

Tandem Repeats Finder Program written by:

Gary Benson
Program in Bioinformatics
Boston University

Version 4.09

Sequence: chr10:27816950-27827001

Parameters: 2 7 7 80 10 50 500

Pmatch=0.80,Pindel=0.10

tuple sizes 0,4,5,7

tuple distances 0, 29, 159, 500

Length: 8051

ACGTcount: A:0.16, C:0.27, G:0.35, T:0.22

Found at i:792 original size:208 final size:208

[Alignment explanation](#)

Indices: 437--7816 Score: 13997

Period size: 208 Copynumber: 35.5 Consensus size: 208

427 TGGCAGAAGT

* * * * *
437 TGTGTTCCACTCACTAGAGGTCTTAGGATCACGTGTGGAATCCTGTGTGGGCCCTTGCGGGTGTC
1 TGTGATCCACTCACCAGAGGTCTTAGGGTCCCGTGGGGAGTCCCGTGTGGACCTTGCGGGTGTT

* * * **
502 AGGC - - GACTCAGCTGGCAAGGTAG - CCGGGGCTCGAG - - T - - G - - GAGTGAAGGGTTTTGTG
66 GGGCAAGACTCTGCTGGCAAGGTAGCCCGGGGCTCGAGTCTCGAGTCGAGCGGAAGGGACTTGTTG

* *
557 CCCCAGATCAAGCCCGGGTAGCCTGCTTCCTATGTACCGCAGTCTCAAGTTCCACGCGATTGGA
131 CCCCAGATCAGGCCCGGGTAGCCTGCTTCCTATGTACCGCAGTCTCAAGTTCCGCGCGATTGGA

* *
622 TTGGGGTAGGCGC
196 TTGGGGCAGGCAC

* *
635 TGTGTTCCACTCACCAGAGGTCTTAGGGTCCCGTGGGGAGTCCCGTGTGGGCCCTTGCGGGTGTT
1 TGTGATCCACTCACCAGAGGTCTTAGGGTCCCGTGGGGAGTCCCGTGTGGACCTTGCGGGTGTT

*
700 GGGCAAGACTCTGCTGTCAAGGTAGCCCGGGGCTCGAGTCTCGAGTCGAGCGGAAGGGACTTGTTG
66 GGGCAAGACTCTGCTGGCAAGGTAGCCCGGGGCTCGAGTCTCGAGTCGAGCGGAAGGGACTTGTTG

*
765 CCCCAGATCAGGCCCGGGTAGCCTGCTTCCTATGTACCGCAGTCTCGAGTTCCGCGCGATTGGA
131 CCCCAGATCAGGCCCGGGTAGCCTGCTTCCTATGTACCGCAGTCTCAAGTTCCGCGCGATTGGA

830 TTGGGGCAGGCAC
196 TTGGGGCAGGCAC

843 TGTGATCCACTCACCAGAGGTCTTAGGGTCCCGTGGGGAGTCCCGTGTGGACCTTGCGGGTGTT
1 TGTGATCCACTCACCAGAGGTCTTAGGGTCCCGTGGGGAGTCCCGTGTGGACCTTGCGGGTGTT

908 GGGCAAGACTCTGCTGGCAAGGTAGCCCGGGGCTCGAGTCTCGAGTCGAGCGGAAGGGACTTGTTG
66 GGGCAAGACTCTGCTGGCAAGGTAGCCCGGGGCTCGAGTCTCGAGTCGAGCGGAAGGGACTTGTTG

```

                                     *
973  CCCCAGATCAGGCCCGGGTAGCCTGCTTCCTATGTACCGCAGTCTCAAGTTCCGCGCGATTGGA
131  CCCCAGATCAGGCCCGGGTAGCCTGCTTCCTATGTACCGCAGTCTCAAGTTCCGCGCGATTGGA

1038 TTGGGGCAGGCAC
196  TTGGGGCAGGCAC

1051 TGTGATCCACTCACCAGAGGTCTTAGGGTCCCGTGGGGAGTCCCGTGTGGACCCCTGCGGGTGTT
1    TGTGATCCACTCACCAGAGGTCTTAGGGTCCCGTGGGGAGTCCCGTGTGGACCCCTGCGGGTGTT

1116 GGGCAAGACTCTGCTGGCAAGGTAGCCCGGGGCTCGAGTCTCGAGTCGAGCGGAAGGGACTTGTTG
66   GGGCAAGACTCTGCTGGCAAGGTAGCCCGGGGCTCGAGTCTCGAGTCGAGCGGAAGGGACTTGTTG

                                     *           *           *
1181 CCCCAGATCAGGCCCGGGTAGCCTGCTTCCTATGTACCGCAGTCTCGAGTTCTGCGCGATTGGA
131  CCCCAGATCAGGCCCGGGTAGCCTGCTTCCTATGTACCGCAGTCTCAAGTTCCGCGCGATTGGA

1246 TTGGGGCAGGCAC
196  TTGGGGCAGGCAC

1259 TGTGATCCACTCACCAGAGGTCTTAGGGTCCCGTGGGGAGTCCCGTGTGGACCCCTGCGGGTGTT
1    TGTGATCCACTCACCAGAGGTCTTAGGGTCCCGTGGGGAGTCCCGTGTGGACCCCTGCGGGTGTT

1324 GGGCAAGACTCTGCTGGCAAGGTAGCCCGGGGCTCGAGTCTCGAGTCGAGCGGAAGGGACTTGTTG
66   GGGCAAGACTCTGCTGGCAAGGTAGCCCGGGGCTCGAGTCTCGAGTCGAGCGGAAGGGACTTGTTG

                                     *
1389 CCCCAGATCAGGCCCGGGTAGCCTGCTTCCTATGTACCGCAGTCTCGAGTTCCGCGCGATTGGA
131  CCCCAGATCAGGCCCGGGTAGCCTGCTTCCTATGTACCGCAGTCTCAAGTTCCGCGCGATTGGA

1454 TTGGGGCAGGCAC
196  TTGGGGCAGGCAC

1467 TGTGATCCACTCACCAGAGGTCTTAGGGTCCCGTGGGGAGTCCCGTGTGGACCCCTGCGGGTGTT
1    TGTGATCCACTCACCAGAGGTCTTAGGGTCCCGTGGGGAGTCCCGTGTGGACCCCTGCGGGTGTT

1532 GGGCAAGACTCTGCTGGCAAGGTAGCCCGGGGCTCGAGTCTCGAGTCGAGCGGAAGGGACTTGTTG
66   GGGCAAGACTCTGCTGGCAAGGTAGCCCGGGGCTCGAGTCTCGAGTCGAGCGGAAGGGACTTGTTG

1597 CCCCAGATCAGGCCCGGGTAGCCTGCTTCCTATGTACCGCAGTCTCAAGTTCCGCGCGATTGGA
131  CCCCAGATCAGGCCCGGGTAGCCTGCTTCCTATGTACCGCAGTCTCAAGTTCCGCGCGATTGGA

1662 TTGGGGCAGGCAC
196  TTGGGGCAGGCAC

                                     *
1675 TGTGATCCACTCACCAGAGGTCTTAGGGTCCCGTGGGGAGTCCCGTGTGGACCCCTGCGGGTGTT
1    TGTGATCCACTCACCAGAGGTCTTAGGGTCCCGTGGGGAGTCCCGTGTGGACCCCTGCGGGTGTT

1740 GGGCAAGACTCTGCTGGCAAGGTAGCCCGGGGCTCGAGTCTCGAGTCGAGCGGAAGGGACTTGTTG
66   GGGCAAGACTCTGCTGGCAAGGTAGCCCGGGGCTCGAGTCTCGAGTCGAGCGGAAGGGACTTGTTG

                                     *
1805 CCCCAGATCAGGCCCGGGTAGCCTGCTTCCTATGTACCGCAGTCTCAAGTTCCGCGCGATTGGA
131  CCCCAGATCAGGCCCGGGTAGCCTGCTTCCTATGTACCGCAGTCTCAAGTTCCGCGCGATTGGA
```

1870 TTGGGGCAGGCAC
196 TTGGGGCAGGCAC

1883 TGTGATCCACTCACCAGAGGTCTTAGGGTCCCGTGGGGAGTCCCGTGTGGACCCCTTGCGGGTGTT
1 TGTGATCCACTCACCAGAGGTCTTAGGGTCCCGTGGGGAGTCCCGTGTGGACCCCTTGCGGGTGTT

1948 GGGCAAGACTCTGCTGGCAAGGTAGCCCGGGGCTCGAGTCTCGAGTCGAGCGGAAGGGACTTGTG
66 GGGCAAGACTCTGCTGGCAAGGTAGCCCGGGGCTCGAGTCTCGAGTCGAGCGGAAGGGACTTGTG

* * * *
2013 CCACAGATCAGGCCCGGGTAGCCTGCTTCCGTATGTACCGCAGTCTCGAGTTCTGCGCGATTGGA
131 CCCAGATCAGGCCCGGGTAGCCTGCTTCCCTATGTACCGCAGTCTCAAGTTCCGCGCGATTGGA

2078 TTGGGGCAGGCAC
196 TTGGGGCAGGCAC

2091 TGTGATCCACTCACCAGAGGTCTTAGGGTCCCGTGGGGAGTCCCGTGTGGACCCCTTGCGGGTGTT
1 TGTGATCCACTCACCAGAGGTCTTAGGGTCCCGTGGGGAGTCCCGTGTGGACCCCTTGCGGGTGTT

2156 GGGCAAGACTCTGCTGGCAAGGTAGCCCGGGGCTCGAGTCTCGAGTCGAGCGGAAGGGACTTGTG
66 GGGCAAGACTCTGCTGGCAAGGTAGCCCGGGGCTCGAGTCTCGAGTCGAGCGGAAGGGACTTGTG

*
2221 CCCAGATCAGGCCCGGGTAGCCTGCTTCCCTATGTACCGCAGTCTCGAGTTCCGCGCGATTGGA
131 CCCAGATCAGGCCCGGGTAGCCTGCTTCCCTATGTACCGCAGTCTCAAGTTCCGCGCGATTGGA

2286 TTGGGGCAGGCAC
196 TTGGGGCAGGCAC

*
2299 TGTGATCCACTCACCAGAGGTCTTAGGGTCCCGTGGGGAGTCCCGTGTGTGGACCCCTTGCGGGTGTT
1 TGTGATCCACTCACCAGAGGTCTTAGGGTCCCGTGGGGAGTCCCGTGTGTGGACCCCTTGCGGGTGTT

2364 GGGCAAGACTCTGCTGGCAAGGTAGCCCGGGGCTCGAGTCTCGAGTCGAGCGGAAGGGACTTGTG
66 GGGCAAGACTCTGCTGGCAAGGTAGCCCGGGGCTCGAGTCTCGAGTCGAGCGGAAGGGACTTGTG

2429 CCCAGATCAGGCCCGGGTAGCCTGCTTCCCTATGTACCGCAGTCTCAAGTTCCGCGCGATTGGA
131 CCCAGATCAGGCCCGGGTAGCCTGCTTCCCTATGTACCGCAGTCTCAAGTTCCGCGCGATTGGA

2494 TTGGGGCAGGCAC
196 TTGGGGCAGGCAC

*
2507 TGTGATCCACTCACCAGAGGTCTTAGGGTCCCGTGGGGAGTCCCGTGTGGACCCCTTGCGGGTGTT
1 TGTGATCCACTCACCAGAGGTCTTAGGGTCCCGTGGGGAGTCCCGTGTGGACCCCTTGCGGGTGTT

2572 GGGCAAGACTCTGCTGGCAAGGTAGCCCGGGGCTCGAGTCTCGAGTCGAGCGGAAGGGACTTGTG
66 GGGCAAGACTCTGCTGGCAAGGTAGCCCGGGGCTCGAGTCTCGAGTCGAGCGGAAGGGACTTGTG

2637 CCCAGATCAGGCCCGGGTAGCCTGCTTCCCTATGTACCGCAGTCTCAAGTTCCGCGCGATTGGA
131 CCCAGATCAGGCCCGGGTAGCCTGCTTCCCTATGTACCGCAGTCTCAAGTTCCGCGCGATTGGA

2702 TTGGGGCAGGCAC
196 TTGGGGCAGGCAC

2715 TGTGATCCACTCACCAGAGGTCTTAGGGTCCCGTGGGGAGTCCCGTGTGGACCCCTTGCGGGTGTT
1 TGTGATCCACTCACCAGAGGTCTTAGGGTCCCGTGGGGAGTCCCGTGTGGACCCCTTGCGGGTGTT

2780 GGGCAAGACTCTGCTGGCAAGGTAGCCCGGGGCTCGAGTCTCGAGTCGAGCGGAAGGGACTTGTG
66 GGGCAAGACTCTGCTGGCAAGGTAGCCCGGGGCTCGAGTCTCGAGTCGAGCGGAAGGGACTTGTG

*

2845 CCCCAGATCAGGCCCGGGTAGCCTGCTTCCCTATGTACCGCAGTCTCGAGTTCCGCGCGATTGGA
131 CCCCAGATCAGGCCCGGGTAGCCTGCTTCCCTATGTACCGCAGTCTCAAGTTCCGCGCGATTGGA

*

2910 TTGGGGCAGGTAC
196 TTGGGGCAGGCAC

*

2923 TGTGGTCCACTCACCAGAGGTCTTAGGGTCCCGTGGGGAGTCCCGTGTGGACCCCTTGCGGGTGTT
1 TGTGATCCACTCACCAGAGGTCTTAGGGTCCCGTGGGGAGTCCCGTGTGGACCCCTTGCGGGTGTT

2988 GGGCAAGACTCTGCTGGCAAGGTAGCCCGGGGCTCGAGTCTCGAGTCGAGCGGAAGGGACTTGTG
66 GGGCAAGACTCTGCTGGCAAGGTAGCCCGGGGCTCGAGTCTCGAGTCGAGCGGAAGGGACTTGTG

*

3053 CCCCAGATCAGGCCCGGGTAGCCTGCTTCCCTATGTACCGCAGTCTCGAGTTCCGCGCGATTGGA
131 CCCCAGATCAGGCCCGGGTAGCCTGCTTCCCTATGTACCGCAGTCTCAAGTTCCGCGCGATTGGA

*

3118 TTGGGGCAGGTAC
196 TTGGGGCAGGCAC

*

3131 TGTGGTCCACTCACCAGAGGTCTTAGGGTCCCGTGGGGAGTCCCGTGTGGACCCCTTGCGGGTGTT
1 TGTGATCCACTCACCAGAGGTCTTAGGGTCCCGTGGGGAGTCCCGTGTGGACCCCTTGCGGGTGTT

3196 GGGCAAGACTCTGCTGGCAAGGTAGCCCGGGGCTCGAGTCTCGAGTCGAGCGGAAGGGACTTGTG
66 GGGCAAGACTCTGCTGGCAAGGTAGCCCGGGGCTCGAGTCTCGAGTCGAGCGGAAGGGACTTGTG

3261 CCCCAGATCAGGCCCGGGTAGCCTGCTTCCCTATGTACCGCAGTCTCAAGTTCCGCGCGATTGGA
131 CCCCAGATCAGGCCCGGGTAGCCTGCTTCCCTATGTACCGCAGTCTCAAGTTCCGCGCGATTGGA

3326 TTGGGGCAGGCAC
196 TTGGGGCAGGCAC

3339 TGTGATCCACTCACCAGAGGTCTTAGGGTCCCGTGGGGAGTCCCGTGTGGACCCCTTGCGGGTGTT
1 TGTGATCCACTCACCAGAGGTCTTAGGGTCCCGTGGGGAGTCCCGTGTGGACCCCTTGCGGGTGTT

3404 GGGCAAGACTCTGCTGGCAAGGTAGCCCGGGGCTCGAGTCTCGAGTCGAGCGGAAGGGACTTGTG
66 GGGCAAGACTCTGCTGGCAAGGTAGCCCGGGGCTCGAGTCTCGAGTCGAGCGGAAGGGACTTGTG

3469 CCCCAGATCAGGCCCGGGTAGCCTGCTTCCCTATGTACCGCAGTCTCAAGTTCCGCGCGATTGGA
131 CCCCAGATCAGGCCCGGGTAGCCTGCTTCCCTATGTACCGCAGTCTCAAGTTCCGCGCGATTGGA

3534 TTGGGGCAGGCAC
196 TTGGGGCAGGCAC

* *

3547 TGTGATCCACTCACCAGAGGTCTTAGGGTCCCGTGGGGAGTCCCGTGTGGGCCCTTGCGGGTGTT
1 TGTGATCCACTCACCAGAGGTCTTAGGGTCCCGTGGGGAGTCCCGTGTGGACCCCTTGCGGGTGTT

3612 GGGCAAGACTCTGCTGGCAAGGTAGCCCGGGGCTCGAGTCTCGAGTCGAGCGGAAGGGACTTGTG
66 GGGCAAGACTCTGCTGGCAAGGTAGCCCGGGGCTCGAGTCTCGAGTCGAGCGGAAGGGACTTGTG

3677 CCCCAGATCAGGCCCGGGTAGCCTGCTTCCTATGTACCGCAGTCTCAAGTTCCGCGCGATTGGA
131 CCCCAGATCAGGCCCGGGTAGCCTGCTTCCTATGTACCGCAGTCTCAAGTTCCGCGCGATTGGA

3742 TTGGGGCAGGCAC
196 TTGGGGCAGGCAC

3755 TGTGATCCACTCACCAGAGGTCTTAGGGTCCCGTGGGGAGTCCCGTGTGGACCTTGCGGGTGTT
1 TGTGATCCACTCACCAGAGGTCTTAGGGTCCCGTGGGGAGTCCCGTGTGGACCTTGCGGGTGTT

3820 GGGCAAGACTCTGCTGGCAAGGTAGCCCGGGGCTCGAGTCTCGAGTCGAGCGGAAGGGACTTGTTG
66 GGGCAAGACTCTGCTGGCAAGGTAGCCCGGGGCTCGAGTCTCGAGTCGAGCGGAAGGGACTTGTTG

*

3885 CCCCAGATCAGGCCCGGGTAGCCTGCTTCCTATGTACCGCAGTCTCAAGTTCCGCGAGATTGGA
131 CCCCAGATCAGGCCCGGGTAGCCTGCTTCCTATGTACCGCAGTCTCAAGTTCCGCGCGATTGGA

3950 TTGGGGCAGGCAC
196 TTGGGGCAGGCAC

* *

3963 TGTGGTCCACTCAGCAGAGGTCTTAGGGTCCCGTGGGGAGTCCCGTGTGGGCCCTTGCGGGTGTT
1 TGTGATCCACTCACCAGAGGTCTTAGGGTCCCGTGGGGAGTCCCGTGTGGACCTTGCGGGTGTT

4028 GGGCAAGACTCTGCTGGCAAGGTAGCCCGGGGCTCGAGTCTCGAGTCGAGCGGAAGGGACTTGTTG
66 GGGCAAGACTCTGCTGGCAAGGTAGCCCGGGGCTCGAGTCTCGAGTCGAGCGGAAGGGACTTGTTG

4093 CCCCAGATCAGGCCCGGGTAGCCTGCTTCCTATGTACCGCAGTCTCAAGTTCCGCGCGATTGGA
131 CCCCAGATCAGGCCCGGGTAGCCTGCTTCCTATGTACCGCAGTCTCAAGTTCCGCGCGATTGGA

4158 TTGGGGCAGGCAC
196 TTGGGGCAGGCAC

*

4171 TGTGATCCACTCACCAGAGGTCTTAGGGTCCCGTGGGGAGTCCCGTGTGGACCTTGCGGGTGTT
1 TGTGATCCACTCACCAGAGGTCTTAGGGTCCCGTGGGGAGTCCCGTGTGGACCTTGCGGGTGTT

4236 GGGCAAGACTCTGCTGGCAAGGTAGCCCGGGGCTCGAGTCTCGAGTCGAGCGGAAGGGACTTGTTG
66 GGGCAAGACTCTGCTGGCAAGGTAGCCCGGGGCTCGAGTCTCGAGTCGAGCGGAAGGGACTTGTTG

*

4301 CCCCAGATCAGGCCCGGGTAGCCTGCTTCCTATGTACCGCAGTCTCAAGTTCTGCGCGATTGGA
131 CCCCAGATCAGGCCCGGGTAGCCTGCTTCCTATGTACCGCAGTCTCAAGTTCCGCGCGATTGGA

4366 TTGGGGCAGGCAC
196 TTGGGGCAGGCAC

4379 TGTGATCCACTCACCAGAGGTCTTAGGGTCCCGTGGGGAGTCCCGTGTGGACCTTGCGGGTGTT
1 TGTGATCCACTCACCAGAGGTCTTAGGGTCCCGTGGGGAGTCCCGTGTGGACCTTGCGGGTGTT

4444 GGGCAAGACTCTGCTGGCAAGGTAGCCCGGGGCTCGAGTCTCGAGTCGAGCGGAAGGGACTTGTTG
66 GGGCAAGACTCTGCTGGCAAGGTAGCCCGGGGCTCGAGTCTCGAGTCGAGCGGAAGGGACTTGTTG

*

4509 CCCCAGATCAGGCCCGGGTAGCCTGCTTCCTATGTACCGCAGTCTCGAGTTCCGCGCGATTGGA
131 CCCCAGATCAGGCCCGGGTAGCCTGCTTCCTATGTACCGCAGTCTCAAGTTCCGCGCGATTGGA

*

4574 TTGGGGCAGGTAC
196 TTGGGGCAGGCAC

*
4587 TGTGGTCCA CTCA CCA GAGGTCTTAGGGTCCCGTGGGGAGTCCCGTGTGGACCTTGCGGGTGTT
1 TGTGATCCA CTCA CCA GAGGTCTTAGGGTCCCGTGGGGAGTCCCGTGTGGACCTTGCGGGTGTT

4652 GGGCAAGACTCTGCTGGCAAGGTAGCCCGGGGCTCGAGTCTCGAGTCGAGCGGAAGGGACTTGTTG
66 GGGCAAGACTCTGCTGGCAAGGTAGCCCGGGGCTCGAGTCTCGAGTCGAGCGGAAGGGACTTGTTG

4717 CCCCAGATCAGGCCCGGGTAGCCTGCTTCCTATGTACCGCAGTCTCAAGTTCCGCGCGATTGGA
131 CCCCAGATCAGGCCCGGGTAGCCTGCTTCCTATGTACCGCAGTCTCAAGTTCCGCGCGATTGGA

4782 TTGGGGCAGGCAC
196 TTGGGGCAGGCAC

*
4795 TGTGATCCA CTCA CCA GAGGTCTTAGGGTCCCGTGGGGAGTCCCGTGTGGACCTTGCGGGTGTT
1 TGTGATCCA CTCA CCA GAGGTCTTAGGGTCCCGTGGGGAGTCCCGTGTGGACCTTGCGGGTGTT

4860 GGGCAAGACTCTGCTGGCAAGGTAGCCCGGGGCTCGAGTCTCGAGTCGAGCGGAAGGGACTTGTTG
66 GGGCAAGACTCTGCTGGCAAGGTAGCCCGGGGCTCGAGTCTCGAGTCGAGCGGAAGGGACTTGTTG

4925 CCCCAGATCAGGCCCGGGTAGCCTGCTTCCTATGTACCGCAGTCTCAAGTTCCGCGCGATTGGA
131 CCCCAGATCAGGCCCGGGTAGCCTGCTTCCTATGTACCGCAGTCTCAAGTTCCGCGCGATTGGA

4990 TTGGGGCAGGCAC
196 TTGGGGCAGGCAC

* * *
5003 TGTGGTCCA CTCA CCA GAGGTCTTAGGGTCCCGTGGGGAGTCCCGTGTGGGCCCTTGCGGGTGTT
1 TGTGATCCA CTCA CCA GAGGTCTTAGGGTCCCGTGGGGAGTCCCGTGTGGACCTTGCGGGTGTT

5068 GGGCAAGACTCTGCTGGCAAGGTAGCCCGGGGCTCGAGTCTCGAGTCGAGCGGAAGGGACTTGTTG
66 GGGCAAGACTCTGCTGGCAAGGTAGCCCGGGGCTCGAGTCTCGAGTCGAGCGGAAGGGACTTGTTG

5133 CCCCAGATCAGGCCCGGGTAGCCTGCTTCCTATGTACCGCAGTCTCAAGTTCCGCGCGATTGGA
131 CCCCAGATCAGGCCCGGGTAGCCTGCTTCCTATGTACCGCAGTCTCAAGTTCCGCGCGATTGGA

5198 TTGGGGCAGGCAC
196 TTGGGGCAGGCAC

*
5211 TGTGATCCA CTCA CCA GAGGTCTTAGGGTCCCGTGGGGAGTCCCGTGTGGACCTTGCGGGTGTT
1 TGTGATCCA CTCA CCA GAGGTCTTAGGGTCCCGTGGGGAGTCCCGTGTGGACCTTGCGGGTGTT

5276 GGGCAAGACTCTGCTGGCAAGGTAGCCCGGGGCTCGAGTCTCGAGTCGAGCGGAAGGGACTTGTTG
66 GGGCAAGACTCTGCTGGCAAGGTAGCCCGGGGCTCGAGTCTCGAGTCGAGCGGAAGGGACTTGTTG

5341 CCCCAGATCAGGCCCGGGTAGCCTGCTTCCTATGTACCGCAGTCTCAAGTTCCGCGCGATTGGA
131 CCCCAGATCAGGCCCGGGTAGCCTGCTTCCTATGTACCGCAGTCTCAAGTTCCGCGCGATTGGA

5406 TTGGGGCAGGCAC
196 TTGGGGCAGGCAC

5419 TGTGATCCA CTCA CCA GAGGTCTTAGGGTCCCGTGGGGAGTCCCGTGTGGACCTTGCGGGTGTT
1 TGTGATCCA CTCA CCA GAGGTCTTAGGGTCCCGTGGGGAGTCCCGTGTGGACCTTGCGGGTGTT

5484 GGGCAAGACTCTGCTGGCAAGGTAGCCCGGGGCTCGAGTCTCGAGTCGAGCGGAAGGGACTTGTG
66 GGGCAAGACTCTGCTGGCAAGGTAGCCCGGGGCTCGAGTCTCGAGTCGAGCGGAAGGGACTTGTG

5549 CCCCAGATCAGGCCCGGGTAGCCTGCTTCCTATGTACCGCAGTCTCAAGTTCCGCGCGATTGGA
131 CCCCAGATCAGGCCCGGGTAGCCTGCTTCCTATGTACCGCAGTCTCAAGTTCCGCGCGATTGGA

5614 TTGGGGCAGGCAC
196 TTGGGGCAGGCAC

* * *
5627 TGTGGTCCACTCAGCAGAGGTCTTAGGGTCCCGTGGGGAGTCCCGTGTGGGCCCTTGCGGGTGTT
1 TGTGATCCACTCACCAGAGGTCTTAGGGTCCCGTGGGGAGTCCCGTGTGGACCTTGCGGGTGTT

5692 GGGCAAGACTCTGCTGGCAAGGTAGCCCGGGGCTCGAGTCTCGAGTCGAGCGGAAGGGACTTGTG
66 GGGCAAGACTCTGCTGGCAAGGTAGCCCGGGGCTCGAGTCTCGAGTCGAGCGGAAGGGACTTGTG

5757 CCCCAGATCAGGCCCGGGTAGCCTGCTTCCTATGTACCGCAGTCTCAAGTTCCGCGCGATTGGA
131 CCCCAGATCAGGCCCGGGTAGCCTGCTTCCTATGTACCGCAGTCTCAAGTTCCGCGCGATTGGA

5822 TTGGGGCAGGCAC
196 TTGGGGCAGGCAC

*
5835 TGTGATCCACTCACCAGAGGTCTTAGGGTCCCGTGGGGAGTCCCGTGTGGACCTTGCGGGTGTT
1 TGTGATCCACTCACCAGAGGTCTTAGGGTCCCGTGGGGAGTCCCGTGTGGACCTTGCGGGTGTT

5900 GGGCAAGACTCTGCTGGCAAGGTAGCCCGGGGCTCGAGTCTCGAGTCGAGCGGAAGGGACTTGTG
66 GGGCAAGACTCTGCTGGCAAGGTAGCCCGGGGCTCGAGTCTCGAGTCGAGCGGAAGGGACTTGTG

5965 CCCCAGATCAGGCCCGGGTAGCCTGCTTCCTATGTACCGCAGTCTCAAGTTCCGCGCGATTGGA
131 CCCCAGATCAGGCCCGGGTAGCCTGCTTCCTATGTACCGCAGTCTCAAGTTCCGCGCGATTGGA

6030 TTGGGGCAGGCAC
196 TTGGGGCAGGCAC

6043 TGTGATCCACTCACCAGAGGTCTTAGGGTCCCGTGGGGAGTCCCGTGTGGACCTTGCGGGTGTT
1 TGTGATCCACTCACCAGAGGTCTTAGGGTCCCGTGGGGAGTCCCGTGTGGACCTTGCGGGTGTT

6108 GGGCAAGACTCTGCTGGCAAGGTAGCCCGGGGCTCGAGTCTCGAGTCGAGCGGAAGGGACTTGTG
66 GGGCAAGACTCTGCTGGCAAGGTAGCCCGGGGCTCGAGTCTCGAGTCGAGCGGAAGGGACTTGTG

*
6173 CCCCAGATCAGGCCCGGGTAGCCTGCTTCCTATGTACCGCAGTCTCGAGTTCCGCGCGATTGGA
131 CCCCAGATCAGGCCCGGGTAGCCTGCTTCCTATGTACCGCAGTCTCAAGTTCCGCGCGATTGGA

*
6238 TTGGGGCAGGTAC
196 TTGGGGCAGGCAC

*
6251 TGTGGTCCACTCACCAGAGGTCTTAGGGTCCCGTGGGGAGTCCCGTGTGGACCTTGCGGGTGTT
1 TGTGATCCACTCACCAGAGGTCTTAGGGTCCCGTGGGGAGTCCCGTGTGGACCTTGCGGGTGTT

6316 GGGCAAGACTCTGCTGGCAAGGTAGCCCGGGGCTCGAGTCTCGAGTCGAGCGGAAGGGACTTGTG
66 GGGCAAGACTCTGCTGGCAAGGTAGCCCGGGGCTCGAGTCTCGAGTCGAGCGGAAGGGACTTGTG

6381 CCCCAGATCAGGCCCGGGTAGCCTGCTTCCTATGTACCGCAGTCTCAAGTTCCGCGCGATTGGA
131 CCCCAGATCAGGCCCGGGTAGCCTGCTTCCTATGTACCGCAGTCTCAAGTTCCGCGCGATTGGA

6446 TTGGGGCAGGCAC
196 TTGGGGCAGGCAC

6459 TGTGATCCACTCACCAGAGGTCTTAGGGTCCCGTGGGGAGTCCCGTGTGGACCCCTTGCGGGTGTT
1 TGTGATCCACTCACCAGAGGTCTTAGGGTCCCGTGGGGAGTCCCGTGTGGACCCCTTGCGGGTGTT

6524 GGGCAAGACTCTGCTGGCAAGGTAGCCCGGGGCTCGAGTCTCGAGTCGAGCGGAAGGGACTTGTG
66 GGGCAAGACTCTGCTGGCAAGGTAGCCCGGGGCTCGAGTCTCGAGTCGAGCGGAAGGGACTTGTG

6589 CCCCAGATCAGGCCCGGGTAGCCTGCTTCCCTATGTACCGCAGTCTCAAGTTCCGCGCGATTGGA
131 CCCCAGATCAGGCCCGGGTAGCCTGCTTCCCTATGTACCGCAGTCTCAAGTTCCGCGCGATTGGA

6654 TTGGGGCAGGCAC
196 TTGGGGCAGGCAC

* *

6667 TGTGATCCACTCACCAGAGGTCTTAGGGTCCCGTGGGGAGTCCCGTGTGGACCCCTTGCGGGTGTT
1 TGTGATCCACTCACCAGAGGTCTTAGGGTCCCGTGGGGAGTCCCGTGTGGACCCCTTGCGGGTGTT

6732 GGGCAAGACTCTGCTGGCAAGGTAGCCCGGGGCTCGAGTCTCGAGTCGAGCGGAAGGGACTTGTG
66 GGGCAAGACTCTGCTGGCAAGGTAGCCCGGGGCTCGAGTCTCGAGTCGAGCGGAAGGGACTTGTG

6797 CCCCAGATCAGGCCCGGGTAGCCTGCTTCCCTATGTACCGCAGTCTCAAGTTCCGCGCGATTGGA
131 CCCCAGATCAGGCCCGGGTAGCCTGCTTCCCTATGTACCGCAGTCTCAAGTTCCGCGCGATTGGA

6862 TTGGGGCAGGCAC
196 TTGGGGCAGGCAC

6875 TGTGATCCACTCACCAGAGGTCTTAGGGTCCCGTGGGGAGTCCCGTGTGGACCCCTTGCGGGTGTT
1 TGTGATCCACTCACCAGAGGTCTTAGGGTCCCGTGGGGAGTCCCGTGTGGACCCCTTGCGGGTGTT

6940 GGGCAAGACTCTGCTGGCAAGGTAGCCCGGGGCTCGAGTCTCGAGTCGAGCGGAAGGGACTTGTG
66 GGGCAAGACTCTGCTGGCAAGGTAGCCCGGGGCTCGAGTCTCGAGTCGAGCGGAAGGGACTTGTG

*

7005 CCCCAGATCAGGCCCGGGTAGCCTGCTTCCCTATGTACCGCAGTCTCAAGTTCCGCGAGATTGGA
131 CCCCAGATCAGGCCCGGGTAGCCTGCTTCCCTATGTACCGCAGTCTCAAGTTCCGCGCGATTGGA

7070 TTGGGGCAGGCAC
196 TTGGGGCAGGCAC

* * *

7083 TGTGGTCCACTCAGCAGAGGTCTTAGGGTCCCGTGGGGAGTCCCGTGTGGGCCCTTGCGGGTGTT
1 TGTGATCCACTCACCAGAGGTCTTAGGGTCCCGTGGGGAGTCCCGTGTGGACCCCTTGCGGGTGTT

7148 GGGCAAGACTCTGCTGGCAAGGTAGCCCGGGGCTCGAGTCTCGAGTCGAGCGGAAGGGACTTGTG
66 GGGCAAGACTCTGCTGGCAAGGTAGCCCGGGGCTCGAGTCTCGAGTCGAGCGGAAGGGACTTGTG

7213 CCCCAGATCAGGCCCGGGTAGCCTGCTTCCCTATGTACCGCAGTCTCAAGTTCCGCGCGATTGGA
131 CCCCAGATCAGGCCCGGGTAGCCTGCTTCCCTATGTACCGCAGTCTCAAGTTCCGCGCGATTGGA

7278 TTGGGGCAGGCAC
196 TTGGGGCAGGCAC

*

7291

TGTGATCCACTCACCAGAGGTCTTAGGGTCCCGTGGGGAGTCCCGTGTGGACCCTTGCGGGTGTT

1

TGTGATCCACTCACCAGAGGTCTTAGGGTCCCGTGGGGAGTCCCGTGTGGACCCTTGCGGGTGTT

7356

GGGCAAGACTCTGCTGGCAAGGTAGCCCGGGGCTCGAGTCTCGAGTCGAGCGGAAGGGACTTGTTG

66

GGGCAAGACTCTGCTGGCAAGGTAGCCCGGGGCTCGAGTCTCGAGTCGAGCGGAAGGGACTTGTTG

7421

CCCCAGATCAGGCCCGGGTAGCCTGCTTCCCTATGTACCGCAGTCTCAAGTTCCGCGCGATTGGA

131

CCCCAGATCAGGCCCGGGTAGCCTGCTTCCCTATGTACCGCAGTCTCAAGTTCCGCGCGATTGGA

*

7486

TTGGGGCAGGTAC

196

TTGGGGCAGGCAC

*

7499

TGTGGTCCACTCACCAGAGGTCTTAGGGTCCCGTGGGGAGTCCCGTGTGGACCCTTGCGGGTGTT

1

TGTGATCCACTCACCAGAGGTCTTAGGGTCCCGTGGGGAGTCCCGTGTGGACCCTTGCGGGTGTT

7564

GGGCAAGACTCTGCTGGCAAGGTAGCCCGGGGCTCGAGTCTCGAGTCGAGCGGAAGGGACTTGTTG

66

GGGCAAGACTCTGCTGGCAAGGTAGCCCGGGGCTCGAGTCTCGAGTCGAGCGGAAGGGACTTGTTG

*

7629

CCCCAGATCAGGCCCGGGTAGCCTGCTTCCCTATGTACCGCAGTCTCGAGTTCCGCGCGATTGGA

131

CCCCAGATCAGGCCCGGGTAGCCTGCTTCCCTATGTACCGCAGTCTCAAGTTCCGCGCGATTGGA

*

7694

TTGGGGCAGGTAC

196

TTGGGGCAGGCAC

*

7707

TGTGGTCCACTCACCAGAGGTCTTAGGGTCCCGTGGGGAGTCCCGTGTGGACCCTTGCGGGTGTT

1

TGTGATCCACTCACCAGAGGTCTTAGGGTCCCGTGGGGAGTCCCGTGTGGACCCTTGCGGGTGTT

7772

GGGCAAGACTCTGCTGGCAAGGTAGCCCGGGGCTCGAGTCTCGAG

66

GGGCAAGACTCTGCTGGCAAGGTAGCCCGGGGCTCGAGTCTCGAG

7817

AATATTACAG

Statistics

Matches: 7057,

Mismatches: 115,

Indels: 10

0.98

0.02

0.00

Matches are distributed among these distances:

198	61	0.01
200	17	0.00
201	12	0.00
203	1	0.00
206	1	0.00
208	6965	0.99

ACGTcount: A:0.16, C:0.27, G:0.36, T:0.21

Consensus pattern (208 bp):

TGTGATCCACTCACCAGAGGTCTTAGGGTCCCGTGGGGAGTCCCGTGTGGACCCTTGCGGGTGTT

GGGCAAGACTCTGCTGGCAAGGTAGCCCGGGGCTCGAGTCTCGAGTCGAGCGGAAGGGACTTGTTG

CCCCAGATCAGGCCCGGGTAGCCTGCTTCCCTATGTACCGCAGTCTCAAGTTCCGCGCGATTGGA

TTGGGGCAGGCAC

Done.