



**Helena Isabel
dos Santos Cruz**

**ReportType: Ferramenta bioinformática flexível para
pesquisa de locus e genotipagem de agentes
infecciosos**

**ReportType: Flexible bioinformatics tool for targeted
loci screening and typing of infectious agents**



Universidade de Aveiro
2023

**Helena Isabel
dos Santos Cruz**

**ReportType: Ferramenta bioinformática flexível para
pesquisa de locus e genotipagem de agentes
infecciosos**

Dissertação apresentada à Universidade de Aveiro para cumprimento dos requisitos necessários à obtenção do grau de Mestre em Bioinformática Clínica, realizada sob a orientação científica do Doutor Miguel Pinheiro, Investigador auxiliar do Departamento de Ciências Médicas da Universidade de Aveiro e Investigador do Instituto de Biomedicina, e do Doutor Vítor Borges, Investigador Auxiliar do Departamento de Doenças Infecciosas do Instituto Nacional de Saúde Doutor Ricardo Jorge (INSA), I.P.

À minha família e ao meu namorado, por acreditarem em mim, por me motivarem a continuar com o meu percurso, mesmo quando o caminho parece uma pista de obstáculos. Somos os pilares uns dos outros, e enquanto pelo menos um estiver em pé, todos vamos conseguir ultrapassar todas as adversidades que a vida nos trazer.

"Nada é melhor do que voltar para uma casa onde alguém está à tua espera." - Margaret Mead

E obrigada aos papás pelo patrocínio oficial!

o júri

presidente

Prof. Doutora Gabriela Maria Ferreira Ribeiro de Moura
professora auxiliar da Universidade de Aveiro

vogais

Prof. Doutor Francisco Rente de Pina-Martins
professor auxiliar convidado da Universidade de Lisboa

Doutor Miguel Monsanto Pinheiro
Critical Techworks

agradecimentos

Um agradecimento especial aos meus orientadores, Doutor Miguel e Doutor Vítor, pelo apoio prestado em todas as fases do desenvolvimento da ReporType, assim como na sua validação e na elaboração da dissertação final. Como se costuma dizer, tive sorte no que me saiu na rifa.

Obrigada ao Professor Doutor Bruno, diretor de mestrado, pela orientação e disponibilidade demonstrada ao longo de todo o percurso.

Agradeço ainda a todos os laboratórios que contribuíram para desenvolver, implementar e/ou testar as bases de dados usadas neste estudo, em particular à/ao:

- Unidade de Genómica e Bioinformática do Instituto Nacional de Saúde Doutor Ricardo Jorge (INSA), I.P, em particular ao Dr. Vítor Borges e ao Dr. João Paulo Gomes.
- Laboratório Nacional de Referência das Infecções Sexualmente Transmissíveis do Departamento de Doenças Infeciosas do INSA, em particular à Dra. Elizabeth Pádua e à Dra. Maria José Borrego.
- Laboratório Nacional de Referência das Doenças Evitáveis pela Vacinação do Departamento de Doenças Infeciosas do INSA, em particular à Dra. Paula Palminha.
- Laboratório Nacional de Referência para o vírus da Gripe e outros Vírus Respiratórios do Departamento de Doenças Infeciosas do INSA, em particular à Dra. Raquel Guiomar.
- Laboratório de Virologia do Instituto Nacional de Investigação Agrária e Veterinária (INIAV), I.P., em particular à Dra. Margarida Henriques Mourão.

palavras-chave

Pipeline, genotipagem, sequenciação, bioinformática, vírus, bactérias, doenças infecciosas

resumo

Esta dissertação apresenta o desenvolvimento da ReporType, um pipeline flexível para a pesquisa de locus e genotipagem de agentes infecciosos. Em resposta ao contexto epidemiológico atual, caracterizado pela necessidade de monitorização constante da emergência e circulação de agentes patogênicos, torna-se imperativo antecipar surtos futuros, analisar a evolução de diferentes linhagens e aprimorar estratégias preventivas. Para otimizar a análise bioinformática dos dados gerados pelas tecnologias de sequenciação contemporâneas, têm sido concebidas várias pipelines automatizadas. A ReporType foi desenvolvida usando o gerenciador de fluxos de trabalho Snakemake, com implementações em Python e Shell para a preparação dos arquivos de entrada e pós-processamento dos resultados. A validação da eficácia e funcionalidade da ReporType foi conduzida por meio de uma prova de conceito abrangendo diversas espécies, como os vírus do sarampo (Measles), Hepatite C, Linfotrópico de Células T Humanas tipo 1, gripe (Influenza), Newcastle e Dengue, incluindo ainda as bactérias *Chlamydia trachomatis* e *Legionella pneumophila*. A execução bem-sucedida da ReporType demonstrou sua utilidade e eficiência, enquanto os resultados promissores obtidos na prova de conceito indicaram sua aplicabilidade não apenas para a genotipagem das espécies investigadas, mas também para outras variedades de agentes infecciosos, em particular vírus e bactérias. Além disso, a dissertação explora as contribuições da ReporType para o reforço da vigilância genômica de doenças infecciosas, oferecendo uma abordagem automatizada e abrangente para a análise genotípica. Por fim, este estudo sugere oportunidades para futuras melhorias na ReporType que vão desde a simplificação da sua execução até à integração de novas funcionalidades, como à exibição das posições de início e fim dos locus identificados.

keywords

Pipeline, genotyping, sequencing, bioinformatics, viruses, bacteria, infectious diseases

abstract

This dissertation presents the development of ReporType, a flexible pipeline for targeted loci screening and typing of infectious agents. In response to the current epidemiological scenario, characterized by the need for constant monitoring of the emergence and circulation of pathogens, it is imperative to anticipate future outbreaks, analyse the evolution of different strains and improve preventive strategies. To optimize the bioinformatics analysis of the data generated by contemporary sequencing technologies, several automated pipelines have been designed. ReporType was developed using the Snakemake workflow manager, with implementations in Python and Shell for the preparation of the input files and post-processing of the results. The validation of the efficacy and functionality of ReporType was conducted through a proof of concept covering several pathogenic species, from viruses, including measles, the hepatitis C virus, Human T-Cell Lymphotropic virus type 1, influenza, Newcastle disease virus and dengue, to bacteria, namely *Chlamydia trachomatis* and *Legionella pneumophila*. The successful execution of ReporType demonstrated its usefulness and efficiency, while the promising results obtained in the proof of concept indicated its applicability not only to the genotyping of the investigated species, but also to other varieties of viruses and bacteria. In addition, the dissertation explores ReporType's contributions to the advancement of genomic surveillance by offering an automated and comprehensive approach to genotypic analysis. Finally, the research suggests opportunities for future improvements in ReporType ranging from simplifying its execution to integrating new features such as displaying the start and end positions of identified loci.

Índice de conteúdos

Índice de tabelas	iii
Índice de figuras	iv
Lista de siglas e acrónimos	vi
1. Introdução	1
1.1 Motivação	1
1.2 Objetivos	2
2. Estado da arte	3
2.1 Genética e epidemiologia dos agentes infecciosos em estudo	6
2.1.1 Vírus	6
2.1.1.1 Measles	9
2.1.1.2 Hepatitis C virus (HCV)	10
2.1.1.3 Human T-cell lymphotropic virus type 1 (HTLV-1)	11
2.1.1.4 Influenza	12
2.1.1.5 Newcastle Disease virus	14
2.1.1.6 Dengue Disease virus (DENV)	15
2.1.2 Bactérias	16
2.1.2.1 <i>Chlamydia trachomatis</i>	17
2.1.2.2 <i>Legionella pneumophila</i>	18
2.2 Técnicas de sequenciação de DNA e RNA	19
2.2.1 Sanger	21
2.2.2 Illumina	22
2.2.3 Nanopore	23
2.3 INSA	24
3. Implementação e métodos	26
3.1 Fluxo de trabalho ReporType	26
3.2 Softwares incorporados	29
3.2.1 Análise de dados Sanger	30
3.2.1.1 ABIView	30
3.2.2 Análise de dados Illumina	31
3.2.2.1 Trimmomatic	31
3.2.2.2 SPAdes	32
3.2.3 Análise de dados Nanopore	33
3.2.3.1 NanoFilt	33
3.2.3.2 Raven	34
3.2.4 Análise de ficheiros fasta	35
3.2.4.1 ABRicate	35

4.	Resultados	37
4.1	Utilização ReporType	37
4.1.1	Instalação ReporType	37
4.1.2	Ativação e configuração ReporType	39
4.1.3	Execução ReporType	43
4.1.3.1	Outras opções de execução	46
4.2	Prova de conceito	46
4.2.1	Measles	49
4.2.2	Hepatitis C virus (HCV).....	50
4.2.3	Human T-cell lymphotropic virus type 1 (HTLV-1)	52
4.2.4	Influenza.....	55
4.2.5	Newcastle Disease virus	56
4.2.6	Dengue Disease virus (DENV)	58
4.2.1	<i>Chlamydia trachomatis</i>	61
4.2.1	<i>Legionella pneumophila</i>	63
4.2.1.1	Identificação de genes de virulência.....	66
4.3	Tempos de execução	68
5.	Discussão.....	70
5.1	Melhorias e perspectivas futuras	75
6.	Conclusões	77
	Referencias.....	78
	Material Suplementar	85

Índice de tabelas

Tabela 1 - Sumário de tecnologias de sequenciação mais utilizadas. (21,73,76,77).....	20
Tabela 2 - Softwares incorporados na ReporType e respectivas versões instaladas automaticamente, assim como uma breve descrição da função de cada um.	29
Tabela 3 - Bases de dados utilizadas na validação de cada espécie.	48
Tabela 4 - Amostra onde foi detetada incongruência (em destaque) aquando da prova de conceito da base de dados HTLV-1_env.	54
Tabela 5 - Amostras onde foram detetadas incongruências (em destaque) aquando da prova de conceito da base de dados dengue.	58
Tabela 6 - Amostra onde foi detetada incongruência (em destaque) aquando da prova de conceito da base de dados lp_serogroup_typing.	65
Tabela 7 – Genes virais erroneamente identificados (em destaque) durante a prova de conceito para varrimento de genes de virulência em L.pneumophila.	66
Tabela 8 - Tempos de execução médios (hh:mm:ss) medidos para cada base de dados de acordo com os diferentes formatos de entrada em estudo e com os respetivos desvios padrão.....	68

Índice de figuras

Figura 1 - Esquema representativo das classes de vírus propostas por Baltimore, representando o processo de transferência de informação genética (33).	7
Figura 2 - Inovação genética nas bactérias (35).	16
Figura 3 - Método de Sanger (80).....	21
Figura 4 – Tecnologia Illumina (81).	22
Figura 5 - Tecnologia Nanopore (82).	23
Figura 6 - Fluxo de trabalho ReporType.	28
Figura 7 - Cronograma ABIView com o sinal emitido e a base nitrogenada correspondente, gerado com MapGen viewer. A escala horizontal do gráfico, correspondente à posição do resíduo é uma aproximação á posição real, podendo os resíduos estarem espaçados a uma distância maior que a representada.....	30
Figura 8 – Número de amostras em análise na prova de conceito para o Measles, de acordo com os formatos de entrada utilizados.	49
Figura 9 - Percentagens de acerto obtidas na prova de conceito do vírus do sarampo.	50
Figura 10 - Número de amostras em análise na prova de conceito para a base de dados HCV_complete, de acordo com os formatos de entrada utilizados.	51
Figura 11 - Número de amostras em análise na prova de conceito para a base de dados HCV_partial, de acordo com os formatos de entrada utilizados.	51
Figura 12 - Percentagens de acerto obtidas na prova de conceito para o HCV, assim como para cada uma das bases de dados em estudo.....	52
Figura 13 - Número de amostras em análise na prova de conceito para a base de dados HTLV-1_LTR, de acordo com os formatos de entrada utilizados.	53
Figura 14 – Número de amostras em análise na prova de conceito para a base de dados HTLV-1_env, de acordo com os formatos de entrada utilizados.	53
Figura 15 - Percentagens de acerto obtidas na prova de conceito do vírus do HTLV-1, assim como para cada uma das bases de dados em estudo.	54
Figura 16 - Número de amostras em análise na prova de conceito para a base de dados influenza, de acordo com os formatos de entrada utilizados.	55
Figura 17 - Percentagens de acerto obtidas na prova de conceito para o Influenza.	56
Figura 18 - Número de amostras em análise na prova de conceito para a base de dados newcastle, de acordo com os formatos de entrada utilizados.	57
Figura 19 - Percentagens de acerto obtidas na prova de conceito para o Newcastle.	57
Figura 20 - Número de amostras em análise na prova de conceito para a base de dados dengue, de acordo com os formatos de entrada utilizados.	58
Figura 21 - Árvore filogenética de todas as sequências utilizadas para a elaboração da base de dados do vírus do Dengue, acrescentando ainda a sequencia Dengue_2475 (JQ922545). Estão destacadas as três sequências onde foram inicialmente detetadas discrepâncias. Erro! Marcador não definido.	
Figura 22 - Percentagens de acerto obtidas na prova de conceito para o vírus da Dengue.	61
Figura 23 - Número de amostras em análise na prova de conceito para a base de dados C_trachomatis, de acordo com os formatos de entrada utilizados.	62
Figura 24 - Percentagens de acerto obtidas na prova de conceito para a C.trachomatis.....	63
Figura 25 - Número de amostras em análise na prova de conceito para a base de dados lp_subspecies_prediction, de acordo com os formatos de entrada utilizados.....	64
Figura 26 - Número de amostras em análise na prova de conceito para a base de dados lp_serogroup_typing, de acordo com os formatos de entrada utilizados.	64
Figura 27 - Percentagens de acerto obtidas na prova de conceito para a L.pneumophila, assim como para cada uma das bases de dados em estudo.	65

Figura 28 - Número de genes corretamente e incorretamente identificados aquando da prova de conceito para o rastreamento do genoma para a presença ou ausência de genes de virulência, utilizando a base de dados lp_dot_icm.	66
Figura 29 - Percentagens de acerto obtidas na prova de conceito para a identificação de genes de virulência na L.pneumophila.	67

Lista de siglas e acrónimos

INSA	Instituto Nacional de Saúde Doutor Ricardo Jorge
DNA	Ácido desoxirribonucleico
RNA	Ácido ribonucleico
NGS	Sequenciação de nova geração (do inglês "Next-Generation Sequencing")
RNA-seq	Sequenciação de RNA (do inglês "RNA sequencing")
dsDNA	DNA de fita dupla
ssDNA	DNA de fita simples
dsRNA	RNA de fita dupla
ssRNA+	RNA de fita simples positiva
ssRNA-	RNA de fita simples negativa
HIV	Vírus da Imunodeficiência Humana
EUA	Estados Unidos da América
DENV	Vírus da Dengue
LGV	Linfogranuloma venéreo
dNTP	Desoxirribonucleotídeos trifosfato
ddNTP	Didesoxinucleotídeos trifosfato
RAM	Memória de acesso aleatório (do inglês "Random Access Memory")
GB	Gigabyte
CPUs	Unidades centrais de processamento (do inglês "Central Processing Units")
BIOS	Sistema básico de entrada/saída (do inglês "Basic Input/Output System")
IBiMed	Instituto de Biomedicina da Universidade de Aveiro
TB	Terabyte
GPU	Unidade de Processamento Gráfico (do inglês "Graphics Processing Unit")
RAID	Conjunto Redundante de Discos Independentes (do inglês "Redundant Array of Independent Disks")
WSL	Subsistema do Windows para Linux (do inglês "Windows Subsystem for Linux")
HCV	Vírus da Hepatite C
HTLV-1	Vírus Linfotrópico de Células T Humanas tipo 1
NCBI	Instituto Nacional de Informação Biotecnológica (do inglês "National Center for Biotechnology Information")
ENA	Arquivo Europeu de Nucleotídeos (do inglês "European Nucleotide Archive")

BLAST	Ferramenta para alinhamento de sequências biológicas (do inglês “Basic Local Alignment Search Tool”)
INIAV	Instituto Nacional de Investigação Agrária e Veterinária
WGS	Sequenciação do Genoma Completo (do inglês "Whole Genome Sequencing")

1. Introdução

Esta dissertação apresenta a criação de uma ferramenta bioinformática flexível para a pesquisa e tipagem de loci a partir de vários tipos de dados de sequenciação genómica, permitindo a deteção de genes de interesse ou determinação de genótipos ou subespécies de agentes patogénicos.

O pipeline automático a ser criado, ReporType, deve ser capaz de analisar dados provenientes das tecnologias de sequenciação genética mais utilizadas em laboratórios, tendo como referência o Instituto Nacional de Saúde Doutor Ricardo Jorge (INSA) e laboratórios associados, que utilizam em grande escala a sequenciação de Sanger, Illumina e Nanopore. Além disso, a ReporType deve estar apta a gerar e/ou interpretar ficheiros em formato *single* e *multi* fasta, que já sofreram filtragem e controlo de qualidade prévio.

Relativamente às bases de dados a utilizar para a análise das variantes, o pipeline deve receber as bases de dados fornecidas pelo utilizador e estruturá-las automaticamente no formato correto para serem incorporadas na análise, como complemento, devem já ser integradas algumas bases de dados úteis no pipeline a desenvolver.

Em relação aos resultados gerados pela ReporType, estes devem estar adaptados a diferentes agentes infecciosos, com ênfase para os vírus e bactérias em estudo, e conter informações mais relevantes para uma análise dos vários loci e/ou genótipos encontrados, permitindo uma interpretação fácil e rápida por parte do utilizador.

1.1 Motivação

A identificação e deteção de variantes genéticas e das respetivas linhagens ou subespécies em vírus e bactérias é essencial para entender a diversidade genética responsável pela diferença na patogenicidade de cada subespécie de um determinado agente infeccioso. Da mesma forma, esta área de pesquisa permite o estudo da evolução dos vírus e bactérias ao longo do tempo, assim como a epidemiologia de inúmeras doenças infecciosas causadas por estes agentes patogénicos (1–6).

Efetivamente, é fundamental detetar o genótipo de uma variante específica do agente patogénico que está presente numa determinada amostra, de maneira a melhorar o diagnóstico clínico, o tratamento e a prevenção contra a doença em causa (1,3–5). Num contexto de epidemia, torna-se essencial a identificação rápida e precisa das variantes dos agentes patogénicos, de forma a acompanhar a sua evolução e gerir as medidas de segurança pública a aplicar (2,3,6).

A automatização dos processos bioinformáticos para análise dos dados provenientes da sequenciação genética destes agentes patogénicos é algo muito relevante para os laboratórios onde são realizadas diariamente várias sequenciações, sejam elas para fins clínicos ou de investigação. De facto, pipelines que automatizam a análise bioinformática dos dados em estudo têm vindo a agilizar este processo e tornam-no mais acessível a laboratórios onde existem poucos técnicos de laboratório ou investigadores com formação bioinformática avançada (7–14).

O INSA demonstrou assim a necessidade de uma ferramenta automática e flexível, capaz de detetar loci de interesse e/ou diferentes genótipos de agentes patogénicos que causam as doenças infecciosas comuns em humanos ou animais, incluindo várias espécies de vírus e bactérias.

1.2 Objetivos

O principal objetivo do presente estudo prende-se com a criação de uma ferramenta bioinformática flexível e de fácil utilização, que, através da análise de dados em bruto provenientes das tecnologias de sequenciação de Sanger, Illumina e Nanopore, ou de ficheiros *single* e *multi* fasta, com *contigs* já previamente processados, identifique e classifique automaticamente os loci de interesse presentes nas sequências em estudo, anotando subespécies, linhagens ou genótipos de diferentes vírus e bactérias.

A aplicação deve ser capaz de automatizar a preparação dos ficheiros necessários para a criação das bases de dados a utilizar, assim como de emitir um relatório adaptado às diferentes espécies em análise, em formato de tabela, que contenha os resultados mais pertinentes para a interpretação dos loci e/ou genótipos encontrados.

2. Estado da arte

Atualmente, são utilizadas diferentes técnicas para identificar e detetar loci de interesse de vírus e bactérias, dependendo do agente patogénico em causa e do nível de detalhe genético necessário para a distinção das diferentes estirpes circulantes, as quais são normalmente classificadas em génotipos, linhagens, subespécies, entre outros elementos de identificação. No entanto, a análise de DNA e RNA através da sua sequenciação é a técnica mais utilizada para identificar e estudar diferentes variantes de agentes patogénicos (15–19).

Efetivamente, as técnicas de sequenciação de Sanger, ou seja, sequenciação de primeira geração, e as técnicas de sequenciação de nova geração (NGS), correspondentes a sequenciação de segunda e terceira geração, demonstram alta capacidade de precisão e resolução, permitindo ainda a sequenciação e análise de numerosas amostras ao mesmo tempo (16,18,20,21). Existem diferenças significativas entre as técnicas de sequenciação das diferentes gerações, pelo que a técnica a utilizar dependerá dos níveis de precisão desejados, do número de amostras a analisar, do investimento monetário disponível e de outros fatores característicos do contexto de cada análise e de cada espécie (18,21).

As técnicas de sequenciação referidas podem originar uma quantidade de dados bastante elevada, dados estes que serão submetidos a diferentes etapas de limpeza e análise utilizando *softwares* bioinformáticos, para que possa ser feita a deteção do loci de interesse e determinação de génotipos presentes em cada amostra. Muitas vezes é necessária a utilização de diferentes *softwares*, dependendo da técnica de sequenciação que foi utilizada ou da informação que se pretende obter sobre as variantes em estudo. De forma a facilitar a análise bioinformática dos dados provenientes de diferentes tecnologias de sequenciação, têm vindo a ser criados vários pipelines automáticos (7–14,22–29).

Geralmente, os pipelines incluem etapas de controlo de qualidade dos dados em bruto provenientes da sequenciação, e respetiva identificação dos loci e classificação das variantes encontradas (7–10,26–28). Existe uma variedade de pipelines, cada um com as suas forças e limitações, cabendo ao utilizador escolher aquele que melhor satisfaz os requisitos da sua análise.

O Snakemake é um *software* de gerenciamento de fluxo de trabalho de referência que permite a elaboração destes pipelines. Este *software* já foi utilizado para a elaboração de pipelines para análise de dados proveniente de sequenciação de vários vírus, bactérias e do genoma humano (7–14,22–28).

Entre os pipelines desenvolvidos com o Snakemake, são vários aqueles que se concentram na análise de dados proveniente de RNA-seq, nomeadamente para identificação de variantes genéticas, quantificação da expressão genética, análise de genes diferencialmente expressos e até análises mais completas de dados de RNA-seq (24–26,28).

No que diz respeito à análise de vírus e bactérias, é de notar que existem pipelines desenvolvidos com diferentes objetivos, dependendo do tipo de agente patogénico em estudo e da informação que se pretende obter (7–12,22,23,27).

Para o estudo das bactérias nota-se um interesse em desenvolver pipelines automáticos para fins de combate à resistência antimicrobiana (10,23), para a deteção clínica, estudos de análise metagenómica, e até para análise de fatores de risco e monitorização de cadeias de transmissão (11,22,23). Estas ferramentas são muitas vezes elaboradas com o propósito de analisar a deteção ou a transmissão de espécies bacterianas específicas, o que permite uma maior especificação do pipeline, tendo como consequência uma diminuição da sua flexibilidade. Têm também vindo a ser desenvolvidos vários pipelines automáticos com o objetivo de identificar variantes genéticas em bactérias (9,10). Estes pipelines demonstram-se eficazes e úteis tanto numa utilização em contexto clínico como em contexto de investigação, permitindo uma maior autonomia dos laboratórios onde a formação bioinformática dos investigadores e técnicos é ainda limitada (9–11,22,23).

Analisando o trabalho desenvolvido ao nível dos vírus, é de notar que se verificou o aumento do número de estudos a partir do ano de 2020. Anteriormente a essa data, os pipelines desenvolvidos focaram-se na automatização da identificação e classificação de vírus, da reconstrução do genoma de vírus epidémicos ou com potencial pandémico num contexto de vigilância (30) ou em análises metagenómicas simples, como para diagnóstico ou para a medição de abundância viral num determinado ambiente (8,12,30). A partir de 2020, ano que marca o crescimento exponencial da epidemia causada pelo vírus SARS-Cov-2 (31), os estudos no sentido de automatizar a identificação de variantes virais têm vindo a aumentar, demonstrando uma necessidade crescente da automatização deste processo para uma maior rapidez e eficácia na geração de evidência que possa apoiar medidas de saúde pública no combate a doenças virais. Surgem assim pipelines automáticos para identificar variações genéticas virais, entre outras funções úteis para a análise e estudo destas espécies (7,13,14,27,32–34). Os vírus têm uma taxa de mutação por período de tempo elevada (35,36), evoluindo de forma acelerada, o que torna imperativa a rápida identificação de novas variantes e a monitorização e controlo de variantes já existentes, de forma a combater eficazmente as doenças virais. Este processo tem vindo a ser otimizado e facilitado pelos diversos pipelines criados (7,13,14,31,32,34).

As ferramentas referidas acrescentam variedade aquando da escolha do utilizador, aumentando a possibilidade de este encontrar as ferramentas ideais para utilizar durante a sua análise de variantes genéticas de vírus e bactérias (7–11,13,14,27). No entanto, além de uma necessidade crescente de pipelines que analisem automaticamente a quantidade substancial de dados provenientes da sequenciação, existem sempre espaços para novas abordagens e/ou para melhorias dos pipelines automáticos que já foram desenvolvidos.

Uma das potenciais limitações apresentadas pelos pipelines já desenvolvidas para a deteção de loci de interesse e classificação é a falta de versatilidade ao nível do *input*, sendo que estes pipelines estão normalmente adaptados para receber apenas um tipo de dados, frequentemente dados em bruto provenientes de sequenciação NGS, no formato fastq (7,9,10,14,34), ou sequências genómicas previamente refinadas, em formato fasta (32,33). Os dados de sequenciação Sanger, de primeira geração, raramente são contemplados como *input* nas pipelines bioinformáticas mais recentes. No entanto, apesar desta técnica ser mais antiga e ser capaz de processar menos amostras de cada vez, apresenta uma precisão bastante elevada sendo ainda utilizada em vários laboratórios para a identificação de genótipos, linhagens ou subespécies de agentes patogénicos (16,21). Além disso, alguns dos pipelines desenvolvidos foram adaptados a espécies específicas de vírus e bactérias (8,11), ou então foram validados num conjunto reduzido de espécies (7,9,10), carecendo inevitavelmente de flexibilidade suficiente para possibilitar a análise de dados de vários vírus e bactérias, usando o mesmo pipeline (7–11,13,14,27).

Neste contexto, é importante investir no desenvolvimento de pipelines que permitam que o *input* do utilizador possa ser fornecido no estado mais bruto possível, assegurando que qualquer trabalho de preparação de bases de dados ou de pré-processamentos dos dados está incluído no pipeline, possibilitando o *input* de ficheiros em vários formatos, provenientes de diferentes técnicas de sequenciação (9,10,14,27). Desta forma, o tratamento dos dados fica automatizado, melhorando a flexibilidade da ferramenta e, ao mesmo tempo, facilitando significativamente o trabalho dos técnicos de laboratório ou investigadores, especialmente em situações com escassez de recursos humanos com formação ao nível da bioinformática.

Assim, em laboratórios como o INSA, onde são diariamente analisadas amostras de múltiplos agentes patogénicos, mostrou-se útil a criação de um pipeline automático flexível que identifique genótipos de agentes infecciosos através da análise de loci de interesse presentes em cada amostra, adaptando assim uma única ferramenta para diferentes agentes patogénicos, com ênfase para os dois tipos mais comuns que afetam os seres humanos, os vírus e as bactérias. Adicionalmente, possibilitando uma versatilidade no que diz respeito às tecnologias de sequenciação utilizadas para

gerar os dados que serão analisados e ainda assegurando que toda a preparação dos dados e das bases de dados é automatizada.

2.1 Genética e epidemiologia dos agentes infecciosos em estudo

Os vírus e as bactérias apresentam grandes diferenças ao nível da sua genética, o que se reflete numa discrepância nas estruturas celulares e formas de vida (37–39). Um dos contrastes mais notórios entre os vírus e as bactérias, prende-se com o facto de que enquanto os vírus são muitas vezes considerados parasitas intracelulares obrigatórios, que dependem da célula hospedeira para se reproduzir, as bactérias são normalmente organismos unicelulares completos que podem sintetizar suas próprias proteínas e outras moléculas necessárias para a sua sobrevivência (37,39).

Apesar das diferenças significativas na sua estrutura genética e biológica, vírus e bactérias compartilham algumas características fundamentais, sendo ambos microrganismos que podem causar doenças em seres vivos e que desempenham papéis importantes em diversos ecossistemas.

Tanto os vírus como bactérias armazenam a sua informação genética em ácidos nucleicos. No caso dos vírus, o seu material genético pode ser constituído por ácido desoxirribonucleico (DNA) ou ácido ribonucleico (RNA), dependendo do tipo de vírus, enquanto as bactérias codificam a sua informação genética em DNA, que depois é transcrito a RNA para a síntese de proteínas e outros processos celulares (37–40).

Os vírus e as bactérias têm ainda em comum a capacidade de acumular mutações no seu material genético. Estas mutações podem ter impactos significativos, como a modificação da transmissibilidade e/ou patogenicidade e a capacidade de evitar os mecanismos de defesa do organismo afetado por estes agentes patogénicos, podendo evadir o sistema imunitário ou resistir às terapias que vão sendo criadas para combater as doenças infecciosas causadas pelos vírus e bactérias (37–40).

2.1.1 Vírus

Quando comparados a organismos mais complexos como as bactérias ou organismos eucariotas, a genética dos vírus é bastante simples.

Os vírus têm uma quantidade relativamente pequena de material genético, contendo entre 4 e 200 genes organizados por uma molécula de DNA ou RNA (39,40). Esse material genético está

organizado de formas distintas dependendo do tipo de vírus, podendo estar presente em forma de fita simples ou dupla, linear ou circular (37,39–41).

Em 1971, David Baltimore organizou os vírus em sete classes ([Figura 1](#)), de acordo com a organização do seu material genético (42).

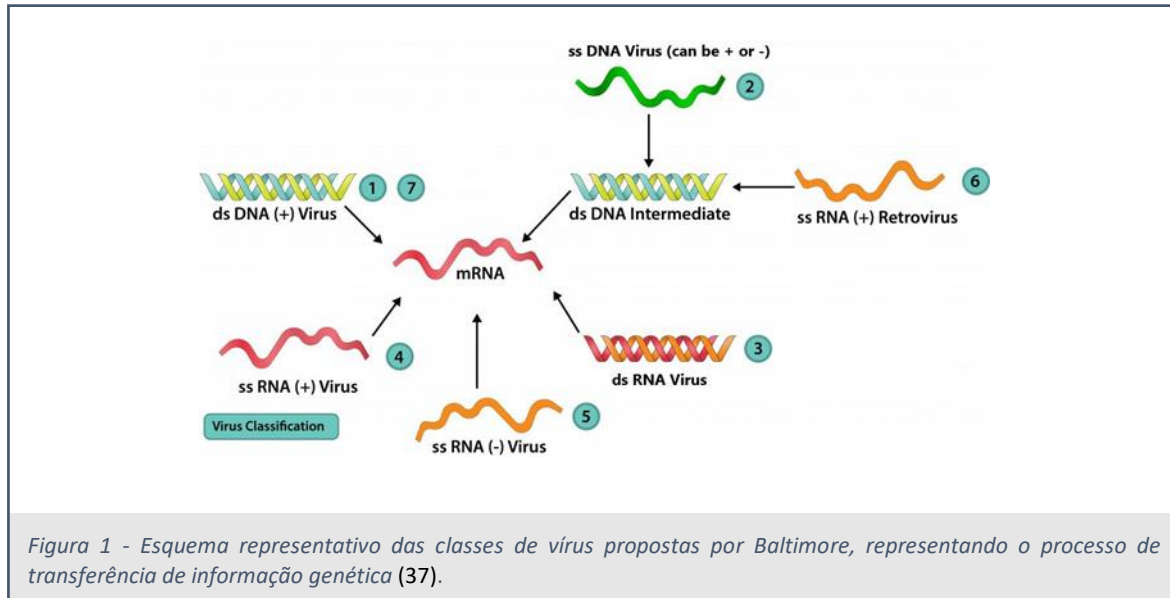


Figura 1 - Esquema representativo das classes de vírus propostas por Baltimore, representando o processo de transferência de informação genética (37).

A primeira e segunda classe representam vírus cujo material genético consiste em DNA, na primeira classe o DNA está organizado em cadeia dupla (dsDNA) e na segunda classe em cadeia simples (ssDNA), são exemplos destes vírus o adenovírus e o parvovírus, respectivamente. Já na terceira, quarta e quinta classe, estão vírus de RNA, sendo que na terceira classe o RNA está organizado em cadeia dupla (dsRNA), como é o caso do rotavírus, enquanto na quarta e quinta classe, o RNA está organizado numa cadeia simples (37,41,42).

Na quarta classe a cadeia simples de RNA é positiva (ssRNA+), como acontece nos enterovírus, e na quinta classe a cadeia de RNA é negativa (ssRNA-), à semelhança do que ocorre no vírus da raiva. A sexta classe de vírus, é composta pelos retrovírus, que possuem genoma de ssRNA+ e se replicam por meio da transcrição reversa, um exemplo bastante conhecido é o vírus da imunodeficiência humana (HIV) (37,41,42).

A sétima e última classe de vírus, é composta por vírus que possuem genoma de DNA de cadeia simples com intermediário de RNA (ssDNA-RT), este intermediário de RNA é uma molécula de RNA de fita positiva, que serve como molde para a síntese do DNA viral, um exemplo de um vírus que usa este mecanismo é o vírus da Hepatite B (37,41,42).

Esta classificação revelou-se útil na pesquisa e no desenvolvimento de antivirais e vacinas (42).

O material genético dos vírus está geralmente protegido por uma capsídeo proteica ou por um envelope lipídico. Os vírus não têm maquinaria celular para replicação do seu material genético, assim, o seu genoma codifica as proteínas necessárias para a invasão das células hospedeiras, permitindo que o vírus use a maquinaria dessas células para proceder à replicação do próprio material genético e à produção de novas partículas virais. As novas partículas são então libertadas propagando a infeção (37,39–41).

A relevância do estudo da genética viral vai para além da produção de vacinas e fármacos antivirais, sendo importante perceber como ocorrem as mutações responsáveis pela evolução e adaptação dos vírus, o que faz com que em certos casos seja possível prever essa evolução, e preparar com antecedência vacinas ou antivirais que ajudem no combate à próxima variante com circulação dominante de um determinado vírus (37–41).

As mutações virais podem surgir de forma espontânea na forma de erros na replicação do material genético, ou podem ser induzidas por exposição a fatores externos, como produtos químicos ou radiação (38,39).

No caso de se tratar de uma mutação pontual, ou seja, que se verifica apenas num nucleótido, pode ocorrer a formação de novos alelos ou variantes virais que possuem características adaptativas, como resistência ao sistema imunológico do hospedeiro que facilita a propagação dessa nova variante viral, ou de variantes com propriedades prejudiciais, que enfraquecem a capacidade replicativa e infecciosa dos vírus (39–42). Em alguns vírus, é ainda comum a existência de recombinação do material genético entre partículas virais que infetaram a mesma célula hospedeira, criando novas variantes que combinam características de ambas as variantes originais (39–42).

Esta evolução natural dos vírus contribui para o surgimento de novas doenças ou novas formas de apresentação de doenças conhecidas, e é responsável pela capacidade adaptativa dos mesmos, permitindo que se desenvolvam rapidamente no sentido de sobreviver a mudanças ambientais ou a terapias antivirais, o que conseqüentemente leva à propagação das infeções por eles causada e contribui para a emergência e continuação de epidemias (39,40).

2.1.1.1 Measles

O vírus do Sarampo (Measles), causa uma doença infecciosa viral aguda, altamente contagiosa, que afeta o trato respiratório e mais tarde se espalha por todo o corpo, podendo causar complicações graves e até a morte (43).

Esta doença pode afetar qualquer pessoa, sendo mais comum em crianças. Os sintomas associados incluem principalmente febre alta, tosse e erupções cutâneas. O Measles é altamente transmissível através de gotículas de secreções respiratórias de pessoas infectadas, nomeadamente aquando de tosse ou espirros (43,44).

O Sarampo foi descrito pela primeira vez no século VII. A vacinação contra o sarampo foi introduzida em 1963, nos Estados Unidos da América (EUA). Antes da vacinação estar disponível, a infeção por Measles na infância era bastante comum, estimando-se que até essa data, ocorriam epidemias de Measles a cada dois ou três anos, causando cerca de 2,6 milhões de mortes por ano (43,44).

Atualmente, a vacinação contra o Measles é prática comum na maioria dos países desenvolvidos, sendo que as atividades de imunização aceleradas promovidas pela Organização Mundial da Saúde (WHO) e outros parceiros internacionais, terão evitado com sucesso 56 milhões de mortes entre 2000 e 2021 (44). No entanto, o Sarampo ainda é uma doença comum e potencialmente fatal em muitos países em desenvolvimento. A Organização Mundial da Saúde (WHO) estima que ocorreram 128 000 mortes por Sarampo em 2021 (44).

O Measles é um paramixovírus do género *Morbillivirus*, sendo o seu material genético organizado numa cadeia de RNA simples de sentido negativo, pertencendo, portanto, á quinta classe de vírus na classificação de Baltimore (43,45). Este vírus tem um diâmetro de 120 a 250 nm e possui duas proteínas do envelope na membrana celular que são importantes na sua patogénese (43). Estas proteínas são a proteína de fusão F, que assume a função de fusão entre o vírus e a membrana da célula hospedeira, penetração viral e hemólise, e a proteína Hemaglutinina, responsável pela ligação do vírus aos recetores nas células hospedeiras. A infeção por Measles inicia-se nos macrófagos alveolares ou células dendríticas, passando a infeção sistémica no prazo de dois a três dias (43,45,46).

Está descrito apenas um tipo antigénico de Measles, ou seja, todas as variantes conhecidas deste vírus partilham uma similaridade antigénica substancial, motivo pelo qual a vacina contra o Sarampo se demonstra historicamente eficaz e capaz de conferir imunidade duradoura (43,44). Existem, no entanto, estudos que documentaram alterações antigénicas na proteína

Hemaglutinina, embora estas alterações não aparentem ser epidemiologicamente significativas, sendo que não foi detetada nenhuma alteração na eficácia da vacina (43,44).

As mutações às quais o Measles está sujeito, proporcionam, no entanto, o surgimento de novas variantes do vírus, às quais estão associadas diferentes genótipos tendo em conta as diferenças genéticas apresentadas (45,47). Assim, os genótipos do Measles são classificados tendo por base a análise molecular das sequências genéticas virais por tecnologias de sequenciação como a tecnologia de Sanger e as NGS. Os genótipos do Measles são identificados por números e letras sequenciais e incluem genótipos como A, B1, D6, H2, E, F, entre outros (47), os quais são definidos com base da variabilidade genética de uma região altamente polimórfica do genoma, localizada no gene que codifica a nucleoproteína (N) (48).

O acompanhamento epidemiológico de cada variante deste vírus permite um maior controlo da doença do Sarampo e proporciona informações valiosas para direccionar estratégias de prevenção, como campanhas de vacinação, e para responder eficazmente a novos surtos (45,47).

2.1.1.2 Hepatitis C virus (HCV)

O vírus da Hepatite C causa uma infeção viral que afeta diretamente o fígado, o que leva a sintomas como perda de apetite, náuseas, vómitos, urina escura, icterícia e dor abdominal (49). Este vírus pode causar doença aguda ou crónica. As infeções agudas são tradicionalmente não fatais, e pelo contrário, apresentam sintomas bastante ligeiros, sendo que cerca de 30% das pessoas infetadas eliminam o vírus no espaço de seis meses (49,50). A infeção crónica por HCV, apesar de apresentar sintomas pouco relevantes nas suas fases iniciais, aumenta de forma significativa o risco de cirrose, sendo que um doente crónico de Hepatite C tem 15% a 30% de probabilidade de desenvolver cirrose nos primeiros 20 anos após o diagnóstico (49,50). A deteção e tratamento precoces demonstram-se aspetos essenciais na prevenção de danos graves no fígado e melhoria da saúde a longo prazo (49,51).

O HCV é transmitido através do contacto com sangue infetado, sendo mais comum a transmissão por agulhas e seringas mal higienizadas, ou por procedimentos médicos negligentes, como transfusões de sangue com protocolos sanguíneos não rastreados (49,51). Ainda não foram desenvolvidas vacinas para combater a infeção por HCV, no entanto, esta doença pode ser tratada com recurso a medicamentos antivirais (49).

A maior concentração da infeção por HCV localiza-se na região Mediterrânea Oriental e na região Europeia, com 12 milhões de infetados crónicos em cada zona, seguidos dos 10 milhões de

peessoas cronicamente infetadas por HCV na região do Sudeste Asiático e do Pacífico Ocidental. No entanto, a infecção por HCV prevalece de forma generalizada no globo, verificando-se 9 milhões de pessoas com infecção crónica na região Africana e 5 milhões na região Americana (49).

O HCV é um *Hepacivírus* da família flaviviridae com material genético organizado segundo a quarta classe na classificação de Baltimore, ou seja, uma molécula de RNA simples de sentido positivo (51). O HCV tem um genoma de 9,6 kb que codifica uma única poliproteína, uma molécula precursora que será clivada em dez proteínas virais funcionais, três das quais estão envolvidas na estrutura da partícula viral, enquanto as restantes são essenciais para a replicação viral, permitindo a montagem de novas partículas virais e infecção de células hospedeiras (51).

No HCV, as mutações genéticas originam uma variedade de diferentes genótipos, resultando na existência de múltiplas linhagens para este vírus (52). Cada genótipo é caracterizado por diferenças específicas na sequência genética do HCV, contribuindo para a complexidade do vírus e consequentemente, da infecção por ele causada (49,51).

O reconhecimento e a classificação dos genótipos do HCV é relevante para a pesquisa e para o desenvolvimento de tratamentos específicos, uma vez que as diferentes linhagens genéticas podem responder de forma diferentes às terapias antivirais disponíveis. Neste sentido, torna-se importante proceder à sequenciação do HCV, por tecnologias de sequenciação de Sanger e NGS, identificando o genótipo associado a cada amostra (49,51,53), bem como mutações mediadoras de resistência a fármacos. Os genótipos são tradicionalmente definidos com base na variabilidade genética de regiões altamente polimórficas do genoma, localizadas nas regiões core, E1, e NS5B (54), embora outras regiões polimórficas do genoma, como a NS4B-NS5A, também se tenham vindo a mostrar adequadas para esse efeito (55).

2.1.1.3 Human T-cell lymphotropic virus type 1 (HTLV-1)

A infecção pelo vírus linfotrófico T humano tipo 1 é assintomática na maioria das pessoas, no entanto, várias doenças graves estão fortemente associadas a este vírus, sendo que a doença com uma correlação mais forte é a leucemia, seguida pela mielopatia (56–58). A transmissão do HTLV-1 dá-se essencialmente através da troca de fluidos corporais infetados, incluindo sémen, sangue e leite materno (56).

O HTLV-1 foi o primeiro retrovírus humano oncogénico a ser descoberto e estima-se que o número total de pessoas com infecção por HTLV-1 varie entre 5 milhões e 10 milhões. No entanto existe escassez de dados globais fiáveis para os números de infeções por este vírus, visto que a

infecção não apresenta sintomatologia acentuada, sendo provável que os números apresentados estejam subestimados (56).

Atualmente, não existe nenhuma terapia recomendada para a infecção pelo HTLV-1. O tratamento deve centrar-se na resolução dos sintomas das doenças associadas que o indivíduo possa desenvolver (56). É ainda aconselhado realizar o rastreio de diferentes comorbilidades e possíveis coinfeções. Apesar de não ser conhecido nenhum marcador biológico que indique com precisão o desenvolvimento de doenças associadas à infecção por HTLV-1, os níveis de carga viral são sugeridos como um possível indicador (56,57).

O HTLV-1 pertence à sexta classe da classificação de Baltimore, correspondendo a um retrovírus do género *Deltaretrovirus* da família retroviridae, com o material genético organizado numa cadeia de RNA simples, no sentido positivo, que se replica por transcrição reversa (57). O genoma do HTLV-1 codifica proteínas típicas retrovirais estruturais, codificadas pelo gene *gag*, funcionais, codificadas pelo gene *pol*, e de envelope, codificadas pelo gene *env*. São ainda codificadas pelo HTLV-1 proteínas reguladoras específicas deste vírus, que incluem uma proteína responsável pela regulação negativa da transcrição viral, o fator bZIP do HTLV-1 (57,58).

Este vírus está classificado em três subtipos, A, B e C, que são ainda subdivididos de acordo com a zona do globo onde prevalecem (59). Cada subtipo e respetivas subdivisões são tradicionalmente definidos com base em diferenças entre as suas sequências genéticas de locus polimórficos como o *env* e *LTR*, sendo possível identificá-las e caracterizá-las através de tecnologias de NGS e sequenciação de Sanger (57,59).

2.1.1.4 Influenza

O vírus influenza, também conhecido como vírus da gripe, provoca uma infeção respiratória aguda que afeta anualmente cerca de mil milhões de pessoas, incluindo 3 a 5 milhões de casos de doença grave. Apesar de a maioria das pessoas infetadas recuperar no prazo de uma semana sem necessidade de tratamento, anualmente, cerca de 290 mil a 650 mil casos de infeção por Influenza são fatais (60). A gripe é uma doença antiga, sendo que a primeira epidemia documentada, que se enquadra claramente na descrição da gripe ocorreu em 1580. Uma das epidemias de gripe mais notória e com grande relevância histórica é a gripe “espanhola”, em 1918–1919, que causou cerca de 21 milhões de mortes em todo o mundo (60). A primeira vacina contra o Influenza foi criada entre os anos 1930 e 1940, aquando da realização dos primeiros estudos para caracterização deste vírus (60,61).

Os sintomas mais comuns de uma infecção por influenza incluem febre aguda, tosse, dores de garganta, espirros, dores de corpo e fadiga, sendo a principal forma de transmissão o contacto com gotículas infetadas através de tosse e espirros de pessoas doentes (60,61).

Esta doença encontra-se distribuída a um nível global, e todas as faixas etárias podem ser afetadas. No entanto existem grupos de risco, como idosos, mulheres grávidas, crianças menores de 5 anos ou indivíduos com condições médicas crónicas, onde a sintomatologia da doença tem maior probabilidade de evolução para doença respiratória grave (60).

De forma a proteger a população mais predisposta aos riscos de uma infecção por influenza, a vacina contra este vírus tem vindo a ser administrada há mais de 60 anos, sendo atualizada rotineiramente de acordo com a estirpe dos vírus que se encontram em circulação (60).

O vírus influenza tem o seu material genético organizado numa cadeia de RNA simples no sentido negativo, e está classificado como um vírus do género *Influenzavirus* e da família dos ortomixovírus. Existem 4 tipos de influenza, tipo A, B, C e D (61). Os vírus de influenza tipo A e B são aqueles que se encontram mais comumente em circulação e causam epidemias sazonais da doença. Já os vírus de influenza tipo C são detetados com menor frequência e causam normalmente infeções leves (60). Quanto aos vírus de influenza tipo D, não são conhecidos por infetar humanos, mas sim animais, principalmente bovinos (60).

Os vírus influenza A são ainda classificados em subtipos, de acordo com as combinações de proteínas presentes na superfície de cada subtipo de vírus, nomeadamente a Hemaglutinina e a Neuraminidase (60,61). Atualmente, os subtipos de influenza A que se encontram em circulação entre humanos são o influenza A (H1N1), que causou uma pandemia em 2009, e influenza A (H3N2). Relativamente aos vírus influenza B, em vez de serem classificados em subtipos, são classificados em duas linhagens, o influenza B/Yamagata e influenza B/Victoria (61).

As proteínas de superfície do influenza, Hemaglutinina e Neuraminidase, sofrem mutações genéticas contínuas, originando frequentemente novas variantes deste vírus (61).

Desta forma, torna-se relevante a monitorização genómica contínua e global do influenza, para que seja possível recomendar as melhores composições para a vacina da gripe sazonal (60,61). Este acompanhamento é normalmente feito através da identificação rápida do tipo e subtipo/linhagem com técnicas de PCR e por sequenciação do material genético dos vírus em circulação, através de técnicas de sequenciação de Sanger e NGS. A sequenciação permite não só identificar os diferentes loci que possibilitam a classificação de cada tipo e subtipo/linhagem (61), mas também proceder à identificação e monitorização contínua da emergência e circulação de

novas mutações ou variantes potencialmente mediadoras de uma capacidade aumentada do vírus para se transmitir, resistir a fármacos antivirais e/ou evadir o sistema imunitário.

2.1.1.5 Newcastle Disease virus

A doença de Newcastle é uma doença que afeta sobretudo aves, principalmente as domesticadas, como galinhas, patos e pombos, sendo que as aves migratórias consistem normalmente numa forma de reservatório da doença (62,63).

A evolução da doença difere de acordo com cada animal afetado, assim, aquando da morte de um membro do bando, os restantes membros podem aparentar estar saudáveis, mas já terem contraído a infeção. Por este motivo, os surtos de doença Newcastle são difíceis de prevenir e podem levar a graves perdas económicas na indústria agrícola (62,63).

Esta infeção é transmissível a humanos, no entanto, geralmente, não se verificam nenhum tipo de sintomas, podendo ocasionalmente originar febre leve ou sintomas idênticos a uma gripe ligeira (63).

A doença de Newcastle foi identificada pela primeira vez em 1926, na Indonésia, e logo de seguida, em Newcastle, Inglaterra, em 1927. A primeira vacina de prevenção para a infeção pelo vírus da doença de Newcastle foi produzida durante a década de 1950. Atualmente, a vacina continua a ser uma das formas de prevenção de surtos mais eficaz, sendo aconselhada a administração da mesma a todas as aves antes de serem introduzidos num novo bando (62–64).

O vírus da doença de Newcastle, também conhecido por Ortoavulavírus aviário tipo 1, pertence ao género *Orthoavulavirus* da família Paramyxoviridae. Este vírus tem o seu material genético organizado numa fita de RNA simples no sentido negativo, pertencendo à classe cinco na classificação de Baltimore(62).

As mutações genéticas que ocorrem no vírus da doença de Newcastle originam diferentes estripes (65), as quais devem ser estudadas e monitorizadas para que seja possível a atualização das vacinas preventivas contra a doença de Newcastle. Assim, recorre-se à sequenciação do material genético deste agente infeccioso, por tecnologias NGS ou sequenciação de Sanger, de forma a permitir a deteção dos diferentes genótipos do vírus da doença de Newcastle (62,64), os quais são tradicionalmente definidos com base na variabilidade genética de uma região polimórfica do genoma humano localizada no gene que codifica a proteína de fusão (F) (66).

2.1.1.6 Dengue Disease virus (DENV)

A Dengue é uma infecção viral que não causa sintomas na maioria dos indivíduos infectados, no entanto, podem existir casos onde são desenvolvidos sintomas como febre alta, dor no corpo, náuseas e erupções cutâneas (67). Existem casos raros de evolução da doença para doença de Dengue grave, que podem exigir cuidados hospitalares e até mesmo levar à morte do doente infectado. Esta doença é transmitida entre os humanos através da picada do mosquito fêmea, principalmente das espécies *Aedes aegypti* e *Aedes albopictus*, o que justifica a sua maior prevalência em zonas com climas tropicais e subtropicais, que apresentam condições ideais para a reprodução e sobrevivência de mosquitos (67,68).

Atualmente, cerca de metade da população mundial corre o risco de contrair a Dengue, estimando-se 100 a 400 milhões de infecções por ano (67). O estado de propagação da doença mantém-se numa situação endêmica em mais de 100 países nas regiões das Américas, do Sudeste Asiático, do Pacífico Ocidental, do Mediterrâneo Oriental e da África, sendo as primeiras três as mais afetadas. A doença da Dengue tem vindo a espalhar-se pela região da Europa, onde se verificou a ocorrência de surtos (67).

A vacinação contra esta doença encontra-se ainda em fases de desenvolvimento, tendo sido já aprovada em alguns países, uma vacina para indivíduos que já foram infectados anteriormente (67). Desta forma, a prevenção e o controlo da Dengue estão altamente dependentes da vigilância do vetor, devendo ser tomadas medidas para evitar picadas de mosquito nas regiões que apresentam um maior risco de infecção pelo vírus da Dengue (67,68).

O DENV é um flavivirus da família *Flaviviridae*, com genoma organizado numa cadeia simples de RNA no sentido positivo (68). Os mais de 10 mil nucleotídeos que constituem o genoma deste vírus codificam uma poliproteína que, após clivagem, origina as proteínas essenciais à produção de novas partículas virais. Três das proteínas representadas são proteínas estruturais, nomeadamente as proteínas C, prM e E, e sete são proteínas não estruturais, sendo elas NS1, NS2A, NS2B, NS3, NS4A, NS4B e NS5 (68).

O DENV está classificado em quatro tipos, subdivididos em diferentes classes (69), com base na variabilidade da poliproteína. A identificação do tipo e classe do DENV que se encontra em circulação numa determinada região, permite a monitorização da doença e auxilia na decisão das medidas de saúde pública a adotar para a prevenção da mesma. É muito relevante que se proceda à sequenciação do material genético do vírus, através de tecnologias de sequenciação de Sanger ou NGS, de forma a identificar os tipos e classes mais prevalentes nas regiões afetadas, e monitorar a sua evolução e diversificação (68).

2.1.2 Bactérias

Em comparação com organismos mais complexos, como plantas e animais, as bactérias possuem uma estrutura genética bem mais simples, sendo constituídas por um cromossoma circular de DNA. Geralmente este cromossoma está situado no citoplasma da célula e tem um tamanho variável entre as diferentes espécies, flutuando normalmente entre 1 e 10 milhões de pares de bases que codificam 1.000 a 6.000 genes (38,39).

A maioria das sequências de DNA bacteriano de uma dada espécie são altamente conservadas, não obstante a existência de loci altamente polimórficos, os quais normalmente codificam proteínas envolvidas na interação com o ambiente ou o hospedeiro, tais como proteínas antigénicas da membrana ou da cápsula bacteriana (39).

À semelhança do que acontece nos vírus, ocorrem mutações quer de forma espontâneas quer induzidas por fatores externos com potencial impacto fenotípico (39). No entanto, a taxa de mutação ao longo do tempo é bastante inferior nas bactérias, quando comparada com a taxa de mutação dos vírus (38,39).

De facto, durante a replicação de uma bactéria podem ocorrer erros aleatórios tanto no armazenamento como na cópia da informação genética, criando mutações genéticas em determinadas regiões do genoma bacteriano ([Figura 2](#)) (37–39).

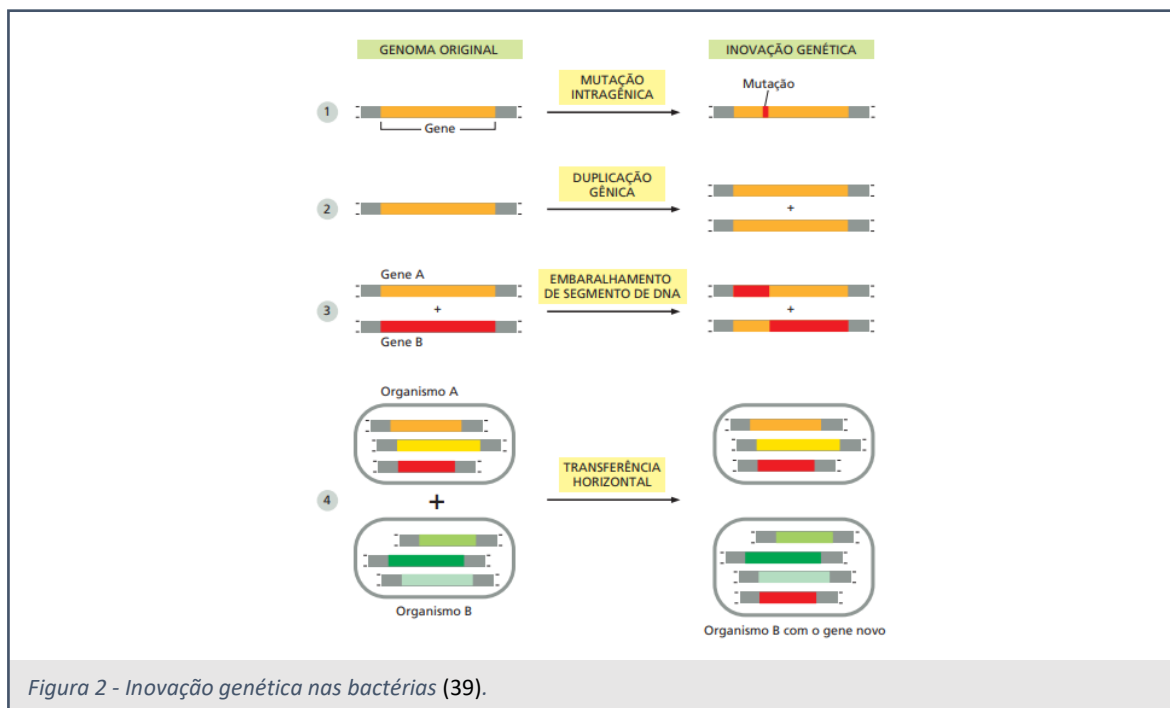


Figura 2 - Inovação genética nas bactérias (39).

Estes erros podem resultar em mudanças que têm implicações tanto positivas quanto negativas para o fenótipo da bactéria. Mutações que conferem vantagens adaptativas têm maior probabilidade de serem transmitidas à descendência, visto que aumentam a capacidade de sobrevivência e reprodução do organismo em causa. Por outro lado, mutações desfavoráveis podem levar a uma menor capacidade de reprodução ou a um tempo de vida mais curto, limitando assim a disseminação de genótipos desvantajosos na população bacteriana (37–39,70).

Muitas vezes os cromossomas não são o único material genético presente nas bactérias, podendo existir no citoplasma pequenas moléculas de DNA circulares, chamadas plasmídeos. Estas moléculas podem carregar genes responsáveis por vantagens adaptativas como a capacidade de utilizar certos nutrientes e de conferir à bactéria resistência a um determinado antibiótico (37–39). Os plasmídeos podem ser transmitidos horizontalmente entre as bactérias, ou seja, sem que se seja necessária a reprodução celular, permitindo a disseminação de genes benéficos entre populações bacterianas e contribuindo para a evolução rápida de novas características adaptativas (37–39,70,71).

A compreensão da genética das bactérias torna-se fundamental para o desenvolvimento de novos antibióticos e outras terapias para combate às infeções bacterianas, em ambientes clínicos e na comunidade (37–39,70,71).

2.1.2.1 *Chlamydia trachomatis*

A bactéria *Chlamydia trachomatis* causa uma infeção, comumente designada por clamídea, cujos sintomas mais comuns podem incluir corrimento uretral e vaginal.

A clamídia é sexualmente transmissível, sendo evitável através da utilização de métodos contraceptivos de barreira (72). Se a infeção por *C.trachomatis* não for tratada recorrendo a antibióticos, existe a possibilidade de se desenvolverem problemas mais graves como infertilidade feminina e gravidez ectópica, para além do aumento do risco de infeção por outros microrganismos, como o HIV (72).

A prevalência global da clamídea em pessoas com idades compreendidas entre 15 e 49 anos foi estimada em 2,5% para homens e 4% para mulheres, tendo sido registadas em 2020 128,5 milhões de infeções por *C.trachomatis* na mesma faixa etária. Esta infeção é mais comum em jovens (72).

Outra forma de manifestação de infecção por *C.trachomatis* é o tracoma, uma infecção que causa rugosidade na superfície interna das pálpebras e que é transmitida através de secreções oculares e nasais, principalmente entre crianças pequenas (72,73).

O linfogranuloma venéreo (LGV) é uma infecção causada por genótipos de *C.trachomatis* mais invasivos, que afeta principalmente homens, e cujos sintomas incluem formação de abscessos no local onde ocorreu a infecção (72,73).

A bactéria *C.trachomatis* é uma bactéria gram-negativa do género *Chlamydia* e família *Chlamydiaceae*. O genoma da *C.trachomatis* codifica aproximadamente 900 genes, sendo bastante mais pequeno que o de outras espécies bacteriana e não codificando várias funções metabólicas essenciais à replicação da bactéria (74). Desta forma, esta bactéria só é capaz de se replicar dentro de uma célula hospedeira, sendo portanto uma bactéria intracelular obrigatória.

As estirpes de *C.trachomatis* são tradicionalmente classificadas em genótipos (A-K e L1-L3) de acordo com a variabilidade do gene *ompA*, o qual codifica para a sua principal proteína da membrana externa (MOMP) (75). Esta classificação tem uma boa correlação com o tropismo celular e tipo de infecção que a *C.trachomatis* é capaz de desencadear: infecção ocular, normalmente associada aos genótipos A-C; infecção anorectal e urogenital, tipicamente associada aos genótipos D-K; e LGV, provocada pelos genótipos L1-L3 (73,74).

A monitorização dos genótipos em circulação pode ser feita recorrendo a técnicas de genotipagem rápida, de forma a diferenciar estirpes LGV e não LGV, permitindo um aconselhamento rápido do tratamento mais adequado. Já as tecnologias de sequenciação de Sanger e NGS são essenciais para identificar, monitorizar e caracterizar as estirpes circulantes e o seu impacto na saúde pública (73,74).

2.1.2.2 Legionella pneumophila

A bactéria *Legionella pneumophila* causa uma infecção com gravidade bastante variável, desde estados febris até infeções de pneumonia graves e possivelmente fatais. Esta espécie de bactéria é transmitida pela água, sendo comumente encontrada em rios, lagos, fontes termais e sistemas de água artificiais como o ar condicionado (76,77).

A bactéria *L.pneumophila* foi identificada em 1977, como causa de um grave surto nos EUA (76).

A incidência da doença provocada pela *L.pneumophila* não é globalmente conhecida visto que muitos países não dispõem de métodos de diagnóstico adequados, no entanto, na Europa, Austrália e EUA, são detetados cerca de 10 a 15 casos por milhão de habitante a cada ano (76).

São considerados fatores de risco para o desenvolvimento de doença por infeção de *L.pneumophila* a idade avançada (mais de 50 anos), o tabagismo, doenças pulmonares, imunossupressão, entre outros fatores que comprometem a integridade pulmonar e imunitária do indivíduo. O diagnóstico e tratamento antibiótico precoce e adequado, são essenciais para o impedimento da progressão da doença (76,77).

A bactéria *L.pneumophila* é uma bactéria gram-negativa do género *Legionella* e família *Legionellaceae*. Esta bactéria é um bacilo aeróbico, não encapsulado e com um flagelo. A análise aprofundada do genoma da *L.pneumophila* revelou alta plasticidade do genoma das várias estirpes da bactéria, assim como a ocorrência frequente de transferência horizontal de genes. A *L.pneumophila* é um parasita intracelular facultativo, criando reservatórios no ambiente através da replicação em amebas, principalmente amebas *Acanthamoeba* e *Naegleria*. No ser humano, a *L.pneumophila* invade e replica-se dentro de macrófagos(77,78).

As várias estirpes de *L.pneumophila* são tradicionalmente classificadas de acordo com a identificação do seu serogrupo, e ainda subdivididas em várias subespécies, permitindo enfatizar as diferenças genéticas entre elas (79).

A sequenciação genética utilizando tecnologias NGS e Sanger, é essencial na deteção e controlo de surtos, e no acompanhamento da diversidade e persistência de *L.pneumophila* no ambiente (77,78).

2.2 Técnicas de sequenciação de DNA e RNA

Desde a conclusão dos primeiros rascunhos de sequências genómicas, as técnicas modernas de sequenciação de DNA e RNA estão em constante evolução (80). O desenvolvimento de novas tecnologias ou a melhoria de tecnologias já existentes prende-se com o objetivo de encontrar alternativas mais rápidas e fáceis de operar, mais precisas, ou mais vantajosas economicamente do que aquelas que já existem (80,81).

As tecnologias de sequenciação de DNA e RNA são em parte responsáveis pelo impulsionamento do estudo da genética humana e microbiana, mostrando resultados em áreas distintas que vão desde a farmacogenómica, à genética clínica, à epigenética e à investigação oncológica ou microbiana (16,80–84).

A [Tabela 1](#) apresenta um breve resumo sobre as tecnologias de sequenciação de DNA e RNA das diferentes gerações mais utilizadas atualmente, acompanhadas das respectivas datas de lançamento.

Tabela 1 - Sumário de tecnologias de sequenciação mais utilizadas. (21,80,83,84)

Geração	Tecnologia	Ano de lançamento
Sequenciação primeira geração	Sequenciação de Sanger	1977
Sequenciação segunda geração	454 Life Sciences	2005
	Illumina	2006
	SOLiD	2009
	Ion Torrent	2011
Sequenciação terceira geração	PacBio	2011
	Oxford Nanopore Technologies (ONT)	2014

Como é possível perceber, a tecnologia de sequenciação de Sanger, apesar de mais antiga e de apresentar um rendimento inferior às tecnologias mais recentes, ainda se mostra bastante útil em aplicações onde é necessário garantir um resultado rápido, com menos custos e com um nível de precisão elevado (16,21,81,84,85).

No que diz respeito às restantes tecnologias acima referidas, existem vários aspetos que as diferenciam, começando pelo seu princípio de funcionamento que é diferente em cada uma delas (21,81,84,85). A variedade de métodos usados para detetar a sequência de bases nitrogenadas leva consequentemente a diferentes velocidades, qualidades de precisão, comprimento das amostras suportado e custo da análise.

Desta forma, é possível inferir sobre as semelhanças e divergências destas tecnologias. As tecnologias Illumina e Ion Torrent têm capacidade de gerar grandes quantidades de dados num curto período de tempo, enquanto a PacBio ou Nanopore, conseguem produzir sequências em tempo real, embora apresentem normalmente um menor rendimento (21,80,83,84). No que diz respeito à precisão, a acurácia da PacBio é bastante elevada, no entanto o seu custo é muito superior à tecnologia Illumina ou Nanopore, por isso, os laboratórios acabam muitas vezes por aderir a estas tecnologias mais vantajosas em termos de custos. É de notar, ainda, que a tecnologia Nanopore, apresenta uma taxa de erro mais elevada que outras tecnologias, o que faz com que, para certas aplicações, possa ser necessário verificar os seus resultados usando tecnologias com maior precisão (16,20,21,80,81,83–85).

É de notar que as diferentes características apresentadas pelas tecnologias de sequenciação podem torná-las mais adequadas para determinadas aplicações, sendo da responsabilidade dos laboratórios e dos investigadores definir aquelas que suprimem as necessidades para cada tipo de análise.

Em mais detalhe, serão abordadas as tecnologias de sequenciação de DNA e RNA incorporadas no desenvolvimento do pipeline automático em estudo, sendo elas as tecnologias de Sanger, Illumina e Nanopore.

2.2.1 Sanger

O método de sequenciação de Sanger (86), foi desenvolvido na década de 1970 por Frederick Sanger. De uma forma simples (Figura 3), este método consiste na síntese do DNA de interesse com uma DNA polimerase, envolvendo um *primer*, as quatro bases nitrogenadas (adenina, citosina, guanina ou timina) na sua forma de desoxirribonucleotídeos (dNTP), e terminadores de cadeia na forma de didesoxinucleotídeos (ddNTP). Após a reação de síntese, cada fragmento de DNA é submetido a uma eletroforese que os separa e permite inferir sobre bases nitrogenadas presentes no fragmento original (21,85–88).

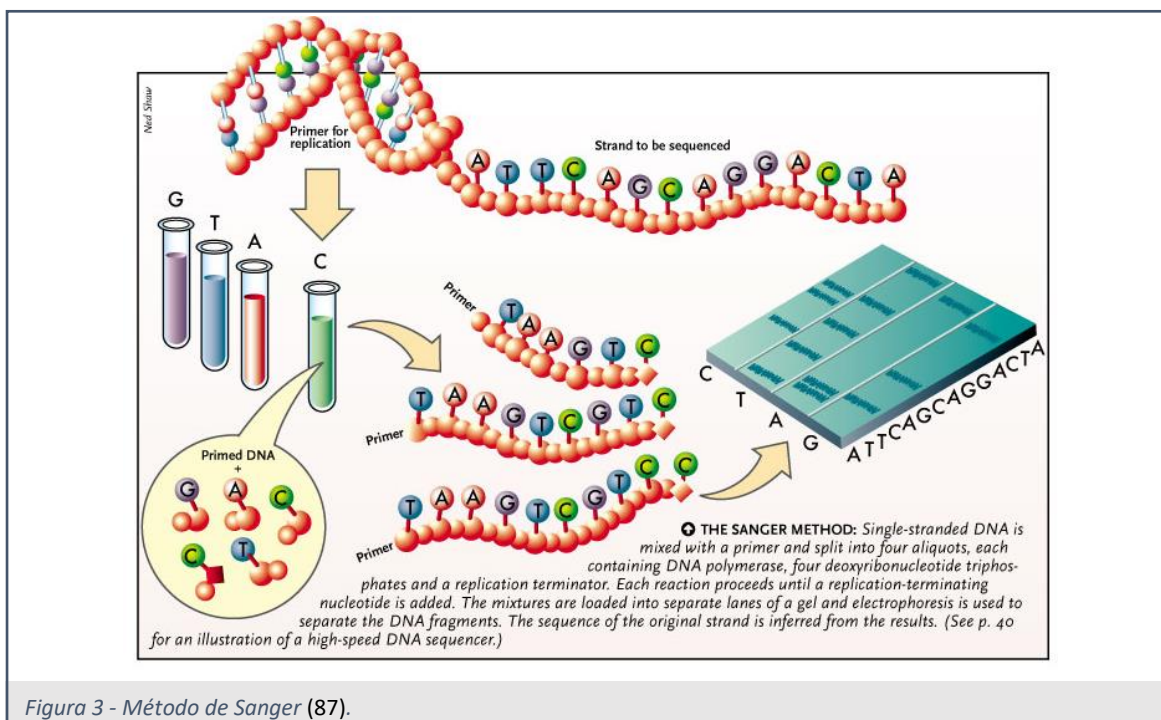


Figura 3 - Método de Sanger (87).

Ao longo do tempo este método tem vindo a sofrer evoluções que o tornam mais eficiente, entre as quais o uso de sequenciação por ciclo térmico, que permitiu a redução da quantidade de

DNA necessária, o desenvolvimento de terminadores fluorescentes, que melhorou a distinção das diferentes bases nitrogenadas através da análise de emissão de fluorescência, e o desenvolvimento de *softwares* bioinformáticos capazes de analisar os dados produzidos por este método, possibilitando um aumento significativo do tamanho das regiões de DNA ou dos genomas analisados (21,85).

2.2.2 Illumina

A tecnologia de sequenciação Illumina (Figura 4) usa a sequenciação por síntese que engloba a amplificação de fragmentos de DNA e a sua separação em aglomerados numa placa de fluxo, cada um contendo múltiplas cópias do mesmo fragmento de DNA (21,80,85,88). Durante a sequenciação, cada base nitrogenada incorpora um nucleótido fluorescente o que permite a sua identificação através da marcação com diferentes cores. O processo de identificação de cada base é repetido até que todas as bases do fragmento estejam identificadas, dando a sequenciação como concluída (21,88). Os dados gerados pela sequenciação Illumina são posteriormente analisados com recurso à bioinformática (21,88).

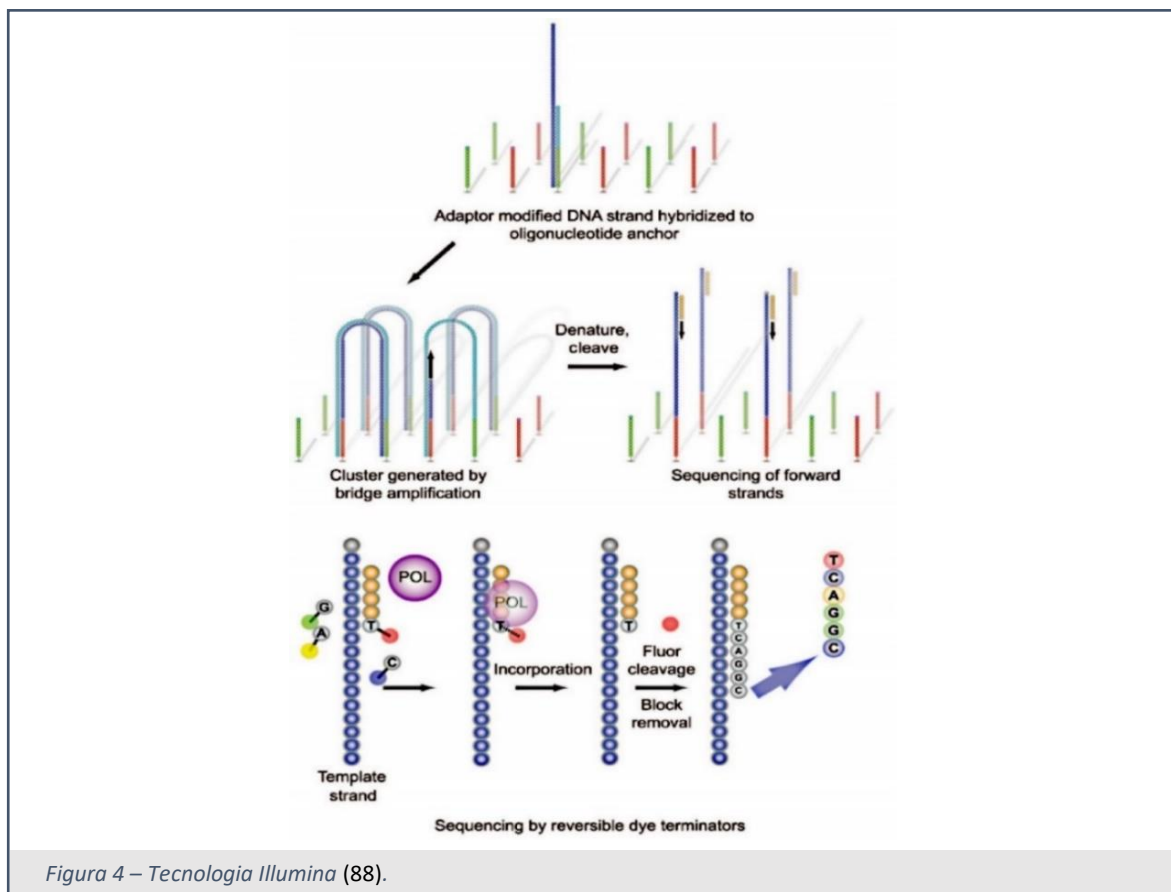


Figura 4 – Tecnologia Illumina (88).

A tecnologia Illumina é atualmente uma das tecnologias dominantes no mercado de NGS, tanto para a sequenciação de genomas complexos como de genomas de microrganismos com dimensões mais reduzidas (88). Esta liderança deve-se ao facto desta tecnologia permitir a análise de um número de amostras bastante significativo em simultâneo, reduzindo o custo monetário por análise de cada amostra, além de que apresenta uma taxa de erro reduzida, que apesar de ser maior do que as tecnologias de Sanger, é suficiente para fornecer uma elevada precisão nos resultados (21,80,88).

2.2.3 Nanopore

A tecnologia de sequenciação Nanopore (Figura 5) é caracterizada por não necessitar de amplificação prévia do material genético a analisar, permitindo a leitura direta de moléculas de DNA ou RNA e evitando assim potenciais erros ocorridos durante a amplificação. Aquando da sequenciação por Nanopore, as moléculas de material genético passam por um pequeno orifício composto por um canal proteico com iões nas suas paredes internas, denominado nanoporo. Durante a sequenciação, a passagem da molécula de DNA ou RNA pelos iões, gera variações nos sinais elétricos que são usadas para identificar as diferentes bases nitrogenadas presentes na amostra em análise (20,21,85,89).

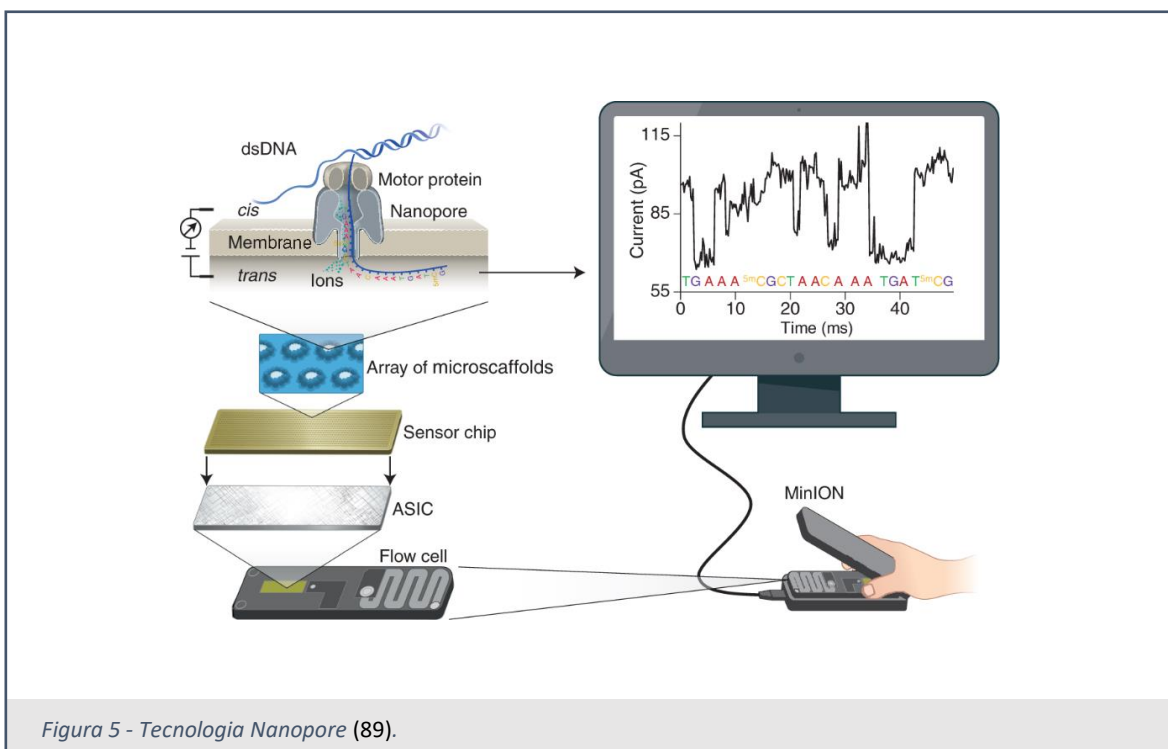


Figura 5 - Tecnologia Nanopore (89).

Apesar de ter uma precisão mais baixa do que outras tecnologias NGS, a tecnologia Nanopore permite a leitura de amostras com uma elevada quantidade de bases nitrogenadas, facilitando a montagem de genomas complexos, e pode apresentar custos monetários bastante económicos quando comparados com os de outras tecnologias, dependendo do contexto de aplicação (20,21,80,89). Além disso, para alguns usos, por não ser necessária a amplificação do material genético, esta tecnologia pode fazer a distinção entre bases nitrogenadas metiladas e não metiladas. A influência significativa da modificação do grupo metil na regulação da expressão genética, aliada à sua capacidade de ser transmitida entre gerações, faz com que a sua inclusão na sequenciação do material genético permita uma variedade de estudos epigenéticos (20,89).

2.3 INSA

O Instituto Nacional de Saúde Doutor Ricardo Jorge (INSA), constitui um elemento essencial ao nível laboratorial do sistema nacional de saúde, representando ainda um observatório de saúde em Portugal. É notável o papel do INSA no avanço da ciência e tecnologia em saúde, tendo sido um ator relevante em diversas áreas, desde a vigilância epidemiológica de doenças infecciosas até à investigação e promoção da saúde pública (90).

Com a criação do INSA, foi possível reunir diversos centros de investigação em saúde e criar uma rede de laboratórios de referência, permitindo uma atuação mais ágil e coordenada em emergências na saúde pública. Além disso, o INSA apresenta uma longa lista de parcerias, nacionais e internacionais, que melhoram a sua eficácia em diversas áreas de atuação (90).

O INSA tem um papel importante no acompanhamento epidemiológico de doenças transmissíveis, como Tuberculose, Gripe, COVID-19 e a Hepatite C, produzindo dados e informação acerca da frequência, distribuição temporal e geográfica e consequências das diferentes doenças na população portuguesa (91). Ainda no campo das doenças infecciosas, o INSA promove e realiza investigação sob múltiplos agentes patogénicos e os determinantes da doença em estudo, avalia o risco biológico de emergência em saúde pública e coopera em atividades de laboratórios de segurança biológica, biobancos e biotérios (91,92).

A vertente de investigação do INSA não se fica pela epidemiologia e vigilância de doenças infecciosas, atuando também com a realização de estudos em diversas áreas da saúde, incluindo genética humana e promoção da saúde (91–93).

Fazem ainda parte das áreas de atuação do INSA a alimentação e nutrição e a saúde ambiental, desenvolvendo atividades de segurança alimentar, toxicologia, avaliação de fatores de risco ambientais e estudos de estilo de vida (94,95).

O INSA é ainda responsável pela formação de profissionais em saúde através de cursos e programas de pós-graduação (96).

O trabalho desenvolvido pelo INSA tem contribuído significativamente para a implementação de políticas públicas mais efetivas em saúde, para a melhoria da saúde pública em Portugal e para a resposta efetiva em emergências na saúde (90).

3. Implementação e métodos

A ferramenta ReporType para identificação de loci de interesse e/ou determinação de genótipos de agentes infecciosos, como vírus e bactérias, foi desenvolvida utilizando o gestor de fluxos de trabalho Snakemake (97), incorporando num só fluxo de trabalho todos os *softwares* necessários. Esta identificação é possível através do fornecimento de dados brutos provenientes de sequenciação de Sanger, Illumina e Nanopore, assim como de ficheiros *single* e *multi* fasta. O Snakemake é baseado na linguagem Python, mas permite a integração da linguagem Python e Shell, sendo que o pipeline foi desenvolvido aproximadamente 80% em Python e 20% em Shell.

A utilização do Snakemake implica a criação de um ambiente Conda (98), o que também se torna eficaz para facilitar a instalação de todas as dependências necessárias ao funcionamento do fluxo de trabalho gerado. Outra vantagem associada à utilização do Snakemake como gestor do pipeline criado, é o facto de este permitir a execução paralela de etapas do fluxo de trabalho, o que pode acelerar significativamente o processamento de dados (97). O Snakemake tem ainda a capacidade de lidar inteligentemente com arquivos de entrada e saída, facilitando o controlo dos resultados da análise e evitando a reexecução de etapas desnecessárias (97).

A ReporType foi projetada para ser instalada e executada em sistemas operacionais Linux ou em ambientes Linux que podem ser incorporados noutros sistemas operacionais, como é o caso do Windows Subsystem for Linux (WLS) para o Windows. O pipeline pode ainda ser utilizado em clusters, desde que estes também possuam um ambiente Linux associado. É de notar que para o bom funcionamento da ReporType, é necessário que o sistema onde o pipeline será executado suporte a instalação e execução do Conda, Python, Snakemake e de todas as outras dependências associadas ao fluxo de trabalho criado, mencionadas posteriormente.

3.1 Fluxo de trabalho ReporType

O pipeline ReporType começa, inevitavelmente, por interpretar os *inputs* fornecidos pelo utilizador, relativos às amostras a analisar e à base de dados sobre a qual deve ser feita a identificação de loci.

No que diz respeito às sequências a analisar, foi utilizada a linguagem Python para as separar de acordo com o seu formato. Assim, todas as amostras contidas na pasta especificada pelo *input* do utilizador passam por um processo de filtragem que as organiza com base na tecnologia de sequenciação usada para gerar os dados de cada um dos ficheiros submetidos. Além disso, são diferenciados os ficheiros fasta, que já passaram por um processo prévio de limpeza e aparagem.

Os ficheiros relativos à base de dados são preparados em Python e Shell. No caso de o utilizador já possuir uma base de dados formatada segundo as normas do ABRicate (99), *software* que irá identificar os loci presentes na base de dados, a ReporType vai utilizar a diretoria fornecida e criar uma base de dados com o nome do ficheiro fasta disponibilizado pelo utilizador. Se a base de dados do utilizador não estiver no formato pretendido pelo ABRicate, o utilizador terá de fornecer um ficheiro fasta com as sequências a incorporar na base de dados, e um ficheiro tsv com três colunas, na primeira coluna deve ser inserido o nome de cada sequência, a segunda coluna destina-se ao elemento a identificar, como genótipo, linhagem ou subtipo, e a terceira está designada aos identificadores únicos (*accession*) de cada sequência. Fica ao encargo da ReporType a formatação de uma base de dados com a estrutura aceite pelo ABRicate.

Após o tratamento dos *inputs* do utilizador, foi então criado um fluxo de trabalho, que permitiu definir a utilização de cada *software* de acordo com o formato dos dados a analisar, que diferencia conforme as diferentes tecnologias de sequenciação utilizadas ([Figura 6](#)).

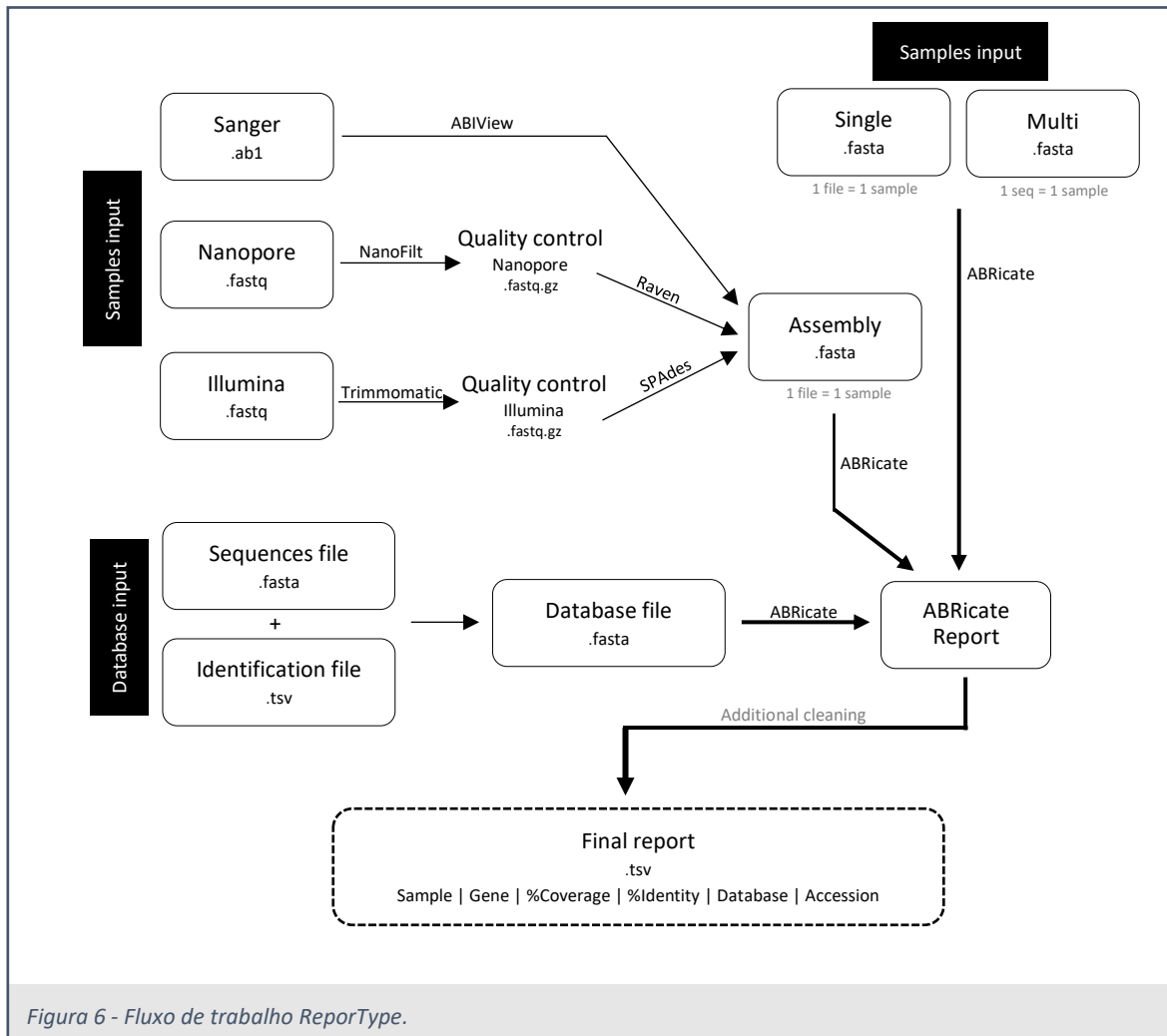
Assim, de forma simplificada, os dados provenientes da análise das tecnologias de Sanger são filtrados e trabalhados pelo ABIView (100), enquanto os dados provenientes da sequenciação Illumina são submetidos a controlo de qualidade pelo Trimmomatic (101), seguido de montagem pelo SPAdes (102). Na mesma linha de pensamento, os dados provenientes da sequenciação Nanopore são filtrados pelo NanoFilt (103) e a geração dos ficheiros fasta é feita pelo Raven (104).

Depois do pré-processamento dos dados em bruto provenientes da sequenciação, todos os ficheiros fasta são submetidos a análise pelo ABRicate, incluindo os que foram montados pelos *softwares* referidos e os ficheiros *single* e *multi* fasta inicialmente fornecidos no input do utilizador.

O relatório final gerado pelo ABRicate, contém os loci que foram encontrados em cada sequência de cada amostra submetida para análise. Este relatório é submetido a uma filtragem adicional utilizando linguagem Python.

A limpeza final do relatório gerado pelo ABRicate consiste essencialmente em formatar os resultados de acordo com a espécie que está a ser analisada, juntando os genes relativos a tipos e subtipos de espécies encontrados na mesma amostra numa só linha do relatório final, e filtrando os genes com maior percentagem de cobertura de forma a facilitar a análise por parte do utilizador. Além disso, são mantidas apenas as informações consideradas mais relevantes para o utilizador, o que inclui o nome da amostra em análise, o locus ou loci encontrados em cada amostra, a percentagem de cobertura e identidade de cada gene encontrado, a base de dados sobre a qual foi feita a análise e o identificador único (*accession*) da sequência da base de dados. O relatório final é fornecido no formato tsv.

A [Figura 6](#) apresenta um esquema ilustrativo de todo o processamento e análise de dados realizado pelo pipeline, explicado anteriormente. Os parâmetros de análise de cada software são configuráveis pelo utilizador, permitindo assim uma análise personalizada e adaptada à espécie sob investigação.



É de ressaltar que todos os ficheiros intermédios gerados durante a execução do pipeline são guardados numa pasta específica dos resultados, possibilitando que o utilizador os consulte caso ache relevante. Além disso, também é disponibilizado um relatório em bruto para cada ficheiro analisado pelo ABRicate, permitindo que o utilizador aceda a informações mais específicas sobre todos os loci presentes numa determinada amostra, não excluindo loci com percentagem de cobertura e identidade que não cumpram os critérios definidos.

3.2 Softwares incorporados

Todos os *softwares* incorporados na ReporType são automaticamente instalados aquando da criação de um ambiente Conda (98).

O Conda é um gerenciador de pacotes utilizado principalmente para a linguagem de programação Python. Este *software* simplifica a instalação de outras ferramentas, permitindo criar ambientes virtuais isolados com um conjunto de ferramentas explicitadas pelo utilizador e resolvendo as dependências existentes entre elas. O Conda possibilita a instalação de *softwares* de diferentes fontes, incluindo de pacotes não relacionados com o Python, como pacotes de R ou C++. Outra vantagem dos ambientes criado com o Conda, é que eles podem ser replicados através da definição de ficheiros com a listagem de todos os *softwares*, e respetivas versões, necessários para a criação de determinado ambiente. O Miniconda é uma versão mais leve do Conda que vem sem nenhum pacote pré-instalado (98).

Assim, para que todas as dependências necessárias ao funcionamento da ReporType sejam instaladas com sucesso, é necessária a instalação previa do Conda, Miniconda ou outro equivalente.

De forma a evitar incompatibilidades nas versões de cada software, apenas são requeridas versões específicas do Python e das suas bibliotecas (105), do Snakemake (97) e do ABRicate (99). As versões das restantes ferramentas incorporadas são resolvidas automaticamente pelo conda, podendo sofrer alterações conforme a atualização desses *softwares*. A [Tabela 2](#) apresenta as versões definidas para o Python e as suas bibliotecas, para o Snakemake e para o ABRicate, assim como as versões dos restantes *softwares* que são atualmente instaladas.

Tabela 2 - Softwares incorporados na ReporType e respetivas versões instaladas automaticamente, assim como uma breve descrição da função de cada um.

Ferramenta	Versão	Função
Python	3.8.15	Desenvolvimento geral e automatização de tarefas
Pandas	1.5.3	Manipulação e análise de conjuntos de dados
Numpy	1.24.2	Operações numéricas e matemáticas
Biopython	1.81	Análise de dados biológicos
Snakemake	7.22.0	Criação e execução de fluxos de trabalho
ABRicate	1.0.1	Deteção e anotação de genes
ABIView	6.5.7.0	Análise de dados provenientes de sequenciação de Sanger
NanoFilt	2.8.0	Análise de dados provenientes de sequenciação por Nanopore
Raven	1.8.1	Montagem de genoma
Trimmomatic	0.39	Análise de dados provenientes de sequenciação por Illumina
SPAdes	3.15.5	Montagem de genoma

Como foi referido anteriormente, o Python, as suas bibliotecas e o Snakemake foram utilizados para a implementação do fluxo de trabalho criado, que por sua vez, incorpora o ABIView (100), o NanoFilt (103), o Raven (104), o Trimmomatic (101), o SPAdes (102) e o ABRicate (99). Estas ferramentas serão responsáveis pelo pré-processamento dos dados provenientes das diferentes tecnologias de sequenciação e pela identificação dos diferentes genótipos encontrados.

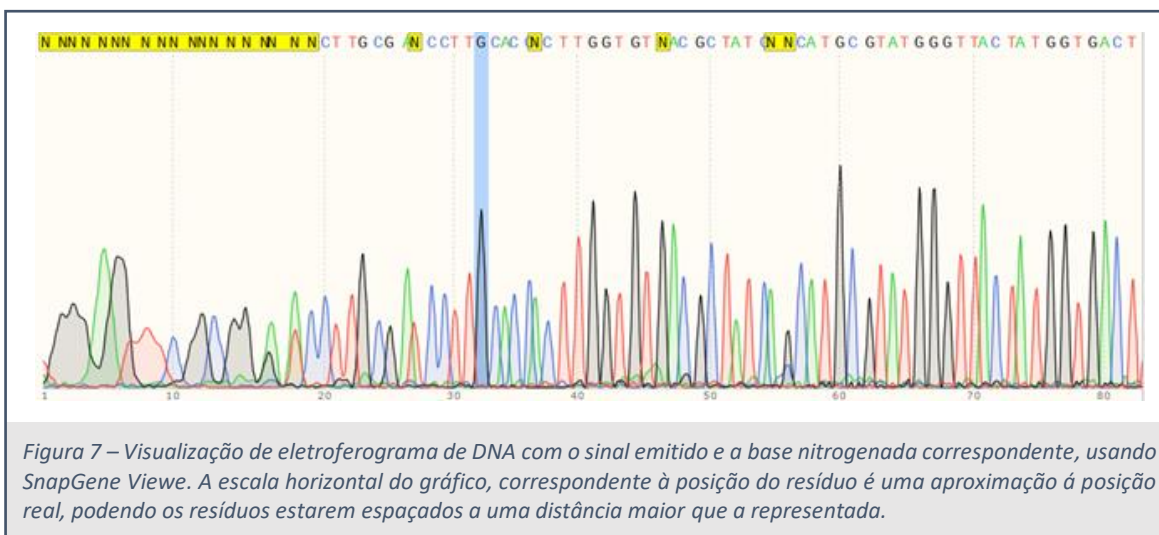
3.2.1 Análise de dados Sanger

Na análise de dados provenientes de sequenciação de Sanger, foi incorporado o *software* ABIView (100) com o objetivo de interpretar os dados gerados pela sequenciação e gerar os ficheiros fasta a analisar posteriormente.

3.2.1.1 ABIView

O ABIView é uma ferramenta de acesso livre utilizada para visualização e análise de seqüências de DNA geradas por sequenciadores da marca Applied Biosystems (100). Esta marca é utilizada em vários laboratórios de pesquisa tanto em estudos genómicos como em diagnósticos moleculares, e utiliza sequenciação baseada na tecnologia de Sanger (100,106).

O ABIView é capaz de ler arquivos em AB1, AB, FSA entre outros gerados por esta tecnologia, e emite relatórios em formato de gráfico, texto ou eletroferograma, permitindo uma visualização clara das bases nitrogenadas e das intensidades de sinal registadas em cada uma (100). A [Figura 7](#) representa o gráfico reproduzido pelo ABIView que ilustra a identificação de cada base nitrogenada tendo em conta o sinal obtido aquando da sequenciação das amostras.



Esta ferramenta permite que o utilizador defina parâmetros como a posição inicial e final da sequência de DNA que serão analisadas pelo ABIView, assim como a emissão de um gráfico como relatório de saída e as suas características (100).

Na *ReportType*, o ABIView está a ser utilizado com o propósito de preparar os ficheiros *fasta* com as sequências de cada amostra a partir de ficheiros provenientes de sequenciação de Sanger. Por este motivo foi suprimida a opção de emissão de um gráfico de saída, no entanto foi mantida a possibilidade de o utilizador configurar as bases finais e iniciais para a análise pelo ABIView, permitindo seleccionar regiões específicas e/ou cortar zonas com maior taxa de erro.

Estão estabelecidos valores padrão para estes parâmetros, sendo que a base definida para início da análise é a vigésima (*startbase=20*) enquanto a base que marca o fim da análise é a base número 800 (*endbase=800*). Estes valores podem ser configurados pelo utilizador de acordo com as necessidades da análise a realizar.

No *ReportType*, o relatório em formato *fasta* gerado pelo ABIView é direcionado para uma pasta com resultados intermédios, permitindo que o utilizador consulte os ficheiros *fasta* de cada amostra.

3.2.2 Análise de dados Illumina

Na análise de dados provenientes da tecnologia Illumina foram incorporados dois *softwares*, o Trimmomatic (101), responsável pela limpeza das *reads* e controlo de qualidade, e o SPAdes (102), que irá assemblar as *reads*, criando contigs em ficheiros *fasta* para análise posterior.

3.2.2.1 Trimmomatic

O Trimmomatic é um dos *softwares* mais populares para a limpeza e pré-processamento de dados obtidos por técnicas de NGS. Esta ferramenta executa uma variedade de tarefas úteis para corrigir ou remover *reads* que não estejam dentro de determinados parâmetros que podem ser definidos pelo utilizador (101).

Os passos de corte e limpeza das *reads* consistem em várias operações, entre as quais: remover os adaptadores que foram utilizados aquando da sequenciação por Illumina; remover as bases de baixa qualidade no início e no fim de cada *read*; fazer um corte deslizante avaliando a qualidade média de um número de bases a definir e removendo as sequências cuja qualidade avaliada seja baixa; e remover *reads* com um baixo número de bases (101). O Trimmomatic permite ainda que sejam submetidas ao processo de limpeza dados de sequenciação de leitura única ou de pares de *reads*, sendo que, no caso dos pares de *reads*, o *software* pode remover sequências que

não se alinham bem com o seu par correspondente ou remover bases desnecessárias no início ou fim das *reads*. Esta ferramenta possibilita a especificação do esquema de codificação de qualidade utilizado nos ficheiros a serem analisados a partir da linha de comando, distinguindo entre valores de qualidade que variam de 64 a 126, ou seja, esquema Phred+64, e de 33 a 126, esquema Phred+33.

A limpeza feita pelo Trimmomatic melhora a qualidade e credibilidade dos dados de sequenciação, e conseqüentemente, dos resultados obtidos após análise bioinformática (101).

No pipeline ReporType, a limpeza dos adaptadores Illumina está incluída e é possível que o utilizador indique o ficheiro com os adaptadores que foram utilizados na sua análise, existindo, no entanto, um arquivo *default* descarregado aquando no *download* do pipeline.

Os parâmetros para a limpeza das *reads* também são configuráveis pelo utilizador, existindo naturalmente valores padrão já definidos. O tamanho mínimo das *reads* a aceitar está pré-definido como 36 bases (MINLEN:36), a qualidade média mínima estabelecida para cada sequência é de 20 a cada 5 bases (SLIDINGWINDOW:5:20), e as 3 bases com qualidade baixa início e fim de cada *read* serão removidas (LEADING:3 e TRAILING:3).

Relativamente ao esquema de codificação de qualidade, como *default*, foi definido no pipeline que este estaria indicado no ficheiro a analisar, sendo dada a possibilidade de especificação na linha de comando.

O Trimmomatic é capaz de lidar com vários formatos de arquivos. Na ReporType os ficheiros alvo deste *software* consistem nos arquivos gerados pela tecnologia Illumina, a partir dos quais irá gerar ficheiros fastq comprimidos, com as *reads* de leitura única que passaram este controlo de qualidade. No caso de análise de pares de *reads*, serão emitidos ficheiro com as *reads* de cada um dos sentidos, *forward* e *reverse*, para as quais foi possível uma correspondência com qualidade, e outros ficheiros para as que foram removidas, estando todos os arquivos acessíveis ao utilizador.

3.2.2.2 SPAdes

O SPAdes genome assembler (102), é uma ferramenta para a montagem de genomas baseada em grafos de De Bruijn, que divide as sequências genéticas em pequenos fragmentos e monta um grafo, que consiste num conjunto de pontos conectados, representando a sobreposição dos fragmentos. O grafo criado é então utilizado para montar o genoma em análise e para produzir os ficheiros *fasta* (*contigs*), que serão posteriormente analisados para identificação de loci presentes nas bases de dados.

Este *software* é altamente configurável e oferece várias opções de ajuste para otimizar a montagem do genoma. De entre estas opções é de destacar a capacidade de ajustar parâmetros como o tamanho do k-mer, ou seja, o tamanho dos fragmentos para montagem do grafo de De Bruijn, e o limiar de cobertura mínima para os *contigs* (102).

No pipeline ReporType, o SPAdes foi incorporado na sua versão mais simples, sendo que apenas é necessária a geração dos *contigs* para posterior análise, dispensando as outras funções de análise do SPAdes. Os ficheiros fasta com os contigs de cada amostra ficam disponíveis para uma possível necessidade de acesso por parte do utilizador.

3.2.3 Análise de dados Nanopore

Para analisar dados gerados pelos sequenciadores Nanopore, foram incorporados no pipeline ReporType os *softwares* NanoFilt (103) e Raven (104). O NanoFilt será utilizado para a limpeza das *reads*, enquanto o Raven será responsável pela geração dos ficheiros fasta (*contigs*) para posterior análise.

3.2.3.1 NanoFilt

O NanoFilt é um *software* para processamento de sequências de material genético, projetado para filtrar os dados em bruto provenientes da sequenciação por Nanopore (103). Esta ferramenta é capaz de remover leituras de baixa qualidade ou demasiado curtas, filtrar *reads* com alta percentagem de ambiguidades e remover possíveis adaptadores contaminantes. Esta limpeza pode melhorar significativamente a qualidade dos dados gerados pelo sequenciação Nanopore (103).

Este *software* aceita arquivos de entrada no formato fastq, comprimidos ou não, e pode produzir ficheiros fasta ou fastq com as *reads* filtradas de acordo com os parâmetros definidos pelo utilizador, atendendo as suas necessidades específicas. Assim, o utilizador tem a opção de definir valores como a qualidade mínima para filtragem individual de bases e o comprimento mínimo e máximo das sequências a serem mantidas após filtragem (103). Além disso, o número de bases que serão removidas no início e fim de cada sequência também é configurável, assim como a quantidade mínima e máxima de conteúdo CG de cada *read* (103).

No pipeline desenvolvido, ReporType, o ficheiro de entrada consiste no arquivo fastq, comprimido ou não, com os dados em bruto provenientes da sequenciação Nanopore. Sobre este arquivo é feita uma filtragem com valores por defeito de qualidade mínima de 8, comprimento mínimo da *read* de 50 bases e máximo de 50000, após filtragem.

Estão ainda incluídos no pipeline valores para o número de bases a ser removidas no início e fim de cada *read*, estabelecidos por defeito em 30 bases. Estes valores de limpeza podem ser configurados pelo utilizador de acordo com as necessidades da sua análise. O arquivo de saída fastq comprimido com as *reads* filtradas pelo NanoFilt fica disponível para acesso ao utilizador e pronto para ser utilizado na construção dos *contigs* fasta.

3.2.3.2 Raven

O Raven é um *software* para montagem de genomas que, à semelhança do SPAdes, utiliza uma abordagem baseada em grafos, usando algoritmos de sobreposição mínima para encontrar as sobreposições entre as sequências e construir o grafo (104). De seguida, o *software* utiliza um algoritmo para remover caminhos redundantes do grafo e gerar então os *contigs* para cada amostra. Esta ferramenta foi projetada para ser rápida e escalável, tornando-a uma boa opção para a montagem de grandes genomas (104).

O Raven é compatível com vários formatos de entrada e permite que o utilizador configure alguns dos seus parâmetros como o cumprimento dos minimizadores para a elaboração do grafo, o número de vezes que a montagem é refinada e a pontuação para as bases não correspondentes e lacunas entre *contigs* (104). Este *software* também permite o ajuste de algumas opções ao nível do processamento e emissão de resultados, nomeadamente a desativação da criação de arquivos com os pontos de controlo da montagem do genoma e a emissão do grafo de montagem num arquivo gfa (104).

No pipeline ReporType, o Raven é utilizado para gerar um ficheiro com o grafo, no formato gfa, que é transformado no ficheiro fasta com os *contigs* para análise utilizando apenas alguns comandos Shell.

Alguns dos parâmetros mais significativos do Raven mantêm-se configuráveis pelo utilizador, como é o caso do cumprimento dos minimizadores e o número de vezes que a montagem deve ser refinada. Todos os outros valores são previamente definidos pelo *software*, estando a pontuação para lacunas definida como -4, enquanto a pontuação para bases correspondentes é 3 e para bases não correspondentes é 5.

A opção de geração de arquivos com os pontos de controlo está desativada de forma a agilizar a montagem do genoma, no entanto, tanto o arquivo gfa com o grafo como os *contigs* fasta estão disponíveis para acesso por parte do utilizador.

3.2.4 Análise de ficheiros fasta

Os ficheiros *assembly* fasta (*contigs*) gerados pelos *softwares* referidos anteriormente, com sequências montadas a partir de dados brutos de sequenciação, assim como os ficheiros *single* e *multi* fasta fornecidos como *input* do utilizador, serão analisados utilizando o ABRicate (99). Esta ferramenta vai identificar os loci presentes em cada sequência, indicando os diferentes genes, genótipos, linhagens ou subespécies dos vírus e bactérias às quais correspondem, consoante o âmbito e configuração da base de dados.

3.2.4.1 ABRicate

O ABRicate é um *software* de utilização livre, projetado para analisar de sequências de DNA e de RNA. Embora esta ferramenta tenha sido inicialmente desenvolvida para genomas bacterianos, é capaz de analisar também genomas virais, ou qualquer sequência genómica de outras proveniências (99). O ABRicate identifica genes ou outros elementos genéticos de uma sequência de entrada e compara-os com bases de dados pré-configuradas (99). Dependendo da configuração da base de dados de entrada, que pode incluir marcadores genéticos específicos de genótipos, linhagens ou subespécies com nomenclaturas harmonizadas, o ABRicate poderá ser moldado, de acordo com os parâmetros de identidade e cobertura, para classificação de vários agentes infecciosos, tal como explorado no presente estudo.

Este *software* é altamente configurável, permitindo aos utilizadores a geração de relatórios personalizados. É ainda possível modificar parâmetros de análise, nomeadamente a percentagem mínima de identidade e de *coverage* a considerar (99).

Para além das bases de dados já disponíveis aquando da instalação do ABRicate, este *software* também possibilita a criação de bases de dados por parte do utilizador, exigindo apenas um ficheiro fasta com as sequências, o elemento genético correspondente e o respetivo *accession*, ou seja, o identificador único de cada sequência genética específica (99).

O ABRicate é executado em sistemas baseados em Linux e pode ser instalado a partir do GitHub ou de gerenciadores como o Conda e Bioconda (99).

No pipeline desenvolvido, ReporType, foram incorporados vários parâmetros de personalização do ABRicate, incluindo a criação de novas bases de dados e a personalização de critérios de análise como a cobertura e identidade mínima a considerar para cada locus encontrado.

Torna-se então possível que o utilizador defina a base de dados sobre a qual pretende que a sua análise seja feita, assim como é facilitada a criação de uma base de dados própria através do fornecimento de um ficheiro fasta já organizado segundo as especificações do ABRicate, ou de um

ficheiro fasta com as sequências a incorporar, devidamente identificadas, e uma tabela com três colunas onde a primeira contém o nome das sequências, a segunda é destinada ao elemento a identificar, como genótipos, subespécies ou tipos, correspondente a cada sequência, e a terceira deve ser completada com o *accession* de cada sequência. A transformação destes ficheiros num ficheiro fasta que atenda as configurações necessárias para o ABRicate é assegurada pelo pipeline de forma automática.

O pipeline continua também a permitir que o utilizador defina a percentagem mínima de identidade e de *coverage* a considerar e o nome e localização dos resultados obtidos.

O relatório emitido pelo ABRicate consiste em resultados detalhados sobre cada ficheiro fasta analisado, que estão acessíveis ao utilizador do ReportType caso este pretenda consultar mais pormenores sobre a análise realizada. Estes resultados incluem os loci encontrados em cada sequência presente nos ficheiros analisados, assim como informações sobre a cobertura (*%coverage*), a percentagem de identidade para a correspondência de cada gene (*%identity*), o número de falhas de ligação dos *contigs (gaps)*, o *accession* para cada gene e a base de dados sob a qual o gene foi identificado, entre outras particularidades que podem ser consideradas pelo utilizador.

4. Resultados

O pipeline desenvolvido, `ReporType`, foi testado em várias circunstâncias de forma a validar todas as funcionalidades incorporadas para uma variedade de espécies testadas.

A execução do pipeline para obtenção dos resultados a seguir apresentados, foi realizada num computador portátil HP Laptop 15s-fq5xxx com o processador Intel(R) Core (TM) i7-1255U de 12ª geração. O computador utilizado possui uma memória RAM de 16,0 GB, com um total de 10 CPUs e BIOS F.17. Sobre o sistema operativo, foi utilizado o Windows 11 Education N 64 bits, versão 22H2.1702, no entanto, o pipeline foi corrido num ambiente Linux Ubuntu criado a partir do WSL.

As funcionalidades da `ReporType` foram também validadas para utilização no *cluster* disponibilizado à equipa de bioinformática do Instituto de Biomedicina (IBiMed) da Universidade de Aveiro. Este *cluster* consiste num servidor com um total de 240 núcleos CPU e aproximadamente 1,2 TB de memória RAM, além de dois Tesla c2075 para fornecer recursos de GPU e 328 TB em RAID 6 e com discos de reserva ativos para armazenamento dos dados. O cluster possui o sistema operativo Centos 7.7 gerenciado pelo Open Grid Engine com recursos OpenMPI.

4.1 Utilização `ReporType`

A utilização da `ReporType` implica a sua instalação prévia, assim como a ativação do ambiente onde foram instaladas as dependências necessárias.

O pipeline é executado através da linha de comando, podendo ser configurado acrescentando os parâmetros de entrada apropriados, ou através do preenchimento prévio de um ficheiro de configuração.

A configuração dos parâmetros de entrada obrigatórios, relacionados com as bases de dados e as amostras a analisar, é essencial para o funcionamento do `ReporType`, sendo que se torna bastante útil ajustar também os parâmetros opcionais, permitindo uma análise customizada e adaptada às intenções do utilizador.

4.1.1 Instalação `ReporType`

A instalação da `ReporType` começa pela clonagem do repositório GitHub onde estão todos os ficheiros de configuração e código necessários ao funcionamento do pipeline, em <https://github.com/ibigen/ReporType>. Quando estiver concluída a clonagem, é necessário aceder à pasta para onde o pipeline foi transferido. Todos os passos para a instalação do pipeline serão executados nessa diretoria.

Os procedimentos acima explicados são executados através dos dois comandos representados a seguir.

```
$ git clone https://github.com/ibigen/ReporType
cd ReporType
```

No sentido de automatizar a instalação da ReporType, foi criado um ficheiro “install.sh” cuja execução permite a criação automática de um ambiente conda com todos os *softwares* necessários para o funcionamento do pipeline. O ficheiro de instalação inclui ainda a verificação da instalação dessas ferramentas.

Para correr este ficheiro é necessária a execução de dois comandos a seguir representados, sendo que o primeiro comando adiciona a permissão de execução do ficheiro install.sh e o segundo executa efetivamente o ficheiro.

```
$ chmod +x install.sh
$ ./install.sh
```

A instalação de todos os *softwares* listados nas dependências pode demorar alguns minutos, dependendo da capacidade do computador em uso, da estabilidade da ligação à internet entre outros fatores. A instalação num ambiente de cluster poderá ser mais lenta do que num computador pessoal dependendo da quantidade de trabalhos submetidos no mesmo cluster na altura em que se procede à instalação do pipeline.

O Conda pode necessitar de mais do que uma tentativa para resolver as compatibilidades de versões entre as dependências no ambiente a criar, assim, é fundamental que o utilizador não interrompa o processo mesmo quando emitido o erro na tentativa de resolução de ambiente pelo Conda, sendo que este irá iniciar automaticamente outra tentativa até que consiga proceder à instalação de todos os *softwares* necessários.

No caso de o utilizador pretender instalar as bases de dados disponibilizadas aquando da instalação da ReporType, devem começar por ativar o ambiente criado. Para isso é necessária a execução de dois comandos, o primeiro consiste num comando “alias” que nos permite juntar a ativação e execução do Snakemake e da ReporType, e o segundo comando ativa efetivamente o ambiente ReporType.

```
$ alias ReporType='conda activate ReporType && snakemake'; conda activate
ReporType
```

Para proceder à instalação das bases de dados disponibilizadas é necessário introduzir a permissão de execução do ficheiro “databases_install.sh”, seguido do comando para o seu processamento.

```
$ chmod +x databases_install.sh
$ ./ databases_install.sh
```

4.1.2 Ativação e configuração ReporType

Antes de executar a ReporType pela primeira vez numa nova sessão no ambiente Linux, o utilizador precisa de ativar o ambiente onde foram instaladas as dependências do pipeline, repetindo a execução dos comandos de ativação. A ativação do ambiente ReporType, garante a funcionalidade do Snakemake e de todos os outros *softwares* incorporados.

```
$ alias ReporType='conda activate ReporType && snakemake'; conda activate ReporType
```

Após a ativação do ambiente, é necessário que o utilizador proceda à configuração dos parâmetros de entrada que deseja aplicar na sua análise. Para configurar os parâmetros de entrada, o utilizador pode optar por preencher previamente o ficheiro “config.yaml” ou por definir os parâmetros na linha de comando.

A formatação pelo ficheiro “config.yaml” implica a edição do ficheiro alterando os parâmetros desejados, enquanto a configuração pela linha de comando exige que sejam adicionados à linha de comando os parâmetros a alterar.

Existem parâmetros que devem ser especificados cada vez que se executa o pipeline, tendo em conta que os seus valores *default* consistem em exemplos meramente ilustrativos e não permitirão a execução correta do pipeline, emitindo erros relacionados com bases de dados não existentes ou diretorias fornecidas de forma errada. Estes parâmetros dizem respeito nomeadamente ao *input* das amostras e das bases de dados.

Assim, consideram-se parâmetros de configuração obrigatória a entrada “sample_directory”, e o conjunto de entradas para definição da base de dados que consistem nos parâmetros “database”, “fasta_db” e “table_db”.

O parâmetro relativo à diretoria das amostras a analisar, pede ao utilizador que insira a diretoria completa da pasta que contém os ficheiros sobre os quais será executado o pipeline. Esta

pasta pode conter dados em bruto provenientes de diferentes tecnologias, assim como ficheiros fasta (*single* ou *multi* fasta) já preparados para deteção de loci presentes nas bases de dados, salientando-se assim que todas as amostras submetidas devem ser orientadas para a base de dados pretendida. É importante referir que sendo este input referente a uma diretoria para uma pasta, o utilizador deve verificar se após o nome da pasta está presente o caractere de barra diagonal (“/”), para garantir que a ReporType tem acesso a todos os ficheiros contidos na pasta fornecida. Além disso, a pasta onde estão armazenados os ficheiros para análise não deve ter o mesmo nome que a base de dados a utilizar e os nomes dos ficheiros a analisar não devem conter espaços em branco nem parênteses. Um exemplo ilustrativo deste parâmetro seria “sample_directory=path/to/my_samples_folder/”.

Relativamente aos parâmetros para definição da base de dados, o “database” consiste no nome da base de dados sobre a qual o utilizador pretende executar a sua análise. Esse nome coincide com o nome atribuído ao ficheiro fasta que contém a base de dados em questão. No caso das bases de dados já previamente instaladas com o ABRicate ou disponibilizadas pela ReporType, os utilizadores podem consultar esses nomes executando a função de consulta de bases de dados incorporadas no *software*.

```
$ abricate --list
```

No caso desta base de dados ainda não ter sido utilizada na análise pela ReporType, o utilizador deve fornecer o caminho completo para o ficheiro fasta que contém a base de dados desejada, já formatada de acordo com as normas do ABRicate (*sequence~~~id~~~accession*), sendo que o nome da sequência não deve conter o carácter “-“. Assim, é de notar que sempre que for fornecido o caminho completo para um ficheiro fasta formatado será criada uma base de dados com o nome do ficheiro fasta fornecido. Esta configuração é feita adicionando “database=my_database” ou “database=path/to/my_database.fasta”.

Se o utilizador não tiver um ficheiro fasta já formatado para a criação da base de dados pelo ABRicate, pode optar por fornecer separadamente um ficheiro fasta com as sequências que constituem as bases de dados e uma tabela com a identificação de cada uma delas. A tabela de identificação deve conter três colunas, sendo a primeira destinada ao nome da sequência (*sequence*), a segunda para a identificação do elemento genético, linhagens, subespécies ou outras nomenclaturas harmonizadas de genótipos que se pretende identificar (*id*) e a terceira para o identificador único de cada sequência (*accession*). O utilizador deve colocar na entrada “database”

o nome e a diretoria do ficheiro final com a base de dados a incorporar, realçando que a diretoria da nova base de dados criada não deve ser a diretoria de execução da ReporType sendo sugerido que seja criada dentro da mesma pasta onde estão armazenadas as restantes bases de dados, por exemplo `database=path/to/databases/my_database.fasta`. Os restantes parâmetros necessários são incluídos na linha de comando acrescentando `"fasta_db=path/to/sequences.fasta"` e `"table_db=path/to/table.tsv"` respetivamente.

Os parâmetros de configuração opcionais da ReporType incluem a especificação do nome do relatório final gerado, assim como a diretoria para onde serão direcionados todos os resultados emitidos. Note-se que a diretoria dos resultados não deve ter o mesmo nome que a base de dados que está em uso, eliminando o risco da ReporType procurar erroneamente a base de dados na pasta onde se encontram os resultados, evitando um erro de processamento da ferramenta. Os valores pré-definidos são `"output_name=all_samples"` e `"output_directory=results"` e a formatação dos mesmos na linha de comando é conseguida alterando esses mesmos parâmetros para os valores desejados.

O pipeline permite ainda que o utilizador especifique o formato dos ficheiros que pretende analisar, de acordo com as diferentes tecnologias utilizadas para a sua sequenciação, e podendo ou não, incluir *contigs* fasta já previamente processados. Desta forma, a ReporType irá selecionar de entre os ficheiros fornecidos, aqueles que provêm de dados de sequenciação da tecnologia ou tecnologias especificadas pelo utilizador, emitindo sinais de aviso no caso de existirem outros ficheiros na pasta de amostras que não correspondem a nenhum dos formatos referidos ou no caso de não ter sido encontrado nenhum ficheiro correspondente a um dos formatos definidos. Se o utilizador pretender que sejam analisadas todas as amostras na pasta de entrada, basta deixar este parâmetro na sua opção *default*, `"input_format=any"`, sendo que as outras opções de configuração incluem `"fasta"`, `"nanopore"`, `"illumina_single"`, `"illumina_paired"` e `"sanger"`, todas as opções desejadas devem ser separadas por uma vírgula aquando da sua configuração.

No caso de existirem ficheiros *fasta*, *single* *fasta* ou *multi* *fasta*, a serem submetidos para análise, devem ser especificados os nomes dos ficheiros a ser analisados como *multi* *fasta*, ou seja, onde cada sequência deve ser interpretada como uma amostra independente, alterando o parâmetro `"multi_fasta=none"` de forma a este incluir os nomes de todos os *multi* *fasta*, separados por uma vírgula.

A ReporType permite também que o utilizador especifique as amostras que pretende analisar a partir do nome dos ficheiros que as contêm. Esta funcionalidade é configurada a partir do

parâmetro “`sample_name`”, cuja opção *default*, “`sample_name=all`” promove a análise de todas as amostras. O nome de cada ficheiro a analisar deve ser separado por uma vírgula e, no caso das amostras provenientes de sequenciação Illumina em análise com pares de *reads*, deve ser dado o nome da amostra sem nenhum dos prefixos utilizados para identificar os ficheiros *forward* e *reverse*, incluindo qualquer prefixo com as palavras “`forward`”, “`reverse`”, “`r1`”, “`r2`” ou até mesmo “`1`” e “`2`”, independentemente de serem utilizadas maiúsculas ou minúsculas.

O utilizador pode ainda especificar o número de *threads* que pretende utilizar durante toda a execução do fluxo de trabalho, alterando a eficiência da execução de acordo com as suas necessidades, o valor padrão definido para o número de *threads* é “`threads=2`”. Existe ainda um parâmetro de análise que permite ao utilizador priorizar o valor de cobertura ou valor de identidade no caso de serem identificado mais do que um loci numa amostra, por defeito está definida a prioridade para o valor de cobertura mais elevado, “`prioritize=cov`”.

Além dos parâmetros de configuração obrigatórios e opcionais próprios da *ReportType*, o utilizador pode especificar os parâmetros de análise utilizados em cada *software* incorporado.

Assim, é possível especificar a identidade (`minid`) e cobertura (`mincov`) mínima a considerar pelo ABRicate, sendo que os valores padrão estão definidos para “`minid=1`” e “`mincov=1`”, respetivamente.

Relativamente à análise de dados brutos provenientes da sequenciação Illumina, é possível alterar os adaptadores a remover aquando da limpeza das *reads* (`illuminaclip`), a qualidade média mínima permitida para cada sequência de acordo com um determinado número de bases (`slidingwindow`), o tamanho mínimo a considerar para cada leitura (`minlen`), o número de bases a serem removidas no início (`leading`), e no fim (`trailing`) de cada *read*, e o esquema de codificação de qualidade utilizado no ficheiro em análise (`encoding`). Os valores padrão definidos para cada um destes parâmetros são, pela ordem mencionada, “`illuminaclip=ILLUMINACLIP:primers/adapters.fasta:3:30:10:6:true`”, “`slidingwindow=SLIDINGWINDOW:5:20`”, “`minlen=MINLEN:36`”, “`leading=LEADING:3`”, “`trailing=TRAILING:3`” e “`encoding=in_file`”, sendo que para este último parâmetro, as outras opções disponíveis são “`phred33`” e “`phred64`”. A configuração destes parâmetros deve ser feita individualmente para uma análise Illumina por pares de *reads* ou por *reads* individuais, adicionando “`_single`” ou “`_paired`” após o nome de cada parâmetro, assim, os parâmetros a configurar para a análise Illumina são “`illuminaclip_single`”, “`illuminaclip_paired`”, “`slidingwindow_single`”, “`slidingwindow_paired`”, “`minlen_single`”, “`minlen_paired`”,

“leading_single” “leading_paired”, “trailing_single”, “trailing_paired”, “encoding_single” e “encoding_paired”.

No que diz respeito à análise de dados provenientes de sequenciação por Nanopore, o utilizador pode personalizar a qualidade mínima média para cada leitura a ser considerada pelo NanoFilt (`quality`), assim como o comprimento mínimo (`length`) e máximo (`maxlength`) de cada *read* e o número de bases a remover no início (`headcrop`) e no fim (`tailcrop`) de cada leitura. Os valores *default* definidos para cada um destes parâmetros do Nanofilt são, respetivamente, “`quality=8`”, “`length=50`”, “`maxlength=50000`”, “`headcrop=30`” e “`tailcrop=30`”. É ainda possível personalizar alguns parâmetros de montagem do Raven, nomeadamente o comprimento dos minimizadores usados para encontrar sobreposições e o número de vezes que a análise é polida, sendo os valores padrão para estes parâmetros definidos por “`kmer=15`” e “`polishing=2`”.

Sobre a análise de dados provenientes de sequenciação de Sanger, é possível definir a primeira (`startbase`) e última (`endbase`) base da sequência a ser reportada pelo ABIView, sendo os valores padrão definidos em “`startbase=20`” e “`endbase=800`”.

4.1.3 Execução ReporType

A linha de comando para execução do pipeline ReporType tem uma complexidade bastante variável de acordo com as opções de configuração desejadas por cada utilizador.

No caso de os parâmetros de entrada serem definidos através do ficheiro de configuração (`config.yaml`), a forma mais simples de execução do pipeline consiste num comando constituído apenas pelo nome do mesmo, seguido do número de CPUs a serem utilizados durante a análise, que é um parâmetro obrigatório para que o Snakemake execute o fluxo de trabalho gerado. O número de CPUs pode ser definido como *all*, sendo que o Snakemake utilizará todas as unidades de processamento disponíveis para executar a ReporType. A linha de comando referida está representada a seguir.

```
$ ReporType --cores all
```

No caso de o utilizador pretender configurar a execução da ReporType pela linha de comando, é necessário adicionar o comando “`config`” antes de iniciar a definição dos parâmetros de entrada necessários.

O exemplo mais simples de configuração do pipeline pela linha de comando inclui a inclusão dos parâmetros obrigatórios “`sample_directory`” e “`database`”, onde o utilizador já teria

utilizado a base de dados pretendida mais do que uma vez, e, portanto, apenas precisa de fornecer o seu nome.

```
$ ReporType --cores all --config
sample_directory=path/to/my_samples_folder/ database=my_database
```

Uma pequena variação neste exemplo ilustra a possibilidade de a base de dados desejada estar a ser utilizada pela primeira vez na ReporType, sendo necessário fornecer o caminho completo para o ficheiro fasta já formatado segundo as normas do ABRicate.

```
$ ReporType --cores all --config
sample_directory=path/to/my_samples_folder/
database=path/to/my_database.fasta
```

Para completar as possibilidades de configuração dos parâmetros obrigatórios pela linha de comando, coloca-se a eventualidade de o utilizador não possuir um ficheiro fasta formatado de acordo com as normas do ABRicate. Neste caso serão então adicionados os caminhos para um ficheiro fasta com as sequências que constituem a base de dados, e para uma tabela com a identificação de cada uma.

```
$ ReporType --cores all --config
sample_directory=path/to/my_samples_folder/
database=path/to/my_database.fasta fasta_db=path/to/sequences.fasta
table_db=path/to/table.tsv
```

No que diz respeito à configuração dos parâmetros opcionais da ReporType pela linha de comando, basta ir acrescentando o parâmetro desejado e preenchendo de acordo com as necessidades do utilizador.

Segue-se um exemplo de configuração dos parâmetros referentes à diretoria final dos resultados e ao nome do ficheiro com o relatório final.

```
$ ReporType --cores all --config
sample_directory=path/to/my_samples_folder/ database=my_database
output_name=all_samples output_directory=results
```

De seguida, é exemplificado um modelo para a configuração dos parâmetros que permitem definir o formato dos ficheiros que serão submetidos a análise, submetendo para a análise todos

os ficheiros, independentemente da sua origem, e especificando o nome dos ficheiros *multi fasta* contidos na pasta com as amostras a analisar.

```
$ ReporType --cores all --config
sample_directory=path/to/my_samples_folder/ database=my_database
input_format=any multi_fasta=multi_fasta_1,multi_fasta_2
```

Coloca-se agora o caso de todos os ficheiros fasta de uma determinada pasta serem *multi fasta*, e de utilizador pretender apenas analisar os ficheiros fasta e os ficheiros provenientes de análise por sequenciação Nanopore.

```
$ ReporType --cores all --config
sample_directory=path/to/my_samples_folder/ database=my_database
input_format=fasta,nanopore multi_fasta=all
```

Completando as possibilidades de configuração opcionais, descreve-se a situação onde o utilizador pretende analisar duas amostras, contidas nos ficheiros *sample_1.fasta* e *sample_2.ab1*, onde a *sample_1* consiste num ficheiro *single fasta* e a *sample_2* num ficheiro com dados provenientes de sequenciação Sanger. Neste caso, é apenas necessário acrescentar o parâmetro “*sample_name*” aos parâmetros de entrada obrigatórios.

```
$ ReporType --cores all --config
sample_directory=path/to/my_samples_folder/ database=my_database
sample_name=sample_1,sample_2
```

No que diz respeito à configuração dos parâmetros de análise utilizados em cada *software* incorporado, todos eles podem ser acrescentados e configurados a partir da linha de comando.

Segue-se um exemplo da configuração da cobertura e identidade mínima a serem considerados pelo ABRicate, adicionando ao comando anterior os parâmetros necessários.

```
$ ReporType --cores all --config
sample_directory=path/to/my_samples_folder/ database=my_database
sample_name=sample_1,sample_2 minid=1 mincov=1
```

4.1.3.1 Outras opções de execução

A execução do pipeline ReporType exige, como já foi referido, a definição do número de CPUs a ser utilizado aquando da execução pelo Snakemake. No entanto, todas as outras definições próprias do Snakemake (97) podem ser incorporadas na execução da ReporType.

Uma das opções de execução mais úteis poderá ser uma *dry run*, ou seja, um teste para verificar se todas as amostras submetidas estão a ser detetadas e processadas pelo pipeline, indicando que não deverá haver nenhum erro aquando da execução. Este comando permite que o utilizador verifique a existência de possíveis erros na escrita do comando e previne uma execução do pipeline, que poderá demorar alguns minutos, seja feita de forma errada.

```
$ ReporType -np --config sample_directory=path/to/my_samples_folder/  
database=my_database
```

Além das opções já referidas, a execução da ReporType fora da pasta onde foi instalada é uma prática comum e útil. Para isso, é preciso adicionar dois parâmetros à linha de comando, sendo eles “snakefile” e “configfile”, que tal como o nome sugere, definem a diretoria, ou seja, o caminho completo, para o ficheiro de execução do Snakemake e para o ficheiro de configuração config.yaml respetivamente. Ambos os ficheiros devem estar contidos na pasta onde foi instalado o pipeline. É importante referir que todos os parâmetros originais do Snakemake são inseridos fora do “config”.

```
$ ReporType --cores all  
--snakefile path/to/ReporType/snakefile  
--configfile path/to/ReporType/config.yaml --config  
sample_directory=path/to/my_samples_folder/ database=my_database
```

4.2 Prova de conceito

No sentido de assegurar a flexibilidade do pipeline ReporType, foram disponibilizadas pelo INSA várias sequências e bases de dados de diferentes espécies. Para assegurar uma prova de conceito completa, foram utilizadas bases de dados e amostras disponíveis para acesso *online*, e já analisadas em artigos publicados. Da mesma forma, foram construídas e harmonizadas novas bases de dados a partir de sequências disponíveis *online*, permitindo um exercício de prova de conceito mais informativo e abrangente ao nível da diversidade das espécies em estudo.

As espécies validadas foram os vírus do Sarampo (Measles), Hepatite C (HCV), linfotrófico de células T humanas tipo 1 (HTLV-1), gripe (Influenza), doença de Newcastle e Dengue (DENV), e as bactérias *Chlamydia trachomatis* e *Legionella pneumophila*.

No que diz respeito às bases de dados utilizadas na validação, para algumas das espécies foram disponibilizadas pelo INSA uma ou mais bases de dados para cada espécie, enquanto noutros casos, recorreu-se a artigos para elaborar uma base de dados adequada para a análise.

Para o vírus Influenza, assim como para a bactéria *C.trachomatis*, foram fornecidas pelo INSA, bases de dados apropriadas para a validação do uso da ReporType para classificação destas espécies. A base de dados para prova de conceito da *C.trachomatis* foi harmonizada para determinar o genótipo *ompA* da bactéria *C.trachomatis* (107). Já a base de dados para o exercício de prova de conceito do Influenza, tem como objetivo a identificação dos tipo e subtipo do Influenza A e Influenza B (30).

Quanto à validação da análise do HCV, foram disponibilizadas pelo INSA duas bases de dados, uma delas contendo os fragmentos envolvendo as regiões NS4B-NS5A de cada sequência, à qual foi dada o nome de “HCV_complete” e uma contendo apenas fragmentos NS5A parciais, com o nome “HCV_partial”. A prova de conceito para o HCV incidiu em dados do um estudo “Looking at the Molecular Target of NS5A Inhibitors throughout a Population Highly Affected with Hepatitis C Virus” (55), recentemente publicado.

No que diz respeito ao HTLV-1, foi disponibilizada uma base de dados “HTLV-1_LTR”, que utiliza apenas as zonas não codificantes para identificar o genótipo de HTLV-1, e uma “HTLV-1_env”, cuja identificação é feita através da determinação de loci do gene *env*.

Já para a *L.pneumophila* foram disponibilizadas pelo INSA três bases de dados, a primeira, “lp_subspecies_prediction”, tem como finalidade identificar as diferentes subespécies de *L.pneumophila*, usando um conjunto de loci potencialmente específicos das diversas subespécies. A base de dados “lp_serogroup_typing”, tem o objetivo prever os diferentes serogrupos das várias amostras em análise, tendo por base os marcadores genéticos *wzm* e *wzt* (108–110). Por fim, a base de dados “lp_dot_icm” contém um vasto repertório de sequência representativas de vários fatores de virulência de *L. pneumophila*, sendo que fornecerá uma prova de conceito extra da possível utilização da ReporType para o rápido varrimento de genes de interesse, sendo portanto diferente dos outros dois exercícios de prova de conceito assentes na classificação (serogrupo e subespécie) de *L. pneumophila* (108–110).

Relativamente ao Measles, foi utilizada uma base de dados construída tendo por base o livro do Departamento de Saúde e Serviços Humanos dos Estados Unidos, “Manual for the Laboratory-

based Surveillance of Measles, Rubella, and Congenital Rubella Syndrome” (111), compilando sequências do gene N representativas dos vários genótipos (48).

À semelhança do processo utilizado para o Measles, foi preparada uma base de dados para o vírus Newcastle, fundamentada no artigo, “Updated unified phylogenetic classification system and revised nomenclature for Newcastle disease vírus” (66), que utiliza uma nomenclatura atualizada para a identificação dos diferentes genótipos deste vírus com base na variabilidade genética do gene que codifica a proteína de fusão (F).

Da mesma forma, para o vírus da Dengue, foi construída uma base de dados baseada no artigo “DEN-IM: dengue virus genotyping from amplicon and shotgun metagenomic sequencing” (34). A [Tabela 3](#) resume os nomes das bases de dados utilizadas para a prova de conceito de cada espécie.

Tabela 3 - Bases de dados utilizadas na validação de cada espécie.

Espécie	Agente infeccioso	Base de dados	Objetivo
Measles	Vírus	measles	Identificação de genótipo
HCV	Vírus	HCV_complete	Identificação de genótipo
		HCV_partial	
HTLV-1	Vírus	HTLV-1_LTR	Identificação de genótipo
		HTLV-1_env	
Influenza	Vírus	influenza	Identificação do tipo e subtipo
Newcastle	Vírus	newcastle	Identificação de genótipo
DENV	Vírus	dengue	Identificação de genótipo
<i>C.trachomatis</i>	Bactéria	c_trachomatis	Identificação de genótipo
<i>L.pneumophila</i>	Bactéria	lp_subspecies_prediction	Identificação da subespécie
		lp_serogroup_typing	Identificação do serogrupo
		lp_dot_icm	Identificação de fatores de virulência

Na sua maioria, os resultados apresentados foram obtidos sem alterar nenhum dos parâmetros da análise, utilizando conseqüentemente os valores definidos como *default*. No entanto, para a prova de conceito de duas das três bases de dados da *L.pneumophila* foram

utilizados valores específicos de percentagem de identidade a considerar, o que se deve ao facto de algumas subespécies serem bastante próximas geneticamente (108).

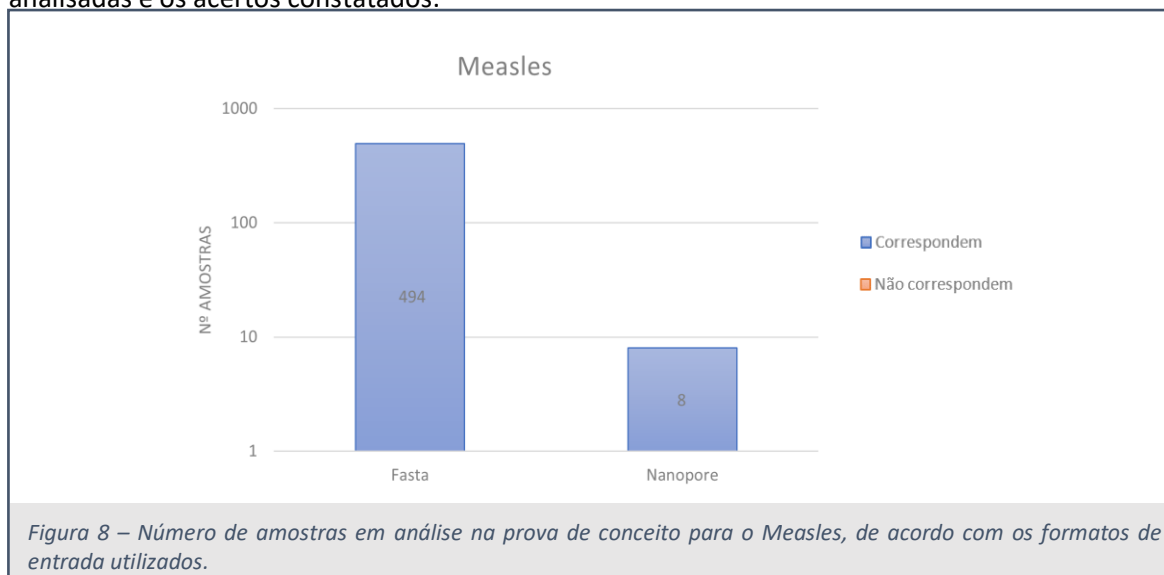
Assim, após provas de conceito preliminares desenvolvidas no INSA, foi utilizado um valor mínimo de 90% para a identificação de subespécies e de 70% para a distinção de serogrupos. No que diz respeito aos fatores de virulência, foram utilizados os valores *default*, deixando ao encargo da interpretação do utilizador a ausência ou presença destes fatores. A [Tabela Suplementar 1](#), em anexo, apresenta os valores dos parâmetros utilizados para cada base de dados.

4.2.1 Measles

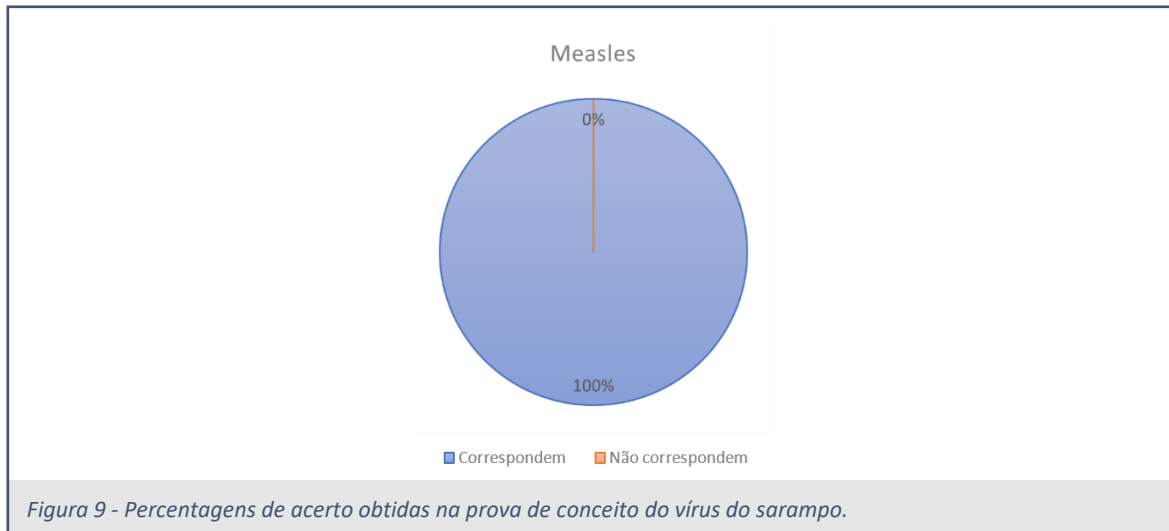
No processo de validação da aplicabilidade da ReporType no vírus do sarampo (Measles), foi conduzida uma análise que compreendeu um total de 502 sequências.

O conjunto de amostras sujeitas à análise inclui um total de 494 amostras no formato fasta, acessíveis através do NCBI pelo critério “all complete genome sequences” a 13/06/2023 (112). Foram ainda testados 8 ficheiros com dados em bruto de sequenciação por Nanopore, também disponibilizados *online* e com genótipos identificados no artigo “Near-Complete Genome Sequences of Measles Virus Strains from 10 Years of Uganda Country-wide Surveillance” (113). Estas amostras possuem genótipos previamente identificados, cujos identificadores únicos (*accession*) estão detalhados na [Tabela Suplementar 2](#), em anexo

A [Figura 8](#) apresenta o gráfico representativo do número de amostras analisadas para cada formato de entrada, destacando as correspondências na identificação do genótipo pela ReporType em comparação com os resultados esperados. Como se pode verificar, não existiram quaisquer discrepâncias a anotar, resultando numa correspondência integral entre a totalidade das amostras analisadas e os acertos constatados.



Assim, é possível verificar que a percentagem total de acertos de é de 100% (Figura 9), tanto no contexto das análises realizadas em arquivos fasta previamente processados quanto nos conjuntos de dados brutos derivados da sequenciação por Nanopore.

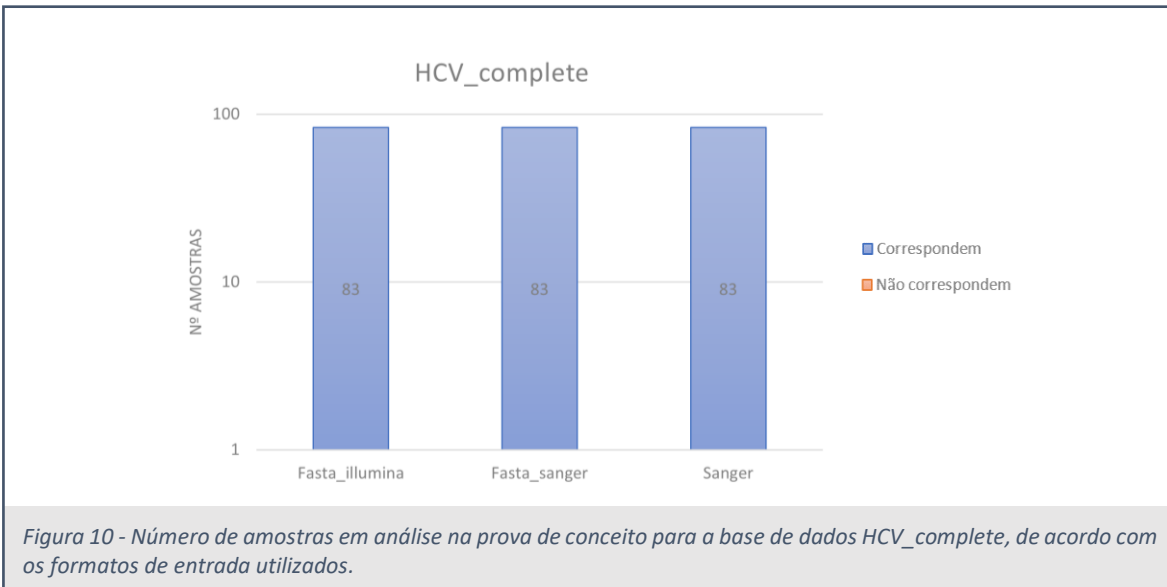


4.2.2 Hepatitis C virus (HCV)

No que diz respeito ao HCV, foram analisadas um total de 83 sequências da região NS4B-NS5A para a base de dados HCV_complete e 83 sequências da região NS5A para a base de dados HCV_partial. Todas as sequências foram fornecidas pelo INSA e analisadas no artigo “Looking at the Molecular Target of NS5A Inhibitors throughout a Population Highly Affected with Hepatitis C Virus” (55).

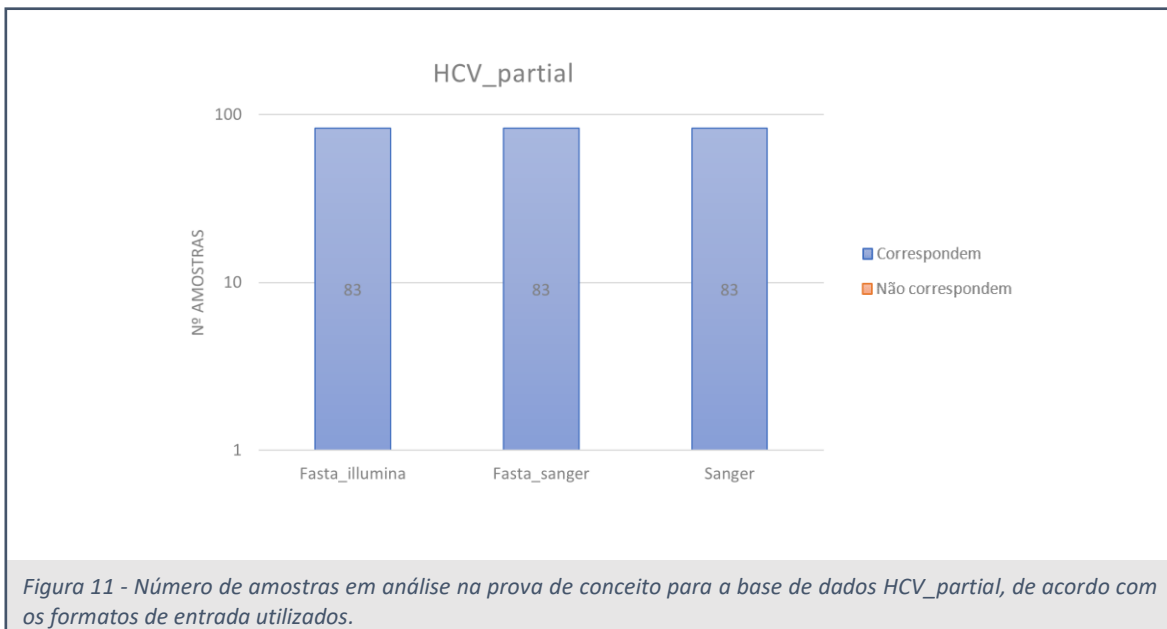
Para todas estas amostras foram disponibilizados ficheiros de dados em bruto provenientes da análise com sequenciação de Sanger, e ficheiros fasta já pré-processados pelo laboratório, com origem em dados de sequenciação de Sanger e Illumina.

A Figura 10 apresenta o gráfico com o total de amostras analisadas na prova de conceito da base de dados HCV_complete, para todos os formatos de entrada disponibilizados. Verifica-se que todos os genótipos obtidos estão em conformidade com os resultados esperados, totalizando 83 amostras corretamente analisadas com a ReporType.



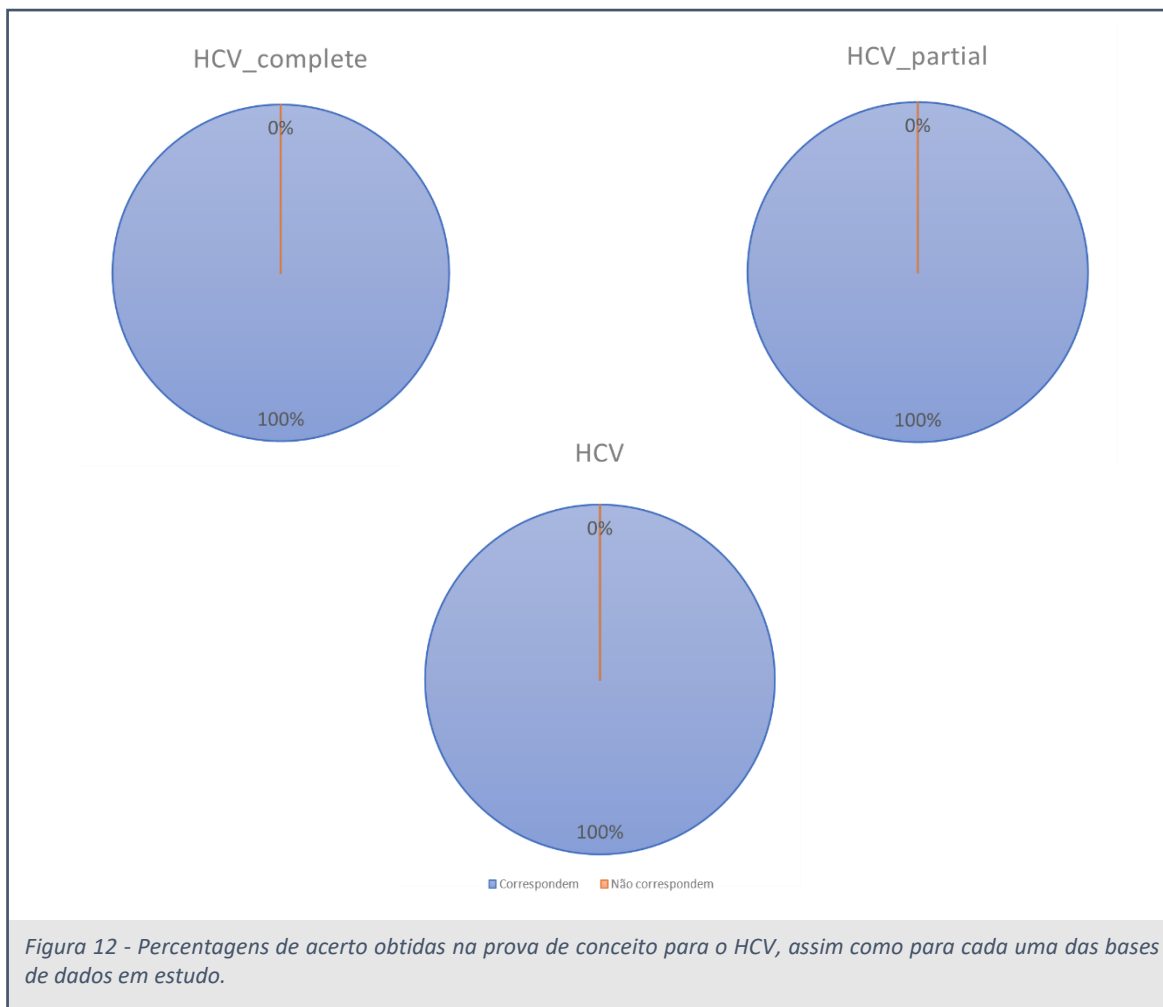
Relativamente à base de dados HCV_partial, o gráfico dos resultados obtidos ([Figura 11](#)) é semelhante ao gráfico da base de dados anterior, notando-se que todos os genótipos obtidos estão em concordância com os resultados esperados.

Todas as comparações entre genótipos esperados e identificados estão disponíveis na [Tabela Suplementar 3](#), em anexo.



Os gráficos apresentados da [Figura 12](#), representam a totalidade dos resultados obtidos na prova de conceito para o HCV, e para cada uma das bases de dados utilizadas para validar o uso da

ReportType para este vírus. Verifica-se uma assertividade 100% para ambas as bases de dados em estudo para a validação da utilização da ReportType na identificação de genótipos no vírus HCV.

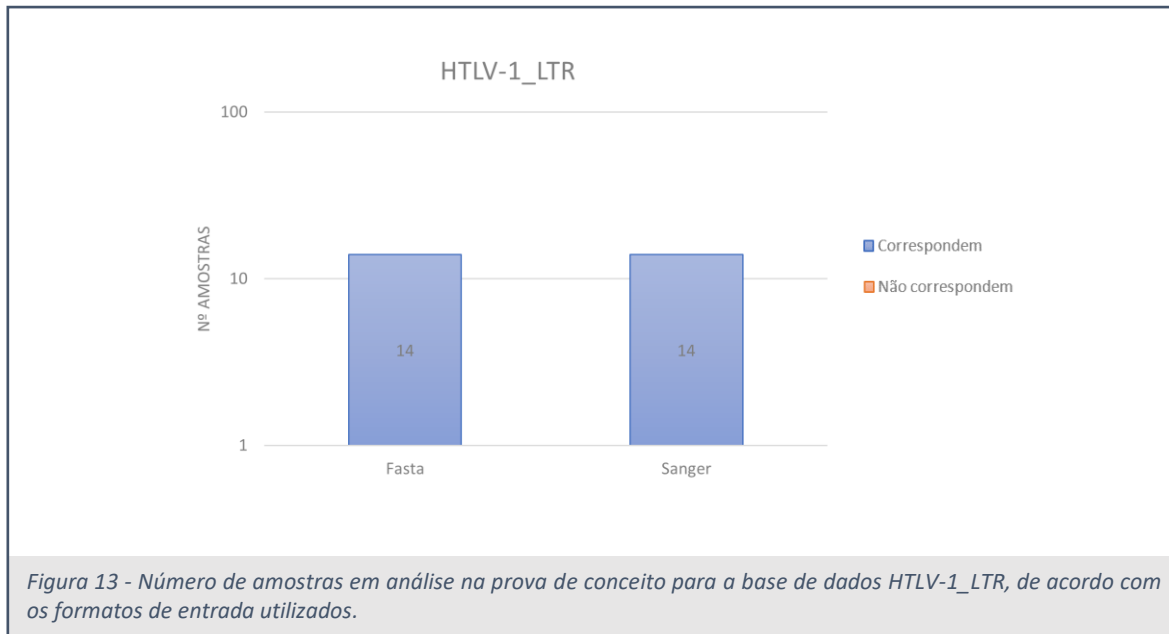


4.2.3 Human T-cell lymphotropic virus type 1 (HTLV-1)

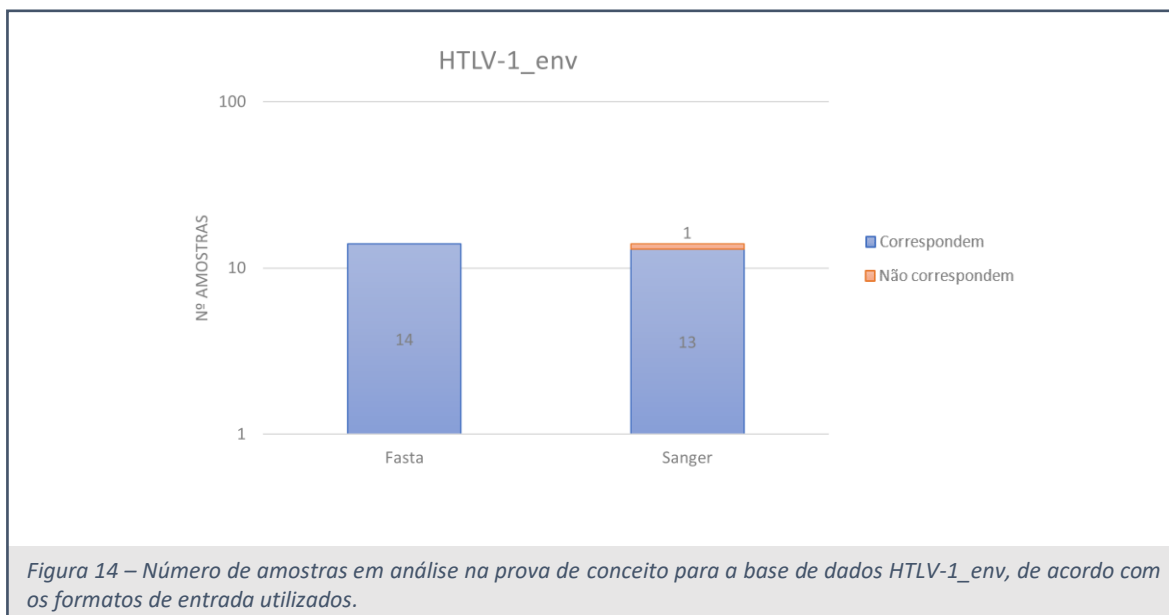
Para a validação do HTLV-1, foram analisadas 14 amostras, disponibilizadas pelo INSA. Para cada amostra foram analisados ficheiros com as zonas não codificantes do genoma viral (LTR) e com o gene *env*, tendo sido testadas contra duas bases de dados disponibilizadas para a validação da identificação do genótipo do HTLV-1.

Os ficheiros das respetivas amostras foram disponibilizados em formato AB1, com dados em bruto provenientes da sequenciação de Sanger, e em formato fasta, relativo aos dados da sequenciação de Sanger já tratados pelo laboratório.

Na [Figura 13](#) está representado o gráfico com o número de amostras em análise para a prova de conceito do HTLV-1, utilizando as zonas não codificantes para identificar o genótipo do vírus. Confirma-se que, para ambos os formatos de entrada em estudo, todos os resultados obtidos são os mesmos que os esperados, não tendo existido qualquer incongruência.



Relativamente à validação da base de dados HTLV-1_env, das 14 amostras analisadas para cada formato de entrada, verificou-se apenas uma incongruência na identificação de um genótipo numa amostra com formato de dados em bruto provenientes da tecnologia de Sanger ([Figura 14](#)). Observa-se que para o formato de entrada fasta, não se verifica qualquer incongruência.

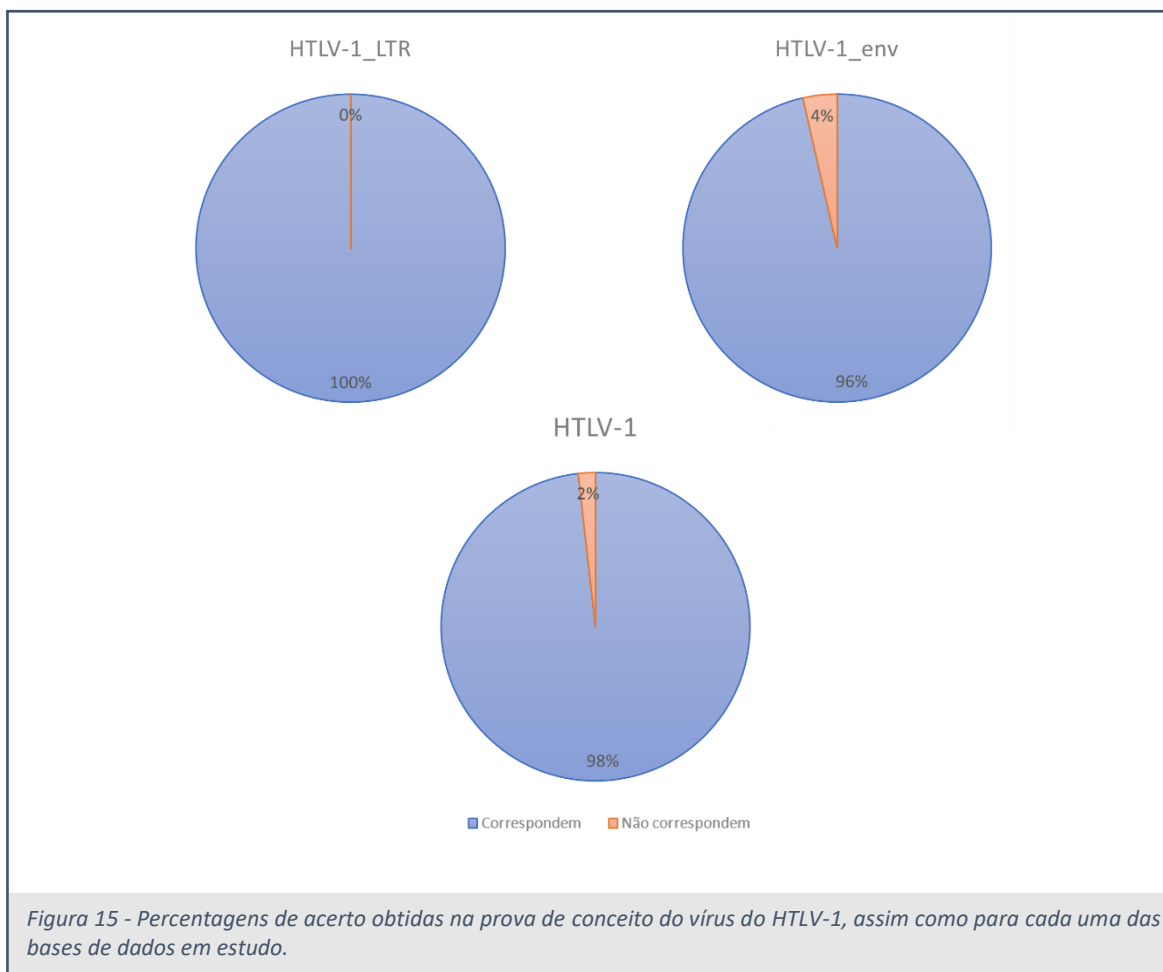


Na [Tabela 4](#) é apresentada a amostra para a qual foi detetada uma incongruência para a prova de conceito da base de dados HTLV-1_env, onde o ficheiro de entrada consiste em dados em bruto provenientes da sequenciação de Sanger.

Tabela 4 - Amostra onde foi detetada incongruência (em destaque) aquando da prova de conceito da base de dados HTLV-1_env.

Amostra	Gene	%Coverage	%Identity	Esperado
HTLV-1_8	a.A(Transcontinental)	56.41	94.78	a.D(Senegal)

Assim, a prova de conceito para a base de dados HTLV-1_LTR demonstrou correspondências para os genótipos da totalidade das amostras em estudo, enquanto para a base de dados HTLV-1_env, ocorreu uma incongruência. Desta forma, a percentagem total de acertos para a prova de conceito do vírus HTLV-1 é de 98% ([Figura 15](#)). É possível consultar os resultados obtidos e esperados para cada amostra na [Tabela Suplementar 4](#), em anexo.

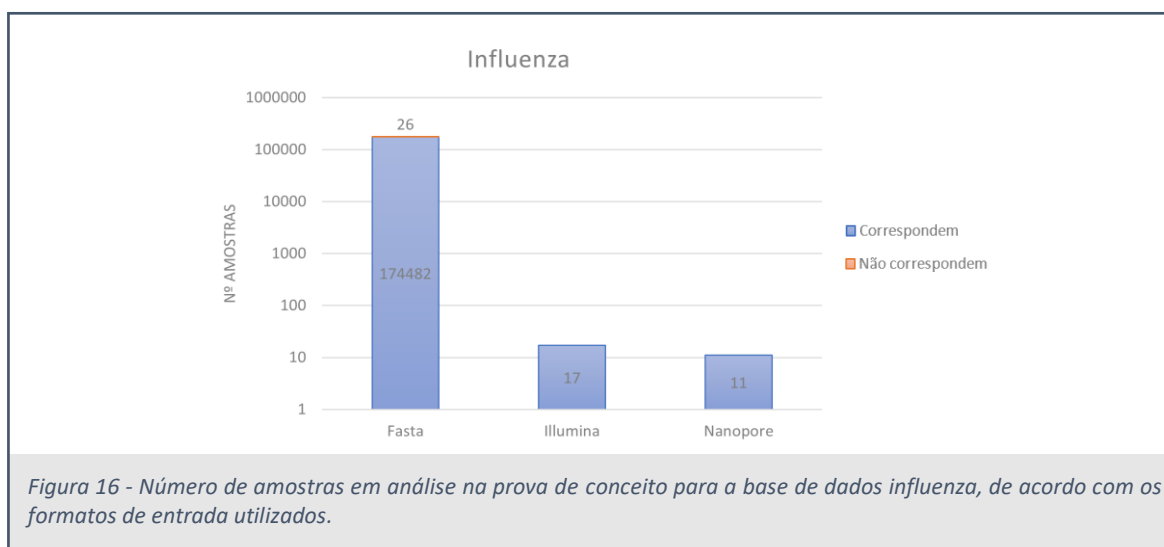


4.2.4 Influenza

Na validação da prova de conceito relacionada ao vírus Influenza, foram analisadas no total 174536 sequências, sendo utilizados os loci das proteínas Hemaglutinina e Neuraminidase para a determinação dos diferentes tipos e subtipos. Dentro deste conjunto, 174508 foram disponibilizadas pelo INSA em formato fasta, já pré-processadas. Estas amostras foram devidamente documentadas no artigo intitulado “INSaFLU: an automated open web-based bioinformatics suite “from-reads” for influenza whole-genome-sequencing-based surveillance”, no qual foi descrita a base de dados usado para prova de conceito do ReporType (30).

No que concerne às amostras restantes, 17 constituem ficheiros com dados em bruto provenientes de sequenciação por Illumina e estão disponíveis *online*, através do ENA, tendo sido previamente analisadas no artigo “Genome characterization and mutation analysis of human influenza A virus in Thailand” (114), enquanto que as restantes 14 amostras, também disponibilizadas no ENA têm origem em sequenciação por Nanopore e foram estudadas no artigo “Rapid multiplex MinION nanopore sequencing workflow for Influenza A viruses” (115). Os identificadores únicos das amostras disponíveis *online* estão elencados na [Tabela Suplementar 5](#).

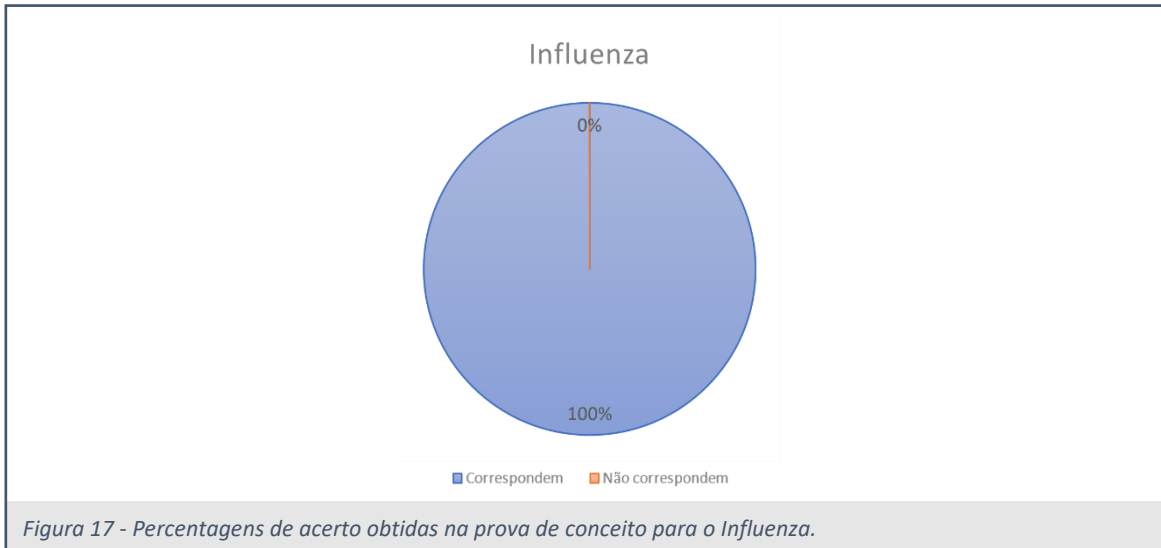
Na [Figura 16](#) está exposto o número de amostras analisado em cada formato de entrada para a prova de conceito do Influenza, destacando as 26 discrepâncias encontradas entre o total de 174536 sequências analisadas. Nota-se que, para os formatos de entrada Illumina e Nanopore, todos os tipos e subtipos identificados estão de acordo com os resultados esperados, sendo que as discrepâncias foram verificadas apenas nos ficheiros fasta. Sendo este último um formato com uma quantidade elevada de amostras em análise nesta prova de conceito, é possível verificar uma percentagem de sucesso bastante elevada, mesmo existindo algumas discrepâncias.



No entanto, tendo em conta que os ficheiros fasta já estão limpos e aparados, a identificação de genótipos partindo deste tipo de ficheiros deveria ser totalmente correta. Por este motivo foi feita uma verificação adicional das sequências utilizadas para elaborar a base de dados, não tendo sido identificada nenhuma anomalia. Nesse sentido, procedeu-se a uma análise mais minuciosa do artigo onde as amostras foram previamente analisadas (30). Durante essa análise, constatou-se que, para as 26 amostras em questão, foi conduzido um procedimento de BLAST para validar a precisão dos genótipos registados no NCBI. Surpreendentemente, verificou-se que, de facto, os genótipos esperados estão equivocadamente identificados para todas as 26 amostras no repositório publico onde estão disponíveis (NCBI).

Devido a esta constatação, as discrepâncias encontradas nas sequências em causa não serão consideradas no cálculo final da percentagem de sucessos na validação da identificação de tipos e subtipos do vírus Influenza, removendo as amostras correspondentes da prova de conceito. A relação entre os resultados esperados e os obtidos para cada amostra pode ser consultada na Tabela Suplementar 5, em anexo.

Desta forma, a percentagem total de sucessos para a validação de identificação dos tipos e subtipos de Influenza pela ReporType é de 100% ([Figura 17](#)).

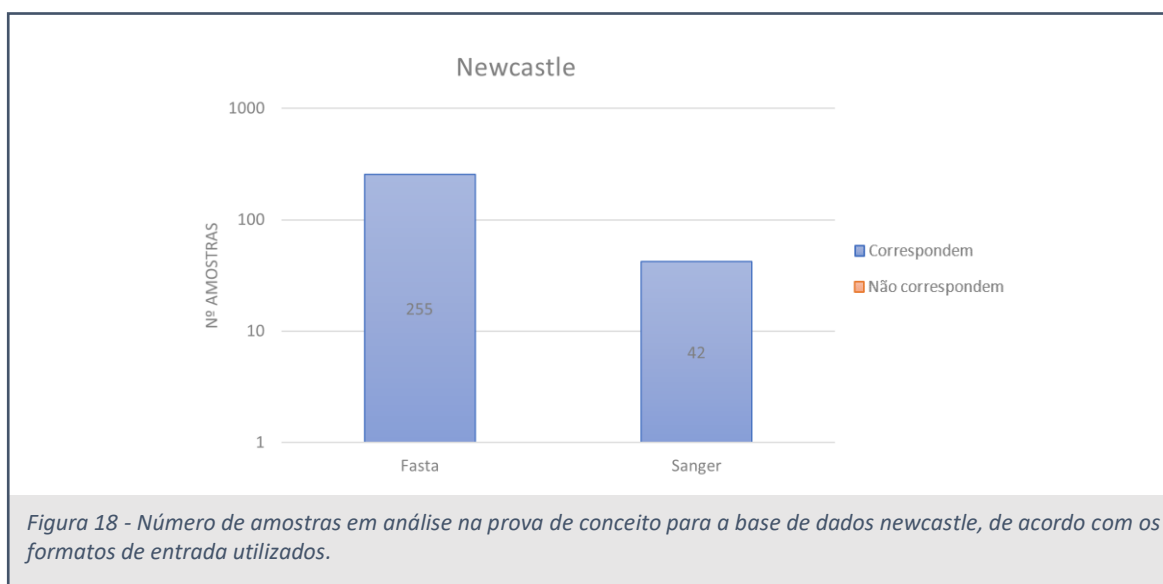


4.2.5 Newcastle Disease virus

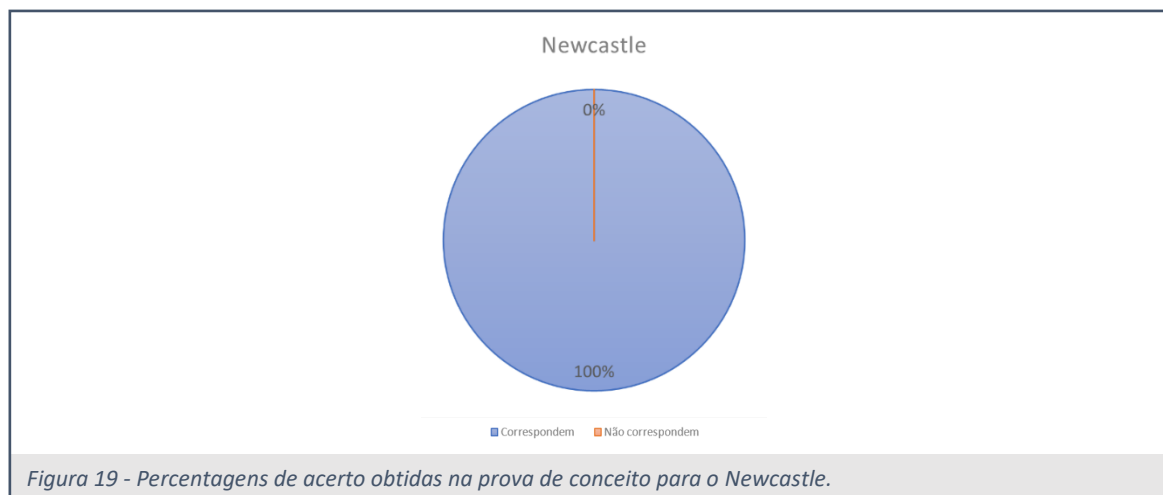
No processo de validação da identificação do genótipo do vírus Newcastle por meio da ReporType, foram utilizadas no total de 297 amostras. Deste conjunto, 255 amostras encontram-se em formato fasta já pré-processadas, enquanto 42 amostras contêm dados brutos resultantes da sequenciação de Sanger.

As 42 amostras em formato AB1, obtidas através da sequenciação de Sanger, assim como 23 amostras no formato fasta, foram disponibilizadas pelo INIAV. No que diz respeito às restantes 255 amostras em formato fasta, elas estão disponibilizadas *online*, através do ENA, tendo sido previamente analisadas no artigo “Surveillance of Class I Newcastle Disease Virus at Live Bird Markets in China and Identification of Variants with Increased Virulence and Replication Capacity” (116). Os identificadores únicos destas amostras estão listados na [Tabela Suplementar 6](#), em anexo.

Os resultados obtidos estão representados na [Figura 18](#) e indicam que todos os genótipos do Newcastle foram identificados com sucesso para todas as amostras em estudo, totalizando 255 acertos para o formato de entrada fasta e 42 para dados provenientes de sequenciação de Sanger.



Assim, a prova de conceito para o vírus Newcastle demonstra uma percentagem total de sucessos de 100% ([Figura 19](#)), não existindo qualquer incongruência a listar.

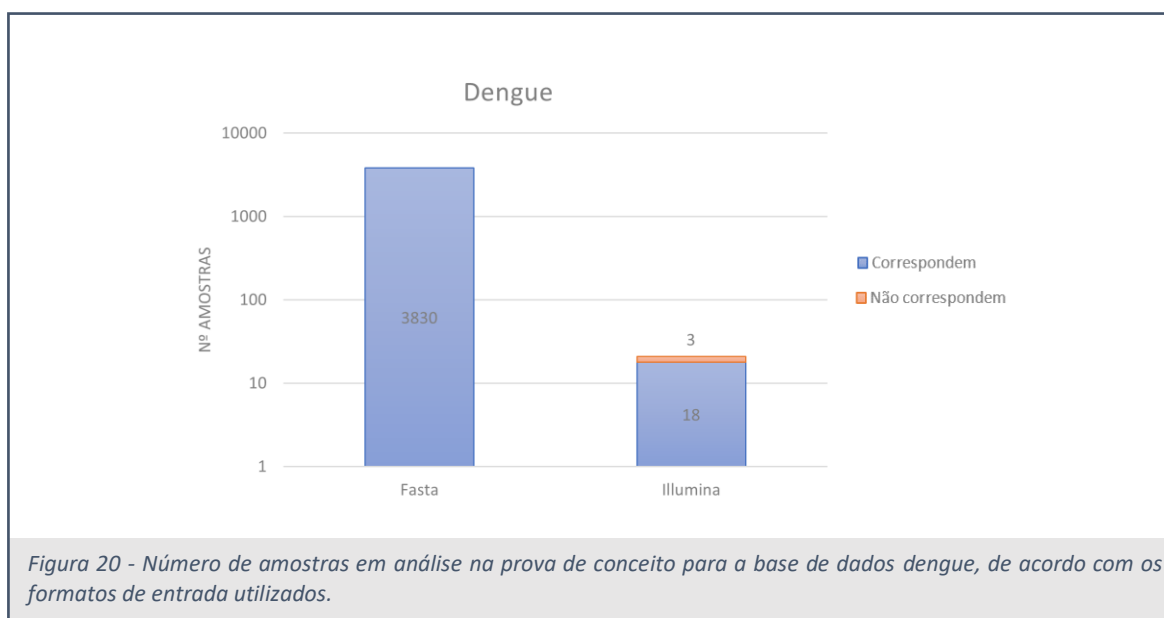


4.2.6 Dengue Disease virus (DENV)

Para a prova de conceito do DENV, foram utilizadas 3851 amostras de genoma completo, das quais 3830 se encontram em formato de entrada fasta e 21 consistem em dados em bruto provenientes de sequenciação de fragmentos amplificados (*amplicons*) por Illumina.

Estas amostras foram previamente estudadas no mesmo artigo onde foi consultada a lista de sequências usadas para a construção da base dados, o artigo “DEN-IM: dengue virus genotyping from amplicon and shotgun metagenomic sequencing” (34), e encontram-se disponíveis *online*, através do ENA e na página do GitHub identificada no artigo referido. Os identificadores únicos de cada amostra estão disponíveis na [Tabela Suplementar 7](#), em anexo.

Os resultados obtidos demonstraram-se muito promissores. É possível verificar que para todas as amostras com dados provenientes de sequenciação Illumina, os genótipos foram corretamente identificados, enquanto nas 3830 amostras já pré-processadas em formato fasta, foram verificadas três incongruências ([Figura 20](#)).



Estão listadas na [Tabela 5](#) as discrepâncias encontradas.

Tabela 5 - Amostras onde foram detetadas incongruências (em destaque) quando da prova de conceito da base de dados dengue.

Amostra	Gene	%Coverage	%Identity	Esperado
Dengue_2286 (JF459993)	DENV_1_I	94.79	100.00	DENV_1_IV
Dengue_2475 (JQ922545)	DENV_1_V	94.88	98.64	DENV_1_III
Dengue_2479 (JQ922548)	DENV_1_V	95.11	100.00	DENV_1_III

Após uma análise cuidadosa da base de dados elaborada para a identificação de genótipos do DENV, verificou-se que para 2 das 3 amostras em causa, o mesmo identificador único estava erradamente associado a diferentes genótipos.

Assim, notou-se que para a amostra Dengue_2286 (JF459993) o genótipo esperado seria DENV_1_IV, no entanto a sequência com o mesmo identificador único incorporada na base de dados corresponde ao genótipo DENV_1_I. Já a amostra Dengue_2479 (JQ922548), teria como genótipo esperado o DENV_1_III, enquanto a sequência da base de dados com o mesmo *accession* corresponde ao genótipo DENV_1_V.

Tendo em conta as inconformidades encontradas na listagem de genes esperados, foi elaborada uma árvore filogenética com todas as sequências utilizadas na elaboração da base de dados, de forma a verificar se os genótipos das sequências com os identificadores JF459993 e JQ922548 estavam bem identificados na base de dados ou na listagem de genótipos esperados. A esta árvore foi acrescentada a amostra Dengue_2475, com o identificador JQ922545, para verificar se a incongruência encontrada também se devia a uma anotação errada do gene esperado.

A [Figura 21](#) apresenta a árvore obtida, confirmando que, para as 3 sequências, o genótipo esperado estava mal identificado, sendo que para as amostras Dengue_2286 (JF459993) e Dengue_2479 (JQ922548), o genótipo da base de dados seria o correto, e para a sequência Dengue_2475 (JQ922545), o genótipo esperado seria na realidade DENV_1_V.

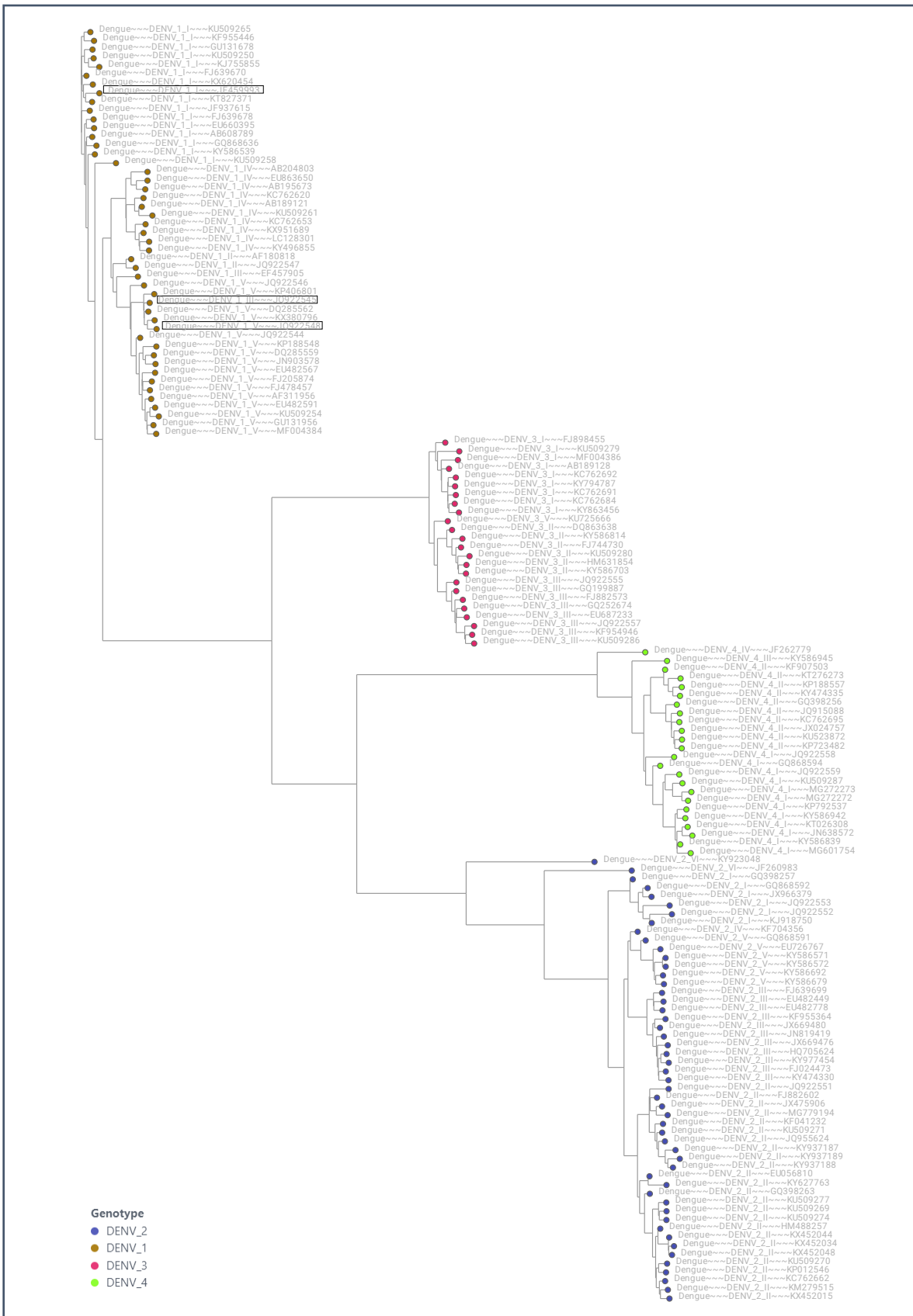
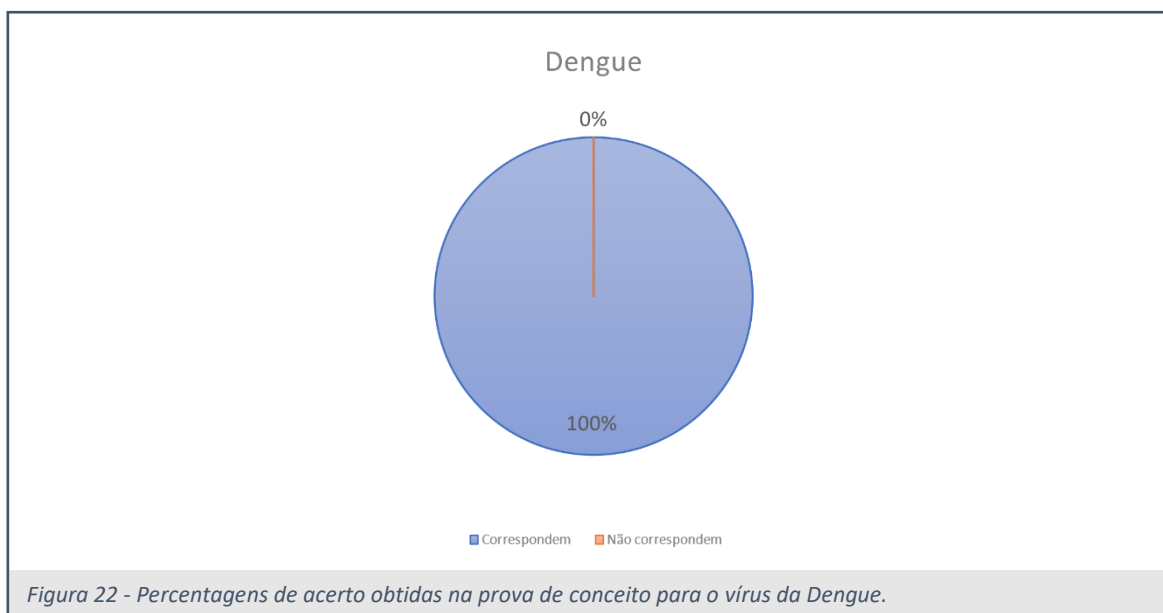


Figura 21 - Árvore filogenética de todas as sequências utilizadas para a elaboração da base de dados do vírus do Dengue, acrescentando ainda a sequência Dengue_2475 (JQ922545). Estão destacadas as três sequências onde foram detetadas falsas discrepâncias, originadas devido à identificação errada das sequências nos repositórios públicos.

Assim, foram eliminadas as incongruências encontradas, terminando a prova de conceito para a identificação de genótipos no vírus da Dengue com uma percentagem de 100% de sucessos ([Figura 22](#)).



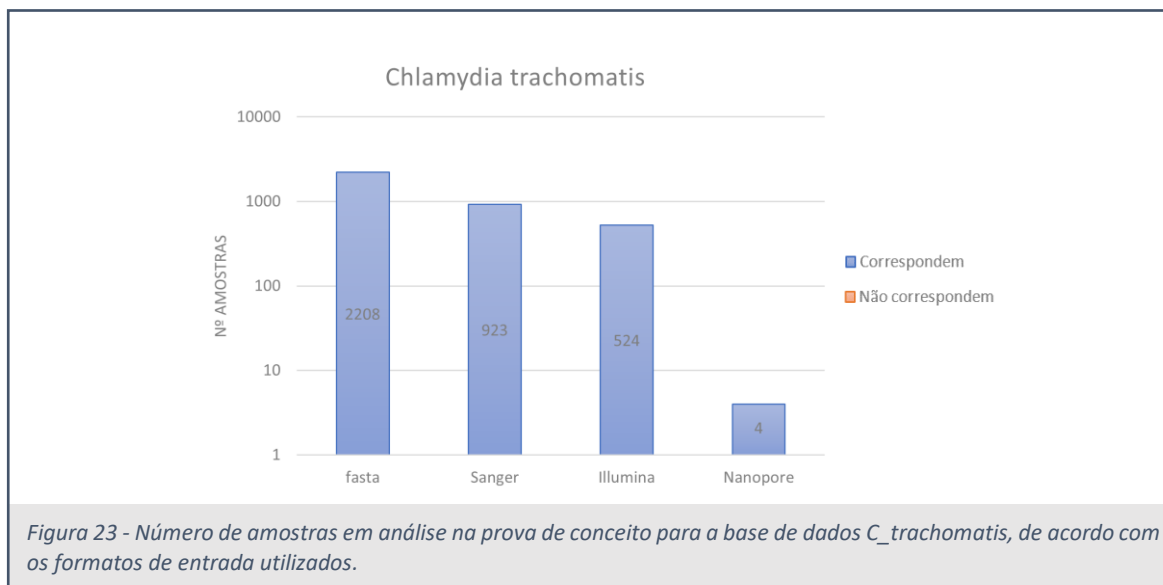
4.2.1 *Chlamydia trachomatis*

Para a prova de conceito da *C.trachomatis*, foram analisadas no total 3659 sequências do gene *ompA*, usado para genotipagem desta bactéria.

Estas amostras estão distribuídas pelos diferentes formatos de entrada em estudo, sendo 2208 sequências em formato fasta, fornecidas pelo INSA, já pré-processadas e 923 em formato AB1 com dados em bruto provenientes de sequenciação de Sanger, também disponibilizadas pelo INSA.

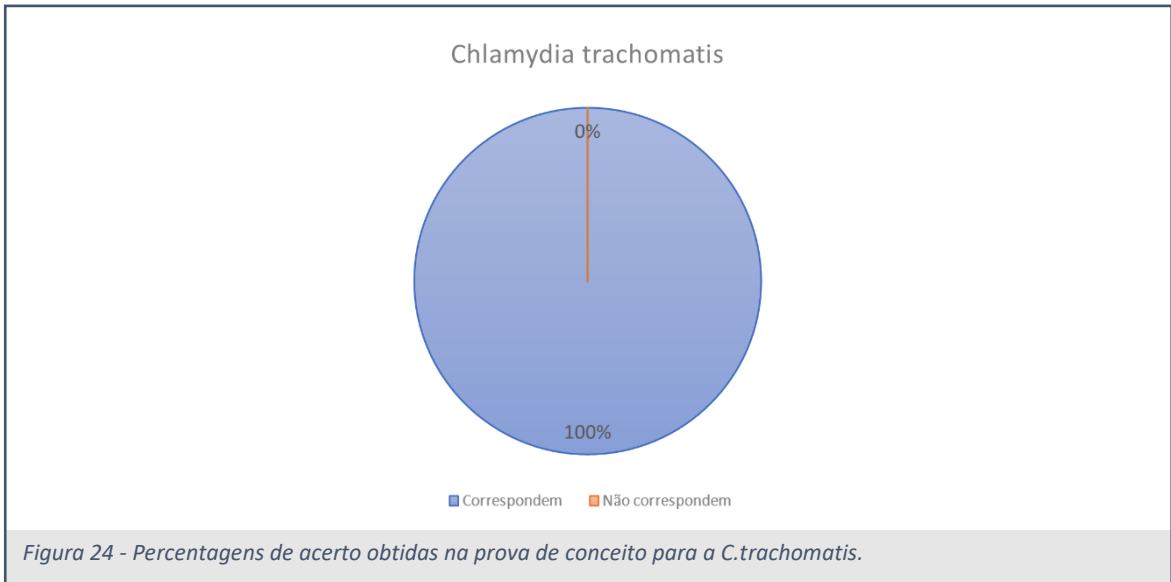
As 4 sequências em formato fastq com origem em sequenciação por Nanopore, foram estudadas no artigo “An indocível transposon mutagenesis approach for the intracellular human pathogen *Chlamydia trachomatis*” (117) e por fim, as 524 sequências obtidas através de WGS, em formato fastq com origem em sequenciação por Illumina, analisadas nos artigos “Whole-genome sequences of *Chlamydia trachomatis* directly from clinical samples without culture” (118), “Whole-genome analysis of diverse *Chlamydia trachomatis* strains identifies phylogenetic relationships masked by current clinical typing” (119) e “Comprehensive global genome dynamics of *Chlamydia trachomatis* show ancient diversification followed by contemporary mixing and recent lineage expansion” (120). Os identificadores únicos das sequências em formato fastq, disponibilizadas online, através do ENA, encontram-se listados na [Tabela Suplementar 8](#), em anexo.

Na [Figura 23](#) está representado o número de acertos que se verificou para cada formato de ficheiros de entrada em análise. Nota-se que não se verificou nenhuma incongruência.



Durante a prova de conceito para a validação da identificação de genótipos da *C. trachomatis* pela ReporType, foram inicialmente analisadas algumas sequências recombinantes, nomeadamente as sequências recombinantes abordadas nos artigos “Whole-genome analysis of diverse Chlamydia trachomatis strains identifies phylogenetic relationships masked by current clinical typing” (119) e “Comprehensive global genome dynamics of Chlamydia trachomatis show ancient diversification followed by contemporary mixing and recent lineage expansion” (120). No entanto, foi verificado que a base de dados estudada não contempla sequências representativas de genótipos híbridos, e como tal apenas foi identificado um dos genótipos das sequências recombinantes analisadas. Assim, estas sequências foram removidas das estatísticas para a validação da ferramenta, visto que estas discrepâncias estavam associadas a uma inconsistência na base de dados e não atribuídas à codificação da ReporType ou à formatação dos seus parâmetros.

Por fim, é possível verificar que a percentagem de acertos para a prova de conceito da *C. trachomatis* é de aproximadamente 100%, demonstrando a eficácia da ReporType para a genotipagem desta bactéria ([Figura 24](#)).



4.2.1 *Legionella pneumophila*

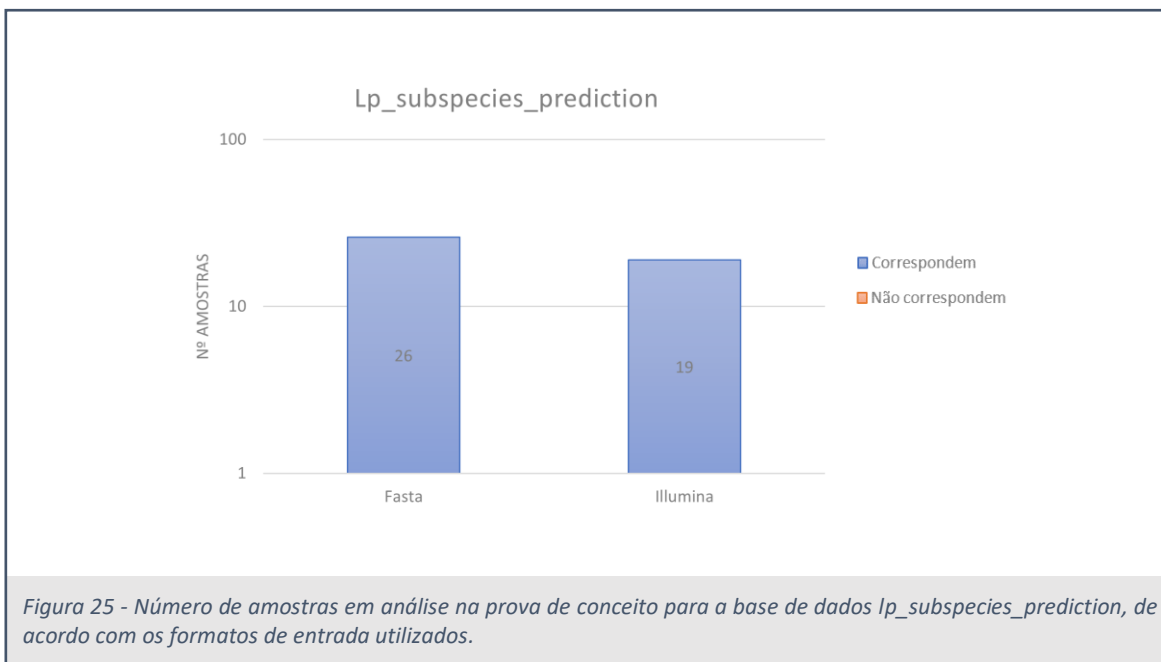
A prova de conceito para a bactéria *L.pneumophila*, foi realizada para as bases de dados lp_subspecies_prediction e lp_serogroup_typing, prevendo a subespécie e o serogrupos das amostras, respetivamente.

Foram fornecidas pelo INSA 26 sequências do genoma em formato fasta, que foram submetidas a análise contra as duas bases de dados. Adicionalmente, a prova de conceito incluiu 19 amostras em arquivos com dados em bruto de sequenciação do genoma por Illumina, as quais estão acessíveis *online* e foram objeto de análise no âmbito do artigo intitulado “Comparative genome analysis reveals a complex population structure of Legionella pneumophila subspecies” (121). Os identificadores únicos destas amostras estão listados na [Tabela Suplementar 9](#), em anexo.

É importante ressaltar que apenas estavam disponíveis para essas amostras resultados esperados relacionados à subespécie, não havendo informações disponíveis para a identificação serogrupos, conseqüentemente, estas 19 amostras apenas foram utilizadas na validação da deteção de subespécies em *L.pneumophila*.

Assim, a demonstração preliminar relativa à base de dados lp_subspecies_prediction englobou um conjunto total de 45 amostras.

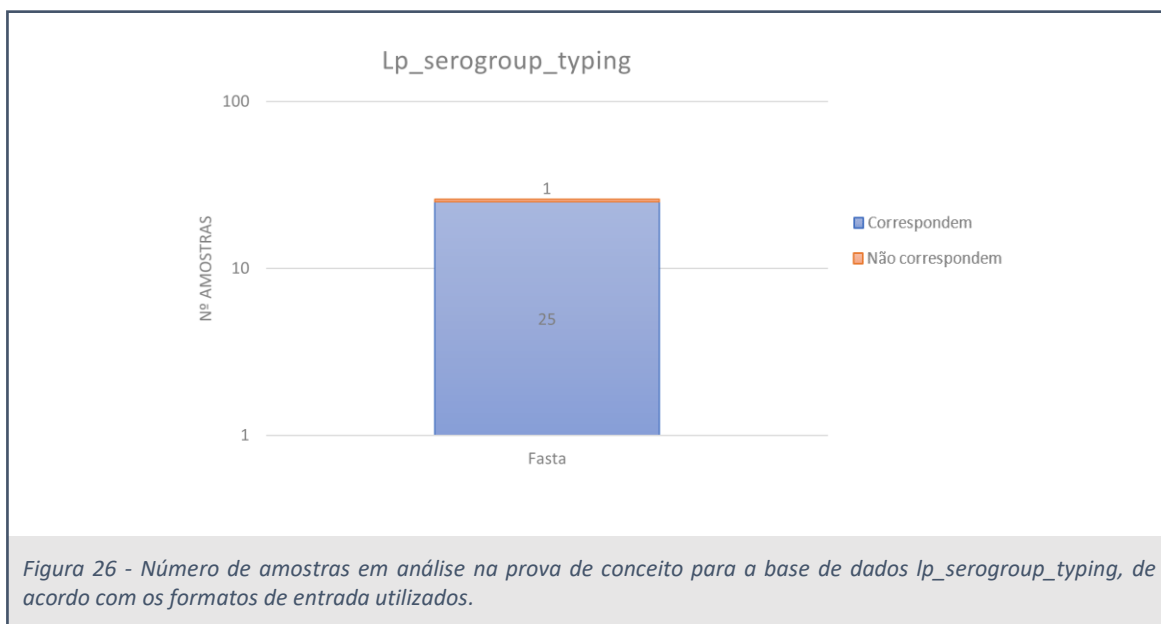
Notavelmente, as subespécies foram corretamente identificadas em todas as amostras, como evidenciado pela [Figura 25](#), não sendo detetada qualquer disparidade relevante entre os diversos formatos de entrada sob análise.



Estes resultados corroboram a boa eficácia da ReporType no tocante à precisa identificação das subespécies de *L.pneumophila*.

Apesar do número de sequências testadas seja pequeno, é de realçar que estas pertencem a grupos genéticos bastante diversos, representativos da enorme diversidade genética desta espécie, o que reforça a performance da ReporType.

No que concerne à base de dados *lp_serogroup_typing*, identificou-se uma falta de correspondência na atribuição dos genótipos para as 26 amostras em análise ([Figura 26](#)).

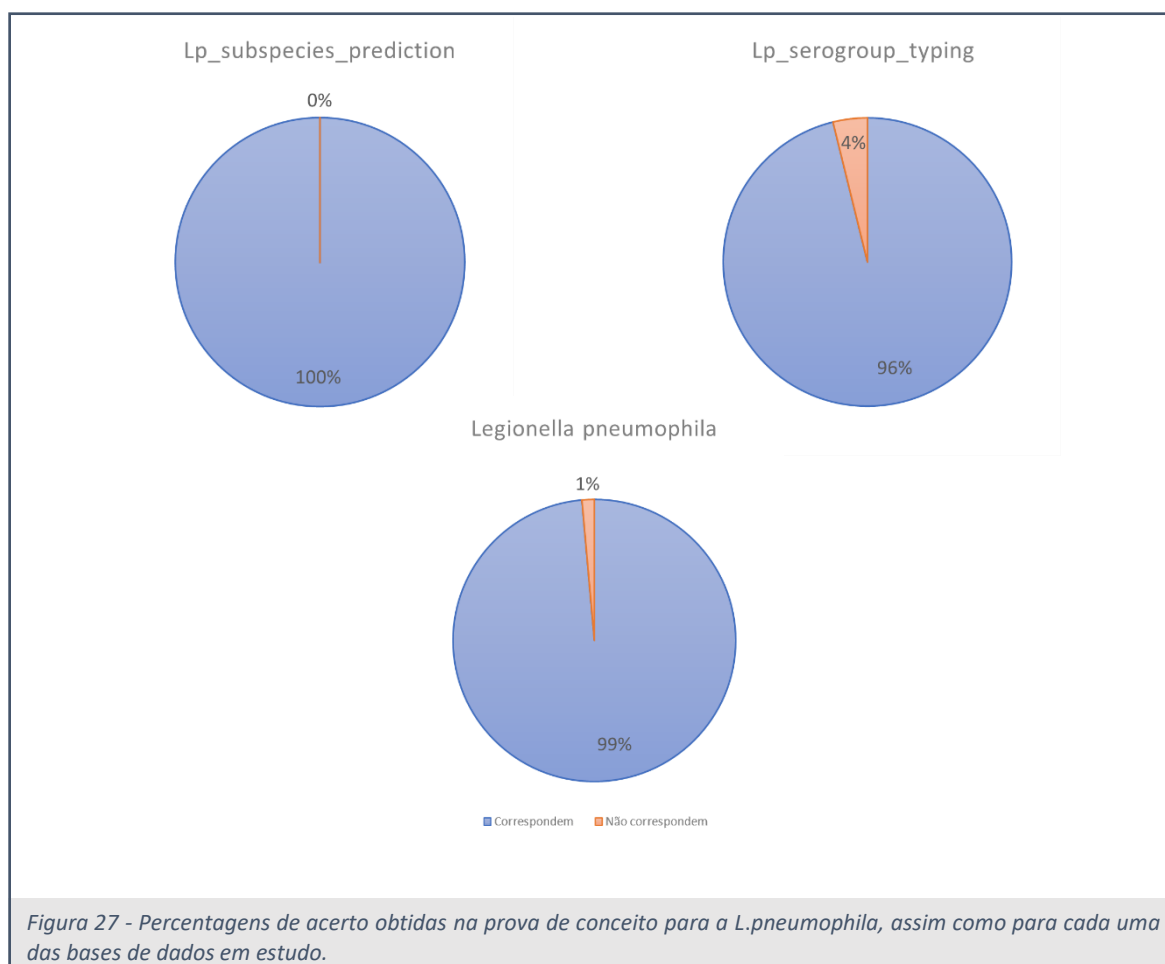


A [Tabela 6](#) apresenta a única incongruência encontrada aquando da validação da ReporType para a identificação de serogrupos da *L.pneumophila*, indicando que o erro ocorreu no reconhecimento do serogrupo 6, tendo sido classificado como serogrupo 12. Antecipa-se que esta discordância poderá ser colmatada após uma análise mais fina da similaridade genética dos loci *wzm* e *wzt* em estirpes dos serogrupos discordantes, seguida da seleção mais apropriada das sequências representativas desses serogrupos presentes na base de dados.

Tabela 6 - Amostra onde foi detetada incongruência (em destaque) aquando da prova de conceito da base de dados *lp_serogroup_typing*.

Amostra	Fasta	%Coverage	%Identity	Esperado
Lp_22	serogroup_12	100	100	serogroup_6

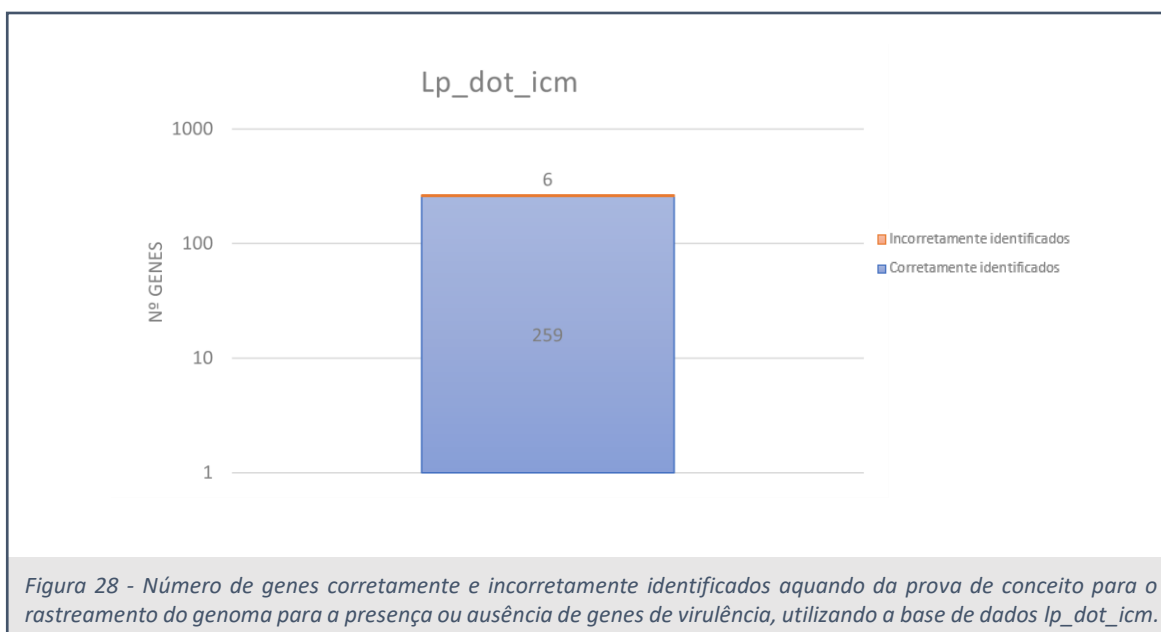
Tendo em conta a única discrepância encontrada, a percentagem final de sucessos para a genotipagem de *L.pneumophila* é de 99%, sendo totalmente eficaz na identificação de subespécies (100%) e 96% para a classificação do serogrupo ([Figura 27](#)).



4.2.1.1 Identificação de genes de virulência

Para a validação da identificação de genes de virulência pela ReporType, foi testada contra a base de dados *lp_dot_icm* uma amostra disponibilizada pelo INSA, referente à *L.pneumophila* subespécie *fraseri*, mais precisamente, à estirpe PtVFX_2014, cujo rastreamento do genoma para a presença ou ausência de genes de virulência já foi realizada no artigo “*Legionella pneumophila* strain associated with the first evidence of person-to-person transmission of Legionnaires disease: A unique mosaic genetic backbone” (108).

Na amostra em análise, eram esperados 259 genes de virulência, tendo sido encontrados 265 (Figura 28). Estes resultados totalizam 6 genes de virulência identificados de forma errônea.



Na Tabela 7 estão listados os 6 genes que foram dados como presentes pela ReporType, não estando validados como genes de virulência próprios da *L.pneumophila* *fraseri* PtVFX_2014.

Tabela 7 – Genes virais erroneamente identificados (em destaque) durante a prova de conceito para varrimento de genes de virulência em *L.pneumophila*.

Gene	%Coverage	%Identity
lpg0191	12.58	90.83
lpg0796	75.12	73.21
lpg1491	17.39	72.65
lpg2370	100.00	93.72
lpg2400	8.17	95.40
lpg2511	98.77	94.23

Uma análise criteriosa das percentagens de cobertura e identidade de cada gene revelou que três dos seis genes identificados, nomeadamente lpg0191, lpg1491 e lpg2400, apresentam um *coverage* insuficiente para serem considerados presentes nas amostras. Portanto, esses três genes foram removidos da lista de genes identificados.

Quanto aos genes remanescentes, após uma análise mais detalhada do artigo onde foi validada a presença dos genes na subespécie em causa (108), demonstrou que os genes lpg0796, lpg2370 e lpg2511 foram considerados ausentes na estirpe PtVFX_2014. Isto deve-se ao fato de que suas posições no genoma não coincidem com as posições correspondentes nas outras subespécies de *L.pneumophila*, divergência que sugere a possibilidade de esses genes terem elevada homologia ou serem parálogos de outros genes existentes.

Conseqüentemente, os 6 genes foram excluídos da avaliação da prova de conceito.

A listagem dos genes encontrados está detalhada na [Tabela Suplementar 10](#), em anexo.

Portanto, é possível verificar que apesar da ReporType identificou corretamente a maioria dos genes virais esperados, mantendo uma percentagem de sucessos de 98%, que após uma análise mais profunda e restritiva ao nível das percentagens de cobertura e identidade obtidas, pode ser aumentada para 100% ([Figura 29](#)).

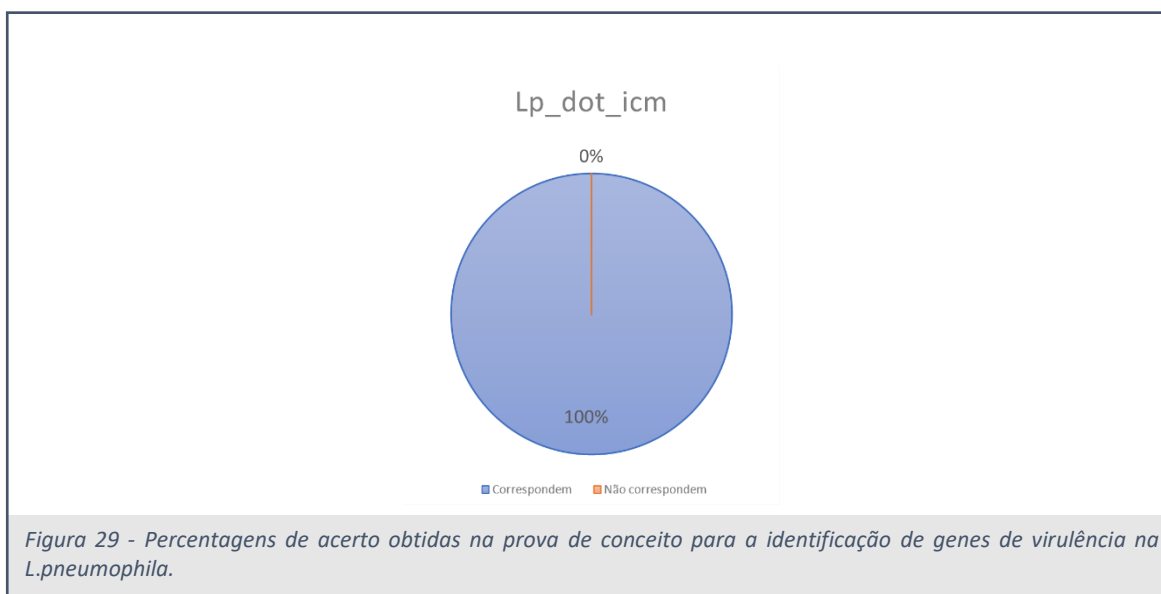


Figura 29 - Percentagens de acerto obtidas na prova de conceito para a identificação de genes de virulência na *L.pneumophila*.

4.3 Tempos de execução

A projeção dos tempos de execução da ReporType foi feita através do cálculo da média e do desvio padrão de 10 conjuntos de medições para cada base de dados e formato de entrada examinados (conforme detalhado na [Tabela Suplementar 11](#)). Os valores médios dos tempos de execução, acompanhados pelos respectivos desvios padrão, foram compilados na [Tabela 8](#) para referência.

É possível verificar que, como seria de esperar, os tempos de execução variam de acordo com o número de amostras a analisar. Nota-se ainda que, o tamanho das sequências e das bases de dados em análise parece influenciar o tempo de execução.

Destaca-se o exemplo das amostras de Measles, *C.trachomatis* e Influenza para o formato de entrada Nanopore, onde apesar de o vírus Influenza ter um número maior de amostras, estas são processadas mais rapidamente em comparação com as amostras das outras espécies mencionadas, enquanto a análise das 4 amostras de *C.trachomatis* requer consideravelmente mais tempo em relação à análise de 8 ou 11 amostras das outras espécies.

Tabela 8 - Tempos de execução médios (hh:mm:ss) medidos para cada base de dados de acordo com os diferentes formatos de entrada em estudo e com os respectivos desvios padrão.

ⁱ - valores estimados tendo por base a análise de 10 amostras.

ⁱⁱ - valores estimados a partir da soma dos restantes.

	Fasta	Illumina	Nanopore	Sanger	Total
measles	494	---	8	---	502
	00:00:19 ± 00:00:00	---	00:06:29 ± 00:00:54	---	00:06:00 ± 00:00:31
HCV_complete	166	---	---	83	249
	00:00:03 ± 00:00:00	---	---	00:00:11 ± 00:00:00	00:00:11 ± 00:00:00
HCV_partial	166	---	---	83	249
	00:00:03 ± 00:00:00	---	---	00:00:10 ± 00:00:00	00:00:10 ± 00:00:00
HTLV-1_LTR	14	---	---	14	28
	00:00:03 ± 00:00:00	---	---	00:00:08 ± 00:00:00	00:00:08 ± 00:00:01
HTLV-1_env	14	---	---	14	28
	00:00:03 ± 00:00:00	---	---	00:00:07 ± 00:00:00	00:00:07 ± 00:00:00
influenza	174482	17	11	---	174510
	00:07:51 ± 00:00:04	00:01:47 ± 00:00:05	00:01:48 ± 00:00:00	---	00:10:42 ± 00:00:14
newcastle	255	---	---	42	297
	00:00:48 ± 00:00:02	---	---	00:00:05 ± 00:00:01	00:00:49 ± 00:00:01
dengue	3830	21	---	---	3851
	03:17:17 ± 00:13:51	00:10:12 ± 00:00:26	---	---	03:54:06 ± 00:06:46
C_trachomatis	2208	524	4	923	3659
	00:00:08 ± 00:00:00	76:28:22 ± 00:01:24 ⁱ	01:00:57 ± 00:00:32	00:00:34 ± 00:00:00	78:09:45 ± 01:15:37 ⁱ
lp_subspecies_prediction	26	19	---	---	45
	00:00:08 ± 00:00:00	02:26:49 ± 00:13:42	---	---	02:27:43 ± 00:10:55
lp_serogroup_typing	26	---	---	---	26
	00:00:08 ± 00:00:00	---	---	---	00:00:08 ± 00:00:00
lp_dot_icm	1 (265 genes)	---	---	---	1 (265 genes)
	00:00:06 ± 00:00:00	---	---	---	00:00:06 ± 00:00:00

Tendo em conta os recursos de memória de execução disponíveis no dispositivo onde foi feita a medição dos resultados, não foi possível analisar todas as amostras de *C.trachomatis* com formato de entrada de dados provenientes de sequenciação Illumina ao mesmo tempo. Desta forma, para obter os tempos de execução para o formato de entrada em causa e para o total de amostras de *C.trachomatis*, foi feita uma estimativa que teve por base o tempo de análise necessário para a obtenção de resultados de 10 amostras.

5. Discussão

Este projeto tem como principal objetivo a criação de um pipeline automático capaz de identificar loci de interesse em amostras de vírus e bactérias com vista à sua classificação, por exemplo, a nível de genótipo, linhagem ou subespécie, partindo de sequências obtidas através de tecnologias de sequenciação Sanger, Illumina e Nanopore ou em sequências em formato *single* ou *multi* fasta, incluindo *contigs* obtidos por *de novo assembly*. Foi criada a ReporType, disponível na página do GitHub <https://github.com/ibigen/ReporType>, e realizada uma prova de conceito de forma a validar a sua eficácia e utilidade.

Durante a prova de conceito elaborada, verificaram-se percentagens de acertos bastante promissoras para a genotipagem de todas as espécies em estudo.

De forma mais detalhada, foi verificada uma percentagem de sucessos de 100% na genotipagem dos vírus Measles ([Figura 9](#)), HCV ([Figura 12](#)), Influenza ([Figura 17](#)), doença de Newcastle ([Figura 19](#)) e DENV ([Figura 22](#)), e na bactéria *C.trachomatis* ([Figura 24](#)) assim como na identificação de subespécies de *L.pneumophila* ([Figura 27](#)). Combinando as todas as provas de conceito referidas, foram testados os quatro formatos de entrada em estudo, nomeadamente ficheiros fasta e ficheiros com dados em bruto provenientes da sequenciação Sanger, Illumina e Nanopore.

De realce são as provas de conceito conduzidas com Influenza, *C.trachomatis* e DENV, as quais abrangeram um número significativamente substancial de amostras para fins de validação, totalizando 174510, 3659 e 3851 respetivamente. Esses dados proporcionaram um sólido alicerce à robustez da ReporType na genotipagem dessas espécies.

Relativamente ao exercício de prova de conceito para a *C.trachomatis*, é de notar que não estão incluídas na base de dados usada neste estudo sequências representativas genótipos *ompA* híbridos, tais como L1/L2 ou L2b/D-Da (119,120,122), pelo que uma tentativa de identificação destes genótipos raros utilizando esta base de dados resultará na identificação de apenas um dos genótipos.

No que diz respeito ao HTLV-1, foi de facto encontrada uma incongruência, aquando da prova de conceito da base de dados que utiliza o gene *env* para identificar o genótipo do HTLV-1 ([Figura 14](#)). A discrepância em questão diz respeito a um ficheiro com dados em bruto provenientes da sequenciação de Sanger, mais especificamente na amostra HTLV-1_8, sequencia onde foi detetado pela ReporType o genótipo a.A(Transcontinental) com uma percentagem de *coverage* de 56,41% ([Tabela 4](#)). Este valor é relativamente baixo para considerar o gene encontrado como presente na amostra sem que sejam feitas análises adicionais. Além disso, tendo em conta que se trata de um

ficheiro com dados em bruto provenientes da sequenciação de Sanger, é plausível supor que esta incongruência possa derivar de uma menor qualidade da sequência de entrada, quando comparando com a respetiva sequência previamente tratada pelo laboratório, a partir da qual a ReporType conseguiu detetar o genótipo correto.

As poucas situações de discordância ilustram uma contingência que pode ocorrer durante a análise de dados brutos provenientes de sequenciação por Sanger, Illumina ou Nanopore, caso não sejam empregues limiares de cobertura e identidade mais restritos, previamente validados, ou quando os parâmetros de purificação e refinamento padrão adotados no pipeline não se mostrem os mais apropriados.

Nesse contexto, poderá ser necessário ajustar os critérios estabelecidos ou mesmo realizar uma purificação prévia ao uso da ReporType, o que poderá ser especialmente recomendado para dados de Sanger. Todavia, a necessidade desse passo extra a montante dependerá sempre de um compromisso entre a taxa de erro de sequenciação e a diversidade genética dos marcadores presentes na base de dados, devendo ser avaliado por espécie e/ou por laboratório.

Assim, por meio de uma interpretação mais minuciosa dos resultados correspondentes à amostra em análise, o utilizador tem a possibilidade de realizar ajustes nos parâmetros de análise, visando alcançar percentagens de cobertura e identidade mais confiáveis e capazes de garantir uma classificação correta dos genótipos.

Apesar desta discrepância, a ReporType evidenciou a sua capacidade em identificar de forma precisa o genótipo de todas as amostras analisadas em confronto com a base de dados HTLV-1_LTR ([Figura 13](#)), que utiliza as regiões não codificantes para a genotipagem do vírus. Portanto, tendo em conta a relevância da interpretação dos resultados por parte do utilizador, constatou-se uma percentagem de êxito substancial e satisfatória, a qual é suficiente para conferir validade à utilização da ReporType para a genotipagem do HTLV-1 ([Figura 15](#)).

Relativamente à identificação de serogrupos na bactéria *L.pneumophila*, apenas foi possível realizar a prova de conceito em ficheiros no formato de entrada fasta, e foi verificada uma discrepância ([Figura 26](#)). Na amostra Lp_22, ocorreu a identificação equivocada do serogrupo 12 com uma percentagem de cobertura e identidade de 100%, quando o correto seria a identificação do serogrupo 6 ([Tabela 6](#)). No entanto, é relevante destacar que existem regiões genómicas identificadoras destes dois serogrupos que são conservadas entre eles (123). Assim, podemos abordar esta discrepância analisando de uma forma mais aprofundada a semelhança genética existente entre os loci *wzm* e *wzt*, utilizados na identificação do serogrupo de *L.pneumophila*,

selecionando posteriormente as sequências representativas mais apropriadas para esses serogrupos disponíveis na base de dados.

Nesse contexto, apesar de os marcadores genéticos *wzm* e *wzt*, utilizados na construção da base de dados utilizada para a identificação dos serogrupos, serem considerados bons marcadores, poderão existir certos perfis atípicos, potencialmente gerados por recombinação genética. Tais eventos podem impor desafios à inferência bioinformática *in silico* de determinados serogrupos, como ocorre com os serogrupos 6 e 12, em virtude da conservação compartilhada das regiões distintivas desses serogrupos.

Apesar dessa incongruência, constata-se um índice de acerto de 96% ([Figura 27](#)) na identificação de serogrupos da *L.pneumophila* por meio da utilização da ReporType.

A bactéria *L.pneumophila* foi, adicionalmente, empregada em uma prova de conceito suplementar, que abrangeu a detecção de potenciais genes de virulência na estirpe PtVFX_2014 ([Figura 29](#)). Todos os genes de virulência listados como esperados foram identificados, tendo sido verificado que esta abordagem está substancialmente sujeita à interpretação dos resultados por parte do utilizador, visto que foram detetados genes de virulência com *coverage* bastante baixos ([Tabela 7](#)), os quais, após passarem pela análise minuciosa do utilizador, não podem ser classificados como presentes.

Nesse sentido, atesta-se a validade da eficácia da ReporType para a genotipagem das espécies supramencionadas. Ressalta-se a relevância da interpretação do utilizador em relação aos resultados obtidos, conferindo especial ênfase às percentagens de identidade e cobertura, como propósito de assegurar uma avaliação mais precisa da presença ou ausência do loci presentes na base de dados e posteriormente do genótipo identificado.

É de esperar que a eficácia da ReporType na genotipagem de espécies não englobadas na prova de conceito se revele promissora e relevante. Contudo, é possível que se torne necessário proceder a ajustes pontuais nos parâmetros de análise e refinamento dos dados em bruto, de modo a adotar os valores mais apropriados para a genotipagem de cada espécie em particular.

Realça-se, mais uma vez, a importância da interpretação dos resultados por parte do utilizador, particularmente durante as fases iniciais da utilização da ferramenta para uma nova espécie, até que seja garantido que os parâmetros a utilizar são os mais indicados para a espécie em questão, estando devidamente validados e definidos.

No atual cenário epidemiológico, onde a detecção rápida e precisa de agentes patogénicos desempenha um papel crucial na vigilância e resposta a surtos, a capacidade de genotipagem oferecida pela ReporType desempenha um papel de interesse, permitindo estabelecer

procedimentos de genotipagem rápidos e compatíveis com diversas tecnologias de sequenciação, elementos cruciais para uma eficiente vigilância genómica e consequente entendimento das dinâmicas de propagação de doenças infecciosas.

As espécies que foram validadas durante a prova de conceito à qual a ReporType foi submetida são agentes patogénicos de grande relevância no panorama de doenças infecciosas atual, e com sabido impacto na Saúde Humana e/ou Animal (124). Portanto, a validação da ReporType para essas espécies não apenas confirma sua eficácia na genotipagem, mas também destaca a sua potencial contribuição para o reforço da capacidade dos laboratórios de referência que contribuíram para este estudo INSA e INIAV.

Ao utilizar um pipeline automático para realizar uma análise bioinformática, o processo deverá tornar-se mais fácil de executar e mais independente, ou seja, deve necessitar cada vez menos da intervenção do utilizador. Idealmente, um pipeline é gerido de forma completamente autónoma, necessitando apenas dos *inputs* para a análise e fornecendo os resultados finais sem que seja requerida qualquer outra intervenção por parte do utilizador.

Efetivamente, constata-se que a ReporType constitui um pipeline completamente automatizado, que se fundamenta unicamente na especificação precisa dos parâmetros de entrada para gerar um relatório contendo os principais resultados, prontos para serem interpretados e analisados pelo utilizador. Nesse sentido, é possível ao utilizador submeter para análise todas as amostras de uma espécie específica que necessite de genotipagem, enquanto simultaneamente se dedica a outras atividades, aguardando pelo desfecho dos resultados.

Os intervalos de tempo de execução do pipeline apresentaram resultados encorajadores, conforme evidenciado na [Tabela 8](#). É importante ressaltar que uma parcela substancial do tempo de execução do ReporType está associada ao desempenho individual dos diversos *softwares* incorporados. No entanto, a maioria dos tempos reportados são satisfatórios e antecipam que a ReporType poderá ser facilmente implementado nos atuais *workflows* de vigilância genómica, sem que isso requeira um consumo excessivo de tempo de computação.

É compreensível que ocorram tempos de execução mais prolongados na análise de amostras sequenciadas pela tecnologia Illumina. Esta disparidade ocorre devido ao facto de os tempos de execução do Trimmomatic e do SPAdes excedem significativamente o tempo de execução do NanoFilt e Raven. O tempo de execução do SPAdes parece aumentar ainda mais quando há amostras com um excesso de *reads*, o que se verificou na prova de conceito da *C.trachomatis*. Naturalmente, quando são fornecidas amostras já processadas em formato *fasta*, os tempos de execução são notavelmente rápidos, equivalendo somente ao tempo de análise pelo ABRicate.

É crucial enfatizar que os períodos de execução, bem como a capacidade de submeter simultaneamente uma quantidade considerável de amostras para análise, estão intimamente ligados à capacidade do dispositivo no qual está a ser executada a ReporType.

No contexto de uma implementação num cluster, é altamente provável que os períodos de execução variem em conformidade com o número de utilizadores que estão a submeter outras tarefas no mesmo cluster.

Portanto, é fundamentado afirmar que a ReporType desempenha um papel de facilitação e otimização no processo de deteção e identificação dos genótipos das diferentes espécies de vírus e bactérias, gerando resultados prontos a interpretar num curto espaço de tempo.

Uma das principais mais valias associadas à utilização deste pipeline automatizado reside na sua capacidade de processar várias amostras simultaneamente, independentemente do formato dos ficheiros de entrada. Este recurso possibilita ao utilizador iniciar a execução do pipeline e direcionar a sua atenção para outras tarefas, enquanto aguarda pelos resultados correspondentes a todas as amostras necessárias. Tal eficiência é alcançada sem a necessidade de reexecutar comandos adicionais durante o período de espera, enfatizando a conveniência e a produtividade proporcionadas por esse processo automatizado.

Esta funcionalidade, quando combinada com outras características intrínsecas ao ambiente Linux, como a capacidade de criar sessões isoladas para tarefas específicas (*screen*), confere ao computador onde a ReporType está em execução a capacidade total de desempenhar outras atividades. Essa liberdade pode abranger desde a realização de tarefas distintas até à execução paralela do mesmo pipeline, porém destinada à genotipagem de uma espécie diferente.

Apesar de se demonstrar útil e eficaz, existem considerações a serem feitas no que toca à utilização da ReporType para a genotipagem de vírus e bactérias. Especificamente, é importante mencionar a dependência das atualizações dos *softwares* integrados no pipeline, uma vez que essas atualizações podem resultar em ajustes na configuração do pipeline, e, em alguns casos, até mesmo comprometer a sua funcionalidade. Isso pode ocorrer caso sejam feitas alterações de maior impacto nos *softwares* incorporados, o que ressalta a relevância de um acompanhamento contínuo e da prontidão para efetuar modificações necessárias para manter a integridade e eficiência da ReporType.

Alem disso, a configuração inicial do pipeline pode ser inicialmente complexa, exigindo compreensão detalhada dos parâmetros de entrada, para que possam ser feitos os ajustes adequados a análise de cada sequência genética.

Por fim, é relevante enfatizar que a precisão dos resultados obtidos está significativamente influenciada pela qualidade da base de dados utilizada para realizar a genotipagem, sendo que bases de dados que contenham erros podem resultar em conclusões que não refletem com precisão a realidade. Por um lado, a detecção encontra-se restrita aos genótipos presentes na base de dados, o que significa que bases de dados incompletas, que não abarquem todos os genótipos conhecidos para um dado microrganismo, podem levar a classificações incorretas. Além disso, o sistema não tem a capacidade de classificar genótipos ou variantes que ainda não tenham sido descritos, portanto, é da responsabilidade do utilizador estar consciente desta limitação, nomeadamente num contexto de rápida evolução, como é o caso dos vírus, e numa era em que o volume de dados genómicos está a crescer exponencialmente. Estas situações levam a uma necessidade de atualização das bases de dados utilizadas na análise pela ReporType.

Para além dos bons resultados nos exercícios de prova de conceito, a simplicidade inerente à execução, a flexibilidade de formatos de *input* e a automação eficaz na gestão dos recursos do dispositivo no qual o pipeline é executado constituem três vantagens relevantes no uso da ReporType. A eliminação da necessidade de executar manualmente cada comando requerido para a análise bioinformática completa das sequências submetidas à genotipagem simplifica consideravelmente o processo de execução, mitigando expressivamente o risco de erros humanos que poderiam comprometer a detecção dos diferentes genótipos. Além disso, a gestão automática dos recursos, como a memória RAM e a unidade de processamento central (CPU), otimiza de forma notável a utilização do sistema, contribuindo, assim, para uma análise bioinformática global mais eficiente. As vantagens mencionadas tornam pertinente a utilização da ReporType.

5.1 Melhorias e perspetivas futuras

As principais áreas de aprimoramento da ReporType estão relacionadas à simplificação da experiência do utilizador, antecipando-se que os *feedbacks* futuros permitirão aprimorar os comandos de execução, tornando-os mais intuitivos e amigáveis.

Além disso, é viável realizar ajustes no que se refere à regulação dos parâmetros de entrada pelo utilizador. Isto pode envolver a inclusão de mais opções de personalização ou a modificação dos valores padrão para que melhor se alinhem com as práticas específicas de cada laboratório que utilize a ReporType.

Outra alternativa poderia ser a expansão da validação de bases de dados a mais espécies, fornecendo dados já verificados e prontos para aplicação. Isso traria um valor adicional ao evitar

possíveis resultados equivocados oriundos de erros nas bases de dados inseridas pelo próprio utilizador da ReportType.

Uma perspectiva a considerar para o futuro seria a introdução de novas capacidades na ferramenta. Essas adições poderiam simplificar ou apoiar o processo de pesquisa e vigilância epidemiológica e clínica de agentes patogénicos que causam doenças infecciosas.

Um exemplo concreto seria a incorporação de um resultado paralelo, onde fosse extraída e guardada a região *match*, correspondente às posições de início e fim dos genótipos identificados. Esta funcionalidade permite ao utilizador um maior entendimento dos genótipos encontrados, possibilitando saber exatamente onde os genes estão localizados dentro do genoma em questão, permitindo uma investigação aprofundada das variações genómicas e a compreensão das implicações funcionais dessas diferenças genéticas.

6. Conclusões

Neste estudo foi desenvolvida a ReporType, um pipeline automático capaz de identificar loci de interesse e classificar diferentes agentes patogénicos através da análise de dados provenientes de sequenciação Sanger, Illumina e Nanopore, ou de ficheiros com *single* ou *multi* fasta já previamente preparados.

Durante o desenvolvimento do pipeline foram ultrapassados vários desafios de programação, principalmente ao nível da flexibilização da ferramenta. Mais especificamente, foi necessário assegurar uma distinção automática dos formatos dos ficheiros de entrada submetidos pelo utilizador, de forma a garantir que cada amostra seria analisada recorrendo aos *softwares* apropriados, em conformidade com a tecnologia de sequenciação utilizada na obtenção dos dados em estudo. Além disso, certificou-se que o relatório final estaria adaptado às diferentes espécies testadas, facilitando a interpretação dos genótipos obtidos para cada amostra por parte do utilizador.

Em suma, a ReporType foi desenvolvida com êxito, demonstrando ser uma ferramenta eficaz, de resposta ágil e que simplifica substancialmente o processo de análise bioinformática dos dados provenientes da sequenciação do DNA e RNA de diferentes espécies.

Comprovado o funcionamento do pipeline, procedeu-se à realização de provas de conceito para seis espécies de vírus e duas espécies de bactérias que constituem uma parte relevante do panorama epidemiológico atual. Apesar dos contratempos encontrados durante a validação da genotipagem destas espécies pela ReporType, os resultados revelaram-se promissores e fazem anteciper que a ReporType pode ajudar a melhorar a capacidade instalada nos laboratórios para vigilância genómica destes e de outros agentes patogénicos.

Não obstante, antecipa-se a necessidade de realizar melhorias com o objetivo de tornar a execução do pipeline mais intuitiva, bem como incorporar outras funcionalidades de relevância para a monitorização genómica e epidemiológica de agentes patogénicos responsáveis por doenças infecciosas. Adicionalmente, é relevante que qualquer base de dados a usar na ReporType seja sujeita a validação e provas de conceito para o propósito que forem desenhadas, desde a simples pesquisa de loci de interesse até métodos de genotipagem mais complexos.

Em última análise, a ReporType revela-se uma ferramenta dinâmica e promissora, com potencial para evoluir de acordo com as necessidades em constante mudança no campo da genética, epidemiologia de doenças infecciosas e da análise bioinformática.

Referencias

1. Simon B, Pichon M, Valette M, Burfin G, Richard M, Lina B, et al. Whole genome sequencing of A(H3N2) influenza viruses reveals variants associated with severity during the 2016-2017 season. *Viruses*. 2019 Jan 1;11(2).
2. Gire SK, Goba A, Andersen KG, Sealfon RSG, Park DJ, Kanneh L, et al. Genomic surveillance elucidates Ebola virus origin and transmission during the 2014 outbreak. *Science* (1979). 2014 Sep 12;345(6202):1369–72.
3. Uddin M, Mustafa F, Rizvi TA, Loney T, Al Suwaidi H, Al-Marzouqi AHH, et al. SARS-CoV-2/COVID-19: Viral genomics, epidemiology, vaccines, and therapeutic interventions. Vol. 12, *Viruses*. MDPI AG; 2020.
4. Fajardo Á, Tort FL, Victoria M, Fumian TM, Miagostovich MP, Leite JPG, et al. Phylogenetic analyses of Norovirus strains detected in Uruguay reveal the circulation of the novel GII.P7/GII.6 recombinant variant. *Infection, Genetics and Evolution*. 2014 Dec 1;28:328–32.
5. Baker S, Thomson N, Weill FX, Holt KE. Genomic insights into the emergence and spread of antimicrobial-resistant bacterial pathogens [Internet]. Disponible em: <https://www.science.org>
6. Grad YH, Lipsitch M, Feldgarden M, Arachchi HM, Cerqueira GC, FitzGerald M, et al. Genomic epidemiology of the Escherichia coli O104:H4 outbreaks in Europe, 2011. *Proc Natl Acad Sci U S A*. 2012 Feb 21;109(8):3065–70.
7. Ciccolella S, Denti L, Bonizzoni P, Della Vedova G, Pirola Y, Previtali M. MALVIRUS: an integrated application for viral variant analysis. *BMC Bioinformatics*. 2021 Nov 1;22.
8. Araújo PMM, Martins JS, Osório NS. SNAPPY: A snakemake pipeline for scalable HIV-1 subtyping by phylogenetic pairing. *Virus Evol*. 2019 Jul 1;5(2).
9. Olawoye IB, Frost SDW, Happi CT. The Bacteria Genome Pipeline (BAGEP): an automated, scalable workflow for bacteria genomes with Snakemake. *PeerJ* [Internet]. 2020 Oct 27;8:e10121. Disponible em: <https://peerj.com/articles/10121>
10. Steiner A, Stucki D, Coscolla M, Borrell S, Gagneux S. KvarQ: Targeted and direct variant calling from fastq reads of bacterial genomes. *BMC Genomics*. 2014 Oct 9;15(1).
11. Pan J, Li X, Zhang M, Lu Y, Zhu Y, Wu K, et al. TransFlow: a Snakemake workflow for transmission analysis of Mycobacterium tuberculosis whole-genome sequencing data. *Bioinformatics*. 2023 Jan 1;39(1).
12. Forero Junco LM. Pipeline design for user-friendly viral metagenomic analysis. 2019 [cited 2023 Mar 30]; Disponible em: <http://hdl.handle.net/1992/62451>
13. Flageul A, Lucas P, Hirchaud E, Touzain F, Blanchard Y, Eterradossi N, et al. Viral variant visualizer (VVV): A novel bioinformatic tool for rapid and simple visualization of viral genetic diversity. *Virus Res*. 2021 Jan 2;291:198201.
14. Váradi A, Kaszab E, Kardos G, Prépost E, Szarka K, Laczkó L. Rapid genotyping of targeted viral samples using Illumina short-read sequencing data. *PLoS One*. 2022 Sep 1;17(9 September).
15. Tettelin H, Masignani V, Cieslewicz MJ, Donati C, Medini D, Ward NL, et al. Genome analysis of multiple pathogenic isolates of *Streptococcus agalactiae*: Implications for the microbial “pan-genome” [Internet]. 2005. Disponible em: www.pnas.org/cgi/doi/10.1073/pnas.0506758102
16. Hilt EE, Ferrieri P. Next Generation and Other Sequencing Technologies in Diagnostic Microbiology and Infectious Diseases. Vol. 13, *Genes*. MDPI; 2022.

17. Shi Y, Chen J, Shi X, Hu J, Li H, Li X, et al. A case of chlamydia psittaci caused severe pneumonia and meningitis diagnosed by metagenome next-generation sequencing and clinical analysis: a case report and literature review. *BMC Infect Dis.* 2021 Dec 1;21(1).
18. Foox J, Tighe SW, Nicolet CM, Zook JM, Byrska-Bishop M, Clarke WE, et al. Performance assessment of DNA sequencing platforms in the ABRF Next-Generation Sequencing Study. *Nat Biotechnol.* 2021 Sep 1;39(9):1129–40.
19. Gu W, Miller S, Chiu CY. Clinical Metagenomic Next-Generation Sequencing for Pathogen Detection. *Annual Review of Pathology: Mechanisms of Disease.* 2019;14:319–38.
20. Lu H, Giordano F, Ning Z. *Oxford Nanopore MinION Sequencing and Genome Assembly.* Vol. 14, Genomics, Proteomics and Bioinformatics. Beijing Genomics Institute; 2016. p. 265–79.
21. Slatko BE, Gardner AF, Ausubel FM. Overview of Next-Generation Sequencing Technologies. *Curr Protoc Mol Biol.* 2018 Apr 1;122(1).
22. Clarke EL, Taylor LJ, Zhao C, Connell A, Lee JJ, Fett B, et al. Sunbeam: An extensible pipeline for analyzing metagenomic sequencing experiments. *Microbiome.* 2019 Mar 22;7(1).
23. Prasanna A, Niranjan V. Clin-mNGS: Automated Pipeline for Pathogen Detection from Clinical Metagenomic Data. *Curr Bioinform.* 2021 Feb 1;16:306-314(9).
24. Zhang X, Jonassen I. RASflow: An RNA-Seq analysis workflow with Snakemake. *BMC Bioinformatics.* 2020 Mar 18;21(1).
25. Orjuela S, Huang R, Hembach KM, Robinson MD, Soneson C. ARMOR: An automated reproducible modular workflow for preprocessing and differential analysis of RNA-seq data. *G3: Genes, Genomes, Genetics.* 2019 Jul 1;9(7):2089–96.
26. Eagles NJ, Burke EE, Leonard J, Barry BK, Stolz JM, Huuki L, et al. SPEAQeasy: a scalable pipeline for expression analysis and quantification for R/bioconductor-powered RNA-seq analyses. *BMC Bioinformatics.* 2021 Dec 1;22(1).
27. Oluniyi PE, Ajogbasile F, Oguzie J, Uwanibe J, Kayode A, Happi A, et al. VGEA: an RNA viral assembly toolkit. *PeerJ [Internet].* 2021 Sep 6;9:e12129. Disponível em: <https://peerj.com/articles/12129>
28. Cornwell MI, Vangala M, Taing L, Herbert Z, Köster J, Li B, et al. VIPER: Visualization Pipeline for RNA-seq, a Snakemake workflow for efficient and complete RNA-seq analysis. *BMC Bioinformatics.* 2018 Apr 12;19(1).
29. Vilsker M, Moosa Y, Nooij S, Fonseca V, Ghysens Y, Dumon K, et al. Genome Detective: an automated system for virus identification from high-throughput sequencing data. *Bioinformatics.* 2019 Mar 1;35(5):871–3.
30. Borges V, Pinheiro M, Pechirra P, Guiomar R, Gomes JP. INSaFLU: an automated open web-based bioinformatics suite “from-reads” for influenza whole-genome-sequencing-based surveillance. *Genome Med.* 2018 Dec 29;10(1):46.
31. Muralidar S, Ambi SV, Sekaran S, Krishnan UM. The emergence of COVID-19 as a global pandemic: Understanding the epidemiology, immune response and potential therapeutic targets of SARS-CoV-2. Vol. 179, *Biochimie.* Elsevier B.V.; 2020. p. 85–100.
32. Aksamentov I, Roemer C, Hodcroft E, Neher R. Nextclade: clade assignment, mutation calling and quality control for viral genomes. *J Open Source Softw.* 2021 Nov 30;6(67):3773.
33. Rambaut A, Holmes EC, O’Toole Á, Hill V, McCrone JT, Ruis C, et al. A dynamic nomenclature proposal for SARS-CoV-2 lineages to assist genomic epidemiology. *Nat Microbiol.* 2020 Jul 15;5(11):1403–7.
34. Mendes CI, Lizarazo E, Machado MP, Silva DN, Tami A, Ramirez M, et al. DEN-IM: dengue virus genotyping from amplicon and shotgun metagenomic sequencing. *Microb Genom.* 2020 Mar 1;6(3).
35. Allman B, Koelle K, Weissman D. Heterogeneity in viral populations increases the rate of deleterious mutation accumulation. *Genetics.* 2022 Oct 1;222(2).

36. Strobel HM, Horwitz EK, Meyer JR. Viral protein instability enhances host-range evolvability. *PLoS Genet.* 2022 Feb 17;18(2).
37. Bruslind L. *General Microbiology*. OR: Oregon State University; 2021.
38. Maloy SR, Freifelder D, Cronan John E. J. *Microbial genetics. The Jones and Bartlett series in biology*. Boston: Jones & Bartlett; 1994.
39. Alberts B, Johnson A, Lewis J, Morgan D, Raff M, Roberts K, et al. *Molecular biology of the cell*. 6th ed. Garland Science; 2014.
40. Fleischmann WJ. *Viral Genetics*. In: Baron S, editor. *Medical Microbiology*. 4th ed. Galveston: University of Texas Medical Branch at Galveston; 1996.
41. Gelderblom H. *Structure and Classification of Viruses*. In: Baron S, editor. *Medical Microbiology*. 4th ed. Galveston: University of Texas Medical Branch at Galveston; 1996.
42. Koonin E V., Krupovic M, Agol VI. The Baltimore Classification of Viruses 50 Years Later: How Does It Stand in the Light of Virus Evolution? *Microbiology and Molecular Biology Reviews*. 2021 Aug 18;85(3).
43. Gastanaduy P, Haber P, Rota PA, Patel M. Measles. In: *Epidemiology and Prevention of Vaccine-Preventable Diseases [Internet]*. 14th ed. National Center for Immunization and Respiratory Diseases; 2021. Disponible em: <https://www.cdc.gov/vaccines/pubs/pinkbook/meas.html#print>
44. WHO. World Health Organization. 2023 [cited 2023 Oct 4]. Measles. Disponible em: <https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/measles>
45. Zareh-Khoshchereh R, Salimi V, Fatemi Nasab GS, Naseri M, Adjami Nezhad Fard F, Mokhtari Azad T. Genetic Characterization of the H Gene of MeV Strains (H1, B3, and D4) Recently Circulated in Iran for Improving the Molecular Measles Surveillance in the National Measles Lab. *Iran J Public Health*. 2023 Aug 18;
46. Choi S, Chung JW, Chang YJ, Lim EJ, Moon SH, Do HH, et al. A Lesson from a Measles Outbreak among Healthcare Workers in a Single Hospital in South Korea: The Importance of Knowing the Prevalence of Susceptibility. *Vaccines (Basel)*. 2023 Sep 20;11(9):1505.
47. Schoch C et al. *Database (Oxford)*. 2020 [cited 2023 Oct 4]. NCBI Taxonomy: a comprehensive update on curation, resources and tools - Measles. Disponible em: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/Taxonomy/Browser/wwwtax.cgi?name=Measles+morbillivirus>
48. Expanded Programme on Immunization (EPI) Standardization of the nomenclature for describing the genetic characteristics of wild-type measles viruses. *Weekly Epidemiological Record*. 1998.
49. WHO. World Health Organization. 2023 [cited 2023 Oct 4]. Hepatitis C. Disponible em: <https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/hepatitis-c>
50. Pietschmann T, Brown RJP. *Hepatitis C Virus*. Vol. 27, *Trends in Microbiology*. Elsevier Ltd; 2019. p. 379–80.
51. Pietschmann T, Brown RJP. *Hepatitis C Virus*. *Trends Microbiol.* 2019 Apr;27(4):379–80.
52. Schoch C et al. *Database (Oxford)*. 2020 [cited 2023 Oct 4]. NCBI Taxonomy: a comprehensive update on curation, resources and tools - Hepatitis C virus. Disponible em: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/Taxonomy/Browser/wwwtax.cgi?name=hepatitis+c+virus>
53. Maggiorella MT, Sernicola L, Picconi O, Pizzi E, Belli R, Fulgenzi D, et al. Epidemiological and molecular characterization of HBV and HCV infections in HIV-1-infected inmate population in Italy: a 2017–2019 multicenter cross-sectional study. *Sci Rep*. 2023 Sep 9;13(1):14908.
54. Tagnoukam-Ngoupo PA, Ngoufack MN, Kenmoe S, Lissoc SF, Amougou-Atsama M, Banai R, et al. Hepatitis C virus genotyping based on Core and NS5B regions in Cameroonian patients. *Virol J*. 2019 Dec 9;16(1):101.

55. Ramos D, Pinto M, Sousa Coutinho R, Silva C, Quina M, Gomes JP, et al. Looking at the Molecular Target of NS5A Inhibitors throughout a Population Highly Affected with Hepatitis C Virus. *Pathogens*. 2023 May 24;12(6):754.
56. WHO. World Health Organization. 2023 [cited 2023 Oct 4]. Human T-lymphotropic virus type 1. Disponível em: <https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/human-t-lymphotropic-virus-type-1>
57. Stienlauf S, Yahalom V, Schwartz E, Shinar E, Segal G, Sidi Y. Epidemiology of Human T-cell Lymphotropic Virus Type 1 Infection in Blood Donors, Israel. *Emerg Infect Dis*. 2009 Jul;15(7):1116–8.
58. Verdonck K, González E, Van Dooren S, Vandamme AM, Vanham G, Gotuzzo E. Human T-lymphotropic virus 1: recent knowledge about an ancient infection. *Lancet Infect Dis*. 2007 Apr;7(4):266–81.
59. Schoch C et al. Database (Oxford). 2020. NCBI Taxonomy: a comprehensive update on curation, resources and tools - HTLV-1.
60. WHO. World Health Organization. 2023 [cited 2023 Oct 4]. Influenza. Disponível em: [https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/influenza-\(seasonal\)](https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/influenza-(seasonal))
61. Hall E. Influenza. In: *Epidemiology and Prevention of Vaccine-Preventable Diseases* [Internet]. 14th ed. National Center for Immunization and Respiratory Diseases; 2021. Disponível em: <https://www.cdc.gov/vaccines/pubs/pinkbook/flu.html>
62. Abd El-Hamid HS, Shafi ME, Albaqami NM, Ellakany HF, Abdelaziz NM, Abdelaziz MN, et al. Sequence analysis and pathogenicity of Avian Orthoavulavirus 1 strains isolated from poultry flocks during 2015–2019. *BMC Vet Res*. 2020 Dec 22;16(1):253.
63. Nelson CB, Pomeroy BS, Schroll K, Park WE, Lindeman RJ. An Outbreak of Conjunctivitis Due to Newcastle Disease Virus (NDV) Occurring in Poultry Workers. *Am J Public Health Nations Health*. 1952 Jun;42(6):672–8.
64. Ariyama N, Tapia R, Godoy C, Agüero B, Valdés V, Berrios F, et al. Avian orthoavulavirus 1 (Newcastle Disease virus) antibodies in five penguin species, Antarctic peninsula and Southern Patagonia. *Transbound Emerg Dis*. 2021 Nov 9;68(6):3096–102.
65. Schoch C et al. Database (Oxford). 2020 [cited 2023 Oct 4]. NCBI Taxonomy: a comprehensive update on curation, resources and tools - Newcastle disease. Disponível em: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/Taxonomy/Browser/wwwtax.cgi?name=Avian+avulavirus+1>
66. Dimitrov KM, Abolnik C, Afonso CL, Albina E, Bahl J, Berg M, et al. Updated unified phylogenetic classification system and revised nomenclature for Newcastle disease virus. *Infection, Genetics and Evolution*. 2019 Oct;74:103917.
67. WHO. World Health Organization. 2023 [cited 2023 Oct 4]. Dengue and severe dengue. Disponível em: <https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/dengue-and-severe-dengue>
68. Dwivedi VD, Tripathi IP, Tripathi RC, Bharadwaj S, Mishra SK. Genomics, proteomics and evolution of dengue virus. *Brief Funct Genomics*. 2017 Jan 10;elw040.
69. Schoch C et al. Database (Oxford). 2020 [cited 2023 Oct 4]. NCBI Taxonomy: a comprehensive update on curation, resources and tools - Dengue. Disponível em: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/Taxonomy/Browser/wwwtax.cgi?id=12637>
70. Holmes RK. Genetics. In: Baron S, editor. *Medical Microbiology*. 4th ed. Galveston: University of Texas Medical Branch at Galveston; 1996.
71. Land M, Hauser L, Jun SR, Nookaew I, Leuze MR, Ahn TH, et al. Insights from 20 years of bacterial genome sequencing. *Funct Integr Genomics*. 2015 Mar 27;15(2):141–61.
72. WHO. World Health Organization. 2020 [cited 2023 Oct 4]. Chlamydia. Disponível em: <https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/chlamydia>
73. Kuo C, Stephens RS, Bavoil PM, Kaltenboeck B. Chlamydia. In: *Bergey's Manual of Systematics of Archaea and Bacteria*. Wiley; 2015. p. 1–28.

74. Elwell C, Mirrashidi K, Engel J. Chlamydia cell biology and pathogenesis. *Nat Rev Microbiol*. 2016 Jun 25;14(6):385–400.
75. Schoch C et al. Database (Oxford). 2020 [cited 2023 Oct 4]. NCBI Taxonomy: a comprehensive update on curation, resources and tools - Chlamydia trachomatis. Disponível em: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/Taxonomy/Browser/wwwtax.cgi?name=Chlamydia+trachomatis>
76. WHO. World Health Organization. 2022 [cited 2023 Oct 4]. Legionellosis. Disponível em: <https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/legionellosis>
77. Heuner K, Swanson M. Legionella: Molecular Microbiology. 1st ed. University of Würzburg, Germany and University of Michigan, USA; 2008.
78. Greub G, Raoult D. Morphology of Legionella pneumophila according to their location within Hartmanella vermiformis. *Res Microbiol*. 2003 Nov;154(9):619–21.
79. Schoch C et al. Database (Oxford). 2020 [cited 2023 Oct 4]. NCBI Taxonomy: a comprehensive update on curation, resources and tools - Legionella pneumophila. Disponível em: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/Taxonomy/Browser/wwwtax.cgi?name=legionella+pneumophila>
80. Liu L, Li Y, Li S, Hu N, He Y, Pong R, et al. Comparison of next-generation sequencing systems. Vol. 2012, *Journal of Biomedicine and Biotechnology*. 2012.
81. Pareek CS, Smoczynski R, Tretyn A. Sequencing technologies and genome sequencing. Vol. 52, *Journal of Applied Genetics*. 2011. p. 413–35.
82. Behjati S, Tarpey PS. What is next generation sequencing? *Arch Dis Child Educ Pract Ed*. 2013 Dec;98(6):236–8.
83. Thermes C. Ten years of next-generation sequencing technology. Vol. 30, *Trends in genetics : TIG*. 2014. p. 418–26.
84. Kchouk M, Gibrat JF, Elloumi M. Generations of Sequencing Technologies: From First to Next Generation. *Biology and Medicine*. 2017;09(03).
85. McCombie WR, McPherson JD, Mardis ER. Next-generation sequencing technologies. *Cold Spring Harb Perspect Med*. 2019 Nov 1;9(11).
86. Sanger F, Nicklen S, Coulson AR. DNA sequencing with chain-terminating inhibitors (DNA polymerase/nucleotide sequences/bacteriophage 4X174) [Internet]. Vol. 74. 1977. Disponível em: <https://www.pnas.org>
87. Winnick E. DNA Sequencing Industry Sets its Sights on the Future. 2004.
88. Geyer C. A report from the Applications of Clinical Microbial Next-Generation Sequencing A report from the Applications of Clinical Microbial Next-Generation Sequencing Applications of Clinical Microbial Next-Generation Sequencing. 2016.
89. Wang Y, Zhao Y, Bollas A, Wang Y, Au KF. Nanopore sequencing technology, bioinformatics and applications. Vol. 39, *Nature Biotechnology*. *Nature Research*; 2021. p. 1348–65.
90. SPMS (Serviços Partilhados do Ministério da Saúde). Instituto Nacional de Saúde Doutor Ricardo Jorge - O Instituto [Internet]. 2023 [cited 2023 Apr 19]. Disponível em: <https://www.insa.min-saude.pt/category/institucional/o-instituto/>
91. SPMS (Serviços Partilhados do Ministério da Saúde). Instituto Nacional de Saúde Doutor Ricardo Jorge - Epidemiologia [Internet]. 2023 [cited 2023 Apr 19]. Disponível em: <https://www.insa.min-saude.pt/category/areas-de-atuacao/epidemiologia/>
92. SPMS (Serviços Partilhados do Ministério da Saúde). Instituto Nacional de Saúde Doutor Ricardo Jorge - Doenças Infecciosas [Internet]. 2023 [cited 2023 Apr 19]. Disponível em: <https://www.insa.min-saude.pt/category/areas-de-atuacao/doencas-infecciosas/>

93. SPMS (Serviços Partilhados do Ministério da Saúde). Instituto Nacional de Saúde Doutor Ricardo Jorge - Genética Humana. 2023 [cited 2023 Apr 19]; Disponível em: <https://www.insa.min-saude.pt/category/areas-de-atuacao/genetica-humana/>
94. SPMS (Serviços Partilhados do Ministério da Saúde). Instituto Nacional de Saúde Doutor Ricardo Jorge - Alimentação e Nutrição. 2023 [cited 2023 Apr 19]; Disponível em: <https://www.insa.min-saude.pt/category/areas-de-atuacao/alimentacao-e-nutricao/>
95. SPMS (Serviços Partilhados do Ministério da Saúde). Instituto Nacional de Saúde Doutor Ricardo Jorge - Saúde Ambiental [Internet]. 2023 [cited 2023 Sep 4]. Disponível em: <https://www.insa.min-saude.pt/category/areas-de-atuacao/saude-ambiental/>
96. SPMS (Serviços Partilhados do Ministério da Saúde). Instituto Nacional de Saúde Doutor Ricardo Jorge - Formação [Internet]. 2023 [cited 2023 Apr 19]. Disponível em: [insa.min-saude.pt/category/servicos/formacao/](https://www.insa.min-saude.pt/category/servicos/formacao/)
97. Mölder F, Jablonski KP, Letcher B, Hall MB, Tomkins-Tinch CH, Sochat V, et al. Sustainable data analysis with Snakemake. *F1000Res* [Internet]. 2021 Jan 18 [cited 2023 Apr 19];10:33. Disponível em: <https://f1000research.com/articles/10-33/v1>
98. Anaconda. Conda [Internet]. 2017 [cited 2023 May 4]. Disponível em: <https://anaconda.org/anaconda/conda>
99. Seemann T. Abricate [Internet]. Github; 2020 [cited 2023 May 4]. Disponível em: <https://github.com/tseemann/abricate>
100. Carver T. EMBOSS: abiview . Cambridge: MRC Rosalind Franklin Centre for Genomics Research Wellcome Trust Genome Campus; 2001.
101. Bolger AM, Lohse M, Usadel B. Trimmomatic: A flexible trimmer for Illumina Sequence Data. *Bioinformatics*; 2014.
102. Prjibelski A, Antipov D, Meleshko D, Lapidus A, Korobeynikov A. Using SPAdes De Novo Assembler. *Curr Protoc Bioinformatics*. 2020 Jun 19;70(1).
103. De Coster W, D’Hert S, Schultz DT, Cruts M, Van Broeckhoven C. NanoPack: visualizing and processing long-read sequencing data. *Bioinformatics* [Internet]. 2018 Aug 1;34(15):2666–9. Disponível em: <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bty149>
104. Vaser R, Šikić M. Time- and memory-efficient genome assembly with Raven. *Nat Comput Sci* [Internet]. 2021;1(5):332–6. Disponível em: <https://doi.org/10.1038/s43588-021-00073-4>
105. Python Software Foundation. 1991. Python.
106. Thermo Fisher Scientific Inc. Thermo Fisher Scientific Inc. 2023. Applied Biosystems.
107. Borges V, Cordeiro D, Salas AI, Lodhia Z, Correia C, Isidro J, et al. Chlamydia trachomatis: when the virulence-associated genome backbone imports a prevalence-associated major antigen signature. *Microb Genom*. 2019 Nov 1;5(11).
108. Borges V, Nunes A, Sampaio DA, Vieira L, Machado J, Simões MJ, et al. Legionella pneumophila strain associated with the first evidence of person-to-person transmission of Legionnaires’ disease: A unique mosaic genetic backbone. *Sci Rep*. 2016 May 19;6.
109. Cazalet C, Jarraud S, Ghavi-Helm Y, Kunst F, Glaser P, Etienne J, et al. Multigenome analysis identifies a worldwide distributed epidemic Legionella pneumophila clone that emerged within a highly diverse species. *Genome Res*. 2008 Mar;18(3):431–41.
110. Cao B, Yao F, Liu X, Feng L, Wang L. Development of a DNA Microarray Method for Detection and Identification of All 15 Distinct O-Antigen Forms of Legionella pneumophila. *Appl Environ Microbiol*. 2013 Nov;79(21):6647–54.
111. Manual for the Laboratory-based Surveillance of Measles, Rubella, and Congenital Rubella Syndrome.
112. NCBI. National Library of Medicine. 2023. National Center for Biotechnology Information - BioSample.

113. Namuwulya P, Bukenya H, Tushabe P, Tweyongyere R, Bwogi J, Cotten M, et al. Near-Complete Genome Sequences of Measles Virus Strains from 10 Years of Uganda Country-wide Surveillance. *Microbiol Resour Announc*. 2022 Aug 18;11(8).
114. Rattanaburi S, Sawaswong V, Nimsamer P, Mayuramart O, Sivapornnukul P, Khamwut A, et al. Genome characterization and mutation analysis of human influenza A virus in Thailand. *Genomics Inform*. 2022 Jun 30;20(2):e21.
115. King J, Harder T, Beer M, Pohlmann A. Rapid multiplex MinION nanopore sequencing workflow for Influenza A viruses. *BMC Infect Dis*. 2020 Dec 3;20(1):648.
116. Sun J, Ai H, Chen L, Li L, Shi Q, Liu T, et al. Surveillance of Class I Newcastle Disease Virus at Live Bird Markets in China and Identification of Variants with Increased Virulence and Replication Capacity. *J Virol*. 2022 May 25;96(10).
117. O'Neill CE, Skilton RJ, Forster J, Cleary DW, Pearson SA, Lampe DJ, et al. An inducible transposon mutagenesis approach for the intracellular human pathogen *Chlamydia trachomatis*. *Wellcome Open Res*. 2021 Nov 16;6:312.
118. Seth-Smith HMB, Harris SR, Skilton RJ, Radebe FM, Golparian D, Shipitsyna E, et al. Whole-genome sequences of *Chlamydia trachomatis* directly from clinical samples without culture. *Genome Res*. 2013 May;23(5):855–66.
119. Harris SR, Clarke IN, Seth-Smith HMB, Solomon AW, Cutcliffe LT, Marsh P, et al. Whole-genome analysis of diverse *Chlamydia trachomatis* strains identifies phylogenetic relationships masked by current clinical typing. *Nat Genet*. 2012 Apr;44(4):413–9.
120. Hadfield J, Harris SR, Seth-Smith HMB, Parmar S, Andersson P, Giffard PM, et al. Comprehensive global genome dynamics of *Chlamydia trachomatis* show ancient diversification followed by contemporary mixing and recent lineage expansion. *Genome Res*. 2017 Jul 1;27(7):1220–9.
121. Kozak-Muiznieks NA, Morrison SS, Mercante JW, Ishaq MK, Johnson T, Caravas J, et al. Comparative genome analysis reveals a complex population structure of *Legionella pneumophila* subspecies. *Infection, Genetics and Evolution*. 2018 Apr;59:172–85.
122. Borges V, Cordeiro D, Salas AI, Lodhia Z, Correia C, Isidro J, et al. *Chlamydia trachomatis*: when the virulence-associated genome backbone imports a prevalence-associated major antigen signature. *Microb Genom*. 2019 Nov;5(11).
123. Khan MA, Knox N, Prashar A, Alexander D, Abdel-Nour M, Duncan C, et al. Comparative Genomics Reveal That Host-Innate Immune Responses Influence the Clinical Prevalence of *Legionella pneumophila* Serogroups. *PLoS One*. 2013 Jun 27;8(6):e67298.
124. World Health Organization. World health statistics 2023: monitoring health for the SDGs, sustainable development goals [Internet]. 2023 Jun [cited 2023 Aug 17]. Disponível em: <https://www.who.int/publications/i/item/9789240074323>

Material Suplementar

Tabela Suplementar 1 – Parâmetros de análise utilizados nos exercícios de prova de conceito para cada base de dados.

		Base de Dados									
		measles	HCV_partial e HCV_complete	HTLV-1_LTR e HTLV_1_env	influenza	newcastle	dengue	C_trachomatis	Lp_subspecies_prediction	Lp_serogroup_typing	Lp_dot_icm
Abricate	mincov	0	1	1	1	1	1	1	0	0	0
	minid	1	1	1	1	1	1	1	90	70	1
Trimomatic	slidingwindow	-	-	-	5:20	-	5:20	5:20	5:20	-	-
	minlen	-	-	-	36	-	36	36	36	-	-
	leading	-	-	-	3	-	3	3	3	-	-
	trailing	-	-	-	3	-	3	3	3	-	-
	encoding	-	-	-	in_file	-	in_file	phred33	in_file	-	-
NanoFilt	quality	8	-	-	8	-	8	8	8	-	-
	length	50	-	-	50	-	50	50	50	-	-
	maxlength	50000	-	-	50000	-	50000	50000	50000	-	-
	headcrop	30	-	-	30	-	30	30	30	-	-
	tailcrop	30	-	-	30	-	30	30	30	-	-
Raven	kmer	15	-	-	15	-	-	15	-	-	-
	polishing	2	-	-	2	-	-	2	-	-	-
ABIVie	startbase	-	20	20	-	20	-	20	-	-	-
	endbase	-	80	80	-	80	-	80	-	-	-

Tabela Suplementar 2 – Listagem dos confrontos entre genótipo obtido e esperado para todas as amostras analisadas na prova de conceito para o vírus do sarampo, assim como os identificados únicos das amostras disponíveis online.

Amostra	Formato de entrada	Genótipo obtido	Genótipo esperado	Identificador único
Measles_1	fasta	D4	D4	-
Measles_2	fasta	G3	G3	-
Measles_3	fasta	H1	H1	-

Measles_4	fasta	D8	D8	-
Measles_5	fasta	H1	H1	-
Measles_6	fasta	H1	H1	-
Measles_7	fasta	H1	H1	-
Measles_8	fasta	H1	H1	-
Measles_9	fasta	H1	H1	-
Measles_10	fasta	H1	H1	-
Measles_11	fasta	H1	H1	-
Measles_12	fasta	H1	H1	-
Measles_13	fasta	H1	H1	-
Measles_14	fasta	H1	H1	-
Measles_15	fasta	H1	H1	-
Measles_16	fasta	H1	H1	-
Measles_17	fasta	D8	D8	-
Measles_18	fasta	H1	H1	-
Measles_19	fasta	H1	H1	-
Measles_20	fasta	H1	H1	-
Measles_21	fasta	H1	H1	-
Measles_22	fasta	H1	H1	-
Measles_23	fasta	H1	H1	-
Measles_24	fasta	H1	H1	-
Measles_25	fasta	H1	H1	-
Measles_26	fasta	H1	H1	-
Measles_27	fasta	H1	H1	-
Measles_28	fasta	B3	B3	-
Measles_29	fasta	B3	B3	-
Measles_30	fasta	B3	B3	-
Measles_31	fasta	B3	B3	-
Measles_32	fasta	B3	B3	-
Measles_33	fasta	B3	B3	-
Measles_34	fasta	B3	B3	-
Measles_35	fasta	B3	B3	-
Measles_36	fasta	B3	B3	-
Measles_37	fasta	B3	B3	-
Measles_38	fasta	B3	B3	-
Measles_39	fasta	D4	D4	-
Measles_40	fasta	D4	D4	-
Measles_41	fasta	D4	D4	-
Measles_42	fasta	D4	D4	-
Measles_43	fasta	D4	D4	-
Measles_44	fasta	D8	D8	-
Measles_45	fasta	D8	D8	-
Measles_46	fasta	D8	D8	-
Measles_47	fasta	D8	D8	-
Measles_48	fasta	D8	D8	-
Measles_49	fasta	D8	D8	-
Measles_50	fasta	D8	D8	-
Measles_51	fasta	D8	D8	-
Measles_52	fasta	D8	D8	-
Measles_53	fasta	D8	D8	-
Measles_54	fasta	D8	D8	-
Measles_55	fasta	D8	D8	-
Measles_56	fasta	D8	D8	-
Measles_57	fasta	D8	D8	-
Measles_58	fasta	D8	D8	-
Measles_59	fasta	D8	D8	-

Measles_60	fasta	D8	D8	-
Measles_61	fasta	D8	D8	-
Measles_62	fasta	D8	D8	-
Measles_63	fasta	D8	D8	-
Measles_64	fasta	D8	D8	-
Measles_65	fasta	D8	D8	-
Measles_66	fasta	D8	D8	-
Measles_67	fasta	D8	D8	-
Measles_68	fasta	D8	D8	-
Measles_69	fasta	D8	D8	-
Measles_70	fasta	D8	D8	-
Measles_71	fasta	D8	D8	-
Measles_72	fasta	D8	D8	-
Measles_73	fasta	D8	D8	-
Measles_74	fasta	D8	D8	-
Measles_75	fasta	D8	D8	-
Measles_76	fasta	B3	B3	-
Measles_77	fasta	B3	B3	-
Measles_78	fasta	B3	B3	-
Measles_79	fasta	B3	B3	-
Measles_80	fasta	B3	B3	-
Measles_81	fasta	B3	B3	-
Measles_82	fasta	D8	D8	-
Measles_83	fasta	D8	D8	-
Measles_84	fasta	H1	H1	-
Measles_85	fasta	B3	B3	-
Measles_86	fasta	B3	B3	-
Measles_87	fasta	D4	D4	-
Measles_88	fasta	D9	D9	-
Measles_89	fasta	B3	B3	-
Measles_90	fasta	B3	B3	-
Measles_91	fasta	D4	D4	-
Measles_92	fasta	D8	D8	-
Measles_93	fasta	B3	B3	-
Measles_94	fasta	C1	C1	-
Measles_95	fasta	C1	C1	-
Measles_96	fasta	C1	C1	-
Measles_97	fasta	C1	C1	-
Measles_98	fasta	C1	C1	-
Measles_99	fasta	D8	D8	-
Measles_100	fasta	D4	D4	-
Measles_101	fasta	D8	D8	-
Measles_102	fasta	D8	D8	-
Measles_103	fasta	D8	D8	-
Measles_104	fasta	D6	D6	-
Measles_105	fasta	C2	C2	-
Measles_106	fasta	B3	B3	-
Measles_107	fasta	G2	G2	-
Measles_108	fasta	D8	D8	-
Measles_109	fasta	D4	D4	-
Measles_110	fasta	H1	H1	-
Measles_111	fasta	H1	H1	-
Measles_112	fasta	A	A	-
Measles_113	fasta	D8	D8	-
Measles_114	fasta	D8	D8	-
Measles_115	fasta	D8	D8	-

Measles_116	fasta	D4	D4	-
Measles_117	fasta	D8	D8	-
Measles_118	fasta	D8	D8	-
Measles_119	fasta	D8	D8	-
Measles_120	fasta	D8	D8	-
Measles_121	fasta	D8	D8	-
Measles_122	fasta	D8	D8	-
Measles_123	fasta	D8	D8	-
Measles_124	fasta	D4	D4	-
Measles_125	fasta	D4	D4	-
Measles_126	fasta	D4	D4	-
Measles_127	fasta	D4	D4	-
Measles_128	fasta	D8	D8	-
Measles_129	fasta	D4	D4	-
Measles_130	fasta	D4	D4	-
Measles_131	fasta	D8	D8	-
Measles_132	fasta	D8	D8	-
Measles_133	fasta	D4	D4	-
Measles_134	fasta	D8	D8	-
Measles_135	fasta	D8	D8	-
Measles_136	fasta	D8	D8	-
Measles_137	fasta	D8	D8	-
Measles_138	fasta	D8	D8	-
Measles_139	fasta	D8	D8	-
Measles_140	fasta	D8	D8	-
Measles_141	fasta	B3	B3	-
Measles_142	fasta	B3	B3	-
Measles_143	fasta	B3	B3	-
Measles_144	fasta	B3	B3	-
Measles_145	fasta	B3	B3	-
Measles_146	fasta	B3	B3	-
Measles_147	fasta	B3	B3	-
Measles_148	fasta	B3	B3	-
Measles_149	fasta	B3	B3	-
Measles_150	fasta	B3	B3	-
Measles_151	fasta	B3	B3	-
Measles_152	fasta	B3	B3	-
Measles_153	fasta	B3	B3	-
Measles_154	fasta	B3	B3	-
Measles_155	fasta	B3	B3	-
Measles_156	fasta	B3	B3	-
Measles_157	fasta	B3	B3	-
Measles_158	fasta	B3	B3	-
Measles_159	fasta	B3	B3	-
Measles_160	fasta	B3	B3	-
Measles_161	fasta	B3	B3	-
Measles_162	fasta	B3	B3	-
Measles_163	fasta	B3	B3	-
Measles_164	fasta	B3	B3	-
Measles_165	fasta	B3	B3	-
Measles_166	fasta	D8	D8	-
Measles_167	fasta	D8	D8	-
Measles_168	fasta	D8	D8	-
Measles_169	fasta	D8	D8	-
Measles_170	fasta	D8	D8	-
Measles_171	fasta	D11	D11	-

Measles_172	fasta	B3	B3	-
Measles_173	fasta	B3	B3	-
Measles_174	fasta	B3	B3	-
Measles_175	fasta	D8	D8	-
Measles_176	fasta	D8	D8	-
Measles_177	fasta	D8	D8	-
Measles_178	fasta	D8	D8	-
Measles_179	fasta	D8	D8	-
Measles_180	fasta	D8	D8	-
Measles_181	fasta	D8	D8	-
Measles_182	fasta	D8	D8	-
Measles_183	fasta	D8	D8	-
Measles_184	fasta	D8	D8	-
Measles_185	fasta	D8	D8	-
Measles_186	fasta	D8	D8	-
Measles_187	fasta	D8	D8	-
Measles_188	fasta	D8	D8	-
Measles_189	fasta	D8	D8	-
Measles_190	fasta	D8	D8	-
Measles_191	fasta	D8	D8	-
Measles_192	fasta	D8	D8	-
Measles_193	fasta	D8	D8	-
Measles_194	fasta	D8	D8	-
Measles_195	fasta	D8	D8	-
Measles_196	fasta	D8	D8	-
Measles_197	fasta	D8	D8	-
Measles_198	fasta	H1	H1	-
Measles_199	fasta	H1	H1	-
Measles_200	fasta	D9	D9	-
Measles_201	fasta	B3	B3	-
Measles_202	fasta	B3	B3	-
Measles_203	fasta	D8	D8	-
Measles_204	fasta	B3	B3	-
Measles_205	fasta	B3	B3	-
Measles_206	fasta	B3	B3	-
Measles_207	fasta	B3	B3	-
Measles_208	fasta	B3	B3	-
Measles_209	fasta	B3	B3	-
Measles_210	fasta	B3	B3	-
Measles_211	fasta	B3	B3	-
Measles_212	fasta	B3	B3	-
Measles_213	fasta	B3	B3	-
Measles_214	fasta	B3	B3	-
Measles_215	fasta	B3	B3	-
Measles_216	fasta	B3	B3	-
Measles_217	fasta	B3	B3	-
Measles_218	fasta	B3	B3	-
Measles_219	fasta	B3	B3	-
Measles_220	fasta	B3	B3	-
Measles_221	fasta	B3	B3	-
Measles_222	fasta	B3	B3	-
Measles_223	fasta	B3	B3	-
Measles_224	fasta	B3	B3	-
Measles_225	fasta	B3	B3	-
Measles_226	fasta	B3	B3	-
Measles_227	fasta	B3	B3	-

Measles_228	fasta	B3	B3	-
Measles_229	fasta	B3	B3	-
Measles_230	fasta	B3	B3	-
Measles_231	fasta	B3	B3	-
Measles_232	fasta	B3	B3	-
Measles_233	fasta	B3	B3	-
Measles_234	fasta	B3	B3	-
Measles_235	fasta	B3	B3	-
Measles_236	fasta	B3	B3	-
Measles_237	fasta	D8	D8	-
Measles_238	fasta	D8	D8	-
Measles_239	fasta	D8	D8	-
Measles_240	fasta	D8	D8	-
Measles_241	fasta	D8	D8	-
Measles_242	fasta	D8	D8	-
Measles_243	fasta	D8	D8	-
Measles_244	fasta	D8	D8	-
Measles_245	fasta	D8	D8	-
Measles_246	fasta	D8	D8	-
Measles_247	fasta	D8	D8	-
Measles_248	fasta	D8	D8	-
Measles_249	fasta	D8	D8	-
Measles_250	fasta	D8	D8	-
Measles_251	fasta	D8	D8	-
Measles_252	fasta	D8	D8	-
Measles_253	fasta	D8	D8	-
Measles_254	fasta	D8	D8	-
Measles_255	fasta	D8	D8	-
Measles_256	fasta	D8	D8	-
Measles_257	fasta	D8	D8	-
Measles_258	fasta	D8	D8	-
Measles_259	fasta	D8	D8	-
Measles_260	fasta	D8	D8	-
Measles_261	fasta	D8	D8	-
Measles_262	fasta	D8	D8	-
Measles_263	fasta	D8	D8	-
Measles_264	fasta	D8	D8	-
Measles_265	fasta	D8	D8	-
Measles_266	fasta	D8	D8	-
Measles_267	fasta	D8	D8	-
Measles_268	fasta	D8	D8	-
Measles_269	fasta	D8	D8	-
Measles_270	fasta	D8	D8	-
Measles_271	fasta	D8	D8	-
Measles_272	fasta	D8	D8	-
Measles_273	fasta	D8	D8	-
Measles_274	fasta	D8	D8	-
Measles_275	fasta	D4	D4	-
Measles_276	fasta	D4	D4	-
Measles_277	fasta	D8	D8	-
Measles_278	fasta	D8	D8	-
Measles_279	fasta	D8	D8	-
Measles_280	fasta	D4	D4	-
Measles_281	fasta	D8	D8	-
Measles_282	fasta	D8	D8	-
Measles_283	fasta	D8	D8	-

Measles_284	fasta	D8	D8	-
Measles_285	fasta	D8	D8	-
Measles_286	fasta	D8	D8	-
Measles_287	fasta	D8	D8	-
Measles_288	fasta	D8	D8	-
Measles_289	fasta	D8	D8	-
Measles_290	fasta	D8	D8	-
Measles_291	fasta	D8	D8	-
Measles_292	fasta	D8	D8	-
Measles_293	fasta	D8	D8	-
Measles_294	fasta	D8	D8	-
Measles_295	fasta	D8	D8	-
Measles_296	fasta	D8	D8	-
Measles_297	fasta	D8	D8	-
Measles_298	fasta	D8	D8	-
Measles_299	fasta	D8	D8	-
Measles_300	fasta	D8	D8	-
Measles_301	fasta	D8	D8	-
Measles_302	fasta	D8	D8	-
Measles_303	fasta	D8	D8	-
Measles_304	fasta	D8	D8	-
Measles_305	fasta	D8	D8	-
Measles_306	fasta	D8	D8	-
Measles_307	fasta	D8	D8	-
Measles_308	fasta	D8	D8	-
Measles_309	fasta	D8	D8	-
Measles_310	fasta	D8	D8	-
Measles_311	fasta	D8	D8	-
Measles_312	fasta	D8	D8	-
Measles_313	fasta	D8	D8	-
Measles_314	fasta	D8	D8	-
Measles_315	fasta	D8	D8	-
Measles_316	fasta	D8	D8	-
Measles_317	fasta	D8	D8	-
Measles_318	fasta	D8	D8	-
Measles_319	fasta	D8	D8	-
Measles_320	fasta	D8	D8	-
Measles_321	fasta	D8	D8	-
Measles_322	fasta	D8	D8	-
Measles_323	fasta	D8	D8	-
Measles_324	fasta	D8	D8	-
Measles_325	fasta	D8	D8	-
Measles_326	fasta	D8	D8	-
Measles_327	fasta	D8	D8	-
Measles_328	fasta	D8	D8	-
Measles_329	fasta	D8	D8	-
Measles_330	fasta	D8	D8	-
Measles_331	fasta	B3	B3	-
Measles_332	fasta	D8	D8	-
Measles_333	fasta	D8	D8	-
Measles_334	fasta	B3	B3	-
Measles_335	fasta	D8	D8	-
Measles_336	fasta	B3	B3	-
Measles_337	fasta	D8	D8	-
Measles_338	fasta	D8	D8	-
Measles_339	fasta	D8	D8	-

Measles_340	fasta	D8	D8	-
Measles_341	fasta	D8	D8	-
Measles_342	fasta	D8	D8	-
Measles_343	fasta	D8	D8	-
Measles_344	fasta	D8	D8	-
Measles_345	fasta	D8	D8	-
Measles_346	fasta	B3	B3	-
Measles_347	fasta	D8	D8	-
Measles_348	fasta	D8	D8	-
Measles_349	fasta	D8	D8	-
Measles_350	fasta	D8	D8	-
Measles_351	fasta	D8	D8	-
Measles_352	fasta	D8	D8	-
Measles_353	fasta	D8	D8	-
Measles_354	fasta	D8	D8	-
Measles_355	fasta	D8	D8	-
Measles_356	fasta	D8	D8	-
Measles_357	fasta	D8	D8	-
Measles_358	fasta	D8	D8	-
Measles_359	fasta	D8	D8	-
Measles_360	fasta	D8	D8	-
Measles_361	fasta	D8	D8	-
Measles_362	fasta	D8	D8	-
Measles_363	fasta	B3	B3	-
Measles_364	fasta	D8	D8	-
Measles_365	fasta	D8	D8	-
Measles_366	fasta	D8	D8	-
Measles_367	fasta	D8	D8	-
Measles_368	fasta	D8	D8	-
Measles_369	fasta	D8	D8	-
Measles_370	fasta	D8	D8	-
Measles_371	fasta	D8	D8	-
Measles_372	fasta	D8	D8	-
Measles_373	fasta	D8	D8	-
Measles_374	fasta	D8	D8	-
Measles_375	fasta	D8	D8	-
Measles_376	fasta	D8	D8	-
Measles_377	fasta	D8	D8	-
Measles_378	fasta	D8	D8	-
Measles_379	fasta	D8	D8	-
Measles_380	fasta	D4	D4	-
Measles_381	fasta	D4	D4	-
Measles_382	fasta	D4	D4	-
Measles_383	fasta	D4	D4	-
Measles_384	fasta	D4	D4	-
Measles_385	fasta	D4	D4	-
Measles_386	fasta	D4	D4	-
Measles_387	fasta	D4	D4	-
Measles_388	fasta	D4	D4	-
Measles_389	fasta	D4	D4	-
Measles_390	fasta	D4	D4	-
Measles_391	fasta	D4	D4	-
Measles_392	fasta	D4	D4	-
Measles_393	fasta	D4	D4	-
Measles_394	fasta	D4	D4	-
Measles_395	fasta	D4	D4	-

Measles_396	fasta	D4	D4	-
Measles_397	fasta	D4	D4	-
Measles_398	fasta	D4	D4	-
Measles_399	fasta	D4	D4	-
Measles_400	fasta	D4	D4	-
Measles_401	fasta	D4	D4	-
Measles_402	fasta	D4	D4	-
Measles_403	fasta	D4	D4	-
Measles_404	fasta	D4	D4	-
Measles_405	fasta	D4	D4	-
Measles_406	fasta	D4	D4	-
Measles_407	fasta	D4	D4	-
Measles_408	fasta	D4	D4	-
Measles_409	fasta	D4	D4	-
Measles_410	fasta	D4	D4	-
Measles_411	fasta	D4	D4	-
Measles_412	fasta	D4	D4	-
Measles_413	fasta	D4	D4	-
Measles_414	fasta	D4	D4	-
Measles_415	fasta	D4	D4	-
Measles_416	fasta	D4	D4	-
Measles_417	fasta	D4	D4	-
Measles_418	fasta	D4	D4	-
Measles_419	fasta	D4	D4	-
Measles_420	fasta	D4	D4	-
Measles_421	fasta	D4	D4	-
Measles_422	fasta	D4	D4	-
Measles_423	fasta	D4	D4	-
Measles_424	fasta	D4	D4	-
Measles_425	fasta	D4	D4	-
Measles_426	fasta	D4	D4	-
Measles_427	fasta	D4	D4	-
Measles_428	fasta	D4	D4	-
Measles_429	fasta	D4	D4	-
Measles_430	fasta	D4	D4	-
Measles_431	fasta	D4	D4	-
Measles_432	fasta	D4	D4	-
Measles_433	fasta	D4	D4	-
Measles_434	fasta	D4	D4	-
Measles_435	fasta	D4	D4	-
Measles_436	fasta	D4	D4	-
Measles_437	fasta	D4	D4	-
Measles_438	fasta	D4	D4	-
Measles_439	fasta	D4	D4	-
Measles_440	fasta	D4	D4	-
Measles_441	fasta	D4	D4	-
Measles_442	fasta	D4	D4	-
Measles_443	fasta	D4	D4	-
Measles_444	fasta	D4	D4	-
Measles_445	fasta	D4	D4	-
Measles_446	fasta	D4	D4	-
Measles_447	fasta	D4	D4	-
Measles_448	fasta	D4	D4	-
Measles_449	fasta	D4	D4	-
Measles_450	fasta	D4	D4	-
Measles_451	fasta	D4	D4	-

Measles_452	fasta	D4	D4	-
Measles_453	fasta	D4	D4	-
Measles_454	fasta	D4	D4	-
Measles_455	fasta	D4	D4	-
Measles_456	fasta	D4	D4	-
Measles_457	fasta	D4	D4	-
Measles_458	fasta	D4	D4	-
Measles_459	fasta	D4	D4	-
Measles_460	fasta	D4	D4	-
Measles_461	fasta	D4	D4	-
Measles_462	fasta	D4	D4	-
Measles_463	fasta	D4	D4	-
Measles_464	fasta	D4	D4	-
Measles_465	fasta	D4	D4	-
Measles_466	fasta	D4	D4	-
Measles_467	fasta	D4	D4	-
Measles_468	fasta	D4	D4	-
Measles_469	fasta	D4	D4	-
Measles_470	fasta	D4	D4	-
Measles_471	fasta	A	A	-
Measles_472	fasta	B3	B3	-
Measles_473	fasta	B3	B3	-
Measles_474	fasta	B3	B3	-
Measles_475	fasta	B3	B3	-
Measles_476	fasta	B3	B3	-
Measles_477	fasta	B3	B3	-
Measles_478	fasta	B3	B3	-
Measles_479	fasta	B3	B3	-
Measles_480	fasta	B3	B3	-
Measles_481	fasta	B3	B3	-
Measles_482	fasta	B3	B3	-
Measles_483	fasta	D8	D8	-
Measles_484	fasta	D8	D8	-
Measles_485	fasta	D8	D8	-
Measles_486	fasta	D8	D8	-
Measles_487	fasta	D8	D8	-
Measles_488	fasta	D8	D8	-
Measles_489	fasta	D8	D8	-
Measles_490	fasta	D8	D8	-
Measles_491	fasta	D8	D8	-
Measles_492	fasta	D8	D8	-
Measles_493	fasta	D8	D8	-
Measles_494	fasta	D8	D8	-
Measles_495	Nanopore	B3	B3	SRR19430009_1
Measles_496	Nanopore	B3	B3	SRR19430005_1
Measles_497	Nanopore	B3	B3	SRR19430008_1
Measles_498	Nanopore	B3	B3	SRR19430007_1
Measles_499	Nanopore	B3	B3	SRR19430010_1
Measles_500	Nanopore	B3	B3	SRR19430006
Measles_501	Nanopore	B3	B3	SRR19430012_1
Measles_502	Nanopore	B3	B3	SRR19430011_1

Tabela Suplementar 3 – Listagem dos confrontos entre genótipo obtido e esperado para todas as amostras analisadas na prova de conceito para o vírus HCV.

Amostra	Genótipo obtido HCV_complete			Genótipo obtido HCV_partial			Genótipo esperado
	Sanger	fasta_sanger	fasta_illumina	Sanger	fasta_sanger	fasta_illumina	
HCV_1	1a	1a	1a	1a	1a	1a	1a
HCV_2	1a	1a	1a	1a	1a	1a	1a
HCV_3	3a	3a	3a	3a	3a	3a	3a
HCV_4	1b	1b	1b	1b	1b	1b	1b
HCV_5	1a	1a	1a	1a	1a	1a	1a
HCV_6	1a	1a	1a	1a	1a	1a	1a
HCV_7	3a	3a	3a	3a	3a	3a	3a
HCV_8	1a	1a	1a	1a	1a	1a	1a
HCV_9	1a	1a	1a	1a	1a	1a	1a
HCV_10	1b	1b	1b	1b	1b	1b	1b
HCV_11	4a	4a	4a	4a	4a	4a	4a
HCV_12	3a	3a	3a	3a	3a	3a	3a
HCV_13	1a	1a	1a	1a	1a	1a	1a
HCV_14	1a	1a	1a	1a	1a	1a	1a
HCV_15	1a	1a	1a	1a	1a	1a	1a
HCV_16	3a	3a	3a	3a	3a	3a	3a
HCV_17	1a	1a	1a	1a	1a	1a	1a
HCV_18	4a	4a	4a	4a	4a	4a	4a
HCV_19	4a	4a	4a	4a	4a	4a	4a
HCV_20	4a	4a	4a	4a	4a	4a	4a
HCV_21	3a	3a	3a	3a	3a	3a	3a
HCV_22	1a	1a	1a	1a	1a	1a	1a
HCV_23	1a	1a	1a	1a	1a	1a	1a
HCV_24	2k_1b	2k_1b	2k_1b	2k_1b	2k_1b	2k_1b	2k_1b
HCV_25	1a	1a	1a	1a	1a	1a	1a
HCV_26	1a	1a	1a	1a	1a	1a	1a
HCV_27	1a	1a	1a	1a	1a	1a	1a
HCV_28	1a	1a	1a	1a	1a	1a	1a
HCV_29	1b	1b	1b	1b	1b	1b	1b
HCV_30	1a	1a	1a	1a	1a	1a	1a
HCV_31	4a	4a	4a	4a	4a	4a	4a
HCV_32	1a	1a	1a	1a	1a	1a	1a
HCV_33	1a	1a	1a	1a	1a	1a	1a
HCV_34	1a	1a	1a	1a	1a	1a	1a
HCV_35	3a	3a	3a	3a	3a	3a	3a
HCV_36	1b	1b	1b	1b	1b	1b	1b
HCV_37	1a	1a	1a	1a	1a	1a	1a
HCV_38	1a	1a	1a	1a	1a	1a	1a
HCV_39	1a	1a	1a	1a	1a	1a	1a
HCV_40	3a	3a	3a	3a	3a	3a	3a
HCV_41	1a	1a	1a	1a	1a	1a	1a
HCV_42	1b	1b	1b	1b	1b	1b	1b
HCV_43	1a	1a	1a	1a	1a	1a	1a
HCV_44	3a	3a	3a	3a	3a	3a	3a
HCV_45	3a	3a	3a	3a	3a	3a	3a
HCV_46	1a	1a	1a	1a	1a	1a	1a
HCV_47	1a	1a	1a	1a	1a	1a	1a
HCV_48	3a	3a	3a	3a	3a	3a	3a
HCV_49	1a	1a	1a	1a	1a	1a	1a
HCV_50	4d	4d	4d	4d	4d	4d	4d
HCV_51	1a	1a	1a	1a	1a	1a	1a

HCV_52	1a	1a	1a	1a	1a	1a	1a
HCV_53	4a	4a	4a	4a	4a	4a	4a
HCV_54	4d	4d	4d	4d	4d	4d	4d
HCV_55	3a	3a	3a	3a	3a	3a	3a
HCV_56	1a	1a	1a	1a	1a	1a	1a
HCV_57	1a	1a	1a	1a	1a	1a	1a
HCV_58	4d	4d	4d	4d	4d	4d	4d
HCV_59	1a	1a	1a	1a	1a	1a	1a
HCV_60	1a	1a	1a	1a	1a	1a	1a
HCV_61	1a	1a	1a	1a	1a	1a	1a
HCV_62	3a	3a	3a	3a	3a	3a	3a
HCV_63	1a	1a	1a	1a	1a	1a	1a
HCV_64	1b	1b	1b	1b	1b	1b	1b
HCV_65	1a	1a	1a	1a	1a	1a	1a
HCV_66	1a	1a	1a	1a	1a	1a	1a
HCV_67	3a	3a	3a	3a	3a	3a	3a
HCV_68	1b	1b	1b	1b	1b	1b	1b
HCV_69	1a	1a	1a	1a	1a	1a	1a
HCV_70	4d	4d	4d	4d	4d	4d	4d
HCV_71	3a	3a	3a	3a	3a	3a	3a
HCV_72	3a	3a	3a	3a	3a	3a	3a
HCV_73	1b	1b	1b	1b	1b	1b	1b
HCV_74	1a	1a	1a	1a	1a	1a	1a
HCV_75	1a	1a	1a	1a	1a	1a	1a
HCV_76	1a	1a	1a	1a	1a	1a	1a
HCV_77	3a	3a	3a	3a	3a	3a	3a
HCV_78	3a	3a	3a	3a	3a	3a	3a
HCV_79	1a	1a	1a	1a	1a	1a	1a
HCV_80	1b	1b	1b	1b	1b	1b	1b
HCV_81	4a	4a	4a	4a	4a	4a	4a
HCV_82	4d	4d	4d	4d	4d	4d	4d
HCV_83	4d	4d	4d	4d	4d	4d	4d

Tabela Suplementar 4 – Listagem dos confrontos entre genótipo obtido e esperado para todas as amostras analisadas na prova de conceito para o vírus HTLV-1. A discrepância encontrada encontra-se destacada a laranja.

Amostra	Genótipo obtido HTLV-1_LTR		Genótipo obtido HTLV-1_env		Genótipo esperado
	Sanger	fasta	Sanger	fasta	
HTLV-1_1	a.D (Senegal)	a.D (Senegal)	a.D (Senegal)	a.D (Senegal)	a.D (Senegal)
HTLV-1_2	a.D (Senegal)	a.D(a.D (Senegal))	a.D (Senegal)	a.D (Senegal)	a.D (Senegal)
HTLV-1_3	a.D (Senegal)	a.D (Senegal)	a.D (Senegal)	a.D (Senegal)	a.D (Senegal)
HTLV-1_4	a.A (Transcontinental)	a.A (Transcontinental)	a.A (Transcontinental)	a.A (Transcontinental)	a.A (Transcontinental)
HTLV-1_5	a.A (Transcontinental)	a.A (Transcontinental)	a.A (Transcontinental)	a.A (Transcontinental)	a.A (Transcontinental)
HTLV-1_6	a.D (Senegal)	a.D (Senegal)	a.D (Senegal)	a.D (Senegal)	a.D (Senegal)
HTLV-1_7	a.A (Transcontinental)	a.A (Transcontinental)	a.A (Transcontinental)	a.A (Transcontinental)	a.A (Transcontinental)
HTLV-1_8	a.D	a.D	a.A	a.D	a.D

	(Senegal)	(Senegal)	(Transcontinental)	(Senegal)	(Senegal)
HTLV-1_9	a.A (Transcontinental)	a.A (Transcontinental)	a.A (Transcontinental)	a.A (Transcontinental)	a.A (Transcontinental)
HTLV-1_10	a.A (Transcontinental)	a.A (Transcontinental)	a.A (Transcontinental)	a.A (Transcontinental)	a.A (Transcontinental)
HTLV-1_11	a.A (Transcontinental)	a.A (Transcontinental)	a.A (Transcontinental)	a.A (Transcontinental)	a.A (Transcontinental)
HTLV-1_12	a.A (Transcontinental)	a.A (Transcontinental)	a.A (Transcontinental)	a.A (Transcontinental)	a.A (Transcontinental)
HTLV-1_13	a.D (Senegal)	a.D (Senegal)	a.D (Senegal)	a.D (Senegal)	a.D (Senegal)
HTLV-1_14	a.A (Transcontinental)	a.A (Transcontinental)	a.A (Transcontinental)	a.A (Transcontinental)	a.A (Transcontinental)

Tabela Suplementar 5 – Listagem dos confrontos entre genótipo obtido e esperado para todas as amostras analisadas na prova de conceito para o vírus influenza, assim como os identificados únicos das amostras disponíveis online. Devido ao número de amostras elevado (174510) as sequências que não estão disponíveis online, foram agrupadas de acordo com os genótipos esperados e obtidos, de forma a reduzir o tamanho da tabela.

Amostra	Formato de entrada	Genótipo obtido	Genótipo esperado	Identificador único
Influenza_1	Illumina	A-H1N1	A-H1N1	SRR10256725
Influenza_2	Illumina	A-H1N1	A-H1N1	SRR10256724
Influenza_3	Illumina	A-H1N1	A-H1N1	SRR10256713
Influenza_4	Illumina	A-H1N1	A-H1N1	SRR10256710
Influenza_5	Illumina	A-H1N1	A-H1N1	SRR10256709
Influenza_6	Illumina	A-H1N1	A-H1N1	SRR10256708
Influenza_7	Illumina	A-H1N1	A-H1N1	SRR10256707
Influenza_8	Illumina	A-H1N1	A-H1N1	SRR10256706
Influenza_9	Illumina	A-H1N1	A-H1N1	SRR10256705
Influenza_10	Illumina	A-H1N1	A-H1N1	SRR10256704
Influenza_11	Illumina	A-H1N1	A-H1N1	SRR10256723
Influenza_12	Illumina	A-H1N1	A-H1N1	SRR10256722
Influenza_13	Illumina	A-H3N2	A-H3N2	SRR10256721
Influenza_14	Illumina	A-H3N2	A-H3N2	SRR10256720
Influenza_15	Illumina	A-H3N2	A-H3N2	SRR10256719
Influenza_16	Illumina	A-H3N2	A-H3N2	SRR10256718
Influenza_17	Illumina	A-H3N2	A-H3N2	SRR10256717
Influenza_18	Nanopore	H5N5	H5N5	ERR3822186_1
Influenza_19	Nanopore	H1	H1	ERR3822185_1
Influenza_20	Nanopore	H1	H1	ERR3822184_1
Influenza_21	Nanopore	H13N8	H13N8	ERR3822180_1
Influenza_22	Nanopore	H11N6	H11N6	ERR3822179_1
Influenza_23	Nanopore	H10N4	H10N4	ERR3822178_1
Influenza_24	Nanopore	H9N2	H9N2	ERR3822177_1
Influenza_25	Nanopore	H7N7	H7N7	ERR3822176_1
Influenza_26	Nanopore	H6N2	H6N2	ERR3822175_1
Influenza_27	Nanopore	H5N3	H5N3	ERR3822174_1
Influenza_28	Nanopore	H2N9	H2N9	ERR3822171_1
Influenza_29 a Influenza_34289	fasta	A	A	-
Influenza_34290 a Influenza_40793	fasta	B	B	-
Influenza_40794 a Influenza_70276	fasta	H1	H1	-
Influenza_70277 a Influenza_71257	fasta	H10	H10	-
Influenza_71258 a Influenza_71965	fasta	H11	H11	-
Influenza_71966 a Influenza_72207	fasta	H12	H12	-

Influenza_72208 a Influenza_72572	fasta	H13	H13	-
Influenza_72573 a Influenza_72605	fasta	H14	H14	-
Influenza_72606 a Influenza_72624	fasta	H15	H15	-
Influenza_72625 a Influenza_72841	fasta	H16	H16	-
Influenza_72842 e Influenza_72843	fasta	H17	H17	-
Influenza_72844 e Influenza_72845	fasta	H18	H18	-
Influenza_72846 a Influenza_73545	fasta	H2	H2	-
Influenza_73546 a Influenza_102015	fasta	H3	H3	-
Influenza_102016 a Influenza_103865	fasta	H4	H4	-
Influenza_103866 a Influenza_111051	fasta	H5	H5	-
Influenza_111052 a Influenza_113176	fasta	H6	H6	-
Influenza_113177 a Influenza_115723	fasta	H7	H7	-
Influenza_115722 a Influenza_115913	fasta	H8	H8	-
Influenza_115914 a Influenza_121807	fasta	H9	H9	-
Influenza_121808 a Influenza_143659	fasta	N1	N1	-
Influenza_143660 e Influenza_143661	fasta	N10	N10	-
Influenza_143662 e Influenza_143663	fasta	N11	N11	-
Influenza_143664 a Influenza_166025	fasta	N2	N2	-
Influenza_166026 a Influenza_167334	fasta	N3	N3	-
Influenza_167335 a Influenza_167633	fasta	N4	N4	-
Influenza_167634 a Influenza_168074	fasta	N5	N5	-
Influenza_168075 a Influenza_170260	fasta	N6	N6	-
Influenza_170261 a Influenza_171125	fasta	N7	N7	-
Influenza_171126 a Influenza_173414	fasta	N8	N8	-
Influenza_173415 a Influenza_174510	fasta	N9	N9	-

Tabela Suplementar 6 – Listagem dos confrontos entre genótipo obtido e esperado para todas as amostras analisadas na prova de conceito para o vírus Newcastle, assim como os identificados únicos das amostras disponíveis online.

Amostra	Formato de entrada	Genótipo obtido	Genótipo esperado	Identificador único
Newcastle_1	fasta	II	II	-
Newcastle_2	fasta	VI.1	VI.1	-
Newcastle_3	fasta	VI.1	VI.1	-
Newcastle_4	fasta	VI.2.1.1.1	VI.2.1.1.1	-
Newcastle_5	fasta	VI.2.1.1.1	VI.2.1.1.1	-
Newcastle_6	fasta	VI.2.1.1.1	VI.2.1.1.1	-
Newcastle_7	fasta	VI.2.1.1.1	VI.2.1.1.1	-
Newcastle_8	fasta	VI.2.1.1.2.1	VI.2.1.1.2.1	-
Newcastle_9	fasta	VI.2.1.1.2.1	VI.2.1.1.2.1	-
Newcastle_10	fasta	VI.2.1.1.2.1	VI.2.1.1.2.1	-
Newcastle_11	fasta	VI.2.1.1.2.2	VI.2.1.1.2.2	-
Newcastle_12	fasta	VI.2.1.1.2.2	VI.2.1.1.2.2	-
Newcastle_13	fasta	VII.2	VII.2	-
Newcastle_14	fasta	XIII.1.1	XIII.1.1	-
Newcastle_15	fasta	XIII.1.1	XIII.1.1	-
Newcastle_16	fasta	XIII.1.1	XIII.1.1	-
Newcastle_17	fasta	XIII.1.1	XIII.1.1	-
Newcastle_18	fasta	XXI.2	XXI.2	-
Newcastle_19	fasta	XXI.2	XXI.2	-
Newcastle_20	fasta	XXI.2	XXI.2	-
Newcastle_21	fasta	XXI.2	XXI.2	-

Newcastle_22	fasta	XXI.2	XXI.2	-
Newcastle_23	fasta	XXI.2	XXI.2	-
Newcastle_24	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737016
Newcastle_25	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737074
Newcastle_26	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737047
Newcastle_27	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737048
Newcastle_28	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737049
Newcastle_29	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737051
Newcastle_30	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737052
Newcastle_31	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737053
Newcastle_32	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737054
Newcastle_33	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737055
Newcastle_34	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737056
Newcastle_35	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737057
Newcastle_36	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737058
Newcastle_37	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737059
Newcastle_38	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737060
Newcastle_39	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737061
Newcastle_40	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737062
Newcastle_41	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737063
Newcastle_42	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737064
Newcastle_43	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737065
Newcastle_44	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737066
Newcastle_45	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737067
Newcastle_46	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737068
Newcastle_47	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737069
Newcastle_48	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737070
Newcastle_49	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737071
Newcastle_50	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737072
Newcastle_51	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737045
Newcastle_52	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737044
Newcastle_53	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737043
Newcastle_54	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737029
Newcastle_55	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737017
Newcastle_56	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737018
Newcastle_57	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737020
Newcastle_58	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737021
Newcastle_59	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737022
Newcastle_60	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737023
Newcastle_61	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737024
Newcastle_62	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737025
Newcastle_63	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737026
Newcastle_64	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737027
Newcastle_65	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737028
Newcastle_66	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737030
Newcastle_67	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737042
Newcastle_68	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737031
Newcastle_69	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737032
Newcastle_70	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737033
Newcastle_71	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737034
Newcastle_72	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737035
Newcastle_73	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737036
Newcastle_74	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737037
Newcastle_75	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737038
Newcastle_76	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737039
Newcastle_77	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737040

Newcastle_78	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737041
Newcastle_79	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737073
Newcastle_80	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737075
Newcastle_81	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737014
Newcastle_82	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737076
Newcastle_83	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737106
Newcastle_84	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737107
Newcastle_85	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737108
Newcastle_86	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737109
Newcastle_87	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737110
Newcastle_88	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737111
Newcastle_89	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737112
Newcastle_90	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737113
Newcastle_91	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737114
Newcastle_92	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737115
Newcastle_93	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737116
Newcastle_94	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737117
Newcastle_95	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737118
Newcastle_96	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737119
Newcastle_97	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737120
Newcastle_98	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737121
Newcastle_99	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737122
Newcastle_100	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737123
Newcastle_101	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737124
Newcastle_102	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737125
Newcastle_103	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737126
Newcastle_104	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737127
Newcastle_105	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737128
Newcastle_106	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737129
Newcastle_107	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737130
Newcastle_108	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737105
Newcastle_109	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737104
Newcastle_110	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737103
Newcastle_111	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737089
Newcastle_112	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737077
Newcastle_113	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737078
Newcastle_114	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737079
Newcastle_115	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737080
Newcastle_116	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737081
Newcastle_117	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737082
Newcastle_118	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737083
Newcastle_119	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737084
Newcastle_120	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737085
Newcastle_121	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737086
Newcastle_122	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737088
Newcastle_123	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737090
Newcastle_124	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737102
Newcastle_125	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737091
Newcastle_126	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737092
Newcastle_127	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737093
Newcastle_128	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737094
Newcastle_129	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737095
Newcastle_130	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737096
Newcastle_131	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737097
Newcastle_132	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737098
Newcastle_133	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737099

Newcastle_134	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737100
Newcastle_135	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737101
Newcastle_136	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737015
Newcastle_137	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737131
Newcastle_138	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737013
Newcastle_139	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736948
Newcastle_140	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736934
Newcastle_141	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736935
Newcastle_142	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736936
Newcastle_143	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736937
Newcastle_144	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736938
Newcastle_145	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736942
Newcastle_146	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736943
Newcastle_147	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736944
Newcastle_148	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736945
Newcastle_149	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736946
Newcastle_150	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736947
Newcastle_151	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736949
Newcastle_152	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736962
Newcastle_153	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736950
Newcastle_154	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736951
Newcastle_155	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736952
Newcastle_156	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736953
Newcastle_157	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736954
Newcastle_158	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736955
Newcastle_159	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736956
Newcastle_160	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736957
Newcastle_161	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737012
Newcastle_162	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736959
Newcastle_163	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736960
Newcastle_164	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736933
Newcastle_165	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736931
Newcastle_166	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736930
Newcastle_167	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736929
Newcastle_168	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736902
Newcastle_169	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736903
Newcastle_170	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736904
Newcastle_171	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736906
Newcastle_172	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736907
Newcastle_173	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736908
Newcastle_174	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736909
Newcastle_175	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736910
Newcastle_176	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736911
Newcastle_177	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736912
Newcastle_178	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736913
Newcastle_179	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736914
Newcastle_180	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736915
Newcastle_181	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736916
Newcastle_182	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736917
Newcastle_183	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736918
Newcastle_184	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736919
Newcastle_185	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736920
Newcastle_186	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736921
Newcastle_187	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736923
Newcastle_188	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736924
Newcastle_189	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736925

Newcastle_190	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736927
Newcastle_191	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736961
Newcastle_192	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736958
Newcastle_193	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736963
Newcastle_194	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737005
Newcastle_195	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736985
Newcastle_196	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737009
Newcastle_197	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736987
Newcastle_198	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736964
Newcastle_199	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736988
Newcastle_200	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736989
Newcastle_201	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736990
Newcastle_202	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737008
Newcastle_203	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736991
Newcastle_204	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737007
Newcastle_205	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736992
Newcastle_206	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736993
Newcastle_207	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736994
Newcastle_208	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737006
Newcastle_209	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736995
Newcastle_210	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736996
Newcastle_211	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736997
Newcastle_212	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736998
Newcastle_213	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736999
Newcastle_214	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737000
Newcastle_215	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737001
Newcastle_216	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737002
Newcastle_217	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737003
Newcastle_218	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736984
Newcastle_219	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737004
Newcastle_220	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736983
Newcastle_221	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736975
Newcastle_222	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736965
Newcastle_223	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736966
Newcastle_224	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736967
Newcastle_225	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736968
Newcastle_226	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736969
Newcastle_227	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736970
Newcastle_228	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736971
Newcastle_229	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736972
Newcastle_230	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736973
Newcastle_231	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736974
Newcastle_232	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736976
Newcastle_233	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736977
Newcastle_234	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736978
Newcastle_235	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736979
Newcastle_236	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736980
Newcastle_237	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737011
Newcastle_238	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736981
Newcastle_239	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736982
Newcastle_240	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737010
Newcastle_241	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737046
Newcastle_242	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737019
Newcastle_243	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736901
Newcastle_244	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736905
Newcastle_245	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736900

Newcastle_246	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737050
Newcastle_247	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ737087
Newcastle_248	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736922
Newcastle_249	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736926
Newcastle_250	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736928
Newcastle_251	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736986
Newcastle_252	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736939
Newcastle_253	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736940
Newcastle_254	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736941
Newcastle_255	fasta	1.1.2	1.1.2	MZ736932
Newcastle_256	Sanger	II	II	-
Newcastle_257	Sanger	II	II	-
Newcastle_258	Sanger	VI.1	VI.1	-
Newcastle_259	Sanger	VI.1	VI.1	-
Newcastle_260	Sanger	VI.1	VI.1	-
Newcastle_261	Sanger	VI.1	VI.1	-
Newcastle_262	Sanger	VI.2.1.1.1	VI.2.1.1.1	-
Newcastle_263	Sanger	VI.2.1.1.1	VI.2.1.1.1	-
Newcastle_264	Sanger	VI.2.1.1.1	VI.2.1.1.1	-
Newcastle_265	Sanger	VI.2.1.1.1	VI.2.1.1.1	-
Newcastle_266	Sanger	VI.2.1.1.1	VI.2.1.1.1	-
Newcastle_267	Sanger	VI.2.1.1.1	VI.2.1.1.1	-
Newcastle_268	Sanger	VI.2.1.1.1	VI.2.1.1.1	-
Newcastle_269	Sanger	VI.2.1.1.1	VI.2.1.1.1	-
Newcastle_270	Sanger	VI.2.1.1.2.1	VI.2.1.1.2.1	-
Newcastle_271	Sanger	VI.2.1.1.2.1	VI.2.1.1.2.1	-
Newcastle_272	Sanger	VI.2.1.1.2.1	VI.2.1.1.2.1	-
Newcastle_273	Sanger	VI.2.1.1.2.1	VI.2.1.1.2.1	-
Newcastle_274	Sanger	VI.2.1.1.2.1	VI.2.1.1.2.1	-
Newcastle_275	Sanger	VI.2.1.1.2.1	VI.2.1.1.2.1	-
Newcastle_276	Sanger	VII.2	VII.2	-
Newcastle_277	Sanger	VII.2	VII.2	-
Newcastle_278	Sanger	VII.2	VII.2	-
Newcastle_279	Sanger	VII.2	VII.2	-
Newcastle_280	Sanger	VII.2	VII.2	-
Newcastle_281	Sanger	VII.2	VII.2	-
Newcastle_282	Sanger	XIII.1.1	XIII.1.1	-
Newcastle_283	Sanger	XIII.1.1	XIII.1.1	-
Newcastle_284	Sanger	XIII.1.1	XIII.1.1	-
Newcastle_285	Sanger	XIII.1.1	XIII.1.1	-
Newcastle_286	Sanger	XIII.1.1	XIII.1.1	-
Newcastle_287	Sanger	XIII.1.1	XIII.1.1	-
Newcastle_288	Sanger	XIII.1.1	XIII.1.1	-
Newcastle_289	Sanger	XIII.1.1	XIII.1.1	-
Newcastle_290	Sanger	XXI.2	XXI.2	-
Newcastle_291	Sanger	XXI.2	XXI.2	-
Newcastle_292	Sanger	XXI.2	XXI.2	-
Newcastle_293	Sanger	XXI.2	XXI.2	-
Newcastle_294	Sanger	XXI.2	XXI.2	-
Newcastle_295	Sanger	XXI.2	XXI.2	-
Newcastle_296	Sanger	XXI.2	XXI.2	-
Newcastle_297	Sanger	XXI.2	XXI.2	-

Tabela Suplementar 7 – Listagem dos confrontos entre genótipo obtido e esperado para todas as amostras analisadas na prova de conceito para o vírus Dengue, assim como os identificados únicos das amostras disponíveis online.

Amostra	Formato de entrada	Genótipo obtido	Genótipo esperado	Identificador único
Dengue_1	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	AB122020
Dengue_2	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	AB122021
Dengue_3	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	AB122022
Dengue_4	fasta	DENV_1_IV	DENV_1_IV	AB189121
Dengue_5	fasta	DENV_3_I	DENV_3_I	AB189128
Dengue_6	fasta	DENV_1_IV	DENV_1_IV	AB195673
Dengue_7	fasta	DENV_1_IV	DENV_1_IV	AB204803
Dengue_8	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	AB608786
Dengue_9	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	AB608787
Dengue_10	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	AB608789
Dengue_11	fasta	DENV_1_II	DENV_1_II	AF180817
Dengue_12	fasta	DENV_1_II	DENV_1_II	AF180818
Dengue_13	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	AF311956
Dengue_14	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	AF311957
Dengue_15	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	AF311958
Dengue_16	fasta	DENV_3_V	DENV_3_V	AF317645
Dengue_17	fasta	DENV_3_I	DENV_3_I	AY744677
Dengue_18	fasta	DENV_3_I	DENV_3_I	AY744678
Dengue_19	fasta	DENV_3_I	DENV_3_I	AY744679
Dengue_20	fasta	DENV_3_I	DENV_3_I	AY744680
Dengue_21	fasta	DENV_3_I	DENV_3_I	AY744681
Dengue_22	fasta	DENV_3_I	DENV_3_I	AY744682
Dengue_23	fasta	DENV_3_I	DENV_3_I	AY744683
Dengue_24	fasta	DENV_3_I	DENV_3_I	AY744684
Dengue_25	fasta	DENV_3_I	DENV_3_I	AY744685
Dengue_26	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	AY835999
Dengue_27	fasta	DENV_3_I	DENV_3_I	AY858038
Dengue_28	fasta	DENV_3_I	DENV_3_I	AY858039
Dengue_29	fasta	DENV_1_IV	DENV_1_IV	DQ285558
Dengue_30	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	DQ285559
Dengue_31	fasta	DENV_1_IV	DENV_1_IV	DQ285560
Dengue_32	fasta	DENV_1_IV	DENV_1_IV	DQ285561
Dengue_33	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	DQ285562
Dengue_34	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	DQ448231
Dengue_35	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	DQ863638
Dengue_36	fasta	DENV_1_III	DENV_1_III	EF457905
Dengue_37	fasta	DENV_4_IV	DENV_4_IV	EF457906
Dengue_38	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	EF643017
Dengue_39	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	EU056810
Dengue_40	fasta	DENV_2_I	DENV_2_I	EU056811
Dengue_41	fasta	DENV_2_I	DENV_2_I	EU056812
Dengue_42	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU249490
Dengue_43	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU249491
Dengue_44	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU249492
Dengue_45	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU249493
Dengue_46	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU249494
Dengue_47	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU249495
Dengue_48	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482444
Dengue_49	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	EU482445
Dengue_50	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	EU482446
Dengue_51	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	EU482447

Dengue_52	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	EU482448
Dengue_53	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482449
Dengue_54	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	EU482450
Dengue_55	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	EU482451
Dengue_56	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	EU482452
Dengue_57	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	EU482453
Dengue_58	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	EU482454
Dengue_59	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	EU482455
Dengue_60	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	EU482456
Dengue_61	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	EU482457
Dengue_62	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	EU482458
Dengue_63	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	EU482459
Dengue_64	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	EU482460
Dengue_65	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	EU482461
Dengue_66	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	EU482462
Dengue_67	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	EU482463
Dengue_68	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	EU482464
Dengue_69	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	EU482465
Dengue_70	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	EU482466
Dengue_71	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	EU482467
Dengue_72	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	EU482468
Dengue_73	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	EU482469
Dengue_74	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	EU482470
Dengue_75	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	EU482471
Dengue_76	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	EU482472
Dengue_77	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	EU482473
Dengue_78	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	EU482474
Dengue_79	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	EU482475
Dengue_80	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482476
Dengue_81	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482477
Dengue_82	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482478
Dengue_83	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482479
Dengue_84	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482481
Dengue_85	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482482
Dengue_86	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482483
Dengue_87	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482484
Dengue_88	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482485
Dengue_89	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482486
Dengue_90	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482487
Dengue_91	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482488
Dengue_92	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482489
Dengue_93	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482490
Dengue_94	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482491
Dengue_95	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482492
Dengue_96	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482493
Dengue_97	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482494
Dengue_98	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482495
Dengue_99	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482496
Dengue_100	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482497
Dengue_101	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482498
Dengue_102	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482499
Dengue_103	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482500
Dengue_104	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482501
Dengue_105	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482502
Dengue_106	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482504
Dengue_107	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482505

Dengue_108	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482506
Dengue_109	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482508
Dengue_110	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482509
Dengue_111	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482510
Dengue_112	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482511
Dengue_113	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482512
Dengue_114	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482513
Dengue_115	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482514
Dengue_116	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482515
Dengue_117	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482516
Dengue_118	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482517
Dengue_119	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482519
Dengue_120	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482520
Dengue_121	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482521
Dengue_122	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482522
Dengue_123	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482523
Dengue_124	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482524
Dengue_125	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482525
Dengue_126	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482526
Dengue_127	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482527
Dengue_128	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482528
Dengue_129	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482530
Dengue_130	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482531
Dengue_131	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482532
Dengue_132	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482533
Dengue_133	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482535
Dengue_134	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482536
Dengue_135	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482537
Dengue_136	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482539
Dengue_137	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482540
Dengue_138	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	EU482541
Dengue_139	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	EU482542
Dengue_140	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	EU482543
Dengue_141	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482544
Dengue_142	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482545
Dengue_143	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482546
Dengue_144	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482547
Dengue_145	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482548
Dengue_146	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482549
Dengue_147	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482550
Dengue_148	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482551
Dengue_149	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482552
Dengue_150	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482553
Dengue_151	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482554
Dengue_152	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	EU482555
Dengue_153	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482556
Dengue_154	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482557
Dengue_155	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	EU482558
Dengue_156	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	EU482559
Dengue_157	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482560
Dengue_158	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482561
Dengue_159	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482562
Dengue_160	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	EU482563
Dengue_161	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	EU482564
Dengue_162	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482565
Dengue_163	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	EU482566

Dengue_164	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	EU482567
Dengue_165	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482568
Dengue_166	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482569
Dengue_167	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482570
Dengue_168	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482571
Dengue_169	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482572
Dengue_170	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482573
Dengue_171	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482574
Dengue_172	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482575
Dengue_173	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482576
Dengue_174	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482578
Dengue_175	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482579
Dengue_176	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482580
Dengue_177	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482581
Dengue_178	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482582
Dengue_179	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482583
Dengue_180	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482585
Dengue_181	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482586
Dengue_182	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482587
Dengue_183	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482588
Dengue_184	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482589
Dengue_185	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482590
Dengue_186	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	EU482591
Dengue_187	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	EU482592
Dengue_188	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482593
Dengue_189	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482594
Dengue_190	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	EU482595
Dengue_191	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	EU482596
Dengue_192	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482597
Dengue_193	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482598
Dengue_194	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482601
Dengue_195	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482603
Dengue_196	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482604
Dengue_197	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482605
Dengue_198	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482606
Dengue_199	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482607
Dengue_200	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482608
Dengue_201	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	EU482609
Dengue_202	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	EU482610
Dengue_203	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	EU482611
Dengue_204	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	EU482612
Dengue_205	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	EU482614
Dengue_206	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	EU482616
Dengue_207	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	EU482618
Dengue_208	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	EU482619
Dengue_209	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482622
Dengue_210	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482623
Dengue_211	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482624
Dengue_212	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482625
Dengue_213	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482626
Dengue_214	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482627
Dengue_215	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482629
Dengue_216	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482630
Dengue_217	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482634
Dengue_218	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482635
Dengue_219	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482639

Dengue_220	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	EU482640
Dengue_221	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	EU482641
Dengue_222	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	EU482642
Dengue_223	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	EU482643
Dengue_224	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	EU482644
Dengue_225	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	EU482645
Dengue_226	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	EU482646
Dengue_227	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	EU482647
Dengue_228	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482648
Dengue_229	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	EU482649
Dengue_230	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	EU482650
Dengue_231	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	EU482651
Dengue_232	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	EU482652
Dengue_233	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	EU482653
Dengue_234	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	EU482654
Dengue_235	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	EU482655
Dengue_236	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	EU482656
Dengue_237	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	EU482657
Dengue_238	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	EU482658
Dengue_239	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	EU482659
Dengue_240	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482660
Dengue_241	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	EU482661
Dengue_242	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482662
Dengue_243	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	EU482663
Dengue_244	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482664
Dengue_245	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	EU482665
Dengue_246	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482666
Dengue_247	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	EU482667
Dengue_248	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	EU482668
Dengue_249	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	EU482669
Dengue_250	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	EU482670
Dengue_251	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	EU482671
Dengue_252	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	EU482672
Dengue_253	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	EU482673
Dengue_254	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	EU482674
Dengue_255	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	EU482675
Dengue_256	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	EU482676
Dengue_257	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	EU482677
Dengue_258	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	EU482678
Dengue_259	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	EU482679
Dengue_260	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482680
Dengue_261	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482681
Dengue_262	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482682
Dengue_263	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482683
Dengue_264	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482685
Dengue_265	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482686
Dengue_266	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482687
Dengue_267	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482688
Dengue_268	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482689
Dengue_269	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482691
Dengue_270	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482692
Dengue_271	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482694
Dengue_272	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482695
Dengue_273	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482696
Dengue_274	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	EU482697
Dengue_275	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	EU482698

Dengue_276	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	EU482699
Dengue_277	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	EU482700
Dengue_278	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	EU482701
Dengue_279	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	EU482702
Dengue_280	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	EU482703
Dengue_281	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	EU482704
Dengue_282	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	EU482705
Dengue_283	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482706
Dengue_284	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482707
Dengue_285	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482708
Dengue_286	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482709
Dengue_287	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482710
Dengue_288	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482711
Dengue_289	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482712
Dengue_290	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482713
Dengue_291	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482714
Dengue_292	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482715
Dengue_293	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482717
Dengue_294	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482718
Dengue_295	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482719
Dengue_296	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482720
Dengue_297	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482721
Dengue_298	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482722
Dengue_299	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482723
Dengue_300	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482724
Dengue_301	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482725
Dengue_302	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482726
Dengue_303	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482727
Dengue_304	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482728
Dengue_305	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482729
Dengue_306	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482731
Dengue_307	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482732
Dengue_308	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482733
Dengue_309	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482734
Dengue_310	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482735
Dengue_311	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482736
Dengue_312	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482737
Dengue_313	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482738
Dengue_314	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482739
Dengue_315	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482740
Dengue_316	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482741
Dengue_317	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482742
Dengue_318	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482743
Dengue_319	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482744
Dengue_320	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482745
Dengue_321	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482746
Dengue_322	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482747
Dengue_323	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482748
Dengue_324	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482749
Dengue_325	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482750
Dengue_326	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482751
Dengue_327	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482753
Dengue_328	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482754
Dengue_329	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482755
Dengue_330	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482757
Dengue_331	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482759

Dengue_332	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482760
Dengue_333	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482762
Dengue_334	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482763
Dengue_335	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482766
Dengue_336	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482769
Dengue_337	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482770
Dengue_338	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482772
Dengue_339	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	EU482774
Dengue_340	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	EU482775
Dengue_341	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	EU482776
Dengue_342	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	EU482777
Dengue_343	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482778
Dengue_344	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482779
Dengue_345	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482780
Dengue_346	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482781
Dengue_347	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	EU482782
Dengue_348	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482783
Dengue_349	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	EU482784
Dengue_350	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482785
Dengue_351	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	EU482786
Dengue_352	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482787
Dengue_353	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU482788
Dengue_354	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482789
Dengue_355	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482790
Dengue_356	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482791
Dengue_357	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482792
Dengue_358	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482793
Dengue_359	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482795
Dengue_360	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482796
Dengue_361	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482797
Dengue_362	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482798
Dengue_363	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482799
Dengue_364	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482800
Dengue_365	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482801
Dengue_366	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482802
Dengue_367	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482803
Dengue_368	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482804
Dengue_369	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482805
Dengue_370	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482806
Dengue_371	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482807
Dengue_372	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482808
Dengue_373	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482809
Dengue_374	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482810
Dengue_375	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482811
Dengue_376	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482812
Dengue_377	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482813
Dengue_378	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482814
Dengue_379	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482815
Dengue_380	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482816
Dengue_381	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482817
Dengue_382	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482818
Dengue_383	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482819
Dengue_384	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482820
Dengue_385	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482821
Dengue_386	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482822
Dengue_387	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU482828

Dengue_388	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	EU529683
Dengue_389	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	EU529684
Dengue_390	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	EU529685
Dengue_391	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	EU529686
Dengue_392	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	EU529687
Dengue_393	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	EU529688
Dengue_394	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	EU529689
Dengue_395	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	EU529690
Dengue_396	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	EU529691
Dengue_397	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	EU529692
Dengue_398	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU529693
Dengue_399	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU529694
Dengue_400	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU529695
Dengue_401	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	EU529696
Dengue_402	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	EU529697
Dengue_403	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	EU529699
Dengue_404	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU529700
Dengue_405	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU529701
Dengue_406	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	EU529702
Dengue_407	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	EU529704
Dengue_408	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	EU529705
Dengue_409	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU529706
Dengue_410	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	EU569688
Dengue_411	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	EU569689
Dengue_412	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	EU569690
Dengue_413	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	EU569691
Dengue_414	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU569692
Dengue_415	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU569693
Dengue_416	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU569695
Dengue_417	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU569697
Dengue_418	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU569698
Dengue_419	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU569699
Dengue_420	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU569701
Dengue_421	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU569702
Dengue_422	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU569703
Dengue_423	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU569704
Dengue_424	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU569705
Dengue_425	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU569706
Dengue_426	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU569707
Dengue_427	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU569708
Dengue_428	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU569709
Dengue_429	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU569710
Dengue_430	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU569711
Dengue_431	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU569712
Dengue_432	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU569713
Dengue_433	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU569714
Dengue_434	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU569715
Dengue_435	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU569716
Dengue_436	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU569717
Dengue_437	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU569718
Dengue_438	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU569719
Dengue_439	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	EU569721
Dengue_440	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU596483
Dengue_441	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU596485
Dengue_442	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU596486
Dengue_443	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU596487

Dengue_444	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU596488
Dengue_445	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU596489
Dengue_446	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU596490
Dengue_447	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU596491
Dengue_448	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	EU596492
Dengue_449	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	EU596493
Dengue_450	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	EU596494
Dengue_451	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU596495
Dengue_452	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU596496
Dengue_453	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU596497
Dengue_454	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU596498
Dengue_455	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU596499
Dengue_456	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU596500
Dengue_457	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	EU596501
Dengue_458	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	EU596503
Dengue_459	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	EU596504
Dengue_460	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU660390
Dengue_461	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU660391
Dengue_462	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU660392
Dengue_463	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU660393
Dengue_464	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU660394
Dengue_465	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU660395
Dengue_466	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU660396
Dengue_467	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU660397
Dengue_468	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU660398
Dengue_469	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU660399
Dengue_470	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU660400
Dengue_471	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU660401
Dengue_472	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU660402
Dengue_473	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU660403
Dengue_474	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU660404
Dengue_475	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU660405
Dengue_476	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU660406
Dengue_477	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	EU660407
Dengue_478	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	EU660408
Dengue_479	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	EU660409
Dengue_480	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	EU660410
Dengue_481	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	EU660411
Dengue_482	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU660412
Dengue_483	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	EU660413
Dengue_484	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	EU660414
Dengue_485	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	EU660415
Dengue_486	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	EU660416
Dengue_487	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	EU660417
Dengue_488	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU660418
Dengue_489	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU660419
Dengue_490	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	EU660420
Dengue_491	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	EU677137
Dengue_492	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	EU677138
Dengue_493	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU677139
Dengue_494	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU677140
Dengue_495	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU677141
Dengue_496	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU677142
Dengue_497	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU677143
Dengue_498	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU677144
Dengue_499	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU677145

Dengue_500	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU677146
Dengue_501	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU677147
Dengue_502	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	EU677148
Dengue_503	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	EU677149
Dengue_504	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU677151
Dengue_505	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU677152
Dengue_506	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU677154
Dengue_507	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU677155
Dengue_508	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU677156
Dengue_509	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU677157
Dengue_510	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU677158
Dengue_511	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU677159
Dengue_512	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU677160
Dengue_513	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU677161
Dengue_514	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU677162
Dengue_515	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU677163
Dengue_516	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU677164
Dengue_517	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU677165
Dengue_518	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU677166
Dengue_519	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU677167
Dengue_520	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU677168
Dengue_521	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU677170
Dengue_522	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU677171
Dengue_523	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU677172
Dengue_524	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU677173
Dengue_525	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU677175
Dengue_526	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU677176
Dengue_527	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU677177
Dengue_528	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU677178
Dengue_529	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	EU687196
Dengue_530	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	EU687197
Dengue_531	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	EU687198
Dengue_532	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU687199
Dengue_533	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU687212
Dengue_534	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU687213
Dengue_535	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU687214
Dengue_536	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU687215
Dengue_537	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU687216
Dengue_538	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU687217
Dengue_539	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	EU687218
Dengue_540	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	EU687219
Dengue_541	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU687220
Dengue_542	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	EU687221
Dengue_543	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU687222
Dengue_544	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU687223
Dengue_545	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU687224
Dengue_546	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	EU687226
Dengue_547	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU687227
Dengue_548	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU687228
Dengue_549	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU687229
Dengue_550	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU687230
Dengue_551	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU687231
Dengue_552	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU687232
Dengue_553	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	EU687233
Dengue_554	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	EU687234
Dengue_555	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU687235

Dengue_556	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU687236
Dengue_557	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU687237
Dengue_558	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU687238
Dengue_559	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	EU687239
Dengue_560	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU687240
Dengue_561	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU687241
Dengue_562	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU687242
Dengue_563	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU687243
Dengue_564	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU687244
Dengue_565	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU687245
Dengue_566	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	EU687246
Dengue_567	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU687247
Dengue_568	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	EU687248
Dengue_569	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	EU687249
Dengue_570	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	EU687250
Dengue_571	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU687251
Dengue_572	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	EU726767
Dengue_573	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	EU726768
Dengue_574	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	EU726769
Dengue_575	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU726770
Dengue_576	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	EU726772
Dengue_577	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	EU726773
Dengue_578	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	EU726774
Dengue_579	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU726775
Dengue_580	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	EU726776
Dengue_581	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU726777
Dengue_582	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU726778
Dengue_583	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU726779
Dengue_584	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU726780
Dengue_585	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	EU726781
Dengue_586	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU781135
Dengue_587	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	EU781136
Dengue_588	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	EU781137
Dengue_589	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	EU854291
Dengue_590	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	EU854292
Dengue_591	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	EU854294
Dengue_592	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	EU854295
Dengue_593	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	EU854296
Dengue_594	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	EU854297
Dengue_595	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	EU854298
Dengue_596	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	EU854299
Dengue_597	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	EU854300
Dengue_598	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	EU854301
Dengue_599	fasta	DENV_1_IV	DENV_1_IV	EU863650
Dengue_600	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	EU932687
Dengue_601	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	FJ024423
Dengue_602	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	FJ024424
Dengue_603	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ024425
Dengue_604	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ024426
Dengue_605	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ024427
Dengue_606	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ024428
Dengue_607	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ024430
Dengue_608	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ024431
Dengue_609	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ024432
Dengue_610	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ024433
Dengue_611	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ024434

Dengue_612	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ024435
Dengue_613	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ024436
Dengue_614	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ024437
Dengue_615	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ024438
Dengue_616	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ024439
Dengue_617	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ024440
Dengue_618	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ024441
Dengue_619	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ024442
Dengue_620	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ024443
Dengue_621	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ024444
Dengue_622	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ024445
Dengue_623	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ024446
Dengue_624	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ024447
Dengue_625	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ024448
Dengue_626	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ024449
Dengue_627	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ024450
Dengue_628	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ024451
Dengue_629	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FJ024452
Dengue_630	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FJ024454
Dengue_631	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ024455
Dengue_632	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ024456
Dengue_633	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ024457
Dengue_634	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FJ024458
Dengue_635	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ024459
Dengue_636	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ024460
Dengue_637	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FJ024461
Dengue_638	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ024462
Dengue_639	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ024463
Dengue_640	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ024464
Dengue_641	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ024465
Dengue_642	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ024466
Dengue_643	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ024467
Dengue_644	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ024468
Dengue_645	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ024469
Dengue_646	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ024470
Dengue_647	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ024471
Dengue_648	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ024472
Dengue_649	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ024473
Dengue_650	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ024474
Dengue_651	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ024475
Dengue_652	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	FJ024476
Dengue_653	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ024477
Dengue_654	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	FJ024478
Dengue_655	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	FJ024479
Dengue_656	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	FJ024480
Dengue_657	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	FJ024481
Dengue_658	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	FJ024482
Dengue_659	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	FJ024483
Dengue_660	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	FJ024484
Dengue_661	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	FJ024485
Dengue_662	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ176779
Dengue_663	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ176780
Dengue_664	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	FJ182002
Dengue_665	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ182003
Dengue_666	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ182004
Dengue_667	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ182005

Dengue_668	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ182006
Dengue_669	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ182007
Dengue_670	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ182008
Dengue_671	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ182009
Dengue_672	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ182010
Dengue_673	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ182011
Dengue_674	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ182012
Dengue_675	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ182013
Dengue_676	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ182014
Dengue_677	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ182015
Dengue_678	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	FJ182016
Dengue_679	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	FJ182017
Dengue_680	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ182018
Dengue_681	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ182019
Dengue_682	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ182021
Dengue_683	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ182022
Dengue_684	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ182023
Dengue_685	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ182024
Dengue_686	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ182025
Dengue_687	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ182026
Dengue_688	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ182027
Dengue_689	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ182028
Dengue_690	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ182029
Dengue_691	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ182030
Dengue_692	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ182031
Dengue_693	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ182032
Dengue_694	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ182033
Dengue_695	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ182034
Dengue_696	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ182036
Dengue_697	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ182037
Dengue_698	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ182038
Dengue_699	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ182039
Dengue_700	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ182040
Dengue_701	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ182041
Dengue_702	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ205870
Dengue_703	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ205871
Dengue_704	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	FJ205872
Dengue_705	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	FJ205873
Dengue_706	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	FJ205874
Dengue_707	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	FJ205875
Dengue_708	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ205876
Dengue_709	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FJ205877
Dengue_710	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FJ205878
Dengue_711	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FJ205879
Dengue_712	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FJ205880
Dengue_713	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ205881
Dengue_714	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ205882
Dengue_715	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ205883
Dengue_716	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ205885
Dengue_717	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ226066
Dengue_718	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	FJ226067
Dengue_719	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ373296
Dengue_720	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ373297
Dengue_721	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ373298
Dengue_722	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FJ373299
Dengue_723	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ373300

Dengue_724	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ373302
Dengue_725	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ373303
Dengue_726	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ373304
Dengue_727	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ373305
Dengue_728	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ373306
Dengue_729	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ390371
Dengue_730	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ390372
Dengue_731	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ390373
Dengue_732	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ390375
Dengue_733	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ390376
Dengue_734	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ390377
Dengue_735	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	FJ390378
Dengue_736	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	FJ390379
Dengue_737	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	FJ390380
Dengue_738	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ390381
Dengue_739	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ390382
Dengue_740	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ390383
Dengue_741	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FJ390384
Dengue_742	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FJ390385
Dengue_743	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ390386
Dengue_744	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FJ390387
Dengue_745	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ390388
Dengue_746	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ390390
Dengue_747	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ390391
Dengue_748	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	FJ410173
Dengue_749	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	FJ410174
Dengue_750	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	FJ410175
Dengue_751	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ410176
Dengue_752	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ410177
Dengue_753	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ410178
Dengue_754	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	FJ410179
Dengue_755	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	FJ410181
Dengue_756	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	FJ410183
Dengue_757	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	FJ410184
Dengue_758	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	FJ410185
Dengue_759	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	FJ410186
Dengue_760	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	FJ410187
Dengue_761	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	FJ410188
Dengue_762	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	FJ410189
Dengue_763	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	FJ410190
Dengue_764	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ410191
Dengue_765	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ410192
Dengue_766	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FJ410193
Dengue_767	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ410194
Dengue_768	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FJ410195
Dengue_769	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ410196
Dengue_770	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ410197
Dengue_771	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ410198
Dengue_772	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ410199
Dengue_773	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FJ410200
Dengue_774	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ410201
Dengue_775	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FJ410202
Dengue_776	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ410203
Dengue_777	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ410204
Dengue_778	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ410205
Dengue_779	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ410206

Dengue_780	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ410207
Dengue_781	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FJ410208
Dengue_782	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ410209
Dengue_783	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ410210
Dengue_784	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ410211
Dengue_785	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ410212
Dengue_786	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ410213
Dengue_787	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FJ410215
Dengue_788	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ410216
Dengue_789	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FJ410217
Dengue_790	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ410218
Dengue_791	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FJ410219
Dengue_792	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ410220
Dengue_793	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FJ410221
Dengue_794	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ410222
Dengue_795	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FJ410223
Dengue_796	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FJ410224
Dengue_797	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ410225
Dengue_798	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ410226
Dengue_799	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ410227
Dengue_800	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FJ410228
Dengue_801	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	FJ410229
Dengue_802	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ410230
Dengue_803	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ410231
Dengue_804	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FJ410233
Dengue_805	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ410234
Dengue_806	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ410235
Dengue_807	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ410236
Dengue_808	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FJ410237
Dengue_809	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ410238
Dengue_810	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ410239
Dengue_811	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ410240
Dengue_812	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FJ410241
Dengue_813	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ410242
Dengue_814	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ410243
Dengue_815	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ410244
Dengue_816	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ410245
Dengue_817	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ410246
Dengue_818	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ410247
Dengue_819	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ410248
Dengue_820	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ410249
Dengue_821	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ410250
Dengue_822	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ410251
Dengue_823	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ410252
Dengue_824	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ410254
Dengue_825	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ410255
Dengue_826	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ410256
Dengue_827	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ410257
Dengue_828	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ410258
Dengue_829	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FJ410259
Dengue_830	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ410260
Dengue_831	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ410261
Dengue_832	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ410262
Dengue_833	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ410263
Dengue_834	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ410264
Dengue_835	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ410265

Dengue_836	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ410266
Dengue_837	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ410267
Dengue_838	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ410268
Dengue_839	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ410269
Dengue_840	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ410270
Dengue_841	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ410272
Dengue_842	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ410273
Dengue_843	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ410274
Dengue_844	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ410275
Dengue_845	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ410276
Dengue_846	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ410277
Dengue_847	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ410278
Dengue_848	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ410279
Dengue_849	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ410280
Dengue_850	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ410281
Dengue_851	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ410282
Dengue_852	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ410283
Dengue_853	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ410284
Dengue_854	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ410285
Dengue_855	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ410286
Dengue_856	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ410287
Dengue_857	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FJ410288
Dengue_858	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ410289
Dengue_859	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	FJ410290
Dengue_860	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ410291
Dengue_861	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ432719
Dengue_862	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	FJ432720
Dengue_863	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	FJ432722
Dengue_864	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ432723
Dengue_865	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FJ432724
Dengue_866	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ432725
Dengue_867	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FJ432726
Dengue_868	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ432727
Dengue_869	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	FJ432728
Dengue_870	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ432729
Dengue_871	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ432730
Dengue_872	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	FJ432731
Dengue_873	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ432732
Dengue_874	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ432733
Dengue_875	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ432734
Dengue_876	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ432735
Dengue_877	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ432736
Dengue_878	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ432737
Dengue_879	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ432738
Dengue_880	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ432739
Dengue_881	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ432740
Dengue_882	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	FJ432741
Dengue_883	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ432742
Dengue_884	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	FJ432743
Dengue_885	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ432744
Dengue_886	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ432745
Dengue_887	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ432746
Dengue_888	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ432747
Dengue_889	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ432748
Dengue_890	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ432749
Dengue_891	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ461303

Dengue_892	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FJ461305
Dengue_893	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ461306
Dengue_894	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ461307
Dengue_895	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ461308
Dengue_896	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FJ461309
Dengue_897	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ461310
Dengue_898	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FJ461311
Dengue_899	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ461312
Dengue_900	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ461313
Dengue_901	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FJ461314
Dengue_902	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ461315
Dengue_903	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ461316
Dengue_904	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ461317
Dengue_905	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ461318
Dengue_906	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ461319
Dengue_907	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ461320
Dengue_908	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FJ461321
Dengue_909	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	FJ461322
Dengue_910	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ461323
Dengue_911	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ461324
Dengue_912	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ461325
Dengue_913	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	FJ461326
Dengue_914	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ461327
Dengue_915	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ461328
Dengue_916	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	FJ461329
Dengue_917	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ461330
Dengue_918	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ461331
Dengue_919	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ461332
Dengue_920	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	FJ461334
Dengue_921	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ461335
Dengue_922	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ461336
Dengue_923	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	FJ461337
Dengue_924	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	FJ461338
Dengue_925	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ461339
Dengue_926	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ461340
Dengue_927	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ461341
Dengue_928	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ478455
Dengue_929	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ478456
Dengue_930	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	FJ478457
Dengue_931	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	FJ478458
Dengue_932	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ478459
Dengue_933	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ547060
Dengue_934	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	FJ547061
Dengue_935	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	FJ547062
Dengue_936	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ547063
Dengue_937	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FJ547064
Dengue_938	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ547065
Dengue_939	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	FJ547066
Dengue_940	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FJ547067
Dengue_941	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	FJ547068
Dengue_942	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ547069
Dengue_943	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ547070
Dengue_944	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ547071
Dengue_945	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ547072
Dengue_946	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ547073
Dengue_947	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ547074

Dengue_948	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ547075
Dengue_949	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ547076
Dengue_950	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ547077
Dengue_951	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ547078
Dengue_952	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ547079
Dengue_953	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ547080
Dengue_954	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ547081
Dengue_955	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ547082
Dengue_956	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ547083
Dengue_957	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ547084
Dengue_958	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ547085
Dengue_959	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	FJ547086
Dengue_960	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	FJ547087
Dengue_961	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	FJ547088
Dengue_962	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	FJ547089
Dengue_963	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ547090
Dengue_964	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	FJ562097
Dengue_965	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FJ562098
Dengue_966	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	FJ562099
Dengue_967	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	FJ562100
Dengue_968	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	FJ562102
Dengue_969	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	FJ562103
Dengue_970	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	FJ562104
Dengue_971	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	FJ562105
Dengue_972	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	FJ562106
Dengue_973	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ562107
Dengue_974	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ639669
Dengue_975	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ639670
Dengue_976	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ639671
Dengue_977	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ639672
Dengue_978	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ639673
Dengue_979	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ639674
Dengue_980	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ639675
Dengue_981	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ639676
Dengue_982	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ639677
Dengue_983	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ639678
Dengue_984	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ639679
Dengue_985	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ639680
Dengue_986	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ639682
Dengue_987	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ639683
Dengue_988	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ639684
Dengue_989	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ639685
Dengue_990	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ639686
Dengue_991	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ639688
Dengue_992	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ639689
Dengue_993	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ639690
Dengue_994	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ639691
Dengue_995	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ639692
Dengue_996	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ639693
Dengue_997	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ639694
Dengue_998	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ639695
Dengue_999	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ639696
Dengue_1000	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ639697
Dengue_1001	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ639698
Dengue_1002	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ639699
Dengue_1003	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ639700

Dengue_1004	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ639701
Dengue_1005	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ639702
Dengue_1006	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ639703
Dengue_1007	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FJ639704
Dengue_1008	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FJ639705
Dengue_1009	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FJ639706
Dengue_1010	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FJ639707
Dengue_1011	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FJ639708
Dengue_1012	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FJ639709
Dengue_1013	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FJ639710
Dengue_1014	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	FJ639712
Dengue_1015	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	FJ639713
Dengue_1016	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	FJ639714
Dengue_1017	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	FJ639715
Dengue_1018	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	FJ639716
Dengue_1019	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FJ639717
Dengue_1020	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FJ639718
Dengue_1021	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	FJ639719
Dengue_1022	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	FJ639720
Dengue_1023	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	FJ639721
Dengue_1024	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	FJ639722
Dengue_1025	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	FJ639723
Dengue_1026	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	FJ639724
Dengue_1027	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	FJ639725
Dengue_1028	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	FJ639726
Dengue_1029	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	FJ639727
Dengue_1030	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	FJ639728
Dengue_1031	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	FJ639729
Dengue_1032	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	FJ639730
Dengue_1033	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	FJ639731
Dengue_1034	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ639732
Dengue_1035	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ639733
Dengue_1036	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ639734
Dengue_1037	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	FJ639735
Dengue_1038	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	FJ639736
Dengue_1039	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	FJ639737
Dengue_1040	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	FJ639738
Dengue_1041	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	FJ639739
Dengue_1042	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	FJ639740
Dengue_1043	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	FJ639741
Dengue_1044	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	FJ639742
Dengue_1045	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	FJ639743
Dengue_1046	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	FJ639744
Dengue_1047	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	FJ639745
Dengue_1048	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ639746
Dengue_1049	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ639747
Dengue_1050	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	FJ639748
Dengue_1051	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ639749
Dengue_1052	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ639750
Dengue_1053	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ639751
Dengue_1054	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ639753
Dengue_1055	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ639754
Dengue_1056	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ639756
Dengue_1057	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ639757
Dengue_1058	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ639758
Dengue_1059	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ639759

Dengue_1060	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ639760
Dengue_1061	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ639761
Dengue_1062	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ639762
Dengue_1063	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ639763
Dengue_1064	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	FJ639764
Dengue_1065	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ639765
Dengue_1066	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ639766
Dengue_1067	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ639767
Dengue_1068	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ639768
Dengue_1069	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ639769
Dengue_1070	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ639770
Dengue_1071	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ639771
Dengue_1072	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ639772
Dengue_1073	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	FJ639773
Dengue_1074	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ639774
Dengue_1075	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ639775
Dengue_1076	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ639776
Dengue_1077	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ639777
Dengue_1078	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ639778
Dengue_1079	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ639779
Dengue_1080	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ639780
Dengue_1081	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ639781
Dengue_1082	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ639782
Dengue_1083	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ639783
Dengue_1084	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ639784
Dengue_1085	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ639785
Dengue_1086	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ639786
Dengue_1087	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ639787
Dengue_1088	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ639788
Dengue_1089	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ639789
Dengue_1090	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ639790
Dengue_1091	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ639791
Dengue_1092	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ639792
Dengue_1093	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ639793
Dengue_1094	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	FJ639794
Dengue_1095	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ639795
Dengue_1096	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	FJ639796
Dengue_1097	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	FJ639797
Dengue_1098	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ639798
Dengue_1099	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ639799
Dengue_1100	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ639800
Dengue_1101	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ639801
Dengue_1102	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	FJ639802
Dengue_1103	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ639803
Dengue_1104	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ639804
Dengue_1105	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ639805
Dengue_1106	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	FJ639806
Dengue_1107	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ639807
Dengue_1108	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	FJ639808
Dengue_1109	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ639809
Dengue_1110	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ639810
Dengue_1111	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	FJ639811
Dengue_1112	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	FJ639812
Dengue_1113	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	FJ639813
Dengue_1114	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	FJ639814
Dengue_1115	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	FJ639815

Dengue_1116	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ639816
Dengue_1117	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ639817
Dengue_1118	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	FJ639818
Dengue_1119	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	FJ639819
Dengue_1120	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	FJ639820
Dengue_1121	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	FJ639821
Dengue_1122	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ639822
Dengue_1123	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	FJ639823
Dengue_1124	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	FJ639824
Dengue_1125	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ639825
Dengue_1126	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ639826
Dengue_1127	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FJ639828
Dengue_1128	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FJ639829
Dengue_1129	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FJ639830
Dengue_1130	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FJ639831
Dengue_1131	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FJ639832
Dengue_1132	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ639833
Dengue_1133	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ639835
Dengue_1134	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ639836
Dengue_1135	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ639837
Dengue_1136	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ687426
Dengue_1137	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ687428
Dengue_1138	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ687429
Dengue_1139	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ687430
Dengue_1140	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ687432
Dengue_1141	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ687433
Dengue_1142	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FJ687435
Dengue_1143	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FJ687437
Dengue_1144	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FJ687438
Dengue_1145	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FJ687439
Dengue_1146	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FJ687440
Dengue_1147	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FJ687441
Dengue_1148	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FJ687442
Dengue_1149	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FJ687443
Dengue_1150	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FJ687444
Dengue_1151	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FJ687445
Dengue_1152	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FJ687446
Dengue_1153	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FJ687447
Dengue_1154	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	FJ687448
Dengue_1155	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ744700
Dengue_1156	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	FJ744701
Dengue_1157	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ744702
Dengue_1158	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ744703
Dengue_1159	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ744704
Dengue_1160	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ744705
Dengue_1161	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ744706
Dengue_1162	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ744707
Dengue_1163	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ744708
Dengue_1164	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ744709
Dengue_1165	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FJ744710
Dengue_1166	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FJ744711
Dengue_1167	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FJ744713
Dengue_1168	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FJ744714
Dengue_1169	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FJ744715
Dengue_1170	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FJ744716
Dengue_1171	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FJ744717

Dengue_1172	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FJ744718
Dengue_1173	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FJ744719
Dengue_1174	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FJ744721
Dengue_1175	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FJ744722
Dengue_1176	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FJ744723
Dengue_1177	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FJ744724
Dengue_1178	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FJ744725
Dengue_1179	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	FJ744726
Dengue_1180	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	FJ744729
Dengue_1181	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	FJ744730
Dengue_1182	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	FJ744731
Dengue_1183	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	FJ744732
Dengue_1184	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	FJ744733
Dengue_1185	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	FJ744734
Dengue_1186	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	FJ744735
Dengue_1187	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	FJ744737
Dengue_1188	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	FJ744739
Dengue_1189	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	FJ744740
Dengue_1190	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ744741
Dengue_1191	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ744742
Dengue_1192	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ744743
Dengue_1193	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ744744
Dengue_1194	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ744745
Dengue_1195	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FJ810409
Dengue_1196	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FJ810410
Dengue_1197	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FJ810411
Dengue_1198	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FJ810412
Dengue_1199	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	FJ810413
Dengue_1200	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	FJ810414
Dengue_1201	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	FJ810415
Dengue_1202	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ810416
Dengue_1203	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	FJ810417
Dengue_1204	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ810418
Dengue_1205	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	FJ810419
Dengue_1206	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ850048
Dengue_1207	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ850049
Dengue_1208	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ850050
Dengue_1209	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ850051
Dengue_1210	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ850052
Dengue_1211	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ850053
Dengue_1212	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ850055
Dengue_1213	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	FJ850057
Dengue_1214	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	FJ850058
Dengue_1215	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	FJ850059
Dengue_1216	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ850060
Dengue_1217	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ850061
Dengue_1218	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ850062
Dengue_1219	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ850063
Dengue_1220	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ850064
Dengue_1221	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ850065
Dengue_1222	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ850066
Dengue_1223	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ850067
Dengue_1224	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ850068
Dengue_1225	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ850069
Dengue_1226	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	FJ850070
Dengue_1227	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	FJ850071

Dengue_1228	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ850072
Dengue_1229	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	FJ850073
Dengue_1230	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ850074
Dengue_1231	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	FJ850075
Dengue_1232	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ850076
Dengue_1233	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	FJ850077
Dengue_1234	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ850078
Dengue_1235	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ850079
Dengue_1236	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	FJ850081
Dengue_1237	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ850082
Dengue_1238	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ850083
Dengue_1239	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	FJ850084
Dengue_1240	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ850085
Dengue_1241	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ850086
Dengue_1242	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	FJ850087
Dengue_1243	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ850088
Dengue_1244	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ850089
Dengue_1245	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	FJ850090
Dengue_1246	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ850092
Dengue_1247	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	FJ850093
Dengue_1248	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ850094
Dengue_1249	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	FJ850095
Dengue_1250	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ850096
Dengue_1251	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ850097
Dengue_1252	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ850098
Dengue_1253	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	FJ850099
Dengue_1254	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	FJ850100
Dengue_1255	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	FJ850103
Dengue_1256	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	FJ850104
Dengue_1257	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ850105
Dengue_1258	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ850106
Dengue_1259	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ850107
Dengue_1260	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ850108
Dengue_1261	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ850109
Dengue_1262	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ850110
Dengue_1263	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ850111
Dengue_1264	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ850112
Dengue_1265	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	FJ850113
Dengue_1266	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	FJ850114
Dengue_1267	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ850115
Dengue_1268	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ850116
Dengue_1269	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ850117
Dengue_1270	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ850118
Dengue_1271	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ850119
Dengue_1272	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ850120
Dengue_1273	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ850121
Dengue_1274	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FJ859028
Dengue_1275	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ859029
Dengue_1276	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ873808
Dengue_1277	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	FJ873810
Dengue_1278	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FJ873811
Dengue_1279	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ873812
Dengue_1280	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ873813
Dengue_1281	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	FJ873814
Dengue_1282	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ882515
Dengue_1283	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ882516

Dengue_1284	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ882517
Dengue_1285	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ882518
Dengue_1286	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ882519
Dengue_1287	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ882520
Dengue_1288	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ882521
Dengue_1289	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ882523
Dengue_1290	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ882524
Dengue_1291	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ882525
Dengue_1292	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ882526
Dengue_1293	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ882527
Dengue_1294	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ882528
Dengue_1295	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ882529
Dengue_1296	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ882530
Dengue_1297	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ882531
Dengue_1298	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ882532
Dengue_1299	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ882533
Dengue_1300	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ882534
Dengue_1301	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ882535
Dengue_1302	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ882536
Dengue_1303	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ882537
Dengue_1304	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ882538
Dengue_1305	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ882540
Dengue_1306	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ882541
Dengue_1307	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ882542
Dengue_1308	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ882543
Dengue_1309	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ882544
Dengue_1310	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ882545
Dengue_1311	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ882546
Dengue_1312	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ882547
Dengue_1313	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ882548
Dengue_1314	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ882549
Dengue_1315	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ882550
Dengue_1316	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ882551
Dengue_1317	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ882552
Dengue_1318	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ882553
Dengue_1319	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ882554
Dengue_1320	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ882555
Dengue_1321	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ882556
Dengue_1322	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ882557
Dengue_1323	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ882558
Dengue_1324	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ882559
Dengue_1325	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ882560
Dengue_1326	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ882561
Dengue_1327	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ882562
Dengue_1328	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ882563
Dengue_1329	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ882564
Dengue_1330	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ882565
Dengue_1331	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ882566
Dengue_1332	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ882567
Dengue_1333	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ882568
Dengue_1334	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ882569
Dengue_1335	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ882570
Dengue_1336	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ882571
Dengue_1337	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ882572
Dengue_1338	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ882573
Dengue_1339	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ882574

Dengue_1340	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ882575
Dengue_1341	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ882576
Dengue_1342	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ882577
Dengue_1343	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ882578
Dengue_1344	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	FJ882579
Dengue_1345	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	FJ882580
Dengue_1346	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	FJ882581
Dengue_1347	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	FJ882582
Dengue_1348	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	FJ882584
Dengue_1349	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	FJ882585
Dengue_1350	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	FJ882586
Dengue_1351	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	FJ882587
Dengue_1352	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	FJ882588
Dengue_1353	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	FJ882589
Dengue_1354	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	FJ882592
Dengue_1355	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ882593
Dengue_1356	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ882594
Dengue_1357	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	FJ882595
Dengue_1358	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	FJ882596
Dengue_1359	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	FJ882597
Dengue_1360	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	FJ882598
Dengue_1361	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	FJ882601
Dengue_1362	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	FJ882602
Dengue_1363	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ898371
Dengue_1364	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ898372
Dengue_1365	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ898373
Dengue_1366	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ898374
Dengue_1367	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ898375
Dengue_1368	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ898376
Dengue_1369	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ898377
Dengue_1370	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ898378
Dengue_1371	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ898379
Dengue_1372	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ898380
Dengue_1373	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ898381
Dengue_1374	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ898382
Dengue_1375	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ898383
Dengue_1376	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ898384
Dengue_1377	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ898385
Dengue_1378	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ898386
Dengue_1379	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ898387
Dengue_1380	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ898388
Dengue_1381	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ898389
Dengue_1382	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ898390
Dengue_1383	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ898391
Dengue_1384	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ898393
Dengue_1385	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ898394
Dengue_1386	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ898395
Dengue_1387	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ898396
Dengue_1388	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ898397
Dengue_1389	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ898398
Dengue_1390	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ898399
Dengue_1391	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ898400
Dengue_1392	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ898401
Dengue_1393	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ898402
Dengue_1394	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ898403
Dengue_1395	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ898404

Dengue_1396	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ898405
Dengue_1397	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ898406
Dengue_1398	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ898407
Dengue_1399	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ898408
Dengue_1400	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ898409
Dengue_1401	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ898410
Dengue_1402	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ898412
Dengue_1403	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ898413
Dengue_1404	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ898414
Dengue_1405	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ898415
Dengue_1406	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ898416
Dengue_1407	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ898417
Dengue_1408	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ898418
Dengue_1409	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ898419
Dengue_1410	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ898420
Dengue_1411	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ898421
Dengue_1412	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ898422
Dengue_1413	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ898423
Dengue_1414	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ898425
Dengue_1415	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ898426
Dengue_1416	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ898427
Dengue_1417	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ898428
Dengue_1418	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ898429
Dengue_1419	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ898431
Dengue_1420	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ898432
Dengue_1421	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	FJ898433
Dengue_1422	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ898436
Dengue_1423	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ898438
Dengue_1424	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ898439
Dengue_1425	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ898440
Dengue_1426	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ898441
Dengue_1427	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ898442
Dengue_1428	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ898443
Dengue_1429	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ898445
Dengue_1430	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ898446
Dengue_1431	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ898447
Dengue_1432	fasta	DENV_1_IV	DENV_1_IV	FJ898448
Dengue_1433	fasta	DENV_2_I	DENV_2_I	FJ898449
Dengue_1434	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ898450
Dengue_1435	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ898451
Dengue_1436	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FJ898452
Dengue_1437	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ898453
Dengue_1438	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	FJ898454
Dengue_1439	fasta	DENV_3_I	DENV_3_I	FJ898455
Dengue_1440	fasta	DENV_3_I	DENV_3_I	FJ898456
Dengue_1441	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ898457
Dengue_1442	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ898458
Dengue_1443	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ898459
Dengue_1444	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ898460
Dengue_1445	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ898461
Dengue_1446	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ898462
Dengue_1447	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ898463
Dengue_1448	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ898464
Dengue_1449	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ898465
Dengue_1450	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ898466
Dengue_1451	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ898467

Dengue_1452	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ898468
Dengue_1453	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ898469
Dengue_1454	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ898470
Dengue_1455	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ898471
Dengue_1456	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ898472
Dengue_1457	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ898473
Dengue_1458	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ898474
Dengue_1459	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ898475
Dengue_1460	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ898476
Dengue_1461	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ898477
Dengue_1462	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ898478
Dengue_1463	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ906728
Dengue_1464	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ906956
Dengue_1465	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FJ906957
Dengue_1466	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FJ906958
Dengue_1467	fasta	DENV_2_IV	DENV_2_IV	FJ906959
Dengue_1468	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ906961
Dengue_1469	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FJ906962
Dengue_1470	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ906963
Dengue_1471	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ906964
Dengue_1472	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	FJ906965
Dengue_1473	fasta	DENV_2_IV	DENV_2_IV	FJ906966
Dengue_1474	fasta	DENV_2_IV	DENV_2_IV	FJ906968
Dengue_1475	fasta	DENV_2_IV	DENV_2_IV	FJ906969
Dengue_1476	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	FJ913015
Dengue_1477	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FM210204
Dengue_1478	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FM210205
Dengue_1479	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FM210206
Dengue_1480	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FM210207
Dengue_1481	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FM210212
Dengue_1482	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FM210213
Dengue_1483	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FM210215
Dengue_1484	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FM210216
Dengue_1485	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FM210217
Dengue_1486	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FM210224
Dengue_1487	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FM210225
Dengue_1488	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FM210226
Dengue_1489	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FM210227
Dengue_1490	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FM210228
Dengue_1491	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FM210229
Dengue_1492	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FM210230
Dengue_1493	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FM210231
Dengue_1494	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FM210232
Dengue_1495	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FM210233
Dengue_1496	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FM210234
Dengue_1497	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FM210235
Dengue_1498	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FM210238
Dengue_1499	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FM210239
Dengue_1500	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FM210241
Dengue_1501	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FM210242
Dengue_1502	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FM210243
Dengue_1503	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	FM210244
Dengue_1504	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FM210245
Dengue_1505	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	FM210246
Dengue_1506	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ199771
Dengue_1507	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ199772

Dengue_1508	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ199773
Dengue_1509	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ199774
Dengue_1510	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ199775
Dengue_1511	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ199776
Dengue_1512	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ199777
Dengue_1513	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ199778
Dengue_1514	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ199779
Dengue_1515	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ199780
Dengue_1516	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ199781
Dengue_1517	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ199782
Dengue_1518	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ199783
Dengue_1519	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ199784
Dengue_1520	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ199785
Dengue_1521	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ199786
Dengue_1522	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ199787
Dengue_1523	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ199788
Dengue_1524	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ199789
Dengue_1525	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ199790
Dengue_1526	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ199791
Dengue_1527	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ199792
Dengue_1528	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ199793
Dengue_1529	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ199794
Dengue_1530	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ199795
Dengue_1531	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ199796
Dengue_1532	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ199797
Dengue_1533	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ199798
Dengue_1534	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ199799
Dengue_1535	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ199800
Dengue_1536	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ199801
Dengue_1537	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ199802
Dengue_1538	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ199803
Dengue_1539	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ199804
Dengue_1540	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ199805
Dengue_1541	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ199806
Dengue_1542	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ199807
Dengue_1543	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ199808
Dengue_1544	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ199809
Dengue_1545	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ199810
Dengue_1546	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ199811
Dengue_1547	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ199812
Dengue_1548	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ199813
Dengue_1549	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ199814
Dengue_1550	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ199815
Dengue_1551	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ199816
Dengue_1552	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ199817
Dengue_1553	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ199818
Dengue_1554	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ199819
Dengue_1555	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ199820
Dengue_1556	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ199821
Dengue_1557	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ199822
Dengue_1558	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ199823
Dengue_1559	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ199824
Dengue_1560	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ199825
Dengue_1561	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ199826
Dengue_1562	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ199827
Dengue_1563	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ199828

Dengue_1564	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ199829
Dengue_1565	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ199830
Dengue_1566	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ199831
Dengue_1567	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ199832
Dengue_1568	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ199833
Dengue_1569	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ199834
Dengue_1570	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ199835
Dengue_1571	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ199836
Dengue_1572	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ199837
Dengue_1573	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ199838
Dengue_1574	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ199839
Dengue_1575	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ199840
Dengue_1576	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ199841
Dengue_1577	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ199842
Dengue_1578	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ199843
Dengue_1579	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ199845
Dengue_1580	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ199846
Dengue_1581	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ199847
Dengue_1582	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ199848
Dengue_1583	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ199849
Dengue_1584	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ199850
Dengue_1585	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ199851
Dengue_1586	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ199852
Dengue_1587	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ199853
Dengue_1588	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ199854
Dengue_1589	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ199855
Dengue_1590	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ199856
Dengue_1591	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GQ199857
Dengue_1592	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GQ199858
Dengue_1593	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GQ199859
Dengue_1594	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	GQ199860
Dengue_1595	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	GQ199861
Dengue_1596	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	GQ199862
Dengue_1597	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	GQ199863
Dengue_1598	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	GQ199864
Dengue_1599	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	GQ199865
Dengue_1600	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GQ199867
Dengue_1601	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	GQ199869
Dengue_1602	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	GQ199870
Dengue_1603	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	GQ199871
Dengue_1604	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GQ199872
Dengue_1605	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GQ199873
Dengue_1606	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	GQ199874
Dengue_1607	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GQ199875
Dengue_1608	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	GQ199876
Dengue_1609	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GQ199877
Dengue_1610	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	GQ199878
Dengue_1611	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	GQ199879
Dengue_1612	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	GQ199880
Dengue_1613	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	GQ199881
Dengue_1614	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	GQ199882
Dengue_1615	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	GQ199883
Dengue_1616	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	GQ199884
Dengue_1617	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	GQ199885
Dengue_1618	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	GQ199886
Dengue_1619	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	GQ199887

Dengue_1620	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	GQ199888
Dengue_1621	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	GQ199889
Dengue_1622	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	GQ199890
Dengue_1623	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	GQ199891
Dengue_1624	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	GQ199892
Dengue_1625	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	GQ199893
Dengue_1626	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	GQ199894
Dengue_1627	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	GQ199895
Dengue_1628	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	GQ199896
Dengue_1629	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	GQ199897
Dengue_1630	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	GQ199898
Dengue_1631	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	GQ252674
Dengue_1632	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	GQ252675
Dengue_1633	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	GQ252676
Dengue_1634	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	GQ252677
Dengue_1635	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	GQ252678
Dengue_1636	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GQ357692
Dengue_1637	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ398255
Dengue_1638	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	GQ398256
Dengue_1639	fasta	DENV_2_I	DENV_2_I	GQ398257
Dengue_1640	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	GQ398258
Dengue_1641	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	GQ398259
Dengue_1642	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	GQ398260
Dengue_1643	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	GQ398261
Dengue_1644	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	GQ398262
Dengue_1645	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	GQ398263
Dengue_1646	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	GQ398264
Dengue_1647	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	GQ398265
Dengue_1648	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	GQ398266
Dengue_1649	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	GQ398267
Dengue_1650	fasta	DENV_2_IV	DENV_2_IV	GQ398268
Dengue_1651	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	GQ398272
Dengue_1652	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	GQ398273
Dengue_1653	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	GQ398274
Dengue_1654	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	GQ398275
Dengue_1655	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	GQ398276
Dengue_1656	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	GQ398277
Dengue_1657	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	GQ398278
Dengue_1658	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	GQ398279
Dengue_1659	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	GQ398280
Dengue_1660	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	GQ398281
Dengue_1661	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	GQ398283
Dengue_1662	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	GQ398284
Dengue_1663	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	GQ398285
Dengue_1664	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	GQ398286
Dengue_1665	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	GQ398287
Dengue_1666	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	GQ398289
Dengue_1667	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	GQ398290
Dengue_1668	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	GQ398291
Dengue_1669	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	GQ398292
Dengue_1670	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	GQ398293
Dengue_1671	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	GQ398294
Dengue_1672	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	GQ398295
Dengue_1673	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	GQ398296
Dengue_1674	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	GQ398297
Dengue_1675	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	GQ398298

Dengue_1676	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	GQ398299
Dengue_1677	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	GQ398300
Dengue_1678	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	GQ398301
Dengue_1679	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	GQ398302
Dengue_1680	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	GQ398303
Dengue_1681	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	GQ398304
Dengue_1682	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	GQ398305
Dengue_1683	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	GQ398306
Dengue_1684	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	GQ398307
Dengue_1685	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	GQ398308
Dengue_1686	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	GQ398309
Dengue_1687	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	GQ398310
Dengue_1688	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	GQ398311
Dengue_1689	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	GQ398312
Dengue_1690	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	GQ398313
Dengue_1691	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	GQ398314
Dengue_1692	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	GQ466079
Dengue_1693	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	GQ868497
Dengue_1694	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GQ868498
Dengue_1695	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GQ868499
Dengue_1696	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GQ868500
Dengue_1697	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GQ868501
Dengue_1698	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GQ868502
Dengue_1699	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GQ868503
Dengue_1700	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GQ868504
Dengue_1701	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GQ868505
Dengue_1702	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GQ868506
Dengue_1703	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GQ868507
Dengue_1704	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GQ868508
Dengue_1705	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GQ868509
Dengue_1706	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GQ868510
Dengue_1707	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GQ868511
Dengue_1708	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GQ868512
Dengue_1709	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GQ868513
Dengue_1710	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GQ868514
Dengue_1711	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	GQ868515
Dengue_1712	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	GQ868516
Dengue_1713	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GQ868517
Dengue_1714	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GQ868518
Dengue_1715	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GQ868519
Dengue_1716	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GQ868520
Dengue_1717	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GQ868521
Dengue_1718	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GQ868522
Dengue_1719	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GQ868523
Dengue_1720	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GQ868524
Dengue_1721	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GQ868525
Dengue_1722	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GQ868526
Dengue_1723	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GQ868527
Dengue_1724	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GQ868528
Dengue_1725	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GQ868529
Dengue_1726	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GQ868530
Dengue_1727	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GQ868531
Dengue_1728	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GQ868532
Dengue_1729	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GQ868533
Dengue_1730	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GQ868534
Dengue_1731	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GQ868535

Dengue_1732	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GQ868536
Dengue_1733	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GQ868537
Dengue_1734	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GQ868538
Dengue_1735	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GQ868539
Dengue_1736	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	GQ868540
Dengue_1737	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	GQ868541
Dengue_1738	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	GQ868542
Dengue_1739	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	GQ868543
Dengue_1740	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	GQ868544
Dengue_1741	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	GQ868545
Dengue_1742	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	GQ868546
Dengue_1743	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	GQ868547
Dengue_1744	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	GQ868548
Dengue_1745	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	GQ868549
Dengue_1746	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	GQ868550
Dengue_1747	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	GQ868551
Dengue_1748	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	GQ868552
Dengue_1749	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	GQ868553
Dengue_1750	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	GQ868554
Dengue_1751	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	GQ868555
Dengue_1752	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	GQ868556
Dengue_1753	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	GQ868557
Dengue_1754	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	GQ868558
Dengue_1755	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GQ868559
Dengue_1756	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GQ868560
Dengue_1757	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GQ868561
Dengue_1758	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GQ868562
Dengue_1759	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GQ868563
Dengue_1760	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GQ868564
Dengue_1761	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GQ868565
Dengue_1762	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GQ868566
Dengue_1763	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GQ868567
Dengue_1764	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GQ868568
Dengue_1765	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GQ868569
Dengue_1766	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GQ868570
Dengue_1767	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	GQ868571
Dengue_1768	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	GQ868572
Dengue_1769	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	GQ868573
Dengue_1770	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	GQ868574
Dengue_1771	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	GQ868575
Dengue_1772	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	GQ868576
Dengue_1773	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	GQ868577
Dengue_1774	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	GQ868578
Dengue_1775	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	GQ868579
Dengue_1776	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	GQ868580
Dengue_1777	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	GQ868583
Dengue_1778	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	GQ868584
Dengue_1779	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	GQ868585
Dengue_1780	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	GQ868586
Dengue_1781	fasta	DENV_2_I	DENV_2_I	GQ868588
Dengue_1782	fasta	DENV_2_I	DENV_2_I	GQ868590
Dengue_1783	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	GQ868591
Dengue_1784	fasta	DENV_2_I	DENV_2_I	GQ868592
Dengue_1785	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	GQ868593
Dengue_1786	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	GQ868594
Dengue_1787	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	GQ868595

Dengue_1788	fasta	DENV_2_I	DENV_2_I	GQ868599
Dengue_1789	fasta	DENV_2_I	DENV_2_I	GQ868600
Dengue_1790	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GQ868601
Dengue_1791	fasta	DENV_1_IV	DENV_1_IV	GQ868602
Dengue_1792	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	GQ868603
Dengue_1793	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	GQ868604
Dengue_1794	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ868605
Dengue_1795	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ868606
Dengue_1796	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ868607
Dengue_1797	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ868608
Dengue_1798	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ868609
Dengue_1799	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ868610
Dengue_1800	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ868611
Dengue_1801	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ868612
Dengue_1802	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ868613
Dengue_1803	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ868614
Dengue_1804	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ868615
Dengue_1805	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	GQ868616
Dengue_1806	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ868618
Dengue_1807	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ868619
Dengue_1808	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	GQ868620
Dengue_1809	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	GQ868621
Dengue_1810	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	GQ868622
Dengue_1811	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	GQ868623
Dengue_1812	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	GQ868624
Dengue_1813	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	GQ868625
Dengue_1814	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	GQ868626
Dengue_1815	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	GQ868627
Dengue_1816	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	GQ868628
Dengue_1817	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	GQ868629
Dengue_1818	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ868630
Dengue_1819	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	GQ868631
Dengue_1820	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ868632
Dengue_1821	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ868633
Dengue_1822	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	GQ868634
Dengue_1823	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ868635
Dengue_1824	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ868636
Dengue_1825	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ868637
Dengue_1826	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	GQ868638
Dengue_1827	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GQ868639
Dengue_1828	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	GQ868640
Dengue_1829	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	GQ868641
Dengue_1830	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	GQ868642
Dengue_1831	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	GQ868643
Dengue_1832	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	GQ868645
Dengue_1833	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	GQ868646
Dengue_1834	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GU056029
Dengue_1835	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GU056030
Dengue_1836	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GU056031
Dengue_1837	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GU056032
Dengue_1838	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GU056033
Dengue_1839	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131678
Dengue_1840	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131679
Dengue_1841	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131680
Dengue_1842	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131681
Dengue_1843	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131682

Dengue_1844	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131683
Dengue_1845	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131684
Dengue_1846	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131685
Dengue_1847	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131686
Dengue_1848	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131687
Dengue_1849	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131688
Dengue_1850	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131689
Dengue_1851	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131690
Dengue_1852	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131691
Dengue_1853	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131692
Dengue_1854	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131693
Dengue_1855	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131694
Dengue_1856	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131695
Dengue_1857	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131696
Dengue_1858	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131697
Dengue_1859	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131698
Dengue_1860	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131700
Dengue_1861	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131701
Dengue_1862	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131702
Dengue_1863	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131703
Dengue_1864	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131704
Dengue_1865	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131705
Dengue_1866	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131706
Dengue_1867	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131708
Dengue_1868	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131709
Dengue_1869	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131710
Dengue_1870	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131711
Dengue_1871	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131712
Dengue_1872	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131713
Dengue_1873	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131714
Dengue_1874	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131715
Dengue_1875	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131716
Dengue_1876	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131717
Dengue_1877	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131718
Dengue_1878	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131719
Dengue_1879	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131720
Dengue_1880	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131721
Dengue_1881	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131722
Dengue_1882	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131723
Dengue_1883	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131724
Dengue_1884	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131725
Dengue_1885	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131726
Dengue_1886	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131727
Dengue_1887	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131728
Dengue_1888	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131729
Dengue_1889	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131730
Dengue_1890	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131731
Dengue_1891	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131732
Dengue_1892	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131733
Dengue_1893	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131734
Dengue_1894	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131735
Dengue_1895	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131736
Dengue_1896	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131737
Dengue_1897	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131738
Dengue_1898	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131739
Dengue_1899	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131740

Dengue_1900	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131741
Dengue_1901	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131742
Dengue_1902	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131743
Dengue_1903	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131744
Dengue_1904	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131745
Dengue_1905	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131746
Dengue_1906	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131747
Dengue_1907	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131748
Dengue_1908	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131749
Dengue_1909	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131750
Dengue_1910	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131751
Dengue_1911	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131752
Dengue_1912	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131753
Dengue_1913	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131754
Dengue_1914	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131755
Dengue_1915	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131756
Dengue_1916	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131757
Dengue_1917	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131758
Dengue_1918	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131759
Dengue_1919	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131760
Dengue_1920	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131761
Dengue_1921	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131762
Dengue_1922	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131763
Dengue_1923	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131764
Dengue_1924	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131765
Dengue_1925	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131766
Dengue_1926	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131767
Dengue_1927	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131768
Dengue_1928	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131769
Dengue_1929	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131770
Dengue_1930	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131771
Dengue_1931	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131772
Dengue_1932	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131773
Dengue_1933	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131774
Dengue_1934	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131775
Dengue_1935	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131776
Dengue_1936	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131777
Dengue_1937	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131778
Dengue_1938	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131779
Dengue_1939	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131780
Dengue_1940	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131781
Dengue_1941	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131782
Dengue_1942	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131783
Dengue_1943	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131784
Dengue_1944	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131785
Dengue_1945	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131786
Dengue_1946	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131787
Dengue_1947	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131788
Dengue_1948	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131789
Dengue_1949	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131790
Dengue_1950	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131791
Dengue_1951	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131792
Dengue_1952	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131793
Dengue_1953	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131794
Dengue_1954	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131795
Dengue_1955	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131796

Dengue_1956	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131797
Dengue_1957	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131798
Dengue_1958	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131799
Dengue_1959	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131800
Dengue_1960	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131801
Dengue_1961	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131802
Dengue_1962	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131803
Dengue_1963	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131804
Dengue_1964	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131805
Dengue_1965	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131806
Dengue_1966	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131807
Dengue_1967	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131808
Dengue_1968	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131809
Dengue_1969	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131810
Dengue_1970	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131811
Dengue_1971	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131812
Dengue_1972	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131813
Dengue_1973	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131814
Dengue_1974	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131815
Dengue_1975	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131816
Dengue_1976	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131817
Dengue_1977	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131818
Dengue_1978	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131819
Dengue_1979	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131820
Dengue_1980	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131821
Dengue_1981	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131822
Dengue_1982	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131823
Dengue_1983	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131824
Dengue_1984	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131825
Dengue_1985	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131826
Dengue_1986	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131827
Dengue_1987	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131828
Dengue_1988	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131829
Dengue_1989	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131830
Dengue_1990	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131831
Dengue_1991	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GU131833
Dengue_1992	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GU131834
Dengue_1993	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GU131835
Dengue_1994	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GU131836
Dengue_1995	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GU131837
Dengue_1996	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GU131838
Dengue_1997	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GU131839
Dengue_1998	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GU131840
Dengue_1999	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GU131841
Dengue_2000	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	GU131844
Dengue_2001	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	GU131845
Dengue_2002	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	GU131846
Dengue_2003	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	GU131847
Dengue_2004	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	GU131848
Dengue_2005	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	GU131849
Dengue_2006	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	GU131850
Dengue_2007	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	GU131851
Dengue_2008	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	GU131852
Dengue_2009	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	GU131853
Dengue_2010	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	GU131854
Dengue_2011	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	GU131857

Dengue_2012	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	GU131858
Dengue_2013	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	GU131860
Dengue_2014	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	GU131861
Dengue_2015	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	GU131862
Dengue_2016	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GU131863
Dengue_2017	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	GU131864
Dengue_2018	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	GU131865
Dengue_2019	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	GU131866
Dengue_2020	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	GU131868
Dengue_2021	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	GU131869
Dengue_2022	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	GU131870
Dengue_2023	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	GU131871
Dengue_2024	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	GU131872
Dengue_2025	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	GU131873
Dengue_2026	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	GU131874
Dengue_2027	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	GU131875
Dengue_2028	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	GU131876
Dengue_2029	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	GU131877
Dengue_2030	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	GU131878
Dengue_2031	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	GU131881
Dengue_2032	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	GU131882
Dengue_2033	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	GU131883
Dengue_2034	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	GU131884
Dengue_2035	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131887
Dengue_2036	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131888
Dengue_2037	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131889
Dengue_2038	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131890
Dengue_2039	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131891
Dengue_2040	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131892
Dengue_2041	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131893
Dengue_2042	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131894
Dengue_2043	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131895
Dengue_2044	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	GU131896
Dengue_2045	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	GU131897
Dengue_2046	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	GU131898
Dengue_2047	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	GU131899
Dengue_2048	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	GU131900
Dengue_2049	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	GU131901
Dengue_2050	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	GU131902
Dengue_2051	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	GU131903
Dengue_2052	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	GU131904
Dengue_2053	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	GU131905
Dengue_2054	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	GU131906
Dengue_2055	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	GU131907
Dengue_2056	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	GU131908
Dengue_2057	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	GU131909
Dengue_2058	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	GU131910
Dengue_2059	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	GU131911
Dengue_2060	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	GU131912
Dengue_2061	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	GU131913
Dengue_2062	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	GU131914
Dengue_2063	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	GU131915
Dengue_2064	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	GU131917
Dengue_2065	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	GU131918
Dengue_2066	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131919
Dengue_2067	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131920

Dengue_2068	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131921
Dengue_2069	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131922
Dengue_2070	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131923
Dengue_2071	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	GU131924
Dengue_2072	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131925
Dengue_2073	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU131926
Dengue_2074	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	GU131927
Dengue_2075	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	GU131928
Dengue_2076	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	GU131929
Dengue_2077	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	GU131930
Dengue_2078	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	GU131931
Dengue_2079	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	GU131932
Dengue_2080	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	GU131933
Dengue_2081	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	GU131934
Dengue_2082	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	GU131935
Dengue_2083	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	GU131936
Dengue_2084	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	GU131937
Dengue_2085	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	GU131938
Dengue_2086	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	GU131939
Dengue_2087	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	GU131940
Dengue_2088	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	GU131941
Dengue_2089	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	GU131942
Dengue_2090	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	GU131943
Dengue_2091	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	GU131944
Dengue_2092	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	GU131945
Dengue_2093	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	GU131946
Dengue_2094	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	GU131947
Dengue_2095	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GU131948
Dengue_2096	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GU131949
Dengue_2097	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	GU131951
Dengue_2098	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	GU131953
Dengue_2099	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	GU131954
Dengue_2100	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	GU131955
Dengue_2101	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GU131956
Dengue_2102	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GU131957
Dengue_2103	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GU131958
Dengue_2104	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	GU131959
Dengue_2105	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GU131960
Dengue_2106	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GU131961
Dengue_2107	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GU131962
Dengue_2108	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GU131963
Dengue_2109	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GU131964
Dengue_2110	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GU131965
Dengue_2111	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GU131966
Dengue_2112	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GU131967
Dengue_2113	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GU131968
Dengue_2114	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GU131969
Dengue_2115	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GU131970
Dengue_2116	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GU131971
Dengue_2117	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GU131972
Dengue_2118	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GU131973
Dengue_2119	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	GU131975
Dengue_2120	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GU131976
Dengue_2121	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GU131977
Dengue_2122	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GU131978
Dengue_2123	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GU131979

Dengue_2124	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GU131980
Dengue_2125	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GU131981
Dengue_2126	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GU131982
Dengue_2127	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	GU131983
Dengue_2128	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	GU189648
Dengue_2129	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	GU289913
Dengue_2130	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	GU289914
Dengue_2131	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	GU363549
Dengue_2132	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	GU369819
Dengue_2133	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU370048
Dengue_2134	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	GU370049
Dengue_2135	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	GU370050
Dengue_2136	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	GU370051
Dengue_2137	fasta	DENV_3_I	DENV_3_I	GU370052
Dengue_2138	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	GU370053
Dengue_2139	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	HE795086
Dengue_2140	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	HM181933
Dengue_2141	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	HM181935
Dengue_2142	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	HM181936
Dengue_2143	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	HM181937
Dengue_2144	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	HM181938
Dengue_2145	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	HM181939
Dengue_2146	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	HM181940
Dengue_2147	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	HM181941
Dengue_2148	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	HM181942
Dengue_2149	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	HM181943
Dengue_2150	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	HM181944
Dengue_2151	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	HM181946
Dengue_2152	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	HM181948
Dengue_2153	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	HM181949
Dengue_2154	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	HM181950
Dengue_2155	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	HM181951
Dengue_2156	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	HM181952
Dengue_2157	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	HM181953
Dengue_2158	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	HM181954
Dengue_2159	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	HM181955
Dengue_2160	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	HM181958
Dengue_2161	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	HM181959
Dengue_2162	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	HM181960
Dengue_2163	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	HM181961
Dengue_2164	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	HM181963
Dengue_2165	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	HM181964
Dengue_2166	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	HM181965
Dengue_2167	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	HM181966
Dengue_2168	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	HM181967
Dengue_2169	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	HM181968
Dengue_2170	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	HM181969
Dengue_2171	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	HM181970
Dengue_2172	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	HM181971
Dengue_2173	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	HM181972
Dengue_2174	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	HM181973
Dengue_2175	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	HM181975
Dengue_2176	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	HM181976
Dengue_2177	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	HM181978
Dengue_2178	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	HM469966
Dengue_2179	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	HM469967

Dengue_2180	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	HM469968
Dengue_2181	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	HM488255
Dengue_2182	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	HM488256
Dengue_2183	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	HM488257
Dengue_2184	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	HM631850
Dengue_2185	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	HM631851
Dengue_2186	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	HM631852
Dengue_2187	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	HM631853
Dengue_2188	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	HM631854
Dengue_2189	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	HM631855
Dengue_2190	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	HM631856
Dengue_2191	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	HM631857
Dengue_2192	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	HM631859
Dengue_2193	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	HM631860
Dengue_2194	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	HM631861
Dengue_2195	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	HM631862
Dengue_2196	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	HM631863
Dengue_2197	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	HM631864
Dengue_2198	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	HM631866
Dengue_2199	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	HM631867
Dengue_2200	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	HM631868
Dengue_2201	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	HM631869
Dengue_2202	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	HM756274
Dengue_2203	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	HM756275
Dengue_2204	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	HM756276
Dengue_2205	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	HM756278
Dengue_2206	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	HM756279
Dengue_2207	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	HM756281
Dengue_2208	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	HM756282
Dengue_2209	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	HQ026763
Dengue_2210	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	HQ166030
Dengue_2211	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	HQ166031
Dengue_2212	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	HQ166033
Dengue_2213	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	HQ166034
Dengue_2214	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	HQ166035
Dengue_2215	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	HQ166036
Dengue_2216	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	HQ235027
Dengue_2217	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	HQ332170
Dengue_2218	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	HQ332172
Dengue_2219	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	HQ332173
Dengue_2220	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	HQ332174
Dengue_2221	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	HQ332175
Dengue_2222	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	HQ332176
Dengue_2223	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	HQ332184
Dengue_2224	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	HQ332185
Dengue_2225	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	HQ332186
Dengue_2226	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	HQ332187
Dengue_2227	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	HQ332188
Dengue_2228	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	HQ332189
Dengue_2229	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	HQ332190
Dengue_2230	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	HQ541786
Dengue_2231	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	HQ541787
Dengue_2232	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	HQ541788
Dengue_2233	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	HQ541789
Dengue_2234	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	HQ541793
Dengue_2235	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	HQ541794

Dengue_2236	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	HQ541795
Dengue_2237	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	HQ541796
Dengue_2238	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	HQ541797
Dengue_2239	fasta	DENV_2_IV	DENV_2_IV	HQ541798
Dengue_2240	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	HQ624983
Dengue_2241	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	HQ624984
Dengue_2242	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	HQ671176
Dengue_2243	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	HQ671177
Dengue_2244	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	HQ671178
Dengue_2245	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	HQ705609
Dengue_2246	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	HQ705610
Dengue_2247	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	HQ705611
Dengue_2248	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	HQ705612
Dengue_2249	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	HQ705613
Dengue_2250	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	HQ705614
Dengue_2251	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	HQ705615
Dengue_2252	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	HQ705616
Dengue_2253	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	HQ705618
Dengue_2254	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	HQ705619
Dengue_2255	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	HQ705620
Dengue_2256	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	HQ705621
Dengue_2257	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	HQ705622
Dengue_2258	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	HQ705623
Dengue_2259	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	HQ705624
Dengue_2260	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	HQ705625
Dengue_2261	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	HQ733861
Dengue_2262	fasta	DENV_2_IV	DENV_2_IV	HQ891023
Dengue_2263	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	HQ891025
Dengue_2264	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	HQ891313
Dengue_2265	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	HQ891314
Dengue_2266	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	HQ891315
Dengue_2267	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	HQ891316
Dengue_2268	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	HQ999999
Dengue_2269	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	J368476
Dengue_2270	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	J819407
Dengue_2271	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	J819408
Dengue_2272	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	J819416
Dengue_2273	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	J819418
Dengue_2274	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	J819419
Dengue_2275	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	J819420
Dengue_2276	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	J819421
Dengue_2277	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	J819422
Dengue_2278	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	J819424
Dengue_2279	fasta	DENV_2_VI	DENV_2_VI	JF260983
Dengue_2280	fasta	DENV_4_IV	DENV_4_IV	JF262779
Dengue_2281	fasta	DENV_4_IV	DENV_4_IV	JF262780
Dengue_2282	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	JF262781
Dengue_2283	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	JF262782
Dengue_2284	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	JF295012
Dengue_2285	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	JF357906
Dengue_2286	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	JF459993
Dengue_2287	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	JF504679
Dengue_2288	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	JF730044
Dengue_2289	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	JF730045
Dengue_2290	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	JF730047
Dengue_2291	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	JF730048

Dengue_2292	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	JF730049
Dengue_2293	fasta	DENV_2_IV	DENV_2_IV	JF730050
Dengue_2294	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	JF730051
Dengue_2295	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	JF730052
Dengue_2296	fasta	DENV_2_IV	DENV_2_IV	JF730053
Dengue_2297	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	JF741967
Dengue_2298	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	JF808118
Dengue_2299	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	JF808119
Dengue_2300	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	JF808120
Dengue_2301	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	JF808121
Dengue_2302	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	JF808122
Dengue_2303	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	JF808123
Dengue_2304	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	JF808124
Dengue_2305	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	JF808125
Dengue_2306	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	JF808126
Dengue_2307	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	JF808127
Dengue_2308	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	JF808128
Dengue_2309	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	JF808129
Dengue_2310	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	JF920396
Dengue_2311	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	JF920397
Dengue_2312	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	JF920398
Dengue_2313	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	JF920399
Dengue_2314	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	JF920400
Dengue_2315	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	JF920401
Dengue_2316	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	JF920402
Dengue_2317	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	JF920403
Dengue_2318	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	JF920404
Dengue_2319	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	JF920405
Dengue_2320	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	JF920406
Dengue_2321	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	JF920407
Dengue_2322	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	JF920408
Dengue_2323	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	JF920409
Dengue_2324	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	JF937596
Dengue_2325	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	JF937597
Dengue_2326	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	JF937598
Dengue_2327	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	JF937599
Dengue_2328	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	JF937602
Dengue_2329	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	JF937603
Dengue_2330	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	JF937604
Dengue_2331	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	JF937605
Dengue_2332	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	JF937606
Dengue_2333	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	JF937607
Dengue_2334	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	JF937608
Dengue_2335	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	JF937609
Dengue_2336	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	JF937610
Dengue_2337	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	JF937611
Dengue_2338	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	JF937612
Dengue_2339	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	JF937613
Dengue_2340	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	JF937614
Dengue_2341	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	JF937615
Dengue_2342	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	JF937616
Dengue_2343	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	JF937617
Dengue_2344	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	JF937618
Dengue_2345	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	JF937619
Dengue_2346	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	JF937620
Dengue_2347	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	JF937621

Dengue_2348	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	JF937622
Dengue_2349	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	JF937623
Dengue_2350	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	JF937624
Dengue_2351	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	JF937625
Dengue_2352	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	JF937626
Dengue_2353	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	JF937627
Dengue_2354	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	JF937628
Dengue_2355	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	JF937629
Dengue_2356	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	JF937630
Dengue_2357	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	JF937631
Dengue_2358	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	JF937632
Dengue_2359	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	JF937633
Dengue_2360	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	JF937634
Dengue_2361	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	JF937635
Dengue_2362	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	JF937636
Dengue_2363	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	JF937637
Dengue_2364	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	JF937638
Dengue_2365	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	JF937639
Dengue_2366	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	JF937640
Dengue_2367	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	JF937641
Dengue_2368	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	JF937642
Dengue_2369	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	JF937643
Dengue_2370	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	JF937644
Dengue_2371	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	JF937645
Dengue_2372	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	JF937646
Dengue_2373	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	JF937647
Dengue_2374	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	JF937648
Dengue_2375	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	JF937649
Dengue_2376	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	JF937650
Dengue_2377	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	JF937651
Dengue_2378	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	JF937652
Dengue_2379	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	JF960211
Dengue_2380	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	JN000935
Dengue_2381	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	JN000936
Dengue_2382	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	JN000937
Dengue_2383	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	JN000938
Dengue_2384	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	JN054255
Dengue_2385	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	JN054256
Dengue_2386	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	JN093513
Dengue_2387	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	JN093515
Dengue_2388	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	JN093516
Dengue_2389	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	JN093517
Dengue_2390	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	JN183884
Dengue_2391	fasta	DENV_1_IV	DENV_1_IV	JN205310
Dengue_2392	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	JN368477
Dengue_2393	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	JN544407
Dengue_2394	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	JN544409
Dengue_2395	fasta	DENV_1_IV	DENV_1_IV	JN544410
Dengue_2396	fasta	DENV_1_IV	DENV_1_IV	JN544411
Dengue_2397	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	JN559740
Dengue_2398	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	JN559741
Dengue_2399	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	JN638570
Dengue_2400	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	JN638571
Dengue_2401	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	JN638572
Dengue_2402	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	JN662391
Dengue_2403	fasta	DENV_1_IV	DENV_1_IV	JN697056

Dengue_2404	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	JN697057
Dengue_2405	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	JN697058
Dengue_2406	fasta	DENV_3_V	DENV_3_V	JN697379
Dengue_2407	fasta	DENV_3_V	DENV_3_V	JN697379
Dengue_2408	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	JN819406
Dengue_2409	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	JN819409
Dengue_2410	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	JN819423
Dengue_2411	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	JN903578
Dengue_2412	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	JN903579
Dengue_2413	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	JN903580
Dengue_2414	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	JN903581
Dengue_2415	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	JN983813
Dengue_2416	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	JQ048541
Dengue_2417	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	JQ287662
Dengue_2418	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	JQ287663
Dengue_2419	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	JQ287664
Dengue_2420	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	JQ287665
Dengue_2421	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	JQ287667
Dengue_2422	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	JQ513330
Dengue_2423	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	JQ513331
Dengue_2424	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	JQ513332
Dengue_2425	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	JQ513333
Dengue_2426	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	JQ513334
Dengue_2427	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	JQ513335
Dengue_2428	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	JQ513336
Dengue_2429	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	JQ513337
Dengue_2430	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	JQ513338
Dengue_2431	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	JQ513339
Dengue_2432	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	JQ513340
Dengue_2433	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	JQ513341
Dengue_2434	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	JQ513342
Dengue_2435	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	JQ513343
Dengue_2436	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	JQ513344
Dengue_2437	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	JQ513345
Dengue_2438	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	JQ692085
Dengue_2439	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	JQ822247
Dengue_2440	fasta	DENV_1_IV	DENV_1_IV	JQ915071
Dengue_2441	fasta	DENV_1_IV	DENV_1_IV	JQ915072
Dengue_2442	fasta	DENV_1_IV	DENV_1_IV	JQ915073
Dengue_2443	fasta	DENV_1_IV	DENV_1_IV	JQ915074
Dengue_2444	fasta	DENV_1_IV	DENV_1_IV	JQ915075
Dengue_2445	fasta	DENV_1_IV	DENV_1_IV	JQ915076
Dengue_2446	fasta	DENV_1_IV	DENV_1_IV	JQ915077
Dengue_2447	fasta	DENV_1_IV	DENV_1_IV	JQ915079
Dengue_2448	fasta	DENV_1_IV	DENV_1_IV	JQ915080
Dengue_2449	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	JQ915081
Dengue_2450	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	JQ915082
Dengue_2451	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	JQ915083
Dengue_2452	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	JQ915084
Dengue_2453	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	JQ915085
Dengue_2454	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	JQ915086
Dengue_2455	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	JQ915087
Dengue_2456	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	JQ915088
Dengue_2457	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	JQ915089
Dengue_2458	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	JQ915090
Dengue_2459	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	JQ917404

Dengue_2460	fasta	DENV_3_I	DENV_3_I	JQ920476
Dengue_2461	fasta	DENV_3_I	DENV_3_I	JQ920477
Dengue_2462	fasta	DENV_3_I	DENV_3_I	JQ920478
Dengue_2463	fasta	DENV_3_I	DENV_3_I	JQ920479
Dengue_2464	fasta	DENV_3_I	DENV_3_I	JQ920480
Dengue_2465	fasta	DENV_3_I	DENV_3_I	JQ920481
Dengue_2466	fasta	DENV_3_I	DENV_3_I	JQ920482
Dengue_2467	fasta	DENV_3_I	DENV_3_I	JQ920483
Dengue_2468	fasta	DENV_3_I	DENV_3_I	JQ920484
Dengue_2469	fasta	DENV_3_I	DENV_3_I	JQ920485
Dengue_2470	fasta	DENV_3_I	DENV_3_I	JQ920486
Dengue_2471	fasta	DENV_3_I	DENV_3_I	JQ920487
Dengue_2472	fasta	DENV_3_I	DENV_3_I	JQ920488
Dengue_2473	fasta	DENV_3_I	DENV_3_I	JQ920489
Dengue_2474	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	JQ922544
Dengue_2475	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	JQ922545
Dengue_2476	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	JQ922546
Dengue_2477	fasta	DENV_1_II	DENV_1_II	JQ922547
Dengue_2478	fasta	DENV_1_II	DENV_1_II	JQ922547
Dengue_2479	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	JQ922548
Dengue_2480	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	JQ922549
Dengue_2481	fasta	DENV_2_I	DENV_2_I	JQ922550
Dengue_2482	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	JQ922551
Dengue_2483	fasta	DENV_2_I	DENV_2_I	JQ922552
Dengue_2484	fasta	DENV_2_I	DENV_2_I	JQ922553
Dengue_2485	fasta	DENV_3_V	DENV_3_V	JQ922554
Dengue_2486	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	JQ922555
Dengue_2487	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	JQ922556
Dengue_2488	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	JQ922557
Dengue_2489	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	JQ922558
Dengue_2490	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	JQ922559
Dengue_2491	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	JQ922560
Dengue_2492	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	JQ955623
Dengue_2493	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	JQ955624
Dengue_2494	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	JX024757
Dengue_2495	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	JX024758
Dengue_2496	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	JX079688
Dengue_2497	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	JX286516
Dengue_2498	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	JX286518
Dengue_2499	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	JX286519
Dengue_2500	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	JX286520
Dengue_2501	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	JX286521
Dengue_2502	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	JX286522
Dengue_2503	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	JX286523
Dengue_2504	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	JX286524
Dengue_2505	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	JX286525
Dengue_2506	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	JX286526
Dengue_2507	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	JX470186
Dengue_2508	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	JX475906
Dengue_2509	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	JX669476
Dengue_2510	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	JX669477
Dengue_2511	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	JX669478
Dengue_2512	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	JX669479
Dengue_2513	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	JX669480
Dengue_2514	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	JX669481
Dengue_2515	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	JX669482

Dengue_2516	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	JX669483
Dengue_2517	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	JX669484
Dengue_2518	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	JX669485
Dengue_2519	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	JX669486
Dengue_2520	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	JX669487
Dengue_2521	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	JX669488
Dengue_2522	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	JX669489
Dengue_2523	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	JX669490
Dengue_2524	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	JX669491
Dengue_2525	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	JX669492
Dengue_2526	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	JX669493
Dengue_2527	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	JX669494
Dengue_2528	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	JX669495
Dengue_2529	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	JX669496
Dengue_2530	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	JX669497
Dengue_2531	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	JX669498
Dengue_2532	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	JX669499
Dengue_2533	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	JX669500
Dengue_2534	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	JX669501
Dengue_2535	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	JX669502
Dengue_2536	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	JX669503
Dengue_2537	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	JX669504
Dengue_2538	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	JX669505
Dengue_2539	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	JX669506
Dengue_2540	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	JX669507
Dengue_2541	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	JX669508
Dengue_2542	fasta	DENV_2_I	DENV_2_I	JX966379
Dengue_2543	fasta	DENV_2_I	DENV_2_I	JX966380
Dengue_2544	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KC131140
Dengue_2545	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KC131141
Dengue_2546	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KC131142
Dengue_2547	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	KC294200
Dengue_2548	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	KC294201
Dengue_2549	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	KC294202
Dengue_2550	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	KC294203
Dengue_2551	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	KC294204
Dengue_2552	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	KC294205
Dengue_2553	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	KC294206
Dengue_2554	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	KC294207
Dengue_2555	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	KC294208
Dengue_2556	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	KC294209
Dengue_2557	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	KC294210
Dengue_2558	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	KC294211
Dengue_2559	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	KC294212
Dengue_2560	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	KC294213
Dengue_2561	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	KC294214
Dengue_2562	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	KC294216
Dengue_2563	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	KC294217
Dengue_2564	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	KC294218
Dengue_2565	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	KC294219
Dengue_2566	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	KC294220
Dengue_2567	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	KC294221
Dengue_2568	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	KC294222
Dengue_2569	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	KC294223
Dengue_2570	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	KC333651
Dengue_2571	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KC425219

Dengue_2572	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KC692495
Dengue_2573	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KC692496
Dengue_2574	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KC692497
Dengue_2575	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KC692498
Dengue_2576	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KC692499
Dengue_2577	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KC692500
Dengue_2578	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KC692501
Dengue_2579	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KC692502
Dengue_2580	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KC692503
Dengue_2581	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KC692504
Dengue_2582	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KC692505
Dengue_2583	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KC692506
Dengue_2584	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KC692507
Dengue_2585	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KC692508
Dengue_2586	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KC692509
Dengue_2587	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KC692510
Dengue_2588	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KC692511
Dengue_2589	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KC692512
Dengue_2590	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KC692513
Dengue_2591	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KC692514
Dengue_2592	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KC692515
Dengue_2593	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KC692516
Dengue_2594	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KC692517
Dengue_2595	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KC759167
Dengue_2596	fasta	DENV_1_IV	DENV_1_IV	KC762620
Dengue_2597	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KC762621
Dengue_2598	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KC762622
Dengue_2599	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KC762623
Dengue_2600	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KC762624
Dengue_2601	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KC762625
Dengue_2602	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KC762626
Dengue_2603	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KC762627
Dengue_2604	fasta	DENV_1_IV	DENV_1_IV	KC762628
Dengue_2605	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KC762629
Dengue_2606	fasta	DENV_1_IV	DENV_1_IV	KC762630
Dengue_2607	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KC762631
Dengue_2608	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KC762632
Dengue_2609	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KC762633
Dengue_2610	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KC762634
Dengue_2611	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KC762635
Dengue_2612	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KC762636
Dengue_2613	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KC762637
Dengue_2614	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KC762638
Dengue_2615	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KC762639
Dengue_2616	fasta	DENV_1_IV	DENV_1_IV	KC762640
Dengue_2617	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KC762641
Dengue_2618	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KC762642
Dengue_2619	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KC762643
Dengue_2620	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KC762644
Dengue_2621	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KC762645
Dengue_2622	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KC762646
Dengue_2623	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KC762647
Dengue_2624	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KC762648
Dengue_2625	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KC762649
Dengue_2626	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KC762650
Dengue_2627	fasta	DENV_1_IV	DENV_1_IV	KC762651

Dengue_2628	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KC762652
Dengue_2629	fasta	DENV_1_IV	DENV_1_IV	KC762653
Dengue_2630	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KC762654
Dengue_2631	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KC762655
Dengue_2632	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KC762656
Dengue_2633	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KC762657
Dengue_2634	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KC762658
Dengue_2635	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KC762659
Dengue_2636	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KC762660
Dengue_2637	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KC762661
Dengue_2638	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KC762662
Dengue_2639	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KC762663
Dengue_2640	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KC762664
Dengue_2641	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KC762665
Dengue_2642	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KC762666
Dengue_2643	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KC762667
Dengue_2644	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KC762668
Dengue_2645	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KC762669
Dengue_2646	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KC762670
Dengue_2647	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KC762671
Dengue_2648	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KC762672
Dengue_2649	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KC762673
Dengue_2650	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KC762674
Dengue_2651	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KC762675
Dengue_2652	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KC762676
Dengue_2653	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KC762677
Dengue_2654	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KC762678
Dengue_2655	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KC762679
Dengue_2656	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KC762680
Dengue_2657	fasta	DENV_3_I	DENV_3_I	KC762681
Dengue_2658	fasta	DENV_3_I	DENV_3_I	KC762682
Dengue_2659	fasta	DENV_3_I	DENV_3_I	KC762683
Dengue_2660	fasta	DENV_3_I	DENV_3_I	KC762684
Dengue_2661	fasta	DENV_3_I	DENV_3_I	KC762685
Dengue_2662	fasta	DENV_3_I	DENV_3_I	KC762686
Dengue_2663	fasta	DENV_3_I	DENV_3_I	KC762687
Dengue_2664	fasta	DENV_3_I	DENV_3_I	KC762688
Dengue_2665	fasta	DENV_3_I	DENV_3_I	KC762689
Dengue_2666	fasta	DENV_3_I	DENV_3_I	KC762690
Dengue_2667	fasta	DENV_3_I	DENV_3_I	KC762691
Dengue_2668	fasta	DENV_3_I	DENV_3_I	KC762692
Dengue_2669	fasta	DENV_3_I	DENV_3_I	KC762693
Dengue_2670	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	KC762694
Dengue_2671	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	KC762695
Dengue_2672	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	KC762696
Dengue_2673	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	KC762697
Dengue_2674	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	KC762698
Dengue_2675	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	KC762699
Dengue_2676	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KF041232
Dengue_2677	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KF041233
Dengue_2678	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KF041234
Dengue_2679	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KF041235
Dengue_2680	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KF041236
Dengue_2681	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KF041237
Dengue_2682	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KF041254
Dengue_2683	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KF041255

Dengue_2684	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KF041256
Dengue_2685	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KF041257
Dengue_2686	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KF041258
Dengue_2687	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KF041259
Dengue_2688	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KF041260
Dengue_2689	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KF289072
Dengue_2690	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KF360005
Dengue_2691	fasta	DENV_2_IV	DENV_2_IV	KF704354
Dengue_2692	fasta	DENV_2_IV	DENV_2_IV	KF704355
Dengue_2693	fasta	DENV_2_IV	DENV_2_IV	KF704356
Dengue_2694	fasta	DENV_2_IV	DENV_2_IV	KF704357
Dengue_2695	fasta	DENV_2_IV	DENV_2_IV	KF704358
Dengue_2696	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KF824902
Dengue_2697	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KF824903
Dengue_2698	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KF887994
Dengue_2699	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	KF907503
Dengue_2700	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KF921916
Dengue_2701	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KF921933
Dengue_2702	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KF921934
Dengue_2703	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KF921935
Dengue_2704	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KF921942
Dengue_2705	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KF921949
Dengue_2706	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KF954945
Dengue_2707	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KF954946
Dengue_2708	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KF954947
Dengue_2709	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KF954948
Dengue_2710	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KF954949
Dengue_2711	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KF955332
Dengue_2712	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KF955333
Dengue_2713	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	KF955359
Dengue_2714	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	KF955360
Dengue_2715	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	KF955362
Dengue_2716	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	KF955363
Dengue_2717	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	KF955364
Dengue_2718	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	KF955366
Dengue_2719	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	KF955369
Dengue_2720	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	KF955372
Dengue_2721	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	KF955373
Dengue_2722	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	KF955395
Dengue_2723	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	KF955401
Dengue_2724	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	KF955402
Dengue_2725	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KF955444
Dengue_2726	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KF955446
Dengue_2727	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KF955456
Dengue_2728	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KF955457
Dengue_2729	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KF955458
Dengue_2730	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KF955459
Dengue_2731	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KF955460
Dengue_2732	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KF955461
Dengue_2733	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KF955462
Dengue_2734	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KF955463
Dengue_2735	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KF955464
Dengue_2736	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KF955465
Dengue_2737	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KF955466
Dengue_2738	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KF955468
Dengue_2739	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KF955471

Dengue_2740	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KF955473
Dengue_2741	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KF955479
Dengue_2742	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KF955486
Dengue_2743	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KF955505
Dengue_2744	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KF955507
Dengue_2745	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KF955510
Dengue_2746	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KF971709
Dengue_2747	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KF971869
Dengue_2748	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KF971870
Dengue_2749	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KF971871
Dengue_2750	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KF973476
Dengue_2751	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KF973477
Dengue_2752	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KF973478
Dengue_2753	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KF973479
Dengue_2754	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KF973480
Dengue_2755	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KF973481
Dengue_2756	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KF973482
Dengue_2757	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KF973483
Dengue_2758	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KF973484
Dengue_2759	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KF973485
Dengue_2760	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KF973486
Dengue_2761	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KJ010186
Dengue_2762	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KJ189256
Dengue_2763	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KJ189257
Dengue_2764	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KJ189258
Dengue_2765	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KJ189259
Dengue_2766	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KJ189260
Dengue_2767	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KJ189261
Dengue_2768	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KJ189262
Dengue_2769	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KJ189263
Dengue_2770	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KJ189265
Dengue_2771	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KJ189266
Dengue_2772	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KJ189267
Dengue_2773	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KJ189268
Dengue_2774	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KJ189269
Dengue_2775	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KJ189270
Dengue_2776	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KJ189271
Dengue_2777	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KJ189272
Dengue_2778	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KJ189273
Dengue_2779	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KJ189274
Dengue_2780	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KJ189275
Dengue_2781	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KJ189276
Dengue_2782	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KJ189277
Dengue_2783	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KJ189278
Dengue_2784	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KJ189279
Dengue_2785	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KJ189280
Dengue_2786	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KJ189281
Dengue_2787	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KJ189282
Dengue_2788	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KJ189283
Dengue_2789	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KJ189284
Dengue_2790	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KJ189285
Dengue_2791	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KJ189286
Dengue_2792	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KJ189287
Dengue_2793	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KJ189288
Dengue_2794	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KJ189289
Dengue_2795	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KJ189290

Dengue_2796	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KJ189291
Dengue_2797	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KJ189292
Dengue_2798	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KJ189293
Dengue_2799	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KJ189294
Dengue_2800	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KJ189295
Dengue_2801	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KJ189296
Dengue_2802	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KJ189297
Dengue_2803	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KJ189298
Dengue_2804	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KJ189299
Dengue_2805	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KJ189300
Dengue_2806	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KJ189301
Dengue_2807	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KJ189302
Dengue_2808	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KJ189303
Dengue_2809	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KJ189304
Dengue_2810	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	KJ189305
Dengue_2811	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	KJ189310
Dengue_2812	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	KJ189311
Dengue_2813	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	KJ189370
Dengue_2814	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KJ438293
Dengue_2815	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KJ438296
Dengue_2816	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KJ468234
Dengue_2817	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	KJ579240
Dengue_2818	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	KJ579241
Dengue_2819	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	KJ579242
Dengue_2820	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	KJ579243
Dengue_2821	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	KJ579244
Dengue_2822	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	KJ579245
Dengue_2823	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	KJ579246
Dengue_2824	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	KJ579247
Dengue_2825	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	KJ579248
Dengue_2826	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	KJ596658
Dengue_2827	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	KJ596659
Dengue_2828	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	KJ596660
Dengue_2829	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	KJ596661
Dengue_2830	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	KJ596662
Dengue_2831	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	KJ596663
Dengue_2832	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	KJ596665
Dengue_2833	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	KJ596666
Dengue_2834	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	KJ596667
Dengue_2835	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	KJ596668
Dengue_2836	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	KJ596669
Dengue_2837	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	KJ596670
Dengue_2838	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	KJ596671
Dengue_2839	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	KJ596672
Dengue_2840	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	KJ596673
Dengue_2841	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	KJ596674
Dengue_2842	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KJ622191
Dengue_2843	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KJ622192
Dengue_2844	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KJ622193
Dengue_2845	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KJ622194
Dengue_2846	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KJ622195
Dengue_2847	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KJ622196
Dengue_2848	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KJ622197
Dengue_2849	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KJ622198
Dengue_2850	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KJ737429
Dengue_2851	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KJ737430

Dengue_2852	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KJ755855
Dengue_2853	fasta	DENV_1_IV	DENV_1_IV	KJ806939
Dengue_2854	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KJ806941
Dengue_2855	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KJ806943
Dengue_2856	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KJ806944
Dengue_2857	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KJ806945
Dengue_2858	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KJ806946
Dengue_2859	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KJ806947
Dengue_2860	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KJ806949
Dengue_2861	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KJ806950
Dengue_2862	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KJ806951
Dengue_2863	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KJ806953
Dengue_2864	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KJ806959
Dengue_2865	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KJ806961
Dengue_2866	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KJ806963
Dengue_2867	fasta	DENV_2_I	DENV_2_I	KJ918750
Dengue_2868	fasta	DENV_1_IV	DENV_1_IV	KJ933413
Dengue_2869	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	KM190936
Dengue_2870	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KM217157
Dengue_2871	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KM217158
Dengue_2872	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KM279515
Dengue_2873	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KM279517
Dengue_2874	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KM279518
Dengue_2875	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KM279519
Dengue_2876	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KM279520
Dengue_2877	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KM279521
Dengue_2878	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KM279522
Dengue_2879	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KM279524
Dengue_2880	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KM279525
Dengue_2881	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KM279526
Dengue_2882	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KM279528
Dengue_2883	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KM279532
Dengue_2884	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KM279533
Dengue_2885	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KM279535
Dengue_2886	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KM279537
Dengue_2887	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KM279538
Dengue_2888	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KM279540
Dengue_2889	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KM279542
Dengue_2890	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KM279543
Dengue_2891	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KM279544
Dengue_2892	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KM279546
Dengue_2893	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KM279549
Dengue_2894	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KM279550
Dengue_2895	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KM279551
Dengue_2896	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KM279552
Dengue_2897	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KM279555
Dengue_2898	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KM279556
Dengue_2899	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KM279557
Dengue_2900	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KM279560
Dengue_2901	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KM279561
Dengue_2902	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KM279562
Dengue_2903	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KM279563
Dengue_2904	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KM279564
Dengue_2905	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KM279566
Dengue_2906	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KM279568
Dengue_2907	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KM279569

Dengue_2908	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KM279570
Dengue_2909	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KM279571
Dengue_2910	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KM279572
Dengue_2911	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KM279573
Dengue_2912	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KM279575
Dengue_2913	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KM279577
Dengue_2914	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KM279578
Dengue_2915	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KM279579
Dengue_2916	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KM279581
Dengue_2917	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KM279582
Dengue_2918	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KM279586
Dengue_2919	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KM279588
Dengue_2920	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KM279590
Dengue_2921	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KM279591
Dengue_2922	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KM279592
Dengue_2923	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KM279593
Dengue_2924	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KM279594
Dengue_2925	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KM279595
Dengue_2926	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KM279597
Dengue_2927	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KM279598
Dengue_2928	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KM279600
Dengue_2929	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KM279601
Dengue_2930	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KM403575
Dengue_2931	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KM403576
Dengue_2932	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KM403577
Dengue_2933	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KM403578
Dengue_2934	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KM403580
Dengue_2935	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KM403581
Dengue_2936	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KM403582
Dengue_2937	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KM403583
Dengue_2938	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KM403584
Dengue_2939	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KM403585
Dengue_2940	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KM403586
Dengue_2941	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KM403587
Dengue_2942	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KM403588
Dengue_2943	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KM403589
Dengue_2944	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KM403590
Dengue_2945	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KM403591
Dengue_2946	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KM403592
Dengue_2947	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KM403593
Dengue_2948	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KM403594
Dengue_2949	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KM403595
Dengue_2950	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KM403596
Dengue_2951	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KM403597
Dengue_2952	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KM403598
Dengue_2953	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KM403599
Dengue_2954	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KM403600
Dengue_2955	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KM403601
Dengue_2956	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KM403602
Dengue_2957	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KM403603
Dengue_2958	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KM403604
Dengue_2959	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KM403605
Dengue_2960	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KM403606
Dengue_2961	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KM403607
Dengue_2962	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KM403608
Dengue_2963	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KM403609

Dengue_2964	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KM403610
Dengue_2965	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KM403611
Dengue_2966	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KM403612
Dengue_2967	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KM403613
Dengue_2968	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KM403614
Dengue_2969	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KM403615
Dengue_2970	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KM403616
Dengue_2971	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KM403617
Dengue_2972	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KM403619
Dengue_2973	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KM403620
Dengue_2974	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KM403621
Dengue_2975	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KM403622
Dengue_2976	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KM403623
Dengue_2977	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KM403624
Dengue_2978	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KM403625
Dengue_2979	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KM403626
Dengue_2980	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KM403627
Dengue_2981	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KM403628
Dengue_2982	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KM403629
Dengue_2983	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KM403630
Dengue_2984	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KM403631
Dengue_2985	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KM403632
Dengue_2986	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KM403633
Dengue_2987	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KM403634
Dengue_2988	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KM403635
Dengue_2989	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KM403636
Dengue_2990	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KP012546
Dengue_2991	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	KP140942
Dengue_2992	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KP188539
Dengue_2993	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KP188540
Dengue_2994	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KP188541
Dengue_2995	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KP188542
Dengue_2996	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KP188543
Dengue_2997	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KP188544
Dengue_2998	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KP188546
Dengue_2999	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KP188547
Dengue_3000	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KP188548
Dengue_3001	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	KP188549
Dengue_3002	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	KP188550
Dengue_3003	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	KP188551
Dengue_3004	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	KP188552
Dengue_3005	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	KP188553
Dengue_3006	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	KP188554
Dengue_3007	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	KP188556
Dengue_3008	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	KP188557
Dengue_3009	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	KP188558
Dengue_3010	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	KP188559
Dengue_3011	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	KP188561
Dengue_3012	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	KP188562
Dengue_3013	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	KP188563
Dengue_3014	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	KP188564
Dengue_3015	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	KP188565
Dengue_3016	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	KP188566
Dengue_3017	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KP188567
Dengue_3018	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KP188568
Dengue_3019	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	KP188569

Dengue_3020	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KP398852
Dengue_3021	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KP406801
Dengue_3022	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KP406802
Dengue_3023	fasta	DENV_1_IV	DENV_1_IV	KP406803
Dengue_3024	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KP686070
Dengue_3025	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KP723473
Dengue_3026	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KP723476
Dengue_3027	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KP723478
Dengue_3028	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KP723479
Dengue_3029	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	KP723482
Dengue_3030	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KP792537
Dengue_3031	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KR011349
Dengue_3032	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KR024705
Dengue_3033	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KR024706
Dengue_3034	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KR024707
Dengue_3035	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KR024708
Dengue_3036	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KR779782
Dengue_3037	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KR779783
Dengue_3038	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KR779786
Dengue_3039	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KR919821
Dengue_3040	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KR922405
Dengue_3041	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KT026308
Dengue_3042	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KT026309
Dengue_3043	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KT187553
Dengue_3044	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KT187554
Dengue_3045	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KT187555
Dengue_3046	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KT187556
Dengue_3047	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KT187557
Dengue_3048	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KT187558
Dengue_3049	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KT187559
Dengue_3050	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KT187560
Dengue_3051	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KT187561
Dengue_3052	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KT187562
Dengue_3053	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KT187563
Dengue_3054	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KT187564
Dengue_3055	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	KT276273
Dengue_3056	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KT279761
Dengue_3057	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KT726341
Dengue_3058	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KT726343
Dengue_3059	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KT726344
Dengue_3060	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KT726345
Dengue_3061	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KT726346
Dengue_3062	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KT726347
Dengue_3063	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KT726348
Dengue_3064	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KT726349
Dengue_3065	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KT726350
Dengue_3066	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KT726351
Dengue_3067	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KT726352
Dengue_3068	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KT726353
Dengue_3069	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KT726354
Dengue_3070	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KT726355
Dengue_3071	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KT726356
Dengue_3072	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KT726357
Dengue_3073	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KT726358
Dengue_3074	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KT726359
Dengue_3075	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KT726360

Dengue_3076	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KT726361
Dengue_3077	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	KT794007
Dengue_3078	fasta	DENV_1_IV	DENV_1_IV	KT827364
Dengue_3079	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KT827365
Dengue_3080	fasta	DENV_1_IV	DENV_1_IV	KT827366
Dengue_3081	fasta	DENV_1_IV	DENV_1_IV	KT827367
Dengue_3082	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KT827368
Dengue_3083	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KT827369
Dengue_3084	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KT827370
Dengue_3085	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KT827371
Dengue_3086	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KT827372
Dengue_3087	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KT827373
Dengue_3088	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KT827374
Dengue_3089	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KT827375
Dengue_3090	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KT827376
Dengue_3091	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KT827377
Dengue_3092	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KT827378
Dengue_3093	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KT827379
Dengue_3094	fasta	DENV_3_V	DENV_3_V	KU050695
Dengue_3095	fasta	DENV_2_IV	DENV_2_IV	KU094070
Dengue_3096	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KU365900
Dengue_3097	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KU509249
Dengue_3098	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KU509250
Dengue_3099	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KU509251
Dengue_3100	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KU509252
Dengue_3101	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KU509253
Dengue_3102	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KU509254
Dengue_3103	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KU509255
Dengue_3104	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KU509256
Dengue_3105	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KU509257
Dengue_3106	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KU509258
Dengue_3107	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KU509259
Dengue_3108	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KU509260
Dengue_3109	fasta	DENV_1_IV	DENV_1_IV	KU509261
Dengue_3110	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KU509262
Dengue_3111	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KU509263
Dengue_3112	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KU509264
Dengue_3113	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KU509265
Dengue_3114	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KU509266
Dengue_3115	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	KU509267
Dengue_3116	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KU509268
Dengue_3117	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KU509269
Dengue_3118	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KU509270
Dengue_3119	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KU509271
Dengue_3120	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KU509272
Dengue_3121	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	KU509273
Dengue_3122	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KU509274
Dengue_3123	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KU509275
Dengue_3124	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KU509276
Dengue_3125	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KU509277
Dengue_3126	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KU509278
Dengue_3127	fasta	DENV_3_I	DENV_3_I	KU509279
Dengue_3128	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KU509280
Dengue_3129	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KU509281
Dengue_3130	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KU509282
Dengue_3131	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KU509283

Dengue_3132	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KU509284
Dengue_3133	fasta	DENV_3_I	DENV_3_I	KU509285
Dengue_3134	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KU509286
Dengue_3135	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KU509287
Dengue_3136	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	KU509288
Dengue_3137	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	KU513441
Dengue_3138	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	KU523871
Dengue_3139	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	KU523872
Dengue_3140	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KU666939
Dengue_3141	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KU666940
Dengue_3142	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KU666941
Dengue_3143	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KU666942
Dengue_3144	fasta	DENV_3_V	DENV_3_V	KU725665
Dengue_3145	fasta	DENV_3_V	DENV_3_V	KU725666
Dengue_3146	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KX059015
Dengue_3147	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KX059017
Dengue_3148	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KX059018
Dengue_3149	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KX059020
Dengue_3150	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KX059021
Dengue_3151	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KX059022
Dengue_3152	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KX059023
Dengue_3153	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KX059025
Dengue_3154	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KX059026
Dengue_3155	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KX059027
Dengue_3156	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KX059028
Dengue_3157	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KX059031
Dengue_3158	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KX059034
Dengue_3159	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KX059035
Dengue_3160	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KX059036
Dengue_3161	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KX059037
Dengue_3162	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KX224261
Dengue_3163	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KX224263
Dengue_3164	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KX224312
Dengue_3165	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KX225483
Dengue_3166	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KX225484
Dengue_3167	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KX225485
Dengue_3168	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KX225486
Dengue_3169	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KX225487
Dengue_3170	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KX225488
Dengue_3171	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KX225489
Dengue_3172	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KX225490
Dengue_3173	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KX225491
Dengue_3174	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KX225492
Dengue_3175	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KX225493
Dengue_3176	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KX380796
Dengue_3177	fasta	DENV_1_IV	DENV_1_IV	KX380797
Dengue_3178	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KX380798
Dengue_3179	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KX380799
Dengue_3180	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KX380800
Dengue_3181	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KX380801
Dengue_3182	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KX380802
Dengue_3183	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KX380803
Dengue_3184	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KX380804
Dengue_3185	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KX380805
Dengue_3186	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KX380806
Dengue_3187	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KX452015

Dengue_3188	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KX452016
Dengue_3189	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KX452017
Dengue_3190	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KX452018
Dengue_3191	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KX452019
Dengue_3192	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KX452020
Dengue_3193	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KX452021
Dengue_3194	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KX452022
Dengue_3195	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KX452023
Dengue_3196	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KX452024
Dengue_3197	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KX452025
Dengue_3198	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KX452026
Dengue_3199	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KX452027
Dengue_3200	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KX452028
Dengue_3201	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KX452029
Dengue_3202	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KX452030
Dengue_3203	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KX452031
Dengue_3204	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KX452033
Dengue_3205	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KX452035
Dengue_3206	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KX452036
Dengue_3207	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KX452037
Dengue_3208	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KX452038
Dengue_3209	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KX452039
Dengue_3210	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KX452040
Dengue_3211	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KX452041
Dengue_3212	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KX452042
Dengue_3213	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KX452043
Dengue_3214	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KX452044
Dengue_3215	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KX452045
Dengue_3216	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KX452047
Dengue_3217	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KX452048
Dengue_3218	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KX452049
Dengue_3219	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KX452050
Dengue_3220	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KX452051
Dengue_3221	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KX452053
Dengue_3222	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KX452054
Dengue_3223	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KX452055
Dengue_3224	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KX452056
Dengue_3225	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KX452057
Dengue_3226	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KX452058
Dengue_3227	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KX452059
Dengue_3228	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KX452060
Dengue_3229	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KX452061
Dengue_3230	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KX452062
Dengue_3231	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KX452063
Dengue_3232	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KX452064
Dengue_3233	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KX452065
Dengue_3234	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KX452067
Dengue_3235	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KX452068
Dengue_3236	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KX458014
Dengue_3237	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KX459386
Dengue_3238	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KX459387
Dengue_3239	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KX459388
Dengue_3240	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KX459389
Dengue_3241	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KX459390
Dengue_3242	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KX459391
Dengue_3243	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KX459392

Dengue_3244	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KX620451
Dengue_3245	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KX620452
Dengue_3246	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KX620453
Dengue_3247	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KX620454
Dengue_3248	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KX620455
Dengue_3249	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KX621245
Dengue_3250	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KX621246
Dengue_3251	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KX621247
Dengue_3252	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KX621248
Dengue_3253	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KX621250
Dengue_3254	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KX621251
Dengue_3255	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KX655786
Dengue_3256	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KX655787
Dengue_3257	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	KX702403
Dengue_3258	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	KX702404
Dengue_3259	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KX845005
Dengue_3260	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KX855927
Dengue_3261	fasta	DENV_1_IV	DENV_1_IV	KX951689
Dengue_3262	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KX951690
Dengue_3263	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	KY415992
Dengue_3264	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KY427085
Dengue_3265	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KY474303
Dengue_3266	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KY474305
Dengue_3267	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KY474306
Dengue_3268	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KY474307
Dengue_3269	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	KY474308
Dengue_3270	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	KY474309
Dengue_3271	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	KY474310
Dengue_3272	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	KY474312
Dengue_3273	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	KY474313
Dengue_3274	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	KY474314
Dengue_3275	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	KY474315
Dengue_3276	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	KY474316
Dengue_3277	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	KY474317
Dengue_3278	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	KY474318
Dengue_3279	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	KY474319
Dengue_3280	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	KY474320
Dengue_3281	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	KY474321
Dengue_3282	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	KY474322
Dengue_3283	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	KY474323
Dengue_3284	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	KY474324
Dengue_3285	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	KY474325
Dengue_3286	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	KY474326
Dengue_3287	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	KY474327
Dengue_3288	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	KY474328
Dengue_3289	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	KY474329
Dengue_3290	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	KY474330
Dengue_3291	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	KY474331
Dengue_3292	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	KY474333
Dengue_3293	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	KY474334
Dengue_3294	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	KY474335
Dengue_3295	fasta	DENV_1_IV	DENV_1_IV	KY496854
Dengue_3296	fasta	DENV_1_IV	DENV_1_IV	KY496855
Dengue_3297	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY496856
Dengue_3298	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586306
Dengue_3299	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586307

Dengue_3300	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586308
Dengue_3301	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586309
Dengue_3302	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586310
Dengue_3303	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586311
Dengue_3304	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586312
Dengue_3305	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586313
Dengue_3306	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586314
Dengue_3307	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586315
Dengue_3308	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586316
Dengue_3309	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586317
Dengue_3310	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586318
Dengue_3311	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586319
Dengue_3312	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586320
Dengue_3313	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586321
Dengue_3314	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586322
Dengue_3315	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586323
Dengue_3316	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586324
Dengue_3317	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586325
Dengue_3318	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586326
Dengue_3319	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586327
Dengue_3320	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586328
Dengue_3321	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586329
Dengue_3322	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586330
Dengue_3323	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586331
Dengue_3324	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586332
Dengue_3325	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586333
Dengue_3326	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586334
Dengue_3327	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586337
Dengue_3328	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586338
Dengue_3329	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586339
Dengue_3330	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586340
Dengue_3331	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586341
Dengue_3332	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586342
Dengue_3333	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586343
Dengue_3334	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586344
Dengue_3335	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586346
Dengue_3336	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586347
Dengue_3337	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586348
Dengue_3338	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586349
Dengue_3339	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586351
Dengue_3340	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586352
Dengue_3341	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586353
Dengue_3342	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586354
Dengue_3343	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586355
Dengue_3344	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586356
Dengue_3345	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586357
Dengue_3346	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586358
Dengue_3347	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586360
Dengue_3348	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586361
Dengue_3349	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586362
Dengue_3350	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586363
Dengue_3351	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586364
Dengue_3352	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586365
Dengue_3353	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586366
Dengue_3354	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586367
Dengue_3355	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586368

Dengue_3356	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586370
Dengue_3357	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586371
Dengue_3358	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586373
Dengue_3359	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586374
Dengue_3360	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586375
Dengue_3361	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586376
Dengue_3362	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586377
Dengue_3363	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586378
Dengue_3364	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586379
Dengue_3365	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586380
Dengue_3366	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586381
Dengue_3367	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586382
Dengue_3368	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586383
Dengue_3369	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586384
Dengue_3370	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586385
Dengue_3371	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586386
Dengue_3372	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586387
Dengue_3373	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586388
Dengue_3374	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586389
Dengue_3375	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586390
Dengue_3376	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586391
Dengue_3377	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586392
Dengue_3378	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586393
Dengue_3379	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586394
Dengue_3380	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586395
Dengue_3381	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586396
Dengue_3382	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586397
Dengue_3383	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586398
Dengue_3384	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586401
Dengue_3385	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586402
Dengue_3386	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586403
Dengue_3387	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586404
Dengue_3388	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586405
Dengue_3389	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586406
Dengue_3390	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586407
Dengue_3391	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586408
Dengue_3392	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586409
Dengue_3393	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586410
Dengue_3394	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586412
Dengue_3395	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586413
Dengue_3396	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586414
Dengue_3397	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586415
Dengue_3398	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586416
Dengue_3399	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586417
Dengue_3400	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586418
Dengue_3401	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586419
Dengue_3402	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586420
Dengue_3403	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586421
Dengue_3404	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586422
Dengue_3405	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586424
Dengue_3406	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586425
Dengue_3407	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586426
Dengue_3408	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586427
Dengue_3409	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586428
Dengue_3410	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586429
Dengue_3411	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586430

Dengue_3412	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586432
Dengue_3413	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586433
Dengue_3414	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586435
Dengue_3415	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586436
Dengue_3416	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586437
Dengue_3417	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586438
Dengue_3418	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586439
Dengue_3419	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586440
Dengue_3420	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586441
Dengue_3421	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586442
Dengue_3422	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586446
Dengue_3423	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586447
Dengue_3424	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586449
Dengue_3425	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586450
Dengue_3426	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586451
Dengue_3427	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586452
Dengue_3428	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586453
Dengue_3429	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586454
Dengue_3430	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586455
Dengue_3431	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586456
Dengue_3432	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586457
Dengue_3433	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586458
Dengue_3434	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586459
Dengue_3435	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586460
Dengue_3436	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586461
Dengue_3437	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586462
Dengue_3438	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586464
Dengue_3439	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586465
Dengue_3440	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586466
Dengue_3441	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586467
Dengue_3442	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586468
Dengue_3443	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586469
Dengue_3444	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586470
Dengue_3445	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586471
Dengue_3446	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586472
Dengue_3447	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586473
Dengue_3448	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586474
Dengue_3449	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586475
Dengue_3450	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586477
Dengue_3451	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586478
Dengue_3452	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586479
Dengue_3453	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586481
Dengue_3454	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586482
Dengue_3455	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586483
Dengue_3456	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586484
Dengue_3457	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586485
Dengue_3458	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586486
Dengue_3459	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586487
Dengue_3460	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586488
Dengue_3461	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586489
Dengue_3462	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586490
Dengue_3463	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586492
Dengue_3464	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586493
Dengue_3465	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586494
Dengue_3466	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586495
Dengue_3467	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586496

Dengue_3468	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586497
Dengue_3469	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586498
Dengue_3470	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586499
Dengue_3471	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586500
Dengue_3472	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586501
Dengue_3473	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586502
Dengue_3474	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586503
Dengue_3475	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586504
Dengue_3476	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586505
Dengue_3477	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586506
Dengue_3478	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586507
Dengue_3479	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586508
Dengue_3480	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586509
Dengue_3481	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586510
Dengue_3482	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586511
Dengue_3483	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586512
Dengue_3484	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586513
Dengue_3485	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586514
Dengue_3486	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586515
Dengue_3487	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586516
Dengue_3488	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586517
Dengue_3489	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586518
Dengue_3490	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586519
Dengue_3491	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586520
Dengue_3492	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586521
Dengue_3493	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586522
Dengue_3494	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586523
Dengue_3495	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586524
Dengue_3496	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586525
Dengue_3497	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586527
Dengue_3498	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586528
Dengue_3499	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586529
Dengue_3500	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586530
Dengue_3501	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586531
Dengue_3502	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586532
Dengue_3503	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586533
Dengue_3504	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586534
Dengue_3505	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586535
Dengue_3506	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586536
Dengue_3507	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586537
Dengue_3508	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586539
Dengue_3509	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586540
Dengue_3510	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586541
Dengue_3511	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586542
Dengue_3512	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586543
Dengue_3513	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586544
Dengue_3514	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY586545
Dengue_3515	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	KY586552
Dengue_3516	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	KY586560
Dengue_3517	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	KY586563
Dengue_3518	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	KY586564
Dengue_3519	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	KY586571
Dengue_3520	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	KY586572
Dengue_3521	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	KY586573
Dengue_3522	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	KY586574
Dengue_3523	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	KY586576

Dengue_3524	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	KY586578
Dengue_3525	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	KY586591
Dengue_3526	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	KY586598
Dengue_3527	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	KY586604
Dengue_3528	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	KY586605
Dengue_3529	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	KY586606
Dengue_3530	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	KY586607
Dengue_3531	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	KY586610
Dengue_3532	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	KY586617
Dengue_3533	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	KY586618
Dengue_3534	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	KY586619
Dengue_3535	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	KY586634
Dengue_3536	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	KY586641
Dengue_3537	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	KY586647
Dengue_3538	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	KY586649
Dengue_3539	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	KY586651
Dengue_3540	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	KY586652
Dengue_3541	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	KY586653
Dengue_3542	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	KY586654
Dengue_3543	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	KY586655
Dengue_3544	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	KY586659
Dengue_3545	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	KY586660
Dengue_3546	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	KY586662
Dengue_3547	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	KY586663
Dengue_3548	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	KY586664
Dengue_3549	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	KY586665
Dengue_3550	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	KY586672
Dengue_3551	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	KY586674
Dengue_3552	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	KY586675
Dengue_3553	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	KY586679
Dengue_3554	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	KY586681
Dengue_3555	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	KY586684
Dengue_3556	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	KY586687
Dengue_3557	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	KY586688
Dengue_3558	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	KY586689
Dengue_3559	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	KY586692
Dengue_3560	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY586703
Dengue_3561	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY586705
Dengue_3562	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY586706
Dengue_3563	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY586707
Dengue_3564	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY586708
Dengue_3565	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY586709
Dengue_3566	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY586711
Dengue_3567	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY586713
Dengue_3568	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY586714
Dengue_3569	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY586715
Dengue_3570	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY586718
Dengue_3571	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY586719
Dengue_3572	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY586720
Dengue_3573	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY586721
Dengue_3574	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY586722
Dengue_3575	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY586723
Dengue_3576	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY586724
Dengue_3577	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY586725
Dengue_3578	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY586726
Dengue_3579	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY586727

Dengue_3580	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY586728
Dengue_3581	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY586729
Dengue_3582	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY586730
Dengue_3583	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY586731
Dengue_3584	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY586732
Dengue_3585	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY586735
Dengue_3586	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY586736
Dengue_3587	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY586739
Dengue_3588	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY586740
Dengue_3589	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY586741
Dengue_3590	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY586742
Dengue_3591	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY586744
Dengue_3592	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY586745
Dengue_3593	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY586746
Dengue_3594	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY586748
Dengue_3595	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY586750
Dengue_3596	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY586751
Dengue_3597	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY586752
Dengue_3598	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY586753
Dengue_3599	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY586754
Dengue_3600	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY586755
Dengue_3601	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY586756
Dengue_3602	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY586757
Dengue_3603	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY586758
Dengue_3604	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY586759
Dengue_3605	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY586760
Dengue_3606	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY586761
Dengue_3607	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY586763
Dengue_3608	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY586764
Dengue_3609	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY586767
Dengue_3610	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY586769
Dengue_3611	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY586770
Dengue_3612	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY586771
Dengue_3613	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY586772
Dengue_3614	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY586774
Dengue_3615	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY586775
Dengue_3616	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY586776
Dengue_3617	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY586778
Dengue_3618	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY586779
Dengue_3619	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY586780
Dengue_3620	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY586781
Dengue_3621	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY586782
Dengue_3622	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY586783
Dengue_3623	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY586784
Dengue_3624	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY586785
Dengue_3625	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY586786
Dengue_3626	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY586790
Dengue_3627	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY586791
Dengue_3628	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY586792
Dengue_3629	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY586793
Dengue_3630	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY586794
Dengue_3631	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY586796
Dengue_3632	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY586797
Dengue_3633	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY586798
Dengue_3634	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY586799
Dengue_3635	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY586800

Dengue_3636	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY586801
Dengue_3637	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY586802
Dengue_3638	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY586814
Dengue_3639	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY586815
Dengue_3640	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY586816
Dengue_3641	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY586817
Dengue_3642	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	KY586823
Dengue_3643	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	KY586824
Dengue_3644	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	KY586825
Dengue_3645	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	KY586826
Dengue_3646	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	KY586827
Dengue_3647	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586828
Dengue_3648	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586829
Dengue_3649	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586830
Dengue_3650	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586831
Dengue_3651	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586832
Dengue_3652	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586833
Dengue_3653	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586834
Dengue_3654	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586835
Dengue_3655	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586836
Dengue_3656	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586837
Dengue_3657	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586838
Dengue_3658	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586839
Dengue_3659	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586840
Dengue_3660	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586841
Dengue_3661	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586842
Dengue_3662	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586843
Dengue_3663	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586844
Dengue_3664	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586845
Dengue_3665	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586846
Dengue_3666	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586847
Dengue_3667	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586848
Dengue_3668	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586849
Dengue_3669	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586850
Dengue_3670	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586851
Dengue_3671	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586852
Dengue_3672	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586854
Dengue_3673	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586855
Dengue_3674	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586856
Dengue_3675	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586857
Dengue_3676	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586858
Dengue_3677	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586859
Dengue_3678	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586860
Dengue_3679	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586861
Dengue_3680	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586862
Dengue_3681	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586863
Dengue_3682	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586864
Dengue_3683	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586865
Dengue_3684	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586866
Dengue_3685	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586867
Dengue_3686	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586868
Dengue_3687	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586869
Dengue_3688	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586870
Dengue_3689	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586871
Dengue_3690	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586872
Dengue_3691	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586873

Dengue_3692	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586874
Dengue_3693	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586875
Dengue_3694	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586876
Dengue_3695	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586877
Dengue_3696	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586878
Dengue_3697	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586879
Dengue_3698	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586880
Dengue_3699	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586881
Dengue_3700	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586882
Dengue_3701	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586883
Dengue_3702	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586884
Dengue_3703	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586885
Dengue_3704	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586886
Dengue_3705	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586887
Dengue_3706	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586888
Dengue_3707	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586889
Dengue_3708	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586890
Dengue_3709	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586891
Dengue_3710	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586892
Dengue_3711	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586893
Dengue_3712	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586894
Dengue_3713	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586895
Dengue_3714	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586896
Dengue_3715	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586898
Dengue_3716	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586899
Dengue_3717	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586900
Dengue_3718	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586901
Dengue_3719	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586903
Dengue_3720	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586904
Dengue_3721	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586905
Dengue_3722	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586906
Dengue_3723	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586907
Dengue_3724	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586908
Dengue_3725	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586909
Dengue_3726	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586910
Dengue_3727	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586911
Dengue_3728	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586912
Dengue_3729	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586913
Dengue_3730	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586914
Dengue_3731	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586915
Dengue_3732	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586916
Dengue_3733	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586917
Dengue_3734	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586918
Dengue_3735	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586919
Dengue_3736	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586920
Dengue_3737	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586921
Dengue_3738	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586922
Dengue_3739	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586923
Dengue_3740	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586924
Dengue_3741	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586925
Dengue_3742	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586926
Dengue_3743	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586927
Dengue_3744	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586928
Dengue_3745	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586929
Dengue_3746	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586930
Dengue_3747	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586931

Dengue_3748	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586933
Dengue_3749	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586934
Dengue_3750	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586935
Dengue_3751	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586936
Dengue_3752	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586937
Dengue_3753	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586938
Dengue_3754	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586939
Dengue_3755	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586940
Dengue_3756	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586941
Dengue_3757	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586942
Dengue_3758	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	KY586943
Dengue_3759	fasta	DENV_4_III	DENV_4_III	KY586944
Dengue_3760	fasta	DENV_4_III	DENV_4_III	KY586945
Dengue_3761	fasta	DENV_4_III	DENV_4_III	KY586946
Dengue_3762	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KY627762
Dengue_3763	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KY627763
Dengue_3764	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	KY670633
Dengue_3765	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY670634
Dengue_3766	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KY794785
Dengue_3767	fasta	DENV_3_I	DENV_3_I	KY794786
Dengue_3768	fasta	DENV_3_I	DENV_3_I	KY794787
Dengue_3769	fasta	DENV_3_I	DENV_3_I	KY794788
Dengue_3770	fasta	DENV_3_I	DENV_3_I	KY794789
Dengue_3771	fasta	DENV_3_I	DENV_3_I	KY794790
Dengue_3772	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	KY849763
Dengue_3773	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	KY849764
Dengue_3774	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	KY849765
Dengue_3775	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	KY849766
Dengue_3776	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	KY849767
Dengue_3777	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	KY849768
Dengue_3778	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY849769
Dengue_3779	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY849770
Dengue_3780	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY849771
Dengue_3781	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY849772
Dengue_3782	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY849773
Dengue_3783	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY849774
Dengue_3784	fasta	DENV_3_II	DENV_3_II	KY849775
Dengue_3785	fasta	DENV_3_I	DENV_3_I	KY863456
Dengue_3786	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	KY921902
Dengue_3787	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	KY921903
Dengue_3788	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KY921904
Dengue_3789	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KY921905
Dengue_3790	fasta	DENV_3_I	DENV_3_I	KY921906
Dengue_3791	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	KY921907
Dengue_3792	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	KY921909
Dengue_3793	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	KY921910
Dengue_3794	fasta	DENV_2_VI	DENV_2_VI	KY923048
Dengue_3795	fasta	DENV_1_IV	DENV_1_IV	KY926849
Dengue_3796	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KY937185
Dengue_3797	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KY937186
Dengue_3798	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KY937187
Dengue_3799	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KY937188
Dengue_3800	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KY937189
Dengue_3801	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	KY937190
Dengue_3802	fasta	DENV_2_III	DENV_2_III	KY977454
Dengue_3803	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	LC011947

Dengue_3804	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	LC011948
Dengue_3805	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	LC011949
Dengue_3806	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	LC016760
Dengue_3807	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	LC069810
Dengue_3808	fasta	DENV_1_IV	DENV_1_IV	LC128301
Dengue_3809	fasta	DENV_3_V	DENV_3_V	M93130
Dengue_3810	fasta	DENV_1_V	DENV_1_V	MF004384
Dengue_3811	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	MF004385
Dengue_3812	fasta	DENV_3_I	DENV_3_I	MF004386
Dengue_3813	fasta	DENV_4_II	DENV_4_II	MF004387
Dengue_3814	fasta	DENV_3_III	DENV_3_III	MF370226
Dengue_3815	fasta	DENV_1_I	DENV_1_I	MF405201
Dengue_3816	fasta	DENV_2_V	DENV_2_V	MF459663
Dengue_3817	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	MG272272
Dengue_3818	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	MG272273
Dengue_3819	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	MG272274
Dengue_3820	fasta	DENV_4_I	DENV_4_I	MG601754
Dengue_3821	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	MG779194
Dengue_3822	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	MG779195
Dengue_3823	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	MG779196
Dengue_3824	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	MG779197
Dengue_3825	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	MG779198
Dengue_3826	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	MG779199
Dengue_3827	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	MG779200
Dengue_3828	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	MG779201
Dengue_3829	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	MG779202
Dengue_3830	fasta	DENV_2_II	DENV_2_II	MG779203
Dengue_3831	illumina	DENV-2_III	DENV-2_III	SRR7252349
Dengue_3832	illumina	DENV-2_III	DENV-2_III	SRR7252354
Dengue_3833	illumina	DENV-4_II	DENV-4_II	SRR7252355
Dengue_3834	illumina	DENV-4_II	DENV-4_II	SRR7252356
Dengue_3835	illumina	DENV-3_III	DENV-3_III	SRR7252358
Dengue_3836	illumina	DENV-3_III	DENV-3_III	SRR7252362
Dengue_3837	illumina	DENV-2_III	DENV-2_III	SRR8842518
Dengue_3838	illumina	DENV-4_II	DENV-4_II	SRR8842519
Dengue_3839	illumina	DENV-4_II	DENV-4_II	SRR8842520
Dengue_3840	illumina	DENV-2_III	DENV-2_III	SRR8842521
Dengue_3841	illumina	DENV-4_II	DENV-4_II	SRR8842522
Dengue_3842	illumina	DENV-4_II	DENV-4_II	SRR8842523
Dengue_3843	illumina	DENV-2_III	DENV-2_III	SRR8842524
Dengue_3844	illumina	DENV-2_III	DENV-2_III	SRR8842525
Dengue_3845	illumina	DENV-3_III	DENV-3_III	SRR8842526
Dengue_3846	illumina	DENV-3_III	DENV-3_III	SRR8842527
Dengue_3847	illumina	DENV-4_II	DENV-4_II	SRR8842528
Dengue_3848	illumina	DENV-1_V	DENV-1_V	SRR8883926
Dengue_3849	illumina	DENV-2_V	DENV-2_V	SRR8886136
Dengue_3850	illumina	DENV-4_II	DENV-4_II	SRR9004763
Dengue_3851	illumina	DENV-2_III	DENV-2_III	SRR9004764

Tabela Suplementar 8 – Listagem dos confrontos entre genótipo obtido e esperado para todas as amostras analisadas na prova de conceito para a *Chlamydia trachomatis*, assim como os identificados únicos das amostras disponíveis online.

Amostra	Formato de entrada	Genótipo obtido	Genótipo esperado	Identificador único
C_tra_1 a C_tra_8	fasta	B	B	-
C_tra_9 a C_tra_11	fasta	C	C	-
C_tra_12 a C_tra_123	fasta	D	D	-
C_tra_124 a C_tra_378	fasta	Da	Da	-
C_tra_379 a C_tra_1074	fasta	E	E	-
C_tra_1075 a C_tra_1432	fasta	F	F	-
C_tra_1433 a C_tra_1676	fasta	G	G	-
C_tra_1677 a C_tra_1717	fasta	H	H	-
C_tra_1718 a C_tra_1866	fasta	Ia	Ia	-
C_tra_1867 a C_tra_1987	fasta	J	J	-
C_tra_1988 a C_tra_2014	fasta	Ja	Ja	-
C_tra_2015 a C_tra_2054	fasta	K	K	-
C_tra_2055 a C_tra_2124	fasta	L2	L2	-
C_tra_2125 a C_tra_2154	fasta	L2/L2b	L2/L2b	-
C_tra_2155 e C_tra_2156	fasta	Mista(Ia_E)	Mista(Ia_E)	-
C_tra_2157	fasta	A	A	FM872306
C_tra_2158	fasta	A	A	HE601810
C_tra_2159	fasta	A	A	HE601796
C_tra_2160	fasta	A	A	HE601797
C_tra_2161	fasta	A	A	NC_7429
C_tra_2162	fasta	B/Ba	B/Ba	NC_12686
C_tra_2163	fasta	B/Ba	B/Ba	NC_12687
C_tra_2164	fasta	D/Da	D/Da	HE601798
C_tra_2165	fasta	D	D	HE601799
C_tra_2166	fasta	D	D	HE601800
C_tra_2167	fasta	D	D	NC_117
C_tra_2168	fasta	Da	Da	ACFJ01000001
C_tra_2169	fasta	E	E	NC_17431
C_tra_2170	fasta	E	E	NC_17439
C_tra_2171	fasta	E	E	HE601870
C_tra_2172	fasta	E	E	FN652779
C_tra_2173	fasta	E	E	HE601801
C_tra_2174	fasta	E	E	HE601802
C_tra_2175	fasta	E	E	HE601803
C_tra_2176	fasta	F	F	HE601804
C_tra_2177	fasta	F	F	HE601805
C_tra_2178	fasta	F	F	HE601806
C_tra_2179	fasta	F	F	ABYF01000001
C_tra_2180	fasta	G	G	CP001889
C_tra_2181	fasta	G	G	CP001888
C_tra_2182	fasta	G	G	CP001930
C_tra_2183	fasta	G	G	NC_17429
C_tra_2184	fasta	G	G	HE601807
C_tra_2185	fasta	Ia	Ia	HE601808
C_tra_2186	fasta	Ia	Ia	HE601809
C_tra_2187	fasta	J	J	ABYD01000001
C_tra_2188	fasta	K	K	HE601794
C_tra_2189	fasta	L1/L2	L1/L2	HE601952
C_tra_2190	fasta	L1/L2	L1/L2	HE601951
C_tra_2191	fasta	L1/L2	L1/L2	HE601953
C_tra_2192	fasta	L1	L1	HE601950

C_tra_2193	fasta	L2	L2	HE601954
C_tra_2194	fasta	L2	L2	NC_10287
C_tra_2195	fasta	L2b	L2b	HE601949
C_tra_2196	fasta	L2b	L2b	HE601795
C_tra_2197	fasta	L2b	L2b	HE601959
C_tra_2198	fasta	L2b	L2b	HE601961
C_tra_2199	fasta	L2b	L2b	HE601962
C_tra_2200	fasta	L2b	L2b	HE601964
C_tra_2201	fasta	L2b	L2b	HE601965
C_tra_2202	fasta	L2b	L2b	HE601960
C_tra_2203	fasta	L2b	L2b	HE601963
C_tra_2204	fasta	L2b	L2b	HE601957
C_tra_2205	fasta	L2b	L2b	HE601958
C_tra_2206	fasta	L2b	L2b	NC_10280
C_tra_2207	fasta	L2b	L2b	HE601956
C_tra_2208	fasta	L3	L3	HE601955
C_tra_2209 a C_tra_2216	Sanger	B	B	-
C_tra_2217 a C_tra_2245	Sanger	D	D	-
C_tra_2246 a C_tra_2362	Sanger	Da	Da	-
C_tra_2363 a C_tra_2583	Sanger	E	E	-
C_tra_2584 a C_tra_2662	Sanger	F	F	-
C_tra_2663 a C_tra_2861	Sanger	G	G	-
C_tra_2862 e C_tra_2863	Sanger	H	H	-
C_tra_2864 a C_tra_2885	Sanger	Ia	Ia	-
C_tra_2886 a C_tra_2971	Sanger	J	J	-
C_tra_2972 a C_tra_2976	Sanger	Ja	Ja	-
C_tra_2977 a C_tra_2984	Sanger	K	K	-
C_tra_2985 a C_tra_2990	Sanger	L1	L1	-
C_tra_2991 a C_tra_3070	Sanger	L2	L2	-
C_tra_3071 a C_tra_3131	Sanger	L2b	L2b	-
C_tra_3132	Illumina	E	E	ERR008578
C_tra_3133	Illumina	L2b	L2b	ERR008579
C_tra_3134	Illumina	L1/L2	L1/L2	ERR008580
C_tra_3135	Illumina	L2b	L2b	ERR008581
C_tra_3136	Illumina	F	F	ERR008582
C_tra_3137	Illumina	L3	L3	ERR008583
C_tra_3138	Illumina	L2b	L2b	ERR008584
C_tra_3139	Illumina	L2b	L2b	ERR008586
C_tra_3140	Illumina	L2b	L2b	ERR008587
C_tra_3141	Illumina	F	F	ERR008588
C_tra_3142	Illumina	E	E	ERR008589
C_tra_3143	Illumina	L2b	L2b	ERR008590
C_tra_3144	Illumina	L2b	L2b	ERR008592
C_tra_3145	Illumina	L1/L2	L1/L2	ERR008593
C_tra_3146	Illumina	L2b	L2b	ERR008594
C_tra_3147	Illumina	L1	L1	ERR008595
C_tra_3148	Illumina	E	E	ERR008596
C_tra_3149	Illumina	L2b	L2b	ERR008597
C_tra_3150	Illumina	F	F	ERR008598
C_tra_3151	Illumina	L2b	L2b	ERR008599
C_tra_3152	Illumina	L2b	L2b	ERR019528
C_tra_3153	Illumina	L1	L1	ERR019529
C_tra_3154	Illumina	L2b	L2b	ERR019531
C_tra_3155	Illumina	L2b	L2b	ERR021952
C_tra_3156	Illumina	F	F	ERR024700
C_tra_3157	Illumina	E	E	ERR024701

C_tra_3158	Illumina	D	D	ERR026542
C_tra_3159	Illumina	E	E	ERR026543
C_tra_3160	Illumina	E	E	ERR026544
C_tra_3161	Illumina	D	D	ERR026545
C_tra_3162	Illumina	D	D	ERR026546
C_tra_3163	Illumina	D	D	ERR026547
C_tra_3164	Illumina	E	E	ERR026548
C_tra_3165	Illumina	E	E	ERR026551
C_tra_3166	Illumina	E	E	ERR026552
C_tra_3167	Illumina	E	E	ERR026554
C_tra_3168	Illumina	I/la	I/la	ERR026555
C_tra_3169	Illumina	F	F	ERR026556
C_tra_3170	Illumina	F	F	ERR026557
C_tra_3171	Illumina	F	F	ERR026558
C_tra_3172	Illumina	K	K	ERR026559
C_tra_3173	Illumina	G	G	ERR026560
C_tra_3174	Illumina	G	G	ERR026561
C_tra_3175	Illumina	G	G	ERR026562
C_tra_3176	Illumina	G	G	ERR026563
C_tra_3177	Illumina	I/la	I/la	ERR026565
C_tra_3178	Illumina	K	K	ERR026566
C_tra_3179	Illumina	K	K	ERR026567
C_tra_3180	Illumina	D	D	ERR026568
C_tra_3181	Illumina	F	F	ERR026569
C_tra_3182	Illumina	K	K	ERR026570
C_tra_3183	Illumina	I/la	I/la	ERR026571
C_tra_3184	Illumina	K	K	ERR026572
C_tra_3185	Illumina	D	D	ERR026573
C_tra_3186	Illumina	G	G	ERR026574
C_tra_3187	Illumina	J	J	ERR026576
C_tra_3188	Illumina	E	E	ERR026577
C_tra_3189	Illumina	E	E	ERR026579
C_tra_3190	Illumina	J	J	ERR026580
C_tra_3191	Illumina	F	F	ERR026581
C_tra_3192	Illumina	J	J	ERR026582
C_tra_3193	Illumina	I/la	I/la	ERR026583
C_tra_3194	Illumina	E	E	ERR026584
C_tra_3195	Illumina	E	E	ERR026585
C_tra_3196	Illumina	D	D	ERR026586
C_tra_3197	Illumina	E	E	ERR027326
C_tra_3198	Illumina	D	D	ERR027327
C_tra_3199	Illumina	D	D	ERR027328
C_tra_3200	Illumina	F	F	ERR027330
C_tra_3201	Illumina	A	A	ERR034213
C_tra_3202	Illumina	A	A	ERR034214
C_tra_3203	Illumina	A	A	ERR034215
C_tra_3204	Illumina	E	E	ERR034219
C_tra_3205	Illumina	L2	L2	ERR042039
C_tra_3206	Illumina	L2	L2	ERR071989
C_tra_3207	Illumina	L1/L2	L1/L2	ERR071990
C_tra_3208	Illumina	L1	L1	ERR071991
C_tra_3209	Illumina	L1	L1	ERR071992
C_tra_3210	Illumina	E	E	ERR071994
C_tra_3211	Illumina	E	E	ERR108273
C_tra_3212	Illumina	G	G	ERR108276
C_tra_3213	Illumina	E	E	ERR108279

C_tra_3214	Illumina	E	E	ERR108280
C_tra_3215	Illumina	E	E	ERR108282
C_tra_3216	Illumina	F	F	ERR108283
C_tra_3217	Illumina	E	E	ERR108284
C_tra_3218	Illumina	E	E	ERR108285
C_tra_3219	Illumina	D	D	ERR108286
C_tra_3220	Illumina	D	D	ERR108287
C_tra_3221	Illumina	E	E	ERR108288
C_tra_3222	Illumina	E	E	ERR108289
C_tra_3223	Illumina	E	E	ERR108290
C_tra_3224	Illumina	G	G	ERR108291
C_tra_3225	Illumina	F	F	ERR108292
C_tra_3226	Illumina	E	E	ERR108293
C_tra_3227	Illumina	D	D	ERR108294
C_tra_3228	Illumina	G	G	ERR108295
C_tra_3229	Illumina	H	H	ERR108296
C_tra_3230	Illumina	D	D	ERR108297
C_tra_3231	Illumina	J	J	ERR108299
C_tra_3232	Illumina	J	J	ERR108300
C_tra_3233	Illumina	H	H	ERR108301
C_tra_3234	Illumina	J	J	ERR108302
C_tra_3235	Illumina	H	H	ERR108303
C_tra_3236	Illumina	K	K	ERR108304
C_tra_3237	Illumina	A	A	ERR111554
C_tra_3238	Illumina	E	E	ERR111555
C_tra_3239	Illumina	E	E	ERR111556
C_tra_3240	Illumina	E	E	ERR111557
C_tra_3241	Illumina	E	E	ERR111558
C_tra_3242	Illumina	E	E	ERR111559
C_tra_3243	Illumina	E	E	ERR111560
C_tra_3244	Illumina	E	E	ERR111561
C_tra_3245	Illumina	E	E	ERR111562
C_tra_3246	Illumina	E	E	ERR111563
C_tra_3247	Illumina	E	E	ERR111565
C_tra_3248	Illumina	E	E	ERR111566
C_tra_3249	Illumina	E	E	ERR111567
C_tra_3250	Illumina	E	E	ERR111568
C_tra_3251	Illumina	G	G	ERR111569
C_tra_3252	Illumina	G	G	ERR111570
C_tra_3253	Illumina	G	G	ERR111571
C_tra_3254	Illumina	G	G	ERR111573
C_tra_3255	Illumina	G	G	ERR111576
C_tra_3256	Illumina	F	F	ERR111577
C_tra_3257	Illumina	D	D	ERR111578
C_tra_3258	Illumina	E	E	ERR111579
C_tra_3259	Illumina	G	G	ERR111581
C_tra_3260	Illumina	E	E	ERR111582
C_tra_3261	Illumina	F	F	ERR111583
C_tra_3262	Illumina	K	K	ERR111584
C_tra_3263	Illumina	E	E	ERR111585
C_tra_3264	Illumina	D	D	ERR111586
C_tra_3265	Illumina	G	G	ERR111587
C_tra_3266	Illumina	G	G	ERR111588
C_tra_3267	Illumina	D	D	ERR111589
C_tra_3268	Illumina	D	D	ERR111590
C_tra_3269	Illumina	G	G	ERR111591

C_tra_3270	Illumina	la	la	ERR111592
C_tra_3271	Illumina	F	F	ERR111593
C_tra_3272	Illumina	E	E	ERR111594
C_tra_3273	Illumina	G	G	ERR111595
C_tra_3274	Illumina	E	E	ERR111596
C_tra_3275	Illumina	H	H	ERR111599
C_tra_3276	Illumina	E	E	ERR111600
C_tra_3277	Illumina	E	E	ERR111601
C_tra_3278	Illumina	G	G	ERR111605
C_tra_3279	Illumina	H	H	ERR111606
C_tra_3280	Illumina	K	K	ERR111608
C_tra_3281	Illumina	K	K	ERR111609
C_tra_3282	Illumina	G	G	ERR111610
C_tra_3283	Illumina	G	G	ERR111611
C_tra_3284	Illumina	G	G	ERR111612
C_tra_3285	Illumina	G	G	ERR111614
C_tra_3286	Illumina	E	E	ERR111615
C_tra_3287	Illumina	H	H	ERR111616
C_tra_3288	Illumina	G	G	ERR111617
C_tra_3289	Illumina	G	G	ERR111619
C_tra_3290	Illumina	G	G	ERR111620
C_tra_3291	Illumina	E	E	ERR111621
C_tra_3292	Illumina	K	K	ERR111622
C_tra_3293	Illumina	G	G	ERR111623
C_tra_3294	Illumina	G	G	ERR111625
C_tra_3295	Illumina	K	K	ERR111626
C_tra_3296	Illumina	K	K	ERR111627
C_tra_3297	Illumina	K	K	ERR111628
C_tra_3298	Illumina	K	K	ERR111629
C_tra_3299	Illumina	E	E	ERR111630
C_tra_3300	Illumina	E	E	ERR111634
C_tra_3301	Illumina	G	G	ERR111635
C_tra_3302	Illumina	E	E	ERR111636
C_tra_3303	Illumina	D	D	ERR140754
C_tra_3304	Illumina	G	G	ERR140756
C_tra_3305	Illumina	E	E	ERR140760
C_tra_3306	Illumina	Ba	Ba	ERR140762
C_tra_3307	Illumina	F	F	ERR140764
C_tra_3308	Illumina	L2b	L2b	ERR140767
C_tra_3309	Illumina	D	D	ERR140781
C_tra_3310	Illumina	E	E	ERR140796
C_tra_3311	Illumina	F	F	ERR140798
C_tra_3312	Illumina	F	F	ERR140799
C_tra_3313	Illumina	F	F	ERR140800
C_tra_3314	Illumina	E	E	ERR140801
C_tra_3315	Illumina	E	E	ERR140803
C_tra_3316	Illumina	D	D	ERR140804
C_tra_3317	Illumina	E	E	ERR140805
C_tra_3318	Illumina	G	G	ERR140807
C_tra_3319	Illumina	E	E	ERR140808
C_tra_3320	Illumina	E	E	ERR140809
C_tra_3321	Illumina	E	E	ERR140810
C_tra_3322	Illumina	F	F	ERR140811
C_tra_3323	Illumina	E	E	ERR140812
C_tra_3324	Illumina	G	G	ERR140813
C_tra_3325	Illumina	G	G	ERR140814

C_tra_3326	Illumina	E	E	ERR140815
C_tra_3327	Illumina	E	E	ERR140816
C_tra_3328	Illumina	E	E	ERR140817
C_tra_3329	Illumina	J	J	ERR140818
C_tra_3330	Illumina	D	D	ERR140819
C_tra_3331	Illumina	D	D	ERR140821
C_tra_3332	Illumina	D	D	ERR140822
C_tra_3333	Illumina	E	E	ERR140823
C_tra_3334	Illumina	F	F	ERR140824
C_tra_3335	Illumina	F	F	ERR140825
C_tra_3336	Illumina	E	E	ERR140831
C_tra_3337	Illumina	E	E	ERR140832
C_tra_3338	Illumina	E	E	ERR140833
C_tra_3339	Illumina	E	E	ERR140834
C_tra_3340	Illumina	E	E	ERR140837
C_tra_3341	Illumina	K	K	ERR140838
C_tra_3342	Illumina	K	K	ERR140839
C_tra_3343	Illumina	E	E	ERR140841
C_tra_3344	Illumina	E	E	ERR140842
C_tra_3345	Illumina	E	E	ERR140843
C_tra_3346	Illumina	L2b	L2b	ERR140847
C_tra_3347	Illumina	H	H	ERR164646
C_tra_3348	Illumina	K	K	ERR164647
C_tra_3349	Illumina	H	H	ERR164648
C_tra_3350	Illumina	J	J	ERR164649
C_tra_3351	Illumina	H	H	ERR164654
C_tra_3352	Illumina	E	E	ERR164655
C_tra_3353	Illumina	G	G	ERR164658
C_tra_3354	Illumina	L2b	L2b	ERR164659
C_tra_3355	Illumina	L2b	L2b	ERR164661
C_tra_3356	Illumina	L2b	L2b	ERR164662
C_tra_3357	Illumina	L2b	L2b	ERR164663
C_tra_3358	Illumina	L2b	L2b	ERR164665
C_tra_3359	Illumina	D	D	ERR164672
C_tra_3360	Illumina	D	D	ERR164674
C_tra_3361	Illumina	D	D	ERR164676
C_tra_3362	Illumina	D	D	ERR164677
C_tra_3363	Illumina	D	D	ERR164678
C_tra_3364	Illumina	D	D	ERR164679
C_tra_3365	Illumina	D	D	ERR164680
C_tra_3366	Illumina	D	D	ERR164681
C_tra_3367	Illumina	D	D	ERR164682
C_tra_3368	Illumina	D	D	ERR164684
C_tra_3369	Illumina	E	E	ERR164687
C_tra_3370	Illumina	E	E	ERR164689
C_tra_3371	Illumina	F	F	ERR164690
C_tra_3372	Illumina	F	F	ERR173901
C_tra_3373	Illumina	A	A	ERR175560
C_tra_3374	Illumina	A	A	ERR175561
C_tra_3375	Illumina	A	A	ERR175562
C_tra_3376	Illumina	A	A	ERR175563
C_tra_3377	Illumina	A	A	ERR175564
C_tra_3378	Illumina	A	A	ERR175565
C_tra_3379	Illumina	A	A	ERR175566
C_tra_3380	Illumina	A	A	ERR175567
C_tra_3381	Illumina	A	A	ERR175568

C_tra_3382	Illumina	A	A	ERR175569
C_tra_3383	Illumina	A	A	ERR175570
C_tra_3384	Illumina	A	A	ERR175571
C_tra_3385	Illumina	A	A	ERR175572
C_tra_3386	Illumina	A	A	ERR175573
C_tra_3387	Illumina	A	A	ERR175574
C_tra_3388	Illumina	A	A	ERR175575
C_tra_3389	Illumina	A	A	ERR175576
C_tra_3390	Illumina	A	A	ERR175577
C_tra_3391	Illumina	A	A	ERR175578
C_tra_3392	Illumina	A	A	ERR175579
C_tra_3393	Illumina	A	A	ERR175580
C_tra_3394	Illumina	A	A	ERR175581
C_tra_3395	Illumina	A	A	ERR175582
C_tra_3396	Illumina	A	A	ERR175583
C_tra_3397	Illumina	A	A	ERR175584
C_tra_3398	Illumina	A	A	ERR175585
C_tra_3399	Illumina	A	A	ERR175586
C_tra_3400	Illumina	A	A	ERR175587
C_tra_3401	Illumina	A	A	ERR175588
C_tra_3402	Illumina	A	A	ERR175589
C_tra_3403	Illumina	A	A	ERR175590
C_tra_3404	Illumina	A	A	ERR175591
C_tra_3405	Illumina	A	A	ERR175592
C_tra_3406	Illumina	A	A	ERR175593
C_tra_3407	Illumina	A	A	ERR175594
C_tra_3408	Illumina	A	A	ERR175595
C_tra_3409	Illumina	A	A	ERR175596
C_tra_3410	Illumina	A	A	ERR175597
C_tra_3411	Illumina	A	A	ERR175598
C_tra_3412	Illumina	A	A	ERR175599
C_tra_3413	Illumina	A	A	ERR175600
C_tra_3414	Illumina	A	A	ERR175601
C_tra_3415	Illumina	A	A	ERR175602
C_tra_3416	Illumina	A	A	ERR175603
C_tra_3417	Illumina	A	A	ERR175604
C_tra_3418	Illumina	E	E	ERR175608
C_tra_3419	Illumina	E	E	ERR175612
C_tra_3420	Illumina	E	E	ERR175618
C_tra_3421	Illumina	D	D	ERR175621
C_tra_3422	Illumina	E	E	ERR175623
C_tra_3423	Illumina	F	F	ERR175625
C_tra_3424	Illumina	E	E	ERR175626
C_tra_3425	Illumina	J	J	ERR175629
C_tra_3426	Illumina	C	C	ERR175630
C_tra_3427	Illumina	B-Ba	B-Ba	ERR175631
C_tra_3428	Illumina	E	E	ERR175633
C_tra_3429	Illumina	E	E	ERR175638
C_tra_3430	Illumina	E	E	ERR175640
C_tra_3431	Illumina	E	E	ERR175643
C_tra_3432	Illumina	E	E	ERR175646
C_tra_3433	Illumina	F	F	ERR175650
C_tra_3434	Illumina	A	A	ERR175652
C_tra_3435	Illumina	F	F	ERR189726
C_tra_3436	Illumina	G	G	ERR189729
C_tra_3437	Illumina	G	G	ERR189730

C_tra_3438	Illumina	G	G	ERR189732
C_tra_3439	Illumina	G	G	ERR189733
C_tra_3440	Illumina	G	G	ERR189734
C_tra_3441	Illumina	Ba	Ba	ERR189736
C_tra_3442	Illumina	E	E	ERR189737
C_tra_3443	Illumina	Ba	Ba	ERR189738
C_tra_3444	Illumina	G	G	ERR189741
C_tra_3445	Illumina	B	B	ERR189743
C_tra_3446	Illumina	B	B	ERR189744
C_tra_3447	Illumina	B	B	ERR189745
C_tra_3448	Illumina	C	C	ERR189746
C_tra_3449	Illumina	D	D	ERR189747
C_tra_3450	Illumina	G	G	ERR189751
C_tra_3451	Illumina	G	G	ERR189752
C_tra_3452	Illumina	F	F	ERR189754
C_tra_3453	Illumina	E	E	ERR189756
C_tra_3454	Illumina	E	E	ERR189757
C_tra_3455	Illumina	E	E	ERR189758
C_tra_3456	Illumina	G	G	ERR189759
C_tra_3457	Illumina	G	G	ERR189760
C_tra_3458	Illumina	E	E	ERR189761
C_tra_3459	Illumina	F	F	ERR189762
C_tra_3460	Illumina	D	D	ERR189763
C_tra_3461	Illumina	G	G	ERR189764
C_tra_3462	Illumina	Ba	Ba	ERR189766
C_tra_3463	Illumina	D	D	ERR189767
C_tra_3464	Illumina	C	C	ERR189768
C_tra_3465	Illumina	F	F	ERR189771
C_tra_3466	Illumina	D	D	ERR210970
C_tra_3467	Illumina	G	G	ERR210971
C_tra_3468	Illumina	G	G	ERR210972
C_tra_3469	Illumina	G	G	ERR210973
C_tra_3470	Illumina	H	H	ERR210974
C_tra_3471	Illumina	H	H	ERR210975
C_tra_3472	Illumina	H	H	ERR210976
C_tra_3473	Illumina	H	H	ERR210978
C_tra_3474	Illumina	H	H	ERR210979
C_tra_3475	Illumina	J	J	ERR210980
C_tra_3476	Illumina	H	H	ERR210981
C_tra_3477	Illumina	la	la	ERR210982
C_tra_3478	Illumina	I/la	I/la	ERR210985
C_tra_3479	Illumina	I/la	I/la	ERR210986
C_tra_3480	Illumina	I/la	I/la	ERR210987
C_tra_3481	Illumina	D	D	ERR210988
C_tra_3482	Illumina	J	J	ERR210989
C_tra_3483	Illumina	J	J	ERR210990
C_tra_3484	Illumina	K	K	ERR210991
C_tra_3485	Illumina	C	C	ERR210992
C_tra_3486	Illumina	B	B	ERR210997
C_tra_3487	Illumina	E	E	ERR210999
C_tra_3488	Illumina	E	E	ERR211004
C_tra_3489	Illumina	F	F	ERR211005
C_tra_3490	Illumina	F	F	ERR211006
C_tra_3491	Illumina	F	F	ERR211009
C_tra_3492	Illumina	E	E	ERR211010
C_tra_3493	Illumina	J	J	ERR211013

C_tra_3494	Illumina	B	B	ERR211016
C_tra_3495	Illumina	D	D	ERR211017
C_tra_3496	Illumina	D	D	ERR211018
C_tra_3497	Illumina	E	E	ERR211019
C_tra_3498	Illumina	F	F	ERR211022
C_tra_3499	Illumina	I/Ia	I/Ia	ERR211023
C_tra_3500	Illumina	K	K	ERR211024
C_tra_3501	Illumina	K	K	ERR211025
C_tra_3502	Illumina	I/Ia	I/Ia	ERR211026
C_tra_3503	Illumina	I/Ia	I/Ia	ERR211027
C_tra_3504	Illumina	K	K	ERR211028
C_tra_3505	Illumina	K	K	ERR211029
C_tra_3506	Illumina	K	K	ERR211030
C_tra_3507	Illumina	L1/L2	L1/L2	ERR211035
C_tra_3508	Illumina	L1	L1	ERR211044
C_tra_3509	Illumina	L1	L1	ERR211045
C_tra_3510	Illumina	L1	L1	ERR211046
C_tra_3511	Illumina	L2	L2	ERR211050
C_tra_3512	Illumina	L1	L1	ERR211057
C_tra_3513	Illumina	L1/L2	L1/L2	ERR211058
C_tra_3514	Illumina	L1	L1	ERR211059
C_tra_3515	Illumina	L1	L1	ERR211060
C_tra_3516	Illumina	L1	L1	ERR211061
C_tra_3517	Illumina	L1/L2	L1/L2	ERR211062
C_tra_3518	Illumina	L2	L2	ERR211064
C_tra_3519	Illumina	F	F	ERR278132
C_tra_3520	Illumina	E	E	ERR278134
C_tra_3521	Illumina	E	E	ERR278135
C_tra_3522	Illumina	E	E	ERR278136
C_tra_3523	Illumina	G	G	ERR278137
C_tra_3524	Illumina	F	F	ERR278139
C_tra_3525	Illumina	G	G	ERR278140
C_tra_3526	Illumina	E	E	ERR278141
C_tra_3527	Illumina	G	G	ERR278142
C_tra_3528	Illumina	D	D	ERR278143
C_tra_3529	Illumina	E	E	ERR278145
C_tra_3530	Illumina	F	F	ERR278146
C_tra_3531	Illumina	D	D	ERR278147
C_tra_3532	Illumina	E	E	ERR278148
C_tra_3533	Illumina	E	E	ERR278149
C_tra_3534	Illumina	D	D	ERR278150
C_tra_3535	Illumina	E	E	ERR278152
C_tra_3536	Illumina	E	E	ERR278153
C_tra_3537	Illumina	B-Ba	B-Ba	ERR278154
C_tra_3538	Illumina	E	E	ERR278158
C_tra_3539	Illumina	F	F	ERR278160
C_tra_3540	Illumina	E	E	ERR278161
C_tra_3541	Illumina	F	F	ERR278162
C_tra_3542	Illumina	K	K	ERR278163
C_tra_3543	Illumina	K	K	ERR278164
C_tra_3544	Illumina	K	K	ERR278165
C_tra_3545	Illumina	F	F	ERR278181
C_tra_3546	Illumina	H	H	ERR278182
C_tra_3547	Illumina	F	F	ERR278184
C_tra_3548	Illumina	B-Ba	B-Ba	ERR278185
C_tra_3549	Illumina	K	K	ERR278186

C_tra_3550	Illumina	E	E	ERR278187
C_tra_3551	Illumina	G	G	ERR278188
C_tra_3552	Illumina	F	F	ERR278190
C_tra_3553	Illumina	H	H	ERR278213
C_tra_3554	Illumina	G	G	ERR278214
C_tra_3555	Illumina	I/Ia	I/Ia	ERR278215
C_tra_3556	Illumina	L2	L2	ERR348839
C_tra_3557	Illumina	L2b	L2b	ERR348840
C_tra_3558	Illumina	L2b	L2b	ERR348841
C_tra_3559	Illumina	L2	L2	ERR348842
C_tra_3560	Illumina	L2	L2	ERR348844
C_tra_3561	Illumina	E	E	ERR348845
C_tra_3562	Illumina	L2	L2	ERR348847
C_tra_3563	Illumina	L2b	L2b	ERR348858
C_tra_3564	Illumina	L2	L2	ERR351533
C_tra_3565	Illumina	B-Ba	B-Ba	ERR386222
C_tra_3566	Illumina	C	C	ERR386223
C_tra_3567	Illumina	C	C	ERR386224
C_tra_3568	Illumina	B-Ba	B-Ba	ERR386225
C_tra_3569	Illumina	B-Ba	B-Ba	ERR386232
C_tra_3570	Illumina	L2b	L2b	ERR516390
C_tra_3571	Illumina	L2b	L2b	ERR516391
C_tra_3572	Illumina	L2	L2	ERR516392
C_tra_3573	Illumina	E	E	ERR558495
C_tra_3574	Illumina	H	H	ERR558497
C_tra_3575	Illumina	A	A	ERR558498
C_tra_3576	Illumina	C	C	ERR558499
C_tra_3577	Illumina	E	E	ERR558500
C_tra_3578	Illumina	E	E	ERR558501
C_tra_3579	Illumina	J	J	ERR558504
C_tra_3580	Illumina	K	K	ERR558505
C_tra_3581	Illumina	F	F	ERR658365
C_tra_3582	Illumina	D	D	ERR658366
C_tra_3583	Illumina	G	G	ERR658369
C_tra_3584	Illumina	F	F	ERR658399
C_tra_3585	Illumina	E	E	ERR658407
C_tra_3586	Illumina	E	E	ERR658410
C_tra_3587	Illumina	D	D	ERR658498
C_tra_3588	Illumina	D	D	ERR658501
C_tra_3589	Illumina	G	G	ERR658523
C_tra_3590	Illumina	F	F	ERR658532
C_tra_3591	Illumina	E	E	ERR658534
C_tra_3592	Illumina	E	E	ERR658535
C_tra_3593	Illumina	E	E	ERR658536
C_tra_3594	Illumina	F	F	ERR658541
C_tra_3595	Illumina	L1	L1	ERR658549
C_tra_3596	Illumina	L1	L1	ERR658551
C_tra_3597	Illumina	L1	L1	ERR658553
C_tra_3598	Illumina	L1	L1	ERR658557
C_tra_3599	Illumina	K	K	ERR658561
C_tra_3600	Illumina	K	K	ERR658565
C_tra_3601	Illumina	K	K	ERR658566
C_tra_3602	Illumina	E	E	ERR658574
C_tra_3603	Illumina	E	E	ERR658575
C_tra_3604	Illumina	E	E	ERR658576
C_tra_3605	Illumina	E	E	ERR658577

C_tra_3606	Illumina	F	F	ERR658578
C_tra_3607	Illumina	F	F	ERR658580
C_tra_3608	Illumina	E	E	ERR658581
C_tra_3609	Illumina	E	E	ERR658582
C_tra_3610	Illumina	E	E	ERR658583
C_tra_3611	Illumina	D	D	ERR658584
C_tra_3612	Illumina	F	F	ERR658585
C_tra_3613	Illumina	D	D	ERR658586
C_tra_3614	Illumina	E	E	ERR658587
C_tra_3615	Illumina	E	E	ERR658588
C_tra_3616	Illumina	E	E	ERR658591
C_tra_3617	Illumina	F	F	ERR658592
C_tra_3618	Illumina	E	E	ERR658595
C_tra_3619	Illumina	K	K	ERR658600
C_tra_3620	Illumina	E	E	ERR658602
C_tra_3621	Illumina	E	E	ERR658606
C_tra_3622	Illumina	E	E	ERR658610
C_tra_3623	Illumina	I/la	I/la	ERR658613
C_tra_3624	Illumina	E	E	ERR658617
C_tra_3625	Illumina	E	E	ERR658619
C_tra_3626	Illumina	F	F	ERR658626
C_tra_3627	Illumina	F	F	ERR658632
C_tra_3628	Illumina	D	D	ERR658635
C_tra_3629	Illumina	E	E	ERR658639
C_tra_3630	Illumina	E	E	ERR658642
C_tra_3631	Illumina	E	E	ERR658645
C_tra_3632	Illumina	F	F	ERR658647
C_tra_3633	Illumina	J	J	ERR658648
C_tra_3634	Illumina	F	F	ERR658649
C_tra_3635	Illumina	E	E	ERR658650
C_tra_3636	Illumina	F	F	ERR658652
C_tra_3637	Illumina	K	K	ERR658653
C_tra_3638	Illumina	F	F	ERR658656
C_tra_3639	Illumina	J	J	ERR658657
C_tra_3640	Illumina	G	G	ERR658658
C_tra_3641	Illumina	K	K	ERR658660
C_tra_3642	Illumina	K	K	ERR658662
C_tra_3643	Illumina	F	F	ERR658664
C_tra_3644	Illumina	D	D	ERR658666
C_tra_3645	Illumina	E	E	ERR658667
C_tra_3646	Illumina	E	E	ERR658668
C_tra_3647	Illumina	E	E	ERR658669
C_tra_3648	Illumina	E	E	ERR658670
C_tra_3649	Illumina	E	E	ERR658671
C_tra_3650	Illumina	F	F	ERR658672
C_tra_3651	Illumina	D	D	ERR658673
C_tra_3652	Illumina	G	G	ERR658677
C_tra_3653	Illumina	J	J	ERR658679
C_tra_3654	Illumina	E	E	ERR658682
C_tra_3655	Illumina	J	J	ERR658685
C_tra_3656	Nanopore	L2	L2	SRR16461583
C_tra_3657	Nanopore	F	F	SRR16461585
C_tra_3658	Nanopore	F	F	SRR16461579
C_tra_3659	Nanopore	F	F	SRR16461581

Tabela Suplementar 9 – Listagem dos confrontos entre subespécies e serogrupos obtidos e esperados para todas as amostras analisadas na prova de conceito para a *Legionella pneumophila*, assim como os identificados únicos das amostras disponíveis online. A discrepância encontrada encontra-se destacada a laranja.

Amostra	Formato de entrada	Ip_subspecies_prediction		Ip_serogroup_typing	
		Subespécie obtida	Subespécie esperada	Serogrupo obtido	Serogrupo esperado
Lp_1	fasta	fraseri	fraseri	serogroup_4	serogroup_4
Lp_2	fasta	pneumophila	pneumophila	serogroup_3	serogroup_3
Lp_3	fasta	pneumophila	pneumophila	serogroup_1	serogroup_1
Lp_4	fasta	fraseri	fraseri	serogroup_15	serogroup_15
Lp_5	fasta	pneumophila	pneumophila	serogroup_1	serogroup_1
Lp_6	fasta	pneumophila	pneumophila	serogroup_1	serogroup_1
Lp_7	fasta	fraseri	fraseri	serogroup_1	serogroup_1
Lp_8	fasta	pneumophila	pneumophila	serogroup_1	serogroup_1
Lp_9	fasta	pneumophila	pneumophila	serogroup_1	serogroup_1
Lp_10	fasta	fraseri	fraseri	serogroup_1	serogroup_1
Lp_11	fasta	pneumophila	pneumophila	serogroup_1	serogroup_1
Lp_12	fasta	pneumophila	pneumophila	serogroup_1	serogroup_1
Lp_13	fasta	pneumophila	pneumophila	serogroup_12	serogroup_12
Lp_14	fasta	pneumophila	pneumophila	serogroup_1	serogroup_1
Lp_15	fasta	pneumophila	pneumophila	serogroup_1	serogroup_1
Lp_16	fasta	pneumophila	pneumophila	serogroup_1	serogroup_1
Lp_17	fasta	fraseri	fraseri	serogroup_5	serogroup_5
Lp_18	fasta	raphaeli	raphaeli	serogroup_4	serogroup_4
Lp_19	fasta	pneumophila	pneumophila	serogroup_1	serogroup_1
Lp_20	fasta	pascullei	pascullei	serogroup_5	serogroup_5
Lp_21	fasta	pneumophila	pneumophila	serogroup_1	serogroup_1
Lp_22	fasta	pneumophila	pneumophila	serogroup_12	serogroup_6
Lp_23	fasta	pneumophila	pneumophila	serogroup_1	serogroup_1
Lp_24	fasta	pneumophila	pneumophila	serogroup_1	serogroup_1
Lp_25	fasta	pneumophila	pneumophila	serogroup_1	serogroup_1
Lp_26	fasta	pneumophila	pneumophila	serogroup_9	serogroup_9
Lp_27	illumina	fraseri	fraseri	-	-
Lp_28	illumina	pneumophila	pneumophila	-	-
Lp_29	illumina	pneumophila	pneumophila	-	-
Lp_30	illumina	raphaeli	raphaeli	-	-
Lp_31	illumina	raphaeli	raphaeli	-	-
Lp_32	illumina	fraseri	fraseri	-	-
Lp_33	illumina	fraseri	fraseri	-	-
Lp_34	illumina	pascullei	pascullei	-	-
Lp_35	illumina	fraseri	fraseri	-	-
Lp_36	illumina	pneumophila	pneumophila	-	-
Lp_37	illumina	raphaeli	raphaeli	-	-
Lp_38	illumina	fraseri	fraseri	-	-
Lp_39	illumina	pneumophila	pneumophila	-	-
Lp_40	illumina	raphaeli	raphaeli	-	-
Lp_41	illumina	raphaeli	raphaeli	-	-
Lp_42	illumina	D7708	D7708	-	-
Lp_43	illumina	fraseri	fraseri	-	-
Lp_44	illumina	raphaeli	raphaeli	-	-
Lp_45	illumina	fraseri	fraseri	-	-

Tabela Suplementar 10 – Listagem dos confrontos entre genes de virulência obtidos e esperados para a amostra Lp_10, correspondente à *Legionella pneumophila* fraseri PtVFX_2014.

Amostra	Genes virulência obtidos	Genes virulência esperados
Lp_10	lpg2527	lpg2527
Lp_10	lpg1975	lpg1975
Lp_10	lpg1976	lpg1976
Lp_10	lpg0518	lpg0518
Lp_10	lpg1354	lpg1354
Lp_10	lpg1355	lpg1355
Lp_10	lpg1368	lpg1368
Lp_10	lpg2050	lpg2050
Lp_10	lpg2153	lpg2153
Lp_10	lpg2156	lpg2156
Lp_10	lpg2510	lpg2510
Lp_10	lpg0008	lpg0008
Lp_10	lpg0012	lpg0012
Lp_10	lpg0021	lpg0021
Lp_10	lpg0030	lpg0030
Lp_10	lpg0038	lpg0038
Lp_10	lpg0045	lpg0045
Lp_10	lpg0046	lpg0046
Lp_10	lpg0059	lpg0059
Lp_10	lpg0080	lpg0080
Lp_10	lpg0081	lpg0081
Lp_10	lpg0090	lpg0090
Lp_10	lpg0096	lpg0096
Lp_10	lpg0103	lpg0103
Lp_10	lpg0107	lpg0107
Lp_10	lpg0126	lpg0126
Lp_10	lpg0130	lpg0130
Lp_10	lpg0135	lpg0135
Lp_10	lpg0140	lpg0140
Lp_10	lpg0160	lpg0160
Lp_10	lpg0170	lpg0170
Lp_10	lpg0171	lpg0171
Lp_10	lpg0172	lpg0172
Lp_10	lpg0181	lpg0181
Lp_10	lpg0195	lpg0195
Lp_10	lpg0196	lpg0196
Lp_10	lpg0208	lpg0208
Lp_10	lpg0209	lpg0209
Lp_10	lpg0210	lpg0210
Lp_10	lpg0227	lpg0227
Lp_10	lpg0234	lpg0234
Lp_10	lpg0240	lpg0240
Lp_10	lpg0246	lpg0246
Lp_10	lpg0254	lpg0254
Lp_10	lpg0257	lpg0257
Lp_10	lpg0260	lpg0260
Lp_10	lpg0275	lpg0275
Lp_10	lpg0276	lpg0276
Lp_10	lpg0284	lpg0284
Lp_10	lpg0285	lpg0285
Lp_10	lpg0294	lpg0294

Lp_10	lpg0364	lpg0364
Lp_10	lpg0365	lpg0365
Lp_10	lpg0375	lpg0375
Lp_10	lpg0376	lpg0376
Lp_10	lpg0390	lpg0390
Lp_10	lpg0393	lpg0393
Lp_10	lpg0401	lpg0401
Lp_10	lpg0402	lpg0402
Lp_10	lpg0403	lpg0403
Lp_10	lpg0405	lpg0405
Lp_10	lpg0422	lpg0422
Lp_10	lpg0436	lpg0436
Lp_10	lpg0437	lpg0437
Lp_10	lpg0439	lpg0439
Lp_10	lpg0483	lpg0483
Lp_10	lpg0621	lpg0621
Lp_10	lpg0634	lpg0634
Lp_10	lpg0642	lpg0642
Lp_10	lpg0695	lpg0695
Lp_10	lpg0696	lpg0696
Lp_10	lpg0716	lpg0716
Lp_10	lpg0733	lpg0733
Lp_10	lpg0898	lpg0898
Lp_10	lpg0921	lpg0921
Lp_10	lpg0926	lpg0926
Lp_10	lpg0940	lpg0940
Lp_10	lpg0944	lpg0944
Lp_10	lpg0945	lpg0945
Lp_10	lpg0963	lpg0963
Lp_10	lpg0967	lpg0967
Lp_10	lpg0968	lpg0968
Lp_10	lpg0969	lpg0969
Lp_10	lpg1106	lpg1106
Lp_10	lpg1108	lpg1108
Lp_10	lpg1109	lpg1109
Lp_10	lpg1110	lpg1110
Lp_10	lpg1111	lpg1111
Lp_10	lpg1121	lpg1121
Lp_10	lpg1124	lpg1124
Lp_10	lpg1129	lpg1129
Lp_10	lpg1137	lpg1137
Lp_10	lpg1144	lpg1144
Lp_10	lpg1145	lpg1145
Lp_10	lpg1147	lpg1147
Lp_10	lpg1148	lpg1148
Lp_10	lpg1152	lpg1152
Lp_10	lpg1154	lpg1154
Lp_10	lpg1158	lpg1158
Lp_10	lpg1166	lpg1166
Lp_10	lpg1171	lpg1171
Lp_10	lpg1183	lpg1183
Lp_10	lpg1227	lpg1227
Lp_10	lpg1273	lpg1273
Lp_10	lpg1290	lpg1290
Lp_10	lpg1328	lpg1328
Lp_10	lpg1356	lpg1356

Lp_10	lpg1408	lpg1408
Lp_10	lpg1426	lpg1426
Lp_10	lpg1449	lpg1449
Lp_10	lpg1453	lpg1453
Lp_10	lpg1483	lpg1483
Lp_10	lpg1484	lpg1484
Lp_10	lpg1488	lpg1488
Lp_10	lpg1489	lpg1489
Lp_10	lpg1496	lpg1496
Lp_10	lpg1551	lpg1551
Lp_10	lpg1578	lpg1578
Lp_10	lpg1588	lpg1588
Lp_10	lpg1598	lpg1598
Lp_10	lpg1621	lpg1621
Lp_10	lpg1625	lpg1625
Lp_10	lpg1639	lpg1639
Lp_10	lpg1654	lpg1654
Lp_10	lpg1660	lpg1660
Lp_10	lpg1661	lpg1661
Lp_10	lpg1663	lpg1663
Lp_10	lpg1666	lpg1666
Lp_10	lpg1667	lpg1667
Lp_10	lpg1670	lpg1670
Lp_10	lpg1687	lpg1687
Lp_10	lpg1689	lpg1689
Lp_10	lpg1701	lpg1701
Lp_10	lpg1702	lpg1702
Lp_10	lpg1716	lpg1716
Lp_10	lpg1717	lpg1717
Lp_10	lpg1718	lpg1718
Lp_10	lpg1751	lpg1751
Lp_10	lpg1752	lpg1752
Lp_10	lpg1776	lpg1776
Lp_10	lpg1798	lpg1798
Lp_10	lpg1803	lpg1803
Lp_10	lpg1822	lpg1822
Lp_10	lpg1836	lpg1836
Lp_10	lpg1851	lpg1851
Lp_10	lpg1884	lpg1884
Lp_10	lpg1888	lpg1888
Lp_10	lpg1890	lpg1890
Lp_10	lpg1907	lpg1907
Lp_10	lpg1924	lpg1924
Lp_10	lpg1933	lpg1933
Lp_10	lpg1949	lpg1949
Lp_10	lpg1950	lpg1950
Lp_10	lpg1953	lpg1953
Lp_10	lpg1959	lpg1959
Lp_10	lpg1960	lpg1960
Lp_10	lpg1962	lpg1962
Lp_10	lpg1969	lpg1969
Lp_10	lpg1972	lpg1972
Lp_10	lpg1978	lpg1978
Lp_10	lpg1986	lpg1986
Lp_10	lpg2131	lpg2131
Lp_10	lpg2137	lpg2137

Lp_10	lpg2144	lpg2144
Lp_10	lpg2147	lpg2147
Lp_10	lpg2148	lpg2148
Lp_10	lpg2149	lpg2149
Lp_10	lpg2154	lpg2154
Lp_10	lpg2155	lpg2155
Lp_10	lpg2157	lpg2157
Lp_10	lpg2160	lpg2160
Lp_10	lpg2164	lpg2164
Lp_10	lpg2166	lpg2166
Lp_10	lpg2176	lpg2176
Lp_10	lpg2199	lpg2199
Lp_10	lpg2200	lpg2200
Lp_10	lpg2215	lpg2215
Lp_10	lpg2216	lpg2216
Lp_10	lpg2222	lpg2222
Lp_10	lpg2223	lpg2223
Lp_10	lpg2244	lpg2244
Lp_10	lpg2248	lpg2248
Lp_10	lpg2271	lpg2271
Lp_10	lpg2283	lpg2283
Lp_10	lpg2298	lpg2298
Lp_10	lpg2300	lpg2300
Lp_10	lpg2311	lpg2311
Lp_10	lpg2322	lpg2322
Lp_10	lpg2327	lpg2327
Lp_10	lpg2328	lpg2328
Lp_10	lpg2344	lpg2344
Lp_10	lpg2351	lpg2351
Lp_10	lpg2359	lpg2359
Lp_10	lpg2375	lpg2375
Lp_10	lpg2382	lpg2382
Lp_10	lpg2391	lpg2391
Lp_10	lpg2392	lpg2392
Lp_10	lpg2406	lpg2406
Lp_10	lpg2407	lpg2407
Lp_10	lpg2409	lpg2409
Lp_10	lpg2410	lpg2410
Lp_10	lpg2411	lpg2411
Lp_10	lpg2416	lpg2416
Lp_10	lpg2422	lpg2422
Lp_10	lpg2424	lpg2424
Lp_10	lpg2425	lpg2425
Lp_10	lpg2433	lpg2433
Lp_10	lpg2434	lpg2434
Lp_10	lpg2443	lpg2443
Lp_10	lpg2444	lpg2444
Lp_10	lpg2452	lpg2452
Lp_10	lpg2456	lpg2456
Lp_10	lpg2461	lpg2461
Lp_10	lpg2482	lpg2482
Lp_10	lpg2490	lpg2490
Lp_10	lpg2498	lpg2498
Lp_10	lpg2504	lpg2504
Lp_10	lpg2505	lpg2505
Lp_10	lpg2508	lpg2508

Lp_10	lpg2509	lpg2509
Lp_10	lpg2526	lpg2526
Lp_10	lpg2529	lpg2529
Lp_10	lpg2538	lpg2538
Lp_10	lpg2539	lpg2539
Lp_10	lpg2541	lpg2541
Lp_10	lpg2546	lpg2546
Lp_10	lpg2552	lpg2552
Lp_10	lpg2577	lpg2577
Lp_10	lpg2584	lpg2584
Lp_10	lpg2588	lpg2588
Lp_10	lpg2591	lpg2591
Lp_10	lpg2603	lpg2603
Lp_10	lpg2628	lpg2628
Lp_10	lpg2637	lpg2637
Lp_10	lpg2638	lpg2638
Lp_10	lpg2692	lpg2692
Lp_10	lpg2694	lpg2694
Lp_10	lpg2718	lpg2718
Lp_10	lpg2720	lpg2720
Lp_10	lpg2745	lpg2745
Lp_10	lpg2793	lpg2793
Lp_10	lpg2804	lpg2804
Lp_10	lpg2806	lpg2806
Lp_10	lpg2815	lpg2815
Lp_10	lpg2826	lpg2826
Lp_10	lpg2828	lpg2828
Lp_10	lpg2832	lpg2832
Lp_10	lpg2844	lpg2844
Lp_10	lpg2874	lpg2874
Lp_10	lpg2879	lpg2879
Lp_10	lpg2884	lpg2884
Lp_10	lpg2885	lpg2885
Lp_10	lpg2888	lpg2888
Lp_10	lpg2907	lpg2907
Lp_10	lpg2936	lpg2936
Lp_10	lpg2975	lpg2975
Lp_10	lpg2999	lpg2999
Lp_10	lpg3000	lpg3000
Lp_10	lpp2486	lpp2486

Tabela Suplementar 11 – Medições dos tempos de execução para os diversos agentes patogénicos submetidos a prova de conceito. É apresentado cálculo da média (TM) e do desvio padrão (SD) de 10 conjuntos de medições para cada base de dados e formato de entrada examinados.

ⁱ -elevado número de amostras em análise exigiu a estimação dos valores tendo por base a medição de 10 amostras.

ⁱⁱ - valores estimados a partir da soma dos restantes.

		Nº Amostras	T1.	T2.	T3.	T4.	T5.	T6.	T7.	T8.	T9.	T10.	TM	SD
measles	Fasta	494	00:00:20	00:00:19	00:00:20	00:00:20	00:00:19	00:00:19	00:00:19	00:00:20	00:00:19	00:00:19	00:00:19	00:00:00
	Nanopore	8	00:07:49	00:05:58	00:06:34	00:05:10	00:07:06	00:06:03	00:06:57	00:07:52	00:05:23	00:05:56	00:06:29	00:00:54
	All	502	00:06:56	00:05:47	00:06:07	00:06:12	00:06:34	00:06:13	00:05:36	00:06:05	00:05:12	00:05:15	00:06:00	00:00:31
HCV_complet	Fasta	166	00:00:04	00:00:03	00:00:03	00:00:04	00:00:03	00:00:04	00:00:03	00:00:04	00:00:03	00:00:03	00:00:03	00:00:00
	Sanger	83	00:00:11	00:00:11	00:00:11	00:00:10	00:00:11	00:00:11	00:00:10	00:00:10	00:00:10	00:00:11	00:00:11	00:00:00
	All	249	00:00:11	00:00:10	00:00:11	00:00:11	00:00:11	00:00:11	00:00:10	00:00:11	00:00:10	00:00:11	00:00:11	00:00:00
HCV_partial	Fasta	166	00:00:03	00:00:04	00:00:03	00:00:03	00:00:03	00:00:03	00:00:04	00:00:03	00:00:03	00:00:03	00:00:03	00:00:00
	Sanger	83	00:00:11	00:00:10	00:00:10	00:00:10	00:00:11	00:00:11	00:00:10	00:00:10	00:00:10	00:00:11	00:00:10	00:00:00
	All	249	00:00:10	00:00:10	00:00:11	00:00:10	00:00:11	00:00:11	00:00:10	00:00:10	00:00:11	00:00:10	00:00:10	00:00:00
HTLV_1_LTR	Fasta	14	00:00:03	00:00:04	00:00:03	00:00:03	00:00:03	00:00:03	00:00:04	00:00:03	00:00:04	00:00:03	00:00:03	00:00:00
	Sanger	14	00:00:07	00:00:08	00:00:08	00:00:08	00:00:08	00:00:08	00:00:08	00:00:08	00:00:08	00:00:07	00:00:08	00:00:00
	All	28	00:00:07	00:00:09	00:00:08	00:00:08	00:00:08	00:00:08	00:00:08	00:00:08	00:00:08	00:00:09	00:00:08	00:00:01
HT	Fasta	14	00:00:03	00:00:03	00:00:03	00:00:03	00:00:03	00:00:03	00:00:03	00:00:04	00:00:03	00:00:04	00:00:03	00:00:00

	Sanger	14	00:00:07	00:00:06	00:00:06	00:00:07	00:00:06	00:00:07	00:00:07	00:00:06	00:00:07	00:00:07	00:00:07	00:00:00
	All	28	00:00:06	00:00:07	00:00:07	00:00:08	00:00:07	00:00:07	00:00:07	00:00:07	00:00:07	00:00:07	00:00:07	00:00:00
influenza	Fasta	174482	00:07:45	00:07:53	00:07:54	00:07:59	00:07:46	00:07:55	00:07:47	00:07:49	00:07:52	00:07:50	00:07:51	00:00:04
	Illumina	17	00:01:48	00:01:57	00:01:39	00:01:45	00:01:47	00:01:52	00:01:49	00:01:43	00:01:45	00:01:44	00:01:47	00:00:05
	Nanopore	11	00:01:48	00:01:48	00:01:48	00:01:47	00:01:48	00:01:48	00:01:48	00:01:47	00:01:48	00:01:47	00:01:48	00:00:00
	All	174510	00:10:56	00:11:13	00:10:35	00:10:36	00:10:29	00:10:30	00:10:54	00:10:32	00:10:33	00:10:41	00:10:42	00:00:14
newcastle	Fasta	255	00:00:47	00:00:46	00:00:44	00:00:48	00:00:49	00:00:52	00:00:46	00:00:48	00:00:47	00:00:49	00:00:48	00:00:02
	Sanger	42	00:00:05	00:00:06	00:00:05	00:00:06	00:00:06	00:00:05	00:00:05	00:00:06	00:00:06	00:00:05	00:00:05	00:00:01
	All	297	00:00:49	00:00:48	00:00:50	00:00:47	00:00:48	00:00:49	00:00:50	00:00:48	00:00:48	00:00:51	00:00:49	00:00:01
c_trachomatis	Fasta	2208	00:00:08	00:00:07	00:00:07	00:00:08	00:00:08	00:00:08	00:00:08	00:00:08	00:00:08	00:00:08	00:00:08	00:00:00
	Illumina	524	52,4 x 01:25:03 ⁱ	52,4 x 01:28:38 ⁱ	52,4 x 01:27:14 ⁱ	52,4 x 01:29:07 ⁱ	52,4 x 01:26:07 ⁱ	52,4 x 01:30:07 ⁱ	52,4 x 01:26:54 ⁱ	52,4 x 01:28:03 ⁱ	52,4 x 01:27:23 ⁱ	52,4 x 01:26:59 ⁱ	76:28:22 ⁱⁱ	00:01:24
	Nanopore	4	01:02:02	01:00:47	01:00:17	01:01:12	01:00:48	01:01:35	01:00:10	01:00:53	01:01:03	01:00:43	01:00:57	00:00:32
	Sanger	923	00:00:34	00:00:33	00:00:34	00:00:34	00:00:33	00:00:34	00:00:33	00:00:34	00:00:34	00:00:34	00:00:34	00:00:00
	All	3659	75:16:27	79:52:54	77:23:01	79:11:48	76:28:07	80:02:19	76:42:49	78:54:26	78:52:40	77:59:09	78:09:45	01:15:37
lp_su	Fasta	26	00:00:07	00:00:08	00:00:08	00:00:08	00:00:08	00:00:07	00:00:07	00:00:08	00:00:07	00:00:08	00:00:08	00:00:00

	Illumina	19	02:44:32	02:32:26	01:48:27	02:29:11	02:30:52	02:31:32	02:28:13	02:29:32	02:24:43	02:28:45	02:26:49	00:13:42
	All	45	02:30:02	02:34:06	02:25:43	01:56:34	02:32:03	02:36:44	02:26:51	02:28:43	02:35:29	02:30:52	02:27:43	00:10:55
Lp_serogroup_typi	Fasta	26	00:00:09	00:00:08	00:00:08	00:00:08	00:00:08	00:00:08	00:00:08	00:00:08	00:00:08	00:00:08	00:00:08	00:00:00
	All	26	00:00:08	00:00:08	00:00:09	00:00:08	00:00:08	00:00:08	00:00:08	00:00:08	00:00:09	00:00:08	00:00:08	00:00:08
Lp_dot_ic	Fasta	1	00:00:07	00:00:06	00:00:06	00:00:06	00:00:06	00:00:06	00:00:06	00:00:07	00:00:07	00:00:06	00:00:06	00:00:06
	All	1	00:00:06	00:00:06	00:00:07	00:00:06	00:00:06	00:00:06	00:00:06	00:00:07	00:00:06	00:00:06	00:00:06	00:00:06