



Benemérita Universidad Autónoma de Puebla
Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia

Instituto de Fisiología

“Identificación de cepas de SARM en México Mediante Herramientas Bioinformáticas”

Noviembre 2024

Tesis para obtener el grado de licenciatura en Médico Veterinario Zootecnista

Presenta: C. Paloma Sabrina Ramírez Almaraz

Directora de tesis: D.C. Claudia Mancilla Simbro

Director de tesis: D.C. Arnulfo Villanueva Castillo

Asesor: D.C. Alberto Ramírez Mata

Asesor: D.C. Juan Fernando Villa Diaz de León

Contenido

Resumen	4
Abstract	5
Introducción	6
Antecedentes	8
Marco teórico	10
Antimicrobiano	10
Antibióticos betalactámicos	11
Resistencia bacteriana a antibióticos	13
Morfología de la pared bacteriana Gram - positiva	13
El Genoma de <i>Staphylococcus aureus</i>	16
Bioinformática	21
Biología molecular	22
Planteamiento del problema	23
Justificación	24
Objetivos	25
Objetivo General	25
Objetivos Particulares	25
Hipótesis	26
Materiales y métodos	27
Recopilación de secuencias	27
Identificación de la proteína PBP2a codificada por el gen mecC	32
Identificación de mutantes	39
Resultados	43
Variantes de <i>S. aureus</i> reportadas en México	43
Identificación de residuos que forman enlaces covalentes y no covalentes en las secuencias de ADN de las variantes de <i>S. aureus</i>	43
Identificación de mutantes en las proteínas de las variantes	45
Discusión	47
Conclusión	49
Bibliografía	50
Anexos	56
Anexo 1	56
Anexo 2	59
Anexo 3	74

Anexo 4	155
----------------------	-----

Tablas

Tabla 1. Gen mecC que codifica a la proteína PBP2a ubicada en el SCCmec XI	7
Tabla 2. Clasificación de antibióticos betalactámicos según su origen.....	12
Tabla 3. Clases del complejo mec. Tomada y modificada de Lakhundi & Zhang, 2018.....	18
Tabla 4. Variantes de <i>S. aureus</i> de México.	27
Tabla 5. Secuencias de los genes mecA, mecC y mecB.	29
Tabla 6. Secuencias de las proteínas PBP2a codificadas por los genes mecA y mecC respectivamente.....	31
Tabla 7. Residuos y exones que codifican a la proteína PBP2a codificada por el gen mecC.	32
Tabla 8. MSA del gen mecC vs el gen mecA para la identificación de los residuos con actividad biológica.....	33
Tabla 9. Residuos con enlaces covalentes en la secuencia de DNA de las variantes de <i>S. aureus</i> ...	36
Tabla 10. Residuos con enlaces covalentes de la secuencia de aminoácidos de las variantes vs la secuencia de PBP2a codificada por el gen mecC.....	40

Resumen

La resistencia a los antibióticos es una problemática mundial que nos deja con menos herramientas para tratar las infecciones bacterianas. Cada año aumentan la cantidad de enfermedades de origen animal, es decir zoonóticas. En México alrededor de 32 pacientes humanos por cada 100 mil habitantes mueren por infecciones nosocomiales; no se cuentan con datos referentes a la incidencia de infecciones nosocomiales en Medicina Veterinaria. Uno de los principales patógenos nosocomiales a nivel mundial es *Staphylococcus aureus* (*S. aureus*), además, de tener la particularidad de estar presente en la microbiota oral, nasal y cutánea de mamíferos y aves. El objetivo del proyecto de investigación fue determinar por medio de análisis bioinformáticos la presencia del gen *mecC* en cepas de *S. aureus* reportadas en México. El gen *mecC* presente en el SCCmec (Staphylococcal Cassette Chromosome mec) de la bacteria *S. aureus*, codifica la proteína PBP2a generando resistencia a los antibióticos betalactámicos. Este gen ha sido reportado con mayor frecuencia en países europeos en cepas SARM (*Staphylococcus aureus* Resistente a la Meticilina), sin embargo, no ha sido reportado en México. Los resultados del análisis de las variantes de *S. aureus* procedentes de México contienen los residuos de las secuencias que codifican al gen *mecC* y a su vez a la proteína PBP2a (Protein Binding Penicilin), así mismo, se requieren estudios bioinformáticos (bigdata y docking molecular) y moleculares para determinar de manera fehaciente la presencia del gen *mecC* en el territorio mexicano.

Palabras Clave: SARM-mecC, *Staphylococcus aureus* (*S. aureus*), resistencia, antibiótico, bioinformática.

Abstract

Antibiotic resistance is a global problem that reduces our ability to treat bacterial infections. Every year the number of diseases of animal origin, i.e. zoonotic, increases. In Mexico, around 32 human patients per 100 thousand inhabitants die from nosocomial infections; there is no data on the incidence of nosocomial infections in Veterinary Medicine. One of the main nosocomial pathogens globally is *Staphylococcus aureus* (*S. aureus*), in addition to having the particularity of being present in the oral, nasal and cutaneous microbiota of mammals and birds. The objective of the research project was to identify the presence of the *mecC* gene in *S. aureus* strains reported in Mexico by applying bioinformatic analysis. The *mecC* gene present in the SCCmec (Staphylococcal Cassette Chromosome mec) of *S. aureus* bacteria encodes the PBP2a protein that generates resistance to beta-lactam antibiotics. This gene has been reported more frequently in European countries in MRSA (methicillin-resistant *Staphylococcus aureus*) strains; however, it has not been reported in Mexico. The results of the analysis of *S. aureus* variants from Mexico contain the residues of the sequences encoding the *mecC* gene and the PBP2a protein (Protein Binding Penicilin). Bioinformatic (bigdata and molecular docking) and molecular studies are required to determine the presence of the *mecC* gene in Mexico.

Key words: MRSA-*mecC*, *Staphylococcus aureus* (*S. aureus*), resistance, antibiotic, bioinformatics.

Introducción

En septiembre de 1928, Alexander Fleming descubre la Penicilina. Este evento ocurre gracias a una serie de coincidencias y da inicio a la era de la antibioterapia (Acuña & Facp, 2002). Sin embargo, desde hace 30 años no se han obtenido nuevos fármacos antibióticos (Jinks, 2017). El uso excesivo de los antibióticos que existen hasta el momento en conjunto con la capacidad natural de las bacterias de generar resistencia a dichos fármacos nos deja con menos opciones farmacológicas para tratar las infecciones bacterianas, siendo este un problema para la salud pública (Lewis, 2020; Uddin et al., 2021). A nivel global, por cada 5 enfermedades humanas que surgen al año, al menos 3 son de origen animal (OPS, 2023). A nivel nacional, no se cuentan con datos referentes al porcentaje de incidencia de infecciones nosocomiales en Medicina Veterinaria. Se le denomina infección nosocomial a aquellas que se presentan durante la estancia hospitalaria y que no se manifestaron antes del ingreso o durante el periodo de incubación; la presentación de una infección 48 horas después del ingreso hospitalario también se considera nosocomial (Pujol & Limón, 2013). Sin embargo, se estima que la muerte de pacientes humanos por infecciones nosocomiales es de 32 pacientes por cada 100 mil habitantes (diputados, 2017). El presente trabajo se enfoca en la bacteria *S. aureus* (Figura 1), la cual es de interés por ser uno de los principales patógenos nosocomiales a nivel mundial, sobre todo las denominadas cepas *S. Aureus* Resistentes a la Meticilina (SARM) (CDC, 2019) (Figura 1).

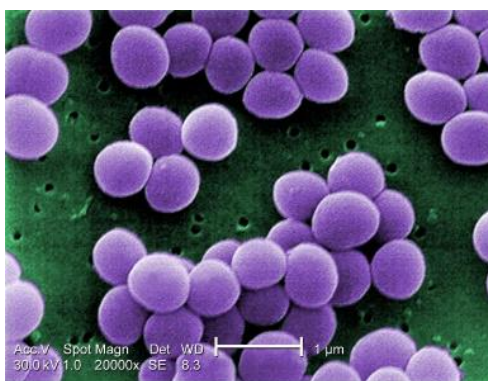


Figura 1. Cultivo de la Cepa de *S. aureus* con resistencia intermedia a la vancomicina. *Microscopía electrónica de barrido de la cepa de S. aureus tomada de un cultivo de resistencia intermedia a la vancomicina. Imagen tomada por Microscopía electrónica de barrido, con un aumento de 20.000X tomada de Haney 2001.*

Empleando métodos bioinformáticos se determinó uno de los principales Complejos Clonales de *S. aureus* nombrado SCCmec, (Jiang et al., 2023), donde se encuentran los genes que codifican a la proteína PBP2a (Figura 2) (Fischetti et al., 2019).



Figura 2. Estructura atómica experimentalmente por cristalografía de rayos X de la proteína PBP2a. Estructura determinada experimentalmente por cristalografía de rayos X, con una resolución atómica de 1.80 Å, la proteína fijadora de penicilina 2a de la cepa 27r de *S. aureus* resistente a la meticilina codificada por el gen *mecA* (PDB: 1VQQ), Cadenas A y B: color cian y salmón, respectivamente.

De los genes de resistencia a antibióticos presentes en el SCCmec de *S. aureus*, el de interés para este trabajo de investigación fue el gen *mecC* (Tabla 1) que codifica a la proteína PBP2a el cual comparte un porcentaje de homología de 69% con el gen *mecA*, que codifica a la proteína PBP2a (PDB: 1VQQ) en humanos (Kim et al., 2012); el gen *mecC* se ha reportado tanto en animales como en humanos, principalmente en países pertenecientes al continente europeo (Paterson, 2020).

Tabla 1. Gen *mecC* que codifica a la proteína PBP2a ubicada en el SCCmec XI (Código NCBI: NG_047955) (Shore et al., 2011).

Tipo de secuencia	Secuencia
ADN	<p>ATGAAAAAATTTATATTAGTGTGCTAGTCTTTTACTAATTATGATTATAATAACTTGGTTATTCAAAG ATGACGATATTGAGAAAACAATTAGTTCATTGAAAAAGGAACTATAACGAAGTATATAAAAATAGTTC AGAAAAATCTAACTGGCATATGGAGAAGAAGAAATTTAGATAGGAATAAAAAATTTACAAAGATTTA AGTGTCAATAACTTAAAAATTAATAATCATGAAATTAATAAACTGGAAAAGATAAAAAGCAAGTTGATG TTAAATATAACATATATACAAAATATGGAACATACGACGTAATACACAATTAACCTTATTATGAAGA TAAGCATTGGAATTAGATTGGAGACCAGACGTAATAGTACCTGGTTTAAAAATGGACAGAAAATTAAT ATAGAAACATTAATAATCAGAGCGAGGCAAAAATAAAGATAGAAATGGTATAGAATTAGCTAAAAGTGGAA ATACATATGAAATCGGTATTGTCCCTAACAAAACACCCAAAAGAAAATATGATGATTTGCTCGTGACTT ACAAATTGATACAAAAGCTATAACCAATAAAGTTAATCAAAAATGGGTTTCAGCCAGATTCATTTGTACCA ATTAAAAAGATAAATAACAAGATGAATATATAGACAAATTAATTAATCATACAAATTTACAAATAACA CTATAAAAAGCCGTGTTTATCCATTGAACGAAGCAACAGTACACCTTTTAGGTTATGTGGTCCAATTA</p>

	<p>TTCTGACGAGTTAAAAAGTAAGCAATTTAGAACTATAGCAAAAATACTGTTATTGGAAAAAAGGCTTA GAACGCCTCTATGATAAAACAATTGCAAAACACTGATGGTTTTAAGGTATCCATTGCAAATACTTATGACA ATAAACCTTTAGACACATTTATTGGAGAAAAAGGCTGAAACGGAAGATCTTCATTTAACTATAGATGC TAGAGTACAAGAAAGTATTTATAACATATGAAAAATGACGATGGATCTGGTACAGCATTACAACCAAAA ACTGGAGAAATTTAGCTTTGGTAAGTACCCCATCGTACGATGTTTATCCATTCATGAATGGATTAAGCA ATAATGACTACCGTAAATTAACATAAAAAAGAGCCTTTGCTCAACAAATTCAAATCACTACATC ACCAGGTTCAACCAAAAAATATTAACATCTATTATAGCCTTAAAAGAAAAATAACTAGACAAAAATACT AATTTTGATATTTATGGTAAGGTTGGCAAAAAGATGCATCATGGGGTAATTATAATATCACAAGATTTA AAGTAGTAGACGGCAATATCGATTTAAAGCAAGCAATAGAATCATCAGACAACATATTTTTGCCCGCAT TGCATTAGCATTAGGAGCCAAAAATTTGAGCAAGGTATGCAAGATTTGGGAATCGGTGAAAAATCCCG AGTGATTATCCCTTTTATAAAGCACAAATCTCAAATAGTAATTTAAAAAATGAAATATTATTAGCAGATT CAGGATATGGCCAAGGCGAGATACTAGTAAACCTATACAAATTTTATCAATATACAGTGCCTTAGAAAA TAACGGAAATATACAAATCCTCATGTTTACGTAAAAAATACTCAAATATGGAAAAAAGATATTATA CCTAAAAAGACATAGATATATTAACATATGGTATGGAACGTGATGTTAATAAACACATAGGGATGATA TATACAAAAATTATGCCGAATTATGGTAAATCTGGCACAGCAGAATAAAAATGAATCAAGGGGAAAC TGGAAGACAAATAGGTTGGTTTTCATATAATAAAAAATAATCCTAATATGTTAATGGCGATTAATGTT AAAGACGTTCAAAATAAAGGGATGGCCAGCTATAATGCTACTATATCTGGAAAAGTTTATGATGATTTGT ATGATAATGGAAAACTCAATTTGATATAGATCAGTAA</p>
--	--

En una revisión exhaustiva de investigaciones reportadas en artículos indexados, no se hallaron reportes o informes referentes a la presencia del gen *mecC* en México, por lo tanto, se consideró realizar una investigación aplicando métodos bioinformáticos para determinar si el gen *mecC* se encuentra presente en México.

Antecedentes

Los antibióticos betalactámicos de segunda generación generaron un nuevo tipo de resistencia mediado por el gen *mecA*. Estas cepas denominadas SARM surgen en 1960 y

para las décadas de 1980 a 1990 ya se había extendido a todo el mundo (Fischetti et al., 2019; Jiang et al., 2023).

En el 2012 Kim et al. identificaron que las enzimas PBP2a codificadas por el gen *mecC* diferían a las codificadas por el gen *mecA*. Estas diferencias consisten en: una mayor afinidad a los betalactámicos que la PBP2a codificada por el gen *mecA*; puede realizar de forma parcial funciones biosintéticas como la PBP2; no requiere de la presencia de una PBP nativa para poder expresarse y generar la resistencia.

García-Álvarez et al., realizaron el primer reporte de un gen homólogo al *mecA* en 2011; en un principio lo denominaron *mecA_{LGA251}*; desarrollaron el estudio desde el año 2007 a 2010 donde aislaron la bacteria *S. aureus* LGA251 de muestras de leche cruda de una granja ubicada en el suroeste de Inglaterra, así como muestras de humanos proporcionadas por diversas instituciones como la National MRSA Reference Laboratory, Statens Serum Institut ubicada en Dinamarca. En un principio los aislados de leche de bovino de *S. aureus* LGA251 dieron negativo a la prueba de PCR para identificar el gen *mecA* en el periodo de 2006 a 2007, por lo tanto, se realizó una secuenciación del genoma completo de LGA254 obteniendo como resultado la identificación de un nuevo gen homólogo a *mecA*, el cuál determinaron que tenía un 65% de similitud con el gen *mecA* a nivel de aminoácidos. Además, de pertenecer a la familia de los PBP2a forma parte del complejo *mecI-mecR1-mecC-blaZ* con una organización génica *mec* clase E y posee dos de tres regiones de unión (J1 y J2). Los resultados de este estudio permitieron notar la existencia de falsos positivos en las pruebas SARM, así como la posibilidad de un intercambio zoonótico.

Ito et al. propusieron un esquema de clasificación para los genes homólogos con el gen *mecA* en 2012; tras una discusión entre el International Working Group on the Classification of Staphylococcal Cassette Chromosome Elements (IWG-SCC) y García et al., concluyeron la forma más efectiva de realizar la clasificación, según la similitud de los nucleótidos y la cronología de descubrimiento ayudando a comprender fácilmente la filogenia del gen en referencia a *mecA*. Es así como el gen *mecA_{LGA251}* pasó a denominarse como *mecC* aislado de la cepa *S. aureus* LGA251.

Armand-Lefevre et al. realizaron un estudio donde determinaron la presencia de cepas SARM tanto en cuidadores de granjas como en cerdos, ambos sin presentar alteraciones clínicas, en muestras tomadas de una producción. Al realizar un MLST para comparar las cepas se encontró una alta similitud entre ellas indicando la mezcla entre las cepas de cerdos y de humanos. Price et al realizaron un estudio filogenético del complejo clonal CC398 de tipo LA-MRSA mostrando que de acuerdo a su filogenia este CC deriva de aquellos encontrados en humanos (Price et al., 2012) y a pesar de ser el CC más descrito en animales no es el único, por tanto, otros CC de animales podrían derivar de humanos. Lozano et al. (C. Lozano et al., 2020) mencionan que el gen *mecC* se encuentra en los CC: CC49, CC425, CC599, CC1943, CC2361 y principalmente en el CC130, esto para el caso de las muestras tomadas en humanos aunque también se ha encontrado en animales de granja y salvajes, recordando que el gen *mecC* pertenece a SCCmec XI. En este estudio también se mencionan otros tipos de CC encontrados con frecuencia en animales por ejemplo el CC1943 es común en animales de compañía y el CC425 en animales salvajes y comida. Abdullahi et al. hicieron una revisión sistemática para determinar la prevalencia de SARM, *mecA* y *mecC* en la cavidad, oral, nasal y traqueal de animales silvestres. Reportando una prevalencia de *mecC*-SARM en mamíferos salvajes 1,64%, aves salvajes 2.1% y en roedores silvestres de 0.59% proponiendo el monitoreo de estas especies como un control de la diseminación de la resistencia a los antimicrobianos y el apoyo a la comprensión de la epidemiología de los genes de resistencia en cepas SARM. Con lo antes expuesto comprendemos que comenzar a indagar en la presencia de este tipo de genes en una bacteria presente en tantas especies animales es de importancia y preocupación para la salud pública.

Marco teórico

Antimicrobiano

Se le denomina antimicrobiano a aquella sustancia capaz de detener el crecimiento y proliferación de microorganismos no virales; aquellos que detienen específicamente a las bacterias son los antibacterianos, estos pueden ser naturales (antibióticos) o sintéticos

(antibacterianos) (Merton, 2011). Por tanto, estos fármacos deben ser tóxicos para las bacterias, pero no para el hospedador. También, se pueden clasificar según su mecanismo de acción: inhiben o detienen el crecimiento de las bacterias (Ritter et al., 2019). Para la identificación de las bacterias se cuentan con diversas metodologías dentro de los laboratorios según sean las necesidades; se pueden determinar según sus características fenotípicas en dónde se identifica por medio de la observación empleando pruebas bioquímicas o con el cultivo y aislamiento de la bacteria, este tipo de métodos son comúnmente empleados en la práctica clínica ya que suelen ser los más accesibles por el coste económico con la desventaja de tomar días en obtener resultados para el caso del cultivo bacteriano (Vila et al., 2017). También, se cuentan con métodos moleculares, son más específicos y generan resultados en un breve periodo de tiempo, aunque con un costo elevado, para ello se realiza un análisis de genes específicos (Bou et al., 2011), en estos métodos encontramos la reacción en cadena de la polimerasa (PCR), la amplificación basada en la secuencia de ácidos nucleicos (NASBA) o la electroforesis en gel de campo pulsado (PFGE) (Palomino & González, 2014). Las pruebas de susceptibilidad a antibióticos se emplean para determinar la efectividad que tienen los antibióticos en el crecimiento bacteriano por lo tanto mide el porcentaje de crecimiento de las cepas bacterianas frente a ciertas concentraciones de antibióticos (Gajic et al., 2022). Conocer al patógeno, sus características y necesidades metabólicas son algunas pautas que se deben tomar en cuenta al elegir el antibiótico para un esquema de antibioterapia.

Antibióticos betalactámicos

Los antibióticos betalactámicos tienen en su estructura química el denominado “Anillo betalactámico” conformado por una amida cíclica (lactama) con un nitrógeno unido al átomo β en relación al carbonilo (Information, 2024b) al cuál se le une un anillo secundario que determina el sitio de unión del fármaco a la bacteria para realizar la acción biológica, esta estructura da la clasificación de este grupo (Figura 3).

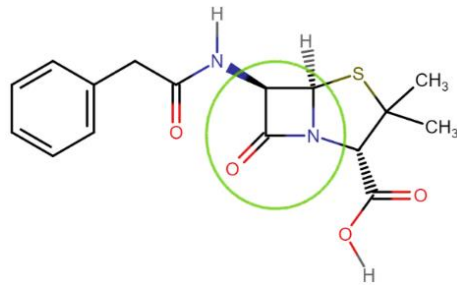


Figura 3. Estructura química de la Penicilina G. En rojo, se muestran los oxígenos; en azul los nitrógenos; en gris los hidrógenos y en verde el azufre. Encerrado en un círculo verde se encuentra el anillo betalactámico, estructura que caracteriza a los antibióticos betalactámicos. Tomada y editada de Information 2024^a.

Se catalogan como bactericidas, su función es inhibir la síntesis del peptidoglucano de la pared celular. Intervienen en la última fase de la síntesis de la pared bacteriana al unirse por enlaces covalentes a las enzimas transpeptidasas encargadas de entrelazar las cadenas de péptido glucano, dejando a la bacteria desprotegida y eventualmente provocando su lisis (Deck & Winston, 2013; Ritter et al., 2019; Suárez & Gudiol, 2009). En este grupo encontramos fármacos naturales o sintéticos y de estos se desprenden otras clasificaciones (Tabla 2).

Tabla 2. Clasificación de antibióticos betalactámicos según su origen (Merton, 2011; Werth, 2024).

Origen	Compuesto
Penicilina Natural	● Penicilina, Dicloxacilina
Aminopenicilina semisintética	● Amoxicilina, Ácido clavulánico
Penicilinas sintéticas de espectro extendido	● Piperacilina, Ticarcilina
Carbapenémicos/Monobactámicos	● Aztreonam, Meropenem
Cefalosporinas de 1° generación	● Cefalexina, Cefadroxil
Cefalosporinas de 2° generación	● Cefoxitin
Cefalosporinas de 3° generación	● Cefovencin, Cefpodoxima
Cefalosporinas de 4° generación	● Cefepime
	● Cefpirome
Cefalosporinas de 5° generación	● Ceftarolina
	● Ceftobiprol

En la práctica clínica, los antibióticos betalactámicos son catalogados por la OMS como de primera y segunda línea (Salud, 2023), sugiriendo emplear como primera opción de

tratamiento antes de escalar con otros tipos de antibióticos, tanto para la atención primaria a la salud como en un ambiente hospitalario.

Resistencia bacteriana a antibióticos

La resistencia a antibióticos, se define como el fenómeno natural por el cual las bacterias emplean distintos mecanismos para evadir a los fármacos antibióticos, este fenómeno ha sido acelerado debido al uso desmedido de los antibióticos dando como resultado la elevación en los costos de los tratamientos, la prolongación de las estancias hospitalarias y también un aumento en la mortalidad («Antimicrobial Resistance Questions and Answers», 2022; «Resistencia a los antibióticos», 2020; *Small Animal Clinical Pharmacology*, 2008). La OPS menciona que cerca de 700 mil muertes al año son a causa de infecciones ocasionadas por bacterias resistentes a algún antibiótico, ello podría ocasionar millones de muertes a futuro y generar pérdidas económicas («La resistencia antimicrobiana pone en riesgo la salud mundial», 2021). Un comunicado de prensa del Banco Mundial menciona que para el 2050, los daños económicos ocasionados por la resistencia a antibióticos podrían provocar una crisis económica similar a la del 2008 con la desventaja de no existir una recuperación debido a la persistencia del problema, siendo los países en desarrollo los más afectados y acrecentando la pobreza a nivel mundial (Palan & Hermoso, 2016).

Morfología de la pared bacteriana Gram - positiva

Las bacterias son células de tipo procariotas con una estructura interna relativamente sencilla en comparación con las células eucariotas (Brooks, 2007). Dichas estructuras son: la envoltura celular conformada por la membrana citoplasmática y la pared celular, las estructuras citoplasmáticas y las estructuras de la superficie de la bacteria (McVey et al., 2022). La pared celular de la bacteria mantiene la presión osmótica evitando que la bacteria se rompa a causa del transporte activo a través de la membrana plasmática (Brooks, 2007). En 1884, el microbiólogo Hans Christian Gram desarrolló el método de tinción “Gram” para colorear la pared celular de las bacterias diferenciándose entre Gram positivas o Gram negativas (Fischetti et al., 2019). La coloración que retenga la pared celular está ligada a su estructura y su conformación, en el caso de las bacterias gram positivas la pared se tiñe de color púrpur; el principal componente es el peptidoglicano formado por la N-

acetilglucosamina (NAG) y el ácido N-acetilmurámico unidas por enlaces glucosídicos formando así una red (Figura 4).

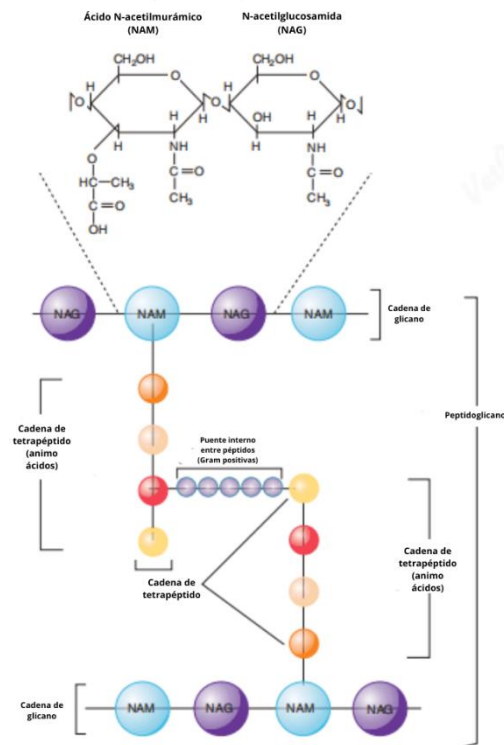


Figura 4. Esquema de la conformación de la pared bacteriana. Se observa cómo se entrelazan las cadenas peptídicas en las bacterias Gram negativas. En morado NAG (N-Acetilglucosamida), en azul (N-acetilmurámico), cadenas de aminoácidos representadas en amarillo, rojo, anaranjado y naranja claro; puente peptídico representado en esferas moradas con contorno azul. Tomado y modificado de Brooks, 2007.

S. aureus, es una bacteria Gram positiva agrupada en racimos, forma parte de la microbiota de la piel y las mucosas de aves y mamíferos, tiene la capacidad de actuar como patógeno oportunista causando infecciones piogénicas; anaerobia facultativa, amotil, oxidasa negativa, catalasa negativa, no forma esporas y es coagulasa positiva (McVey et al., 2022; Quinn et al., 2011). El agar salado manitol, es el medio comúnmente usado para el cultivo de dicha bacteria (Pasachova et al., 2019), las colonias son redondas y de un largo de 3-5 mm, en ocasiones produce un carotenoide que le da un color dorado. Puede sobrevivir en objetos inanimados sobre todo en presencia de sangre o pus por periodos largos de tiempo. *S. aureus* presenta diversos factores de virulencia los cuales son de tipo multifactorial, es decir, se puede encontrar más de uno en la misma variante (McVey et al., 2022).

Respecto a la importancia clínica *S. aureus* es un patógeno oportunista que suele producir lesiones supurativas; los traumas menores y la inmunosupresión predisponen al desarrollo de la infección (Fischetti et al., 2019; McVey et al., 2022). En el cuadro 2 se enlistan las enfermedades causadas por *S. aureus* según la especie animal en la que se aloje.

Cuadro 2. Infecciones causadas por *S. aureus* como patógeno oportunista en animales. Tomado de Kasper et al., 2016; McVey et al., 2022; Quinn et al., 2011 (Kasper et al., 2016; McVey et al., 2022; Quinn et al., 2011).

Especie	Infección producida por <i>S. aureus</i>
Aves	Artritis, sinovitis, condronecrosis osteomielitis, dermatitis gangrenosa, síndrome de hígado verde, osteomielitis en pavos, onfalitis (infección del ombligo y/o del saco vitelino en aves jóvenes), pododermatitis.
Bovinos	Mastitis clínica, metritis, abscesos, neumonía, infecciones umbilicales.
Caprinos	Mastitis clínica
Caninos**	Pioderma, otitis externa, otitis media, infecciones del tracto urinario, infecciones de heridas y tejidos blandos, bacteriemia, osteomielitis (incluida discoespondilitis), infecciones respiratorias y síndrome de shock tóxico
Equinos	Infecciones secundarias en heridas, botriomicosis del cordón espermático después de la castración, artritis séptica, tenosinovitis a menudo después de una infección local del cordón umbilical, mastitis, síndrome de shock tóxico, neumonía asociada con vasculitis y shock.
Felinos*	infecciones del tracto urinario, otitis externa, infecciones de heridas, pioderma, infecciones oculares y síndrome de shock tóxico.
Humanos	Infecciones de incisiones quirúrgicas, artritis séptica, osteomielitis (hematógena o a causa de propagación por contigüidad), piomiositis, neumonía por respiradores u hospitalario, émbolos pulmonares sépticos, endocarditis infecciosa, septicemia, choque séptico, síndrome de choque tóxico, síndrome exfoliativo estafilocócico, infecciones invasoras extrahospitalarias por <i>S. aureus</i> resistente a meticilina (Fascitis necrosante, síndrome de Waterhouse-Friderichsen, neumonía necrosante, púrpura fulminante)
Ovinos	Mastitis, dermatitis, infecciones de heridas, infecciones uterinas, piemia asociada a picaduras de garrapatas en corderos, osteomielitis, artritis neonatal y epididimitis.
Porcinos	Metritis, mastitis, artritis en lechones, abscesos, epidermitis exudativa

Nota: *Es inusual encontrar a este agente en los procesos infecciosos de gatos; ** La principal especie que se ha identificado en procesos infecciosos en perros es *S. intermedius* (Diana et al., 2019).

El Genoma de *Staphylococcus aureus*.

El genoma bacteriano codifica las funciones de la célula y modula la respuesta al entorno. Este genoma puede tener cambios denominados SNV (variaciones en un solo nucleótido) o por transferencia horizontal de genes. Cuando estos cambios proveen de ventajas a la bacteria se dice que evoluciona y por lo tanto son compartidos a las subpoblaciones (Fischetti et al., 2019). Los genes de resistencia a antibióticos de *S. aureus* lo hacen un patógeno de interés para la salud humana y también para la salud animal. Con la introducción de la segunda generación de antibióticos betalactámicos se identificó una nueva proteína de resistencia a antibióticos betalactámicos codificada por el gen *mecA*, la PBP2a, su función principal es unirse al anillo de Penicilina inhibiendo su acción. Los organismos SARM se pueden clasificar según su epidemiología en: adquiridos en la comunidad (CA-MRSA), asociados al ganado (LA-MRSA) y asociados a los hospitales (HA-MRSA) (Figura 5) (Jiang et al., 2023).

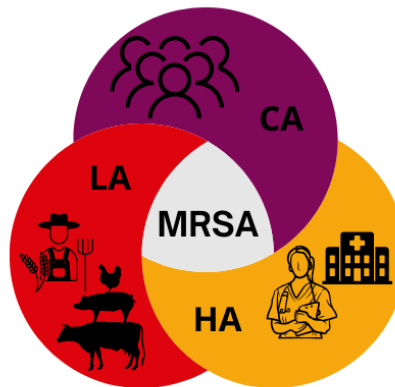


Figura 5. Esquema de las clasificaciones de las cepas SARM. Adquiridas en las comunidades (CA), asociadas al ganado (LA), asociadas a los hospitales (HA)(Fischetti et al., 2019).

El genoma de *S. aureus*, es circular de 2.5 a 3.0 millones de pb con un orden génico muy conservado. Esta especie está dividida en distintos linajes denominados complejos clonales (CC) los cuales están determinados según los SNV, a pesar de estas variaciones en el genoma la mayoría de los linajes de *S. aureus* están bastante conservados. Según el huésped será la eficacia del linaje para ser transportado con éxito. Aún con estas diferencias los linajes aparentan causar las mismas enfermedades y en general presentan un potencial patógeno

similar. El éxito de estos linajes está relacionado con la adquisición de MGE (Fischetti et al., 2019).

Los MGE son fragmentos discretos de ADN que se replican por sí mismos y se integran al cromosoma del hospedador. En estos se encuentran genes de expresión a factores de virulencia, para adaptarse al hospedador y de resistencia a antibióticos. Están ampliamente distribuidos en *S. aureus* y conforman de un 10% a un 20% del genoma. Los de mayor interés e importancia clínica son los elementos del cromosoma del casete estafilocócico o SCC por sus siglas en inglés (Staphylococcal Chromosomal Cassete) clasificados en al menos 11 tipos (Fischetti et al., 2019; Jiang et al., 2023). El complejo mec o CCmec por sus siglas en inglés (Clonal Complex mec) contiene un gen estructural de tipo A, B, C o D los cuáles codifican la proteína PBP2a que al unirse a la penicilina de forma específica restaura el péptido glucano de la pared celular (Becker et al., 2014).

La importancia del factor de virulencia va a depender del modelo de estudio, puede ser animal o humano. Una gran parte de estos factores se encuentra en los “elementos genéticos móviles” (MGE), por lo tanto, no forman parte del genoma de la bacteria, los cuáles son: Plásmidos, bacteriófagos, transposones, islas genómicas (Figura 6). Estos factores de virulencia se pueden clasificar según su finalidad en promotores de la colonización tisular, evasión del sistema inmune, destrucción del tejido (Fischetti et al., 2019).

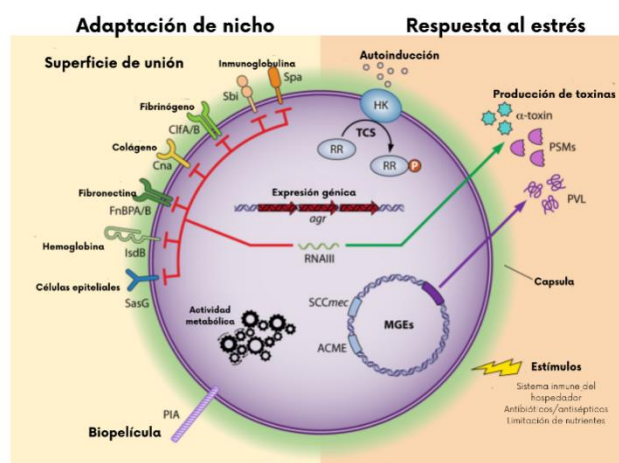


Figura 6. Factores de virulencia de la bacteria *S. aureus*. La expresión o inserción de los MGEs (Color púrpura) es una respuesta al estrés, como los estímulos del sistema inmune. El SCCmec es un MGE que codifica la proteína PBP, la cual

evita la unión de los β - lactámicos al peptidoglucano de la pared bacteriana de *S. aureus*. Tomado y modificado Jiang et al., 2023.

Las cepas SARM adquieren la resistencia a los antibióticos betalactámicos por la adquisición del SCCmec el cual tiene una longitud aproximada de 21 a 60 kb (Lakhundi & Zhang, 2018) está integrado en el cromosoma bacteriano al lado del gen *orfX* (Aguayo-Reyes et al., 2018) clasificándose en tipos y subtipos; los tipos de SCCmec se determinan según el tipo de *ccr* y la clase de gen *mec* que se encuentre dentro del complejo *mec*. Estos dos elementos son los responsables de la escisión o la integración del complejo al genoma bacteriano («Classification of Staphylococcal Cassette Chromosome *Mec* (SCC *Mec*)», 2009). El complejo *ccr* consiste en los marcos de lectura adyacentes y el/los genes *ccr*, hasta el momento se han descrito tres genes: *ccrA*, *ccrB* y *ccrC*. Estos complejos se enumeran según se han identificado. El primer grupo porta los genes adyacentes *ccrA* y *ccrB*; el segundo porta únicamente el gen *ccrC*. El complejo *mec* está conformado por el gen *mec*, los genes que lo regulan y las secuencias de inserción asociadas. Se describen clases distintas para este complejo (Tabla 3).

Tabla 3. Clases del complejo *mec*. Tomada y modificada de Lakhundi & Zhang, 2018 (Lakhundi & Zhang, 2018).

Tipo de gen <i>mec</i> (Semejanza de la secuencia de ADN <70)	Alotipo del gen <i>mec</i> (semejanza de la secuencia ≤ 70 y <97)	Mismo alotipo (semejanza de la secuencia $\leq 95\%$)
mecA	mecA	<i>S. aureus</i> N315 y numerosos otros
	mecA1	<i>S. sciuri</i> K11, <i>S. sciuri</i> TXG-24 y otros
	mecA2	<i>S. vitulinus</i> C5B08, <i>S. vitulinus</i> SVMP01 y otros
mecB	mecB	<i>M. caseolyticus</i> JCSC402, <i>M. caseolyticus</i> KM4S013 y otros.
mecC	mecC	<i>S. aureus</i> LGA251 y otros
	mecC1	

	mecC2	
mecD	mecD	M. caseolyticus IMD0819

La clase A contiene un gen *mecA*, los genes *mecR1* y *mecl* en dirección al gen *mecA*, la región hipervariable (HVR), estas regiones tienen secuencias que difieren entre bacterias mostrando una diversidad (López-Aladid et al., 2023); y la secuencia de inserción IS431, es una secuencia de ADN de tipo transponible, es decir, con la capacidad de moverse de un lugar a otro en el genoma (Balas et al., 2016), posterior al gen *mecA*; la clase B se conforma por un gen *mecA*, un gen *mecR1* truncado por la secuencia de inserción IS1272 en dirección al gen *mecA*, la HVR junto a la secuencia de inserción IS431 posterior al gen *mecA*; la clase C consiste en un gen *mecA* y *mecR1* trunco; la clase D tiene una secuencia de inserción IS431, un gen *mecA*, y un gen *mecR1* trunco; finalmente la clase E consiste en un gen *blaZ*, un gen *mecC*, un gen *mecR1* y un gen *mecl*. Se conocen 4 genes con homología al gen: *mecA1*, *mecA2*, *mecB*, *mecC* (Figura 8).

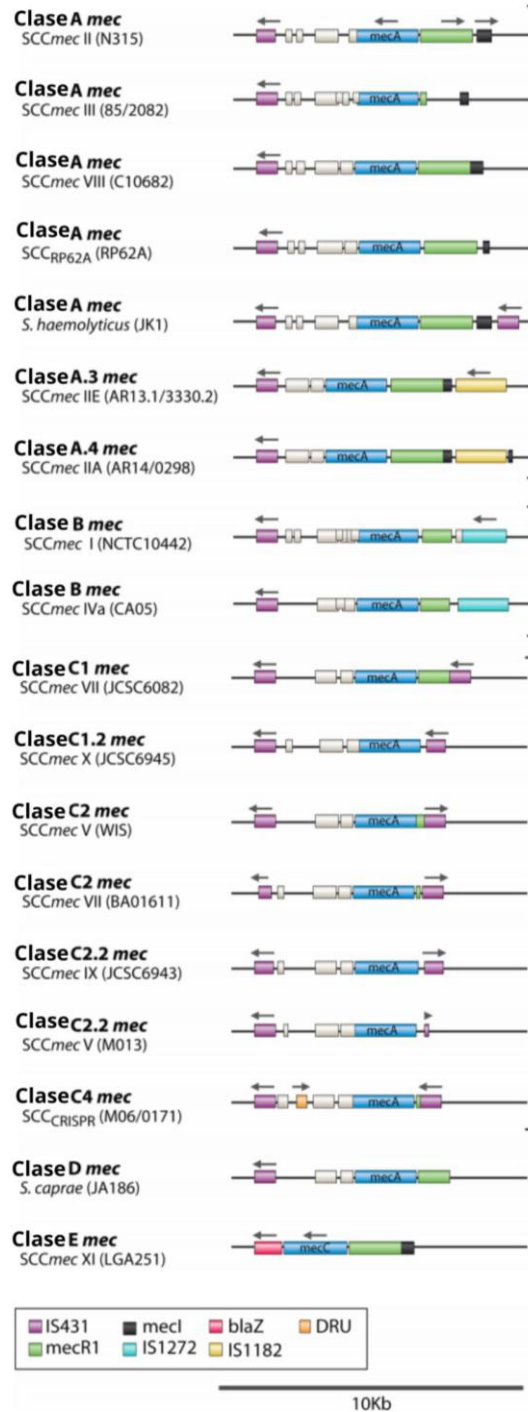


Figura 4. Topología de los diferentes tipos de genes homólogos de *mecA* (que es un gen de referencia). Elementos reguladores que controlan la expresión del SCCmec : IS431 (morado), IS1272 (azul claro) e IS1182 (amarillo) son mediadores de la expresión de los genes *mec* (Katayama et al., 2001); *mecI* (negro) y *mecR1* son reguladores del complejo *mec*; *blaZ* (rosa) principal mediador de la resistencia a la meticilina (Pereira et al., 2014); DRU (anaranjado) (Direct Repeat Unit) segmento altamente polimórfico (Nahvi et al., 2001). Las flechas de color negro que se muestran sobre las secuencias representan la dirección en la que codifica la secuencia. Los recuadros blancos representan las regiones hipervariables de la secuencia. Tomada y modificada de Lakhundi & Zhang, 2018.

Este casete cromosómico también contiene regiones J (Joining regions) que consisten en elementos no esenciales y se emplean para determinar los subtipos de SCCmec. Estos genes se clasifican en J1, J2 Y J3 (Uehara, 2022). A la fecha, se conocen 13 tipos distintos de SCCmec. El SCCmec XI posee el complejo mec de clase E en el que se encuentra el gen mecC y el ccr de tipo 8, su longitud es de 29.4 kb y se encuentra en una amplia variedad de especies hospedadoras (animales de compañía, animales silvestres, ganado, el ser humano) (Lakhundi & Zhang, 2018). Este complejo también contiene genes de resistencia a metales pesados (Aguayo-Reyes et al., 2018).

Las proteínas fijadoras de penicilina o PBP por sus siglas en inglés (Penicillin Binding Protein), son enzimas de tipo transpeptidasa que participan en la síntesis del peptidoglucano al entrecruzar las hebras laterales aminoacídicas unidas al NAM. Las PBP se unen al betalactámico por medio del complejo acil-enzima produciendo una inhibición irreversible, la estabilidad de esta unión se debe a que el anillo Betalactámico se inserta completamente en el sitio activo de la enzima impidiendo la unión de otros compuestos. Las cepas de *S. aureus* poseen cuatro tipos de PBP: PBP1, PBP2 y PBP3 son las de mayor peso molecular y tienen una función transpeptidasa; la PBP2 es la única que además de ser transpeptidasa también tiene una función transglicosilasa; La PBP4 tiene un bajo peso molecular y participa en la síntesis y reciclado del peptidoglucano (Aguayo-Reyes et al., 2018). Las cepas SARM pueden codificar a la PBP2a gracias al gen mecA, a esta resistencia que adquieren se le llama de bajo nivel a la meticilina, además, tienen la característica de ser heterogéneas y de tener una subpoblación de bacterias con la capacidad de crecer en altas concentraciones de antibiótico (Chambers, 1997). Esta enzima tiene una menor afinidad por los betalactámicos ya que su sitio activo es de menor tamaño dificultando el acceso, también tiene una función alostérica al favorecer la unión de los enlaces peptídicos de la pared bacteriana (Aguayo-Reyes et al., 2018).

Bioinformática

La bioinformática aparece tras la necesidad de los investigadores Dayhoff, Eck y Ledley de manejar grandes volúmenes de información de una forma óptima, específicamente para el análisis de ADN y proteínas. Es una herramienta definida de diversas formas. Una de ellas

es el estudio de sistemas enfocado a la biología molecular computacional (Choudhuri, 2014). También se a definido como el almacenamiento, la manipulación e interpretación de ácidos nucleicos y aminoácidos por medio de bases de datos implementando también algoritmos y estadística (Jiang et al., 2023). La aplicación de esta herramienta también considera predecir el proceso de enfermedades, desarrollar un análisis y la posterior integración de diversas moléculas, así como un manejo óptimo de bases de datos y un fácil acceso a las mismas (Bergeron, 2003; Choudhuri, 2014). La bioinformática emplea diversas bases de datos, por ejemplo, NCBI (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) y programas de edición, análisis y alineamiento para una precisa interpretación de las secuencias de genes. El realización de la tesis, se emplearon diversas bases de datos públicas como: NCBI, PDB, entre otras y para el análisis de las secuencias sé usaron programas de alineamiento múltiple, donde, alineamiento múltiple de secuencias (MAS) consiste en la comparación de 2 o miles de secuencias homólogas por medio de algoritmos (los cuáles varían según el programa) para así obtener las coincidencias más óptimas entre las secuencias y su organización evolutiva (Daugelaite et al., 2013; Prjibelski et al., 2019).

Biología molecular

La biología molecular se encarga del estudio de los procesos y estructuras moleculares que regulan, expresan o almacenan la información genética (J. A. Lozano, 2005). Para el estudio de las estructuras, es decir los ácidos nucleicos y las proteínas, se han desarrollado técnicas con las cuáles se pueden analizar, sintetizar y modificar las moléculas; entre estas técnicas encontramos la secuenciación o la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) (Peña et al., 2013). También, se han desarrollado técnicas más especializadas para el análisis de las interacciones entre estas moléculas; el acoplamiento molecular automatizado o molecular docking es una herramienta computacional diseñada para aproximar la conformación y posición óptima de un ligando en una diana biológica y así determinar la probabilidad de unión (interacción biológica) existe (Saldívar-González et al., 2015). Se emplea principalmente para el diseño de fármacos asistido por computadora (DIFAC) para el modelado molecular de compuestos con actividad biológica que tiene entre sus objetivos optimizar la actividad biológica de los compuestos activos (Medina-Franco et al., 2015).

Planteamiento del problema

El gen *mecC*, codifica a la proteína PBP2a de las cepas *S. aureus*, generalmente presentes en humanos y animales, en dónde radica la importancia al ser el homólogo del gen *mecA*, a la vez que es zoonótico; características que lo hacen difícil de detectar en pruebas de PCR generando falsos negativos en comparación a su homólogo el gen *mecA* el cuál puede ser fácilmente identificado por medio de PCR. Además, el gen *mecC* genera resistencia a los betalactámicos complicando los tratamientos de enfermedades infecciosas y postergando las estancias hospitalarias (Lewis, 2020; Uddin et al., 2021).

Hasta la fecha, ha sido reportado en cepas SARM y con una mayor incidencia en el continente europeo (Armand-Lefevre et al., 2005; García-Álvarez et al., 2011). Los estudios genéticos y filogenéticos han ayudado a determinar el origen del gen *mecC*, así como la comprensión de los mecanismos de adquisición de resistencia a antimicrobianos de la bacteria *S. aureus* (Abdullahi et al., 2021; C. Lozano et al., 2020; Price et al., 2012). Un análisis más detallado del gen *mecC*, permitirá obtener datos como la actividad biológica de la proteína PBP2a en las variantes de *S. aureus*, y a su vez inferir la presencia del gen *mecC*. En México, no se han realizado reportes sobre el gen *mecC*, por lo tanto, resulta imperante investigar de manera profunda la función de los componentes proteicos de PBP2a codificada por *mecC* de las variantes de *S. aureus*, lo cual generará información relevante para estudios posteriores en hospitales en México, identificando las cepas resistentes a los beta-lactámicos y a su vez, podría brindar un fuerte soporte al control sanitario de los hospitales en el estado de Puebla y a nivel nacional en México.

Justificación

S. aureus es una bacteria Gram positiva que forma parte de la microbiota de la mucosa oral, nasal y de la piel (principalmente) de mamíferos y aves (McVey et al., 2022). Es un patógeno oportunista causante de enfermedades nosocomiales tanto en animales como en seres humanos a nivel mundial. La aparición de las cepas SARM generó un problema de salud pública despertando el interés de los investigadores en comprender el mecanismo por el cuál esta bacteria genera la resistencia a antibióticos Betalactámicos (CDC, 2019). Dentro del genoma de las cepas SARM se encuentran la porción SCCmec el cual contiene diversos genes que regulan la resistencia a los Betalactámicos. El primer reporte del gen *mecC* fue realizado por investigadores del continente europeo, aislado en humanos y en animales, indicando un alto potencial zoonótico, y codificando a la proteína PBP2a de tipo transglicosilasa. Una de las particularidades del gen *mecC* es que comparte un 69% de homología con el gen *mecA* acercándose a la zona de “twilight”, para la identificación de cepas SARM podrían presentar falsos negativos. Por ello, es indispensable realizar un análisis bioinformático *in silico* de los componentes moleculares de la proteína PBP2a en las variantes de *S. aureus* de México.

Objetivos

Objetivo General

Identificar por medio de herramientas bioinformáticas e *in silico* los genes *mecC* y las proteínas PBP2a presentes en las variantes de *S. aureus* reportadas en México.

Objetivos Particulares

1. Identificar la presencia del gen *mecC*.
2. Describir el sitio de unión a los betalactámicos.
3. Reconocer las posibles mutantes en el sitio de unión.

Hipótesis

Los determinantes moleculares encontrados mediante herramientas bioinformáticas en el gen *mecC* identifican las cepas resistentes a meticilina *de* las variantes de *S. aureus*.

Materiales y métodos

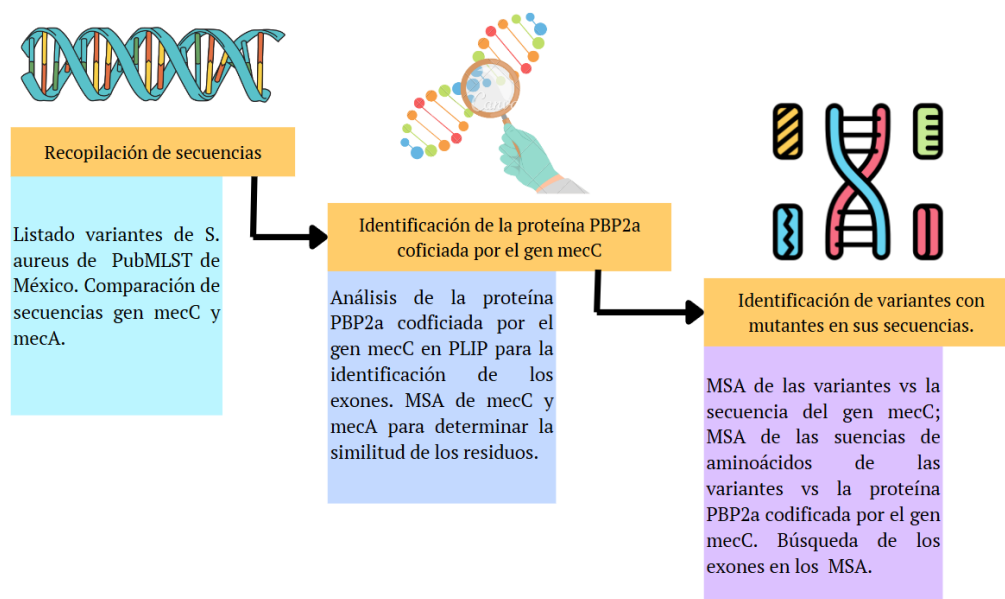


Figura 5. Metodología para el análisis bioinformático de las variantes SARM en México.

Recopilación de secuencias

La base de datos PubMLST (<https://pubmlst.org/organisms/staphylococcus-aureus>) (Jolley et al., 2018) contiene un listado de 33 genomas completos de variantes de *S. aureus* provenientes de México los cuáles se emplearon para realizar el presente trabajo de investigación. De acuerdo con Lakhundi & Zhang (Lakhundi & Zhang, 2018) el gen *mecC* se localiza en el SCCmec de la bacteria *S. aureus* por tal motivo se tomaron las secuencias SCCmec de las variantes para realizar el análisis. Se destaca que las cepas de *S. aureus* no han sido tipificadas en México y tampoco hay antecedentes de reportes del gen *mecC* en el territorio mexicano (Anexo 1). Las principales características de estas variantes se enlistan en la tabla 4.

Tabla 4. Variantes de *S. aureus* de México.

Id PubMLST	Nombre del aislamiento	Origen
33232	MXcow8	Leche
33233	MXcow13s	Leche
33234	MXcow14	Leche
33235	MXcow15	Leche

33236	MXcow18	Leche
33237	MXcow1824L	Leche
47011	A22_1232	Sangre (humano)
47012	A22_1243	Sangre (humano)
47013	A22_1364	Sangre (humano)
47014	A22_1695	Sangre (humano)
47015	A22_1697	Sangre (humano)
47016	A22_1714	Sangre (humano)
47017	A22_1752	Biopsia (humano)
47018	A23_2165	No especifica
47019	A23_2201	Sangre (humano)
47020	A23_2228	Sangre (humano)
47021	A23_2229	Sangre (humano)
47022	A23_2321	Sangre (humano)
47023	A23_2388	Ascitis (humano)
47024	A23_2438	Sangre (humano)
47025	A23_2511	Sangre (humano)
47026	A23_2537	Sangre (humano)
47027	A23_2538	Sangre (humano)
47028	A23_2539	Sangre (humano)
47029	A23_2540	Sangre (humano)
47030	A23_2574	Aspirado de articulación (humano)
47031	A23_2575	Sangre (humano)
47032	A23_2580	Ascitis (humano)
47033	A23_2619	Líquido cefalorraquídeo (humano)
47034	A23_2905	Sangre (humano)
47035	A23_2940	Sangre (humano)
47036	A23_2959	Sangre (humano)
47037	A23_2979	Sangre (humano)

Se realizó la búsqueda de las secuencias de los genes *mecA*, *mecC* y *mecB* en la base de datos NCBI (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) (Tabla 5).

Tabla 5. Secuencias de los genes *mecA*, *mecC* y *mecB*.

Nombre del gen	No. De acceso de NCBI	Secuencia
<i>mecA</i>	NG_047937.1	<p>CCTTCTACACCTCCATATCACAAAAATTATAACATTATTTTGACATAAACTACATTTGTAATATA CTACAAATGTAGTCTTATATAAGGAGGATATTGATGAAAAAGATAAAAAATTGTTCCACTTATTTTAA TAGTTGTAGTTGTCGGGTTTGGTATATATTTTATGCTTCAAAAGATAAAGAAATTAATAACTAT TGATGCAATTGAAGATAAAAAATTTCAAACAAGTTTATAAAGATAGCAGTTATATTTCTAAAAGCGAT AATGGTGAAGTAGAAATGACTGAACGTCCGATAAAAAATATAAATAGTTTLAGGCGTTAAAGATATAA ACATTCAGGATCGTAAAAATAAAAAAGTATCTAAAAATAAAAAACGAGTAGATGCTCAATATAAAAT TAAAACAACTACGGTAACATTGATCGCAACGTTCAATTTAATTTTGTAAAGAAGATGGTATGTGG AAGTTAGATTGGGATCATAGCGTCATTATTCAGGAATGCAGAAAGACCAAAGCATAACATATTGAAA ATTTAAATCAGAACGTGGTAAAATTTTAGACCGAAACAATGTGGAATTGGCCAATACAGGAACAGC ATATGAGATAGGCATCGTTCCAAGAATGTATCTAAAAAGATTATAAAGCAATCGCTAAAGAACTA AGTATTTCTGAAGACTATATCAACAACAATGGATCAAAATTTGGGTACAAGATGATACCTTCGTTT CACTTAAAACCGTTAAAAAATGGATGAATATTTAAGTGATTTTCGAAAAAATTTTCATCTTACAAC TAATGAAACAGAAAGTCGTAACATCTCTAGAAAAAGCGACTTCACATCTATTAGTTTATGTTGGT CCCATTAACCTGAAGAATTAACAACAAAAAGAAATATAAAGGCTATAAAGATGATGCAAGTTATTGGTA AAAAGGGACTCGAAAACTTTACGATAAAAAAGCTCCAACATGAAGATGGCTATCGTGCACAATCGT TGACGATAATAGCAATACAATCGCACATACATTAATAGAGAAAAAGAAAAAGATGGCAAAGATATT CAACTAATATTGATGCTAAAGTTCAAAGAGTATTTATAACAACATGAAAAATGATTATGGCTCAG GTACTGCTATCCACCCTCAAACAGGTGAATTTATTAGCACTTGTAAAGCACACCTTCATATGACGCTTA TCCATTTATGTATGGCATGAGTAACGAAGAATATAATAAATTAACCGAAGATAAAAAAGAACCTCTG CTCAACAAGTTCAGATTACAACCTCACAGGTTCAACTCAAAAAATATTAACAGCAATGATTGGGT TAAATAACAACATTAGACGATAAAACAAGTTATAAATCGATGGTAAAGGTTGGCAAAAAGATAA ATCTTGGGGTGGTTACAACGTTACAAGATATGAAGTGGTAAATGGTAAATATCGACTTAAAACAAGCA ATAGAATCATCAGATAACATTTCTTTTGCTAGAGTAGCACTCGAATTAGGCAGTAAGAAATTTGAA AAAGGCATGAAAAACTAGGTGTTGGTGAAGATATACCAAGTATTATCCATTTTATAATGCTCAAA TTTCAACAACAAATTTAGATAATGAAATATTATTAGCTGATTCAGGTTACGGACAAGGTGAAATACT GATTAACCCAGTACAGATCCTTTCAATCTATAGCGCATTAGAAAAAATGGAATATTAACGCACCT CACTTATTAAGACACGAAAAACAAAGTTTGAAGAAAAATATTATTTCCAAAGAAAAATATCAATC TATTAACGTGATGGTATGCAACAAGTCGTAATAAAACACATAAAGAAGATATTTATAGATCTTATGC AAACTTAATTGGCAAAATCCGGTACTGCAGAACTCAAATGAAACAAGGAGAACTGGCAGACAAAT GGGTGGTTTATATCATATGATAAAGATAATCCAACATGATGATGGCTATTAATGTTAAAGATGTAC AAGATAAAGGAATGGCTAGCTACAATGCCAAATCTCAGGTAAGTGTATGATGAGCTATATGAGAA CGGTAATAAAAAATACGATATAGATGAATAACAAAACAGTGAAGCAATCCGTAACGATGGTTGCTTC ACTGTTTATTATGAATTATGAATAAGTGCTGTTACTTCTCCCTTAAATACAATTTCTTCATTT</p>
<i>mecB</i>	NG_047953.1	<p>ACAATTATAAGTTCATTAGACACCTCCAATATAATTATAACATATTTTGACTGATGATTACATTTG TGATATATTACAAATGTAATCAAGGAGGTTGTTATGAAAAATAAAGCTTTAGCAATTTTAATATAT GTATTTGCCTTTTAATAGCATATAATTTGTGAAAAAAGATGAAGTTGATAAAATATTTGATGCTAT TGAATTAAGGGATTTCGAAATATCTGAATGAACATGCGACATCTTATCTAAAAGTCTTTACGACAAA GATCAGAGATATAAAGAATGGATAAGATTGATGCTTCTCTTGGTATTAAGAAGTAAAGTTAGTA ATGTACGACTCGTGCAAAAGAAAAAATAAACGTCATATAGTGCAAATTTAAATTTTAGAACTAA ATATGGTAATTTTCTAGAGAAGGGAATTTCTTTTGAAGGATGAAATAACAAAAAATGGCTT TTGGATTGGTCACCTGAGGTTATAATACCGGATGACTGATAGAAATCAAATCAGTATAGAAACCT TGAATCTTTTCAGAGGAAATACTAGACAGAAACGGGATGATATAGCGAAAGACGGAATTCATTA</p>

	<p>CGAAGTTGGAATAGATATTTAAAAATTTAAATAAAAAAATAAGAAAAATATTTCAAATTTGTTATCA ATAAGTGAATCGACACTAAATAAAAAGTTAAACAACCATGGGTAAAAGAAGGTGTTTTTTTACCTT TAAAATCGTACATAGAGTTGGATGATGAACCTAAATTTGGGTATCCAAAAATATCATTGACGGTTAA TCAAACAAAAGGTAGGGTTTTATCCATTAAGAGAAGCAACAGTACATCTTTTAGGGTATGTTGGAGAA ATTAATGCTGAAGAATTAAGAATAAAAAAGTTTAAGGATTATGATGAACACTCAATCGTAGGAAAAA GTGGTATCGAACTACAATATGATAAACAATTGCAAAAATAAGATGGTTATAAAGTTGTCATAACTAG TGATGATGCATTAATAATGATGAAGATGTCTTGTAGAAAAAGAAACCAAAAAATGGACAGGACATT ATATTAACAATGATAGCAAAGTACAAAGAAGTATATATAGTCATTTAAAAGAAGATAATGGTTCAG GAGTAGCCATGAATCCTAAAACCTGGTGAATTATTAGCTTTAGTTAGTTATCTGCATATGACCCCTA TGAGTTTATGTTCCGGCATTCCGACGAAAACACAAAAGATAGTTAATGATAAGAAAGAGCCCTG TTAAATAAATTTTCAGACAACCTCTTCCCCAGGATCTACTCAGAAATTAATAACATCTATCATAGGTT TGAAAAATGGGACTATAGACGCATCAACCAGCTACAACATAGTAACTAAGGGATGGCAGAGAAATTC TTCATGGGAGGATATGAAGTTACAAGTTTGGAGGAGTTAATGGAGATATTGATTTAGAAAAAGCG ATAGCACATTCTGATAATATATTTTTTGCAAGAGCTACCCCTCGATATGGGTTCCGAAAAATTTATTA AGGGCATGAAAGCTTTAGACATTTGGGAGAAATATTCCTTCTGATTATTTTCAAAGGACAAAT TGCAAAATCCAGAAAGTTTAAAAAATAATTTTAAAAATGAAATATTACTAGCTGATTGAGGATATGGC CAGGGAGAAATACTTTAAGTCCAGTACAAATATTATCTATTTATAGTTCCTTAATTAATGAAGGTA AAATGATGAAACCTAAATTTTGAACAACAAAAGAAGATATTTGGAAAAATCATATTTTCAA AGATGACGTAGATATATTAACAAGAAGCATGAGAAAAGTAGTTACTGGGACACATAGATTGGATGCA GAAAGAAATTATGCACAGTTTGTGGAAAACTGGCAGTGCAGAATTGAAAACCTCTAGAGAAGAGG GGTTAGGAGCTCAAATCGGTTGGTTTGTGGATATGATCAAATAATCCCAATATGATGTTAGGTAT AAGTGTGAAGAATGTAGAGAATAAAGGTATGTCGAGTTATAATGCAAGAAAGTTGGCCGAGATAATG GATGAATTATATGAAAATGGAACGAAAAAATATGAAATAGATAGGTGATATAAAATGCAGAAGTTCT TAATGCTTATCATTGCACTAATATTTTTTATCTGGATGCAATAGTAATAATATCAACAGTTCCGAAAAAT AAAAGAGGATATTA</p>
mecC	<p>NG_047955.1 ATGAAAAAATTTATATTAGTGTGCTAGTTCCTTTTACTAATTATGATTATAATAAAGTTGG TTATTTCAAAGATGACGATATTGAGAAAAACAATTAGTTCCTATTGAAAAAGGAAACTATAAC GAAGTATATAAAAAATAGTTTCAGAAAAATCTAAACTGGCATATGGAGAAGAAGAAATTTGTA GATAGGAATAAAAAAATTTACAAAGATTTAAGTGTCAATAACTTAAAAATTACTAATCAT GAAATTAAAAAAAGTGGAAAAGATAAAAAAGCAAGTTGATGTTAAATATAACATATATACA AAATATGGAACCTATACGACGTAATACACAATTAACCTTTATTTATGAAGATAAGCATTGG AAATTAGATTGGAGACCAGACGTAATAGTACCTGGTTTAAAAATGGACAGAAAAATTAAT ATAGAAACATTTAAATCAGAGCGAGGCAAAAATAAAGATAGAAATGGTATAGAATTAGCT AAAACCTGGAATACATATGAAATCGGTATTGTCCCTAACAAAACACCCAAAGAAAAATAT GATGATATTGCTCGTGACTTACAAATGATACAAAAGCTATAACCAATAAAGTTAATCAA AAATGGGTTTCAGCCAGATTCATTTGTACCAATTAAGAAGATAAATAAACAAGATGAATAT ATAGACAAATTAATTAATCATACAATTTACAAATAAACACTATAAAAAAGCCGTGTTTAT CCATTGAACGAAGCAACAGTACACCTTTTAGGTTATGTGGGTCCAATTAATTTCTGACGAG TTAAAAAGTAAGCAATTTAGAACTATAGCAAAAAATACTGTTATTGAAAAAAAAGGCTTA GAACGCCTCTATGATAAACAATTGCAAAACACTGATGGTTTTAAGGTATCCATTGCAAAAT ACTTATGACAATAAACCTTTAGACACATTATTGGAGAAAAAGGCTGAAAACGGAAAAGAT CTTCATTTAACTATAGATGCTAGAGTACAAGAAAGTATTTATAAACATATGAAAAATGAC GATGGATCTGGTACAGCATTACAACCAAAAACCTGGAGAAATTTTAGCTTTGGTAAAGTACC CCATCGTACGATGTTTATCCATTCATGAATGGATTAAGCAATAATGACTACCGTAAATTA ACTAACATAAAAAAGAGCCTTTGCTCAACAAATTTCAAATCACTACATCACCAGGTTCA</p>

		<p> ACCCAAAAAATATTAACATCTATATAGCCTTAAAAGAAAATAAACTAGACAAAAATACT AATTTTGATATTTATGGTAAGGGTTGGCAAAAAGATGCATCATGGGGTAATTATAATATC ACAAGATTTAAAGTAGTAGACGGCAATATCGATTTAAAGCAAGCAATAGAATCATCAGAC AACATATTTTTTGGCCGCATTGCATTAGCATTAGGAGCCAAAAAATTTGAGCAAGGTATG CAAGATTTGGGAATCGGTGAAAATATCCCGAGTGATTATCCCTTTTATAAAGCACAAATC TCAAATAGTAATTTAAAAAATGAAATATTATTAGCAGATTCAGGATATGGCCAAGGCGAG ATACTAGTAAACCCTATACAAATTTTATCAATATACAGTGCTTTAGAAAATAACGGAAAT ATACAAAATCCTCATGTTTTACGTAAAACAAAATCTCAAATATGAAAAAAGATATTATA CCTAAAAAAGACATAGATATATTAATAATGGTATGGAACGTGTAGTTAATAAAACACAT AGGGATGATATATACAAAAATTATGCCCGAATTATTGGTAAATCTGGCACAGCAGAATTA AAAAATGAATCAAGGGGAAACTGGAAGACAAATAGGTTGGTTTGTTCATATAATAAAAAAT AATCCTAATATGTTAATGGCGATTAATGTTAAAGACGTTCAAATAAAGGGATGGCCAGC TATAATGCTACTATATCTGAAAAAGTTTATGATGATTTGTATGATAATGAAAAACTCAA TTTGATATAGATCAGTAA </p>
--	--	---

La secuencia de la proteína PBP2a nativa codificada por el gen *mecA* fue tomada de la base de datos PDB (Protein Data Bank) (https://www.rcsb.org/?ref=nav_home); la secuencia de la proteína la PBP2a codificada por el gen *mecC* fue tomada de NCBI (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) (Tabla 6).

Tabla 6. Secuencias de las proteínas PBP2a codificadas por los genes *mecA* y *mecC* respectivamente.

Proteína	Gen que lo codifica	No. De acceso PDB/ NCBI	Secuencias
PBP2a	<i>mecA</i>	1VQQ	<p> MASKDKEINNTIDAIEDKNFKQVYKDSSYISKSDNGEVEMTERPIKIYNSLGVKDINIQD RKIKKVSKNKKRVDAQYKIKTNYGNIDRNVQFNFKEDGMWKLWDHDSVIIPGMQKQDSI HIENLKSERGKILDRNNVELANTGTAYEIGIVPKNVSKKDYKAIAKELSISEDIYKQQMD QNWVQDDTFVPLKTVKMKDEYLSDFAKKFHLTTNETESRNYPLEKATSHLLGYVGPINSE ELKQKEYKGYKDDAVIGKKGLEKLYDKKLQHEDGYRVTIVDDNSNTIAHTLIEKKKDGK DIQLTIDAKVQKSIYNNMKNDYGSGTAIHPQTGELLALVSTPSYDVYPFMYGMSNEEYNK LTEDKKEPLLNFQITTSFGSTQKILTAMIGLNNKTLDDKTSYKIDGKGWQKDKSWGGIN VTRYEVVNGNIDLKQAISSDNIFFARVALELGSKKFEKGMKGLGVGEDI PSDYPFYNAQ ISNKNLDNEILLADSGYQGEILINPVQILSIYSALENNGNINAPHLLKDTKNKVWKKNI ISKENINLLTDMGQQVNVNTHKEDIYRSYANLIGKSGTAEKMKQGETGRQIGWFISYDK DNPMMMAINVKDVQDKMASYNAKISGKVYDELYENGNKKYDIDE </p>
PBP2a	<i>mecC</i>	NG_047955.1	<p> MKKIYISVLVLLIMIIITWLFKDDIEKTISSIEKGNVNEVYKNSSEKSKLAYGEEIV DRNKKIYKDLVSNLKIITNHEIKKTGDKKQVDVYNIYTKYGTIRRNTQLNFIYEDKHW KLDWRPDVIVPGLKNGQKINIETLKSERGIKDRNGIELAKTGNTYEIGIVPNKTPKEY DDIARDLQIDTKAITNKVNQKWPDSFVPIKKINKQDEYIDKLIKSYNLQINTIKSRVY </p>

			PLNEATVHLLGYVGPINSDELKSKQFRNYSKNTVIGKKGLERLYDKQLQNTDGFKVSIA TYDNKPLDTLLEKKAENKDLHLTIDARVQESIYKHKMNDGSGTALQPKTGEILALVST PSYDVYPFMNGLSNNDYRKLTKNKKPELLNKFQITTSFGSTQKILTSI IALKENKLDKNT NFDIYGKGWQKDaswGNYNITRFKVVdGNIDLKQAIeSSDNIFFARIALALGAKKFEQGM QDLGIGENIPSDYPFYKAQISNSNLKNEILLADSGYGQGEILVNPIQILSIYSALENNGN IQNPHVLRKTKSQIWKKDIIPKKDIDILTNGMERVVNKTHRDDIYKNYARIIGKSGTAE LKMNQGETGRQIGWFVSYNKNNPNMLMAINVKDVQNKGMASYNATISGKVYDDLNDNGKTO FDIDQ
--	--	--	---

Identificación de la proteína PBP2a codificada por el gen mecC

En la base de datos PDB (https://www.rcsb.org/?ref=nav_home) se encuentran los modelos experimentales de la proteína PBP2a, sin embargo, estos modelos corresponden a la cristalografía de rayos X de la PBP2a codificada por el gen mecA; al momento de realizar la presente investigación no se encontró algún modelo experimental correspondiente a la PBP2a codificada por el gen mecC.

Por tal motivo se empleó el servidor PLIP (Protein-Ligand Interaction Profiler) (<https://plip-tool.biotec.tu-dresden.de/plip-web/plip/index>), esta herramienta web permite identificar los enlaces no covalentes, así como las características de los sitios de unión en las secuencias de proteínas, ADN o ARN (Adasme et al., 2021). Se analizó la secuencia de la PBP2a codificada por el gen mecC identificando los residuos que forman enlaces covalentes y no covalentes. Se identificaron un total de 3 residuos en la secuencia de nucleótidos con 7 exones que forman enlaces no covalentes. Estos residuos se encuentran en el “Binding site” de la proteína PBP2a, siendo el enlace covalente formado por la serina el de mayor relevancia, ver tabla 7 (Lim & Strynadka, 2002).

Tabla 7. Residuos y exones que codifican a la proteína PBP2a codificada por el gen mecC.

Nombre del residuo	Residuos	Exones
R1	SPGSTQK	S*
R2	IESSDNIF	S_N
R3	LIGKSGTAEKLM	KS_T_E

*Exón con enlace covalente que corresponde al “binding site” (Lim & Strynadka, 2002).

Por medio de un alineamiento múltiple de secuencias por sus siglas en inglés MSA (Multiple Sequence Alignment) determinamos la similitud de los residuos que forman los enlaces covalentes y no covalentes en el sitio de unión a la proteína identificados en el gen mecC con el gen mecA, no encontramos alguna variación en los residuos de ambas

secuencias por lo que en ambos genes los residuos son idénticos; estos resultados se observan a detalle en la Tabla 8.

Tabla 8. MSA del gen *mecC* vs el gen *mecA* para la identificación de los residuos con actividad biológica.

gen_mecA_Prot_PBP2a	AUGAAAAGAUAAAA--UUGUCCACUUUUUUAAUAGUUGUAGUUGCGGUUUUGU	57
gen_mecC_2prot_PBP2a	AUGAAAAAAUUUUAUUAGUGUCUAGUUCUUUUUACUAAUUAUGAUUAU--	53
	***** *	
gen_mecA_Prot_PBP2a	AUAUUUUUUUAGCUUCAAAGAUAAAGAAUUAAUUACUUAUGAUGCAAUUGAAGAU	117
gen_mecC_2prot_PBP2a	---AACUUGGUUUAU-CAAAGAUACGAUUUUGAGAAAACAUAAGUUCUUAUGAAAAA	108
	* *	
gen_mecA_Prot_PBP2a	AAAAUUUCAAACAAGUUUUAAGAAUAGCAGUUUAUUUCUAAAAGCGAUAAUGGUGAA	177
gen_mecC_2prot_PBP2a	GGAAACUUAACGAAGUAUAAAAAUGUUCAGAAAAUCUAAACUGGCAUUGGAGAA	168
	* *	
gen_mecA_Prot_PBP2a	GUAGAAUGACUGAACGUCGGAUAAAAUUAUUAUAGUUAAGGCGUUAAAGAUUAAAC	237
gen_mecC_2prot_PBP2a	GAAGAAUUUGAUGAGAAUAAAAAAUUUACAAGAAUUUAAGUGUCAUAAACUUAAA	228
	* *	
gen_mecA_Prot_PBP2a	AUUCAGGAUCGUAUUUAAAAAAAGUAUCUAAAAUAAAAACGAGUAGAUGCUCAAUUAU	297
gen_mecC_2prot_PBP2a	AUUACUUAUCAUGAAAAUAAAAAACUGGAAAAAGUAAAAGCAAGUUGUUAUUAAAUAU	288
	** *	
gen_mecA_Prot_PBP2a	AAAAUUAAAACAACUACGGUAACAUUGAUCGCAACGUCAAUUUUAUUUGUUAAGAA	357
gen_mecC_2prot_PBP2a	AACAUUUAUACAAAAUUGGAACUACGACGUAUACCAUUAAACUUUAUUUUAUGAA	348
	* *	
gen_mecA_Prot_PBP2a	GAUGGUAUGGGAAGUUAUUGGGAUCAUAGCGUCAUUUCCAGGAAUGCAGAAAGCA	417
gen_mecC_2prot_PBP2a	GAUAAGCAUUGGAAUUAGAUUGGAGACGUAUAGUACCUGGUUUUAAAAUUGGA	408
	* *	
gen_mecA_Prot_PBP2a	CAAAGCAUCAUUAUGAAAAUUUAAAAUCAGAACGGUAAAAUUUAGACCAGAAACAAU	477
gen_mecC_2prot_PBP2a	CAGAAAAUAAUUAUGAAAACUUAAAAUCAGAGCGAGGCAAAAUAAAAGUAGAAUUGU	468
	* *	
gen_mecA_Prot_PBP2a	GUGGAAUUGGCCAAUACAGGAACAGCAUUAUGAUAGGCAUCGUCCAAAGAAUGUAUCU	537
gen_mecC_2prot_PBP2a	AUAGAAUUGCUAAAACUGGAAUUAUUAUUAUUAGGUAUUGUCCUAACAAACACCC	528
	* *	
gen_mecA_Prot_PBP2a	AAAAAAGAUUUAAGCAAUCGCUAAAAGACUUAAGUUAUUCUGAA--GACUUAUCAAAC	595
gen_mecC_2prot_PBP2a	AAAGAAAAUUAUGAUUUUGCUGACUUAACAUAUUAAGUAUUAUUAUUAUUAUUAUUA	586
	* *	
gen_mecA_Prot_PBP2a	AACAAUUGGAUCAAUUUUGGUUAACAAGAUUAUUAUUAUUAUUAUUAUUAUUAUUAU	655
gen_mecC_2prot_PBP2a	AUAAAGUUAUAUAAAUUGGUUCAGCCAGAUUAUUAUUAUUAUUAUUAUUAUUAUUA	646
	* *	
gen_mecA_Prot_PBP2a	AAUUGGAUAAUUAUUAAGUUAUUCGCAAAAAAUUUCAUCUACA-----ACUAAU	708
gen_mecC_2prot_PBP2a	AACAAGAUAAUUAUUAAGCAAAU-----UAAUUAUAUCAUAAUUAUUAUUAUUAU	698
	** *	
gen_mecA_Prot_PBP2a	-GAAACAGAAAGUCGUAAACUACCUCUAGAAAAAGCGACUUCACUUAUUAAGUUUUAU	767
gen_mecC_2prot_PBP2a	CACUUAUAAAAGCCGUGUUUAUCUUAUCGAAACGAAGCAACAGUACCCUUUUAUUAUUAU	758
	* *	
gen_mecA_Prot_PBP2a	UGGUCCAUUAACUCUGAAGAAUUAAAACAAAAAGAAUUAUAAAGGCUUAAAGAUAGUC	827
gen_mecC_2prot_PBP2a	GGUCCAAUUAAUUCUGAGAGUAAAAAGUAAAGAAUUAUUAAGAAUUAUUAUUAUUAU	818
	* *	
gen_mecA_Prot_PBP2a	AGUUUUGGUAUAAAGGGACUCGAAAACUUUACGAUAAAAGCUCACAUAGAAGUUG	887
gen_mecC_2prot_PBP2a	UGUUUUGGAAAAAAAGGCUUAGAACCCUUAUGAUAAACAUAUUAAGCAAAACAUAGUG	878
	* *	
gen_mecA_Prot_PBP2a	CUAUCGUGUCACAAUCGUUAGCAUUAUUAAGCAAUACAAUCGCACAUUAUUAUUAUUA	947
gen_mecC_2prot_PBP2a	UUUUAAGGUUAUUAUUAUUAUUAUUAUUAUUAUUAUUAUUAUUAUUAUUAUUAUUA	938
	* *	
gen_mecA_Prot_PBP2a	AAAGAAAAAGUUGCAAAGAUUAUUAACUAAUUAUUAUUAUUAUUAUUAUUAUUAUUAU	1007
gen_mecC_2prot_PBP2a	AAAGGUAAAGAAAGCAAAGAUUAUUAUUAUUAUUAUUAUUAUUAUUAUUAUUAUUAU	998
	* *	
gen_mecA_Prot_PBP2a	UUUAACAACAUGAAAAAUGAUUAUUAUGGUCUAGGUUACUUAUUAUUAUUAUUAUUAU	1067
gen_mecC_2prot_PBP2a	UUUAACAACAUGAAAAAUGAGCAUGGAUUGGUAUUAUUAUUAUUAUUAUUAUUAUUAU	1058
	* *	
gen_mecA_Prot_PBP2a	AUUUUAAGCACUUGUAAGCACACCUUCAUUAUUAUUAUUAUUAUUAUUAUUAUUAUUAU	1127
gen_mecC_2prot_PBP2a	AAUUUUAAGCUUUGUAAGUACCCAUUGCAUUAUUAUUAUUAUUAUUAUUAUUAUUAUUAU	1118

gen_mecA_Prot_PBP2a	UAACGAAGAAUUAUUAUUAAAACCGAAGUAUUUUAAAAGAACCCUCGCUCAACAAGUCC	1187
gen_mecC_2prot_PBP2a	CAAUUAUAGACUACCGUAAAUAACUAACAUAUUAAAAGAGCCUUGCUCACAAUUUCA	1178
gen_mecA_Prot_PBP2a	GAUUACAACUUCACCAGGUUCAACUCAAAAAUUUAACAGCAAUGAUUGGGUAAAUA	1247
gen_mecC_2prot_PBP2a	AAUCACUACUACACCAGGUUCAACCCAAAAUUUAACAUCUAUUUAUGCCUUAAGA	1238
	S P G S T M.S G Q	
gen_mecA_Prot_PBP2a	CAAAACAUUAGACGAUAAAACAAGUUUAUUUUUUGAUGGUAAGGUUGGCAAAAAGUAA	1307
gen_mecC_2prot_PBP2a	AAUUAACUAGACAAAUAACUAAUUUUGAUUUUAUGGUAAGGUUGGCAAAAAGUAA	1298
gen_mecA_Prot_PBP2a	AUCUUGGGUGGUUAACAACGUUAACAAGAUUGAAGUGGUAUUUGGUAUUUAGCUUAAA	1367
gen_mecC_2prot_PBP2a	AUCAUGGGUUAUUUAUUUAUCAACAAGUUUAAGUAGACCGCAAUUUCGAUUUAAA	1358
gen_mecA_Prot_PBP2a	ACAAGCAUAGAAUCAUCA GAU AAC AUUUUCUUGCUGAGUAGCUCGAAUUGGCAG	1427
gen_mecC_2prot_PBP2a	GCAAGCAUAGAAUCAUCA GAC AAC AUUUUUUUGCCCGAUUGCAUUGCAUUGAGGC	1418
	I E S S D ^{M.S} N I ^{M.SF} M.SF	
gen_mecA_Prot_PBP2a	UAAGAAUUUGAAAAAGGCAUGAAAAACUAGGUGUUGGUGAAGAUUACCAAGUGAUUA	1487
gen_mecC_2prot_PBP2a	CAAAAAUUUGAGCAAGGUUAUGCAAGAUUUGGGAUUCGGUAGAAAUUACCCGAGUAAU	1478
gen_mecA_Prot_PBP2a	UCCAUUUUUAUAGUCUAAAUUUCAAACAAAAUUUAGAUAAUUGAAUUUUUAGCUGA	1547
gen_mecC_2prot_PBP2a	UCCUUUUUAUAGCACAUAUCUCAAUAGUAAUUUAAAUAUUGAAUUUUUAGCAGA	1538
gen_mecA_Prot_PBP2a	UUCAGGUUACGGACAAGGUUAAUACUGAUUUAACCCAGUACAGAUCCUUUCAUUAUAG	1607
gen_mecC_2prot_PBP2a	UUCAGGAUUGGCCAAGGCAGAUACUAGUAAACCCUUAUCAAUUUUUAUCAAUUUACAG	1598
gen_mecA_Prot_PBP2a	CGCAUUGAAAAUUAUGGCAAUUUAACGCACCUCACUUUAAAAGACACGAAAAACAA	1667
gen_mecC_2prot_PBP2a	UGCUUUAGAAAAUAACGGAAUUAUCAAAAUCUUAUUGUUUACGUAAAACAAAUCUCA	1658
gen_mecA_Prot_PBP2a	AGUUUGGAAGAAAAUUUUUUUCCAAAGAAAAUUAUCAAUCUUAUUAACUGAUGGUUAUGCA	1727
gen_mecC_2prot_PBP2a	AAUUAUGAAAAAGAUUUUUAUCCUAAAAAGACAUAUUAUUAUUAUUAUUAUUGGUUAUGGA	1718
gen_mecA_Prot_PBP2a	ACAAGUCGUAAAUAACACAUAAAGAAGAUUUUUAUAGAUUUUAUGCAAACUUAUUGG	1787
gen_mecC_2prot_PBP2a	ACGUGUAGUUAAAUAACAUAGGGAUGAUUAUUAUCAAUUUAUGCCGAAUUUAUUGG	1778
	L I	
gen_mecA_Prot_PBP2a	CAAUUCUGGUACUGCAGAAUCUAAAUGAAACAAGGAGAAACUGGCAGACAAUUGGGUG	1847
gen_mecC_2prot_PBP2a	UAAUUCUGGCACAGCAGAAUUAUAAAUGAAUCAAGGGGAACUGGAAAGACAAUUGGUUG	1838
	G ^{M.SK} S G T ^{M.S} A E L K	
gen_mecA_Prot_PBP2a	GUUUUAUCAUUAUGAUAAAGAUAAUCCAAACAUGAUGGCUAUUAUUGUUAUAAAGAUUG	1907
gen_mecC_2prot_PBP2a	GUUUGUUCAUUAUUAUAAAUAUCCUAAUUAUGUUAUUGGCGAUUAUUGUUAUAAAGACGU	1898
gen_mecA_Prot_PBP2a	ACAAGAUAAAGGAUUGGCUAGCUACAAGCCAAAAUCUAGGUAAAGUGUAUGAUGAGCU	1967
gen_mecC_2prot_PBP2a	UCAAAAUAAGGAUGGCCAGCUUAUAGCUUAUUAUCUGGAAAGUUUAUGAUGAUUU	1958
gen_mecA_Prot_PBP2a	AUAUGAGAACGGUAAUAAAAUACGAUUAUGAUGAAUUA 2007	
gen_mecC_2prot_PBP2a	GUAUGAUAAUGAAAAACUCAAUUUGAUUAUGAUGAUGAAUUA 1998	

En color magenta: exón de *Serina con enlace covalente*; *cian*: residuos con enlaces no covalentes; en color *cian* exones que forman en laces no covalentes.

Posteriormente, se realizaron los MSA del gen *mecC* con la porción SCC*mec* de cada variante de *S. aureus*, sin embargo, no se mostraron resultados concluyentes para ser empleados en el análisis bioinformático. Se optó por realizar un BLAST desde la página de PubMLST de las variantes de *S. aureus* de México con el gen *mecC* (Anexo 2). Con las

secuencias obtenidas del BLAST, se realizaron nuevamente los MSA de cada variante vs el gen *mecC* (Anexo 3) en los cuáles se identificaron los residuos, así como los exones que codifican a la proteína PBP2a de *mecC*, los residuos encontrados en las variantes se enlistan en la tabla 9.

Tabla 9. Residuos con enlaces covalentes en la secuencia de DNA de las variantes de *S. aureus*

Código	%MI	ASM del triplete de nucleótidos con la variante			Aminoácido que codifica
R1		gen_mecC_2prot_PBP2a	GCTCAACAAATTTCAAATCACTACATCACCAGGTTCACACCAAAAAATATTAACATCTAT	1223	S
47011 ^{PM}	68.47%	47011 A22_1232 blood	GCTCAACAAGTTCAGATTACAACCTCACCAGGTTCACACTCAAAAAATATTAACAGCAAT	1257	S
47012 ^{PM}	68.47%	47012 A22_1243 blood	GCTCAACAAGTTCAGATTACAACCTCACCAGGTTCACACTCAAAAAATATTAACAGCAAT	1257	S
47013 ^{PM}	68.47%	47013 A22_1364 blood	GCTCAACAAGTTCAGATTACAACCTCACCAGGTTCACACTCAAAAAATATTAACAGCAAT	1257	S
47014 ^{PM}	68.47%	47014 A22_1695 blood	GCTCAACAAGTTCAGATTACAACCTCACCAGGTTCACACTCAAAAAATATTAACAGCAAT	1257	S
47015 ^{PM}	68.42%	47015 A22_1697 blood	GCTCAACAAGTTCAGATTACAACCTCACCAGGTTCACACTCAAAAAATATTAACAGCAAT	1257	S
47016 ^{PM}	68.47%	47016 A22_1714 blood	GCTCAACAAGTTCAGATTACAACCTCACCAGGTTCACACTCAAAAAATATTAACAGCAAT	1257	S
47017 ^{PM}	68.47%	47017 A22_1752 biopsy	GCTCAACAAGTTCAGATTACAACCTCACCAGGTTCACACTCAAAAAATATTAACAGCAAT	1257	S
47018 ^{PM}	68.47%	47018 A23_2165 other	GCTCAACAAGTTCAGATTACAACCTCACCAGGTTCACACTCAAAAAATATTAACAGCAAT	1257	S
47019 ^{PM}	68.47%	47019 A23_2201 blood	GCTCAACAAGTTCAGATTACAACCTCACCAGGTTCACACTCAAAAAATATTAACAGCAAT	1257	S
47020 ^{PM}	68.47%	47020 A23_2228 blood	GCTCAACAAGTTCAGATTACAACCTCACCAGGTTCACACTCAAAAAATATTAACAGCAAT	1257	S
47021 ^{PM}	68.47%	47021 A23_2229 blood	GCTCAACAAGTTCAGATTACAACCTCACCAGGTTCACACTCAAAAAATATTAACAGCAAT	1257	S
47022 ^{PM}	68.47%	47022 A23_2321 blood	GCTCAACAAGTTCAGATTACAACCTCACCAGGTTCACACTCAAAAAATATTAACAGCAAT	1257	S
47023 ^{PM}	68.47%	47023 A23_2388 ascites	GCTCAACAAGTTCAGATTACAACCTCACCAGGTTCACACTCAAAAAATATTAACAGCAAT	1257	S
47024 ^{PM}	68.47%	47024 A23_2438 blood	GCTCAACAAGTTCAGATTACAACCTCACCAGGTTCACACTCAAAAAATATTAACAGCAAT	1257	S
47025 ^{PM}	68.47%	47025 A23_2511 blood	GCTCAACAAGTTCAGATTACAACCTCACCAGGTTCACACTCAAAAAATATTAACAGCAAT	1257	S
47026 ^{PM}	68.52%	47026 A23_2537 blood	GCTCAACAAGTTCAGATTACAACCTCACCAGGTTCACACTCAAAAAATATTAACAGCAAT	1257	S
47027 ^{PM}	68.52%	47027 A23_2538 blood	GCTCAACAAGTTCAGATTACAACCTCACCAGGTTCACACTCAAAAAATATTAACAGCAAT	1257	S
47028 ^{PM}	68.52%	47028 A23_2539 blood	GCTCAACAAGTTCAGATTACAACCTCACCAGGTTCACACTCAAAAAATATTAACAGCAAT	1257	S
47029 ^{PM}	68.47%	47029 A23_2540 blood	GCTCAACAAGTTCAGATTACAACCTCACCAGGTTCACACTCAAAAAATATTAACAGCAAT	1257	S
47030 ^{PM}	68.47%	47030 A23_2574 joint	GCTCAACAAGTTCAGATTACAACCTCACCAGGTTCACACTCAAAAAATATTAACAGCAAT	1257	S
47031 ^{PM}	68.47%	47031 A23_2575 blood	GCTCAACAAGTTCAGATTACAACCTCACCAGGTTCACACTCAAAAAATATTAACAGCAAT	1257	S
47032 ^{PM}	68.47%	47032 A23_2580 ascites	GCTCAACAAGTTCAGATTACAACCTCACCAGGTTCACACTCAAAAAATATTAACAGCAAT	1257	S
47033 ^{PM}	68.47%	47033 A23_2619 CSF	GCTCAACAAGTTCAGATTACAACCTCACCAGGTTCACACTCAAAAAATATTAACAGCAAT	1257	S
47035 ^{PM}	68.47%	47035 A23_2940 blood	GCTCAACAAGTTCAGATTACAACCTCACCAGGTTCACACTCAAAAAATATTAACAGCAAT	1257	S
47036 ^{PM}	68.42%	47036 A23_2959 blood	GCTCAACAAGTTCAGATTACAACCTCACCAGGTTCACACTCAAAAAATATTAACAGCAAT	1257	S
47037 ^{PM}	68.42%	47037 A23_2979 blood	GCTCAACAAGTTCAGATTACAACCTCACCAGGTTCACACTCAAAAAATATTAACAGCAAT	1257	S
R2		gen_mecC_2prot_PBP2a	CAATATCGATTTAAAGCAAGCAATAGAATCATCAGACAACATATTTTTTGCCCGCATTGC	1403	S - N
47011 ^{PM}	68.47%	47011 A22_1232 blood	TAATATCGACTTAAACAAGCAATAGAATCATCAGATAAACATTTT TTTGCTAGAGTAGC MS MS MS	1437	S - N
47012 ^{PM}	68.47%	47012 A22_1243 blood	TAATATCGACTTAAACAAGCAATAGAATCATCAGATAAACATTTT TTTGCTAGAGTAGC MS MS MS	1437	S - N
47013 ^{PM}	68.47%	47013 A22_1364 blood	TAATATCGACTTAAACAAGCAATAGAATCATCAGATAAACATTTTCTTTGCTAGAGTAGC	1437	S - N
47014 ^{PM}	68.47%	47014 A22_1695 blood	TAATATCGACTTAAACAAGCAATAGAATCATCAGATAAACATTTTCTTTGCTAGAGTAGC	1437	S - N
47015 ^{PM}	68.42%	47015 A22_1697 blood	TAATATCGACTTAAACAAGCAATAGAATCATCAGATAAACATTTTCTTTGCTAGAGTAGC	1437	S - N

47016 ^{PM}	68.47%	47016 A22_1714 blood	TAATATCGACTTAAAACAAGCAATAGAATCATCAGATAAACATTTTCTTTGCTAGAGTAGC	1437	S - N
47017 ^{PM}	68.47%	47017 A22_1752 biopsy	TAATATCGACTTAAAACAAGCAATAGAATCATCAGATAAACATTTTCTTTGCTAGAGTAGC	1437	S - N
47018 ^{PM}	68.47%	47018 A23_2165 other	TAATATCGACTTAAAACAAGCAATAGAATCATCAGATAAACATTTTCTTTGCTAGAGTAGC	1437	S - N
47019 ^{PM}	68.47%	47019 A23_2201 blood	TAATATCGACTTAAAACAAGCAATAGAATCATCAGATAAACATTTTCTTTGCTAGAGTAGC	1437	S - N
47020 ^{PM}	68.47%	47020 A23_2228 blood	TAATATCGACTTAAAACAAGCAATAGAATCATCAGATAAACATTTTCTTTGCTAGAGTAGC	1437	S - N
47021 ^{PM}	68.47%	47021 A23_2229 blood	TAATATCGACTTAAAACAAGCAATAGAATCATCAGATAAACATTTTCTTTGCTAGAGTAGC	1437	S - N
47022 ^{PM}	68.47%	47022 A23_2321 blood	TAATATCGACTTAAAACAAGCAATAGAATCATCAGATAAACATTTTCTTTGCTAGAGTAGC	1437	S - N
47023 ^{PM}	68.47%	47023 A23_2388 ascites	TAATATCGACTTAAAACAAGCAATAGAATCATCAGATAAACATTTTCTTTGCTAGAGTAGC	1437	S - N
47024 ^{PM}	68.47%	47024 A23_2438 blood	TAATATCGACTTAAAACAAGCAATAGAATCATCAGATAAACATTTTCTTTGCTAGAGTAGC	1437	S - N
47025 ^{PM}	68.47%	47025 A23_2511 blood	TAATATCGACTTAAAACAAGCAATAGAATCATCAGATAAACATTTTCTTTGCTAGAGTAGC	1437	S - N
47026 ^{PM}	68.52%	47026 A23_2537 blood	TAATATCGACTTAAAACAAGCAATAGAATCATCAGATAAACATTTTCTTTGCTAGAGTAGC	1437	S - N
47027 ^{PM}	68.52%	47027 A23_2538 blood	TAATATCGACTTAAAACAAGCAATAGAATCATCAGATAAACATTTTCTTTGCTAGAGTAGC	1437	S - N
47028 ^{PM}	68.52%	47028 A23_2539 blood	TAATATCGACTTAAAACAAGCAATAGAATCATCAGATAAACATTTTCTTTGCTAGAGTAGC	1437	S - N
47029 ^{PM}	68.47%	47029 A23_2540 blood	TAATATCGACTTAAAACAAGCAATAGAATCATCAGATAAACATTTTCTTTGCTAGAGTAGC	1437	S - N
47030 ^{PM}	68.47%	47030 A23_2574 joint	TAATATCGACTTAAAACAAGCAATAGAATCATCAGATAAACATTTTCTTTGCTAGAGTAGC	1437	S - N
47031 ^{PM}	68.47%	47031 A23_2575 blood	TAATATCGACTTAAAACAAGCAATAGAATCATCAGATAAACATTTTCTTTGCTAGAGTAGC	1437	S - N
47032 ^{PM}	68.47%	47032 A23_2580 ascites	TAATATCGACTTAAAACAAGCAATAGAATCATCAGATAAACATTTTCTTTGCTAGAGTAGC	1437	S - N
47033 ^{PM}	68.47%	47033 A23_2619 CSF	TAATATCGACTTAAAACAAGCAATAGAATCATCAGATAAACATTTTCTTTGCTAGAGTAGC	1437	S - N
47035 ^{PM}	68.47%	47034 A23_2905 blood	TAATATCGACTTAAAACAAGCAATAGAATCATCAGATAAACATTTTCTTTGCTAGAGTAGC	1437	S - N
47036 ^{PM}	68.47%	47035 A23_2940 blood	TAATATCGACTTAAAACAAGCAATAGAATCATCAGATAAACATTTTCTTTGCTAGAGTAGC	1437	S - N
47037 ^{PM}	68.42%	47036 A23_2959 blood	TAATATCGACTTAAAACAAGCAATAGAATCATCAGATAAACATTTTCTTTGCTAGAGTAGC	1437	S - N
47011 ^{PM}	68.42%	47037 A23_2979 blood	TAATATCGACTTAAAACAAGCAATAGAATCATCAGATAAACATTTTCTTTGCTAGAGTAGC	1437	S - N
R3		gen_mecC_2prot_PBP2a	TGCCCGAATTATGGTAAATCTGGCACAGCAGAATTAAAAATGAATCAAGGGGAAACTGG	1823	KS - T - E
47011 ^{PM}	68.47%	47011 A22_1232 blood	TGCAAACTTAAATTGGCAAAATCGGGTACTGCAGAACTGAAAATGAAACAAGGAGAAACTGG	1857	KS ^{MS} - T ^{MS} - E
47012 ^{PM}	68.47%	47012 A22_1243 blood	TGCAAACTTAAATTGGCAAAATCGGGTACTGCAGAACTGAAAATGAAACAAGGAGAAACTGG	1857	KS ^{MS} - T ^{MS} - E
47013 ^{PM}	68.47%	47013 A22_1364 blood	TGCAAACTTAAATTGGCAAAATCGGGTACTGCAGAACTGAAAATGAAACAAGGAGAAACTGG	1857	KS ^{MS} - T ^{MS} - E
47014 ^{PM}	68.47%	47014 A22_1695 blood	TGCAAACTTAAATTGGCAAAATCGGGTACTGCAGAACTGAAAATGAAACAAGGAGAAACTGG	1857	KS ^{MS} - T ^{MS} - E
47015 ^{PM}	68.42%	47015 A22_1697 blood	TGCAAACTTAAATTGGCAAAATCGGGTACTGCAGAACTGAAAATGAAACAAGGAGAAACTGG	1857	KS ^{MS} - T ^{MS} - E
47016 ^{PM}	68.47%	47016 A22_1714 blood	TGCAAACTTAAATTGGCAAAATCGGGTACTGCAGAACTGAAAATGAAACAAGGAGAAACTGG	1857	KS ^{MS} - T ^{MS} - E
47017 ^{PM}	68.47%	47017 A22_1752 biopsy	TGCAAACTTAAATTGGCAAAATCGGGTACTGCAGAACTGAAAATGAAACAAGGAGAAACTGG	1857	KS ^{MS} - T ^{MS} - E
47018 ^{PM}	68.47%	47018 A23_2165 other	TGCAAACTTAAATTGGCAAAATCGGGTACTGCAGAACTGAAAATGAAACAAGGAGAAACTGG	1857	KS ^{MS} - T ^{MS} - E
47019 ^{PM}	68.47%	47019 A23_2201 blood	TGCAAACTTAAATTGGCAAAATCGGGTACTGCAGAACTGAAAATGAAACAAGGAGAAACTGG	1857	KS ^{MS} - T ^{MS} - E
47020 ^{PM}	68.47%	47020 A23_2228 blood	TGCAAACTTAAATTGGCAAAATCGGGTACTGCAGAACTGAAAATGAAACAAGGAGAAACTGG	1857	KS ^{MS} - T ^{MS} - E
47021 ^{PM}	68.47%	47021 A23_2229 blood	TGCAAACTTAAATTGGCAAAATCGGGTACTGCAGAACTGAAAATGAAACAAGGAGAAACTGG	1857	KS ^{MS} - T ^{MS} - E
47022 ^{PM}	68.47%	47022 A23_2321 blood	TGCAAACTTAAATTGGCAAAATCGGGTACTGCAGAACTGAAAATGAAACAAGGAGAAACTGG	1857	KS ^{MS} - T ^{MS} - E
47023 ^{PM}	68.47%	47023 A23_2388 ascites	TGCAAACTTAAATTGGCAAAATCGGGTACTGCAGAACTGAAAATGAAACAAGGAGAAACTGG	1857	KS ^{MS} - T ^{MS} - E
47024 ^{PM}	68.47%	47024 A23_2438 blood	TGCAAACTTAAATTGGCAAAATCGGGTACTGCAGAACTGAAAATGAAACAAGGAGAAACTGG	1857	KS ^{MS} - T ^{MS} - E

47025 ^{PM}	68.47%	47025 A23_2511 blood	TGCAAACTTAATTGGC	AAATC	GGTACTGCAGAACTCAAAATGAAACAAGGAGAACTGG	1857	KS	MS	T	MS	-	E
47026 ^{PM}	68.52%	47026 A23_2537 blood	TGCAAACTTAATTGGC	AAATC	GGTACTGCAGAACTCAAAATGAAACAAGGAGAACTGG	1857	KS	MS	T	MS	-	E
47027 ^{PM}	68.52%	47027 A23_2538 blood	TGCAAACTTAATTGGC	AAATC	GGTACTGCAGAACTCAAAATGAAACAAGGAGAACTGG	1857	KS	MS	T	MS	-	E
47028 ^{PM}	68.52%	47028 A23_2539 blood	TGCAAACTTAATTGGC	AAATC	GGTACTGCAGAACTCAAAATGAAACAAGGAGAACTGG	1857	KS	MS	T	MS	-	E
47029 ^{PM}	68.47%	47029 A23_2540 blood	TGCAAACTTAATTGGC	AAATC	GGTACTGCAGAACTCAAAATGAAACAAGGAGAACTGG	1857	KS	MS	T	MS	-	E
47030 ^{PM}	68.47%	47030 A23_2574 joint	TGCAAACTTAATTGGC	AAATC	GGTACTGCAGAACTCAAAATGAAACAAGGAGAACTGG	1857	KS	MS	T	MS	-	E
47031 ^{PM}	68.47%	47031 A23_2575 blood	TGCAAACTTAATTGGC	AAATC	GGTACTGCAGAACTCAAAATGAAACAAGGAGAACTGG	1857	KS	MS	T	MS	-	E
47032 ^{PM}	68.47%	47032 A23_2580 ascites	TGCAAACTTAATTGGC	AAATC	GGTACTGCAGAACTCAAAATGAAACAAGGAGAACTGG	1857	KS	MS	T	MS	-	E
47033 ^{PM}	68.47%	47033 A23_2619 CSF	TGCAAACTTAATTGGC	AAATC	GGTACTGCAGAACTCAAAATGAAACAAGGAGAACTGG	1857	KS	MS	T	MS	-	E
47035 ^{PM}	68.47%	47034 A23_2905 blood	TGCAAACTTAATTGGC	AAATC	GGTACTGCAGAACTCAAAATGAAACAAGGAGAACTGG	1857	KS	MS	T	MS	-	E
47036 ^{PM}	68.47%	47035 A23_2940 blood	TGCAAACTTAATTGGC	AAATC	GGTACTGCAGAACTCAAAATGAAACAAGGAGAACTGG	1857	KS	MS	T	MS	-	E
47037 ^{PM}	68.42%	47036 A23_2959 blood	TGCAAACTTAATTGGC	AAATC	GGTACTGCAGAACTCAAAATGAAACAAGGAGAACTGG	1857	KS	MS	T	MS	-	E
47011 ^{PM}	68.42%	47037 A23_2979 blood	TGCAAACTTAATTGGC	AAATC	GGTACTGCAGAACTCAAAATGAAACAAGGAGAACTGG	1857	KS	MS	T	MS	-	E

^{PM}PubMLST (https://pubmlst.org/bigsub?db=pubmlst_saureus_isolates&page=query&prov_field1=f_country&prov_value1=Mexico&submit=1), ^{MI} Matriz identidad; ^{MS} Mutación silenciosa. En color magenta: exón de *Serina con enlace covalente*; *cian*: residuos con enlaces no covalentes; en color *cian* exones que forman en laces no covalentes; en color verde: mutaciones silenciosas identificadas dentro de la secuencia.

Identificación de mutantes

Se emplearon los residuos de aminoácidos enlistados en la tabla 7 para la identificación de mutantes en las secuencias de aminoácidos de las variantes. Se realizó la traducción de las secuencias de las variantes empleando la herramienta bioinformática *Transcription and Translation Tool* (<https://biomodel.uah.es/en/lab/cybertory/analysis/trans.htm>); con las secuencias de aminoácidos de las variantes se realizó un MSA con la proteína PBP2a codificada por el gen *mecC* (Anexo 4). Los resultados de esta búsqueda se enlistan en la tabla 10, en donde se observan las secuencias que coinciden con los residuos y la matriz de identidad que comparten, así mismo se reportan las secuencias con alguna mutante.

Tabla 10. Residuos con enlaces covalentes de la secuencia de aminoácidos de las variantes vs la secuencia de PBP2a codificada por el gen *mecC*.

Código	% ^M	ASM del triplete de aminoácidos con la variante		Aminoácido que codifica
R1		<i>mecC_2_Prot_PBP2a</i>	PSYDVYPFMNGLSNNDYRKLTKNKEPLLNFQITTS SGS TQKILTSIIALKENKLDKNT	420 S
33233 ^{PM}	24.29%	33233	--ANDLYQNTY PGST KSYGLAAAIQEGAFDPDKKYKSGHRDIMGSRISDWN-RVGWGE	358 S
47011 ^{PM}	64.23%	47011	PSYDVYPFMYGMSNEEYNKLTEDKKEPLLNFQITTS SGS TQKILTAMIGLNNKTLDDKT	398 S
47012 ^{PM}	64.23%	47012	PSYDVYPFMYGMSNEEYNKLTEDKKEPLLNFQITTS SGS TQKILTAMIGLNNKTLDDKT	398 S
47013 ^{PM}	64.23%	47013	PSYDVYPFMYGMSNEEYNKLTEDKKEPLLNFQITTS SGS TQKILTAMIGLNNKTLDDKT	398 S
47014 ^{PM}	64.23%	47014	PSYDVYPFMYGMSNEEYNKLTEDKKEPLLNFQITTS SGS TQKILTAMIGLNNKTLDDKT	398 S
47015 ^{PM}	64.07%	47015	PSYDVYPFMYGMSNEEYNKLTEDKKEPLLNFQITTS SGS TQKILTAMIGLNNKTLDDKT	398 S
47016 ^{PM}	64.23%	47016	PSYDVYPFMYGMSNEEYNKLTEDKKEPLLNFQITTS SGS TQKILTAMIGLNNKTLDDKT	398 S
47017 ^{PM}	64.23%	47017	PSYDVYPFMYGMSNEEYNKLTEDKKEPLLNFQITTS SGS TQKILTAMIGLNNKTLDDKT	398 S
47018 ^{PM}	64.23%	47018	PSYDVYPFMYGMSNEEYNKLTEDKKEPLLNFQITTS SGS TQKILTAMIGLNNKTLDDKT	398 S
47019 ^{PM}	64.23%	47019	PSYDVYPFMYGMSNEEYNKLTEDKKEPLLNFQITTS SGS TQKILTAMIGLNNKTLDDKT	398 S
47020 ^{PM}	64.23%	47020	PSYDVYPFMYGMSNEEYNKLTEDKKEPLLNFQITTS SGS TQKILTAMIGLNNKTLDDKT	398 S
47021 ^{PM}	64.23%	47021	PSYDVYPFMYGMSNEEYNKLTEDKKEPLLNFQITTS SGS TQKILTAMIGLNNKTLDDKT	398 S
47022 ^{PM}	64.23%	47022	PSYDVYPFMYGMSNEEYNKLTEDKKEPLLNFQITTS SGS TQKILTAMIGLNNKTLDDKT	398 S
47023 ^{PM}	64.23%	47023	PSYDVYPFMYGMSNEEYNKLTEDKKEPLLNFQITTS SGS TQKILTAMIGLNNKTLDDKT	398 S
47024 ^{PM}	64.23%	47024	PSYDVYPFMYGMSNEEYNKLTEDKKEPLLNFQITTS SGS TQKILTAMIGLNNKTLDDKT	398 S
47025 ^{PM}	64.23%	47025	PSYDVYPFMYGMSNEEYNKLTEDKKEPLLNFQITTS SGS TQKILTAMIGLNNKTLDDKT	398 S
47026 ^{PM}	64.39%	47026	PSYDVYPFMYGMSNEEYNKLTEDKKEPLLNFQITTS SGS TQKILTAMIGLNNKTLDDKT	398 S
47027 ^{PM}	64.39%	47027	PSYDVYPFMYGMSNEEYNKLTEDKKEPLLNFQITTS SGS TQKILTAMIGLNNKTLDDKT	398 S
47028 ^{PM}	64.39%	47028	PSYDVYPFMYGMSNEEYNKLTEDKKEPLLNFQITTS SGS TQKILTAMIGLNNKTLDDKT	398 S
47029 ^{PM}	64.23%	47029	PSYDVYPFMYGMSNEEYNKLTEDKKEPLLNFQITTS SGS TQKILTAMIGLNNKTLDDKT	398 S
47030 ^{PM}	64.23%	47030	PSYDVYPFMYGMSNEEYNKLTEDKKEPLLNFQITTS SGS TQKILTAMIGLNNKTLDDKT	398 S
47031 ^{PM}	64.23%	47031	PSYDVYPFMYGMSNEEYNKLTEDKKEPLLNFQITTS SGS TQKILTAMIGLNNKTLDDKT	398 S
47032 ^{PM}	64.23%	47032	PSYDVYPFMYGMSNEEYNKLTEDKKEPLLNFQITTS SGS TQKILTAMIGLNNKTLDDKT	398 S
47033 ^{PM}	64.23%	47033	PSYDVYPFMYGMSNEEYNKLTEDKKEPLLNFQITTS SGS TQKILTAMIGLNNKTLDDKT	398 S
47034 ^{PM}	64.23%	47034	PSYDVYPFMYGMSNEEYNKLTEDKKEPLLNFQITTS SGS TQKILTAMIGLNNKTLDDKT	398 S
47035 ^{PM}	64.23%	47035	PSYDVYPFMYGMSNEEYNKLTEDKKEPLLNFQITTS SGS TQKILTAMIGLNNKTLDDKT	398 S
47036 ^{PM}	64.07%	47036	PSYDVYPFMYGMSNEEYNKLTEDKKEPLLNFQITTS SGS TQKILTAMIGLNNKTLDDKT	398 S
47037 ^{PM}	64.07%	47037	PSYDVYPFMYGMSNEEYNKLTEDKKEPLLNFQITTS SGS TQKILTAMIGLNNKTLDDKT	398 S
R2		<i>mecC_2_Prot_PBP2a</i>	YNI TRFKVVDGNI DLKQA IESSDN IFFARIALALGAKKFEQGMQDLGIGENI PSDYPFYK	497 S_N
47011 ^{PM}	64.23%	47011	SYKIDGKGWQDKSWGGYNVTRYEVVNGNIDLKQA IESSDN IFFARVALELGSKKFEKGM	458 S_N
47012 ^{PM}	64.23%	47012	SYKIDGKGWQDKSWGGYNVTRYEVVNGNIDLKQA IESSDN IFFARVALELGSKKFEKGM	458 S_N
47013 ^{PM}	64.23%	47013	SYKIDGKGWQDKSWGGYNVTRYEVVNGNIDLKQA IESSDN IFFARVALELGSKKFEKGM	458 S_N
47014 ^{PM}	64.23%	47014	SYKIDGKGWQDKSWGGYNVTRYEVVNGNIDLKQA IESSDN IFFARVALELGSKKFEKGM	458 S_N
47015 ^{PM}	64.23%	47015	SYKIDGKGWQDKSWGGYNVTRYEVVNGNIDLKQA IESSDN IFFARVALELGSKKFEKGM	458 S_N
47016 ^{PM}	64.23%	47016	SYKIDGKGWQDKSWGGYNVTRYEVVNGNIDLKQA IESSDN IFFARVALELGSKKFEKGM	458 S_N
47017 ^{PM}	64.23%	47017	SYKIDGKGWQDKSWGGYNVTRYEVVNGNIDLKQA IESSDN IFFARVALELGSKKFEKGM	458 S_N
47018 ^{PM}	64.23%	47018	SYKIDGKGWQDKSWGGYNVTRYEVVNGNIDLKQA IESSDN IFFARVALELGSKKFEKGM	458 S_N
47019 ^{PM}	64.23%	47019	SYKIDGKGWQDKSWGGYNVTRYEVVNGNIDLKQA IESSDN IFFARVALELGSKKFEKGM	458 S_N
47020 ^{PM}	64.23%	47020	SYKIDGKGWQDKSWGGYNVTRYEVVNGNIDLKQA IESSDN IFFARVALELGSKKFEKGM	458 S_N

47021 ^{PM}	64.23%	47021	SYKIDGKGWQKDKSWGGINVTRYEVVNGNIDLKQAIESSDNIF FARVALELGSKKFEKGM	458	S_N
47022 ^{PM}	64.23%	47022	SYKIDGKGWQKDKSWGGINVTRYEVVNGNIDLKQAIESSDNIF FARVALELGSKKFEKGM	458	S_N
47023 ^{PM}	64.23%	47023	SYKIDGKGWQKDKSWGGINVTRYEVVNGNIDLKQAIESSDNIF FARVALELGSKKFEKGM	458	S_N
47024 ^{PM}	64.23%	47024	SYKIDGKGWQKDKSWGGINVTRYEVVNGNIDLKQAIESSDNIF FARVALELGSKKFEKGM	458	S_N
47025 ^{PM}	64.23%	47025	SYKIDGKGWQKDKSWGGINVTRYEVVNGNIDLKQAIESSDNIF FARVALELGSKKFEKGM	458	S_N
47026 ^{PM}	64.39%	47026	SYKIDGKGWQKDKSWGGINVTRYEVVNGNIDLKQAIESSDNIF FARVALELGSKKFEKGM	458	S_N
47027 ^{PM}	64.39%	47027	SYKIDGKGWQKDKSWGGINVTRYEVVNGNIDLKQAIESSDNIF FARVALELGSKKFEKGM	458	S_N
47028 ^{PM}	64.39%	47028	SYKIDGKGWQKDKSWGGINVTRYEVVNGNIDLKQAIESSDNIF FARVALELGSKKFEKGM	458	S_N
47029 ^{PM}	64.23%	47029	SYKIDGKGWQKDKSWGGINVTRYEVVNGNIDLKQAIESSDNIF FARVALELGSKKFEKGM	458	S_N
47030 ^{PM}	64.23%	47030	SYKIDGKGWQKDKSWGGINVTRYEVVNGNIDLKQAIESSDNIF FARVALELGSKKFEKGM	458	S_N
47031 ^{PM}	64.23%	47031	SYKIDGKGWQKDKSWGGINVTRYEVVNGNIDLKQAIESSDNIF FARVALELGSKKFEKGM	458	S_N
47032 ^{PM}	64.23%	47032	SYKIDGKGWQKDKSWGGINVTRYEVVNGNIDLKQAIESSDNIF FARVALELGSKKFEKGM	458	S_N
47033 ^{PM}	64.23%	47033	SYKIDGKGWQKDKSWGGINVTRYEVVNGNIDLKQAIESSDNIF FARVALELGSKKFEKGM	458	S_N
47034 ^{PM}	64.23%	47034	SYKIDGKGWQKDKSWGGINVTRYEVVNGNIDLKQAIESSDNIF FARVALELGSKKFEKGM	458	S_N
47035 ^{PM}	64.23%	47035	SYKIDGKGWQKDKSWGGINVTRYEVVNGNIDLKQAIESSDNIF FARVALELGSKKFEKGM	458	S_N
47036 ^{PM}	64.07%	47036	SYKIDGKGWQKDKSWGGINVTRYEVVNGNIDLKQAIESSDNIF FARVALELGSKKFEKGM	458	S_N
47037 ^{PM}	64.07%	47037	SYKIDGKGWQKDKSWGGINVTRYEVVNGNIDLKQAIESSDNIF FARVALELGSKKFEKGM	458	S_N
R3		mecC_2_Prot_PBP2a	IQNPHVLRKTKSQIWKKDIIPKKDIDILTNMGERVNVKTHRDDIYKNYARIGKSGTAEL	600	KS_T_E
47011 ^{PM}	64.23%	47011	INAPHLKDTKNKVWKKNIISKENINLLTDGMQQVNVNKT HKEDIYRSYANLIGKSGTAEL	578	KS_T_E
47012 ^{PM}	64.23%	47012	INAPHLKDTKNKVWKKNIISKENINLLTDGMQQVNVNKT HKEDIYRSYANLIGKSGTAEL	578	KS_T_E
47013 ^{PM}	64.23%	47013	INAPHLKDTKNKVWKKNIISKENINLLTDGMQQVNVNKT HKEDIYRSYANLIGKSGTAEL	578	KS_T_E
47014 ^{PM}	64.23%	47014	INAPHLKDTKNKVWKKNIISKENINLLTDGMQQVNVNKT HKEDIYRSYANLIGKSGTAEL	578	KS_T_E
47015 ^{PM}	64.23%	47015	INAPHLKDTKNKVWKKNIISKENINLLTDGMQQVNVNKT HKEDIYRSYANLIGKSGTAEL	578	KS_T_E
47016 ^{PM}	64.23%	47016	INAPHLKDTKNKVWKKNIISKENINLLTDGMQQVNVNKT HKEDIYRSYANLIGKSGTAEL	578	KS_T_E
47017 ^{PM}	64.23%	47017	INAPHLKDTKNKVWKKNIISKENINLLTDGMQQVNVNKT HKEDIYRSYANLIGKSGTAEL	578	KS_T_E
47018 ^{PM}	64.23%	47018	INAPHLKDTKNKVWKKNIISKENINLLTDGMQQVNVNKT HKEDIYRSYANLIGKSGTAEL	578	KS_T_E
47019 ^{PM}	64.23%	47019	INAPHLKDTKNKVWKKNIISKENINLLTDGMQQVNVNKT HKEDIYRSYANLIGKSGTAEL	578	KS_T_E
47020 ^{PM}	64.23%	47020	INAPHLKDTKNKVWKKNIISKENINLLTDGMQQVNVNKT HKEDIYRSYANLIGKSGTAEL	578	KS_T_E
47021 ^{PM}	64.23%	47021	INAPHLKDTKNKVWKKNIISKENINLLTDGMQQVNVNKT HKEDIYRSYANLIGKSGTAEL	578	KS_T_E
47022 ^{PM}	64.23%	47022	INAPHLKDTKNKVWKKNIISKENINLLTDGMQQVNVNKT HKEDIYRSYANLIGKSGTAEL	578	KS_T_E
47023 ^{PM}	64.23%	47023	INAPHLKDTKNKVWKKNIISKENINLLTDGMQQVNVNKT HKEDIYRSYANLIGKSGTAEL	578	KS_T_E
47024 ^{PM}	64.23%	47024	INAPHLKDTKNKVWKKNIISKENINLLTDGMQQVNVNKT HKEDIYRSYANLIGKSGTAEL	578	KS_T_E
47025 ^{PM}	64.23%	47025	INAPHLKDTKNKVWKKNIISKENINLLTDGMQQVNVNKT HKEDIYRSYANLIGKSGTAEL	578	KS_T_E
47026 ^{PM}	64.39%	47026	INAPHLKDTKNKVWKKNIISKENINLLTDGMQQVNVNKT HKEDIYRSYANLIGKSGTAEL	578	KS_T_E
47027 ^{PM}	64.39%	47027	INAPHLKDTKNKVWKKNIISKENINLLTDGMQQVNVNKT HKEDIYRSYANLIGKSGTAEL	578	KS_T_E
47028 ^{PM}	64.39%	47028	INAPHLKDTKNKVWKKNIISKENINLLTDGMQQVNVNKT HKEDIYRSYANLIGKSGTAEL	578	KS_T_E
47029 ^{PM}	64.23%	47029	INAPHLKDTKNKVWKKNIISKENINLLTDGMQQVNVNKT HKEDIYRSYANLIGKSGTAEL	578	KS_T_E
47030 ^{PM}	64.23%	47030	INAPHLKDTKNKVWKKNIISKENINLLTDGMQQVNVNKT HKEDIYRSYANLIGKSGTAEL	578	KS_T_E
47031 ^{PM}	64.23%	47031	INAPHLKDTKNKVWKKNIISKENINLLTDGMQQVNVNKT HKEDIYRSYANLIGKSGTAEL	578	KS_T_E
47032 ^{PM}	64.23%	47032	INAPHLKDTKNKVWKKNIISKENINLLTDGMQQVNVNKT HKEDIYRSYANLIGKSGTAEL	578	KS_T_E
47033 ^{PM}	64.23%	47033	INAPHLKDTKNKVWKKNIISKENINLLTDGMQQVNVNKT HKEDIYRSYANLIGKSGTAEL	578	KS_T_E
47034 ^{PM}	64.23%	47034	INAPHLKDTKNKVWKKNIISKENINLLTDGMQQVNVNKT HKEDIYRSYANLIGKSGTAEL	578	KS_T_E

47035 ^{PM}	64.23%	47035	INAPHLKDTKNKVWKKNIISKENINLLTDGMQQVVKTHKEDIYRSYANLIGKSGTAEEL	578	KS_T_E
47036 ^{PM}	64.07%	47036	INAPHLKDTKNKVWKKNIISKENINLLTDGMQQVVKTHKEDIYRSYANLIGKSGTAEEL	578	KS_T_E
47037 ^{PM}	64.07%	47037	INAPHLKDTKNKVWKKNIISKENINLLTDGMQQVVKTHKEDIYRSYANLIGKSGTAEEL	578	KS_T_E

^{PM}PubMLST (https://pubmlst.org/bigsubdb?db=pubmlst_saureus_isolates&page=query&prov_field1=f_country&prov_value1=Mexico&submit=1), ^{Mi} Matriz identidad; ^{MP} Mutación puntual. En color magenta: exón de *Serina* que forma el enlace covalente; color cian: residuos con enlaces no covalentes; color verde: mutaciones silenciosas identificadas dentro de la secuencia

Resultados

Variantes de *S. aureus* reportadas en México

De las 33 variantes analizadas 6 son de origen alimenticio provenientes de muestras de leche de vaca con mastitis y 27 de origen humano de las cuáles 21 provienen de muestras de sangre, 2 de muestras de ascitis, 1 de una muestra de biopsia, 1 de una muestra de aspirado de articulación, 1 de una muestra de líquido cefalorraquídeo y 1 muestra no se especificaron de donde provenía.

En los resultados del MSA del gen *mecC* vs el SCC*mec* de las variantes no fue posible hallar alguno de los residuos del gen *mecC*. Por otro lado, al realizar el BLAST desde la página web de PubMLST se obtuvo un listado de secuencias en las cuales se lograron identificar los residuos del gen *mecC* y la proteína PBP2a codificada por el mismo; sin embargo, la información presentada en la plataforma no especifica la ubicación de dichas secuencias dentro del genoma de las variantes. Ello indica que se debe realizar un análisis exhaustivo de las secuencias en diferentes plataformas bioinformáticas.

Identificación de residuos que forman enlaces covalentes y no covalentes en las secuencias de ADN de las variantes de *S. aureus*.

El análisis de los resultados obtenidos en la tabla 9 indica que las secuencias en las que se identificaron los residuos del gen *mecC* corresponden a variantes de origen humano. Los porcentajes de la matriz de identidad (M.I.) de las variantes muestran que un 85% de las variantes comparten el 68.47% de identidad con la secuencia del gen *mecC* (Figura 6), las variantes 47026, 47027 y 47028 compartieron el porcentaje de M.I. más elevado con un porcentaje de 68.52%, estas son de origen humano y provenientes de muestras de sangre.

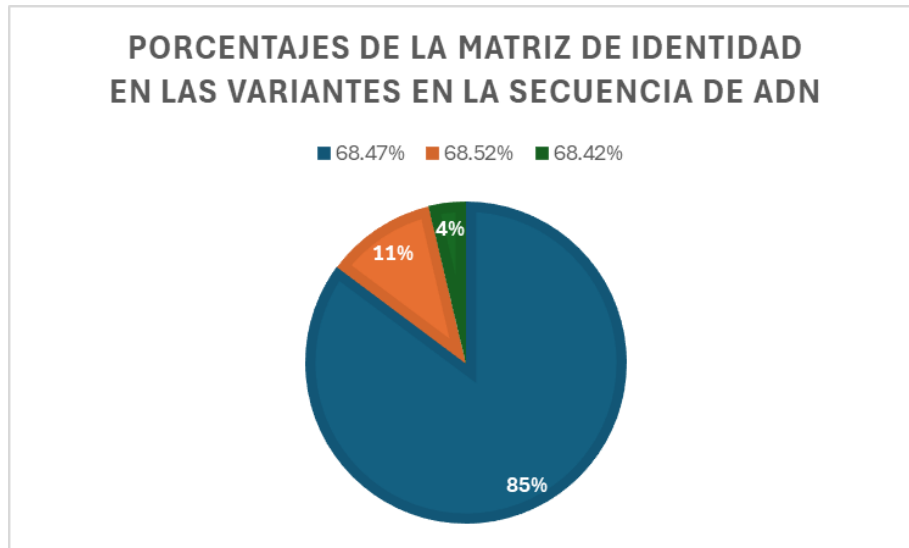


Figura 6. Representación gráfica del porcentaje de la matriz de identidad de las variantes respecto al gen *mecC*. Azul 68.47% de matriz de identidad; anaranjado 68.52% de matriz de identidad; verde 68.42% de matriz de identidad.

El R1 contiene el exón con la secuencia TCA que codifica a la serina que forma el enlace covalente en el *sitio de unión* de la proteína PBP2a codificada por el gen *mecC*; al identificar el R1 en las variantes encontramos que este exón se mantiene conservado en todas secuencias que lo contienen. El R2 conforma una secuencia de enlaces no covalentes en el *sitio de unión* de la proteína PBP2a codificada por el gen *mecC*, los exones que contiene esta secuencia son TCA y AAC que codifican a una serina y una asparagina respectivamente los cuales se encuentran conservados en todas las variantes en las que se identificó (Cuadro 9). Para el resto de la secuencia que conforma el R2 identificamos 3 mutaciones silenciosas en todas las variantes en las que se identificó. El R3 corresponde a la última secuencia que forma enlaces no covalentes en el *sitio de unión* de la proteína PBP2a codificada por el gen *mecC* y contiene a los exones AAA, ACT, ACA, GAA que codifican a los aminoácidos lisina, serina, treonina y ácido glutámico. De los exones antes mencionados el triplete de serina y treonina presentan mutaciones silenciosas respectivamente. En el resto de la secuencia de R3 el primer triplete que inicia la secuencia en las variantes cambia a una leucina; dentro de la secuencia de R3 también se encontraron mutaciones silenciosas en el tercer triplete que codifica a una glicina, en el sexto triplete que codifica a una glicina y en el penúltimo triplete de la secuencia el cuál codifica a una leucina. Estos hallazgos en la conformación de la secuencia del R3 fueron idénticas en todas las secuencias de las variantes en las que fue hallado.

R1 contiene 21 pares de bases, R2 contiene 27 pares de bases y R3 contiene 33 pares de bases en sus secuencias respectivamente, dando un total de 81 pares de bases. En el R1 no identificamos ninguna mutación silenciosa, en el R2 se identificaron 3 mutaciones silenciosas en la secuencia y en el R3 se identificaron 2 mutaciones silenciosas en dos de los exones que contiene y 3 mutaciones silenciosas en el resto de la secuencia dando un total de 8 mutaciones silenciosas identificadas en los residuos de las variantes de *S. aureus* (Figura 7).

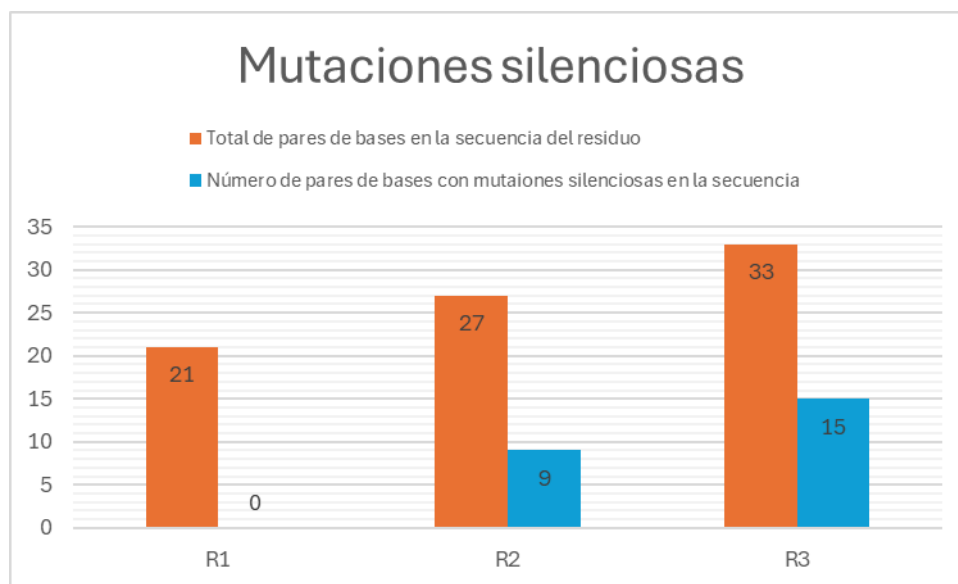


Figura 7. Gráfica de barras de las mutaciones encontradas en las secuencias de los residuos identificados en las variantes. En anaranjado se observa el número total de pares de bases que se encuentran en las secuencias de cada uno de los residuos. Azul: pares de bases con mutaciones silenciosas en la secuencia del residuo identificado en la variante.

Identificación de mutantes en las proteínas de las variantes

Al analizar los resultados de la tabla 10 se observa que las variantes en las que se identificaron los residuos de la proteína PBP2a codificada por el gen *mecC* corresponden a una variante de origen alimenticio y 27 de origen humano. En el porcentaje de la matriz de identidad un 75% de las variantes tuvieron un 64.23% de identidad, las secuencias con el porcentaje de matriz de identidad 64.39% representan el 11% de las secuencias totales en las que se identificaron los residuos y corresponden a las variantes 47026, 47027 y 47028 (Figura 8).

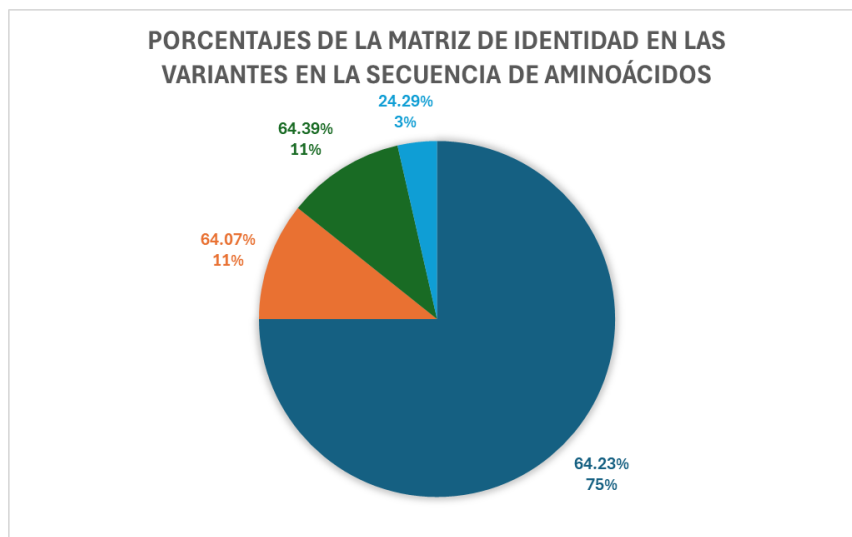


Figura 8. Representación de la matriz de identidad de las variantes de acuerdo al porcentaje. Azul marino: porcentaje del total de variantes con un 64.23% de M.I.; Anaranjado: porcentaje del total de variantes con un 64.07% de M.I.; Verde: porcentaje del total de variantes con un 64.39% de M.I.; Azul cielo: porcentaje del total de variantes con un 24.29% de M.I.

El R1 se identificó en 28 variantes en las que se mantiene conservado el exón del aminoácido serina que forma un enlace covalente en el sitio de unión de la proteína PBP2a codificada por el gen *mecC*; en la variante 33233 la secuencia presenta una mutación puntual en el aminoácido que inicia la secuencia, así como en el sexto aminoácido, en las 27 variantes restantes en las que se identificó el R1 la secuencia se mantuvo conservada.

El R2 y el R3 se identificaron en 27 variantes en total presentando la secuencia y sus respectivos exones completamente conservados.

Las cinco secuencias que no se incluyeron en los resultados del cuadro 10 no contaban con alguna coincidencia en su secuencia de aminoácidos para poder identificar alguno de los residuos por lo que fueron excluidas del análisis, dichas variantes son de origen alimenticio provenientes de muestras de leche de bovino.

Discusión

De acuerdo con Lozano et al (C. Lozano et al., 2020) la prevalencia del gen *mecC* es baja, también mencionan que el principal complejo clonal en el que se ha encontrado el gen *mecC* es el CC130 que está mayormente relacionado a cepas de *S. aureus* en humanos. Al analizar la información referente a *S. aureus* se propone que aún están en proceso tipificación (Anexo 1) por lo tanto, no están determinados los tipos de CC que se encuentran en el territorio mexicano. Lakhundi & Zhang (Lakhundi & Zhang, 2018) mencionan que el gen *mecC* se localiza en el SCCmec XI con una longitud de 29.4 kb y en una amplia variedad de especies hospedadoras. La información referente a las variantes de *S. aureus* en PubMLST es limitada por lo que al determinar la presencia de los residuos del gen *mecC* no se especifica la porción del genoma en la que este podría encontrarse. Sin embargo, en las variantes en las que se identificaron los residuos de la proteína PBP2a corresponden a muestras de origen humano provenientes principalmente de sangre, estas características nos indican que las variantes SARM en México podrían clasificarse como MRSA-HA de acuerdo a la clasificación que describen Fischetti et al (Fischetti et al., 2019).

En el 2002 Lim & Strynadka (Lim & Strynadka, 2002) emplearon la técnica de cristalografía de rayos x para determinar la estructura de la PBP2a codificada por el gen *mecA*; donde especulan que el sitio activo de la proteína se encuentra ubicado en el dominio transpeptidasa dentro del cual se encuentra una serina 403, la cual produce el enlace covalente con el antimicrobiano betalactámico. En el caso de la PBP2a codificada por el gen *mecC* no se cuentan con alguna estructura resuelta experimentalmente que permita determinar las características exactas de esta proteína; dado esta limitante, se optó por realizar un modelo in silico empleando el programa PLIP en donde se obtuvieron las secuencias de tres residuos putativos los cuales corresponden a la serina que forma el enlace covalente y los no covalentes en el sitio de unión de la proteína. Al comparar las secuencias del gen *mecA* y *mecC* se identificó que las secuencias están muy conservadas ya que no existe algún cambio en los pares de bases que forman el codón para los residuos. La presencia de la serina que forma el enlace covalente en las variantes nos hace considerar que estas sí son cepas SARM debido a que la serina es un hotspot en el sitio de unión con los betalactámicos; el residuo en el que se encuentra la serina no tiene algún cambio en su secuencia lo que indica que se

encuentra conservado. En los dos residuos restantes se detectaron mutaciones de tipo silenciosas en sus secuencias tanto de ADN como de aminoácidos. Aunque no se han descrito a detalle las características moleculares de los genes tipo *mec*. Como prospectivas se propone determinar si estas mutaciones silenciosas podrían ser de relevancia en la expresión de la proteína PBP2a codificada por el gen *mecC* en las variantes de *S. aureus* de México por medio de simulaciones moleculares (docking molecular). El análisis de Matriz de identidad, indica que es necesario realizar más estudios para identificar la similitud e identidad, así mismo, debe aplicarse la parte de big data para poder llegar a una conclusión puntual.

A pesar de las limitaciones que se presentaron al elaborar esta investigación, se considera que los resultados, aportan datos omicos del gen *mecC* y la proteína PBP2a codificada por el mismo. A la vez, enfatiza la importancia de realizar más investigaciones moleculares sobre las cepas de *S. aureus* en México y los genes de resistencia que estas puedan contener para así prevenir problemas en la salud pública y animal a futuro. Se sabe que la resistencia a los antimicrobianos es un proceso biológico que no puede ser frenado. Por lo tanto, la vigilancia de bacterias como las cepas SARM permitirá buscar alternativas que prevengan problemas en las poblaciones de humanos y animales.

Los resultados de la presente investigación, promueven el conocimiento de las características moleculares de las variantes de *S. aureus* en México, así como la necesidad de realizar estudios que identifiquen la presencia de actividad biológica de la proteína PBP2a de cepas de *S. aureus* de origen mexicano para determinar la posibilidad de la existencia de falsos positivos en los estudios clínicos para la identificación de cepas SARM.

Conclusión

La aplicación de herramientas bioinformáticas ha permitido identificar a las variantes de *S. aureus* procedentes de México que contienen los residuos de las secuencias que codifican el gen *mecC* y a su vez a la proteína PBP2a. Al ser las muestras de origen humano las únicas en contener los residuos se puede inferir que las variantes de *S. aureus* en ambientes hospitalarios deben de tener una mayor vigilancia respecto a la sensibilidad a los antibióticos, tales como los betalactámicos. Por otro lado, las variantes provenientes de muestras de leche son catalogadas en PubMLST como MSRA. Sin embargo, no se halló algún exón en sus secuencias por lo que se sugiere realizar más análisis de estas muestras provenientes de leche de bovino para determinar el mecanismo por el cual se está generando la resistencia o si verdaderamente son resistentes a los antibióticos.

La aplicación de herramientas bioinformáticas y de análisis moleculares genera un amplio panorama de la huella dactilar de la genética de poblaciones específicas de bacterias y de la epidemiología respecto a la sensibilidad de antibióticos así como la epidemiología de los genes de resistencia en las poblaciones. Los resultados de los análisis bioinformáticos y moleculares indican que las variantes de *S. aureus* son SARM y contienen en sus secuencias los residuos del sitio de unión de la proteína PBP2a codificada por el gen *mecC*.

Como prospectiva sugerimos realizar pruebas de docking computacional en las variantes del listado que no tienen los residuos de la prot PBP2a codificada por el gen *mecC* y así poder observar el tipo de resistencia que están presentando, destacando que esas variantes son de muestras de leche de bovino; así mismo sugerimos realizar más pruebas en las variantes de *S.aureus* de México que corroboren la presencia de la proteína PBP2a codificada por el gen *mecC*.

Bibliografía

1. Abdullahi, I. N., Fernández-Fernández, R., Juárez-Fernández, G., Martínez-Álvarez, S., Eguizábal, P., Zarazaga, M., Lozano, C., & Torres, C. (2021). Wild Animals Are Reservoirs and Sentinels of *Staphylococcus aureus* and MRSA Clones: A Problem with “One Health” Concern. *Antibiotics*, *10*(12), 1556. <https://doi.org/10.3390/antibiotics10121556>
2. Acuña, G., & Facp, L. (2002). *Descubrimiento de la Penicilina: Un Hito de la Medicina Cómo el azar puede ayudar al Científico* (Vol. 13).
3. Adasme, M. F., Linnemann, K. L., Bolz, S. N., Kaiser, F., Salentin, S., Haupt, V. J., & Schroeder, M. (2021). PLIP 2021: Expanding the scope of the protein–ligand interaction profiler to DNA and RNA. *Nucleic Acids Research*, *49*(W1), W530–W534. <https://doi.org/10.1093/nar/gkab294>
4. Aguayo-Reyes, A., Quezada-Aguiluz, M., Mella, S., Riedel, G., Opazo-Capurro, A., Bello-Toledo, H., Domínguez, M., & González-Rocha, G. (2018). Bases moleculares de la resistencia a metilicina en *Staphylococcus aureus*. *Revista Chilena de Infectología*, *35*(1), 7-14. <https://doi.org/10.4067/s0716-10182018000100007>
5. Antimicrobial Resistance Questions and Answers. (2022, noviembre). En CDC.
6. Armand-Lefevre, L., Ruimy, R., & Andremont, A. (2005). Clonal Comparison of *Staphylococcus aureus* Isolates from Healthy Pig Farmers, Human Controls, and Pigs. *Emerging Infectious Diseases*, *11*(5), 711-714. <https://doi.org/10.3201/eid1105.040866>
7. Balas, C., Lopez, A., Ares, M., Huedo, R., Montero, N., & Zorn, B. (2016). *Las secuencias de inserción facilitan la adaptación de un plásmido multicopia a un nuevo hospedador*.
8. Becker, K., Ballhausen, B., Köck, R., & Kriegeskorte, A. (2014). Methicillin resistance in *Staphylococcus* isolates: The «mec alphabet» with specific consideration of mecC, a mec homolog associated with zoonotic *S. aureus* lineages. En *International Journal of Medical Microbiology* (Vol. 304, Número 7, pp. 794-804). Elsevier GmbH. <https://doi.org/10.1016/j.ijmm.2014.06.007>

9. Bergeron, B. P. (2003). *Bioinformatics computing*. Prentice Hall/Professional Technical Reference.
10. Bou, G., Fernández-Olmos, A., García, C., Sáez-Nieto, J. A., & Valdezate, S. (2011). Métodos de identificación bacteriana en el laboratorio de microbiología. *Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica*, 29(8), 601-608.
<https://doi.org/10.1016/j.eimc.2011.03.012>
11. Brooks, G. F. (2007). *Jawetz, Melnick & Adelberg's medical microbiology* (24th ed.). McGraw-Hill Medical.
12. CDC. (2019, junio). *Methicillin-resistant Staphylococcus aureus (MRSA)*.
13. Chambers, H. F. (1997). Methicillin resistance in staphylococci: Molecular and biochemical basis and clinical implications. *Clinical Microbiology Reviews*, 10(4), 781-791. <https://doi.org/10.1128/CMR.10.4.781>
14. Choudhuri, S. (Ed.). (2014). *Bioinformatics for Beginners*. Elsevier.
<https://doi.org/10.1016/C2012-0-07153-0>
15. Classification of Staphylococcal Cassette Chromosome *mec* (SCC *mec*): Guidelines for Reporting Novel SCC *mec* Elements. (2009). *Antimicrobial Agents and Chemotherapy*, 53(12), 4961-4967. <https://doi.org/10.1128/AAC.00579-09>
16. Daugelaite, J., O' Driscoll, A., & Sleator, R. D. (2013). An Overview of Multiple Sequence Alignments and Cloud Computing in Bioinformatics. *ISRN Biomathematics*, 2013, 1-14. <https://doi.org/10.1155/2013/615630>
17. Deck, D., & Winston, L. (2013). Lactámicos β y otros antibióticos activos en la pared y la membrana celulares. En B. Katzung, S. Masters, & A. Trevor (Eds.), *Farmacología Basica Y Clinica* (pp. 790-805). MCGRAW HILL EDUCATION.
18. Diana, L., Ciuffo, C., & Musto, H. (2019). Identificación y caracterización de Staphylococcus resistentes a metilina aislados de perros. *Veterinaria (Montevideo)*, 55, 45-51.
19. diputados, C. de. (2017, julio). *Por infecciones en hospitales, en México mueren al año 32 pacientes por cada 100 mil habitantes*.
20. Fischetti, V., Novick, R., & Ferretti, J. (Eds.). (2019). *Gram-Positive Pathogens* (3.^a ed.). ASM PRESS.

21. Gajic, I., Kabic, J., Kekic, D., Jovicevic, M., Milenkovic, M., Culafic, D. M., Trudic, A., Ranin, L., & Opavski, N. (2022). Antimicrobial Susceptibility Testing: A Comprehensive Review of Currently Used Methods. *Antibiotics*, *11*(4), 427. <https://doi.org/10.3390/antibiotics11040427>
22. García-Álvarez, L., Holden, M. T., Lindsay, H., Webb, C. R., Brown, D. F., Curran, M. D., Walpole, E., Brooks, K., Pickard, D. J., Teale, C., Parkhill, J., Bentley, S. D., Edwards, G. F., Girvan, E. K., Kearns, A. M., Pichon, B., Hill, R. L., Larsen, A. R., Skov, R. L., ... Holmes, M. A. (2011). Meticillin-resistant *Staphylococcus aureus* with a novel *mecA* homologue in human and bovine populations in the UK and Denmark: A descriptive study. *The Lancet Infectious Diseases*, *11*(8), 595-603. [https://doi.org/10.1016/S1473-3099\(11\)70126-8](https://doi.org/10.1016/S1473-3099(11)70126-8)
23. Haney, J. (2001). ID 11156. En *PHIL*.
24. Information, N. C. for B. (2024a, mayo). 2-Azetidinone. En *PubChem Compound Summary*.
25. Information, N. C. for B. (2024b, mayo). *PubChem Compound Summary for CID 5904, Penicillin G. Retrieved*.
26. Ito, T., Hiramatsu, K., Tomasz, A., Lencastre, H. D., Perreten, V., Holden, M. T. G., Coleman, D. C., Goering, R., Giffard, P. M., Skov, R. L., Zhang, K., Westh, H., O'Brien, F., Tenover, F. C., Oliveira, D. C., Boyle-Vavra, S., Laurent, F., Kearns, A. M., Kreiswirth, B., ... Buistx, G. (2012). Guidelines for reporting novel *mecA* gene homologues. En *Antimicrobial Agents and Chemotherapy* (Vol. 56, Número 10, pp. 4997-4999). American Society for Microbiology. <https://doi.org/10.1128/AAC.01199-12>
27. Jiang, J.-H., Cameron, D. R., Nethercott, C., Aires-de-Sousa, M., & Peleg, A. Y. (2023). Virulence attributes of successful methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* lineages. *Clinical Microbiology Reviews*, *36*(4). <https://doi.org/10.1128/cmr.00148-22>
28. Jinks, T. (2017, octubre). Por qué es tan difícil desarrollar nuevos antibióticos. En *BBC NEWS mundo*.

29. Kasper, D., Fauci, A., Hauser, S., Longo, D., Jameson, L., & Loscalzo, J. (Eds.). (2016). *HARRISON Principios de Medicina Interna* (19.^a ed., Vol. 2). McGRAW-HILL INTERAMERICANA.
30. Katayama, Y., Ito, T., & Hiramatsu, K. (2001). Genetic Organization of the Chromosome Region Surrounding *mecA* in Clinical Staphylococcal Strains: Role of IS 431 -Mediated *mecI* Deletion in Expression of Resistance in *mecA* -Carrying, Low-Level Methicillin- Resistant *Staphylococcus haemolyticus*. *Antimicrobial Agents and Chemotherapy*, 45(7), 1955-1963.
<https://doi.org/10.1128/AAC.45.7.1955-1963.2001>
31. Kim, C., Milheiriço, C., Gardete, S., Holmes, M. A., Holden, M. T. G., De Lencastre, H., & Tomasz, A. (2012). Properties of a Novel PBP2A Protein Homolog from *Staphylococcus aureus* Strain LGA251 and Its Contribution to the β -Lactam-resistant Phenotype. *Journal of Biological Chemistry*, 287(44), 36854-36863. <https://doi.org/10.1074/jbc.M112.395962>
32. La resistencia antimicrobiana pone en riesgo la salud mundial. (2021, marzo). En *OPS*.
33. Lakhundi, S., & Zhang, K. (2018). Methicillin-Resistant *Staphylococcus aureus*: Molecular Characterization, Evolution, and Epidemiology. *Clinical Microbiology Reviews*, 31(4), e00020-18.
34. Lewis, K. (2020). The Science of Antibiotic Discovery. *Cell*, 181(1), 29-45.
<https://doi.org/10.1016/j.cell.2020.02.056>
35. Lim, D., & Strynadka, N. C. J. (2002). Structural basis for the β lactam resistance of PBP2a from methicillin-resistant *Staphylococcus aureus*. *Nature Structural Biology*.
<https://doi.org/10.1038/nsb858>
36. López-Aladid, R., Fernández-Barat, L., Alcaraz-Serrano, V., Bueno-Freire, L., Vázquez, N., Pastor-Ibáñez, R., Palomeque, A., Oscanoa, P., & Torres, A. (2023). Determining the most accurate 16S rRNA hypervariable region for taxonomic identification from respiratory samples. *Scientific Reports*, 13(1), 3974.
<https://doi.org/10.1038/s41598-023-30764-z>
37. Lozano, C., Fernández-Fernández, R., Ruiz-Ripa, L., Gómez, P., Zarazaga, M., & Torres, C. (2020). Human *mecC*-Carrying MRSA: Clinical Implications and Risk

- Factors. *Microorganisms*, 8(10), 1615.
<https://doi.org/10.3390/microorganisms8101615>
38. Lozano, J. A. (2005). El escenario bioquímico. En *BIOQUIMICA Y BIOLOGIA MOLECULAR PARA CIENCIAS DE LA SALUD* (3.^a ed.). LTC.
39. McVey, S., Kennedy, M., & Chengappa, M. M. (Eds.). (2022). *Veterinary Microbiology* (4.^a ed.). Wiley-Blackwell.
40. Medina-Franco, J. L., Fernández-de Gortari, E., & Naveja, J. J. (2015). Avances en el diseño de fármacos asistido por computadora. *Educación Química*, 26(3), 180-186. <https://doi.org/10.1016/j.eq.2015.05.002>
41. Merton, D. (2011). Principles of Antimicrobial Therapy. En *Small Animal Clinical Pharmacology and Therapeutics* (2.^a ed., pp. 129-131). Saunders.
42. Nahvi, M. D., Fitzgibbon, J. E., John, J. F., & Dubin, D. T. (2001). Sequence Analysis of *dru* Regions from Methicillin-Resistant *Staphylococcus aureus* and Coagulase-Negative Staphylococcal Isolates. *Microbial Drug Resistance*, 7(1), 1-12. <https://doi.org/10.1089/107662901750152684>
43. OPS. (2023, julio). *Día Mundial de las Zoonosis: Proteger la salud animal ayuda a preservar la salud humana*.
44. Palan, A., & Hermoso, K. (2016, septiembre). Para 2050, las infecciones resistentes a los medicamentos podrían causar daños económicos similares a los de la crisis financiera de 2018. En *Banco Mundial*.
45. Palomino, C., & González, Y. (2014). Técnicas moleculares para la detección e identificación de patógenos en alimentos: Ventajas y limitaciones. *Revista Peruana de Medicina Experimental y Salud Publica*, 31.
46. Pasachova, J., Ramírez, S., & Muñoz, L. (2019). *Staphylococcus aureus: Generalidades, mecanismos de patogenicidad y colonización celular*. http://www.scielo.org.co/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1794-24702019000200025&lng=en&tlng=es.
47. Paterson, G. K. (2020). Genomic epidemiology of methicillin-resistant *Staphylococcus sciuri* carrying a SCCmec-mecC hybrid element. *Infection, Genetics and Evolution*, 79. <https://doi.org/10.1016/j.meegid.2019.104148>

48. Peña, J., Gregorio, O., & Barrera, B. (2013). *Los métodos experimentales que permiten el estudio de las macromoléculas de la vida: Historia, fundamentos y perspectivas*. 24(2).
49. Pereira, L. A., Harnett, G. B., Hodge, M. M., Cattell, J. A., & Speers, D. J. (2014). Real-Time PCR Assay for Detection of *blaZ* Genes in *Staphylococcus aureus* Clinical Isolates. *Journal of Clinical Microbiology*, 52(4), 1259-1261. <https://doi.org/10.1128/JCM.03413-13>
50. Price, L. B., Stegger, M., Hasman, H., Aziz, M., Larsen, J., Andersen, P. S., Pearson, T., Waters, A. E., Foster, J. T., Schupp, J., Gillece, J., Driebe, E., Liu, C. M., Springer, B., Zdovc, I., Battisti, A., Franco, A., Żmudzki, J., Schwarz, S., ... Aarestrup, F. M. (2012). *Staphylococcus aureus* CC398: Host Adaptation and Emergence of Methicillin Resistance in Livestock. *mBio*, 3(1). <https://doi.org/10.1128/mBio.00305-11>
51. Prjibelski, A. D., Korobeynikov, A. I., & Lapidus, A. L. (2019). Sequence Analysis. En *Encyclopedia of Bioinformatics and Computational Biology* (pp. 292-322). Elsevier. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-809633-8.20106-4>
52. Pujol, M., & Limón, E. (2013). Epidemiología general de las infecciones nosocomiales. Sistemas y programas de vigilancia. *Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica*, 31(2), 108-113. <https://doi.org/10.1016/j.eimc.2013.01.001>
53. Quinn, Markey, Donnelly, Leonard, Fanning, & Maguire. (2011). *Veterinary Microbiology and Microbial Disease* (2.^a ed.). Wiley-Blackwell.
54. Resistencia a los antibióticos. (2020, julio). En OMS.
55. Ritter, J., Flower, R., Henderson, G., Yoon, K., Macewan, D., & Rang, H. (2019). Basic principles of antimicrobial chemotherapy. En *Rang & Dale's Pharmacology* (9.^a ed., pp. 649-652). Elsevier.
56. Saldívar-González, F., Prieto-Martínez, F. D., & Medina-Franco, J. L. (2015). Descubrimiento y desarrollo de fármacos: Un enfoque computacional. *Educación Química*, 26(3), 51-58. <https://doi.org/10.1016/j.eq.2016.06.002>
57. Salud, O. M. de la. (2023). Guía AWaRe (acceso, precaución y reserva) de la OMS para el uso de antibióticos: Infografías en anexo web. En <https://iris.who.int/handle/10665/375875>.

58. Shore, A. C., Deasy, E. C., Slickers, P., Brennan, G., O'Connell, B., Monecke, S., Ehricht, R., & Coleman, D. C. (2011). Detection of staphylococcal cassette chromosome mec type XI carrying highly divergent mecA, mecI, mecR1, blaZ, and ccr genes in human clinical isolates of clonal complex 130 methicillin-resistant *Staphylococcus aureus*. *Antimicrobial Agents and Chemotherapy*, 55(8), 3765-3773. <https://doi.org/10.1128/AAC.00187-11>
59. *Small Animal Clinical Pharmacology*. (2008). Elsevier. <https://doi.org/10.1016/B978-0-7020-2858-8.X5001-5>
60. Suárez, C., & Gudiol, F. (2009). Antibióticos betalactámicos. *Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica*, 27(2), 116-129. <https://doi.org/10.1016/j.eimc.2008.12.001>
61. Uddin, T. M., Chakraborty, A. J., Khusro, A., Zidan, B. R. M., Mitra, S., Emran, T. B., Dhama, K., Ripon, M. K. H., Gajdács, M., Sahibzada, M. U. K., Hossain, M. J., & Koirala, N. (2021). Antibiotic resistance in microbes: History, mechanisms, therapeutic strategies and future prospects. *Journal of Infection and Public Health*, 14(12), 1750-1766. <https://doi.org/10.1016/j.jiph.2021.10.020>
62. Uehara, Y. (2022). Current Status of Staphylococcal Cassette Chromosome mec (SCCmec). *Antibiotics*, 11(1), 86. <https://doi.org/10.3390/antibiotics11010086>
63. Vila, J., Gómez, M. D., Salavert, M., & Bosch, J. (2017). Métodos de diagnóstico rápido en microbiología clínica: Necesidades clínicas. *Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica*, 35(1), 41-46. <https://doi.org/10.1016/j.eimc.2016.11.004>
64. Werth, B. J. (2024). *Cefalosporinas* (Vol. 2024). Manual MSD. <https://www.msdmanuals.com/es/professional/enfermedades-infecciosas/bacterias-y-farmacos-antibacterianos/cefalosporinas>

Anexos

Anexo 1

A continuación, se presenta el cartel titulado “**Bioinformatic analysis of the mecC gene in *Staphylococcus aureus* strains: an Scoping review**” en el cual se describe un Scoping review que tuvo como objetivo determinar la distribución geográfica del gen mecC, así como

obtener información general sobre sus características moleculares. Los resultados del cartel indican que se han realizado reportes del gen principalmente en países del continente europeo. El principal tipo de muestras que se emplearon en los estudios fueron las muestras de origen animal y tomadas de diversas zonas anatómicas. Respecto a las características moleculares, en los reportes se mencionan la presencia del gen en el SCCmec XII. Este trabajo fue presentado en el Congreso Internacional Enviro Epihealth que se llevó a cabo los días 5, 6 y 7 de junio del 2024 en las instalaciones de la Unidad de Seminarios de la BUAP, en Puebla México.



Bioinformatic analysis of the mecC gene in Staphylococcus aureus strains: an Scoping review



Paloma S. Ramírez-Almaraz,¹ Alberto Ramírez-Mata,² Laura G. Hernández Aragón,³ Claudia Mancilla-Simbro^{1*}

¹Hybrid Laboratory of Physiology and Molecular Biology of Excitable Cells - Institute of Physiology, Benemérita, Universidad Autónoma de Puebla, Puebla, México, 14 sur 6301 CU, Sn. Manuel, paloma.ramirez@uap.uap.mx

^{1*} Hybrid Laboratory of Physiology and Molecular Biology of Excitable Cells - Institute of Physiology, Benemérita, Universidad Autónoma de Puebla, Puebla, México, 14 sur 6301 CU, Sn. Manuel.

² Bacteria-Plant Interaction Laboratory, Center for Microbiological Sciences Research, Benemérita Universidad Autónoma de Puebla, CU, Sn. Manuel, Puebla México, C.P. 72000

³ Laboratory of Cancer and Intercellular Communication, Institute of Physiology, Benemérita Universidad Autónoma de Puebla, CU, Sn. Manuel, Puebla México, C.P. 72000.

Abstract

MRSA strains possess an SCCmec segment composed of a structural mec gene that encodes for the transglycosylase-type protein PBP2a, restoring bacterial wall peptidoglycan disrupted by beta-lactams. In 2011, the first report of the mecC gene, a mecA homologue and potentially zoonotic, was made. A meta-analysis was performed to determine epidemiological and genetic characteristics of mecC. We used the PRISMA-ScR extension for the literature review by choosing publications with the range 2012 to 2023 and the keywords "Staphylococcus aureus" and "mecC" in the PubMed database from February to March 2024. It has been reported in at least 25 countries, in the SCCmecXI and in several CCs, with European countries accumulating the largest number of reports. Prospects: Meta-analysis to broaden the epidemiological picture of mecC, investigate the presence of mecC in American countries.

Introduction

MRSA (methicillin-resistant Staphylococcus aureus) strains possess an SCCmec segment conformed by a structural mec gene type mecA, mecB or mecC that encodes for the PBP2a protein, a transglycosylase type, restoring the peptidoglycan of the bacterial wall disrupted by beta-lactams. In 2011, the first report of the mecC gene in MRSA strains obtained from both cattle and humans was made; this gene shares 66% homology with the mecA gene, in addition to having zoonotic potential. Therefore, a systematic review will allow us to analyze the geographic distribution of the gene and the genomic characteristics of the reported strains.

Objectives

- Compile scientific literature on the mecC gene.
- Design a geographical distribution map of mecC gene reports.
- Identify the main characteristics of MRSA strains with the mecC gene and their impact on nosocomial disease.

Methodology

We used the PRISMA-ScR extension for the literature review (Tricco et al., 2018). Information was collected from February to March 2024 in the PubMed database. We used the keywords "Staphylococcus aureus" and "mecC" and a date range from 2012 to 2023; Data extraction was performed using the methodology proposed by Arksey & O'Malley in 2005. The inclusion criteria for the studies consisted of describing at least one of the following: 1) describing the type of sample used in the study (i.e. whether it was a blood sample, pus sample, anatomical site sample, milk or others), 2) whether the origin of the sample was animal or human and 3) the geographic region where the samples were taken.

Results

Of 124 articles, 43 met the characteristics described above. These belonged to 25 countries around the world, represented in Figure 1, where we can observe the reports according to the origin of the sample and the country in which the report was made. Samples of animal origin: the highest percentage of reports was from Spain with 25%. Samples of human origin: Pakistan reported 16% of the reports. Samples of food origin: France and Great Britain reported 20%. Figure 2 shows the incidence according to the type of sample, with swabs from an anatomical area of animal origin having the highest number of reports. In Figure 3 30% of the reports included the SCCmec type and all reported the SCCmec XI type. Of the studies that mentioned CC, 77% mentioned CC330, 8% CC425 and 7% CC49. Finally, Table 1 lists the clonal complexes (CC) and the countries in which they were reported.

Conclusions

Maintaining epidemiological surveillance of infectious diseases contributes to their prevention as well as to public health care. With the data obtained from this Scoping review, we observed that the geographical distribution of the mecC gene is not uniform, being the European countries the ones that accumulate a large number of reports. The fact that it is more frequently found in swabs from anatomical areas of animals could indicate that the gene, despite being a common pathogen in nosocomial diseases, is not only found in hospital environments. In terms of genomic characteristics, we reaffirm that the mecC gene is present in SCCmec XI with variability in the CCs it may contain. The prospects that we propose with the present work are: to carry out a meta-analysis that includes more databases and thus provide a broader panorama on the epidemiology of the mecC gene; to investigate the presence of the mecC gene in Mexico or other countries of the American continent.

References

1. Fong DS, Cameron DM, Schelenz GD, Ahmed-Darwish M, Pringle AC. Vertical attributes of successful methicillin-resistant Staphylococcus aureus lineages. *Cell Microbiol Rev*. 2013;16(1):64-74.

2. Archer G, Subbarao R, Sak S, Schelenz GD. Methicillin resistance in Staphylococcus aureus: The "new antibiotic" with specific considerations of mecC, a new lineage associated with zoonotic S. aureus lineages. *Int J Antimicrob Drug*. 2018;113:1-10.

3. Archer G, Subbarao R, Sak S, Schelenz GD. Methicillin resistance in Staphylococcus aureus: The "new antibiotic" with specific considerations of mecC, a new lineage associated with zoonotic S. aureus lineages. *Int J Antimicrob Drug*. 2018;113:1-10.

4. Archer G, Subbarao R, Sak S, Schelenz GD. Methicillin resistance in Staphylococcus aureus: The "new antibiotic" with specific considerations of mecC, a new lineage associated with zoonotic S. aureus lineages. *Int J Antimicrob Drug*. 2018;113:1-10.

Figure 1. Geographical distribution of the mecC gene with the origin of the samples in which it has been found.

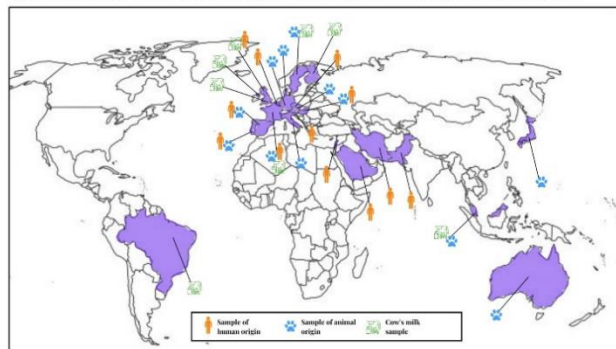


Figure 2. Incidence graph of the types of samples where the mecC gene has been found.

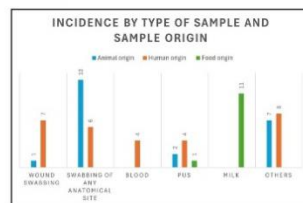


Figure 3. Percentage incidence of SCCmec XI with the mecC gene.

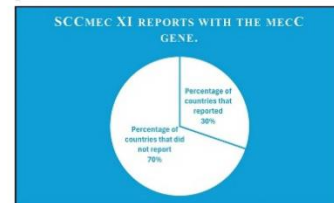


Figure 4. CC where the mecC gene has been found.

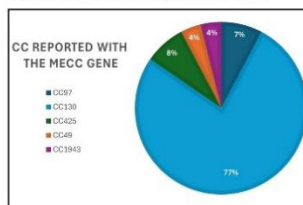


Table 1. List of countries and the CCs that have reported with the mecC gene.

Country where the sequence was made	CCmec
Saudi Arabia	CC87
Hungary	CC130
Portugal	CC131
Iran	CC132
Brazil	CC87
Spain	CC130
Czech Republic	CC131 CC425
France	CC130
United Kingdom	CC133
Italy	CC134
Slovenia	CC136
Belgium	CC136
England	CC137
Great Britain	CC138
Sweden	CC139 CC425

Anexo 2

En la siguiente tabla se presentan los resultados del BLAST realizado en la página PubMLST

(https://pubmlst.org/bigsub?db=pubmlst_saureus_isolates&page=query&prov_field1=country&prov_value1=Mexico&submit=1) se enlistan los nombres de las variantes y su secuencia:

Variante	Secuencia
33232 Mxcow8	ACAATGATGCATTAGTACAAACAGGTACAGCACTTGC GAATATCGGTAAGATTACATTTA ATTATCGCAATGGAGAAGTATCGAATATTAAGCCGTCATTGATTAATGTTAAAGACGTTG AAAATGTAACACCGAACAAAGCATTAGCTGAACAAATTAATCAAGCTGATCAAACATTTA GAGCACAACAGCAGAGGTTATTATTCCAAATAATACGATTGATT
33233 Mxcow13s	AACAATCGATTCAAATATTCAAGTATTTGTTGAAGAAGCTTTAGATGGCATGGTTGAAAG ATACCAGCCGAAAGATTTATTTGCGGTTGTCATGGATGCCAAAACCTGGAGAAATTTTAGC ATACAGTCAGCGACCAACATTTAATCCTGAAACTGGTAAAGACTTTGGTAAAAAGTGGGC AAATGACCTTTATCAAACACATACGAGCCTGGATCAACA
33234 Mxcow14	CGTATGATTTAAAAGTAGCAATGCCATTATTC AAGGTGATATTGCCGATGATTAATCAA GTATATCAACTCGTTGCACCGAGACAGTTCGACGTCACATATAATAATGTTGATATTTAT GGTAATCATGTCATCGTAAGACCTTTATACTTGTCTATTTGTGTCAGCTGATCAAAGGTAT TACACAGGTCGAAGAGATGAAAATGTACTACGCAAAAAATTACCA
33235 Mxcow15	ACAATGATGCATTAGCACAAACAGGTACAGCACTTGC GAATATCGGTAAGATTACATTTA ATTACC GCAATGGAGAGGTATCAAATATTAACCGTCATTGATTAACGTTAAAGACGTTG AAAATGTGACACCGAACAAAGCATTAGCTGAACAAATTAATCAAGCTGATCAAACATTTA GAGCACAACAGCAGAGGTTATTATTCCAAATAATACGATTGATT
33236 Mxcow18	CGTATGATTTAAAAGTAGCAATGCCATTATTC AAGGTGATATTGCCGATGATTAATCAA GTATATCAACTCGTTGCACCGAGACAGTTCGACGTCACATATAATAATGTTGATATTTAT GGTAATCATGTCATCGTAAGACCTTTATACTTGTCTATTTGTGTCAGCTGATCAAAGGTAT TACACAGGTCGAAGAGATGAAAATGTACTACGCAAAAAATTACCA
33237 Mxcow1824L	ACAATGATGCATTAGCACAAACAGGTACAGCACTTGC GAATATCGGTAAGATTACATTTA ATTACC GCAATGGAGAGGTATCAAATATTAACCGTCATTGATTAACGTTAAAGACGTTG AAAATGTGACACCGAACAAAGCATTAGCTGAACAAATTAATCAAGCTGATCAAACATTTA GAGCACAACAGCAGAGGTTATTATTCCAAATAATACGATTGATT
47011 A22_1232	GTAGTCTTATATAAGGAGTATATTGATGAAAAAGATAAAAAATTGTTCCACTTATTTTAAAT AGTTGTAGTTGTCGGGTTTGGTATATATTTTTTATGCTTCAAAGATAAAAGAAATTAATAA TACTATTGATGCAATTGAAGATAAAAAATTTCAAACAAGTTTATAAAGATAGCAGTTATAT TTCTAAAAGCGATAAATGGTGAAGTAGAAATGACTGAACGTCGATAAAAAATATATAATAG TTTAGGCGTTAAAGATATAAACATTCAGGATCGTAAAATAAAAAAGTATCTAAAAATAA AAAACGAGTAGATGCTCAATATAAAATTA AACAAACTACGGTAACATTGATCGCAACGCT TCAATTTAATTTTGTAAAGAAGATGGTATGTGGAAGTTAGATTGGGATCATAGCGTCAT TATTCAGGAATGCAGAAAGACCAAAGCATA CATATGAAAATTTAAAATCAGAACGTGG TAAAATTTTAGACCGAAACAAATGTGGAATTGGCCAATACAGGAACAGCATATGAGATAGG CATCGTTCCAAAGAATGTATCTAAAAAGAT TATAAAGCAATCGCTAAAAGAACTAAGTAT TTCTGAAGACTATATCAAACAACAAATGGATCAAATTTGGGTACAAGATGATACCTTCGT TCCACTTAAAACCGTTAAAAAAATGGATGAATATTTAAGTGATTTTCGCAAAAAAATTTCA TCTTACAACATAATGAAACAGAAAGTCGTAAC TATCCCTAGGAAAAGCGACTTCACATCT ATTAGGTTATGTTGGTCCCATTAACCTCTGAAGAATTA AACCAAAAAAGAAATAAAAGGCTA TAAAGATGATGCAGTTATTGGTAAAAAGGGACTCGAAAAACTTTACGATAAAAAAGCTCCA ACATGAAGATGGCTATCGTGTCCACAAATCGTTGACGATAATAGCAATACAATCGCACATAC ATTAATAGAGAAAAAGAAAAAGATGGCAAAGATAT TCAACTAACTATTGATGCTAAAGT TCAAAGAGATATTTATAACAACATGAAAAATGATTATGGCTCAGGTAAGTATCCACCC TCAAACAGGTGAATATTAGCACTTGTAAAGCACACCTTCATATGACGCTATCCATTTAT GTATGGCATGAGTAACGAAAGATATAATAAATTAACCGAAGATAAAAAAGAACCTGCT CAACAAGTTCCAGATTACAACCTCACAGGTTCAACTCAAAAAATAATTAACAGCAATGAT TGGGTTAAATAACAAACATTTAGACGATAAAACAAGTTATAAATCGATGGTAAAGGTTG GCAAAAAGATAAATCTTGGGGTGGTTACAACGTTACAAGATATGAAGTGGTAAATGGTAA TATCGACTTAAAACAAGCAATAGAAATCATCAGATAACATTTCTTTGCTAGAGTAGCACT CGAATTAGGCAGTAAGAAATTTGAAAAAGGCATGAAAAACTAGGTGTTGGTGAAGATAT ACCAAGTGATTATCCATTTTATAATGCTCAAATTTCAAACAAAAATTTAGATAATGAAAT ATTATTAGCTGATTACAGTTACGGACAAGGTGAAATACTGATTAACCCAGTACAGATCCT

	<p>TTCAATCTATAGCGCATTAGAAAATAATGGCAATATTAACGCACCTCACTTATTAAGA CACGAAAAACAAGTTTGGGAAGAAAATATTTATTTCCAAAGAAAATATCAATCTATTAAC TGATGGTATGCAACAAGTCGTAATAAAAACACATAAAGAAGATATTTATAGATCTTATGC AACTTAATTGGCAAATCCGGTACTGCAGAATCAAAATGAAACAAGGAGAACTGGCAG ACAAATTTGGGTGGTTTATATCATATGATAAAGATAATCCAAACATGATGATGGCTATTA TGTTAAAGATGTACAAGATAAAGGAATGGCTAGCTACAATGCCAAAATCTCAGGTAAGT GTATGATGAGCTATATGAGAACGGTAATAAAAAATACGATATAGATGAATAACAAAACAG TGAAGCAATCCGTAACGATGGTTGCTTCACTGTTTTATTATGAATTATTAATAAGTGCTG TTACTTCTCCCTTAAATACAATTTCTTCATTT</p>
47012 A22_1243	<p>GTAGTCTTATATAAGGAGTATATTGATGAAAAAGATAAAAAATGTTCCACTTATTTTAAT AGTTGTAGTTGTCGGGTTTGGTATATATTTTTTATGCTTCAAAGATAAAGAAAATTAATAA TACTATTGATGCAATTGAAGATAAAAAATTTCAAACAAGTTTATAAAGATAGCAGTTATAT TTCTAAAAGCGATAATGGTGAAGTAGAAATGACTGAACGTCGGATAAAAAATATATAATAG TTTAGGCGTTAAAGATATAAACATTCAGGATCGTAAAATAAAAAAAGTATCTAAAAATAA AAAACGAGTAGATGCTCAATATAAAATTAACAACAACTACGGTAACATTGATCGCAACGT TCAATTTAATTTTGTAAAGAAGATGGTATGTGGAAGTTAGATTGGGATCATAGCGTCAT TATTCCAGGAATGCAGAAAGACCAAAGCATAACATTTGAAAATTTAAAATCAGAACGTGG TAAAATTTTAGACCGAAAACAATGTGGAATTTGGCCAATACAGGAACAGCATATGAGATAGG CATCGTTCCAAAGAATGTATCTAAAAAGATTATAAAGCAATCGCTAAAGAACAATAGTAT TTCTGAAGACTATATCAAACAACAAATGGATCAAATTTGGGTACAAGATGATACCTTCGT TCCACTTAAAACCGTTAAAAAATGGATGAATATTTAAGTGATTTCCGAAAAAATTTCA TCTTACAACATAATGAAACAGAAAGTCGTAACATCTCTAGGAAAAGCGACTTCACATCT ATTAGGTTATGTTGGTCCCATTAACCTGAAGAATTAACAACAAAAGAATATAAAGGCTA TAAAGATGATGCAAGTTATTGGTAAAAGGGACTCGAAAAACTTTACGATAAAAAAGTCCCA ACATGAAGATGGCTATCGTGTCACAATCGTTGACGATAATAGCAATACAATCGCACATAC ATTAATAGAGAAAAAGAAAAAGATGGCAAAGATATCAACTAATATTGATGCTAAAGT TCAAAGAGTATTTATAACAACATGAAAAATGATTAAGGCTCAGGACTGCTATCCACCC TCAAACAGGTGAATTTAGCACTTGTAAAGCACACCTTCATATGACGTCTATCCATTTAT GTATGGCATGAGTAACGAAGAATATAATAAATTAACCGAAGATAAAAAAGAACCTCTGCT CAACAAGTTCAGATTACAACCTCACCAGGTTCAACTCAAATAATTAACAGCAATGAT TGGGTTAAATAACAAAACATTAGACGATAAAAAAAGTTATAAAATCGATGGTAAAGGTTG GCAAAAAGATAAAATCTGGGGTGGTTACAACGTTACAAGATGAAGTGGTAAAGTGGTAA TATCGACTTAAAACAAGCAATAGAATCATCAGATAACATTTTCTTTGCTAGAGTAGCACT CGAATTAGGCAGTAAGAAATTTGAAAAGGCATGAAAAAATAGGTTGTTGGTGAAGATAT ACCAAGTGATTATCCATTTTATAATGCTCAAATTTCAAACAAAATTTAGATAATGAAAT ATTATTAGCTGATTCAGGTTACGGACAAGGTGAAATACTGATTAACCCAGTACAGATCCCT TTCAATCTATAGCGCATTAGAAAATAATGGCAATATTAACGCACCTCACTTATTAAGA CACGAAAAACAAGTTTGGGAAGAAAATATTTATTTCCAAAGAAAATATCAATCTATTAAC TGATGGTATGCAACAAGTCGTAATAAAAACACATAAAGAAGATATTTATAGATCTTATGC AACTTAATTGGCAAATCCGGTACTGCAGAATCAAAATGAAACAAGGAGAACTGGCAG ACAAATTTGGGTGGTTTATATCATATGATAAAGATAATCCAAACATGATGATGGCTATTA TGTTAAAGATGTACAAGATAAAGGAATGGCTAGCTACAATGCCAAAATCTCAGGTAAGT GTATGATGAGCTATATGAGAACGGTAATAAAAAATACGATATAGATGAATAACAAAACAG TGAAGCAATCCGTAACGATGGTTGCTTCACTGTTTTATTATGAATTATTAATAAGTGCTG TTACTTCTCCCTTAAATACAATTTCTTCATTT</p>
47013 A22_1364	<p>GTAGTCTTATATAAGGAGGATATTGATGAAAAAGATAAAAAATGTTCCACTTATTTTAAT AGTTGTAGTTGTCGGGTTTGGTATATATTTTTTATGCTTCAAAGATAAAGAAAATTAATAA TACTATTGATGCAATTGAAGATAAAAAATTTCAAACAAGTTTATAAAGATAGCAGTTATAT TTCTAAAAGCGATAATGGTGAAGTAGAAATGACTGAACGTCGGATAAAAAATATATAATAG TTTAGGCGTTAAAGATATAAACATTCAGGATCGTAAAATAAAAAAAGTATCTAAAAATAA AAAACGAGTAGATGCTCAATATAAAATTAACAACAACTACGGTAACATTGATCGCAACGT TCAATTTAATTTTGTAAAGAAGATGGTATGTGGAAGTTAGATTGGGATCATAGCGTCAT TATTCCAGGAATGCAGAAAGACCAAAGCATAACATTTGAAAATTTAAAATCAGAACGTGG TAAAATTTTAGACCGAAAACAATGTGGAATTTGGCCAATACAGGAACAGCATATGAGATAGG CATCGTTCCAAAGAATGTATCTAAAAAGATTATAAAGCAATCGCTAAAGAACAATAGTAT TTCTGAAGACTATATCAAACAACAAATGGATCAAATTTGGGTACAAGATGATACCTTCGT TCCACTTAAAACCGTTAAAAAATGGATGAATATTTAAGTGATTTCCGAAAAAATTTCA TCTTACAACATAATGAAACAGAAAGTCGTAACATCTCTAGGAAAAGCGACTTCACATCT ATTAGGTTATGTTGGTCCCATTAACCTGAAGAATTAACAACAAAAGAATATAAAGGCTA TAAAGATGATGCAAGTTATTGGTAAAAGGGACTCGAAAAACTTTACGATAAAAAAGTCCCA ACATGAAGATGGCTATCGTGTCACAATCGTTGACGATAATAGCAATACAATCGCACATAC ATTAATAGAGAAAAAGAAAAAGATGGCAAAGATATCAACTAATATTGATGCTAAAGT TCAAAGAGTATTTATAACAACATGAAAAATGATTAAGGCTCAGGACTGCTATCCACCC TCAAACAGGTGAATTTAGCACTTGTAAAGCACACCTTCATATGACGTCTATCCATTTAT GTATGGCATGAGTAACGAAGAATATAATAAATTAACCGAAGATAAAAAAGAACCTCTGCT CAACAAGTTCAGATTACAACCTCACCAGGTTCAACTCAAATAATTAACAGCAATGAT TGGGTTAAATAACAAAACATTAGACGATAAAAAAAGTTATAAAATCGATGGTAAAGGTTG GCAAAAAGATAAAATCTGGGGTGGTTACAACGTTACAAGATATGAAGTGGTAAAGTGGTAA TATCGACTTAAAACAAGCAATAGAATCATCAGATAACATTTTCTTTGCTAGAGTAGCACT CGAATTAGGCAGTAAGAAATTTGAAAAGGCATGAAAAAATAGGTTGTTGGTGAAGATAT ACCAAGTGATTATCCATTTTATAATGCTCAAATTTCAAACAAAATTTAGATAATGAAAT</p>

	<p>ATTATTAGCTGATTCAGGTTACGGACAAGGTGAAATACTGATTAACCCAGTACAGATCCT TTCATCTATAGCGCATTAGAAAATAATGGCAATATTAACGCACCTCACTTATTAAGA CACGAAAAACAAGTTTGGAAAGAAAATATATTTTCCAAAAGAAAATATCAATCTATAAC TGATGGTATGCAACAAGTCGTAATAAAAACACATAAAGAAGATATTTATAGATCTTATGC AACTTAATTGGCAAAATCCGGTACTGCAGAACTCAAATGAAACAAGGAGAACTGGCAG ACAAATGGGTGGTTTATATCATATGATAAAGATAATCCAACATGATGATGGCTATTA TGTTAAAGATGTACAAGATAAAGGAATGGCTAGCTACAATGCCAAAATCTCAGGTAAGT GTATGATGAGCTATATGAGAACGGTAATAAAAAATACGATATAGATGAATAACAAAACAG TGAAGCAATCCGTAACGATGGTTGCTTCACGTGTTTTATTATGAATTATTAATAAGTCTG TTACTTCTCCCTTAAATACAATTTCTTCATTT</p>
47014 A22_1695	<p>GTAGTCTTATATAAGGAGTATTTGATGAAAAAGATAAAAAATTGTTCCACTTATTTTAAT AGTTGTAGTTGTCGGGTTTGGTATATATTTTTTATGCTTCAAAGATAAAGAAAATTAATA TACTATTGATGCAATTGAAGATAAAAAATTTCAAACAAGTTTATAAAGATAGCAGTTATAT TTCTAAAAGCGATAAATGGTGAAGTAGAAATGACTGAACGTCGGATAAAAAATATATAATAG TTTAGCGGTTAAAGATATAAACATTCAGGATCGTAAAATAAAAAAGTATCTAAAAATAA AAAAACGAGTAGATGCTCAATATAAAAATTAACAACAACTACGGTAACATTGATCGCAACGT TCAATTTAATTTTGTAAAGAAGATGGTATGTGGAAGTTAGATTGGGATCATAGCGTCAT TATTCAGGAATGCAGAAAGACCAAAGCATAACATATGAAAATTTAAAATCAGAACGTGG TAAAATTTTAGACCGAAACAATGTGGAATTGGCCAATACAGGAACAGCATAATGAGATAGG CATCGTCCAAAGAAATGATCTAAAAAAGATTATAAAGCAATCGCTAAAAGAACTAAGTAT TTCTGAAGACTATATCAAACAACAAATGGATCAAATTTGGGTACAAGATGATACCTTCGT TCCACTTAAAACCGTTAAAAAAATGGATGAATATTTAAGTGATTTTCGCAAAAAAATTTCA TCTTACAACATAATGAAACGAAAAGTCGTAACATCTCTAGGAAAAGCGACTTCACATCT ATTAGGTTATGTTGGTCCCATTAACTCTGAAGAATTAACAACAAAAGAAATATAAAGGCTA TAAAGATGATGCAGTTATTGGTAAAAAGGGACTCGAAAAACTTTACGATAAAAAAGCTCCA ACATGAAGATGGCTATCGTGTCACAATCGTTGACGATAATAGCAATACAATCGCACATAC ATTAATAGAGAAAAAGAAAAAGATGGCAAAGATATCAACTAATGATGCTAAAGT TCAAAGAGTATTTATAACAACATGAAAAATGATTATGGCTCAGGTAAGTACTGCTATCCACC TCAAACAGGTGAATTTATAGCACTTGTAAAGCACACCTTCATATGACGCTATCCATTTAT GTATGGCATGAGTAACGAAGAATATAATAAATTAACCGAAGATAAAAAAGAACCTCTGCT CAACAAGTCCAGATTACAACCTCACCAGGTTCAACTCAAAAAATATTAACAGCAATGAT TGGGTTAAATAACAAAACATTTAGACGATAAAAACAAGTTATAAAAATCGATGGTAAAGGTTG GCAAAAAGATAAATCTTGGGGTGGTTACAACGTTACAAGATATGAAGTGGTAAATGGTAA TATCGACTTAAAACAAGCAATAGAATCATCAGATAACATTTCTTTGCTAGAGTAGCACT CGAATTAGGCAGTAAGAAATTTGAAAAGGCATGAAAAAATAGGTTGGTGAAGATAT ACCAAGTGAATATCCATTTTATAAATGCTCAATTTCAAACAACAAAATTTAGATAAAGTAA ATTATTAGCTGATTCAGGTTACGGACAAGGTGAAATACTGATTAACCCAGTACAGATCCT TTCATCTATAGCGCATTAGAAAATAATGGCAATATTAACGCACCTCACTTATTAAGA CACGAAAAACAAGTTTGGAAAGAAAATATTTTCCAAAAGAAAATATCAATCTATTAAC TGATGGTATGCAACAAGTCGTAATAAAAACACATAAAGAAGATATTTATAGATCTTATGC AACTTAATTGGCAAAATCCGGTACTGCAGAACTCAAATGAAACAAGGAGAACTGGCAG ACAAATGGGTGGTTTATATCATATGATAAAGATAATCCAACATGATGATGGCTATTA TGTTAAAGATGTACAAGATAAAGGAATGGCTAGCTACAATGCCAAAATCTCAGGTAAGT GTATGATGAGCTATATGAGAACGGTAATAAAAAATACGATATAGATGAATAACAAAACAG TGAAGCAATCCGTAACGATGGTTGCTTCACGTGTTTTATTATGAATTATTAATAAGTCTG TTACTTCTCCCTTAAATACAATTTCTTCATTT</p>
47015 A22_1697	<p>GTAGTCTTATATAAGGAGGATATTGATGAAAAAGATAAAAAATTGTTCCACTTATTTTAAT AGTTGTAGTTGTCGGGTTTGGTATATATTTTTTATGCTTCAAAGATAAAGAAAATTAATA TACTATTGATGCAATTGAAGATAAAAAATTTCAAACAAGTTTATAAAGATAGCAGTTATAT TTCTAAAAGCGATAAATGGTGAAGTAGAAATGACTGAACGTCGGATAAAAAATATATAATAG TTTAGCGGTTAAAGATATAAACATTCAGGATCGTAAAATAAAAAAGTATCTAAAAATAA AAAAACGAGTAGATGCTCAATATAAAAATTAACAACAACTACGGTAACATTGATCGCAACGT TCAATTTAATTTTGTAAAGAAGATGGTATGTGGAAGTTAGATTGGGATCATAGCGTCAT TATTCAGGAATGCAGAAAGACCAAAGCATAACATATGAAAATTTAAAATCAAACGTGG TAAAATTTTAGACCGAAACAATGTGGAATTGGCCAATACAGGAACAGCATAATGAGATAGG CATCGTCCAAAGAAATGATCTAAAAAAGATTATAAAGCAATCGCTAAAAGAACTAAGTAT TTCTGAAGACTATATCAAACAACAAATGGATCAAATTTGGGTACAAGATGATAACCTTCGT TCCACTTAAAACCGTTAAAAAAATGGATGAATATTTAAGTGATTTTCGCAAAAAAATTTCA TCTTACAACATAATGAAACGAAAAGTCGTAACATCTCTAGGAAAAGCGACTTCACATCT ATTAGGTTATGTTGGTCCCATTAACTCTGAAGAATTAACAACAAAAGAAATATAAAGGCTA TAAAGATGATGCAGTTATTGGTAAAAAGGGACTCGAAAAACTTTACGATAAAAAAGCTCCA ACATGAAGATGGCTATCGTGTCACAATCGTTGACGATAATAGCAATACAATCGCACATAC ATTAATAGAGAAAAAGAAAAAGATGGCAAAGATATCAACTAATGATGCTAAAGT TCAAAGAGTATTTATAACAACATGAAAAATGATTATGGCTCAGGTAAGTACTGCTATCCACC TCAAACAGGTGAATTTAGCACTTGTAAAGCACACCTTCATATGACGCTCATCCATTTAT GTATGGCATGAGTAACGAAGAATATAATAAATTAACCGAAGATAAAAAAGAACCTCTGCT CAACAAGTCCAGATTACAACCTCACCAGGTTCAACTCAAAAAATATTAACAGCAATGAT TGGGTTAAATAACAAAACATTTAGACGATAAAAACAAGTTATAAAAATCGATGGTAAAGGTTG GCAAAAAGATAAATCTTGGGGTGGTTACAACGTTACAAGATATGAAGTGGTAAAGGTTA TATCGACTTAAAACAAGCAATAGAATCATCAGATAACATTTCTTTGCTAGAGTAGCACT CGAATTAGGCAGTAAGAAATTTGAAAAGGCATGAAAAAATAGGTTGGTGAAGATAT</p>

	<p>ACCAAGTGATTATCCATTTTATAATGCTCAAATTTCAAACAAAAATTTAGATAATGAAAT ATTATTAGCTGATTGAGGTTACGGACAAGGTGAAATACTGATTAACCCAGTACAGATCCT TTCAAATCTATAGCGCATTAGAAAAAATATGGCAATATTAACGCACCTCACTTATTAAGA CACGAAAAACAAGTTTGAAGAAAAATATTATTTCCAAAGAAAAATATCAATCTATTAAC TGATGGTATGCAACAAGTCGTAAATAAAACACATAAAGAAGATATTTATAGATCTTATGC AAACTTAATTGGCAAATCCGGTACTGCAGAACTCAAATGAAACAAGGAGAACTGGCAG ACAAATGGGTGGTTTATATCATATGATAAAGATAATCCAACATGATGATGGCTATTA TGTTAAAGATGTACAAGATAAAGGAATGGCTAGCTACAATGCCAAAATCTCAGGTAAGT GTATGATGAGCTATATGAGAACGGTAATAAAAAATACGATATAGATGAATAACAAAACAG TGAAGCAATCCGTAACGATGGTTGCTTCACTGTTTTATTATGAATTATTAATAAGTGCTG TTACTTCTCCCTTAAATACAATTTCTTCATT</p>
47016 A22_1714	<p>GTAGTCTTATAAAGGAGATATTGATGAAAAAGATAAAAAATGTTCCACTTATTTTAAT AGTTGTAGTTGTCGGGTTTGGTATATATTTTTTATGCTTCAAAGATAAAGAAATTAATAA TACTATTGATGCAATTAAGATAAAAAATTTCAAACAAGTTTATAAAGATAGCAGTTATAT TTCTAAAAGCGATAATGGTGAAGTAGAAATGACTGAACGTCGATAAAAAATATATAATAG TTTAGCGTTAAAGATATAAACATTCAGGATCGTAAAAATAAAAAAAGTATCTAAAAATAA AAAACGAGTAGATGCTCAATATAAAATTAACAACAACTACGGTAACATTGATCGCAACGT TCAATTTAATTTTGTAAAGAAGATGGTATGTGGAAGTTAGATTGGGATCATAGCGTCAT TATCCAGGAATGCAGAAAGACCAAGCATAACATTTGAAAATTTAAAATCAGAACGTGG TAAAATTTAGACCGAAACAATGTGGAATTTGGCAATACAGGAACAGCATATGAGATAGG CATCGTTCCAAAGAATGTATCTAAAAAGATTATAAAGCAATCGCTAAAGAATAAGTAT TTCTGAAGACTATATCAAACAACAAATGGATCAAAATTTGGGTACAAGATGATACCTTCGT TCCACTTAAAACCGTTAAAAAAATGGATGAATATTTAAGTGATTTTCGAAAAAAATTTCA TCTTACAACATTAAGAACAGAAAGTGTAACTATCCTCTAGGAAAAGCGACTTCACTCT ATTAGGTTATGTTGGTCCCATTAACTCTGAAGAATTAACAACAAAAAGAATATAAAGGCTA TAAAGATGATGCAAGTTATTGGTAAAAAGGGACTCGAAAAACTTTACGATAAAAAAGTCCA ACATGAAGATGGCTATCGTGTCAAAATCGTTGACGATAATAGCAATACAATCGCACATAC ATTAATAGAGAAAAAGAAAAAAGATGGCAAGATATCAACTAACTATTGATGCTAAAGT TCAAAAGAGTATTTATAACAACATGAAAAATGATTATGGCTCAGGTAAGTACTGATCCACCC TCAAACAGGTGAATTTAGCACTTGTAAAGCACACCTTCATATGACGTCTATCCATTTAT GTATGGCATGAGTAACGAAGAATATAATAAATTAACCGAAGATAAAAAAGAACCTCTGCT CAACAAGTTCCAGATTACAACCTTACCAGGTTCAACTCAAAAAATATTAACAGCAATGAT TGGGTTAAATAACAAAACATTAGACGATAAAAAAGTTATAAAATCGATGGTAAAGGTTG GCAAAAAGATAAATCTTGGGGTGGTTACAACGTTACAAGATATGAAGTGGTAAATGGTAA TATCGACTTAAAACAAGCAATAGAATCATCAGATAACATTTCTTTGCTAGAGTAGCACT CGAATTAGGCAGTAAGAAATTTGAAAAGGGATGAAAAAACTAGGTTGGTGGTGAAGATAT ACCAAGTGATTATCCATTTTATAATGCTCAAATTTCAAACAAAAATTTAGATAATGAAAT ATTATTAGCTGATTGAGGTTACGGACAAGGTGAAATACTGATTAACCCAGTACAGATCCT TTCAATCTATAGCGCATTAGAAAATAATGGCAATATTAACGCACCTCACTTATTAAGA CACGAAAAACAAGTTTGGAAAGAAAAATATTATTTCCAAAGAAAAATATCAATCTATTAAC TGATGGTATGCAACAAGTCGTAAATAAAACACATAAAGAAGATATTTATAGATCTTATGC AAACTTAATTGGCAAATCCGGTACTGCAGAACTCAAATGAAACAAGGAGAACTGGCAG ACAAATGGGTGGTTTATATCATATGATAAAGATAATCCAACATGATGATGGCTATTA TGTTAAAGATGTACAAGATAAAGGAATGGCTAGCTACAATGCCAAAATCTCAGTAAGT GTATGATGAGCTATATGAGAACGGTAATAAAAAATACGATATAGATGAATAACAAAACAG TGAAGCAATCCGTAACGATGGTTGCTTCACTGTTTTATTATGAATTATTAATAAGTGCTG TTACTTCTCCCTTAAATACAATTTCTTCATT</p>
47017 A22_1752	<p>GTAGTCTTATAAAGGAGATATTGATGAAAAAGATAAAAAATGTTCCACTTATTTTAAT AGTTGTAGTTGTCGGGTTTGGTATATATTTTTTATGCTTCAAAGATAAAGAAATTAATAA TACTATTGATGCAATTAAGATAAAAAATTTCAAACAAGTTTATAAAGATAGCAGTTATAT TTCTAAAAGCGATAATGGTGAAGTAGAAATGACTGAACGTCGATAAAAAATATATAATAG TTTAGCGTTAAAGATATAAACATTCAGGATCGTAAAAATAAAAAAAGTATCTAAAAATAA AAAACGAGTAGATGCTCAATATAAAATTAACAACAACTACGGTAACATTGATCGCAACGT TCAATTTAATTTTGTAAAGAAGATGGTATGTGGAAGTTAGATTGGGATCATAGCGTCAT TATCCAGGAATGCAGAAAGACCAAGCATAACATTTGAAAATTTAAAATCAGAACGTGG TAAAATTTAGACCGAAACAATGTGGAATTTGGCAATACAGGAACAGCATATGAGATAGG CATCGTTCCAAAGAATGTATCTAAAAAAGATTATAAAGCAATCGCTAAAAGCAATGAT TTCTGAAGACTATATCAAACAACAAATGGATCAAAATTTGGGTACAAGATGATACCTTCGT TCCACTTAAAACCGTTAAAAAAATGGATGAATATTTAAGTGATTTTCGAAAAAAATTTCA TCTTACAACATTAAGAACAGAAAGTGTAACTATCCTCTAGGAAAAGCGACTTCACTCT ATTAGGTTATGTTGGTCCCATTAACTCTGAAGAATTAACAACAAAAAGAATATAAAGGCTA TAAAGATGATGCAAGTTATTGGTAAAAAGGGACTCGAAAAACTTTACGATAAAAAAGTCCA ACATGAAGATGGCTATCGTGTCAAAATCGTTGACGATAATAGCAATACAATCGCACATAC ATTAATAGAGAAAAAGAAAAAAGATGGCAAGATATCAACTAACTATTGATGCTAAAGT TCAAAAGAGTATTTATAACAACATGAAAAATGATTATGGCTCAGGTAAGTACTGCTATCCACCC TCAAACAGGTGAATTTAGCACTTGTAAAGCACACCTTCATATGACGTCTATCCATTTAT GTATGGCATGAGTAACGAAGAATATAATAAATTAACCGAAGATAAAAAAGAACCTCTGCT CAACAAGTTCCAGATTACAACCTTACCAGGTTCAACTCAAAAAATATTAACAGCAATGAT TGGGTTAAATAACAAAACATTAGACGATAAAAAAGTTATAAATCGATGGTAAAGGTTG GCAAAAAGATAAATCTTGGGGTGGTTACAACGTTACAAGATATGAAGTGGTAAATGGTAA TATCGACTTAAAACAAGCAATAGAATCATCAGATAACATTTCTTTGCTAGAGTAGCACT</p>

	<p>CGAATTAGGCAGTAAGAAATTTGAAAAGGCATGAAAAAAGTAGGTGTTGGTGAAGATAT ACCAAGTGATTATCCATTTTATAATGCTCAAATTTCAAACAAAAATTTAGATAATGAAAT ATTATTAGCTGATTCAGGTTACGGCAAGGTGAAATACTGATTAACCCAGTACAGATCCCT TTCAATCTATAGCGCATTAGAAAATAATGGCAATATTAACGCACCTCACTTATTAAGA CACGAAAAACAAGTTTGGGAAGAAAAATATTATTTCCAAAAGAAAAATCAATCTATTAAC TGATGGTATGCAACAAGTCGTAATAAAAACACATAAAGAAGATATTTATAGATCTTATGC AACTTAATTGGCAAAATCCGGTACTGCAGAACTCAAATGAACAAGGAGAACTGGCAG ACAAATTTGGGTGGTTTATATCATATGATAAAGATAATCCAACATGATGATGGCTATTA TGTTAAAGATGTACAAGATAAAGGAATGGCTAGCTACAATGCCAAAATCTCAGGTAAGT GTATGATGAGCTATATGAGAACGGTAATAAAAAATACGATATAGATGAATAACAAAACAG TGAAGCAATCCGTAACGATGGTTGCTTCACTGTTTTATTATGAATTATTAATAAGTGCTG TTACTTCTCCCTTAAATACAATTTCTTCATTT</p>
47018 A23_2165	<p>GTAGTCTTATATAAGGAGTATATTGATGAAAAAGATAAAAAATGTTCCACTTATTTTAAAT AGTTGTAGTTGTCGGGTTTGGTATATATTTTATGCTTCAAAGATAAAGAAATTAATAA TACTATTGATGCAATTGAAGATAAAAAATTTCAAACAAGTTTATAAAGATAGCAGTTATAT TTCTAAAAGCGATAATGGTGAAGTAGAAATGACTGAACGTCGATAAAAAATATATAATAG TTTAGGCGTTAAAGATATAAACATTCAGGATCGTAAAATAAAAAAGTATCTAAAAATAA AAAACGAGTAGATGCTCAATATAAAATTAACAACAACTACGGTAACATTGATCGCAACGT TCAATTTAATTTGTTAAAGAAGATGGTATGTGGAAGTTAGATTGGGATCATAGCGTCAAT TATCCAGGAATGCAGAAAAGCCAAAGCATAACATATGAAAATTTAAAAATCAGAACGTGG TAAAATTTTAGACCGAAACAATGTGGAATTTGGCCAATACAGGAACAGCATATGAGATAGG CATCGTTCCAAAGAATGTATCTAAAAAGATATAAAGCAATCGCTAAAGAAGTAAAGTAT TTCTGAAGACTATATCAAACAACAAATGGATCAAAATTTGGGTACAAGATGATACCTTCGT TCCACTTAAAACCGTTAAAAAAATGGATGAATATTTAAGTGAATTTTCGCAAAAAATTTCA TCTTACAACATAATGAACAAGAAAGTCTGAACATCTCTAGGAAAAGCGACTTCACATCT ATTAGGTTATGTTGGTCCCATTAACCTCTGAAGAATTAACAACAAAAAGAAATAAAGGCTA TAAAGATGATGCAGTTATTGGTAAAAAGGGACTCGAAAAACTTTACGATAAAAAAGCTCCA ACATGAAGATGGCTATCGTGCACAATCGTTGACGATAATAGCAATACAATCGCACATAC ATTAATAGAGAAAAAGAAAAAGATGGCAAAGATATCAACTAATCTATTGATGCTAAAGT TCAAAAAGAGTATTTATAACAACATGAAAAATGATTAAGGCTCAGGTAAGTACTGCTATCCACC TCAAAACAGGTGAATTTATAGCACTTGTAAAGCACACCTTCATATGACGTCTATCCATTTAT GTATGGCATGAGTAACGAAGAATATAATAAATTAACCGAAGATAAAAAAGAACCTCTGCT CAACAAGTCCAGATTACAACCTCACCAGGTTCAACTCAAAAAATATTAACAGCAATGAT TGGGTTAAATAACAAAACATTAGACGATAAAAACAAGTTATAAAATCGATGTAAGGTTG GCAAAAAGATAAAATCTTGGGGTGGTTACAACGTTACAAGATATGAAGTGGTAAATGGTAA TATCGACTTAAAACAAGCAATAGAATCATCAGATAACATTTTCTTTGCTAGCAAGTCACT CGAATTAGGCAGTAAGAAATTTGAAAAGGCATGAAAAAAGTAGGTGTTGGTGAAGATAT ACCAAGTGATTATCCATTTTATAATGCTCAAATTTCAAACAAAAATTTAGATAATGAAAT ATTATTAGCTGATTCAGGTTACGGACAAGGTGAAATACTGATTAACCCAGTACAGATCTCT TTCAATCTATAGCGCATTAGAAAATAATGGCAATATTAACCGCACTCACTTATTAAGA CACGAAAAACAAGTTTGGGAAGAAAAATATTATTTCCAAAAGAAAAATCAATCTATTAAC TGATGGTATGCAACAAGTCGTAATAAAAACACATAAAGAAGATATTTATAGATCTTATGC AACTTAATTGGCAAAATCCGGTACTGCAGAACTCAAATGAACAAGGAGAACTGGCAG ACAAATTTGGGTGGTTTATATCATATGATAAAGATAATCCAACATGATGATGGCTATTA TGTTAAAGATGTACAAGATAAAGGAATGGCTAGCTACAATGCCAAAATCTCAGGTAAGT GTATGATGAGCTATATGAGAACGGTAATAAAAAATACGATATAGATGAATAACAAAACAG TGAAGCAATCCGTAACGATGGTTGCTTCACTGTTTTATTATGAATTATTAATAAGTGCTG TTACTTCTCCCTTAAATACAATTTCTTCATTT</p>
47019 A23_2201	<p>GTAGTCTTATATAAGGAGGATATTGATGAAAAAGATAAAAAATGTTCCACTTATTTTAAAT AGTTGTAGTTGTCGGGTTTGGTATATATTTTATGCTTCAAAGATAAAGAAATTAATAA TACTATTGATGCAATTGAAGATAAAAAATTTCAAACAAGTTTATAAAGATAGCAGTTATAT TTCTAAAAGCGATAATGGTGAAGTAGAAATGACTGAACGTCGATAAAAAATATATAATAG TTTAGGCGTTAAAGATATAAACATTCAGGATCGTAAAATAAAAAAGTATCTAAAAATAA AAAACGAGTAGATGCTCAATATAAAATTAACAACAACTACGGTAACATTGATCGCAACGT TCAATTTAATTTGTTAAAGAAGATGGTATGTGGAAGTTAGATTGGGATCATAGCGTCAAT TATCCAGGAATGCAGAAAAGCCAAAGCATAACATATGAAAATTTAAAAATCAGAACGTGG TAAAATTTTAGACCGAAACAATGTGGAATTTGGCCAATACAGGAACAGCATATGAGATAGG CATCGTTCCAAAGAATGTATCTAAAAAGATATAAAGCAATCGCTAAAGAAGTAAAGTAT TTCTGAAGACTATATCAAACAACAAATGGATCAAAATTTGGGTACAAGATGATACCTTCGT TCCACTTAAAACCGTTAAAAAAATGGATGAATATTTAAGTGAATTTTCGCAAAAAATTTCA TCTTACAACATAATGAACAAGAAAGTCTGAACATCTCTAGGAAAAGCGACTTCACATCT ATTAGGTTATGTTGGTCCCATTAACCTCTGAAGAATTAACAACAAAAAGAAATAAAGGCTA TAAAGATGATGCAGTTATTGGTAAAAAGGGACTCGAAAAACTTTACGATAAAAAAGCTCCA ACATGAAGATGGCTATCGTGCACAATCGTTGACGATAATAGCAATACAATCGCACATAC ATTAATAGAGAAAAAGAAAAAGATGGCAAAGATAATCAACTAATCTATTGATGCTAAAGT TCAAAAAGAGTATTTATAACAACATGAAAAATGATTAAGGCTCAGGTAAGTACTGCTATCCACC TCAAAACAGGTGAATTTATAGCACTTGTAAAGCACACCTTCATATGACGTCTATCCATTTAT GTATGGCATGAGTAACGAAGAATATAATAAATTAACCGAAGATAAAAAAGAACCTCTGCT CAACAAGTCCAGATTACAACCTCACCAGGTTCAACTCAAAAAATATTAACAGCAATGAT TGGGTTAAATAACAAAACATTAGACGATAAAAACAAGTTATAAAATCGATGTAAGGTTG GCAAAAAGATAAAATCTTGGGGTGGTTACAACGTTACAAGATATGAAGTGGTAAATGGTAA</p>

	<p>TATCGACTTAAACAAGCAATAGAATCATCAGATAACATTTCTTTGCTAGAGTAGCACT CGAATTAGGCAGTAAGAAATTTGAAAAGGCATGAAAAAAGCTAGGTGTTGGTGAAGATAT ACCAAGTGATTATCCATTTTATAATGCTCAAATTTCAAACAATAAATTTAGATAAATGAAT ATTATTAGCTGATTACAGTTACGGACAAGGTGAAATACTGATTAACCCAGTACAGATCCT TTCAATCTATAGCGCATTAGAAAATAATGGCAATATAACGCACCTCACTTATTAAGA CACGAAAAACAAGTTTGAAGAAAAATATTATTTCCAAAGAAAAATCAATCTATTAAC TGATGGTATGCAACAAGTCGTAATAAACAACATAAAGAAGATATTATAGATCTTATGC AACTTAATTGGCAAAATCCGGTACTGCAGAACTCAAATGAAACAAGGAGAACTGGCAG ACAAATGGGTGGTTTATATCATATGATAAAGATAATCCAACATGATGATGGCTATTAA TGTTAAAGATGTACAAGATAAAGGAATGGCTAGCTACAATGCCAAAATCTCAGGTAAGT GTATGATGAGCTATATGAGAACGGTAATAAAAAATACGATATAGATGAATAACAAAACAG TGAAGCAATCCGTAACGATGGTTGCTTCACTGTTTTATTATGAATTATTAATAAGTGCTG TTACTTCTCCCTTAAATACAATTTCTTCATTT</p>
47020 A23_2228	<p>GTAGTCTTATATAAAGGAGTATATTGATGAAAAGATAAAAAATGTTCCACTTATTTTAAT AGTTGTAGTTGTCGGGTTTGGTATATATTTTATGCTTCAAAGATAAAGAAATTAATAA TACTATTGATGCAATTGAAGATAAAAAATTTCAAACAAGTTTATAAAGATAGCAGTTATAT TTCTAAAAGCGATAATGGTGAAGTAGAAATGACTGAACGTCGGATAAAAAATATATAATAG TTTAGGCGTTAAAGATATAAACATTCAGGATCGTAAAAATAAAAAAGTATCTAAAAATAA AAAACGAGTAGATGCTCAATATAAAATTAACAACAACTACGGTAACATTGATCGCAACGT TCAATTTAATTTGTTAAAGAAGATGGTATGTGGAAGTTAGATTGGGATCATAGCGTCAT TATCCAGGAATGCAGAAAGACCAAGCATAACATATTGAAAATTTAAATCAGAACGTGG TAAAAATTTAGACCGAAACAATGTGGAATGGCCAATACAGGAACAGCATATGAGATAGG CATCGTTCCAAAGAATGTATCTAAAAAGATTATAAAGCAATCGCTAAAGAACTAAGTAT TTCTGAAGACTATATCAAACAACAAATGGATCAAATTTGGGTACAAGATGATACCTTCGT TCCACTTAAAACCGTTAAAAAATGGATGAATATTTAAGTGATTTCCGAAAAAATTTCA TCTTACAACATAATGAAACAGAAAGTCGTAACATATCTCTAGGAAAAGCGACTTCACATCT ATTAGGTTATGTTGGTCCCATTAACTCTGAAGAATTAACAACAAAAAGAATATAAAGGCTA TAAAGATGATGCAGTTATTGGTAAAAAGGGACTCGAAAAACTTTACGATAAAAAAGCTCCA ACATGAAGATGGCTATCGTGTCAAAATCGTTGACGATAATAGCAATACAATCGCACATAC ATTAATAGAGAAAAAGAAAAAGATGGCAAAGATATCAACTAATATTGATGCTAAAGT TCAAAGAGTATTTATAACAACATGAAAAATGATTATGGCTCAGGTAAGTATCCACCC TCAAACAGGTGAATTTATAGCACTTGAAGCACACCTTCATATGACGCTCATCCATTTAT GTATGGCATGAGTAACGAAGAATATAATAAATTAACCGAAGATAAAAAAGAACCTCTGCT CAACAAGTTCAGATTACAACCTTACCAGGTTCAACTCAAATAATTAACAGCAATGAT TGGGTTAAATAACAAAACATTAGACGATAAAAAAAGTTATAAAATCGATGGTAAAGGTTG GCAAAAAGATAAATCTGGGGTGGTTACAACGTTACAAGATATGAAGTGGTAAAGGTTAA TATCGACTTAAACAAGCAATAGAATCATCAGATAACATTTCTTTGCTAGAGTAGCACT CGAATTAGGCAGTAAGAAATTTGAAAAGGCATGAAAAAAGCTAGGTGTTGGTGAAGATAT ACCAAGTGATTATCCATTTTATAATGCTCAAATTTCAAACAATAAATTTAGATAAATGAAT ATTATTAGCTGATTACAGTTACGGACAAGGTGAAATACTGATTAACCCAGTACAGATCCT TTCAATCTATAGCGCATTAGAAAATAATGGCAATATAACGCACCTCACTTATTAAGA CACGAAAAACAAGTTTGAAGAAAAATATTATTTCCAAAGAAAAATCAATCTATTAAC TGATGGTATGCAACAAGTCGTAATAAACAACATAAAGAAGATATTATAGATCTTATGC AACTTAATTGGCAAAATCCGGTACTGCAGAACTCAAATGAAACAAGGAGAACTGGCAG ACAAATGGGTGGTTTATATCATATGATAAAGATAATCCAACATGATGATGGCTATTAA TGTTAAAGATGTACAAGATAAAGGAATGGCTAGCTACAATGCCAAAATCTCAGGTAAGT GTATGATGAGCTATATGAGAACGGTAATAAAAAATACGATATAGATGAATAACAAAACAG TGAAGCAATCCGTAACGATGGTTGCTTCACTGTTTTATTATGAATTATTAATAAGTGCTG TTACTTCTCCCTTAAATACAATTTCTTCATTT</p>
47021 A23_2229	<p>GTAGTCTTATATAAAGGAGTATATTGATGAAAAGATAAAAAATGTTCCACTTATTTTAAT AGTTGTAGTTGTCGGGTTTGGTATATATTTTATGCTTCAAAGATAAAGAAATTAATAA TACTATTGATGCAATTGAAGATAAAAAATTTCAAACAAGTTTATAAAGATAGCAGTTATAT TTCTAAAAGCGATAATGGTGAAGTAGAAATGACTGAACGTCGGATAAAAAATATATAATAG TTTAGGCGTTAAAGATATAAACATTCAGGATCGTAAAAATAAAAAAGTATCTAAAAATAA AAAACGAGTAGATGCTCAATATAAAATTAACAACAACTACGGTAACATTGATCGCAACGT TCAATTTAATTTGTTAAAGAAGATGGTATGTGGAAGTTAGATTGGGATCATAGCGTCAT TATCCAGGAATGCAGAAAGACCAAGCATAACATATTGAAAATTTAAATCAGAACGTGG TAAAAATTTAGACCGAAACAATGTGGAATGGCCAATACAGGAACAGCATATGAGATAGG CATCGTTCCAAAGAATGTATCTAAAAAGATTATAAAGCAATCGCTAAAGAACTAAGTAT TTCTGAAGACTATATCAAACAACAAATGGATCAAATTTGGGTACAAGATGATACCTTCGT TCCACTTAAAACCGTTAAAAAATGGATGAATATTTAAGTGATTTCCGAAAAAATTTCA TCTTACAACATAATGAAACAGAAAGTCGTAACATATCTCTAGGAAAAGCGACTTCACATCT ATTAGGTTATGTTGGTCCCATTAACTCTGAAGAATTAACAACAAAAAGAATATAAAGGCTA TAAAGATGATGCAGTTATTGGTAAAAAGGGACTCGAAAAACTTTACGATAAAAAAGCTCCA ACATGAAGATGGCTATCGTGTCAACAATCGTTGACGATAATAGCAATACAATCGCACATAC ATTAATAGAGAAAAAGAAAAAGATGGCAAAGATATCAACTAATATTGATGCTAAAGT TCAAAGAGTATTTATAACAACATGAAAAATGATTATGGCTCAGGTAAGTATCCACCC TCAAACAGGTGAATTTATAGCACTTGAAGCACACCTTCATATGACGCTCATCCATTTAT GTATGGCATGAGTAACGAAGAATATAATAAATTAACCGAAGATAAAAAAGAACCTCTGCT CAACAAGTTCAGATTACAACCTTACCAGGTTCAACTCAAATAATTAACAGCAATGAT TGGGTTAAATAACAAAACATTAGACGATAAAAAAAGTTATAAAATCGATGGTAAAGGTTG</p>

	<p>GCAAAAAGATAAATCTTGGGGTGGTTACAACGTTACAAGATATGAAGTGGTAAATGGTAA TATCGACTTAAACAAGCAATAGAATCATCAGATAACATTTCTTTGCTAGAGTAGCACT CGAATTAGGCAGTAAGAAATTTGAAAAGGCATGAAAAAAGTAGGTGTTGGTGAAGATAT ACCAAGTGATTATCCATTTTATAATGCTCAAATTTCAAACAAAAATTTAGATAATGAAAT ATTATTAGCTGATTCAGGTTACGGACAAGGTGAAACTGATTAACCCAGTACAGATCCT TTCAATCTATAGCGCATTAGAAAATAATGGCAATATTAACGCACCTCACTTATTAAGA CAGAAAAACAAGTTTGGAAAGAAAATATTTTCCAAAAGAAAATATCAATCTATTAAC TGATGGTATGCAACAAGTCGTAATAAAAACACATAAAGAAGATATTTATAGATCTTATGC AACTTAATTGGCAAAATCCGGTACTGCAGAATCAAATGAAACAAGGAGAAAATGGCAG ACAAATGGGTGGTTTATATCATATGATAAAGATAATCCAAACATGATGATGGCTATTA TGTTAAAGATGTACAAGATAAAGGAATGGCTAGCTACAATGCCAAAATCTCAGTAAAGT GTATGATGAGCTATATGAGAACGGTAATAAAAAATACGATATAGATGAATAACAAAACAG TGAAGCAATCCGTAACGATGTTGCTTCACTGTTTTATTATGAATTATTAATAAGTCTG TTACTTCTCCCTTAAATACAATTTCTTCATTT</p>
47022 A23_2321	<p>GTAGTCTTATATAAGGAGGATATTGATGAAAAAGATAAAAAATGTTCCACTTATTTTAAAT AGTTGTAGTTGTCGGGTTTGGTATATATTTTTTATGCTTCAAAGATAAAGAAATTAATAA TACTATTGATGCAATTGAAGATAAAAAATTTCAAACAAGTTTATAAAGATAGCAGTTATAT TTCTAAAAGCGATAAATGGTGAAGTAGAAATGACTGAACGTCGGATAAAAAATATATAATAG TTTAGCGTTAAAGATATAAACATTCAGGATCGTAAAAATAAAAAAGTATCTAAAAATAA AAAACGAGTAGATGCTCAATATAAAATTAACAACAACTACGGTAACATTGATCGCAACGT TCAATTTAATTTTGTAAAGAAGATGGTATGTGGAAGTTAGATTGGGATCATAGCGTCAT TATTCAGGAATGCAGAAAGACCAAGCATAACATATGAAAATTTAAAATCAGAACGTGG TAAAATTTTAGACCGAAACAATGTGGAATGGCCAATACAGGAACAGCATAATGAGATAGG CATCGTTCCAAAGAAATGATCTAAAAAAGATTATAAAGCAATCGCTAAAAGCAATAGTAT TTCTGAAGACTATATCAAACAACAAATGGATCAAATTTGGGTACAAGATGATACCTTCGT TCCACTTAAAACCGTTAAAAAAATGGATGAATATTTAAGAGATTTTCGCAAAAAATTTCA TCTTACAACATAATGAAACGAAAAGTCGTAACATCTCTAGGAAAAGCGACTTCACATCT ATTAGGTTATGTTGGTCCCATTAACTCTGAAGAATTAACAACAAAAGAAATATAAAGGCTA TAAAGATGATGCAGTTATTGGTAAAAAGGGACTCGAAAACTTTACGATAAAAAGCTCCA ACATGAAGATGGCTATCGTGTCAACATCGTTGACGATAATAGCAATACAATCGCACATAC ATTAATAGAGAAAAAGAAAAAGATGGCAAAGATATCAACTAATGATGCTAAAGT TCAAAGAGTATTTATAACAACATGAAAAATGATTATGGCTCAGGTAAGTATCCACCC TCAAACAGGTGAATTTATAGCACTTGTAAAGCACACCTTCATATGACGTCATCCATTTAT GTATGGCATGAGTAACGAAGAATATAATAAATTAACCGAAGATAAAAAAGAACCTCTGCT CAACAAGTCCAGATTACAATTCACCAGGTTCAACTCAAAAAATATTAACAGCAATGAT TGGGTTAAATAACAACAACTTAGACGATAAAAACAAGTTATAAATCGATGATAGCGTTG GCAAAAAGATAAATCTTGGGGTGGTTACAACGTTACAAGATATGAAGTGGTAAATGGTAA TATCGACTTAAACAAGCAATAGAATCATCAGATAACATTTCTTTGCTAGAGTAGCACT CGAATTAGGCAGTAAGAAATTTGAAAAGGCATGAAAAAAGTAGGTGTTGGTGAAGATAT ACCAAGTGATTATCCATTTTATAATGCTCAAATTTCAAACAACAAATTTAGATAAAGTAAAT ATTATTAGCTGATTCAGGTTACGGACAAGGTGAAACTGATTAACCCAGTACAGATCCT TTCAATCTATAGCGCATTAGAAAATAATGGCAATATTAACGCACCTCACTTATTAAGA CAGAAAAACAAGTTTGGAAAGAAAATATTTTCCAAAAGAAAATATCAATCTATTAAC TGATGGTATGCAACAAGTCGTAATAAAAACACATAAAGAAGATATTTATAGATCTTATGC AACTTAATTGGCAAAATCCGGTACTGCAGAATCAAATGAAACAAGGAGAAAATGGCAG ACAAATTTGGGTGGTTTATATCATATGATAAAGATAATCCAAACATGATGATGGCTATTA TGTTAAAGATGTACAAGATAAAGGAATGGCTAGCTACAATGCCAAAATCTCAGTAAAGT GTATGATGAGCTATATGAGAACGGTAATAAAAAATACGATATAGATGAATAACAAAACAG TGAAGCAATCCGTAACGATGTTGCTTCACTGTTTTATTATGAATTATTAATAAGTCTG TTACTTCTCCCTTAAATACAATTTCTTCATTT</p>
47023 A23_2388	<p>GTAGTCTTATATAAGGAGGATATTGATGAAAAAGATAAAAAATGTTCCACTTATTTTAAAT AGTTGTAGTTGTCGGGTTTGGTATATATTTTTTATGCTTCAAAGATAAAGAAATTAATAA TACTATTGATGCAATTGAAGATAAAAAATTTCAAACAAGTTTATAAAGATAGCAGTTATAT TTCTAAAAGCGATAAATGGTGAAGTAGAAATGACTGAACGTCGGATAAAAAATATATAATAG TTTAGCGTTAAAGATATAAACATTCAGGATCGTAAAAATAAAAAAGTATCTAAAAATAA AAAACGAGTAGATGCTCAATATAAAATTAACAACAACTACGGTAACATTGATCGCAACGT TCAATTTAATTTTGTAAAGAAGATGGTATGTGGAAGTTAGATTGGGATCATAGCGTCAT TATTCAGGAATGCAGAAAGACCAAGCATAACATATGAAAATTTAAAATCAGAACGTGG TAAAATTTTAGACCGAAACAATGTGGAATGGCCAATACAGGAACAGCATAATGAGATAGG CATCGTTCCAAAGAATGATCTAAAAAAGATTATAAAGCAATCGCTAAAAGAACTAAGTAT TTCTGAAGACTATATCAAACAACAAATGGATCAAATTTGGGTACAAGATGATACCTTCGT TCCACTTAAAACCGTTAAAAAAATGGATGAATATTTAAGTATTTTCGCAAAAAATTTCA TCTTACAACATAATGAAACGAAAAGTCGTAACATCTCTAGGAAAAGCGACTTCACATCT ATTAGGTTATGTTGGTCCCATTAACTCTGAAGAATTAACAACAAAAGAAATATAAAGGCTA TAAAGATGATGCAGTTATTGGTAAAAAGGGACTCGAAAACTTTACGATAAAAAGCTCCA ACATGAAGATGGCTATCGTGTCAACATCGTTGACGATAATAGCAATACAATCGCACATAC ATTAATAGAGAAAAAGAAAAAGATGGCAAAGATATCAACTAATGATGCTAAAGT TCAAAGAGTATTTATAACAACATGAAAAATGATTATGGCTCAGGTAAGTATCCACCC TCAAACAGGTGAATTTATAGCACTTGTAAAGCACACCTTCATATGACGTCATCCATTTAT GTATGGCATGAGTAACGAAGAATATAATAAATTAACCGAAGATAAAAAAGAACCTCTGCT CAACAAGTCCAGATTACAATTCACCAGGTTCAACTCAAAAAATATTAACAGCAATGAT</p>

	<p>TGGGTTAAATAACAAAACATTAGACGATAAAAACAAGTTATAAAATCGATGGTAAAGGTTG GCAAAAAGATAAAATCTTGGGGTGGTTACAACGTTACAAGATATGAAGTGGTAAATGGTAA TATCGACTTAAACAAGCAATAGAAATCATCGATAACATTTCTTTGCTAGAGTAGCACT CGAATTAGGCAGTAAGAAATTTGAAAAAGGCATGAAAAAAGTAGGTGTTGGTGAAGATAT ACCAAGTGATTATCCATTTTATAATGCTCAAATTTCAAACAAAAATTTAGATAATGAAAT ATTATTAGCTGATTACAGTTACGGACAAGGTGAAATACTGATTAACCCAGTACAGATCCT TTCAATCTATAGCGCATAGAAAATAATGGCAATATAACGACCTCACTTATTAAGA CACGAAAAACAAGTTTGAAGAAAAATATTATTTCCAAAGAAAAATCAATCTATTAAC TGATGGTATGCAACAAGTCGTAATAAAACACATAAAGAAGATATTATAGATCTTATGC AAACTTAATTGGCAAAATCCGGTACTGCAGAACTCAAAATGAAACAAGGAGAACTGGCAG ACAAATGGGGTGGTTTATATCATATGATAAAGATAATCCAACATGATGATGGCTATTA TGTTAAAGATGTACAAGATAAAGGAATGGCTAGCTACAATGCCAAAATCTCAGGTAAGT GTATGATGAGCTATATGAGAACGGTAATAAAAAATACGATATAGATGAATAACAAAACAG TGAAGCAATCCGTAACGATGGTTGCTTCACTGTTTTATTATGAATTATTAATAAGTCTG TTACTTCTCCCTAAATACAATTTCTTCATTT</p>
47024 A23_2438	<p>GTAGTCTTATATAAGGAGGATATTGATGAAAAAGATAAAAAATGTTCCACTTATTTTAAAT AGTTGTAGTTGTCGGGTTTGGTATATATTTTTTATGCTTCAAAGATAAAGAAATTAATAA TACTATTGATGCAATTGAAGATAAAAAATTTCAAACAAGTTTATAAAGATAGCAGTTATAT TTCTAAAAGCGATAATGGTGAAGTAGAAATGACTGAACGTCGATAAAAAATATATAATAG TTTAGGCGTTAAAGATATAAACATTCAGGATCGTAAAATAAAAAAAGTATCTAAAATAA AAAACGAGTAGATGCTCAATATAAAATTAACAACAACTACGGTAACATTGATCGCAACGT TCAATTTAATTTTGTAAAGAAGATGGTATGTGGAAGTTAGATTGGGATCATAGCGTCAT TATCCAGGAATGCAGAAAGACCAAAGCATAACATTTGAAAATTTAAAATCAGAACGTGG TAAAATTTTAGACCGAAACAATGTGGAATTTGGCCAATACAGGAACAGCATATGAGATAGG CATCGTTCCAAAGAATGTATCTAAAAAGATTATAAAGCAATCGCTAAAGAAGTAAAGTAT TTCTGAAGACTATATCAAACAACAAATGGATCAAAATTTGGGTACAAGATGATACCTTCGT TCCACTTAAAACCGTTAAAAAAATGGATGAATATTTAAGTGATTTTCGCAAAAAAATTTCA TCTTACAACATAATGAAACAGAAAGTGTGGAATTTGCAACTATCCTCTAGGAAAAGCGACTTCACATCT ATTAGGTTATGTTGGTCCCATTAACTCTGAAGAATTAACAACAAAAAGAAATATAAAGGCTA TAAAGATGATGCAAGTTATTGGTAAAAAGGGACTCGAAAAACTTTACGATAAAAAAGTCCA ACATGAAGATGGCTATCGTGTCAAAATCGTTGACGATAATAGCAATACAATCGCACATAC ATTAATAGAGAAAAAGAAAAAGATGGCAAGATATTCAACTAACTATTGATGCTAAAGT TCAAAAGAGTATTTATAACAACATGAAAAATGATTATGGCTCAGGTAAGTACTGCTATCCACCC TCAAACAGGTGAATTTATAGCACTTGTAAAGCACACCTTCATATGACGCTCATCCATTTAT GTATGGCATGAGTAACGAAGAATATAATAAATTAACCGAAGATAAAAAAGAACCTCTGCT CAACAAGTCCAGATTACAACCTTACCAGGTTCAACTCAAAAAATATAAACAGCAATGAT TGGGTTAAATAACAAAACATTAGACGATAAAAACAAGTTATAAAATCGATGGTAAAGGTTG GCAAAAAGATAAAATCTTGGGGTGGTTACAACGTTACAAGATATGAAGTGGTAAATGGTAA TATCGACTTAAACAAGCAATAGAATCATCAGATAACATTTCTTTGCTAGAGTAGCACT CGAATTAGGCGTAAGAAATTTGAAAAGGCATGAAAAAAGTAGGTGTTGGTGAAGATAT ACCAAGTGATTATCCATTTTATAATGCTCAAATTTCAAACAAAAATTTAGATAATGAAAT ATTATTAGCTGATTACAGTTACGGACAAGGTGAAATACTGATTAACCCAGTACAGATCCT TTCAATCTATAGCGCATAGAAAATAATGGCAATATAACGACCTCACTTATTAAGA CACGAAAAACAAGTTTGAAGAAAAATATTTTCCAAAGAAAAATCAATCTATTAAC TGATGGTATGCAACAAGTCGTAATAAAACACATAAAGAAGATATTATAGATCTTATGC AAACTTAATTGGCAAAATCCGGTACTGCAGAACTCAAATGAAACAAGGAGAACTGGCAG ACAAATGGGGTGGTTTATATCATATGATAAAGATAATCCAACATGATGATGGCTATTA TGTTAAAGATGTACAAGATAAAGGAATGGCTAGCTACAATGCCAAAATCTCAGGTAAGT GTATGATGAGCTATATGAGAACGGTAATAAAAAATACGATATAGATGAATAACAAAACAG TGAAGCAATCCGTAACGATGGTTGCTTCACTGTTTTATTATGAATTATTAATAAGTCTG TTACTTCTCCCTAAATACAATTTCTTCATTT</p>
47025 A23_2511	<p>GTAGTCTTATATAAGGAGTATATTGATGAAAAAGATAAAAAATGTTCCACTTATTTTAAAT AGTTGTAGTTGTCGGGTTTGGTATATATTTTTTATGCTTCAAAGATAAAGAAATTAATAA TACTATTGATGCAATTGAAGATAAAAAATTTCAAACAAGTTTATAAAGATAGCAGTTATAT TTCTAAAAGCGATAATGGTGAAGTAGAAATGACTGAACGTCGATAAAAAATATATAATAG TTTAGGCGTTAAAGATATAAACATTCAGGATCGTAAAATAAAAAAAGTATCTAAAATAA AAAACGAGTAGATGCTCAATATAAAATTAACAACAACTACGGTAACATTGATCGCAACGT TCAATTTAATTTTGTAAAGAAGATGGTATGTGGAAGTTAGATTGGGATCATAGCGTCAT TATCCAGGAATGCAGAAAGACCAAAGCATAACATTTGAAAATTTAAAATCAGAACGTGG TAAAATTTTAGACCGAAACAATGTGGAATTTGGCCAATACAGGAACAGCATATGAGATAGG CATCGTTCCAAAGAAATGATCTAAAAAAGATTATAAAGCAATCGCTAAAAGAACTAAGTAT TTCTGAAGACTATATCAAACAACAAATGGATCAAAATTTGGGTACAAGATGATACCTTCGT TCCACTTAAAACCGTTAAAAAAATGGATGAATATTTAAGTGATTTTCGCAAAAAAATTTCA TCTTACAACATAATGAAACAGAAAGTGTGGAATTTGCAACTATCCTCTAGGAAAAGCGACTTCACATCT ATTAGGTTATGTTGGTCCCATTAACTCTGAAGAATTAACAACAAAAAGAAATATAAAGGCTA TAAAGATGATGCAAGTTATTGGTAAAAAGGGACTCGAAAAACTTTACGATAAAAAAGTCCA ACATGAAGATGGCTATCGTGTCAAAATCGTTGACGATAATAGCAATACAATCGCACATAC ATTAATAGAGAAAAAGAAAAAGATGGCAAGATATTCAACTAACTATTGATGCTAAAGT TCAAAAGAGTATTTATAACAACATGAAAAATGATTATGGCTCAGGTAAGTACTGCTATCCACCC TCAAACAGGTGAATTTATAGCACTTGTAAAGCACACCTTCATATGACGCTCATCCATTTAT GTATGGCATGAGTAACGAAGAATATAATAAATTAACCGAAGATAAAAAAGAACCTCTGCT</p>

	<p>CAACAAGTCCAGATTACAACCTCACCAGGTTCAACTCAAAAAATATTAACAGCAATGAT TGGGTTAAATAACAAAACATTAGACGATAAAAACAAGTTATAAAATCGATGGTAAAGGTTG GCAAAAAGATAAATCTGGGGTGGTTACAACGTTACAAGATATGAAGTGGTAAATGGTAA TATCGACTTAAAACAAGCAATAGAATCATCAGATAACATTTTCTTTGCTAGAGTAGCACT CGAATTAGGCAGTAAGAAATTTGAAAAGGCATGAAAAAATAGGTTGGTGAAGATAT ACCAAGTGATTATCCATTTTATAATGCTCAAATTTCAAACAAAAATTTAGATAATGAAAT ATTATTAGCTGATTCAGGTTACGGTACGACAAAGGTGAAATACTGATTAACCCAGTACAGATCCT TTCAATCTATAGCGCATTAGAAAATAATGGCAATATTAACGCACCTCACTTATTAAGA CACGAAAAACAAGTTTGAAGAAAAATATTATTTCCAAAAGAAAAATCAATCTATTAAC TGATGGTATGCAACAAGTCGTAATAAAAACACATAAAGAAGATATTTATAGATCTTATGC AACTTAATTGGCAAAATCCGGTACTGCAGAACTCAAATGAAACAAGGAGAAATGGCAG ACAAATTTGGTGGTTTATATCATATGATAAAGATAATCCAACATGATGATGGCTATTA TGTTAAAGATGTACAAGATAAAGGAATGGCTAGCTACAATGCCAAATCTCAGGTAAGT GTATGATGAGCTATATGAGAACGGTAATAAAAAATACGATATAGATGAATAACAAAACAG TGAAGCAATCCGTAACGATGGTTGCTTCACTGTTTTATTATGAATTATTAATAAGTGCTG TTACTTCTCCCTTAAATACAATTTCTTCATTT</p>
47026 A23_2537	<p>GTAGTCTTATATAAGGAGGATATTGATGAAAAAGATAAAAAATGTTCCACTTATTTTAAAT AGTTGTAGTTGTCGGGTTTGGTATATATTTTTTATGCTTCAAAGATAAAGAAATTAATAA TACTATTGATGCAATTGAAGATAAAAAATTTCAAACAAGTTTATAAAGATAGCAGTTATAT TTCTAAAAGCGATAAATGGTGAAGTAGAAATGACTGAACGTCGGATAAAAAATATAAATAG TTTAGGCGTTAAAGATATAAACATTCAGGATCGTAAAATAAAAAAAGTATCTAAAAATAA AAAACGAGTAGATGCTCAATATAAAATTAACAACAACTACGGTAACATTGATCGCAACGT TCAATTTAATTTTGTAAAGAAGATGGTATGTGGAAGTTAGATTGGGATCATAGCGTCAT TATCCAGGAATGCAGAAAAGACCAAAGCATAACATATGAAAAATTTAAAATCAGAACGTGG TAAAATTTTAGACCGAAAACATGTGGAATTTGGCCAATACAGGAACAGCATAATGAGATAGG CATCGTTCAAAGAATGTATCTAAAAAAGATTATAAAGCAATCGCTAAAGAACTAAGTAT TTCTGAAGACTATATCAAACAACAAATGGATCAAATTTGGGTACAAGATGATACCTTCGT TCCACTTAAAACCGTTAAAAAATGGATGAATATTTAAGTGAATTTTCGCAAAAAAATTTCA TCTTACAACATAATGAAACAAAAAGTCGTAACATCTCTAGGAAAAGCGACTTCACATCT ATTAGGTTATGTTGGTCCCATTAACCTCTGAAGAATTAACAACAAAAAGAAATAAAGGCTA TAAAGATGATGCGATTATTGGTAAAAAGGGACTCGAAAAACTTTACGATAAAAAAGCTCCA ACATGAAGATGGCTATCGTGTCAACAATCGTTGACGATAATAGCAATACAATCGCACATAC ATTAATAGAGAAAAAGAAAAAGATGGCAAAGATATCAACTAACTATTGATGCTAAAGT TCAAAAAGAGTATTTATAACAACATGAAAAATGATTATGGCTCAGGTAAGTATCCACCC TCAAACAGGTGAATTTAGCACTTGTAAAGCACACCTTCATATGACGTCTATCCATTTAT GTATGGCATGAGTAACGAAAGATAATAAATAAATTAACCGAAGATAAAAAAGAACTCTGCT CAACAAGTCCAGATTACAACCTCACCAGGTTCAACTCAAAAAATATTAACAGCAATGAT TGGGTTAAATAACAAAACATTAGACGATAAAAACAAGTTATAAAATCGATGGTAAAGGTTG GCAAAAAGATAAATCTGGGGTGGTTACAACGTTACAAGATATGAAGTGGTAAATGGTAA TATCGACTTAAAACAAGCAATAGAATCATCAGATAACATTTTCTTTGCTAGAGTAAAGTAA CGAATTAGGCAGTAAGAAATTTGAAAAGGCATGAAAAAATAGGTTGGTGAAGATAT ACCAAGTGATTATCCATTTTATAATGCTCAAATTTCAAACAAAAATTTAGATAATGAAAT ATTATTAGCTGATTCAGGTTACGGACAAGGTGAAATACTGATTAACCCAGTACAGATCTCT TTCAATCTATAGCGCATTAGAAAATAATGGCAATATTAACGCACCTCACTTATTAAGA CACGAAAAACAAGTTTGAAGAAAAATATTATTTCAAAGAAAAATCAATCTATTAAC TGATGGTATGCAACAAGTCGTAATAAAAACACATAAAGAAGATATTATAGATCTTATGC AACTTAATTGGCAAAATCCGGTACTGCAGAACTCAAATGAAACAAGGAGAACTGGCAG ACAAATTTGGGTTGGTTTATATCATATGATAAAGATAATCCAACATGATGATGGCTATTA TGTTAAAGATGTACAAGATAAAGGAATGGCTAGCTACAATGCCAAATCTCAGGTAAGT GTATGATGAGCTATATGAGAACGGTAATAAAAAATACGATATAGATGAATAACAAAACAG TGAAGCAATCCGTAACGATGGTTGCTTCACTGTTTTATTATGAATTATTAATAAGTGCTG TTACTTCTCCCTTAAATACAATTTCTTCATTT</p>
47027 A23_2538	<p>GTAGTCTTATATAAGGAGGATATTGATGAAAAAGATAAAAAATGTTCCACTTATTTTAAAT AGTTGTAGTTGTCGGGTTTGGTATATATTTTTTATGCTTCAAAGATAAAGAAATTAATAA TACTATTGATGCAATTGAAGATAAAAAATTTCAAACAAGTTTATAAAGATAGCAGTTATAT TTCTAAAAGCGATAAATGGTGAAGTAGAAATGACTGAACGTCGGATAAAAAATATAAATAG TTTAGGCGTTAAAGATATAAACATTCAGGATCGTAAAATAAAAAAAGTATCTAAAAATAA AAAACGAGTAGATGCTCAATATAAAATTAACAACAACTACGGTAACATTGATCGCAACGT TCAATTTAATTTTGTAAAGAAGATGGTATGTGGAAGTTAGATTGGGATCATAGCGTCAT TATCCAGGAATGCAGAAAAGACCAAAGCATAACATATGAAAAATTTAAAATCAGAACGTGG TAAAATTTTAGACCGAAAACATGTGGAATTTGGCCAATACAGGAACAGCATAATGAGATAGG CATCGTTCAAAGAATGTATCTAAAAAAGATTATAAAGCAATCGCTAAAGAACTAAGTAT TTCTGAAGACTATATCAAACAACAAATGGATCAAATTTGGGTACAAGATGATACCTTCGT TCCACTTAAAACCGTTAAAAAATGGATGAATATTTAAGTGAATTTTCGCAAAAAAATTTCA TCTTACAACATAATGAAACAAAAAGTCGTAACATCTCTAGGAAAAGCGACTTCACATCT ATTAGGTTATGTTGGTCCCATTAACCTCTGAAGAATTAACAACAAAAAGAAATAAAGGCTA TAAAGATGATGCGATTATTGGTAAAAAGGGACTCGAAAAACTTTACGATAAAAAAGCTCCA ACATGAAGATGGCTATCGTGTCAACAATCGTTGACGATAATAGCAATACAATCGCACATAC ATTAATAGAGAAAAAGAAAAAGATGGCAAAGATATTAACAATAACTATTGATGCTAAAGT TCAAAAAGAGTATTTATAACAACATGAAAAATGATTATGGCTCAGGTAAGTATCCACCC TCAAACAGGTGAATTTAGCACTTGTAAAGCACACCTTCATATGACGTCTATCCATTTAT</p>

	<p>GTATGGCATGAGTAACGAAGAATATAATAAATTAACCGAAGATAAAAAAGAACCTCTGCT CAACAAGTCCAGATTACAACCTCACCAGGTTCAACTCAAAAAATATTAACAGCAATGAT TGGGTTAAATAACAAAACATTAGACGATAAAACAAGTTATAAAATCGATGGTAAAGGTTG GCAAAAAGATAAATCTTGGGGTGGTTACAACGTTACAAGATATGAAGTGGTAAATGGTAA TATCGACTTAAACAAGCAATAGAATCATCAGATAACATTTCTTTGCTAGAGTAGCACT CGAATTAGGCAGTAAGAAATTTGAAAAGGCATGAAAAAATAGGTGTTGGTGAAGATAT ACCAAGTGAATATCCATTTTATAATGCTCAATTTTCAAACAAAAATTTAGATAAATGAAT ATTATTAGCTGATTCAGGTTACGGACAAGGTGAAATACTGATTAACCCAGTACAGATCCT TTCAATCTATAGCGCATTAGAAAATAATGGCAATATTAACGCACCTCACTTATTAAGA CACGAAAAACAAGTTTGAAGAAAAATATTATTTCCAAAGAAAAATCAATCTATTAAC TGATGGTATGCAACAAGTCGTAAATAAAACACATAAAGAAGATATTTATAGATCTTATGC AACTTAATTGGCAAAATCCGGTACTGCAGAACTCAAAATGAAACAAGGAGAACTGGCAG ACAAATTTGGGTGGTTTATATCATATGATAAAGATAATCCAACATGATGATGGCTATTAA TGTTAAAGATGTACAAGATAAAGGAATGGCTAGCTACAATGCCAAATCTCAGGTAAGT GTATGATGAGCTATATGAGAACGGTAATAAAAAATACGATATAGATGAATAACAAAACAG TGAAGCAATCCGTAACGATGGTTCCTTCACTGTTTTATTATGAATTATTAATAAGTGCTG TTACTTCTCCCTTAAATACAATTTCTTCATTT</p>
47028 A23_2539	<p>GTAGTCTTATATAAGGAGGATATTGATGAAAAAGATAAAAAATGTTCCACTTATTTTAAT AGTTGTAGTTGTCGGGTTTGGTATATATTTTTATGCTTCAAAGATAAAGAAATTAATAA TACTATTGATGCAATTGAAGATAAAAAATTTCAAACAAGTTTATAAAGATAGCAGTTATAT TTCTAAAAGCGATAATGGTGAAGTAGAAATGACTGAACGTCGGATAAAAAATATATAATAG TTTAGGCGTTAAAGATATAAACATTCAGGATCGTAAAATAAAAAAAGTATCTAAAAATAA AAAACGAGTAGATGCTCAATATAAAATTAACAACAACTACGGTAACATTGATCGCAACGT TCAATTTAATTTTGTAAAGAAGATGGTATGTGGAAGTTAGATTGGGATCATAGCGTCAT TATCCAGGAATGCAGAAAGACCAAAGCATAACATATTGAAAATTTAAAATCAGAACGTGG TAAAATTTTAGACCGAAACAATGTGGAATTTGGCCAATACAGGAACAGCATAATGAGATAGG CATCGTTCCAAAGAATGTATCTAAAAAGATTATAAAGCAATCGCTAAAGAACTAAGTAT TTCTGAAGACTATATCAAACAACAAATGGATCAAAATTTGGTACAAGATGATACCTTCGT TCCACTTAAAACCGTTAAAAAAATGGATGAATATTTAAGTGATTTTCGCAAAAAATTTCA TCTTACAACATAATGAAACAAAAGTCTGAACATATCTCTAGGAAAAGCGACTTCACATCT ATTAGGTTATGTTGGTCCCATTAACTCTGAAGAATTAACAACAAAAGAATATAAAGGCTA TAAAGATGATGCAGTTATTGGTAAAAAGGGACTCGAAAAACTTTACGATAAAAAAGTCCA ACATGAAGATGGCTATCGTGTCAAAATCGTTGACGATAATAGCAATACAATCGCACATAC ATTAATAGAGAAAAAGAAAAAGATGGCAAAGATATCAACTAATCTATTGATGCTAAAGT TCAAAGAGTATTTATAACAACATGAAAAATGATTATGGCTCAGGTAAGTACTGCTATCCACCC TCAAACAGGTGAATTTATAGCACTTGTAAAGCACACCTTCATATGACGTCATCCATTTAT GTATGGCATGAGTAACGAAGAATATAATAAATTAACCGAAGATAAAAAAGAACCTCTGCT CAACAAGTCCAGATTACAACCTCACCAGGTTCAACTCAAAAAATATTAACAGCAATGAT TGGGTTAAATAACAAAACATTAGACGATAAAACAAGTTATAAAATCGATGGTAAAGGTTG GCAAAAAGATAAATCTTGGGGTGGTTACAACGTTACAAGATATGAAGTGGTAAAGGTTA TATCGACTTAAACAAGCAATAGAATCATCAGATAACATTTCTTTGCTAGAGTAGCACT CGAATTAGGCAGTAAGAAATTTGAAAAGGCATGAAAAAATAGGTGTTGGTGAAGATAT ACCAAGTGAATATCCATTTTATAATGCTCAATTTCAAACAAAAATTTAGATAAATGAAAT ATTATTAGCTGATTCAGGTTACGGACAAGGTGAAATACTGATTAACCCAGTACAGATCCT TTCAATCTATAGCGCATTAGAAAATAATGGCAATATTAACGCACCTCACTTATTAAGA CACGAAAAACAAGTTTGAAGAAAAATATTATTTCCAAAGAAAAATCAATCTATTAAC TGATGGTATGCAACAAGTCGTAAATAAAACACATAAAGAAGATATTTATAGATCTTATGC AACTTAATTGGCAAAATCCGGTACTGCAGAACTCAAAATGAAACAAGGAGAACTGGCAG ACAAATTTGGGTGGTTTATATCATATGATAAAGATAATCCAACATGATGATGGCTATTAA TGTTAAAGATGTACAAGATAAAGGAATGGCTAGCTACAATGCCAAATCTCAGGTAAGT GTATGATGAGCTATATGAGAACGGTAATAAAAAATACGATATAGATGAATAACAAAACAG TGAAGCAATCCGTAACGATGGTTCCTTCACTGTTTTATTATGAATTATTAATAAGTGCTG TTACTTCTCCCTTAAATACAATTTCTTCATTT</p>
47029 A23_2540	<p>GTAGTCTTATATAAGGAGGATATTGATGAAAAAGATAAAAAATGTTCCACTTATTTTAAT AGTTGTAGTTGTCGGGTTTGGTATATATTTTTATGCTTCAAAGATAAAGAAATTAATAA TACTATTGATGCAATTGAAGATAAAAAATTTCAAACAAGTTTATAAAGATAGCAGTTATAT TTCTAAAAGCGATAATGGTGAAGTAGAAATGACTGAACGTCGGATAAAAAATATATAATAG TTTAGGCGTTAAAGATATAAACATTCAGGATCGTAAAATAAAAAAAGTATCTAAAAATAA AAAACGAGTAGATGCTCAATATAAAATTAACAACAACTACGGTAACATTGATCGCAACGT TCAATTTAATTTTGTAAAGAAGATGGTATGTGGAAGTTAGATTGGGATCATAGCGTCAT TATCCAGGAATGCAGAAAGACCAAAGCATAACATATTGAAAATTTAAAATCAGAACGTGG TAAAATTTTAGACCGAAACAATGTGGAATTTGGCCAATACAGGAACAGCATAATGAGATAGG CATCGTTCCAAAGAATGTATCTAAAAAGATTATAAAGCAATCGCTAAAGAACTAAGTAT TTCTGAAGACTATATCAAACAACAAATGGATCAAAATTTGGTACAAGATGATACCTTCGT TCCACTTAAAACCGTTAAAAAAATGGATGAATATTTAAGTGATTTTCGCAAAAAATTTCA TCTTACAACATAATGAAACAGAAAGTCTGAACATATCTCTAGGAAAAGCGACTTCACATCT ATTAGGTTATGTTGGTCCCATTAACTCTGAAGAATTAACAACAAAAGAATATAAAGGCTA TAAAGATGATGCAGTTATTGGTAAAAAGGGACTCGAAAAACTTTACGATAAAAAAGTCCA ACATGAAGATGGCTATCGTGTCAACAATCGTTGACGATAATAGCAATACAATCGCACATAC ATTAATAGAGAAAAAGAAAAAGATGGCAAAGATATCAACTAATCTATTGATGCTAAAGT TCAAAGAGTATTTATAACAACATGAAAAATGATTATGGCTCAGGTAAGTACTGCTATCCACCC</p>

	<p>TCAAACAGGTGAATTATTAGCACTTGTAAAGCACACCTTCATATGACGTCTATCCATTAT GTATGGCATGAGTAACGAAGAATAATAAAATTAACCGAAGATAAAAAAGAACCTCGCT CAACAAGTTCAGATTACAACCTTACCAGGTTCAACTCAAAAAATATTAACAGCAATGAT TGGGTTAAATAACAAAACATTAGACGATAAAAAAAGTTATAAAATCGATGGTAAAGGTTG GCAAAAAGATAAATCTTGGGGTGGTTACAACGTTACAAGATATGAAGTGGTAAATGGTAA TATCGACTTAAACAAGCAATAGAATCATCAGATAACATTTCTTTGCTAGAGTAGCACT CGAATTAGGCAGTAAGAAATTTGAAAAGGCATGAAAAAACTAGGTGTTGGTGAAGATAT ACCAAGTGATTATCCATTTTATAATGCTCAAATTTCAAACAAAAATTTAGATAATGAAAT ATTATTAGCTGATTCAGGTTACGGACAAGGTGAAATACTGATTAACCCAGTACAGATCCT TTCAATCTATAGCGCATTAGAAAATAATGGCAATATTAACGCACCTCACTTATTAAGAA CACGAAAAACAAGTTTGGAAAGAAAATATTTATTTCCAAAGAAAATATCAATCTATTAAC TGATGGTATGCAACAAGTCGTAATAAAAACACATAAAGAAGATATTTATAGATCTTATGC AACTTAATTGGCAAAATCCGGTACTGCAGAACTCAAATGAAACAAGGAGAACTGGCAG ACAAATTTGGTGGTTTATATCATATGATAAAGATAATCCAACATGATGATGGCTATTA TGTTAAAGATGTACAAGATAAAGGAATGGCTAGCTACAATGCCAAATCTCAGTAAAGT GTATGATGAGCTATATGAGAACGGTAATAAAAAATACGATATAGATGAATAACAAAACAG TGAAGCAATCCGTAACGATGGTTGCTTCACTGTTTTATTATGAATTATTAATAAGTGCTG TTACTTCTCCCTTAAATACAATTTCTTCATTT</p>
47030 A23_2574	<p>GTAGTCTTATATAAGGAGGATATTGATGAAAAGATAAAAAATGTTCCACTTATTTTAAT AGTTGTAGTTGTCGGGTTTGGTATATATTTTTATGCTTCAAAGATAAAGAAATTAATAA TACTATTGATGCAATTGAAGATAAAAAATTTCAAACAAGTTTATAAAGATAGCAGTTATAT TTCTAAAAGCGATAAATGGTGAAGTAGAAATGACTGAACGTCGATAAAAAATATATAATAG TTTAGGCGTTAAAGATATAAACATTCAGGATCGTAAAAATAAAAAAGTATCTAAAAATAA AAAACGAGTAGATGCTCAATATAAAATTAACAACAACTACGGTAACATTGATCGCAACGT TCAATTTAATTTGTTAAAGAAGATGGTATGTGGAAGTTAGATTGGGATCATAGCGTCAT TATTCAGGAATGCAGAAAGACCAAAGCATAACATATGAAAATTTAAAATCAGAACGTGG TAAAATTTTAGACCGAAACAATGTGGAATTTGGCCAATACAGGAACAGCATAATGAGATAGG CATCGTTCCAAAGAATGTATCTAAAAAAGATATAAAGCAATCGCTAAAGAACAATAGTAT TTCTGAAGACTATATCAAACAACAAATGGATCAAATTTGGGTACAAGATGATACCTTCGT TCCACTTAAAACCGTTAAAAAAATGGATGAATATTTAAGTGATTTTCGCAAAAAAATTTCA TCTTACAACATAATGAAACAGAAAGTCGTAACATCTCTAGGAAAAGCGACTTCACATCT ATTAGGTTATGTTGGTCCCATTAACTCTGAAGAATTAACAACAAAAAGAAATATAAAGGCTA TAAAGATGATGCAGTTATTGGTAAAAAGGGACTCGAAAAACTTTACGATAAAAAAGCTCCA ACATGAAGATGGCTATCGTGTCAACATCGTTGACGATAATAGCAATACAATCGCACATAC ATTAATAGAGAAAAAGAAAAAGATGGCAAAGATATCAACTAATGATGCTAAAGT TCAAAGAGTATTTATAACAACATGAAAAATGATTATGGCTCAGGTTACTGATTCACCC TCAAACAGGTGAATTTATTAGCACTTGTAAAGCACACCTTCATATGACGTCTATCCATTTAT GTATGGCATGAGTAACGAAGAATAATAAAATTAACCGAAGATAAAAAAGAACCTCGCT CAACAAGTTCAGATTACAACCTTACCAGGTTCAACTCAAAAAATATTAACAGCAATGAT TGGGTTAAATAACAAAACATTAGACGATAAAAAAAGTTATAAAATCGATGGTAAAGGTTG GCAAAAAGATAAATCTTGGGGTGGTTACAACGTTACAAGATATGAAGTGGTAAATGGTAA TATCGACTTAAACAAGCAATAGAATCATCAGATAACATTTCTTTGCTAGAGTAGCACT CGAATTAGGCAGTAAGAAATTTGAAAAGGCATGAAAAAACTAGGTGTTGGTGAAGATAT ACCAAGTGATTATCCATTTTATAATGCTCAAATTTCAAACAACAAATTTAGATAAAGTAAAT ATTATTAGCTGATTCAGGTTACGGACAAGGTGAAATACTGATTAACCCAGTACAGATCCT TTCAATCTATAGCGCATTAGAAAATAATGGCAATATTAACGCACCTCACTTATTAAGAA CACGAAAAACAAGTTTGGAAAGAAAATATTTATTTCCAAAGAAAATATCAATCTATTAAC TGATGGTATGCAACAAGTCGTAATAAAAACACATAAAGAAGATATTTATAGATCTTATGC AACTTAATTGGCAAAATCCGGTACTGCAGAACTCAAATGAAACAAGGAGAACTGGCAG ACAAATTTGGTGGTTTATATCATATGATAAAGATAATCCAACATGATGATGGCTATTA TGTTAAAGATGTACAAGATAAAGGAATGGCTAGCTACAATGCCAAATCTCAGGTAAGT GTATGATGAGCTATATGAGAACGGTAATAAAAAATACGATATAGATGAATAACAAAACAG TGAAGCAATCCGTAACGATGGTTGCTTCACTGTTTTATTATGAATTATTAATAAGTGCTG TTACTTCTCCCTTAAATACAATTTCTTCATTT</p>
47031 A23_2575	<p>GTAGTCTTATATAAGGAGGATATTGATGAAAAGATAAAAAATGTTCCACTTATTTTAAT AGTTGTAGTTGTCGGGTTTGGTATATATTTTTATGCTTCAAAGATAAAGAAATTAATAA TACTATTGATGCAATTGAAGATAAAAAATTTCAAACAAGTTTATAAAGATAGCAGTTATAT TTCTAAAAGCGATAAATGGTGAAGTAGAAATGACTGAACGTCGATAAAAAATATATAATAG TTTAGGCGTTAAAGATATAAACATTCAGGATCGTAAAAATAAAAAAGTATCTAAAAATAA AAAACGAGTAGATGCTCAATATAAAATTAACAACAACTACGGTAACATTGATCGCAACGT TCAATTTAATTTGTTAAAGAAGATGGTATGTGGAAGTTAGATTGGGATCATAGCGTCAT TATTCAGGAATGCAGAAAGACCAAAGCATAACATATGAAAATTTAAAATCAGAACGTGG TAAAATTTTAGACCGAAACAATGTGGAATTTGGCCAATACAGGAACAGCATAATGAGATAGG CATCGTTCCAAAGAATGTATCTAAAAAAGATATAAAGCAATCGCTAAAGAACAATAGTAT TTCTGAAGACTATATCAAACAACAAATGGATCAAATTTGGGTACAAGATGATACCTTCGT TCCACTTAAAACCGTTAAAAAAATGGATGAATATTTAAGTGATTTTCGCAAAAAAATTTCA TCTTACAACATAATGAAACAGAAAGTCGTAACATCTCTAGGAAAAGCGACTTCACATCT ATTAGGTTATGTTGGTCCCATTAACTCTGAAGAATTAACAACAAAAAGAAATATAAAGGCTA TAAAGATGATGCAGTTATTGGTAAAAAGGGACTCGAAAAACTTTACGATAAAAAAGCTCCA ACATGAAGATGGCTATCGTGTCAACATCGTTGACGATAATAGCAATACAATCGCACATAC ATTAATAGAGAAAAAGAAAAAGATGGCAAAGATATCAACTAATGATGCTAAAGT</p>

	<p>TCAAAAGAGTATTTATAACAACATGAAAAATGATTATGGCTCAGGTACTGCTATCCACC TCAAACAGGTGAATTTATAGCACTTGTAAAGCACACCTTCATATGACGTCTATCCATTTAT GTATGGCATGAGTAACGAAGATATAATAAATTAACCGAAGATAAAAAAGACCTTGCT CAACAAGTCCAGATTACAACCTCACCAGGTCAACTCAAAAAATATTAACAGCAATGAT TGGGTTAAATAACAAAACATTAGACGATAAAAACAAGTTATAAAATCGATGGTAAAGGTTG GCAAAAAGATAAAATCTGGGGTGGTTACAACGTTACAAGATATGAAGTGGTAAATGGTAA TATCGACTTAAACAAGCAATAGAATCATCAGATAACATTTCTTTGCTAGAGTAGCACT CGAATTAGGCAGTAAGAAATTTGAAAAGGCATGAAAAAAGTAGGTGTTGGTGAAGATAT ACCAAGTGATTATCCATTTTATAATGCTCAAATTTCAAACAAAAATTTAGATAATGAAAT ATTATTAGCTGATTACAGTTACGGACAAGGTGAAATACTGATTAACCCAGTACAGATCCT TTCAATCTATAGCGCATTAGAAAATAATGGCAATATTAACGCACCTCACTTATTAAGA CAGAAAAACAAGTTTGAAGAAAAATATTATTTCCAAAGAAAAATCAATCTATTAAC TGATGGTATGCAACAAGTCGTAATAAACACATAAAGAAGATATTATAGATCTTATGC AAACTTAATTGGCAAAATCCGGTACTGCAGAACTCAAAATGAAACAAGGAGAACTGGCAG ACAAATTTGGGTGGTTTATATCATATGATAAAGATAATCCAACATGATGATGGCTATTA TGTTAAAGATGTACAAGATAAAGGAATGGCTAGCTACAATGCCAAAATCTCAGGTAAGT GTATGATGAGCTATATGAGAACGGTAATAAAAAATACGATATAGATGAATAACAAAACAG TGAAGCAATCCGTAACGATGGTTGCTTCACTGTTTTATTATGAATTATTAATAAGTGCTG TTACTTCTCCCTTAAATACAATTTCTTCATTT</p>
47032 A23_2580	<p>GTAGTCTTATATAAGGAGGATTTGATGAAAAAGATAAAAAATGTTCCACTTATTTTAAT AGTTGTAGTTGTGGGTTTGGTATATATTTTTATGCTTCAAAGATAAAGAAATTAATAA TACTATTGATGCAATTAAGATAAAAAATTTCAAACAAGTTTATAAAGATAGCAGTTATAT TTCTAAAAGCGATAAATGGTGAAGTAGAAATGACTGAACGTCGATAAAAAATATATAATAG TTTAGGCGTTAAAGATAAACAATTTAGGATCGTAAAATAAAAAAAGTATCTCAAGATAA AAAACGAGTAGATGCTCAATATAAAATTAACAACAACTACGGTAACATTGATCGCAACGT TCAATTTAATTTTGTAAAGAAGATGGTATGTGGAAGTTAGATTGGGATCATAGCGTCAT TATCCAGGAATGCAGAAAGACCAAAGCATAACATTTGAAAATTTAAAATCAGAACGTGG TAAAATTTTAGACCGAAACAATGTGGAATTTGGCAATACAGGAACAGCATATGAGTAGG CATCGTTCCAAAGAATGTATCTAAAAAGATTATAAAGCAATCGCTAAAGAATAAGTAT TTCTGAAGACTATATCAAACAACAAATGGATCAAAATTTGGGTACAAGATGATACCTTCGT TCCACTTAAAACCGTTAAAAAAATGGATGAATATTTAAGAGATTTTCGCAAAAAATTTCA TCTTACAACCTAATGAAACAGAAAGTCGTAACATATCCTCTAGGAAAAGCGACTTCAATCT ATTAGGTTATGTTGGTCCCATTAACCTGAAGAATTAACAACAAAAAGAATATAAAGGCTA TAAAGATGATGCAGTTATTGGTAAAAAGGGACTCGAAAAACTTTACGATAAAAAAGTCCA ACATGAAGATGGCTATCGTGTCAAAATCGTTGACGATAATAGCAATACAATCGCACATAC ATTAATAGAGAAAAAGAAAAAGATGGCAAGATATTAACCTAATTTAGTGAAGTAT TCAAAAAGAGTATTTATAACAACATGAAAAATGATTATGGCTCAGGTACTGCTATCCACC TCAAACAGGTGAATTTATAGCACTTGTAAAGCACACCTTCATATGACGTCTATCCATTTAT GTATGGCATGAGTAACGAAGAATATAATAAATTAACCGAAGATAAAAAAGAACCTTCGT CAACAAGTCCAGATTACAACCTTACCAGGTTCAACTCAAAAAATATTAACAGCAATGAT TGGGTTAAATAACAAAACATTAGACGATAAAAACAAGTTATAAAATCGATGGTAAAGGTTG GCAAAAAGATAAAATCTGGGGTGGTTACAACGTTACAAGATATGAAGTGGTAAATGGTAA TATCGACTTAAACAAGCAATAGAATCATCAGATAACATTTCTTTGCTAGAGTAGCACT CGAATTAGGCAGTAAGAAATTTGAAAAGGCATGAAAAAAGTAGGTGTTGGTGAAGATAT ACCAAGTGATTATCCATTTTATAATGCTCAAATTTCAAACAAAAATTTAGATAATGAAAT ATTATTAGCTGATTACAGTTACGGACAAGGTGAAATACTGATTAACCCAGTACAGATCCT TTCAATCTATAGCGCATTAGAAAATAATGGCAATATTAACGCACCTCACTTATTAAGA CAGAAAAACAAGTTTGAAGAAAAATATTATTTCCAAAGAAAAATCAATCTATTAAC TGATGGTATGCAACAAGTCGTAATAAACACATAAAGAAGATATTATAGATCTTATGC AAACTTAATTGGCAAAATCCGGTACTGCAGAACTCAAAATGAAACAAGGAGAACTGGCAG ACAAATTTGGGTGGTTTATATCATATGATAAAGATAATCCAACATGATGATGGCTATTA GTTAAAGATGTACAAGATAAAGGAATGGCTAGCTACAATGCCAAAATCTCAGGTAAGT GTATGATGAGCTATATGAGAACGGTAATAAAAAATACGATATAGATGAATAACAAAACAG TGAAGCAATCCGTAACGATGGTTGCTTCACTGTTTTATTATGAATTATTAATAAGTGCTG TTACTTCTCCCTTAAATACAATTTCTTCATTT</p>
47033 A23_2619	<p>GTAGTCTTATATAAGGAGGATTTGATGAAAAAGATAAAAAATGTTCCACTTATTTTAAT AGTTGTAGTTGTGGGTTTGGTATATATTTTTATGCTTCAAAGATAAAGAAATTAATAA TACTATTGATGCAATTAAGATAAAAAATTTCAAACAAGTTTATAAAGATAGCAGTTATAT TTCTAAAAGCGATAAATGGTGAAGTAGAAATGACTGAACGTCGATAAAAAATATATAATAG TTTAGGCGTTAAAGATAAACAATTTAGGATCGTAAAATAAAAAAAGTATCTAAAAATAA AAAACGAGTAGATGCTCAATATAAAATTAACAACAACTACGGTAACATTGATCGCAACGT TCAATTTAATTTTGTAAAGAAGATGGTATGTGGAAGTTAGATTGGGATCATAGCGTCAT TATCCAGGAATGCAGAAAGACCAAAGCATAACATTTGAAAATTTAAAATCAGAACGTGG TAAAATTTTAGACCGAAACAATGTGGAATTTGGCAATACAGGAACAGCATATGAGTAGG CATCGTTCCAAAGAATGTATCTAAAAAAGATTATAAAGCAATCGCTAAAGAATAAGTAT TTCTGAAGACTATATCAAACAACAAATGGATCAAAATTTGGGTACAAGATGATACCTTCGT TCCACTTAAAACCGTTAAAAAAATGGATGAATATTTAAGAGATTTTCGCAAAAAATTTCA TCTTACAACCTAATGAAACAGAAAGTCGTAACATATCCTCTAGGAAAAGCGACTTCAATCT ATTAGGTTATGTTGGTCCCATTAACCTGAAGAATTAACAACAAAAAGAAATATAAAGGCTA TAAAGATGATGCAGTTATTGGTAAAAAGGGACTCGAAAAACTTTACGATAAAAAAGTCCA ACATGAAGATGGCTATCGTGTCAAAATCGTTGACGATAATAGCAATACAATCGCACATAC</p>

	<p>ATTAATAGAGAAAAGAAAAAGATGGCAAAGATATCAACTAACTATTGATGCTAAAGT TCAAAAAGAGTATTTATAACAACATGAAAAATGATTATGGCTCAGGTACTGCTATCCACCC TCAAAACAGGTGAATTTAGCACTTGTAAAGCACACCTTCATATGACGTCTATCCATTTAT GTATGGCATGAGTAACGAAGAATATAATAAATTAACCGAAGATAAAAAAGAACCTCTGCT CAACAAGTTCAGATTACAACCTCACCAGGTTCAACTCAAAAAATATTAACAGCAATGAT TGGGTTAAATAACAAAACATTAGACGATAAAAACAAGTTATAAAATCGATGGTAAAGGTTG GCAAAAAGATAAATCTGGGGTGGTTACAACGTTACAAGATATGAAGTGGTAAATGGTAA TATCGACTTAAACAAGCAATAGAATCATCAGATAACATTTTCTTTGCTAGAGTAGCACT CGAATTAGGCAGTAAGAAATTTGAAAAGGCATGAAAAAATAGGTGTTGGTGAAGATAT ACCAAGTGATTATCCATTTTATAATGCTCAAATTTCAAACAAAAATTTAGATAATGAAAT ATTATTAGCTGATTCAGGTTACGGACAAGGTGAAATACTGATTAACCCAGTACAGATCCCT TTCAATCTATAGCGCATTAGAAAATAATGGCAATATTAACGCACCTCACTTATTAAGA CACGAAAACAAAGTTTGGGAAGAAAATATTTATTTCCAAAAGAAAATATCAATCTATTAAC TGATGGTATGCAACAAGTCGTAATAAAAACACATAAAGAAGATATTTATAGATCTTATGC AACTTAATTGGCAAATCCGGTACTGCAGAACTCAAATGAAACAAGGAGAATCCATTAATAG ACAAATTTGGGTGGTTTATATCATATGATAAAGATAATCCAAACATGATGATGGCTATTA TGTTAAAGATGTACAAGATAAAGGAATGGCTAGCTACAATGCCAAAATCTCAGGTAAAGT GTATGATGAGCTATATGAGAACGGTAATAAAAAATACGATATAGATGAATAACAAAACAG TGAAGCAATCCGTAACGATGGTTGCTTCACTGTTTTATTATGAATTATTAATAAGTGCTG TTACTTCTCCCTTAAATACAATTTCTTCATTT</p>
47034 A23_2905	<p>GTAGTCTTATATAAGGAGGATATTGATGAAAAGATAAAAAATGTTCCACTTATTTTAAT AGTTGTAGTTGTCGGGTTTGGTATATATTTTATGCTTCAAAGATAAAGAAATTAATAA TACTATTGATGCAATTGAAGATAAAAAATTTCAAACAAGTTTATAAAGATAGCAGTTATAT TTCTAAAAGCGATAAATGGTGAAGTAGAAATGACTGAACGTCGGATAAAAAATATAATAG TTTAGGCGTTAAAGATATAAACATTCAGGATCGTAAAAATAAAAAAGTATCTAAAAATAA AAAACGAGTAGATGCTCAATATAAAATTAAAAACAACTACGGTAACATTGATCGCAACGT TCAATTTAATTTGTTAAAGAAGATGGTATGTGGAAGTTAGATTGGGATCATAGCGTCA TATCCAGGAATGCAGAAAAGCAAAAGCATAACATATGAAAATTTAAAAATCAGAACGTTG TAAAATTTTAGACCGAAACAATGTGGAATTTGGCCAATACAGGAACAGCATATGAGATAGG CATCGTTCCAAAGAATGTATCTAAAAAAGATATAAAGCAATCGCTAAAGAACTAAGTAT TTCTGAAGACTATATCAAACAACAAATGGATCAAAATTTGGGTACAAGATGATACCTTCGT TCCACTTAAAACCGTTAAAAAAATGGATGAATATTTAAGTGATTTTCGCAAAAAAATTTCA TCTTACAACATAATGAAACAGAAAAGTCGTAACATCTCTAGGAAAAGCGACTTCACATCT ATTAGGTTATGTTGGTCCCATTAACCTCTGAAGAATTAACAACAAAAAGAAATATAAAGGCTA TAAAGATGATGCAGTTATTGGTAAAAAGGGACTCGAAAAACTTTACGATAAAAAAGCTCCA ACATGAAGATGGCTATCGTGTACAACTCGTTGACGATAATAGCAATACAATCGCACATAC ATTAATAGAGAAAAGAAAAAGATGGCAAAGATATCAACTAACTATTGATGCTAAAGT TCAAAAAGAGTATTTATAACAACATGAAAAATGATTATGGCTCAGGTACTGCTATCCACCC TCAAAACAGGTGAATTTAGCACTTGTAAAGCACACCTTCATATGACGTCTATCCATTTAT GTATGGCATGAGTAACGAAGAATATAATAAATTAACCGAAGATAAAAAAGAACCTCTGCT CAACAAGTTCAGATTACAACCTCACCAGGTTCAACTCAAAAAATATTAACAGCAATGAT TGGGTTAAATAACAAAACATTAGACGATAAAAACAAGTTATAAAATCGATGGTAAAGGTTG GCAAAAAGATAAATCTGGGGTGGTTACAACGTTACAAGATATGAAGTGGTAAATGGTAA TATCGACTTAAACAAGCAATAGAATCATCAGATAACATTTTCTTTGCTAGAGTAGCACT CGAATTAGGCAGTAAGAAATTTGAAAAGGCATGAAAAAATAGGTGTTGGTGAAGATAT ACCAAGTGATTATCCATTTTATAATGCTCAAATTTCAAACAAAAATTTAGATAATGAAAT ATTATTAGCTGATTCAGGTTACGGACAAGGTGAAATACTGATTAACCCAGTACAGATCCCT TTCAATCTATAGCGCATTAGAAAATAATGGCAATATTAACGCACCTCACTTATTAAGA CACGAAAACAAAGTTTGGGAAGAAAATATTTATTTCCAAAAGAAAATATCAATCTATTAAC TGATGGTATGCAACAAGTCGTAATAAAAACACATAAAGAAGATATTTATAGATCTTATGC AACTTAATTGGCAAATCCGGTACTGCAGAACTCAAATGAAACAAGGAGAATCCAGTGGCAG ACAAATTTGGGTGGTTTATATCATATGATAAAGATAATCCAAACATGATGATGGCTATTA TGTTAAAGATGTACAAGATAAAGGAATGGCTAGCTACAATGCCAAAATCTCAGGTAAAGT GTATGATGAGCTATATGAGAACGGTAATAAAAAATACGATATAGATGAATAACAAAACAG TGAAGCAATCCGTAACGATGGTTGCTTCACTGTTTTATTATGAATTATTAATAAGTGCTG TTACTTCTCCCTTAAATACAATTTCTTCATTT</p>
47035 A23_2940	<p>GTAGTCTTATATAAGGAGGATATTGATGAAAAGATAAAAAATGTTCCACTTATTTTAAT AGTTGTAGTTGTCGGGTTTGGTATATATTTTATGCTTCAAAGATAAAGAAATTAATAA TACTATTGATGCAATTGAAGATAAAAAATTTCAAACAAGTTTATAAAGATAGCAGTTATAT TTCTAAAAGCGATAAATGGTGAAGTAGAAATGACTGAACGTCGGATAAAAAATATAAATAG TTTAGGCGTTAAAGATATAAACATTCAGGATCGTAAAAATAAAAAAGTATCTAAAAATAA AAAACGAGTAGATGCTCAATATAAAATTAAAAACAACTACGGTAACATTGATCGCAACGT TCAATTTAATTTGTTAAAGAAGATGGTATGTGGAAGTTAGATTGGGATCATAGCGTCA TATCCAGGAATGCAGAAAAGCAAAAGCATAACATATGAAAATTTAAAAATCAGAACGTTG TAAAATTTTAGACCGAAACAATGTGGAATTTGGCCAATACAGGAACAGCATATGAGATAGG CATCGTTCCAAAGAATGTATCTAAAAAAGATATAAAGCAATCGCTAAAGAACTAAGTAT TTCTGAAGACTATATCAAACAACAAATGGATCAAAATTTGGGTACAAGATGATACCTTCGT TCCACTTAAAACCGTTAAAAAAATGGATGAATATTTAAGTGATTTTCGCAAAAAAATTTCA TCTTACAACATAATGAAACAGAAAAGTCGTAACATCTCTTAGGAAAAGCGACTTCACATCT ATTAGGTTATGTTGGTCCCATTAACCTCTGAAGAATTAACAACAAAAAGAAATATAAAGGCTA TAAAGATGATGCAGTTATTGGTAAAAAGGGACTCGAAAAACTTTACGATAAAAAAGCTCCA</p>

	<p>ACATGAAGATGGCTATCGTGTCAACAATCGTTGACGATAATAGCAATACAATCGCACATAC ATTAATAGAGAAAAAGAAAAAGATGGCAAAGATATTCAACTAACTATTGATGCTAAAGT TCAAAAAGAGTATTTAATAACAACATGAAAAATGATTATGGCTCAGGTAAGTATCCACC TCAAAACAGGTGAATTTAGCACTTGTAAAGCACACCTTCATATGACGCTATCCATTTAT GTATGGCATGAGTAACGAAGATATAATAAATTAACCGAAGATAAAAAAGAACCTCTGCT CAACAAGTCCAGATTACAATTCACCAGGTCAACTCAAAAAATATTAACAGCAATGAT TGGGTTAAATAACAAAACATTAGACGATAAAACAAGTTATAAAATCGATGGTAAAGGTTG GCAAAAAGATAAATCTTGGGGTGGTTACAACGTTACAAGATATGAAGTGGTAAATGGTAA TATCGACTTAAACAAGCAATAGAATCATCAGATAACATTTCTTTGCTAGAGTAGCACT CGAATTAGGCAGTAAGAAATTTGAAAAAGGCATGAAAAAATAGGTGTTGGTGAAGATAT ACCAAGTGATTATCCATTTTATAATGCTCAAATTTCAAAACAAAAATTTAGATAATGAAAT ATTATTAGCTGATTCAGGTTACGGACAAGGTGAAATACTGATTAACCCAGTACAGATCCT TTCAATCTATAGCGCATTAGAAAATAATGGCAATATTAACGCACCTCACTTATTAAGA CACGAAAAACAAGTTTGAAGAAAAATATTTTCCAAAGAAAAATCAATCTATTAAC TGATGGTATGCAACAAGTCGTAATAAACAACATAAAGAAGATATTTATAGATCTTTATGC AAACTTAATTGGCAAATCCGGTACTGCAGAACTCAAATGAAACAAGGAGAACTGGCAG ACAAATTGGGTGGTTTATATCATATGATAAAGATAATCCAACATGATGATGGCTATTAA TGTTAAAGATGTACAAGATAAAGGAATGGCTAGCTACAATGCCAAAATCTCAGGTAAAGT GTATGATGAGCTATATGAGAACGGTAATAAAAAATACGATATAGATGAATAACAAAACAG TGAAGCAATCCGTAACGATGGTTGCTTCACTGTTTTATTATGAATTTAATAAAGTGCTG TTACTTCTCCCTTAAATACAATTTCTTCATTT</p>
47036 A23_2959	<p>GTAGTCTTATATAAGGAGGATATTGATGAAAAAGATAAAAAATGTTCCACTTATTTTAAT AGTTGTAGTTGTGGGTTTGGTATATATTTTTATGCTTCAAAAGATAAAGAAATTAATAA TACTATTGATGCAATTGAAGATAAAAAATTTCAAACAAGTTTATAAAGATAGCAGTTATAT TTCTAAAAGCGATAATGGTGAAGTAGAAATGACTGAACGTCGGATAAAAAATATATAATAG TTTAGGCGTTAAAGATATAAACATTCAGGATCGTAAAAATAAAAAAGTATCTAAAAATAA AAAACGAGTAGATGCTCAATATAAAATTAACAACAACTACGGTAACATTGATCGCAACGT TCAATTTAATTTTGTAAAGAAGATGGTATGTGGAAGTTAGATTGGGATCATAGCGTCAT TATCCAGGAATGCAGAAAGACCAAAGCATAACATTTGAAAATTTAAAATCAAACGTTGG TAAAAATTTAGACCGAAACAATGTGGAATTTGGCCAATACAGGAACAGCATAATGAGATAGG CATCGTTCCAAAGAATGTATCTAAAAAAGATATAAAGCAATCGCTAAAGAACTAAGTAT TTCTGAAGACTATATCAAACAACAAATGGATCAAAATTTGGGTACAAGATGATACCTTCGT TCCACTTAAAACCGTTAAAAAATGGATGAATATTTAAGTATTTCGCAAAAAAATTTCA TCTTACAACATTAAGAACAGAAAGTCTGAAGATTAATAAAGCAATCGCTAAAGAACTAAGTAT ATTAGGTTATGTTGGTCCCATTAACTCTGAAGAATTAACAACAAAAAGAATATAAAGGCTA TAAAGATGATGCAAGTTATTGGTAAAAAGGGACTCGAAAAAATTTACGATAAAAAAGCTCCA ACATGAAGATGGCTATCGTGTCAACAATCGTTGACGATAATAGCAATACAATCGCACATAC ATTAATAGAGAAAAAGAAAAAGATGGCAAAGATAATCAACTAACTATTGATGCTAAAGT TCAAAAAGAGTATTTATAACAACATGAAAAATGATTATGGCTCAGGTAAGTATCCACC TCAAAACAGGTGAATTTAGCACTTGTAAAGCAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAAAGTAA GTATGGCATGAGTAACGAAGATAATAAATAAATTAACCGAAGATAAAAAAGAACCTCTGCT CAACAAGTCCAGATTACAATTCACCAGGTCAACTCAAAAAATATTAACAGCAATGAT TGGGTTAAATAACAAAACATTAGACGATAAAACAAGTTATAAAATCGATGGTAAAGGTTG GCAAAAAGATAAATCTTGGGGTGGTTACAACGTTACAAGATATGAAGTGGTAAAGGTTAA TATCGACTTAAACAAGCAATAGAATCATCAGATAACATTTTCTTTGCTAGAGTAGCACT CGAATTAGGCAGTAAGAAATTTGAAAAAGGCATGAAAAAATAGGTGTTGGTGAAGATAT ACCAAGTGATTATCCATTTTATAATGCTCAAATTTCAAACAAAAATTTAGATAATGAAAT ATTATTAGCTGATTCAGGTTACGGACAAGGTGAAATACTGATTAACCCAGTACAGATCCT TTCAATCTATAGCGCATTAGAAAATAATGGCAATATTAACGCACCTCACTTATTAAGA CACGAAAAACAAGTTTGAAGAAAAATATTTTCCAAAGAAAAATCAATCTATTAAC TGATGGTATGCAACAAGTCGTAATAAACAACATAAAGAAGATATTTATAGATCTTTATGC AAACTTAATTGGCAAATCCGGTACTGCAGAACTCAAATGAAACAAGGAGAACTGGCAG ACAAATTTGGGTGGTTTATATCATATGATAAAGATAATCCAACATGATGATGGCTATTAA TGTTAAAGATGTACAAGATAAAGGAATGGCTAGCTACAATGCCAAAATCTCAGGTAAAGT GTATGATGAGCTATATGAGAACGGTAATAAAAAATACGATATAGATGAATAACAAAACAG TGAAGCAATCCGTAACGATGGTTGCTTCACTGTTTTATTATGAATTTAATAAAGTGCTG TTACTTCTCCCTTAAATACAATTTCTTCATCT</p>
47037 A23_2979	<p>GTAGTCTTATATAAGGAGGATATTGATGAAAAAGATAAAAAATGTTCCACTTATTTTAAT AGTTGTAGTTGTGGGTTTGGTATATATTTTTATGCTTCAAAAGATAAAGAAATTAATAA TACTATTGATGCAATTGAAGATAAAAAATTTCAAACAAGTTTATAAAGATAGCAGTTATAT TTCTAAAAGCGATAATGGTGAAGTAGAAATGACTGAACGTCGGATAAAAAATATATAATAG TTTAGGCGTTAAAGATATAAACATTCAGGATCGTAAAAATAAAAAAGTATCTAAAAATAA AAAACGAGTAGATGCTCAATATAAAATTAACAACAACTACGGTAACATTGATCGCAACGT TCAATTTAATTTTGTAAAGAAGATGGTATGTGGAAGTTAGATTGGGATCATAGCGTCAT TATCCAGGAATGCAGAAAGACCAAAGCATAACATTTGAAAATTTAAAATCAAACGTTGG TAAAAATTTAGACCGAAACAATGTGGAATTTGGCCAATACAGGAACAGCATAATGAGATAGG CATCGTTCCAAAGAATGTATCTAAAAAAGATATAAAGCAATCGCTAAAGAACTAAGTAT TTCTGAAGACTATATCAAACAACAAATGGATCAAAATTTGGGTACAAGATGATACCTTCGT TCCACTTAAAACCGTTAAAAAATGGATGAATATTTAAGTATTTCGCAAAAAAATTTCA TCTTACAACATTAAGAACAGAAAGTCTGAAGATTAATAAAGCAATCGCTAAAGAACTAAGTAT ATTAGGTTATGTTGGTCCCATTAACTCTGAAGAATTAACAACAAAAAGAATATAAAGGCTA</p>

	TAAAGATGATGCAGTTATTGGTAAAAAGGGACTCGAAAACTTTACGATAAAAAGCTCCA ACATGAAGATGGCTATCGTGTCACAATCGTTGACGATAATAGCAATACAATCGCACATAC ATTAATAGAGAAAAAGAAAAAGATGGCAAAGATATTCAACTAACTATTGGTGCTAAAGT TCAAAAGAGTATTTATAACAACATGAAAAATGATTATGGCTCAGGTAAGTATCCACCC TCAAACAGGTGAATTATTAGCACTTGTAAAGCACACCTTCATATGACGTCTATCCATTTAT GTATGGCATGAGTAACGAAGAATATAATAAATTAACCGAAGATAAAAAAGAACCTCTGCT CAACAAGTTCAGATTACAACCTCACCAGGTTCAACTCAAAAAATATTAACAGCAATGAT TGGGTTAAATAACAAAACATTAGACGATAAAAACAAGTTATAAAATCGATGGTAAAGGTTG GCAAAAAGATAAATCTGGGGTGGTTACAACGTTACAAGATATGAAGTGGTAAATGGTAA TATCGACTTAAAAAAGCAATAGAATCATCAGATAACATTTTCTTTGCTAGAGTAGCACT CGAATTAGGCAGTAAGAAATTTGAAAAGGCATGAAAAACTAGGTGTTGGTGAAGATAT ACCAAGTGATTATCCATTTTATAATGCTCAAATTTCAAACAAAAATTTAGATAATGAAAT ATTATTAGCTGATTCAGGTTACGGACAAGGTGAAATACTGATTAACCCAGTACAGATCCT TTCAATCTATAGCGCATTAGAAAAATATGGCAATATTAACGCACCTCACTTATTAAGA CACGAAAACAAGTTTGGGAAGAAAAATATTATTTCCAAAGAAAAATCAATCTATTAAC TGATGGTATGCAACAAGTCGTAATAAAACACATAAAGAAGATATTTATAGATCTTATGC AACTTAATTGGCAAATCCGGTACTGCAGAACTCAAATGAAACAAGGAGAACTGGCAG ACAAATGGGTGGTTTATATCATATGATAAAGATAATCCAACATGATGATGGCTATTA TGTTAAAGATGTACAAGATAAAGGAATGGCTAGCTACAATGCCAAAATCTCAGGTAAGT GTATGATGAGCTATATGAGAACGGTAATAAAAAATACGATATAGATGAATAACAAAACAG TGAAGCAATCCGTAACGATGGTTGCTTCACTGTTTTATTATGAATTATTAATAAGTCTG TTACTTCTCCCTTAAATACAATTTCTTCATCT
--	--

Anexo 3

MSA de las secuencias obtenidas del BLAST de las variantes vs el gen mecC.

Variante	MSA variante vs mecC	% ^M	
33232 MXcow8	33232 MXcow8 milk t114 gen_mecC_2prot_PBP2a	-----ACAAT----- 5 GAACGCCTCTATGATAAACAATTGCAAAACACTGATGGTTTTAAGGTATCCATTGCAAAT 900 *** *	53.3%
	33232 MXcow8 milk t114 gen_mecC_2prot_PBP2a	-----GATGCATTAGTACAAACAGGTACAGCACTTGCGAATATCGGTAAG--- 50 GATGGATCTGGTACAGCATTAACAACAAAACCTGGAGAAATTTAGCTTTGGTAAGTACC 1080 ***** ** * * * * * * * * * * * * * *	
	33232 MXcow8 milk t114 gen_mecC_2prot_PBP2a	-----ATTACATTTAATTATCGCA----- 69 ACCCAAAAAATATTAACATCTATTATAGCCTTAAAAGAAAATAAACTAGACAAAAATACT 1260 **** * ***** **	
	33232 MXcow8 milk t114 gen_mecC_2prot_PBP2a	-----ATGGAGAAGTATCGA----- 84 AATTTTGATATTTATGGTAAGGTTGGCAAAAAGATGCATCATGGGGTAATTATAATATC 1320 **** * * * * *	
	33232 MXcow8 milk t114 gen_mecC_2prot_PBP2a	----ATATTAAGCCGTCAATTGATTAATGTAAAGACGTTGAA-AATGTAACACCG---- 134 AACATATTTTTGCCCCGATTGCATTAGCATTAGGAGCCAAAAAATTTGAGCAAGGTATG 1440 ** *	
	33232 MXcow8 milk t114 gen_mecC_2prot_PBP2a	---AACAAAGCATTAGCTGAACAAATTAATCAAGCTGATCAAACATTTAGAGCACAAACA 191 CAAGATTTGGGAATCGGTGAAAATATCCCGAGTGATTATCCCTTTTATAAAGCACAAATC 1500 *	
	33232 MXcow8 milk t114 gen_mecC_2prot_PBP2a	GCAGAGGT----- 199 TCAAATAGTAATTTAAAAAATGAAATATTATTAGCAGATTCAGGATATGGCCAAGGCGAG 1560 * * *	
	33232 MXcow8 milk t114 gen_mecC_2prot_PBP2a	-----TATTATT 206 ATACAAAATCCTCATGTTTTACGTAAAACAAAATCTCAAATATGGAAAAAGATATTATA 1680 *****	
	33232 MXcow8 milk t114 gen_mecC_2prot_PBP2a	-----CCAATAATACGATT 221 AAAATGAATCAAGGGGAAACTGGAAGACAAATAGGTTGGTTTGTTCATATAATAAAAAAT 1860 ** ***** * *	
	33232 MXcow8 milk t114 gen_mecC_2prot_PBP2a	GATT----- 225 AATCCTAATATGTTAATGGCGATTAATGTAAAGACGTTCAAAAATAAAGGGATGGCCAGC 1920 **	
33233	33233 MXcow13s milk t416 gen_mecC_2prot_PBP2a	-----AACAAATCGATTCAAATATTCAAGTATTTGTTGAAGAAGCTTTA 43 TTAAAAAGTAAGCAATTTAGAAGTATAGCAAAAATACTGTTATTGGAAAAAAGGCTTA 840 *	52.73%
	33233 MXcow13s milk t416 gen_mecC_2prot_PBP2a	GATGGCATGGTTGAAAGATACCAGC----- 68 GAACGCCTCTATGATAAACAATTGCAAAACACTGATGGTTTTAAGGTATCCATTGCAAAT 900 ** * * * * * * * * *	

	33233 MXcow13s milk t416 gen_mecC_2prot_PBP2a	----- ACTTATGACAATAAACCTTTAGACACATTATTGGAGAAAAAGGCTGAAAACGGAAAAGAT	68 960	
	33233 MXcow13s milk t416 gen_mecC_2prot_PBP2a	-----CGAAA CTTCATTAACTATAGATGCTAGAGTACAAGAAAGTATTTATAAACATATGAAAATGAC *	73 1020	
	33233 MXcow13s milk t416 gen_mecC_2prot_PBP2a	GATTTATTTGCGGTTGTCATGGATGCCAAAACCTGGAGAAATTTTAGCATACAGTCAGCGA GATGGATCTGGTACAGCATTACAACCAAAAACCTGGAGAAATTTAGCCTTTGGTAAGTACC *** ** * * * * * *	133 1080	
	33233 MXcow13s milk t416 gen_mecC_2prot_PBP2a	CCAACATTTAATCTGAA-----ACT-----GGTAAAGACTTTGGTAAA--- CCATCGTACGATGTTTATCCATTCATGAATGGATTAAGCAATAATGACTACCGTAAATTA *** *	172 1140	
	33233 MXcow13s milk t416 gen_mecC_2prot_PBP2a	----AAGTGGGCAAAATGACCTT-----TATCAAAACACATACGAGCCTGGATCA ACTAACATAAAAAAGAGCCTTTGCTCAACAAATTTCAAATCACTACATCACCAGGTCA *	217 1200	
	33233 MXcow13s milk t416 gen_mecC_2prot_PBP2a	ACA----- ACCAAAAAATATTAACATCTATTATAGCCTTAAAAGAAAATAAACTAGACAAAAATACT **	220 1260	
33234	33234 MXcow14 milk t416 gen_mecC_2prot_PBP2a	-----CGTATGATTTAAAAGTAGCAAATGCCATT GAACGCCTCTATGATAAACAATTGCAAAACACTGATGGTTTTAAGGTATCCAATGCAAAT *	29 900	53.78%
	33234 MXcow14 milk t416 gen_mecC_2prot_PBP2a	ATTCAAGGTGATATTG----- ACTTATGACAATAAACCTTTAGACACATTATTGGAGAAAAAGGCTGAAAACGGAAAAGAT * * * * * * * *	45 960	
	33234 MXcow14 milk t416 gen_mecC_2prot_PBP2a	-----CCGAT CTTCATTTAACTATAGATGCTAGAGTACAAGAAAGTATTTATAAACATATGAAAATGAC **	50 1020	
	33234 MXcow14 milk t416 gen_mecC_2prot_PBP2a	GATTA----- GATGGATCTGGTACAGCATTACAACCAAAAACCTGGAGAAATTTAGCCTTTGGTAAGTACC ***	55 1080	
	33234 MXcow14 milk t416 gen_mecC_2prot_PBP2a	-----ATCAAGTATATCAACTCGTTGC ACTAACATAAAAAAGAGCCTTTGCTCAACAAATTTCAAATCACTACATCACCAGGTCA *	77 1200	
	33234 MXcow14 milk t416 gen_mecC_2prot_PBP2a	ACCGAGA-----CAGTTCGACGTCACATATAAT ACCAAAAAATATTAACATCTATTATAGCCTTAAAAGAAAATAAACTAGACAAAAATACT *** *	105 1260	
	33234 MXcow14 milk t416 gen_mecC_2prot_PBP2a	AATGTTGATATTTATGGTAATCATGTCATCGTAAGACCTTTAT----- AATTTTGATATTTATGGTAAGGGTTGCCAAAAGATGCATCATGGGTAATTATAATATC	148 1320	

	33236 MXcow18 milk t3196 gen_mecC_2prot_PBP2a	ATCAAGGTGATATTG----- ACTTATGACAATAAACCTTTAGACACATTATTGGAGAAAAAGGCTGAAAACGGAAAAGAT * * * * * **	45 960	
	33236 MXcow18 milk t3196 gen_mecC_2prot_PBP2a	-----CCGAT CTTCATTAACTATAGATGCTAGAGTACAAGAAAGTATTTATAAACATATGAAAAATGAC **	50 1020	
	33236 MXcow18 milk t3196 gen_mecC_2prot_PBP2a	GATTA----- GATGGATCTGGTACAGCATTACAACCAAAAACCTGGAGAAATTTAGCTTTGGTAAGTACC ***	55 1080	
	33236 MXcow18 milk t3196 gen_mecC_2prot_PBP2a	-----ATCAAGTATATCAACTCGTTGC ACTAACAATAAAAAAGAGCCTTTGCTCAACAAATTTCAAATCACTACATCACCAGGTTCA * * * * * * **	77 1200	
	33236 MXcow18 milk t3196 gen_mecC_2prot_PBP2a	ACCGAGA-----CAGTTCGACGTCACATATAAT ACCAAAAAATATTAACATCTATTATAGCCTTAAAAGAAAATAAACTAGACAAAAATACT *** * * * * * * * * * * * * * * * *	105 1260	
	33236 MXcow18 milk t3196 gen_mecC_2prot_PBP2a	AATGTTGATATTATGGTAATCATGTTCATCGTAAGACCTTTAT----- AATTTTGATATTATGGTAAGGTTGGCAAAAAGATGCATCATGGGGTAATTATAATATC *** * * * * * * * * * * * * * * * *	148 1320	
	33236 MXcow18 milk t3196 gen_mecC_2prot_PBP2a	-----ACTTGTCTATTTGTGCAGCTGATCAAAGGTATTACACAGG---- TCAAATAGTAATTTAAAAAATGAAATATTATTAGCAGATTCAGGATATGGCCAAGGCGAG * * * * * * * * * * * * * * * *	188 1560	
	33236 MXcow18 milk t3196 gen_mecC_2prot_PBP2a	-----T ATACTAGTAAACCTATACAAATTTTATCAATATACAGTGCTTTAGAAAATAACGGAAAT *	189 1620	
	33236 MXcow18 milk t3196 gen_mecC_2prot_PBP2a	CGAAGAGATGAAAATGTACTACGCAAAAAATTACCA----- ATACAAAATCCTCATGTTTTACGTAAAACAAAATCTCAAATATGGAAAAAGATATTATA * * * * * * * * * * * * * * * *	225 1680	
33237	33237 MXcow1824L milk t224 gen_mecC_2prot_PBP2a	-----ACAA----- GAACGCCTCTATGATAAACAATTGCAAAACACTGATGGTTTTAAGGTATCCATTGCAAAT ***	4 900	53.78%
	33237 MXcow1824L milk t224 gen_mecC_2prot_PBP2a	-----TGATGCATTAGCACAAACAGGTACAGCACTTGCGAATATC----- GATGGATCTGGTACAGCATTACAACCAAAAACCTGGAGAAATTTAGCTTTGGTAAGTACC * * * * * * * * * * * * * * * *	44 1080	
	33237 MXcow1824L milk t224 gen_mecC_2prot_PBP2a	GGTAAGATTACA-----TTTAATTACCGCAAT-----GGAGAGGT ACAAGATTTAAAGTAGTAGACGGCAATATCGATTTAAAGCAAGCAATAGAATCATCAGAC * * * * * * * * * * * * * * * *	79 1380	
	33237 MXcow1824L milk t224 gen_mecC_2prot_PBP2a	ATCAAATATTAACCCTCATTTGATTAACGTTAAAGACGTTGAAAATGTGA-CA----- AACATATTTTTTGCCCGCATTGCATTAGCATTAGGAGCCAAAAATTTGAGCAAGGTATG * * * * * * * * * * * * * * * *	131 1440	

gen_mecC_2prot_PBP2a	AGGCCAAAATAAAAAGATAGAAATGGTATAGAATTAGCTAAAACGGAAATACATATGAAAT ** ***** ** * ** ** *	503
47011 A22_1232 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	AGGCATCGTTCCAAAGAATGTATCTAAAAAGATTATAAAGCAATCGCTAAAAGACTAAG CGGTATTGTCCTTAACAAAACCCCAAAGAAAATATGATGATATTGCTCGTGACTTACA ** *	597 563
47011 A22_1232 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TATTTCTGAAGACTATATCAAACAACAATGGATCAAAATGGGTACAAGATGATACCTT AATTGATACAAAAGCTATAACCAATAAAGTTAATCAAAAATGGGTTCAGCCAGATTCATT *** *	657 623
47011 A22_1232 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CGTTCCTACTTAAAACCGTTAAAAAATGGATGAATATTTAAGTGATTCGCAAAAAAATT TGTAACAATTAAGATAAATAAACAAGATGAATATATAGACAAATTAATTAATCATA ** *	717 683
47011 A22_1232 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TCATCTTACAAC TAATGAAACAGAAAGTCGTAAC TATCCCTAGGAAAAGCGACTCACA CAATTTACAATAAACACTATAAAAAGCCGTGTTTATCCATTGAACGAAGCAACAGTACA *	777 743
47011 A22_1232 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TCTATTAGGTTATGTGGTCCCATTAACTCTGAAGAATTA AACAAAAAGAAATATAAAGG CCTTTTAGGTTATGTGGTCCAATTAATCTGACGAGTTAAAAGTAAGCAATTTAGAAA ** *	837 803
47011 A22_1232 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CTATAAAGATGATGCAGTTATTGGTAAAAAGGGACTCGAAAACTTACGATAAAAAGCT CTATAGCAAAAATACTGTTATTGGA AAAAAGGCTTAGAACGCCTCTATGATAACAATT ***** *	897 863
47011 A22_1232 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CCAACATGAAGATGGCTATCGTGTCACAATCGTTGACGATAATAGCAATACAATCGCACA GCAAAACACTGATGGTTTTAAGGTATCCATTGCAAACTTATGACAATAAACCTTTAGA *** *	957 923
47011 A22_1232 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TACATTAATAGAGAAAAAGAAAAAGATGGCAAAGATATTCAACTAACTATTGATGCTAA CACATTATTGGAGAAAAAGGCTGAAAACGGAAAAGATCTTCATTTAACTATAGATGCTAG ***** *	1017 983
47011 A22_1232 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	AGTTCAAAAGAGTATTTATAACAACATGAAAAATGATTATGGCTCAGGTACTGCTATCCA AGTACAAGAAAGTATTTATAACATATGAAAAATGACGATGGATCTGGTACAGCATTACA *** *	1077 1043
47011 A22_1232 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CCCTCAAACAGGTGAATTATTAGCACTTGTAAACACACCTTCATATGACGCTATCCATT ACCAAAACTGGAGAAATTTAGCTTTGGTAAAGTACCCCATCGTACGATGTTTATCCATT ** *	1137 1103
47011 A22_1232 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TATGTATGGCATGAGTAACGAAGAATATAATAAATTAACCGAAGATAAAAAGAACCTCT CATGAATGGATTAAGCAATAATGACTACCGTAAATTA ACTAACAAATAAAAAGAGCCTTT *** *	1197 1163
47011 A22_1232 blood	GCTCAACAAGTTCAGATTACAAC TCCACCAGGT TCAACTCAAAAAATATTAACAGCAAT	1257

gen_mecC_2prot_PBP2a	GCTCAACAAATTTCAAATCACTACATCACCAGGTTCAACCCAAAAATATTAACATCTAT ***** ** *	1223
47011 A22_1232 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	GATTGGGTTAAATAACAAAACATTAGACGATAAAACAAGTTATAAAATCGATGGTAAAGG TATAGCCTTAAAAGAAAATAAACTAGACAAAATACTAATTTTGATATTTATGGTAAGGG *	1317 1283
47011 A22_1232 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TTGGCAAAAAGATAAATCTTGGGGTGGTTACAACGTTACAAGATATGAAGTGGTAAATGG TTGGCAAAAAGATGCATCATGGGGTAATTATAATATCACAAAGATTTAAAGTAGTAGACGG ***** ** *	1377 1343
47011 A22_1232 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TAATATCGACTTAAACAAGCAATAGAATCATCAGATAACATTTTCTTTGCTAGAGTAGC CAATATCGATTTAAAGCAAGCAATAGAATCATCAGACAACATATTTTGGCCCGCATTGC ***** *	1437 1403
47011 A22_1232 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	ACTCGAATTAGGCAGTAAGAAATTTGAAAAAGGCATGAAAAAAGTAGGTGTGGTGAAGA ATTAGCATTAGGAGCCAAAAATTTGAGCAAGGTATGCAAGATTTGGGAATCGGTGAAAA *	1497 1463
47011 A22_1232 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TATACCAAGTGATTATCCATTTTATAATGCTCAAATTTCAAACAAAAATTTAGATAATGA TATCCCGAGTGATTATCCCTTTTATAAAGCACAAATCTCAAATAGTAATTTAAAAATGA *** *	1557 1523
47011 A22_1232 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	AATATTATTAGCTGATTCAGGTTACGGACAAGGTGAAATACTGATTAACCCAGTACAGAT AATATTATTAGCAGATTCAGGATATGGCCAAGCGAGATACTAGTAAACCCATACAAAT ***** *	1617 1583
47011 A22_1232 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CCTTTCATCTATAGCGCATTAGAAAAATAATGGCAATATTAACGCACCTCACTTATTA TTTATCAATATACAGTGCTTTAGAAAAATAACGGAAATATACAAAATCCTCATGTTTACG *	1677 1643
47011 A22_1232 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	AGACACGAAAAACAAAGTTTGAAGAAAAATATTATTTCCAAGAAAAATCAATCTATT TAAAACAAAATCTCAAATATGGAAAAAGATATTATACCTAAAAAAGACATAGATATATT *	1737 1703
47011 A22_1232 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	AACTGATGGTATGCAACAAGTCGTAATAAAAACACATAAAGAAGATATTTATAGATCTTA AACTAATGGTATGGAACGTGTAGTTAATAAAAACACATAGGGATGATATATACAAAATTA **** *	1797 1763
47011 A22_1232 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TGCAAACTTAATTTGGCAATCCGGTACTGCAGAACTCAAATGAAACAAGGAGAACTGG TGCCCGAATTATTTGGTAAATCTGGCACAGCAGAAATAAAATGAATCAAGGGGAACTGG *** *	1857 1823
47011 A22_1232 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CAGACAAATTTGGTGGTTTATATCATATGATAAAGATAATCCAAACATGATGATGGCTAT AAGACAAATAGGTTGGTTTGTTCATATAAATAAATAATCCTAATATGTTAATGGCGAT ***** *	1917 1883
47011 A22_1232 blood	TAATGTTAAAGATGTACAAGATAAAGGAATGGCTAGCTACAATGCCAAAATCTCAGGTAA	1977

	gen_mecC_2prot_PBP2a	TAATGTAAAGACGTTCAAATAAAGGGATGGCCAGCTATAATGCTACTATATCTGGAAA ***** *	1943	
	47011 A22_1232 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	AGTGTATGATGAGCTATATGAGAACGGTAATAAAAAATACGATATAGATGAATAACAAAA AGTTTATGATGATTTGTATGATAATGGAAAACTCAATTTGATATAGATCAGTAA----- *** *	2037 1998	
47012	47012 A22_1243 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	GTAGTCTTATATAAGGAGTATATTGATGAAAAAGATAAAA--ATGTTCCACTTATTTT -----ATGAAAAAATTTATATTAGTGTGCTAGTTCTTTT *	57 35	68.47%
	47012 A22_1243 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	AATAGTTGATGTTGTCGGGTTTGGTATATATTTTATGCTCAAAAGATAAAGAAATTAA ACTAATTATGATTAT-----AATAACTTGGTTATTCAAAGATGACGATATTGA *	117 83	
	47012 A22_1243 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TAATACTATTGATGCAATTGAAGATAAAAAATTCAAACAAGTTTATAAAGATAGCAGTTA GAAAACAATTAGTTCTATTGAAAAAGGAACTATAACGAAGTATATAAAAAATAGTTCAGA *	177 143	
	47012 A22_1243 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TATTTCTAAAAGCGATAATGGTGAAGTAGAAATGACTGAACGTCCGATAAAAAATATATAA AAAATCTAAACTGGCATATGGAGAAGAAGAAATTGTAGATAGGAATAAAAAAATTTACAA *	237 203	
	47012 A22_1243 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TAGTTTAGGCGTTAAAGATATAAACATTCAGGATCGTAAATAAAAAAGTATCTAAAAA AGATTTAAGTGTCAATAACTTAAAAATTAATAATCATGAAATTAAAAAAACTGGAAAAAGA *	297 263	
	47012 A22_1243 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TAAAAACAGAGTAGATGCTCAATATAAAATTAACAACAACACGGTAACATTGATCGCAA TAAAAAGCAAGTTGATGTTAAATATAACATATATACAAAATATGGAACATACGACGTAA *	357 323	
	47012 A22_1243 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CGTTCAATTTAATTTTGTAAAGAAGATGGTATGTGGAAGTTAGATTGGGATCATAGCGT TACACAATTAACCTTTATTTATGAAGATAAGCATTGGAATTAGATTGGAGACCAGACGT *	417 383	
	47012 A22_1243 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CATTATTCAGGAATGCAGAAAGACCAAGCATAATGAAAATTTAAAATCAGAACG AATAGTACCTGGTTTGAAAAATGGACAGAAAATTAATATAGAAACATTTAAAATCAGAGCG *	477 443	
	47012 A22_1243 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TGGTAAAAATTTAGACCGBAAACAATGTGGAATTGGCCAATACAGGAACAGCATATGAGAT AGGC AAAATAAAAGATAGAAATGGTATAGAAATAGCTAAACTGGAAATACATATGAAAT *	537 503	
	47012 A22_1243 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	AGGCATCGTTCCAAAGAATGTATCTAAAAAAGATTATAAAGCAATCGCTAAAGAATAAG CGGTATTGTCCCTAACAAAACCCAAAGAAAAATATGATGATATGCTCGTACTTACA *	597 563	
	47012 A22_1243 blood	TATTTCTGAAGACTATATCAACAACAATGGATCAAATTGGGTACAAGATGATACCTT	657	

gen_mecC_2prot_PBP2a	AATTGATACAAAAGCTATAACCAATAAAGTTAATCAAAAATGGGTTTCAGCCAGATTCATT *** *	623
47012 A22_1243 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CGTTCCACTTAAAACCGTTAAAAAATGGATGAATATTTAAGTGATTTTCGCAAAAAAATT TGTACCAATTA AAAAGATAAAATAACAAGATGAATATATAGACAAATTAATTAATCATA ** ** *	717 683
47012 A22_1243 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TCATCTTACAAC TAATGAAACAGAAAGTCGTAAC TATCCTCTAGGAAAAGCGACTTCACA CAATTTACAATAAACACTATAAAAAGCCGTGTTTATCCATTGAACGAAGCAACAGTACA *	777 743
47012 A22_1243 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TCTATTAGGT TATGTGGTCCCATTAAC TCTGAAGAATTA AAAACAAAAGAATATAAAGG CCTTTTAGGT TATGTGGTCCCATTAAT TCTGACGAGTTAAAAGTAAGCAATTTAGAAA *	837 803
47012 A22_1243 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CTATAAAGATGATGCAGTTATTGGTAAAAAGGGACTCGAAAACTTACGATAAAAAGCT CTATAGCAAAAATACTGTTATTGGAAAAAAGGCTTAGAACGCCTCTATGATAACAATT ***** *	897 863
47012 A22_1243 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CCAACATGAAGATGGCTATCGTGTCACAATCGTTGACGATAATAGCAATACAATCGCACA GCAAAACACTGATGGTTTTAAGGTATCCATTGCAAATACTTATGACAATAAACCTTTAGA *** *	957 923
47012 A22_1243 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TACATTAATAGAGAAAAAGAAAAAGATGGCAAAGATATTCAACTAACTATTGATGCTAA CACATTATTGGAGAAAAAGGCTGAAAACGGAAAAGATCTTCATTTAACTATAGATGCTAG ***** *	1017 983
47012 A22_1243 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	AGTTCAAAAGAGTATTTATAACAACATGAAAAATGATTATGGCTCAGGTACTGCTATCCA AGTACAAGAAAGTATTTATAAACATATGAAAAATGACGATGGATCTGGTACAGCATTACA *** ** *	1077 1043
47012 A22_1243 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CCCTCAAACAGGTGAATTATTAGCACTTGTAAAGCACACCTTCATATGACGTCTATCCATT ACCAAAAAC TGGAGAAATTTAGCTTTGGTAAAGTACCCCATCGTACGATGTTATCCATT *	1137 1103
47012 A22_1243 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TATGTATGGCATGAGTAACGAAGAATATAATAAATTAACCGAAGATAAAAAAGAACCTCT CATGAATGGATTAAGCAATAATGACTACCGTAAATTAAC TAACAATAAAAAAGAGCCTTT *** ** *	1197 1163
47012 A22_1243 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	GCTCAACAAGTTCCAGATTACAAC TCCACCAGGTTCAACTCAAAAAATATTAACAGCAAT GCTCAACAAATTTCAATCACTACATCACCAGGTTCAACCCAAAAAATATTAACATCTAT ***** *	1257 1223
47012 A22_1243 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	GATTGGGTTAATAACAAAACATTAGACGATAAAAACAAGTTATAAAATCGATGGTAAAGG TATAGCCTTAAAAGAAAATAAACTAGACAAAAATACTAATTTGATATTTATGGTAAAGG *	1317 1283
47012 A22_1243 blood	TTGGCAAAAAGATAAATCTTGGGGTGGTTACAACGTTACAAGATATGAAGTGGTAAATGG	1377

	gen_mecC_2prot_PBP2a	TTGGCAAAAAGATGCATCATGGGGTAAATTATAATATCACAAAGATTTAAAGTAGTAGACGG ***** ** * * * * * * * * * * * * * * * * * *	1343	
	47012 A22_1243 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TAATATCGACTTAAACAAGCAATAGAATCATCAGATAACATTTTCTTTGCTAGAGTAGC CAATATCGATTTAAAGCAAGCAATAGAATCATCAGACAACATATTTTGGCCCGCATTGC ***** ** * * * * * * * * * * * * * * * * * *	1437 1403	
	47012 A22_1243 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	ACTCGAATTAGGCAGTAAGAAATTTGAAAAAGGCATGAAAAAACTAGGTGTTGGTGAAGA ATTAGCATTAGGAGCCAAAAATTTGAGCAAGGTATGCAAGATTTGGGAATCGGTGAAAA *	1497 1463	
	47012 A22_1243 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TATACCAAGTGATTATCCATTTTATAATGCTCAAATTTCAAACA AAAATTTAGATAATGA TATCCCAGTGATTATCCCTTTTATAAAGCACAAATCTCAAATAGTAATTTAAAAATGA *** *	1557 1523	
	47012 A22_1243 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	AATATTATTAGCTGATTAGGTTACGGACAAGGTGAAATACTGATTAACCCAGTACAGAT AATATTATTAGCAGATTAGGATATGGCCAAAGCGAGATACTAGTAAACCCCTATACAAAT ***** ** * * * * * * * * * * * * * * * * * *	1617 1583	
	47012 A22_1243 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CCTTCAATCTATAGCGCATTAGAAAATAATGGCAATATTAAACGCACCTCACTTATTTAAA TTTATCAATATACAGTGCTTTAGAAAATAACGAAATATACAAAATCCTCATGTTTTACG *	1677 1643	
	47012 A22_1243 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	AGACACGAAAACAAAGTTTGAAGAAAATAATTATTTCCAAAGAAAATATCAATCTATT TAAAACAAAATCTCAAATATGGAAAAAGATATTATACCTAAAAAAGACATAGATATATT *	1737 1703	
	47012 A22_1243 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	AACTGATGGTATGCAACAAGTCGTAATAAAAACACATAAAGAAGATATTTATAGATCTTA AACTAATGGTATGGAACGTGTAGTTAATAAAAACACATAGGGATGATATATACAAAATTA **** *	1797 1763	
	47012 A22_1243 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TGCAACTTAATTGGCAAATCCGGTACTGCAGAACTCAAATGAAACAAGGAGAACTGG TGCCCGAATTATGGTAAATCTGGCACAGCAGAAATAAAAATGAATCAAGGGGAACTGG *** *	1857 1823	
	47012 A22_1243 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CAGACAAATGGGTGGTTTTATATCATATGATAAAGATAATCCAACATGATGATGGCTAT AAGACAAATAGTTGGTTTTGTTTCATATAAATAATAATCCTAATATGTTAATGGCGAT ***** ** * * * * * * * * * * * * * * * * * *	1917 1883	
	47012 A22_1243 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TAATGTTAAAGATGTACAAGATAAAGGAATGGCTAGCTACAATGCCAAAATCTCAGGTAA TAATGTTAAAGACGTCAAATAAAGGGATGGCCAGCTATAATGCTACTATATCTGGAAA ***** ** * * * * * * * * * * * * * * * * * *	1977 1943	
	47012 A22_1243 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	AGTGATGATGAGCTATATGAGAACGGTAATAAAAAATACGATATAGATGAATAACAAA AGTTTATGATGATTTGATGATAATGGAAAACCTCAATTTGATATAGATCAGTAA----- *** *	2037 1998	
47013	47013 A22_1364 blood	GTAGTCTTATATAAGGAGGATATTGATGAAAAGATAAAA--ATTGTCCACTTATTTT	57	68.47%

gen_mecC_2prot_PBP2a	-----ATGAAAAAATTTATATTAGTGTGCTAGTTCTTTT ***** * * * * * * * * *	35
47013 A22_1364 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	AATAGTTGTAGTTGTCGGGTTTGGTATATATTTTTATGCTCAAAAAGATAAAGAAATTA ACTAATTATGATTAT-----AATAACTTGGTTATTCAAAGATGACGATATTGA *	117 83
47013 A22_1364 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TAATACTATTGATGCAATTGAAGATAAAAAATTTCAAACAAGTTTATAAAGATAGCAGTTA GAAAACAATTAGTTCATTGAAAAAGGAACTATAACGAAGTATATAAAAAATAGTTCAGA *	177 143
47013 A22_1364 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TATTTCTAAAAGCGATAATGGTGAAGTAGAAATGACTGAACGTCCGATAAAAAATATATA AAAATCTAAACTGGCATATGGAGAAGAAGAAATTTAGATAGGAATAAAAAATTTACAA *	237 203
47013 A22_1364 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TAGTTTAGGCGTTAAAGATATAAACATTCAGGATCGTAAAATAAAAAAAGTATCTAAAA AGATTTAAGTGTCAATAACTTAAAAATTAATAATCATGAAATAAAAAACTGGAAAAGA *	297 263
47013 A22_1364 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TAAAAACGAGTAGATGCTCAATATAAAATTAAAACAAACTACGGTAACATTGATCGCAA TAAAAAGCAAGTTGATGTTAAATATAACATATATACAAAATATGGAATATACGACGTAA *	357 323
47013 A22_1364 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CGTTCAATTTAATTTGTTAAAGAAGATGGTATGTGGAAGTTAGATTGGGATCATAGCGT TACACAATTAACCTTTATTTTATGAAGATAAGCATTGGAATTAGATTGGAGACCAGACGT *	417 383
47013 A22_1364 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CATTATTCAGGAATGCAGAAAGACCAAAGCATAATGAAAAATTTAAAATCAGAACG AATAGTACCTGGTTTGA AAAATGGACAGAAAATTAATATAGAAACATTTAAAATCAGAGCG *	477 443
47013 A22_1364 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TGGTAAAATTTTAGACCGAAACAATGTGGAATTGGCCAATACAGGAACAGCATATGAGAT AGGCAAAAATAAAGATAGAAATGGTATAGAAATAGCTAAAATGGAATACATATGAAAT *	537 503
47013 A22_1364 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	AGGCATCGTTCCAAAGAATGTATCTAAAAAAGATTATAAAGCAATCGCTAAAGAATAAG CGGTATTGTCCCTAACAAAACACCCAAAGAAAATATGATGATATTGCTCGTACTTACA *	597 563
47013 A22_1364 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TATTTCTGAAGACTATATCAACAACAATGGATCAAAATGGGTACAAGATGATACCTT AATTGATACAAAAGCTATAACCAATAAAGTTAATCAAAAATGGGTTCAGCCAGATTCATT *	657 623
47013 A22_1364 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CGTTCACCTTAAAACCGTTAAAAAATGGATGAATATTTAAGTGATTTTCGCAAAAAAAT TGTACCAATTA AAAAGATAAATAAACAAGTGAATATATAGACAATTAATTAATCATA *	717 683
47013 A22_1364 blood	TCATCTTACAATAATGAAACAGAAAGTCGTAACCTATCTCTAGGAAAAGCGACTTACA	777

	gen_mecC_2prot_PBP2a	ATTAGCATTAGGAGCCAAAAATTTGAGCAAGGTATGCAAGATTTGGGAATCGGTGAAAA * * * * * ** *	1463	
	47013 A22_1364 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TATACCAAGTATTATCCATTTTATAATGCTCAAATTTCAAACAAAAATTTAGATAATGA TATCCCAGTATTATCCCTTTTATAAAGCACAAATCTCAAATAGTAATTTAAAAAATGA *	1557 1523	
	47013 A22_1364 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	AATATTATTAGCTGATTACGTTACGGACAAGGTGAAATACTGATTAACCCAGTACAGAT AATATTATTAGCAGATTAGGATATGGCCAAGCGAGATACTAGTAAACCCATATACAAAT *	1617 1583	
	47013 A22_1364 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CCTTTCAATCTATAGCGCATTAGAAAATAATGGCAATATTAACGCACCTCACTTATTAAA TTTATCAATATACAGTGCTTTAGAAAATAACGGAAATATACAAAATCCTCATGTTTACG *	1677 1643	
	47013 A22_1364 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	AGACACGAAAAACAAAGTTTGAAGAAAAATATTATTTCCAAAGAAAAATCAATCTATT TAAAACAAAATCTCAAATATGGAAAAAGATATTATACCTAAAAAAGACATAGATATATT *	1737 1703	
	47013 A22_1364 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	AACTGATGGTATGCAACAAGTCGTAATAAAACACATAAAGAAGATTTTATAGATCTTA AACTAATGGTATGGAACGTGTAGTTAATAAAACACATAGGGATGATATATACAAAAATTA *	1797 1763	
	47013 A22_1364 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TGCAACTTAATTGGCAAATCCGGTACTGCAGAACTCAAATGAAACAAGGAGAACTGG TGCCCGAATTATGGTAAATCTGGCACAGCAGAAATAAAAAATGAATCAAGGGGAACTGG *	1857 1823	
	47013 A22_1364 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CAGACAAATTGGGTGGTTTATATCATATGATAAAGATAATCCAAACATGATGATGGCTAT AAGACAAATAGGTTGGTTTGTTCATATAATAAAAATAATCCTAATATGTTAATGGCGAT *	1917 1883	
	47013 A22_1364 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TAATGTAAAGATGTACAAGATAAAGGAATGGCTAGCTACAATGCCAAATCTCAGGTAA TAATGTAAAGACGTTCAAATAAAGGGATGGCCAGCTAATGCTACTATATCTGGAAA *	1977 1943	
	47013 A22_1364 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	AGTGTATGATGAGCTATATGAGAACGGTAATAAAAAATACGATATAGATGAATAACAAAA AGTTTATGATGATTTGTATGATAATGGAAAACTCAATTTGATATAGATCAGTAA----- *	2037 1998	
47014	47014 A22_1695 blood ST-5 gen_mecC_2prot_PBP2a	GTAGTCTTATATAAGGAGTATATTGATGAAAAAGATAAAA--ATTGTCCACTTATTTT -----ATGAAAAAAATTTATATTAGTGTCTAGTTCTTTT *	57 35	68.47%
	47014 A22_1695 blood ST-5 gen_mecC_2prot_PBP2a	AATAGTTGTAGTTGTGCGGTTTGGTATATATTTTATGCTTCAAAGATAAAGAAATTA ACTAATATGATTAT-----AATAACTTGGTTATCAAAGATGACGATATTA *	117 83	
	47014 A22_1695 blood ST-5	TAATACTATTGATGCAATTGAAGATAAAAATTTCAAACAAGTTTATAAAGATAGCAGTTA	177	

gen_mecC_2prot_PBP2a	GAAAACAATTAGTTCTATTGAAAAAGGAAACTATAACGAAGTATATAAAAATAGTTCAGA *	143
47014 A22_1695 blood ST-5	TATTTCTAAAAGCGATAATGGTGAAGTAGAAATGACTGAACGTCGGATAAAAAATATATAA	237
gen_mecC_2prot_PBP2a	AAAATCTAAACTGGCATAATGGAGAAGAAGAAATGTAGATAGGAATAAAAAAATTTACAA *	203
47014 A22_1695 blood ST-5	TAGTTTAGGCGTTAAAGATATAAACATTCAGGATCGTAAAAATAAAAAAGTATCTAAAAA	297
gen_mecC_2prot_PBP2a	AGATTTAAGTGTCAATAACTTAAAAATTAATCAATCATGAAATTAAAAAAAGTAAAAAGA *	263
47014 A22_1695 blood ST-5	TAAAAACGAGTAGATGCTCAATATAAAATTAACAACTACGGTAACATGATCGCAA	357
gen_mecC_2prot_PBP2a	TAAAAAGCAAGTTGATGTTAAATATAACATATATACAAAATATGGAACATACGACGTAA *	323
47014 A22_1695 blood ST-5	CGTTCAATTTAATTTTGTAAAGAAGATGGTATGTGGAAGTAGATTGGGATCATAGCGT	417
gen_mecC_2prot_PBP2a	TACACAATTAACCTTTATTTATGAAGATAAGCATGGAAATTAGATTGGAGACCAGACGT *	383
47014 A22_1695 blood ST-5	CATTATCCAGGAATGCAGAAAGACCAAGCATACATATTGAAAATTTAAATCAGAACG	477
gen_mecC_2prot_PBP2a	AATAGTACCTGGTTTAAAAATGGACAGAAAATTAATATAGAAACATTAATCAGAGCG *	443
47014 A22_1695 blood ST-5	TGGTAAAAATTTAGACCGAAACAATGTGGAATTGGCCAATACAGGAACAGCATATGAGAT	537
gen_mecC_2prot_PBP2a	AGGCAAAATAAAGATAGAAATGGTATAGAATTAGCTAAAACTGGAATACATATGAAAT *	503
47014 A22_1695 blood ST-5	AGGCATCGTCCAAAGAATGTATCTAAAAAAGATTATAAGCAATCGCTAAAGAATAAG	597
gen_mecC_2prot_PBP2a	CGGTATTGTCCCTAACAAAACACCCAAAAGAAAATATGATGATATTGCTCGTACTTACA *	563
47014 A22_1695 blood ST-5	TATTTCTGAGACTATATCAACAACAATGGATCAAAATTTGGGTACAAGATGATACCTT	657
gen_mecC_2prot_PBP2a	AATTGATACAAAAGCTATAACCAATAAAGTTAATCAAAAAATGGGTTTCAGCCAGATTTCATT *	623
47014 A22_1695 blood ST-5	CGTTCCACTTAAAACCGTTAAAAAAATGGATGAATATTTAAGTGATTTTCGCAAAAAAAT	717
gen_mecC_2prot_PBP2a	TGTACCAATTA AAAAGATAATAAACAAAGATGAATATATAGACAAATTAATTAATCATA *	683
47014 A22_1695 blood ST-5	TCATCTTACAACAAATGAACAGAAAGTCGTAACATCCTCTAGGAAAAGCGACTTCACA	777
gen_mecC_2prot_PBP2a	CAATTTACAAAATAAACAATAA AAAAGCCGTTTTATCCATGAAACGAAGCAACAGTACA *	743
47014 A22_1695 blood ST-5	TCTATTAGGTTATGTGGTCCCATTAACCTCTGAAGAATTA AACAAAAAGAATATAAAGG	837
gen_mecC_2prot_PBP2a	CCTTTTAGGTTATGTGGTCCAATTAATCTGACGAGTTAAAAAGTAAGCAATTTAGAAA *	803
47014 A22_1695 blood ST-5	CTATAAGATGATGCAGTTATTTGGTAAAAAGGACTCGAAAACTTTACGATAAAAAGCT	897

gen_mecC_2prot_PBP2a	CTATAGCAAAAATACTGTTATTGGAAAAAAGGCTTAGAACGCCTCTATGATAACAATT ***** * ** * ***** ** * ** * ** * ** * ** * ** *	863
47014 A22_1695 blood ST-5	CCAACATGAAGATGGCTATCGTGTACAATCGTTGACGATAATAGCAATACAATCGCACA	957
gen_mecC_2prot_PBP2a	GCAAAACACTGATGGTTTTAAGGTATCCATTGCAAATACTTATGACAATAAACCTTTAGA *** * ***** * ** * ** * * * ** * ** * ** * ** *	923
47014 A22_1695 blood ST-5	TACATTAATAGAGAAAAAGAAAAAGATGGCAAAGATATCAACTAACTATGATGCTAA	1017
gen_mecC_2prot_PBP2a	CACATTATTGGAGAAAAAGGCTGAAAACGGAAGATCTTCATTTAACTATAGATGCTAG ***** * ***** ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** *	983
47014 A22_1695 blood ST-5	AGTTCAAAAGAGTATTTATAACAACATGAAAATGATTATGGCTCAGGTACTGCTATCCA	1077
gen_mecC_2prot_PBP2a	AGTACAAGAAAGTATTTATAACATATGAAAATGACGATGGATCTGGTACAGCATTACA *** ** * ***** * ***** ** * ** * ** * ** * ** * ** *	1043
47014 A22_1695 blood ST-5	CCCTCAACAGGTGAATTATTAGCACTTGTAGCACACCTTCATATGACGTCTATCCATT	1137
gen_mecC_2prot_PBP2a	ACCAAAAACCTGGAGAAATTTTAGCTTTGGTAAAGTACCCCATCGTACGATGTTATCCATT * * **** * ** * * ***** * ***** ** * ** * ** * ** * ** * ** *	1103
47014 A22_1695 blood ST-5	TATGTATGGCATGAGTAAACGAAGAATAAATAAATTAACCGAAGATAAAAAAGAACCTCT	1197
gen_mecC_2prot_PBP2a	CATGAATGGATTAAGCAATAATGACTACCGTAAATTAACAATAAAAAAGAGCCTTT *** ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** *	1163
47014 A22_1695 blood ST-5	GCTCAACAAGTTCAGATTACAACCTCACCAGGTTCAACTCAAAAAATATTAACAGCAAT	1257
gen_mecC_2prot_PBP2a	GCTCAACAAATTTCAAATCACTACATCACCAGGTTCAACCCAAAAAATATTAACATCTAT ***** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** *	1223
47014 A22_1695 blood ST-5	GATTGGGTTAAATAACAAAACATTAGACGATAAAACAAGTTATAAAATCGATGGTAAAGG	1317
gen_mecC_2prot_PBP2a	TATAGCCTTAAAGAAAATAAATACTAGACAAAATACTAATTTTGATATTTATGGTAAAGG * * * **** * ** * * ***** * ** * ** * ** * ** * ** * ** *	1283
47014 A22_1695 blood ST-5	TTGGCAAAAAGATAAATCTTGGGGTGGTTACAACGTTACAAGATATGAAGTGGTAAATGG	1377
gen_mecC_2prot_PBP2a	TTGGCAAAAAGATGCATCATGGGGTAATTAATAATCACAAGATTTAAAGTAGTAGACGG ***** ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** *	1343
47014 A22_1695 blood ST-5	TAATATCGACTTAAACAAGCAATAGAAATCATCAGATAACATTTTCTTTGCTAGAGTAGC	1437
gen_mecC_2prot_PBP2a	CAATATCGATTTAAAGCAAGCAATAGAAATCATCAGACAACATATTTTGGCCGCATTGC ***** ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** *	1403
47014 A22_1695 blood ST-5	ACTCGAATTAGGCAGTAAAGAAATTTGAAAAGGCATGAAAAAACTAGGTGTTGGTGAAGA	1497
gen_mecC_2prot_PBP2a	ATTAGCATTAGAGCCAAAAATTTGAGCAAGGTATGCAAGATTTGGGAATCGGTGAAAA * * * **** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** *	1463
47014 A22_1695 blood ST-5	TATACCAAGTGATTATCCATTTTATAATGCTCAAATTTCAAACAAAAATTTAGATAATGA	1557
gen_mecC_2prot_PBP2a	TATCCCGAGTGATTATCCCTTTTATAAGCACAAATCTCAAATAGTAATTTAAAAAATGA *** ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** *	1523
47014 A22_1695 blood ST-5	AATATTATTAGCTGATTCAGGTTACGGACAAGGTGAAATACTGATTAACCCAGTACAGAT	1617

	gen_mecC_2prot_PBP2a	AATATTATTAGCAGATTCAGGATATGGCCAAGCGGAGATACTAGTAAACCCTATACAAAT ***** ** * * ***** * * * * * * * * * * * * * *	1583	
	47014 A22_1695 blood ST-5 gen_mecC_2prot_PBP2a	CCTTTCAATCTATAGCGCATTAGAAAATAATGGCAATATTAACGCACCTCACTTATTAAA TTTATCAATATACAGTGTCTTTAGAAAATAACGGAAATATACAAAATCCTCATGTTTACG *	1677 1643	
	47014 A22_1695 blood ST-5 gen_mecC_2prot_PBP2a	AGACACGAAAAACAAAGTTTGGAAAGAAAATATTATTTCCAAGAAAATATCAATCTATT TAAAACAAAATCTCAAATATGGAAAAAAGATATTATACCTAAAAAGACATAGATATATT *	1737 1703	
	47014 A22_1695 blood ST-5 gen_mecC_2prot_PBP2a	AACTGATGGTATGCAACAAGTCGTAAATAAACACATAAAGAAGATATTTATAGATCTTA AACTAATGGTATGGAACGTGTAGTTAATAAACACATAGGGATGATATATACAAAATTA **** *	1797 1763	
	47014 A22_1695 blood ST-5 gen_mecC_2prot_PBP2a	TGCAAACCTTAATTGGCAAATCCGGTACTGCAGAACTCAAATGAAACAAGGAGAACTGG TGCCCGAATTATTGGTAAATCTGGCACAGCAGAAATAAAAATGAATCAAGGGGAACTGG *** *	1857 1823	
	47014 A22_1695 blood ST-5 gen_mecC_2prot_PBP2a	CAGACAAATGGGTGGTTTATATCATATGATAAAGATAATCCAACATGATGATGGCTAT AAGACAAATAGGTTGGTGGTTTTCATATAATAAAAAATAATCCTAATATGTTAATGGCGAT ***** *	1917 1883	
	47014 A22_1695 blood ST-5 gen_mecC_2prot_PBP2a	TAATGTTAAAGATGTACAAGATAAAGGAATGGCTAGCTACAATGCCAAAATCTCAGGTAA TAATGTTAAAGACGTTCAAATAAAGGGATGGCCAGCTATAATGCTACTATATCTGGAAA ***** *	1977 1943	
	47014 A22_1695 blood ST-5 gen_mecC_2prot_PBP2a	AGTGTATGATGAGCTATATGAGAACGGTAATAAAAAATACGATATAGATGAATAACAAAA AGTTTTATGATATTTGTATGATAATGGAAAACTCAATTTGATATAGATCAGTAA----- *** ***** *	2037 1998	
47015	47015 A22_1697 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	GTAGTCTTATATAAGGAGGATATTGATGAAAAAGATAAAA---ATTGTTCCACTTATTTT -----ATGAAAAAATTTATATTAGTGTGCTAGTTCCTTT ***** ** * * * * * * * * * *	57 35	68.42%
	47015 A22_1697 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	AATAGTTGTAGTTGTCGGGTTTGGTATATATTTTTATGCTTCAAAAGATAAAGAAATTA ACTAATTATGATTAT-----AATAACTTGGTATTCAAGATGACGATATTGA *	117 83	
	47015 A22_1697 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TAATACTATGTATGCAATTGAAGATAAAAAATTTCAACAAGTTTATAAAGATAGCAGTTA GAAAACAATTAGTTCTATTGAAAAAGGAAACTATAACGAAGTATAAAAAATAGTCAGA ** *	177 143	
	47015 A22_1697 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TATTTCTAAAAGCGATAATGGTGAAGTAGAAATGACTGAACGTCGGATAAAAAATATATA AAAATCTAAACTGGCATATGGAGAAGAAGAAATTTAGATAGGAAATAAAAAAATTACAA *	237 203	
	47015 A22_1697 blood	TAGTTTAGCGTTAAAGATATAAACATTCAGGATCGTAAAAATAAAAAAGTATCTAAAA *****	297	

gen_mecC_2prot_PBP2a	AGATTTAAGTGTCAATAACTTAAAAATTACTAATCATGAAATTAAAAAACTGGAAAAGA	263
	**** * ** * * * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** *	
47015 A22_1697 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TAAAAACGAGTAGATGCTCAATATAAAATTAACAACACTACGGTAACATTGATCGCAA	357
	TAAAAAGCAAGTTGATGTTAAATATAACATATATACAAAATATGGAACATACGACGTAA	323
	***** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** *	
47015 A22_1697 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CGTTCAAATTTAATTTTGTAAAGAAGATGGTATGTGGAAGTTAGATTGGGATCATAGCGT	417
	TACACAATTAACCTTTATTTATGAAGATAAGCATTGGAATTAGATTGGAGACCAGACGT	383
	***** ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** *	
47015 A22_1697 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CATTATTCAGGAATGCAGAAAGACCAAAGCATACATATTGAAAAATTAATAACAAAACG	477
	AATAGTACCTGGTTTAAAAATGGACAGAAAATTAATATAGAAACATTAATAACAGAGCG	443
	** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** *	
47015 A22_1697 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TGGTAAAATTTAGACCAGAAACAATGTGGAATTGGCCAATACAGGAACAGCATATGAGAT	537
	AGGCAAAATAAAGATAGAAATGGTATAGAATTAGCTAAAACGGAAATACATATGAAAT	503
	** ***** ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** *	
47015 A22_1697 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	AGGCATCGTTCCAAAGAATGTATCTAAAAAGATTATAAGCAATCGCTAAAGAACTAAG	597
	CGGTATTGTCCTTAACAAAACCCAAAGAAAAATATGATGATATTGCTCGTGACTTACA	563
	** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** *	
47015 A22_1697 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TATTTCTGAAGACTATATCAACAACAATAAGGATCAAAATGGGTACAAGATGATACCTT	657
	AATTGATACAAAAGCTATAACCAATAAAGTTAATCAAAAATGGGTTCAGCCAGATTCATT	623
	*** * * * * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** *	
47015 A22_1697 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CGTTCCACTTAAACCGTTAAAAAATGGATGAATATTTAAGTATTTCGCAAAAAAATT	717
	TGTACCAATTAATAAGATAAATAAACAAGATGAATATATAGACAAATTAATTAATCATA	683
	** ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** *	
47015 A22_1697 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TCATCTTACAATAATGAACAGAAAGTCGTAACATCCTCTAGGAAAAGCGACTTCACA	777
	CAATTTACAATAAACACTATAAAAAGCCGTGTTTATCCATGAACGAAGCAACAGTACA	743
	** * * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** *	
47015 A22_1697 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TCTATTAGGTTATGTGGTCCCATTAACCTCTGAAGAATTAACAACAAAAGAATATAAAGG	837
	CCTTTTAGGTTATGTGGTCCAAATTAATTCGACGAGTTAAAAAGTAAGCAATTTAGAAA	803
	** ***** ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** *	
47015 A22_1697 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CTATAAGATGATGCAGTTATTTGGTAAAAAGGACTCGAAAAACTTTACGATAAAAAGCT	897
	CTATAGCAAAAATACTGTTATTGGAAAAAAGGCTTAGAACGCCTCTATGATAACAATT	863
	***** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** *	
47015 A22_1697 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CCAACATGAAGATGGCTATCGTGTCAACATCGTTGACGATAATAGCAATACAATCGCACA	957
	GCAAAACACTGATGGTTTTAAGGTATCCATGCAATACTTATGACAATAAACCTTTAGA	923
	*** * * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** *	
47015 A22_1697 blood	TACATTAATAGAGAAAAGAAAAAGATGGCAAAGATATCAACTAACTATTGATGCTAA	1017

gen_mecC_2prot_PBP2a	CACATTATTGGAGAAAAAGGCTGAAAACGGAAAAGATCTTCATTTAACTATAGATGCTAG ***** * ***** ** * * ***** ** * ***** *****	983
47015 A22_1697 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	AGTTCAAAAGAGTATTTATAACAACATGAAAAATGATTATGGCTCAGGTACTGCTATCCA AGTACAAGAAAGTATTTATAACAATATGAAAAATGACGATGGATCTGGTACAGCATTACA *** ** * ***** * ***** ** * ** * ** * ** * **	1077 1043
47015 A22_1697 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CCCTCAAACAGGTGAATTATTAGCACTTGTAAAGCACACCTTCATATGACGTCTATCCATT ACCAAAAACGGAGAAATTTAGCTTTGGTAAAGTACCCCATCGTACGATGTTTATCCATT ** **** * ** * * ** * * ** * * ** * * ** * * ** * * ** * * ** * * ** * * **	1137 1103
47015 A22_1697 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TATGTATGGCATGAGTAACGAAGAATAATAAAATTAACCGAAGATAAAAAAGAACCTCT CATGAATGGATTAAGCAATAATGACTACCGTAAATTAACCTAACATAAAAAAGAGCCTTT *** ** * * ** * * ** * * ** * * ** * * ** * * ** * * ** * * ** * * ** * * **	1197 1163
47015 A22_1697 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	GCTCAACAAGTTCCAGATTACAACCTCACCAGGTTCAACTCAAAAAATTAACAGCAAT GCTCAACAAATTTCAAATCACTACATCACCAGGTTCAACCCAAAAATTAACATCTAT ***** ** * ** * * ** * * ** * * ** * * ** * * ** * * ** * * ** * * **	1257 1223
47015 A22_1697 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	GATTGGTTAAATAACAAAACATTAGACGATAAAACAAGTTATAAAATCGATGGTAAAGG TATAGCCTTAAAAGAAAATAAACTAGACAAAAATACTAATTTTGATATTTATGGTAAAGG ** * ***** * ** * * ** * * ** * * ** * * ** * * ** * * ** * * ** * * **	1317 1283
47015 A22_1697 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TTGGCAAAAAGATAAATCTTGGGGTGGTTACAACGTTACAAGATATGAAGTGGTAAATGG TTGGCAAAAAGATGCATCATGGGGTAAATTATAATATCACAAAGATTTAAAGTAGTAGACGG ***** ** * ** * * ** * * ** * * ** * * ** * * ** * * ** * * ** * * **	1377 1343
47015 A22_1697 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TAATATCGACTTAAACAAGCAATAGAATCATCAGATAACATTTTCTTTGCTAGAGTAGC CAATATCGATTTAAAGCAAGCAATAGAATCATCAGACAACATATTTTGGCCCGCATTGC ***** ** * ** * * ** * * ** * * ** * * ** * * ** * * ** * * ** * * **	1437 1403
47015 A22_1697 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	ACTCGAATTAGCAGTAAGAAATTTGAAAAGGCATGAAAAACTAGGTGTTGGTGAAGA ATTAGCATTAGGAGCCAAAAATTTGAGCAAGGTATGCAAGATTTGGGAATCGGTGAAAA * * * ***** ** ***** ** * ** * * ** * * ** * * ** * * ** * * **	1497 1463
47015 A22_1697 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TATACCAAGTGATTATCCATTTTATAATGCTCAAATTTCAAACAAAAATTTAGATAATGA TATCCCGAGTGATTATCCCTTTTATAAAGCACAAATCTCAAATAGTAATTTAAAAAATGA *** ** ***** ***** ** ***** ** * ** * ** * * ** * ** * * ** * ** * **	1557 1523
47015 A22_1697 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	AATATTATTAGCTGATTCAGGTTACGGACAAGGTGAAATACTGATTAACCCAGTACAGAT AATATTATTAGCAGATTCAGGATATGGCCAAGCGAGATACTAGTAAACCCATACAAAT ***** ***** ** * ** ***** ** * ** * * ** * * ** * * ** * * ** * * **	1617 1583
47015 A22_1697 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CCTTCAATCTATAGCGCATTAGAAAATAATGGCAATATTAACGCACCTCACTTATTA TTTATCAATATACAGTGCTTTAGAAAATAACGGAAATATACAAAACTCTCATGTTTACG * ***** ** * ** ***** ** * ** * * ** * * ** * * ** * * ** * * **	1677 1643
47015 A22_1697 blood	AGACACGAAAAACAAAGTTTGAAGAAAAATATTATTCCAAAGAAAATATCAATCTATT	1737

	gen_mecC_2prot_PBP2a	TAAAACAAAATCTCAAATATGGAAAAAGATATTATACCTAAAAAGACATAGATATATT *	1703	
	47015 A22_1697 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	AACTGATGGTATGCAACAAGTCGTAATAAAAACACATAAAGAAGATATTATAGATCTTA AACTAATGGTATGGAACGTGTAGTTAATAAAAACACATAGGGATGATATATACAAAAATTA **** *	1797 1763	
	47015 A22_1697 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TGCAAACTTAATTGGCAAATCCGGTACTGCAGAACTCAAATGAAACAAGGAGAACTGG TGCCCGAATTATTGGTAAATCTGGCAGCAGAATTAAAAATGAATCAAGGGGAACTGG *** *	1857 1823	
	47015 A22_1697 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CAGACAAATGGGTGGTTTATATCATATGATAAAGATAATCCAAACATGATGATGGCTAT AAGACAAATAGGTTGGTTTGTTCATATAAAAAATAATCCTAATATGTTAATGGCGAT ***** *	1917 1883	
	47015 A22_1697 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TAATGTAAAGATGTACAAGATAAAGGAATGGCTAGCTACAATGCCAAAATCTCAGGTAA TAATGTAAAGACGTTCAAATAAAGGGATGGCCAGCTATAATGCTACTATATCTGGAAA ***** *	1977 1943	
	47015 A22_1697 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	AGTGATGATGAGCTATATGAGAACGGTAATAAAAAATACGATATAGATGAATAACAAAA AGTTTATGATGATTTGTATGATAATGGAAAAACTCAATTTGATATAGATCAGTAA----- *** *	2037 1998	
47016	47016 A22_1714 blood ST-5 gen_mecC_2prot_PBP2a	GTAGTCTTATATAAGGAGGATATTGATGAAAAGATAAAA---ATTGTCCACTTATTTT -----ATGAAAAAAATTTATATAGTGTCAGTTCTTTT ***** *	57 35	68.47%
	47016 A22_1714 blood ST-5 gen_mecC_2prot_PBP2a	AATAGTTGTAGTGTGCGGTTTTGGTATATATTTTTATGCTTCAAAGATAAAGAAATTA ACTAATATGATTAT-----AATAACTTGGTTATTCAAAGATGACGATATTGA *	117 83	
	47016 A22_1714 blood ST-5 gen_mecC_2prot_PBP2a	TAATACTATTGATGCAATTGAAGATAAAAATTTCAAACAAGTTTATAAAGATAGCAGTTA GAAAACAATTAGTTCTATTGAAAAGGAAACTATAACGAAGTATATAAAAATAGTTCAGA *	177 143	
	47016 A22_1714 blood ST-5 gen_mecC_2prot_PBP2a	TATTTCTAAAAGCGTAATGGTGAAGTAGAAATGACTGAACGTCGATAAAAATATATAA AAAATCTAAACTGGCATATGGAGAAGAAGAAATTTGATAGTAGGAATAAAAAATTTACAA *	237 203	
	47016 A22_1714 blood ST-5 gen_mecC_2prot_PBP2a	TAGTTTAGCGTTAAAGATATAAACATTCAGGATCGTAAAATAAAAAAAGTATCTAAAA AGATTTAAGTGTCAAATAACTTAAAAATTAACATGAAATTAATAAAAACTGGAAAAGA **** *	297 263	
	47016 A22_1714 blood ST-5 gen_mecC_2prot_PBP2a	TAAAAACGAGTAGATGCTCAATATAAAATTTAAAACAACTACGGTAACATTGATCGCAA TAAAAAGCAAGTTGATGTTAATATAACATATATACAAAATATGGAACTATACGACGTAA ***** *	357 323	
	47016 A22_1714 blood ST-5	CGTTCAATTTAATTTTGTAAAGAAGATGGTATGTGGAAGTTAGATTGGGATCATAGCGT	417	

gen_mecC_2prot_PBP2a	TACACAATTAACCTTTATTTATGAAGATAAGCATTGGAAATTAGATTGGAGACCAGACGT ***** *	383
47016 A22_1714 blood ST-5	CATTATTCAGGAATGCGAAAGACCAAGCATAACATATTGAAAATTTAAAATCAGAACG	477
gen_mecC_2prot_PBP2a	AATAGTACCTGGTTTGAAAAATGGACAGAAAATTAATATAGAAACATTAAAATCAGAGCG *	443
47016 A22_1714 blood ST-5	TGGTAAAATTTTAGACCGAAACAATGTGGAATTGGCCAATACAGGAACAGCATATGAGAT	537
gen_mecC_2prot_PBP2a	AGGCAAAAATAAAGATAGAAATGGTATAGAATTAGCTAAAACTGGAATACATATGAAAT *	503
47016 A22_1714 blood ST-5	AGGCATCGTTC AAAAAGATGTATCTAAAAAGATTATAAAGCAATCGCTAAAGAATAAG	597
gen_mecC_2prot_PBP2a	CGGTATTGTCCCTAACAAAACACCCAAAGAAAATATGATGATATTGCTCGTGAATTACA *	563
47016 A22_1714 blood ST-5	TATTTCTGAAGACTATATCAACAACAATGGATCAAAATTGGGTACAAGATGATACCTT	657
gen_mecC_2prot_PBP2a	AATTGATACAAAAGCTATAACCAATAAAGTTAATCAAAAATGGGTTTCCAGCCAGATTCATT *	623
47016 A22_1714 blood ST-5	CGTTCCTACTTAAAACCGTTAAAAAATGGATGAATATTTAAGTGATTCGCAAAAATTT	717
gen_mecC_2prot_PBP2a	TGTACCAATTTAAAAGATAAATAAACAAGATGAATATATAGACAAATTAATTAATCATA *	683
47016 A22_1714 blood ST-5	TCATCTTACAACATAAAGAAAGTGGTAACTATCCTCTAGGAAAAGCGACTTCACA	777
gen_mecC_2prot_PBP2a	CAATTTACAATAAACAATAAAGAAAGCTGTTTATCATTGAACGAAGCAACAGTACA *	743
47016 A22_1714 blood ST-5	TCTATTAGGTTATGTTGGTCCCATTAACTCTGAAGAATTTAAAACAAAAGAATATAAAGG	837
gen_mecC_2prot_PBP2a	CCTTTTAGGTTATGTTGGTCCCATTAACTCTGACGAGTTAAAAGTAAAGCAATTTAGAAA *	803
47016 A22_1714 blood ST-5	CTATAAAGATGATGCAGTTATGGTAAAAGGGACTCGAAAACCTTTACGATAAAAAGCT	897
gen_mecC_2prot_PBP2a	CTATAGCAAAAATACTGTTATGGAAAAGAAAGCTTAGAACGCCTCTATGATAAAACAATT ***** *	863
47016 A22_1714 blood ST-5	CCAACATGAAGATGGCTATCGTGTCACAATCGTTGACGATAATAGCAATACAAATCGCACA	957
gen_mecC_2prot_PBP2a	GCAAAACACTGATGGTTTAAAGGTATCCATTGCAAATACTTATGACAATAAACCTTTAGA *	923
47016 A22_1714 blood ST-5	TACATTAAATAGAGAAAAAGAAAAAGATGGCAAAGATATTCAACTAATCATGATGCTAA	1017
gen_mecC_2prot_PBP2a	CACATTATTGGAGAAAAGGCTGAAAACGGAAAAGATCTTCATTTACTATAGATGCTAG ***** *	983
47016 A22_1714 blood ST-5	AGTTCAAAAGAGTATTTATAACAACATGAAAAATGATTATGGCTCAGGTACTGCTATCCA	1077
gen_mecC_2prot_PBP2a	AGTACAAGAAAGTATTTATAAACATATGAAAATGACGATGGATCTGGTACAGCATTACA *	1043
47016 A22_1714 blood ST-5	CCCTCAAACAGGTGAATTATTAGCACTTGTAAGCACACCTTCATATGACGTCTATCCATT	1137

gen_mecC_2prot_PBP2a	ACCAAAAACGGAGAAATTTTAGCTTTGGTAACTACCCATCGTACGATGTTTATCCATT ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** *	1103
47016 A22_1714 blood ST-5	TATGTATGGCATGAGTAACGAAGAATATAATAAATTAACCGAAGATAAAAAAGAACCTCT	1197
gen_mecC_2prot_PBP2a	CATGAATGGATTAAGCAATAATGACTACCGTAAATTAACAATAAAAAAGAGCCTTT *** ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** *	1163
47016 A22_1714 blood ST-5	GCTCAACAAGTTCAGATTACAACTTACCAGGTTCAACTCAAAAAATATTAACAGCAAT	1257
gen_mecC_2prot_PBP2a	GCTCAACAATTTCAAATCACTACATACCAGGTTCAACCCAAAAATATTAACATCTAT ***** ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** *	1223
47016 A22_1714 blood ST-5	GATTGGGTTAAATAACAAAACATTAGACGATAAAACAAGTTATAAAATCGATGGTAAAGG	1317
gen_mecC_2prot_PBP2a	TATAGCCTTAAAAAGAAATAAACTAGACAAAATACTAATTTTGATATTTATGGTAAAGG * * * ** * ** * * ** * ** * * ** * ** * * ** * ** * ** * ** *	1283
47016 A22_1714 blood ST-5	TGGCAAAAAGATAAACTTGGGGTGTTACAACGTACAAGATATGAAGTGGTAAATGG	1377
gen_mecC_2prot_PBP2a	TGGCAAAAAGATGCATCATGGGGTAATTATAATATCACAAGATTTAAAGTAGTAGCGG ***** ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** *	1343
47016 A22_1714 blood ST-5	TAATATCGACTTAAACAAGCAATAGAAATCATCAGATAACATTTTCTTGTAGAGTAGC	1437
gen_mecC_2prot_PBP2a	CAATATCGATTTAAAGCAAGCAATAGAAATCATCAGACAACATATTTTGTCCCGCATTC ***** ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** *	1403
47016 A22_1714 blood ST-5	ACTCGAATTAGGCAGTAAGAAATTTGAAAAAGGCATGAAAAAAGGTTGTTGGTGAAGA	1497
gen_mecC_2prot_PBP2a	ATTAGCATTAGGAGCCAAAAATTTGAGCAAGGTATGCAAGATTTGGGAATCGGTGAAA * * * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * * ** * ** * ** * ** *	1463
47016 A22_1714 blood ST-5	TATACCAAGTGATTATCCATTTTATAATGCTCAAATTTCAAACAAAAATTTAGATAATGA	1557
gen_mecC_2prot_PBP2a	TATCCCGAGTGATTATCCCTTTTATAAAGCACAAATCTCAATAGTAATTTAAAAAATGA *** ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** *	1523
47016 A22_1714 blood ST-5	AATATTATTAGCTGATTCAGGTTACGGACAAGGTGAAATACTGATTACCCAGTACAGAT	1617
gen_mecC_2prot_PBP2a	AATATTATTAGCAGATTCAGGATATGGCCAAGGCGAGATACTAGTAACCCATACAAAT ***** ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** *	1583
47016 A22_1714 blood ST-5	CCTTCAATCTATAGCGCATTAGAAAATAATGGCAATATTAACGCACCTCACTTATTAA	1677
gen_mecC_2prot_PBP2a	TTTATCAATATACAGTCTTTAGAAAATAACGGAAATATACAAAATCCTCATGTTTACG * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** *	1643
47016 A22_1714 blood ST-5	AGACACGAAAAACAAAGTTGGAAGAAAAATATATTCCAAAGAAAAATCAATCTATT	1737
gen_mecC_2prot_PBP2a	TAAAACAAAATCTCAAATATGGAAGAAAGATATTACCTAAAAAGACATAGATATATT * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** *	1703
47016 A22_1714 blood ST-5	AACTGATGGTATGCAACAAGTCGTAATAAACAACATAAAGAGATATTTATAGATCTTA	1797
gen_mecC_2prot_PBP2a	AACTAATGGTATGGAACGTGTAGTTAATAAACAACATAGGGATGATATATACAAAAATTA **** ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** *	1763
47016 A22_1714 blood ST-5	TGCAAACTTAATTGGCAAATCCGGTACTGCAGAACTCAAATGAACAAGGAGAACTGG	1857

	gen_mecC_2prot_PBP2a	TGCCCGAATTATTGGTAAATCTGGCACAGCAGAATTAAAAATGAATCAAGGGGAACTGG *** * ***** ** * ***** * ***** * ***** * *****	1823	
	47016 A22_1714 blood ST-5 gen_mecC_2prot_PBP2a	CAGACAAATTGGTGGTTTATATCATATGATAAAGATAATCCAAACATGATGATGGCTAT AAGACAAATAGGTTGGTTTGTTCATATAATAAAAAATAATCCTAATATGTTAATGGCGAT ***** * ***** * ***** ***** ***** * * * * * * * * * *	1917 1883	
	47016 A22_1714 blood ST-5 gen_mecC_2prot_PBP2a	TAATGTAAAGATGTACAAGATAAAGGAATGGCTAGCTACAATGCCAAAATCTCAGGTAA TAATGTAAAGACGTTCAAAAATAAGGGATGGCCAGCTATAATGCTACTATATCTGGAAA ***** *	1977 1943	
	47016 A22_1714 blood ST-5 gen_mecC_2prot_PBP2a	AGTGTATGATGAGCTATATGAGAACGGTAATAAAAAATACGATATAGATGAATAACAAAA AGTTTATGATGATTTGTATGATAATGGAAAACTCAATTTGATATAGATCAGTAA----- *** ***** * ***** *	2037 1998	
47017	47017 A22_1752 biopsy gen_mecC_2prot_PBP2a	GTAGTCTTATATAAGGAGGATATTGATGAAAAAGATAAAA--ATGTTCCACTTATTTT 57 -----ATGAAAAAATTTATATTAGTGTGCTAGTCTTTT 35 ***** *		68.47%
	47017 A22_1752 biopsy gen_mecC_2prot_PBP2a	AATAGTTGTAGTTGTCGGGTTTGGTATATATTTTATGCTTCAAAGATAAAGAAATTAA 117 ACTAATTATGATTAT-----AATAACTGGTTATTCAAAGATGACGATATTGA 83 *		
	47017 A22_1752 biopsy gen_mecC_2prot_PBP2a	TAATACTATGATGCAATTGAAGATAAAAATTTCAAACAAGTTTATAAAGATAGCAGTTA 177 GAAAACAATTAGTTCTATTGAAAAAGGAACTATAACGAAGTATATAAAAATAGTTCAGA 143 *		
	47017 A22_1752 biopsy gen_mecC_2prot_PBP2a	TATTTCTAAAAGCGATAATGGTGAAGTAGAAATGACTGAACGTCGGATAAAAAATATATA 237 AAAATCTAACTGGCATATGGAGAAGAAGAAATGTAGATAGGAATAAAAAAATTTACAA 203 * ***** * ***** ***** * * * * * * * * * * * * * * * * * *		
	47017 A22_1752 biopsy gen_mecC_2prot_PBP2a	TAGTTTAGCGTTAAAGATATAAACATTCAGGATCGTAAAAATAAAAAAGTATCTAAAAA 297 AGATTTAAGTCAATAACTTAAAATTACTAATCATGAAATTAAAAAACTGGAAAAGA 263 ***** *		
	47017 A22_1752 biopsy gen_mecC_2prot_PBP2a	TAAAAACGAGTAGATGCTCAATATAAAATTAACAACAACTACGGTAACATTGATCGCAA 357 TAAAAGCAAGTTGATGTTAAATATAACATATATACAAATATGGAACATACGACGTAA 323 ***** *		
	47017 A22_1752 biopsy gen_mecC_2prot_PBP2a	CGTTCAAATTAATTTTGTAAAGAAGATGGTATGTGGAAGTTAGATTGGGATCATAGCGT 417 TACACAATTAACCTTATTATGAGATAAGCATTGGAATTAGATTGGAGACCAGACGT 383 ***** *		
	47017 A22_1752 biopsy gen_mecC_2prot_PBP2a	CATTATCCAGGAATGCAGAAAGACCAAGCATAATTTGAAAATTTAAAATCAGAACG 477 AATAGTACCTGGTTTGAAAAATGGACAGAAAATTAATATAGAAACATTAATCAGAGCG 443 *		
	47017 A22_1752 biopsy	TGGTAAAATTTTAGACCGAAACAATGTGGAATTGGCCAATACAGGAACAGCATATGAGAT 537		

gen_mecC_2prot_PBP2a	AGGC AAAAT AAAAG ATAGAAATGGTATAGAAATTAGCTAAAAC TGGAAATACATATGAAAT	503
	* * * * *	
47017 A22_1752 biopsy gen_mecC_2prot_PBP2a	AGGCATCGTTCCAAAGAATGTATCTAAAAAAGATTATAAAGCAATCGCTAAAGA ACTAAG	597
	CGGTATTGTCCCTAACAAAACACCCAAAAGAAAAATATGATGATATTGCTCGTGACTTACA	563
	* * * * *	
47017 A22_1752 biopsy gen_mecC_2prot_PBP2a	TATTTCTGAAGACTATATCAAACAACAAATGGATCAAAATGGGTACAAGATGATACCTT	657
	AATTGATACAAAAGCTATAACCAATAAAGTTAATCAAAATGGGTTCAGCCAGATTCATT	623
	* * * * *	
47017 A22_1752 biopsy gen_mecC_2prot_PBP2a	CGTTCACCTAAAACCGTTAAAAAATGGATGAATATTTAAGTGATTTTCGCAAAAAAAT	717
	TGTACCAATAAAAAGATAAATAAACAAGATGAATATATAGACAAATTAATTAATCATA	683
	* * * * *	
47017 A22_1752 biopsy gen_mecC_2prot_PBP2a	TCATCTTACA ACTAATGAAACAGAAAGTCGTA ACTATCCTCTAGGAAAAGCGACTTCACA	777
	CAATTTACAATAAACACTATAAAAAGCCGTGTTTATCCATTGAACGAAGCAACAGTACA	743
	* * * * *	
47017 A22_1752 biopsy gen_mecC_2prot_PBP2a	TCTATTAGGTTATGTGGTCCCATTA ACTCTGAAGAATTA AACAAAAAGAAATATAAAGG	837
	CCTTTTAGGTTATGTGGTCCCAATTAATCTGACGAGTTAAAAAGTAAGCAATTTAGAAA	803
	* * * * *	
47017 A22_1752 biopsy gen_mecC_2prot_PBP2a	CTATAAAGATGATGCGATTATTGGTAAAAAGGGACTCGAAAACTTTACGATAAAAAGCT	897
	CTATAGCAAAAATACTGTTATTGGAAAAAAGGCTTAGAACGCCTCTATGATAAACAATT	863
	* * * * *	
47017 A22_1752 biopsy gen_mecC_2prot_PBP2a	CCAACATGAAGATGGCTATCGTGTCA CAATCGTTGACGATAATAGCAATACAATCGCACA	957
	GCAAAACACTGATGGTTTTAAGGTATCCATTGCAAATACTTATGACAATAAACCTTTAGA	923
	* * * * *	
47017 A22_1752 biopsy gen_mecC_2prot_PBP2a	TACATTAATAGAGAAAAGAAAAAGATGGCAAAGATATCAACTAACTATTGATGCTAA	1017
	CACATTTATTGGAGAAAAGGCTGAAAACGGAAAAGATCTTCATTTAACTATAGATGCTAG	983
	* * * * *	
47017 A22_1752 biopsy gen_mecC_2prot_PBP2a	AGTTCAAAGAGTATTTATAACAACATGAAAAATGATTATGGCTCAGGTACTGCTATCCA	1077
	AGTACAAGAAAGTATTTATAAACATATGAAAAATGACGATGGATCTGGTACAGCATTACA	1043
	* * * * *	
47017 A22_1752 biopsy gen_mecC_2prot_PBP2a	CCCTCAAACAGGTGAATTATTAGCACTTGTAAGCACACCTTCATATGACGTCTATCCATT	1137
	ACCAAAAAC TGGAGAAATTTAGCTTTGGTAAGTACCCCATCGTACGATGTTTATCCATT	1103
	* * * * *	
47017 A22_1752 biopsy gen_mecC_2prot_PBP2a	TATGTATGGCATGAGTAACGAAGAATATAATAAATTAACCGAAGATAAAAAAGAACCTCT	1197
	CATGAATGGATTAAGCAATAATGACTACCGTAAATTAAC TAACAATAAAAAAGACCTTT	1163
	* * * * *	
47017 A22_1752 biopsy	GCTCAACAAGTTCAGATTACA ACTTCACCAGGTTCAACTCAAAAAATATTAACAGCAAT	1257

gen_mecC_2prot_PBP2a	GCTCAACAAATTTCAAATCACTACATCACCAGGTTCAACCCAAAAAATATTAACATCTAT	1223
	***** ** *	
47017 A22_1752 biopsy gen_mecC_2prot_PBP2a	GATTGGGTTAAATAACAAAACATTAGACGATAAAAACAAGTTATAAAAATCGATGGTAAAGG	1317
	TATAGCCTTAAAAGAAAATAAACTAGACAAAATACTAATTTTGATATTTATGGTAAGGG	1283
	** *	
47017 A22_1752 biopsy gen_mecC_2prot_PBP2a	TTGGCAAAAAGATAAATCTGGGGTGGTTACAACGTTACAAGATATGAAGTGGTAAATGG	1377
	TTGGCAAAAAGATGCATCATGGGGTAATTATAATATCACAAGATTTAAAGTAGTAGACGG	1343
	***** *	
47017 A22_1752 biopsy gen_mecC_2prot_PBP2a	TAATATCGACTTAAAACAAGCAATAGAATCATCAGATAACATTTTCTTTGCTAGAGTAGC	1437
	CAATATCGATTTAAAGCAAGCAATAGAATCATCAGACAACATATTTTTGCCCCGATTGC	1403
	***** *	
47017 A22_1752 biopsy gen_mecC_2prot_PBP2a	ACTCGAATTAGGCAGTAAGAAATTTGAAAAGGCATGAAAAAAGTAGGTGTGGTGAAGA	1497
	ATTAGCATTAGGAGCCAAAAAATTTGAGCAAGGTATGCAAGATTTGGGAATCGGTGAAAA	1463
	* *	
47017 A22_1752 biopsy gen_mecC_2prot_PBP2a	TATACCAAGTGATTATCCATTTTATAATGCTCAAATTTCAAACAAAAATTTAGATAATGA	1557
	TATCCCGAGTGATTATCCCTTTTATAAAGCACAAATCTCAAATAGTAATTTAAAAAATGA	1523
	*** ** *	
47017 A22_1752 biopsy gen_mecC_2prot_PBP2a	AATATTATTAGCTGATTCAGGTTACGGACAAGGTGAAACTGATTAACCCAGTACAGAT	1617
	AATATTATTAGCAGATTCAGGATATGGCCAAGGCAGATACTAGTAAACCCATATACAAAT	1583
	***** *	
47017 A22_1752 biopsy gen_mecC_2prot_PBP2a	CCTTCAATCTATAGCGCATTAGAAAATAATGGCAATATTAACGCACCTCACTTATTAAA	1677
	TTTATCAATATACAGTGCTTTAGAAAATAACGGAATATACAAAATCCTCATGTTTACG	1643
	* *	
47017 A22_1752 biopsy gen_mecC_2prot_PBP2a	AGACACGAAAACAAGTTTGGGAAGAAAATATTATTCCAAAGAAAATATCAATCTATT	1737
	TAAAACAAAATCTCAAATATGGAAAAAGATATTATACCTAAAAAAGACATAGATATATT	1703
	* *	
47017 A22_1752 biopsy gen_mecC_2prot_PBP2a	AACTGATGGTATGCAACAAGTCGTAATAAAAACACATAAAGAAGATATTTATAGATCTTA	1797
	AACTAATGGTATGGAACGTAGTTAATAAAAACACATAGGGATGATATATACAAAAATTA	1763
	**** *	
47017 A22_1752 biopsy gen_mecC_2prot_PBP2a	TGCAAACCTTAATTGGCAAATCCGGTACTGCAGAACTCAAATGAACAAGGAGAAACTGG	1857
	TGCCCGAATTAATTGGTAAATCTGGCACAGCAGAAATAAAATGAATCAAGGGGAAACTGG	1823
	*** *	
47017 A22_1752 biopsy gen_mecC_2prot_PBP2a	CAGACAAATGGGTGGTTTATATCATATGATAAAGATAATCCAACATGATGATGGCTAT	1917
	AAGACAAATAGGTTGGTTTTCATATAATAAAAATAATCCTAATATGTTAATGGCGAT	1883
	***** *	
47017 A22_1752 biopsy	TAATGTTAAAGATGTACAAGATAAAGGAATGGCTAGCTACAATGCCAAATCTCAGGTAA	1977

	gen_mecC_2prot_PBP2a	TAATGTTAAAGACGTTCAAATAAAGGGATGGCCAGCTATAATGCTACTATATCTGGAAA 1943 ***** ** * * ***** *	
	47017 A23_1752 biopsy gen_mecC_2prot_PBP2a	AGTGTATGATGAGCTATATGAGAACGGTAATAAAAAATACGATATAGATGAATAACAAAA 2037 AGTTTATGATGATTGTATGATAATGGAAAACTCAATTTGATATAGATCAGTAA----- 1998 *** ***** *	
47018	47018 A23_2165 other gen_mecC_2prot_PBP2a	GTAGTCTTATATAAGGAGTATATTGATGAAAAAGATAAAA--ATGTTCCACTTATTTT 57 -----ATGAAAAAATTTATATTAGTGTGCTAGTTCTTTT 35 ***** *	68.47%
	47018 A23_2165 other gen_mecC_2prot_PBP2a	AATAGTTGATGTTGTCGGTGGTATATATTTTATGCTCAAAAGATAAAGAAATTAA 117 ACTAATTATGATTAT-----AATAACTTGGTTATTCAAAGATGACGATATTGA 83 *	
	47018 A23_2165 other gen_mecC_2prot_PBP2a	TAATACTATTGATGCAATTGAAGATAAAAAATTCAAACAAGTTTATAAAGATAGCAGTTA 177 GAAAACAATTAGTTCTATTGAAAAAGGAACTATAACGAAGTATATAAAAAATAGTTCAGA 143 *	
	47018 A23_2165 other gen_mecC_2prot_PBP2a	TATTTCTAAAAGCGATAATGGTGAAGTAGAAATGACTGAACGTCCGATAAAAAATATATAA 237 AAAACTAAACTGGCATATGGAGAAGAAGAAATTTAGATAGGAATAAAAAAATTTACAA 203 *	
	47018 A23_2165 other gen_mecC_2prot_PBP2a	TAGTTTAGGCCTTAAAGATATAAACATTCAGGATCGTAAAATAAAAAAGTATCTAAAAA 297 AGATTTAAGTGTCAATAACTTAAAAATTAATAATCATGAATTAAAAAAACTGGAAAAGA 263 *	
	47018 A23_2165 other gen_mecC_2prot_PBP2a	TAAAAACGAGTAGATGCTCAATATAAAATTAACAACACTACGGTAACATTGATCGCAA 357 TAAAAAGCAAGTTGATGTTAAATATAACATATATACAAAATATGGAACATACGACGTAA 323 ***** *	
	47018 A23_2165 other gen_mecC_2prot_PBP2a	CGTTCATTTAATTTTGTAAAGAAGATGGTATGTGGAAGTTAGATTGGGATCATAGCGT 417 TACACAATTAACCTTTATTTATGAAGATAAGCATTGGAAATTAGATTGGAGACCAGACGT 383 ***** *	
	47018 A23_2165 other gen_mecC_2prot_PBP2a	CATTATCCAGGAATGCAGAAAGACCAAAGCATAATGAAAATTTAAAATCAGAACG 477 AATAGTACCTGGTTTGA AAAATGGACAGAAAATTAATATAGAAACATTA AAAATCAGAGCG 443 *	
	47018 A23_2165 other gen_mecC_2prot_PBP2a	TGGTAAAATTTTAGACC GAAACAATGTGGAATTGGCCAATACAGGAACGCATATGAGAT 537 AGGC AAAATAAAAAGATAGAAATGGTATAGAAATAGCTAAACTGGAAATACATATGAAAT 503 *	
	47018 A23_2165 other gen_mecC_2prot_PBP2a	AGGCATCGTTCAAAGAATGTATCTAAAAAAGATTATAAAGCAATCGCTAAAGA ACTAAG 597 CGGTATTGTCCCTAACAAAAACCCAAAGAAAAATATGATGATATGCTCGTACTTACA 563 *	
	47018 A23_2165 other	TATTTCTGAAGACTATATCAACAACAAATGGATCAAATTGGGTACAAGATGATACCTT 657	

gen_mecC_2prot_PBP2a	AATTGATACAAAAGCTATAACCAATAAAGTTAATCAAAAATGGGTTTCAGCCAGATTCATT *** *	623
47018 A23_2165 other gen_mecC_2prot_PBP2a	CGTTCCACTTAAAACCGTTAAAAAATGGATGAATATTTAAGTGATTTTCGCAAAAAAATT TGTACCAATTA AAAAGATAAATAACAAGATGAATATATAGACAAATTAATTAATCATA ** ** *	717 683
47018 A23_2165 other gen_mecC_2prot_PBP2a	TCATCTTACAAC TAATGAAACAGAAAGTCGTAAC TATCCTCTAGGAAAAGCGACTTCACA CAATTTACAATAAACACTATAAAAAGCCGTGTTTATCCATTGAACGAAGCAACAGTACA *	777 743
47018 A23_2165 other gen_mecC_2prot_PBP2a	TCTATTAGGTTATGTGGTCCCATTAAC TCTGAAGAATTA AAAACAAAAGAATATAAAGG CCTTTTAGGTTATGTGGTCCAATTAATTC TACGAGTTAAAAGTAAGCAATTTAGAAA ** *	837 803
47018 A23_2165 other gen_mecC_2prot_PBP2a	CTATAAAGATGATGCAGTTATTGGTAAAAAGGGACTCGAAAACTT TACGATAAAAAGCT CTATAGCAAAAATACTGTTATTGGAAAAAAGGC TTAGAACGCCTCTATGATAACAATT *	897 863
47018 A23_2165 other gen_mecC_2prot_PBP2a	CCAACATGAAGATGGCTATCGTGT CACAATCGTTGACGATAATAGCAATACAATCGCACA GCAAAACACTGATGGT TTTAAGGTATCCATTGCAAATACTTATGACAATAAACCTTTAGA *	957 923
47018 A23_2165 other gen_mecC_2prot_PBP2a	TACATTAATAGAGAAAAAGAAAAAGATGGCAAAGATATTC AACTAACTATTGATGCTAA CACATTATTGGAGAAAAAGGCTGAAAACGGAAAAGATCTTCATTTAACTATAGATGCTAG *	1017 983
47018 A23_2165 other gen_mecC_2prot_PBP2a	AGTTCAAAAGAGTATTTATAACAACATGAAAAATGATTATGGCTCAGGTACTGCTATCCA AGTACAAGAAAGTATTTATAAACATATGAAAAATGACGATGGATCTGGTACAGCATTACA *	1077 1043
47018 A23_2165 other gen_mecC_2prot_PBP2a	CCCTCAAACAGGTGAATTATTAGCACTTGTAAGCACACCTTCATATGACGCTATCCATT ACCAAAAAC TGGAGAAATTTAGCTTTGGTAAGTACCCCATCGTACGATGTTATCCATT *	1137 1103
47018 A23_2165 other gen_mecC_2prot_PBP2a	TATGTATGGCATGAGTAACGAAGAATATAATAAATTAACCGAAGATAAAAAAGAACCTCT CATGAATGGATTAAGCAATAATGACTACCGTAAATTAAC TAACAATAAAAAGAGCCTTT *	1197 1163
47018 A23_2165 other gen_mecC_2prot_PBP2a	GCTCAACAAGTTCAGATTACAAC TCCACGAGGTTC AACTCAAAAAATATTAACAGCAAT GCTCAACAAATTTCAATCACTACATCACCGGTTCA ACCCAAAAATATTAACATCTAT *	1257 1223
47018 A23_2165 other gen_mecC_2prot_PBP2a	GATTGGGTTAATAACAAAACATTAGACGATAAAAACAAGTTATAAAATCGATGGTAAAGG TATAGCCTTAAAAGAAAAATAAACTAGACAAAAATACTAATTTTGATATTTATGGTAAAGG *	1317 1283
47018 A23_2165 other	TTGGCAAAAAGATAAATCTTGGGGTGGTTACAACGTTACAAGATATGAAGTGGTAAATGG	1377

	gen_mecC_2prot_PBP2a	TTGGCAAAAAGATGCATCATGGGGTAAATTATAATATCACAAGATTTAAAGTAGTAGACGG ***** **	1343	
	47018 A23_2165 other gen_mecC_2prot_PBP2a	TAATATCGACTTAAAACAAGCAATAGAATCATCAGATAACATTTTTCTTTGCTAGAGTAGC CAATATCGATTTAAAGCAAGCAATAGAATCATCAGACAACATATTTTTGCCCGCATTGC ***** **	1437 1403	
	47018 A23_2165 other gen_mecC_2prot_PBP2a	ACTCGAATTAGGCAGTAAGAAATTTGAAAAAGGCATGAAAAAACTAGGTGTGGTGAAGA ATTAGCATTAGGAGC(A)AAAAATTTGAGCAAGGTATGCAAGATTTGGGAATCGGTG(A)AAA * * * * *	1497 1463	
	47018 A23_2165 other gen_mecC_2prot_PBP2a	TATACCAAGTGATTATCCATTTTATAATGC(T)CAAATTTCAA(C)AAAAATTTAGATAATGA TATCCCGAGTGATTATCCCTTTTATAAAGC(A)AAATCTCAAATAGTAATTTAAAAATGA *** * **	1557 1523	
	47018 A23_2165 other gen_mecC_2prot_PBP2a	AATATTATTAGCTGATTCAGGTTACGGACAAGGTGAAATACTGATTAACCCAGTACAGAT AATATTATTAGCAGATTCAGGATATGGCCAAGCGAGATACTAGTAAACCC(T)ATACAAAT ***** **	1617 1583	
	47018 A23_2165 other gen_mecC_2prot_PBP2a	CCTTCAATCTATAGCGCATTAGAAAAATA(T)GGCAATATTAACGCACCTCACTTAT(T)AAA TTTATCAATATACAGTGCTTTAGAAAA(T)AACGGAAATATA(C)AAAATCCTCATGTTTACG * * * * *	1677 1643	
	47018 A23_2165 other gen_mecC_2prot_PBP2a	AGACACG(A)AAACAAAGTTTGAAG(A)AAAAATTATTTCC(A)AAG(A)AAATCAATCTATT TAAAACAAATCTCAAATATGG(A)AAAAAGATA(T)TATACCT(A)AAAAAGACATAGATATATT * * * * *	1737 1703	
	47018 A23_2165 other gen_mecC_2prot_PBP2a	AACTGATGGTATGCAACAAGTCGTAATAAACA(C)ATAAAGAAGATATTTATAGATCTTA AACTAATGGTATGGAACGTGTAGTTAATAAACA(C)ATAGGGATGATATATAC(A)AAAATTA **** * * * * *	1797 1763	
	47018 A23_2165 other gen_mecC_2prot_PBP2a	TGCA(A)ACTTAATTGGCAAATCCGGTACTGCAGAACTCAAATGAAACAAGGAACTGG TGCCCGAATTATGGTAAATCTGGCAGCAGAA(T)TAAA(A)ATGAATCAAGGGAACTGG *** * * * * *	1857 1823	
	47018 A23_2165 other gen_mecC_2prot_PBP2a	CAGACAAATGGGTGGT(T)TATATCATATGATAAAGATAATCCAAACATGATGATGGCTAT AAGACAAATAGTTGGTTGTTTCATATAA(A)AAATTAATCCTAATATGTTAATGGCGAT ***** * * * * *	1917 1883	
	47018 A23_2165 other gen_mecC_2prot_PBP2a	TAATGTTAAAGATGTACAAGATAAAGGAATGGCTAGCTACAATGCC(A)AAATCTCAGGTAA TAATGTTAAAGACGTTCAAATAAAGGGATGGCCAGCTATAATGCTACTATATCTGGAAA ***** **	1977 1943	
	47018 A23_2165 other gen_mecC_2prot_PBP2a	AGTGTATGATGAGCTATATGAGAACGGTAATA(A)AAAAATACGATATAGATGAATAACAAA AGTTTATGATGATTTGATGATAATGG(A)AAA(A)CTCAATTTGATATAGATCAGTAA----- *** ***** * * * * *	2037 1998	
47019	47019 A23_2201 blood	GTAGTCTTATATAAGGAGGATATTGATG(A)AAAAGATAAAA--ATTGTTCCACTTATTTT	57	68.47%

gen_mecC_2prot_PBP2a	-----ATGAAAAAATTTATATTAGTGTGCTAGTTCTTTT ***** * * * * * * * * * *	35
47019 A23_2201 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	AATAGTTGAGTGTGCGGGTTGGTATATATTTTTATGCTCAAAAGATAAAGAAATTA ACTAATTATGATTAT-----AATAACTTGGTTATTCAAAGATGACGATATTGA *	117 83
47019 A23_2201 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TAATACTATTGATGCAATTGAAGATAAAAAATTTCAAACAAGTTTATAAAGATAGCAGTTA GAAAACAATTAGTTCATTGAAAAAGGAACTATAACGAAGTATATAAAAAATAGTTCAGA *	177 143
47019 A23_2201 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TATTTCTAAAAGCGATAATGGTGAAGTAGAAATGACTGAACGTCCGATAAAAAATATAAA AAAATCTAAACTGGCATATGGAGAAGAAGAAATTTAGATAGGAATAAAAAAATTTACAA *	237 203
47019 A23_2201 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TAGTTTAGGCGTTAAAGATAAAACATTCAGGATCGTAAAATAAAAAAAGTATCTAAAAA AGATTTAAGTGTCAATAACTTAAAAATTAATAATCATGAAATTAAAAAAAGTGGAAAAGA *	297 263
47019 A23_2201 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TAAAAACGAGTAGATGCTCAATATAAAATTAAAACAAACACGGTAACATTGATCGCAA TAAAAAGCAAGTTGATGTTAAATATAACATATATACAAAATATGGAACATACGACGTAA ***** *	357 323
47019 A23_2201 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CGTTCAATTTAATTTGTTAAAGAAGATGGTATGTGGAAGTTAGATTGGGATCATAGCGT TACACAATTAACCTTTATTTTATGAAGATAAGCATTGGAATTAGATTGGAGACCAGACGT ***** *	417 383
47019 A23_2201 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CATTATTCAGGAATGCAGAAAGACCAAAGCATAATGAAAAATTTAAAATCAGAACG AATAGTACCTGGTTTGA AAAATGGACAGAAAATTAATATAGAAACATTA AAAATCAGAGCG *	477 443
47019 A23_2201 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TGGTAAAATTTTAGACCGAAACAATGTGGAATTGGCCAATACAGGAACAGCATATGAGAT AGGCAAAAATAAAGATAGAAATGGTATAGAAATAGCTAAAACGGAAATACATATGAAAT *	537 503
47019 A23_2201 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	AGGCATCGTTCCAAAGAATGTATCTAAAAAAGATTATAAAGCAATCGCTAAAGA ACTAAG CGGTATTGTCCCTAACAAAACACCCAAAGAAAAATATGATGATATTGCTCGTACTTACA *	597 563
47019 A23_2201 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TATTTCTGAAGACTATATCAACAACA AATGGATCAAATTTGGGTACAAGATGATACCTT AATTGATACAAAAGCTATAAACAATAAAGTAAATCAAAAATGGGTTCAGCCAGATTCATT *	657 623
47019 A23_2201 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CGTTCACCTTAAAACCGTTAAAAAATGGATGAATATTTAAGTGATTTTCGCAAAAAAAT TGTACCAATTA AAAAGATAAATAAACAAGTGAATATATAGACAATTAATTAATCATA *	717 683
47019 A23_2201 blood	TCATCTTACAAC TAATGAAACAGAAAGTCGTAAC TATCCTCTAGGAAAAGCGACTTACA	777

gen_mecC_2prot_PBP2a	GAAAACAATTAGTTCATTGAAAAAGGAACTATAACGAAGTATATAAAAAATAGTTCAGA ** *	143
47020 A23_2228 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TATTTCTAAAAGCGATAATGGTGAAGTAGAAATGACTGAACGTCCGATAAAAAATATATAA AAAATCTAAACTGGCATATGGAGAAGAAGAAATTTAGATAGGAATAAAAAAATTTACAA *	237 203
47020 A23_2228 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TAGTTTAGGCGTTAAAGATATAAACATTCAGGATCGTAAAATAAAAAAAGTATCTAAAAA AGATTTAAGTGTCAATAACTTAAAAATTACTAATCATGAAATTAAAAAAAGTGGAAAAGA *	297 263
47020 A23_2228 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TAAAAACGAGTAGATGCTCAATATAAAATTAAAACAAACACGGTAACATTGATCGCAA TAAAAAGCAAGTTGATGTTAAATATAACATATATACAAAAATATGGAACATACGACGTAA *	357 323
47020 A23_2228 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CGTTCAAATTTAATTTGTTAAAGAAGATGGTATGTGGAAGTTAGATTGGGATCATAGCGT TACACAATTAACCTTTATTTATGAAGATAAGCATTTGGAATTAGATTGGAGACCAGACGT *	417 383
47020 A23_2228 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CATTATTCAGGAATGCAGAAAGACCAAAGCATAACATTTGAAAATTTAAAAATCAGAACG AATAGTACCTGGTTTGA AAAATGGACAGAAAATTAATATAGAAACATTA AAAATCAGAGCG *	477 443
47020 A23_2228 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TGGTAAAATTTTAGACCGAAAACAATGTGGAATTGGCCAATACAGGAACAGCATATGAGAT AGGCAAAAATAAAGATAGAAATGGTATAGAATTAGCTAAAAGTGGAAATACATATGAAAT *	537 503
47020 A23_2228 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	AGGCATCGTTCCAAAGAATGTATCTAAAAAGATTATAAAGCAATCGCTAAAGAACTAAG CGGTATTGTCCCTAACAAAACCCCAAGAAAATATGATGATATTGCTCGTACTTACA *	597 563
47020 A23_2228 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TATTTCTGAAGACTATATCAAACAACAATGGATCAAATTTGGGTACAAGATGATACCTT AATTGATACAAAAGCTATAACAATAAAGTTAATCAAAAATGGGTTACAGCCAGATTCATT *	657 623
47020 A23_2228 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CGTTCCTACTAAAACCGTTAAAAAAATGGATGAATATTTAAGTATTTCCGCAAAAAAATT TGTACCAATTA AAAAGATAAATAACAAGATGAATATATAGACAAATTAATTAAATCATA *	717 683
47020 A23_2228 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TCATCTTACAACATAATGAAACGAAAGTCGTAACATCCTCTAGGAAAAGCGACTTCACA CAATTTACAATAAACACTATAAAAAGCCGTGTTTATCCATTGAACGAAGCAACAGTACA *	777 743
47020 A23_2228 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TCTATTAGGTTATGTTGGTCCCATTAACCTCTGAAGAATTA AAAACAAAAGAATATAAAGG CCTTTTAGGTTATGTTGGTCCAAATTAATTTGACGAGTTAAAAGTAAGCAATTTAGAAA *	837 803
47020 A23_2228 blood	CTATAAAGATGATGCAGTTATTGGTAAAAGGGACTCGAAAACTTTACGATAAAAAGCT	897

gen_mecC_2prot_PBP2a	CTATAGCAAAAATACTGTTATTGGAAAAAAGGCTTAGAACGCCTCTATGATAACAATT ***** * ** * ***** ** * ** * ** * ** * ** * ** *	863
47020 A23_2228 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CCAACATGAAGATGGCTATCGTGTACAATCGTTGACGATAATAGCAATACAATCGCACA GCAAAACACTGATGGTTTTAAGGTATCCATTGCAAATACTTATGACAATAAACCTTTAGA *** * ***** * * ** * ** * * * ** * ** * ** * ** *	957 923
47020 A23_2228 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TACATTAATAGAGAAAAAGAAAAAGATGGCAAAGATATCAACTAACTATTGATGCTAA CACATTATTGGAGAAAAAGGCTGAAAACGGAAAAGATCTTCATTTAACTATAGATGCTAG ***** * ***** ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** *	1017 983
47020 A23_2228 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	AGTTCAAAAGAGTATTTATAACAACATGAAAAATGATTATGGCTCAGGTACTGCTATCCA AGTACAAGAAAGTATTTATAACAATATGAAAAATGACGATGGATCTGGTACAGCATTACA *** ** * ***** * ***** ** * ** * ** * ** * ** *	1077 1043
47020 A23_2228 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CCCTCAAACAGGTGAATTATTAGCACTTGTAAAGCACACCTTCATATGACGCTATCCATT ACCAAAAACGGAGAAATTTAGCTTTGGTAAAGTACCCCATCGTACGATGTTATCCATT ** **** * ** * * ** * * ** * ** * ** * ** * ** * ** *	1137 1103
47020 A23_2228 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TATGTATGGCATGAGTAACGAAGAATAATAAAATTAACCGAAGATAAAAAAGAACCTCT CATGAATGGATTAAGCAATAATGACTACCGTAAATTAACATAAAAAAGAGCCTTT *** **** * ** * * * ** * * ***** * ***** * ** *	1197 1163
47020 A23_2228 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	GCTCAACAAGTTCAGATTACAACCTCACCAGGTTCAACTCAAAAAATATTAACAGCAAT GCTCAACAAATTTCAATCACTACATCACCAGGTTCAACCAAAAAATATTAACATCTAT ***** * ** * ** * * ** * ***** ***** ***** * **	1257 1223
47020 A23_2228 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	GATTGGGTTAAATAACAAAACATTAGACGATAAAACAAGTTATAAAATCGATGGTAAAGG TATAGCCTTAAAAGAAAATAAACTAGACAAAATACTAATTTTGATATTTATGGTAAAGG * * * ***** * ** * * ** * * ** * ** * * ** * ** * ** *	1317 1283
47020 A23_2228 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TTGGCAAAAAGATAAATCTTGGGGTGGTTACAACGTTACAAGATATGAAGTGGTAAATGG TTGGCAAAAAGATGCATCATGGGGTAAATTATAATATCACAGATTTAAAGTAGTAGACGG ***** ***** ** ***** ** * ** * ** * ** * ** * ** *	1377 1343
47020 A23_2228 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TAATATCGACTTAAACAAGCAATAGAATCATCAGATAACATTTTCTTTGCTAGAGTAGC CAATATCGATTTAAAGCAAGCAATAGAATCATCAGACAACATATTTTGGCCCGCATTGC ***** ***** ***** ***** ***** ** * ** * ** * ** *	1437 1403
47020 A23_2228 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	ACTCGAATTAGCGAGTAAGAAATTTGAAAAAGGCATGAAAAAAGTGGTGTGGTGAAGA ATTAGCATTAGGAGCCAAAAATTTGAGCAAGGTATGCAAGATTTGGGAATCGGTGAAAA * * * ***** ** ***** ** * ** * ** * * ** * ** * ** *	1497 1463
47020 A23_2228 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TATACCAAGTGATTATCCATTTTATAATGCTCAAATTTCAACAAAAATTTAGATAATGA TATCCCGAGTGATTATCCCTTTTATAAAGCACAAATCTCAAATAGTAATTTAAAAATGA *** ** ***** ***** ** * ** * ** * * ** * ** * ** *	1557 1523
47020 A23_2228 blood	AATATTATTAGCTGATTCAGGTTACGGACAAGGTGAAATACTGATTAACCCAGTACAGAT	1617

	gen_mecC_2prot_PBP2a	AATATTATTAGCAGATTCAGGATATGGCCAAGGCGAGATACTAGTAAACCTATACAAAT *****	1583	
	47020 A23_2228 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CCTTTCAATCTATAGCGCATTAGAAAATAATGGCAATATTAACGCACCTCACTTATTA TTTATCAATATACAGTGCTTTAGAAAATAACGGAAATATACAAAATCCTCATGTTTACG * *****	1677 1643	
	47020 A23_2228 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	AGACACGAAAAACAAAGTTTGAAGAAAAATATTATTTCCAAAGAAAATATCAATCTATT TAAAACAAAATCTCAAATATGGAAAAAGATATTATACCTAAAAAGACATAGATATATT * * * * *	1737 1703	
	47020 A23_2228 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	AACTGATGGTATGCAACAAGTCGTAATAAAAACACATAAAGAAGATATTTATAGATCTTA AACTAATGGTATGGAACGTGTAGTTAATAAAAACACATAGGGATGATATATACAAAATTA ****	1797 1763	
	47020 A23_2228 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TGCAAACTTAATTGGCAAATCCGGTACTGCAGAATCAAAATGAAACAAGGAGAACTGG TGCCCGAATTATGGTAAATCTGGCACAGCAGAATAAAAATGAATCAAGGGGAACTGG ***	1857 1823	
	47020 A23_2228 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CAGACAAATTGGGTGGTTTATATCATATGATAAAGATAATCCAAACATGATGATGGCTAT AAGACAAATAGGTTGGTTTGTTCATATAAAAAATAATCCTAATATGTTAATGGCGAT *****	1917 1883	
	47020 A23_2228 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TAATGTTAAAGATGTACAAGATAAAGGAATGGCTAGCTACAATGCCAAAATCTCAGGTAA TAATGTTAAAGACGTTCAAATAAAGGGATGGCCAGCTATAATGCTACTATATCTGGAAA *****	1977 1943	
	47020 A23_2228 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	AGTGTATGATGAGCTATATGAGAACGGTAATAAAAAATACGATATAGATGAATAACAAAA AGTTTATGATGATTTGTATGATAATGGAAAACTCAATTTGATATAGATCAGTAA----- ***	2037 1998	
47021	47021 A23_2229 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	GTAGTCTTATATAAGGAGTATATTGATGAAAAAGATAAAA--ATTGTTCCACTTATTTT -----ATGAAAAAATTTATATTAGTGTGCTAGTTCCTTTT *****	57 35	68.47%
	47021 A23_2229 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	AATAGTTGTAGTTGTCGGGTTTGGTATATATTTTTATGCTTCAAAGATAAAGAAATTA ACTAATTATGATTAT-----ATAACTTGGTTATTCAAAGATGACGATATTGA * * * * *	117 83	
	47021 A23_2229 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TAATACTATTTGATGCAATTGAAGATAAAAAATTTCAAACAAGTTTATAAAGATAGCAGTTA GAAAACAATTAGTTCATTGAAAAAGAACTATAACGAAGTATATAAAAAATAGTCAGA * * * * *	177 143	
	47021 A23_2229 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TATTTCTAAAAGCGATAATGGTGAAGTAGAAATGACTGAACGTCGGATAAAAAATATATAA AAAACTAAACTGGCATATGGAGAAGAAGAAATGTAGATAGGAATAAAAAAATTTACAA * *****	237 203	
	47021 A23_2229 blood	TAGTTTAGCGTTAAAGATATAAACATTCAGGATCGTAAAAATAAAAAAGTATCTAAAAA	297	

gen_mecC_2prot_PBP2a	AGATTTAAGTGTCAATAACTTAAAAATTACTAATCATGAAATTAAAAAACTGGAAAAGA **** * ** *	263
47021 A23_2229 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TAAAAACGAGTAGATGCTCAATATAAAATAAAACAAACACGGTAACATTGATCGCAA TAAAAAGCAAGTTGATGTTAAATATAACATATATACAAAATATGGAACATACGACGTAA ***** * ** *	357 323
47021 A23_2229 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CGTTCAATTTAATTTTGTAAAGAAGATGGTATGTGGAAGTTAGATTGGGATCATAGCGT TACACAATTAACCTTTATTTATGAAGATAAGCATTGGAAATTAGATTGGAGACCAGACGT ***** ** *	417 383
47021 A23_2229 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CATTATTCAGGAATGCAGAAAGACCAAAGCATAACATATTGAAAATTTAAAATCAGAACG AATAGTACCTGGTTTAAAAATGGACAGAAAATTAATATAGAAACATTAATAATCAGAGCG ** *	477 443
47021 A23_2229 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TGGTAAAATTTAGACCGAAACAATGTGGAATTGGCCAATACAGGAACAGCATATGAGAT AGGCAAAATAAAGATAGAAATGGTATAGAATTAGCTAAAACGGAAATACATATGAAAT ** ***** ** *	537 503
47021 A23_2229 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	AGGCATCGTTCCAAAGAATGTATCTAAAAAAGATTATAAAGCAATCGCTAAAGAACTAAG CGGTATTGTCCTTAACAAAACACCCAAAGAAAAATATGATGATATTGCTCGTGACTTACA ** *	597 563
47021 A23_2229 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TATTTCTGAAGACTATATCAAACAACAATGGATCAAAATGGGTACAAGATGATACCTT AATTGATACAAAAGCTATAACCAATAAAGTTAATCAAAAATGGGTTACAGCCAGATTCATT *** *	657 623
47021 A23_2229 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CGTTCCTTAAAACCGTTAAAAAATGGATGAATATTTAAGTATTTCGCAAAAAAATT TGTACCAATTA AAAAGATAAATAAACAAGATGAATATATAGACAAATTAATTAATCATA ** *	717 683
47021 A23_2229 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TCATCTTACAATAATGAAACAGAAAGTCGTAACATCCTCTAGGAAAAGCGACTTCACA CAATTTACAATAAACACTATAAAAAGCCGTGTTTATCCATGAACGAAGCAACAGTACA ** *	777 743
47021 A23_2229 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TCTATTAGGTTATGTTGGTCCCATTAACTCTGAAGAATTA AACAAAAAAGAAATATAAAGG CCTTTTAGGTTATGTTGGTCCAATTAATTCGACGAGTTAAAAAGTAAGCAATTTAGAAA ** ***** *	837 803
47021 A23_2229 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CTATAAAGATGATGCAGTTATTTGGTAAAAAGGACTCGAAAAACTTTACGATAAAAAGCT CTATAGCAAAAATACTGTTATTGGAAAAAAGGCTTAGAACGCCTCTATGATAAACAATT ***** *	897 863
47021 A23_2229 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CCAACATGAAGATGGCTATCGTGTCCAAATCGTTGACGATAATAGCAATACAATCGCACA GCAAAACACTGATGGTTTTAAGGTATCCATGCAATACTTATGACAATAAACCTTTAGA *** *	957 923
47021 A23_2229 blood	TACATTAATAGAGAAAAAGAAAAAGATGGCAAAGATATCAACTAACTATTGATGCTAA	1017

gen_mecC_2prot_PBP2a	CACATTATTGGAGAAAAAGGCTGAAAACGGAAAAGATCTTCATTTAACTATAGATGCTAG ***** * ***** ** * * ***** ** * ***** *****	983
47021 A23_2229 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	AGTTCAAAAGAGTATTTATAACAACATGAAAAATGATTATGGCTCAGGCTACTGCTATCCA AGTACAAGAAAGTATTTATAACAATATGAAAAATGACGATGGATCTGGTACAGCATTACA *** ** * ***** * ***** ** * * ** * ** * **	1077 1043
47021 A23_2229 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CCCTCAAACAGGTGAATTATTAGCACTTGTAAGCACACCTTCATATGACGTCTATCCATT ACCAAAAACGGAGAAATTTAGCTTTGGTAAAGTACCCCATCGTACGATGTTTATCCATT ** **** * ** * ***** * ***** * ** * * ** * * *****	1137 1103
47021 A23_2229 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TATGTATGGCATGAGTAACGAAGAATAATAAAATTAACCGAAGATAAAAAAGAACCTCT CATGAATGGATTAAGCAATAATGACTACCGTAAATTAACAATAAAAAAGAGCCTTT *** **** * ** * * ** * * ***** * ***** ***** * ** *	1197 1163
47021 A23_2229 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	GCTCAACAAGTTCCAGATTACAACCTCACAGGTTCAACTCAAAAAATTAACAGCAAT GCTCAACAAATTTCAAATCACTACATCACAGGTTCAACCCAAAAATTAACATCTAT ***** ** * * ** * * ***** ***** ***** * **	1257 1223
47021 A23_2229 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	GATTGGTTAAATAACAAAACATTAGACGATAAAACAAGTATAAAATCGATGGTAAAGG TATAGCCTTAAAAGAAAATAAACTAGACAAAATACTAATTTTGATATTTATGGTAAAGG ** * ***** * ** * * ***** * ** * * ** * * ** ***** **	1317 1283
47021 A23_2229 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TTGGCAAAAAGATAAATCTTGGGGTGGTTACAACGTTACAAGATATGAAGTGGTAAATGG TTGGCAAAAAGATGCATCATGGGGTAAATTATAATATCACAAAGATTTAAAGTAGTAGCGG ***** ***** ** ***** ** * * ***** * **** * ** * **	1377 1343
47021 A23_2229 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TAATATCGACTTAAACAAGCAATAGAATCATCAGATAACATTTTCTTTGCTAGAGTAGC CAATATCGATTTAAAGCAAGCAATAGAATCATCAGACAACATATTTTGGCCCGCATTGC ***** ***** ***** ***** ***** ** ***** * * **	1437 1403
47021 A23_2229 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	ACTCGAATTAGCAGTAAGAAATTTGAAAAAGGCATGAAAAACTAGGTGTTGGTGAAGA ATTAGCATTAGGAGCCAAAAATTTGAGCAAGGTATGCAAGATTTGGGAATCGGTGAAAA * * * ***** ** ***** ***** * ** * * * * * ***** *	1497 1463
47021 A23_2229 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TATACCAAGTGATTATCCATTTTATAATGCTCAAATTTCAAACAAAATTTAGATAATGA TATCCCGAGTGATTATCCCTTTTATAAAGCACAAATCTCAAATAGTAATTTAAAAATGA *** ** ***** ***** ** ***** ***** * ***** * *****	1557 1523
47021 A23_2229 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	AATATTATTAGCTGATTACGGTTACGGACAAGGTGAAATACTGATTAACCCAGTACAGAT AATATTATTAGCAGATTCAGGATATGGCCAAGCGAGATACTAGTAAACCTATACAAAT ***** ***** ** * * ***** * ***** * ***** ***** **	1617 1583
47021 A23_2229 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CCTTCAATCTATAGCGCATTAGAAAATAATGGCAATATTAACGCACCTCACTTATTA TTTATCAATATACAGTGCTTTAGAAAATAACGGAATATACAAAATCCTCATGTTTACG * ***** ** * * ***** ***** * ***** * ***** * **	1677 1643
47021 A23_2229 blood	AGACACGAAAACAAAGTTTGAAGAAAATATTATTTCCAAAGAAAATATCAATCTATT	1737

	gen_mecC_2prot_PBP2a	TAAACAAAATCTCAAATATGGAAAAAGATATTATACCTAAAAAGACATAGATATATT *	1703	
	47021 A23_2229 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	AACTGATGGTATGCAACAAGTCGTAATAAAAACACATAAAGAAGATATTTATAGATCTTA AACTAATGGTATGGAACGTGTAGTTAATAAAAACACATAGGGATGATATATACAAAAATTA ***** *	1797 1763	
	47021 A23_2229 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TGCAAACTTAATTGGCAAATCCGGTACTGCAGAACTCAAATGAAACAAGGAGAACTGG TGCCCGAATTTATGGTAAATCTGGCACAGCAGAATTAATAATGAATCAAGGGGAACTGG *** *	1857 1823	
	47021 A23_2229 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CAGACAAATGGGTGGTTTATATCATATGATAAAGATAATCCAAACATGATGATGGCTAT AAGACAAATAGGTTGGTTTGTTCATATAAAAAATAATCCTAATATGTTAATGGCGAT ***** *	1917 1883	
	47021 A23_2229 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TAATGTTAAAGATGTACAAGATAAAGGAATGGCTAGCTACAATGCCAAAATCTCAGGTAA TAATGTTAAAGACGTTCAAATAAAGGGATGGCCAGCTATAATGCTACTATATCTGGAAA ***** *	1977 1943	
	47021 A23_2229 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	AGTGATGATGAGCTATATGAGAACGGTAATAAAAAATACGATATAGATGAATAAATAAA AGTTTATGATGATTTGTATGATAATGGAAAACACTCAATTTGATATAGATCAGTAA---- *** *	2037 1998	
47022	47022 A23_2321 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	GTAGTCTTATATAAGGAGGATATTGATGAAAAAGATAAAA--ATGTTCCACTTATTTT -----ATGAAAAAATTTATATTAGTGTGCTAGTTCTTTT ***** *	57 35	68.47%
	47022 A23_2321 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	AATAGTTGTAGTTGTCGGGTTTGGTATATATTTTTATGCTTCAAAAGATAAAGAAATTA ACTAATTATGATTAT-----ATAAAGTGGTTATTCAAGATGACGATATTGA *	117 83	
	47022 A23_2321 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TAATACTATTGATGCAATTGAAGATAAAAAATTTCAACAAGTTTATAAAGATAGCAGTTA GAAAAAATTAGTTCATTGAAAAAGGAACTATAACGAAGTATATAAAAATAGTTCAGA *	177 143	
	47022 A23_2321 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TATTTCTAAAAGCGATAATGGTGAAGTAGAAATGACTGAACGTCGGATAAAAATATATAA AAAACTAAACTGGCATATGGAGAAGAAGAATTGTAGATAGGAATAAAAAAATTACAA *	237 203	
	47022 A23_2321 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TAGTTTGGCGTTAAAGATATAAACAATTCAGGATCGTAAAAATAAAAAAGTATCTAAAAA AGATTTAAGTCAATAACTTAAAAATTAATCATGAATTAAAAAAAGTGGAAAAGA *	297 263	
	47022 A23_2321 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TAAAAACAGAGTAGATGCTCAATATAAATTAACAACAACACTACGGTAACATTGATCGCAA TAAAAGCAAGTTGATGTAAATATAACATATATACAAAATATGGAACCTACGACGTAA ***** *	357 323	
	47022 A23_2321 blood	CGTTCAAATTTAATTTTGTAAAGAAGATGGTATGTGAAGTTAGATTGGGATCATAGCGT	417	

gen_mecC_2prot_PBP2a	TACACAATTAAACTTTATTTTATGAAGATAAGCATTGAAATTAGATTGGAGACCAGACGT	383
	***** *	
47022 A23_2321 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CATTATTCAGGAATGCAGAAAGACCAAAGCATACATATTGAAAATTTAAAAATCAGAACG AATAGTACCTGGTTTTGAAAATGGACAGAAAATTAATATAGAAACATTAAAAATCAGAGCG	477 443
	** *	
47022 A23_2321 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TGGTAAAATTTAGACCAGAAACAATGTGGAATTGGCCAATACAGGAACAGCATATGAGAT AGGCAAAAATAAAAGATAGAAATGGTATAGAATTAGCTAAAACCTGGAAATACATATGAAAT	537 503
	** *	
47022 A23_2321 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	AGGCATCGTTCCAAAGAATGTATCTAAAAAAGATTATAAAGCAATCGCTAAAGAACTAAG CGGTATTGTCCTTAAACAAAACCCCAAGAAAATATGATGATATTGCTCGTGACTTACA	597 563
	** *	
47022 A23_2321 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TATTTCTGAAGACTATATCAACAACAATAATGGATCAAAATGGGTACAAGATGATACCTT AATTGATACAAAAGCTATAACCAATAAAGTTAATCAAAAATGGGTTACAGCCAGATTCATT	657 623
	*** *	
47022 A23_2321 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CGTTCACCTTAAAACCGTTAAAAAATGGATGAATATTTAAGAGATTTTCGAAAAAATTT TGTACCAATTAAAAAGATAATAAACAAGATGAATATATAGACAAATTAATTAATCATA	717 683
	** *	
47022 A23_2321 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TCATCTTACAACTAATGAAACAGAAAGTCGTAACCTATCCCTAGGAAAAGCGACTTCACA CAATTTACAATAAAACTATAAAAAGCCGTGTTTATCCATTGAACGAAGCAACAGTACA	777 743
	** *	
47022 A23_2321 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TCTATTAGGTTATGTGGTCCCATTAACCTGAAGAATTAACAAACAAAAGAATATAAAGG CCTTTTAGGTTATGTGGGTCCAATTAATTCGACGAGTTAAAAAGTAAGCAATTTAGAAA	837 803
	** *	
47022 A23_2321 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CTATAAAGATGATGCAGTTATTGGTAAAAAGGACTCGAAAACTTTACGATAAAAAGCT CTATAGCAAAAATACTGTTATTGAAAAAAAGGCTTAGAACGCCTCTATGATAAAACAATT	897 863
	***** *	
47022 A23_2321 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CCAACATGAAGATGGCTATCGTGTCCACAATCGTTGACGATAATAGCAATACAATCGCAC GCAAAACACTGATGGTTTTAAGGTATCCATTGCAATACTTATGACAATAAACCTTTAGA	957 923
	*** *	
47022 A23_2321 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TACATTAATAGAGAAAAGAAAAGATGGCAAAGATATCAACTAACTATTTGATGCTAA CACATTATTGGAGAAAAGGCTGAAACGGAAAAGATCTTCATTTAACTATAGATGCTAG	1017 983
	***** *	
47022 A23_2321 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	AGTTCAAAAGAGATTTTATAACAACATGAAAATGATTATGGCTCAGGTACTGCTATCCA AGTACAAGAAAGTATTTATAACATATGAAAATGACGATGGATCTGGTACAGCATTACA	1077 1043
	** *	
47022 A23_2321 blood	CCCTCAAACAGGTGAATTATTAGCACTTGTAAAGCACACCTTCATATGACGTCATCCATT	1137

gen_mecC_2prot_PBP2a	ACCAAAAACGGAGAAATTTTAGCTTTGGTAAGTACCCCATCGTACGATGTTTATCCATT ** ** *	1103
47022 A23_2321 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TATGTATGGCATGAGTAACGAAGAATAATAAATAAACCGAAGATAAAAAAGAACCTCT CATGAATGGATTAAGCAATAATGACTACCGTAAATTAACAATAAAAAAGAGCCTTT *	1197 1163
47022 A23_2321 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	GCTCAACAAGTTCAGATTACAACCTCACCAGGTTCAACTCAAAAAATATTAACAGCAAT GCTCAACAAATTTCAAATCACTACATCACCAGGTTCAACCCAAAAATATTAACATCTAT ***** *	1257 1223
47022 A23_2321 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	GATTGGGTTAAATAACAAAACATTAGACGATAAAACAAGTTATAAAATCGATGGTAAAGG TATAGCCTTAAAGAAAATAAACTAGACAAAAATACTAATTTTGATATTTATGGTAAAGG *	1317 1283
47022 A23_2321 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TTGGCAAAAAGATAAATCTTGGGGTGGTTACAACGTTACAAGATATGAAGTGGTAAATGG TTGGCAAAAAGATGCATCATGGGGTAATTATAATATCACAAAGATTAAAGTAGTAGACGG ***** *	1377 1343
47022 A23_2321 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TAATATCGACTTAAACAAGCAATAGAATCATCAGATAACATTTTCTTTGCTAGAGTAGC CAATATCGATTTAAAGCAAGCAATAGAATCATCAGACAACATATTTTTGCCCGCATTGC ***** *	1437 1403
47022 A23_2321 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	ACTCGAATTAGGCAGTAAGAAATTTGAAAAAGGCATGAAAAAAGTGGTGGTGAAGA ATTAGCATTAGGAGCCAAAAATTTGAGCAAGGTATGCAAGATTGGGAATCGGTGAAAA *	1497 1463
47022 A23_2321 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TATACCAAGTGATTATCCATTTTATAATGCTCAAATTTCAAACAAAAATTTAGATAATGA TATCCCGAGTGATTATCCCTTTTATAAAGCACAAATCTCAAATAGTAATTTAAAAAATGA *** *	1557 1523
47022 A23_2321 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	AATATTATTAGCTGATTACGATTACGGACAAGGTGAAATACTGATTAACCCAGTACAGAT AATATTATTAGCAGATTACGATATGGCCAAGCGAGATACTAGTAAACCCATATACAAAT ***** *	1617 1583
47022 A23_2321 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CCTTCAATCTATAGCGCATTAGAAAATAATGGCAATATTAACGCACCTCACTTATTTAA TTTATCAATATACAGTGCTTTAGAAAATAACGGAATATACAAAATCCTCATGTTTACG *	1677 1643
47022 A23_2321 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	AGACACGAAAAACAAGTTTGAAGAAAAATATTATTTCCAAGAAAAATATCAATCTATT TAAAACAAAATCTCAAATATGGAAAAAGATATTATACCTAAAAAGACATAGATATATT *	1737 1703
47022 A23_2321 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	AACTGATGGTATGCAACAAGTCGTAATAAAACACATAAAGAAGATATTTATAGATCTTA AACTAATGGTATGGACGTGTAGTTAATAAAACACATAGGGATGATATATACAAAATTA **** *	1797 1763
47022 A23_2321 blood	TGCAAACCTAATTGGCAAATCCGGTACTGCAGAACTCAAATGAAACAAGGAGAACTGG	1857

	gen_mecC_2prot_PBP2a	TGCCCGAATTATTGGTAAATCTGGCACAGCAGAATTAAAAATGAATCAAGGGGAACTGG *** * ***** ** * ** * ***** * ***** * ** * *****	1823	
	47022 A23_2321 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CAGACAAATGGGTGGTTTATATCATATGATAAAGATAATCCAAACATGATGATGGCTAT AAGACAAATAGGTTGGTTTGTTCATATAAAAAATAATCCTAATATGTTAATGGCGAT ***** ** * ***** * ***** * ***** * ***** * ** * *****	1917 1883	
	47022 A23_2321 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TAATGTAAAGATGTACAAGATAAAGGAATGGCTAGCTACAATGCCAAAATCTCAGGTAA TAATGTAAAGACGTTCAAAATAAAGGGATGGCCAGCTATAATGCTACTATATCTGGAAA ***** ** * ***** * ***** * ***** * ***** * ** * *****	1977 1943	
	47022 A23_2321 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	AGTGATGATGAGCTATATGAGAACGGTAATAAAAAATACGATATAGATGAATAACAAAA AGTTTATGATGATTTGTATGATAATGGAAAACTCAATTTGATATAGATCAGTAA----- *** ***** * ***** ** * ** * * * * * * * * * * * * * * * * * *	2037 1998	
47023	47023 A23_2388 ascites gen_mecC_2prot_PBP2a	GTAGTCTTATATAAGGAGGATATTGATGAAAAAGATAAAA---ATTGTTCACCTATTTT -----ATGAAAAAATTTATATTAGTGTGCTAGTTCTTTT ***** ** * * * * * * * * * * * *	57 35	68.47%
	47023 A23_2388 ascites gen_mecC_2prot_PBP2a	AATAGTTGTAGTTGTCGGGTTTGGTATATATTTTTATGCTTCAAAGATAAAGAAATTAA ACTAATTATGATTAT-----AATAACTTGGTTATTCAAAGATGACGATATTGA *	117 83	
	47023 A23_2388 ascites gen_mecC_2prot_PBP2a	TAATACTATTGATGCAATGAAGATAAAAATTTCAAACAAGTTTATAAAGATAGCAGTTA GAAAACAATTAGTTCTATTGAAAAGGAAACTATAACGAAAGTATATAAAAAATAGTTCAGA *	177 143	
	47023 A23_2388 ascites gen_mecC_2prot_PBP2a	TATTTCTAAAAGCGATAATGGTGAAGTAGAAATGACTGAACGTCGGATAAAAAATATATAA AAAATCTAACTGGCATAATGGAGAAGAAGAAATGTAGATAGGAATAAAAAATTTACAA * ***** * ***** * ***** * ***** * * * * * * * * * * * *	237 203	
	47023 A23_2388 ascites gen_mecC_2prot_PBP2a	TAGTTTAGCGTTAAAGATATAAACATTGAGGATCGTAAAATAAAAAAGTATCTAAAAA AGATTTAAGTGTCAATAACTTAAAATTAATAATCATGAAATTAATAAACTGGAAGAA *	297 263	
	47023 A23_2388 ascites gen_mecC_2prot_PBP2a	TAAAAACGAGTAGATGCTCAATATAAAATTAACAACAACTACGGTAACATTGATCGCAA TAAAAAGCAAGTTGATGTAAATATAACATATATACAAAATATGGAACATAACGACGTAA ***** *	357 323	
	47023 A23_2388 ascites gen_mecC_2prot_PBP2a	CGTTCATTTAATTTTGTAAAGAAAGATGGTATGTGGAAGTTAGATTGGGATCATAGCGT TACACAATTAACCTTTATTTATGAAGATAAGCATTGGAATTTAGATTGGAGACCAGACGT ***** ** *	417 383	
	47023 A23_2388 ascites gen_mecC_2prot_PBP2a	CATTATTCAGGAATGCAGAAAGACCAAAAGCATAATTTGAAAATTTAAAATCAGAACG AATAGTACCTGGTTTGA AAAATGGACAGAAAATTAATATAGAAACATTTAAAATCAGAGCG *	477 443	
	47023 A23_2388 ascites	TGGTAAAATTTTAGACCGAAACAATGTGGAATTGGCCAATACAGGAACAGCATATGAGAT	537	

gen_mecC_2prot_PBP2a	AGGCAAAATAAAAGATAGAAATGGTATAGAATTAGCTAAAAGTGGAAATACATATGAAAT ** ***** ** * ** *	503
47023 A23_2388 ascites gen_mecC_2prot_PBP2a	AGGCATCGTTCCAAAGAATGTATCTAAAAAGATTATAAAGCAATCGCTAAAGAAGTAAAG CGGTATTGTCCCTAACAAAACCCCAAAGAAAATATGATGATATTGCTCGTGACTTACA *	597 563
47023 A23_2388 ascites gen_mecC_2prot_PBP2a	TATTTCTGAAGACTATATCAAACAACAATGGATCAAAATGGGTACAAGATGATACCTT AATTGATACAAAAGCTATAACCAATAAAGTTAATCAAAAATGGGTTTCAGCCAGATTCATT *	657 623
47023 A23_2388 ascites gen_mecC_2prot_PBP2a	CGTTCCACTTAAAACCGTAAAAAAATGGATGAATATTTAAGTGATTTTCGCAAAAAAATT TGTACCAATTAAAAAGATAAATAAACAAGATGAATATATAGACAAATTAATTAATCATA *	717 683
47023 A23_2388 ascites gen_mecC_2prot_PBP2a	TCATCTTACAACATAATGAACAGAAAGTCGTAACCTATCTTAGGAAAAGCGACTTCACA CAATTTACAAATAAACACTATAAAAAGCCGTGTTTATCCATTGAACGAAGCAACAGTACA *	777 743
47023 A23_2388 ascites gen_mecC_2prot_PBP2a	TCTATTAGGTTATGTTGGTCCCATTAACTCTGAAGAATTAAAACAAAAAGAATATAAAGG CCTTTTAGGTTATGTGGGTTCAATTAATCTGCAGAGTAAAAAGTAAGCAATTTAGAAA *	837 803
47023 A23_2388 ascites gen_mecC_2prot_PBP2a	CTATAAGATGATGCAGTTATTGGTAAAAAGGGACTCGAAAACTTTACGATAAAAAGCT CTATAGCAAAAATACTGTATTGGAAAAAAAGGCTTAGAACGCCTCTATGATAAACAATT ***** *	897 863
47023 A23_2388 ascites gen_mecC_2prot_PBP2a	CCAACATGAAGATGGCTATCGTGTACAAATCGTTGACGATAATAGCAATACAATCGCACA GCAAAACACTGATGGTTTTAAGGTATCCATTGCAAATACTTATGACAATAAACCTTTAGA *	957 923
47023 A23_2388 ascites gen_mecC_2prot_PBP2a	TACATTAATAGAGAAAAAGAAAAAGATGGCAAGATATTCAACTAATATTGATGCTAA CACATTATTGGAGAAAAAGGCTGAAAACGGAAAAGATCTTCATTTAACTATAGATGCTAG ***** *	1017 983
47023 A23_2388 ascites gen_mecC_2prot_PBP2a	AGTCAAAAAGAGTATTTATAACAACATGAAAAATGATTATGGCTCAGGTTACTGCTATCCA AGTACAAGAAAGTATTTATAACATATGAAAAATGACGATGGATCTGGTACAGCATTACA *	1077 1043
47023 A23_2388 ascites gen_mecC_2prot_PBP2a	CCCTCAAACAGGTGAATTATTAGCACTTGTAAAGCACACCTTCATATGACGCTATCCATT ACCAAAAAGTGGAGAAATTTAGCTTTGGTAAGTACCCCATCGTACGATGTTTATCCATT *	1137 1103
47023 A23_2388 ascites gen_mecC_2prot_PBP2a	TATGTATGGCATGAGTAACGAAGAATATAATAAATTAACCGAAGATAAAAAGAACCTCT CATGAATGGATTAGCAATAATGACTACCGTAATTAACCAATAAAAAAGGCCTTT *	1197 1163
47023 A23_2388 ascites	GCTCAACAAGTTCAGATTACAACCTCACAGGTTCAACTCAAAAATATTAACAGCAAT	1257

gen_mecC_2prot_PBP2a	GCTCAACAAATTTCAAATCACTACATCACCAGGTTCAACCCAAAAATATTAACATCTAT ***** *	1223
47023 A23_2388 ascites gen_mecC_2prot_PBP2a	GATTGGGTAAATAACAAAACATTAGACGATAAAAACAAGTTATAAAATCGATGGTAAAGG TATAGCCTTAAAAGAAAATAAC TAGACAAAATACTAATTTTATGATTTATGGTAAGGG *	1317 1283
47023 A23_2388 ascites gen_mecC_2prot_PBP2a	TTGGCAAAAAGATAAATCTGGGGTGGTTACAACGTTACAAGATATGAAGTGGTAAATGG TTGGCAAAAAGATGCATCATGGGGTAATTATAATACACAAGATTTAAAGTAGTAGACGG ***** *	1377 1343
47023 A23_2388 ascites gen_mecC_2prot_PBP2a	TAATATCGACTTAAACAAGCAATAGAATCATCAGATAACATTTCTTTGCTAGAGTAGC CAATATCGATTTAAAGCAAGCAATAGAATCATCAGACAACATATTTTTGCCCCGATTGC ***** *	1437 1403
47023 A23_2388 ascites gen_mecC_2prot_PBP2a	ACTCGAATTAGGCAGTAAGAAATTTGAAAAAGGCATGAAAAACTAGGTGTTGGTGAAGA ATTAGCATTAGGACCCAAAAATTTGAGCAAGGTATGCAAGATTTGGGAATCGGTGAAAA *	1497 1463
47023 A23_2388 ascites gen_mecC_2prot_PBP2a	TATACCAAGTGATATCCATTTTATAATGCTCAAATTTCAAACAAAAATTTAGATAATGA TATCCCGAGTGATATCCCTTTTATAAAGCACAAATCTCAAATAGTAATTTAAAAATGA *** ** *	1557 1523
47023 A23_2388 ascites gen_mecC_2prot_PBP2a	AATATTATTAGCTGATTCAGGTTACGGACAAGGTGAAATACTGATTAACCCAGTACAGAT AATATTATTAGCAGATTCAGGATATGGCCAAGGCGAGATACTAGTAAACCCTATACAAT ***** *	1617 1583
47023 A23_2388 ascites gen_mecC_2prot_PBP2a	CCTTCAATCTATAGCGCATTAGAAAATAATGGCAATATTAACGCACCTCACTTATTAAA TTTATCAATATACAGTGCTTTAGAAAATAACGGAAATATACAAAATCCTCATGTTTTACG *	1677 1643
47023 A23_2388 ascites gen_mecC_2prot_PBP2a	AGACACGAAAAACAAAGTTTGGAAAGAAAAATATTTTCCAAAGAAAATATCAATCTATT TAAAACAAATCTCAAATATGGAAAAAGATAATATACCTAAAAAGACATAGATATATT *	1737 1703
47023 A23_2388 ascites gen_mecC_2prot_PBP2a	AACTGATGGTATGCAACAAGTCGTAATAAAAACACATAAAGAAGATATTTATAGATCTTA AACTAATGGTATGGAACGTGTAGTTAATAAAAACACATAGGGATGATATATACAAAAATTA **** *	1797 1763
47023 A23_2388 ascites gen_mecC_2prot_PBP2a	TGCAAACCTAATTTGGCAAAATCCGGTACTGCAGAACTCAAATGAAACAAGGAGAACTGG TGCCCGAATTAATTTGGTAAATCTGGCACAGCAGAAATTAATAATGAATCAAGGGGAACTGG *** *	1857 1823
47023 A23_2388 ascites gen_mecC_2prot_PBP2a	CAGACAAATTTGGGTGGTTTATATCATATGATAAGATAATCCAACATGATGATGGCTAT AAGACAAATAGGTTGGTTTGGTTTCATATAATAAAAATAATCCTAATATGTTAATGGCGAT ***** *	1917 1883
47023 A23_2388 ascites	TAATGTTAAAGATGTACAAGATAAAGGAATGGCTAGCTACAATGCCAAATCTCAGGTAA	1977

	gen_mecC_2prot_PBP2a	TAATGTTAAAGACGTTCAAATAAAGGGATGGCCAGCTATAATGCTACTATATCTGGAAA ***** *	1943	
	47023 A23_2388 ascites gen_mecC_2prot_PBP2a	AGTGTATGATGAGCTATATGAGAACGGTAATAAAAAATACGATATAGATGAATAACAAAA AGTTTATGATGATTTGTATGATAATGGAAAACCAATTTGATATAGATCAGTAA----- *** *	2037 1998	
47024	47024 A23_2438 blood ST-5 gen_mecC_2prot_PBP2a	GTAGCTTATATAAGGAGGATATGATGAAAAAGATAAAA--ATTGTTCCACTTATTTT -----ATGAAAAAAATTTATATTTAGTGTGCTAGTTCTTTT ***** *	57 35	68.47%
	47024 A23_2438 blood ST-5 gen_mecC_2prot_PBP2a	AATAGTTGTAGTTGTCGGGTTTGGTATATATTTTTATGCTTCAAAGATAAAGAAATTA ACTAATTATGATTAT-----AATAACTTGGTTATTCAAAGATGACGATATTTGA *	117 83	
	47024 A23_2438 blood ST-5 gen_mecC_2prot_PBP2a	TAATACTATTGATGCAATTGAAGATAAAAATTTCAAACAAGTTTATAAAGATAGCAGTTA GAAAACAATTAGTTCTATTGAAAAAGGAAACTATAACGAAGTATATAAAAAATGTTCCAGA *	177 143	
	47024 A23_2438 blood ST-5 gen_mecC_2prot_PBP2a	TATTTCTAAAAGCGATAATGGTGAAGTAGAAAATGACTGAACGTCCGATAAAAAATATATA AAAATCTAACTGGCATATGAGAGAAGAAATTTGATGATAGGAATAAAAAAATTTACAA *	237 203	
	47024 A23_2438 blood ST-5 gen_mecC_2prot_PBP2a	TAGTTTAGCGTTAAAGATATAAACATTCAGGATCGTAAAAATAAAAAAGTATCTAAAA AGATTTAAGTGTCAATAACTTAAAAATTTACTAATCATGAAATTAAAAAACTGGAAAAAG *	297 263	
	47024 A23_2438 blood ST-5 gen_mecC_2prot_PBP2a	TAAAAACGAGTAGATGCTCAATATAAAAATTTAAAACAACTACGGTAACATTGATCGCAA TAAAAAGCAAGTTGATGTTAATATAACATATATACAAAATATGGAATACGACGTAA ***** *	357 323	
	47024 A23_2438 blood ST-5 gen_mecC_2prot_PBP2a	CGTTCAATTTAATTTTGTAAAGAAGATGGTATGTTGGAAGTTAGATTGGGATCATAGCGT TACACAATTAAGCTTTTATTGAAAGATAAGCATTGGAAATTAGATTGGAGACCAGACGT ***** *	417 383	
	47024 A23_2438 blood ST-5 gen_mecC_2prot_PBP2a	CATTATCCGGAATGCAGAAAGACCAAAGCATACATATTGAAAATTTAAAATCAGAACG AATAGTACCTGGTTTGAAAAATGGACAGAAAATTAATATAGAAACATTAATATCAGAGCG *	477 443	
	47024 A23_2438 blood ST-5 gen_mecC_2prot_PBP2a	TGGTAAAAATTTAGACCGAAACAATGTGGAATTTGGCCAATACAGGAACAGCATATGAGAT AGGCAAAATAAAGATAGAAAATGGTATAGAAATAGCTAAAACGGAAATACATATGAAAT *	537 503	
	47024 A23_2438 blood ST-5 gen_mecC_2prot_PBP2a	AGGCATCGTTCCAAGAATGTATCTAAAAAAGATTATAAGCAATCGTAAAGAACTAAG CGGTATGTCCCTAACAAAACACCCAAAAGAAAATATGATGATATTGCTCGTGACTTACA *	597 563	
	47024 A23_2438 blood ST-5	TATTTCTGAAGACTATATCAAACAACAATGGATCAAATTTGGGTACAAGATGATACCTT	657	

gen_mecC_2prot_PBP2a	AATTGATACAAAAGCTATAACCAATAAAGTTAATCAAAAATGGGTTTCAGCCAGATTCATT *** *	623
47024 A23_2438 blood ST-5	CGTTCCACTTAAAACCGTTAAAAAATGGATGAATATTTAAGTGATTCGCAAAAAAATT	717
gen_mecC_2prot_PBP2a	TGTACCAATTA AAAAGATAAAATAACAAGATGAATATATAGACAAATTAATTAATCATA *	683
47024 A23_2438 blood ST-5	TCATCTTACAATAATGAAACAGAAAGTCGTAACCTCCTCTAGGAAAAGCGACTTCACA	777
gen_mecC_2prot_PBP2a	CAATTTACAAATAAACACTATAAAAAGCCGTGTTTATCCATTGAACGAAGCAACAGTACA *	743
47024 A23_2438 blood ST-5	TCTATTAGGTTATGTTGGTCCCATTAACCTCTGAAGAATTA AAAAAGAAATATAAAGG	837
gen_mecC_2prot_PBP2a	CCTTTTAGGTTATGTGGTCCAAATTAATCTGACGAGTTAAAAGTAAGCAATTTAGAAA *	803
47024 A23_2438 blood ST-5	CTATAAAGATGATGCAGTTATTTGGTAAAAAGGGACTCGAAAAACTTTACGATAAAAAGCT	897
gen_mecC_2prot_PBP2a	CTATAGCAAAAATACTGTTATTTGGAAAAAAGGCTTAGAACGCCTCTATGATAACAATT *	863
47024 A23_2438 blood ST-5	CCAACATGAAGATGGCTATCGTGTCAACAATCGTTGACGATAATAGCAATACAAATCGCACA	957
gen_mecC_2prot_PBP2a	GCAAAACACTGATGGTTTTAAGGTATCCATTGCAAATACTTATGACAATAAACCTTTAGA *	923
47024 A23_2438 blood ST-5	TACATTAATAGAGAAAAAGAAAAAGATGGCAAAGATATCAACTAATATGATGCTAA	1017
gen_mecC_2prot_PBP2a	CACATTAATGGAGAAAAAGGCTGAAAACGAAAAGATCTTCATTTAACTATAGATGCTAG *	983
47024 A23_2438 blood ST-5	AGTTCAAAGAGTATTTATAACAACATGAAAAATGATTATGGCTCAGGTACTGCTATCCA	1077
gen_mecC_2prot_PBP2a	AGTACAAGAAAGTATTTATAAACATATGAAAAATGACGATGGATCTGGTACAGCATTACA *	1043
47024 A23_2438 blood ST-5	CCCTCAAACAGGTGAATTATTAGCACTTGTAAGCACACCTTCATATGACGTCTATCCATT	1137
gen_mecC_2prot_PBP2a	ACCAAAACTGGAGAAATTTTAGCTTTGGTAAGTACCCCATCGTACGATGTTTATCCATT *	1103
47024 A23_2438 blood ST-5	TATGTTATGGCATGAGTAAACGAAGAATATAATAAATTAACCGAAGATAAAAAAGAACCTCT	1197
gen_mecC_2prot_PBP2a	CATGAATGGATTAAGCAATAATGACTACCGTAAATTAACCAACAATAAAAAAGAGCCTTT *	1163
47024 A23_2438 blood ST-5	GCTCAACAAGTCCAGATTACAACCTCACCAGGTTCAACTCAAAAAATATTAACAGCAAT	1257
gen_mecC_2prot_PBP2a	GCTCAACAATTTCAATCACTACATCACCAGGTTCAACCAAAAAATATTAACATCTAT *	1223
47024 A23_2438 blood ST-5	GATTGGGTTAAATAACAAAACATTAGACGATAAAAACAGTTATAAAATCGATGGTAAAGG	1317
gen_mecC_2prot_PBP2a	TATAGCCTTAAAAGAAAATAAATACTAGACAAAATACTAATTTTGATATTTATGGTAAAGG *	1283
47024 A23_2438 blood ST-5	TTGGCAAAAAGATAAATCTTGGGGTGGTTACAACGTTACAAGATATGAAGTGGTAAATGG	1377

	gen_mecC_2prot_PBP2a	TTGGCAAAAAGATGCATCATGGGGTAATTATAATATCACAGATTTAAAGTAGTAGCGG ***** ** *	1343	
47024	A23_2438 blood ST-5	TAATATCGACTTAAACAAGCAATAGAATCATCAGATAACATTTTCTTTGCTAGAGTAGC	1437	
	gen_mecC_2prot_PBP2a	CAATATCGATTTAAAGCAAGCAATAGAATCATCAGACAACATATTTTTTGCCCGCATTGC ***** ** *	1403	
47024	A23_2438 blood ST-5	ACTCGAATTAGGCAGTAAAGAAATTTGAAAAAGGCATGAAAAAACTAGGTGTTGGTGAAGA	1497	
	gen_mecC_2prot_PBP2a	ATTAGCATTAGGAGCCAAAAATTTGAGCAAGGTATGCAAGATTTGGGAATCGGTGAAAA *	1463	
47024	A23_2438 blood ST-5	TATACCAAGTGATTATCCATTTTATAATGCTCAAATTTCAAACAAAAATTTAGATAATGA	1557	
	gen_mecC_2prot_PBP2a	TATCCCGAGTGATTATCCCTTTTATAAAGCACAAATCTCAAATAGTAATTTAAAAAATGA *** ** *	1523	
47024	A23_2438 blood ST-5	AATATTATTAGCTGATTCAGGTTACGGACAAGGTGAAATACTGATTAACCCAGTACAGAT	1617	
	gen_mecC_2prot_PBP2a	AATATTATTAGCAGATTCAGGATATGGCCAAGGCGAGATACTAGTAAACCCATACAAAT ***** ** *	1583	
47024	A23_2438 blood ST-5	CCTTTC AATCTATAGCGCATTAGAAAATAATGGCAATTAACGCACCTCACTTATATAA	1677	
	gen_mecC_2prot_PBP2a	TTTATCAATATACAGTGCTTTAGAAAATAACGGAAATATACAAAATCCTCATGTTTACG *	1643	
47024	A23_2438 blood ST-5	AGACACAAAAACAAAGTTTGGAAAGAAAATATTATTTCCAAAGAAAATATCAATCTATT	1737	
	gen_mecC_2prot_PBP2a	TAAAACAAAATCTCAAATATGGAAAAAGATATTATACCTAAAAAGACATAGATATATT * ** *	1703	
47024	A23_2438 blood ST-5	AACTGATGGTATGCAACAAGTCGTAAATAAACACATAAAGAAGATATTTATAGATCTTA	1797	
	gen_mecC_2prot_PBP2a	AACTAATGGTATGGAACGTGTAGTTAATAAACACATAGGGATGATATATACAAAAATTA *** *	1763	
47024	A23_2438 blood ST-5	TGCAAACCTAATTGGCAAATCCGGTACTGCAGAACTCAAATGAAACAAGGAGAACTGG	1857	
	gen_mecC_2prot_PBP2a	TGCCCCGAATTATTTGGTAAATCTGGCAGCAGCAATTAATAATGAAATCAAGGGGAACTGG *** *	1823	
47024	A23_2438 blood ST-5	CAGACAAATGGGTGGTTTATATCATATGATAAAGATAATCCAACATGATGATGGCTAT	1917	
	gen_mecC_2prot_PBP2a	AAGACAAATAGTTGGTTTGTTCATATAATAAAAAATAATCCTAATATGTTAATGGCGAT ***** ** *	1883	
47024	A23_2438 blood ST-5	TAATGTAAAGATGTACAAGATAAAGGAATGGCTAGCTACAATGCCAAAATCTCAGGTAA	1977	
	gen_mecC_2prot_PBP2a	TAATGTAAAGACGTTCAAATAAAGGGATGGCCAGCTATAATGCTACTATATCTGGAAA ***** ** *	1943	
47024	A23_2438 blood ST-5	AGTGTATGATGAGCTATATGAGAACGGTAATAAAAAATACGATATAGATGAATAACAAAA	2037	
	gen_mecC_2prot_PBP2a	AGTTTATGATGATTTGTATGATAATGGAAAACTCAATTTGATATAGATCAGTAA----- *** *	1998	
47025	47025 A23_2511 blood ST-8	GTAGTCTTATATAAGGAGTATATTGATGAAAAGATAAAA--ATTGTTCCACTTATTTT	57	68.47%

gen_mecC_2prot_PBP2a	-----ATGAAAAAATTTATATTAGTGTGCTAGTTCCTTT ***** * * * * * * * * * *	35
47025 A23_2511 blood ST-8	AATAGTTGTAGTTGTCGGGTTTGGTATATATTTTTATGCTTCAAAAGATAAAGAAATTAA	117
gen_mecC_2prot_PBP2a	ACTAATTATGATTAT-----AATAACTGGTTATTCAAAGATGACGATATTGA *	83
47025 A23_2511 blood ST-8	TAATACTATTGATGCAATTGAAGATAAAAAATTTCAACAAGTTTATAAAGATAGCAGTTA	177
gen_mecC_2prot_PBP2a	GAAAACAATTAGTTCTATTGAAAAGGAAACATAACGAAGTATATAAAAAAGTTTCAGA *	143
47025 A23_2511 blood ST-8	TATTTCTAAAAGCGATAATGGTGAAGTAGAAATGACTGAACGTCCGATAAAAAATATATAA	237
gen_mecC_2prot_PBP2a	AAAATCTAAACTGGCATATGGAGAAGAAGAAATGTAGATAGGAATAAAAAATTTACAA *	203
47025 A23_2511 blood ST-8	TAGTTTAGCGCTTAAAGATATAAACATTCAGGATCGTAAAAATAAAAAAGTATCTAAAAA	297
gen_mecC_2prot_PBP2a	AGATTTAAGTGTCAATAACTTAAAAATTAATAATCATGAAATTAAAAAACTGGAAAAAGA *	263
47025 A23_2511 blood ST-8	TAAAAACGAGTAGATGCTCAATATAAAATTAACAACAACTACGGTAACATGATCGCAA	357
gen_mecC_2prot_PBP2a	TAAAAAGCAAGTTGATGTTAAATATAACATATATACAAAATATGGAACATACGACGTAA ***** *	323
47025 A23_2511 blood ST-8	CGTTCAATTTAATTTTGTAAAGAAGATGGTATGTGGAAGTTAGATTGGGATCATAGCGT	417
gen_mecC_2prot_PBP2a	TACACAATTAACCTTTATTTATGAAGATAAGCATGGAAATTAGATTGGAGACCAGACGT ***** *	383
47025 A23_2511 blood ST-8	CATTATTCAGGAATGCAGAAAGACCAAGCATACATATTGAAAATTTAAATCAGAACG	477
gen_mecC_2prot_PBP2a	AATAGTACCTGGTTTGAAAAATGGACAGAAAATTAATATAGAAACATTAATCAGAGCG *	443
47025 A23_2511 blood ST-8	TGGTAAAATTTTAGACCGAAACAATGTGGAATTGGCCAATACAGGAACAGCATATGAGAT	537
gen_mecC_2prot_PBP2a	AGGCAAAATAAAGATAGAAATGGTATAGAATTAGCTAAAACGGAAATACATATGAAAT *	503
47025 A23_2511 blood ST-8	AGGCATCGTTCCAAAGATGTATCTAAAAAAGATTATAAAGCAATCGTAAAGAACTAAG	597
gen_mecC_2prot_PBP2a	CGGTATTGTCCCTAACAAAACACCCAAAGAAAAATATGATGATATTGCTCGTACTTACA *	563
47025 A23_2511 blood ST-8	TATTTCTGAAGACTATATCAACAACAAATGGATCAAAATGGGTACAAGATGATACCTT	657
gen_mecC_2prot_PBP2a	AATTGATACAAAAGCTATAACCAATAAGTTAATCAAAAATGGGTTGAGCCAGATTGATT *	623
47025 A23_2511 blood ST-8	CGTTCACCTTAAACCCTTAAAAAATGGATGAATATTTAAGTGATTCGCAAAAAAATT	717
gen_mecC_2prot_PBP2a	TGTACCAATTA AAAAGATAAAATAAACAGATGAATATATAGACAAATTAATTAATCATA *	683
47025 A23_2511 blood ST-8	TCATCTTACAACCTAATGAAACAGAAAGTCGTAACCTATCCTCTAGGAAAAGCGACTTACA	777

gen_mecC_2prot_PBP2a	CAATTTACAAATAAACACTATAAAAAGCCGTGTTTATCCATTGAACGAAGCAACAGTACA ** * ** ** * * ** * ** * ** * * ** * ** * **	743
47025 A23_2511 blood ST-8	TCTATTAGGTTATGTTGGTCCCATTAACTCTGAAGAATTAACAACAAAAAGATATAAAGG	837
gen_mecC_2prot_PBP2a	CCTTTTAGGTTATGTGGGTCCAATTAATCTGACGAGTTAAAAAGTAAAGCAATTTAGAAA ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** *	803
47025 A23_2511 blood ST-8	CTATAAGATGATGCGATTATGGTAAAAAGGGACTCGAAAACTTTACGATAAAAAGCT	897
gen_mecC_2prot_PBP2a	CTATAGCAAAAATACTGTTATTGGAAAAAGGCTTAGAACGCCTCTATGATAAACCAATT ***** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** *	863
47025 A23_2511 blood ST-8	CCAACATGAAGATGGCTATCGTGTCAACAATCGTTGACGATAATAGCAATACAATCGCACA	957
gen_mecC_2prot_PBP2a	GCAAAACACTGATGGTTTTAAGGTATCCATTGCAAATACTTATGACAATAAACCTTTAGA *** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** *	923
47025 A23_2511 blood ST-8	TACATTAAATAGAGAAAAAGAAAAAGATGGCAAAGATATTCAACTACTATTGATGCTAA	1017
gen_mecC_2prot_PBP2a	CACATTATTGGAGAAAAAGGCTGAAACGGAAGATCTTCATTTAACTATAGATGCTAG ***** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** *	983
47025 A23_2511 blood ST-8	AGTTCAAAAGAGTATTTATAACAACATGAAAAATGATTATGGCTCAGGTACTGCTATCCA	1077
gen_mecC_2prot_PBP2a	AGTACAAGAAAGTATTTATAACATATGAAAAATGACGATGGATCTGGTACAGCATTACA *** ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** *	1043
47025 A23_2511 blood ST-8	CCCTCAACAGGTGAATTATTAGCACTTGTAAGCACACCTTCATATGACGTCTATCCATT	1137
gen_mecC_2prot_PBP2a	ACCAAAAACCTGGAGAAATTTTAGCTTTGGTAAGTACCCCATCGTACGATGTTTATCCATT * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** *	1103
47025 A23_2511 blood ST-8	TATGTATGGCATGAGTAACGAAGAATAATAAAATTAACCGAAGATAAAAAAGAACCTCT	1197
gen_mecC_2prot_PBP2a	CATGAATGGATTAAAGCAATAATGACTACCGTAAATTAACATAACAATAAAAAAGAGCCTTT *** ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** *	1163
47025 A23_2511 blood ST-8	GCTCAACAAGTTCAGATTACAACCTCACCAGGTTCAACTCAAAAAATATTAAACAGCAAT	1257
gen_mecC_2prot_PBP2a	GCTCAACAAATTTCAATCACTACATCACCAGGTTCAACCCAAAAAATATTAAACATCTAT ***** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** *	1223
47025 A23_2511 blood ST-8	GATTGGGTTAAATAACAAAACATTAGACGATAAAACAAGTTATAAAATCGATGGTAAAGG	1317
gen_mecC_2prot_PBP2a	TATAGCCTTAAAAGAAAAATAACTAGACAAAAATACTAATTTTGATATTTATGGTAAAGG * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** *	1283
47025 A23_2511 blood ST-8	TTGGCAAAAAGATAAACTTTGGGGTGGTTACAACGTTACAAGATATGAAGTGGTAAATGG	1377
gen_mecC_2prot_PBP2a	TTGGCAAAAAGATGCATCATGGGGTAATATAAATATCACAAAGATTTAAAGTAGTAGCGG ***** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** *	1343
47025 A23_2511 blood ST-8	TAATATCGACTTAAAACAAGCAATAGAATCATCAGATAACATTTTCTTTGCTAGAGTAGC	1437
gen_mecC_2prot_PBP2a	CAATATCGATTTAAAGCAAGCAATAGAATCATCAGACAACATATTTTGGCCGCATTGC ***** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** *	1403
47025 A23_2511 blood ST-8	ACTCGAATTAGGCAGTAAGAAATTTGAAAAAGGCATGAAAAACTAGGTGTTGGTGAAGA	1497

gen_mecC_2prot_PBP2a	GAAAACAATTAGTTCTATTGAAAAAGGAACTATAACGAAGTATATAAAAAATAGTTCAGA ** *	143
47026 A23_2537 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TATTTCTAAAAGCGATAATGGTGAAGTAGAAATGACTGAACGTCCGATAAAAAATATATAA AAAACTAAACTGGCATATGGAGAAGAAGAAATTGTAGATAGGAATAAAAAAATTTACAA *	237 203
47026 A23_2537 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TAGTTTAGGGCTTAAAGATATAAACATTGAGGATCGTAAAAATAAAAAAGTATCTAAAAA AGATTTAAGTGTCAATAACTTAAAAATTACTAATCATGAAATTAAAAAACTGGAAAAGA *	297 263
47026 A23_2537 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TAAAAACGAGTAGATGCTCAATATAAAATTAAAACAAACACGGTAACATTGATCGCAA TAAAAAGCAAGTTGATGTTAAATATAACATATATACAAAATATGGAACATACGACGTAA *	357 323
47026 A23_2537 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CGTTCAAATTTAATTTGTTAAAGAAGATGGTATGTGGAAGTTAGATTGGGATCATAGCGT TACACAATTAACCTTTATTTATGAAGATAAGCATTGGAATTAGATTGGAGACCAGACGT *	417 383
47026 A23_2537 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CATTATCCAGGAATGCAGAAAGACCAAAGCATAACATATTGAAAAATTTAAAAATCAGAACG AATAGTACCTGGTTTAAAAATGGACAGAAAATTAATATAGAAACATTTAAAAATCAGAGCG *	477 443
47026 A23_2537 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TGGTAAAATTTTAGACCGAAACAATGTGGAATTGGCCAATACAGGAACAGCATATGAGAT AGGCAAAAATAAAAGATAGAAATGGTATAGAATTAGCTAAAACCTGGAAATACATATGAAAT *	537 503
47026 A23_2537 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	AGGCATCGTTCCAAAGAATGTATCTAAAAAAGATTATAAAGCAATCGCTAAAGAACAAG CGGTATTGTCCCTAACAAAACACCCAAAGAAAAATATGATGATATTGCTCGTACTTACA *	597 563
47026 A23_2537 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TATTTCTGAAGACTATATCAAACAACAATGGATCAAATGGGTACAAGATGATACCTT AATTGATACAAAAGCTATAACCAATAAAGTTAATCAAAAATGGGTTACGCCAGATTCATT *	657 623
47026 A23_2537 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CGTTCACCTTAAAACCGTTAAAAAAATGGATGAATATTTAAGTATTTCGCAAAAAAAT TGTACCAATTA AAAAGATAAATAAACAAGATGAATATATAGACAAATTAATTAATCATA *	717 683
47026 A23_2537 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TCATCTTACAAC TAATGAACA AAAAGTCGTAAC TATCCTCTAGGAAAAGCGACTTCACA CAATTTACAATAAACACTATAAAAAGCCGTGTTTATCCATTGAACGAAGCAACAGTACA *	777 743
47026 A23_2537 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TCTATTAGGTTATGTTGGTCCCATTAACTCTGAAGAATTAACA AAAAGAAATATAAAGG CCTTTTAGGTTATGTGGTCCAATTAATCTGACGAGTTAAAAAGTAAGCAATTTAGAAA *	837 803
47026 A23_2537 blood	CTATAAAGATGATGCAGTTATTGGTAAAAAGGACTCGAAAACCTTACGATAAAAAGCT	897

gen_mecC_2prot_PBP2a	CTATAGCAAAAATACTGTTATTGGAAAAAAGGCTTAGAACGCCTCTATGATAACAATT ***** * ** * ***** ** * ** * ** * ** * ** * ** * **	863
47026 A23_2537 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CCAACATGAAGATGGCTATCGTGTACAATCGTTGACGATAATAGCAATACAATCGCACA GCAAAACACTGATGGTTTTAAGGTATCCATTGCAAATACTTATGACAATAAACCTTTAGA *** * ***** * * ** * ** * * * ** * ** * ** * ** * **	957 923
47026 A23_2537 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TACATTAATAGAGAAAAAGAAAAAGATGGCAAAGATATCAACTAACTATTGATGCTAA CACATTATTGGAGAAAAAGGCTGAAAACGGAAAAGATCTTCATTTAACTATAGATGCTAG ***** * ***** ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * **	1017 983
47026 A23_2537 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	AGTTCAAAAGAGTATTTATAACAACATGAAAAATGATTATGGCTCAGGTAAGTCTATCCA AGTACAAGAAAGTATTTATAACAATATGAAAAATGACGATGGATCTGGTACAGCATTACA *** ** * ***** * ***** ** * ** * ** * ** * ** * **	1077 1043
47026 A23_2537 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CCCTCAAACAGGTGAATTATTAGCACTTGTAAAGCACACCTTCATATGACGCTATCCATT ACCAAAAACGGAGAAATTTAGCTTTGGTAAAGTACCCCATCGTACGATGTTATCCATT ** **** * ** * * ** * * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * **	1137 1103
47026 A23_2537 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TATGTATGGCATGAGTAACGAAGAATAATAAAATTAACCGAAGATAAAAAAGAAGCTCT CATGAATGGATTAAGCAATAATGACTACCGTAAATTAACATAAAAAAGAGCCTTT *** **** * ** * * * ** * * ***** * ***** * ** * ** * ** * **	1197 1163
47026 A23_2537 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	GCTCAACAAGTTCAGATTACAACCTCACCAGGTTCAACTCAAAAAATATTAACAGCAAT GCTCAACAAATTTCAAATCACTACATCACCAGGTTCAACCAAAAAATATTAACATCTAT ***** * ** * ** * * ** * ***** ***** ***** * **	1257 1223
47026 A23_2537 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	GATTGGGTTAAATAACAAAACATTAGACGATAAAACAAGTTATAAAATCGATGGTAAAGG TATAGCCTTAAAAGAAAATAAACTAGACAAAATACTAATTTTGATATTTATGGTAAAGG * * * ***** * ** * * ** * * ** * ** * * ** * ** * ** * ** * **	1317 1283
47026 A23_2537 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TTGGCAAAAAGATAAATCTTGGGGTGGTTACAACGTTACAAGATATGAAGTGGTAAATGG TTGGCAAAAAGATGCATCATGGGGTAAATTATAATATCACAAAGATTTAAAGTAGTAGCGG ***** ***** ** ***** ** * * ***** * ** * ** * ** * **	1377 1343
47026 A23_2537 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TAATATCGACTTAAAACAAGCAATAGAATCATCAGATAACATTTTCTTTGCTAGAGTAGC CAATATCGATTTAAAGCAAGCAATAGAATCATCAGACAACATATTTTGGCCCGCATTGC ***** ***** ***** ***** ***** ***** * ** * ** * ** * **	1437 1403
47026 A23_2537 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	ACTCGAATTAGCGAGTAAGAAATTTGAAAAGGCATGAAAAAAGTAGGTGTTGGTGAAGA ATTAGCATTAGGAGCCAAAATTTGAGCAAGGTATGCAAGATTTGGGAATCGGTGAAAA * * * ***** ** ***** ** * ** * ** * * ** * * ** * ** * ** * **	1497 1463
47026 A23_2537 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TATACCAAGTGATTATCCATTTTATAATGCTCAAATTTCAACAAAAATTTAGATAATGA TATCCCGAGTGATTATCCCTTTTATAAAGCACAAATCTCAAATAGTAATTTAAAAATGA *** ** ***** ***** ** * ** * ** * * ** * ** * ** * ** * **	1557 1523
47026 A23_2537 blood	AATATTATTAGCTGATTCAGGTTACGGACAAGGTGAAATACTGATTAACCCAGTACAGAT	1617

	gen_mecC_2prot_PBP2a	AATATTATTAGCAGATTCAGGATATGGCCAAGGCGAGATACTAGTAAACCTATACAAAT *****	1583	
	47026 A23_2537 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CCTTTCAATCTATAGCGCATTAGAAAAATAAGCAATATTAACGCACCTCACTTATTA TTTATCAATATACAGTGCTTTAGAAAAAACGGAAATATACAAAATCCTCATGTTTACG * *****	1677 1643	
	47026 A23_2537 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	AGACACGAAAAACAAAGTTTGAAGAAAAATATTATTTCCAAAGAAAAATCAATCTATT TAAAACAAAATCTCAAATATGGAAAAAGATATTATACCTAAAAAGACATAGATATATT * * * * *	1737 1703	
	47026 A23_2537 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	AACTGATGGTATGCAACAAGTCGTAATAAAAAACATAAAGAAGATTTATAGATCTTA AACTAATGGTATGGAACGTGTAGTTAATAAAAAACATAGGGATGATATATACAAAATTA ****	1797 1763	
	47026 A23_2537 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TGCAAACTTAATGGCAAATCCGGTACTGCAGAACTCAAATGAAACAAGGAGAACTGG TGCCCGAATTATGGTAAATCTGGCACAGCAGAATAAAAATGAATCAAGGGGAACTGG ***	1857 1823	
	47026 A23_2537 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CAGACAAATTGGGTGGTTTATATCATATGATAAAGATAATCCAAACATGATGATGGCTAT AAGACAAATAGGTTGGTTTGTTCATATAAAAAATAATCCTAATATGTTAATGGCGAT *****	1917 1883	
	47026 A23_2537 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TAATGTTAAAGATGTACAAGATAAAGGAATGGCTAGCTACAATGCCAAAATCTCAGGTAA TAATGTTAAAGACGTTCAAATAAAGGGATGGCCAGCTATAATGCTACTATATCTGGAAA *****	1977 1943	
	47026 A23_2537 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	AGTGTATGATGAGCTATATGAGAACGGTAATAAAAAATACGATATAGATGAATAACAAAA AGTTTATGATGATTTGTATGATAATGGAAAAACTCAATTTGATATAGATCAGTAA----- ***	2037 1998	
47027	47027 A23_2538 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	GTAGTCTTATATAAGGAGGATATTGATGAAAAAGATAAAA--ATTGTTCCACTTATTTT -----ATGAAAAAATTTATATTAGTGTGCTAGTTCCTTTT *****	57 35	68.52%
	47027 A23_2538 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	AATAGTTGTAGTTGTCGGGTTTGGTATATATTTTTATGCTTCAAAGATAAAGAAATTA ACTAATTATGATTAT-----ATAAAGTTGTTATTCAAAGATGACGATATTGA * * * * *	117 83	
	47027 A23_2538 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TAATACTATTTGATGCAATTGAAGATAAAAAATTTCAAACAAGTTTATAAAGATAGCAGTTA GAAAACAATTAGTTCATTGAAAAAGAACTATAACGAAGTATATAAAAAATAGTCAGA * * * * *	177 143	
	47027 A23_2538 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TATTTCTAAAAGCGATAATGGTGAAGTAGAAATGACTGAACGTCGGATAAAAAATATATAA AAAACTAAACTGGCATATGGAGAAGAAGAAATTTAGATAGGAATAAAAAAATTTACAA * *****	237 203	
	47027 A23_2538 blood	TAGTTTAGCGTTAAAGATATAAACATTCAGGATCGTAAAAATAAAAAAGTATCTAAAAA	297	

gen_mecC_2prot_PBP2a	AGATTTAAGTGTCAATAACTTAAAAATTACTAATCATGAAATTAAAAAACTGGAAAAGA	263
	**** * ** *	
47027 A23_2538 blood	TAAAAACGAGTAGATGCTCAATATAAAATTAAAACAAACACGGTAACATTGATCGCAA	357
gen_mecC_2prot_PBP2a	TAAAAAGCAAGTTGATGTTAAATATAACATATATACAAAATATGGAACATACGACGTAA	323
	***** * ** *	
47027 A23_2538 blood	CGTTCAATTTAATTTTGTAAAGAAGATGGTATGTGGAAGTTAGATTGGGATCATAGCGT	417
gen_mecC_2prot_PBP2a	TACACAATTAACCTTTATTTTATGAAGATAAGCATTGGAAATTAGATTGGAGACCAGACGT	383
	***** ** *	
47027 A23_2538 blood	CATTATTCAGGAATGCAGAAAGACCAAAGCATAATATTGAAAATTTAAAATCAGAACG	477
gen_mecC_2prot_PBP2a	AATAGTACCTGGTTTAAAAATGGACAGAAAATTAATATAGAAACATTAATAACAGAGCG	443
	** *	
47027 A23_2538 blood	TGGTAAAATTTAGACCGAAACAATGTGGAATTGGCCAATACAGGAACAGCATATGAGAT	537
gen_mecC_2prot_PBP2a	AGGCAAAATAAAGATAGAAATGGTATAGAATTAGCTAAAATGGAAATACATATGAAAT	503
	** ***** ** *	
47027 A23_2538 blood	AGGCATCGTTCCAAAGAATGTATCTAAAAAAGATTATAAAGCAATCGCTAAAGAACTAAG	597
gen_mecC_2prot_PBP2a	CGGTATTGTCCTTAACAAAACACCCAAAAGAAAATATGATGATATTGCTCGTGACTTACA	563
	** *	
47027 A23_2538 blood	TATTTCTGAAGACTATATCAAACAACAATGGATCAAAATGGGTACAAGATGATACCTT	657
gen_mecC_2prot_PBP2a	AATTGATACAAAAGCTATAACCAATAAAGTTAATCAAAAATGGGTTCAGCCAGATTCATT	623
	*** *	
47027 A23_2538 blood	CGTTCCTTAAAACCGTTAAAAAAATGGATGAATATTTAAGTATTTCGCAAAAAAATT	717
gen_mecC_2prot_PBP2a	TGTACCAATTA AAAAGATAAATAAACAAGATGAATATATAGACAAATTAATTAATCATA	683
	** ** *	
47027 A23_2538 blood	TCATCTTACAATAATGAACA AAAAGTCGTAACATCCTCTAGGAAAAGCGACTTCACA	777
gen_mecC_2prot_PBP2a	CAATTTACAATAAACAATAA AAAAGCCGTGTTTATCCATGAACGAAGCAACAGTACA	743
	** *	
47027 A23_2538 blood	TCTATTAGGTTATGTGGTCCCATTA ACTCTGAAGAATTA AAAACAAAAGAATATAAAGG	837
gen_mecC_2prot_PBP2a	CCTTTTAGGTTATGTGGTCCAATTAATTCGACGAGTTAAAAGTAAGCAATTTAGAAA	803
	** ***** *	
47027 A23_2538 blood	CTATAAAGATGATGCAGTTATTTGGTAAAAAGGACTCGAAAACTTTACGATAAAAAGCT	897
gen_mecC_2prot_PBP2a	CTATAGCAAAAATACTGTTATTGGAAAAAAGGCTTAGAACGCCTCTATGATAACAATT	863
	***** *	
47027 A23_2538 blood	CCAACATGAAGATGGCTATCGTGTCACAATCGTTGACGATAATAGCAATACAATCGCACA	957
gen_mecC_2prot_PBP2a	GCAAAACACTGATGGTTTTAAGGTATCCATGCAATACTTATGACAATAAACCTTTAGA	923
	*** *	
47027 A23_2538 blood	TACATTAATAGAGAAAAGAAAAGATGGCAAAGATATCAACTAACTATTGATGCTAA	1017

gen_mecC_2prot_PBP2a	CACATTATTGGAGAAAAAGGCTGAAAACGGAAAAGATCTTCATTTAACTATAGATGCTAG ***** * ***** ** * * ***** ** * ***** *****	983
47027 A23_2538 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	AGTTCAAAAGAGTATTTATAACAACATGAAAAATGATTATGGCTCAGGTACTGCTATCCA AGTACAAGAAAGTATTTATAACAATATGAAAAATGACGATGGATCTGGTACAGCATTACA *** ** * ***** * ***** ** * ** * ** * ** *	1077 1043
47027 A23_2538 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CCCTCAAACAGGTGAATTATTAGCACTTGTAAGCACACCTTCATATGACGTCTATCCATT ACCAAAAACGGAGAAATTTAGCTTTGGTAAGTACCCCATCGTACGATGTTTATCCATT ** **** * ** * * ** * * ** * * ** * * ** * * ** * * *****	1137 1103
47027 A23_2538 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TATGTATGGCATGAGTAACGAAGAATATAATAAAATTAACCGAAGATAAAAAAGAACCTCT CATGAATGGATTAAGCAATAATGACTACCGTAAATTAACAATAAAAAAGAGCCTTT *** **** * ** * * * ** * * ***** * ***** ** * ** *	1197 1163
47027 A23_2538 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	GCTCAACAAGTTCAGATTACAACCTCACAGGTTCAACTCAAAAAATTAACAGCAAT GCTCAACAAATTTCAAATCACTACATCACAGGTTCAACCAAAAAATTAACATCTAT ***** ** * ** * * ** * ***** ***** ***** * **	1257 1223
47027 A23_2538 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	GATTGGTTAAATAACAAAACATTAGACGATAAAACAAGTTATAAAATCGATGGTAAAGG TATAGCCTTAAAAGAAAATAAACTAGACAAAAATACTAATTTTGATATTTATGGTAAAGG ** * ***** * ** * * ** * * ** * * ** * * ** * ***** **	1317 1283
47027 A23_2538 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TTGGCAAAAAGATAAATCTTGGGGTGGTTACAACGTTACAAGATATGAAGTGGTAAATGG TTGGCAAAAAGATGCATCATGGGGTAAATTATAATATCACAAAGATTTAAAGTAGTAGCGG ***** ***** ** ***** ** * * ***** * **** * ** * **	1377 1343
47027 A23_2538 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TAATATCGACTTAAACAAGCAATAGAATCATCAGATAACATTTTCTTTGCTAGAGTAGC CAATATCGATTTAAAGCAAGCAATAGAATCATCAGACAACATATTTTTGCCCGCATTGC ***** ***** ***** ***** ***** ** * ** * * ** * * ** *	1437 1403
47027 A23_2538 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	ACTCGAATTAGCAGTAAGAAATTTGAAAAAGGCATGAAAAACTAGGTGTTGGTGAAGA ATTAGCATTAGGAGCCAAAAATTTGAGCAAGGTATGCAAGATTTGGGAATCGGTGAAAA * * * ***** ** ***** ** * ** * * * * * * * * * ***** *	1497 1463
47027 A23_2538 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TATACCAAGTGATTATCCATTTTATAATGCTCAAATTTCAAACAAAATTTAGATAATGA TATCCCGAGTGATTATCCCTTTTATAAAGCACAAATCTCAAATAGTAATTTAAAAAATGA *** ** ***** ***** ** * ** * ** * * ***** * *****	1557 1523
47027 A23_2538 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	AATATTATTAGCTGATTACAGGTTACGGACAAGGTGAAATACTGATTAACCCAGTACAGAT AATATTATTAGCAGATTACAGATATGGCCAAGCGAGATACTAGTAAACCTATACAAAT ***** ***** ** * ** * ** * * ** * * ** * * ** * * ** *	1617 1583
47027 A23_2538 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CCTTCAATCTATAGCGCATTAGAAAATAATGGCAATATTAACGCACCTCACTTATATAA TTTATCAATATACAGTGCTTTAGAAAATAACGGAAATATACAAAACTCATGTTTACG * ***** ** * ** * ***** ** * ** * * ***** * ** *	1677 1643
47027 A23_2538 blood	AGACACGAAAACAAAGTTTGAAGAAAAATATTATTCCAAGAAAATATCAATCTATT	1737

	gen_mecC_2prot_PBP2a	TAAAACAAAATCTCAAATATGGAAAAAAGATATTATACCTAAAAAAGACATAGATATATT * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *	1703	
	47027 A23_2538 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	AAGTATGATGATGCAACAAGTCGTAATAAAAACACATAAAGAAGATATTTATAGATCTTA AAGTATGATGATGCAACAAGTCGTAATAAAAACACATAAAGAAGATATTTATAGATCTTA **** ***** * * * * * ***** * * * * * * * * * * * * *	1797 1763	
	47027 A23_2538 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TGCAAACTTAATTGGCAAATCCGGTACTGCAGAACTCAAATGAAACAAGGAGAACTGG TGCCCGAATTATTGGTAAATCTGGCACAGCAGAATTAAAAATGAATCAAGGGGAACTGG *** *	1857 1823	
	47027 A23_2538 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CAGACAAAATTGGGTGGTTTATATCATATGATAAAGATAATCCAAACATGATGATGGCTAT AAGACAAATAGGTTGGTTTGTTCATATAATAAATAAATCCTAATATGTTAATGGCGAT ***** *	1917 1883	
	47027 A23_2538 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TAATGTAAAGATGTACAAGATAAAGGAATGGCTAGCTACAATGCCAAAATCTCAGGTAA TAATGTAAAGACGTTCAAATAAAGGGATGGCCAGCTATAATGCTACTATATCTGGAAA ***** *	1977 1943	
	47027 A23_2538 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	AGTGTATGATGAGCTATATGAGAACGGTAATAAAAAATACGATATAGATGAATAACAAA AGTTTATGATGATTTGTATGATAATGGAAAAACTCAATTTGATATAGATCAGTAA----- *** ***** *	2037 1998	
47028	47028 A23_2539 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	GTAGTCTTATATAAGGAGGATATTGATGAAAAAGATAAAA---ATTGTTCCACTTATTTT -----ATGAAAAAATTTATATAGTGTGCTAGTTCCTTTT ***** *	57 35	68.52%
	47028 A23_2539 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	AATAGTTGATGTGTCGGGTTTGGTATATATTTTTATGCTTCAAAGATAAAGAAATTA ACTAATTATGATTAT-----AATAACTTGGTTATTCAAAGATGACGATATTGA *	117 83	
	47028 A23_2539 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TAATACTATTGATGCAATTGAAGATAAAAAATTTCAAACAAGTTTATAAAGATAGCAGTTA GAAAACAATTAGTTCATTGAAAAAGGAACTATAACGAAGTATAAAAATAGTTCAGA *	177 143	
	47028 A23_2539 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TATTTCTAAAAGCGATAATGGTGAAGTAGAAATGACTGAACGTCGATAAAAAATATATAA AAAATCTAAACTGGCATATGGAGAAGAAGAAATTGTAGATAGGAATAAAAAAATTTACAA *	237 203	
	47028 A23_2539 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TAGTTTAGCGTTAAAGATATAAACAATTCAGGATCGTAAAAATAAAAAAAGTATCTAAAA AGATTAAAGTCAATAACTAAAAATTACAAATCATGAATTAAAAAACTGGAAAAAGA **** *	297 263	
	47028 A23_2539 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TAAAAACGAGTAGATGCTCAATATAAATTAACAACAACTACGGTAACATTGATCGCAA TAAAAAGCAAGTTGATGTTAAATATAACATATATACAAAAATGGAACTATACGACGTAA ***** *	357 323	
	47028 A23_2539 blood	CGTTCATTTAATTTGTAAAGAAGATGGTATGTGGAAGTTAGATTGGGATCATAGCGT	417	

gen_mecC_2prot_PBP2a	TACACAATTAACCTTTATTTATGAAGATAAGCATTGGAAATTAGATTGGAGACCAGACGT	383
	***** ** ** * ***** * * *	
47028 A23_2539 blood	CATTATTCAGGAATGCAGAAAGACCAAAGCATACATATTGAAAAATTTAAAATCAGAACG	477
gen_mecC_2prot_PBP2a	AATAGTACCTGGTTTAAAAATGGACAGAAAATTAATATAGAAACATTAAAATCAGAGCG	443
	** * ** *	
47028 A23_2539 blood	TGGTAAAATTTAGACCGAAACAATGTGGAATTGGCCAATACAGGAACAGCATATGAGAT	537
gen_mecC_2prot_PBP2a	AGGCAAAATAAAAGATAGAAATGGTATAGAATTAGCTAAAAGTGGAAATACATATGAAAT	503
	** ***** ** *	
47028 A23_2539 blood	AGGCATCGTTCCAAAGAATGTATCTAAAAAGATTATAAGCAATCGCTAAAGAACTAAG	597
gen_mecC_2prot_PBP2a	CGGTATTGTCCCTAACAAAACCCCAAAGAAAATATGATGATATTGCTCGTGACTTACA	563
	** *	
47028 A23_2539 blood	TATTTCTGAAGACTATATCAACAACAAAATGGATCAAAATGGGTACAAGATGATACCTT	657
gen_mecC_2prot_PBP2a	AATTGATACAAAAGCTATAACCAATAAAGTTAATCAAAAATGGGTTACAGCCAGATTCATT	623
	*** *	
47028 A23_2539 blood	CGTTCCACTTAAAACCGTTAAAAAATGGATGAATATTTAAGTGATTCGCAAAAAAATT	717
gen_mecC_2prot_PBP2a	TGTACCAATTA AAAAGATAATAAACAAGATGAATATATAGACAAATTAATTAATCATA	683
	** ** *	
47028 A23_2539 blood	TCATCTTACAACCTAATGAAACAAAAAGTCGTAACCTATCCCTAGGAAAAGCGACTCACA	777
gen_mecC_2prot_PBP2a	CAATTTACAATAAACACTATAAAAAAGCCGTGTTTATCCATTGAACGAAGCAACAGTACA	743
	** *	
47028 A23_2539 blood	TCTATTAGGTTATGTGGTCCCATTAACCTGAAGAATTA AAACA AAAAGAATATAAAGG	837
gen_mecC_2prot_PBP2a	CCTTTTAGGTTATGTGGGTCCAATTAATCTGACGAGTTAAAAAGTAAGCAATTTAGAAA	803
	** ***** *	
47028 A23_2539 blood	CTATAAAGATGATGCAGTTATGGTAAAAAGGACTCGAAAAACTTTACGATAAAAAGCT	897
gen_mecC_2prot_PBP2a	CTATAGCAAAAATACTGTTATTTGAAAAAAGGCTTAGAACGCCTCTATGATAAACAATT	863
	***** *	
47028 A23_2539 blood	CCAACATGAAGATGGCTATCGTGTCACAATCGTTGACGATAATAGCAATACAATCGCACA	957
gen_mecC_2prot_PBP2a	GCAAAACACTGATGGTTTTAAGGTATCCATTGCAATACTTATGACAATAAACCTTTAGA	923
	*** *	
47028 A23_2539 blood	TACATTAATAGAGAAAAAGAAAAAGATGGCAAGATATCAACTAACTATTGATGCTAA	1017
gen_mecC_2prot_PBP2a	CACATATTGGAGAAAAAGGCTGAAACCGGAAAAGATCTTCATTTAACTATAGATGCTAG	983
	***** *	
47028 A23_2539 blood	AGTTCAAAAGAGATTTTATAACAACATGAAAATGATTATGGCTCAGGTACTGCTATCCA	1077
gen_mecC_2prot_PBP2a	AGTACAAGAAAGTATTTATAACATATGAAAAATGACGATGGATCTGGTACAGCATTACA	1043
	*** ** *	
47028 A23_2539 blood	CCCTCAAACAGGTGAATTATTAGCACTTGTAAAGCACACCTTCATATGACGTCTATCCATT	1137

gen_mecC_2prot_PBP2a	ACCAAAAACCTGGAGAAATTTTAGCTTTGGTAAGTACCCCATCGTACGATGTTTATCCATT ** **** *	1103
47028 A23_2539 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TATGTATGGCATGAGTAACGAAGAATAATAAAATAACCGAAGATAAAAAAAGACCTCT CATGAATGGATTAAGCAATAATGACTACCGTAAATTAACAATAAAAAAGAGCCTTT *** **** *	1197 1163
47028 A23_2539 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	GCTCAACAAGTTCAGATTACAACCTCACCAGGTTCAACTCAAAAAATATTAACAGCAAT GCTCAACAAATTTCAAATCACTACATCACCAGGTTCAACCCAAAAATATTAACATCTAT ***** *	1257 1223
47028 A23_2539 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	GATTGGTTAAATAACAAAACATTAGACGATAAAACAAGTATAAAAATCGATGGTAAAGG TATAGCCTTAAAAGAAAATAAACTAGACAAAAATACTAATTTTGATATTTATGGTAAAGG *	1317 1283
47028 A23_2539 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TTGGCAAAAAGATAAATCTTTGGGGTGGTTACAACGTTACAAGATATGAAGTGGTAAATGG TTGGCAAAAAGATGCATCATGGGGTAATTATAATATCACAAGATTTAAAGTAGTAGCGG ***** *	1377 1343
47028 A23_2539 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TAATATCGACTTAAAACAAGCAATAGAATCATCAGATAACATTTTCTTTGCTAGAGTAGC CAATATCGATTTAAAGCAAGCAATAGAATCATCAGACAACATATTTTTGCCCGCATTGC ***** *	1437 1403
47028 A23_2539 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	ACTCGAATTAGGCAGTAAGAAATTTGAAAAAGGCATGAAAAACTAGGTGTGGTGAAGA ATTAGCATTAGGAGCCAAAAATTTGAGCAAGGTATGCAAGATTTGGGAATCGGTGAAAA *	1497 1463
47028 A23_2539 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TATACCAAGTGATTATCCATTTTATAATGCTCAAATTTCAAACAAAAATTTAGATAATGA TATCCCGAGTGATTATCCCTTTTATAAAGCACAAATCTCAAATAGTAATTTAAAAAATGA *** *	1557 1523
47028 A23_2539 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	AATATTATTAGCTGATTGAGTTACGGACAAGGTGAAATACTGATTAACCCAGTACAGAT AATATTATTAGCAGATTCAGGATATGGCCAAGCGAGATACTAGTAAACCTATACAAAT ***** *	1617 1583
47028 A23_2539 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CCTTTCAATCTATAGCGCATTAGAAAATAATGGCAATATTAACGCACCTCACTTATTAAA TTTATCAATATACAGTGCTTTAGAAAATAACGGAAATATACAAAACTCCTCATGTTTACG *	1677 1643
47028 A23_2539 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	AGACACGAAAAACAAAGTTTGAAGAAAAATATTATTTCCAAAGAAAAATCAATCTATT TAAAACAAAATCTCAAATATGGAAAAAGATATTATACCTAAAAAGACATAGATATATT *	1737 1703
47028 A23_2539 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	AACTGATGGTATGCAACAAGTCGTAATAAAACACATAAAGAAGATATTTATAGATCTTA AACTAATGGTATGGAACGTGTAGTTAATAAAACACATAGGGATGATATATACAAAATTA **** *	1797 1763
47028 A23_2539 blood	TGCAAACTTAATTGGCAAATCCGGTACTGCAGAACTCAAATGAAACAAGGAGAACTGG	1857

	gen_mecC_2prot_PBP2a	TGCCCGAATTATTGGTAAATCTGGCACAGCAGAATTA AAAATGAATCAAGGGGAACTGG *** * ***** ** * ***** * ***** * *****	1823	
	47028 A23_2539 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CAGACAAATTGGGTGGTTTATATCATATGATAAAGATAATCCAAACATGATGATGGCTAT AAGACAAATAGGTTGGTTTGTTCATATAA AAAATAATCCTAATATGTTAATGGCGAT ***** * ***** * ***** ***** ***** * * * * * ***** *	1917 1883	
	47028 A23_2539 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TAATGTAAAGATGTACAAGATAAAGGAATGGCTAGCTACAATGCCAAAATCTCAGGTAA TAATGTAAAGACGTTCAAATAAAGGGATGGCCAGCTATAATGCTACTATATCTGGAAA ***** * * * * ***** ***** ***** ***** * * * * * * * *	1977 1943	
	47028 A23_2539 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	AGTGTATGATGAGCTATATGAGAACGGTAATAAAAATACGATATAGATGAATAACAAAA AGTTTATGATGATTTGTATGATAATGGAAAACTCAATTTGATATAGATCAGTAA----- *** ***** * ***** * * * * * * * * * * * ***** * * * *	2037 1998	
47029	47029 A23_2540 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	GTAGTCTTATATAAGGAGGATATTGATGAAAAAGATAAAA---ATGTTCCACTTATTTT -----ATGAAAAAATTTATATTAGTGTGCTAGTTCTTTT ***** *	57 35	68.47%
	47029 A23_2540 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	AATAGTTGATGTTGTCGGGTTTGGTATATATTTTTATGCTTCAAAAGATAAAGAAATTAA ACTAATTATGATTAT-----ATAAAGTGGTTATTCAAAGATGACGATATTGA *	117 83	
	47029 A23_2540 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TAATACTATTGATGCAATTGAAGATAAAAATTTCAAACAAGTTTATAAAGATAGCAGTTA GAAAACAATTAGTTCTATTGAAAAAGGAACTATAACGAAGTATATAAAAATAGTTCAGA *	177 143	
	47029 A23_2540 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TATTTCTAAAAGCGATAATGGTGAAGTAGAAATGACTGAACGTCGGATAAAAATATATAA AAAATCTAAACTGGCATATGGAGAAGAAGAAATTGTAGATAGGAATAAAAAAATTTACAA * ***** * ***** ***** ***** * * * * * * * * * * * * * * *	237 203	
	47029 A23_2540 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TAGTTTAGCGTTAAAGATATAAACATTCAGGATCGTAAAATAAAAAAGTATCTAAAAA AGATTTAAGTGTCAATAACTTAAAAATTACTAATCATGAATTA AAAA ACTGGAAAAGA ***** *	297 263	
	47029 A23_2540 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TAAAAACGAGTAGATGCTCAATATAAAAATTAACAACACTACGGTAACATTGATCGCAA TAAAAAGCAAGTTGATGTTAAATATAACATATATACAAAATATGGA ACTATACGACGTAA ***** *	357 323	
	47029 A23_2540 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CGTTCAATTTAATTTTGTAAAGAAGATGGTATGTGGAAGTTAGATTGGGATCATAGCGT TACACAATTA AACTTTATTTATGAAGATAAGCATTGGAATTAGATTGGAGACCAGACGT ***** *	417 383	
	47029 A23_2540 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CATTATTCAGGAATGCAGAAAGACCAAGCATA CATATGAAAATTTAAAATCAGAACG AATAGTACCTGGTTTGA AAAATGGACAGAAAATTAATATAGAAAACATTA AATCAGAGCG *	477 443	
	47029 A23_2540 blood	TGGTAAAATTTTAGACCGAAACAATGTGGAATTGGCCAATACAGGAACAGCATATGAGAT	537	

gen_mecC_2prot_PBP2a	AGGCAAAATAAAAAGATAGAAATGGTATAGAAATTAGCTAAAACGGAAATACATATGAAAT ** ***** ** *	503
47029 A23_2540 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	AGGCATCGTTCCAAAGAATGTATCTAAAAAGATTATAAAGCAATCGCTAAAGAATAAG CGGTATTGTCCTTAACAAAACACCCAAAGAAAATATGATGATATTGCTCGTACTTACA *	597 563
47029 A23_2540 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TATTTCTGAAGACTATATCAAACAACAATGGATCAAAATGGGTACAAGATGATACCTT AATTGATACAAAAGCTATAACCAATAAAGTTAATCAAAAATGGGTTCAGCCAGATTCATT *** *	657 623
47029 A23_2540 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CGTTCCACTTAAAACCGTTAAAAAATGGATGAATATTTAAGTGATTCGCAAAAAAATT TGTACCAATTAAAAAGATAAATAACAAGATGAATATATAGACAAATTAATTAATCATA *	717 683
47029 A23_2540 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TCATCTTACAACATAAGAAACAGAAAGTCGTAACATCCTCTAGGAAAAGCGACTCACAC CAATTTACAATAAACACTATAAAAAGCCGTGTTTATCCATTGAACGAAGCAACAGTACA *	777 743
47029 A23_2540 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TCTATTAGGTATGTGGTCCCATTAACCTGGAAGATTAACAACAAAAGAATATAAAGG CCTTTTAGGTTATGTGGTCCCATTAATCTGACGAGTTAAAAGTAAGCAATTTAGAAA *	837 803
47029 A23_2540 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CTATAAAGATGATGCAGTTATTGGTAAAAAGGACTCGAAAACCTTACGATAAAAAGCT CTATAGCAAAAATACTGTTATTGGAaaaaaggcttagaacgcctctatgataaacatt ***** *	897 863
47029 A23_2540 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CCAACATGAAGATGGCTATCGTGTCACAATCGTTGACGATAATAGCAATACAATCGCAC GCAAAACACTGATGGTTTTAAGGTATCCATTGCAATACTTATGACAATAAACCTTTAGA *** *	957 923
47029 A23_2540 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TACATTAATAGAGAAAAAGAAAAAGATGGCAAAGATATTCAACTAACTATTGATGCTAA CACATTATTGGAGAAAAAGGCTGAAAACGGAAAAGATCTTCATTAACTATAGATGCTAG ***** *	1017 983
47029 A23_2540 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	AGTTCAAAAGAGTATTTATAACAACATGAAAAATGATTATGGCTCAGGTACTGCTATCCA AGTACAAGAAAGTATTTATAAACATATGAAAAATGACGATGGATCTGGTACAGCATTACA *** *	1077 1043
47029 A23_2540 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CCCTCAAACAGGTGAATTATTAGCACTTGTAAGCACACCTTCATATGACGTCTATCCATT ACCAAAAACCTGGAGAAATTTAGCTTTGGTAAAGTACCCCATCGTACGATGTTTATCCATT *	1137 1103
47029 A23_2540 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TATGTATGGCATGAGTAACGAAGAATATAATAAATTAACCGAAGATAAAAAGAACCCTCT CATGAATGGATTAAGCAATAATGACTACCGTAAATTAACCAATAAAAAGAGCCTTT *** *	1197 1163
47029 A23_2540 blood	GCTCAACAAGTTCAGATTACAACCTCACCAGGTCAACTCAAAAATATTAACAGCAAT	1257

gen_mecC_2prot_PBP2a	GCTCAACAAATTTCAAATCACTACATCACCAGGTTCAACCCAAAAATATTAACATCTAT ***** ** *	1223
47029 A23_2540 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	GATTGGGTTAAATAACAAAACATTAGACGATAAAAACAAGTTATAAAATCGATGGTAAAGG TATAGCCTTAAAAGAAAATAAACTAGACAAAATACTAATTTTGATATTTATGGTAAGGG *	1317 1283
47029 A23_2540 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TTGGCAAAAAGATAAATCTTGGGGTGGTTACAACGTTACAAGATATGAAGTGGTAAATGG TTGGCAAAAAGATGCATCATGGGGTAATTATAATATCACAAAGATTAAAGTAGTAGACGG ***** ** *	1377 1343
47029 A23_2540 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TAATATCGACTTAAAACAAGCAATAGAATCATCAGATAACATTTTCTTTGCTAGAGTAGC CAATATCGATTTAAAGCAAGCAATAGAATCATCAGACAACATATTTTGGCCCGCATTGC ***** *	1437 1403
47029 A23_2540 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	ACTCGAATTAGGCAGTAAGAAATTTGAAAAAGGCATGAAAAAACTAGGTGTTGGTGAAGA ATTAGCATTAGGAGCCAAAAATTTGAGCAAGGTATGCAAGATTGGGAATCGGTGAAAA *	1497 1463
47029 A23_2540 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TATACCAAGTGATTATCCATTTTATAATGCTCAAATTTCAAACAAAAATTTAGATAATGA TATCCCGAGTGATTATCCCTTTTATAAAGCACAAATCTCAAATAGTAATTTAAAAAATGA *** *	1557 1523
47029 A23_2540 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	AATATTATTAGCTGATTCAGGTTACGGACAAGGTGAAATACTGATTAACCCAGTACAGAT AATATTATTAGCAGATTCAGGATATGGCCAAGCGAGATACTAGTAAACCCATACAAAT ***** *	1617 1583
47029 A23_2540 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CCTTTCATCTATAGCGCATTAGAAAAATAATGGCAATATTAACGCACCTCACTTATTAAA TTTATCAATATACAGTGCTTTAGAAAAAACGGAAATATACAAAATCCTCATGTTTACG *	1677 1643
47029 A23_2540 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	AGACACGAAAAACAAAGTTTGAAGAAAAATATTATTTCCAAGAAAAATCAATCTATT TAAAACAAAATCTCAAATATGGAAAAAGATATTATACCTAAAAAAGACATAGATATATT *	1737 1703
47029 A23_2540 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	AACTGATGGTATGCAACAAGTCGTAATAAAAACACATAAAGAAGATATTTATAGATCTTA AACTAATGGTATGGAACGTGTAGTTAATAAAAACACATAGGGATGATATATACAAAATTA **** *	1797 1763
47029 A23_2540 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TGCAAACTTAATTTGGCAATCCGGTACTGCAGAACTCAAATGAAACAAGGAGAACTGG TGCCCGAATTTATGGTAAATCTGGCACAGCAGAAATAAAATGAATCAAGGGGAACTGG *** *	1857 1823
47029 A23_2540 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CAGACAAATTTGGTGGTTTATATCATATGATAAAGATAATCCAACATGATGATGGCTAT AAGACAAATAGGTTGGTTTGTTCATATAATAAAAATAATCCTAATATGTTAATGGCGAT ***** *	1917 1883
47029 A23_2540 blood	TAATGTTAAAGATGTACAAGATAAAGGAATGGCTAGCTACAATGCCAAAATCTCAGGTAA	1977

	gen_mecC_2prot_PBP2a	TAATGTTAAAGACGTTCAAATAAAGGGATGGCCAGCTATAATGCTACTATATCTGGAAA ***** ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * **	1943	
	47029 A23_2540 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	AGTGTATGATGAGCTATATGAGAACGGTAATAAAAAATACGATATAGATGAATAACAAAA AGTTTATGATGATTTGTATGATAATGGAAAACTCAATTTGATATAGATCAGTAA----- *** ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** * **	2037 1998	
47030	47030 A23_2574 joint gen_mecC_2prot_PBP2a	GTAGTCTTATATAAGGAGGATATTGATGAAAAAGATAAAA--ATTGTTCCACTTATTTT -----ATGAAAAAAATTTATATTAGTGTGCTAGTTCCTTT ***** ** * ** * ** * ** * ** * **	57 35	68.47%
	47030 A23_2574 joint gen_mecC_2prot_PBP2a	AATAGTTGTAGTTGTCGGGTTTGGTATATATTTTATGCTTCAAAGATAAAGAAATTA ACTAATTATGATTAT-----AATAACTTGGTTATTCAAAGATGACGATATTGA *	117 83	
	47030 A23_2574 joint gen_mecC_2prot_PBP2a	TAATACTATTGATGCAATTGAAGATAAAAATTTCAAACAAGTTATAAAGATAGCAGTTA GAAAACAATTAGTTCATTGAAAAAGGAACTATAACGAAGTATATAAAAATAGTTCAGA *	177 143	
	47030 A23_2574 joint gen_mecC_2prot_PBP2a	TATTTCTAAAAGCGATAATGGTGAAGTAGAAATGACTGAACGTCCGATAAAAATATATAA AAAATCTAAACTGGCATTATGGAGAAGAGAAATTTGATAGTAGGAATAAAAAATTTACAA *	237 203	
	47030 A23_2574 joint gen_mecC_2prot_PBP2a	TAGTTTAGCGTTAAAGATATAAACATTCAGGATCGTAAAATAAAAAAGTATCTAAAAA AGATTTAAGTGTCAATAACTTAAAAATTAATAATCATGAAATTAAAAAAACTGGAAAAGA **** *	297 263	
	47030 A23_2574 joint gen_mecC_2prot_PBP2a	TAAAAACGAGTAGATGCTCAATATAAAATTAACAACAACACTACGGTAACATTGATCGCAA TAAAAAGCAAGTTGATGTTAAATATAACATATATACAAAATATGGAATACAGCGTAA ***** *	357 323	
	47030 A23_2574 joint gen_mecC_2prot_PBP2a	CGTTCATTTAATTTTGTAAAGAAGATGGTATGTGGAAGTTAGATTGGGATCATAGCGT TACACAATTAACCTTTATTTATGAAGATAAGCATTGGAAATTAGATTGGAGACCAGACGT ***** ** *	417 383	
	47030 A23_2574 joint gen_mecC_2prot_PBP2a	CATTATCCAGGAATGCAGAAAGACCAAGCATAACATTTGAAAATTTAAAATCAGAACG AATAGTACTGGTTTAAAAATGGACAGAAAATTAATATAGAAACATTAATAATCAGAGCG *	477 443	
	47030 A23_2574 joint gen_mecC_2prot_PBP2a	TGGTAAAATTTTAGACCGAAACAATGTGGAATTGGCCAATACAGGAACAGCATATGAGAT AGGCAAAATAAAAGATAGAAATGGTATAGAATTAGCTAAAACGGAAATACATATGAAAT *	537 503	
	47030 A23_2574 joint gen_mecC_2prot_PBP2a	AGGCATCGTTCCAAAGAATGTATCTAAAAAGATTATAAGCAATCGCTAAAGAACTAAG CGGTATTGTCCCTAACAAAACCCCAAGAAAAATATGATGATATTGCTCGTGACTTACA *	597 563	
	47030 A23_2574 joint	TATTTCTGAAGACTATATCAAACAACAATGGATCAAATGGGTACAAGATGATACCTT	657	

gen_mecC_2prot_PBP2a	AATTGATACAAAAGCTATAACCAATAAAGTTAATCAAAAATGGGTTTCAGCCAGATTCATT *** *	623
47030 A23_2574 joint gen_mecC_2prot_PBP2a	CGTTCACCTTAAAACCGTTAAAAAATGGATGAATATTTAAGTGATTCGCAAAAAAATT TGTACCAATTAAGAATAAATAACAGATGAATATATAGACAAATTAATTAATCATA *	717 683
47030 A23_2574 joint gen_mecC_2prot_PBP2a	TCATCTTACAAC TAATGAAACGAAAGTCGTA ACTATCCTCTAGGAAAAGCGACTTCACA CAATTTACAATAAACACTATAAAAAGCCGTGTTTATCCATTGAACGAAGCAACAGTACA *	777 743
47030 A23_2574 joint gen_mecC_2prot_PBP2a	TCTATTAGGTTATGTTGGTCCCATTA ACTCTGAAGAATTAACAAAAAAGAATAAAAGG CCTTTTAGGTTATGTTGGTCCAATTAATTCTGACGAGTAAAAAGTAAGCAATTTAGAAA *	837 803
47030 A23_2574 joint gen_mecC_2prot_PBP2a	CTATAAAGATGATGCAGTTATTGGTAAAAAGGACTCGAAAAACTTTACGATAAAAAGCT CTATAGCAAAAATACTGTTATTGGAAAAAAGGCTTAGAACGCCTCTATGATAACAATT ***** *	897 863
47030 A23_2574 joint gen_mecC_2prot_PBP2a	CCAACATGAAGATGGCTATCGTGTCACAATCGTTGACGATAATAGCAATACAATCGCACA GCAAAACACTGATGGTTTTAAGGTATCCATTGCAAACTTTATGACAATAAACCTTTAGA *	957 923
47030 A23_2574 joint gen_mecC_2prot_PBP2a	TACATTAATAGAGAAAAAGAAAAAGATGGCAAAGATATTCAACTA ACTATTGATGCTAA CACATTATTGGAGAAAAAGGCTGAAAACGGAAAAGATCTTCATTTAACTATAGATGCTAG ***** *	1017 983
47030 A23_2574 joint gen_mecC_2prot_PBP2a	AGTTCAAAAGAGTATTTATAACAACATGAAAAATGATTATGGCTCAGGACTGCTATCCA AGTACAAGAAAGTATTTATAACAATATGAAAATGACGATGGATCTGGTACAGCATTACA *	1077 1043
47030 A23_2574 joint gen_mecC_2prot_PBP2a	CCCTCAAACAGGTGAATATTAGCACTTGTAAGCACACCTTCATATGACGTCTATCCATT ACCAAAAACGGAGAAATTTTAGCTTTGGTAAGTACCCCATCGTACGATGTTTATCCATT *	1137 1103
47030 A23_2574 joint gen_mecC_2prot_PBP2a	TATGTATGGCATGAGTAACGAAGAATAATAAATTAACCGAAGATAAAAAAGAACCTCT CATGAATGGATTAAAGCAATAATGACTACCGTAAATTA ACTAACAATAAAAAAGAGCCTTT *	1197 1163
47030 A23_2574 joint gen_mecC_2prot_PBP2a	GCTCAACAAGTTCAGATTACA ACTTCACCAGGTTCAACTCAAAAAATATTACAGCAAT GCTCAACAAATTTCAAATCACTACATACCAGGTTCAACCAAAAAATATTACATCTAT ***** *	1257 1223
47030 A23_2574 joint gen_mecC_2prot_PBP2a	GATTGGGTAAATAACAAAACATTAGACGATAAAAACAAGTTATAAATCGATGGTAAAGG TATAGCCTTAAAGAAAAATAACTAGACAAAAATACTAATTTGATATTTATGGTAAGGG *	1317 1283
47030 A23_2574 joint	TTGGCAAAAAGATAAATCTTGGGTGGTTACAACGTTACAAGATATGAAGTGGTAAATGG	1377

gen_mecC_2prot_PBP2a	TTGGCAAAAAGATGCATCATGGGGTAATTATAATATCACAGATTTAAAGTACTAGACGG ***** ** *	1343	
47030 A23_2574 joint	TAATATCGACTTAAAACAAGCAATAGAATCATCAGATAACATTTTCTTGCTAGAGTAGC	1437	
gen_mecC_2prot_PBP2a	CAATATCGATTTAAAGCAAGCAATAGAATCATCAGACAACATATTTTTGCCCGCATTGC ***** *	1403	
47030 A23_2574 joint	ACTCGAATTAGGCAGTAAGAAATTTGAAAAGGCATGAAAACTAGGTGTTGGTGAAGA	1497	
gen_mecC_2prot_PBP2a	ATTAGCATTAGGAGCCAAAAATTTGAGCAAGGTATGCAAGATTTGGGAATCGGTGAAAA *	1463	
47030 A23_2574 joint	TATACCAAGTGAATTATCCATTTATAATGCTCAAATTCAAAACAAAATTTAGATAATGA	1557	
gen_mecC_2prot_PBP2a	TATCCCGAGTGATTATCCCTTTTATAAAGCACAAATCTCAAATAGTAATTTAAAAATGA *	1523	
47030 A23_2574 joint	AATATTATTAGCTGATTGAGGTACGGACAAGGTGAAATACTGATTAACCCAGTACAGAT	1617	
gen_mecC_2prot_PBP2a	AATATTATTAGCAGATTGAGGTATGGCCAAGGCGAGATACTAGTAAACCCTATACAAAT ***** *	1583	
47030 A23_2574 joint	CCTTCAATCTATAGCGCATTAGAAAATAATGGCAATATTAACGCACCTCATTATTTAAA	1677	
gen_mecC_2prot_PBP2a	TTTATCAATATACAGTGCTTTAGAAAATAACGGAAATATACAAAATCCTCATGTTTACG *	1643	
47030 A23_2574 joint	AGACACGAAAAACAAAGTTTGGGAAGAAAATATTTTCCAAAGAAAATATCAATCTATT	1737	
gen_mecC_2prot_PBP2a	TAAAACAAAATCTCAAATATGGAAAAAGATATATACCTAAAAAAGACATAGATATATT *	1703	
47030 A23_2574 joint	AACTGATGGTATGCAACAAGTCGTAATAAAAACACATAAAGAAGATATTTATAGATCTTA	1797	
gen_mecC_2prot_PBP2a	AACTAATGGTATGGAACGTGTAGTTAATAAAACACATAGGGATGATATATACAAAAATTA **** *	1763	
47030 A23_2574 joint	TGCAAACCTAATTTGGCAATCCGGTACTGCAGAACTCAAATGAAACAAGGAGAACTGG	1857	
gen_mecC_2prot_PBP2a	TGCCCGAATTTATTTGGTAAATCTGGCACAGCAGAAATTA AAAATGAATCAAGGGGAACTGG *** *	1823	
47030 A23_2574 joint	CAGACAAATTGGGTGGTTTATATCATATGATAAAGATAATCCAAACATGATGATGGCTAT	1917	
gen_mecC_2prot_PBP2a	AAGACAAATAGTTGGTTTGGTTTCATATAATAAAAATAATCCTAATATGTTAATGGCGAT ***** *	1883	
47030 A23_2574 joint	TAATGTTAAAGATGACAGAATAAAGGAATGGCTAGCTACAATGCCAAAATCTCAGGTAA	1977	
gen_mecC_2prot_PBP2a	TAATGTTAAAGCGTTCAAATAAAGGATGGCCAGCTATAATGCTACTATATCTGGAAA ***** *	1943	
47030 A23_2574 joint	AGTGTATGATGAGCTATATGAGAACGGTAATAAAAAATACGATATAGATGAATAACAAA	2037	
gen_mecC_2prot_PBP2a	AGTTTATGATGATTTGTATGATAATGGAAAACCTCAATTTGATATAGATCAGTAA---- *** *	1998	
47031	47031 A23_2575 blood GTAGTCTTATATAAGGAGGATATTGATGAAAAGATAAAA--ATTGTTCCACTTATTTT	57	68.47%

gen_mecC_2prot_PBP2a	-----ATGAAAAAATTTATATTAGTGTGCTAGTTCTTTT	35
	***** * * * * * * * * * *	
47031 A23_2575 blood	AATAGTTGTAGTTGTGCGGTTTGGTATATATTTTTATGCTCAAAAGATAAAGAAATTA	117
gen_mecC_2prot_PBP2a	ACTAATTATGATTAT-----AATAACTTGGTTATTCAAGATGACGATATTGA	83
	* *	
47031 A23_2575 blood	TAATACTATTGATGCAATTGAAGATAAAAAATTTCAAACAAGTTTATAAAGATAGCAGTTA	177
gen_mecC_2prot_PBP2a	GAAAACAATTAGTTCATTGAAAAAGGAACTATAACGAAGTATATAAAAAATAGTTCAGA	143
	* *	
47031 A23_2575 blood	TATTTCTAAAAGCGATAATGGTGAAGTAGAAATGACTGAACGTCCGATAAAAAATATAAA	237
gen_mecC_2prot_PBP2a	AAAATCTAAACTGGCATATGGAGAAGAAGAAATTTAGATAGGAATAAAAAAATTTACAA	203
	* *	
47031 A23_2575 blood	TAGTTTAGGCCTAAAGATAAACAATTCAGGATCGTAAAATAAAAAAAGTATCTAAAAA	297
gen_mecC_2prot_PBP2a	AGATTTAAGTGTCAATAACTTAAAAATTAATAATCATGAAATTAAAAAACTGGAAAAGA	263
	* *	
47031 A23_2575 blood	TAAAAACGAGTAGATGCTCAATATAAAATTAAAACAAACACGTAACATTGATCGCAA	357
gen_mecC_2prot_PBP2a	TAAAAAGCAAGTTGATGTTAAATATAACATATATACAAAATATGGAACATACGACGTAA	323
	* *	
47031 A23_2575 blood	CGTTCAATTTAATTTGTTAAAGAAGATGGTATGTGGAAGTTAGATTGGGATCATAGCGT	417
gen_mecC_2prot_PBP2a	TACACAATTAACCTTTATTTTATGAAGATAAGCATTGGAAATTAGATTGGAGACCAGACGT	383
	* *	
47031 A23_2575 blood	CATTATTCAGGAATGCAGAAAGACCAAAGCATACATATTGAAAAATTTAAAAATCAGAACG	477
gen_mecC_2prot_PBP2a	AATAGTACCTGGTTTGA AAAATGGACAGAAAATTAATATAGAAACATTA AAAATCAGAGCG	443
	* *	
47031 A23_2575 blood	TGGTAAAATTTTAGACCGAAACAATGTGGAATTGGCCAATACAGGAACAGCATATGAGAT	537
gen_mecC_2prot_PBP2a	AGGCAAAAATAAAGATAGAAATGGTATAGAAATAGCTAAAACGGAAATACATATGAAAT	503
	* *	
47031 A23_2575 blood	AGGCATCGTTCCAAAGAATGTATCTAAAAAAGATTATAAAGCAATCGCTAAAGA ACTAAG	597
gen_mecC_2prot_PBP2a	CGGTATTGTCCCTAACAAAACACCCAAAGAAAATATGATGATATTGCTCGTACTTACA	563
	* *	
47031 A23_2575 blood	TATTTCTGAAGACTATATCAACAACA AATGGATCAAATTTGGGTACAAGATGATACCTT	657
gen_mecC_2prot_PBP2a	AATTGATACAAAAGCTATAAACAATAAAGTTAATCAAAAATGGGTTCAGCCAGATTCATT	623
	* *	
47031 A23_2575 blood	CGTTCCTTAAAACCGTTAAAAAATGGATGAATATTTAAGTATTTCGCAAAAAAAT	717
gen_mecC_2prot_PBP2a	TGTACCAATTA AAAAGATAAATAAACAAGTGAATATATAGACAATTAATTAATCATA	683
	* *	
47031 A23_2575 blood	TCATCTTACA ACTAATGAAACAGAAAGTCGTA ACTATCTCTAGAAAAGCGACTTCACA	777

gen_mecC_2prot_PBP2a	CAATTTACAAATAAACACTATAAAAAGCCGTGTTTATCCATTGAACGAAGCAACAGTACA *	743
47031 A23_2575 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TCTATTAGGTTATGTTGGTCCCATTAACTCTGAAGAATTAACAAAAGAAATATAAAGG CCTTTTAGGTTATGTTGGTCCAATTAATTCGACGAGTTAAAAGTAAGCAATTTAGAAA *	837 803
47031 A23_2575 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CTATAAAGATGATGCAGTTATTGGTAAAAAGGGACTCGAAAACTTACGATAAAAAAGCT CTATAGCAAAAATACTGTTATTGAAAAAAGGCTTAGAACGCCTCTATGATAAACAATT *	897 863
47031 A23_2575 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CCAACATGAAGATGGCTATCGTGCACAATCGTTGACGATAATAGCAATACAATCGCACA GCAAAACTGATGGTTTAAAGGTATCCATTGCAAACTTATGACAATAAACCTTTAGA *	957 923
47031 A23_2575 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TACATTAATAGAGAAAAAGAAAAAGATGGCAAAGATATCAACTAACTATTGATGCTAA CACATTATTGGAGAAAAAGGCTGAAACCGGAAAAGATCTTCATTTAACTATAGATGCTAG *	1017 983
47031 A23_2575 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	AGTTCAAAAGAGTATTATAACAACATGAAAAATGATTATGGCTCAGGTACTGCTATCCA AGTACAAGAAAGTATTATAACAATATGAAAAATGACGATGGATCTGGTACAGCATTACA *	1077 1043
47031 A23_2575 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CCCTCAAACAGGTGAATTATTAGCACTTGTAAAGCACCCTTCATATGACGTCTATCCATT ACCAAAAACGGAGAAATTTAGCTTTGGTAAAGTACCCCATCGTACGATGTTTATCCATT *	1137 1103
47031 A23_2575 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TATGATGGCATGAGTAACGAAGAATAATAAAATTAACCGAAGATAAAAAAGAACCTCT CATGAATGGATTAAGCAATAATGACTACCGTAAATTAACCTACAATAAAAAAGAGCCTTT *	1197 1163
47031 A23_2575 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	GCTCAACAAGTTCCAGATTACAACCTCACCAGGTCAACTCAAAAAATATTAACAGCAAT GCTCAACAATTTCAAATCACTACATCACCAGGTCAACCCAAAAAATATTAACATCTAT *	1257 1223
47031 A23_2575 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	GATTGGGTTAATAACAAAACATTAGACGATAAAACAAGTTATAAATCGATGGTAAAGG TATAGCCTTAAAAGAAAATAAACTAGACAAAAATACTAATTTTGATATTTATGGTAAAGG *	1317 1283
47031 A23_2575 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TTGGCAAAAAGATAAATCTTGGGGTGGTTACAACGTTACAAGATATGAAGTGGTAAATGG TTGGCAAAAAGATGCATCATGGGGTAATTATAATCACAAGATTTAAAGTAGTAGACGG *	1377 1343
47031 A23_2575 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TAATATCGACTTAAAACAAGCAATAGAATCATCAGATAACATTTTCTTTGCTAGAGTAGC CAATATCGATTTAAAGCAAGCAATAGAATCATCAGACAACATATTTTTTGCCCGCATTGC *	1437 1403
47031 A23_2575 blood	ACTCGAATTAGGCAGTAAGAAATTTGAAAAGGCATGAAAAACTAGGTGTTGGTGAAGA	1497

gen_mecC_2prot_PBP2a	GAAAACAATTAGTTCATTGAAAAAGGAACTATAACGAAGTATATAAAAATAGTTCAGA *	143
47032 A23_2580 ascites gen_mecC_2prot_PBP2a	TATTTCTAAAAGCGATAATGGTGAAGTAGAAATGACTGAACGTCGATAAAAATATATAA AAAATCTAAACTGGCATAATGGAGAAGAAGAAATGTAGATAGGAATAAAAAATTTACAA *	237 203
47032 A23_2580 ascites gen_mecC_2prot_PBP2a	TAGTTTAGGCGTTAAAGATATAAACATTCAGGATCGTAAAAATAAAAAAGTATCTAAAAA AGATTTAAGTGTCAATAACTTAAAAATTAATAATCATGAAATTAAAAAACTGGAAAAGA *	297 263
47032 A23_2580 ascites gen_mecC_2prot_PBP2a	TAAAAACGAGTAGATGCTCAATATAAAATTAACAACACTACGGTAACATTGATCGCAA TAAAAAGCAAGTTGATGTTAAATATAACATATATACAAAATATGGAACATACGACGTAA *	357 323
47032 A23_2580 ascites gen_mecC_2prot_PBP2a	CGTTCAATTTAATTTTGTAAAGAAGATGGTATGTGGAAGTTAGATTGGGATCATAGCGT TACACAATTAACTTTATTTATGAAGATAAGCATTGGAATTTAGATTGGAGACCAGACGT *	417 383
47032 A23_2580 ascites gen_mecC_2prot_PBP2a	CATTATTCAGGAATGCAGAAAGACCAAGCATACATATTGAAAATTTAAAATCAGAACG AATAGTACCTGGTTTGA AAAATGGACAGAAAATTAATATAGA AACATTAAAATCAGAGCG *	477 443
47032 A23_2580 ascites gen_mecC_2prot_PBP2a	TGGTAAAATTTTAGACCGAAACAATGTGGAATTTGGCCAATACAGGAACAGCATATGAGAT AGGC AAAATA AAAAGATAGAAATGGTATAGAATTAGCTAAA ACTGGAAATACATATGAAT *	537 503
47032 A23_2580 ascites gen_mecC_2prot_PBP2a	AGGCATCGTTCCAAAGAATGTATCTAAAAAGATTATAAAGCAATCGCTAAAGAACTAAG CGGTATTGTCCCTAACAAACACCCAAAGAAAATATGATGATATTGCTCGTGACTTACA *	597 563
47032 A23_2580 ascites gen_mecC_2prot_PBP2a	TATTTCTGAAGACTATATCAAACAACAATGGATCAAAATTTGGGTACAAGATGATACCTT AATTGATACAAAAGCTATAACCAATAAAGTTAATCAAAAATGGGTTTCCAGCCAGATTTCATT *	657 623
47032 A23_2580 ascites gen_mecC_2prot_PBP2a	CGTCCACTTAAAACCGTTAAAAAATGGATGAATATTTAAGAGATTTGC AAAA AATTT TGTACCAATTA AAAAGATAAATAACAAGATGAATATATAGACAAAATTAATTAATCATA *	717 683
47032 A23_2580 ascites gen_mecC_2prot_PBP2a	TCATCTTACAAC TAATGAACAGAAAAGTCGTA ACTATCCTCTAGGAAAAGCGACTTCACA CAATTTACAAAATAACACTATAAAAAGCGTGTTATCCATTGAACGAGCAACAGTACA *	777 743
47032 A23_2580 ascites gen_mecC_2prot_PBP2a	TCTATTAGGTTATGTTGGTCCCATTAACCTG AAGAATTAACA AAAAAGAATATAAAGG CCTTTTAGGTTATGTTGGTCCAATTAATCTGACGAGTAAAAGTAAGCAATTTAGAAA *	837 803
47032 A23_2580 ascites	CTATAAAGATGATGCAGTTATTGGTAAAAGGGACTCGAAAACTTTACGATAAAAAGCT	897

gen_mecC_2prot_PBP2a	CTATAGCAAAAATACTGTTATTGGAAAAAAGGCTTAGAACGCCTCTATGATAAACAATT ***** * ** * ***** ** * * * * * * * * * * * * * * * * * *	863
47032 A23_2580 ascites gen_mecC_2prot_PBP2a	CCAACATGAAGATGGCTATCGTGCACAATCGTTGACGATAATAGCAATACAATCGCACA GCAAAACACTGATGGTTTTAAGGTATCCATTGCAAATACTTATGACAATAAACCTTTAGA *** * ***** * * ** * * * * * * * * * * * * * * * * * *	957 923
47032 A23_2580 ascites gen_mecC_2prot_PBP2a	TACATTAATAGAGAAAAAGAAAAAGATGGCAAAGATATCAACTAACATTTGATGCTAA CACATTATTGGAGAAAAAGGCTGAAAACGGAAAAGATCTTCATTTAACTATAGATGCTAG ***** * ***** * * * * * * * * * * * * * * * * * *	1017 983
47032 A23_2580 ascites gen_mecC_2prot_PBP2a	AGTCAAAAGAGTATTTATAACAACATGAAAAATGATTATGGCTCAGGTACTGCTATCCA AGTACAAGAAAGTATTTATAACAATATGAAAAATGACGATGGATCTGGTACAGCATTACA *** ** * ***** * ***** * * * * * * * * * * * * * * * * * *	1077 1043
47032 A23_2580 ascites gen_mecC_2prot_PBP2a	CCCTCAAACAGGTGAATTATTAGCACTTGTAAAGCACACCTTCATATGACGCTATCCATT ACCAAAAACCTGGAGAAATTTAGCTTTGGTAAGTACCCCATCGTACGATGTTTATCCATT *	1137 1103
47032 A23_2580 ascites gen_mecC_2prot_PBP2a	TATGTATGGCATGAGTAACGAAGATATAATAAATTAACCGAAGATAAAAAAGAACCTCT CATGAATGGATTAAGCAATAATGACTACCGTAAATTAACAACAATAAAAAAGAGCCTTT *** ** *	1197 1163
47032 A23_2580 ascites gen_mecC_2prot_PBP2a	GCTCAACAAGTTCAGATTACAACCTCACCAGGTTCAACTCAAAAAATATTAACAGCAAT GCTCAACAATTTCAAATCACTACATCACCAGGTTCAACCAAAAAATATTAACATCTAT ***** *	1257 1223
47032 A23_2580 ascites gen_mecC_2prot_PBP2a	GATTGGGTAAATAACAACAATAGACGATAAAACAAGTTATAAAATCGATGGTAAAGG TATAGCCTTAAAAGAAAATAAAGTAGACAAAAATACTAATTTTGATATTTATGGTAAGGG *	1317 1283
47032 A23_2580 ascites gen_mecC_2prot_PBP2a	TTGGCAAAAAGATAAATCTTGGGGTGGTTACAACGTTACAAGATATGAAGTGGTAAATGG TTGGCAAAAAGATGCATCATGGGTAATTATAATATCAAGATTTAAAGTAGTAGACGG ***** *	1377 1343
47032 A23_2580 ascites gen_mecC_2prot_PBP2a	TAATATCGACTTAAAACAAGCAATAGAATCATCAGATAACATTTTCTTTGCTAGAGTAGC CAATATCGATTTAAAGCAAGCAATAGAATCATCAGACAACATATTTTTTGCCTGATTGC ***** *	1437 1403
47032 A23_2580 ascites gen_mecC_2prot_PBP2a	ACTCGAATTAGGCAGTAAGAAATTTGAAAAGGCATGAAAAACTAGGTGTTGGTGAAGA ATTAGCATTAGGACCAAAAAATTTGAGCAAGTATGCAAGATTTGGGAATCGGTGAAAA *	1497 1463
47032 A23_2580 ascites gen_mecC_2prot_PBP2a	TATACCAAGTGATTATCCATTTTATAATGCTCAAATTTCAACAATAATTTAGATAATGA TATCCCGAGTGATATCCCTTTTATAAAGCACAAATCTCAAATAGTAATTTAAAAAATGA *** ** *	1557 1523
47032 A23_2580 ascites	AATATTATTAGCTGATTCAGGTTACGGACAAGGTGAAATACTGATTAACCCAGTACAGAT	1617

	gen_mecC_2prot_PBP2a	AATATTATTAGCAGATTCAGGATATGGCCAAGGCAGATACTAGTAAACCCCTATACAAAT ***** *	1583	
47032 A23_2580 ascites	gen_mecC_2prot_PBP2a	CCTTCAATCTATAGCGCATTAGAAAATAATGGCAATATTAACGCACCTCACTTATTAAA TTTATCAATATACAGTGCCTTAGAAAATAACGGAAATATACAAAATCCCTCATGTTTACG *	1677 1643	
47032 A23_2580 ascites	gen_mecC_2prot_PBP2a	AGACACGAAAAACAAAGTTGGAAGAAAAATATATTTCCAAAGAAAATATCAATCTATT TAAAACAAAATCTCAAATATGGAATAAAGATATTATACCTAAAAAGACATAGATATATT *	1737 1703	
47032 A23_2580 ascites	gen_mecC_2prot_PBP2a	AACGTGATGGTATGCAACAAGTCGTAAATAAAACACATAAAGAAGATATTTATAGATCTTA AACTAATGGTATGGAACGTGTAGTTAATAAAACACATAGGGATGATATATACAAAATTA *** *	1797 1763	
47032 A23_2580 ascites	gen_mecC_2prot_PBP2a	TGCAAACTTAATTGGCAAATCCGGTACTGCAGAATCAAAAATGAAACAGGAGAACTGG TGCCCGAATTATGGTAAATCTGGCACAGCAGAATAAAAATGAATCAAGGGGAACTGG *** *	1857 1823	
47032 A23_2580 ascites	gen_mecC_2prot_PBP2a	CAGACAAATTGGGTGGTTTATATCATATGATAAAGATAATCCAAACATGATGATGGCTAT AAGACAAATAGGTTGGTTTTGCATATAATAAAAAATAATCCTAATATGTTAATGGCGAT ***** *	1917 1883	
47032 A23_2580 ascites	gen_mecC_2prot_PBP2a	TAATGTTAAAGATGTACAAGATAAAGGAATGGCTAGCTACAATGCCAAAATCTCAGGTAA TAATGTTAAAGACGTTCAAATAAAGGGATGGCCAGCTATAATGCTACTATATCTGGAAA ***** *	1977 1943	
47032 A23_2580 ascites	gen_mecC_2prot_PBP2a	AGTGTATGATGAGCTATATGAGAACGGTAATAAAAAATACGATATAGATGAATAACAAAA AGTTTATGATGATTTGTATGATAATGAAAAACTCAATTTGATATAGATCAGTAA----- *** *	2037 1998	
47033	47033 A23_2619 CSF gen_mecC_2prot_PBP2a	GTAGCTTATATAAGGAGGATATTTGATGAAAAAGATAAAA--ATTGTCCACTTATTTT -----ATGAAAAAATTTATATAGTGTGCTAGTTCTTTT ***** *	57 35	68.47%
	47033 A23_2619 CSF gen_mecC_2prot_PBP2a	AATAGTTGATGTTGTCGGGTTTGGTATATATTTTTATGCTTCAAAGATAAAGAAATTAA ACTAATTATGATTAT-----AATAACTTGGTATTCAAAGATGACGATATGA *	117 83	
	47033 A23_2619 CSF gen_mecC_2prot_PBP2a	TAATACTATTGATGCAATGAAGATAAAAAATTTCAAACAAGTTTATAAAGATAGCAGTTA GAAAACAATTAGTTCTATTGAAAAAGGAACTATAACGAAGTATATAAAAAATAGTTCAGA *	177 143	
	47033 A23_2619 CSF gen_mecC_2prot_PBP2a	TATTTCTAAAAGCGATAATGGTGAAGTAGAAATGACTGAACGTCGGATAAAAAATATATAA AAAACTAACTGGCATATGGAGAAGAGAAATGTAGATAGGAATAAAAAATTTACAA *	237 203	
	47033 A23_2619 CSF	TAGTTTAGCGTTAAAGATATAAACATTCAGGATCGTAAATAAAAAAGTATCTAAAAA	297	

gen_mecC_2prot_PBP2a	AGATTTAAGTGTCAATAACTTAAAAATTACTAATCATGAAATTAAAAAACTGGAAAAGA **** *	263
47033 A23_2619 CSF gen_mecC_2prot_PBP2a	TAAAAACGAGTAGATGCTCAATATAAAATTAACAACAACTACGGTAACATTGATCGCAA TAAAAAGCAAGTTGATGTTAAATATAACATATATACAAAATATGGAACTATACGACGTAA ***** *	357 323
47033 A23_2619 CSF gen_mecC_2prot_PBP2a	CGTTC AATTTAATTTGTTAAAGAAGATGGTATGTGGAAGTTAGATTGGGATCATAGCGT TACACAATTA AACTTTATTTATGAAGATAAGCATTGGAAATTAGATTGGAGACCAGACGT ***** *	417 383
47033 A23_2619 CSF gen_mecC_2prot_PBP2a	CATTATTCAGGAATGCAGAAAGACCAAAGCATA CATATTGAAAATTTAAAAATCAGAACG AATAGTACCTGGTTTGA AAAATGGACAGAAAATTAATATAGAAACATTA AAAATCAGAGCG *	477 443
47033 A23_2619 CSF gen_mecC_2prot_PBP2a	TGGTAAAATTTTAGACC GAAACAATGTGGAATGGCCAATACAGGAACAGCATATGAGAT AGGCAAAATAAAAGATAGAAAATGGTATAGAATTAGCTAAA ACTGGAAATACATATGAAAT *	537 503
47033 A23_2619 CSF gen_mecC_2prot_PBP2a	AGGCATCGTCCAAAG AATGTATCTAAAAAGATTATAAGCAATCGCTAAAGA ACTAAG CGGTATTGTCCCTAACAAAACCCCAAAGAAAATATGATGATATTGCTCGTGACTTACA *	597 563
47033 A23_2619 CSF gen_mecC_2prot_PBP2a	TATTTCTGAAGACTATATCAAACAACAATGGATCAA AATTGGGTACAAGATGATACCTT AATTGATACAAAAGCTATAACCAATAAAGTTAATCAAAAATGGGTT CAGCCAGATTCATT *	657 623
47033 A23_2619 CSF gen_mecC_2prot_PBP2a	CGTTC CACTTAAAACCGTTAAAAAATGGATGAATATTTAAGAGATTTCGCAAAAAAATT TGTACCAATTA AAAAGATAAAATAACAAGATGAATATATAGACAAATTAATTAAATCATA *	717 683
47033 A23_2619 CSF gen_mecC_2prot_PBP2a	TCATCTTACA ACTAATGAAACGAAAGTCGTA ACTATCCTCTAGGAAAAGCGACTTCACA CAATTTACAAA TAAACACTATAAAAAGCCGTGTTATCCATTGAACG AAGCAACAGTACA *	777 743
47033 A23_2619 CSF gen_mecC_2prot_PBP2a	TCTATTAGGTTATGTTGGTCCCATTA ACTCTGAAGAATTA AAAACAAAAGAATATAAAGG CCTTTTAGGTTATGTTGGTCCAATTAATTCTGACGAGTTAAA AAGTAAGCAATTTAGAAA *	837 803
47033 A23_2619 CSF gen_mecC_2prot_PBP2a	CTATAAAGATGATGCGTTATTTGGTAAAAAGGACTCGAAAA ACTTTACGATAAAAAGCT CTATAGCAAAA TACTGTTATTGGAAAAAAGCTTAGAACGCCTCTATGATAAACATT ***** *	897 863
47033 A23_2619 CSF gen_mecC_2prot_PBP2a	CCAACATGAAGATGGCTATCGTGTCA CAATCGTTGACGATAATAGCAATACAATCGCACA GCAAAACACTGATGGTTTAAAGGTATCCATTGCAAA TACTTATGACATAAACCTTTAGA *	957 923
47033 A23_2619 CSF	TACATTAATAGAGAAA AAGAAAAAGATGGCAAAGATATTC AACTAACTATTGATGCTAA	1017

gen_mecC_2prot_PBP2a	CACATTATTGGAGAAAAAGGCTGAAAACGGAAAAGATCTTCATTTAACTATAGATGCTAG ***** * ***** ** * ** ***** ** * ***** *****	983
47033 A23_2619 CSF gen_mecC_2prot_PBP2a	AGTTCAAAAAGATATTTATAACAACATGAAAAATGATTATGGCTCAGGACTGCTATCCA AGTACAAGAAAGTATTTATAAACATATGAAAAATGACGATGGATCTGGTACAGCATTACA *** ** * ***** * ***** ** * ** * ** * ** *	1077 1043
47033 A23_2619 CSF gen_mecC_2prot_PBP2a	CCCTCAAACAGGTGAATTATTAGCACTTGTAAGCACACCTTCATATGACGTCTATCCATT ACCAAAAAGTGGAGAAATTTAGCTTTGGTAAGTACCCCATCGTACGATGTTTATCCATT * * **** * ** * ***** * ***** ** * ** * ** * ** *****	1137 1103
47033 A23_2619 CSF gen_mecC_2prot_PBP2a	TATGTATGGCATGAGTAACGAAGAATAATAAAATTAACCGAAGATAAAAAAGAACCCTCT CATGAATGGATTAAAGCAATAATGACTACCGTAAATTAACATAAATAAAAAAGACCTTT *** ***** * ** * * * ** * ***** * ***** ***** ** * *	1197 1163
47033 A23_2619 CSF gen_mecC_2prot_PBP2a	GCTCAACAAGTTCAGATTACAACCTACCAGGTTCAACTCAAAAAATATTACAGCAAT GCTCAACAAATTTCAAATCACTACATCACCAGGTTCAACCCAAAAATATTACATCTAT ***** ** * ** * * ** * ***** ***** ***** * **	1257 1223
47033 A23_2619 CSF gen_mecC_2prot_PBP2a	GATTGGGTAAATAACAAAACATTAGACGATAAAAACAAGTTATAAAATCGATGGTAAAGG TATAGCCTTAAAGAAAATAAACTAGACAAAAATACTAATTTTGATATTTATGGTAAGGG * * * ***** * ** * * ***** * ** * * ** * * ** ***** **	1317 1283
47033 A23_2619 CSF gen_mecC_2prot_PBP2a	TTGGCAAAAAGATAAATCTGGGGTGGTTACAACGTTACAAGATATGAAGTGGTAAATGG TTGGCAAAAAGATGCATCATGGGGTAATTATAATATCACAAGATTTAAAGTAGTAGCGG ***** ***** ** ***** ** * * ***** * ***** ** * **	1377 1343
47033 A23_2619 CSF gen_mecC_2prot_PBP2a	TAATATCGACTTAAAACAAGCAATAGAATCATCAGATAACATTTTCTTTGCTAGAGTAGC CAATATCGATTTAAAGCAAGCAATAGAATCATCAGACAACATATTTTTTGCCCGCATTC ***** ***** ***** ***** ***** ** * ** * ** * * **	1437 1403
47033 A23_2619 CSF gen_mecC_2prot_PBP2a	ACTCGAATTAGGCAGTAAGAAATTTGAAAAGGCATGAAAAACTAGGTGTTGGTGAAGA ATTAGCATTAGGAGCCAAAAAATTTGAGCAAGGTATGCAAGATTTGGGAATCGGTGAAAA * * * ***** ** ***** ***** ** * * ** * * ** * ***** *	1497 1463
47033 A23_2619 CSF gen_mecC_2prot_PBP2a	TATACCAAGTGATTATCCATTTTATAATGCTCAAATTTCAAACAAAAATTTAGATAATGA TATCCCAGTGATTATCCCTTTTATAAAGCACAAATCTCAAATAGTAATTTAAAAATGA *** ** ***** ***** ** ***** ***** * ***** * *****	1557 1523
47033 A23_2619 CSF gen_mecC_2prot_PBP2a	AATATTATTAGCTGATTACAGGTTACGGACAAGGTGAAATACTGATTAACCCAGTACAGAT AATATTATTAGCAGATTACAGGATATGGCCAAGCGAGATACTAGTAACCCATATACAAAT ***** ***** ***** ** * ** ***** ** ***** * ***** ** * **	1617 1583
47033 A23_2619 CSF gen_mecC_2prot_PBP2a	CCTTCAATCTATAGCGCATTAGAAAATAATGGCAATATTAACGCACCTCACTATTAAA TTTATCAATATACAGTGCCTTTAGAAAATAACGAAATATACAAAATCCTCATGTTTTACG * ***** ** * ** ***** ***** ** ***** * ***** * ** *	1677 1643
47033 A23_2619 CSF	AGACACGAAAAACAAGTTTGAAGAAAAATATTATTTCCAAGAAAAATATCAATCTATT	1737

gen_mecC_2prot_PBP2a	AGGCAAAATAAAAAGATAGAAATGGTATAGAATTAGCTAAAACGGAAATACATATGAAAT ** ***** ** * ** *	503
47034 A23_2905 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	AGGCATCGTTCCAAAAGAAATGTATCTAAAAAGATTATAAAGCAATCGCTAAAAGACTAAG CGGTATTGTCCTTAACAAAACACCCAAAGAAAATATGATGATATTGCTCGTGACTTACA *	597 563
47034 A23_2905 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TATTTCTGAAGACTATATCAAAACAACAATGGATCAAAATGGGTACAAGATGATACCTT AATTGATACAAAAGCTATAACCAATAAAGTTAATCAAAAATGGGTTCAGCCAGATTCATT *	657 623
47034 A23_2905 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CGTTCCACTTAAAACCGTTAAAAAATGGATGAATATTTAAGTGATTCGCAAAAAAATT TGTACCAATTAAAAAGATAAATAACAAGATGAATATATAGACAAATTAATTAATCATA *	717 683
47034 A23_2905 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TCATCTTACAACTAATGAAACAGAAAGTCGTAACCTATCCTCTAGGAAAAGCGACTCACA CAATTTACAATAAACACTATAAAAAGCCGTGTTTATCCATTGAACGAAGCAACAGTACA *	777 743
47034 A23_2905 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TCTATTAGGTATGTGGTCCCAATTAACCTGAAGAATTAACAACAAAAGAAATATAAAGG CCTTTTAGGTTATGTGGGTCCAATTAATCTGACGAGTTAAAAGTAAGCAATTTAGAAA *	837 803
47034 A23_2905 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CTATAAAGATGATGCAGTTATTGGTAAAAAGGACTCGAAAACTTTACGATAAAAAGCT CTATAGCAAAAATACTGTTATTGGAATAAAGGCTTAGAACGCCTCTATGATAACAATT *	897 863
47034 A23_2905 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CCAACATGAAGATGGCTATCGTGTCACAATCGTTGACGATAATAGCAATACAATCGCACA GCAAAACACTGATGGTTTTAAGGTATCCATTGCAATACTTATGACAATAAACCTTTAGA *	957 923
47034 A23_2905 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TACATTAATAGAGAAAAAGAAAAAGATGGCAAAGATATTCAACTAACTATTGATGCTAA CACATTATTGGAGAAAAAGGCTGAAAACGGAAAAGATCTTCATTTAACTATAGATGCTAG *	1017 983
47034 A23_2905 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	AGTTCAAAAGAGTATTTATAACAACATGAAAAATGATTATGGCTCAGGTACTGCTATCCA AGTACAAGAAAGTATTTATAAACATATGAAAAATGACGATGGATCTGGTACAGCATTACA *	1077 1043
47034 A23_2905 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CCCTCAAACAGGTGAATTATTAGCACTTGTAAGCACACCTTCATATGACGCTATCCATT ACCAAAAACGGAGAAATTTTAGCTTTGGTAAAGTACCCCATCGTACGATGTTTATCCATT *	1137 1103
47034 A23_2905 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TATGATGGCATGAGTAACGAAGAATATAATAAATTAACCGAAGATAAAAAAGAACCTCT CATGAATGGATTAAGCAATAATGACTACCGTAAATTAACCTAACATAAAAAAGAGCCTTT *	1197 1163
47034 A23_2905 blood	GCTCAACAAGTTCAGATTACAACCTCACCAGGTCAACTCAAAAATATTAACAGCAAT	1257

gen_mecC_2prot_PBP2a	GCTCAACAAATTTCAAATCACTACATCACCAGGTTCAACCCAAAAATATTAACATCTAT ***** ** *	1223
47034 A23_2905 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	GATTGGGTAAATAACAACAAACATTAGACGATAAAACAAGTTATAAAATCGATGGTAAAGG TATAGCCTTAAAAGAAAATAAACTAGACAAAATACTAATTTTGATATTTATGGTAAGGG *	1317 1283
47034 A23_2905 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TTGGCAAAAAGATAAATCTTGGGGTGGTTACAACGTTACAAGATATGAAGTGGTAAATGG TTGGCAAAAAGATGCATCATGGGGTAATTATAATATCACAAAGATTTAAAGTAGTAGACGG ***** ** *	1377 1343
47034 A23_2905 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TAATATCGACTTAAACAAGCAATAGAATCATCAGATAACATTTTCTTTGCTAGAGTAGC CAATATCGATTTAAAGCAAGCAATAGAATCATCAGACAACATATTTTTGCCCGCATTGC ***** ** *	1437 1403
47034 A23_2905 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	ACTCGAATTAGGCAGTAAGAAATTTGAAAAAGGCATGAAAAAAGTAGGTGTTGGTGAAGA ATTAGCATTAGGAGCCAAAAATTTGAGCAAGGTATGCAAGATTTGGGAATCGGTGAAAA *	1497 1463
47034 A23_2905 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TATACCAAGTGATTATCCATTTTATAATGCTCAAATTTCAAACAAAAATTTAGATAATGA TATCCCGAGTGATTATCCCTTTTATAAAGCACAAATCTCAAATAGTAATTTAAAAATGA *** *	1557 1523
47034 A23_2905 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	AATATTATTAGCTGATTCAGGTTACGGACAAGGTGAAATACTGATTAACCCAGTACAGAT AATATTATTAGCAGATTCAGGATATGGCCAAGCGAGATACTAGTAAACCCATACAAAT ***** ** *	1617 1583
47034 A23_2905 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CCTTTCATCTATAGCGCATTAGAAAAATAATGGCAATATTAACGCACCTCACTTATTAAA TTTATCAATATACAGTGCTTTAGAAAAAACGGAAATATACAAAATCCTCATGTTTACG *	1677 1643
47034 A23_2905 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	AGACACGAAAAACAAGTTTGAAGAAAAATATTATTCCAAAGAAAATATCAATCTATT TAAAACAAAATCTCAAATATGGAAAAAGATATTATACCTAAAAAAGACATAGATATATT *	1737 1703
47034 A23_2905 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	AACTGATGGTATGCAACAAGTCGTAATAAAAACACATAAAGAAGATATTTATAGATCTTA AACTAATGGTATGGAACGTGTAGTTAATAAAAACACATAGGGATGATATATACAAAATTA **** *	1797 1763
47034 A23_2905 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TGCAAACCTTAATGGCAAATCCGGTACTGCAGAACTCAAATGAAACAAGGAGAACTGG TGCCCGAATTTATGGTAAATCTGGCACAGCAGAAATAAAAATGAATCAAGGGGAACTGG *** *	1857 1823
47034 A23_2905 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CAGACAAATGGGTGGTTTATATCATATGATAAAGATAATCCAACATGATGATGGCTAT AAGACAAATAGGTTGGTTTGTTCATATAATAAAAATAATCCTAATATGTTAATGGCGAT ***** ** *	1917 1883
47034 A23_2905 blood	TAATGTTAAAGATGTACAAGATAAAGGAATGGCTAGCTACAATGCCAAAATCTCAGGTAA	1977

	gen_mecC_2prot_PBP2a	AATTGATACAAAAGCTATAACCAATAAAGTTAATCAAAAATGGGTTGAGCCAGATTCATT *** *	623
47035 A23_2940 blood	gen_mecC_2prot_PBP2a	CGTTCACCTTAAAACCGTTAAAAAATGGATGAATATTTAAGTGATTTTCGCAAAAAAATT TGTACCAATTAAAAAGATAAAATAACAAGATGAATATATAGACAAATTAATTAATCATA ** *	717 683
47035 A23_2940 blood	gen_mecC_2prot_PBP2a	TCATCTTACAACCTAAATGAAACAGAAAGTCGTAACCTATCCTCTAGGAAAAGCGACTTCACA CAATTTACAATAAACACTATAAAAAGCCGTGTTTATCCATTGAACGAAGCAACAGTACA *	777 743
47035 A23_2940 blood	gen_mecC_2prot_PBP2a	TCTATTAGGTATGTGGTCCCAATTAACCTGAAGAATTAACAACAAAAGAAATATAAAGG CCTTTTAGGTTATGTGGGTCCAATTAATTCGACGAGTTAAAAAGTAAGCAATTTAGAAA *	837 803
47035 A23_2940 blood	gen_mecC_2prot_PBP2a	CTATAAGATGATGCAGTTATTGGTAAAAAGGGACTCGAAAAACTTACGATAAAAAAGCT CTATAGCAAAAATACTGTTATTGGAAAAAAGGCTTAGAACGCCTCTATGATAACAATT ***** *	897 863
47035 A23_2940 blood	gen_mecC_2prot_PBP2a	CCAACATGAAGATGGCTATCGTGTACAATCGTTGACGATAATAGCAATACAATCGCACA GCAAAACACTGATGGTTTTAAGGTATCCATTGCAAACTATGACAATAAACCTTTAGA *** *	957 923
47035 A23_2940 blood	gen_mecC_2prot_PBP2a	TACATTAATAGAGAAAAAGAAAAAGATGGCAAGATATTCAACTAACTATTGATGCTAA CACATTATTGGAGAAAAAGGCTGAAAACGGAAAAAGATCTTCATTTAACTATAGATGCTAG ***** *	1017 983
47035 A23_2940 blood	gen_mecC_2prot_PBP2a	AGTTCAAAGAGTATTTATAACAACATGAAAATGATTATGGCTCAGGTACTGCTATCCA AGTACAAGAAAGTATTTATAAACATATGAAAAATGACGATGGATCTGGTACAGCATTACA *** *	1077 1043
47035 A23_2940 blood	gen_mecC_2prot_PBP2a	CCCTCAAACAGGTGAATTATTAGCACTTGTAAAGCACACCTTCATATGACGTCTATCCATT ACCAAAAACCTGGAGAAATTTAGCTTTGGTAAAGTACCCCATCGTACGATGTTATCCATT *	1137 1103
47035 A23_2940 blood	gen_mecC_2prot_PBP2a	TATGTATGGCATGAGTAACGAAGAATAATAAAATTAACCGAAGATAAAAAAGAACCTCT CATGAATGGATTAAGCAATAATGACTACCGTAAATTAACCTAACATAAAAAAGAGCCTTT *** *	1197 1163
47035 A23_2940 blood	gen_mecC_2prot_PBP2a	GCTCAACAAGTTCAGATTACAACCTCACCAGGTTCAACTCAAAAATATTAACAGCAAT GCTCAACAAATTTCAATCACTACATCACCAGGTTCAACCCAAAAAATAATAACATCTAT ***** *	1257 1223
47035 A23_2940 blood	gen_mecC_2prot_PBP2a	GATTGGGTTAATAACAAAACATTAGACGATAAAAACAAGTTATAAAATCGATGGTAAAGG TATAGCCTTAAAGAAAAATAAACTAGACAAAAATACTAATTTTGATATTTATGGTAAAGG *	1317 1283
47035 A23_2940 blood		TTGGCAAAAAGATAAATCTTGGGGTGGTTACAACGTTACAAGATATGAAGTGGTAAATGG	1377

	gen_mecC_2prot_PBP2a	TTGGCAAAAAGATGCATCATGGGGTAATTATAATATCACAAAGATTTAAAGTAGTAGACGG ***** ** * ** *	1343	
	47035 A23_2940 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TAATATCGACTTAAAACAAGCAATAGAATCATCAGATAACATTTTCTTTGCTAGAGTAGC CAATATCGATTTAAAGCAAGCAATAGAATCATCAGACAACATATTTTGGCCCGCATTGC ***** *	1437 1403	
	47035 A23_2940 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	ACTCGAATTAGGCAGTAAGAAATTTGAAAAAGGCATGAAAAAACTAGGTGTGGTGAAGA ATTAGCATTAGGAGCCAAAAATTTGAGCAAGGTATGCAAGATTTGGGAATCGGTGAAAA *	1497 1463	
	47035 A23_2940 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TATACCAAGTATTATCCATTTTATAATGCTCAAATTTCAAACAAAAATTTAGATAATGA TATCCCGAGTGATTATCCCTTTTATAAAGCACAAATCTCAAATAGTAATTTAAAAAATGA *** *	1557 1523	
	47035 A23_2940 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	AATATTATTAGCTGATTACGATTTACGGACAAGGTGAAATACTGATTAACCCAGTACAGAT AATATTATTAGCAGATTTAGGATATGGCCAAAGCGAGATACTAGTAAACCCATATACAAAT ***** *	1617 1583	
	47035 A23_2940 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CCTTTCAATCTATAGCGCATTAGAAAATAATGGCAATATTAAACGCACCTCACTTATTTAAA TTTATCAATATACAGTGCTTTAGAAAATAACGGAAATATACAAAATCCTCATGTTTACG *	1677 1643	
	47035 A23_2940 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	AGACACGAAAAACAAAGTTTGAAGAAAAATATTATTTCCAAGAAAAATCAATCTATT TAAAACAAAATCTCAAATATGGAAAAAGATATTATACCTAAAAAAGACATAGATATATT *	1737 1703	
	47035 A23_2940 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	AACTGATGGTATGCAACAAGTCGTAATAAAAACACATAAAGAAGATATTTATAGATCTTA AACTAATGGTATGGAACGTGTAGTTAATAAAAACACATAGGGATGATATATACAAAATTA **** *	1797 1763	
	47035 A23_2940 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TGCAAACTTAATTGGCAAATCCGGTACTGCAGAACTCAAATGAAACAAGGAGAACTGG TGCCCGAATTATGGTAAATCTGGCACAGCAGAAATAAAAATGAATCAAGGGGAACTGG *** *	1857 1823	
	47035 A23_2940 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CAGACAAATGGGTGGTTTATATCATATGATAAAGATAATCCAAACATGATGATGGCTAT AAGACAAATAGTTGGTTTGTTCATATAATAAAAATAATCTAATATGTTAATGGCGAT ***** *	1917 1883	
	47035 A23_2940 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TAATGTAAAGATGTACAAGATAAAGGAATGGCTAGCTACAATGCCAAAATCTCAGGTAA TAATGTAAAGACGTTCAAATAAAGGGATGGCCAGCTATAATGCTACTATATCTGGAAA ***** *	1977 1943	
	47035 A23_2940 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	AGTGATGATGAGCTATATGAGAACGGTAATAAAAAATACGATATAGATGAATAACAAAA AGTTTATGATGATTTGTATGATAATGGAAAACTCAATTTGATATAGATCAGTAA----- *** *	2037 1998	
47036	47036 A23_2959 blood	GTAGTCTTATATAAGGAGGATATTGATGAAAAAGATAAAA--ATTGTCCACTTATTTT	57	68.42%

gen_mecC_2prot_PBP2a	-----ATGAAAAAATTTATATTAGTGTGCTAGTCTTTT ***** * * * * * * * * * * *	35
47036 A23_2959 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	AATAGTTGAGTGTGCGGGTTGGTATATATTTTTATGCTTCAAAAGATAAAGAAATTA ACTAATTATGATTAT-----AATAACTTGGTTATTCAAAGATGACGATATTGA *	117 83
47036 A23_2959 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TAATACTATTGATGCAATTGAAGATAAAAAATTTCAAACAAGTTTATAAAGATAGCAGTTA GAAAACAATTAGTTCATTGAAAAAGGAACTATAACGAAGTATATAAAAAATAGTTCAGA *	177 143
47036 A23_2959 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TATTTCTAAAAGCGATAATGGTGAAGTAGAAATGACTGAACGTCCGATAAAAAATATATAA AAAATCTAAACTGGCATATGGAGAAGAAGAAATTTAGATAGGAATAAAAAAATTTACAA *	237 203
47036 A23_2959 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TAGTTTAGGCGTTAAAGATAAAACATTCAGGATCGTAAATAAAAAAAGTATCTAAAAA AGATTTAAGTGTCAATAACTTAAAAATTAATAATCATGAAATTAAAAAACTGGAAAAGA *	297 263
47036 A23_2959 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TAAAAACGAGTAGATGCTCAATATAAAATTAAAACAACTACGGTAACATTGATCGCAA TAAAAAGCAAGTTGATGTTAAATATAACATATATACAAAATATGGAATATACGACGTAA ***** *	357 323
47036 A23_2959 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CGTTCAATTTAATTTGTTAAAGAAGATGGTATGTGGAAGTTAGATTGGGATCATAGCGT TACACAATTAACCTTTATTTTATGAAGATAAGCATTGGAATTAGATTGGAGACCAGACGT ***** *	417 383
47036 A23_2959 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CATTATTCAGGAATGCAGAAAGACCAAAGCATACATATTGAAAATTTAAAATCAAACG AATAGTACCTGGTTTGA AAAATGGACAGAAAATTAATATAGAAACATTAAAATCAGAGCG *	477 443
47036 A23_2959 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TGGTAAAATTTTAGACCGAAACAATGTGGAATTGGCCAATACAGGAACAGCATATGAGAT AGGCAAAAATAAAGATAGAAATGGTATAGAAATAGCTAAAATGGAATACATATGAAAT *	537 503
47036 A23_2959 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	AGGCATCGTTCCAAAGAATGTATCTAAAAAGATTATAAAGCAATCGCTAAAGAATAAG CGGTATTGTCCCTAACAAAACACCCAAAGAAAAATATGATGATATTGCTCGTACTTACA *	597 563
47036 A23_2959 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TATTTCTGAAGACTATATCAAAACAACAATGGATCAAATTTGGGTACAAGATGATACCTT AATTGATACAAAAGCTATAAACAATAAAGTAAATCAAAAATGGGTTCAGCCAGATTCATT *	657 623
47036 A23_2959 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CGTTCCTTAAAACCGTTAAAAAAATGGATGAATATTTAAGTATTTCGCAAAAAAAT TGTACCAATTA AAAAGATAAATAAACAAGTGAATATATAGACAATTAATTAATCATA *	717 683
47036 A23_2959 blood	TCATCTTACAATAATGAAACAGAAAGTCGTAACCTATCTTAGGAAAAGCGACTTACA	777

gen_mecC_2prot_PBP2a	CAATTTACAAATAAACACTATAAAAAAGCCGTGTTTTATCCATTGAACGAAGCAACAGTACA	743
	* *	
47036 A23_2959 blood	TCTATTAGGTTATGTTGGTCCCATTAACTCTGAAGAATTAACAAAAAGAAATATAAAGG	837
gen_mecC_2prot_PBP2a	CCTTTTAGGTTATGTTGGTCCAATTAACTCTGACGAGTTAAAAAGTAAGCAATTTAGAAA	803
	* *	
47036 A23_2959 blood	CTATAAAGATGATGCAGTTATTTGGTAAAAAGGGACTCGAAAAACTTACGATAAAAAGCT	897
gen_mecC_2prot_PBP2a	CTATAGCAAAAAATACTGTTATTTGAAAAAAAGGCTTAGAACGCCTCTATGATAACAATT	863
	* *	
47036 A23_2959 blood	CCAACATGAAGATGGCTATCGTGTCACAATCGTTGACGATAATAGCAATACAATCGCACA	957
gen_mecC_2prot_PBP2a	GCAAAACTGATGGTTTTAAGGATTCATTGCAAATACTTATGACAATAAACCTTTAGA	923
	* *	
47036 A23_2959 blood	TACATTAATAGAGAAAAAGAAAAAGATGGCAAAGATATCAACTAACTATTGATGCTAA	1017
gen_mecC_2prot_PBP2a	CACATTATTGGAGAAAAAGGCTGAAAACGGAAAAGATCTTCATTTAACTATAGATGCTAG	983
	* *	
47036 A23_2959 blood	AGTTCAAAAGAGTATTTATAACAACATGAAAAATGATTATGGCTCAGGTACTGCTATCCA	1077
gen_mecC_2prot_PBP2a	AGTACAAGAAAGTATTTATAACAATATGAAAAATGACGATGGATCTGGTACAGCATTACA	1043
	* *	
47036 A23_2959 blood	CCCTCAAACAGGTGAATTATTAGCACTTGTAAGCACACCTTCATATGACGTCTATCCATT	1137
gen_mecC_2prot_PBP2a	ACCAAAAACGGAGAAATTTAGCTTTGGTAAAGTACCCCATCGTACGATGTTATCCATT	1103
	* *	
47036 A23_2959 blood	TATGTATGGCATGAGTAACGAAGAATATAATAAATTAACCGAAGATAAAAAAGAACCTCT	1197
gen_mecC_2prot_PBP2a	CATGAATGGATTAAGCAATAATGACTACCGTAAATTAACCTAACATAAAAAAGAGCCTTT	1163
	* *	
47036 A23_2959 blood	GCTCAACAAGTTCCAGATTACAACCTCACCAGGTTCAACTCAAAAAATATTAACAGCAAT	1257
gen_mecC_2prot_PBP2a	GCTCAACAAATTTCAATCACTACATCACCAGGTTCAACCCAAAAAATATTAACATCTAT	1223
	* *	
47036 A23_2959 blood	GATTGGGTTAATAACAAAACATTAGACGATAAAACAAGTTATAAATCGATGGTAAAGG	1317
gen_mecC_2prot_PBP2a	TATAGCCTTAAAAGAAAATAAACTAGACAAAAATACTAATTTTGATATTTATGGTAAAGG	1283
	* *	
47036 A23_2959 blood	TTGGCAAAAAGATAAATCTTGGGGTGGTTACAACGTTACAAGATATGAAGTGGTAAATGG	1377
gen_mecC_2prot_PBP2a	TTGGCAAAAAGATGCATCATGGGGTAAATTAATATCACACAGATTAAAGTAGTAGACGG	1343
	* *	
47036 A23_2959 blood	TAATATCGACTTAAAACAAGCAATAGAATCATCAGATAACATTTTCTTTGCTAGAGTAGC	1437
gen_mecC_2prot_PBP2a	CAATATCGATTTAAAGCAAGCAATAGAATCATCAGACAACATATTTTGGCCCGCATTGC	1403
	* *	
47036 A23_2959 blood	ACTCGAATTAGGCAGTAAGAAATTTGAAAAAGGCATGAAAAACTAGGTGTTGGTGAAGA	1497

gen_mecC_2prot_PBP2a	GAAAACAATTAGTTCTATTGAAAAAGGAACTATAACGAAGTATATAAAAAATAGTTCAGA *	143
47037 A23_2979 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TATTTCTAAAAGCGATAATGGTGAAGTAGAAATGACTGAACGTCCGATAAAAAATATATAA AAAACTAAACTGGCATATGGAGAAGAAGAAATTGTAGATAGGAATAAAAAAATTTACAA *	237 203
47037 A23_2979 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TAGTTTAGGGCTTAAAGATATAAACATTGAGGATCGTAAAATAAAAAAAGTATCTAAAAA AGATTTAAGTGTCAATAACTTAAAAATTACTAATCATGAAATTAAAAAAAGTGGAAAAGA *	297 263
47037 A23_2979 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TAAAAACGAGTAGATGCTCAATATAAAATTAAAACAAACACGGTAACATTGATCGCAA TAAAAAGCAAGTTGATGTTAAATATAACATATATACAAAATATGGAACATACGACGTAA *	357 323
47037 A23_2979 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CGTTCAAATTTAATTTGTTAAAGAAGATGGTATGTGGAAGTTAGATTGGGATCATAGCGT TACACAATTAACCTTTATTTATGAAGATAAGCATTGGAAATTAGATTGGAGACCAGACGT *	417 383
47037 A23_2979 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CATTATCCAGGAATGCAGAAAGACCAAAGCATACATATTGAAAAATTTAAAATCAAACG AATAGTACCTGGTTTGAAAAATGGACAGAAAATTAATATAGAAACATTAAAAATCAGAGCG *	477 443
47037 A23_2979 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TGGTAAAATTTAGACCGAAACAATGTGGAATTGGCCAATACAGGAACAGCATATGAGAT AGGCAAAAATAAAGATAGAAATGGTATAGAATTAGCTAAAAGTGGAAATACATATGAAAT *	537 503
47037 A23_2979 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	AGGCATCGTTCCAAAGAATGTATCTAAAAAGATTATAAAGCAATCGCTAAAGAACTAAG CGGTATTGTCCCTAACAAAACACCCAAAGAAAAATATGATGATATTGCTCGTACTTACA *	597 563
47037 A23_2979 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TATTTCTGAAGACTATATCAAACAACAATGGATCAAATGGGTACAAGATGATACCTT AATTGATACAAAAGCTATAACCAATAAAGTTAATCAAAAATGGGTTACAGCCAGATTCATT *	657 623
47037 A23_2979 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CGTTCCTTAAAACCGTTAAAAAAATGGATGAATATTTAAGTATTTCGCAAAAAAATT TGTACCAATTA AAAAGATAAATAAACAAGATGAATATATAGACAAATTAATTAATCATA *	717 683
47037 A23_2979 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TCATCTTACAAC TAATGAAACGAAAGTCGTAAC TATCCTCTAGGAAAAGCGACTTCACA CAATTTACAATAAACA CTATAAAGCCGTTTATCCATTGAACGAAGCAACAGTACA *	777 743
47037 A23_2979 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TCTATTAGGTTATGTTGGTCCCATTAACTCTGAAGAATTA AAAACAAAAGAATATAAAGG CCTTTTAGGTTATGTTGGTCCAATTAATCTGACGAGTTAAAAAGTAAGCAATTTAGAAA *	837 803
47037 A23_2979 blood	CTATAAAGATGATGCAGTTATTGGTAAAAGGGACTCGAAAAC TTTACGATAAAAAGCT	897

gen_mecC_2prot_PBP2a	CTATAGCAAAAATACTGTTATTGGAAAAAAGGCTTAGAACGCCTCTATGATAACAATT ***** * ** * ***** ** * ** * ** * ** * ** * ** *	863
47037 A23_2979 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CCAACATGAAGATGGCTATCGTGTACAATCGTTGACGATAATAGCAATACAATCGCACA GCAAAACACTGATGGTTTTAAGGTATCCATTGCAAATACTTATGACAATAAACCTTTAGA *** * ***** * * ** * ** * * * ** * ** * ** * ** *	957 923
47037 A23_2979 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TACATTAATAGAGAAAAAGAAAAAGATGGCAAAGATATCAACTAACTATTGATGCTAA CACATTATTGGAGAAAAAGGCTGAAAACGGAAAAGATCTTCATTTAACTATAGATGCTAG ***** * ***** ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** *	1017 983
47037 A23_2979 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	AGTTCAAAAGAGTATTTATAACAACATGAAAAATGATTATGGCTCAGGTACTGCTATCCA AGTACAAGAAAGTATTTATAACAATATGAAAAATGACGATGGATCTGGTACAGCATTACA *** ** * ***** * ***** ** * ** * ** * ** * ** *	1077 1043
47037 A23_2979 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CCCTCAAACAGGTGAATTATTAGCACTTGTAAAGCACACCTTCATATGACGCTATCCATT ACCAAAAACGGAGAAATTTAGCTTTGGTAAAGTACCCCATCGTACGATGTTATCCATT ** **** * ** * * ** * * ** * ** * ** * ** * ** * ** *	1137 1103
47037 A23_2979 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TATGTATGGCATGAGTAACGAAGAATAATAAAATTAACCGAAGATAAAAAAGAACCTCT CATGAATGGATTAAGCAATAATGACTACCGTAAATTAACATAAAAAAGAGCCTTT *** **** * ** * * * ** * * ***** * ***** * ** *	1197 1163
47037 A23_2979 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	GCTCAACAAGTTCAGATTACAACCTCACCAGGTTCAACTCAAAAAATATTAACAGCAAT GCTCAACAAATTTCAAATCACTACATCACCAGGTTCAACCAAAAAATATTAACATCTAT ***** * ** * ** * * ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** *	1257 1223
47037 A23_2979 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	GATTGGGTTAAATACAAAACATTAGACGATAAAACAAGTTATAAAATCGATGGTAAAGG TATAGCCTTAAAAGAAAATAAACTAGACAAAAATACTAATTTTGATATTTATGGTAAAGG * * * ***** * ** * * * ** * * ** * * ** * ** * ** * ** *	1317 1283
47037 A23_2979 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TTGGCAAAAAGATAAATCTTGGGGTGGTTACAACGTTACAAGATATGAAGTGGTAAATGG TTGGCAAAAAGATGCATCATGGGGTAAATTATAATATCACAAAGATTTAAAGTAGTAGCGG ***** ** * ***** ** * ** * * ***** * ** * ** * ** *	1377 1343
47037 A23_2979 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TAATATCGACTTAAACAAGCAATAGAATCATCAGATAACATTTTCTTTGCTAGAGTAGC CAATATCGATTTAAAGCAAGCAATAGAATCATCAGACAACATATTTTGGCCCGCATTGC ***** ** * ***** ** * ** * ** * ** * ** * ** * ** *	1437 1403
47037 A23_2979 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	ACTCGAATTAGCGAGTAAGAAATTTGAAAAAGGCATGAAAAAAGTGGTGTGGTGAAGA ATTAGCATTAGGAGCCAAAAATTTGAGCAAGGTATGCAAGATTTGGGAATCGGTGAAAA * * * ***** ** ***** ** * ** * ** * * ** * * ** * ** *	1497 1463
47037 A23_2979 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TATACCAAGTGATTATCCATTTTATAATGCTCAAATTTCAACAAAAATTTAGATAATGA TATCCCGAGTGATTATCCCTTTTATAAAGCACAAATCTCAAATAGTAATTTAAAAATGA *** ** ***** ***** ** * ** * ** * * ** * ** * ** * ** *	1557 1523
47037 A23_2979 blood	AATATTATTAGCTGATTCAGGTTACGGACAAGGTGAAATACTGATTAACCCAGTACAGAT	1617

gen_mecC_2prot_PBP2a	AATATTATTAGCAGATTCAGGATATGGCCAAGGCGAGATACTAGTAAACCTATACAAAT *****	1583
47037 A23_2979 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CCTTTCAATCTATAGCGCATTAGAAAAATAAGGCAATATTAACGCACCTCACTTATTA TTTATCAATATACAGTGCTTTAGAAAAACGGAAATATACAAAATCCTCATGTTTACG * * * * *	1677 1643
47037 A23_2979 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	AGACACGAAAAACAAAGTTTGAAGAAAAATATTATTTCCAAAGAAAATCAATCTATT TAAAACAAAATCTCAAATATGGAAAAAGATATTATACCTAAAAAGACATAGATATATT * * * * *	1737 1703
47037 A23_2979 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	AACTGATGGTATGCAACAAGTCGTAATAAACACATAAAGAAGATATTTATAGATCTTA AACTAATGGTATGGAACGTGTAGTTAATAAACACATAGGGATGATATATACAAAATTA ****	1797 1763
47037 A23_2979 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TGCAACTTAATTGGCAAATCCGGTACTGCAGAACTCAAATGAAACAAGGAGAACTGG TGCCCGAATTATTGGTAAATCTGGCACAGCAGAATTAATAATGAATCAAGGGGAACTGG ***	1857 1823
47037 A23_2979 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	CAGACAAATTGGGTGGTTTATATCATATGATAAAGATAATCCAAACATGATGATGGCTAT AAGACAAATAGGTTGGTTTGTTCATATAATAAAAAATAATCCTAATATGTTAATGGCGAT *****	1917 1883
47037 A23_2979 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	TAATGTAAAGATGTACAAGATAAAGGAATGGCTAGCTACAATGCCAAAATCTCAGGTAA TAATGTAAAGACGTTCAAATAAAGGGATGGCCAGCTATAATGCTACTATATCTGGAAA *****	1977 1943
47037 A23_2979 blood gen_mecC_2prot_PBP2a	AGTGTATGATGAGCTATATGAGAACGGTAATAAAAAATACGATATAGATGAATAACAAAA AGTTTATGATGATTTGTATGATAATGGAAAACTCAATTTGATATAGATCAGTAA----- ***	2037 1998

		* :*. . : * . : : : : : * : : : * . : : * : : . .		
	33233 mecC_2_Prot_PBP2a	NLTYQDKLKEKMNLPGISLLPETERFYPNGNFASHLIGRA-----QKNPDTG QDEYIDKL----IKSYNLQINTIKSRVYPLNEATVHLLGYVGPINSDELKSKQFRNYSKN : * *** : : . : : . . * . * * : : * * : * . : * *	191 272	
	33233 mecC_2_Prot_PBP2a	ELKGALGVEKIFDSYLSGSKGSLRYIHDIWGYIAPNTKKEKQPKRGDDVHLTIDSNIQVF TVIGKKGLERLYDQQLQNTDGFKVSIA NTYDNKPLDTLLEKKAENGDHLTLIDARVQES : * * : * : : * . * . . . * * : : . : * * * : : * . * : * * * * : : * *	251 332	
	33233 mecC_2_Prot_PBP2a	VEEALDGMVERYQPKDLFAVMDAKTGEILAYSQRPTFNPE-----TGKDFGKKW---- IYKHM-----KNDDGSGTALQPKTGEILALVSTPSYDVYPFMNGLSNNDYRKL TNKK : : : : : * . . . : : * * * * * . * : : : : : : : * * : : * *	301 385	
	33233 mecC_2_Prot_PBP2a	--ANDLYQNTYEPGSTFKSYGLAAAIQEGAFDPDKKYKSGHRDIMGSRISDWN-RVGWGE EPLLNKFQITTSFGSTQKILTSI IALKENKLDKNTNF-----DIYGK---GWQKDASWGN : * * * . * * * * * * * : * : * . : : : * * * . * : . * * :	358 437	
	33233 mecC_2_Prot_PBP2a	IPM-----SLGFTYSSNTLMMHLQDLVGDKMKSWYERFGFGKSTKGMFD--G YNI TRFKVVDGNIDLKQAI ESSDNIF FARIALALGAKKFEQGMQDLGIGENIPSDYPFYK : : : * . * : : : : * * . * : : : : * * : : : : * : : * : : . . :	404 497	
	33233 mecC_2_Prot_PBP2a	EAPGQIGWSNELQQTSSFGQS-TTVTPVQMLQAQSAFFNDGNMLKPFVNSVENPVSKR AQISNSNLKNEILLADSGYQGEILVNPIQILSIYSALENNNGNIQNPVLRKTKSQIWKK : . . * * : * : * * . * . * : * * . * * : * * : * * : * * : * * : * * :	463 557	
	33233 mecC_2_Prot_PBP2a	QFYKGQKQIAGKPI TKDTAEKVEKQLDLVNSKSKSHAANYRIDGYEVEGKTGTQVAAPN DIIP-----KKDIDILTNGMERVVNK--THRDDIYKNYARIIGKSGTAE LKMNQ : : * . : : : : * * . * : : : * * : : : * * : * * : * * : * * : * * :	523 604	
	33233 mecC_2_Prot_PBP2a	GGYVKGPNPYFVSFMGDAPKKNPKVIVYAGMSLAQKNDQEAYELGVS-KAFKPIMENTL GE--TGRQIGWFVSYNKN---PNMLMAINVKDVQNKGMASYNATISGKVYDDLVDNGK * . : * * : : * * : : : * * : : . . * : : * : * : * * . . : * *	582 658	
33234	33234 mecC_2_Prot_PBP2a	-----CGTATGATTAAAAGTAGCAAATGCCATTAT IQNPVLRKTKSQIWKKDIIPKKDIDILTNGMERVVNKTHRDDIYKNYARIIGKSGTAE L * . . . * . * * * . . * :	31 600	16.84%
	33234 mecC_2_Prot_PBP2a	TCAAGGTGATATGCCGATGATTAA-TCAAGTATATCAACTCGTTGCACCGAGACAGTTC KMNQGETGRQ--IGWFVSYNKNPNMLMAINV-----KDVQNKGMASY-----NATIS . * * * * : . . . * * * . . * . . * . .	90 646	
	33234 mecC_2_Prot_PBP2a	GACGTACATATAATAATGTTGATATTTATGGTAATCATGTCATCGTAAGACCTTTATAC GKVY-----DDLVDNGKTQFDIDQ----- * . * . *	150 665	
	33235 mecC_2_Prot_PBP2a	MKALLKTSVWLVLFLFSAMGLWQVSNAAEQHTPMKAHAVTTIDKATTDKQQVPTKEAAH MKKIYISV--LVLLLIMIITWLFKDDIEKT-----ISSIEKGNVNEVYKNSSEKSKL	60 52	19.33%

	** : :.. : **: : * :.. : :*		: : : * .. : :
33235	QSGEEAATNVSASAQGTADDTNKNKVTSNAPSNKPS---TAVSTTVNETRDVDVTQQ-----	112	
mecC_2_Prot_PBP2a	AYGEEIIV-----DRNKKIYKDLVSVNLLKITNHEIKKTKGDKKQVDVKYNIYTK	101	
	*** . * *: : * : . . : . * : : : * : . :		
33235	-ASTQKPTHATATFKLSN-AKTASLSPRMFAANAPQTTHKILHTNDIHGRLAEEKGRVIG	170	
mecC_2_Prot_PBP2a	YGTIRRNT-QLNFIYEDKHVKLWRPDIIVPGLKNGQKINIEIETLKSERGKIKDRNGIEL-	159	
	. : : * . * . : . . * : . . : . : * . . : * : : : * : :		
33235	MAKLTVKEQEKPDMLDAGDAFQGLPLSNQSKGEEMAKAMNAVGYDAMAVGNH---EF-	226	
mecC_2_Prot_PBP2a	-----AKTGNTYEIGIVPNKTPKEYDDIARDLQIDTKAITNKVNQKWW	203	
	. : * : : : . : * : : * : . . : * : * : * : : :		
33235	-DFGYDQLKKL---EGMLDFPMLSTNVYKDGKRAFKPSTIVTKNGIRYGIIGVTPETKT	282	
mecC_2_Prot_PBP2a	QPDSFVPIKKINKQDEYIDKLIKSYNL---QINTIK-SRVYPLNEATVHLLGYVGPINS	259	
	. : : * : . : * : * * : . : * * : * : : * . * . :		
33235	KTRPEGIKGVFRDPLQSV---TAEMMRIYK---DVDTFVVISHLGDIPSTQETWRGDY	335	
mecC_2_Prot_PBP2a	-----ELKSKQFRNYSKNTVIGKGLERLYDKQLQNTDGFK-----VSIANTYDNKP	306	
	: * . : * : : . . . : * : . . : * * . . * : * : . . :		
33235	LVKQLSQNPQLKKRIT-VIDGHSHTVLQNGQIYNN---D-----ALAQTGTALANIGKI	385	
mecC_2_Prot_PBP2a	LDTLLEKKAENGLDHLTIIDARV-----QESIYKHKMKNDDGSGTALQPKTGEILALVSTP	361	
	* . * : : : * : . * : . : . * : . : * : : * : * * : * : . . :		
33235	---TFNYRNGEV-----SNIKPSLINVKD-----	406	
mecC_2_Prot_PBP2a	SYDVYPFMNGLSNNDYRKLTNKKEPLLKQFQITSPGSTQKILTSIIALKENKLDKNTN	421	
	. : : * * . : * * * : * : * * : * : * : * : :		
33235	-----VENVTPNKALAEQINQADQTFRAQTAEVIIIPNNTIDFKG	445	
mecC_2_Prot_PBP2a	FDIYGKGWQKDaswgnYNIrFkvVDGNIDLkQAIESSDNIFFARIALA---LGAKKFE-	477	
	. : * * * : * : : * : * : * . . : . : * : :		
33235	ERDDVRTRETNLGNIAADAMEAYGVK--NFSKKTDFAVTNGGGIRASIAGKVTRYDLIS	503	
mecC_2_Prot_PBP2a	----QGMQDLGIGENIPSDYPFYKAQISNSNLKNEILLADSGYQGEIILVNPQIILSIYS	533	
	: . : * : * . . * : . . * : . : : * : : : * : . . : . : * :		
33235	VLPFGNTIA---QIDVKGSVDVWTAFEHSLGAPTQKDKGKTVLTANGGLLHISDSIRVYYD	560	
mecC_2_Prot_PBP2a	ALENNGNIQNPHVLRKTKSQIWKDIIIP-----	561	
	. * . . * . : . * : * . :		
33235	INKPSGKRINAIQILNKETGKFEN-IDLKRVIHVTMNDFTASGGDGYSMFGGTREEGISL	619	
mecC_2_Prot_PBP2a	-----KKDIDILTNGMERVVNKTTHRDDIYKNYARIIGKSGTAEELKMNQGETGRQIG-	612	
	: * : * : . . * . . : * : . . : * * . * * . * . :		
33235	DQVLASYLKTANLAKYDTTEPQRMLLGKPAVSEQPAKGGQSGKSGSESGKDAQPIGDDKVM	679	
mecC_2_Prot_PBP2a	-----WFSYNKNNPNMLM-AI-NVKDVQNKGMASYNATISGK-----	648	

	<p>33235 DPAKKPAPGKVVLLLAHRGTVSSGTEGSGRTIEGATVSSKSGKQLARMSVPKGSAHEKQL 739 mecC_2_Prot_PBP2a -----VYDDLVDNGKT-----QFDIDQ----- 665 * * ..*.. : : : :</p>	
	<p>33236 -----YPCKENVSRPNTT-----IIYIITRLSRLKTKRNLIRC 33 mecC_2_Prot_PBP2a PSYDVYPFMNGLSNNDYRKLTNKKPEPLLNKFQITTSFGSTQKILTSI IALK--ENKLDK 418 ** :.*. : *.* : ** .* :</p> <p>33236 MNHC---RIWTCSIGTWRTIQHSDNTVFKSSKCHYSRYCRLIKYINSLHRDSSTSHIIM 89 mecC_2_Prot_PBP2a NTNFDIYGKGWQK--DASWGNYNIT--RFKV-----VDGNIDLKQAISSDNIFF 464 .: : * :.*. : : ** : * : : .*:.*: :</p> <p>33236 LIFVMVIMSSDLYTCLFVQLIKGITQVEEMKMYAKNYQCHFMKLLVVKLYLIVKGYL---- 145 mecC_2_Prot_PBP2a ARIALALGAKKFEQGMQDLGIGENIPSDYPFYKAQISN---SNLKNELLDADSGYGQGEI 521 : : :.: : : * * . : : * * : : * : : * .**</p>	18.24%
33237	<p>mecC_2_Prot_PBP2a MKKIYISV--LVLLELIMIITWLFKDDDIKT-----ISSIEKGNYNVYKNSSEKSKL 52 33237 MKALLLKTSVLVLVLLFSAMGLWQVSNAAEQHTPMKAHAVTTIDKATTDKQQVPTKEAAH 60 ** : :.. :.*: : * .. : : * : : : * . * . : : : :</p> <p>mecC_2_Prot_PBP2a AYGEEIIV-----DRNKKIYKDLVNNLKITNHEIKKTGKDKKQVDVKYNIYTK 101 33237 QSGEEAATNVASASAQGTADDTNKNVTSNAPS NKPS---TAVSTTVNETRDVDTQQ----- 112 *** . * *.*: . : * . : ..* : : : : * . :</p> <p>mecC_2_Prot_PBP2a YGTIRRNT-QLNFIYEDKHWKLDWRPDVIVPGLKNGQKINIE TLKSERGKIKDRNGIEL- 159 33237 -ASTQKPTHATFKLSN-AKTASLSRPFANAPQTTTHKILHTNDIHGR LAEBEKGRVIG 170 .: : : * .* .: . . * :. . : . : * . : . : * : : : * :</p> <p>mecC_2_Prot_PBP2a -----AKTGNTYEIGIVPNKTPKEKYDDIARDLQIDTKAITNKVNQKWV 203 33237 MAKLKTVKEQKPDMLDAGDAFQGLPLSNQSKGEEMAKAMNAVGYDAMAVGNH---EF- 226 .: * : : : : * : : * . . : : * : * : : :</p> <p>mecC_2_Prot_PBP2a QPDSFVPIKINKQDEYIDKLIKSYNL---QINTIK-SRVYPLNEATVHLLGYVGPINSD 259 33237 -DFGYDQLKKL---EGMLDFPMLSTNVYKDGKRAF KPSTIVTKNGIRYGIIGVTPPETKT 282 .: : * : : * : * * : : : * * : * : * : * . .</p> <p>mecC_2_Prot_PBP2a -----ELKSKQFRNYSKNVTIGKGLERLYDKQLQNTDGFK-----VSIANTYDNKP 306 33237 KTRPEGIKVVEFRDPLQSV---TAEMMRIYK----DVDTFVVISHLGIDPSTQETWRG DY 335 :* . *.*: . . . : *.* . : * * * * : * : * : . .</p> <p>mecC_2_Prot_PBP2a LDTLLEKKAENGKDLHLTIDARV-----QESIYKHMKNDDGSGTALQPKTGEILALVSTP 361 33237 LVKQLSQNPQLKKRIT-VIDGHSHTVLQNGQIYNN---D-----ALAQGTALANIGKI 385 * . * . : : * : . * . : : . * . : * : * * * . .</p> <p>mecC_2_Prot_PBP2a SYDVYPFMNGLSNNDYRKLTNKKPEPLLNKFQITTSFGSTQKILTSI IALKENKLDKNTN 421 33237 ---TFNYRNGEV-----SNIKPSLINVKD----- 406 .: : * : * * : * : * : *</p>	19.33%

	mecC_2_Prot_PBP2a 47012	PSYDVYPFMNGLSNNDYRKLTNKKEPLLNKFQITTSFGSTQKILTSIIALKENKLDKNT PSYDVYPFMYGMSNEEYKLTEDKKEPLLNKFQITTSFGSTQKILTAMIGLNNKTLDDKT ***** *::*:*.::*:*****:*****:*.::*:**	420 398	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47012	NFDIYGKGWQKASWGNYNITRFKVVVDGNIDLKQAIESSDNIFFARIALALGAKKFEQGM SYKIDGKGWQKDKSWGYNVTRYEVVNGNIDLKQAIESSDNIFFARVALELGSKKFEKGM ..* ***** **::*:*.::*:*****:*****:*.::*:**	480 458	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47012	QDLGIGENIPSDYPFYKAQISNSNLKNEILLADSGYGQGEILVNPQILSIYSALENNGN KKGVGEDIPSDYPFYNAQISNKNLDNEILLADSGYGQGEILINPVQILSIYSALENNGN :.*::*:*****:*****.*.*****:*****:*.::*:**	540 518	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47012	IQNPHVLRKTKSQIWKKDIIPKKDIDILTNGMERVVNKTTHRDDIYKNYARIIGKSGTAEAL INAPHLKDTKNKVWKNII SKENINLLTDGMQQVVKTHKEDIYRSYANLIGKSGTAEAL *: **::*:**::*:**::*:**::*:**::*:**::*:**::*:**::*:**::*:**::*:**	600 578	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47012	KMNQGETGRQIGWVFSYNKNNPNMLMAINVKDVQNKGMASYNATISGKVYDDLVDNGKTQ KMKQGETGRQIGWFISYDKDNPMMMAINVKDVQDKGMASYNAKISGKVYDELYENGNKK **::*:*****:*.::*:**::*:*****:*****:*****:*****:*.::*:**	660 638	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47012	FDIDQ 665 YDIDE 643 :***:		
47013	mecC_2_Prot_PBP2a 47013	MKKIYISVLVLLLIMIITTWLFKDDIEKTISSIEKGNVNEVYKNSSEKSKLAYGEEIIV -----KDKEINNTIDAIEDKNFKQVYKDSYSISKSDNGEVEMT **::*:**::*:**::*:**::*:**::*:**::*:**::*:**::*:**::*:**	60 38	64.23%
	mecC_2_Prot_PBP2a 47013	DRNKKIYKDLVNNLKITNHEIKKTGKDKKQVDVKYNIYTKYGTIRRNTQLNFIYEDKHW ERPIKIYNSLGVKDINIQRKIKKVSKNKRVDAQYKIKTNYGNIDRNVQFNFVKEDGMW :* ***:*.::*:**::*:**::*:**::*:**::*:**::*:**::*:**::*:**::*:**	120 98	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47013	KLDWRPDVIVPGLKNGQKINIEIETLKERGKIKDRNGIELAKTGTYEIGIVPNKTPKEKY KLDWDHSVIPGMQKQSIHIENLKERGKILDRNNVELANTGTAYEIGIVPNKNSKKDY **** .**::*:**::*:**::*:**::*:**::*:**::*:**::*:**::*:**::*:**	180 158	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47013	DDIARDLQIDTKAITNKVNQKWVQPSDFVPIKINKQDEYIDKLIKSYNLQINTIKSRVY KAIAKELSISEDIKQMQDQNWVQDDTFVPLKTVKMDYELSDFAKKFHLTTNETESRNY . **::*:**::*:**::*:**::*:**::*:**::*:**::*:**::*:**::*:**	240 218	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47013	PLNEATVHLLGYVGPINSEELKQKFRNYSKNTVIGKGLERLYDKQLQNTDGFVSIAN PLGKATSHLLGYVGPINSEELKQKFRNYSKNTVIGKGLERLYDKQLQNTDGFVSIAN **..** *****:***.*::*:**::*:*****:*****:*****:*****:*.::*:**	300 278	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47013	TYDNKPLDTLLEKKAENGLDHLTIDARVQESIYKHMKNDDGSGTALQPKTGEILALVST DNSNTIAHTLIEKKKDKGDIQLTIDAKVQKSIYNNMKNYDGSHTAHPQTGELLALVST . * . **::*:**::*:**::*:**::*:**::*:**::*:**::*:**::*:**::*:**	360 338	

	mecC_2_Prot_PBP2a 47014	PSYDVYPFMNGLSNNDYRKLTNKKEPLLNKFQITTSFGSTQKILTSTIALKENKLDKNT PSYDVYPFMYGMSNEEYKNLTKEDKKEPLLNKFQITTSFGSTQKILTAMIGLNKTLDDKT ***** *:*.:.*. :*****:*****:*. :*.:.*. :*. :*	420 398	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47014	NFDIYGKGWQKQDASWGNYNITRFKVVVDGNIDLKQAISSDNIFFARIALALGAKKFEQGM SYKIDGKGWQKDKSWGYNVTRYEVVNGNIDLKQAISSDNIFFARVALELGSKKFEKGM . :.* ***** *. :*. :*. :*****:*****:*. :*. :*. :*. :*	480 458	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47014	QDLGIGENIPSDYPFYKAQISNSNLKNEILLADSGYGQGEILVNPFIQILSIYSALENNGN KKLQVGEDIPSDYPFYNAQISNKNLDNEILLADSGYGQGEILINPVQILSIYSALENNGN . :*. :*. :*****:*****:*. :*. :*****:*****:*. :*****:*****	540 518	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47014	IQNPHVLRKTKSQIWKKDIIPKKDIDILTNGMERVVNKTTHRDDIYKNYARIIGKSGTAE INAPHLLKDTKNKVWKNLISKENINLLTDGMQVNVNKTTHKEDIYRSYANLIGKSGTAE * : *. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*	600 578	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47014	KMNQGETGRQIGWVSYNKNPNMLMAINVKDQVQNGMASYNATISGKVYDDLVDNGKTQ KMKQGETGRQIGWFISYDKDNPMMMAINVKDQVQDKGMASYNAKISGKVYDELYENGNKK * : *****:*. :*. :*. :*****:*****:*****:*****:*. :*. :*. :*	660 638	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47014	FDIDQ 665 YDIDE 643 :***:		
47015	mecC_2_Prot_PBP2a 47015	MKKIYISVLVLLLIMIITTWLFKDDIEKTISSIEKGNVNEVYKNSSEKSLAYGEEIIV -----KDKEINNTIDAIEDKNFKQVYKDSYSISKSDNGEVEMT * :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*	60 38	64.07%
	mecC_2_Prot_PBP2a 47015	DRNKKIYKDLVNNLKITNHEIKKTGKDKQVDVKYNIYTKYGTIRRNTQLNFIYEDKHW ERPIKIYNSLGVKDINIQRKIKKVSKNKRVDAQYKIKTNYGNIDRNVQFNFVKEDGMW :* ***:*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*	120 98	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47015	KLDWRPDVIVPGLKNGQKINIEIETLKSERKIKDRNGIELAKTGTYEIGIVPNKTPKEY KLDWDHSVIPGMQKQSIHIENLKSQRKILDRNNVELANTGTAYEIGIVPNKNSKKDY **** *. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*	180 158	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47015	DDIARDLQIDTKAITNKVNQKWVQPSDFVPIKKINKQDEYIDKLIKSYNLQINTIKSRVY KAIAKELSISEDIKQQMDQNWVQDDTFVPLKTVKMDYELSDFAKKFHLTTNETESRNY . :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*	240 218	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47015	PLNEATVHLLGYVGPINSDELKSKQFRNYSKNTVIGKGLERLYDKQLQNTDGFKVSIAN PLGKATSHLLGYVGPINSEELKQKEYKGYKDDAVIGKKGLEKLYDKKLQHEDGYRVTVVD * :*. :*. :*****:*****:*. :*. :*. :*. :*****:*****:*****:*****:*. :*. :*. :*	300 278	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47015	TYDNKPLDTLLEKKAENGLDHLTIDARVQESIYKHMKNDDGSGTALQPKTGEILALVST DNSNTIAHTLIEKKKDKGDIQLTIDAKVQKSIYNNMKNNDYSGGTAIHPQTGELLALVST . :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*	360 338	

	mecC_2_Prot_PBP2a 47015	PSYDVYPFMNGLSNNDYRKLTNKKEPLLNKFQITTSFGSTQKILTSTIALKENKLDKNT PSYDVYPFMYGMSNEEYKLTEDKKEPLLNKFQITTSFGSTQKILTAMIGLNKTLDDKT ***** *:*.:.*.:.:*****:*.:.:*.:.:*	420 398	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47015	NFDIYGKGWQKDWGNYNITRFKVVVDGNIDLKQAISSDNIFFARIALALGAKKFEQGM SYKIDGKGWQKDKSWGYNVTRYEVVNGNIDLKQAISSDNIFFARVALELGSKKFEKGM .:. * ***** ***.:.:*.:.:*****:*.:.:*.:.:*	480 458	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47015	QDLGIGENIPSDYPFYKAQISNSNLKNEILLADSGYGQGEILVNPFIQILSIYSALENNGN KKLQVGEDIPSDYPFYNAQISNKNLDNEILLADSGYGQGEILINPVQILSIYSALENNGN .:.:*.:.:*****:*****. *. *****:*.:.:*****	540 518	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47015	IQNPHVLRKTKSQIWKKDIIPKKDIDILTNGMERVVNKTHRDDIYKNYARIIGKSGTAEI INAPHLLKDTKNKVVKNLISKENINLLTDGMQVVKTHKEDIYRSYANLIGKSGTAEI *: *.:.*.:.:*.:.:*.:.:*.:.:*.:.:*****:*.:.:*.:.:*	600 578	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47015	KMNQGETGRQIGWFSYNKNNPNMLMAINVKDQVQNGMASYNATISGKVYDDLVDNGKTQ KMKQGETGRQIGWFISYDKDNPNMMMAINVKDQDKGMASYNAKISGKVYDELVEYENK *: *****:*.:.:*.:.:*****:*****. *****:*.:.:*.:.:*	660 638	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47015	FDIDQ 665 YDIDE 643 :***:		
47016	mecC_2_Prot_PBP2a 47016	MKKIYISVLVLLIMIIITWLFKDDIEKTISSEIEKGNVNEVYKNSSEKSLAYGEEIIV -----KDKEINNTIDAIEDKNFKQVYKDSYSKSDNGEVEMT *.:.:*.:.:*.:.:*.:.:*.:.:*.:.:*****:*.:.:*.:.:*	60 38	64.23%
	mecC_2_Prot_PBP2a 47016	DRNKKIYKDLVNNLKITNHEIKKTGKDKQVDVKYNIYTKYGTIRRNTQLNFIYEDKHW ERPIKIYNSLGVKDINIQRKIKKVSKNKRVDAQYKIKTNYGNIDRNVQFNFVKEDGMW :* ***.:.*.:.:*.:.:*.:.:*.:.:*.:.:*****:*.:.:*.:.:*	120 98	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47016	KLDWRPDVIVPGLKNGQKINIEIETLKERGKIKDRNGIELAKTGTYEIGIVPNKTPKEY KLDWDHSVIPGMQKQSIHIENLKERGKILDRNNVELANTGTAYEIGIVPKNVSKKDY **** *.:.:*.:.:*.:.:*.:.:***** ***.:.:*.:.:*****:*.:.:*.:.:*	180 158	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47016	DDIARDLQIDTKAITNKVNQKWVQPDFVPIKKINKQDEYIDKLIKSYNLQINTIKSRVY KAIAKELSISEDIKQMQDNWVQDDTFVPLKTVKMDYELSDFAKKFHLTTNETESRNY . *.:.:*.:.:*.:.:*.:.:***** ***.:.:*.:.:*****:*.:.:*.:.:*	240 218	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47016	PLNEATVHLLGYVGPINSEELKQKEYKGYKDDAVIGKKGLEKLYDKKLQHDGYRVTVVD ** *.:.:*.:.:*****.***. *.:.:*.:.:*****:*****:*.:.:*.:.:*	300 278	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47016	TYDNKPLDTLLEKKAENGDLHLTIDARVQESIYKHMKNDDGSGTALQPKTGEILALVST DNSNTIAHTLIEKKKDKGDIQLTIDAKVQKSIYNNMKNYDYGSGTAIHPQTGELLALVST . *. *.:.:*.:.:*.:.:***** ***.:.:*.:.:*****:*.:.:*.:.:*	360 338	

	mecC_2_Prot_PBP2a 47016	PSYDVYPFMNGLSNNDYRKLTNKKEPLLNKFQITTSFGSTQKILTSTIALKENKLDKNT PSYDVYPFMYGMSNEEYKNLTKEDKKEPLLNKFQITTSFGSTQKILTAMIGLNKTLDDKT ***** *:*.:.*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*	420 398	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47016	NFDIYGKGWQKQDASWGNYNITRFKVVVDGNIDLKQAISSDNIFFARIALALGAKKFEQGM SYKIDGKGWQKDKSWGYNVTRYEVVNGNIDLKQAISSDNIFFARVALELGSKKFEKGM :. :* ***** ***. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*	480 458	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47016	QDLGIGENIPSDYPFYKAQISNSNLKNEILLADSGYGQGEILVNPFIQILSIYSALENNGN KKLVGVEDIPSDYPFYNAQISNKNLDNEILLADSGYGQGEILINPVQILSIYSALENNGN :. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*	540 518	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47016	IQNPHVLRKTKSQIWKKDIIPKKDIDILTNGMERVVNKTHRDDIYKNYARIIGKSGTAE INAPHLKDTKNKVWKNLISKENINLLTDGMQVVKTHKEDIYRSYANLIGKSGTAE * : *	600 578	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47016	KMNQGETGRQIGWFSYKNNPNMLMAINVKDVQNKGMASYNATISGKVYDDLVDNGKTQ KMKQGETGRQIGWFSYKDNPNMMAINVKDVQDKGMASYNAKISGKVYDELVEYENGNK * : *	660 638	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47016	FDIDQ 665 YDIDE 643 :***:		
47017	mecC_2_Prot_PBP2a 47017	MKKIYISVLVLLLIMIIITWLFKDDIEKTISSEIEKGNVNEVYKNSSEKSLAYGEEIIV -----KDKEINNTIDAIEDKNFKQVYKDSSYISKSDNGEVEMT * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : *	60 38	64.23%
	mecC_2_Prot_PBP2a 47017	DRNKKIYKDLVNNLKITNHEIKKTGKDKQVDVKYNIYTKYGTIRRNTQLNFIYEDKHW ERPIKIYNSLGVKDINIQRKIKKVKSNKRRVDAQYKIKTNYGNIDRNVQFNFVKEDGMW :* ***. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*	120 98	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47017	KLDWRPDVIVPGLKNGQKINIEIETLKERGKIKDRNGIELAKTGNTYEIGIVPNKTPKEY KLDWDHSVIPGMQKQSIHIENLKERGKILDRNNVELANTGTAYEIGIVPNKNSKDY **** . : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : *	180 158	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47017	DDIARDLQIDTKAITNKVNQKWVQPSDFVPIKKINKQDEYIDKLIKSYNLQINTIKSRVY KAIAKELISEDYIKQMQDNWVQDDTFVPLKTVKKMDEYLSDFAKKFHLTTNETESRNY . : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : *	240 218	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47017	PLNEATVHLLGYVGPINSDELKSKQFRNYSKNTVIGKGLERLYDKQLQNTDGFKVSIA PLGKATSHLLGYVGPINSEELKQKEYKGYKDDAVIGKKGLEKLYDKKLQHEDGYRVTVI * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : *	300 278	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47017	TYDNKPLDTLLEKKAENGLHLTIDARVQESIYKHMKNDDGSGTALQPKTGEILALVST DNSNTIAHTLIEKKKDKGDIQLTIDAKVQKSIYNNMKNDYSGGTAIHPQTGELLALVST . : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : *	360 338	

	mecC_2_Prot_PBP2a 47017	PSYDVYPFMNGLSNNDYRKLTNKKEPLLNKFQITTSFGSTQKILTSTIALKENKLDKNT PSYDVYPFMYGMSNEEYKNLTKEDKKEPLLNKFQITTSFGSTQKILTAMIGLNKTLDDKT ***** *:*.:.*.:.:*****:*****:*.:.:.*.:.:*	420 398	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47017	NFDIYGKGWQKQDASWGNYNITRFKVVVDGNIDLKQAISSDNIFFARIALALGAKKFEQGM SYKIDGKGWQKDKSWGYNVTRYEVVNGNIDLKQAISSDNIFFARVALELGSKKFEKGM :.:* ***** ***.*:*.:.:*****:*****:*.:.:*****:*.:.:*****:*	480 458	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47017	QDLGIGENIPSDYPFYKAQISNSNLKNEILLADSGYGQGEILVNPFIQILSIYSALENNGN KKLQGVGEDIPSDYPFYNAQISNKNLDNEILLADSGYGQGEILINPVQILSIYSALENNGN :.*:*.:.:*****:*****.*.:.:*****:*****:*.:.:*****:*****	540 518	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47017	IQNPHVLRKTKSQIWKKDIIPKKDIDILTNGMERVVNKTHRDDIYKNYARIIGKSGTAE INAPHLKDTKNKVVKKNIISKENINLLTDGMQVVKTKHEDYRSYANLIGKSGTAE *:*.:.*.:.:*****:*.:.:*****:*****:*****:*.:.:*****:*****	600 578	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47017	KMNQGETGRQIGWVSYNKNPNMLMAINVKDVQNKGMASYNATISGKVYDDLVDNGKTQ KMKQGETGRQIGWFISYDKDNPNMMMAINVKDVQDKGMASYNAKISGKVYDELVDNGK *:*****:*.:.:*****:*****:*****:*****:*.:.:*****:*.:.:*****:*	660 638	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47017	FDIDQ 665 YDIDE 643 :***:		
47018	mecC_2_Prot_PBP2a 47018	MKKIYISVLVLLLIMIITTWLFKDDIEKTISSIEKGNVNEVYKNSSEKSLAYGEEIIV -----KDKEINNTIDAIEDKNFKQVYKDSYSISKSDNGEVEMT *.:.:*****:*.:.:*****:*.:.:*****:*.:.:*****:*.:.:*****:*	60 38	64.23%
	mecC_2_Prot_PBP2a 47018	DRNKKIYKDLVNNLKITNHEIKKTGKDKQVDVKYNIYTKYGTIRRNTQLNFIYEDKHW ERPIKIYNSLGVKDINIQRKIKKVSKNKRVDAQYKIKTNYGNIDRNVQFNFVKEDGMW :* ***.:.*.:.:*****:*.:.:*****:*****:*****:*.:.:*****:*.:.:*****:*	120 98	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47018	KLDWRPDVIVPGLKNGQKINIEITLKERGKIKDRNGIELAKTGTYEIGIVPNKTPKEY KLDWDHSVIPGMQKQSIHIENLKERGKILDRNNVELANTGTAYEIGIVPNKNSKKDY **** *.:.:*****:*.:.:*****:*****:*****:*****:*.:.:*****:*.:.:*****:*	180 158	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47018	DDIARDLQIDTKAITNKVNQKWVQPSDFVPIKKINKQDEYIDKLIKSYNLQINTIKSRVY KAIAKELSISEDIKQMQDNWVQDDTFVPLKTVKMDYELSDFAKKFHLTTNETESRNY . *.:.:*.:.:*****:*.:.:*****:*****:*****:*.:.:*****:*.:.:*****:*	240 218	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47018	PLNEATVHLLGYVGPINSEELKQKEYKGYKDDAVIGKKGLEKLYDKKLQHDGYRVTVIVD **.* *****:*.:.:*****:*****:*****:*****:*.:.:*****:*.:.:*****:*	300 278	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47018	TYDNKPLDTLLEKKAENGDLHLTIDARVQESIYKHMKNDDGSGTALQPKTGEILALVST DNSNTIAHTLIEKKKKDKGDIQLTIDAKVQKSIYNNMKNYDGSHTAHPQTGELLALVST . *.:.:*****:*****:*****:*****:*****:*****:*.:.:*****:*.:.:*****:*	360 338	

	mecC_2_Prot_PBP2a 47018	PSYDVYPFMNGLSNNDYRKLTNKKEPLLNKFQITTSFGSTQKILTSTIALKENKLDKNT PSYDVYPFMYGMSNEEYKNLTKEDKKEPLLNKFQITTSFGSTQKILTAMIGLNNKTLDDKT ***** *:*	420 398	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47018	NFDIYGKGWQKQDASWGNYNITRFKVVVDGNIDLKQAISSDNIFFARIALALGAKKFEQGM SYKIDGKGWQKDKSWGYNVTRYEVVNGNIDLKQAISSDNIFFARVALELGSKKFEKGM *:*	480 458	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47018	QDLGIGENIPSDYPFYKAQISNSNLKNEILLADSGYGQGEILVNPIQILSIYSALENNGN KKLQVGEDIPSDYPFYNAQISNKNLDNEILLADSGYGQGEILINPVQILSIYSALENNGN *:*	540 518	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47018	IQNPHVLRKTKSQIWKKDIIPKKDIDILTNGMERVVNKTTHRDDIYKNYARIIGKSGTAE INAPHLLKDTKNKVVKNLII SKENINLLTDGMQVNVNKT HKEDIYRSYANLIGKSGTAE *:	600 578	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47018	KMNQGETGRQIGWFSYKNNPNMLMAINVKDQVQNGMASYNATISGKVYDDLVDNGKTQ KMKQGETGRQIGWFSYKDNPNMMAINVKDQVQNGMASYNAKISGKVYDELYENGNKK *:	660 638	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47018	FDIDQ 665 YDIDE 643 :***:		
47019	mecC_2_Prot_PBP2a 47019	MKKIYISVLVLLLIMIITTWLFKDDIEKTISSIEKGNVNEVYKNSSEKSLAYGEEIIV -----KDKEINNTIDAIEDKNFKQVYKDSYISKSDNGEVEMT *:	60 38	64.23%
	mecC_2_Prot_PBP2a 47019	DRNKKIYKDLVNNLKITNHEIKKTGKDKQVDVKYNIYTKYGTIRRNTQLNFIYEDKHW ERPIKIYNSLGVKIDINIQRKIKKVSKNKRVDAQYKIKTNYGNIDRNVQFNFVKEDGMW :*:	120 98	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47019	KLDWRPDVIVPGLKNGQKINIE TLKSERGKIKDRNGIELAKTGTYEIGIVPNKTPKEY KLDWDHSVIPGMQKQSIHIENLKSERKILDRNNVELANTGTAYEIGIVPKNVSKKDY **** *:	180 158	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47019	DDIARDLQIDTKAITNKVNQKWVQPSDFVPIKKINKQDEYIDKLIKSYNLQINTIKSRVY KAIAKELSISEDIKQMQDNWVQDDTFVPLKTVKMDYELSDFAKKFHLTTNETESRNY *:	240 218	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47019	PLNEATVHLLGYVGPINSEELKSKQFRNYSKNTVIGKGLERLYDKQLQNTDGFKVSIA PLGKATSHLLGYVGPINSEELKQKEYKGYKDDAVIGKGLKLYDKKLQHEDGYRVTVI *:	300 278	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47019	TYDNKPLDTLLEKKAENGLDHLTIDARVQESIYKHMKNDDGSGTALQPKTGEILALVST DNSNTIAHTLIEKKKDKGDIQLTIDAKVQKSIYNNMKNYDGSHTAIHPQTGELLALVST *:	360 338	

	mecC_2_Prot_PBP2a 47019	PSYDVYPFMNGLSNNDYRKLTNKKEPLLNKFQITTSFGSTQKILTSTIALKENKLDKNT PSYDVYPFMYGMSNEEYKNLTKEDKKEPLLNKFQITTSFGSTQKILTAMIGLNKTLDDKT ***** *:*:.*:***:*****:*****:*****:*. *:::.*:.*:*	420 398	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47019	NFDIYGKGWQKQDASWGNYNITRFKVVVDGNIDLKQAISSDNIFFARIALALGAKKFEQGM SYKIDGKGWQKDKSWGYNVTRYEVVNGNIDLKQAISSDNIFFARVALELGSKKFEKGM :. * ***** **:*:.*:***:*****:*****:*** **:*:***:***	480 458	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47019	QDLGIGENIPSDYPFYKAQISNSNLKNEILLADSGYGQGEILVNPFIQILSIYSALENNGN KKLVGVEDIPSDYPFYNAQISNKNLDNEILLADSGYGQGEILINPVQILSIYSALENNGN :.*:.*:*****:*****.*:*****:*****:***:*****:*****	540 518	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47019	IQNPHVLRKTKSQIWKKDIIPKKDIDILTNGMERVVNKTTHRDDIYKNYARIIGKSGTAE INAPHLKDTKNKVWKNLISKENINLLTDGMQVNVNKTTHKEDIYRSYANLIGKSGTAE *: *:*:.*:.*:***:*** *:*:.*:***:***:*****:***:.*:*****	600 578	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47019	KMNQGETGRQIGWVFSYNKNNPNMLMAINVKDQVQNGMASYNATISGKVYDDLVDNGKTQ KMKQGETGRQIGWFISYDKDNPMMMAINVKDQVQDKGMASYNAKISGKVYDELYENGNKK *:*****:***:.*:***:*****:*****.*****:***:***:..	660 638	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47019	FDIDQ 665 YDIDE 643 :***:		
47020	mecC_2_Prot_PBP2a 47020	MKKIYISVLVLLLIMIITTWLFKDDIEKTISSIEKGNVNEVYKNSSEKSKLAYGEEIIV -----KDKEINNTIDAIEDKNFKQVYKDSYSISKSDNGEVEMT *:*:.*:***:*** *:*:***:*** ** ** *:.	60 38	64.23%
	mecC_2_Prot_PBP2a 47020	DRNKKIYKDLVNNLKITNHEIKKTGKDKQVDVKYNIYTKYGTIRRNTQLNFIYEDKHW ERPIKIYNSLGVKDINIQRKIKKVKSNKRRVDAQYKIKTNYGNIDRNVQFNFVKEDGMW :* **:*:.*:.*:***:***:***:***:***:***:***:***:***:***:***:***:***:***	120 98	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47020	KLDWRPDVIVPGLKNGQKINIEIETLKERGKIKDRNGIELAKTGTYEIGIVPNKTPKEKY KLDWDHSVIPGMQKQSIHIENLKERGKILDRNNVELANTGTAYEIGIVPNKNSKKDY **** *:*:***:***:***:***:***** **:*:***:***:*****:.. *:.*	180 158	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47020	DDIARDLQIDTKAITNKVNQKWVQPSDFVPIKKINKQDEYIDKLIKSYNLQINTIKSRVY KAIAKELSISEDIKQMQDQNWVQDDTFVPLKTVKMDYELSDFAKKFHLTTNETESRNY . *:*:.*:.* *:.*:***:***:***:***:***:***:***:***:***:***:***:***:***:***	240 218	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47020	PLNEATVHLLGYVGPINSDELKSKQFRNYSKNTVIGKKGLERLYDKQLQNTDGFKVSIAN PLGKATSHLLGYVGPINSEELKQKEYKGYKDDAVIGKKGLEKLYDKKLQHEDGYRVTVTD **:*:*** *****:***.*:***:***:*****:*****:***:***:***:***:..	300 278	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47020	TYDNKPLDTLLEKKAENGLDHLTIDARVQESIYKHMKNDDGSGTALQPKTGEILALVST DNSNTIAHTLIEKKKDKGDIQLTIDAKVQKSIYNNMKNDYSGGTAIHPQTGELLALVST . * . *:*:*** :*:*:***:***:***:***:***:***:***:***:***:***:***:***:***:***	360 338	

	mecC_2_Prot_PBP2a 47020	PSYDVYPFMNGLSNNDYRKLTNKKEPLLNKFQITTSFGSTQKILTSTIALKENKLDKNT PSYDVYPFMYGMSNEEYKNLTKEDKKEPLLNKFQITTSFGSTQKILTAMIGLNKTLDDKT ***** *:	420 398	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47020	NFDIYGKGWQKQDASWGNYNITRFKVVVDGNIDLKQAISSDNIFFARIALALGAKKFEQGM SYKIDGKGWQKDKSWGYNVTRYEVVNGNIDLKQAISSDNIFFARVALELGSKKFEKGM :*:	480 458	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47020	QDLGIGENIPSDYPFYKAQISNSNLKNEILLADSGYGQGEILVNPFIQILSIYSALENNGN KKLQVGEDIPSDYPFYNAQISNKNLDNEILLADSGYGQGEILINPVQILSIYSALENNGN :*:	540 518	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47020	IQNPHVLRKTKSQIWKKDIIPKKDIDILTNGMERVVNKTTHRDDIYKNYARIIGKSGTAE INAPHLKDTKNKVVKNLISKENINLLTDGMQVNVNKTTHKEDIYRSYANLIGKSGTAE *:	600 578	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47020	KMNQGETGRQIGWFVSYNKNPNMLMAINVKDQVQNGMASYNATISGKVYDDLVDNGKTQ KMKQGETGRQIGWFISYDKDNPMMMAINVKDQVQDKGMASYNAKISGKVYDELYENGNK *:	660 638	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47020	FDIDQ 665 YDIDE 643 :***:		
47021	mecC_2_Prot_PBP2a 47021	MKKIYISVLVLLLIMIIITWLFKDDIEKTISSEIEKGNVNEVYKNSSEKSLAYGEEIV -----KDKEINNTIDAIEDKNFKQVYKDSYISKSDNGEVEMT *:	60 38	20.97%
	mecC_2_Prot_PBP2a 47021	DRNKKIYKDLVNNLKITNHEIKKTGKDKQVDVKYNIYTKYGTIRRNTQLNFIYEDKHW ERPIKIYNSLGVKIDINIQRKIKKVSKNKRVDAQYKIKTNYGNIDRNVQFNFVKEDGMW :*:	120 98	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47021	KLDWRPDVIVPGLKNGQKINIEIETLKERGKIKDRNGIELAKTGTYEIGIVPNKTPKEY KLDWDHSVIPGMQKQSIHIENLKERGKILDRNNVELANTGTAYEIGIVPNVSKKDY **** *:	180 158	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47021	DDIARDLQIDTKAITNKVNQKWVQPSDFVPIKKINKQDEYIDKLIKSYNLQINTIKSRVY KAIAKELSISEDIKQQMDQNWVQDDTFVPLKTVKMDYELSDFAKKFHLTTNETESRNY *:	240 218	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47021	PLNEATVHLLGYVGPINSEELKQKEYKGYKDDAVIGKKGLEKLYDKKLQHDGYRVTIVD *:	300 278	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47021	TYDNKPLDTLLEKKAENGLDHLTIDARVQESIYKHMKNDDGSGTALQPKTGEILALVST DNSNTIAHTLIEKKKDKGDIQLTIDAKVQKSIYNNMKNYDGSHTAHPQTGELLALVST *:	360 338	

	mecC_2_Prot_PBP2a 47021	PSYDVYPFMNGLSNNDYRKLTNKKEPLLNKFQITTSFGSTQKILTSTIALKENKLDKNT PSYDVYPFMYGMSNEEYKNLTDKKEPLLNKFQITTSFGSTQKILTAMIGLNKTLDDKT ***** *:***:.* ****:*****:*****:*. *.:*. *..*	420 398	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47021	NFDIYGKGWQKQDASWGNYNITRFKVVVDGNIDLKQAISSDNIFFARIALALGAKKFEQGM SYKIDGKGWQKDKSWGYNVTRYEVVNGNIDLKQAISSDNIFFARVALELGSKKFEKGM ..* ***** **.*:***:*. *****:*****:*. **:*:***:**. *	480 458	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47021	QDLGIGENIPSDYPFYKAQISNSNLKNEILLADSGYGQGEILVNPFIQILSIYSALENNGN KKLVGVEDIPSDYPFYNAQISNKNLDNEILLADSGYGQGEILINPVQILSIYSALENNGN :.*:***:*****:*****.*. *****:*****:*. *****:*****	540 518	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47021	IQNPHVLRKTKSQIWKKDIIPKKDIDILTNGMERVVNKTHRDDIYKNYARIIGKSGTAE LNAPHLLKDTKNKVWKNLISKENINLLTDGMQVVKTHKEDIYRSYANLIGKSGTAE *: **:*..*.:***:*. *:***:*. *****:*****:*. **.*:*****	600 578	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47021	KMNQGETGRQIGWFVSYNKNPNMLMAINVKDVQNKGMASYNATISGKVYDDLVDNGKTQ KMKQGETGRQIGWFISYDKDNPMMMAINVKDVQDKGMASYNAKISGKVYDELYENGNKK *:*****:*. *:***:*****:*****.* *****:***:*:..	660 638	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47021	FDIDQ 665 YDIDE 643 :***:		
47022	mecC_2_Prot_PBP2a 47022	MKKIYISVLVLLLIMIITTWLFKDDIEKTISSEIEKGNVNEVYKNSSEKSLAYGEEI -----KDKEINNTIDAIEDKNFKQVYKDSYISKSDNGEVEMT **.:***:***:*. *:***:*** ** ** *..	60 38	64.23%
	mecC_2_Prot_PBP2a 47022	DRNKKIYKDLVNNLKITNHEIKKTGKDKQVDVYKNIYTKYGTIRRNTQLNFIYEDKHW ERPIKIYNSLGVKDINIQRKIKKVSKNKRVDQYKIKTNYGNIDRNVQFNFVKEDGMW :* ***:.*.:***:*. :***:*. *****:***:* **.*:***: ** *	120 98	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47022	KLDWRPDVIVPGLKNGQKINIEIETLKERGKIKDRNGIELAKTGTYEIGIVPNKTPKEY KLDWDHVSIVPGMQKQSIHIENLKERGKILDRNNVELANTGTAYEIGIVPKNVSKKDY **** .**.:***:*. *:***:***** **.*:***:***:*****:.. *:.*	180 158	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47022	DDIARDLQIDTKAITNKVNQKWVQPSDFVPIKKINKQDEYIDKLIKSYNLQINTIKSRVY KAIAKELISEDYIKQMQDQNWVQDDTFVPLKTVKMDLEYLRDFAKKFHLTTNETESRNY . **:*..* . *.:***:*** *:***:***:*** **.*:.. *.:** * :*** *	240 218	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47022	PLNEATVHLLGYVGPINSEELKQKEYKGYKDDAVIGKKGLEKLYDKKLQHEDGYRVTV PLGKATSHLLGYVGPINSEELKQKEYKGYKDDAVIGKKGLEKLYDKKLQHEDGYRVTV **.* ** *****:***.*:***:*. *****:*****:***:*. **.*:***:..	300 278	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47022	TYDNKPLDTLLEKKAENGDLHLTIDARVQESIYKHKNDGSGTALQPKTGEILALVST DNSNTIAHTLIEKKKDKGDIQLTIDAKVQKSIYNNMKNDYSGGTAIHPQTGELLALVST . * . **:* ** :***:***:***:***:***:*** *****:*. **.*:*****	360 338	

	mecC_2_Prot_PBP2a 47022	PSYDVYPFMNGLSNNDYRKLTNKKEPLLNKFQITTSFGSTQKILTSTIALKENKLDKNT PSYDVYPFMYGMSNEEYKNLTDKKEPLLNKFQITTSFGSTQKILTAMIGLNKTLDDKT ***** *:*.:.*. :*****:*****:*. :*.:.*. :*. :*	420 398	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47022	NFDIYGKGWQKQDASWGNYNITRFKVVVDGNIDLKQAISSDNIFFARIALALGAKKFEQGM SYKIDGKGWQKDKSWGYNVTRYEVVNGNIDLKQAISSDNIFFARVALELGSKKFEKGM . :.* ***** ***. :*. :*. :*****:*****:*. :*. :*. :*. :*	480 458	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47022	QDLGIGENIPSDYPFYKAQISNSNLKNEILLADSGYGQGEILVNPFIQILSIYSALENNGN KKLQGVGEDIPSDYPFYNAQISNKNLDNEILLADSGYGQGEILINPVQILSIYSALENNGN . :*. :*. :*****:*****. :*. :*****:*****:*. :*****:*****	540 518	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47022	IQNPHVLRKTKSQIWKKDIIPKKDIDILTNGMERVVNKTTHRDDIYKNYARIIGKSGTAE INAPHLKDTKNKVWKNLISKENINLLTDGMQVNVNKTTHKEDIYRSYANLIGKSGTAE * : *. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*	600 578	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47022	KMNQGETGRQIGWVFSYNKNNPNMLMAINVKDQVQNGMASYNATISGKVYDDLVDNGKTQ KMKQGETGRQIGWFISYDKDNPNMMMAINVKDQDKGMASYNAKISGKVYDELVEYENGNK * : *****:*. :*. :*. :*****:*****:*****. :*****:*. :*. :*. :*	660 638	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47022	FDIDQ 665 YDIDE 643 :***:		
47023	mecC_2_Prot_PBP2a 47023	MKKIYISVLVLLLIMIITTWLFKDDIEKTISSIEKGNVNEVYKNSSEKSLAYGEEIIV -----KDKEINNTIDAIEDKNFKQVYKDSYSISKSDNGEVEMT * :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*	60 38	64.23%
	mecC_2_Prot_PBP2a 47023	DRNKKIYKDLVNNLKITNHEIKKTGKDKQVDVKYNIYTKYGTIRRNTQLNFIYEDKHW ERPIKIYNSLGVKDINIQRKIKKVSKNKRVDAQYKIKTNYGNIDRNVQFNFVKEDGMW :* ***. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*	120 98	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47023	KLDWRPDVIVPGLKNGQKINIEITLKERGKIKDRNGIELAKTGTYEIGIVPNKTPKEY KLDWDHSVIPGMQKQSIHIENLKERGKILDRNNVELANTGTAYEIGIVPNKNSKKDY **** . :*. :*. :*. :*. :*. :***** ***. :*. :*. :*. :*****:*. :*. :*	180 158	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47023	DDIARDLQIDTKAITNKVNQKWVQPDFVPIKKINKQDEYIDKLIKSYNLQINTIKSRVY KAIAKELSISEDIKQQMDQNWVQDDTFVPLKTVKMDYELSDFAKKFHLTTNETESRNY . :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*	240 218	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47023	PLNEATVHLLGYVGPINSDELKSKQFRNYSKNTVIGKKGLERLYDKQLQNTDGFKVSIA PLGKATSHLLGYVGPINSEELKQKEYKGYKDDAVIGKKGLEKLYDKKLQHEDGYRVTVI * :*. :*. :*****:*****. :*. :*. :*. :*. :*****:*****:*****:*. :*. :*. :*. :*	300 278	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47023	TYDNKPLDTLLEKKAENGLHLTIDARVQESIYKHMKNDDGSGTALQPKTGEILALVST DNSNTIAHTLIEKKKDKGDIQLTIDAKVQKSIYNNMKNYDGSGTAIHPQTGELLALVST . :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*	360 338	

	mecC_2_Prot_PBP2a 47023	PSYDVYPFMNGLSNNDYRKLTNKKEPLLNKFQITTSFGSTQKILTSTIALKENKLDKNT PSYDVYPFMYGMSNEEYKNLTEDKKEPLLNKFQITTSFGSTQKILTAMIGLNNKTLDDKT ***** *:*	420 398	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47023	NFDIYGKGWQK DASWGNYNITRFKVVVDGNIDLKQAISSDNIFFARIALALGAKKFEQGM SYKIDGKGWQKDKSWGYNVTRYEVVNGNIDLKQAISSDNIFFARVALELGSKKFEKGM *:*	480 458	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47023	QDLGIGENIPSDYPFYKAQISNSNLKNEILLADSGYGQGEILVNPFIQILSIYSALENNGN KKLVGVEDIPSDYPFYNAQISNKNLDNEILLADSGYGQGEILINPVQILSIYSALENNGN *:**	540 518	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47023	IQNPHVLRKTKSQIWKKDIIPKKDIDILTNGMERVVNKTTHRDDIYKNYARIIGKSGTAE INAPHLKDTKNKVVKNLII SKENINLLTDGMQVNVNKT HKEDIYRSYANLIGKSGTAE *:**	600 578	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47023	KMNQGETGRQIGWVSYNKNPNMLMAINVKDQVQNGMASYNATISGKVYDDLVDNGKTQ KMKQGETGRQIGWFISYDKDNPMMMAINVKDQVQDKGMASYNAKISGKVYDELYENGNK *:**	660 638	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47023	FDIDQ 665 YDIDE 643 *:*:*:		
47024	mecC_2_Prot_PBP2a 47024	MKKIYISVLVLLLIMIIITWLFKDDIEKTISSIEKGNVNEVYKNSSEKSLAYGEEI -----KDKEINNTIDAIEDKNFKQVYKDSYISKSDNGEVEMT *:**	60 38	64.23%
	mecC_2_Prot_PBP2a 47024	DRNKKIYKDLVNNLKITNHEIKKTGKDKQVDVKYNIYTKYGTIRRNTQLNFIYEDKHW ERPIKIYNSLGVKDINIQRKIKKVSKNKRVDAQYKIKTNYGNIDRNVQFNFVKEDGMW *:**	120 98	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47024	KLDWRPDVIVPGLKNGQKINIE TLKSERGKIKDRNGIELAKTGTYEIGIVPNKTPKEY KLDWDHSVIPGMQKQSIHIENLKSERKILDRNNVELANTGTAYEIGIVPKNVSKKDY **** *:**	180 158	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47024	DDIARDLQIDTKAITNKVNQKWVQPSDFVPIKKINKQDEYIDKLIKSYNLQINTIKSRVY KAIAKELSISEDIKQMQDQNWVQDDTFVPLKTVKMDYELSDFAKKFHLTTNETESRNY *:**	240 218	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47024	PLNEATVHLLGYVGPINSEELKQKEYKGYKDDAVIGKKGLEKLYDKKLQHDGYRVTIVD *:**	300 278	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47024	TYDNKPLDTLLEKKAENGLHLTIDARVQESIYKHMKNDDGSGTALQPKTGEILALVST DNSNTIAHTLIEKKKDKGDIQLTIDAKVQKSIYNNMKNYDGSHTAIHPQTGELLALVST *:**	360 338	

	mecC_2_Prot_PBP2a 47024	PSYDVYPFMNGLSNNDYRKLTTNNKKEPLLNKFQITTSFGSTQKILTSTIALKENKLDKNT PSYDVYPFMYGMSNEEYKNLTKEDKKEPLLNKFQITTSFGSTQKILTAMIGLNNKTLDDKT ***** *:*	420 398	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47024	NFDIYGKGWQKQDASWGNYNITRFKVVVDGNIDLKQAISSDNIFFARIALALGAKKFEQGM SYKIDGKGWQKDKSWGYNVTRYEVVNGNIDLKQAISSDNIFFARVALELGSKKFEKGM *:*	480 458	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47024	QDLGIGENIPSDYPFYKAQISNSNLKNEILLADSGYGQGEILVNPFIQILSIYSALENNGN KKLVGVEDIPSDYPFYNAQISNKNLDNEILLADSGYGQGEILINPVQILSIYSALENNGN *:*	540 518	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47024	IQNPHVLRKTKSQIWKKDIIPKKDIDILTNGMERVVNKTTHRDDIYKNYARIIGKSGTAE INAPHLKDTKNKVVKNLII SKENINLLTDGMQVVKTHKEDIYRSYANLIGKSGTAE *:	600 578	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47024	KMNQGETGRQIGWVSYNKNPNMLMAINVKDQVQNGMASYNATISGKVYDDLVDNGKTQ KMKQGETGRQIGWFISYDKDNPMMMAINVKDQDKGMASYNAKISGKVYDELYENGNKK *:	660 638	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47024	FDIDQ 665 YDIDE 643 :***:		
47025	mecC_2_Prot_PBP2a 47025	MKKIYISVLVLLLIMIIITWLFKDDIEKTISSEIEKGNVNEVYKNSSEKSLAYGEEIIV -----KDKEINNTIDAIEDKNFKQVYKDSYISKSDNGEVEMT *:	60 38	64.23%
	mecC_2_Prot_PBP2a 47025	DRNKKIYKDLVNNLKITNHEIKKTGKDKQVDVKYNIYTKYGTIRRNTQLNFIYEDKHW ERPIKIYNSLGVKDINIQRKIKKVSKNKRVDAQYKIKTNYGNIDRNVQFNFVKEDGMW :*:	120 98	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47025	KLDWRPDVIVPGLKNGQKINIEIETLKERGKIKDRNGIELAKTGTYEIGIVPNKTPKEY KLDWDHSVIPGMQKQSIHIENLKERGKILDRNNVELANTGTAYEIGIVPNKNSKKDY **** *:*	180 158	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47025	DDIARDLQIDTKAITNKVNQKWVQPSDFVPIKKINKQDEYIDKLIKSYNLQINTIKSRVY KAIAKELSISEDIKQMQDQNWVQDDTFVPLKTVKMDYELSDFAKKFHLTTNETESRNY *:	240 218	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47025	PLNEATVHLLGYVGPINSDELKSKQFRNYSKNTVIGKKGLERLYDKQLQNTDGFKVSIA PLGKATSHLLGYVGPINSEELKQKEYKGYKDDAVIGKKGLEKLYDKKLQHEDGYRVTVI *:	300 278	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47025	TYDNKPLDTLLEKKAENGLDHLTIDARVQESIYKHMKNDDGSGTALQPKTGEILALVST DNSNTIAHTLIEKKKDKGDIQLTIDAKVQKSIYNNMKNYDGSHTAHPQTGELLALVST *:	360 338	

	mecC_2_Prot_PBP2a 47026	PSYDVYPFMNGLSNNDYRKLTNKKEPLLNKFQITTSFGSTQKILTSTIALKENKLDKNT PSYDVYPFMYGMSNEEYKNLTKEDKKEPLLNKFQITTSFGSTQKILTAMIGLNNKTLDDKT ***** *:*.:.*.:.:*****:*.:.:.*.:.:*	420 398	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47026	NFDIYGKGWQKQDASWGNYNITRFKVVVDGNIDLKQAISSDNIFFARIALALGAKKFEQGM SYKIDGKGWQKDKSWGYNVTRYEVVNGNIDLKQAISSDNIFFARVALELGSKKFEKGM :.:* ***** ***.:.:*.:.:*****:*.:.:*.:.:*.:.:*	480 458	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47026	QDLGIGENIPSDYPFYKAQISNSNLKNEILLADSGYGQGEILVNPFIQILSIYSALENNGN KKLQVGEDIPSDYPFYNAQISNKNLDNEILLADSGYGQGEILINPVQILSIYSALENNGN :.:*.:.:*****:*****.:.:*****:*.:.:*****:*****	540 518	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47026	IQNPHVLRKTKSQIWKKDIIPKKDIDILTNGMERVVNKTTHRDDIYKNYARIIGKSGTAE INAPHLKDTKNKVWKNLISKENINLLTDGMQVVKTHKEDIYRSYANLIGKSGTAE *: *.:.*.:.:*.:.:*.:.:*.:.:*.:.:*.:.:*.:.:*.:.:*.:.:*.:.:*.:.:*	600 578	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47026	KMNQGETGRQIGWVSYNKNPNMLMAINVKDQVQNGMASYNATISGKVYDDLVDNGKTQ KMKQGETGRQIGWFISYDKDNPMMMAINVKDQDKGMASYNAKISGKVYDELYENGNKK *:*****:*.:.:*.:.:*****:*****.*****:*.:.:*.:.:*	660 638	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47026	FDIDQ 665 YDIDE 643 :***:		
47027	mecC_2_Prot_PBP2a 47027	MKKIYISVLVLLLIMIITWLFKDDIEKTISSIEKGNVNEVYKNSSEKSKLAYGEEIIV -----KDKEINNTIDAIEDKNFKQVYKDSYSISKSDNGEVEMT *:.:*.:.:*.:.:*.:.:*.:.:*.:.:*.:.:*.:.:*.:.:*.:.:*.:.:*.:.:*	60 38	64.39%
	mecC_2_Prot_PBP2a 47027	DRNKKIYKDLVNNLKITNHEIKKTGKDKQVDVKYNIYTKYGTIRRNTQLNFIYEDKHW ERPIKIYNSLGVKIDINIQRKIKKVSKNKRVDAQYKIKTNYGNIDRNVQFNFVKEDGMW :* ***.:.:*.:.:*.:.:*.:.:*.:.:*.:.:*.:.:*.:.:*.:.:*.:.:*.:.:*.:.:*	120 98	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47027	KLDWRPDVIVPGLKNGQKINIEIETLKERGKIKDRNGIELAKTGTYEIGIVPNKTPKEY KLDWDHSVIPGMQKQSIHIENLKERGKILDRNNVELANTGTAYEIGIVPKNVSKKDY ****.:.:*.:.:*.:.:*.:.:***** ***.:.:*.:.:*.:.:*****:*.:.:*.:.:*	180 158	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47027	DDIARDLQIDTKAITNKVNQKWVQPSDFVPIKKINKQDEYIDKLIKSYNLQINTIKSRVY KAIAKELISEDYIKQMQDQNWVQDDTFVPLKTVKKMDEYLSDFAKKFHLTTNETKSRNY .:.:*.:.:*.:.:*.:.:*.:.:*.:.:*.:.:*.:.:*.:.:*.:.:*.:.:*.:.:*.:.:*	240 218	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47027	PLNEATVHLLGYVGPINSDELKSKQFRNYSKNTVIGKKGLERLYDKQLQNTDGFKVSIAN PLGKATSHLLGYVGPINSEELKQKEYKGYKDDAVIGKKGLEKLYDKKLQHEDGYRVTVVD **:.:*.:.:*****.***.:.:*.:.:*****:*****:*.:.:*.:.:*.:.:*	300 278	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47027	TYDNKPLDTLLEKKAENGLHLTIDARVQESIYKHMKNDDGSGTALQPKTGEILALVST DNSNTIAHTLIEKKKDKGDIQLTIDAKVQKSIYNNMKNDYSGTAIHPQTGELLALVST .:.:*.:.:*.:.:*.:.:*.:.:*.:.:*.:.:*.:.:*.:.:*.:.:*.:.:*.:.:*.:.:*	360 338	

	mecC_2_Prot_PBP2a 47027	PSYDVYPFMNGLSNNDYRKLNTNNKKEPLLNKFQITTSFGSTQKILTSIALKENKLDKNT PSYDVYPFMYGMSNEEYNKLTEDKKEPLLNKFQITTSFGSTQKILTAMIGLNKTLDDKT ***** *:.*:.*:****:*****:*****:*****:*. *:.*:.*:.*:*	420 398	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47027	NFDIYGKGWQKQDASWGNYNITRFKVVVDGNIDLKQAIESSDNIFARIALALGAKKFEQGM SYKIDGKGWQKDKSWGYNVTRYEVVNGNIDLKQAIESSDNIFARVALELGSKKFEKGM .:.* ***** ***.**:*:.*:*****:*****:*****:*** **:*:****:*:	480 458	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47027	QDLGIGENIPSDYPFYKAQISNSNLKNEILLADSGYGQGEILVNPFIQILSIYSALENNGN KKLQVGEDIPSDYPFYNAQISNKNLDNEILLADSGYGQGEILINPVQILSIYSALENNGN :.*:*:*****:*****.*.*****:*****:***:*****:*****	540 518	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47027	IQNPHVLRKTKSQIWKKDIIPKKDIDLTLNGMERVVNKTNRDDIYKNYARIIGKSGTAE LNAPHLKDKTKNVWKNLISKENINLLTDGMQVNVNKTTHKEDIYRSYANLIGKSGTAE *: **:*:.*:.*:***:* **:*:*:.*:***:***:*****:***:.*:.*:*****	600 578	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47027	KMNQGETGRQIGWFVSYNKNNPNMLMAINVKDVQNKGMASYNATISGKVYDDLVDNGKTQ KMKQGETGRQIGWFISYDKDNPMMMAINVKDVQDKGMASYNAKISGKVYDELYENGNKK *:*****:***:*:****:*****:*****.*****:***:*:***:..	660 638	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47027	FDIDQ 665 YDIDE 643 :***:		
47028	mecC_2_Prot_PBP2a 47028	MKKIYISVLVLLLIMIITTWLFKDDIEKTISSIEKGNVNEVYKNSSEKSKLAYGEEEIV -----KDKEINNTIDAIEDKNFKQVYKDSYSISKSDNGEVEMT **.:***:***:***.*:***:***:*** ** ** *:..	60 38	64.39%
	mecC_2_Prot_PBP2a 47028	DRNKKIYKDLVNNLKITNHEIKKTGKDKQVDVYKNIYTKYGTIRRNTQLNFIYEDKHW ERPIKIYNSLGVKIDINIQRKIKKVSKNKRVDAQYKIKTNYGNIDRNVQFNFVKEDGMW :* ***:.*:.*:***:***:***:***:***:***:***:***:***:***:***:***:***:***	120 98	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47028	KLDWRPDVIVPGLKNGQKINIEIETLKERGKIKDRNGIELAKTGTYEIGIVPNKTPKEY KLDWDHSDVIVPGMQKQSIHIENLKERGKILDRNNVELANTGTAYEIGIVPKNVSKKDY **** *.**:*:***:***:***:***:***** ***:***:***:***:***:***:***:***:***	180 158	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47028	DDIARDLQIDTKAITNKVNQKWVQPSDFVPIKKINKQDEYIDKLIKSYNLQINTIKSRVY KAIAKELISYEDYIKQMQDQNWVQDDTFVPLKTVKKMDEYLSDFAKKFHLTTNETKSRNY . **:*:.*:.*. *.:***:***:***:***:***:***:***:***:***:***:***:***:***:***	240 218	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47028	PLNEATVHLLGYVGPINSDELKSKQFRNYSKNTVIGKKGLERLYDKQLQNTDGFVSIAN PLGKATSHLLGYVGPINSEELKQKEYKGYKDDAVIGKKGLEKLYDKKLQHEDGYRVTIVD **.* ***:*****:***.*:***:***:***:***:***:***:***:***:***:***:***:***:***:***:***:***	300 278	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47028	TYDNKPLDTLLEKKAENGDLHLTIDARVQESIYKHKNDGSGTALQPKTGEILALVST DNSNTIAHTLIEKKKDKGDIQLTIDAKVQKSIYNNMKNDYGSGTAIHPQTGELLALVST . * . **:*:*** :****:*****:***:***:***:***:***:***:***:***:***:***:***:***:***	360 338	

	mecC_2_Prot_PBP2a 47028	PSYDVYPFMNGLSNNDYRKLTNKKEPLLNKFQITTSFGSTQKILTSTIALKENKLDKNT PSYDVYPFMYGMSNEEYKNLTEDKKEPLLNKFQITTSFGSTQKILTAMIGLNKTLDDKT ***** *:*.:.*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*	420 398	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47028	NFDIYGKGWQKDWGNYNITRFKVVVDGNIDLKQAISSDNIFARIALALGAKKFEQGM SYKIDGKGWQKDKSWGYNVTRYEVVNGNIDLKQAISSDNIFARVALELGSKKFEKGM :. :* ***** ***. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*	480 458	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47028	QDLGIGENIPSDYPFYKAQISNSNLKNEILLADSGYGQGEILVNPFIQILSIYSALENNGN KKLQVGEDIPSDYPFYNAQISNKNLDNEILLADSGYGQGEILINPVQILSIYSALENNGN :. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*	540 518	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47028	IQNPHVLRKTKSQIWKKDIIPKKDIDILTNGMERVVNKTHRDDIYKNYARIIGKSGTAE INAPHLKDKTKNVWKNLISKENINLLTDGMQVVKTKHEDYRSYANLIGKSGTAE *: *. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*	600 578	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47028	KMNQGETGRQIGWFSYNKNNPNMLMAINVKDVQNKGMASYNATISGKVYDDLVDNGKTQ KMKQGETGRQIGWFSYDKNPNMMMAINVKDVQDKGMASYNAKISGKVYDELYENGNKK *: ***** :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*	660 638	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47028	FDIDQ 665 YDIDE 643 :***:		
47029	mecC_2_Prot_PBP2a 47029	MKKIYISVLVLLLIMIITWLFKDDIEKTISSIEKGNVNEVYKNSSEKSLAYGEEI -----KDKEINNTIDAIEDKNFKQVYKDSYISKSDNGEVE ** :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*	60 38	64.23%
	mecC_2_Prot_PBP2a 47029	DRNKKIYKDLVNNLKITNHEIKKTGKDKQVDVKYNIYTKYGTIRRNTQLNFIYEDKHW ERPIKIYNSLGVKDINIQRKIKKVSKNKRVDAQYKIKTNYGNIDRNVQFNFVKEDGMW :* *** :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*	120 98	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47029	KLDWRPDVIVPGLKNGQKINIEIETLKERGKIKDRNGIELAKTGTYEIGIVPNKTPKEY KLDWDHSVIPGMQKQSIHIENLKERGKILDRNNVELANTGTAYEIGIVPNKNSKKDY **** :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*	180 158	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47029	DDIARDLQIDTKAITNKVNQKQWVQPSDFVPIKKINKQDEYIDKLIKSYNLQINTIKSRVY KAIAKELISEDYIKQMQDNWVQDDTFVPLKTVKKMDEYLSDFAKKFHLTTNETESRNY . :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*	240 218	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47029	PLNEATVHLLGYVGPINSEELKQKEYKGYKDDAVIGKKGLEKLYDKKLQHDGYRVTV ** :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*	300 278	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47029	TYDNKPLDTLLEKKAENGLHLTIDARVQESIYKHMKNDDGSGTALQPKTGEILALVST DNSNTIAHTLIEKKKDKGDIQLTIDAKVQKSIYNNMKNYDGSHTAHPQTGELLALVST . :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*	360 338	

	mecC_2_Prot_PBP2a 47029	PSYDVYPFMNGLSNNDYRKLTNKKEPLLNKFQITTSFGSTQKILTSTIALKENKLDKNT PSYDVYPFMYGMSNEEYKNLTKEDKKEPLLNKFQITTSFGSTQKILTAMIGLNKTLDDKT ***** *:*	420 398	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47029	NFDIYGKGWQKQDASWGNYNITRFKVVVDGNIDLKQAISSDNIFARIALALGAKKFEQGM SYKIDGKGWQKDKSWGYNVTRYEVVNGNIDLKQAISSDNIFARVALELGSKKFEKGM *:*	480 458	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47029	QDLGIGENIPSDYPFYKAQISNSNLKNEILLADSGYGQGEILVNPFIQILSIYSALENNGN KKLGVGEDIPSDYPFYNAQISNKNLDNEILLADSGYGQGEILINPVQILSIYSALENNGN *:*	540 518	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47029	IQNPHVLRKTKSQIWKKDIIPKKDIDILTNGMERVVNKTTHRDDIYKNYARIIGKSGTAE INAPHLKDTKNKVVKNLISKENINLLTDGMQVNVNKTTHKEDIYRSYANLIGKSGTAE *:*	600 578	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47029	KMNQGETGRQIGWVSYNKNPNMLMAINVKDQVQNGMASYNATISGKVYDDLVDNGKTQ KMKQGETGRQIGWFISYDKDNPMMMAINVKDQVQDKGMASYNAKISGKVYDELVEYENK *:*	660 638	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47029	FDIDQ 665 YDIDE 643 *:*:*:		
47030	mecC_2_Prot_PBP2a 47030	MKKIYISVLVLLLIMIITWLFKDDIEKTISSIEKGNVNEVYKNSSEKSLAYGEEIIV -----KDKEINNTIDAIEDKNFKQVYKDSYISKSDNGEVEMT *:*	60 38	64.23%
	mecC_2_Prot_PBP2a 47030	DRNKKIYKDLVNNLKITNHEIKKTGKDKQVDVYKNIYTKYGTIRRNTQLNFIYEDKHW ERPIKIYNSLGVKIDINIQRKIKKVSKNKRVDAQYKIKTNYGNIDRNVQFNFVKEDGMW *:*	120 98	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47030	KLDWRPDVIVPGLKNGQKINIEIETLKERGKIKDRNGIELAKTGTYEIGIVPNKTPKEY KLDWDHSDVIVPGMQKQSIHIENLKERGKILDRNNVELANTGTAYEIGIVPNKNSKDY **** *:*	180 158	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47030	DDIARDLQIDTKAITNKVNQKWVQPSDFVPIKKINKQDEYIDKLIKSYNLQINTIKSRVY KAIAKELSISEDIKQMQDQNWVQDDTFVPLKTVKMDYELSDFAKKFHLTTNETESRNY *:*	240 218	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47030	PLNEATVHLLGYVGPINSEELKQKFRNYSKNTVIGKGLERLYDKQLQNTDGFVSIAN PLGKATSHLLGYVGPINSEELKQKEYKGYKDDAVIGKGLKLYDKKLQHEDGYRVTVID *:*	300 278	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47030	TYDNKPLDTLLEKKAENGLDHLTIDARVQESIYKHMKNDDGSGTALQPKTGEILALVST DNSNTIAHTLIEKKKDKGDIQLTIDAKVQKSIYNNMKNYDGSHTAHPQTGELLALVST *:*	360 338	

	mecC_2_Prot_PBP2a 47030	PSYDVYPFMNGLSNNDYRKLNTNNKKEPLLNKFQITTSFGSTQKILTSIATLKENKLDKNT PSYDVYPFMYGMSNEEYKLTEDKKEPLLNKFQITTSFGSTQKILTAMIGLNKTLDDKT ***** *:*.:.*.:.*.:.*****:*.:.:.*.:.*.:.*	420 398	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47030	NFDIYGKGWQKSDASWGNYNITRFKVVVDGNIDLKQAISSDNIFFARIALALGAKKFEQGM SYKIDGKGWQKDKSWGYNVTRYEVVNGNIDLKQAISSDNIFFARVALELGSKKFEKGM .:. * ***** ***.:.*.:.*.:.*****:*.:.*.:.*.:.*.:.*	480 458	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47030	QDLGIGENIPSDYPFYKAQISNSNLKNEILLADSGYGQGEILVNPFIQILSIYSALENNGN KKLQVGEDIPSDYPFYNAQISNKNLDNEILLADSGYGQGEILINPVQILSIYSALENNGN .:.*.:.*.:.*****:*.:.*.:.*****:*.:.*****:*.:.*****	540 518	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47030	IQNPHVLRKTKSQIWKDIIIPKKDIDILTNGMERVVNKTHRDDIYKNYARIIGKSGTAE LNAPHLKDTKNKVVKKNIISKENINLLTDGMQVVKTHKEDIYRSYANLIGKSGTAE *: *.:.*.:.*.:.*.:.*.:.*.:.*.:.*.:.*.:.*.:.*.:.*.:.*.:.*.:.*.:.*	600 578	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47030	KMNQGETGRQIGWVSYNKNPNMLMAINVKDVQNKGMASYNATISGKVYDDLVDNGKTQ KMKQGETGRQIGWFISYDKDNPMMMAINVKDVQDKGMASYNAKISGKVYDELYENGNK *: *****:*.:.*.:.*****:*****.*****:*.:.*.:.*	660 638	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47030	FDIDQ 665 YDIDE 643 :***:		
47031	mecC_2_Prot_PBP2a 47031	MKKIYISVLVLLLIMIITTWLFKDDIEKTISSIEKGNVNEVYKNSSEKSKLAYGEEIIV -----KDKEINNTIDAIEDKNFKQVYKDSYSKSDNGEVEMT **.:***:*.:.*.:.*.:.*.:.*.:.*.:.*.:.*.:.*.:.*.:.*.:.*.:.*.:.*.:.*	60 38	64.23%
	mecC_2_Prot_PBP2a 47031	DRNKKIYKDLVNNLKITNHEIKKTGKDKQVDVKYNIYTKYGTIRRNTQLNFIYEDKHW ERPIKIYNSLGVKIDINIQRKIKKVSKNKRVDAQYKIKTNYGNIDRNVQFNFVKEDGMW :* ***.:.*.:.*.:.*.:.*.:.*.:.*.:.*.:.*.:.*.:.*.:.*.:.*.:.*.:.*.:.*	120 98	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47031	KLDWRPDVIVPGLKNGQKINIEIETLKERGKIKDRNGIELAKTGNTEYIGIVPNKTPKEY KLDWDHSVIPGMQKQSIHIENLKERGKILDRNNVELANTGTAYEIGIVPNKNSKKDY **** .*.:.*.:.*.:.*.:.*.:.***** ***.:.***:*.:.*****:*.:.*.:.*	180 158	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47031	DDIARDLQIDTKAITNKVNQKWVQPSDFVPIKKINKQDEYIDKLIKSYNLQINTIKSRVY KAIAKELSISEDIKQMQDQNWVQDDTFVPLKTVKKMDEYLSDFAKKFHLTTNETESRNY . *.:.*.*. *.:.:.*.:.*.:.*.:.*.:.*.:.*.:.*.:.*.:.*.:.*.:.*.:.*.:.*.:.*	240 218	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47031	PLNEATVHLLGYVGPINSDELKSKQFRNYSKNTVIGKKGLERLYDKQLQNTDGFVSIAN PLGKATSHLLGYVGPINSEELKQKEYKGYKDDAVIGKKGLEKLYDKKLQHEDGYRVTVIVD **.:** *****:*.:.*.:.*.:.*.:.*.:.*****:*****:*.:.*.:.*.:.*.:.*	300 278	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47031	TYDNKPLDTLLEKKAENGDLHLTIDARVQESIYKHMKNDDGSGTALQPKTGEILALVST DNSNTIAHTLIEKKKDKGDIQLTIDAKVQKSIYNNMKNDYSGGTAIHPQTGELLALVST . *. *.:.*.*. *.:.*.:.*****:*****:*****:*.:.*.:.*****	360 338	

	mecC_2_Prot_PBP2a 47032	PSYDVYPFMNGLSNNDYRKLTNKKEPLLNKFQITTSFGSTQKILTSTIALKENKLDKNT PSYDVYPFMYGMSNEEYKNLTDKKEPLLNKFQITTSFGSTQKILTAMIGLNKTLDDKT ***** *:*.:.*. :*****:*****:*. :*.:.*. :*. :*	420 398	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47032	NFDIYGKGWQKDWGNYNITRFKVVVDGNIDLKQAISSDNIFFARIALALGAKKFEQGM SYKIDGKGWQKDKSWGYNVTRYEVVNGNIDLKQAISSDNIFFARVALELGSKKFEKGM :. :* ***** ***. :*. :*. :*****:*****:*. :*. :*. :*. :*	480 458	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47032	QDLGIGENIPSDYPFYKAQISNSNLKNEILLADSGYGQGEILVNPFIQILSIYSALENNGN KKLQVGEDIPSDYPFYNAQISNKNLDNEILLADSGYGQGEILINPVQILSIYSALENNGN :. :*. :*. :*****:*****. :*. :*****:*****:*. :*****:*****	540 518	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47032	IQNPHVLRKTKSQIWKKDIIPKKDIDILTNGMERVVNKTTHRDDIYKNYARIIGKSGTAE INAPHLKDTKNKVVKNLISKENINLLTDGMQVVKTHKEDIYRSYANLIGKSGTAE *: *. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*	600 578	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47032	KMNQGETGRQIGWFVSYNKNPNMLMAINVKDQVQNGMASYNATISGKVYDDLVDNGKTQ KMKQGETGRQIGWFISYDKDNPMMMAINVKDQDKGMASYNAKISGKVYDELYENGNKK *: *****:*. :*. :*. :*****:*****. :*****. :*****:*. :*. :*. :*	660 638	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47032	FDIDQ 665 YDIDE 643 :***:		
47033	mecC_2_Prot_PBP2a 47033	MKKIYISVLVLLLIMIIITWLFKDDIEKTISSEIEKGNVNEVYKNSSEKSLAYGEEIIV -----KDKEINNTIDAIEDKNFKQVYKDSYISKSDNGEVEMT * . :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*	60 38	64.23%
	mecC_2_Prot_PBP2a 47033	DRNKKIYKDLVNNLKITNHEIKKTGKDKQVDVKYNIYTKYGTIRRNTQLNFIYEDKHW ERPIKIYNSLGVKDINIQRKIKKVSKNKRVDAQYKIKTNYGNIDRNVQFNFVKEDGMW :* ***. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*	120 98	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47033	KLDWRPDVIVPGLKNGQKINIEIETLKERGKIKDRNGIELAKTGTYEIGIVPNKTPKEY KLDWDHSVIPGMQKQSIHIENLKERGKILDRNNVELANTGTAYEIGIVPNKNSKDY **** . :*. :*. :*. :*. :*. :***** ***. :*****:*. :*****:*. :*. :*	180 158	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47033	DDIARDLQIDTKAITNKVNQKWVQPDFVPIKKINKQDEYIDKLIKSYNLQINTIKSRVY KAIAKELSISEDIKQMQDQNWVQDDTFVPLKTVKMDYELRDFAKKFLHTTNETESRNY . :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*	240 218	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47033	PLNEATVHLLGYVGPINSEELKQKEYKGYKDDAVIGKKGLEKLYDKKLQHDGYRVTIVD ** . :*. :*****:*****. :*. :*. :*. :*. :*****:*****:*. :*. :*. :*. :*	300 278	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47033	TYDNKPLDTLLEKKAENGDLHLTIDARVQESIYKHMKNDDGSGTALQPKTGEILALVST DNSNTIAHTLIEKKKDKGDIQLTIDAKVQKSIYNNMKNDYSGGTAIHPQTGELLALVST . :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*. :*	360 338	

	mecC_2_Prot_PBP2a 47034	PSYDVYPFMNGLSNNDYRKLTNKKEPLLNKFQITTSFGSTQKILTSTIALKENKLDKNT PSYDVYPFMYGMSNEEYKNLTKEDKKEPLLNKFQITTSFGSTQKILTAMIGLNKTLDDKT ***** *:*.:.*.:.:*****:*.:.:.*.:.*	420 398	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47034	NFDIYGKGWQKQDASWGNYNITRFKVVVDGNIDLKQAISSDNIFFARIALALGAKKFEQGM SYKIDGKGWQKDKSWGYNVTRYEVVNGNIDLKQAISSDNIFFARVALELGSKKFEKGM :.*. ***** *.*.:.*.:.:*****:*. *.*:*****:*. *	480 458	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47034	QDLGIGENIPSDYPFYKAQISNSNLKNEILLADSGYGQGEILVNPFIQILSIYSALENNGN KKLQVGEDIPSDYPFYNAQISNKNLDNEILLADSGYGQGEILINPVQILSIYSALENNGN :.*.:.*. *****:***** *.*. *****:*. *****:*****	540 518	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47034	IQNPHVLRKTKSQIWKKDIIPKKDIDILTNGMERVVNKTTHRDDIYKNYARIIGKSGTAE INAPHLKDTKNKVVKNLII SKENINLLTDGMQVVKTHKEDIYRSYANLIGKSGTAE *: *.:.*. *.:.:***:*. *.:.:*.:.:*****:*. *.:.:*****	600 578	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47034	KMNQGETGRQIGWVFSYNKNNPNMLMAINVKDQVQKGMASYNATISGKVYDDLVDNGKTQ KMKQGETGRQIGWFISYDKDNPMMMAINVKDQVQKGMASYNATISGKVYDELVDYENGNK *: *****:*. *.*:*****:*****. *****:*. *.:.:.	660 638	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47034	FDIDQ 665 YDIDE 643 :***:		
47035	mecC_2_Prot_PBP2a 47035	MKKIYISVLVLLLIMIITTWLFKDDIEKTISSIEKGNVNEVYKNSSEKSLAYGEEIIV -----KDKEINNTIDAIEDKNFKQVYKDSYISKSDNGEVEMT *.:.:*.:.:*. *.:.:***:*. *. *. *. *	60 38	64.23%
	mecC_2_Prot_PBP2a 47035	DRNKKIYKDLVNNLKITNHEIKKTGKDKQVDVKYNIYTKYGTIRRNTQLNFIYEDKHW ERPIKIYNSLGVKDINIQRKIKKVSKNKRVDAQYKIKTNYGNIDRNVQFNFVKEDGMW :* *.*.:.*. *.:.:*. *.:.:***:*. *.:.:***:*. *. *. *	120 98	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47035	KLDWRPDVIVPGLKNGQKINIEIETLKERGKIKDRNGIELAKTGTYEIGIVPNKTPKEY KLDWDHSVIVPGMQKQSIHIENLKERGKILDRNNVELANTGTAYEIGIVPNKNSKDY **** *.*.:.:*. *.:.:***:***** *.*.:.:***:*. *.:.:*****:*. *.:.*	180 158	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47035	DDIARDLQIDTKAITNKVNQKWVQPSDFVPIKKINKQDEYIDKLIKSYNLQINTIKSRVY KAIAKELSISEDIKQMQDQNWVQDDTFVPLKTVKMDYELSDFAKKFHLTTNETESRNY . *.:.:*. *. *.:.:*. *.:.:***:*. *.:.:***:*. *. *. *. *	240 218	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47035	PLNEATVHLLGYVGPINSDELKSKQFRNYSKNTVIGKKGLERLYDKQLQNTDGFKVSIA PLGKATSHLLGYVGPINSEELKQKEYKGYKDDAVIGKKGLEKLYDKKLQHEDGYRVTVI **:.** *****:*. *.:.:*. *.:.:*****:*****:*. *.:.:***:*. *	300 278	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47035	TYDNKPLDTLLEKKAENGLDHLTIDARVQESIYKHMKNDDGSGTALQPKTGEILALVST DNSNTIAHTLIEKKKDKGDIQLTIDAKVQKSIYNNMKNYDGSHTAHPQTGELLALVST . *	360 338	

	mecC_2_Prot_PBP2a 47035	PSYDVYPFMNGLSNNDYRKLTNKKEPLLNKFQITTSFGSTQKILTSTIALKENKLDKNT PSYDVYPFMYGMSNEEYKNLTEDKKEPLLNKFQITTSFGSTQKILTAMIGLNKTLDDKT ***** *:*.:.*.:.:*****:*.:.:.*.:.*	420 398	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47035	NFDIYGKGWQKDASWGNYNITRFKVVVDGNIDLKQAISSDNIFFARIALALGAKKFEQGM SYKIDGKGWQKDKSWGYNVTRYEVVNGNIDLKQAISSDNIFFARVALELGSKKFEKGM .:. * ***** ***.:.*.:.:*****:*.:.:.*.:.:*****:*.:.:.*	480 458	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47035	QDLGIGENIPSDYPFYKAQISNSNLKNEILLADSGYGQGEILVNPIQILSIYSALENNGN KKLQVGEDIPSDYPFYNAQISNKNLDNEILLADSGYGQGEILINPVQILSIYSALENNGN .:.*.:.:*****:*****. *. *****:*.:.*****:*****	540 518	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47035	IQNPHVLRKTKSQIWKKDIIPKKDIDILTNGMERVVNKTTHRDDIYKNYARIIGKSGTAE INAPHLKDTKNKVWKNLISKENINLLTDGMQVVKTHKEDIYRSYANLIGKSGTAE *: *.:.*.:.:*****:*.:.:.:*****:*****:*.:.:.:*****	600 578	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47035	KMNQGETGRQIGWFVSYNKNPNMLMAINVKDQVQNGMASYNATISGKVYDDLVDNGKTQ KMKQGETGRQIGWFISYDKDNPNMMMAINVKDQVQDKGMASYNAKISGKVYDELVEYENK *: *****:*.:.:*****:*****:*****:*****:*.:.:.:*****	660 638	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47035	FDIDQ 665 YDIDE 643 :***:		
47036	mecC_2_Prot_PBP2a 47036	MKKIYISVLVLLLIMIIITWLFKDDIEKTISSIEKGNVNEVYKNSSEKSKLAYGEEI -----KDKEINNTIDAIEDKNFKQVYKDSYISKSDNGEVEMT **.:***:*.:.*. *.:.:*****:*** ** ** *:.:	60 38	64.07%
	mecC_2_Prot_PBP2a 47036	DRNKKIYKDLVNNLKITNHEIKKTGKDKQVDVYNIYTKYGTIRRNTQLNFIYEDKHW ERPIKIYNSLGVKDINIQRKIKKVSKNKRVAQYKIKTNYGNIDRNVQFNFVKEDGMW :* ***.:.*.:.:***:***:***:***:***:***:***:***:***:***:***:***:***	120 98	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47036	KLDWRPDVIVPGLKNGQKINIEIETLKERGKIKDRNGIELAKTGTYEIGIVPNKTPKEY KLDWDHSVIPGMQKQSIHIENLKSQRKILDRNNVELANTGTAYEIGIVPNVSKKDY **** *.:.:***:***:***:***:***:***:***:***:***:***:***:***:***:***	180 158	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47036	DDIARDLQIDTKAITNKVNQKWVQPDFVPIKKINKQDEYIDKLIKSYNLQINTIKSRVY KAIAKELSISEDIKQMQDQNWVQDDTFVPLKTVKMDYELSDFAKKFHLTTNETESRNY . *.:.:*. *. *.:.:***:***:***:***:***:***:***:***:***:***:***:***	240 218	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47036	PLNEATVHLLGYVGPINSEELKQKEYKGYKDDAVIGKKGLEKLYDKKLQHDGYRVTV **.:** *****:***. *.:.:***:***:***:***:***:***:***:***:***:***:***	300 278	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47036	TYDNKPLDTLLEKKAENGLDHLTIDARVQESIYKHMKNDDGSGTALQPKTGEILALVST DNSNTIAHTLIEKKKDKGDIQLTIDAKVQKSIYNNMKNYDGSMTAHPQTGELLALVST . *. *.:.:***:***:***:***:***:***:***:***:***:***:***:***:***:***	360 338	

	mecC_2_Prot_PBP2a 47036	PSYDVYPFMNGLSNNDYRKLTTNNKKEPLLNKFQITTSFGSTQKILTSIALKENKLDKNT PSYDVYPFMYGMSNEEYKNLTKEDKKEPLLNKFQITTSFGSTQKILTAMIGLNNKTLDDKT ***** *:*.:. *:.:*****:*****:*.:.:*.:.:*	420 398	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47036	NFDIYGKGWQKQDASWGNYNITRFKVVVDGNIDLKQAISSDNIFARIALALGAKKFEQGM SYKIDGKGWQKDKSWGYNVTRYEVVNGNIDLKQAISSDNIFARVALELGSKKFEKGM :.: * ***** ***.:.:*.:*****:*****:*.: ** *:*****: **	480 458	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47036	QDLGIGENIPSDYPFYKAQISNSNLKNEILLADSGYGQGEILVNPFIQILSIYSALENNGN KKLQVGEDIPSDYPFYNAQISNKNLDNEILLADSGYGQGEILINPVQILSIYSALENNGN :.*:*.:*****:*****.*.*****:*****:*.:*****:*****	540 518	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47036	IQNPHVLRKTKSQIWKKDIIPKKDIDILTNGMERVVNKTTHRDDIYKNYARIIGKSGTAE INAPHLLKDTKNKVVKKNIISKENINLLTDGMQVVKTHKEDIYRSYANLIGKSGTAE *: *.:.*.:.:*.:*. *:.:*.:*.:*.:*****:*****:*.:.:*****	600 578	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47036	KMNQGETGRQIGWVSYNKNPNMLMAINVKDQVQNGMASYNATISGKVYDDLVDNGKTQ KMKQGETGRQIGWFISYDKDNPMMMAINVKDQDKGMASYNAKISGKVYDELVDNGK *:.:*****:*.:*.:*****:*****:*****.*.*****:*.:*.:.:	660 638	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47036	FDIDQ 665 YDIDE 643 :***:		
47037	mecC_2_Prot_PBP2a 47037	MKKIYISVLVLLLIMIIITWLFKDDIEKTISSEIEKGNVNEVYKNSSEKSLAYGEEI -----KDKEINNTIDAIEDKNFKQVYKDSYISKSDNGEVEMT *:.:*.:*.:*. *:.:*****: ** ** *:.:	60 38	64.07%
	mecC_2_Prot_PBP2a 47037	DRNKKIYKDLVNNLKITNHEIKKTGKDKQVDVKYNIYTKYGTIRRNTQLNFIYEDKHW ERPIKIYNSLGVKIDINIQRKIKKVSKNKRVDAQYKIKTNYGNIDRNVQFNFVKEDGMW :* ***.:.*.:.:*.: :.*****.:.:*.:*.:*.:*. *:.:*. * ** *.:*.: ** *	120 98	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47037	KLDWRPDVIVPGLKNGQKINIEIETLKERGKIKDRNGIELAKTGTYEIGIVPNKTPKEY KLDWDHSVIPGMQKQSIHIEIENLKSRRGKILDRNNVELANTGTAYEIGIVPNVSKKDY **** .*.:*.:*.:.:*.:*.:*****:***** ***.:*****:*****:*****:*.:.:*	180 158	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47037	DDIARDLQIDTKAITNKVNQKWVQPSDFVPIKKINKQDEYIDKLIKSYNLQINTIKSRVY KAIAKELSISEDIKQMQDQNWVQDDTFVPLKTVKMDYELSDFAKKFHLTTNETESRNY . *:.:*. * . *:.:*.:***** *:.:*****:*.: * ***.:.: * * :*. * *	240 218	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47037	PLNEATVHLLGYVGPINSEELKQKFRNYSKNTVIGKGLERLYDKQLQNTDGFVSIAN PLGKATSHLLGYVGPINSEELKQKEYKGYKDDAVIGKGLKLYDKKLQHEDGYRVTVVD **.* ** ***** ***.:.:*.:.:*****:*****:*.: ** *:***:*.:	300 278	
	mecC_2_Prot_PBP2a 47037	TYDNKPLDTLLEKKAENGLDHLTIDARVQESIYKHMKNDDGSGTALQPKTGEILALVST DNSNTIAHTLIEKKKDKGDIQLTIDAKVQKSIYNNMKNYDGSMTAHPQTGELLALVST . * . *:.:*** :.*****:*****:*****:***** *****:*.:***:*****	360 338	

mecC_2_Prot_PBP2a 47037	PSYDVYPFMNGLSNNDYRKLTNKKEPLLNKFQITTSFGSTQKILTSTIALKENKLDKNT PSYDVYPFMYGMSNEEYKNLTKEDKKEPLLNKFQITTSFGSTQKILTAMIGLNNKTLDDKT ***** *:*.:.*.:.*****:*.:.*.:.*.:.*	420 398
mecC_2_Prot_PBP2a 47037	NFDIYGKGWQKASWGNYNITRFKVVVDGNIDLKQAISSDNIFFARIALALGAKKFEQGM SYKIDGKGWQKDKSWGYNVTRYEVVNGNIDLKQAISSDNIFARVALELGSKKFEKGM .:. * ***** ***.*.:.*.:.*****:*. **:.****:**. **	480 458
mecC_2_Prot_PBP2a 47037	QDLGIGENIPSDYPFYKAQISNSNLKNEILLADSGYGQGEILVNPIQILSIYSALENNGN KKLGVGEDIPSDYPFYNAQISNKNLDNEILLADSGYGQGEILINPVQILSIYSALENNGN .:.*.:.*****:*****. *. *****:*.*****:*****	540 518
mecC_2_Prot_PBP2a 47037	IQNPHVLRKTKSQIWKKDIIPKKDIDILTNGMERVVNKTHRDDIYKNYARIIGKSGTAE INAPHLLKDTKNKVWKNII SKENINLLTDGMQVVKTHKEDIYRSYANLIGKSGTAE *:. **:.*.*.:.*.:.***:*. **:.*.:.***:*.:.*****:*.***:*.*.:.*****	600 578
mecC_2_Prot_PBP2a 47037	KMNQGETGRQIGWFVSYNKNPNMLMAINVKDVQNKGMASYNATISGKVYDDLYDNGKTQ KMKQGETGRQIGWFISYDKDNPMMMAINVKDVQDKGMASYNAKISGKVYDELYENGNKK *:.*****:*.:.*.***:*****:*****.*****:*.***:*.***:*.:.*	660 638
mecC_2_Prot_PBP2a 47037	FDIDQ 665 YDIDE 643 :***:	

