



UK Variant - Spike Mutagenesis

The mutations to introduce in the **pcDNA3.1-SARS-COV2-Spike** are 2 deletions and 7 point mutations:

1. Deletion H69 V70
2. Deletion Y144
3. N501Y
4. A570D
5. D614G
6. P681H
7. T716I
8. S982A
9. D1118H

We have made a series of Spike mutant constructs with different combinations of critical mutations from UK variant. The clones are available and ready for shipping out. We guarantee 100% sequence accuracy.

Clone Cat#	Number of Spike mutations	Mutation descriptions
Spike2102-1	9 mutations	Del-H69V70 Del-Y144 N501Y A570D D614G P681H T716I S982A D1118H
Spike2102-2	7 mutations	Del-H69V70 N501Y A570D D614G T716I S982A D1118H
Spike2102-3	5 mutations	Del-H69V70 N501Y D614G T716I D1118H
Spike2102-4	4 mutations	Del-H69V70 D614G T716I D1118H
Spike2102-5	3 mutations	N501Y D614G T716I

>pcDNA3.1-SARS-COV2-Spike (WT):

GACGGATCGGGAGATCTCCCGATCCCGTATGGTGCACCTCTCAGTACAATCTGCTCTGATGCCGCATAGTTAAGCCAGTATCTGCTCCCTGCTTGTGT
 GTTGGAGGTGCTGAGTAGTGCAGGAGCAAAATTTAAGCTACAACAAGGCAAGGCTTGACCGACAATTGCATGAAGAACTGCTTAGGGTTAGGCGT
 TTTGCGCTGCTTCGCGATGTACGGGCCAGATATACGCGTTGACATTGATTATTGACTAGTTAATAAGTAATCAATTACGGGGTCATTAGTTCATA
 GCCCATATATGGAGTTCCCGCTTACATAAATTACGGTAAATGGCCCGCTGGCTGACCGCCCAACGACCCCGCCCATTGACGTCAATAATGACGTA
 TGTTCACATAGTAACGCCAATAGGGACTTTCCATTGACGTCAATGGGTGGAGTATTACGGTAAACTGCCACTTGGCAGTACATCAAGTGTATCAT
 ATGCCAAGTACGCCCCCTATTGACGTCAATGACGGTAAATGGCCCGCTGGCATTATGCCAGTACATGACCTTATGGGACTTTCCACTTGGCAGT
 ACATCTACGTATAGTCAATCGCTATTACCATTGGTATGCGGTTTTGGCAGTACATCAATGGGCGTGGATAGCGGTTTTGACTCACGGGATTTCCAAAG
 TCTCCACCCCATGACGTCAATGGGAGTTTGTTTTGGCACAAAATCAACGGGACTTTCCAAAATGTCGTAACAACCTCCGCCCATGACGCAAAATG
 GCGGTTAGGCGTGTACGGTGGGAGGTCTATATAAGCAGAGCTCTCTGGCTAACTAGAGAACCCTGCTTACTGGCTTATCGAAATTAATACGACTC
 ACTATAGGGAGACCCAAGCTG**GCTAGC**GCCACCATGTTTGGTTTTCTTGTGTTTTATTGGCAGTCTCTAGTCAAGTGTGTTAACTTTACAACCAGAA
 CTCAAATACCCCTGCATACCTAATCTTTCCACAGTGGTGTATTATACCCTGCACAAAGTTTTAGATCCTCAGTTTTACATTCAACTCAGGACTT
 GTTCTTACCTTTCTTTTCCAATGTTACTTGGTTCATGCTATACATGCTCTGGGACCAATGGTACTAAGAGGTTTGATAACCTGTCTTACCATT
 AATGATGGTGTTTATTTGCTTCCACTGAGAAGTCTAACATAAAGAGGCTGGATTTTGGTACTACTTTAGATTGGAAGACCCAGTCCCTACTTA
 TTGTTAAACGCTCAATAAGTGTGTTAATAAGTCTGTAATTTCAATTTGTAATGATCATTTTGGGTGTTTATTACCACAAAACAACAAAAG
 TTGGATGGAAGTGAGTTCAGGTTTTATTCTAGTGCAGTAATTTGACCTTTTGAATATGCTCTCAGCCTTTTCTTATGGACCTTGAAGGAAACAG
 GGTAATTTCAAAAATCTTAGGGAATTTGTGTTAAGAATATTGATGGTATTTTAAAAATATATTCTAAGCACACGCTATTAATTTAGTGCCTGATC
 TCCCTCAGGGTTTTTCGGCTTTAGAACCATGGTAGATTGGCAATAGGTATTAACATCACTAGGTTTCAAATTTACTTGTCTTACATAGAAGTTA
 TTTGACTCCTGGTGTATTCTTCTCAGGTTGGACAGCTGGTGTGCAGCTTATTATGTTGGTATCTTCAACCTAGGACTTTTCTATTAATAATAAT
 GAAAAAGAACCATTACAGATGCTGTAGACTGTGCCTTCTCAGAAACAAGGTACGTTGAAATCCTTCACTGTAGAAAAAGGAATCT
 ATCAAATTTAACTTTAGAGTCCAACAACAGAACTATTGTTAGATTTCCTAATATTACAACTTGTGCCCTTTGGTGAAGTTTTTAAACGCCAC
 CAGATTTGCATCTGTTTATGCTTGGAAACAGGAAGAACTCAGCACTGTGTGCTGATTATCTGTCTATATAATCCCGCATCATTTTCCACTTT
 AAGTGTATGAGGTGCTCCTACTAAATTAAGTATCTCTGCTTACTAATGCTATATGCTATGCTCAGATTCATTGTAATTAGAGGTGATGAAGTACGAAA
 TCGCTCCAGGGAAAACCTGGAAGATTGCTGATTATAAATAAATTAACAGATGATTTTACAGGCTGCGTTATAGCTTGAATTTCAACAATCTTGA
 TTCTAAGGTTGGTGGTAATATAATTACCTGTATAGATTGTTTAGGAAGTCTAATCTCAAACCTTTGAGAGAGATATTTCAACTGAAATCTATCAG
 GCCGTAGCACACCTTGAATGGTGTGAAGGTTTTAATTGTTACTTTCTTTACAATCATATGGTTTCAACCCACTAATGGTGTGGTTACCAAC
 CATAAGAGTAGTAGTACTTTCTTTGAACTTCTACATGCACCAGCACTGTTTGTGGACCTAAAAAGTCTACTAATTTGGTTAAAAACAATGTTGT
 CAATTTCAACTTCAATGGTTTAAACAGGCACAGGTGTTCTTACTGAGTCTAACAAAAAGTTTTCTGCCTTTCCACAATTTGGCAGAGACATTGCTGAC
 ACTACTGATGCTGTCGATCCACAGACACTTGAATCTTGACATTTACCCATGTTCTTTTGGTGGTGTGAGTGTATAACACCAGGAACAATA
 CTTCTAACCGGTTGCTGTTCTTTATCAGGATGTTAAGTGCACAGAAGTCCCTGTTGCTATTCATGCAGATCACTACTCTACTTGGCCTGTTTA
 TTTCTACAGGTTCTAATGTTTTTCAACACAGTGCAGGCTGTTTAAATAGGGGTGAACATGTCAACAACCTCATATGAGTGTGACATACCCATTTGTTGA
 GGTATATGCGCTAGTTATCAGACTCAGACTAATTTCTCTCGCGGGCAGTGTAGTGTAGTCAATCCATCATTGCCTACACTATGCTACTTGGTG
 CAGAAAATTCAGTTGCTTACTCTAATAACTCTATTGCCATACCACAAATTTTACTATTAGTGTACCACAGAAATTTACCAGTGTCTATGACCAA
 GACATCAGTAGATTGTACAATGTACATTTGTTGGTATTCAACTGAATGCAGCAATCTTTTGTGCAATATGGCAGTTTTTGTACACAATTAACCGT
 GCTTTAACTGGAATAGCTGTTGAACAAGACAAAACACCCAAAGAGTTTTTGACAAGTCAACAATTTACAAAACACCACAAATTAAGATTTTTG
 GTGGTTTTAATTTTTCAAAAATATTACCAGATCCATCAAAACCAAGCAAGAGGTCATTTATTGAAGATCTACTTTTCAACAAGTGACACTTGCAGA
 TGCTGGCTTATCAACAATATGGTGTATGCTTGGTATATTGCTGTAGAGACCTCATTTGTGCACAAAAGTTTAAACGGCTTACTGTTTGGCCA
 CCTTTGCTCAGCAAGAAATGATTGCTCAATACACTTGTGCTAGCGGGTACAATCACTTCTGGTTGGACCTTTGGTGGCAGGTGCTGCTATAC
 AAATACCATTTGCTATGCAAAATGGCTTATAGGTTAATGGTATTGGAGTTACACAGAAATGTTCTCTATGAGAAACAAAATGATTGCAACCAAT
 TAATAGTGTATTGGCAAAATCAAGACTCACTTTCTCCACAGCAAGTGCCTTGGAAAACCTCAAGATGTGGTCAACCAAAATGCACAAGCTTTA
 AACACGCTTGTAAACAACCTTAGCTCCAATTTTGGTGAATTTCAAGTGTTTAATGATATCTTTACAGTCTTGACAAAGTTGAGGCTGAAGTGC
 AAATGATAGGTTGATCAGGCAGACTTCAAAGTTTGCAGACATATGTGACTCAACAATTAATTAGAGCTGCAGAAATCAGAGCTTCTGCTAATCT
 TGCTGCTACTAAAATGTCAGAGTGTGACTTGGACAATCAAAAAGAGTTGATTTTTTGGAAAGGGCTATCATCTTATGCTCTCCCTCAGTACGCA
 CCTCATGGTGTAGTCTTCTTGCATGTGACTTATGTCCCTGCACAAGAAAAGAACTTCACAACTGCTCCTGCCATTTGTCATGATGAAAAGACACT
 TTCTCGTGAAGGTGCTTTGTTTCAAATGGCACACACTGGTTTGAACACAAAGAAATTTTATGAACCACAAATCACTACTACAGACAACACTT
 TGTGCTGGTAACTGTGATGTTGTAATAGGAATGTCAACAACACAGTTTATGATCCTTTGCAACCTGAATTAGACTCAATCAAGGAGGAGTTAGAT
 AAATATTTTAAAGAAATCATAATCACCAGATGTTGATTTAGGTGACATCTCTGGCATTAAATGCTTCAAGTGTAAACATTTCAAAAAGAAATGACCGCC
 TCAATGAGGTTGCCAAGAATTTAAATGAATCTCTCATCGATCTCCAAGAACTGGAAAGTATGAGCAGTATATAAAATGGCCATGGTACATTTGGCT
 AGGTTTTATAGCTGGCTTGAATGGCATAGTAATGGTGAACAATGCTTTGCTGTATGACCAGTTGCTGTAGTTGCTCAAGGGCTGTTGTTCTGT
 GGATCCTGCTGCAAAATTTGATGAAGACGACTCTGAGCCAGTGTCAAAGGAGTCAAATTACATTACACATA**GCGGCCGCT**TCGAGTCTAGAGGGCCC
 GTTAAACCCCGTGTATCAGCCTCGACTGTGCCCTTCTAGTTGCCAGCCATCTGTTGTTTGGCCCTCCCCCGTGCCCTTCCCTGACCCCTGGAAGGTGCCA
 CTCACCTGTCCTTTCCATAAAAATGAGGAAATGTCATCGCATATTGCTGAGTAGGTGTCATTCTATTTGGGGGGTGGGTTGGGGCAGGACGACAA
 GGGGAGGATTGGGAAGCAATAGCAGGCATGCTGGGATGCGGTGGGCTCTATGGCTCTGAGGCGGAAAGAACAGCTGGGGCTTAGGGGCTAT
 CCCCACGCGCCCTGTAGCGCGCATTAAGCGCGCGGGTGTGGTGGTTACGCCAGCGTGAACCTACACTTCCACAGCGCCCTAGCGCCGCTCTT
 TCGCTTTCTTCCCTTCTTCTCGCCACGTTCCGCCGCTTCCCGCTCAAGCTCTAAATCGGGGGCTCCCTTTAGGGTTCCGATTTAGTGTCTTACG
 GCACCTCGACCCCAAAAACCTTGAATAGGGTGTGTTTACGTTAGTGGCCATCGCCCTGATAGACGGTTTTTTCGCCCTTTGACGTTGGAGTCCACG
 TTCTTTAATAGTGGACTCTGTTCCAACTGGAACAACACTCAACCTATCTCGGTCTATTCTTTTGAATTTAAGGGATTTTGGCGATTTCCGCT
 ATGGTTAAAAATGAGCTGATTTAAACAAAATTTAAGCGCAATTAATCTGTGGAATGTGTGTCAGTTAGGGTGTGGAAGTCCCAAGGCTCCCA
 GCAGGCAGAAATGCAAAAGCATGCATCTCAATTAGTCAGCAACCAGGTGTGGAAGTCCCAAGGCTCCCAAGCAGGAGGATGCAAAAGCATGC
 ATCTCAATTAGTCAGCAACCATAGTCCCGCCCTAACTCCGCCATCCCGCCCTAACTCCGCCAGTTCGCCCATTTCTCCGCCCATGGCTGACT

AATTTTTTTTATTTATGCAGAGGCCGAGGCCGCTCTGCCTCTGAGCTATCCAGAAGTAGTGAGGAGGCTTTTTGGAGGCCTAGGCTTTTGCAAA
AAGCTCCCGGGAGCTTGTATATCCATTTTCGGATCTGATCAAGAGACAGGATGAGGATCGTTTCGCATGATTGAACAAGATGGATTGCACGCAGGTT
CTCCGGCCGCTTGGGTGGAGAGGCTATTCGGTATGACTGGGCACAACAGACAATCGGCTGCTCTGATGCCGCGGTGTTCGGCTGTGACGCGAGGG
GCGCCCGTCTTTTTGTCAAGACCGACCTGTCCGGTCCCTGAATGAACTGCAGGACGAGGCAGCGCGGCTATCGTGGCTGGCCACGACGGGCGTT
CCTTGCCGAGCTGTGCTCGACGTTGTCACTGAAGCGGGAAGGACTGGCTGCTATTTGGCGAAGTGCCGGGGCAGGATCTCCTGTCACTCACCTTG
CTCCTGCCGAGAAGTATCCATCATGGCTGATGCAATGCGGGGCTGCATACGCTTGATCCGGCTACCTGCCATTTCGACCACCAAGCGAAACATCG
CATCGAGCGAGCAGTACTCGGATGGAAGCCGGTCTTGTGATCAGGATGATCTGGACGAAGAGCATCAGGGGCTCGCGCCAGCCGAATGTTTCGCC
AGGCTCAAGGCGCGCATGCCGACGGCAGGATCTCGTCGTGACCCATGGCGATGCCTGCTTGCAGAAATCATGGTGAAAAATGGCCGCTTTTCTG
GATTCATCGACTGTGGCCGGCTGGGTGGCGGACCGTATCAGGACATAGCGTTGGCTACCCGTGATATTGCTGAAGAGCTTGGCGCGCAATGGGC
TGACCGCTTCTCGTGTCTTACGGTATCGCCGCTCCCGATTTCGCAGCGCATCGCCTTCTATCGCCTTCTTGACGAGTTCTTCTGAGCGGGACTCTGG
GGTTGAAATGACCGACCAAGCGACGCCAACCTGCCATCAGGAGATTTGATTTCCACCGCCGCTTCTATGAAAGTTGGGCTTCGGAATCGTTTT
CCGGGACGCGGCTGGATGATCCTCCAGCGCGGGATCTCATGTGGAGTTCTTCGCCACCCCACTTGTTTTATTGCAGCTTATAATGGTTACAAA
TAAAGCAATAGCATCACAAATTCACAAATAAAGCATTTTTTCACTGACTTGTAGTTGTGGTTTGTCCAAACTCATCAATGTATCTTATCATGTCT
GTATACCGTCGACCTCTAGCTAGAGCTTGGCGTAATCATGGTCATAGCTGTTTCTGTGTGAAATTTATCCGCTCACAAATCCACACAACATACG
AGCCGGAAGCATAAAGTAAAGCCTGGGGTGCCTAATGAGTGAGCTAACTCACATTAATTCGTTGGCTACTGCCGCTTTCAGTCGGGAAAC
CTGTCGTGCCAGTGCATTAATGAATCGGCCAACGCGGGGAGAGGGGTTTGCATTTGGCGCTTTCGGCTTCTCGCTCACTGACTCGCTGC
GCTCGGTGTTCCGCTGCGGCGAGCGGTATCAGCTCAAGGCGGTAATACGGTTATCCACAGAATCAGGGGATAACGCAGGAAAGAAACATGTG
AGCAAAAGGCCAGCAAAAGGCCAGGAACCGTAAAAAGCCGCTTGTGGCGTTTTCCATAGGCTCCGCCCCCTGACGAGCATCACAAAAATCGA
CGCTCAAGTCAGAGGTGGCGAAACCCGACAGGACTATAAAGATAACCAGGCGTTTTCCCTGGAAGCTCCCTCGTGCCTCTCCTGTTCCGACCCTGC
CGTTACCGGATACCTGTCCGCTTTCTCCCTTCGGGAAGCGTGGCGCTTCTCATAGCTCAGCTGATGGTATCTCAGTTCCGTTAGGTCGTTTCG
CTCCAAGCTGGGCTGTGTGCACGAACCCCGTTAGCCCGACCGCTGCGCTTATCCGGTAACTATCGTCTTGAGTCCAACCCGGTAAAGACAGAC
TTATCGCCACTGGCAGCAGCCACTGGTAACAGGATTAGCAGAGCGAGGTATGTAGGCGGTGCTACAGAGTTCTTGAAGTGGTGGCCTAACTACGGCT
ACACTAGAAGAACAGTATTTGGTATCTGCGCTCTGCTGAAGCCAGTTACCTTCGGAAGAGAGTTGGTAGCTCTTGATCCGGCAAACAAACCACCGC
TGGTAGCGGTTTTTTTTGTTTGAAGCAGCAGATTACGCGCAGAAAAAAGGATCTCAAGAAGATCCTTTGATCTTTTACGGGGTCTGACGCTCAG
TGGAACGAAAACACGTTAAGGATTTTGGTCATGAGATTATCAAAAAGGATCTTCCCTAGATCCTTTTAAATTAATAAATGAAGTTTAAATCAA
TCTAAAGTATATATGAGTAAACTTGGTCTGACAGTTACCAATGCTTAATCAGTGAGGCACCTATCTCAGCGATCTGTCTATTTCTGTTCCATCAGT
TGCTGACTCCCCGTGCTGTAGATAACTACGATACGGGAGGGCTTACCATCTGGCCCCAGTGTGCAATGATACCGCGAGACCACGCTCACCAGCT
CCAGATTTATCAGCAATAAACCAGCCAGCCGGAAGGGCCGAGCGCAGAAGTGGTCTTGCACCTTATCCGCTCCATCCAGCTATTAATTTGTTGCC
GGGAAGCTAGAGTAAAGTAGTTCCGCCAGTTAATAGTTTTCGCAACGTTGTTGCCATTGCTACAGGCATCGTGGTGTACGCTCGTCTGTTGGTATGGC
TTCATTCAGTCCGGTTCACACGATCAAGGCGAGTTACATGATCCCCATGTTGTGCAAAAAAGCGTTAGTCTCTCGGCTCCTCCGATCGTTGTC
AGAAGTAAAGTTGGCCGAGTGTATCACTCATGGTTATGGCAGCACTGCATAATCTCTTACTGTCAATGCCATCCGTAAGATGCTTTTCTGTGACTG
GTGAGTACTCAACCAAGTCATTTGAGAATAGTGTATGCGGCGACCGAGTTGCTCTTCCCGCGCTCAATACGGGATAATACCGCGCCACATAGCAG
AACTTTAAAGTGTCTCATCTTGGAAAAAGCTTCTTCCGGGCGAAAACTCTCAAGGATCTTACCCTGTTGAGATCCAGTTCGATGTAACCCACTCGT
GCACCAACTGATCTTCAAGCATCTTTACTTTTACCAGCGTTTCTGGGTGAGCAAAAAAGGAAAGGCAAAATGCCGAAAAAGGGAATAAGGGCGA
CAGGAAATGTTGAATACTCATACTCTCTTTTCAATATTATTGAAGCATTTATCAGGGTTATTGTCTCATGAGCGGATAACATTTGAATGTAT
TTAGAAAAATAAACAATAGGGGTTCCGCGCACATTTCCCGAAAAAGTGCCACCTGACGTC

1 - ATGTTTGTGTTTTCTTGTTTTATTGCCACTAGTCTCTAGTCAGTGTGTTAATCTTACAACC - 60
 1 - M F V F L V L L P L V S S Q C V N L T T - 20

 61 - AGAACTCAATTACCCCTGCATACACTAATTCTTTACACGTGGTGTGTTTATTACCCTGAC - 120
 21 - R T Q L P P A Y T N S F T R G V Y Y P D - 40

 121 - AAAGTTTTTCAGATCCTCAGTTT **Deletion of** CAGGACTTGTTCCTTACCTTTCTTTTCC - 180
 41 - K V F R S S V **H69 V70** Q D L F L P F F S - 60

 181 - AATGTTACTTGGTTCATGCTATA **CATCTC** CTGGGACCAATGGTACTAAGAGGTTTGAT - 240
 61 - N V T W F H A I **H V** S G T N G T K R F D - 80

 241 - AACCTGTCCTACCATTTAATGATGGTGTGTTATTTTGGCTTCCACTGAGAAGTCTAACATA - 300
 81 - N P V L P F N D G V Y F A S T E K S N I - 100

 301 - ATAAGAGGCTGGATTTTTGGTACTACTTTAGATTTCGAAGACCCAGTCCCTACTTATTGTT - 360
 101 - I R G W I F G T T L D S K T Q S L L I V - 120

 361 - AATAACGCTACTAATGTTGTTATTAAGTCTGTGAATTTCAATTTGTAATGATCCATTT - 420
 121 - N N A T N V V I K V C E F Q F C N D P F - 140

Deletion of
Y144
 421 - TTGGGTGTT **Y** ~~Y~~ ACCACAAAAACAACAAAAGTTGGATGGAAAGTGAGTTCAGAGTTTAT - 480
 141 - L G V **Y** Y H K N N K S W M E S E F R V Y - 160

 481 - TCTAGTGCGAATAATTGCACTTTTGAATATGTCTCTCAGCCTTTTCTTATGGACCTTGAA - 540
 161 - S S A N N C T F E Y V S Q P F L M D L E - 180

 541 - GGAAAACAGGGTAATTTCAAAAATCTTAGGGAATTTGTGTTAAGAATATTGATGGTTAT - 600
 181 - G K Q G N F K N L R E F V F K N I D G Y - 200

 601 - TTTAAATATATTCTAAGCACACGCCTATTAATTTAGTGCGTGATCTCCCTCAGGGTTTT - 660
 201 - F K I Y S K H T P I N L V R D L P Q G F - 220

 661 - TCGGCTTTAGAACCATTGGTAGATTTGCCAATAGGTATTAACATCACTAGGTTTCAAAC - 720
 221 - S A L E P L V D L P I G I N I T R F Q T - 240

 721 - TTACTIONTACATAGAAGTTATTTGACTCCTGGTGATTCTTCTTCAGGTTGGACAGCT - 780
 241 - L L A L H R S Y L T P G D S S S G W T A - 260

 781 - GGTGCTGCAGCTTATTATGTGGGTTATCTTCAACCTAGGACTTTTCTATTAATAATAAT - 840
 261 - G A A A Y Y V G Y L Q P R T F L L K Y N - 280

 841 - GAAAATGGAACCATTACAGATGCTGTAGACTGTGCACTTGACCCTCTCTCAGAAACAAAG - 900
 281 - E N G T I T D A V D C A L D P L S E T K - 300

 901 - TGTACGTTGAAATCCTTCACTGTAGAAAAAGGAATCTATCAAACCTTCTAACTTTAGAGTC - 960
 301 - C T L K S F T V E K G I Y Q T S N F R V - 320

 961 - CAACCAACAGAATCTATTGTTAGATTTCTAATATTACAAACTTGTGCCCTTTTGGTGAA - 1020
 321 - Q P T E S I V R F P N I T N L C P F G E - 340

 1021 - GTTTTTAACGCCACCAGATTTGCATCTGTTTATGCTTGGAACAGGAAGAGAATCAGCAAC - 1080
 341 - V F N A T R F A S V Y A W N R K R I S N - 360

 1081 - TGTGTTGCTGATTATTCTGTCCTATATAATTCGCATCATTTTCCACTTTTAAGTGTAT - 1140
 361 - C V A D Y S V L Y N S A S F S T F K C Y - 380

1141 - GGAGTGTCTCCTACTAAATTAATGATCTCTGCTTTACTAATGTCTATGCAGATTCATTT - 1200
 381 - G V S P T K L N D L C F T N V Y A D S F - 400

1201 - GTAATTAGAGGTGATGAAGTCAGACAAATCGCTCCAGGGCAAACCTGGAAAGATTGCTGAT - 1260
 401 - V I R G D E V R Q I A P G Q T G K I A D - 420

1261 - TATAATTATAAATTACCAGATGATTTTACAGGCTGCGTTATAGCTTGGAAATTCTAACAAT - 1320
 421 - Y N Y K L P D D F T G C V I A W N S N N - 440

1321 - CTTGATTCTAAGGTTGGTGGTAATTATAATTACCTGTATAGATTGTTTAGGAAGTCTAAT - 1380
 441 - L D S K V G G N Y N Y L Y R L F R K S N - 460

1381 - CTCAAACCTTTTGGAGAGAGATATTTCAACTGAAATCTATCAGGCCGGTAGCACACCTTGT - 1440
 461 - L K P F E R D I S T E I Y Q A G S T P C - 480

1501 - **N501Y; AAT > TAT** GGTTTTAATTGTTACTTTTCTTTTACAATCATATGGTTTCCAACCCACT - 1500
 501 - G F N C Y F P L Q S Y G F Q P T - 500

1501 - **AAT**GGTGTGGTTACCAACCATACAGAGTAGTAGTACTTTCTTTTGAACCTTCTACATGCA - 1560
 501 - **N** G V G Y Q P Y R V V V L S F E L L H A - 520

1561 - CCAGCAACTGTTTGTGGACCTAAAAAGTCTACTAATTTGGTTAAAAACAAATGTGTCAAT - 1620
 521 - P A T V C G P K K S T N L V K N K C V N - 540

1621 - TTCAACTTCAATGGTTTAAACAGCCAGAGCTTTCTTTTACTGAGTCTAACAAAAAGTTTCTG - 1680
 541 - F N F N G L T **A570D; GCT > GAT** S N K K F L - 560

1681 - CCTTTCCAACAATTTGGCAGAGACATT**GCT**GACACTACTGATGCTGTCCGTGATCCACAG - 1740
 561 - P F Q Q F G R D I **A** D T T D A V R D P Q - 580

1741 - ACACTTGAGATTCTTGACATTACCCATGTTCTTTTCCCTGCTGACTGTTTATAACACCA - 1800
 581 - T L E I L D I T P C S **D614G; GAT > GGC** I T P - 600

1801 - GGAACAAATACTTCTAACCAGGTTGCTGTTCTTTATCAG**GAT**GTTAACTGCACAGAAGTC - 1860
 601 - G T N T S N Q V A V L Y Q **D** V N C T E V - 620

1861 - CCTGTTGCTATTCATGCAGATCAACTTACTCCTACTTGGCGTGTATTATTCTACAGTTTCT - 1920
 621 - P V A I H A D Q L T P T W R V Y S T G S - 640

1921 - AATGTTTTTCAAACACGTGCAGGCTGTTTAAATAGGGGCTGAACATGTCAACAACCTCATAT - 1980
 641 - N V F Q T R A G C L I G A E H V N N S Y - 660

1981 - GAGTGTGACATACCCATTGGTGCAGGTATATGCGCTAGTTATCAGACTCAGACTAATTCT - 2040
 661 - **P681H; CCT > CAC** G A G I C A S Y Q T Q T N S - 680

2041 - **CCT**CGGCGGGCACGTAGTGTAGCTAGTCAATCCATCATTGCCTACACTATGTCACCTTGGT - 2100
 681 - **P** R R A R S V A S Q S I I **T716I; ACA > ATA** G - 700

2101 - GCAGAAAATTCAGTTGCTTACTCTAATAACTCTATTGCCATACCC**ACA**AATTTTACTATT - 2160
 701 - A E N S V A Y S N N S I A I P **T** N F T I - 720

2161 - AGTGTACCACAGAAATTCTACCAGTGTCTATGACCAAGACATCAGTAGATTGTACAATG - 2220
 721 - S V T T E I L P V S M T K T S V D C T M - 740

2221 - TACATTTGTGGTGATTCAACTGAATGCAGCAATCTTTTGTGCAATATGGCAGTTTTTGT - 2280
 741 - Y I C G D S T E C S N L L L Q Y G S F C - 760

2281 - ACACAATTAACCGTGCTTTAACTGGAATAGCTGTTGAACAAGACAAAAACACCCAAGAA - 2340
 761 - T Q L N R A L T G I A V E Q D K N T Q E - 780

2341 - GTTTTTGCACAAGTCAAACAAATTTACAAAACACCACCAATTAAGATTTTTGGTGGTTTT - 2400
 781 - V F A Q V K Q I Y K T P P I K D F G G F - 800

2401 - AATTTTTACAAATATTACCAGATCCATCAAAACCAAGCAAGAGGTCATTTATTGAAGAT - 2460
 801 - N F S Q I L P D P S K P S K R S F I E D - 820

2461 - CTACTTTTCAACAAAGTGACACTTGCAGATGCTGGCTTCATCAACAATATGGTGATTGC - 2520
 821 - L L F N K V T L A D A G F I K Q Y G D C - 840

2521 - CTTGGTGATATTGCTGCTAGAGACCTCATTTGTGCACAAAAGTTTAAACGGCCTTACTGTT - 2580
 841 - L G D I A A R D L I C A Q K F N G L T V - 860

2581 - TTGCCACCTTTGCTCACAGATGAAATGATTGCTCAATACACTTCTGCACTGTTAGCGGGT - 2640
 861 - L P P L L T D E M I A Q Y T S A L L A G - 880

2641 - ACAATCACTTCTGGTTGGACCTTTGGTGCAGGTGCTGCATTACAAATACCATTTGCTATG - 2700
 881 - T I T S G W T F G A G A A L Q I P F A M - 900

2701 - CAAATGGCTTATAGGTTTAAATGGTATTGGAGTTACACAGAATGTTCTCTATGAGAACCAA - 2760
 901 - Q M A Y R F N G I G V T Q N V L Y E N Q - 920

2761 - AAATTGATTGCCAACCAATTTAATAGTGCTATTGGCAAAATTCAAGACTCACTTTCTTCC - 2820
 921 - K L I A N Q F N S A I G K I Q D S L S S - 940

2821 - ACAGCAAGTGCCTTGGAAAACCTTCAAGATGTGGTCAACCAAAATGCACAAGCTTTAAAC - 2880
 941 - T A S A L G K L Q D V V N Q N A Q A L N - 960

2881 - ACGCTTGTTAAACAACCTTAGCTCCAATTTTGGTGAATTTCAAGTGTTTTAAATGATATC - 2940
 961 - S982A; TCA > GCA S S N F G A I S S V L N D I - 980

2941 - CTTTCAACGTCTTGACAAAGTTGAGGCTGAAGTGCAATTTGATAGGTTGATCACAGGCAGA - 3000
 981 - L S R L D K V E A E V Q I D R L I T G R - 1000

3001 - CTTCAAAGTTTGCAGACATATGTGACTCAACAATTAATTAGAGCTGCAGAAATCAGAGCT - 3060
 1001 - L Q S L Q T Y V T Q Q L I R A A E I R A - 1020

3061 - TCTGCTAATCTTGCTGCTACTAAAATGTCAGAGTGTGTACTTGGACAATCAAAAAGAGTT - 3120
 1021 - S A N L A A T K M S E C V L G Q S K R V - 1040

3121 - GATTTTTGTGGAAAGGGCTATCATCTTATGTCCTTCCCTCAGTCAGCACCTCATGGTGTA - 3180
 1041 - D F C G K G Y H L M S F P Q S A P H G V - 1060

3181 - GTCTTCTTGCATGTGACTTATGTCCTTGCACAAGAAAAGAAGTTTCAACTGCTCCTGCC - 3240
 1061 - V F L H V T Y V P A Q E K N F T T A P A - 1080

3241 - ATTTGTCATGATGGAAAAGCACACTTTCCTCGTGAAGGTGTCTTTGTTTTCAAATGGCACA - 3300
 1081 - I C H D G K A H F P R E G V F Y D1118H; GAC > CAC 00

3301 - CACTGGTTTGTAAACACAAAGGAATTTTTATGAACCACAAATCATTACTACAGACAAACACA - 3360
 1101 - H W F V T Q R N F Y E P Q I I T T D N T - 1120

3361 - TTTGTGCTGGTAACTGTGATGTTGTAATAGGAATTGTCAACAACACAGTTTATGATCCT - 3420
 1121 - F V S G N C D V V I G I V N N T V Y D P - 1140

3421 - TTGCAACCTGAATTAGACTCATTCAAGGAGGAGTTAGATAAAATATTTTAAGAATCATACA - 3480
1141 - L Q P E L D S F K E E L D K Y F K N H T - 1160

3481 - TCACCAGATGTTGATTTAGGTGACATCTCTGGCATTAAATGCTTCAGTTGTAAACATTCAA - 3540
1161 - S P D V D L G D I S G I N A S V V N I Q - 1180

3541 - AAAGAAATTGACCGCCTCAATGAGGTTGCCAAGAATTTAAATGAATCTCTCATCGATCTC - 3600
1181 - K E I D R L N E V A K N L N E S L I D L - 1200

3601 - CAAGAACTTGAAAGTATGAGCAGTATATAAAATGGCCATGGTACATTTGGCTAGGTTTT - 3660
1201 - Q E L G K Y E Q Y I K W P W Y I W L G F - 1220

3661 - ATAGCTGGCTTGATTGCCATAGTAATGGTGACAATTATGCTTTGCTGTATGACCAGTTGC - 3720
1221 - I A G L I A I V M V T I M L C C M T S C - 1240

3721 - TGTAGTTGTCTCAAGGGCTGTTGTTCTTGTGGATCCTGCTGCAAATTTGATGAAGACGAC - 3780
1241 - C S C L K G C C S C G S C C K F D E D D - 1260

3781 - TCTGAGCCAGTGCTCAAAGGAGTCAAATTACATTACACATAA - 3822
1261 - S E P V L K G V K L H Y T * - 1280