**Tradução do cDNA da proteina spike do virus original utilizando o primer show**

**Results for 3822 residue sequence "mRNA /gene="Spike original" (exons in uppercase)" starting "ATGTTTGTTT".**  
       1 M  F  V  F  L  V  L  L  P  L  V  S  S  Q  C  V  N  L  T  T    
       1 ATGTTTGTTTTTCTTGTTTTATTGCCACTAGTCTCTAGTCAGTGTGTTAATCTTACAACC  
      21 R  T  Q  L  P  P  A  Y  T  N  S  F  T  R  G  V  Y  Y  P  D    
      61 AGAACTCAATTACCCCCTGCATACACTAATTCTTTCACACGTGGTGTTTATTACCCTGAC  
      41 K  V  F  R  S  S  V  L  H  S  T  Q  D  L  F  L  P  F  F  S    
     121 AAAGTTTTCAGATCCTCAGTTTTACATTCAACTCAGGACTTGTTCTTACCTTTCTTTTCC  
      61 N  V  T  W  F  H  A  I  H  V  S  G  T  N  G  T  K  R  F  D    
     181 AATGTTACTTGGTTCCATGCTATACATGTCTCTGGGACCAATGGTACTAAGAGGTTTGAT  
      81 N  P  V  L  P  F  N  D  G  V  Y  F  A  S  T  E  K  S  N  I    
     241 AACCCTGTCCTACCATTTAATGATGGTGTTTATTTTGCTTCCACTGAGAAGTCTAACATA  
     101 I  R  G  W  I  F  G  T  T  L  D  S  K  T  Q  S  L  L  I  V    
     301 ATAAGAGGCTGGATTTTTGGTACTACTTTAGATTCGAAGACCCAGTCCCTACTTATTGTT  
     121 N  N  A  T  N  V  V  I  K  V  C  E  F  Q  F  C  N  D  P  F    
     361 AATAACGCTACTAATGTTGTTATTAAAGTCTGTGAATTTCAATTTTGTAATGATCCATTT  
     141 L  G  V  Y  Y  H  K  N  N  K  S  W  M  E  S  E  F  R  V  Y    
     421 TTGGGTGTTTATTACCACAAAAACAACAAAAGTTGGATGGAAAGTGAGTTCAGAGTTTAT  
     161 S  S  A  N  N  C  T  F  E  Y  V  S  Q  P  F  L  M  D  L  E    
     481 TCTAGTGCGAATAATTGCACTTTTGAATATGTCTCTCAGCCTTTTCTTATGGACCTTGAA  
     181 G  K  Q  G  N  F  K  N  L  R  E  F  V  F  K  N  I  D  G  Y    
     541 GGAAAACAGGGTAATTTCAAAAATCTTAGGGAATTTGTGTTTAAGAATATTGATGGTTAT  
     201 F  K  I  Y  S  K  H  T  P  I  N  L  V  R  D  L  P  Q  G  F    
     601 TTTAAAATATATTCTAAGCACACGCCTATTAATTTAGTGCGTGATCTCCCTCAGGGTTTT  
     221 S  A  L  E  P  L  V  D  L  P  I  G  I  N  I  T  R  F  Q  T    
     661 TCGGCTTTAGAACCATTGGTAGATTTGCCAATAGGTATTAACATCACTAGGTTTCAAACT  
     241 L  L  A  L  H  R  S  Y  L  T  P  G  D  S  S  S  G  W  T  A    
     721 TTACTTGCTTTACATAGAAGTTATTTGACTCCTGGTGATTCTTCTTCAGGTTGGACAGCT  
     261 G  A  A  A  Y  Y  V  G  Y  L  Q  P  R  T  F  L  L  K  Y  N    
     781 GGTGCTGCAGCTTATTATGTGGGTTATCTTCAACCTAGGACTTTTCTATTAAAATATAAT  
     281 E  N  G  T  I  T  D  A  V  D  C  A  L  D  P  L  S  E  T  K    
     841 GAAAATGGAACCATTACAGATGCTGTAGACTGTGCACTTGACCCTCTCTCAGAAACAAAG  
     301 C  T  L  K  S  F  T  V  E  K  G  I  Y  Q  T  S  N  F  R  V    
     901 TGTACGTTGAAATCCTTCACTGTAGAAAAAGGAATCTATCAAACTTCTAACTTTAGAGTC  
     321 Q  P  T  E  S  I  V  R  F  P  N  I  T  N  L  C  P  F  G  E    
     961 CAACCAACAGAATCTATTGTTAGATTTCCTAATATTACAAACTTGTGCCCTTTTGGTGAA  
     341 V  F  N  A  T  R  F  A  S  V  Y  A  W  N  R  K  R  I  S  N    
    1021 GTTTTTAACGCCACCAGATTTGCATCTGTTTATGCTTGGAACAGGAAGAGAATCAGCAAC  
     361 C  V  A  D  Y  S  V  L  Y  N  S  A  S  F  S  T  F  K  C  Y    
    1081 TGTGTTGCTGATTATTCTGTCCTATATAATTCCGCATCATTTTCCACTTTTAAGTGTTAT  
     381 G  V  S  P  T  K  L  N  D  L  C  F  T  N  V  Y  A  D  S  F    
    1141 GGAGTGTCTCCTACTAAATTAAATGATCTCTGCTTTACTAATGTCTATGCAGATTCATTT  
     401 V  I  R  G  D  E  V  R  Q  I  A  P  G  Q  T  G  K  I  A  D    
    1201 GTAATTAGAGGTGATGAAGTCAGACAAATCGCTCCAGGGCAAACTGGAAAGATTGCTGAT  
     421 Y  N  Y  K  L  P  D  D  F  T  G  C  V  I  A  W  N  S  N  N    
    1261 TATAATTATAAATTACCAGATGATTTTACAGGCTGCGTTATAGCTTGGAATTCTAACAAT  
     441 L  D  S  K  V  G  G  N  Y  N  Y  L  Y  R  L  F  R  K  S  N    
    1321 CTTGATTCTAAGGTTGGTGGTAATTATAATTACCTGTATAGATTGTTTAGGAAGTCTAAT  
     461 L  K  P  F  E  R  D  I  S  T  E  I  Y  Q  A  G  S  T  P  C    
    1381 CTCAAACCTTTTGAGAGAGATATTTCAACTGAAATCTATCAGGCCGGTAGCACACCTTGT  
     481 N  G  V  E  G  F  N  C  Y  F  P  L  Q  S  Y  G  F  Q  P  T    
    1441 AATGGTGTTGAAGGTTTTAATTGTTACTTTCCTTTACAATCATATGGTTTCCAACCCACT  
     501 N  G  V  G  Y  Q  P  Y  R  V  V  V  L  S  F  E  L  L  H  A    
    1501 AATGGTGTTGGTTACCAACCATACAGAGTAGTAGTACTTTCTTTTGAACTTCTACATGCA  
     521 P  A  T  V  C  G  P  K  K  S  T  N  L  V  K  N  K  C  V  N    
    1561 CCAGCAACTGTTTGTGGACCTAAAAAGTCTACTAATTTGGTTAAAAACAAATGTGTCAAT  
     541 F  N  F  N  G  L  T  G  T  G  V  L  T  E  S  N  K  K  F  L    
    1621 TTCAACTTCAATGGTTTAACAGGCACAGGTGTTCTTACTGAGTCTAACAAAAAGTTTCTG  
     561 P  F  Q  Q  F  G  R  D  I  A  D  T  T  D  A  V  R  D  P  Q    
    1681 CCTTTCCAACAATTTGGCAGAGACATTGCTGACACTACTGATGCTGTCCGTGATCCACAG  
     581 T  L  E  I  L  D  I  T  P  C  S  F  G  G  V  S  V  I  T  P    
    1741 ACACTTGAGATTCTTGACATTACACCATGTTCTTTTGGTGGTGTCAGTGTTATAACACCA  
     601 G  T  N  T  S  N  Q  V  A  V  L  Y  Q  D  V  N  C  T  E  V    
    1801 GGAACAAATACTTCTAACCAGGTTGCTGTTCTTTATCAGGATGTTAACTGCACAGAAGTC  
     621 P  V  A  I  H  A  D  Q  L  T  P  T  W  R  V  Y  S  T  G  S    
    1861 CCTGTTGCTATTCATGCAGATCAACTTACTCCTACTTGGCGTGTTTATTCTACAGGTTCT  
     641 N  V  F  Q  T  R  A  G  C  L  I  G  A  E  H  V  N  N  S  Y    
    1921 AATGTTTTTCAAACACGTGCAGGCTGTTTAATAGGGGCTGAACATGTCAACAACTCATAT  
     661 E  C  D  I  P  I  G  A  G  I  C  A  S  Y  Q  T  Q  T  N  S    
    1981 GAGTGTGACATACCCATTGGTGCAGGTATATGCGCTAGTTATCAGACTCAGACTAATTCT  
     681 P  R  R  A  R  S  V  A  S  Q  S  I  I  A  Y  T  M  S  L  G    
    2041 CCTCGGCGGGCACGTAGTGTAGCTAGTCAATCCATCATTGCCTACACTATGTCACTTGGT  
     701 A  E  N  S  V  A  Y  S  N  N  S  I  A  I  P  T  N  F  T  I    
    2101 GCAGAAAATTCAGTTGCTTACTCTAATAACTCTATTGCCATACCCACAAATTTTACTATT  
     721 S  V  T  T  E  I  L  P  V  S  M  T  K  T  S  V  D  C  T  M    
    2161 AGTGTTACCACAGAAATTCTACCAGTGTCTATGACCAAGACATCAGTAGATTGTACAATG  
     741 Y  I  C  G  D  S  T  E  C  S  N  L  L  L  Q  Y  G  S  F  C    
    2221 TACATTTGTGGTGATTCAACTGAATGCAGCAATCTTTTGTTGCAATATGGCAGTTTTTGT  
     761 T  Q  L  N  R  A  L  T  G  I  A  V  E  Q  D  K  N  T  Q  E    
    2281 ACACAATTAAACCGTGCTTTAACTGGAATAGCTGTTGAACAAGACAAAAACACCCAAGAA  
     781 V  F  A  Q  V  K  Q  I  Y  K  T  P  P  I  K  D  F  G  G  F    
    2341 GTTTTTGCACAAGTCAAACAAATTTACAAAACACCACCAATTAAAGATTTTGGTGGTTTT  
     801 N  F  S  Q  I  L  P  D  P  S  K  P  S  K  R  S  F  I  E  D    
    2401 AATTTTTCACAAATATTACCAGATCCATCAAAACCAAGCAAGAGGTCATTTATTGAAGAT  
     821 L  L  F  N  K  V  T  L  A  D  A  G  F  I  K  Q  Y  G  D  C    
    2461 CTACTTTTCAACAAAGTGACACTTGCAGATGCTGGCTTCATCAAACAATATGGTGATTGC  
     841 L  G  D  I  A  A  R  D  L  I  C  A  Q  K  F  N  G  L  T  V    
    2521 CTTGGTGATATTGCTGCTAGAGACCTCATTTGTGCACAAAAGTTTAACGGCCTTACTGTT  
     861 L  P  P  L  L  T  D  E  M  I  A  Q  Y  T  S  A  L  L  A  G    
    2581 TTGCCACCTTTGCTCACAGATGAAATGATTGCTCAATACACTTCTGCACTGTTAGCGGGT  
     881 T  I  T  S  G  W  T  F  G  A  G  A  A  L  Q  I  P  F  A  M    
    2641 ACAATCACTTCTGGTTGGACCTTTGGTGCAGGTGCTGCATTACAAATACCATTTGCTATG  
     901 Q  M  A  Y  R  F  N  G  I  G  V  T  Q  N  V  L  Y  E  N  Q    
    2701 CAAATGGCTTATAGGTTTAATGGTATTGGAGTTACACAGAATGTTCTCTATGAGAACCAA  
     921 K  L  I  A  N  Q  F  N  S  A  I  G  K  I  Q  D  S  L  S  S    
    2761 AAATTGATTGCCAACCAATTTAATAGTGCTATTGGCAAAATTCAAGACTCACTTTCTTCC  
     941 T  A  S  A  L  G  K  L  Q  D  V  V  N  Q  N  A  Q  A  L  N    
    2821 ACAGCAAGTGCACTTGGAAAACTTCAAGATGTGGTCAACCAAAATGCACAAGCTTTAAAC  
     961 T  L  V  K  Q  L  S  S  N  F  G  A  I  S  S  V  L  N  D  I    
    2881 ACGCTTGTTAAACAACTTAGCTCCAATTTTGGTGCAATTTCAAGTGTTTTAAATGATATC  
     981 L  S  R  L  D  **K  V**  E  A  E  V  Q  I  D  R  L  I  T  G  R    
    2941 CTTTCACGTCTTGAC**AAAGTT**GAGGCTGAAGTGCAAATTGATAGGTTGATCACAGGCAGA  
    1001 L  Q  S  L  Q  T  Y  V  T  Q  Q  L  I  R  A  A  E  I  R  A    
    3001 CTTCAAAGTTTGCAGACATATGTGACTCAACAATTAATTAGAGCTGCAGAAATCAGAGCT  
    1021 S  A  N  L  A  A  T  K  M  S  E  C  V  L  G  Q  S  K  R  V    
    3061 TCTGCTAATCTTGCTGCTACTAAAATGTCAGAGTGTGTACTTGGACAATCAAAAAGAGTT  
    1041 D  F  C  G  K  G  Y  H  L  M  S  F  P  Q  S  A  P  H  G  V    
    3121 GATTTTTGTGGAAAGGGCTATCATCTTATGTCCTTCCCTCAGTCAGCACCTCATGGTGTA  
    1061 V  F  L  H  V  T  Y  V  P  A  Q  E  K  N  F  T  T  A  P  A    
    3181 GTCTTCTTGCATGTGACTTATGTCCCTGCACAAGAAAAGAACTTCACAACTGCTCCTGCC  
    1081 I  C  H  D  G  K  A  H  F  P  R  E  G  V  F  V  S  N  G  T    
    3241 ATTTGTCATGATGGAAAAGCACACTTTCCTCGTGAAGGTGTCTTTGTTTCAAATGGCACA  
    1101 H  W  F  V  T  Q  R  N  F  Y  E  P  Q  I  I  T  T  D  N  T    
    3301 CACTGGTTTGTAACACAAAGGAATTTTTATGAACCACAAATCATTACTACAGACAACACA  
    1121 F  V  S  G  N  C  D  V  V  I  G  I  V  N  N  T  V  Y  D  P    
    3361 TTTGTGTCTGGTAACTGTGATGTTGTAATAGGAATTGTCAACAACACAGTTTATGATCCT  
    1141 L  Q  P  E  L  D  S  F  K  E  E  L  D  K  Y  F  K  N  H  T    
    3421 TTGCAACCTGAATTAGACTCATTCAAGGAGGAGTTAGATAAATATTTTAAGAATCATACA  
    1161 S  P  D  V  D  L  G  D  I  S  G  I  N  A  S  V  V  N  I  Q    
    3481 TCACCAGATGTTGATTTAGGTGACATCTCTGGCATTAATGCTTCAGTTGTAAACATTCAA  
    1181 K  E  I  D  R  L  N  E  V  A  K  N  L  N  E  S  L  I  D  L    
    3541 AAAGAAATTGACCGCCTCAATGAGGTTGCCAAGAATTTAAATGAATCTCTCATCGATCTC  
    1201 Q  E  L  G  K  Y  E  Q  Y  I  K  W  P  W  Y  I  W  L  G  F    
    3601 CAAGAACTTGGAAAGTATGAGCAGTATATAAAATGGCCATGGTACATTTGGCTAGGTTTT  
    1221 I  A  G  L  I  A  I  V  M  V  T  I  M  L  C  C  M  T  S  C    
    3661 ATAGCTGGCTTGATTGCCATAGTAATGGTGACAATTATGCTTTGCTGTATGACCAGTTGC  
    1241 C  S  C  L  K  G  C  C  S  C  G  S  C  C  K  F  D  E  D  D    
    3721 TGTAGTTGTCTCAAGGGCTGTTGTTCTTGTGGATCCTGCTGCAAATTTGATGAAGACGAC  
    1261 S  E  P  V  L  K  G  V  K  L  H  Y  T  \*    
    3781 TCTGAGCCAGTGCTCAAAGGAGTCAAATTACATTACACATAA