# Identificación de un nuevo begomovirus en melón (*Cucumis melo* L.) en Lara, Venezuela

Pilar Ramírez<sup>1</sup> Mauricio Chicas<sup>1</sup> Jorge Salas<sup>2</sup> Douglas Maxwell<sup>3</sup> James Karkashian<sup>1</sup>

**RESUMEN.** Se recolectaron muestras de ápices foliares de plantas de melón (*Cucumis melo* L.) que mostraban síntomas de mosaico clorótico en campos cultivados del Estado Lara, Venezuela. Con el objetivo de identificar geminivirus, se utilizaron iniciadores generales y la técnica de reacción en cadena de la polimerasa (PCR) para amplificar la parte superior del componente A y la región hipervariable del componente B del genoma viral. En cuatro muestras representativas, se obtuvieron fragmentos de 1400 y 400 pares de bases, respectivamente. Dichos fragmentos fueron clonados y secuenciados. Las secuencias obtenidas se compararon con otras secuencias de geminivirus en la base de datos GenBank, determinándose una similitud máxima (82%) con el virus del enrollamiento de la hoja del ayote (*squash leaf curl virus*, SLCV). Estos análisis de secuencia indican que se identificó un nuevo geminivirus en melón en el estado Lara, Venezuela, para el cual se propuso el nombre de *melon chlorotic mosaic virus* (MCMV). Se reportó la secuencia obtenida al GenBank (número de acceso AF453447, 11 de diciembre del 2001). Además, se generó una sonda molecular específica para el MCMV, que se utilizará para estudios epidemiológicos futuros.

Palabras clave: Bemisia tabaci, geminivirus, melón, melon chlorotic mosaic virus (MCMV), squash leaf curl virus (SCLV), Venezuela.

**ABSTRACT. Identification of a new begomovirus in melon (***Cucumis melo* **L.) in Lara, Venezuela.** Foliar apex samples were collected from melon (*Cucumis melo* L.) plants that showed chlorotic mosaic symptoms in cultivated fields of Lara, Venezuela. In order to identify geminivirus, universal primers and the polimerase chain reaction (PCR) technology were used for amplifying the top part of the A component and the hypervariable region of the B component of the viral genome. Fragments of 1400 and 400 base pairs in four representative samples were obtained. The abovementioned fragments were cloned and sequenced. The sequences obtained were compared with other geminivirus sequences from the GenBank database. A maximum similarity (82%) with the squash leaf curl virus (SLCV) was observed. These sequence analyses indicate that a new geminivirus was identified in melon cultivars from Lara, Venezuela. We propose the name of *melon chlorotic mosaic virus* (MCMV) for the new geminivirus and the obtained sequence was submitted to the GenBank database (accession number AF453447, December 11, 2001). A molecular specific probe was generated to detect MCMV and it will be useful for future epidemiological studies.

Key words: *Bemisia tabaci*, geminivirus, melon, melon chlorotic mosaic virus (MCMV), squash leaf curl virus (SCLV), Venezuela.

## Introducción

Desde 1986, varios cultivos en Centroamérica y el Caribe se han visto afectados por geminivirus transmitidos por la mosca blanca *Bemisia tabaci* Gennadius (Homoptera: Aleyrodidae). En el presente, millones de kilómetros cuadrados de tierras aptas para la agricultura sufren el ataque de más de treinta geminivirus en 20 países diferentes (Morales y Anderson 2001).

<sup>&</sup>lt;sup>1</sup> Escuela de Biología y PROGEMINI, Centro de Investigación en Biología Celular y Molecular (CIBCM), Universidad de Costa Rica, Costa Rica, pramirez@biologia.ucr.ac.cr

<sup>&</sup>lt;sup>2</sup> Centro de Investigaciones Agrícolas del Estado Lara, Instituto Nacional de Investigaciones Agrícolas (INIA), Venezuela, ciaelara@cantv.net

<sup>&</sup>lt;sup>3</sup> Department of Plant Pathology, University of Wisconsin-Madison, **EUA.** dpmax@plantpath.wisc.edu

Las infecciones por geminivirus dentro de los agroecosistemas son dinámicas y de interacciones complejas, pues involucran diversos factores cambiantes, como el tipo de geminivirus, el ambiente y el biotipo del vector (Zúñiga y Ramírez 2002). Los geminivirus se caracterizan por presentar una enorme diversidad (Padidam et al. 1995), y su rápida proliferación y diseminación en América Latina pueden ser consecuencia de los cambios drásticos en los sistemas de cultivo (Morales y Anderson 2001), así como de su capacidad de recombinación (Gilbertson et al. 1993). La presencia de una población diversa de geminivirus en una región incrementa la probabilidad de epidemias en otros cultivos. Este problema tiene como componentes el uso de cultivares élite, el movimiento de material infectado y la introducción de los insectos vectores (Mansoor et al. 2003).

Los begomovirus son virus bipartitos con genomas de ADN de una sola cadena. Este genoma está constituido por dos moléculas circulares, llamadas "ADN A" y "ADN B", que poseen un tamaño de 2,5 a 3 Kb. En ambas moléculas, los genes están separados por una región intergénica, que contiene una secuencia de 200 nucleótidos, conservada entre los dos componentes virales, llamada "región común" (CR). Esta región contiene los elementos modulares del origen de replicación (ori) (Lazarowitz et al. 1992, Fontes et al. 1994a, 1994b, Orozco et al. 1997). La secuencia de ori consiste de una estructura conservada en forma de horquilla y un sitio de unión para la proteína Rep localizado corriente arriba de la horquilla (Fontes et al. 1994a, 1994b, Argüello-Astorga et al. 1994). Además, en la región intergénica se encuentran los motivos de unión de la proteína asociada a la replicación en geminivirus, los cuales constan de secuencias cortas y reiterativas, denominadas "iterones" (Mansoor et al. 2003).

El ADN A codifica para la proteína de la cápside y las proteínas necesarias para la multiplicación y regulación genética (Sunter *et al.* 1987, Elmer *et al.* 1988, Hanley-Bowdoin *et al.* 1990). La proteína Rep de 41 kD es la única proteína esencial y conservada. (Fontes *et al.* 1992, Lazarowitz 1992). La proteína TrAP de 15-20 kD es necesaria para la expresión de los genes *av1* y *bv1* (Sunter *et al.* 1990, Lazarowitz 1992, Sunter y Bisaro 1992). La proteína REn de 14-16 kD incrementa la eficiencia de la replicación y actúa como un factor accesorio que promueve la acumulación del ADN viral (Orozco *et al.* 1997). La proteína de cubierta (CP) de 27-30 kD está relacionada con la especificidad del insecto vector. La proteína Rep ha sido muy estudiada recientemente, pues interactúa con la proteína retinoblastoma (Rb); además, el dominio de interacción con Rb muestra tener influencia sobre la determinación de síntomas y especificidad de la infección viral (Kong et al. 2000, Argüello-Astorga et al. 2004). Asimismo, la secuencia nucleotídica que codifica para el extremo aminoterminal de Rep ha sido utilizada con éxito en la obtención de plantas transgénicas resistentes a geminivirus (Chatterji et al. 2001, Lucioli et al. 2003). Esto puede estar relacionado con el hecho de que los elementos claves para la especificidad de la proteína se encuentran en los primeros 10 aminoácidos de la región aminoterminal (Ramos et al. 2003). Resultados similares se han observado cuando se utiliza parte de la secuencia nucleotídica de la región intergénica (Yang et al. 2004).

El ADN B codifica para las funciones asociadas con el movimiento viral (Revington et al. 1989, Noueiry et al. 1994, Frischmuth et al. 1997). El gen mp codifica para una proteína de 34 kD, relacionada con el movimiento del virus de célula a célula a través de plasmodesmos, el transporte intercelular selectivo de ADN doble banda, el rango de hospedantes y el desarrollo de síntomas. La proteína Mp se localiza en la pared celular y en la membrana plasmática. El gen nsp codifica una proteína de 30 kD, que se relaciona con el tipo de hospedantes y con el movimiento hacia afuera del núcleo, pues potencia la salida de ADN doble banda y ADN simple banda a través de la membrana nuclear hacia el citoplasma y hacia las células adyacentes del floema (Noueiry et al. 1994, Frischmuth et al. 1997).

Las enfermedades inducidas por geminivirus en cucurbitáceas son un problema fitosanitario importante en el sur de Estados Unidos, México, Guatemala, Honduras (Brown *et al.* 2002) y Costa Rica (Karkashian *et al.* 2001).

En el presente trabajo se describe la identificación de un nuevo geminivirus en melón en Venezuela. A través de análisis filogenéticos y comparación de secuencias se define la relación del *melon chlorotic mosaic virus* (MCMV) con otros geminivirus.

## Materiales y métodos Recolección de muestras

La recolección de muestras foliares se realizó en campos de melón ubicados en San José de los Ranchos, Parroquia Espinoza de los Monteros, Municipio Torres del Estado Lara, Venezuela, ubicado a 10°15'N y 69°45'O, y a 525 msnm. La zona pertenece a la clasificación de Monte Espinoso Tropical (Holdridge 1967); presenta condiciones climáticas promedio de 250 a 500 mm de precipitación, 24 °C y humedad relativa de entre 40% y 60%, dependiendo de la época del año. Se observaron moscas blancas en la región, lo cual sugirió probables infecciones con geminivirus.

Con un sacabocados limpio, se recolectaron muestras de hojas jóvenes de melón que presentaban un mosaico clorótico y se transfirieron a tubos Falcon de 50 mL (Falcon<sup>®</sup> Becton Dickinson, NJ, EUA), los cuales contenían sílica gel en forma de perlas (Merck, cat. 7735). Las muestras se almacenaron hasta sus análisis moleculares.

## Extracción de ácidos nucleicos

Los análisis moleculares fueron realizados en el Laboratorio de Biología Molecular de Plantas y Virus, Centro de Investigación en Biología Celular y Molecular, Universidad de Costa Rica. Los ácidos nucleicos totales fueron extraídos de las hojas de melón según una versión modificada del método de Dellaporta et al. (1983). Se maceraron dos discos de tejido vegetal seco en un tubo de microcentrífuga de 1,5 mL, con micropistilos Kontes<sup>™</sup> estériles (Kontes Glass, Vineland, NJ, EUA) a temperatura ambiente y en presencia de 500 µL de buffer de extracción Dellaporta. A este homogenizado se le agregaron 33 µL de dodecilsulfato de sodio (SDS) al 20%. Después de incubar por 10 minutos a 65 °C, se agregaron 160 µL de acetato de potasio 5M, se agitó vigorosamente y se centrifugó por 5 minutos a 10000 rpm. Al sobrenadante, previamente transferido a un tubo limpio, se agregaron 500 µL de fenol-cloroformo-isoamilo (25:24:1) y se centrifugó por 5 minutos a 10000 rpm. A 500 µL del sobrenadante, transferido a otro tubo limpio, se agregaron 225 µL de isopropanol para promover la precipitación del ADN. Después de incubar 5 minutos y centrifugar 5 minutos a 10000 rpm, el precipitado obtenido se lavó con etanol al 70%. Luego de secar el precipitado, se resuspendió en 50 µL de TE (10mM Tris-HCL, pH 7,5; 1mM EDTA, pH 8,0).

#### **Reacciones de PCR**

Cada reacción de PCR de 25 µL contenía 0,25 mM desoxinucleótidos trifosfato (dNTPs), 1X buffer para Taq polimerasa (Promega, Madison, WI, EUA), 0,25 mM MgCl<sub>2</sub> (Promega Madison, WI, EUA), 0,5 unidades de Taq polimerasa,  $0,2 \mu$ M del iniciador viral, 2,50  $\mu$ M del iniciador complementario y 0,2  $\mu$ L de ADN. Las reacciones de PCR se efectuaron en un termociclador Perkin-Elmer<sup>TM</sup> (Perkin-Elmer Inc., Shelton, CT, EUA).

Las condiciones de amplificación fueron las siguientes: desnaturalización a 95 °C por 1 minuto; 30 ciclos de 94 °C por un minuto; 55 °C por dos minutos y 72 °C por tres minutos. Estos ciclos fueron seguidos por una fase de extensión final, a 72 °C por siete minutos. Las muestras se mantuvieron a 18 °C hasta su análisis. Se utilizaron iniciadores generales para geminivirus, los cuales corresponden a regiones conservadas en el genoma de este grupo de virus. El par de iniciadores PAL1v1978 y PAR1c715 amplifica la región superior del componente A, y el par PCRc2 y PBL1v2039 amplifica la región hipervariable del componente B (Rojas et al. 1993). Los productos de PCR fueron separados por electroforesis en geles de agarosa al 1% (SIGMA, cat. A9539). Los productos de PCR que mostraron las bandas esperadas se limpiaron con el kit QIAquick® (QIAGEN, cat. 28106), según las especificaciones de la casa comercial.

#### Clonaje

El clonaje de los productos de PCR limpios se realizó mediante el kit pGEM®-T Easy (Promega, cat. A1380). Se utilizaron 25 ng del fragmento de la región superior del componente A y 5 ng del fragmento de la región hipervariable. Se transformaron por choque térmico 100 µL de células competentes XL-1 Blue, preparadas según el método de cloruro de calcio (Sambrook et al. 1989). Cada producto de ligación mezclado con células competentes se incubó sobre hielo durante 30 minutos, a 42 °C por 1,5 minutos, y en hielo por 10 minutos. Luego se añadió 1 mL de medio de cultivo 2xYT y se incubó a 37 °C durante 1 hora. Se cultivaron 200 µL de la suspensión celular transformada en placas de Petri, que contenían 50 µg/mL de ampicilina, 10 µg/mL de tetraciclina, 10 µL de isopropilb-D-tiogalactósido 0,1 M (Fisher Biotech, cat. BP1755-1) y 40 µL de 5-bromo-4-cloro-3-indolil-b-Dgalactopiranósido al 20% (Eppendorf, cat. A-02E01). Las colonias blancas obtenidas en las cajas de Petri se cultivaron a su vez en 3 mL de medio de cultivo 2xYT, a 37 °C y 250 rpm (Orbital Shaker H 2410; Hotech Instrument Corp.) durante 20 horas (Sambrook et al. 1989). A partir de estas suspensiones celulares se extrajeron los plásmidos con el kit QIAprep® Miniprep (QIAGEN, cat. 28106). La presencia de insertos dentro de los plásmidos recombinantes se evaluó por electroforesis en gel de azarosa, después de digerir con la enzima de restricción *Eco*RI (Promega, cat. R6911).

#### Secuenciación y análisis de las secuencias

Los insertos obtenidos se secuenciaron usando el kit Big Dye Sequencing<sup>TM</sup> (Applied Biosystems, Foster City, CA, EUA), en un secuenciador automático ABI PRISM 377 (Perkin-Elmer). La comparación de las secuencias fue realizada por medio del programa BLAST (http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST). Se obtuvieron los índices de identidad nucleotídica al comparar los genes *cp* y *rep* del virus encontrado y algunos representantes de los geminivirus.

Se utilizó parte de la secuencia del *cp* obtenido para comparar filogenéticamente el virus encontrado con otros geminivirus. El alineamiento de las secuencias fue realizado con el algoritmo Clustal del programa BioEdit (Hall 1999), y el análisis filogenético se hizo con el programa MEGA 3 (Kumar *et al.* 2004). La región hipervariable muestra tanta diversidad entre los diferentes geminivirus que puede ser utilizada como sonda específica con la técnica de hibridación molecular. Por tal motivo, el clon de la región hipervariable del MCMV será utilizado como sonda específica en estudios epidemiológicos futuros.

## Resultados y discusión

En el Estado Lara, Venezuela, se observaron plantas de melón con síntomas de mosaico clorótico en las hojas, así como la presencia de moscas blancas; por ello, se sospechó que podría existir infección por geminivirus en dichas plantas.

Se logró amplificar ADN viral con los iniciadores descritos, y las tallas de los fragmentos amplificados fueron las esperadas para geminivirus bipartitas (1400 pb y 400 pb para el ADN A y el ADN B, respectivamente). Por lo tanto, se comprueba que las plantas de melón observadas estaban infectadas con geminivirus.

Se obtuvieron dos clones de la parte superior del componente A para dos muestras diferentes y tres clones de la región hipervariable para una de las muestras.

Cuadro 1. Geminivirus utilizados en los análisis de comparación de secuencias con los respectivos números de acceso del GenBank.

Nombre del virus	ADN A	ADN B	Abreviatura
African cassava mosaic virus	NC001467	NC001468	ACMV
Bean calico mosaic virus	AF110189	AF110190	BCaMV
Bean dwarf mosaic virus	M88179	M88180	BDMV
Bean golden mosaic virus – [Brazil]	M88686	M88687	BGMV-[BZ]
Bean golden yellow mosaic virus	NC001439	NC001438	BGYMV
Chino del tomate virus	U57458	AF007823	ToLCrV
Chayote yellow mosaic virus	AJ223191		ChaYMV
Cucurbit leaf curl virus	AF224760	AF224761	CuLCuV
Dicliptera yellow mottle virus	AF170101	AF139168	DiYMoV
Macroptilium yellow mosaic Florida virus	AY044135	AY044136	MaYMFV
Okra yellow vein mosaic virus – [201]	AJ002451		OYVMV-[201]
Pepper golden mosaic virus	U57457	AF499442	PepGMV
Potato yellow mosaic virus – Venezuela	D00940	D00941	PYMV-VE
Rhynchosia golden mosaic virus	AF239671		RhGMV
Sida golden mosaic virus	AF049336	AF039841	SiGMV
Sida mottle virus – [Brazil]	AY090555		SiMoV-[BZ]
Sida yellow mosaic virus – [Brazil]	AY090558		SiYMV-[BZ]
Sida yellow vein virus	Y11099	Y11100	SiYVV
Squash leaf curl virus	M38182	M38183	SLCV
Squash mild leaf curl virus – [Imperial Valley]	AF421552	AF421553	SMLCV-[IV]
Squash yellow mild mottle virus – [CR]	AY064391	AF440790	SYMMoV-[CR]
Tomato golden mosaic virus –Yellow vein	K02029	K02030	TGMV-YV
Tomato mottle virus – [Florida]	L14460	L14461	ToMoV-[FL]
Tomato rugose mosaic virus	NC002555	NC002556	ToRMV
Tomato yellow leaf curl virus	X15656		TYLCV
Watermelon chlorotic stunt virus	AJ012081	AJ012082	WmCSV

**Cuadro 2.** Comparación de secuencias nucleotídicas del genoma de MCMV con otros geminivirus de los principales grupos filogenéticos. Los números indican el porcentaje de identidad en la secuencia nucleotídica del gen de la proteína asociada a la replicación (*rep*) y el gen de la proteína de cubierta (*cp*).

RE	P	СР				
Geminivirus	Identidad	Geminivirus	Identidad			
MCMV	1,000	MCMV	1,000			
SMLCV-IV	0,791	BCaMV	0,821			
CuLCuV	0,766	SLCV	0,818			
SLCV	0,742	CuLCuV	0,810			
BCaMV	0,736	SMLCV-IV	0,810			
SYMMoV-CR	0,722	SYMMoV-CR	0,808			
PepGMV	0,697	PepGMV	0,781			
OYVMV-201	0,567	SiMoV-BZ	0,778			
ToLCrV	0,562	SiGMV	0,776			
DiYMoV	0,555	SiYMV-BZ	0,774			
TGMV-YV	0,555	BGMV-BZ	0,773			
BDMV	0,551	RhGMV	0,773			
SiGMV	0,551	TGMV-YV	0,770			
ToMoV-FL	0,547	MaYMFV	0,770			
BGYMV	0,540	BDMV	0,766			
BGMV-BZ	0,539	ToLCrV	0,760			
SiYVV	0,539	PYMV-VE	0,757			
PYMV-VE	0,535	BGYMV	0,748			
TYLCV	0,532	ToMoV-FL	0,746			
MaYMFV	0,530	SiYVV	0,743			
RhGMV	0,529	ToRMV	0,735			
SiYMV-BZ	0,526	DiYMoV	0,730			
SiMoV-BZ	0,522	OYVMV-201	0,639			
ChaYMV	0,520	TYLCV	0,591			
ToRMV	0,520	WmCSV	0,586			
WmCSV	0,505	ACMV	0,574			
ACMV	0,500	ChaYMV	0,568			

De acuerdo con los índices de identidad obtenidos al comparar las secuencias con las de otros geminivirus (Cuadro 1), el virus encontrado comparte menos de un 82% de identidad (Cuadro 2), lo cual está por debajo del límite establecido por el Comité Internacional para la Taxonomía de Virus (ICTV por sus siglas en inglés) para especies de geminivirus diferentes (Mayo y Pringle 1998). Por tal motivo, se nombró este nuevo virus como "virus del mosaico clorótico del melón" (*melon chlorotic mosaic virus*, MCMV) y se introdujo la secuencia de la parte superior del componente A del genoma viral en la base de datos GenBank (*National Center of Biotechnology Information*, NCBI) bajo el número de acceso AF 453447 (11 de diciembre del 2001).

Al alinear la secuencia de la proteína Rep del nuevo virus con secuencias homólogas en otros geminivirus, se observa una inserción de cinco aminoácidos cerca del extremo aminoterminal, lo cual no se observa en otras proteínas Rep, salvo en el caso del SYM-MoV, que posee una inserción de 10 aminoácidos en la misma posición que el MCMV (Fig. 1). No se conoce la función que pueda tener esta inserción, aunque otros geminivirus poseen pequeñas inserciones en otros sitios de la proteína Rep (tal como el CuLCuV). Esto podría indicar que la estructura de la proteína Rep soporta un cierto grado de variación en la secuencia de aminoácidos.

Según los análisis filogenéticos, el MCMV se encuentra en el mismo grupo que los geminivirus SYM-MoV y SLCV, los cuales infectan cucurbitáceas. No obstante, muestra cierta homología con el virus BCaMV (Fig. 2), que infecta frijol, pero Brown *et al.* (1999) mencionan que pertenece al mismo subgrupo de los geminivirus que infectan cucurbitáceas.

La proteína Rep del MCMV presentó poca similitud con respecto a otras proteínas Rep, considerando que, generalmente, se trata de una proteína muy conservada entre los diferentes geminivirus (Cuadro 2).

Al comparar la región intergénica del MCMV con la región intergénica de los geminivirus que se encuentran en el grupo del SLCV, se observan los mismos motivos de unión a Rep, iniciación de replicación e iterones. No obstante, se destaca la ausencia de 11 nucleótidos corrientes abajo del promotor del gen *rep*, que solo es compartida por el SMLCV-IV (Fig. 3).

El MCMV comparte particularidades con varios virus del grupo del SLCV, por lo que es posible que se hayan llevado a cabo varios eventos de recombinación en el origen de este virus.

111 120

150

140 130 160 170 180

190

N 0 N N III

П

11 JJ

40 11

ACMV	MR T- PR -F RT	O AK IN FLITY P	KC ST PK R <del>-</del> HT.	LSF IOTT, SLO	SN P-KR TK T	) R RT. HONGRPH	TH AL TO FR (K	TITINARIED	OV HP SC ST SF	H PN TO GA KS S	SD VK SY LD KD	GDTVENGOEC	TD GR SA RG GO	O SANDAY AKA	IN SC SK SF AL	N VI RR IV PK D	EVIO FHNUNS	N LD RT ROEP P	AP W/SP FP CS
BCaMV	MP RN PS SF RT	T AR NT FL TV P	OC DE NIK D- FA	L. RI. LA RI. PM S	WKP TV TR VZ	) RECHOLOGEN I RECHOLOGEN	THUE TO LOCK	S NT KD VR FR D	LT HP RR SA NF	H PN VA AA KD T	NA VK NY IT KR	G DY OR SCRYK	, 119 G9 TK	S NK DD VV HN A	WING ST KE AL	n TI RA CO PK T	FT VN YH NT KA	N TR RL FK KA P	RP M/ PP FO LS
RDMV	ND D. DK KR RI/	A SE NY FL TV P	OC ST. TK R- RA	T. SU TU NIT KIL D	WIK-KRIK T	°R FT. HE DO FD H	TH VI. TO FR CX	Y OC TWINE FRID	TALE LE LE COLLEC	H DN TO CA KC C	SUM SA TURU	C DE UE NO UE I	1 TO CR 91 RC CO.	A STATE OF THE STA	IN MC SN FO M.	RITKERUDINI	FFT O HH NT. 12	ת גע איז דא דא דא היינ וו	
D0M/_D7	אס עם מר מות הוות אס עם מר מו	ם עד דע או אג או	00 00 00 00 00 00	10010101010 1001010100	INTRUCTOR	וו עם סט שוו שביו עמסיאו קע דק סיי	TELATION TO DO M	רקע מאומידע הקע מאומי אווייע		LI IN IQ OFINO O		ייזט או נדינט אין	ער הים הים מיום עד ע היה הים הים מיום עד ע	ג עס וו מותע ג עס וו הוא מייע	ער קס אס פא וער ער קס אס פא וער	A LI VE VI DE V	מישווונע וו סס דו עעיר ק	מאשת סבותות מאשת דס חדות	ער דר איז דר איז דר איז דר
DCAM1	אס קס המ_ח מא	מעדע זער און און און מעדע עע עס אין	גער בעוד היסק גער בעאמ דרייס	TOUTOVIUVIL	יווים בערק אין אוויים או עב עד דע ווי	וו עם סאו מוו בם או עמסיאו העמססי	TINT TO DO ON	ר קט וויטני איד ש הידר האו געס דע ה	шүш 11 33 V3 Түү ст то сл цг	11 DN TO (11 DV 10 0		יסט אנעד זעט. יסט אנעד דעט	יעט מינום גיוט עיי היי הים ויס פייו תיי	ע מון מח עס תוו עס ע מון מח עס תוו ע	נית כם הם סת יום. דון פת דפ תג ווו	יעדראס השרטה. ייעדר אס קא האר אי	VITO NU NT DO	מזאיזיד ביועבאו מזאיקס דס קדוא	סבות הוו ברטאותים סבמי האומים
ChaVMU	NULD DEDEVI	יע עד ער אין ארע אין	0001 TENDEDA	1 00 TD 07 TU II T 00 TD 07 TU III T	THE TO A TRUE	נו זבו לאו עוו אבו בי נו מה יית קט זק מי י	ΠΙΑΠΤΟΤΟΙΑΛ	1 10 10 10 10 D	117 OF TR OF UP	ט מע המענט עד אדוו 11 בא היי מעומד אדו	עו עד דם זא עס מיז עי עד דם אי	יס דב זה אס עבר ביי טי היס מס הארבו ביי טי	עט טע ניט מענע עי עט טע ניט מענע עינע	ג סג גר סוואט עי ג סג גר מז געוו	זה גם גם מנוחד שא כם בכישרות	N TI VR VI DV D	גע דוג נוע לעד אד גע דוג נוע לעד אד	ממולק דע הבינות א ממולק דע הבינות א	TE MA CE LE TO
Cami	NH PH PA NE VI	NHANIDIII הערעה שלי	00 01 0A 12 121 AC 97 TV 72 171	тоотош мыр Тоблуоткть	א אד נא־עאוו ז עד עע	, אבט מה טפעי ה וומסיאי שו זק מי	THAT TO DO W	100 QN QK 11 U V 00 MIND 77 D	TA OL IL OT IL TA OL IL OT IL	II III VQUADOU U DU TO CA VO C	00 VA 01 10 AV	C DE LE MOLE V	UD CD CN DC CO.	DURING AND A THE A	TATIC GLOG IN	A TT ME TO DA D	TI LĂ UNIMINI DE	NUMINATIVALL	TV I V DE EC HO
COIV	ME 2- AV KE VA	SANNI TUTIN D	VODIND II	TONTO IL MILE TONTO IL MILE	VINT NI IN IN	, KELHENJECH V DIII HODOIDH	THAT TO LOW	I QUINNKII D	TA AD DD OLLOU	IL EN LY GHAD D	20 AV 21 TO VO	O DVI YE NGEE V	i maraywanî Î maraywanî	VORIDO IN 1914	TIN HO OF OF AN	A VL ALEV FAU	IV LEIVEIVL KO	N LE KLIANAP	TRAN DE LOTO
	MP KN PN SP KL	SAVATA MARK	QUDI PAD-EA	T NUT THE MAD	IV Nº 11 IK VE	A KANADUJIYA Namun palabu	THICT IN TO BE ON	2 NI IU AK II U	TH UL KK 91 91	H HN VŲ AA NU A	NEVER NE LE ME	G DI UL SU NI N	1. 100	2 20 DD AN UNA	TIN HO OF HO VI	DII MUUNINI Ali vii ta tu	AL VIN LEINLING	NIERFERÄL	TIMACLUL IO
DIIMOV	MP K- NG VP SI	KAKNI FLITI P	QUISLISKE-EA	LQUINGKIP	INK-MIKIP	ЧКЕЦНЕ ИЗ ОРИ ЧКЕЦНЕ ИЗ ОРИ	THAT IN LOUD ON	INCIENTED	LV SP TR SA HP	HEN IQUENDO	20 AV 21 A2 VD	O DT LE WO VI V	I VD GK SA KB GC	QTANU SI AKA	LIN AD DA EQ AL	A TT DI DO DO M A TT VE RÀ TV N	IV IV UUH NU KA	N LE KL FINNA P	TEAMA FE FOTO
Maimry	MP OK PA KE AL	NAK NE FLITI P	QUISLISKE-ET	L SQ IN AL NEP	15 K-MI IN IN	A KALHENGQPH A KALHENGQPH	THAT IN LOW	I QUINIKH D	LV SP SV SA IP	HEN WUGH NO O	20 AV 21 TO VO	ODT LE WOLE V	I VD GK SA KB GU	QIVINUSI ANA	LIN AD DA LE AL	N II KE EQ PAR	PE LIQ HEINL VV	NASKLEVALE	AP WV PT PQ LS
OYVMV-201	MA P- PKQFQI	Y AK NY FI TY P	TU SL TK K <del>-</del> EA	T 20 TŐ UP ŐL 6	WK-KYIRI	) REFHENGEPH	THAT IN LONG	Y KCKNNK FY D	LV SPTR SAHE	H PN LQ GV KS S	SD VK SY IA KU	GDI LOWGER Q	į ID GR SA RG GQ	Q TANDAY ARA	IN AG SK SE AL	K VI KE LA PK D	EV LIQ FHINLINA	N LORI FQEP P	AP IV SP ES SS
PePGMV	MP LP PK SY KL	QCK NI FL TY P	QC DI PK D- EA	L EM LR NL KWA	WEPTYLEVS	5 REEESDGEPH	TH CT TÔ FL CK	CNI KDAR FY D	IT HP KK SA QF	H PN VQ AS KD A	NA VK NY IT KO	GUYCESGQYK	t VSG-—-GSK	ANK UD VY HNA	W AA SA GE AL	D I I KAGDPK T	FI VS YH NI KA	N IK RUFT TP P	MP WI PP YP IS
PYMV-VE	MP-R KG SF SI	K AK NY FL TY P	QC SI SK E <del>-</del> EA	L SQ LQ NL TI P	WK-KFIKI	C RELHENGEPH	TH AT IÕ EE CK	YNCTNIRLFD	LV SP TR ST HF	H PN IQGAKS S	SD VK SY VE KD	GDT IEWGIEQ	) ID GR SA RG GQ	QTVNDAAEA	IN SG TKEA M	K II KE KL PE K	FL FQ YH NL SC	N LORI FMKA P	ET WA PP FP IS
RhGMV	MP Q- PR RF RI	N AK NE FL TY P	QC SI PKE <del>-</del> DA	L EQ LQ CL ST P	WK-KYIKI	C RERHEDGQPH	IH VL IQ FE GK	Y QC TN IR FF D	LV SS TR SA HF	H PIN IQ GA KS S	SD VK SY ID KD	GDT IE WGDF Q	) ID GR SARG GQ	Q SAND TY AK A	IN AS SAFE AL	Q II KE EQ PQ H	FF LQ YHNL IT	N AT RI FQKQP	EP WV PP EN QS
SiGMV	MP P-PK KF RV	Q SK NY LV TY P	QC SL TKE-EA	L SQ LQ SL NT T	WK-KFIKI	C RELHENGEPH	TH AT TÔ LE CK	Y QC TN NR FF D	LV SP TR SA HF	H PN IQ GA KS S	SD VK SY ID KD	G DI VENGEF Ç	) ID GR SA RG GQ	Q TAND SY AK A	IN AD SV QS AL	A VL RE EQ PK D	FV LQ NH NI RS	N LE RI FA KA P	EP WV PP FQ LS
SiMoV-BZ	MP SK PR RF RV	QAK NI FL TY P	QC PL TK E- EA	L SQ LQ AI QL P	SN K-KF IK IC	C RELHEDGOPH	TH IT TÕTE CK	I QV TN NR LF D	LV SP TR SAHF	H PN IQ EL ME L	RR QV IH LQ GR	EIQWEWGQFQ	) VD GR SS RG GQ	QTANDAA AE P	FN DP DK HT AL	Q II RE KL PE K	YL FQ FH NL NS	N LD RI FL KA P	EP WT PP FS LS
SiYMV-BZ	MP S <del>-</del> PR AF RI	N SK NY FL TY P	KC SL TKE-EA	L SQ LK EL NT P	TSK-KFIRVS	S RELHEDGSPH	THAT TÕ LE CK	YNCKN NR FFD	LV SP SR ST HF	H PIN IQ GA KS S	SD VK KY VE KD	GDFIDFGVFQ	) ID PR SA RG GC	QTAND TY AK V	IN AQ SA EQ AL	Q IL KE EQ PR D	WHIDKVQT	H VQ KL FK KA P	EP WV PP FP LS
SiYVV	MP P <del>-</del> PK RF RV	QSK NY FL TY P	QC SL TKE <del>-</del> EA	L SQ LE NL QT P	WK-KFIKI	C RELHENGEPH	LH VL IQFEGK	YÇCTNREFD	LV SPTR SV HF	H PN IQ GA KS S	SDVK SY ID KD	G DT IE WGEF Ç	) VD GR SA RG GQ	Q TAND SY AK A	IN AG SV IG AM	T VIL KE BQ PK D	FV LQNHNI RS	NIERI FAKAP	SP W PP FQ IS
SLCV	MP RN PN SF RL	TARNI FLTY P	RC DV PKE-EV	LEMIL HL SN S	WKPNYVRVA	A REEHSDGSPH	HCL IQISGK	S NI KDAGFF D	LT HP RR SARF	H PN IQ AA KD T	NA VKIN ITKE	G DY CE SG QY K	( VSG-—-GSK	S NK DD VY HN A	WAG SA GE AL	D II KA GD PK T	FI W YHNLIA	NVERL FQKP P	EP WV PP FE LS
SMLCV-IV	MP RN PN SF RF	T AR NI FL TY P	QC DI PK D- EA	IQNIEHLQNS	WKPTYIRVA	A REE HS DG FP H	LH CL IQ LS GK	T NI KN AR FF D	LT HP RR AA CF	H PN IQ AA KD T	NAVKINY IT KE	G DY CE SG KY K	( VSG-—-GTK	S SK DD VY HNA	WAG SA GE AL	D II KAGD PK T	FLVS YHNLKA	N IE RL FH QP P	EP WV PP FP LS
SYMMoV	MP RN PK SF RL	T TR NI FL TY P	KC DV PK D- EV	L QM LQ GL SW S	WRP TY IR VA	A REE HS DG FP H	LHCLVQLSGK	S NI KDAG FF D	LT HP RR SARF	H PN IQ AA KD T	NA VK NY IT KE	GDYCESGQYK	( VSG-—-SSK	S NK DD VY HN A	W AA SA GE AL	D II KG GD PK T	FI VS YH NI TA	N VE RL FQKP P	EP W PP FE LS
TGMV-YV	MP SH PK RF QI	N AK NY FL TY P	QC SL SKE <del>-</del> ES	L SQ LQ AL NT P	INK-KFIK IC	C RELHEDGQPH	LHVL IQFEGK	YCCQNQRFFD	LV SPTR SAHF	H PN IQ RAKS S	SDVK TY ID KD	G DT LV VGEF Q	) VD GR SA RG GC	QTSNDAAAEA	IN AS SKEE AL	Q II RE KI PE K	YL FQ FH NL NS	N IDRI FOKT P	EP VIL PP FH VS
ToMoV-FL	MP P <del>-</del> PK KF RV	QSKNY FLTY P	QC SL SKE <del>-</del> EA	L SQ LQ NL NT P	WK-KFIKI	C RELHENGEPH	IHVLVQEEGK	YÇCTNRFFD	LV SPTR SAHF	H PN IQGA KS S	SDVK SY ID KD	GDT IEWGDFQ	) ID GR SA RG GQ	Q SAND SY AK A	IN AG SV QS AL	A VIL RE EQ PK D	FV LQNHNI RS	NIERI FAKAP	EP WV PP FQ VS
ToRMV	MP SA TR RF QI	K AK NY FL TY P	KC SI SK E <del>-</del> EA	L SQ LK NL NT P	INK-KFIK V	C RELHENGEPH	LH VL LQ FE GN	YCCQNQRFFD	LV SP TR ST HF	H PN IQ RAKS S	SD VK SY VD KD	G DT IE WGEF (	) ID GR SA RG GC	Q TANDAA AE A	IN AP SK DI AL	Q II RE KM PE K	FL FQ FH NL NS	N LD RI FA RA P	EP WA PT FP LS
TYLCV	MP P-SK KF LI	N AK NY FL TY P	HC SL TK EE EA	L SO IL NL ST P	TNK-LI IR IO	C RELHEDGTPH	Hiliõegk	FKCONREFD	LE SPTR SAHF	H PN IQ GA KS S	TO VK AY ME KO	GDVLDHGIFÇ	) ID GR SA RG GC	Ő SANDAY Æ A	IN SG SK AS AL	Ñ IL RE KA PK D	FVLØFHNLNS	N IDRI FT PP I	EE YI SP FS SS
WmCSV	MR P-PR-FRI	O AK NI FL TY P	RC SL SK E- EL	L SF LV GL SL P	SN L-KYVK V	C RELHONGEPH	LH VL LO FA GK	I TI TONRIFO	HV HP SR SA CF	H PN IO SA KS S	TD VK SY LD KD	G DI VE VGKE C	) ID GR SA RG GO	O TANDAY AT A	IN NS NK CE AM	SVI KE LA PK D	YV LH YH NI RS	N LD RI FE EP V	AP FV CP FP NS
MCMV	MP RS PK SF RV	AK NI FL TY P	OC DI PK D- EA	L KM LO DL AN T	W KP KY IR VA	A REEHSDGSPH	LHCL IOLS GK	S NI KN AR FF D	LT HP RR SACF	H PN IO AA KD T	NA VK NY IT KE	G DY CE SAEY K	VSG-—-GTK	SNK DD VF HN A	WAGTAEEAL	A VI KAGD PK T	FV VN YH NV KA	N ID RL FOKE E	DP WV PP FO IS
	20	210	22	) <u>1</u>	1	40 250	26	270	280	8		31	0 320		3	0		370	300
ACMV	SF DQ VP VE IE	EWADW-RD	SA AR PW — —		IV IE CD SR TO	4) 250 G KTIWARSIGP	260 HN YL OG HL DL	270 S PK VF NN AA W	280 YN VI DD VD PH	2H YLKHFKEF	MG SQ RD NQ SN	-TKYGKPVQI	0	N PG PT SS YK E	el ar ek çe al	O 351 K AW AL KN AI F	IT LT EP LY SG	TI NQ SH SQ TS Q	
ACMV BCaMV	SF DQ VP VE IE SF TF VP DE MQ	E W AD W-R D E WA D YF GR G	SAAREW — — AAARA- — —		IV IE CO SR TO II VE GG SR TO	0	HN YL OG HL DL HN YL SG HL DF	S PK VF NN AAW N SS VY SN EV E	200 YN VI DD VD PH YN VI DD IS PQ	YLKHFKEF Ylklkhwkel	NG SQ RD MQ SN Ig Aq Rd Mq SN	- TK YG KP VQ I - CK YG KP VQ I	0	N PG PT SS YK E N PG EG AS YK D	FL AK EK QE AL FL DK EE NA SL	)	IT LT EP LY 9G IF IN TP LY QS	™ S NQ SH SQ TS Q T AQ DR ———	EA SH PA — —
ACMV BCaMV BDMV	SF DQ VP VE IE SF TF VP DE MQ SS TN VP DE MQ	E W AD W -R D E WA DD YF CR G E WA DD YF CR G E WA DD YF CR G	SA AR EM — — AA AR A- — — SA AR EE — —		IV IE GD SR TC II VE GG SR TC II VE GD SR TC	0 230 G KTI WA RS LG P G KTM WA RA LG P G KTM WA RA LG P	281 HN YL OG HL DL HN YL SG HL DF HN YL SG HL DF	S PK VE IN AA W N SS VI SN EV E N SK VE TD EV E	200 YN VI DD VD PH YN VI DD IS PQ YN VI DD VA PH	Y LK HF KB F Y LK LK HN KB L Y LK LK HN KB L	III NG SQ RD IQ SN IG AQ RD IQ SN IG AQ RN IQ SN IG AQ RN IQ SN	I I I I I I I I I I I I I I I I I I I	0 300 KGGI PT IF IC KGGI PS IV IC KGGI PS IV IC	)) N PG PT SS VK E N PG EG AS VK D N PG EG AS VK D	FL AB EK QE AL FL DK EE NA SL FL NK EE NT AL	) 50 K AN AL KN AL F K NW TL QN AK F R NW TL KN AL F	HI IT LT EP LY SG IF LN TP LY QS IT LD ST LY QE	™ S NQ SH SQ TS Q T AQ DR ——— G TQ AS QA AG D	EA SH PA — —
ACMV BCaMV BDMV BGMV-BZ	SF DQ VP VE IE SF TF VP DE MQ SS TN VP DE MQ SF TN VP RE MQ	210 EWW ADJW-RD EWA DD YF CRG EWA DD YF CRG EWA DD YF CRG	SA AR EM — — AA AR A- — — SA AR EE — — AA AR EE — —		IV IE COSRITC II VE COSRITC II VE COSRITC II VE COSRITC II IE COSRITC	9	28 HN YL CG HL DL HN YL SG HL DF HN YL SG HL DF HN YL SG HL DF	S PK VF INI AA W N SS VY SN EV E N SK VF TD EV E N SK VF SN HA E	YN VI DD VD PH YN VI DD IS PQ YN VI DD IS PQ YN VI DD VA PH YN VI DD IA PH	IN Y LK HF KE F Y LK LK HN KE L Y LK LK HN KE L Y LK LK HN KE L	II NG SQ RD WQ SN IG AQ RD WQ SN IG AQ KN WQ SN NG AQ KD WQ SN	IK YG KP VQ I - CK YG KP VQ I - CK YG KP VQ I - CK YG KP VQ I	KG GI PT IF IC KG GI PS IV IC KG GI PS IV IC KG GI PS IV IC	) N PG PT SS YK E N PG EG AS YK D N PG EG AS YK D N PG EG AS YK C	FL AB EK QE AL FL DK EE NA SL FL NK EE NT AL FL DK EE NA AL	0	IT LT EP LY SG IF IN TP LY QS IT LD ST LY QE IF IN SP LY QS	S NQ SH SQ TS Q T AQ DR — — – G TQ AS QA AG D S TQ SC EE TS N	EA SH PA — — — — — — — — — — — — — — — — — —
ACMV BCaMV BDMV BGMV-BZ BGYMV	SF DQ VP VE TE SF TF VP DEMQ SS TN VP DEMQ SF TN VP REMQ SF VN TP VV MQ	E W AD W -R D E WA DD YF CR G E WA DD YF CR G E WA DD YF CR G D WY DD YF CR G	22 SA AR EW — — AA AR A- — — SA AR EE — — SA AR EE — — SA AR EE — —		IV IE COSR TO II VE COSR TO II VE COSR TO II IE COSR TO II IE COSR TO	"	280 HN YL OG HL DL HN YL SG HL DF HN YL SG HL DF HN YL SG HL DF HN YL SG HL DF	S PK VF IN AA W N SS VY SN EV E N SK VF TD EV E N SK VF SN HA E N SR VY SN SV E	YN VI DD VD PH YN VI DD IS PQ YN VI DD IS PA YN VI DD IA PH YN VI DD IS PN	Y LK HF KE F Y LK LK HN KE L Y LK LK HN KE L Y LK LK HN KE L Y LK LK HN KE L	MG SQ PD WQ SN IG AQ PD WQ SN IG AQ PD WQ SN IG AQ KD WQ SN IG AQ KD WQ SN IG AQ KD WQ SN	IK YG KP VQ I - CK YG KP VQ I	KG GI PT IF IC KG GI PS IV IC KG GI PS IV IC KG GI PS IV IC KG GI PS IV IC	N PG PT SS YK E N PG ES AS YK D N PG ES AS YK D N PG ES AS YK C N PG ES SS YK D	FL AE EK QE AL FL AE EK QE AL FL DK EE NA SL FL NK EE NT AL FL DK EE NR AL	KAWAL KNAL F KAWAL KNAL F KAWTL (NAK F RAWTL KNAL F KAWTL HNAK F HAWTL HNAL F	IT LT EP LY SG IF IN TP LY QS IT LD ST LY QE IF IN SP LY QS VT LT AP LY QS	S NQ SH SQ TS Q T AQ CR ——— G TQ AS QA AG D S TQ SC EE TS N T AQ CC QT ——	EA SH PA — — — — — — — — — — — — — — — — — —
ACMV BCaMV BDMV BGMV-BZ BGYMV ChaYMV	SF DQ VP VE TE SF TF VP DE MQ SS TN VP DE MQ SF TN VP RE MQ SF TN VP RE MQ SF TQ VP DE LQ	E WY AD NY -R D E WA DD YF CR G E WA DD YF CR G E WA DD YF CR G D WY DD YF CR G R WA SA NY -H D	22 SAAR PM — — AAAR A- — — SAAR PE — — AAAR PE — — AAAR PE — — AAAR PM — —		IV IE (D SR TO II VE (D SR TO II VE (D SR TO II IE (D SR TO II VE (D SR TO II VE (D SR TO	O 20 G K TI WA RS LG P G K TI WA RA LG P G K TI WA RA LG T G K TI WA RA LG T G K TI WA RA LG P G K TI WA RS LG P	HN YL CG HL DL HN YL SG HL DF HN YL SG HL DF HN YL SG HL DF HN YL SG HL DF HN YL CG HL DL	S PK VE NN AAW N SS VI SN EV E N SK VE TD EV E N SK VE SN HA E N SR VI SN SV E S PK VI SN SAW	200 YN VI DD VD PH YN VI DD IS PQ YN VI DD VA PH YN VI DD IA PH YN VI DD IS PN YN VI DD VD PH	YLKHPKEF YLKLKHNKEL YLKLKHNKEL YLKLKHNKEL YLKLKHNKEL YLKHPKEF	III NG SQ RD IQ SN IG AQ RD IQ SN IG AQ KD IQ SN NG AQ KD IQ SN IG AQ KD IQ SN NG AQ RD IQ SN	- TK YG KP VQ I - CK YG KP VQ I	0 200 1 KG GI PT IF IC 2 KG GI PS IV IC 3 KG GI PS IV IC 4 KG GI PS IV IC 4 KG GI PS IV IC 4 KG GI PT IF IC	N PG PT SS YK E N PG EG AS YK D N PG EG AS YK D N PG EG AS YK C N PG EG SS YK D N PG PT SS YK E	FL AE EK QE AL FL DK EE NA SL FL DK EE NT AL FL DK EE NA AL FL DK EE NA AL YL DE DK NI SL	O	IT LT EP LY 9G IF LN TP LY QS IT LD ST LY QE IF LN SP LY QS VT LT AP LY QS CT LT QP LY SS	S NQ SH SQ TS Q T AQ CR — — — G TQ AS QA AG D S TQ SC EE TS N T AQ CC QT — — A DQ SS TP NR E	EA SH PA — — QE TP H- — — QT TS R- — — HE SH SA QK D-
ACMV BCaMV BDMV BGMV-BZ BGYMV ChaYMV CdTV	SF DQ VP VE IE SF TF VP DE MQ SS TN VP DE MQ SF TN VP RE MQ SF VN IP VV MQ SF TQ VP DE LQ SF TQ VP DE LQ SF TN VP DE MQ	EW ADW-RD ENA DO YF GRG ENA DO YF GRG ENA DO YF GRG DW DD YF GRG RNA SAM-MD ENA DO YF GRG	20 SAAR M MARA SAAR EE MAR EE SAAR EE AAAR M SAAR EE		IVEORT IVEORT IVEORT IVEORT IVEORT IVEORT IVEORT	<sup>0</sup>	NYLOGH DL HNYLOGH DF HNYLOGH DF HNYLOGH DF HNYLOGH DF HNYLOGH DL HNYLOGH DL HNYLOGH DF	200 S EKVE IN AAN NSS IV SNEVE NSK VF SDEVE NSK VF SNEVE S EKVF SNEVE S EKVF SNEVE	200 KIVI DO DO HI KIVI DO IS PQ KIVI DO IA HI KIVI DO IA HI KIVI DO VD HI KIVI DO VD HI KIVI DO VA HI	III Y LKHEKEF Y LK LK HKE L Y LK LK HKE L Y LK LK HKE L Y LKHEKEF Y LKHEKEF Y L-KHEKEF	HI NG SQ RD IQ SI IG AQ RD IQ SI IG AQ RD IQ SI NG AQ RD IQ SI NG AQ RD IQ SI IG AQ RD IQ SI IG AQ RD IQ SI	30 - TK VG KP VQ I - CK VG KP VQ I - CK VG KP VQ I - CK VG KP VQ I - TK VG KP IQ I - TK VG KP IQ I	KG GI PT IF IC KG GI PS IV IC KG GI PS IV IC KG GI PS IV IC KG GI PS IV IC KG GI PT IF IC KG GI PT IF IC	N PG PT SS VKE N PG EG AS VKD N PG EG AS VKD N PG EG AS VKC N PG EG AS VKC N PG PT SS VKE N PG EG AS VKD	FI AE EK QE AL FL DK EE NA SL FL DK EE NA AL FL DK EE NA AL FL DK EE NA AL YL DE DK NI SL FL DK EE NA SL	O KANAL KIAL F KANAL KIAL F KANTL KIAL F KANTL KIAL F HANTL KIAL F KANAL KIAL F RANTL KIAL F	HITLEPLINGS IFINTPLINGS IFINTPLINGS IFINSPLINGS IFINSPLINGS CTLEQPLINGS ITLESHLINGD	S NQ SH SQTS Q T AQ CR — — — G TQ AS QA AGD S TQ SC EE TS N T AQ CC QT — — A DQ SS TPIRE S AQ AS QE KGH	EXHA @TPH @TSR ESHSA(KD- @ERD
ACMV BCAMV BDMV BGMV-BZ BGYMV ChaYMV CdTV CulCuV	SFIQUPVEIE SFITVPDENQ SSTNVPDENQ SFINVPRENQ SFINVPDENQ SFITVPDENQ SFITVPDENQ SFITVPDENQ SFITVPDENQ	E WY AD MY -R D E WA AD YF QR G E WA DD YF QR G E WA DD YF QR G D WY DD YF QR G R WA SA MY -MD E WA DD YF QR D E WA DD YF QR D	20.20 20.42 m		IVEORT IVEORT IVEORT IIEORT IIEORT IVEORT IVEORT IIEORT	S KTINARSIGP G KTINARAIGP G KTINARAIGP G KTINARAIGF G KTINARAIGP G KTINARAIGP G KTINARAIGP G KTINARAIGP	IN YL OG H. DL HN YL OG H. DL HN YL OG H. DF HN YL OG H. DF HN YL OG H. DL HN YL OG H. DL HN YL OG H. DF HN YL OG H. DF HN YL OG H. DF	S EK VE NN AAW N SS IV SN EV E N SK VE SN HA E N SK VE SN HA E S EK VE SN SV E S EK VE SN SAW N EK IV SN EA E N SR IVE SN EA E	200 2017 DI DO TO PH 2017 I DO IS PQ 2017 I DO IA PH 2017 I DO IA PH 2017 I DO IA PH 2017 I DO VA PH 2017 I DO VA PQ	Y LKHF KE F Y LK LK HN KE L Y LK LK HN KE L	III NG SQ RD NQ SN IG AQ RD NQ SN	- TK YG KP VQ I - CK YG KP VQ I - TK YG KP VQ I - CK YG KP VQ I	KGGL PT LFLC KGGL PS IVIC KGGL PS IVIC KGGL PS IVIC KGGL PS IVIC KGGL PA IVIC KGGL PS IVIC	N PG PT SS VIKE N PG EG AS VIKD N PG EG AS VIKD	FL AE EK (E AL FL DK EE NA SL FL DK EE NA AL FL DK EE NA AL FL DK EE NA AL FL DK EE NA SL FL DK EE NA SL FL DK EE NA SL	) KANALANALF KNNTLQNALF RNNTLANALF HNNTLHNALF KANALANAAF RNNTLANALF RENTLANAQF	ITLITEPIN 95 IFINTPIN 95 ITID STIN 92 IFINSPIN 95 ITID STIN 92 ITIT STIN 92 ITIT STIN 92 ITIT STIN 92 IFIE SPIN 95	S NQ SH SQ TS Q T AQ CR — — — G TQ AS QA AG D S TQ SC EETS N T AQ CC QT — — A CQ SS TPI RE S AQ AS QE KCH T AQ SS ED — —	E SH2A
ACMV BCaMV BDMV BGMV-BZ BGYMV ChaYMV CdTV CulCuV DiYMoV	III SFTDVIPVELE SFTFVPDENQ SFTNVPRENQ SFTNVPRENQ SFTNVPDENQ SFTNVPDENQ SFTLVPHENQ SFTLVPHENQ	E W AD M-R D E WA AD YF GR G E WA AD YF GR G E WA AD YF GR G D WY DD YF GR G D WY DD YF GR G R WA SA MY -M D E WA AD YF GR D E WA AD YF GR J	SA AR M MARA SA AR EE MAR EE MAR EE MAR M SA AR EE MAR P MAR P MAR EE		IVEORT IVEORT IVEORT IVEORT IVEORT IVEORT IVEORT IVEORT IVEORT	G KTIVARSIGP G KTIVARSIGP G KTIVARSIGP G KTIVARSIGF G KTIVARSIGF G KTIVARSIGF G KTIVARSIGK G KTIVARSIGK	IN YL C3 HL CL HN YL C3 HL CF HN YL C3 HL CF	S EKVE IN AAW NSS VY SNEVE NSKVE TDEVE NSKVE SNHAE NSKVE SNHAE S EKVE SNEVE NSKVE SNEAE NSKVE SNEAE NSKVE SNEVE	200 NIVI DO VD H WIVI DD IS PQ WIVI DD IA H WIVI DD IA H WIVI DD IA H WIVI DD VA H WIVI DD VA H WIVI DD VA PQ WIVI DD VA SS	Y L-KHEKEF Y LK LKHIKE L Y LK LKHIKE L	III NG SQ RD INQ SN IG AQ RD INQ SN	- TK YGKP VQ I - CK YGKP VQ I	KGGI PI IFIC KGGI PS IVIC KGGI PS IVIC KGGI PS IVIC KGGI PS IVIC KGGI PA IVIC KGGI PS IVIC KGGI PS IVIC	N PG PT SS YKE N PG EG AS YK D N PG EG AS YK D N PG EG AS YK C N PG EG AS YK D N PG EG AS YK D N PG EG AS YK D N PG EG AS YK D	FI AE EX QE AL FI DK EE NA SL FI DK EE NA AL FI DK EE NA AL FI DK EE NA AL FI DK EE NA SL FI DK EE NA SL FI DK EE NE SL FI DK EE NQ AL	, KANALANAIF KANALANAIF KANTIQUAKF KANTIANAIF KANTIANAF RANTIANAF RANTIANAF RENTIANAF QUATIANAF	ITLITEPLIN SG IFLINTPLIN GS ITLID STLIN GE IFLINSPLIN GS VTLITAPLIN GS ITLITAPLIN GS ITLITAPLIN GS ITLITAPLIN GT IFLE GPLIN GS ITLITGALIN GT	SNQ SH SQTS Q TAQ CR GTQ AS QA AGD S TQ SC EE TS N TAQ CC QT A DQ SS TP NR E S AQ AS QE KG H TAQ SS ED N SQ ES	EASHRA (ETPH (TTSR ESHSA(KD- (EEAD 
ACMV BCAMV BDMV BGMV-BZ BGYMV ChaYMV CdTV CulCuV DiYMoV MaYMFV	ST DUVPVE IE ST TT VP DENQ ST TT VP DENQ	E W AD WH -R D E WA DO YF GR G E WA DO YF GR G E WA DO YF GR G D W DO YF GR G D W DO YF GR G E WA DO YF GR G E WA DO YF GR G E WA DO YF GR S D WA DO YF GR S	20 SA AR M AAR AR SA AR EE SA AR EE SA AR EE SA AR EE AA RE E AA RE E AA RE E		IV IE O SRT IV IE O SRT II VE O SRT	G KTIWARSIGP G KTIWARSIGP G KTIWARSIGP G KTIWARSIGP G KTIWARSIGP G KTIWARSIGP G KTIWARSIGK G KTIWARSIGK G KTIWARSIGK	IN YLOGHLOL HNYLOGHLOL HNYLOGHLOF HNYLOGHLOF HNYLOGHLOF HNYLOGHLOF HNYLOGHLOF HNYLOGHLOF HNYLOGHLOF HNYLOGHLOF HNYLOGHLOF	S EKVEINAAW NSS VY SNEVE NSK VF TDEVE NSK VF SNHAE NSK VF SNHAE NSK VF SNEVE S EKVF SNEVE NSK VF SNEVE NSK VF SNEVE NSK VF SNEVE	200 WIVI DOVD HI WIVI DD IS PQ WIVI DD IA HI WIVI DD IA HI WIVI DD VA HI WIVI DDVA HI WIVI DDVA PQ WIVI DDVA SS WIVI DD IA PN	YL-KHEKE YLK-KHEKE YLKLKHIKE YLKLKHIKE YLKLKHIKE YLKLKHIKE YLKLKHIKE YLKLKHIKE YLKLKHIKE YLKLKHIKE	III NG SQ RD IQ SN IG AQ PD IQ SN IG AQ PD IQ SN IG AQ RD IQ SN	- TK YGKP VQ I - CK YGKP VQ I	KGGI PY IFIC KGGI PS IVIC KGGI PS IVIC	N PG PT SS YKE N PG EG AS YKD N PG EG AS YKD N PG EG AS YKC N PG EG SS YKD N PG EG AS YKD N PG EG SS YKD N PG EG SS YKE N PG EG SS YKE	FI AB EK QE AL FI OK EE NA SL FI OK EE NA AL FI OK EE NA AL FI OK EE NA AL FI OK EE NA AL FI OK EE NA SL FI OK EE NA SL FI OK EE NA SL FI OK EE NA AL	, KANAL KNAL F KANAL KNAL F RNATI QUAR F RNATI KNAL F KANAL KNAL F RNATI KNAL F REMTI KNAL F QUATI ENAL F HNATI KNAL F	ITLITETINS IFINTPINS IFINTPINS ITLIDSTINS IFINSPINS CTLITSPINS ITLITSPINS ITLITSPINS ITLITSPINS ITLITSPINS ITLITSPINS ITLITSPINS	S NQ SH SQ TS Q T AQ CR G TQ AS QA AGD S TQ SC EETS N T AQ CC QT A CQ SS TP NR E S AQ AS QE KGH T AQ SS ED N SQ ES T P	ERSHR
ACMV BCaMV BDMV BGMV-BZ BGYMV ChaYMV ChICuV CuICuV DiYMOV MaYMFV OYVMV-201	SF DU VP VE IE SF TF VP DENQ SF TR VP DENQ SF TR VP BENQ SF DQ VP BENE	EW ADW -RD EWA DO YF CRG EWA DO YF CRG EWA DO YF CRG DW DO YF CRG DW DO YF CRG EWA DO YF CRG EWA DO YF CRS EWA DO YF CRS DWA DO YF CRS EWA SEW -V D	20 20 AR M 20 AR H 20 AR H		IVEORT IVEORT IVEORT IVEORT IVEORT IVEORT IVEORT IVEORT IVEORT VEORT	G KTIWARSIGF G KTIWARSIGP G KTIWARSIGP G KTIWARSIGF G KTIWARSIGF G KTIWARSIGF G KTIWARSIGK G KTIWARSIGK G KTIWARSIGF G KTIWARSIGF	HN YL CG HL CL HN YL SG HL DF HN YL CG HL DL	S EK VE IN AAW NSS VY SNEVE NSK VY SNEVE NSK VY SNEVE S EK VY SNSVE S EK VY SNEVE NSR VY SNEVE NSR VY SNEVE S EK VY SNEVE S EK VY SNEVE	NIVI DO VD H NIVI DO VD H NIVI DO IS PQ NIVI DO IA H NIVI DO IA H NIVI DO VD H NIVI DO VD H NIVI DO VA PQ NIVI DO VA PS NIVI DO IN PI NIVI DO IN PI NIVI DO VD H	Y L-KHEKE Y LK LKHKEL Y LK LKHKEL Y LK LKHKEL Y LK LKHKEL Y LK LKHKEL Y LK LKHKEL Y LK LKHKEL F L-KHEKE F L-KHEKE	HI HG SQ PEDIQ SA IG AQ REINQ SA HG AQ REINQ SA HG AQ REINQ SA HG AQ REINQ SA IG AQ REINQ SA IG AQ REINQ SA HG AQ REINQ SA HG AQ REINQ SA	- TK YG KP VQ I - CK YG KP VQ I	KGGI PY IFIC KGGI PS IVIC KGGI PS IVIC	N FG ET SS VKE N FG EG SS VKD N FG EG SS VKE N FG EG SS VKE N FG EN SS VKE	FLAEEK (EAL FLOKEENASL FLOKEENASL FLOKEENASL FLOKEENASL FLOKEENASL FLOKEENASL FLOKEENASL FLOKEENASL FLOKEENASL	, KANAL KIAL F KANAL KIAL F KANTI QIAK F KANTI KIAL F KANAL KIAL F RENTI KIAL F RENTI KIAL F HANTI KIAL F KANAL KIAA F	ITLIFEPING IFINTPINGS IFINTPINGS IFINSPINGS UTLAPINGS UTLAPINGS IFIEGPINGS ITLIGHINGT UTLAPINGS WITQPINGS	S NQ SH SQTS Q T AQ CR G TQ AS QA AGD S TQ SC EETS N T AQ CC QT ADQ SS TP NR E S AQ AS QEKCH T AQ SS ED N SQ ES T P T NQ ST AQ SS E	EASHA
ACMV BCAMV BDMV BGMV-BZ BGYMV ChaYMV CdTV CulCuV DiYMoV MaYMFV OYVMV-201 PePGMV	SF DQ VP VE IE SF TF VP DEMQ SS TN VP DEMQ SF DQ VP EE IE SF NN VP DEMQ	E WADOW - RD E WADO YF GRG E WADD YF GRG E WADD YF GRG D WADD YF GRG D WADD YF GRG R WASAW - HD E WADD YF GRD E WADD YF GRS E WASAW - VD H WAE YF GRS	22 23 AR M 24 AR E 24 AR E 25 AR E 24 AR E 25 AR E 26 AR E 24 AR E 24 AR E 24 AR E 26 RP		IVEORT IVEORT IVEORT IIEORT IVEORT IVEORT IVEORT IVEORT IVEORT IVEORT IVEORT	G KTINARSIGP G KTINARAIGP G KTINARAIGP G KTINARAIGP G KTINARAIGP G KTINARAIGP G KTINARAIGP G KTINARAIGP G KTINARAIGP G KTINARAIGP G KTINARAIGP	HIV YL OG HL DL HIV YL OG HL DL HIV YL SG HL DF HIV YL SG HL DF	S EK VE INI AAW N SS VY SNEVE N SK VE SNEVE N SK VF SNEVE S EK VY SNEVE S EK VY SNEVE N SR VY SNEVE N SR VY SNEVE S EK VY SNEVE S EK VY SNEVE N RK VY SNEVE N SR VY SNEVE	NIVI DO VO H WIVI DO SPQ WIVI DO IS PQ WIVI DO IA H WIVI DO IA H WIVI DO IA H WIVI DO VA H WIVI DO VA H WIVI DO VA PS WIVI DO JI PN WIVI DO JI PQ WIVI DO JI PQ	Y L-KHEKE Y LK LKHIKE L Y LK LKHIKE L F L-KHEKE F Y LK MKE L	HI HC SQ PED IQ SI IG AQ RD IQ SI	- TK YG KP VQ I - CK YG KP VQ I - TK YG KP VQ I - CK YG KP VQ I	KGGI PT IFIC KGGI PS IVIC KGGI PS IVIC	N FG ET SS YKE N FG EG SS YKD N FG EG SS YKE N FG EF SS YKE	FL AE EK (E AL FL OK EE NA SL FL OK EE NA SL FL OK EE NA AL FL OK EE NA AL FL OK EE NA SL FL OK EE NA SL FL OK EE NA AL FL OK EE NA AL FL OK EE NA AL FL OK EE NA AL	N KANAL KWALF KANAL KWALF KANATI QUARF KANATI KWALF KANAL KWALF RENTI KWALF KANAL KWALF HANATI KWALF KANAL KWALF KANAL KWALF RANTI KWALF	ITLIFEPLIY SG IFINTPLIYQS IFINTPLIYQS IFINSPLIYQS UTLAPLIYQS UTLAPLIYQS IFLECPLIYQS IFLECPLIYQS WFLTQPLIYSS VI LIAPLIYSS	S NQ SH SQT SQ T AQ DR G TQ AS QA AGD S TQ SC EETS N T AQ DC QT A DQ SS TPIRE S AQ AS QE KGH T AQ SS ED N SQ ES T P T P T Q ST AQ SS E T AQ DS	EASHR
ACMV BCaMV BDMV BGMV-BZ BGYMV ChaYMV CdTV CulCuV DiYMoV MaYMFV OYVMV-201 PePCMV PYMV-VE	SF DQ VP VE IE SF TF VP DENQ SS TN VP DENQ SS TN VP DENQ SF DQ VP EE IE SF NN VP EDIQ SF TN VP DENQ SF TN VP DENQ	E W AD W - R D E W AD W - R D E WA DO YF GR G E WA DO YF GR G D W DO YF GR G E WA DO YF GR G E WA DO YF GR D E WA DO YF GR S D WA DQ YF GR S D WA DQ YF GR S E W SE M - V D H W ZE YF GR S E WA DG YF GR S	22 SA AR IM MARA SA AR EE MAR EE MAR EE MAR EE MAR EE MAR EE MAR SE MAR SE CA RP SA AR EL CA RP SA AR EL CA RP		IVEORT IVEORT IVEORT IEORT IEORT IVEORT IVEORT IVEORT IVEORT VEORT IVEORT IEORC IEORC IEORC	G KTIWARSIGP G KTIWARAIGP G KTIWARAIGP G KTIWARAIGP G KTIWARAIGP G KTIWARAIGP G KTIWARAIGP G KTIWARSIGK G KTIWARSIGP G KTIWARAIGP G KTIWARAIGP G KTIWARAIGP G KTIWARAIGP	HIVILOGH DL HIVILOGH DL HIVILOGH DF HIVILOGH DF HIVILOGH DL HIVILOGH DL HIVILOGH DL HIVILOGH DF HIVILOGH DF HIVILOGH DF HIVILOGH DF HIVILOGH DF HIVILOGH DF HIVILOGH DF HIVILOGH DF	S EK VE INI AAW N SS W SNEVE N SK VF SNEVE N SK VF SNEVE N SK VF SNEVE S EK VF SNEVE N SR VF SNEVE N SR VF SNEVE S EK VF SN DAW N AK VF SN VF E N PR VF SNEVE	NIVI DD VD H WIVI DD IS PQ WIVI DD IS PQ WIVI DD IS PI WIVI DD IS PI WIVI DD IS PI WIVI DD IS PI WIVI DD VA H WIVI DD VA PQ WIVI DD IN PI WIVI DD IN PI WIVI DD IN PI WIVI DD IN PQ WIVI DD VA PQ WIVI DD VA PQ	Y L-KHKEK Y LKHKEK Y LK HKE Y LK LKHKE Y LK LKHKE	HI SQ PEDIQ SU IG AQ RED QQ SU	- TK YG KP VQ I - CK YG KP VQ I	KGGI PT IFIC KGGI PSIVIC KGGI PSIVIC	N FG ET SS VKE N FG EG AS VKD N FG EG AS VKD N FG EG AS VKC N FG EG AS VKC N FG EG AS VKC N FG EG AS VKD N FG EG AS VKD N FG EG AS VKE N FG EG AS VKE	H LAE EK (E AL) FL DK EE NA SL FL DK EE NA AL FL DK EE NA AL FL DK EE NA AL FL DK EE NA AL FL DK EE NA SL FL DK EE NA AL FL DK EE NA AL FL DK EE NA AL FL DK EE NA AL FL DK EE NA AL	KANALKNALF KANALKNALF KANTIQHARF RANTIKNALF KANALKNAAF RANTIKNALF QANTIKNALF KANALKNAQF KANALKNAQF KANTIKNAQF	HILTEPLY SC IFINTPLY SC IFINTPLY QS IFINTPLY QS IFINSPLY QS UTLAPLY QS UTLAPLY QS IFLE QPLY QS IFLE QPLY QS UTLAPLY QS ITLAPLY QS ITLAPLY QS ITLAPLY QS	S NQ SH SQT SQ T AQ CR	EASHPA
ACMV BCaMV BDMV BGMV-BZ BGYMV ChaYMV CdTV CulCuV DiYMOV MaYMFV OYVMV-201 PePGMV PYMV-VE RhGMV	SF DUVP VE IE ST TY VP DENQ SS TN VP DENQ SS TN VP DENQ SF TN VP DENQ	E W AD W - R D E WA DD YF GR G E WA DD YF GR G E WA DD YF GR G D W DD YF GR G D W DD YF GR G E WA DD YF GR D E WA DD YF GR S D WA DD YF GR S D WA DD YF GR S E W SE W - V D H W AE YF GR S E WA DD YF GR S E WA DD YF GR S Q W VD W - C D	22         SA AR IM         MARA         SA AR EE         MARA         MARA         MARA         SA AR EE         MARASE         MARASE         SA AR EL         SA AR EL         SA AR EL         SA AR EL		IV EQST IV EQST	G KTIWARSIGP G KTIWARAIGP G KTIWARAIGP G KTIWARAIGP G KTIWARAIGP G KTIWARAIGP G KTIWARAIGP G KTIWARSIGK G KTIWARSIGP G KTIWARSIGP G KTIWARSIGP G KTIWARSIGP	HIV LOGH DL HIV YL OGH DL HIV YL SGHL DF HIV YL SGHL DF	S EK VE INI AAW NSS WI SNEVE NSK VE SNEVE NSK VE SNEVE S EK WI SNEVE S EK WI SNEVE NSR WI SNEVE NSR WI SNEVE S EK WI SNEVE S EK WI SNEVE E NEVE SNEVE K EK LIJ SN DAW	INVI DO VO H WIVI DO IS PQ WIVI DO IS PQ WIVI DO IA H WIVI DO IA H WIVI DO VO H WIVI DO VO H WIVI DO VA H WIVI DO VS FS WIVI DO IN PN WIVI DO VI PQ WIVI DO VA PQ WIVI DO VI H	YIKHEKE YIKIKHIKEI YIKIKHIKEI YIKIKHIKEI YIKIKHIKEI YIKIKHIKEI YIKIKHIKEI YIKIKHIKEI YIKIKHIKEI YIKIKHIKEI YIKIKHIKEI YIKIKHIKEI YILIKHIKEI YILIKHIKEI	HI SQ RD INQ SN IG AQ RD INQ SN	- TK YG KP VQ 1 - CK YG KP IQ 1	KGGI PT IFIC KGGI PS IVIC KGGI PS IVIC KGGI PS IVIC KGGI PS IVIC KGGI PS IVIC KGGI PT IFIC KGGI PS IVIC KGGI PS IVIC	N PG PT SS YKE N PG EG AS YK D N PG EG AS YKE N PG EG AS YKE	FL AE EK (E AL FL IK EE NA SL FL IK EE NA AL FL IK EE NA AL FL IK EE NA AL FL IK EE NA AL FL IK EE NA SL FL IK EE NA SL FL IK EE NA AL FL IK EE NA AL	KANALKNALF KANALKNALF KANTIQNAF RANTIKNALF HANTIKNALF KANALKNALF RANTIKNALF KANALKNAP KANALKNAP KANALKNAP NINAQF	H ITLITEPLYSG IFINTPLYQS IFINTPLYQS IFINSPLYQS UTLIAPLYQS UTLIAPLYQS IFLICALYQT IFLECPLYQS UTLIAPLYQS UTLIAPLYQS ITLIAPLYQS ITLIAPLYQS UTLIAPLYQS UTLIAPLYQS UTLIAPLYQS UTLIAPLYQS UTLIAPLYQS UTLIAPLYQS UTLIAPLYQS UTLIAPLYQS UTLIAPLYQS UTLIAPLYQS UTLIAPLYQS UTLIAPLYQS UTLIAPLYQS	S NQ SH SQT SQ T AQ DR — — – G TQ AS QA AG D S TQ SC EETS N T AQ DC QT — – A DQ SS TP NR E S AQ AS QE KGH T AQ SS ED — – N SQ ES — – – T P — – – – – T AQ DS — – – T AQ DS — – – G TQ AS KE EG N L NQ AS SQ TR E	EASHRA —
ACMV BCaMV BDMV BGMV-BZ BGYMV ChaYMV ChAYMV CuICuV CuICuV DiYMOV MaYMFV OYVMV-201 PePGMV PYMV-VE RhCMV SiGMV	ST DUPPE IE ST TY VP DENQ SS TN VP DENQ	E W AD W - R D E W AD YF GR G E NA DO YF GR G E NA DO YF GR G D W DD YF GR G D W DD YF GR G E NA DO YF GR G E NA DO YF GR D E WA DD YF GR S D NA DO YF GR S E W SE M - V D H W AE YF GR S Q W NO M - C D E NA DE FF GS G	22 SAR M — MARA — MARE — MARE — MARE — MARE — MARE — MARE — MARE — MARE — MARE — SARE — - SARE — - - - - - - - - - - - - -		IV EQST IV EQST II VEQST II VEQST II VEQST II VEQST II VEQST II VEQST II VEQST IV EQST IV EQST II VEQST II VEQST II VEQST	G KTIWARSIGP G KTIWARAIGP G KTIWARAIGP G KTIWARAIGT G KTIWARAIGT G KTIWARAIGP G KTIWARAIGP G KTIWARAIGP G KTIWARAIGP G KTIWARAIGP G KTIWARAIGP G KTIWARAIGP G KTIWARAIGP G KTIWARAIGP G KTIWARAIGP	HIV IL OG HL DL HIV YL OG HL DL HIV YL SG HL DF HIV YL SG HL DF	S EKVEINI AAW NSS WI SNEVE NSK VEIDEVE NSK VEIDEVE NSK VEISNEVE S EKVEISNEVE NSR VEISNEVE NSR VEISNEVE NSR VEISNEVE S EKVEISNEVE NEVEISNEVE NEVEISNEVE NEVEISNEVE	NVI DO VO H WIVI DO IS PQ WIVI DO IS PQ WIVI DO IA H WIVI DO IA H WIVI DO IA H WIVI DO VO H WIVI DO VA HQ WIVI DO VA PQ WIVI DO IN PN WIVI DO VA PQ WIVI DO VA PQ WIVI DO VA PQ WIVI DO VA PQ	YIKHEKE YIKIKHIKEI YIKIKHIKEI YIKIKHIKEI YIKIKHIKEI YIKIKHIKEI YIKIKHIKEI YIKIKHIKEI YIKIKHIKEI YIKIKHIKEI YIKHEKE YIKHEKE YIKIKHIKEI YIKHEKE YIKIKHIKEI	II G AQ RD INQ SI IG AQ SI IG AQ RD INQ SI IG AQ RD INQ SI IG AQ SI IG AQ SI I	- TK YG KP VQ 1 - CK Y	KGGI PT IFIC KGGI PS IVIC KGGI PS IVIC	N PG ET SS YKE N PG EG AS YKD N PG EG AS YKE N PG EG AS YKE	FL AF EK (E AL FL IK EE NA SL FL IK EE NA AL FL IK EE NA AL FL IK EE NA AL FL IK EE NA AL FL IK EE NA SL FL IK EE NA SL FL IK EE NA AL FL IK EE NA FL FL IK EE NA FL FL IK EE NA FL FL IK EE NA SL FL IK EE NA SL	KANALKNALF KANALKNALF KANATIQNAF KANATIANAF HANATIANAF HANATIANAF QANATIANAF HANATIKNAF KANATIANAF KANATIKNAF NICHAPALKNAF RANATIKNAF	H ITLIPELINGS IFINTPLINGS IFINTPLINGS IFINSPLINGS UTLIPELINGS UTLIPELINGS IFILTERLINGS IFILTERLINGS UTLIPELINGS UTLIPELINGS UTLIPELINGS UTLIPELINGS	S NQ SH SQT SQ T AQ CR G TQ AS QA AG D S TQ SC EETS N T AQ CC 0T A CQ SS TP NR E S AQ AS QE KGH T AQ SS ED N SQ ES T P T AQ CS E T AQ CS E T AQ CS E T AQ CS E S TQ AS QE EG H	EASHRA —
ACMV BCAMV BCMV-BZ BGYMV ChAYMV ChAYMV ChAYMV CULCuV DIYMVV CULCuV DIYMVV DIYMV-201 PePGMV PYMV-VE RhCMV SIGMV SIMOV-BZ	ST DUPPELE ST TY VP DENQ SS TN VP DENQ SS TN VP DENQ SS TN VP DENQ SF TN VP DENQ	E W AD W - R D E W AD W - R D E WA DO YF CR G E WA DO YF CR G E WA DO YF CR G D W DD YF CR G E WA DO YF CR G E WA DO YF CR D E WA DO YF CR S E WA DO YF CR S E W SE W - V D H W AE YF CR S Q W HO M - C D E WA DE FF CS G E WA DD YF CR S	21         SA AR IM         MARA         MARA         MARA         MARE		IV EQST IV EQST II VEQST II VEQST II VEQST II VEQST II VEQST II VEQST II VEQST IV EQST II VEQST II VEQST II VEQST II VEQST	G KTIWARSIGP G KTIWARAIGP G KTIWARAIGP	HIVLOGH DL HIVYLOGH DL HIVYLOGH DF HIVYLOGH DF HIVYLOGH DL HIVYLOGH DL	S EKVEINIAAW NSS WI SNEVE NSK VF DEVE NSK VF SNEVE S EKVF SNEVE NSR VF SNEVE NSR VF SNEVE NSR VF SNEVE S EKVF SNEVE S EKVF SNEVE S EKVF SNEVE NER VF SNEVE NER VF SNEVE NSR VF SNEVE NSR VF SNEVE NSR VF SNEVE NSR VF SNEVE NSR VF SNEVE NSR VF SNEVE	NVI DO VD H MVI DO JO PH MVI DO IS PQ MVI DO IS PI MVI DO IS PI MVI DO IS PI MVI DO JO H MVI DO VD H MVI DO VD H MVI DO VA PQ MVI DO JN PN MVI DO JN PQ MVI DO VT H MVI DO VT H MVI DO VT PQ MVI DO VT PQ MVI DO VT PQ	YIKHEKE YIKIKHIKE YIKIKHIKE YIKIKHIKE YIKIKHIKE YIKIKHIKE YIKIKHIKE YIKIKHIKE YIKIKHIKE YIKIKHIKE YIKIKHIKE YIKIKHIKE YIKIKHIKE YIKIKHIKE YIKIKHIKE YIKIKHIKE YIKIKHIKE	MS SQ RD INQ SM IG AQ RD INQ SM	- TK YG KP VQ 1 - CK Y	KGGI PT IFIC KGGI PS IVIC KGGI PS IVIC	N PG ET SS YKE N PG EG AS YKD N PG EG AS YKE N PG EG AS YKE	FL AF EX (E AL FL KE EN A SL FL KE EN A SL	KANAL KNALF KANAL KAALF KANATI (NAKF KANATI KAALF HANATI KAALF KANAL KAALF RANATI KAALF HANATI KAALF HANATI KAALF KANAL KAALF KANAL KAALF KANAL KAALF KANALKAALF KANALKAALF KANALKAALF KANALKAALF KANALKAALF	H ITLIPELINGS IFINTPLINGS IFINTPLINGS IFINTPLINGS IFINTPLINGS CTLITQPLINGS CTLITQPLINGS IFILTGALINGT IFIEGPLINGS WILTAPLINGS WILTAPLINGS ITLITAPLINGE WILTAPLINGS ITLITAPLINGS IFILTAPLINGS	S NQ SH SQ TS Q T AQ CR	EASHPA (ETPH (TTSR  EESHSAQKD- (EEAD  ETQUEESSS  ETQUEESSS  ETDL SP
ACMV BCAMV BCMV-BZ BGYMV ChAYMV CdTV CuLCuV DiYMOV MAYMFV OYVMV-201 PePGMV PYMV-VE RhGMV SiMOV-BZ SiYMV-BZ	ST DUVEVE IE ST TVVP DENQ ST TVVP DENQ	E W AD W - R D E W AD W - R D E WA DO YF CR G E WA DO YF CR G D W DD YF CR G D W DD YF CR G E WA DO YF CR G E WA DO YF CR G E WA DO YF CR S D WA DO YF CR S E W SE M - V D H W AE YF CR S G W MO MY CR G E WA DE FF CS G E WA DO YF CR G	23.4R W        MARA        MARA        SARE        MARE        SARE        SARE        SARE        SARE        SARE        SARE		IV LOST IV LOST II VE GST II VE GST IV LOST IV LOST IV LOST IV LOST IV LOST IV LOST	G KTINARSIGP G KTINARSIGP G KTINARAIGP G KTINARAIGP G KTINARAIGF G KTINARAIGF G KTINARSIGP G KTINARSIGF G KTINARSIGF G KTINARAIGP G KTINARAIGP G KTINARAIGP G KTINARSIGF G KTINARSIGP G KTINARSIGP G KTINARSIGP G KTINARSIGP G KTINARSIGP G KTINARSIGP G KTINARSIGP G KTINARSIGP G KTINARSIGP	HNYL OGH DL HNYL OGH DL HNYL SGH DF HNYL SGH DF	S EKVEINIAAW NSS VY SNEVE NSK VF DEVE NSK VF SNEVE S EKVF SNSVE S EKVF SNEVE NSR VF SNEVE NSR VF SNEVE S EKVF SNEVE S EKVF SNEVE NER VF SNEVE KEK IF SNEVE NSK VF SNEVE NSK VF SNEVE NSK VF SNEVE NSK VF SNEVE NSK VF SNEVE	NVI DO VO H WIVI DO VO H WIVI DO IS PQ WIVI DO IA H WIVI DO IA H WIVI DO IA H WIVI DO VA H WIVI DO VA H WIVI DO VA H WIVI DO VA PQ WIVI DO IN PN WIVI DO VA PQ WIVI DO VA PQ	YIL-KHKEK YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI	MS SQ RD NQ SN IG AQ RD NQ SN	- TK YG KP VQ I - CK Y	KGGI PY IFIC KGGI PS IVIC KGGI PS IVIC	N PG PT SS YKE N PG EG AS YKD N PG EG SS YKA N PG EG AS YKE N PG EG AS YKE	FI AE EX (E AL FL IX EE NA GL FL IX EE NA GL	KANALKNALF KANALKNALF KANTLANALF KANTLANALF HANTLANALF HANTLANALF RANTLANALF QANTLANALF KANALKNALF KANALKNALF KANTLANALF KANTLANALF KANTLANALF KANTLANALF KANTLANALF KANTLANALF KANTLANALF KANTLANALF KANTLANALF	HITEPING IFINFPING IFINFPING FINSPING CTITQPINS CTITQPINS IFIEGPING IFIEGPING WITAPING WITAPING WITAPING IFIESPING IFIESPING IFIESPING IFISPING	S NQ SH SQT SQ T AQ CR G TQ AS QA AGD S TQ SC EETS N T AQ CC A DQ SS TP NRE S AQ AS QE KGH T AQ SS ED N SQ ES T NQ ST AQ SS ED T AQ CS T AQ CS AS QE SG T AQ CS ES S TQ AS QE EGH T TQ GG EE ER N T Q SG EE ER N	EASHPA — (EASHPA — (ETPH — (TTSR — ESSEQ(C) (EERD — — — — — — — — — —
ACMV BCAMV BCMV-BZ BGYMV ChaYMV CdTV CuLCuV DiYMOV MaYMFV OYVMV-201 PePCMV PYMV-VE RhGMV SiMOV-BZ SiYMV-BZ SiYVV	ST DUVEVELE ST TUVE DENQ ST TUVE DENQ	E W AD W - R D E W AD W - R D E WA DO YF CR G E WA DO YF CR G D W DD YF CR G D W DD YF CR G E WA DO YF CR S E W SE M - V D H W AE YF CR S G W MO, M - C D E WA DE FF CS G E WA DO YF CR G	21         SA.R W         M.AR.4         SA.R W         MAR W         SA.R W         MAR W         SA.R W         MAR W         SA.R W		IV LOST IV LOST IV COST IV COST IV COST IV COST IV COST IV COST IV COST IV LOST IV LOST IV LOST IV LOST IV LOST IV COST IV COST IV COST IV COST IV COST IV COST	<ul> <li>ATTIVARSIGP</li> <li>KTIVARSIGP</li> <li>KTIVARAIGP</li> </ul>	HIVLOGH DL HIVLOGH DL HIVLSGH DF HIVLSGH DF	S EKVEINIAAW NSS VY SNEVE NSK VF DDEVE NSK VF DDEVE NSK VF SNAVE S EKVF SNAVE NSK VF SNAVE NSK VF SNAVE NSK VF SNAVE NSK VF SNAVE NEKVF SNAVE NEK VF SNAVE NEK VF SNAVE NSK VF SNAVE NSK VF SNAVE NSK VF SNAVE NSK VF SNAVE	NVI DDVD H WIVI DD VD H WIVI DD IS PQ WIVI DD IA HI WIVI DD IA HI WIVI DD IA HI WIVI DD IA HI WIVI DD VA HI WIVI DDVA HI WIVI DDVA PQ WIVI DDVA PQ	YIL-KHKEK YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI	MS SQ RD INQ SM IG AQ RD INQ S	- TK YG KP VQ I - CK Y	KGGI PI TFIC KGGI PI TFIC KGGI PS IVIC KGGI PS IVIC	N PG PT SS YKE N PG EG AS YKD N PG EG AS YKE N PG EG AS YKE	FI AF EX (E AL FL IK EE NA SL FL IK EE NA AL FL IK EE NA AL FL IK EE NA GL FL IK EE NA GL	KANALKNALF KANALKNALF KANTLKNALF KANTLKNALF KANALKNALF KANALKNAAF RANTLKNALF QANTLKNALF KANALKNAAF RANTLKNALF KANALKNAAF KANTLKNALF KSATLHNAKF KSATLHNAKF LANTLKNAF	HITEPINGS IFINTPINGS IFINTPINGS IFINTPINGS CTINGPINGS CTINGPINGS CTINGPINGS IFIEGPINGS IFIEGPINGS WINGPINGS WINDPINGS WINDPINGS ITITEPINGS ITITEPINGS IFIESPINGT IFIESPING IFIESPING	S NO SH SQT SQ T AQ CR G TQ AS QA AGD S TQ SC EETS N T AQ CC A DQ SS TP NRE S AQ AS QE KGH T AQ SS ED N SQ ES T NO ST AQ SS ED T NO ST AQ SS EE SN T AQ DS G TQ AS KE EE SN T AQ DS G TQ AS KE EE SN T TQ QS EE ER N S AQ AS QE EV D	EASHPA — (ETPH — (ETPH — (TTSR — ESSA(KD- (EERD —
ACMV BCAMV BDMV BGMV-BZ BGYMV ChaYMV ChAYMV CAYWV-BZ CLICuV DIYMOV MAYMEV OYVMV-201 PEPCMV PYMV-VE RhGMV SIGMV SIGMV SIGMV SLCV	ST DUPPEN ST DUPPEN ST TYPENQ ST TYPENQ	E W AD W - R D E W AD W - R D E W AD YF GR G E W AD YF GR S E W AD YF GR S E W AD YF GR S E W AD YF GR G E W AD YF GR G	21         SA.R W         M.AR.4         SA.R W         MAR.W         MAR.W         MAR.W         MAR.W         MAR.W         MAR.W         SA.R W         SA.R W		IV EQST IV EQST II VEQST II VEQST	"	HIVLOGH DL HIVLSGH DF HIVLSGH DF	S EK VE INI AAW N SS VY SNEVE N SK VF DD EV E N SK VF DD EV E N SK VF SN SV E S EK VF SN SV E S EK VF SN SAW N SK VF SN EV E N SR VF SN DV E N SR VF SN DV E N ER VF SN EV E N SK VF SN EV E	NVI DOVD H NVI DOVD H NVI DO IS PQ NVI DOVA HI NIVI DO IS PN NVI DOVA HI NVI DO IS PN NVI DOVA HI NVI DOVA HI NVI DOVA PQ NVI DOVA PQ	YIKHKEK YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI	HI SQ RD INQ SN IG AQ RD INQ SN IG AQ RN INQ SN IG AQ RN INQ SN IG AQ RN INQ SN IG AQ RD INQ SN	- TK YG KP VQ I - CK Y	KGGI PI TFIC KGGI PI TFIC KGGI PS IVIC KGGI PS IVIC	N PG PT SS YKE N PG EG AS YKD N PG EG SS YKA N PG EG AS YKE N PG EG AS YKE N PG EG AS YKE N PG EG AS YKD N PG EG AS YKD	FLAE EX (E AL FL KE EN AL	KANAL KNALF KANAL KNALF KANAL KNALF KANAL KNALF KANAL KNALF KANAL KNALF RENTI KNALF KANAL KNALF	IT LT EP LN SG IF LN TP LN QG IF LN TP LN QG IF LN SP LN QG IF LN SP LN QG IT LT AP LN QG IF LD SP LN QT IF LD SP LN QT IF LD SP LN QT IT LT SA LN QD IF LG CP LN QG	SIQ SH SQTS Q T AQ CR ——— G TQ AS QA AGD S TQ SC ET SIN T AQ CC 0T —– A DQ SS TPI RE S AQ AS QE KGH T AQ SS ED —– N SQ ES ——— T PQ ———— T PQ ST AQ SS ED —– T AQ DS ——— T AQ DS ME ES N L NQ AS QE ES H T TQ GE EE EN T TQ GE EE EN T Q GE EE EN T Q QS CE EV D T AQ CC ———	EASHPA — (ETP H — (TTS R — (TTS R — ESS SA (KD (ET D — ET QLEES SS (ET H — ET D A — SP — (ET R — SP — (ET R — (ET R — SP — (ET R — (ET
ACMV BCAMV BDMV BGMV-BZ BGYMV ChaYMV ChAYMV CHICUV CLICUV DIYMOV MAYMFV OYVMV-201 PPCMV PYMV-VE RhGMV SIGMV SIGMV SIGMV SIGMV SLCV SMLCV-IV	ST DUP ENQ ST TUP ENQ	E WAD WAD WARD E WAD DU YF GR G E WAD DU YF GR D E WAD DU YF GR D E WAD DU YF GR D HWAE YF GR S E WAD DU YF GR G E WAD DU YF GC D D WAD DU YF NG C E WAD DU YF NG C	20       SARE       MARA       SARE       SARE       SARE       SARE       MARH       SARE       MARH       SARE       MARH		IV EQ ST IV EQ ST II VE Q ST	"	HIVIL OF HE DE LE	S EKVEINIAAW NS VY SNEVE NSKVF TD EVE NSKVF SNEVE S EKVF SNEVE S EKVF SNEVE S EKVF SNEVE NSRVF SNEVE S EKVF SNEVE S EKVF SNEVE S EKVF SNEVE NERVF SNEVE NSRVF SNEVE NSRVF SNEVE	NVI DOVD H NVI DOVD H NVI DO IS PQ NVI DO IA HI NVI DO IA HI NVI DO IA HI NVI DO IA HI NVI DO VA HI NVI DOVA HI NVI DOVA PQ NVI DOVA PQ	YIL-KHKEK YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI	MG SQ RD INQ SN IG AQ RD INQ SN IG AQ RN INQ SN IG AQ RN INQ SN IG AQ RN INQ SN IG AQ RD INQ SN	- TK YG KP VQ I - CK Y	KGGI PT IFIC KGGI PT IFIC KGGI PS IVIC KGGI PS IVIC	N FGETS VKE N FGEGAS VKD N FGEGAS VKE N FGEGAS VKE N FGEGAS VKD N FGEGAS VKD	FLAE EX (E AL FL IX EE IN SL FL IX AE IN SL FL IX AE IN SL FL IX AE IN SL FL IX AE IN SL	KANAL KNALF KANAL KNALF KANATL KNALF KANATL KNALF KANATL KNALF KANAL KNALF RUNTL KNALF RUNTL KNALF KANAL KNALF KANAL KNALF KANAL KNALF KANALKAAF KANALKAAF KANALKAAF KANALKAAF KANALKAAF KANALKAAF KANALKAAF KANALKAAF	IT LT EP LN SG IF LN TP LN QG IF LN TP LN QG IF LN SF LN QG IF LN SF LN QG IF LN SF LN QG IF LN SF LN QG IF LG PLN QG IF LG PLN QG IF LG PLN QG IF LG SF LN QG	SIQ SH SQTS Q T AQ CR G TQ AS QA AGD S TQ SC EETSN T AQ CC QT A DQ SS TPIRE S AQ AS QE KGH T AQ SS ED N SQ ES T TQ ST AQ GS E T AQ CS EE RN T Q GE EE RN S AQ AS QE EV D T AQ CC T AQ CC	EASHPA —
ACMV BCAMV BDMV BGMV-BZ BGYMV ChaYMV ChIYW CLICUV CLICUV DIYMOV MAYMEV OYVMV-201 PEPCMV PYMV-VE RhCMV SIGMV SIGMV SIGMV SIGMV SLCV SMUCV-IV SYMCV	ST DUPPEL ST TVP DENQ ST TVP DENQ	E WAD WHERD E WADD YF GR G E WADD YF GR D E WADD YF GR G E WADD YF NE C E WADD YF NE C	21         SARW —         MARA —         SARE —         SARE —         SARE —         MARH —         SARE —         MARH —         SARE —         MARM —         SARE —         MAR M         SARE —         MAR M         SARE —         SARE M		IV IE O ST II VE O ST	"	HIVILOGH DL HIVILOGH DL HIVILOGH DF HIVILOGH DF HIVILOGH DF HIVILOGH DF HIVILOGH DL HIVILOGH DL HIVILOGH DL HIVILOGH DL HIVILOGH DL HIVILOGH DL HIVILOGH DL HIVILOGH DL HIVILOGH DE HIVILOGH DE	S EK VE INI AAW N SS VY SNEVE N SK VF DE VE N SK VF DE VE N SK VF SNEVE S EK VF SNEVE S EK VF SNEVE N SR VF SNEVE N SR VF SNEVE S EK VF SNEVE N SK VF SNEVE	200 2017 2	YIL-KHKEK YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI	MS SQ RD INQ SM IG AQ RD INQ SM IG AQ RM NQ SM IG AQ RM NQ SM IG AQ RM NQ SM IG AQ RD INQ SM	- TK YG KP VQ I - CK Y	KGGI PT IFIC KGGI PS IVIC KGGI PS IVIC	N FGET SS VKE N FGEGAS VKD N FGEGAS VKD	FLAE EX (E AL FL IX EE IN AL FL IX AE IN AL FL IX AE IN AL	KANAL KNALF KANAL KNALF KANATL KNALF KANATL KNALF KANATL KNALF KANAL KNALF RANATL KNALF RANATL KNALF KANAL KNALF KANATL KNALF KANATL KNALF KANATL KNALF KANATL KNALF KANATL KNALF RANATL KNALF	IT LT EP LN SG IF LN TPL V (S IF LN TPL V (S IT LST LN QE IF LN SPL I QS IT LT SPL I QS IF LT SPL I QS IF LS SPL I QS I SS I SS I SS I SS I SS I SS I SS	SNQ SH SQTS Q           TAQ CR           GTQ AS QA AGD           STQ SC EETSN           TAQ CO T           ADQ SS TPIRE           SAQ AS QE CETSN           TAQ CO T           ADQ SS TPIRE           SAQ AS QE CETSN           TAQ CO T           ADQ SS TPIRE           SAQ AS QE CETSN           TAQ CO T           TQ SEE CETSN           TQ SEE CETSN           TQ CO T           TQ SEE CEN           TQ GE CEEN           TQ CO T           TQ CO T           TQ CO T           TQ CR T	EASHPA — — (ETP H — — — (TTS R — — — ES SHSA (KID (E EA D — — — — — — — — — — — — — ET QUE ES RS — — — — — QUE TH — — — SP — — — — — QE TH D — — — — — — — — — — QE TH D — — — — — — — — — — — — — — — — — —
ACMV BCAMV BDMV BGMV-BZ BGYMV ChaYMV ChIYW CLICUV CLICUV DIYMOV MAYMEV OYVMV-201 PePCMV PYMV-VZ RhCMV SIGMV SIGMV SIGMV SIGMV-BZ SIYVV SLCV SYMCV-IV SYMCV TGMV-IV	ST DUP END ST DUP END ST TVP END	E WAD WY-RD E WADD YY GRG E WADD YY GRS E WADD YY GRS E WADD YY GRS E WADD YY GRS E WADD YY GRG E WADD YY FRC C WADD YY FRC E WADD YF FRC E WA	23.4R W            MARA            SAARE		IV IE O ST II VE O ST	"	HIVILOGH DL HIVILOGH DL HIVILOGH DF HIVILOGH DF HIVILOGH DF HIVILOGH DF HIVILOGH DF HIVILOGH DL HIVILOGH DL HIVILOGH DL HIVILOGH DL HIVILOGH DL HIVILOGH DF HIVILOGH DF	S EK VE INI AAW N SS VY SNEVE N SK VF DE VE N SK VF DE VE N SK VF SN SA SE VY SN SA SE VY SN SA N SK VF SN SA N SK VF SN DA SE VY SNEVE S EK VF SN DA N SK VF SN DA N FF SN	200 2017 2	YIL-KHKEK YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI	MS 32 RD 102 SN IG A2	- TK YG KP VQ I - CK Y	KGGI PT IFIC KGGI PT IFIC KGGI PS IVIC KGGI PS IVIC	N FGET SS VKE N FGEGAS VKC N FG	FLAEEX (EAL FL KE ENA SL FL KA ENA SL	KANAL KNAIF KANAL KNAIF KANATI CANAF KANATI CANAF HANATI CANAF KANATI CANAF RANATI CANAF RANATI CANAF MANATI CANAF KANATI CANAF KANATI CANAF KANATI CANAF KANATI CANAF RENATI CANAF KANATI CANAF RENATI CANAF KANATI CANAF KANATI CANAF KANATI CANAF KANATI CANAF KANATI CANAF KANATI CANAF	IT LT EP LN SG IF LN TPL V (S IF LN TPL V (S IF LN TPL V (S IF LN SPL V (S IT LT SPL V (S IT LS PL V (S) IT LS PL V (S IT LS PL V (S) IT LS PL V (S)	SIQ SH SQTS Q T AQ CR —	EASHPA — — (ETP H — — (TTS R — — ESSHSACKD (EEAD — — — — — — — — — — — — — — —
ACMV BCAMV BDMV BGMV-BZ BGYMV ChaYMV CHICU CLICUV CLICUV DIYMOV MAYMEV OYVMV-201 PePGMV OYVMV-201 PePGMV OYVMV-201 PePGMV SIGMV SIGMV SIGMV SIGMV SIGMV SIGMV SLCV SMLCV-IV SYMGV TGMV-FL	ST DUP END ST DUP END ST TUP END	E WADNY-RD E WADDYFGRG E WADDYFGC E WADYFGC E WADYF	21         SARR         MARA         SARE         SARE         SARE         SARE         SARE         SARE         MARE         SARE		IVEORT IVEORT	"	HIVLOGH DL HIVLOGH DL HIVLSGH DF HIVLSGH DF	S EK VE INI AAW N SS VI SNEVE N SK VF TD EV E N SK VF SN HAE N SK VF SN HAE S EK VF SN HAE N SR VF SN SNE S EK VF SN SNE N SR VF SN DVE N SR VF SN DVE N SR VF SN DVE N SK VF SN DAE N SR VF SN DAE	200 2017 2	YIL-KHKEK YIKIKHKE YIKIKHKE YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI YIKIKHKEI	MS 32 RD 102 SN IG A2	- TK YGKP VQ I - CK YGKP VQ I	KGGI PT IFIC KGGI PT IFIC KGGI PS IVIC KGGI PS IVIC	N FGET SS VKE N FGEGAS VKC N FGEGAS VKE N FG	FLAEEX (EAL FL IK EE NA SL FL IK AE NA SL	KANAL KNALF KANAL KNALF KANATI CANALF KANATI CANALF KANATI CANALF KANATI CANALF RANATI CANALF RANATI KNALF KANALKAALF KANATI KNALF KANATI KNALF	IT LEP LN 95 IF LN PL 105 IF LS	SIQ SH SQTS Q T AQ CR —	EASHPA — — (ETP H — — (ETP H — — (ETS R — — ESSHSA(KD (EEA D — — — — — — — — — — — — — — —
ACMV BCAMV BDMV BCMV-BZ BGYMV ChaYMV CdTV CulCuV DiYMV DiYMV- DIYMV-V DIYMV-V OYVMV-201 PePGMV OYVMV-201 PePGMV OYVMV-201 PePGMV SIGMV SIGMV SIGMV SIGMV SIGMV SIGMV-BZ SIYW-BZ SIYW-BZ SIYW-BZ SIYW-BZ SIYW-TCMV TCMV-TV TOMOV-FL TORMV	ST DUP END ST DUP END ST TVP END	E WAD WH-RD E WAD WH-RD E WAD DYF GR G E WAD DYF GR G D WAD DYF GR G E WAD DYF GR G E WAD DYF GR G E WAD DYF GR D E WAD DYF GR D D WAD QYF GR S E WAD DYF GR G E WAD DYF GR G D WA GH YF NE C Q WAD WH GY G E WAD DYF GR G D WA GH YF NE C Q WAD WH GY G D WA GH YF GC G D WA CH YF GF G D WA CH YF G G	21         SAR W         SAR E         SAR E         SAR E         SAR E         SAR E         SAR E         ARR M         SAR E		IVEORT IVEORT	<ul> <li>ATTINARSIGP</li> <li>KTINARSIGP</li> <li>KTINARSIGP</li></ul>	HIVILOGH DL HIVILOGH DL HIVILOGH DC HIVILOGH DC	S EK VE INI AAW N SS VI SNEVE N SK VE TDEVE N SK VF SDEVE N SK VF SN HAE N SK VF SN HAE N SK VF SN HAE N SK VF SN HAE S EK VF SN DAVE S EK VF SN DAVE S EK VF SN DAVE N SK VF	200 2017 2	Y L-KHKEK Y LKKKKEL Y LK LKHKEL Y LK LKHKEL	MS 20 PD 100 SM IG AQ PD 100 SM	- TK YGKP VQ I - CK YGKP VQ I	KGGI PT IFIC KGGI PT IFIC KGGI PS IVIC KGGI PS IVIC	N FGET SS VKE N FGEGS VKD N FGEGSS VKE N FGEGSS VKE N FGEGSS VKE N FGEGSS VKD N FGEGSS VKD	FLAEEX (EAL FL KEENA SL FL KEENA SL	KANAL KNALF KANAL KNALF KANATI KNALF RAMITI KNALF KANATI KNALF RAMITI KNALF RAMITI KNALF RAMITI KNALF KANALKNALF KANALKNALF KANALKNALF KANATI KNALF RAMITI KNALF RAMITI KNALF RAMITI KNALF KANATI KNALF KANALKALF KANATI KNALF KANATI KNALF KANATI KNALF KANATI KNALF KANATI KNALF KANATI KNALF KANATI KNALF KANALKALF KANATI KNALF	IT LEP LY SG IF LINTPLY (S IF LINTPLY (S)	SIQ SH SQTS Q TAQ CR — — — GTQ AS QA AGD S TQ SC EE TSN TAQ CC QT — — A DQ SS TP NRE S AQ AS QE KGH TAQ CS SE D — — NSQ ES — — — TN Q ST AQ GS E TAQ CS = — — GTQ AS KE EGN L NQ AS SQT RE S TQ AG QE EEN TQ QS EE ERN S AQ AS QE EVD TAQ CC — — TQ QS = = TAQ CC — — TQ QS = = TAQ STQ SS = — — S TQ AS QE TGN S TQ SS = — — S TQ AS QE TGN S TS CC — —	EASHPA — — (ETP H — — — (ETP H — — — (ETP H — — — (ETP H — — — ES SHSA (KID- (EE AD — — — — — — — — (EE H — — — ET DE A — — — SP — — — — — (ET AD — — — — — — — — — (ET AD — — — — — — — — — — — — (ET AD — — — — — — — — — — — — — — — — — —
ACMV BCAMV BDMV BCMV-BZ BGYMV ChaYMV CdTV CulCuV DiYMOV DiYMOV MAYMFV OYVMV-201 PePGMV PYMV-VE RhCMV SiMOV-BZ SiYMV-BZ SiYMV-BZ SiYWV-BZ SiYWV-BZ SiYWV-BZ SiYWV-BZ SiYWV-TC SYMOV TCMV-TV TOMOV-FL TORMV TYLCV	ST DUP EIG ST DUP EIG ST TUP EIQ ST TUP EIQ ST DUP EIQ	E WA DOWN-RD E WA DOWN-RD E WA DO YF GR G E WA DO YF GR G D WA DO YF GR G D WA DO YF GR G E WA DO YF GR G E WA DO YF GR D E WA DO YF GR D D WA DO YF GR S E WA DO YF GR S E WA DO YF GR S E WA DO YF GR G E WA DO YF GR G E WA DO YF GR G E WA DO YF GR G D WA GH YF NE C Q WA DO YF NE G E WA DO YF GR G D WA GH YF NE C Q WA DO YF GR G D WA GH YF NE C D WA CO YF GR G E WA DO YF GR G D WA GH YF GR G E WA DO YF GR G D WA GH YF GR G E WA DO YF GR G D WA CO WF GR G E WA CO WF CR S E WA DO YF GR G D WA CO WF CR G E WA CO WF CR G D WA CO WF CR G D WA CO WF CR G E WA CO WF CR G D WA	21         SARW         AARA         SARE         SARE         SARE         SARE         AARE         SARE         ARE         ARE         ARE         ARE         ARE         ARE		IVEORT IVEORT	KTINARSIGP	HIVILOGH DL HIVILOGH DL HIVILOGH DC HIVILOGH DC	S EK VE INI AAW N SS VI SNEVE N SK VE TDEVE N SK VE SNEVE S EK VF SNEVE N SR VF SNEVE N SK VF SNEVE S EK VF NNEVE S EK VF NNEVE	200 2017 2	Y LKHFKEF Y LK-KHKEL Y LK LKHKEL Y LK LKHKEL	MS 20 PD 102 SN IG AQ	- TK YGKP VQ I - CK YGKP VQ I	KGGI PT IFIC KGGI PT IFIC KGGI PS IVIC KGGI PS IVIC	N FGET SS VKE N FGEGS VKD N FGEGS VKE N FGEGS VKE N FGEGS VKE N FGEGS VKD N FG	FLAEEX (EAL FLIKEE NA SL FLIKEE NA SL	KANAL KNALF KANAL KNALF KANATL KNALF RAMITL KNALF RAMITL KNALF RAMITL KNALF RAMITL KNALF RAMITL KNALF RAMITL KNALF KANAL KNALF RAMITL KNALF	IT LEP LY SG IF LN PL V SG IF LSP LY SG IF LEP LY SG IF LEP LY SG IF LEP LY SG IF LEP LY SG IF LSP LY SG	SIQ SH SQTS Q TAQ CR — — — GTQ AS QA AGD S TQ CC ETSN TAQ CC QT — — A DQ SS TPIRE S AQ AS QE SETSN TAQ CC QT — — N SQ ES — — — T Q SS ED — — N SQ ES — — — T Q ST AQ SS ED — T AQ CS ST AQ SS ED SN T Q	EASHPA —
ACMV BCAMV BDMV BCMV-BZ BGYMV ChaYMV CdTV CulCuV DiYMV DiYMV- DiYMV- DIYMV- DIYMV- OYVMV-201 PePGMV PYMV-VE RhCMV SiMV-201 PePGMV PYMV-VE SiMOV-BZ SiYMV-BZ SiYMV-BZ SiYWV-BZ SiYWV-BZ SiYWV SLCV SMLCV-IV SYMOV TCMV-TV TOMOV-FL TORMV TYLCV WmCSV	ST DUP EIG ST DUP EIG ST TVP EEQ ST TVP EEQ	E WAD WY-RD E WAD WY-RD E WAD DYY GR G E WAD DYY GR G D W DD YY GR G D W DD YY GR G E WAD DYY GR G E WAD DYY GR G E WAD DYY GR G D WAD DYY GR G E WAD DYY GR G D WA GU YY GR G D WA GU YY GR G D WA GU YY GR G D WA CH YY FR C Q WA EN YY GR G D WA CH YY FR C D WA C	21         SAR W         AARA         SAR E         SAR E         SAR E         SAR E         AAR W         SAR E         SAR E         AAR W         SAR E         AAR W         AAR W         SAR E         AAR W         SAR E         AAR B         AAR B         AAR B         AAR B         AAR B         AAR B         SAR E         AAR E		IVEORT IVEORT	KTIVARSIGP     KTIVARSIGP     KTIVARSIGP     KTIVARSIGP     KTIVARSIGP     KTIVARSIGF	HIVILOGH DL HIVILOGH DL HIVILOGH DC HIVILOGH DC	S EK VE INI AAW N SS VI SNEVE N SK VE TDEVE N SK VE SDEVE N SK VE SDEVE S EK VI SN SAW N SK VI SNEVE S EK VI SNEVE S EK VI SNEVE S EK VI SNEVE N SK VI SNEVE S EK VI SNEVE S EK VI NNEVE S EK VI NNEVE S EK VI NNEVE S EK VI NNEVE S EK VI NNEVE	200 2017 DO VO HH 2017 DO VO HH 2017 DO IS PQ 2017 DO VA HH 2017 DO VA HH 2017 DO VA HH 2017 DO VA HH 2017 DO VA PQ 2017 DO VA PQ 2	Y L-KHKEK Y LKHKEK Y LK KKEK Y LK LKHKEL Y LK LKHKEL	III GAZ RDIQ SN IG AQ RDIQ SN	- TK YGKP VQ I - CK YGKP VQ I	KGGI PT IFIC KGGI PT IFIC KGGI PS IVIC KGGI PT IVIC KGGI PT IVIC	N FGET SS VKE N FGEGS VKD N FG	FLAEEX (EAL FL KEE NA SL FL KEE NA SL	KANAL KNALF KANAL KNALF KANATL KNALF RAMTL KNALF RAMTL KNALF RAMTL KNALF RAMTL KNALF RAMTL KNALF RAMTL KNALF KANTL KNALF KANTL KNALF KANTL KNALF RAMTL KNALF KANTL KNALF RAMTL KNALF RAMTL KNALF KANTL KNALF RAMTL KNALF RAMTL KNALF	IT LT EP LN 95 IF LN TPLN 95 IF LN TPLN 95 IT LN TPLN 95 IT LN TPLN 95 IT LN SPLN 95 IF LS SPLN 95 IF LS SPLN 95 IF LS SPLN 95 IF LN SPLN 95 IF LN SPLN 95 IT LN 95 IT LN SPLN 95 IT LN	SIQ SH SQTS Q TAQ CR — — — GTQ AS QA AGD S TQ CE ETSN TAQ CC QT — — ADQ SS TPIRE E SAQ AS QE ETSN TAQ CC QT — — ADQ SS TPIRE E SAQ AS QE KGH TAQ CS = — — — TQ ST AQ CS E TAQ CS = — — TQ AS KE EGN LIQ AS SQ TAS STQ AS QE ERN TAQ CS = EERN SAQ AS QE ERN SAQ AS QE ERN SAQ AS QE CSN STQ SS — — — STQ SS CS — — TQ QA TPINS Q E HQ CQ TQ TRO	EASHPA —— (ETPH —— (ETPH —— (ETPH —— (ETPH —— ESSRA(KD (EEPH —— ESSRA(KD (EEPH —— ETQLEISRS (EETH —— ETQLEISRS SP——— (ETAD —— (ETAD

Figura 1. Alineamiento de la secuencia de aminoácidos de la región aminoterminal de la proteína Rep para diferentes geminivirus.



Figura 2. Árboles filogenéticos obtenidos a partir de las secuencias nucleotídicas parciales de los genes *cp* (A) y *rep* (B) para 27 geminivirus. Los árboles filogenéticos fueron obtenidos por el método de máxima parsimonia del programa MEGA 3 (Kumar *et al.* 2004). Los parámetros utilizados fueron los predeterminados, con la excepción de una prueba con 500 bootstrap con un valor aleatorio inicial de 64348. La escala bajo el árbol es una medida de la distancia relativa entre las secuencias y los números entre las ramas corresponden a los bootstraps.

		<	П			-		$\rightarrow$ 1	
MCMV SYMMoV SMLCV SLCV BCaMV CuLCuV	ATTTGAA TTTTTGTAAA -TTTCGTAAT ATTTCGTAAA -ATTTGTAAA -ATTTGTAAA	GAAAAGTGGA TATGACCCAG AAAAACCCAG TATGCATCGG TATGAGCCAG TAAGAGCCAG	GACACCA GG GACACCA GG GACACCA GG GACACCA GG GACACCA GG GACACCA GG GACACCA GG GACACCA GG	GA-GTCCTCT GG-AGCTCTC AG-AGCTCTC GG-TGTCCTC GGGAGCTTTC GG-AGCTCTC	TCTAAAACCT TCAAAAAGTC TCTAAAACT TCTAAAACCT TCAACTTTCT TCCAAAACCT TCCAGAAACT	AT-TATTTAT CTATATTTGT AT-TATTGCT CA-TATTGCT AT-TGTTTTT AT-TGTTTGT	GGTGTTT GG GGTGTCC FGG GGTGTCC FGG GGTGTCC FGG GGTGTCC FGG GGTGTCC FGG	TGTCTCATAT TGTCCFATAT TGTCCCATTT TGTCCCATTT TGTCCCATAT TGTCCCATAT TGTCCCATTT	ATACTACAAG ATACTACAAG ATACTACAAG ATACTACAAG ATACTACAAG ATACTACAAG ATAFCTAAAG
	100	110	120			IV 150	<b>III</b> 160	170	180
MCMV SYMMoV SMLCV SLCV BCaMV CuLCuV	TATAA GCTCTAGAAG AACTC ACACATAAAG TCTCTTTAGG GCTAAAAGTC	GTCATAAAGG GCTCCTTAGG TCTGGGGAGG CCTCTAGGGG CCTCTTAGGG TCTACCTAGG	TTCTTAAGGG ACACCA-GGG ACACCA-GGG ACACCAAGGG ACACCA-TGG ACACCAAGGG	GTAAAATCGC GTAAATTCGG GCAAAATCGG GCAAAATCGG GCAAAATCGG GCAAAATCGG	CCATCCACGA CCATCCGCAA CCATCCGCAA CCATCCGCAA CCATCCGCAA CCATCCGCAA	TAATATTAC T TAATATTAC C TAATATTAC C TAATATTAC C TAATATTAC C TAATATTAC C	GGATGCCCGC GGATGGCCGC GGATGGCCGC GGATGGCCGC GGATGGCCGC GGATGGCCGC	CGTTTTCT-G CCTTTTTTTG AAATTTTTTG CCGTTTTT-G GATTTTTTG AAATTTTT-G	GAGTCCTGCT GTGTCCTACA GTGTCCTACT GTGTCCTCT- GTGTCCTCTC GTGTCCTCTC
MCMV SYMMoV SMLCV SLCV BCaMV CuLCuV	TTTACGC CTTTAGC TTTCCAAGGC TTTCCAAGGC -ACTTTAGCC TCTC GGCCCAAGGC	ATGGGGC CCAGGCCCA- CCAGGCCCA- CACGGGGCAG  CCAGCCCAAA	GCCCAGGCCC	CTTTTGTGGT AAGCAAC AACTCAAC AATCAAC GGTCCACGTG ATGATTCAAC	CATTACATCA CACAACCTTT CACAACCTTT CACAACCTTT TCCCATACCC CACAACTT	GGGCCA GTTTTTT TACTTTAAT- TTTTATTTAAT- TTTTATTTTA	CCAAATGTTG TGGGACCAC- TGGGACCAC- TGGGACCAC- TGGGACCAC- GGACCACG TTGGACCACG	ATAACGATAT TACAATTATA TACAAGTATA TACAAGTATT TTTAATTATT CCA TAAAAGAATA	CTGACCAATC TCGACCAATC TCGACCAATC TCGACCAATC CCAACCAACC TCGTCCAATC CGCACCAACC
MCMV SYMMoV SMLCV SLCV BCaMV CuLCuV	AGATTGTTTC ATATTGACCC ACATGTTTC ACGTTCCGCC ATAACGCGCC GCGTTGCTTC	TGGCGCGTCT ATGACAGTCT TGTGGTGACT TGACGAGTCT TGCTGAGTTT TGACAAGTCT	ACTTACCTAT AGATAATGAT AGTTATT-AT A-ATAATAAT AAATATTTAA ACATATTTAA	GACTTGTTAA GACTTGGTGA AGCTTGGTGC GCCTTGGTGA AACTTACTCA GCTTTCTTGA	CTAAG-CGTG ATAAG-CGTG CTAAG-TGTG CTAAG-TGTG CAAAGTTCGA CTAAGACGTG	-TGTCT-ATA GTCCCT-ATA GTCCCT-ATA GTCCCT-ATA GTCCCT-ATA TGAGGATAAA GTCCTTTATC	AAGGAAGGCG AATTAAAGCT AATTAAAGCT AATTAAAGCT TACGTTGGAC TATAAATGAT	AGTTGTCATT GTCTAAGC GATACCGC GACATATC GACTCCCGAT AATG-ACAAT	TCATGTCAGC CCATACCT-C CCATACGT-C CCATACCT-C ATTTTCGT-C TTAGGACA-C
MCMV SYMMoV SMLCV SLCV BCaMV CuLCuV	TTTAATTCAA TTTAATTCGA TTTAACTTAA TTTAATTCAA TTTAATTCGA TTTAACTCAA	A A A A A A A							

Figura 3. Secuencias de las regiones intergénicas de los begomovirus que pertenecen al grupo del SCLV. Se destacaron la caja TATA del promotor para el gen *rep* (I), los iterones o sitios de unión de la proteína Rep (II) y la estructura conservada de tallo (III) y asa (IV).

## Agradecimientos

Este trabajo fue financiado parcialmente por el *International Centre for Genetic Engineering and Biotechnology* (ICGEB), *Collaborative Research Programme* 2002. Los autores agradecen la colaboración de Rafael Rivera-Bustamente (CINVES-TAV, Irapuato, México) por sus sugerencias.

# Literatura citada

- Arguello-Astorga, GR; Guevara-Gonzalez, RG; Herrera-Estrella, LR; Rivera-Bustamante, RF. 1994. Geminivirus replication origins have a group-specific organization of iterative elements: A model for replication. Virology 203:90-100.
  - ;Lopez-Ochoa, L; Kong, LJ; Orozco, BM; Settlage, SB; Hanley-Bowdoin, L. 2004. A novel motif in geminivirus replication proteins interacts with the plant retinoblastoma-related protein. Journal of Virology 78(9):4817-4826.
- Brown, JK; Ostrow, KM; Idris, AM; Stenger, DC. 1999. Biotic, molecular, and phylogenetic characterization of *bean calico mosaic virus*, a distinct begomovirus species with affiliation in the squash leaf curl virus cluster. Phytopathology 89:273-280.

; Idris, AM; Alteri, C; Stenger, D. 2002. Emergence of a New Cucurbit-Infecting Geminivirus Species Capable of Forming Viable Reassortants with Related Viruses in the *Squash leaf curl virus* Cluster. Phytopathology vol 92:7:734-742.

- Chatterji, A; Beachy, R; Fauquet, CM. 2001. Expression of the oligomerization domain of the replication-associated protein (rep) of tomato leaf curl New Delhi virus interferes with DNA accumulation of heterologous geminiviruses. The Journal of Biological Chemistry 276(27):25631-25638.
- Dellaporta, SL; Wood, J; Hicks, JB. 1983. A Plant DNA Minipreparation Versión II. Plant Molecular Biology Reporter 4:19-21.
- Elmer, JS; Brand, L; Sunter, GE; Gardiner, E; Bisaro, DM; Rogers, SG. 1988. Genetic analysis of tomato golden mosaic virus II. The product of the AL1 coding region is required for replication. Nucleic Acids Research 16:7043-7060.
- Fontes, EPB; Luckow, VA; Hanley-Bowdoin, L. 1992. A geminivirus replication protein is a sequence-specific DNA binding protein. Plant Cell 4:597-608.
  - \_\_\_\_\_; GladFelter, HJ; Schaffer, RL; Petty, ITD; Hanley-Bowdoin, L. 1994a. Geminivirus replication origin has a modular organization. Plant Cell 6:405-416.
  - ; Eagle, PA; Sipe, PS; Luckow, VA; Hanley-Bowdoin, L. 1994b. Interaction between a geminivirus replication protein and origin DNA is essential for virus replication. The Journal of Biological Chemistry 269:8459-8465.
- Frischmuth, T; Engel, M; Lauster, S; Jeske, H. 1997. Nucleotide sequence evidence for the occurrence of three distinct whitefly-transmitted, *Sida* infecting bipartite geminiviruses in Central America. Journal of General Virology 78:2675-2682.
- Gilbertson, RL; Hidayat, SH; Paplomatas, EJ; Rojas, MR; Hou, YM.; Maxwell, DP. 1993. Pseudorecombination between infectious cloned DNA components of tomato mottle and bean dwarf mosaic geminiviruses. Journal of General Virology 74:23-31.

- Hall, TA. 1999. BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. Nucleic Acids Symp. Ser. 41:95-98.
- Hanley-Bowdoin, L; Elmer, JS; Rogers, SG. 1990. Expression of functional replication protein from tomato golden mosaic virus in transgenic tobacco plants. Proceedings of the National Academy of Science USA 87:1446-1450.
- Holdridge, LR. 1967. Life zone ecology. San José, CR, Tropical Science Center. 216 p.
- Karkashian, JP; Maxwell, DP; Ramírez, P. 2001. Squash yellow mottle virus: a new cucurbit-infecting geminivirus form Costa Rica. Reunión Anual APS-CD (41, 2001, Cuba). Memorias. Varadero, CU. p. 68.
- Kong, LJ; Orozco, BM; Roe, JL; Nagar, S; Ou, S; Feiler, HS; Durfee, T; Miller, AB; Gruissem, W; Robertson, D; Hanley-Bowdoin, L. 2000. A geminivirus replication protein interacts with the retinoblastoa protein through a novel domain to determine symptoms and tissue specificity of infected plants. The EMBO Journal 19(13):3485-3495.
- Kumar, S; Tamura, K; Nei, M. 2004. MEGA3: Integrated software for Molecular Evolutionary Genetics Analysis and sequence alignment. Briefings in Bioinformatics. (*En revisión*).
- Lazarowitz, SG. 1992. Geminiviruses: Genome structure and gene function. Critical Reviews in Plant Sciences 11:327-349.
- Lucioli, A; Noris, E; Brunetti, A; Tavazza, A; Valentino, Ruzza; Araceli, G; Bejarano, E; Acotto, GP; Tabaza, M. 2003. Tomato yellow leaf curl Sardinia virus rep-derived resistance homologous andheterologius geminivirus occurs by different mechanisms and is overcome if virus-mediated transgene silencing is activated. Journal of Virology 77(12):6785-6798.
- Mansoor, S; Briddon, RW; Zafar, Y; Stanley, J. 2003. Geminivirus disease complexes: an emerging threat. Trends in Plant Science 8(3):128-134.
- Morales, F; Anderson, P. 2001. The emergence and dissemination of whitefly-transmitted geminiviruses in Latin America. Archives of Virology 146:415-441.
- Mayo, MA; Pringle CR. 1998. Virus Taxonomy-1997. Journal of General Virology 79:649-657.
- Noueiry, AO; Lucas, WJ; Gilbertson, RL. 1994. Two proteins of a plant DNA virus coordinate nuclear and plamodesmal transport. Cell 76:925-932.
- Orozco, BM; Miller, AB; Settlage, SB; Hanley-Bowdoin, L. 1997. Functional domains of geminivirus replication protein. The Journal of Biological Chemistry 272:9840-9846.
- Padidam, M; Beachy, RN; Fauquet, CM. 1995. Classification and identification of geminiviruses using sequence comparisons. Journal of General Virology 76:249-263.
- Ramos, PL; Guevara-González, RG; Peral, R; Ascencio-Ibañez, JT; Polston, JE; Arguello-Astorga, GR; Vega-Arregún, JC; Rivera-Bustamente, RF. 2003. Tomato mottle virus pseudorecombines with PYMV but not with ToMoV: Implications for the delimitation of cis- and trans-acting replication specificity determinants. Archives of Virology 148:1697-1712.
- Revington, GN; Sunter, G; Bisaro, DM. 1989. DNA sequences essential for replication of the B genome component of tomato golden mosaic virus. Plant Cell 1:985-992.

- Rojas, MR; Gilbertson, RL; Russell, DR, Maxwell, DP. 1993. Use of degenerate primers in the polymerase chain reaction to detect whitefly-transmitted geminiviruses. Plant Disease 77:340-347.
- Sambrook, J; Fritsch, EF; Maniatis, T. 1989. Molecular cloning. A laboratory manual. 2 ed. New York, US, Cold Spring Harbor Laboratory. 574 p.
- Sunter, G; Hartitz, MD; Hormuzdi, SG; Brough, CL; Bisaro, DM. 1990. Genetic analysis of tomato golden mosaic virus: ORF AL2 is required for coat protein accumulation while ORF AL3 is necessary for efficient DNA replication. Virology 179:69-77.
- ; Bisaro, DM. 1992. Transactivation of geminivirus AR1 and BR1 gene expression by the viral AL2 gene product occurs at the level of transcription. Plant Cell 4:1321-1331.

- \_\_\_\_; Gardiner, WE; Rushing, AE; Rogers, SG; Bisaro, DM. 1987. Independent encapsidation of tomato golden mosaic virus A component DNA in transgenic plants. Plant Molecular Biology 8:477-484.
- Yang, Y; Sherwood, TA; Patte, CP; Hiebert, E; Polston, JE. 2004. Use of tomato yellow leaf curl virus (TYLCV) rep gene sequences to engineer TYLCV resistance in tomato. Phytopathology 94(5):490-496.
- Zúñiga-Vega, C; Ramírez, P. 2002 Los geminivirus, patógenos de importancia mundial. Manejo Integrado de Plagas y Agroecología 64:25-33.