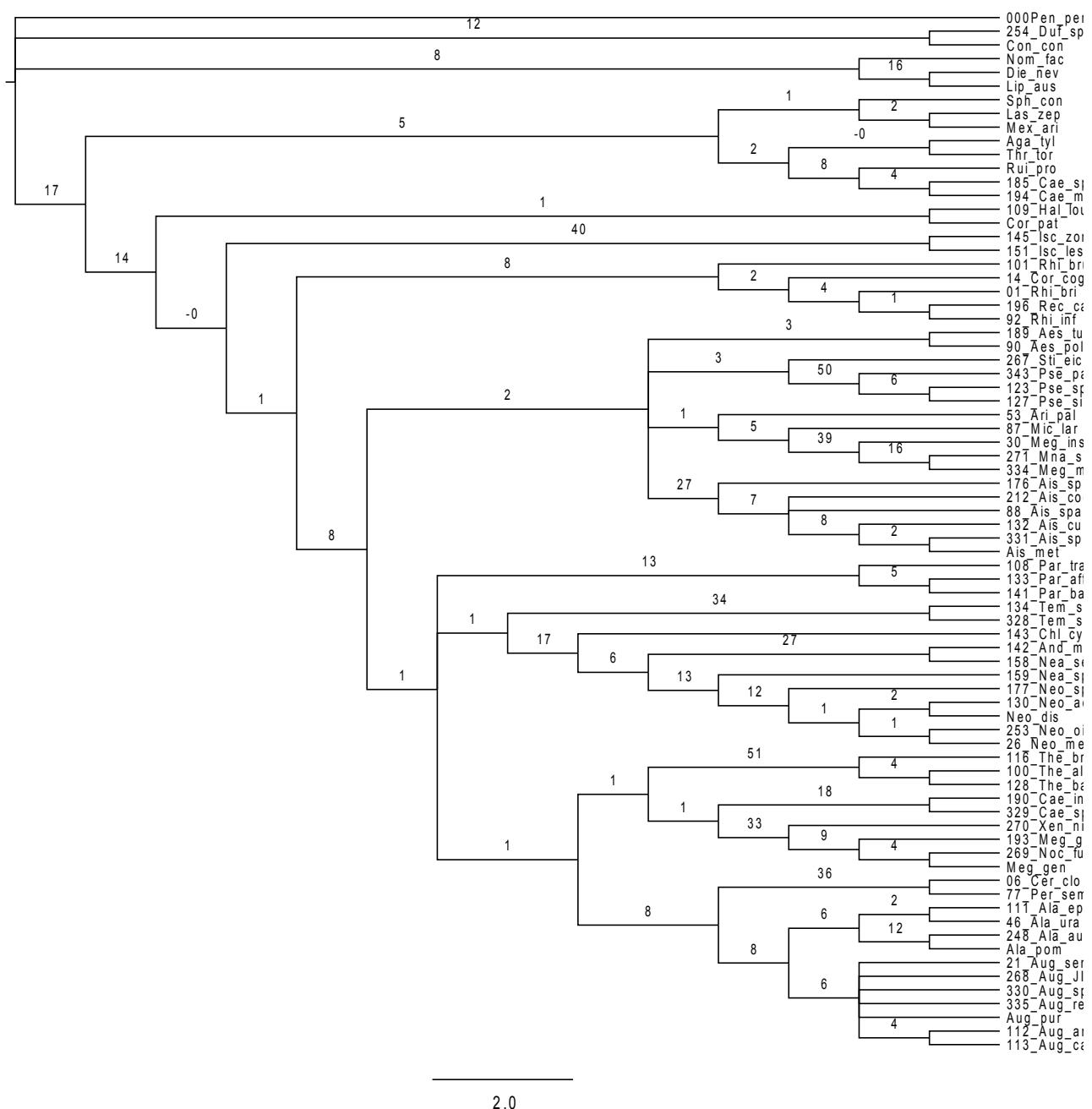


Figura A1. Dados moleculares completos, suporte de Bremer

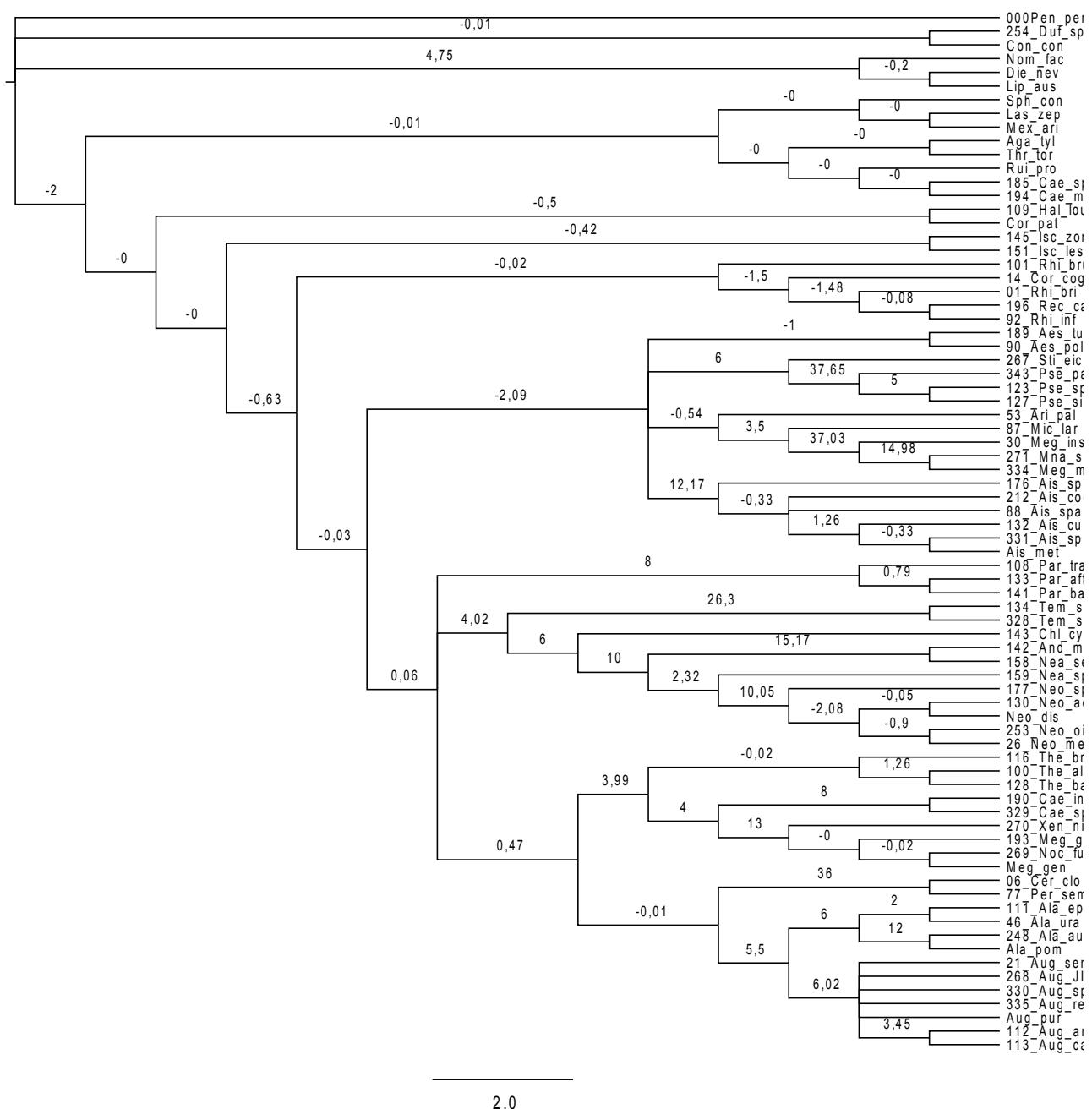


Figura 2. Dados moleculares completos, suporte particionado de Bremer para o gene 28S.

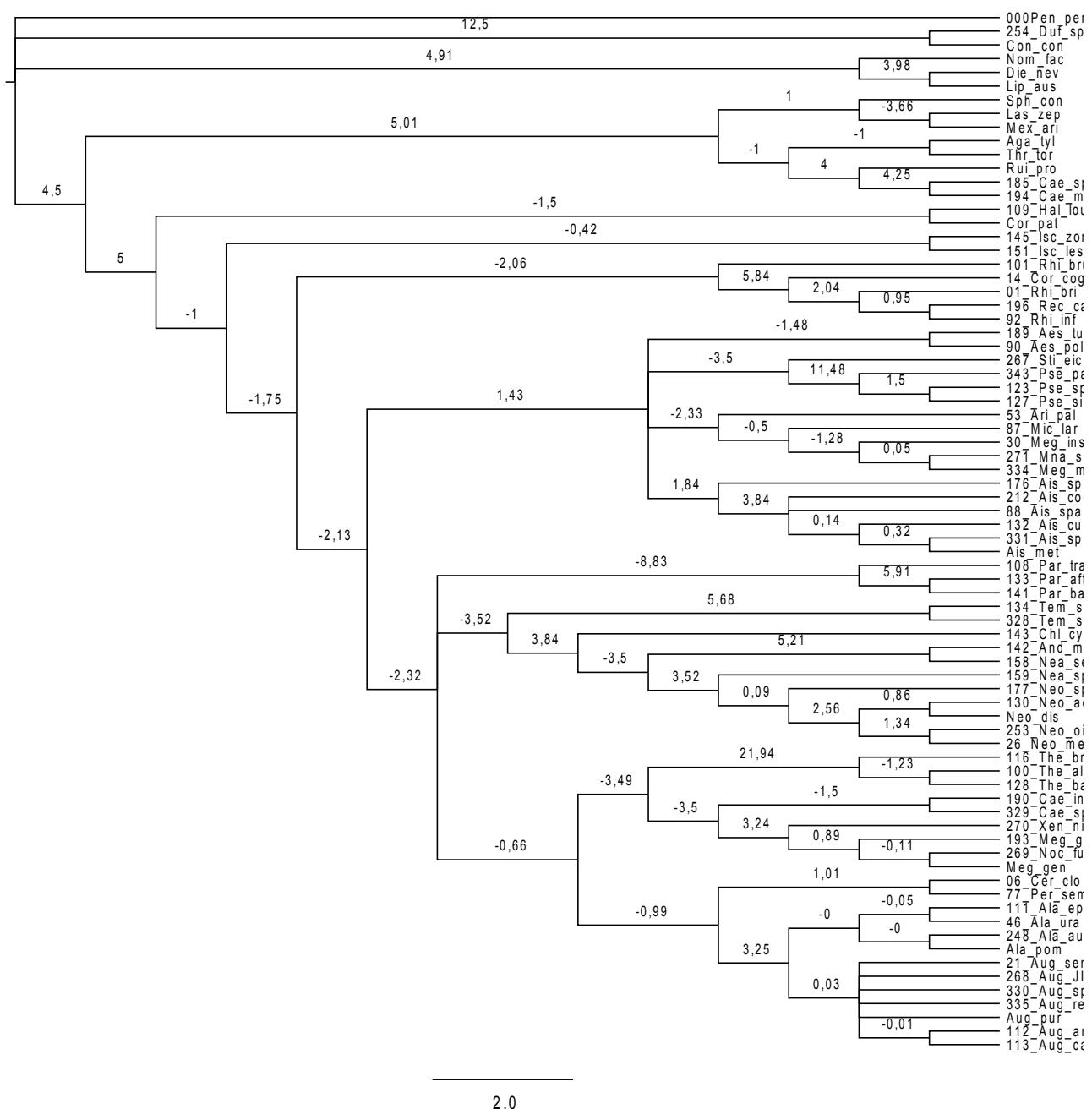


Figura 3. Dados moleculares completos, suporte particionado de Bremer para o gene EF.

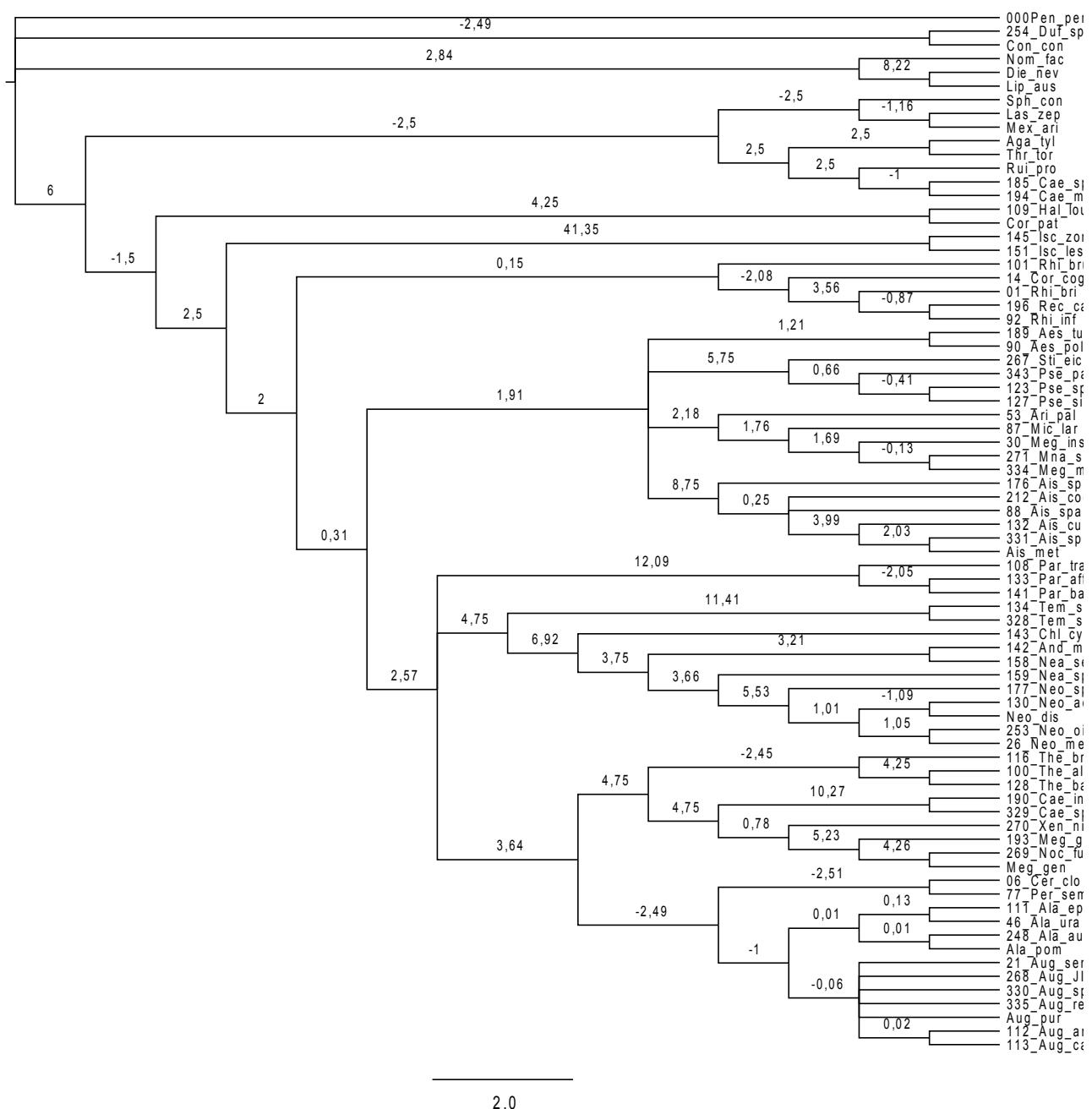


Figura 4. Dados moleculares completos, suporte particionado de Bremer para o gene Rodopsina.

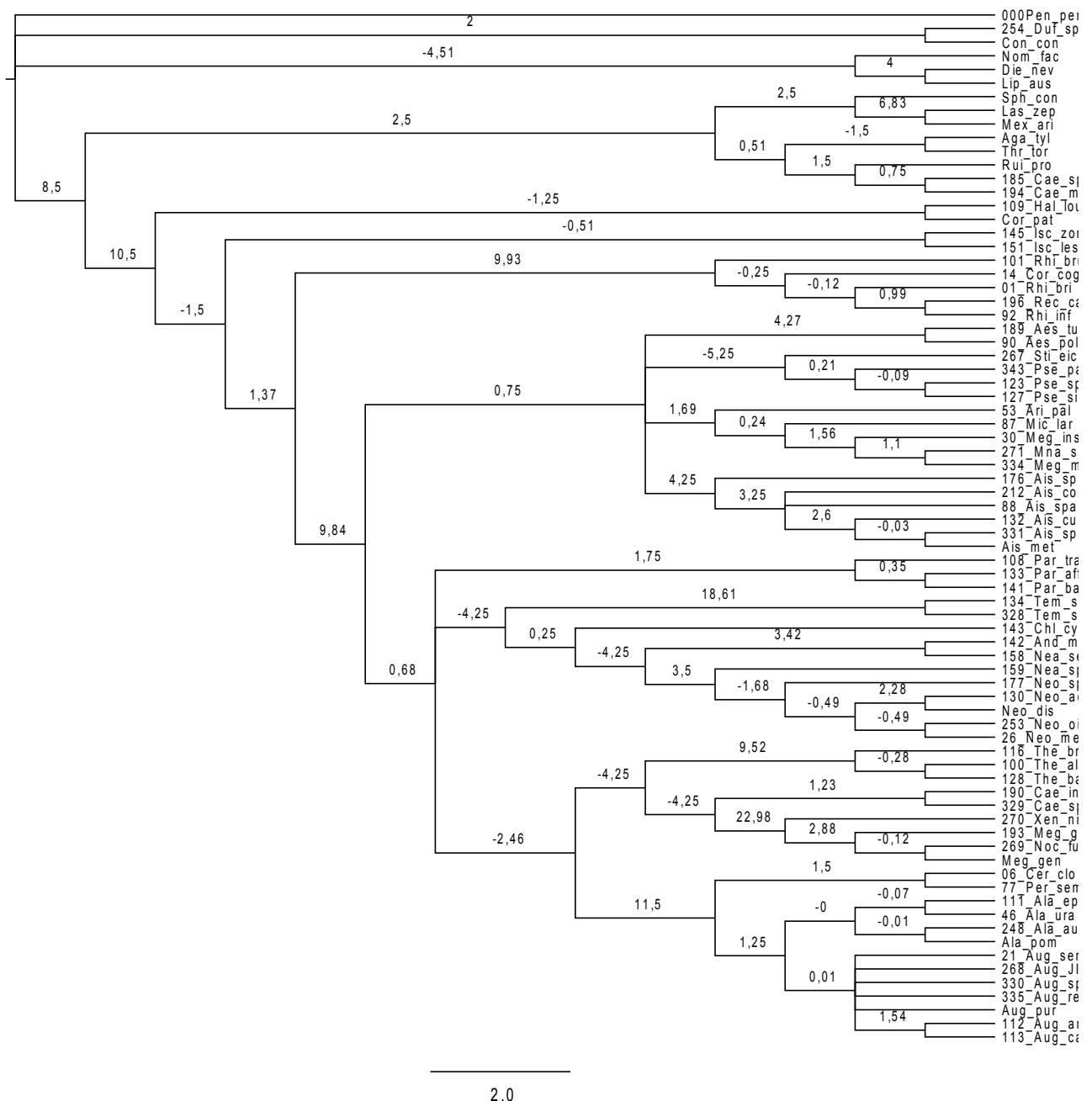


Figura 5. Dados moleculares completos, suporte particionado de Bremer para o gene Wingless.

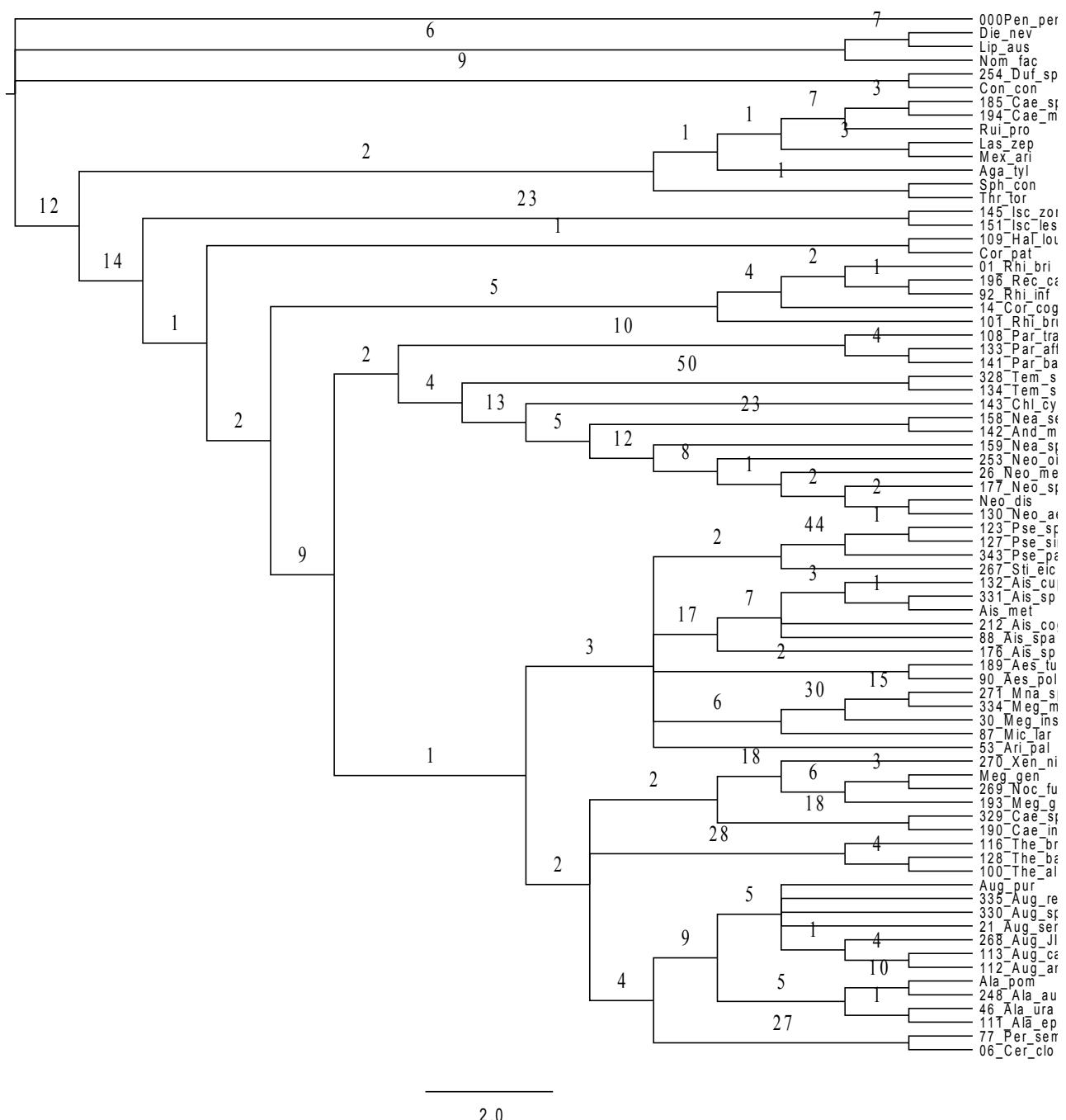


Figura A6. Dados moleculares reduzidos, suporte de Bremer

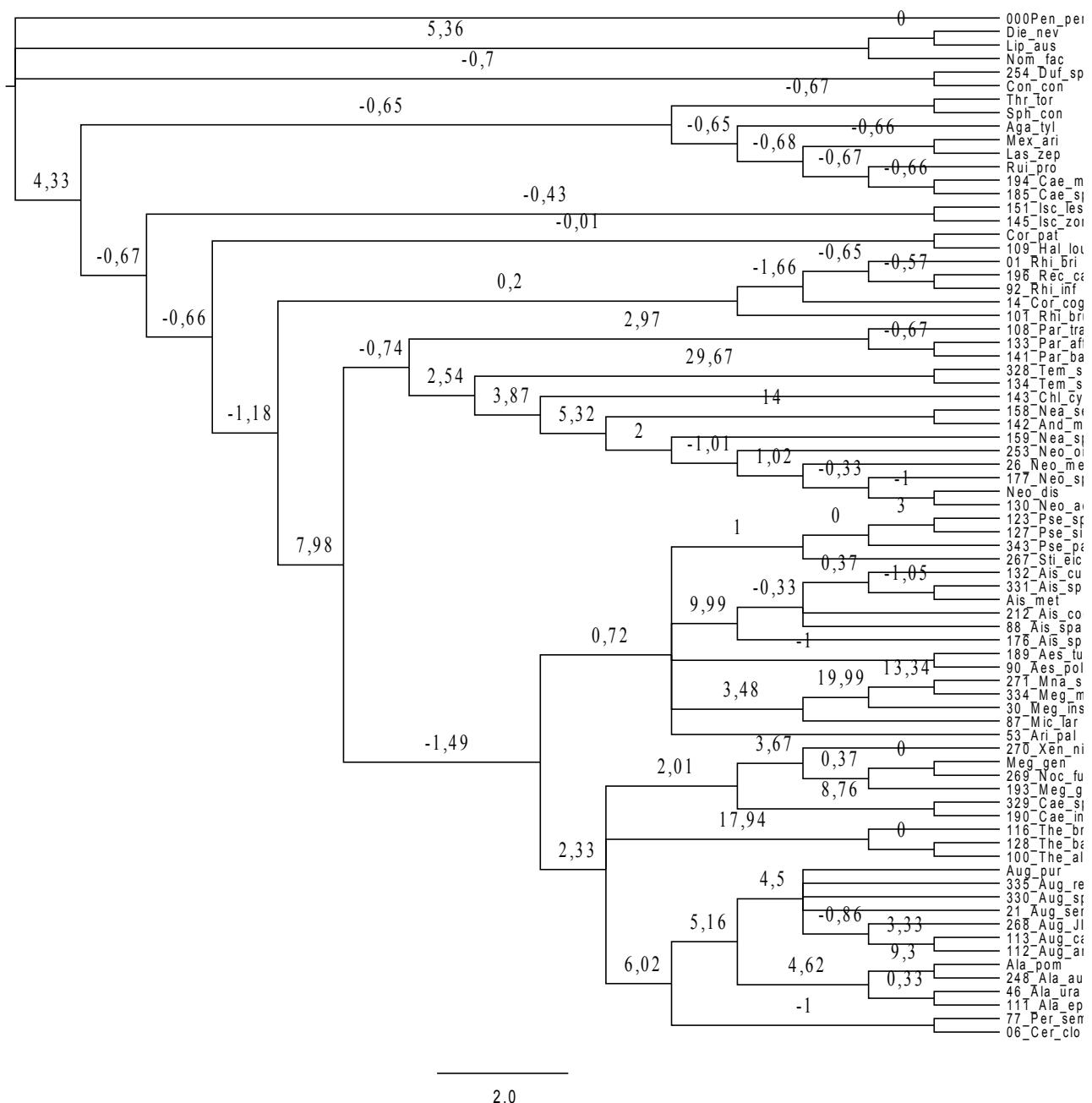


Figura 7. Dados moleculares reduzidos, suporte particionado de Bremer para o gene 28S.

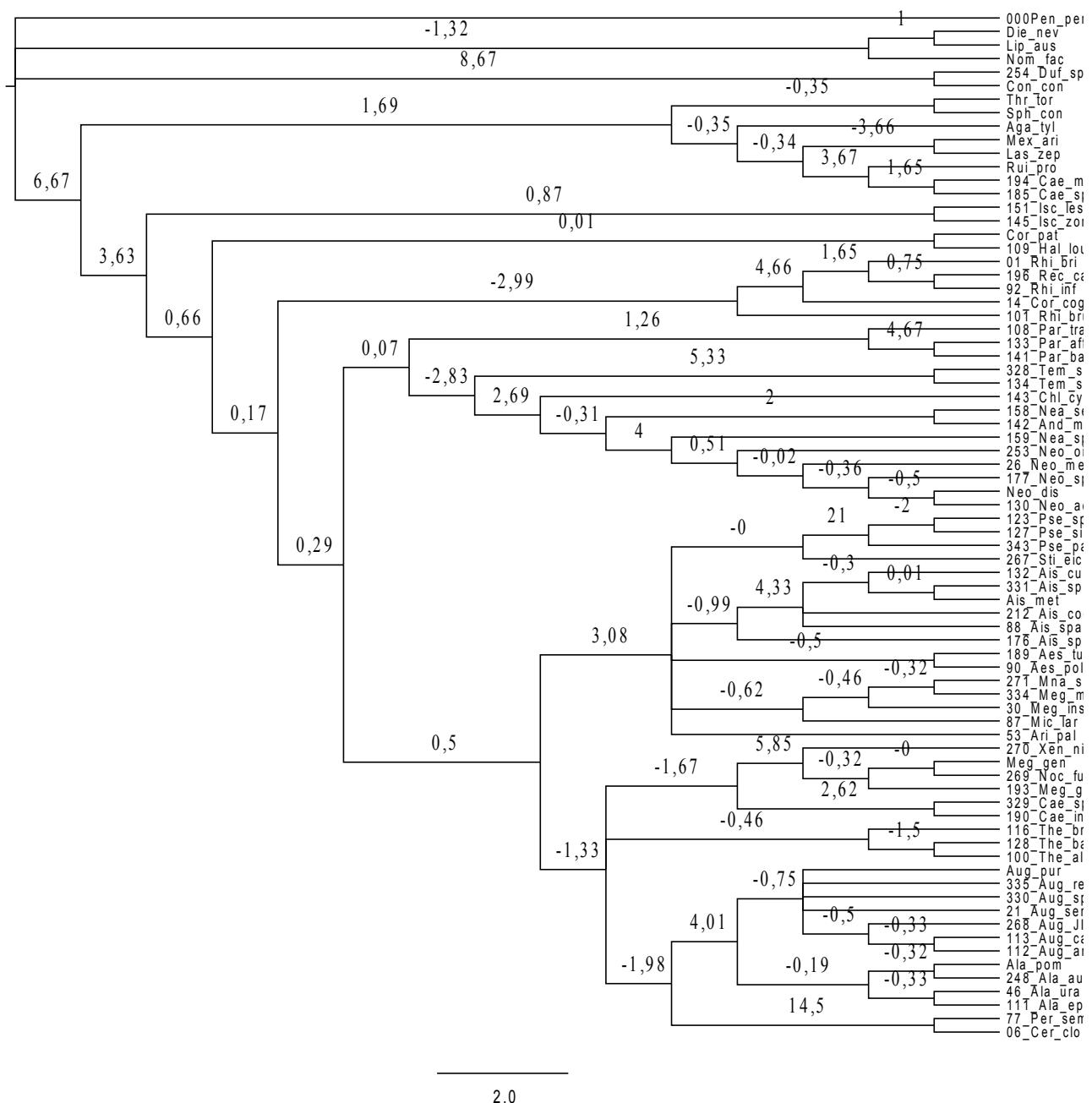


Figura 8. Dados moleculares reduzidos, suporte particionado de Bremer para o gene EF.

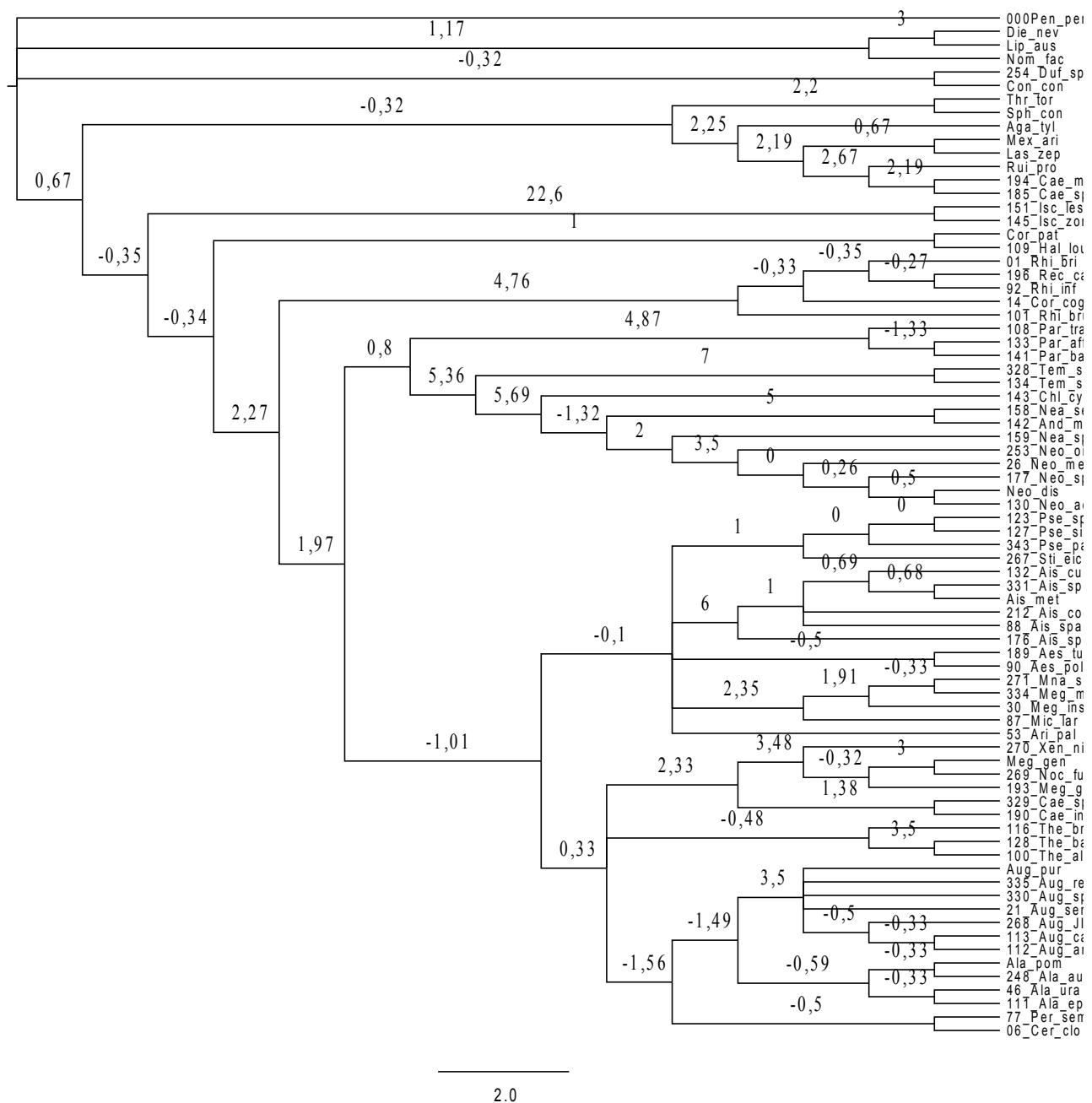


Figura 9. Dados moleculares reduzidos, suporte particionado de Bremer para o gene Rodopsina.

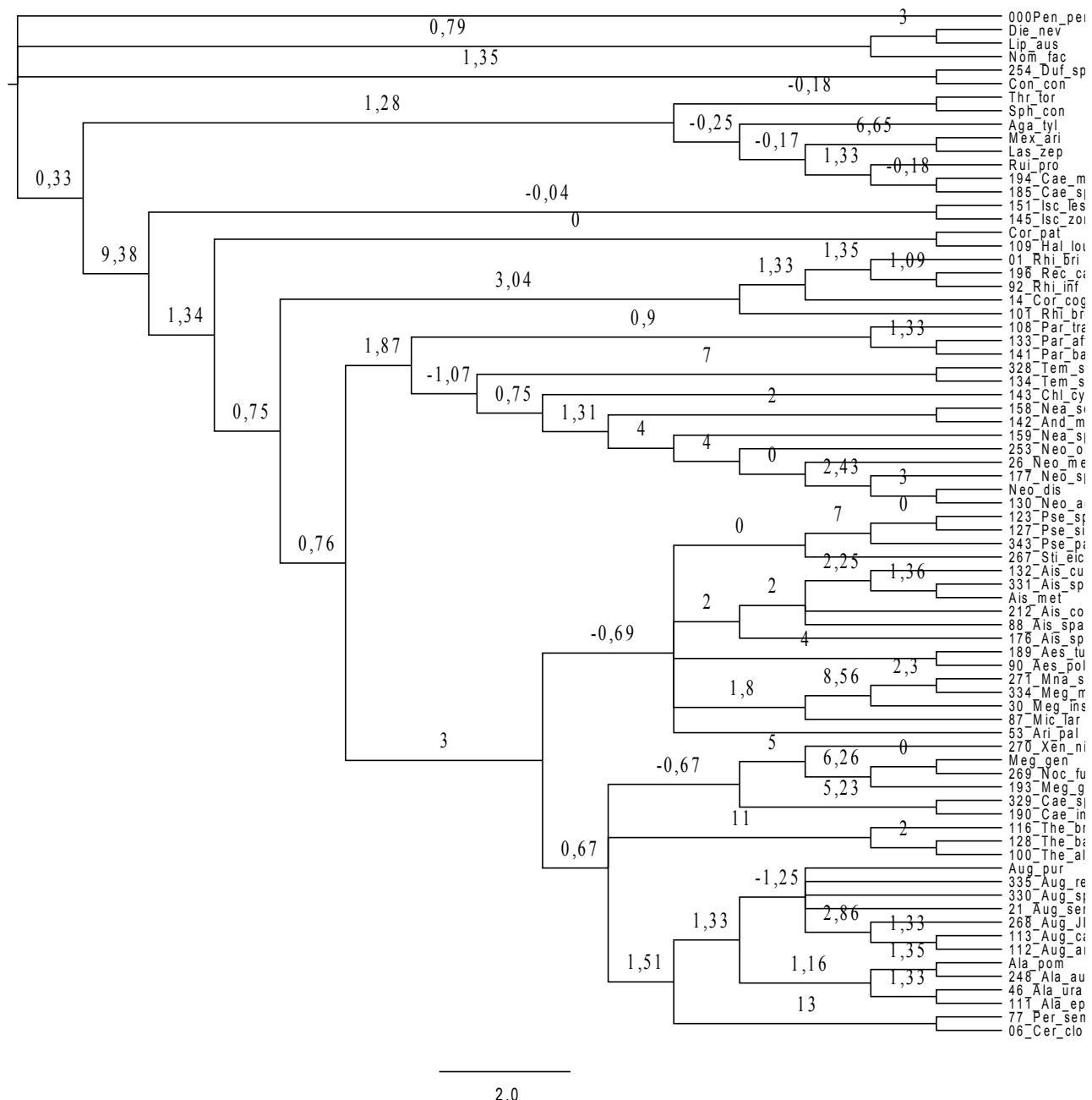


Figura 10. Dados moleculares reduzidos, suporte particionado de Bremer para o gene Wingless.

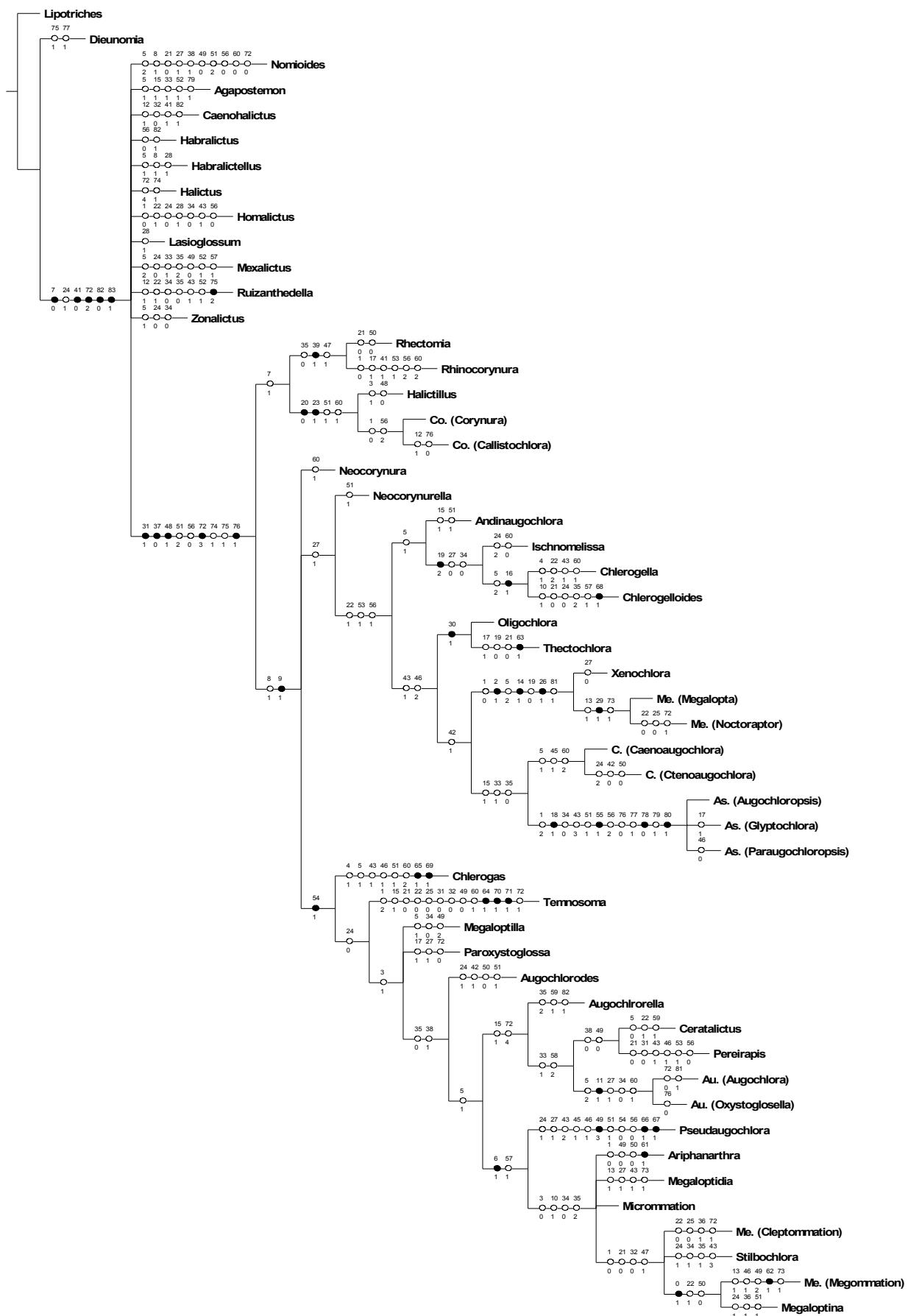


Figura 11. Hipótese de Engel (2000)

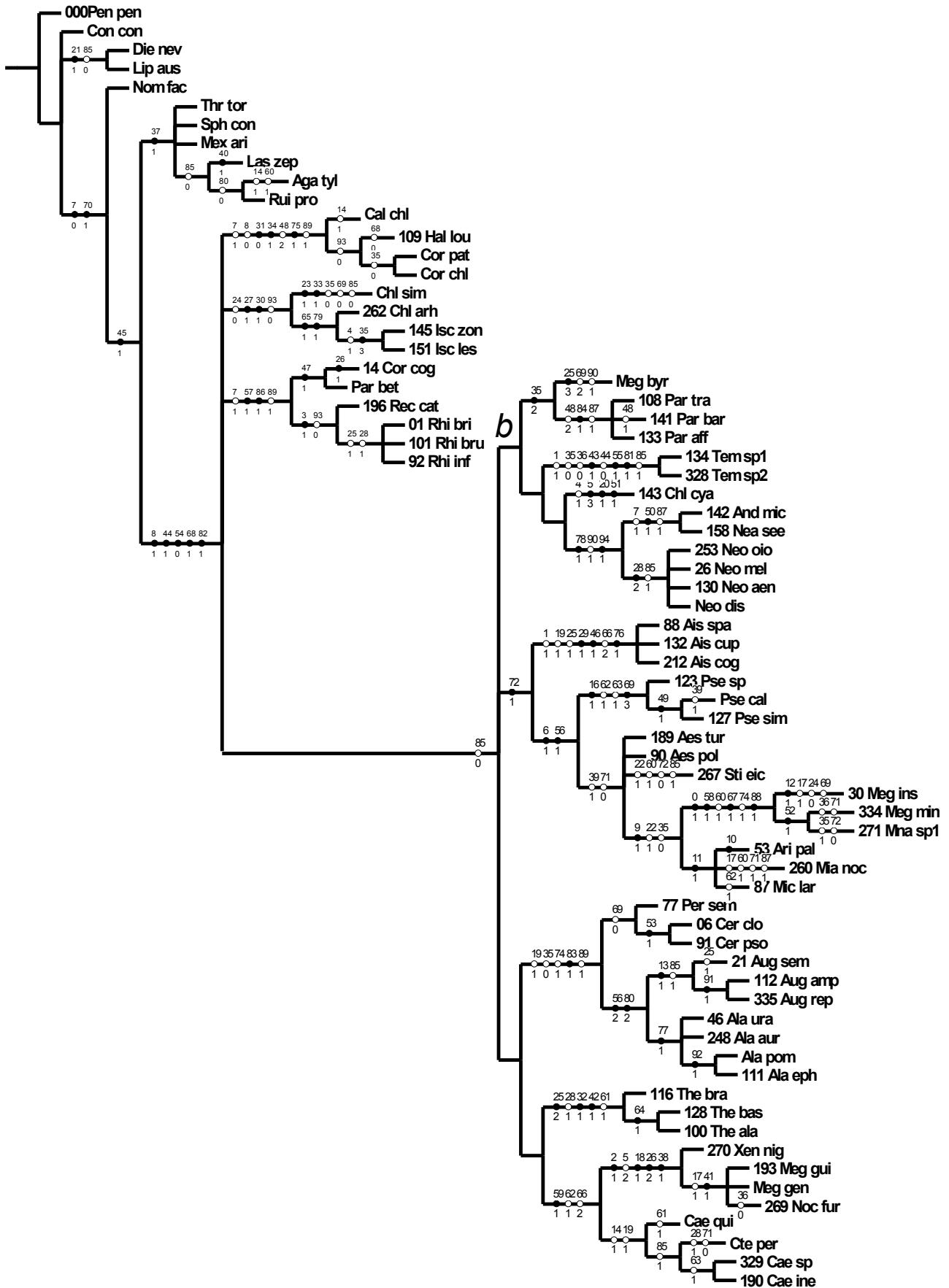


Figura 12. Otimização dos dados morfológicos no sumário das hipóteses obtidas com dados moleculares.