

Supplementary 5. Comparison of the *recBCD* regions of *Francisella tularensis* subsp. *holarctica* LVS and *Francisella tularensis* subsp. *holarctica* 15D

Francisella tularensis subsp. holarctica LVS, complete genome
Sequence ID: [CP009694.1](#) Length: 1892177 Number of Matches: 2
Range 1: 1371162 to 1381979 [GenBankGraphics](#)[Next Match](#)[Previous Match](#)

Query - Francisella tularensis subsp. holarctica 15D

Alignment statistics for match #1

Score	Expect	Identities	Gaps
19978 bits(10818)	0.0	10818/10818(100%)	0/10818(0%)
Query 1	ATGCATATAAGTGAGCGCCGTAAATGGTATATAGGCTTTGCTGTTTTTGTGATGGTGATT	60	
Sbjct 1371162	ATGCATATAAGTGAGCGCCGTAAATGGTATATAGGCTTTGCTGTTTTTGTGATGGTGATT	1371221	
Query 61	TTATTATCGCTTTCACACTTCATGCTTCAATATGGTTTAGTATAGGGTTGTGCGTGTT	120	
Sbjct 1371222	TTATTATCGCTTTCACACTTCATGCTTCAATATGGTTTAGTATAGGGTTGTGCGTGTT	1371281	
Query 121	TTGGCAGTGATCGCAATCTATGATGTTAGCCAAACAAAGCATTCATCCTAAGAACTTT	180	
Sbjct 1371282	TTGGCAGTGATCGCAATCTATGATGTTAGCCAAACAAAGCATTCATCCTAAGAACTTT	1371341	
Query 181	CCTATAGTAGGACATATGCGCTATATACTTGAGTTTTTACGTCCTGAAATTCAGCAGTAT	240	
Sbjct 1371342	CCTATAGTAGGACATATGCGCTATATACTTGAGTTTTTACGTCCTGAAATTCAGCAGTAT	1371401	
Query 241	TTCATTGCTGATAATGAGAGTGAAAAGCCATTTGGTAGAGAGCTACGTTGACAATCTAC	300	
Sbjct 1371402	TTCATTGCTGATAATGAGAGTGAAAAGCCATTTGGTAGAGAGCTACGTTGACAATCTAC	1371461	
Query 301	CGTCGTGCTAAGGGTATTAATGATACTGTTGCTTTTGGACAGAGAAAGATATTTATAGG	360	
Sbjct 1371462	CGTCGTGCTAAGGGTATTAATGATACTGTTGCTTTTGGACAGAGAAAGATATTTATAGG	1371521	
Query 361	GTTGGTTATGAATGGGTAACACATTCACATGCCTAAGCATCTTGATGAAATTGAAACT	420	
Sbjct 1371522	GTTGGTTATGAATGGGTAACACATTCACATGCCTAAGCATCTTGATGAAATTGAAACT	1371581	
Query 421	CGAGTTAAAATTGGTGGTTCTGATTGTAAACAACCATATATGGCATCGCATCTAAATATA	480	
Sbjct 1371582	CGAGTTAAAATTGGTGGTTCTGATTGTAAACAACCATATATGGCATCGCATCTAAATATA	1371641	
Query 481	TCTGCGATGAGTTTGGGGCATTATCTGCTAATGCCGTTATGGCTTTGAATAAGGGAGCT	540	
Sbjct 1371642	TCTGCGATGAGTTTGGGGCATTATCTGCTAATGCCGTTATGGCTTTGAATAAGGGAGCT	1371701	
Query 541	AAACTTGGAGGGTTTTATCAATGTACAGGTGAGGGCGGCTTGACTAAATATCATTTACAA	600	

Sbjct	1371702	AAACTTGGAGGGTTTATCAATGTACAGGTGAGGGCGGCTTGACTAAATATCATTTACAA	1371761
Query	601	GGTGGAGATCTTGTATTTCAAATTGGTACAGGCTATTTTGGCTGTCGTACTGATGATGGC	660
Sbjct	1371762	GGTGGAGATCTTGTATTTCAAATTGGTACAGGCTATTTTGGCTGTCGTACTGATGATGGC	1371821
Query	661	AAGTTCTCAGCAGAGAAATTTGTTGAAAAAGCAAATTTAGATAGAGTCAAATGATAGAA	720
Sbjct	1371822	AAGTTCTCAGCAGAGAAATTTGTTGAAAAAGCAAATTTAGATAGAGTCAAATGATAGAA	1371881
Query	721	ATTAAGTTATCTCAAGGGGCTAAACCATCTCATGGCGGGGTTTTGCCAGCAGCTAAGATA	780
Sbjct	1371882	ATTAAGTTATCTCAAGGGGCTAAACCATCTCATGGCGGGGTTTTGCCAGCAGCTAAGATA	1371941
Query	781	ACTCCAGAAATTGCTGAAATTAGGGGTGTTTCAATGGGCAAAGATGTACTATCACCTCCT	840
Sbjct	1371942	ACTCCAGAAATTGCTGAAATTAGGGGTGTTTCAATGGGCAAAGATGTACTATCACCTCCT	1372001
Query	841	GCGCATAGTGCTTTTTCGACACCGATAGAATTTTGCTATTTTCATTAAACAGCTAAGAGAT	900
Sbjct	1372002	GCGCATAGTGCTTTTTCGACACCGATAGAATTTTGCTATTTTCATTAAACAGCTAAGAGAT	1372061
Query	901	CTTTCTAATGGCAAACCAATAGGGTTTAAGCTATGTATTGGTAGTCATGTTGAGTTTTTA	960
Sbjct	1372062	CTTTCTAATGGCAAACCAATAGGGTTTAAGCTATGTATTGGTAGTCATGTTGAGTTTTTA	1372121
Query	961	GCTATTTGTAAAGCAATGCTTGAGACAGGAATAAGACCTGATTTTATAACTGTTGATGGC	1020
Sbjct	1372122	GCTATTTGTAAAGCAATGCTTGAGACAGGAATAAGACCTGATTTTATAACTGTTGATGGC	1372181
Query	1021	GCTGATGGTGGTACAGGGCGGCACCACTTGAGTTCTCTAATCATATTGGTATGCCTTTA	1080
Sbjct	1372182	GCTGATGGTGGTACAGGGCGGCACCACTTGAGTTCTCTAATCATATTGGTATGCCTTTA	1372241
Query	1081	GAAGATAGTTTAATCTTTGTGCATAATGCTTTGGTTGGTTGTGGCTTACGTGATGAGATT	1140
Sbjct	1372242	GAAGATAGTTTAATCTTTGTGCATAATGCTTTGGTTGGTTGTGGCTTACGTGATGAGATT	1372301
Query	1141	CGTATAATTGCAAGTAGTAAAGTAGCTACAGGTTTTGATATGGTGAGGTTATTTGCTATG	1200
Sbjct	1372302	CGTATAATTGCAAGTAGTAAAGTAGCTACAGGTTTTGATATGGTGAGGTTATTTGCTATG	1372361
Query	1201	GGAGCAGATACTTGTAACCTAGCTAGAGCAATGATGCTTGCTATCGGCTGTATTCAGTCA	1260
Sbjct	1372362	GGAGCAGATACTTGTAACCTAGCTAGAGCAATGATGCTTGCTATCGGCTGTATTCAGTCA	1372421
Query	1261	CGACAGTGTAATAACAACACTTGTCAGTTGGTGTGCTACACAAAATCCACGTCTTGAA	1320

Sbjct	1372422	CGACAGTGTAAATAACAACACTTGTCCAGTTGGTGTGCTACACAAAATCCACGTCTTGAA	1372481
Query	1321	AAAGCTTTGGTAGTTGAAGACAAAATGTATCGAGTTTATAATTTTCATAAAGTTACAATT	1380
Sbjct	1372482	AAAGCTTTGGTAGTTGAAGACAAAATGTATCGAGTTTATAATTTTCATAAAGTTACAATT	1372541
Query	1381	CAATCTTGTTTAGAAATTATTGGAGCTATGGGGCTTATTTCTACTGATGATGTTGAGCCA	1440
Sbjct	1372542	CAATCTTGTTTAGAAATTATTGGAGCTATGGGGCTTATTTCTACTGATGATGTTGAGCCA	1372601
Query	1441	GAAAACCTTAAAAAGCGTATATCTGTAAATGAGATTAAATCATATGCAGATCTGTATGAT	1500
Sbjct	1372602	GAAAACCTTAAAAAGCGTATATCTGTAAATGAGATTAAATCATATGCAGATCTGTATGAT	1372661
Query	1501	TTTATTCCAGAGAGATGTTTAGTCGATGGTAATATCCCAGCTAGTTTTCGAAGATCTTGG	1560
Sbjct	1372662	TTTATTCCAGAGAGATGTTTAGTCGATGGTAATATCCCAGCTAGTTTTCGAAGATCTTGG	1372721
Query	1561	GAAAAGGCTCGAGCTGATTCTTTTAGTTTCTGAATATAAATAAATTTTGTCTAATC	1620
Sbjct	1372722	GAAAAGGCTCGAGCTGATTCTTTTAGTTTCTGAATATAAATAAATTTTGTCTAATC	1372781
Query	1621	AATTTGCTAAAATAGCTTCTATAAGTATTCTGATTAATCAAGCATGGCACTATACACTTA	1680
Sbjct	1372782	AATTTGCTAAAATAGCTTCTATAAGTATTCTGATTAATCAAGCATGGCACTATACACTTA	1372841
Query	1681	CCCATCAAATAAACTTGAGTATCTTGTACAAGTTCTATCTAAACTTCTAGATGTTGaaaa	1740
Sbjct	1372842	CCCATCAAATAAACTTGAGTATCTTGTACAAGTTCTATCTAAACTTCTAGATGTTGAAAA	1372901
Query	1741	aaaaGATTTATTTACACCAACACAGTTAATTGTTGGTAGCCGTGGTATGCAACATTGGTT	1800
Sbjct	1372902	AAAAGATTTATTTACACCAACACAGTTAATTGTTGGTAGCCGTGGTATGCAACATTGGTT	1372961
Query	1801	AAGTATGCAACTAGCCGAATATCGCAATATTGCAATGAATCTCAAATATGACATGATAAA	1860
Sbjct	1372962	AAGTATGCAACTAGCCGAATATCGCAATATTGCAATGAATCTCAAATATGACATGATAAA	1373021
Query	1861	TGGTTATATACTTGATATCTGCTATGAACTCACAGCAAAACAAGAATATAAAAAAGCATA	1920
Sbjct	1373022	TGGTTATATACTTGATATCTGCTATGAACTCACAGCAAAACAAGAATATAAAAAAGCATA	1373081
Query	1921	TACAAAAGATATTTTAGCTTGGAGAGTTTTAGGTTGCTATCTAGCCAAAATCAGGaaaa	1980
Sbjct	1373082	TACAAAAGATATTTTAGCTTGGAGAGTTTTAGGTTGCTATCTAGCCAAAATCAGGAAAA	1373141
Query	1981	aaaCACTCATTTCCACGCAGGTGGGAATCTCATAGCTGATGGATTAAGTTCAAAGATAC	2040

Sbjct	1373142	AAACACTCATTTCCACGCGAGGTGGAATCTCATAGCTGATGGATTAAGTTCAAAAGATAC	1373201
Query	2041	TAGCCTACGCAGGTATGACAATAGAGATGGTTGGAGTAGTAAGCTTAAAGAGTACTACCA	2100
Sbjct	1373202	TAGCCTACGCAGGTATGACAATAGAGATGGTTGGAGTAGTAAGCTTAAAGAGTACTACCA	1373261
Query	2101	AGATAGTGATCTCAAAAAATATCAGTTGTCAGTTAAAATAGCAGAGACCTTCTCAAAATA	2160
Sbjct	1373262	AGATAGTGATCTCAAAAAATATCAGTTGTCAGTTAAAATAGCAGAGACCTTCTCAAAATA	1373321
Query	2161	TATATCATATCGTAGTGAGTGGCTACAAAAGTGGGAGAAGGACGAATATATAAATCCCTC	2220
Sbjct	1373322	TATATCATATCGTAGTGAGTGGCTACAAAAGTGGGAGAAGGACGAATATATAAATCCCTC	1373381
Query	2221	TAAACTAGAGAATGATGAAGATTGGCAGATGCTAATTTGGCAGAATCTTGTCAAAGATAT	2280
Sbjct	1373382	TAAACTAGAGAATGATGAAGATTGGCAGATGCTAATTTGGCAGAATCTTGTCAAAGATAT	1373441
Query	2281	TGCAGAAACACCATATAAAGTCCAATTAGAAGCACTTCAAAAGCTTGATAAAACAAACTT	2340
Sbjct	1373442	TGCAGAAACACCATATAAAGTCCAATTAGAAGCACTTCAAAAGCTTGATAAAACAAACTT	1373501
Query	2341	AGAAAAATTAAATATACCTAGTGATATTTATATATTTGGAGTTAACACAATATCTCCAAA	2400
Sbjct	1373502	AGAAAAATTAAATATACCTAGTGATATTTATATATTTGGAGTTAACACAATATCTCCAAA	1373561
Query	2401	AAATCTTAAATTTATATTTGAATTAGCTAAGTATATTAATGTACATATTCTATATATTAA	2460
Sbjct	1373562	AAATCTTAAATTTATATTTGAATTAGCTAAGTATATTAATGTACATATTCTATATATTAA	1373621
Query	2461	TCCATGTAGTGAGTATTGGTATGATTTGCATAAAAGTAAATATCAGCTTGGTTAGATAG	2520
Sbjct	1373622	TCCATGTAGTGAGTATTGGTATGATTTGCATAAAAGTAAATATCAGCTTGGTTAGATAG	1373681
Query	2521	TGATGACTATGAAATTCAACCACTTTTGGCAAATCTTGGACAGCAGGGTAAAGAATTTTT	2580
Sbjct	1373682	TGATGACTATGAAATTCAACCACTTTTGGCAAATCTTGGACAGCAGGGTAAAGAATTTTT	1373741
Query	2581	TAATCAGCTTCTAGAAAATGAGCAACAGCAAGAATTAGAAGTATTCGAAAAGTTTGATAA	2640
Sbjct	1373742	TAATCAGCTTCTAGAAAATGAGCAACAGCAAGAATTAGAAGTATTCGAAAAGTTTGATAA	1373801
Query	2641	AGAAATCATTAGCTTTTGAGAACTTACCGATAATAATCAAACACAGCTAGTAAGCCTACA	2700
Sbjct	1373802	AGAAATCATTAGCTTTTGAGAACTTACCGATAATAATCAAACACAGCTAGTAAGCCTACA	1373861
Query	2701	GCGAAACTTACTTGAAGTAGATTGCCAAAACCATGCCAAGCAAAAAGATTTAAGTATTAG	2760

Sbjct	1373862	GCGAACTTACTTGAAGTAGATTGCCAAAACCATGCCAAGCAAAAAGATTTAAGTATTAG	1373921
Query	2761	TATTAAGCTCTTGTTCATAGTCCACTTAGAGAGGTGCAGATTTTGCATGATAAGCTTTTGGG	2820
Sbjct	1373922	TATTAAGCTCTTGTTCATAGTCCACTTAGAGAGGTGCAGATTTTGCATGATAAGCTTTTGGG	1373981
Query	2821	TATGATCAAAGCAGATCCAAATATCAAGCCTAGAGATATCCTAGTGATGTGCCCAAATAT	2880
Sbjct	1373982	TATGATCAAAGCAGATCCAAATATCAAGCCTAGAGATATCCTAGTGATGTGCCCAAATAT	1374041
Query	2881	TGAAGATTATTCACCATATATTGATAGTGTTTCTCAAGATATCCAAGTATAAAAACT	2940
Sbjct	1374042	TGAAGATTATTCACCATATATTGATAGTGTTTCTCAAGATATCCAAGTATAAAAACT	1374101
Query	2941	GCCATGCTCAATCGCAGATAGAAGCTACTTGATTCAGAGCCTTTAGCTGCTAGTTTAT	3000
Sbjct	1374102	GCCATGCTCAATCGCAGATAGAAGCTACTTGATTCAGAGCCTTTAGCTGCTAGTTTAT	1374161
Query	3001	TGAGCTTTTGCAGTTGCCTGAGAGTAATTTTGAAGTTAATAAAATACTTGATTATCTAGC	3060
Sbjct	1374162	TGAGCTTTTGCAGTTGCCTGAGAGTAATTTTGAAGTTAATAAAATACTTGATTATCTAGC	1374221
Query	3061	TGTACCGGCTATCCAACAGAAGTTTAAGATCACAGATGAACAATTAGAGGCTATTCGCTA	3120
Sbjct	1374222	TGTACCGGCTATCCAACAGAAGTTTAAGATCACAGATGAACAATTAGAGGCTATTCGCTA	1374281
Query	3121	TTGGTTAAAAGAGTCATGTATTCATCATAGCAATAATGATCAGACATTCTCATGGAGCTG	3180
Sbjct	1374282	TTGGTTAAAAGAGTCATGTATTCATCATAGCAATAATGATCAGACATTCTCATGGAGCTG	1374341
Query	3181	GGGACTAAGAAGATTAATGCTTGGGTTTAGCTATAGTGATAGTAGTTACATCATTGATGA	3240
Sbjct	1374342	GGGACTAAGAAGATTAATGCTTGGGTTTAGCTATAGTGATAGTAGTTACATCATTGATGA	1374401
Query	3241	TAAATTAATGACGGTACCAGTTATTGAAGGAAGTGAGATCGCTGAAGTTGGTGGTTTGTG	3300
Sbjct	1374402	TAAATTAATGACGGTACCAGTTATTGAAGGAAGTGAGATCGCTGAAGTTGGTGGTTTGTG	1374461
Query	3301	TGAGTTATTAGAGCTACTTGAAAGATATTCTCAAAATTTGCTTAAACCAAGAAGCTTGC	3360
Sbjct	1374462	TGAGTTATTAGAGCTACTTGAAAGATATTCTCAAAATTTGCTTAAACCAAGAAGCTTGC	1374521
Query	3361	AAATTGGCAAGTTTATCTTTTAGAAATGTTTGATGATGTCTTTGATGTCACCTAATGATGA	3420
Sbjct	1374522	AAATTGGCAAGTTTATCTTTTAGAAATGTTTGATGATGTCTTTGATGTCACCTAATGATGA	1374581
Query	3421	GCAATATATTGCTaaaaaaTCAAAGATATAATCGCAAAACAGTCACTACCGCTAAAAA	3480

Sbjct	1374582	GCAATATATTGCTAAAAAATCAAGATATAATCGCAAAACAGTCACTACCGCTAAAAA	1374641
Query	3481	TATATTGTTAGATCAAGAAATTGATTTATATACAATTAGATATTGTTTAATTTCTCAATT	3540
Sbjct	1374642	TATATTGTTAGATCAAGAAATTGATTTATATACAATTAGATATTGTTTAATTTCTCAATT	1374701
Query	3541	ATCAGAGCCAATTATTAATAACCATTTTTTAAATGGTAAGGTGACTTTTTGTTCGATGAC	3600
Sbjct	1374702	ATCAGAGCCAATTATTAATAACCATTTTTTAAATGGTAAGGTGACTTTTTGTTCGATGAC	1374761
Query	3601	GCCGATGCGTAGTGTACCATTTAGAGTTATAGCTATGCTTGGATTAAATAATGGTAAGTT	3660
Sbjct	1374762	GCCGATGCGTAGTGTACCATTTAGAGTTATAGCTATGCTTGGATTAAATAATGGTAAGTT	1374821
Query	3661	CCCACACCAAGAATCTGCAATTAGCTTTGATCTGATAGCAAGGCTTGGTAGaaaaaaAGG	3720
Sbjct	1374822	CCCACACCAAGAATCTGCAATTAGCTTTGATCTGATAGCAAGGCTTGGTAGAAAAAAGG	1374881
Query	3721	TGATAGAACCAAACGCGATGATGATAGATATTTGTTTTAGAGGCTATTTATCTGCTAG	3780
Sbjct	1374882	TGATAGAACCAAACGCGATGATGATAGATATTTGTTTTAGAGGCTATTTATCTGCTAG	1374941
Query	3781	AGATTATTTGTATATAAGCTATATAGGTAGAAGTGTTAAGACTAATGTTGAGCAACAGCC	3840
Sbjct	1374942	AGATTATTTGTATATAAGCTATATAGGTAGAAGTGTTAAGACTAATGTTGAGCAACAGCC	1375001
Query	3841	AAGTTTGATACTTAAAGAGTTGACTAGCTATTTGAATTTGAACTACGATTGGGGAAAGGA	3900
Sbjct	1375002	AAGTTTGATACTTAAAGAGTTGACTAGCTATTTGAATTTGAACTACGATTGGGGAAAGGA	1375061
Query	3901	GGATATAAAAGAGTATCCATTGCATGCTTTTAGTTCTAAATGTTATTCTGACAGTTATAG	3960
Sbjct	1375062	GGATATAAAAGAGTATCCATTGCATGCTTTTAGTTCTAAATGTTATTCTGACAGTTATAG	1375121
Query	3961	AAGCTATGATAAAGCTTGGTTGAAGTTGTTACAGTCTGAGCCAAGGGGCTTTTATGATTC	4020
Sbjct	1375122	AAGCTATGATAAAGCTTGGTTGAAGTTGTTACAGTCTGAGCCAAGGGGCTTTTATGATTC	1375181
Query	4021	GGCTTCATTAAGTAACTGTGCTAATTTACCCAAAAATCTAAGTATTTCAAACCTTGTTAA	4080
Sbjct	1375182	GGCTTCATTAAGTAACTGTGCTAATTTACCCAAAAATCTAAGTATTTCAAACCTTGTTAA	1375241
Query	4081	AGTTTTTGATGACCCTATTAAGGCTTATGCAAATTATACTTTAGAGCTGTATTTAGAAGA	4140
Sbjct	1375242	AGTTTTTGATGACCCTATTAAGGCTTATGCAAATTATACTTTAGAGCTGTATTTAGAAGA	1375301
Query	4141	TGACTTTGAGGAGCTAGAAGATAGTGAACCATTTGATATCAATAGTTTGGATAAGCATAA	4200

Sbjct	1375302	TGACTTTGAGGAGCTAGAAGATAGTGAACCATTTGATATCAATAGTTTGGATAAGCATAA	1375361
Query	4201	GCTCAAACAAGCTTTGTTAAAACTTTTGAAGATGAAAAAGACAAAGATTTAACAATAAA	4260
Sbjct	1375362	GCTCAAACAAGCTTTGTTAAAACTTTTGAAGATGAAAAAGACAAAGATTTAACAATAAA	1375421
Query	4261	AACAGCCAAACTAAGTGGCAAGCTTCCGGAGTCAGTACTTACTGATACTGAGATTAAAGA	4320
Sbjct	1375422	AACAGCCAAACTAAGTGGCAAGCTTCCGGAGTCAGTACTTACTGATACTGAGATTAAAGA	1375481
Query	4321	GGAAGTTGAGAATATTCAAAAGCTACTAGACAAAATGAGCTTAGCAAGTTACGAGTCAAA	4380
Sbjct	1375482	GGAAGTTGAGAATATTCAAAAGCTACTAGACAAAATGAGCTTAGCAAGTTACGAGTCAAA	1375541
Query	4381	ATATTTTCATCAAGAGATATTAGGGTATGAGTTAGAAGCTAATTGTTATATTAAAAATAA	4440
Sbjct	1375542	ATATTTTCATCAAGAGATATTAGGGTATGAGTTAGAAGCTAATTGTTATATTAAAAATAA	1375601
Query	4441	TCAAATTATGTTATCTACACCATCTAGTTTGAATATAGGaaaaaaTTTGAATTGTACTT	4500
Sbjct	1375602	TCAAATTATGTTATCTACACCATCTAGTTTGAATATAGGAAAAAATTTGAATTGTACTT	1375661
Query	4501	AATAGCTTTATTAGTAGCATATTCTGAACAAAGAGATATTAGCGCAGTCTATTATGGTAT	4560
Sbjct	1375662	AATAGCTTTATTAGTAGCATATTCTGAACAAAGAGATATTAGCGCAGTCTATTATGGTAT	1375721
Query	4561	AGaaaaaaTCAAGTAGAAGAATTTAGAGTAGAAAAATTTGAATATACAACAGCTAAAGG	4620
Sbjct	1375722	AGAAAAAATCAAGTAGAAGAATTTAGAGTAGAAAAATTTGAATATACAACAGCTAAAGG	1375781
Query	4621	AATATTAGAGCATTATATAAATCAAGCTGAGCAAATAGTAGTTAAGCCTCAACTAGCACA	4680
Sbjct	1375782	AATATTAGAGCATTATATAAATCAAGCTGAGCAAATAGTAGTTAAGCCTCAACTAGCACA	1375841
Query	4681	TTTATCTTTAGCTGAAGCTATTTGTGATTATAAAAAATAATACTGATAAGAAGAAGCAACA	4740
Sbjct	1375842	TTTATCTTTAGCTGAAGCTATTTGTGATTATAAAAAATAATACTGATAAGAAGAAGCAACA	1375901
Query	4741	GGCTTGGCAAAAAGTAATAAAATCATCACAACATAATTTCAAAGCTCTAGAAGATAATAG	4800
Sbjct	1375902	GGCTTGGCAAAAAGTAATAAAATCATCACAACATAATTTCAAAGCTCTAGAAGATAATAG	1375961
Query	4801	TTATTTCAAGCTATTCTATAATAAGTTTCCAAGTGTAGATGATTTTGAGGGTGAAAAAAT	4860
Sbjct	1375962	TTATTTCAAGCTATTCTATAATAAGTTTCCAAGTGTAGATGATTTTGAGGGTGAAAAAAT	1376021
Query	4861	TTACAAAAAGTTCTTTGAGGTTATTTATGAAAGTCAATCATGAGCATTCTAATATCCCAC	4920

Sbjct	1376022	TTACAAAAAGTTCTTTGAGGTTATTTATGAAAGTCAATCATGAGCATTCTAATATCCCAC	1376081
Query	4921	AGCTATACAAAAATATTTATATTAGCTTTGAGATTGCTCTAGCTGCTTGTATATGTTTTTC	4980
Sbjct	1376082	AGCTATACAAAAATATTTATATTAGCTTTGAGATTGCTCTAGCTGCTTGTATATGTTTTTC	1376141
Query	4981	TGTTAGGGTTTTATATGTCGAATTTGTTACATCGTGGTCAGTCGATTATTGGAGGCTTTT	5040
Sbjct	1376142	TGTTAGGGTTTTATATGTCGAATTTGTTACATCGTGGTCAGTCGATTATTGGAGGCTTTT	1376201
Query	5041	GGTGTTTGATTACAGTTTCAACAATCTTACAGCTAAGTATTAGAGATTCGTATTTGGCTG	5100
Sbjct	1376202	GGTGTTTGATTACAGTTTCAACAATCTTACAGCTAAGTATTAGAGATTCGTATTTGGCTG	1376261
Query	5101	CTTTTCAAATATTGGTTGGCTCTGTGATAGGAGGGATTACGGCATTTATTTTACATCAG	5160
Sbjct	1376262	CTTTTCAAATATTGGTTGGCTCTGTGATAGGAGGGATTACGGCATTTATTTTACATCAG	1376321
Query	5161	TTTTAGGCTATTACTACTATGTTATGATTTTGGCTGTAGCTATTAGTGTTTTATTACTG	5220
Sbjct	1376322	TTTTAGGCTATTACTACTATGTTATGATTTTGGCTGTAGCTATTAGTGTTTTATTACTG	1376381
Query	5221	CAAGTATAGGGTTAGAAAAATGCGGTTAAATGAGTAGCGCAAATGCTGGAGTAATTGTCTG	5280
Sbjct	1376382	CAAGTATAGGGTTAGAAAAATGCGGTTAAATGAGTAGCGCAAATGCTGGAGTAATTGTCTG	1376441
Query	5281	CATTAGGTCTGTATCAGCCTAGTTATTCACCTTTTCTAAATACAGGTTTACGCTTGATAG	5340
Sbjct	1376442	CATTAGGTCTGTATCAGCCTAGTTATTCACCTTTTCTAAATACAGGTTTACGCTTGATAG	1376501
Query	5341	AGACTTTTAGTGGTACTGCAATAGCtttatatttttatatttattagtaggatttttaGGA	5400
Sbjct	1376502	AGACTTTTAGTGGTACTGCAATAGCTTTATTTTATATTTATTAGTAGGATTTTATAGGA	1376561
Query	5401	TAAGAACAGACGACTAATATATAGATTTATAGGATTAAATGAGTAATAATGAAAAACCTA	5460
Sbjct	1376562	TAAGAACAGACGACTAATATATAGATTTATAGGATTAAATGAGTAATAATGAAAAACCTA	1376621
Query	5461	AACGCAAAAAGAATAACCCTGCAAGGTCGCCATATTATTAAGGCAAGTGTTAAGCTCGAT	5520
Sbjct	1376622	AACGCAAAAAGAATAACCCTGCAAGGTCGCCATATTATTAAGGCAAGTGTTAAGCTCGAT	1376681
Query	5521	GCAATACAGTATGACAGAATCTAAAAAGATGAGAAACATATGAACATACTACAGCGAATA	5580
Sbjct	1376682	GCAATACAGTATGACAGAATCTAAAAAGATGAGAAACATATGAACATACTACAGCGAATA	1376741
Query	5581	CAAAATGGTGAAGATAGTTACACGCAATTTAAACAAGATATAAATAATGCTGATAGTCTT	5640

Sbjct	1376742	CAAAATGGTGAAGATAGTTACACGCAATTTAAACAAGATATAAATAATGCTGATAGTCTT	1376801
Query	5641	GCACAAGAGCTTGTGTGCTTTTTCAAATGCTAATGGCGGTATTTTAATCATTGGTGTGCT	5700
Sbjct	1376802	GCACAAGAGCTTGTGTGCTTTTTCAAATGCTAATGGCGGTATTTTAATCATTGGTGTGCT	1376861
Query	5701	GATGATGGTAAAATTATCGGATTATCAAAAGATGATATTCATAGGATAAATCAGCTTATA	5760
Sbjct	1376862	GATGATGGTAAAATTATCGGATTATCAAAAGATGATATTCATAGGATAAATCAGCTTATA	1376921
Query	5761	AGTAATGTTTGCAGTACAAATATAAAACCACCAATAAGCGTACTAACAAGATAGAGAAT	5820
Sbjct	1376922	AGTAATGTTTGCAGTACAAATATAAAACCACCAATAAGCGTACTAACAAGATAGAGAAT	1376981
Query	5821	ATAGATGATAAAGAAATACTTATAATAGAAATAAACAATGGAGTAAATAAACCATATAGT	5880
Sbjct	1376982	ATAGATGATAAAGAAATACTTATAATAGAAATAAACAATGGAGTAAATAAACCATATAGT	1377041
Query	5881	ACTAACAAGGAGTATATTTGACAAAAGTTGGTAGTGATAAAAGAAAAATGTCTCAAGAA	5940
Sbjct	1377042	ACTAACAAGGAGTATATTTGACAAAAGTTGGTAGTGATAAAAGAAAAATGTCTCAAGAA	1377101
Query	5941	GAGCTAGGTAGACTTTTGTAGACAGGCTCCAAAAGTATCCTGATGAAGAAGTGCTATAT	6000
Sbjct	1377102	GAGCTAGGTAGACTTTTGTAGACAGGCTCCAAAAGTATCCTGATGAAGAAGTGCTATAT	1377161
Query	6001	AAAACATCGCTAGAAAACCTTTGATGTTTCAAAGTTTAGAAAGTTTCTAAAAACAGATAAC	6060
Sbjct	1377162	AAAACATCGCTAGAAAACCTTTGATGTTTCAAAGTTTAGAAAGTTTCTAAAAACAGATAAC	1377221
Query	6061	TATACTACATTTTCAAACCTAGAGAATGGTAGTCTAGATTATCAACTATTCTAGAAAAT	6120
Sbjct	1377222	TATACTACATTTTCAAACCTAGAGAATGGTAGTCTAGATTATCAACTATTCTAGAAAAT	1377281
Query	6121	AAAGATTTAGCAAAAGATGGCAAACCTTAAGTCCGGTAATCTTATATTTGGAGAAGAG	6180
Sbjct	1377282	AAAGATTTAGCAAAAGATGGCAAACCTTAAGTCCGGTAATCTTATATTTGGAGAAGAG	1377341
Query	6181	CCACAGCGGTTTTGTCCAAGCTTTTATATAGACTGCTGTTATTTTGATGGTAATGATATT	6240
Sbjct	1377342	CCACAGCGGTTTTGTCCAAGCTTTTATATAGACTGCTGTTATTTTGATGGTAATGATATT	1377401
Query	6241	TCTGTATCGAAATTTATATCTAAAAAGTTATCAAAGGAACATTTTCTGAACCTATATGAA	6300
Sbjct	1377402	TCTGTATCGAAATTTATATCTAAAAAGTTATCAAAGGAACATTTTCTGAACCTATATGAA	1377461
Query	6301	GATACCATGAGATTTTGTCTTAGTCAGTTAAAAAGTTATCAAATAGATTTAGATTTTAAC	6360

Sbjct	1377462	GATACCATGAGATTTTGTGCTTAGTCAGTTAAAAAGTTATCAAATAGATTTAGATTTTAAC	1377521
Query	6361	TCAAACCCACAATTAGAGGTAAATGAATCTGCACCTAACAGAGATAGTTGTAAATGCACTT	6420
Sbjct	1377522	TCAAACCCACAATTAGAGGTAAATGAATCTGCACCTAACAGAGATAGTTGTAAATGCACTT	1377581
Query	6421	GTGCATAGAGACTATTATATAAACTCTTCTATAAAGGTTTTTATATTTTCATAACCGTGTT	6480
Sbjct	1377582	GTGCATAGAGACTATTATATAAACTCTTCTATAAAGGTTTTTATATTTTCATAACCGTGTT	1377641
Query	6481	GAGATTATTAGCCCTGGTAAATTACCTGACACTTTAACAGTAGATAAGATTAAAAATGGC	6540
Sbjct	1377642	GAGATTATTAGCCCTGGTAAATTACCTGACACTTTAACAGTAGATAAGATTAAAAATGGC	1377701
Query	6541	ATAGCAATTCAGCGAAACCCTATCTTAGCCTCAATATGCAAAACATTATTACCTTATACA	6600
Sbjct	1377702	ATAGCAATTCAGCGAAACCCTATCTTAGCCTCAATATGCAAAACATTATTACCTTATACA	1377761
Query	6601	GGTTATGGTAGTGGAATCAAAAGAGCTATTGAGCTAATTCCTAATATTGAATTTATAAAT	6660
Sbjct	1377762	GGTTATGGTAGTGGAATCAAAAGAGCTATTGAGCTAATTCCTAATATTGAATTTATAAAT	1377821
Query	6661	GATATAGATAGTGAACAGTTTAGATGTATTATAaaaagagatgaaagttcaccaaaagag	6720
Sbjct	1377822	GATATAGATAGTGAACAGTTTAGATGTATTATAAAAAGAGATGAAAGTTCACCAAAAGAG	1377881
Query	6721	caagaaagttcaccaaaagagcaagaaagttcaccaaaagagcaagaaagttcaccaaTA	6780
Sbjct	1377882	CAAGAAAGTTCACCAAAAGAGCAAGAAAGTTCACCAAAAGAGCAAGAAAGTTCACCAATA	1377941
Query	6781	AATATAAGTTATGGTGTGGCAGTTCACCAAAAACAGATAAGCAGATTTTAGAAATGTTT	6840
Sbjct	1377942	AATATAAGTTATGGTGTGGCAGTTCACCAAAAACAGATAAGCAGATTTTAGAAATGTTT	1378001
Query	6841	AGAGAAAACCCAAAAATCACAATCAAGGAAATAGCAGAGAGATTGTCTATCACAGATAGA	6900
Sbjct	1378002	AGAGAAAACCCAAAAATCACAATCAAGGAAATAGCAGAGAGATTGTCTATCACAGATAGA	1378061
Query	6901	GCTGTCAAAAAGCATATAGAAAACTAAAATACCAAGGATTAATTGCTAGAGAAGGAAGC	6960
Sbjct	1378062	GCTGTCAAAAAGCATATAGAAAACTAAAATACCAAGGATTAATTGCTAGAGAAGGAAGC	1378121
Query	6961	CCTCGTAACGGCTATTGGAGAGTTATATAAATTGCAATGATGAAAGTTTAAATAGACTT	7020
Sbjct	1378122	CCTCGTAACGGCTATTGGAGAGTTATATAAATTGCAATGATGAAAGTTTAAATAGACTT	1378181
Query	7021	TGAACTATCTAGATTTTATGGGTATATAGAAGACACAGATTATGGACAACCTAAACGCAA	7080

Sbjct	1378182	TGAACTATCTAGATTTTATGGGTATATAGAAGACACAGATTATGGACAACCTAAACGCAA	1378241
Query	7081	ACATAATAACTCTACAAGGTCGCCATATTATCGAGGCAAGTGCTGGTACTGGTAAGACTT	7140
Sbjct	1378242	ACATAATAACTCTACAAGGTCGCCATATTATCGAGGCAAGTGCTGGTACTGGTAAGACTT	1378301
Query	7141	TTAATATTACTAAGTTGTATATCCGACTTTTGCTAGaaaaaaTTATTGCCAAGTAATA	7200
Sbjct	1378302	TTAATATTACTAAGTTGTATATCCGACTTTTGCTAGAAAAAAATTATTGCCAAGTAATA	1378361
Query	7201	TCCTTGTAATGACCTTTACCAAAGATGCAACCCAAGAGATTATTGGTAGAGTTGAAAAAG	7260
Sbjct	1378362	TCCTTGTAATGACCTTTACCAAAGATGCAACCCAAGAGATTATTGGTAGAGTTGAAAAAG	1378421
Query	7261	AGATTCGAGATGTATTAGCAAGTTATACAGATGAGAAAAAGGAGTCTGACAAAGAAACT	7320
Sbjct	1378422	AGATTCGAGATGTATTAGCAAGTTATACAGATGAGAAAAAGGAGTCTGACAAAGAAACT	1378481
Query	7321	ACAAACATCTAAAAAGATCATTACTTGAGATAGATGAGGCAGCTATATTTACTATCCATG	7380
Sbjct	1378482	ACAAACATCTAAAAAGATCATTACTTGAGATAGATGAGGCAGCTATATTTACTATCCATG	1378541
Query	7381	GTTTTTGTAaaaaAGTCTTAAGTGAGCAAGCCTTTGCTAGCGGTATCGAGATGGATGTCT	7440
Sbjct	1378542	GTTTTTGTAaaaaAGTCTTAAGTGAGCAAGCCTTTGCTAGCGGTATCGAGATGGATGTCT	1378601
Query	7441	CTATGGAGGTTGATACTTCAGATATTTTTCAAAGGTTGTAGAGGATTTTTTCAGAAAAC	7500
Sbjct	1378602	CTATGGAGGTTGATACTTCAGATATTTTTCAAAGGTTGTAGAGGATTTTTTCAGAAAAC	1378661
Query	7501	ATATCAATAAAAGCGAAACTAATTTTGGATATTTACAAATATATAAATTACATACTCCAG	7560
Sbjct	1378662	ATATCAATAAAAGCGAAACTAATTTTGGATATTTACAAATATATAAATTACATACTCCAG	1378721
Query	7561	AGAAATTTTATAGATGACCTTGAGAATATTATTAGGTCTAATTATGAGATTTTAACAAAGC	7620
Sbjct	1378722	AGAAATTTTATAGATGACCTTGAGAATATTATTAGGTCTAATTATGAGATTTTAACAAAGC	1378781
Query	7621	AAGCTATAAGCTTAGACGAATTTAAGATACTCAAAAAACAACAGTTAGAATTATTTATTA	7680
Sbjct	1378782	AAGCTATAAGCTTAGACGAATTTAAGATACTCAAAAAACAACAGTTAGAATTATTTATTA	1378841
Query	7681	ATAATCACGATATCGTAGATGATTCTTATATAAATTAGGAAAAAGTGAGCCACAGGGCA	7740
Sbjct	1378842	ATAATCACGATATCGTAGATGATTCTTATATAAATTAGGAAAAAGTGAGCCACAGGGCA	1378901
Query	7741	AGAGAGTAGATGAGTATCATAGGGTTTTAGAATGGTTGAAATTAGATAATCAAACACTAT	7800

Sbjct	1378902	AGAGAGTAGATGAGTATCATAGGGTTTTAGAAATGGTTGAAATTAGATAATCAAACACTAT	1378961
Query	7801	TCCCAGAGAATATTCTATAATTACAGATGGCAGAAAGATAAGTGCAAACTAATAAAAC	7860
Sbjct	1378962	TCCCAGAGAATATTCTATAATTACAGATGGCAGAAAGATAAGTGCAAACTAATAAAAC	1379021
Query	7861	CAATTTTTATTGGCGTAAAGAATTAAGAGACCTGCAACAAGAAATAAAACAAGCACAAG	7920
Sbjct	1379022	CAATTTTTATTGGCGTAAAGAATTAAGAGACCTGCAACAAGAAATAAAACAAGCACAAG	1379081
Query	7921	CAGCACAATTTATCAGAAAAGCATGCTTGCAAATCCGCCAAGATTTGCAAAGGCAAAAG	7980
Sbjct	1379082	CAGCACAATTTATCAGAAAAGCATGCTTGCAAATCCGCCAAGATTTGCAAAGGCAAAAG	1379141
Query	7981	ATCAAAGGGTGTTTTAGACTTTGATGATTTGATTACCAAGCTTTGCCAAGTGTCAAA	8040
Sbjct	1379142	ATCAAAGGGTGTTTTAGACTTTGATGATTTGATTACCAAGCTTTGCCAAGTGTCAAA	1379201
Query	8041	AATCGCCAGAGTTAGTCAAACTTTGCAAAAACAATATCCAGTTGCTCTTATAGATGAGT	8100
Sbjct	1379202	AATCGCCAGAGTTAGTCAAACTTTGCAAAAACAATATCCAGTTGCTCTTATAGATGAGT	1379261
Query	8101	TTCAAGATACTGATGCTGAGCAGTATGAGATATTAGATACTATTTATCCTTTGAAGAATA	8160
Sbjct	1379262	TTCAAGATACTGATGCTGAGCAGTATGAGATATTAGATACTATTTATCCTTTGAAGAATA	1379321
Query	8161	GTAGTAGTCATTCCCACAAAGGTAAGAATCTCCTTACCAATGGATTAAATTTAAAAGATA	8220
Sbjct	1379322	GTAGTAGTCATTCCCACAAAGGTAAGAATCTCCTTACCAATGGATTAAATTTAAAAGATA	1379381
Query	8221	CCCGCTTACGCGAGTATGACAGTAGTTCTGATCAGAACGATAGCAATCTTCTGCTCTTAA	8280
Sbjct	1379382	CCCGCTTACGCGAGTATGACAGTAGTTCTGATCAGAACGATAGCAATCTTCTGCTCTTAA	1379441
Query	8281	TGATAGGCGATCCAAAACAGGCAATTTATGGCTTTAGAGGTGGAGATATCTTCACATATC	8340
Sbjct	1379442	TGATAGGCGATCCAAAACAGGCAATTTATGGCTTTAGAGGTGGAGATATCTTCACATATC	1379501
Query	8341	TAAAAGCTAAAGATAGTTGTCCAGAAGAAAATCAATGGAGTATGGACACCAACTGGCGTT	8400
Sbjct	1379502	TAAAAGCTAAAGATAGTTGTCCAGAAGAAAATCAATGGAGTATGGACACCAACTGGCGTT	1379561
Query	8401	CAACTGGAGAGATGATAAAAGCTTATAATAGACTTTTTTATAACAAGATTATCAGTCAG	8460
Sbjct	1379562	CAACTGGAGAGATGATAAAAGCTTATAATAGACTTTTTTATAACAAGATTATCAGTCAG	1379621
Query	8461	AAGAAGAGGGGCAAATTGGAACATAATTTTTAGTGATGGTATTGGATATCAGCTTGTC	8520

Sbjct	1379622	AAGAAGAGGGGCAAATTGGAACATAATTTTGTAGTGATGGTATTGGATATCAGCTTGTCA	1379681
Query	8521	AAGCTTCACCGGATGCTGATAaaaaaaCAAAAGATTTTGACGATAATTTTAAACCTATTA	8580
Sbjct	1379682	AAGCTTCACCGGATGCTGATAAAAAAACAAAGATTTTGACGATAATTTTAAACCTATTA	1379741
Query	8581	ATTATTTCTATTATGAAGTAGCCGAAGATGATAATAAAAGTGATATTGATACGAATTTAG	8640
Sbjct	1379742	ATTATTTCTATTATGAAGTAGCCGAAGATGATAATAAAAGTGATATTGATACGAATTTAG	1379801
Query	8641	CATTATGGACAGTAAATGAAATTACTAGATTACTAAATACACAAAAAGTAGCAGAAAATG	8700
Sbjct	1379802	CATTATGGACAGTAAATGAAATTACTAGATTACTAAATACACAAAAAGTAGCAGAAAATG	1379861
Query	8701	ATATAGCTATTTTGGTAGAAAATGGCAAACAGGCAAAGATTATCCAACAAGCTTTGCAAG	8760
Sbjct	1379862	ATATAGCTATTTTGGTAGAAAATGGCAAACAGGCAAAGATTATCCAACAAGCTTTGCAAG	1379921
Query	8761	CTAAAAATCTAAGCTCAGTATACCTAAGCCAGCGCGATAATGTCTATCAGCTCAAGAGG	8820
Sbjct	1379922	CTAAAAATCTAAGCTCAGTATACCTAAGCCAGCGCGATAATGTCTATCAGCTCAAGAGG	1379981
Query	8821	CTAAAGAGATCTTAGCTCTTATGGAGGGTATAAATGATCTTGAAAAATAATCTATGTTGA	8880
Sbjct	1379982	CTAAAGAGATCTTAGCTCTTATGGAGGGTATAAATGATCTTGAAAAATAATCTATGTTGA	1380041
Query	8881	AAAGGGCATTATCGACTAGTTTACTCGGTGGTAGAGCTGATAAGTTTATTAGCTATATTG	8940
Sbjct	1380042	AAAGGGCATTATCGACTAGTTTACTCGGTGGTAGAGCTGATAAGTTTATTAGCTATATTG	1380101
Query	8941	ATGAAAATGATGTCTCAGCGTGGGATGATGAGATAGAAAAGCCAAATCTCTAAGGCAAC	9000
Sbjct	1380102	ATGAAAATGATGTCTCAGCGTGGGATGATGAGATAGAAAAGCCAAATCTCTAAGGCAAC	1380161
Query	9001	AATGGCATAAATATGGATTTATGGCATTATTATGCAGATTATACATGAGAATTTCACTC	9060
Sbjct	1380162	AATGGCATAAATATGGATTTATGGCATTATTATGCAGATTATACATGAGAATTTCACTC	1380221
Query	9061	AAAAAGCAGATTCAAAGAGCGTATTATTACAAATATTCTTCATTTAGCAGAACTTATTA	9120
Sbjct	1380222	AAAAAGCAGATTCAAAGAGCGTATTATTACAAATATTCTTCATTTAGCAGAACTTATTA	1380281
Query	9121	AAGTGGCTGAGAATAAATATAAACACCCTAATCAACTCATTAATGGTATCGCCACCAAC	9180
Sbjct	1380282	AAGTGGCTGAGAATAAATATAAACACCCTAATCAACTCATTAATGGTATCGCCACCAAC	1380341
Query	9181	TCAACAATACAGCTACAAGTGAGGGTGAACCTTAGATTAGAAAGTGATGACAACCTTGATTA	9240

Sbjct	1380342	TCAACAATACAGCTACAAGTGAGGGTGAAGTTAGATTAGAAAGTGATGACAACTTGATTA	1380401
Query	9241	AGATAATTACAATCCATGGATCAAAAGGACTTGAGTATTCAGTTGTGTTTATCCCGTTTG	9300
Sbjct	1380402	AGATAATTACAATCCATGGATCAAAAGGACTTGAGTATTCAGTTGTGTTTATCCCGTTTG	1380461
Query	9301	CTTGCTATGCAAGCACAAAGAAGTTTGAGACAAGTAATTTTACTAAATATTATGATGGTG	9360
Sbjct	1380462	CTTGCTATGCAAGCACAAAGAAGTTTGAGACAAGTAATTTTACTAAATATTATGATGGTG	1380521
Query	9361	ACCTAAACAACTGTCTACAAAATTGGCAAAGATGATAGTGTGAAACAGCAAGCTGATA	9420
Sbjct	1380522	ACCTAAACAACTGTCTACAAAATTGGCAAAGATGATAGTGTGAAACAGCAAGCTGATA	1380581
Query	9421	AAGAGGTTATAGAAGAATTAATGCGTCTATTTTATGTAGCTGTTACGCGTGCAGAGCATA	9480
Sbjct	1380582	AAGAGGTTATAGAAGAATTAATGCGTCTATTTTATGTAGCTGTTACGCGTGCAGAGCATA	1380641
Query	9481	GATGTTATATTGGGGTTGCAAAATATAATAATAGCGAAAAGTCACCATTAGCAAGATTCT	9540
Sbjct	1380642	GATGTTATATTGGGGTTGCAAAATATAATAATAGCGAAAAGTCACCATTAGCAAGATTCT	1380701
Query	9541	TAGGTTATCAAAAAGATGATGATTGGTTAGAGAAGATCCAAAGCATAACAGCAAATCCTG	9600
Sbjct	1380702	TAGGTTATCAAAAAGATGATGATTGGTTAGAGAAGATCCAAAGCATAACAGCAAATCCTG	1380761
Query	9601	CTAATCAAAGTCTACTGATAAATATTGCAGATATGCGGGAATTTAGTTTAAAAAATTTAT	9660
Sbjct	1380762	CTAATCAAAGTCTACTGATAAATATTGCAGATATGCGGGAATTTAGTTTAAAAAATTTAT	1380821
Query	9661	CTAGCAAAGATAAAAAATCTGATTATGATACTCTCAAAGCAAATTATATTAGTAACTAG	9720
Sbjct	1380822	CTAGCAAAGATAAAAAATCTGATTATGATACTCTCAAAGCAAATTATATTAGTAACTAG	1380881
Query	9721	AAAATGATAGTTGGGAGATGTTATCTTTCTCAAAAATATCAAAGTCAAAGTTCAAAATA	9780
Sbjct	1380882	AAAATGATAGTTGGGAGATGTTATCTTTCTCAAAAATATCAAAGTCAAAGTTCAAAATA	1380941
Query	9781	CTGCATTAGAAAAAGAAATTGACGAGGCAGAAGATGATAAACTCAAGCTTCAGACAGAA	9840
Sbjct	1380942	CTGCATTAGAAAAAGAAATTGACGAGGCAGAAGATGATAAACTCAAGCTTCAGACAGAA	1381001
Query	9841	AGCTAGCATTTAGATTTACAGCTTCAAAGGAGCTGATATGGGTAATATTCTGCATAATG	9900
Sbjct	1381002	AGCTAGCATTTAGATTTACAGCTTCAAAGGAGCTGATATGGGTAATATTCTGCATAATG	1381061
Query	9901	TTT TAGACATACAGATTTTAGTTTAGGTGAGATAGATGGTAATCTTTTACAAGACAAA	9960

Sbjct	1381062	TTT TAGAGCATACAGATTTTAGTTTAGGTGAGATAGATGGTAATCTTTTACAAGAACAAA	1381121
Query	9961	TGGATAGATATAAAGTAGTTGCTGCAGAAGACTTCGATAATCTTAAATTATGGTTGGAAG	10020
Sbjct	1381122	TGGATAGATATAAAGTAGTTGCTGCAGAAGACTTCGATAATCTTAAATTATGGTTGGAAG	1381181
Query	10021	AATGTTTAGAAGCACATATACCTTATATAGATACCAGTTTTTCTAGCTTAAATGAGAGTA	10080
Sbjct	1381182	AATGTTTAGAAGCACATATACCTTATATAGATACCAGTTTTTCTAGCTTAAATGAGAGTA	1381241
Query	10081	TTCAATATGGTTTATTTTGATATCAAGGATAAAGGCTTTTGCTTAAAACTATCCCAAATT	10140
Sbjct	1381242	TTCAATATGGTTTATTTTGATATCAAGGATAAAGGCTTTTGCTTAAAACTATCCCAAATT	1381301
Query	10141	CGAAAACTCTAAAAGAGGCGGAGTTTATTTTCCTGTAAAAATGAGAATTGTATAAAA	10200
Sbjct	1381302	CGAAAACTCTAAAAGAGGCGGAGTTTATTTTCCTGTAAAAATGAGAATTGTATAAAA	1381361
Query	10201	CAAAATATATTAGAAATCTTGCAAGAGTATAGAGAGCTTACAAAACCTGAAGACATATAGTC	10260
Sbjct	1381362	CAAAATATATTAGAAATCTTGCAAGAGTATAGAGAGCTTACAAAACCTGAAGACATATAGTC	1381421
Query	10261	ATTCTACGTAGGTGGGAATCTTCCAACCTAACTACCAAGATCTAAGAGATACCCGCCTCC	10320
Sbjct	1381422	ATTCTACGTAGGTGGGAATCTTCCAACCTAACTACCAAGATCTAAGAGATACCCGCCTCC	1381481
Query	10321	GCGAGTATGGCAATTTAACTAATGTTTCGAATCAAAAAATTTTGGTATGCTTCATGGTT	10380
Sbjct	1381482	GCGAGTATGGCAATTTAACTAATGTTTCGAATCAAAAAATTTTGGTATGCTTCATGGTT	1381541
Query	10381	TTATAGATCTTATTTTGGAGTATGAGGGTAAATTTTATGTTGCTGATTATAAATCAAATT	10440
Sbjct	1381542	TTATAGATCTTATTTTGGAGTATGAGGGTAAATTTTATGTTGCTGATTATAAATCAAATT	1381601
Query	10441	ATCTAGGTGATACTTTAGAAGATTATAATCAGCAGGCGATGCAAGAGAAAAATCAAAGTA	10500
Sbjct	1381602	ATCTAGGTGATACTTTAGAAGATTATAATCAGCAGGCGATGCAAGAGAAAAATCAAAGTA	1381661
Query	10501	GCTTTTATGATTTACAGTATCTAATATATAGCGTTGCCTTGGATAAGTACCTGCGACAAA	10560
Sbjct	1381662	GCTTTTATGATTTACAGTATCTAATATATAGCGTTGCCTTGGATAAGTACCTGCGACAAA	1381721
Query	10561	ACATTGAAAGTTATAATTATGAAAAGCATTTTGGCGGAGTATATTATTTTATCTTAGAG	10620
Sbjct	1381722	ACATTGAAAGTTATAATTATGAAAAGCATTTTGGCGGAGTATATTATTTTATCTTAGAG	1381781
Query	10621	GTATGAAAGATGGTTATGGAGTTTATCGAGCTAGACCAAATTTAGAGATTATCAACAAAC	10680

Sbjct	1381782	GTATGAAAGATGGTTATGGAGTTTATCGAGCTAGACCAAATTTAGAGATTATCAACAAAC	1381841
Query	10681	TTGCTAGTTTATTTAATGGAGATGATAATGTATAAACTTTCCATAAAGCTTGTGAGCAA	10740
Sbjct	1381842	TTGCTAGTTTATTTAATGGAGATGATAATGTATAAACTTTCCATAAAGCTTGTGAGCAA	1381901
Query	10741	TTAGCAGATATTAGAGCCATAGATTTTTCTTTGCTAAAGAGGTGTTTGATTTAGTCAA	10800
Sbjct	1381902	TTAGCAGATATTAGAGCCATAGATTTTTCTTTGCTAAAGAGGTGTTTGATTTAGTCAA	1381961
Query	10801	AAGACTACTCCGTCTATG	10818
Sbjct	1381962	AAGACTACTCCGTCTATG	1381979

Range 2: 1382583 to 1384489 [GenBankGraphics](#) [Next Match](#) [Previous Match](#) [First Match](#)

Alignment statistics for match #2

Score	Expect	Identities	Gaps	Score
3522 bits(1907)	0.0	1907/1907(100%)	0/1907(0%)	3522 bits(1907)
Query 10831	GCTCAGAGAATGACAGAGTCATTAAAAAATACTCTAGCAACTGTCATTCCGTCAGCTTG	10890		
Sbjct 1382583	GCTCAGAGAATGACAGAGTCATTAAAAAATACTCTAGCAACTGTCATTCCGTCAGCTTG	1382642		
Query 10891	ACCACAGAATCTACTATACaaaaaaTGATATCTTTAAACAAGTTCAGGATGAACTTAAT	10950		
Sbjct 1382643	ACCACAGAATCTACTATACAAAAAATGATATCTTTAAACAAGTTCAGGATGAACTTAAT	1382702		
Query 10951	AGTGTGCTCAGTATCTTAATAATCTAGAAGCACAACTATACATAGATTTTAGGCTTA	11010		
Sbjct 1382703	AGTGTGCTCAGTATCTTAATAATCTAGAAGCACAACTATACATAGATTTTAGGCTTA	1382762		
Query 11011	AGACCAAATCTACTTATGTTAAATATAACCAACAATCTAAAGCTCCATTCGATGTTATT	11070		
Sbjct 1382763	AGACCAAATCTACTTATGTTAAATATAACCAACAATCTAAAGCTCCATTCGATGTTATT	1382822		
Query 11071	ATTGTTGATGAAGCTTCGATGCTTGATATGAATATTTTATCAAGTTAATTAGAGCTGTA	11130		
Sbjct 1382823	ATTGTTGATGAAGCTTCGATGCTTGATATGAATATTTTATCAAGTTAATTAGAGCTGTA	1382882		
Query 11131	GCAGATAATACTAAGTTGATATTAATAGGTGATACTAATCAGTTACCATCTGTTGAGGCT	11190		
Sbjct 1382883	GCAGATAATACTAAGTTGATATTAATAGGTGATACTAATCAGTTACCATCTGTTGAGGCT	1382942		
Query 11191	GGGAGTCTTTTAGCAAACCTTTACACATGATAAATATGGTAGCATTACGCCATATACAACA	11250		

Sbjct	1382943	GGGAGTCTTTTAGCAAACCTTACACATGATAAATATGGTAGCATTACGCCATATACAACA	1383002
Query	11251	TTACTTATCAAAAACCTATCGTTCACAACAATATATAAATAATCTTGCAGCCTCAGTCCTA	11310
Sbjct	1383003	TTACTTATCAAAAACCTATCGTTCACAACAATATATAAATAATCTTGCAGCCTCAGTCCTA	1383062
Query	11311	AAAGGCGATGTTAATATTGATAGTCAACAAAATGAAAATATTAAATTTTCATAGTCTAAGA	11370
Sbjct	1383063	AAAGGCGATGTTAATATTGATAGTCAACAAAATGAAAATATTAAATTTTCATAGTCTAAGA	1383122
Query	11371	AATTTAGATATTTATTTAAGAGAGTATGCAAAGAGATATTCACAGCTTGAAAAGTGCCGT	11430
Sbjct	1383123	AATTTAGATATTTATTTAAGAGAGTATGCAAAGAGATATTCACAGCTTGAAAAGTGCCGT	1383182
Query	11431	GACTACAAAGAGGCTCTTACAGAGCTGAATAAATTTAGAATACTTGTGGCTAACAAAAAC	11490
Sbjct	1383183	GACTACAAAGAGGCTCTTACAGAGCTGAATAAATTTAGAATACTTGTGGCTAACAAAAAC	1383242
Query	11491	CTAGAAATTGGTACAGATAAGTTAAATCAGAAAATTGAGAAGTTTATGTCTAAGCCTATA	11550
Sbjct	1383243	CTAGAAATTGGTACAGATAAGTTAAATCAGAAAATTGAGAAGTTTATGTCTAAGCCTATA	1383302
Query	11551	GATTCTAACTATAAGGGTAAACCAATTATGATAACTCAAAATAGTTATTCATTAGGGTTA	11610
Sbjct	1383303	GATTCTAACTATAAGGGTAAACCAATTATGATAACTCAAAATAGTTATTCATTAGGGTTA	1383362
Query	11611	TTTAATGGAGATGTAGGGATTATGTGGCCTGATGATACTGGTAAGCTCCGAGCATATTTT	11670
Sbjct	1383363	TTTAATGGAGATGTAGGGATTATGTGGCCTGATGATACTGGTAAGCTCCGAGCATATTTT	1383422
Query	11671	GATGGTAAAGATGCTAAGGCATTTAGTCTAAATATGCTACCAAAATATGAAAGTGTAT	11730
Sbjct	1383423	GATGGTAAAGATGCTAAGGCATTTAGTCTAAATATGCTACCAAAATATGAAAGTGTAT	1383482
Query	11731	GCGATGACAATTCATAAACTCAAGGCTCAGAGTTTGATGAAATCGTGATTATTCTTCCA	11790
Sbjct	1383483	GCGATGACAATTCATAAACTCAAGGCTCAGAGTTTGATGAAATCGTGATTATTCTTCCA	1383542
Query	11791	GCAGAAGATAATGAAGCGCTAAGTAAACAACCTTTTGTATACAGCTATTACTAGAGCAAAA	11850
Sbjct	1383543	GCAGAAGATAATGAAGCGCTAAGTAAACAACCTTTTGTATACAGCTATTACTAGAGCAAAA	1383602
Query	11851	TATAAATTAACGATTATATCTGAACAAAGTAGCTTAAGAGATATTGCTCAGAAAGATATT	11910
Sbjct	1383603	TATAAATTAACGATTATATCTGAACAAAGTAGCTTAAGAGATATTGCTCAGAAAGATATT	1383662
Query	11911	AATAGAAATTCAAATATCAGTGAATTAGTTAGCTTGAGCACTCAATAACTTAGAAATTAC	11970

Sbjct	1383663	AATAGAAATTCAAATATCAGTGAATTAGTTAGCTTGAGCACTCAATAACTTAGAAATTAC	1383722
Query	11971	TTATTCATTGCCAGATTATTCTAAGTCCATGAAGTAATAAATCAGAGATGATTACATCA	12030
Sbjct	1383723	TTATTCATTGCCAGATTATTCTAAGTCCATGAAGTAATAAATCAGAGATGATTACATCA	1383782
Query	12031	AAATATTGTTCTTTCTCAAAAATATGAGCATAGCCTCCAGTTGCTATTAATATTGGTGGT	12090
Sbjct	1383783	AAATATTGTTCTTTCTCAAAAATATGAGCATAGCCTCCAGTTGCTATTAATATTGGTGGT	1383842
Query	12091	TTATCTATGAAGTTTCTTGAGATATTGATTAATTATCTCTTTTATAGCACCTAATTGA	12150
Sbjct	1383843	TTATCTATGAAGTTTCTTGAGATATTGATTAATTATCTCTTTTATAGCACCTAATTGA	1383902
Query	12151	CCATATATAAGACCCGATTGGATTGAGAGATAGTTGTCTTACCTAACGCAGAACTAGGG	12210
Sbjct	1383903	CCATATATAAGACCCGATTGGATTGAGAGATAGTTGTCTTACCTAACGCAGAACTAGGG	1383962
Query	12211	TGAGAGATAGTTACATTAGATAGTTTGCAGTTTTTGTGATAAGCTCTCCATTGATAGG	12270
Sbjct	1383963	TGAGAGATAGTTACATTAGATAGTTTGCAGTTTTTGTGATAAGCTCTCCATTGATAGG	1384022
Query	12271	TTAATTCCTGGTAGGATAGCACCGCCGATATAGGTTTTATTCTCTGAAATAGCACAAATA	12330
Sbjct	1384023	TTAATTCCTGGTAGGATAGCACCGCCGATATAGGTTTTATTCTCTGAAATAGCACAAATA	1384082
Query	12331	GTTGTTGCTGTGCCAAAGTCAACTACAATAATATTTCTCGATGGAAAAAGAGAAATAGCT	12390
Sbjct	1384083	GTTGTTGCTGTGCCAAAGTCAACTACAATAATATTTCTCGATGGAAAAAGAGAAATAGCT	1384142
Query	12391	GCAACTGAGTTTGCAACACGATCTGCACCTAAATCTAGAGGATTTTGTATCGAGTTTT	12450
Sbjct	1384143	GCAACTGAGTTTGCAACACGATCTGCACCTAAATCTAGAGGATTTTGTATCGAGTTTT	1384202
Query	12451	AATCCTGTTTTTACCCAGGTTTTAGCTCAAGCGGAGTTATACCTAAATACTTTTTGCAA	12510
Sbjct	1384203	AATCCTGTTTTTACCCAGGTTTTAGCTCAAGCGGAGTTATACCTAAATACTTTTTGCAA	1384262
Query	12511	GCGGAATTGACAGAATACTCTAGATGAAGAACAACAGATGAAAGTACAACGCTTCAATA	12570
Sbjct	1384263	GCGGAATTGACAGAATACTCTAGATGAAGAACAACAGATGAAAGTACAACGCTTCAATA	1384322
Query	12571	TCTTCGATATCAAGCTTTTTCTCTCAAAGAACGATAGCAGAAATATACCTAGCGTATCA	12630
Sbjct	1384323	TCTTCGATATCAAGCTTTTTCTCTCAAAGAACGATAGCAGAAATATACCTAGCGTATCA	1384382
Query	12631	GAAGTACACGGAGTAGTAGAAGGGTAGCGAAAGTTATGCTTAATTTGATCTCCTACAAAT	12690

Sbjct 1384383 GAAGTACACGGAGTAGTAGAAGGGTAGCGAAAGTTATGCTTAATTTGATCTCCTACAAAT 1384442

Query 12691 ACTCCACCAAAAATATGTGAGTTACCAATATCTATACATACTATCAT 12737

|||||

Sbjct 1384443 ACTCCACCAAAAATATGTGAGTTACCAATATCTATACATACTATCAT 1384489