```
CLUSTAL 2.0.3 multiple sequence alignment


R1-SK279a       CGCGGCGGACCATGCCCAGAGCCTGTTCGAACGCCTTCCGCGAAACCGCCCTGACCAGGG 60
R1-SK279(1)     CGCGGCGGACCATGCCCAGAGCCTGTTCGAAAGCCTTACGCGAAACCGCCATGACCAGGG 60
R1-S28          CGCGGCGGACCATGCCCAGAGCCTGTTCGAAAGCCTTAGGCGACACTGCAGTGACCACGG 60
                ******************************** *****  **** ** **  ****** **

R1-SK279a       CGCCGTGCGCACCGCCGATCTCCTTCTTCAGGAATGCGGCCGGATCGGTGGTACGCGCGT 120
R1-SK279(1)     CGCCTTGCGCACCGCCGATCTCCTTCTTCACGAATGCGGCCGGATCGGTGGTACGCGCGT 120
R1-S28          CGCCTTGCGCACCGCCAATCTCCTTCTTCACGAATGCGGCCGGATCGATGGTACGCACGT 120
                ****  **********  *************  ********** ***** ******** ***

R1-SK279a       TCACGGTGATCTGCGCGCCGAGCTGCCGGGCCAATGCCAGCTTGTTGTCGTCCACGTCCA 180
R1-SK279(1)     TCACGGTGATCTGCGCGCCGAGCTGCCGGGCCAATGCCAGCTTGTTGTCGTCCACGTCCA 180
R1-S28          TCACGGTGATCTGCGCACCGAGCTGCCGGGCCAATGCCAGCTTGTTGTCGTCCACGTCCA 180
                ****  ***********  ******************************************

R1-SK279a       CCGCAGCCACATTCAGGCCCATCGCACGGGCGTACTGCACCGCCATGTGGCCCAGGCCAC 240
R1-SK279(1)     CCGCAGCCACATTCAGGCCCATCGCACGGGCGTACTGCACCGCCATGTGGCCCAGGCCAC 240
R1-S28          CCGCAGCCACGTTCAGGCCCATCACACGGGCGTACTGCACCGCCATGTGGCCCAGGCCAC 240
                **********  ************  ***********************************

R1-SK279a       CGATGCCGGAAATCACCACCCAGTCCCCGGGCTTGGTGTCGGTCACCTTCAGGCCCTTGT 300
R1-SK279(1)     CGATGCCGGAAATCACCACCCAGTCCCCGGGCTTGGTGTCGGTCACCTTCAGGCCCTTGT 300
R1-S28          CGATGCCGGAAACCGCCACCCAGTCCCCGGGCTTGGTGTCGGTCACCTTCAGGCCCTTGT 300
                ************ * *********************************************

R1-SK279a       AGACGGTCACGCCGGCGCACAACACCGGCGCGATCTCGACGAAGCCCACTTCCTTCGGAA 360
R1-SK279(1)     AGACGGTCACGCCGGCGCACAACACCGGCGCGATCTCGACGAAGCCCACTTCCTTCGGAA 360
R1-S28          AGACGGTCACGCCGGCGCACAGCACCGGCGCGATCTCGACGAAGCCCACTTCCTTCGGAA 360
                *********************  *************************************

R1-SK279a       GCAGGCCGACATAGTTGGCATCGGCCAGTGCGTACTCGGCGAAGCCGCCGTTGACCGAGT 420
R1-SK279(1)     GCAGGCCGACATAGTTGGCATCGGCCAGTGCGTACTCGGCGAAGCCGCCGTTGACCGAGT 420
R1-S28          GCAGGCCGACATAGTTGGCATCGGCCAGTGCGTACTCGGCGAAGCCGCCGTTGACCGAGT 420
                ************************************************************

R1-SK279a       AACCGGTGTTGCGCTGCGTCTCGCACAGCGTTTCCCAGCCACCCAGGCAGTGTTCGCAAT 480
R1-SK279(1)     AACCGGTGTTGCGCTGCGTCTCGCACAGCGTTTCCCAGCCACCCAGGCAGTGTTCGCAAT 480
R1-S28          AACCGGTGTTGCGCTGCGTCTCGCACAGCGTTTCCCAGCCACCCAGGCAGTGTTCGCAAT 480
                ************************************************************

R1-SK279a       GGCCACACGCCGAGTACAACCAGGGGATGCCGACCCTGTCGCCTTCCTTGACGTGCCCTA 540
R1-SK279(1)     GGCCACACGCCGAGTACAACCAGGGGATGCCGACCCTGTCGCCTTCCTTGACGTGCCCTA 540
R1-S28          GGCCACACGCCGAGTACAACCAGGGGATGCCGACCCTGTCGCCTTCCTTGACGTGCCCTA 540
                ************************************************************

R1-SK279a       CCCCGCCTCCCACGGCCACGACGTGCCCCACGCCCTCGTGGCCGGGGATGAATGGCGGGT 600
R1-SK279(1)     CCCCGCCTCCCACGGCCACGACGTGCCCCACGCCCTCGTGGCCGGGGATGAATGGCGGGT 600
R1-S28          CCCCGCCTCCCACGGCCACGACGTGCCCCACGCCCTCGTGGCCGGGGATGAATGGCGGGT 600
                ************************************************************

R1-SK279a       TCGGTTTCACCGGCCAGTCGCCCTCGGCGGCGTGCAGGTCGGTGTGGCAGACGCCACAGG 660
R1-SK279(1)     TCGGTTTCACCGGCCAGTCGCCCTCGGCGGCGTGCAGGTCGGTGTGGCAGACGCCACAGG 660
R1-S28          TCGGTTTCACCGGCCAGTCGCCCTCGGCGGCGTGCAGGTCGGTGTGGCAGACGCCACAGG 660
                ************************************************************

R1-SK279a       GCCTCGATCCTGACCAGCACCTCGCCCGCCCCCGGGCGCGGTACCGAGACTTCCTCGATG 720
R1-SK279(1)     -CCTCGATCCTGACCAGCACCTCGCCCGCCCCCGGGCGCGGTACCGAGACTTCCTCGATG 719
R1-S28          -CCTCGATCCTGACCAGCACCTCGCACGCCCCCGGGCGCGGTACCGAGACTTCCTCGATG 719
                 ************************ **********************************

R1-SK279a       ACCAGCGGCT 730
R1-SK279(1)     ACCAGCGGCT 729
R1-S28          ACCAGCGGCT 729
                **********
```