

Translation of Asia II 1-ORF (1-6549)

Total amino acid number: 2182, MW=244932

Max ORF starts at AA pos 1(may be DNA pos 1) for 2182 AA(6546 bases)

```
1      ATGTGGACTCCCGCTTTATTGTGCCTGCTGGTTCGCAGCCGCCAATGCCCAATACGGGTGG
1      M W T P A L L C L L V A A A N A Q Y G W
61     AAAAATGGAAACCTCTACAAATACGAAATCAACGGACGCACCCTGACCGCCCTGAACCAA
21     K N G N L Y K Y E I N G R T L T A L N Q
121    GTCGCCGACCAATACGCCGGAGTCTTATTTCAGAGCCAACTTCTACGTCCAACCCTTCTCC
41     V A D Q Y A G V L F R A N F Y V Q P F S
181    AGTGACAGACTGTCTGCCTACATCCAAAATGCCGAGACCGCTCAAGTTCACGCTGAGCTG
61     S D R L S A Y I Q N A E T A Q V H A E L
241    CCAAGTGGATATGAATCTCACATCCCTTCCAGCCAGTTGAACTACAAGAGTATGCCCTC
81     P S G Y E S H I P S S Q L N Y K S M P L
301    AGCCACGAGCCATTTCGAAATTTACCTGAAGAAGGGAGTCGTCTCCAACCTTCGCGTCAAC
101    S H E P F E I Y L K K G V V S N L R V N
361    AAGAATGTCTCCGACTGGGAACCTTAACATCATCAAGGCTGTTGTGAGCCAAATCCAAGTT
121    K N V S D W E L N I I K A V V S Q I Q V
421    GACACCCAAGGTCAAACTTGAAGAAATCCAGCCACAACCAACTCCCCAAGGAAAACAAG
141    D T Q G Q N L K K S S H N Q L P K E N K
481    CCCTACGGTGTTTACAAGACCATGGAAGACTCCGTCACTGGTGAATGTGAACTCTCTAC
161    P Y G V Y K T M E D S V T G E C E T L Y
541    GATGTCTCACCTCTGCCAGAAATCACCTCCAAACCAAACCTGGTTGGTTTCCTTTCCCC
181    D V S P L P E I T L Q T K P W L V P F P
601    AACTTCCGTGAAAACGGACAATTCATCGACATCGTCAAGACCACCAACTACAGCAAATGT
201    N F R E N G Q F I D I V K T T N Y S K C
661    GAAGAACGTTCTGCTTACCACTTTGGTATCACTGGTCTGACCAACTGGAAACCCGCCAGC
221    E E R S A Y H F G I T G L T N W K P A S
721    AACCAAATGGGACAATTCCTCTCCCGCTCCAACATCAACCGTGTGTCATTCTTGAAAC
241    N Q M G Q F L S R S N I N R V V I S G N
781    GTGAAATACTACACCATCCAATCCTCTGTTTCCACCAACAAAATCGTCATCAGTCCACAG
261    V K Y Y T I Q S S V S T N K I V I S P Q
841    ATGTACGAATCACAGAAGGGAATGGTCATCAGTGTGTCATGAACATGACCCTGGCTTCCTTC
281    M Y E S Q K G M V I S V M N M T L A S F
901    CACCAAGCCAATGGATCTCCCCGAGCGTCAACAACCTACCGCAAGGTCAACAACCTTAGTC
301    H Q A N G S P R S V N N Y R K V N N L V
961    TACGACTACATGGCCGCTTCTCCAAACGCATACGCTCAACACTACAACAACAATGGTGCA
321    Y D Y M A A S P N A Y A Q H Y N N N G A
1021   TCTAGCAGCAGCCCCCTCCAGCTCCAGCTCCAGCTCTGACTCATCTAGTTCCAGCTCTAGC
341    S S S S P S S S S S S S S D S S S S S S S
1081   TCTAGCAGCAGCAGCTCCTCCTCCTCCTTCCAGCTCAAGCAGCAGTCCGAAGAAGAC
361    S S S S S S S S S S S S S S S S S S S E E D
1141   CAATACTACAGAAGACACAACAACAACCGCAACAACAACAACAACAACAACAAC
381    Q Y Y R R H N N N N R N N N N N N N N N N
```

1201 AACAAACAACCGCAACAACAACCACAACAACAATAACGCCAACGACAACAACAAT
401 N N N N R N N N H N N N N N A N D N N N
1261 TCCGCCAACAAACAACAACAACAACAACAATTCGCCAACAAACAACAAC
421 S A N N N N N N N N N N S A N N N N N N
1321 AACAAAGAACAACAACCGCAACAATGACGAGAACGTCTCTCGCAGTCGCTCCCGCAGAGAT
441 N K N N N R N N D E N V S R S [R S R R] D
1381 ATCTCCCAATACAAATACAACAGTTTTGAAAAACAACAACAACGACAACGAAGACGAA
461 I S Q Y K Y N S F E N N N N N D N E D E
1441 AAGAATAACAGTGGCCGCAACGGACACAACGGACACAACGGAAACAACGGACACAACGGA
481 K N N S G R N G H N G H N G N N G H N G
1501 AACAAACGGACACAACGGACACAATGGACACAACGGAAACAATGGACAAAACAACAGCAAT
501 N N G H N G H N G H N G N N G Q N N S N
1561 GGCAGCTCAAGCAGCAGCTCCAGCTCTAGCAGCTCTAGCTCTGGCTCCAGCAGCTCTGAA
521 G S S S S S S S S S S S S S S G S S S S S E
1621 GAAAACAACTCCCGTTACAACAACGGTAAATTCGCCAGCTTTGCCCCGCCACAACGGATCT
541 E N N S R Y N N G K F A S F A R H N G S
1681 GGATCCTCCTCCTCCAGCAGCTCCCCCGACGCATACGCTCAACACTACAACAACAACGGT
561 G S S S S S S S P D A Y A Q H Y N N N G
1741 GCTTCCAGCAGCTCCTCCAGCTCTTCCAGCTCCTCATCCAGCTCTGAAGAAAACAGCTCC
581 A S S S S S S S S S S S S S S S E E N S S
1801 TTTGGATCTTCTGTCTCCAGCAGCAGCGAAGAGGACTATGAACCACGTCCAAGCATGTAC
601 F G S S V S S S S E E D Y E P R P S M Y
1861 AAGGCTCCTCAAACCTCTTTCTTCCCCTACTTCATCGGAAACTACGGTAACAGCATCCAA
621 K A P Q T P F F P Y F I G N Y G N S I Q
1921 TCCGCTAAACAAGTTAACGGAGTTGCTCTTGCCCCGTAAGCTCGCCCAAGAAATTGCTGAG
641 S A K Q V N G V A L A R K L A Q E I A E
1981 GAATTGAACGACCCACGTCAAATTACTCAAAAAAGCACTTTGGCTAAATTCAACATGTTG
661 E L [N D P R] Q I T Q K S T L A K F N M L
2041 GTCGAGGAACTCAGAACCCTGGACGCGAAACAAATGGAACAAGCTTCCAAGAGCTTCAT
681 V E E L R T L D A K Q M E Q A S Q E L H
2101 TTCAACTCCGCCCAGGCTCCAGCCACAGCCGTCAAGATGCTCTGAAATCTCTCGCCTGG
701 F N S A Q A S S H S R Q D A L K S L A W
2161 AAATCCTTCTGTGATGCCTTAGTTGAAGCTGGTACCGGACCTGCCTTTTTGCAAATGCAA
721 K S F C D A L V E A G T G P A F L Q M Q
2221 AAGATTATTGAACACCAACAAGTATCCGACGCCGAGGCCGCTCGCATGATCAGCCGTCTT
741 K I I E H Q Q V S D A E A A R M I S R L
2281 CCAGTCACCGCTCGTTTCCCAGACAAGGAATACATGAACTCTTCTTCAACTTTGTCAGA
761 P V T A R F P D K E Y M N S F F N F V R
2341 TCCAACAATGTTCAACACCAGAACCAACTCAACGAAACTGCTCTCCTTGCTTTCGCTGAG
781 S N N V Q H Q N Q L [N E T A] L L A F A E
2401 CTTTGCCGTAAAGCCGATGTCAACGCCAGAAACGCCCACTACTACCTGTCCACGTT
801 L C R K A D V N A R N A H N Y Y P V H V
2461 TATGGACGTGTCCTCCAGAGCATGCCAAGGCTGTTGCTCACCAATACCTTCCCTACTAT
821 Y G R V L P E H A K A V A H Q Y L P Y Y

2521 GAACAAAACCTCAAGAGAGCCGTTGCCAATGGTGACAGCCGCAAGATCCAAGCTTACATC
841 E Q N L K R A V A N G D S R K I Q A Y I
2581 CGTGCCATTGGAAACTTTTGCTCACCCCAAGATCCTCGAAGTTTTTCGAGCCCTACCTTGAA
861 R A I G N F A H P K I L E V F E P Y L E
2641 GGAAAGGTCCCAATCTCCAACCTTCCAACGCACTGTCATGGTCCTCTCCCTTAACGAACCT
881 G K V P I S N F Q R T V M V L S L N E L
2701 GCACGTGTCTACCCCAACCTTGCCCGCAATGTCTCTTCAAGATCTACCAAAACACCCAA
901 A R V Y P N L A R N V L F K I Y Q N T Q
2761 GAAAACCAGGAAGTCCGTGTTGCCGCTGTCTTCTTAATCTTCGGAACCAACCCATCTGCC
921 E N Q E V R V A A V F L I F G T N P S A
2821 CAGACCCTCCAACGTATGGCTCAATTCACCAATGAAGACCAAGACCAGCAGGTCAACGCT
941 Q T L Q R M A Q F T N E D Q D Q Q V N A
2881 GCCGTCAAATCCGCCCTTGAAAACGCTGCCAAGGCCCACTCCGAGTCTCGTCAAGAACTC
961 A V K S A L E N A A K A H S E S R Q E L
2941 GCCCAAGCTGCTCAATCCGCTATTGCTCTCCTCAGCCCTAAGACTTACGGTCTTCAATAC
981 A Q A A Q S A I A L L S P K T Y G L Q Y
3001 TCCAAGAAATGGCTCCGCGACTACATCGTCAAGGAAGAAAACCTTGCTTACAGAGTGTCT
1001 S K K W L R D Y I V K E E N L A Y R V S
3061 GCCGATATGATCCAGAGCGAGGACTCCTTAATCCCAACCAAGTTTACGTTGCCCTTCAC
1021 A D M I Q S E D S L I P N Q V Y V A L H
3121 CGTTACCTCGGTGGATTGCTCAACGTGTTGCCAGCTTCAGAGCCATGACCTCCAGTGCC
1041 R Y L G G F A Q R V A S F R A M T S S A
3181 AGCGACCTCGTTGAAAAGATCCAAGAACAGTTTACCAATGGAGAAGAATACCAACAACAA
1061 S D L V E K I Q E Q F T N G E E Y Q Q Q
3241 TCCGAAATGAACCAGCAATTCTCTGCCGAACAAATCTTCAGACAGTTCAACATTAAGCCT
1081 S E M N Q Q F S A E Q I F R Q F N I K P
3301 GACTACCCACAAGAAGTTGAAGCCCTCCTCCAATACACCGTTTTTTGGAGCCAAGCGCTGG
1101 D Y P Q E V E A L L Q Y T V F G A K R W
3361 GCCTTCTTCGACGAAGAATTCTTCAACCAAATCCCAAGACGTCTGAACGATGCTCTCTCT
1121 A F F D E E F F N Q I P R R L N D A L S
3421 AAGGTTCAAAAATGGACAATCTTTCAACTCCACCAAATCTTACAACGACATCTCTCTCTCC
1141 K V Q N G Q S F N S T K F Y N D I S L S
3481 ATTGCTTTCCCCACTGCCACTGGTCTGCCATTCTCTTACACTCTCAAGGTCCCCACTCTC
1161 I A F P T A T G L P F S Y T L K V P T L
3541 GTCCAAGCCGGTGGAGAAGTTCAAGCCAGAGTTCAAGGTCACAACTCCAACAACAACAAC
1181 V Q A G G E V Q A R V Q G H N S N N N N
3601 AACAACAACCTCTTCCGTATCCCTGAAGCTGTTAACGTAACCGCCGAAATTGAGATCGTT
1201 N N N L F R I P E A V N V T A E I E I V
3661 TACGCCACTGAATTGAAATCTGAACTTGGATTGCTCACTCCATTCAACCACGAACGTTAC
1221 Y A T E L K S E L G F V T P F N H E R Y
3721 GTTGCTGGTCTTGCCAAGAACATCTTTGTTAACATCCCAGTTAAGGTGCGCGCCAATGTG
1241 V A G L A K N I F V N I P V K V A A N V
3781 GACATCGCCAACACCAAGGTGCAATTCTACATGAAGCCCATGAACAACCAGAACGAACAA
1261 D I A N T K V E F Y M K P M N N Q N E Q

3841 AAAATCTTCCACTACGGATCTTACCCTTACACCGCAATCCAAAAACATCTTCGACTTCCGC
1281 K I F H Y G S Y P Y T A I Q N I F D F R
3901 CCCCTCCAAGAAAACGAAAACTAAGTACATCTTCGCCAACGCCAACAAAAACAAGTTC
1301 P L Q E N E N T K Y I F A N A N K N K F
3961 GAGAAAGTCTACGGTGAAGAAAAGACCGGGTTTGCCTTCCGTTGCCAATACAAGGGTGAC
1321 E K V Y G E E K T G F A F R C Q Y K G D
4021 CAACAAAGCTTCCAATTTCGCTGACTTCTACAACCTTCGCTAAGCGTAACGATTTCTTCTCC
1341 Q Q S F Q F A D F Y N F A K R N D F F S
4081 GCTGCTTTCTTCCCATGGGCTGAAAAGACCATCCAATACAACAACTTCGATGTCTACTAT
1361 A A F F P W A E K T I Q Y N N F D V Y Y
4141 GACCCAGCTAGATCTGCCGCCAAATCCGCCAAGTTCGCCTTGAACCTATGCCAACAAATAC
1381 D P A R S A A K S A K F A L N Y A N K Y
4201 GCCAACAAGGAAAACAACAACGAAGGTAACCTAACAACCACAACAACCAAAACGAT
1401 A N K E N N N E G N S N N H N N N Q N D
4261 GCTGTTCCATCTTCTTACCAACCTGACAACGAACAGAGAATGAACCAATTGCCAGCCGC
1421 A V P S S Y Q P D N E Q R M N Q F A S R
4321 GCTCAATCTGGAGTTCAAAGTGCCAACATCGATGTTATCGACATCTCTGCTCAATTCTTC
1441 A Q S G V Q S A N I D V I D I S A Q F F
4381 GGACAAAAGAACGCTGATTACGTCGCCACTCTTGCTTACGCTCGTAGCCCAGTCGCTGAA
1461 G Q K N A D Y V A T L A Y A R S P V A E
4441 AAGGCTCGTTTCTCTTCTACGCCGGTGCCAACAATGCCAACAACAACAAAAACAAGTT
1481 K A R F L F Y A G A N N A N N N K N K V
4501 GCTGTTGACGCCACCGCTTACATGCCCAATGTTCTCTCGTCAACGCCGCTCAAGCTTTTC
1501 A V D A T A Y M P N V P L V N A A Q A F
4561 AACGCCGACGCCAACTCCCGCTTCTACGCCAACGTTAAATCTGGAGAAAACCTCGACAAT
1521 N A D A N S R F Y A N V K S G E N L D N
4621 GGTGCTCAATTCCAATTCCAAGCTAACATGAAACAAAGCCAAGAGTTCGGTGACTACTTC
1541 G A Q F Q F Q A N M K Q S Q E F R D Y F
4681 CGTCAAAGCCAAATGTACAAACAGTGCTCTCAGCAAATGGAACAAGGAGAATACATGATG
1561 R Q S Q M Y K Q C S Q Q M E Q G E Y M M
4741 CCTGCTTGCCGTAACGCTACCGTTGCCGCTAACAGATTAAACGAAGCCACTTCTCCATC
1581 P A C R N A T V A A N R L N E A H F S I
4801 AACTTTGACAAGGTTTCTGATGCCGTCAAGAACTACACTTACCAAGCTTTCGCCTACGCC
1601 N F D K V S D A V K N Y T Y Q A F A Y A
4861 CGTCATTTAGGATACCAATACCAGTCTGAAAACTTCGGAAAACCTAATGGCCAACACAAC
1621 R H L G Y Q Y Q S E N F G N P N G Q H N
4921 AAGATTGATGGTTACTTCAAGTTCTCCCCTAACTTCGACTTCGCCCAGTTCTACTTCAAC
1641 K I D G Y F K F S P N F D F A Q F Y F N
4981 GCTCCTTCCGTAGCCGCTTCTTCAAGAACGTTCCAGTTCACCAATACGTCGCTGACTTT
1661 A P S V A A S F K N V P V H Q Y V A D F
5041 TTCGCCCCCTACCCCGTCTACTCTGGCTTCGACCGTCTCATGCAGGACACTTTCCAAGCC
1681 F A P H P V Y S G F D R L M Q D T F Q A
5101 AAATACCAAGCTGCTTGCGTTGCTGACAAGATGCACGCTACCACTTTTGACAACAGAACT
1701 K Y Q A A C V A D K M H A T T F D N R T

5161 TTCCCCGCTCACTTCCAAAACAACTGGTACGTCTCATGGCCTACATGAACAGAAACAAC
1721 F P A H F Q N N W Y V L M A Y M N R N N
5221 TACTACAACAACAACCTTCAACCAATACCTCCAACAAAAACAAGAACCAACACAGCTACAGA
1741 Y Y N N N F N Q Y L Q Q N K N Q H S Y R
5281 GACTACAACGAGAAGAGATTCTTACACTACCGTCTATGCTAGACAAAATAGCAACGGCCAA
1761 D Y N E K R F Y T T V Y A R Q N S N G Q
5341 AAGGAATTGAAAATTGTCCTGAACAACGGAGAATACGAAATCTTCATGCAACCAGCCTCC
1781 K E L K I V L N N G E Y E I F M Q P A S
5401 TCTCAAGCCGGTTTCCACAGCTCTAACTCCGAAAGAACAACGCTGCCATCAAGGTCTTC
1801 S Q A G F H S S N S G K N N A A I K V F
5461 ATCAACAAACAAGAGCAACAATTCACCGACAAGCAATTCACTGACTTCCACGGACACAAT
1821 I N K Q E Q Q F T D K Q F T D F H G H N
5521 GGAAAGATCTACGCTCAATTCTACGCTCTTCTGATGGTGCTATCCGCTTCTTTGCTCCC
1841 G K I Y A Q F Y A L P D G A I R F F A P
5581 CAATCTGGACTTCAAGCCATTTATGACGGAGCTCGCATCAAGATTCAAGCTGCCAACCAA
1861 Q S G L Q A I Y D.....G.....A...R I K I Q A A N Q
5641 TACAGAGGTGCTGTCCGTGGTATGTGCGGAACCTACTCCAACCAATACGCTGACGACTTC
1881 Y R G A V R G.....M.....C.....G T Y S N Q Y A D D F
5701 ACCGCCCCCTCAAAACTGTGTCTACAAGAACCCAGAAGACTTCGCTGCCGTCTACGCTGTC
1901 T A P Q N C V Y K N P E D F A A V Y A V
5761 GTTGACTCTTCTTCCCCCTCTCAAGTGAAATCCCAGAAGGAACGCGCTCAGCAAACTTC
1921 V D S S S P S Q V K S Q K E R A Q Q N F
5821 TGTGCCCCGCAAGAACAACCAATTCGGAAACTACGTTAGCCGCAGCGACGCCGGATACGGA
1941 C A R K N N Q F G N Y V S R S D A G Y G
5881 TACAATAACAACAACAACGACAAATACTACGAATCTGCTTACAAGAACACCAAATACTAC
1961 Y K Y N N N D K Y Y E S A Y K N T K Y Y
5941 GACCCCTCCAACCTCCCAGTACAACAAGTACTACAAGAACAACAAGTACGCCAAGGACCAG
1981 D P S N S Q Y N K Y Y K N N K Y A K D Q
6001 GACTCCTCCTACTCTAGCAGCAGCTCTTCATCTAGCGACTCTAGCAGCAGCTCATCCAGT
2001 D S S Y S S S S S S S S D S S S S S S S
6061 GACTCCAGCAGCAGCTCCTCTTCTTCTCCTCCCCAGCTCATCCAGCTCTAGCAGCGACTCC
2021 D S S S S S S S S S P S S S S S S S D S
6121 AGCTCCTCTTCCAGCTCTTCCCAGTCCAACGACAACAACCGCAACAACAACAACCGCAAC
2041 S S S S S S S S Q S N D N N R N N N N R N
6181 AACAGCAACAACAACAACAACCGCAACAACAACCGCAACAACAACAACAACAACAGC
2061 N S N N N N N R N N N R N N N N N N N S
6241 AGCAGCAGCCAAGAAGCCAGTTACGAACAGAGAAACCAAACCGACCCTCTATCCGCAAA
2081 S S S Q E A S Y E Q R N Q N G P S I R K
6301 CTGTACCGTGCCATCAACCAAGGAGACGACATGTGCTTCACCATCAACGCTATCCCAACT
2101 L Y R A I N Q G D D M C F T I N A I P T
6361 TGCAGATACCCAGCCAAGCCCGTTGGAAGCGCCAAGAAAATGGTTGACTTTTACTGTGCG
2121 C R Y P A K P V G S A K K M V D F Y C A
6421 CCCAAATCCAGCTCTGAAGCTCAACACTTCAGCAAATTGATTGCCAAGGGTGCTGCTCCC
2141 P K S S S E A Q H F S K L I A K G A A P

6481 AGCCAATTGTCTCTCAAGAAACCAAACCAAAAGTTCGAAGTGAACATTCCCGAATACTGT
2161 S Q L S L K K P N Q K F E V N I P E Y C
6541 GTTGCCTAA
2181 V A *