

Locus	Genomic position	Gene position	Reference base	Sample base	Reference amino acid	Sample amino acid	Percentage of samples
NCCR	20		G	T			0.44
	20		G	A			2.67
	22		A	G			0.88
	41		G	T			13.78
	57		G	T			0.44
	84		G	C			12.44
	84		G	T			0.44
	85		A	T			3.11
	86		G	A			3.55
	102		A	C			15.11
	102		A	G			0.44
	160		T	A			13.78
	161		A	T			11.56
	165		A	T			1.33
	173		C	T			13.78
	174		A	G			0.44
	184		T	G			0.88
	193		G	A			17.78
	197		G	C			4.44
	197		G	T			0.88
	198		A	C			4.88
	208		A	G			0.44
	211		G	T			1.33
	217		C	G			6.22
	236		A	G			8.89
	239		G	A			0.44
	253		A	G			81.33
	255		A	C			4.89
	261		C	T			1.78
	261		C	G			0.44
	274		G	A			0.44
	283		G	C			0.44
	287		C	G			10.67
	289		G	A			12.00
	290		G	T			4.89
	297		G	T			0.44
	310		C	A			0.44
	317		G	A			1.78
	342		A	G			63.56
	346		T	G			11.56

	348		G	A			4.89
	353		C	T			1.33
	353		C	G			0.88
	362		G	T			0.44
	364		C	G			1.33
	377		G	T			0.44
	386		C	G			1.33
<b>Agnoprotein</b>	394	7	C	G	L	V	3.11
	396	9	G	A	L	L	12.44
	398	11	G	T	R	L	0.89
	410	23	G	A	R	Q	2.22
	412	25	C	G	Q	E	0.44
	420	33	A	T	S	S	92.44
	427	40	G	A	V	I	4.89
	427	40	G	C	V	L	64.0
	429	42	T	A	V	V	0.89
	430	43	G	A	G	S	25.33
	443	56	C	G	T	S	0.44
	446	59	G	A	G	E	0.44
	450	63	A	T	T	T	16.0
	455	68	A	G	K	R	0.89
	458	71	G	C	R	T	2.67
	459	72	A	G	R	R	0.44
	463	76	C	G	Q	E	0.44
	465	78	G	C	Q	H	3.11
	472	85	T	C	F	L	11.11
	479	92	T	A	F	Y	0.44
	487	100	G	C	E	Q	0.44
	487	100	G	T	E	*	0.44
	496	109	C	G	L	V	0.44
	499	112	G	A	E	K	0.44
	499	112	G	C	E	Q	0.44
	506	119	G	T	C	F	1.78
	507	120	T	G	C	W	0.89
	509	122	G	A	R	K	0.44
	514	127	G	A	E	K	11.11
	515	128	A	T	E	V	0.44
	520	133	A	G	S	G	0.44
	522	135	T	G	S	R	0.44
	523	136	G	A	V	I	4.89
	526	139	G	A	D	N	0.44

	529	142	G	T	G	W	0.44
	553	166	T	G	L	V	10.22
	566	179	A	G	K	R	0.44
	585	198	C	A	S	S	0.44
<b>Intergenic</b>	598		C	G			5.33
	604		T	G			0.44
	623		C	G			87.11
<b>VP2</b>	734	111	T	C	A	A	4.89
	738	115	G	C	E	Q	0.44
	759	136	G	T	A	S	0.89
	781	158	G	C	S	T	4.89
	815	192	T	A	T	T	4.89
	837	214	G	A	A	T	0.44
	848	225	T	A	P	P	19.11
	875	252	A	G	L	L	4.0
	878	255	T	C	I	I	0.44
	879	256	C	G	Q	E	0.44
	889	266	G	C	S	T	94.67
	902	279	C	T	S	S	18.22
	905	282	A	G	L	L	99.11
	922	299	A	G	K	R	92.89
	926	303	C	T	F	F	79.11
	930	307	G	A	D	N	73.78
	930	307	G	T	D	Y	11.56
	931	308	A	G	D	G	74.22
	965	342	C	T	L	L	19.11
<b>VP2 / VP3</b>	986	363 / 6	T	A	A / A	A / A	10.22
	990	367 / 10	G	C	E / E	Q / Q	0.44
	1008	385 / 28	G	C	E / E	Q / Q	0.44
	1022	399 / 42	T	A	I / I	I / I	66.67
	1023	400 / 43	C	T	L / L	L / L	94.67
	1049	426 / 69	T	A	V / V	V / V	94.67
	1064	441 / 84	C	T	Y / Y	Y / Y	4.89
	1067	444 / 87	T	A	L / L	L / L	18.67
	1091	468 / 111	T	C	S / S	S / S	11.56
	1109	486 / 129	C	T	S / S	S / S	72.44
	1133	510 / 153	G	A	R / R	R / R	4.89
	1146	523 / 166	T	G	S / S	A / A	94.67
	1154	531 / 174	C	T	T / T	T / T	17.33
	1160	537 / 180	G	A	Q / Q	Q / Q	93.78
	1169	546 / 189	G	A	Q / Q	Q / Q	93.78

1172	549 / 192	A	G	R / R	R / R	4.0
1175	552 / 195	A	G	R / R	R / R	1.78
1181	558 / 201	A	G	E / E	E / E	13.33
1187	564 / 207	T	C	F / F	F / F	13.33
1193	570 / 213	A	G	R / R	R / R	4.44
1199	576 / 219	C	T	S / S	S / S	4.44
1217	594 / 237	G	A	E / E	E / E	19.56
1223	600 / 243	T	A	T / T	T / T	1.33
1223	600 / 243	T	C	T / T	T / T	4.89
1232	609 / 252	A	C	T / T	T / T	5.78
1248	625 / 268	A	G	I / I	V / V	13.78
1250	627 / 270	A	G	I / I	M / M	2.22
1271	648 / 291	A	G	Q / Q	Q / Q	11.56
1272	649 / 292	C	G	Q / Q	E / E	95.11
1274	651 / 294	A	T	Q / Q	H / H	12.0
1284	661 / 304	G	A	D / D	N / N	0.44
1287	664 / 307	C	T	L / L	L / L	6.22
1289	666 / 309	T	G	L / L	L / L	8.89
1304	681 / 324	C	T	P / P	P / P	17.33
1306	683 / 326	C	T	S / S	L / L	0.44
1313	690 / 333	T	C	V / V	V / V	0.44
1316	693 / 336	A	G	R / R	R / R	17.33
1322	699 / 342	A	T	V / V	V / V	12.89
1322	699 / 342	A	G	V / V	V / V	12.0
1326	703 / 346	G	A	E / E	K / K	1.33
1337	714 / 357	T	A	G / G	G / G	11.11
1342	719 / 362	G	A	R / R	H / H	5.33
1344	721 / 364	G	T	V / V	L / L	0.44
1347	724 / 367	C	A	H / H	N / N	5.33
1361	738 / 381	T	C	T / T	T / T	14.67
1364	741 / 384	T	C	Y / Y	Y / Y	14.67
1367	744 / 387	T	A	S / S	R / R	12.0
1367	744 / 387	T	C	S / S	S / S	4.44
1374	751 / 394	G	A	D / D	N / N	0.44
1374	751 / 394	G	C	D / D	H / H	1.78
1380	757 / 400	G	A	D / D	N / N	0.89
1389	766 / 409	G	A	E / E	K / K	0.89
1389	766 / 409	G	C	E / E	Q / Q	13.33
1392	769 / 412	G	A	E / E	K / K	0.44
1400	777 / 420	A	C	T / T	T / T	17.33
1405	782 / 425	G	A	R / R	K / K	0.44

	1409	786 / 429	G	A	M / M	I / I	4.44
	1412	789 / 432	C	T	D / D	D / D	5.78
	1412	789 / 432	C	G	D / D	E / E	17.33
	1422	799 / 442	C	A	Q / Q	K / K	7.11
	1424	801 / 444	A	G	Q / Q	Q / Q	3.56
	1425	802 / 445	C	G	Q / Q	E / E	5.78
	1427	804 / 447	A	G	Q / Q	Q / Q	2.67
	1429	806 / 449	G	C	S / S	T / T	91.11
	1452	829 / 472	G	A	E / E	K / K	0.44
	1514	891 / 534	A	G	L / L	L / L	19.56
<b>VP2 / VP3 / VP1</b>	1574	951 / 594 / 11	C	A	N / N / T	K / K / N	0.89
	1575	952 / 595 / 12	C	A	Q / Q / T	K / K / T	64.89
	1644	1021 / 664 / 81	A	G	T / T / L	A / A / L	32.0
<b>VP1</b>	1687	124	G	C	V	L	66.22
	1698	135	T	A	I	I	93.33
	1704	141	G	A	E	E	14.22
	1716	153	C	T	F	F	17.78
	1722	159	C	T	N	N	13.33
	1737	174	T	C	D	D	0.89
	1738	175	C	G	P	A	0.44
	1741	178	G	A	D	N	1.33
	1741	178	G	C	D	H	1.78
	1744	181	G	A	E	K	11.11
	1746	183	A	T	E	D	15.11
	1747	184	A	C	N	H	2.22
	1747	184	A	T	N	Y	0.44
	1747	184	A	G	N	D	8.44
	1760	197	T	A	F	Y	15.56
	1765	202	C	G	L	V	1.78
	1766	203	T	A	L	Q	0.89
	1769	206	A	G	K	R	0.89
	1770	207	G	A	K	K	2.22
	1770	207	G	C	K	N	0.89
	1775	212	G	C	S	T	5.78
	1780	217	G	A	E	K	3.11
	1780	217	G	C	E	Q	5.33
	1781	218	A	C	E	A	0.44
	1784	221	A	C	N	T	7.56
	1786	223	G	A	D	N	5.33
	1787	224	A	C	D	A	12.0
	1788	225	C	T	D	D	0.44

1792	229	A	C	S	R	0.89
1792	229	A	G	S	G	11.11
1793	230	G	A	S	N	12.0
1794	231	C	A	S	R	0.44
1803	240	C	G	S	R	0.44
1807	244	G	A	E	K	0.44
1807	244	G	C	E	Q	4.0
1809	246	G	A	E	E	67.56
1809	246	G	C	E	D	27.11
1811	248	G	A	R	K	5.33
1815	252	A	C	K	N	0.44
1824	261	C	T	P	P	4.44
1848	285	C	A	P	P	17.33
1851	288	C	A	L	L	8.89
1851	288	C	G	L	L	11.11
1854	291	C	T	P	P	8.0
1858	295	T	C	L	L	4.89
1860	297	A	G	L	L	8.0
1869	306	C	T	D	D	12.89
1890	327	G	A	L	L	19.56
1905	342	A	G	V	V	13.78
1908	345	T	A	T	T	67.11
1912	349	C	A	Q	K	19.11
1923	360	T	C	V	V	75.11
1938	375	C	T	S	S	14.22
1960	397	T	G	S	A	0.89
1962	399	A	C	S	S	4.0
1963	400	C	A	Q	K	1.33
1965	402	A	G	Q	Q	13.33
1971	408	G	A	V	V	13.33
1971	408	G	T	V	V	4.0
1977	414	G	A	E	E	10.67
1977	414	G	C	E	D	0.89
1978	415	C	A	H	N	19.11
1980	417	T	A	H	Q	0.44
1985	422	G	T	G	V	1.33
1986	423	A	T	G	G	0.44
1988	425	G	A	G	E	0.44
1989	426	A	C	G	G	16.89
1989	426	A	T	G	G	77.33
1996	433	A	G	I	V	4.44

1998	435	T	C	I	I	3.56
1998	435	T	G	I	M	0.89
2007	444	T	C	S	S	12.0
2013	450	C	T	F	F	12.0
2019	456	C	T	F	F	76.0
2028	465	A	T	V	V	88.0
2028	465	A	G	V	V	8.44
2034	471	A	G	G	G	6.22
2037	474	A	C	E	D	97.33
2054	491	G	C	G	A	1.33
2058	495	G	A	V	V	11.11
2061	498	A	T	L	L	12.44
2067	504	T	C	N	N	0.89
2073	510	G	A	R	R	7.11
2074	511	T	A	S	T	93.78
2076	513	A	C	S	S	12.44
2085	522	T	A	P	P	91.56
2086	523	G	C	D	H	5.78
2088	525	T	A	D	E	75.56
2095	532	A	G	I	V	2.67
2103	540	T	A	P	P	86.22
2106	543	A	G	K	K	0.44
2109	546	C	T	N	N	2.67
2112	549	A	C	P	P	0.44
2112	549	A	T	P	P	6.22
2118	555	C	T	A	A	18.67
2127	564	G	A	Q	Q	67.11
2139	576	T	A	T	T	0.44
2140	577	G	A	D	N	0.89
2142	579	C	T	D	D	4.89
2142	579	C	G	D	E	0.44
2154	591	T	C	Y	Y	13.78
2172	609	T	C	A	A	0.44
2184	621	G	A	E	E	13.78
2191	628	G	A	V	I	75.56
2193	630	A	T	V	V	91.56
2199	636	T	C	D	D	1.33
2202	639	C	T	P	P	12.44
2218	655	G	A	A	T	98.22
2223	660	G	A	R	R	0.89
2232	669	G	A	G	G	18.67

2235	672	T	A	T	T	13.33
2237	674	T	A	F	Y	18.22
2238	675	C	T	F	F	0.89
2244	681	A	G	G	G	2.22
2261	698	C	A	P	Q	0.44
2269	706	C	T	H	Y	0.44
2274	711	G	A	V	V	14.22
2274	711	G	T	V	V	4.89
2280	717	C	T	N	N	1.33
2301	738	A	G	L	L	18.67
2313	750	T	A	G	G	0.44
2322	759	T	C	P	P	4.89
2325	762	T	A	L	L	2.67
2325	762	T	G	L	L	16.89
2337	774	T	C	D	D	2.67
2370	807	C	A	G	G	12.44
2370	807	C	G	G	G	4.0
2375	812	T	C	F	S	0.44
2385	822	C	A	S	R	0.44
2391	828	A	G	G	G	5.33
2406	843	A	G	R	R	15.11
2413	850	G	C	A	P	15.11
2430	867	C	T	I	I	80.0
2451	888	A	G	V	V	5.33
2454	891	G	A	K	K	76.89
2457	894	T	C	N	N	15.56
2481	918	A	T	L	L	15.11
2481	918	A	G	L	L	8.44
2508	945	G	A	Q	Q	4.89
2510	947	G	A	R	K	4.89
2541	978	A	G	E	E	14.22
2544	981	C	T	S	S	17.33
2550	987	A	T	V	V	4.44
2550	987	A	G	V	V	10.22
2553	990	A	G	E	E	17.78
2559	996	T	C	V	V	13.78
2559	996	T	G	V	V	5.33
2562	999	G	A	R	R	1.33
2569	1006	G	C	D	H	0.44
2581	1018	A	C	R	R	19.11
2582	1019	G	A	R	K	43.56



	2583	1020	A	G	R	R	19.11
	2613	1050	T	C	Y	Y	0.44
	2619	1056	C	T	D	D	12.0
	2621	1058	A	G	K	R	20.44
	2623	1060	C	G	Q	E	0.44
	2625	1062	G	A	Q	Q	81.78
	2640	1077	C	A	T	T	20.0
	2640	1077	C	T	T	T	11.56
	2647	1084	C	G	L	V	32.44
<b>Intergenic</b>	2656		G	A			0.44
	2670		A	T			64.89
	2671		C	G			64.44
	2677		C	T			5.33
	2681		T	C			4.00
	2684		T	A			0.44
	2698		G	A			7.55
	2702		A	T			0.88
	2704		G	C			2.22
	2705		C	A			2.22
	2708		C	G			81.78
	2709		T	G			1.78
	2715		G	T			10.22
	2719		G	C			3.11
<b>LTA</b>	2746	2064	G	A	R	R	5.33
	2752	2058	T	C	F	F	0.44
	2758	2052	G	A	Q	Q	12.89
	2759	2051	A	T	Q	L	0.44
	2779	2031	G	A	L	L	20.0
	2782	2028	G	C	E	D	0.44
	2784	2026	G	C	E	Q	0.44
	2787	2023	C	G	Q	E	19.56
	2788	2022	T	C	S	S	5.33
	2791	2019	T	C	H	H	4.44
	2794	2016	C	T	P	P	4.44
	2801	2009	C	T	S	L	15.11
	2802	2008	T	C	S	P	14.22
	2802	2008	T	G	S	A	0.89
	2808	2002	C	A	Q	K	0.44
	2809	2001	C	A	S	S	4.0
	2814	1996	G	C	D	H	0.89
	2817	1993	G	A	E	K	2.22

2818	1992	T	A	A	A	0.89
2818	1992	T	C	A	A	1.78
2830	1980	T	C	T	T	0.44
2831	1979	C	A	T	N	1.78
2831	1979	C	G	T	S	0.44
2842	1968	A	G	Q	Q	0.44
2845	1965	C	A	S	S	3.56
2849	1961	C	T	S	F	0.44
2863	1947	C	A	S	S	0.89
2863	1947	C	T	S	S	13.78
2868	1942	G	A	E	K	0.44
2868	1942	G	C	E	Q	0.89
2906	1904	A	G	D	G	0.44
2907	1903	G	C	D	H	0.89
2908	1902	G	A	E	E	95.11
2920	1890	T	A	I	I	13.78
2920	1890	T	C	I	I	71.56
2938	1872	G	A	G	G	71.11
2959	1851	G	A	M	I	0.44
2966	1844	C	T	S	L	0.89
3012	1798	G	C	E	Q	0.44
3025	1785	A	G	Q	Q	20.44
3034	1776	T	A	T	T	99.56
3035	1775	C	A	T	N	18.22
3036	1774	A	C	T	P	14.22
3038	1772	C	T	A	V	2.22
3039	1771	G	T	A	S	4.44
3040	1770	T	C	F	F	1.33
3045	1765	G	A	D	N	0.44
3058	1752	T	C	F	F	14.67
3070	1740	G	T	L	L	0.44
3079	1731	G	T	L	F	1.33
3081	1729	T	C	L	L	1.78
3082	1728	C	T	T	T	1.33
3099	1711	T	C	L	L	44.0
3100	1710	T	A	I	I	20.44
3117	1693	T	C	L	L	0.89
3118	1692	C	T	F	F	25.78
3121	1689	G	A	E	E	14.22
3123	1687	G	A	E	K	0.89
3133	1677	A	G	L	L	19.11

3135	1675	T	C	L	L	15.11
3139	1671	A	G	K	K	5.78
3151	1659	A	T	I	I	10.22
3157	1653	C	T	P	P	11.11
3160	1650	G	A	R	R	30.22
3172	1638	A	G	Q	Q	93.33
3190	1620	A	G	Q	Q	95.11
3195	1615	C	T	L	L	14.22
3196	1614	C	T	T	T	5.33
3202	1608	T	C	P	P	13.78
3205	1605	C	T	V	V	13.33
3207	1603	G	T	V	F	1.33
3208	1602	T	A	P	P	3.56
3210	1600	C	T	P	S	0.89
3214	1596	G	A	E	E	1.78
3216	1594	G	A	E	K	0.89
3216	1594	G	C	E	Q	0.89
3229	1581	G	A	L	L	20.89
3231	1579	T	C	L	L	76.0
3232	1578	C	T	G	G	14.22
3232	1578	C	G	G	G	5.33
3238	1572	A	T	P	P	2.67
3250	1560	C	A	T	T	5.78
3265	1545	T	C	H	H	15.11
3271	1539	G	A	K	K	0.44
3283	1527	A	T	V	V	95.11
3286	1524	G	A	K	K	17.78
3287	1523	A	G	K	R	0.44
3288	1522	A	G	K	E	0.44
3289	1521	T	C	V	V	11.56
3298	1512	T	C	D	D	0.44
3303	1507	T	C	L	L	5.33
3310	1500	A	G	R	R	19.56
3313	1497	G	A	L	L	15.56
3351	1459	T	C	L	L	2.67
3367	1443	A	G	G	G	18.22
3370	1440	A	T	T	T	8.89
3372	1438	G	A	T	A	0.89
3373	1437	G	A	G	G	91.11
3376	1434	A	G	K	K	10.67
3379	1431	A	G	V	V	11.56

3400	1410	C	T	Y	Y	14.67
3415	1395	A	G	V	V	17.78
3421	1389	A	G	L	L	12.44
3424	1386	G	A	E	E	93.78
3430	1380	C	T	T	T	6.67
3433	1377	A	T	L	L	2.22
3433	1377	A	G	L	L	14.22
3450	1360	C	T	L	L	2.67
3451	1359	C	T	N	N	6.67
3454	1356	A	T	V	V	0.89
3454	1356	A	G	V	V	3.11
3463	1347	C	T	A	A	80.89
3469	1341	T	C	G	G	4.44
3472	1338	T	A	G	G	99.56
3478	1332	G	A	L	L	19.56
3481	1329	T	C	D	D	5.33
3490	1320	G	A	G	G	0.44
3501	1309	C	T	L	L	5.33
3502	1308	A	C	T	T	5.33
3511	1299	A	C	G	G	5.33
3523	1287	C	A	P	P	20.44
3523	1287	C	T	P	P	0.44
3532	1278	T	C	F	F	13.33
3562	1248	C	T	F	F	94.67
3570	1240	A	G	I	V	4.89
3577	1233	G	T	L	F	0.89
3579	1231	T	C	L	L	16.0
3580	1230	T	C	F	F	15.11
3589	1221	A	T	I	I	5.33
3592	1218	A	T	V	V	100.0
3612	1198	C	T	L	L	12.44
3619	1191	C	T	H	H	5.33
3622	1188	G	A	L	L	3.56
3628	1182	T	C	A	A	15.56
3634	1176	T	A	G	G	15.11
3634	1176	T	G	G	G	5.33
3649	1161	A	G	E	E	0.44
3652	1158	A	G	L	L	12.44
3654	1156	C	T	L	L	65.78
3670	1140	T	C	A	A	0.44
3673	1137	A	G	G	G	65.78

3684	1126	T	A	L	I	0.44
3709	1101	C	T	F	F	95.11
3715	1095	A	C	E	D	14.67
3733	1077	G	A	R	R	89.78
3736	1074	C	T	T	T	64.89
3745	1065	T	C	L	L	14.22
3749	1061	C	G	T	S	65.78
3757	1053	A	G	R	R	14.22
3763	1047	A	G	K	K	5.33
3767	1043	C	G	A	G	0.44
3772	1038	T	G	V	V	14.67
3781	1029	A	G	V	V	14.67
3790	1020	G	A	Q	Q	4.0
3826	984	T	A	I	I	9.78
3826	984	T	C	I	I	58.67
3829	981	T	C	I	I	12.89
3830	980	T	C	I	T	88.89
3831	979	A	G	I	V	0.44
3844	966	C	T	H	H	94.22
3859	951	G	A	K	K	12.89
3868	942	T	C	Y	Y	17.33
3871	939	T	C	P	P	11.56
3874	936	G	A	Q	Q	100.0
3886	924	G	A	Q	Q	21.78
3904	906	G	A	E	E	12.0
3906	904	G	C	E	Q	0.44
3916	894	A	G	Q	Q	14.22
3919	891	T	C	F	F	0.89
3924	886	G	C	E	Q	0.89
3934	876	T	A	G	G	5.33
3937	873	A	G	L	L	32.0
3941	869	T	A	L	*	0.44
3942	868	T	A	L	I	1.33
3942	868	T	C	L	L	8.44
3945	865	T	C	L	L	5.33
3949	861	G	C	V	V	5.33
3955	855	G	A	E	E	8.44
3967	843	G	A	E	E	73.78
3970	840	A	G	V	V	0.89
3979	831	G	A	E	E	15.56
3985	825	T	A	I	I	12.89

3997	813	T	C	S	S	19.56
4000	810	G	C	V	V	65.33
4006	804	G	A	K	K	0.44
4021	789	G	A	E	E	11.11
4024	786	A	G	E	E	15.11
4031	779	G	A	S	N	94.22
4036	774	T	C	D	D	5.33
4045	765	G	A	K	K	0.44
4050	760	T	C	L	L	16.89
4059	751	C	A	Q	K	4.44
4063	747	C	T	S	S	11.56
4069	741	A	G	E	E	14.22
4075	735	T	A	T	T	94.22
4076	734	C	T	T	I	6.67
4080	730	C	T	H	Y	1.78
4081	729	C	T	Y	Y	2.67
4087	723	T	A	D	E	1.78
4087	723	T	G	D	E	4.44
4090	720	A	G	R	R	5.78
4099	711	C	T	A	A	1.78
4105	705	T	C	Y	Y	17.78
4108	702	A	G	L	L	2.22
4111	699	A	G	L	L	0.44
4153	657	C	T	T	T	19.56
4174	636	T	C	N	N	5.78
4203	607	C	A	H	N	0.44
4213	597	T	C	F	F	6.67
4216	594	C	T	F	F	0.44
4219	591	A	T	I	I	0.89
4231	579	G	T	G	G	19.56
4252	558	T	C	I	I	5.33
4270	540	A	G	K	K	5.33
4293	517	C	T	L	L	4.0
4298	512	A	T	Q	L	14.22
4299	511	C	T	Q	*	14.22
4299	511	C	G	Q	E	0.89
4315	495	T	C	T	T	6.22
4330	480	C	T	C	C	3.56
4336	474	T	C	L	L	28.44
4339	471	C	A	T	T	4.0
4339	471	C	T	T	T	7.11

4363	447	T	C	S	S	0.89
4380	430	C	T	L	L	0.44
4385	425	C	T	S	F	0.89
4385	425	C	G	S	C	0.44
4387	423	C	T	P	P	88.44
4411	399	G	A	K	K	0.44
4417	393	A	G	K	K	12.89
4423	387	A	G	K	K	83.56
4427	383	C	A	P	H	13.78
4435	375	A	C	S	S	12.89
4435	375	A	T	S	S	0.89
4436	374	C	G	S	*	0.44
4444	366	T	C	S	S	17.78
4457	353	C	A	A	E	0.44
4459	351	A	G	E	E	12.44
4462	348	A	G	E	E	12.44
4471	339	C	A	A	A	0.44
4471	339	C	T	A	A	0.44
4473	337	G	A	A	T	0.44
4483	327	A	G	E	E	4.89
4488	322	C	A	H	N	1.33
4492	318	T	C	F	F	17.33
4498	312	T	C	D	D	5.78
4517	293	A	T	N	I	0.44
4522	288	C	T	S	S	0.44
4525	285	T	C	S	S	18.22
4525	285	T	G	S	R	12.0
4534	276	C	T	S	S	26.67
4545	265	G	C	E	Q	0.44
4564	246	G	A	V	V	0.44
<b>LTA intron</b>	4570	T	C			0.44
	4575	A	C			68.44
	4580	A	T			0.44
	4589	G	A			2.22
	4595	T	C			0.44
	4597	T	A			92.00
	4598	A	T			1.33
	4606	A	C			8.44
	4606	A	T			8.00
	4613	A	C			4.00
	4620	T	G			12.44

	4625		G	A			18.22
	4626		T	G			67.56
<b>LTA intron / stA</b>	4653	- / 501	C	G	- / F	- / L	0.44
	4662	- / 492	A	G	- / E	- / E	12.44
	4664	- / 490	G	C	- / E	- / Q	0.44
	4666	- / 488	G	A	- / G	- / E	1.33
	4677	- / 477	C	T	- / V	- / V	1.78
	4692	- / 462	T	C	- / T	- / T	4.89
	4704	- / 450	A	C	- / L	- / L	4.89
	4715	- / 439	G	T	- / G	- / C	0.44
	4724	- / 430	C	G	- / Q	- / E	5.78
	4726	- / 428	C	G	- / T	- / R	5.33
	4734	- / 420	C	T	- / D	- / D	4.89
	4764	- / 390	C	A	- / P	- / P	4.89
	4791	- / 363	A	T	- / L	- / F	0.44
	4797	- / 357	G	A	- / R	- / R	12.44
	4806	- / 348	T	A	- / L	- / L	16.89
	4809	- / 345	G	A	- / Q	- / Q	0.44
	4815	- / 339	A	G	- / L	- / L	12.0
	4830	- / 324	C	T	- / H	- / H	4.89
	4836	- / 318	T	A	- / S	- / S	17.33
	4854	- / 300	T	C	- / I	- / I	0.89
	4863	- / 291	A	T	- / E	- / D	13.33
	4877	- / 277	C	T	- / L	- / L	4.89
	4878	- / 276	C	T	- / T	- / T	4.89
	4894	- / 260	C	A	- / P	- / H	0.44
<b>LTA / stA</b>	4915	239 / 239	C	T	S / S	L / L	0.44
	4921	233 / 233	G	A	S / S	N / N	4.89
	4944	210 / 210	T	C	H / H	H / H	13.33
	4962	192 / 192	G	A	Q / Q	Q / Q	67.56
	4980	174 / 174	G	A	L / L	L / L	99.56
	5036	118 / 118	G	C	E / E	Q / Q	0.89
	5046	108 / 108	G	A	R / R	R / R	17.33
	5047	107 / 107	G	A	R / R	K / K	4.89
	5055	99 / 99	T	C	A / A	A / A	94.67
	5061	93 / 93	A	G	R / R	R / R	12.44
	5069	85 / 85	T	C	L / L	L / L	2.67
	5072	82 / 82	C	A	P / P	T / T	0.44
	5076	78 / 78	T	C	N / N	N / N	92.44
	5097	57 / 57	T	A	L / L	L / L	10.67
	5103	51 / 51	A	G	L / L	L / L	61.33



5115	39 / 39	C	G	L / L	L / L	0.89
5125	29 / 29	C	A	S / S	Y / Y	0.44
5127	27 / 27	A	G	E / E	E / E	0.89
5130	24 / 24	A	G	E / E	E / E	16.44
5139	15 / 15	T	A	L / L	L / L	11.56
5142	12 / 12	T	G	V / V	V / V	90.22

---