BLAST®

Basic Local Alignment Search Tool

NCBI/ BLAST/ blastn suite/ Formatting Results - CN9PA1R9014

- ► Formatting options
- ▶ Download

Blast report description

Nucleotide Sequence (1393 letters)

RID <u>CN9PA1R9014</u> (Expires on 02-23 13:12 pm)

Query ID lcl|Query_211611 **Database Name** nr

Description None

Molecule type nucleic acid

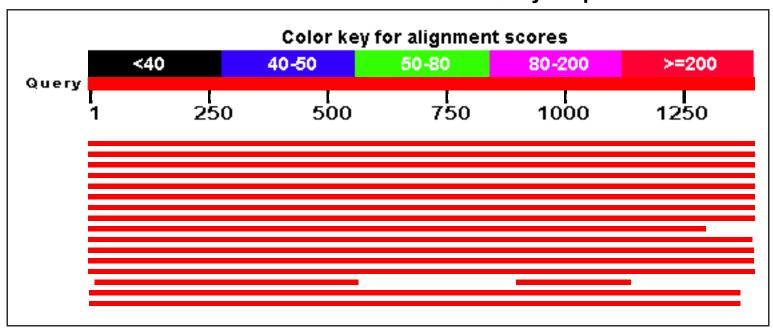
Query Length 1393

Description Nucleotide collection (nt)

Program BLASTN 2.3.1+

□ Graphic Summary

Distribution of 17 Blast Hits on the Query Sequence



□ <u>Descriptions</u>

Sequences producing significant alignments:

Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
Drosophila melanogaster chromosome 2R	2551	2551	100%	0.0	99%	AE013599.5
Drosophila melanogaster domino (dom), transcript variant G, mRNA	2551	2551	100%	0.0	99%	NM_001299747.1
Drosophila melanogaster domino (dom), transcript variant A, mRNA	2551	2551	100%	0.0	99%	NM_080094.4
Drosophila melanogaster domino (dom), transcript variant D, mRNA	2551	2551	100%	0.0	99%	NM_166446.3
Drosophila melanogaster LP03212 full insert cDNA	2551	2551	100%	0.0	99%	BT044534.1
Drosophila melanogaster LD21920 full insert cDNA	2551	2551	100%	0.0	99%	BT032837.1
Drosophila melanogaster, chromosome 2R, region 57D3-57E2, BAC clones DS01261 and BACR48K03, complete sequence	2551	2551	100%	0.0	99%	<u>AC007175.1</u>
Drosophila melanogaster helicase DOMINO A (domino) mRNA, alternatively spliced, complete cds	2529	2529	100%	0.0	99%	<u>AF076776.1</u>
Drosophila melanogaster GH12111 full insert cDNA	2368	2368	92%	0.0	99%	<u>AY118307.1</u>
Drosophila simulans GD11590 (Dsim\GD11590), mRNA	2290	2290	99%	0.0	96%	XM_002082439.1
Drosophila yakuba domino (Dyak\dom), transcript variant B, mRNA	2032	2032	99%	0.0	93%	XM_015196400.1
Drosophila yakuba domino (Dyak\dom), transcript variant A, mRNA	2032	2032	99%	0.0	93%	XM_002091508.2
Drosophila erecta uncharacterized protein, transcript variant A (Dere\GG22110), mRNA	2032	2032	100%	0.0	93%	XM_001975011.2
Drosophila yakuba clone yak- em_domino mRNA sequence	813	813	39%	0.0	93%	<u>AY231954.1</u>
Drosophila ananassae uncharacterized protein, transcript variant B (Dana\GF12812), mRNA	761	761	97%	0.0	77%	XM_014907943.1
Drosophila ananassae uncharacterized protein, transcript variant A (Dana\GF12812), mRNA	761	761	97%	0.0	77%	XM_001959287.2
Drosophila sechellia GM15831 (Dsec\GM15831), mRNA	364	364	17%	2e-96	94%	XM_002039717.1

${\color{red} \bullet \underline{Alignments}}$

Drosophila melanogaster chromosome 2R

Sequence ID: **gb|AE013599.5|** Length: 25286936 Number of Matches: 1

Range 1: 21338587 to 21339979

Score Expect Identities Gaps Strand Frame

2551 bits(1381) 0.0() 1389/1393(99%) 0/1393(0%) Plus/Minus

Features: domino, isoform G							
Query Sbjct	1 21339979	GACCTtgctgctgctgctgttgctgctgTCCAGTGGTGGTCGTAAAGAGTGCTCCAG	60 21339920				
Query	61	AGGCCTGCTGCGCCTTTTGAGCAGCAAGAATATTATGACGCTTAACCAGTAACATATCCC	120				
Sbjct Query	21339919 121	AĠĠĊĊŦĠĊŦĠĊĠĊĊŦŦŦŦĠĀĠĊĀĠĊĀĀĠĀĀŦĀŦŦĀŦĠĀĊĠĊŦŦĀĀĊĊĀĠŦĀĀĊĀŦĀŦĊĊĊ CTGCTGCTGTTGTGGTGGTCGTTCCGTCAGCGGACACCACTTGACGCTGCAGCTGCT	21339860 180				
Sbjct	21339859	CTGCTGCTGTTGTGGTGGTCGTTCCGTCAGCGGACACCACTTGACGCTGCAGCTGCTGCT	21339800				
Query	181 21339799	TTCCGGCCGCCATCTGCTTGATGAACTGCGTCCTGGCCTGTCCGTGCATTTGCACACTGC	240 21339740				
Sbjct Query	241	TTAÇÇAÇGTTGÇÇTGÇAÇAÇAĞTAĞTĞĞAĞĞTĞÇÇÇĞĞÇATTÇÇÇĞAÇAÇĞĞÇÇAÇTT	300				
Sbjct	21339739	TTACCACGTTGCCTGCACAGTAGTGGAAGTGCCCGGCATTCCCGACACGGCCACTT	21339680				
Query Sbjct	301 21339679	TTTGGCTTGTCACATGCGTGGCCATGTTGCTAGCTTTGGATTATTGTGCCGCCTGCTTGCA	360 21339620				
Query	361	CCAGATTAGCAGTAGCTCCAGTAGCGCCAGCTGATCCGCTGGGCACGGCTTGTGTCGTTG	420				
Sbjct Query	21339619 421	CCAGATTAGCAGTAGCTCCAGTAGCGCCAGCTGATCCGCTGGGCACGGCTTGTGTCGTTG TCTGCAGCACCTTCAAGCTGCGCTGACGGTAGAGCTGTATATGTGCTCCCCCAGATTGCT	21339560 480				
Sbjct	21339559	TCTGCAGCACCTTCAAGCTGCGCTGACGGTAGAGCTGTATATGTGCTCCCCAGATTGCT	21339500				
Query Sbjct	481 21339499	GAGTCACGGGAATCACTGTCGTCTTCCCTCCCTGCTGCAATGCGCTCACCGGAATTCCCT	540 21339440				
Query	541	TTGTGGTCACCAACTGTGTGGTCTGAGTGGCTGGAGATGTGGGAACAGCTGCCAAACGAA	600				
Sbjct	21339439	ttgtggtcaccaactgtgtgtgtctgagtggctggagatgtgggaacagctgccaaacgaa	21339380				
Query Sbjct	601 21339379	GCTGAGTCTGGAATTGCGAGGGACTCGCGCCTTGTCCTAAGTTCGGCATAGAGACAATAG	660 21339320				
Query	661	ACTGACCACCGGCTGTCGCTGTTGAAGGGTGTTTCCTGCAGCTGTCGAGACAATCC	720				
Sbjct Query	21339319 721	ACTGACCACCGGCTGTCGCTGTTGAAGGGTGTTTCCTGCAGCTGTCGAGACAATCC GCTGACCACGCAACATGGTCGTGTTCAAAGTGGTTACAGCCGTGGTCTGATGCTGTTGTT	21339260 780				
Sbjct	21339259	GCTGACCACGCAACATAGTCGTGTTCAAAGTGGTTACAGCCGTGGTCTGATGCTGTTGTT	21339200				
Query Sbjct	781 21339199	GTGGCTGATTGGCAGTGGTCAGTACGGTGCCCACGGTGGGCAAAGTGCTAACGGAGA	840 21339140				
Query	841	CCACCTGTGGCAGCGATTGGGTCTGCACAATGCTGCCCAACTGGGGAGAGCTGTTAACGG	900				
Sbjct Query	21339139 901	ĊĊĀĊĊŦĠŦĠĠĊĀĠĊĠĀŦŦĠĠĠŦĊŦĠĊĀĊĀĀŦĠĊŦĠĊĊĀĀĊŦĠĠĠĀĠĀĠĀĠĊŦĠŦŦĀĀĊĠĠ GCAGCGTCTGTGACGAGATCGAAACGATCTGGGCACCAGAGCCTATCTGGGGTTGCACCA	21339080 960				
Sbjct	21339079	GCAGCGTCTGTGACGAGATCGAAACGATCTGGGCACCAGAGCCTATCTGGGGTTGCACCA	21339020				
Query Sbjct	961 21339019	CCGACGGAAGTGTCTGTACTGGAGTGGTTAGGACCACACTCACACTGGACTGGCCCCCAG	1020 21338960				
Query	1021	AAGCGACTGCAGACTGTTGGGCTAATTGTTGCAATTGGCCCGCGGTCAAGCTGGAGGAGG	1080				
Sbjct	21338959	AAGCGACTGCAGACTGTTGGGCTAATTGTTGCAATTGGCCCGCGGTCAAGCTGGAGGAGG	21338900				
Query Sbjct	1081 21338899	TGCCGACAATAGTCTTGACCAACTGTTGAGTATTGGATTGTCCACCCTGCCCGGGGTGCG	1140 21338840				
Query	1141	TACGCAATTGCTGCTGCGGTTGGTGGAGCAGGATGGCAGTCTGTTGACCGGGCGAGACAT	1200				
Sbjct Query	21338839 1201	TACGCAATTGCTGCTGCGGTTGGTGGAGCAGGATGGCAGTCTGTTGACCGGGCGAGACAT TGGAACTGGTCAAGTGCTGGATCTGCAGCTGCTGCAACTGACCACCAGCAGCAGCACAT	21338780 1260				
Sbjct	21338779	TGGAACTGGTCAAGTGCTGGATCTGCAGCTGCTGCAACTGACCACCAGCAGCGGGCACCG	21338720				
Query Sbjct	1261 21338719	CCACTGTTGTCGTGGTGGTGGGTTGCTGCTGCACGAGCTCCACGGTTTGCTGGACGGGCA	1320 21338660				
Query	1321	GAGTCTGTTGAACGTTTGAAACAGTGGGAAGTTGTTGCTGCACAACctgctgctgct	1380				
Sbjct	21338659	GAGTCTGTTGAAACGTTTGAAACAGTGGGAAGTTGTTGCTGCACAACCTGCTGCTGCTGCT	21338600				

 Query
 1381
 gctgctgttgctg
 1393

 Sbjct
 21338599
 GCTGCTGCTGCTG
 21338587

Drosophila melanogaster domino (dom), transcript variant G, mRNA Sequence ID: **ref|NM_001299747.1|** Length: 10626 Number of Matches: 1 Range 1: 7429 to 8821

Score		Expect	Identities	Gaps	Strand	Frame	
2551 bit	ts(1381)	0.0()	1389/1393(99%)	0/1393(0%)	Plus/Minus		_
Feature	s:						
Query	1	GACCTtgctgct	tgctgctgctgttgct	tgctgTCCAGTGGTG	GTCGTAAAGAGTG	CTCCAG 6	0
Sbjct	8821	daccttdctdc:	téctéctéctéttéct	tectetccyetecte	stegtaaagagte	scłccyc 8	762
Query	61	AGGCCTGCTGCC	GCCTTTTGAGCAGCAA 	AGAATATTATGACGCT	ГТААССАGТААС <i>А</i> 		20
Sbjct	8761		ĠĊĊŤŤŤŤĠĂĠĊĂĠĊĂ				702
Query	121 8701		GTGGTGGTCGTTCCGT 				80
Sbjct Query	181		ATCTGCTTGATGAACT				40
Sbjct	8641						582
Query	241		ССТССТССАСАСТОТА ССТССТВОТА				00
Sbjct	8581	TTACCACGTTG				 GCACTT 8	522
Query	301	TTTGGCTTGTC	ACATGCGTGGCCATG	TTGCTAGCTTGGATT	ATTGTGCCGCCTG	SCTTGCA 3	60
Sbjct	8521	TTTGGCTTGTC	Acateceteeccate	rtgctagcttggatt	Atggtgccgcctd	cttgca 8	462
Query	361	CCAGATTAGCA	GTAGCTCCAGTAGCG(CCAGCTGATCCGCTG(GCACGGCTTGTG	TCGTTG 4	20
Sbjct	8461		ĠŦĀĠĊŦĊĊĀĠŦĀĠĊĠŒ				402
Query	421		TTCAAGCTGCGCTGA(80
Sbjct Query	8401 481		ľŤĊĂĂĠĊŤĠĊĠĊŤĠĂŒ ATCACTGTCGTCTTCŒ				342
Sbjct	8341		TITLE TO TO THE TOTAL TOTAL TO THE TOTAL TOTAL TOTAL TO THE TOTAL TO THE TOTAL TOTAL TOTAL TO THE TOTAL TOT				282
Query	541		 РАСТСТСТСТСТСТСТСТСТСТСТСТСТСТСТСТСТСТСТ				00
Sbjct	8281	TTGTGGTCACC				AACGAA 8	222
Query	601	GCTGAGTCTGG	AATTGCGAGGGACTC	GCGCCTTGTCCTAAG	TTCGGCATAGAGA	CAATAG 6	60
Sbjct	8221	GCTGAGTCTGG	AATTGCGAGGGACTC	GCGCCTTGTCCTAAG	TTCGGCATAGAGA	CAATAG 8	162
Query	661	ACTGACCACCG(GCTGTCGTTCGCTGTT	FGAAGGGTGTTTCCT(GCAGCTGTCGAG <i>A</i>	CAATCC 7	20
Sbjct	8161		ĠĊŦĠŦĊĠŦŦĊĠĊŦĠŦſ				102
Query	721		AACATGGTCGTGTTCA				8042
Sbjct	8101 781		AACATAGTCGTGTTC <i>I</i> GCAGTGGTGGTCAGT <i>I</i>				40
Query Sbjct	8041		JCAGTGGTGGTCAGT 				982
Query	841		ĄĢÇĢĄTTĢĢĢTÇTĢÇ <i>I</i>				00
Sbjct	7981	CCACCTGTGGC				TAACGG 7	922
Query	901	GCAGCGTCTGT	GACGAGATCGAAACG <i>I</i>	ATCTGGGCACCAGAG(CCTATCTGGGGTT	GCACCA 9	60
Sbjct	7921	GCAGCGTCTGT	GACGAGATCGAAACG2	ATCTGGGCACCAGAG	CTATCTGGGGTT	GCACCA 7	862
Query	961	CCGACGGAAGTO	GTCTGTACTGGAGTG(GTTAGGACCACACTC	ACACTGGACTGGC	CCCCAG 1	020
Sbjct	7861		stetstaetssasts				802
Query	1021		GACTGTTGGGCTAATT				080
Sbjct	7801		GACTGTTGGGCTAATT				742
Query Shict	1081 7741		GTCTTGACCAACTGTT 				140
Sbjct Query	1141		GCTGCGGTTGGTGG				200
ŏα c τλ	1141	INCOCHAI IGC.	196196911961961	TIDAJUU IAUUAGIC.	TOT TONCCOURTER.	INGACAI I	200

Sbjct	7681	TACGCAATTGCTGCTGCGGTTGGTGGAGCAGGATGGCAGTCTGTTGACCGGGCGAGACAT	7622
Query	1201	TGGAACTGGTCAAGTGCTGGATCTGCAGCTGCTGCAACTGACCACCAGCAGCGGGCACCG	1260
Sbjct	7621	TGGAACTGGTCAAGTGCTGGATCTGCAGCTGCTGCAACTGACCACCAGCAGCGGGCACCG	7562
Query	1261	CCACTGTTGTCGTGGTGGGTTGCTGCTGCACGAGCTCCACGGTTTGCTGGACGGGCA	1320
Sbjct	7561	CCACTGTTGTCGTGGTGGGTTGCTGCTGCACGAGCTCCACGGTTTGCTGGACGGCA	7502
Query	1321	GAGTCTGTTGAACGTTTGAAACAGTGGGAAGTTGTTGCTGCACAACctgctgctgct	1380
Sbjct	7501	GAGTCTGTTGAACGTTTGAAACAGTGGGAAGTTGTTGCTGCACAACCTGCTGCTGCT	7442
Query	1381	gctgctgttgctg 1393	
Sbjct	7441	detdetdetd 7429	

Drosophila melanogaster domino (dom), transcript variant A, mRNA Sequence ID: **ref|NM_080094.4|** Length: 10521 Number of Matches: 1 Range 1: 7324 to 8716

Score		Expect	Identities	Gaps	Strand	Frame	
2551 bit	ts(1381)	0.0()	1389/1393(99%)	0/1393(0%)	Plus/Minus		
Feature	s:						
Query	1	GACCTtgctgc	tgctgctgctgttgct	gctgTCCAGTGGTG	GTCGTAAAGAGTG	CTCCAG	60
Sbjct	8716	GACCTTGCTGC	tgctgctgctgttgct	rectetccyeteete	gtcgtaaagagtd	ctccac	8657
Query	61	AGGCCTGCTGC	GCCTTTTGAGCAGCAA 	GAATATTATGACGC	TTAACCAGTAACA	TATCCC	120
Sbjct	8656	AĠĠĊĊŦĠĊŦĠĊ	ĠĊĊϮϮϮϮĠĂĠĊĀĠĊĀĀ	ĠÀÀTÀTTÀTĠÀĊĠĊ	††AACCAG†AACA		8597
Query	121		GTGGTGGTCGTTCCGT 				180
Sbjct	8596		ĠŦĠĠŦĠĠŦĊĠŦŦĊĊĠŦ ~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~~				8537
Query	181 8536		$egin{array}{ccccc} ext{ATCTGCTTGATGAACT} \ & & & & & & & & & & & & & & & & & & $				240 8477
Sbjct Query	241		CCTGCCTGCACAGTAG				300
Sbjct	8476						8417
Query	301		ĄÇĄŢĢÇĢŢĢŢ				360
Sbjct	8416	TTTGGCTTGTC	 ACATGCGTGGCCATGT				8357
Query	361	ÇÇAGATTAGÇA	<mark>Ģ</mark> ŢĄĢĊŢĊĊĄĢŢĄĢĊĢĊ	САССТСАТССССТС	GGCACGGCTTGTG	STÇGTTG	420
Sbjct	8356	CCAGATTAGCA	GTAGCTCCAGTAGCGC	CAGCTGATCCGCTG	GGCACGGCTTGTC	STCGTTG	8297
Query	421	TCTGCAGCACC	TTCAAGCTGCGCTGAC	GGTAGAGCTGTATA	TGTGCTCCCCAG	SATTGCT	480
Sbjct	8296	tctgcagcacc	ttcaagctgcgctgac	dgtagagctgtata	tetectcccqq	SATTGCT	8237
Query	481		ATCACTGTCGTCTTCC 		111111111111		540
Sbjct	8236		Arcactgregretec				8177
Query	541		AACTGTGTGGTCTGAG				600
Sbjct Query	8176 601		AACTGTGTGGTCTGAG AATTGCGAGGGACTCG				8117 660
Sbjct	8116		AATTGCGAGGGACTCG AATTGCGAGGGACTCG				8057
Query	661		GCTGTCGTTCGCTGTT				720
Sbjct	8056	ACTGACCACCG			 GCAGCTGTCGAGA	L L L L L L L L L L L L L L L L L L L	7997
Query	721	ĢÇŢĢĄÇÇĄÇĢÇ.	ААСАТGGTСGTGTTСА	ААĞТĞĞТТАÇАĞÇÇ	 ĢŢĢĢŢÇŢĢĄŢĢÇŢ	҈ҪҬҬҪҬҬ	780
Sbjct	7996	GCTGACCACGC	 AACATAGTCGTGTTCA	AAGTGGTTACAGCC		GTTGTT	7937
Query	781	GTGGCTGATTG	GCAGTGGTGGTCAGTA	CGGTGCCCACGGTG	GGCAAAGTGCTAA	CGGAGA	840
Sbjct	7936	GTGGCTGATTG		CGGTGCCCACGGTG	GGCAAAGTGCTAA	cggaga	7877
Query	841	CCACCTGTGGC	AGCGATTGGGTCTGCA	CAATGCTGCCCAAC	TGGGGAGAGCTGT 	TAACGG	900
Sbjct	7876	ccacctdtddc.	agcgattgggtctgca	ckatecteccaac	teeegaagaetetet	rtaacgg	7817
Query	901	GCAGCGTCTGT	GACGAGATCGAAACGA 	TCTGGGCACCAGAG	CCTATCTGGGGTT 	GCACCA	960

Sbjct	7816	GCAGCGTCTGTGACGAGATCGAAACGATCTGGGCACCAGAGCCTATCTGGGGTTGCACCA	7757
Query	961	CCGACGGAAGTGTCTGTACTGGAGTGGTTAGGACCACACTCACACTGGACTGGCCCCCAG	1020
Sbjct	7756	ccdacgdaagtgtctgtactgdagtggttaggaccacactcacactgdactggccccag	7697
Query	1021	AAGCGACTGCAGACTGTTGGGCTAATTGTTGCAATTGGCCCGCGGTCAAGCTGGAGGAGG	1080
Sbjct	7696	AAGCGACTGCAGACTGTTGGGCTAATTGTTGCAATTGGCCCGCGGTCAAGCTGGAGGAGG	7637
Query	1081	TGCCGACAATAGTCTTGACCAACTGTTGAGTATTGGATTGTCCACCCTGCCCGGGGTGCG	1140
Sbjct	7636	tgccgacaatagtcttgaccaactgttgagtattggattgtccaccctgcccggggtgcg	7577
Query	1141	TACGCAATTGCTGCTGCGGTTGGTGGAGCAGGATGGCAGTCTGTTGACCGGGCGAGACAT	1200
Sbjct	7576	tacccaattcctcctccccttcctccaccaccaccaccac	7517
Query	1201	TGGAACTGGTCAAGTGCTGGATCTGCAGCTGCTGCAACTGACCACCAGCAGCGGGCACCG	1260
Sbjct	7516	TGGAACTGGTCAAGTGCTGGATCTGCAGCTGCTGCAACTGACCACCAGCAGCGGGCACCG	7457
Query	1261	CCACTGTTGTCGTGGTGGTGGGTTGCTGCTGCACGAGCTCCACGGTTTGCTGGACGGGCA	1320
Sbjct	7456	ccactgttgtcgtggtggtggttgctgctgcacgagctccacggtttgctggacggca	7397
Query	1321	GAGTCTGTTGAACGTTTGAAACAGTGGGAAGTTGTTGCTGCACAACctgctgctgct	1380
Sbjct	7396	GAGTCTGTTGAACGTTTGAAACAGTGGGAAGTTGTTGCTGCACAACCTGCTGCTGCTGCT	7337
Query	1381	gctgctgttgctg 1393	
Sbjct	7336	detdetdetd 7324	

Drosophila melanogaster domino (dom), transcript variant D, mRNA Sequence ID: **ref|NM_166446.3|** Length: 10178 Number of Matches: 1 Range 1: 7324 to 8716

Score		Expect	Identities	Gaps	Strand	Frame
2551 bit	s(1381)	0.0()	1389/1393(99%)	0/1393(0%)	Plus/Minus	
Features	s:					
Query	1	GACCTtgctgc	tgctgctgctgttgct	gctgTCCAGTGGTG	GTCGTAAAGAGTGO	CTCCAG 60
Sbjct	8716	gaccttgctgc;	rgctgctgctgttgct	gctgtccagtggtg	gtcgtaaagagtgo	CTCCAG 8657
Query	61	AGGCCTGCTGC	GCCTTTTGAGCAGCAA	GAATATTATGACGC'	TTAACCAGTAACAT	TATCCC 120
Sbjct	8656	aggcctgctgc	ĠĊĊŦŦŦŦĠĀĠĊĀĠĊĀĀ	gaatattatdacdc;	rtaaccagtaaca	ratccc 8597
Query	121	CTGCTGCTGTT	GTGGTGGTCGTTCCGT	CAGCGGACACCACT'	TGACGCTGCAGCT(GCTGCT 180
Sbjct	8596	ctdctdctdtt	ĠŦĠĠŦĠĠŦĊĠŦŦĊĊĠŦ	cągcągącącącac	tgycgctgcycctc	screct 8537
Query	181	TTCCGGCCGCC	ATCTGCTTGATGAACT(GCGTCCTGGCCTGT(CCGTGCATTTGCA(CACTGC 240
Sbjct	8536	††¢¢¢¢¢¢¢¢	ATCTGCTTGATGAACT	ĠĊĠŦĊĊŦĠĠĊĊŦĠŦŒ	ĊĊĠŦĠĊĀŦŦŦĠĊĀŒ	cactic 8477
Query	241	TTACCACGTTG	CCTGCCTGCACAGTAG' 	TGGAGGTGCCCGGC	ATTCCCGACACGG(CCACTT 300
Sbjct	8476	††AĊĊAĊĠ††ĠŒ	ĊĊŦĠĊĊŦĠĊĀĊĀĠŦĀĠ	ŤĠĠĀĀĠŤĠĊĊĊĠĠĊ	ÁTTCCCGÁCÁCGGC	ccactr 8417
Query	301	TTTGGCTTGTC	ACATGCGTGGCCATGT' 	TGCTAGCTTGGATT 	ATTGTGCCGCCTG(CTTGCA 360
Sbjct	8416	†††GĠĊ††Ġ†Ċ	ACATGCGTGGCCATGT	TGCTAGCTTGGATT?	ÁTGĠTĠĊĊĠĊĊTĠ(
Query	361		GTAGCTCCAGTAGCGC 			
Sbjct	8356	ĊĊĀĠĀŤŤĀĠĊĀ	ĠŦĀĠĊŦĊĊĀĠŦĀĠĊĠĊ	ĊĂĠĊŦĠĂŦĊĊĠĊŦĠŒ	ĠĠĊĀĊĠĠĊŦŦĠŦĠſ	
Query	421		TTCAAGCTGCGCTGAC 			
Sbjct	8296		ŗţĊĂĀĠĊŢĠĊĠĊŢĠĀĊ			
Query	481		ATCACTGTCGTCTTCC 			
Sbjct	8236		ATCACTGTCGTCTTCC			
Query	541		AACTGTGTGGTCTGAG 			
Sbjct	8176		AACTGTGTGGTCTGAG			
Query	601		AATTGCGAGGGACTCG 			
Sbjct	8116		AATTĠĊĠAĠĠĠAĊTĊĠ			
Query	661	ACTGACCACCG(GCTGTCGTTCGCTGTT(GAAGGGTGTTTCCT(GCAGCTGTCGAGA(
Sbjct	8056	AĊTĠAĊĊĀĊĊĠ(ĠĊŦĠŦĊĠŦŦĊĠĊŦĠŦŦ	ĠĂĀĠĠĠĠĠĠŦĠŦŦŦĊĊŦĸ	ĠĊĀĠĊŦĠŦĊĠĀĠĀŒ	caatcc 7997

Query	721	GCTGACCACGCAACATGGTCGTGTTCAAAGTGGTTACAGCCGTGGTCTGATGCTGTTGTT	780
Sbjct	7996	gctgaccacgcaacatagtcgtgttcaaagtggttacagccgtggtctgatgctgttgtt	7937
Query	781	GTGGCTGATTGGCAGTGGTCAGTACGGTGCCCACGGTGGGCAAAGTGCTAACGGAGA	840
Sbjct	7936	gtggctgattggcagtggtggtcagtacggtgcccacggtgggcaaaagtgctaacggaga	7877
Query	841	CCACCTGTGGCAGCGATTGGGTCTGCACAATGCTGCCCAACTGGGGAGAGCTGTTAACGG	900
Sbjct	7876	ccacctgtggcagcgattgggtctgcacaatgctgcccaactggggagagagctgttaacgg	7817
Query	901	GCAGCGTCTGTGACGAGATCGAAACGATCTGGGCACCAGAGCCTATCTGGGGTTGCACCA	960
Sbjct	7816	dcadcdtctdtdacdadatcdaaacdatctdddcadadcctatctddddttacca	7757
Query	961	CCGACGGAAGTGTCTGTACTGGAGTGGTTAGGACCACACTCACACTGGACTGGCCCCCAG	1020
Sbjct	7756	ccdacddaadtctctctactccdactcdctactcacactcdcactcdccccdc	7697
Query	1021	AAGCGACTGCAGACTGTTGGGCTAATTGTTGCAATTGGCCCGCGGTCAAGCTGGAGGAGG	1080
Sbjct	7696	AAGCGACTGCAGACTGTTGGGCTAATTGTTGCAATTGGCCCGCGGTCAAGCTGGAGGAGG	7637
Query	1081	TGCCGACAATAGTCTTGACCAACTGTTGAGTATTGGATTGTCCACCCTGCCCGGGGTGCG	1140
Sbjct	7636	tgccgacaatagtcttgaccaactgttgagtattggattgtccaccctgcccggggtgcg	7577
Query	1141	TACGCAATTGCTGCTGCGGTTGGTGGAGCAGGATGGCAGTCTGTTGACCGGGCGAGACAT	1200
Sbjct	7576	tacccaattcctcctccccctcccccccccccccccccc	7517
Query	1201	TGGAACTGGTCAAGTGCTGGATCTGCAGCTGCTGCAACTGACCACCAGCAGCGGGCACCG	1260
Sbjct	7516	tggaactggtcaagtgctggatctgcagctgctgcaactgaccaccagcagcagcaccg	7457
Query	1261	CCACTGTTGTCGTGGTGGTGGGTTGCTGCTGCACGAGCTCCACGGTTTGCTGGACGGGCA	1320
Sbjct	7456	ccactettettetetetetetetetetetetetetetete	7397
Query	1321	GAGTCTGTTGAACGTTTGAAACAGTGGGAAGTTGTTGCTGCACAACctgctgctgct	1380
Sbjct	7396	ĠAĠŦĊŦĠŦŦĠAAĊĠŦŦŦĠAAAĊAĠŦĠĠĠAAĠŦŦĠŦŦĠĊŦĠĊĀĊAĊAAĊĊŦĠĊŦĠĊŦĠĊŦĠĊŦ	7337
Query	1381	gctgctgttgctg 1393	
Sbjct	7336	gctgctgctgctg 7324	

Drosophila melanogaster LP03212 full insert cDNA

Sequence ID: **gb|BT044534.1|** Length: 8372 Number of Matches: 1 Range 1: 5497 to 6889

Score		Expect	Identities	Gaps	Strand	Frame
2551 bits	s(1381)	0.0()	1389/1393(99%)	0/1393(0%)	Plus/Minus	
Features	:					
Query	1	GACCTtgctgc	tgctgctgctgttgct	gctgTCCAGTGGTG	GTCGTAAAGAGT(GCTCCAG 60
Sbjct	6889	gyccttgctgc.	rdctdctdctdttdc	rectetccyeteete	gtcgtaaagagt	GCTCCAG 68:
Query	61	AGGCCTGCTGC	GCCTTTTGAGCAGCA	AGAATATTATGACGC'	TTAACCAGTAAC	ATATCCC 120
Sbjct	6829	AGGCCTGCTGC	GCCTTTTGAGCAGCA	AGAATATTATGACGC'	rtaaccagtaac	ATATCCC 67
Query	121	CTGCTGCTGTT	GTGGTGGTCGTTCCGT	CAGCGGACACCACT'	rgacgctgcagc'	TGCTGCT 180
Sbjct	6769	ctcctcttctt	ĠŦĠĠŦĠĠŦĊĠŦŦĊĊĠſ	rcageggaeaecaet	rgycectecyc.	<u> </u>
Query	181	TTCCGGCCGCC	ATCTGCTTGATGAACT	rgcgtcctggcctgt	CCGTGCATTTGC	ACACTGC 240
Sbjct	6709	4466666666	AtctccttcAtcAAct	recetectectect	ccetecattec	ACACTGC 66!
Query	241	TTACCACGTTG	CCTGCCTGCACAGTAC	GTGGAGGTGCCCGGC	ATTCCCGACACG	GCCACTT 300
Sbjct	6649	TTACCACGTTG	cctgcctgcacagtad	stggaagtgcccggc	ATTCCCGACACG	GCCACTT 659
Query	301	TTTGGCTTGTC	ACATGCGTGGCCATGT	TTGCTAGCTTGGATT	ATTGTGCCGCCT	GCTTGCA 360
Sbjct	6589	†††dec††e†c	Acateceteeccate	rtgctagcttggatt	Atgdtddddddd	dettdea 65:
Query	361	CCAGATTAGCA	GTAGCTCCAGTAGCG	CCAGCTGATCCGCTG	GGCACGGCTTGT	GTCGTTG 420
Sbjct	6529	ccagattagca	gtageteeagtagege	ccadctdatccdctd	GGCACGGCTTGT	gtcgttg 64.
Query	421	TCTGCAGCACC'	TTCAAGCTGCGCTGA(CGGTAGAGCTGTATA'	rgtgctcccca	GATTGCT 480
Sbjct	6469	TCTGCAGCACC'	rtcaagctgcgctgad	cggtagagctgtata	rgtgctcccca	GATTGCT 64

Query	481	GAGTCACGGGAATCACTGTCGTCTTCCCTCCCTGCTGCAATGCGCTCACCGGAATTCCCT	540
Sbjct	6409	GAGTCACGGGAATCACTGTCGTCTTCCCTCCCTGCTGCAATGCGCTCACCGGAATTCCCT	6350
Query	541	TTGTGGTCACCAACTGTGTGGTCTGAGTGGCTGGAGATGTGGGAACAGCTGCCAAACGAA	600
Sbjct	6349	TTGTGGTCACCAACTGTGTGGTCTGAGTGGCTGGAGATGTGGGAACAGCTGCCAAACGAA	6290
Query	601	GCTGAGTCTGGAATTGCGAGGGACTCGCGCCTTGTCCTAAGTTCGGCATAGAGACAATAG	660
Sbjct	6289	GCTGAGTCTGGAATTGCGAGGGACTCGCGCCTTGTCCTAAGTTCGGCATAGAGACAATAG	6230
Query	661	ACTGACCACCGGCTGTCGCTGTTGAAGGGTGTTTCCTGCAGCTGTCGAGACAATCC	720
Sbjct	6229	ACTGACCACCGGCTGTCGCTGTTGAAGGGTGTTTCCTGCAGCTGTCGAGACAATCC	6170
Query	721	GCTGACCACGCAACATGGTCGTGTTCAAAGTGGTTACAGCCGTGGTCTGATGCTGTTGTT	780
Sbjct	6169	GCTGACCACGCAACATAGTCGTGTTCAAAGTGGTTACAGCCGTGGTCTGATGCTGTTGTT	6110
Query	781	GTGGCTGATTGGCAGTGGTCAGTACGGTGCCCACGGTGGGCAAAGTGCTAACGGAGA	840
Sbjct	6109	GTGGCTGATTGGCAGTGGTCAGTACGGTGCCCACGGTGGGCAAAGTGCTAACGGAGA	6050
Query	841	CCACCTGTGGCAGCGATTGGGTCTGCACAATGCTGCCCAACTGGGGAGAGCTGTTAACGG	900
Sbjct	6049	ccacctgtgcagcagtgtttgcacaatgctgcccaactgggagagagctgttaacgg	5990
Query	901	GCAGCGTCTGTGACGAGATCGAAACGATCTGGGCACCAGAGCCTATCTGGGGTTGCACCA	960
Sbjct	5989	ĠĊĀĠĊĠŦĊŦĠŦĠĀĊĠĀĠĀŦĊĠĀĀĀĊĠĀŦĊŦĠĠĠĊĀĊĊĀĠĀĠĊĊŦĀŦĊŦĠĠĠĠŦŦĠĊĀĊĊĀ	5930
Query	961	CCGACGGAAGTGTCTGTACTGGAGTGGTTAGGACCACACTCACACTGGACTGGCCCCCAG	1020
Sbjct	5929	ĊĊĠĂĊĠĠĂĂĠŦĠŦĊŦĠŦĂĊŦĠĠĂĠŦĠĠŦŦĂĠĠĂĊĊĂĊĂĊŦĊĂĊĂĊŦĠĠĂĊŦĠĠĊĊĊĊĊĀĠ	5870
Query	1021	AAGCGACTGCAGACTGTTGGGCTAATTGTTGCAATTGGCCCGCGGTCAAGCTGGAGGAGG	1080
Sbjct	5869	ÄÄĠĊĠÄĊŤĠĊÄĠÄĊŤĠŤŤĠĠĠĊŤÄÄŤŤĠŤŤĠĊÄÄŤŤĠĠĊĊĊĠĊĠĠŤĊÄÄĠĊŤĠĠÄĠĠÄĠĠ	5810
Query	1081	TGCCGACAATAGTCTTGACCAACTGTTGAGTATTGGATTGTCCACCCTGCCCGGGGTGCG	1140
Sbjct	5809	TĠĊĊĠĂĊĂĂŦĂĠŦĊŦŦĠĂĊĊĂĂĊŦĠŦŦĠĂĠŦĂŦŦĠĠĂŦŦĠŦĊĊĂĊĊĊŦĠĊĊĊĠĠĠĠŦĠĊĠ	5750
Query	1141	TACGCAATTGCTGCTGCGGTTGGTGGAGCAGGATGGCAGTCTGTTGACCGGGCGAGACAT	1200
Sbjct	5749	TACGCAATTGCTGCTGCGGTTGGTGGAGCAGGATGGCAGTCTGTTGACCGGGCGAGACAT	5690
Query	1201	TGGAACTGGTCAAGTGCTGGATCTGCAGCTGCTGCAACTGACCACCAGCAGCGGGCACCG	1260
Sbjct	5689	TĠĠĂĂĊŦĠĠŦĊĂĂĠŦĠĊŦĠĠĂŦĊŦĠĊĂĠĊŦĠĊŦĠĊĀAĊŦĠĂĊĊĂĊĊĂĠĊĀĠĊĠĠĠĊĀĊĊĠ	5630
Query	1261	CCACTGTTGTCGTGGTGGTGGGTTGCTGCTGCACGAGCTCCACGGTTTGCTGGACGGGCA	1320
Sbjct	5629	CCACTGTTGTCGTGGTGGTGGGTTGCTGCTGCACGAGCTCCACGGTTTGCTGGACGGGCA	5570
Query	1321	GAGTCTGTTGAACGTTTGAAACAGTGGGAAGTTGTTGCTGCACAACctgctgctgct	1380
Sbjct	5569	ĠĂĠŦĊŦĠŦŦĠĂĂĊĠŦŦŦĠĂĂĂĊĂĠŦĠĠĠĂĂĠŦŦĠŦŦĠĊŦĠĊĀĊĂĂĊĊŦĠĊŦĠĊŦĠĊŦĠĊŦ	5510
Query	1381	gctgctgttgctg 1393	
Sbjct	5509	ĠĊŦĠĊŦĠĊŦĠ 5497	

Drosophila melanogaster LD21920 full insert cDNA

Sequence ID: **gb|BT032837.1**| Length: 4772 Number of Matches: 1 Range 1: 1578 to 2970

Score		Expect	Identities	Gaps	Strand	Frame	
2551 bit	s(1381)	0.0()	1389/1393(99%)	0/1393(0%)	Plus/Minus		
Features	S :						
Query	1	GACCTtgctgc	tgctgctgctgttgct	gctgTCCAGTGGTG	TCGTAAAGAGTG	CTCCAG	60
Sbjct	2970	gaccttgctgc	tectectectettect	rectetccaeteete	stegtaaagagtg	CTCCAG	2911
Query	61	AGGCCTGCTGC	GCCTTTTGAGCAGCAA	GAATATTATGACGCT	TAACCAGTAACA	TATCCC	120
Sbjct	2910	AGGCCTGCTGC	GCCTTTTGAGCAGCAA	daatattatdacdct	rtaaccagtaaca	TATCCC	2851
Query	121	CTGCTGCTGTT	GTGGTGGTCGTTCCGT	CAGCGGACACCACTT	GACGCTGCAGCT	GCTGCT	180
Sbjct	2850	ctcctctct	ĠŦĠĠŦĠĠŦĊĠŦŦĊĊĠŦ	rcygcygygy	rgycectecycet	ффффф	2791
Query	181	TTCCGGCCGCC	ATCTGCTTGATGAACT	GCGTCCTGGCCTGTC	CGTGCATTTGCA	CACTGC 	240
Sbjct	2790	††¢¢¢¢¢¢¢¢	Atctgcttgatgaact	rĠĊĠŦĊĊŦĠĠĊĊŦĠŦĊ	ccetecktreeck	cactec	2731
Query	241	TTACCACGTTG	CCTGCCTGCACAGTAG	TGGAGGTGCCCGGCA	TTCCCGACACGG	CCACTT	300

Sbjct	2730	TTACCACGTTGCCTGCACAGTAGTGGAAGTGCCCGGCATTCCCGACACGGCCACTT	2671
Query	301	TTTGGCTTGTCACATGCGTGGCCATGTTGCTAGCTTGGATTATTGTGCCGCCTGCTTGCA	360
Sbjct	2670	TTTGGCTTGTCACATGCGTGGCCATGTTGCTAGCTTGGATTATGGTGCCGCCTGCTTGCA	2611
Query	361	CCAGATTAGCAGTAGCTCCAGTAGCGCCAGCTGATCCGCTGGGCACGGCTTGTGTCGTTG	420
Sbjct	2610	ccadattadcadtadctccadtadcdccadctdatccdctddcacdccacdcttdtdtdtd	2551
Query	421	TCTGCAGCACCTTCAAGCTGCGCTGACGGTAGAGCTGTATATGTGCTCCCCCAGATTGCT	480
Sbjct	2550	tctgcagcaccttcaagctgcgctgacggtagagctgtatatatgtgctccccagattgct	2491
Query	481	GAGTCACGGGAATCACTGTCGTCTTCCCTCCCTGCTGCAATGCGCTCACCGGAATTCCCT	540
Sbjct	2490	ĠĂĠŦĊĀĊĠĠĠĀĀŦĊĀĊŦĠŦĊĠŦĊŦŦĊĊĊŦĊĊĊŦĠĊŦĠĊĀĀŦĠĊĠĊŦĊĀĊĊĠĠĀĀŦŦĊĊĊŦ	2431
Query	541	TTGTGGTCACCAACTGTGTGGTCTGAGTGGCTGGAGATGTGGGAACAGCTGCCAAACGAA	600
Sbjct	2430	treteeteeteeteeteeteeteeteeteeteeteeteet	2371
Query	601	GCTGAGTCTGGAATTGCGAGGGACTCGCGCCTTGTCCTAAGTTCGGCATAGAGACAATAG	660
Sbjct	2370	ĠĊŦĠĀĠŦĊŦĠĠĀĀŦŦĠĊĠĀĠĠĠĀĊŦĊĠĊĠĊĊŦŦĠŦĊĊŦĀĀĠŦŦĊĠĠĊĀŦĀĠĀĠĀĊĀĀŦĀĠ	2311
Query	661	ACTGACCACCGGCTGTCGCTGTTGAAGGGTGTTTCCTGCAGCTGTCGAGACAATCC	720
Sbjct	2310	À CTGÀC CÁC CĠC TĠTC GCTGTTGA Á GĠGTGTTTC CTGC Á GCTGTC GÁG Á CÁ ÁTC C	2251
Query	721	GCTGACCACGCAACATGGTCGTGTTCAAAGTGGTTACAGCCGTGGTCTGATGCTGTTGTT	780
Sbjct	2250	GCTGACCACGCAACATAGTCGTGTTCAAAGTGGTTACAGCCGTGGTCTGATGCTGTTGTT	2191
Query	781	GTGGCTGATTGGCAGTGGTCAGTACGGTGCCCACGGTGGCCAAAGTGCTAACGGAGA	840
Sbjct	2190	ĠŢĠĠĊŢĠĀŢŢĠĠĊĀĠŢĠĠŢĠĠŢĊĀĠŢĀĊĠĠŢĠĊĊĊĀĊĠĠŢĠĠĠĊĀĀĀĠŢĠĊŢĀĀĊĠĠĀĠĀ	2131
Query Sbjct	8412130	CCACCTGTGGCAGCGATTGGGTCTGCACAATGCTGCCCAACTGGGGAGAGCTGTTAACGG	900 2071
Query	901	GCAGCGTCTGTGACGAGATCGAAACGATCTGGGCACCAGAGCCTATCTGGGGTTGCACCA	960
Sbjct	2070	GCAGCGTCTGTGACGAGATCGAAACGATCTGGGCCACCAGAGCCTATCTGGGGTTGCACCA	2011
Query	961	ÇÇĞAÇĞĞAAĞTĞTÇTĞTAÇTĞĞAĞTĞĞTTAĞĞAÇÇAÇAÇTÇAÇAÇTĞĞAÇTĞĞÇÇÇÇÇAĞ	1020
Sbjct	2010	CCGACGGAAGTGTCTGTACTGGAGTGGTTAGGACCACACTCACACTGGACTGGCCCCCAG	1951
Query	1021	А АĢÇĢĄÇŢĢÇĄĢĄÇŢĢŢŢĢĢĢÇŢĄĄŢŢĢŢŢĢÇĄĄŢŢĢĢÇÇÇĢÇĢŢÇĄĄĢÇŢĢĢĄĢĢĄĢĢ	1080
Sbjct	1950	AAGCGACTGCAGACTGTTGGGCTAATTGTTGCAATTGGCCCGCGGTCAAGCTGGAGGAGG	1891
Query	1081	TGCCGACAATAGTCTTGACCAACTGTTGAGTATTGGATTGTCCACCCTGCCCGGGGTGCG	1140
Sbjct	1890	tgccgacaatagtcttgaccaactgttgagtattggattgtccaccctgcccggggtgcg	1831
Query	1141	TACGCAATTGCTGCTGCGGTTGGTGGAGCAGGATGGCAGTCTGTTGACCGGGCGAGACAT	1200
Sbjct	1830	tacccaattcctcccccctcccccccccccccccccccc	1771
Query	1201	TGGAACTGGTCAAGTGCTGGATCTGCAGCTGCTGCAACTGACCACCAGCAGCGGGCACCG	1260
Sbjct	1770	†gaactigeteaagtigetegate	1711
Query	1261	CCACTGTTGTCGTGGTGGTGGGTTGCTGCTGCACGAGCTCCACGGTTTGCTGGACGGGCA	1320
Sbjct	1710	ccactettetteteeteeteeteeteeteeteeteeteeteet	1651
Query	1321	GAGTCTGTTGAACGTTTGAAACAGTGGGAAGTTGTTGCTGCACAACctgctgctgct	1380
Sbjct	1650	ĠĀĠŦĊŦĠŦŦĠĀĀĊĠŦŦŦĠĀĀĀĊĀĠŦĠĠĠĀĀĠŦŦĠŦŦĠĊŦĠĊĀĊĀĀĊĊŦĠĊŦĠĊŦĠĊŦ	1591
Query	1381	gctgctgttgctg 1393	
Sbjct	1590	ĠĊŦĠĊŦĠĊŦĠ 1578	

Drosophila melanogaster, chromosome 2R, region 57D3-57E2, BAC clones DS01261 and BACR48K03, complete sequence Sequence ID: **gb|AC007175.1|AC007175** Length: 188633 Number of Matches: 1 Range 1: 81939 to 83331

Score	Expect	Identities	Gaps	Strand	Frame	
2551 bits(1381)	0.0()	1389/1393(99%)	0/1393(0%)	Plus/Minus		
Features:						
Query 1	GACCTtgctg	ctgctgctgctgttgct	gctgTCCAGTGGTG	GTCGTAAAGAGTG	GCTCCAG 6	0

Sbjct	83331	GACCTTGCTGCTGCTGCTGTTGCTGCTGTCCAGTGGTGGTCGTAAAGAGTGCTCCAG	83272
Query	61	AGGCCTGCTGCGCCTTTTGAGCAGCAAGAATATTATGACGCTTAACCAGTAACATATCCC	120
Sbjct	83271	AGGCCTGCTGCGCCTTTTGAGCAGCAAGAATATTATGACGCTTAACCAGTAACATATCCC	83212
Query	121	CTGCTGCTGTTGTGGTGGTCGTTCCGTCAGCGGACACCACTTGACGCTGCAGCTGCTGCT	180
Sbjct	83211	CTGCTGCTGTTGTGGTGGTCGTTCCGTCAGCGGACACCACTTGACGCTGCAGCTGCT	83152
Query	181	TTCCGGCCGCCATCTGCTTGATGAACTGCGTCCTGGCCTGTCCGTGCATTTGCACACTGC	240
Sbjct	83151	TTCCGGCCGCCATCTGCTTGATGAACTGCGTCCTGGCCTGTCCGTGCATTTGCACACTGC	83092
Query	241	ŢŢĄÇÇĄÇĢŢŢĢÇÇŢĢÇĄÇĄĢŢĄĢŢĢĢĄGĢŢĢÇÇÇĢĢÇĄŢŢÇÇÇĢĄÇĄÇĢĢÇÇĄÇŢŢ	300
Sbjct	83091	TTACCACGTTGCCTGCACAGTAGTGGAAGTGCCCGGCATTCCCGACACGGCCACTT	83032
Query	301	ŢŢŢĢĢĊŢŢĢŢĊĄĊĄŢĢĊĢŢĢĢĊĊĄŢĢŢŢĢĊŢĄĢĊŢŢĢĢĄŢŢĄŢŢĠŢĢĊĊĢĊĊŢĢĊŢŢĢĊĄ	360
Sbjct	83031	TTTGGCTTGTCACATGCGTGGCCATGTTGCTAGCTTGGATTATGGTGCCGCCTGCTTGCA	82972
Query	361	ҪҪ҅҅҄҅҄҅҄Ҫ҇Ӓ҅҄Ҿ҇҅Ҭ҅҇҅҅҅҇Ӓ҅Ҫ҄҅҅҅ҾҬҾҪ҅҅҅҅ҾҀ҃҅҅ҪҪ҅҅҅ҪҪ҅҅҅Ҫ҅҅Ҫ҅҅҅҅Ҁ҅҅Ҫ҅҅Ҿ҅҅Ҫ҅҅҅҅Ҫ҅Ҫ҅Ҫ҅҅҅҅Ҫ҅Ҫ҅Ҫ҅҅҅҅Ҫ҅Ҫ҅Ҫ҅҅҅Ҫ҅Ҫ҅Ҫ҅҅҅Ҫ҅Ҫ	420
Sbjct	82971	CCAGATTAGCAGTAGCTCCAGTAGCGCCAGCTGATCCGCTGGGCACGGCTTGTGTCGTTG	82912
Query	421	ТСТGСAGCACCTTCAAGCTGCGCTGACGGTAGAGCTGTATATGTGCTCCCCCAGATTGCT	480
Sbjct	82911	TCTGCAGCACCTTCAAGCTGCGCTGACGGTAGAGCTGTATATGTGCTCCCCAGATTGCT	82852
Query	481	GAGTCACGGGAATCACTGTCGTCTTCCCTCCCTGCTGCAATGCGCTCACCGGAATTCCCT	540
Sbjct	82851		82792
Query	541	TTGTGGTCACCAACTGTGTGGTCTGAGTGGCTGGAGATGTGGGAACAGCTGCCAAACGAA	600
Sbjct	82791		82732
Query	601	GCTGAGTCTGGAATTGCGAGGGACTCGCGCCTTGTCCTAAGTTCGGCATAGAGACAATAG	660
Sbjct	82731		82672
Query	661	ACTGACCACCGGCTGTCGCTGTTGAAGGGTGTTTCCTGCAGCTGTCGAGACAATCC	720
Sbjct	82671		82612
Query	721	ĢĊŢĠĄĊĊĄĊĠĊĄĄĊĄŢĠŢĊĠŢĠŢŢĊĄĄĄĠŢĠĠŢŢĄĊĄĠĊĊĠŢĠĠŢĊŢĠĄŢĠĊŢĠŢŢĠŢŢ	780
Sbjct	82611	GCTGACCACGCAACATAGTCGTGTTCAAAGTGGTTACAGCCGTGGTCTGATGCTGTTGTT	82552
Query	781	ĢŢĢĢĊŢĢĀŢŢĢĢĊĄĢŢĢĢŢÇĄĢŢĄĊĢĢŢĢĊÇĢĊĢĢŢĢĢĢĊĄĄĄĢŢĢĊŢĄĄĊĢĢĄĢĄ	840
Sbjct	82551	GTGGCTGATTGGCAGTGGTCAGTACGGTGCCCACGGTGGGCAAAGTGCTAACGGAGA	82492
Query	841	ҪҪ҅҇҅҇ҪҪҭ҅Ҫҭҫ҄ҁҫ҇҅҇҅҅ҫҁҫ҇Ѧҭҭҫ҄ҫҫҭҪҭҫҁѧ҅ҁѧ҅ҳҭҫҪҭҫҫҫѧѧҪҭҫҫҫѧҫҁҫҭҫҭҭѧѧҫҫҫ	900
Sbjct	82491		82432
Query	901	ĢÇĄĢÇĢŢÇŢĢŢĢĄÇĢĄĢĀŢÇĢĄĄĄÇĢĄŢÇŢĢĢĢÇĄÇÇĄĢĄĢÇÇŢĄŢÇŢĢĢĢĢŢŢĢÇĄÇÇĄ	960
Sbjct	82431	GCAGCGTCTGTGACGAGATCGAAACGATCTGGGCACCAGAGCCTATCTGGGGTTGCACCA	82372
Query	961	ҪҪĢ҅҇҅ҲҪ҅҄҅Ҫ҅Ҿ҅҇҅Ҳ҅Ҿ҅҅҅Ҿ҅҅҅Ҿ҅҅҅Ҿ҅҅҅Ҿ҅҅Ҿ҅҅Ҿ҅҅҅Ҿ҅҅҅Ҿ҅҅	1020
Sbjct	82371	CCGACGGAAGTGTCTGTACTGGAGTGGTTAGGACCACACTCACACTGGACTGGCCCCAG	82312
Query	1021	<u> </u>	1080
Sbjct	82311	AAGCGACTGCAGACTGTTGGGCTAATTGTTGCAATTGGCCCGCGGTCAAGCTGGAGGAGG	82252
Query	1081	ŢĢÇÇĢĄÇĄĄŢĄĢŢÇŢŢĢĄÇÇĄĄÇŢĢŢŢĢĄĢŢĄŢŢĢĢĄŢŢĢŢÇÇĄÇÇÇŢĢÇÇÇĢĢĢĢŢĢÇĢ	1140
Sbjct	82251	TGCCGACAATAGTCTTGACCAACTGTTGAGTATTGGATTGTCCACCCTGCCCGGGGTGCG	82192
Query	1141	ŢĄĊĠĊĄĄŢŢĠĊŢĠĊŢĠĊĠĠŢŢĠĠŢĠĠĄĠĊĄĠĠĄŢĠĠĊĄĠŢĊŢĠŢŢĠĄĊĊĠĠĠĊĠĄĠĄĊĄŢ	1200
Sbjct	82191	TACGCAATTGCTGCTGCGGTTGGTGGAGCAGGATGGCAGTCTGTTGACCGGGCGAGACAT	82132
Query	1201	ŢĢĢĄĄĊŢĢĢŢĊĄĄĠŢĠĊŢĠĠĄŢĊŢĠĊĄĠĊŢĠĊŢĠĊĄĄĊŢĠĄĊĊĄĊĊĄĠĊĄĠĊĠĠĠĊĄĊĊĠ	1260
Sbjct	82131	TGGAACTGGTCAAGTGCTGGATCTGCAGCTGCTGCAACTGACCACCAGCAGCGGGCACCG	82072
Query	1261	ÇÇĄÇŢĢŢŢĢŢÇĢŢĢĢŢĢĢŢŢĢÇŢĢÇŢĢÇĄÇĢĄÇŢÇÇĄÇĢĢŢŢŢĢÇŢĢĢĄÇĢĢÇĄ	1320
Sbjct	82071	CCACTGTTGTCGTGGTGGGTTGCTGCTGCACGAGCTCCACGGTTTGCTGGACGGCA	82012
Query	1321	ĢĄĢŢĊŢĢŢŢĢĄĄĊĢŢŢŢĢĄĄĄĊĄĢŢĢĢĢĄĄĢŢŢĢŢŢĢĊŢĢĊĄĊĄĄĊċţġċţġċţġċţ	1380
Sbjct	82011	GAGTCTGTTGAACGTTTGAAACAGTGGGAAGTTGTTGCTGCACAACCTGCTGCTGCT	81952
Query	1381	gctgctgttgctg 1393	
Sbjct	81951		

Drosophila melanogaster helicase DOMINO A (domino) mRNA, alternatively spliced, complete cds Sequence ID: **gb|AF076776.1|AF076776** Length: 10524 Number of Matches: 1 Range 1: 7319 to 8711

Score		Expect	Identities	Gaps	Strand	Frame
2529 bit	s(1369)	0.0()	1385/1393(99%)	0/1393(0%)	Plus/Minus	
Features	s:					
Query	1	GACCTtgctgc	tgctgctgctgttgct	gctgTCCAGTGGTG	GTCGTAAAGAGTC	CTCCAG 60
Sbjct	8711	ĠĂĊĊŤŤĠĊŤĠĊ		rĠĊŦĠŦĊĊĀĠŦĠĠŦĠ		
Query Sbjct	61 8651		GCCTTTTGAGCAGCA <i>I</i> 			TATCCC 120 TATCCC 859
Query	121		Ģ ŢĢĢŢĢĢŢŢÇÇĢŢ			
Sbjct	8591	CTGCTGCTGTC	GTGGTGGTCGTTCCGT	rCAGCGGACACCACT		GCTGCT 85
Query	181		ATCTGCTTGATGAACT	GCGTCCTGGCCTGT	CCGTGCATTTGC <i>A</i>	
Sbjct	8531	ŤŤĊĊĠĠĊĊĠĊĊ		rĠĊĠŦĊĊŦĠĠĊĊŦĠŦ		
Query Sbjct	241 8471		CCTGCCTGCACAGTA(CCTGCCTGCACAGTA(
Query	301		ACATGCGTGGCCATG7			
Sbjct	8411					
Query	361	CCAGATTAGCA	GTAGCTCCAGTAGCG(CCAGCTGATCCGCTG	GGCACGGCTTGTG	STCGTTG 420
Sbjct	8351		gtagctccagtagcgd		GGCACGGCTTGTC	
Query	421	ĪĬĪĬĬĬĬĬĬĬĬĬĬ	TTCAAGCTGCGCTGAC			
Sbjct Query	8291 481	TĊTĠĊĀĠĊĀĊĊ GAGTCACGGGA	TTCAAGCTGCGCTGAC ATCACTGTCGTCTTCC	ĊĠĠŦĀĠĀĠĊŦĠŦĀŦĀ ĊĊŦĊĊĊŦĠĊŦĠĊĀĀŦ		ያልተተĠĊተ 823 ATTCCCT 540
Sbjct	8231		TITITION TO THE TOTAL TO THE CONTROL OF THE CONTROL		J J J J J J J J J J J J J GCGCTCACCGGAA	TTCCCT 81
Query	541	TTGTGGTCACC	AACTGTGTGGTCTGAC	GTGGCTGGAGATGTG	GGAACAGCTGCC <i>A</i>	AACGAA 600
Sbjct	8171	TTGTGGTCACC	AACTGTGTGGTCTGAC	stggctggagatgtg	GGAACAGCTGCCA	AACGAA 81
Query	601		AATTGCGAGGGACTC(
Sbjct Query	8111 661		AATTGCGAGGGACTC(GCTGTCGTTCGCTGTT			
Sbjct	8051		GCTGTCGTTCGCTGT			
Query	721	ĢÇŢĢAÇÇĀÇĢÇ	 ААСАТGGTCGTGTTC <i>I</i>	\ _A AGTGGTTACAGCC	<mark>Ģ</mark> ŢĢĢŢĊŢĢĀŢĢĊŢ	с 780
Sbjct	7991	GCTGGCCACGC	AACATGGTCGTGTTC	AAAGTGGTTACAGCC		GTTGTT 793
Query	781		GCAGTGGTGGTCAGT <i>I</i> 			
Sbjct	7931		ĠĊĀĠŦĠĠŦĠĠŦĊĀĠŦ <i>Ĭ</i>			.ĊĠĠĀĠĀ 78° TAACGG 900
Query Sbjct	841 7871		AGCGATTGGGTCTGC <i>I</i> 			
Query	901		Ģ ĄÇĢĄĢĄŢÇĢĄAĄÇĢ <i></i>			
Sbjct	7811	GCAGCGTCTGT	GACGAGATCGACGA	ATCTGAGCACCAGAG		 GCACCA 77!
Query	961	CCGACGGAAGT	GTCTGTACTGGAGTGC	GTTAGGACCACACTC	ACACTGGACTGGC	
Sbjct	7751		ĠĀĊŦĠŦĀĊŦĠĠĀĠŦĠĊ		ACACTGGACTGGC	ccaccad 769
Query Sbjct	1021 7691		GACTGTTGGGCTAAT7 			
Query	1081		GACTGTTGGGCTAAT GTCTTGACCAACTGTT			
Sbjct	7631					
Query	1141	TACGCAATTGC	TGCTGCGGTTGGTGG <i>I</i>	AGCAGGATGGCAGTC	TGTTGACCGGGCG	GAGACAT 120
Sbjct	7571	tacccaattcc	tgctgcggttggtgg/	recycle of the control of the contro	tetteacceeec	
Query	1201		AAGTGCTGGATCTGC <i>I</i>			
Sbjct	7511	TGGAACTGGTĊ	AAGTGCTGGATCTGC <i>I</i>	AGCTGCTGCAACTGA	CCACCAGCAGCGG	ĠĊĀĊĊĠ 745

Query	1261	CCACTGTTGTCGTGGTGGGTTGCTGCTGCACGAGCTCCACGGTTTGCTGGACGGGCA	1320
Sbjct	7451	CCACTGTTGTCGTGGTGGGTTGCTGCTGCACGAGCTCCACGGTTTGCTGGACGGGCA	7392
Query	1321	GAGTCTGTTGAACGTTTGAAACAGTGGGAAGTTGTTGCTGCACAACctgctgctgct	1380
Sbjct	7391	GAGTCTGTTGAACGTTTGAAACAGTGGGAAGTTGTTGCTGCACAACCTGCTGCTGCT	7332
Query	1381	gctgctgttgctg 1393	
Sbjct	7331	GCTGCTGTTGCTG 7319	

Drosophila melanogaster GH12111 full insert cDNA

Sequence ID: **gb|AY118307.1|** Length: 2749 Number of Matches: 1 Range 1: 1 to 1291

Score		Expect	Identities	Gaps	Strand	Frame	
2368 bit	s(1282)	0.0()	1288/1291(99%)	0/1291(0%)	Plus/Minus		
Features	3 :						
Query	1	GACCTtgctgc	tgctgctgctgttgctg	ctgTCCAGTGGTGG	TCGTAAAGAGTGC	TCCAG 6	50
Sbjct	1291	ĠĀĊĊŢŢĠĊŢĠĊ	tĠĊŦĠĊŦĠĊŦĠŦŦĠĊŦĠ	ctgtckagtggtg	rtcgtaaagagtgc		1232
Query	61		GCCTTTTGAGCAGCAAG				L20
Sbjct Query	1231 121		GCCTTTTGAGCAGCAAG GTGGTGGTCGTTCCGTC				L172 L80
Sbjct	1171		31GG1GG1CG11CCG1C 				1112
Query	181		 РТСТGСТТGАТGААСТG				240
Sbjct	1111	TTCCGGCCGCC			:CGTGCATTTGCAC	ACTGC 1	1052
Query	241	TTACCACGTTG	CCTGCCTGCACAGTAGT	GGAGGTGCCCGGCA	TTCCCGACACGG	CACTT 3	300
Sbjct	1051	TTACCACGTTG	cctdcctdcacadtadt	rddaadtdcccddca	rttcccepcpcpc	CACTT 9	992
Query	301		ACATGCGTGGCCATGTT 				360
Sbjct	991		ACATGCGTGGCCATGTT				932
Query Sbjct	361 931		GTAGCTCCAGTAGCGCC 				120 372
Query	421		TTCAAGCTGCGCTGACG				180
Sbjct	871	TCTGCAGCACC		 GTAGAGCTGTATAT		 \TTGCT 8	312
Query	481		ATCACTGTCGTCTTCCC				540
Sbjct	811		Atcactdtcdtcttccc				752
Query	541		AACTGTGTGGTCTGAGT 				500
Sbjct	751		AACTGTGTGGTCTGAGT				592
Query	601 691		AATTGCGAGGGACTCGC 				560 532
Sbjct Query	661		GCTGTCGTTCGCTGTTG				720
Sbjct	631						572
Query	721	GCTGACCACGC.	 ААСАТGGTCGTGTTCAA	ѧ҅҇҅҅҄҅҄҅҄҄҅҄҄҄ӒҾҭҾҾҾҾҾ	;т	ЭТТӨТТ 7	780
Sbjct	571	GCTGACCACGC	AACATAGTCGTGTTCAA	AGTGGTTACAGCCG	regreteatecte	STTGTT 5	512
Query	781	GTGGCTGATTG	GCAGTGGTGGTCAGTAC	GGTGCCCACGGTGC	GCAAAGTGCTAAC	GGAGA 8	340
Sbjct	511		gcygtggtggtcygtyc				152
Query	841		AGCGATTGGGTCTGCAC				900
Sbjct	451 901		AGCGATTGGGTCTGCAC GACGAGATCGAAACGAT				392 960
Query Sbjct	391		JACGAGATCGAAACGAT 				332
Query	961		GTÇTGTAÇTGGAGTGGT				
Sbjct	331						272

Query	1021	AAGCGACTGCAGACTGTTGGGCTAATTGTTGCAATTGGCCCGCGGTCAAGCTGGAGGAGG	1080
Sbjct	271	AAGCGACTGCAGACTGTTGGGCTAATTGTTGCAATTGGCCCGCGGTCAAGCTGGAGGAGG	212
Query	1081	TGCCGACAATAGTCTTGACCAACTGTTGAGTATTGGATTGTCCACCCTGCCCGGGGTGCG	1140
Sbjct	211	TGCCGACAATAGTCTTGACCAACTGTTGAGTATTGGATTGTCCACCCTGCCCGGGGTGCG	152
Query	1141	TACGCAATTGCTGCTGCGGTTGGTGGAGCAGGATGGCAGTCTGTTGACCGGGCGAGACAT	1200
Sbjct	151	TACGCAATTGCTGCTGCGGTTGGTGGAGCAGGATGGCAGTCTGTTGACCGGGCGAGACAT	92
Query	1201	TGGAACTGGTCAAGTGCTGGATCTGCAGCTGCTGCAACTGACCACCAGCAGCGGGCACCG	1260
Sbjct	91	TGGAACTGGTCAAGTGCTGGATCTGCAGCTGCTGCAACTGACCACCAGCAGCGGGCACCG	32
Query	1261	CCACTGTTGTCGTGGTGGGTTGCTGCTG 1291	
Sbict	31	ccactgttgtcgtggtggtggttgctgctg 1	

Drosophila simulans GD11590 (Dsim\GD11590), mRNA

Sequence ID: **ref|XM_002082439.1|** Length: 3537 Number of Matches: 1 Range 1: 1066 to 2452

Score		Expect	Identities	Gaps	Strand	Frame
2290 bit	s(1240)	0.0()	1338/1387(96%)	0/1387(0%)	Plus/Minus	
Feature	s:					
Query	1	GACCTtgctgc	tgctgctgctgttgct	gctgTCCAGTGGTG	; ;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;	СТССАС 60
Sbjct	2452	GACCTTGCTGA'	TGCTGCTGCTGTTGCT		 GTGGTAAAGAGTG(CTCCAG 2393
Query	61	AGGCCTGCTGC	GCCTTTTGAGCAGCAA(GAATATTATGACGC'	TTAACCAGTAACA	TATCCC 120
Sbjct	2392	AAGCCTGCTGC	GCCTTTTGAGCGGCAA	GAATATTATGACGC	rtaaccagtaaca:	ratece 2333
Query	121	CTGCTGCTGTT	GTGGTGGTCGTTCCGT(CAGCGGACACCACT	rgacgctgcagct(GCTGCT 180
Sbjct	2332	ctdctcccrtt	ĠŦĠĠŦĠĠŦĊĠŦŦĊĊĠŦſ	cyccecycycycycycycyc	tggcgctgcygct	GCTGCT 2273
Query	181	TTCCGGCCGCC	ATCTGCTTGATGAACT(GCGTCCTGGCCTGT(CCGTGCATTTGCA(CACTGC 240
Sbjct	2272	††¢¢¢¢¢¢¢¢	AtctccttcataAato	ĠĊĠŦĊĊŦĠĠĊĊŦĠŦċ	ccctccatttccac	csctsc 2213
Query	241	TTACCACGTTG	CCTGCCTGCACAGTAG' 	TGGAGGTGCCCGGC	ATTCCCGACACGG(CCACTT 300
Sbjct	2212	††AĊTAĊĠ††Ġ	ĊĊAĠĊĊϮĠĊAĊAĠϮAĠ;	rĠĠAĠĠŦĠĊĊĊĠĠĊ <i>ĭ</i>	ATTCCCGACACGG(
Query	301		ACATGCGTGGCCATGT' 			
Sbjct	2152		ACATGCGTGGCCATAT:			
Query	361		GTAGCTCCAGTAGCGC(
Sbjct	2092	ĊĊĂAĂŤŤĂĠĊĂ			GGCACGGCTTGTG'	
Query	421		TTCAAGCTGCGCTGAC			
Sbjct	2032 481	TĊTĠĊĀĠĊĀĊĊ'		ĠĠĊĂĊĂĠĊŦĠŦĂŦĂ:		
Query Sbjct	1972		ATCACTGTCGTCTTCC 			
Query	541		AACTGTGTGGTCTGAG'			
Sbjct	1912		AACTGTGTGGACTGAG'			
Query	601		AATTGCGAGGGACTCG			
Sbjct	1852	GCTGCGTCTGG				
Query	661	ACTGACCACCG(GCTGTCGTTCGCTGTT(GAAGGGTGTTTCCT(GCAGCTGTCGAGA	CAATCC 720
Sbjct	1792	ATTGACCACCG		 GAAGGGTGTTTCCT(GCAGCTGTCGAGA(CAATCC 1733
Query	721	ĢÇŢĢĄÇÇĄÇĢÇ	А АСАТGGTCGTGTTCA	 А АĢŢĢĢŢŢĄÇĄĢÇÇ	Ģ ŢĢĢŢÇŢĢĀŢĢÇŢ(ĢТТĢТТ 780
Sbjct	1732	GCTGACCACGC	 AACATGGCCGTGTTTA	 AAGTGGTTACAGCC		
Query	781	ĢŢĢĢÇŢĢĄŢŢĢ	<mark>ĢÇĀĢŢĢĢŢĢĀ</mark> ŢĀ	, СФФТФСССАСФФТФ	GGCAAAGTGCTAA(ÇĞĞAĞA 840
Sbjct	1672	GTGGCTGATTG	 	CGGTGCCCACGGTG	GCAGAGTGCTAA	CGGAGA 1613
Query	841	CCACCTGTGGC	AGCGATTGGGTCTGCA	CAATGCTGCCCAAC!	rggggagagctgt:	FAACGG 900
Sbjct	1612	ccacctgcggc	AGCGATTGGGTCTGCA	CAATGCTGCCCAAT!	rddddadadctdt	TAACGG 1553
Query	901	GCAGCGTCTGT	GACGAGATCGAAACGA'	TCTGGGCACCAGAG(CCTATCTGGGGTT	GCACCA 960

Sbjct	1552	GCAGCGTCTGTGACGAGATGGACACGATCTGGGCACCAGAGCCTATCTGGGGTTGCACCA	1493
Query	961	CCGACGGAAGTGTCTGTACTGGAGTGGTTAGGACCACACTCACACTGGACTGGCCCCCAG	1020
Sbjct	1492	CCGACGGAAGTGTCTGTACTGGAGTGGTTAGGACTACACTCACACTGGACTGGCCACCAG	1433
Query	1021	AAGCGACTGCAGACTGTTGGGCTAATTGTTGCAATTGGCCCGCGGTCAAGCTGGAGGAGG	1080
Sbjct	1432	AAGCGGCTGCAGACTGTTGGGCCAATTGTTGCAATTGGCCCGCAGTCAAGCTGGAGGAGG	1373
Query	1081	TGCCGACAATAGTCTTGACCAACTGTTGAGTATTGGATTGTCCACCCTGCCCGGGGTGCG	1140
Sbjct	1372	tgccgacaatagtcttcaccaactgttgagtattggattgtccaccttgcccggggtgcg	1313
Query	1141	TACGCAATTGCTGCTGCGGTTGGTGGAGCAGGATGGCAGTCTGTTGACCGGGCGAGACAT	1200
Sbjct	1312	TACGCAATTGCTGCTGCGGTTGGTGGAGCAGGATGGCAGTCTGTTGACCGGGCGAGACAT	1253
Query	1201	TGGAACTGGTCAAGTGCTGGATCTGCAGCTGCTGCAACTGACCACCAGCAGCGGGCACCG	1260
Sbjct	1252	tegaactegtcaaetegeatctecaectectecaectectecaectectecaectectectectectectectectectectectectecte	1193
Query	1261	CCACTGTTGTCGTGGTGGGTTGCTGCTGCACGAGCTCCACGGTTTGCTGGACGGGCA	1320
Sbjct	1192	ccactettetetetetetetetetetetetetetetetet	1133
Query	1321	GAGTCTGTTGAACGTTTGAAACAGTGGGAAGTTGTTGCTGCACAACctgctgctgct	1380
Sbjct	1132	ĠAĠŦĊŦĠŦŦĠAAĊĠŦŦŦĠAAAĊAĠŦĠĠĠAAĠŦŦĠŦŦĠĊŦĠĊĀĊAĊAAĊĊŦĠĊŦĠĊŦĠĊŦ	1073
Query	1381	gctgctg 1387	
Sbjct	1072	dridcid 1066	

Drosophila yakuba domino (Dyak\dom), transcript variant B, mRNA Sequence ID: **ref|XM_015196400.1|** Length: 10334 Number of Matches: 1 Range 1: 7305 to 8691

Score		Expect	Identities	Gaps	Strand	Frame	_
2032 bit	s(1100)	0.0()	1294/1390(93%)	3/1390(0%)	Plus/Minus		
Features	s:						
Query	1	GACCTtgctgc	tgctgctgctgttgct	gctgTCCAGTGGTG	GTCGTAAAGAGTG	CTCCAG 6	0
Sbjct	8691	GACCTTGCTGC'	rgctg-ttgttgct	GCTGCCCAGTGGTG	GTGGTAAAGAGAG	CTCCAG 8	635
Query	61	AGGCCTGCTGC	GCCTTTTGAGCAGCAA	GAATATTATGACGC 	TTAACCAGTAACA	TATCCC 1	20
Sbjct	8634	### ##################################	gccttttgggcgcaa	gaatattatgacgc	ttaaccagtaaca	र्मर्यदेदे	575
Query	121	CTGCTGCTGTT	GTGGTGGTCGTTCCGT(CAGCGGACACCACT	TGACGCTGCAGCT	GCTGCT 1	.80
Sbjct	8574	¢aĠċtcċgĠta(ĠŦĠĠŦĠĠŦAĠŦŦĊĊĠŦ(cadcddacaccach	tĠĠĊĠĊŦĠĊĀĠĊŦ	ĠĊŦĠĊŦ 8	515
Query	181	TTCCGGCCGCC	ATCTGCTTGATGAACT(GCGTCCTGGCCTGT 	CCGTGCATTTGCA 	CACTGC 2	40
Sbjct	8514	††cccccccccccccccccccccccccccccccccccc	ATCTGCTTGATGAACT(ĠĊĠŦĊĊŦĠĠĊĊŦĠŦ	ĊĊĠŦĠĊĂŦŦŦĠĊĀ	ĊĠĊŦĠĊ 8	455
Query	241	TTACCACGTTG(CCTGCCTGCACAGTAG' 	TGGAGGTGCCCGGC.	ATTCCCGACACGG 	CCACTT 3	00
Sbjct	8454	††AĊĊĂĊĠ††Ġ	ĊĊĊĠĊĊŢĠĊĀĊĀĠŢĀĠ.	aĠĠĀĠĠŦāĊĊĊĠĠĊ.	ATTĊĊĊĠAAAĊĠĠ	ĊTĂĊŤŤ 8	395
Query	301	TTTGGCTTGTC	ACATGCGTGGCCATGT' 	TGCTAGCTTGGATT. 	ATTGTGCCGCCTG 	CTTGCA 3	60
Sbjct	8394	 中 中 中 中 中 中 中 中 中 中 中 中 中 中 中 中 中 中 中	AĊGTĠĊĠTĠCĊĊATĠT'	tĠĊtAĠĊttĠĠAtt.	A†CĠ†ĠĊĊĠĊĊAĠ	ĊŤŤĠĊÅ 8	335
Query	361	CCAGATTAGCA	GTAGCTCCAGTAGCGC(CAGCTGATCCGCTG 	GGCACGGCTTGTG 	TCGTTG 4	20
Sbjct	8334	ĊĊĀĠĀŢŢĀĠĊĀ	ĠŦĀĠĊŦĊĊĀĠŦĀCĊĀĊ	ĊĀĠĊĊĠĀŦĊĊĠĊŦĠ	ĠĠĊĀĊĊĠĊϮϮĠϮĠ	TĊĠŤŤĠ 8	275
Query	421	TCTGCAGCACC'	TCAAGCTGCGCTGAC 	GGTAGAGCTGTATA' 	TGTGCTCCCCAG 	ATTGCT 4	80
Sbjct	8274	trtĠċAĠċAċċ'	trcaagctgcgctgcc	ĠĠŦĀĠĀĠĊŦĠŦĀŦĠ	tĠtĠĊtĊĊĊĊAĠ	AttĠĊt 8	215
Query	481		ATCACTGTCGTCTTCC(11111	40
Sbjct	8214	ĠĀĠŦĊĊĊĀĠĠĀ.	Atcaccdtcdtcttgc	ctccctgctgtaat	ĠĊĠĊϮAĂĊĊĠĠGĀ	ttccct 8	155
Query	541	TTGTGGTCACC	AACTGTGTGGTCTGAG' 	TGGCTGGAGATGTG 	GGAACAGCTGCCA 	AACGAA 6	00
Sbjct	8154	ttgtgqtcacc	^A GCTGTGTGGTCTGAG	taĠĊtĠĠĀĠĀtĠtā	ĠĠĀĀĊĀĠĊĊĠĊĊĀ	ÁÁCGGÁ 8	095
Query	601	GCTGAGTCTGG	AATTGCGAGGGACTCG	CGCCTTGTCCTAAG	TTCGGCATAGAGA	CAATAG 6	60
Sbjct	8094	\$\delta \delta \	AATTGTGCGGGACTGA	cccttctccaac	ttcgccatcgaca	caatag 8	035
Query	661	ACTGACCACCG	GCTGTCGTTCGCTGTT(GAAGGGTGTTTCCT	GCAGCTGTCGAGA 	CAATCC 7	20

Sbjct	8034	ACTGACCACCGGCTGTCGCTGTTGAAGGGTATTTCCTGCAGCTGTCGACACAATTC	7975
Query	721	GCTGACCACGCAACATGGTCGTGTTCAAAGTGGTTACAGCCGTGGTCTGATGCTGTTGTT	780
Sbjct	7974	GCTGACCTCGCAACATGGCCGTGTTTAGAGTGGTTACAGCCGTGGTCTGATGCTGTTGTT	7915
Query	781	GTGGCTGATTGGCAGTGGTCAGTACGGTGCCCACGGTGGGCAAAGTGCTAACGGAGA	840
Sbjct	7914	GTTGCTGATTGGCAGTGGTCAGTACGGTGCCCACGGTGGGCAGAGTGCTAACGGAAA	7855
Query	841	CCACCTGTGGCAGCGATTGGGTCTGCACAATGCTGCCCAACTGGGGAGAGCTGTTAACGG	900
Sbjct	7854	ccacctgcgcaggattgggtctgcacaatgctgcccaactggggagagagctgttaacgg	7795
Query	901	GCAGCGTCTGTGACGAGATCGAAACGATCTGGGCACCAGAGCCTATCTGGGGTTGCACCA	960
Sbjct	7794	dcaacdtctdtdacdadatgdacacddatctdddcacdadadcctatctddddttdcacda	7735
Query	961	CCGACGGAAGTGTCTGTACTGGAGTGGTTAGGACCACACTCACACTGGACTGGCCCCCAG	1020
Sbjct	7734	creccedadeteactedactedactedactedactedacted	7675
Query	1021	AAGCGACTGCAGACTGTTGGGCTAATTGTTGCAATTGGCCCGCGGTCAAGCTGGAGGAGG	1080
Sbjct	7674	AAGĊĠĠĊŦĠĊAĠAĊŦĠŦŦĠĠĠĊĊĀAŦŦĠŦŦĠĊĀAŦŦĠĠĊĊŦĠĊAĠŦĊĀĀAĊŦĠĠĀĠĠĀĠĠ	7615
Query	1081	TGCCGACAATAGTCTTGACCAACTGTTGAGTATTGGATTGTCCACCCTGCCCGGGGTGCG	1140
Sbjct	7614	CACCAACAATAGTCTTGACCAACTGTTGAGTATTAGATTGTCCACCCTGGCCGGGGTGCG	7555
Query	1141	TACGCAATTGCTGCTGCGGTTGGTGGAGCAGGATGGCAGTCTGTTGACCGGGCGAGACAT	1200
Sbjct	7554	TÁCGCÁÁTTGCTGCTGCGGTTGGTGGÁGCÁGAÁTGGCÁGTCTGTTGÁCCAGGCGÁGÁCÁT	7495
Query	1201	TGGAACTGGTCAAGTGCTGGATCTGCAGCTGCTGCAACTGACCACCAGCAGCGGGCACCG	1260
Sbjct	7494	† dGAACTGGTCAAGTGCTGGATCTGTAGCTGCTGCAACTGACCACCAGCGGCAGGCA	7435
Query	1261	CCACTGTTGTCGTGGTGGTGGGTTGCTGCTGCACGAGCTCCACGGTTTGCTGGACGGGCA	1320
Sbjct	7434	ĊĊĂĊŦĠŦŦĠŦĊĠŦĠĠŦACŦĠĠĠCŦĠĊŦĠĊŦĠĊĀĊĠĀĠŦŦĊŦĀĊĠĠŦŦŦĠĊŦĠĠĀĊĠĠĠĊĀ	7375
Query	1321	GAGTCTGTTGAACGTTTGAAACAGTGGGAAGTTGTTGCTGCACAACctgctgctgct	1380
Sbjct	7374	ĠĀĠŦĊŦĠŦŦĠĀĀĊĠĠŦĠĠĀĀĀĊĀĠŦĠĠĠĀĀĠŦŦĠŦŦĠĊŦĠĊĀĊĀĀĊĊŦĠŦŦĠŦŦĠĊŦĠĊŦ	7315
Query	1381	gctgctgttg 1390 	
Sbjct	7314	ĠĊŢĠĊŢĠŢŢĠ 7305	

Drosophila yakuba domino (Dyak\dom), transcript variant A, mRNA Sequence ID: **ref|XM_002091508.2|** Length: 9971 Number of Matches: 1 Range 1: 7305 to 8691

Score		Expect	Identities	Gaps	Strand	Frame
2032 bit	s(1100)	0.0()	1294/1390(93%)	3/1390(0%)	Plus/Minus	
Features	S :					
Query	1	GACCTtgctgct	tgctgctgctgttgc	ctgctgTCCAGTGGTG	TCGTAAAGAGTG	CTCCAG 60
Sbjct	8691	GACCTTGCTGC	rdcrd-rrdrrdd	ctdctdcccadtddtd	tggtaaagagag	CTCCAG 8635
Query	61	AGGCCTGCTGC	GCCTTTTGAGCAGCA	AAGAATATTATGACGCT	TAACCAGTAACA	TATCCC 120
Sbjct	8634	Aggcctgctgc	\$ccttttdggcgc <i>f</i>	Addatattatdacdct	rtaaccagtaaca	TATCCC 8575
Query	121	CTGCTGCTGTT	GTGGTGGTCGTTCC	TCAGCGGACACCACTT	GACGCTGCAGCT	GCTGCT 180
Sbjct	8574	cacctcccctac	gtggtggtagttcc	stcadcddacaccacti	redecept de la constant de la constan	GCTGCT 8515
Query	181	TTCCGGCCGCC	ATCTGCTTGATGAAC	CTGCGTCCTGGCCTGTC	CGTGCATTTGCA	CACTGC 240
Sbjct	8514	††ccccccc	ATCTGCTTGATGAAC	ctdcdtcctddcctdt	ccdtdcatttdca	CGCTGC 8455
Query	241	TTACCACGTTG	CCTGCCTGCACAGT <i>I</i>	AGTGGAGGTGCCCGGC <i>A</i>	TTCCCGACACGG	CCACTT 300
Sbjct	8454	ttaccacette	ccccctccacact	Agaggaggtacccggc	ttcccdaaacdd	CTACTT 8395
Query	301	TTTGGCTTGTC	ACATGCGTGGCCATG	GTTGCTAGCTTGGATTA	TTGTGCCGCCTG	CTTGCA 360
Sbjct	8394	†††dec††e†c	Acgtgcgtgcccatd	sttdetadettddatt	tcgtgccgccad	CTTGCA 8335
Query	361	CCAGATTAGCA	GTAGCTCCAGTAGC	CCAGCTGATCCGCTGG	GCACGGCTTGTG'	TCGTTG 420
Sbjct	8334	CCAGATTAGCA	GTAGCTCCAGTACC	ACCAGCCGATCCGCTGG	GCACCGCTTGTG'	TCGTTG 8275
Query	421	TCTGCAGCACC	TTCAAGCTGCGCTG <i>I</i>	ACGGTAGAGCTGTATAT	GTGCTCCCCAG	ATTGCT 480
Sbjct	8274	TTTGCAGCACC	ttcaagctgcgctgc	scddtadadctdtatd	cetected	ATTGCT 8215

Query	481	GAGTCACGGGAATCACTGTCGTCTTCCCTCCCTGCTGCAATGCGCTCACCGGAATTCCCT	540
Sbjct	8214	GAGTCCCAGGAATCACCGTCGTCTTGCCTCCCTGCTGTAATGCGCTAACCGGGATTCCCT	8155
Query	541	TTGTGGTCACCAACTGTGTGGTCTGAGTGGCTGGAGATGTGGGAACAGCTGCCAAACGAA	600
Sbjct	8154	ttgtggtcaccagctgtgtgtctgagtagctggagatgtaggaacagcagccaaaacgga	8095
Query	601	GCTGAGTCTGGAATTGCGAGGGACTCGCGCCTTGTCCTAAGTTCGGCATAGAGACAATAG	660
Sbjct	8094	deterented de la companya del companya del companya de la companya del companya de la companya de la companya del companya de la companya del companya de la companya de la companya del companya de la companya de la companya de la companya de la companya del companya del companya del companya de la companya de la company	8035
Query	661	ACTGACCACCGGCTGTCGCTGTTGAAGGGTGTTTCCTGCAGCTGTCGAGACAATCC	720
Sbjct	8034	Actgaccaccacctgttcgctgttgaagggtatttcctgcagctgtcgacacaatttc	7975
Query	721	GCTGACCACGCAACATGGTCGTGTTCAAAGTGGTTACAGCCGTGGTCTGATGCTGTTGTT	780
Sbjct	7974	gctgacctcgcaacatggccgtgtttagagtggttacagccgtggtctgatgctgttgtt	7915
Query	781	GTGGCTGATTGGCAGTGGTCAGTACGGTGCCCACGGTGGGCAAAGTGCTAACGGAGA	840
Sbjct	7914	GTTGCTGATTGGCAGTGGTCAGTACGGTGCCCACGGTGGGCAGAGTGCTAACGGAAA	7855
Query	841	CCACCTGTGGCAGCGATTGGGTCTGCACAATGCTGCCCAACTGGGGAGAGCTGTTAACGG	900
Sbjct	7854	ccacctgcgcaggattgggtctgcacaatgctgcccaactggggagagagctgttaacgg	7795
Query	901	GCAGCGTCTGTGACGAGATCGAAACGATCTGGGCACCAGAGCCTATCTGGGGTTGCACCA	960
Sbjct	7794	GCAACGTCTGTGACGAGATGGACACGATCTGGGCACCAGAGCCTATCTGGGGTTGCACCA	7735
Query	961	CCGACGGAAGTGTCTGTACTGGAGTGGTTAGGACCACACTCACACTGGACTGGCCCCCAG	1020
Sbjct	7734	CTGCCGGAAGTGACTGTACTGGAGTGGTCAGGACCACACTCACACTGGACTGACCTCCAG	7675
Query	1021	AAGCGACTGCAGACTGTTGGGCTAATTGTTGCAATTGGCCCGCGGTCAAGCTGGAGGAGG	1080
Sbjct	7674	AAGCGGCTGCAGACTGTTGGGCCAATTGTTGCAATTGGCCTGCAGTCAAACTGGAGGAGG	7615
Query	1081	TGCCGACAATAGTCTTGACCAACTGTTGAGTATTGGATTGTCCACCCTGCCCGGGGTGCG	1140
Sbjct	7614	caccaacaatagtcttgaccaactgttgagtattagattgtccaccctggccggggtgcg	7555
Query	1141	TACGCAATTGCTGCTGCGGTTGGTGGAGCAGGATGGCAGTCTGTTGACCGGGCGAGACAT	1200
Sbjct	7554	TACGCAATTGCTGCGGTTGGTGGAGCAGAATGGCAGTCTGTTGACCAGGCGAGACAT	7495
Query	1201	TGGAACTGGTCAAGTGCTGGATCTGCAGCTGCTGCAACTGACCACCAGCAGCGGGCACCG	1260
Sbjct	7494	tggaactggtcaagtgctggatctgtagctgctgcaactgaccaccagcggcaggca	7435
Query	1261	CCACTGTTGTCGTGGTGGTGGGTTGCTGCTGCACGAGCTCCACGGTTTGCTGGACGGCA	1320
Sbjct	7434	ccactettettetetetacteetetetetetetetetetaceaetetetet	7375
Query	1321	GAGTCTGTTGAACGTTTGAAACAGTGGGAAGTTGTTGCTGCACAACctgctgctgct	1380
Sbjct	7374	GAGTCTGTTGAACGGTGGAAACAGTGGGAAGTTGTTGCTGCACAACCTGTTGTTGCTGCT	7315
Query	1381	gctgctgttg 1390	
Sbjct	7314	gctgctgttg 7305	

Drosophila erecta uncharacterized protein, transcript variant A (Dere\GG22110), mRNA Sequence ID: **ref|XM_001975011.2|** Length: 10518 Number of Matches: 1 Range 1: 7336 to 8725

Score		Expect	Identities	Gaps	Strand	Frame	
2032 bits(1100)		0.0()	1296/1393(93%)	3/1393(0%)	Plus/Minus		
Features	S:						
Query	1	GACCTtgctgc	tgctgctgctgttgctc	ctgTCCAGTGGTG	GTCGTAAAGAGTG	CTCCAG	60
Sbjct	8725	GACCTTGCTGC	tdctd-ttdttdctd	schecccreheetad	stggtaaagagtd	CTCCAG	8669
Query	61	AGGCCTGCTGC	GCCTTTTGAGCAGCAAG	AATATTATGACGCT	TTAACCAGTAACA	TATCCC	120
Sbjct	8668	AAGCCTGCTGC	dccttttdagcgcdad	saatattatdacdct	rtaaccagtaaca	rtatccc	8609
Query	121	CTGCTGCTGTT	GTGGTGGTCGTTCCGTC	CAGCGGACACCACT	TGACGCTGCAGCT	GCTGCT	180
Sbjct	8608	cacctccccta	.ĠŦĠĠŦĠĠŦŦĠŦŦĊĊĠŦĊ	cycedycycycyc	reecectectect	dctdct	8549
Query	181	TTCCGGCCGCC	ATCTGCTTGATGAACTG	CGTCCTGGCCTGTC	CCGTGCATTTGCA	CACTGC	240
Sbjct	8548	†ecceecce	atctgcttgatgaactd	scetcceeecctet	ccgtgcatttgca	rçeç4êç	8489

Query	241	TTACCACGTTGCCTGCCCACAGTAGTGGAGGTGCCCGGCATTCCCGACACGGCCACTT	300
Sbjct	8488	TTACCACGTTGCCCGCCTGCACAGTAGTGGAGGTACCCGGCATTCCCGAAACGGCCACTT	8429
Query	301	TTTGGCTTGTCACATGCGTGGCCATGTTGCTAGCTTGGATTATTGTGCCGCCTGCTTGCA	360
Sbjct	8428	tttggcttgtcacatgcgtgcccatgctgctagcttggattatggtgccgccagcttgca	8369
Query	361	CCAGATTAGCAGTAGCTCCAGTAGCGCCAGCTGATCCGCTGGGCACGGCTTGTGTCGTTG	420
Sbjct	8368	ccadattadcadtadgtccadtaccdccadctdatccdctddctdcdctdc	8309
Query	421	TCTGCAGCACCTTCAAGCTGCGCTGACGGTAGAGCTGTATATGTGCTCCCCCAGATTGCT	480
Sbjct	8308	trtgcagcaccttcaagctgcgctgctagagctgtatatgtgtgtg	8249
Query	481	GAGTCACGGGAATCACTGTCGTCTTCCCTCCCTGCTGCAATGCGCTCACCGGAATTCCCT	540
Sbjct	8248	ĠĀĠŦŦĊĊĀĠĠĀĀŦĊĀĊŦĠŦĊĠŦŦŦŦĊĊĊŦĊĊĊŦĠĊŦĠŦĀĀŦĠĊĠĊŦŦĀĊĊĠĠĀĀŦŦĊĊĊŦ	8189
Query	541	TTGTGGTCACCAACTGTGTGGTCTGAGTGGCTGGAGATGTGGGAACAGCTGCCAAACGAA	600
Sbjct	8188	ttĠtĠĠtċAċċAĠċtĠtĠtĠĠĊtĠAĠĠtcĠċtĠĠAĠAtĠtAĠĠAAċAĠċtĠċċAAAċĠAA	8129
Query	601	GCTGAGTCTGGAATTGCGAGGGACTCGCGCCTTGTCCTAAGTTCGGCATAGAGACAATAG	660
Sbjct	8128	ĠĊŦĠĊĠŦĊŦĠĠĀĀŦŦĠĊĠĊĠĠĠĀĊŦŦĀĊŦĊĊŦŦĠĠĊĊĊĀĀĠŦŦĊĠĠĊĀŦĀĠĀŦĀĊĀĀŦĀĠ	8069
Query	661	ACTGACCACCGGCTGTCGCTGTTGAAGGGTGTTTCCTGCAGCTGTCGAGACAATCC	720
Sbjct	8068	ActGAccAccGCAGTCGTTCGCTGTTGAAGGGTGTTTCCTGCAGCTGTTGACACAATCC	8009
Query	721	GCTGACCACGCAACATGGTCGTGTTCAAAGTGGTTACAGCCGTGGTCTGATGCTGTTGTT	780
Sbjct	8008	ĠĊŢĠĄĊĊĄĊĠĊĄĄĊĄŢĠĠĊŢĠŢĠŢŢŢĄĠĄĠŢĠĠŢŢĄĊĄĠĊĊĠŢĠĠŢĊŢĠĄŢĠĊŢĠĊŢĠŢŢ	7949
Query	781	GTGGCTGATTGGCAGTGGTCAGTACGGTGCCCACGGTGGGCAAAGTGCTAACGGAGA	840
Sbjct	7948	ĠŤŦĠĊŤĠĂŤŤĠĠĊĂĠŤĠĠŤĠĠŤĊĂĠŤĂĊĠĠŤĠĊĊĊĂĊĠĠŤĠĠĠŦĂĂĂĠŤĠĊŤŦĂĊĊĠĂAĂ	7889
Query	841	CCACCTGTGGCAGCGATTGGGTCTGCACAATGCTGCCCAACTGGGGAGAGCTGTTAACGG	900
Sbjct	7888	CCACCTGCGGCAGCGATTGGGTCTGCACAATGCTGCCCAATTGGGGAGAGCTGTTAACGG	7829
Query	901	GCAGCGTCTGTGACGAGATCGAAACGATCTGGGCACCAGAGCCTATCTGGGGTTGCACCA	960
Sbjct	7828	ĠŦŔĸŦĠŦĊŦĠŦĠŔĊĠŔĠŔŦĠĠŔĊŔĊĠŔŦĊŦĠĠĠĊŔĊĊŔĠŔĠĊĊŦŔŦĊŦĠĠĠĠŦŦĠĊŔĊĊŔ	7769
Query	961	CCGACGGAAGTGTCTGTACTGGAGTGGTTAGGACCACACTCACACTGGACTGGCCCCCAG	1020
Sbjct	7768	CTGCCGGAAGTGTCTGTACTGGAGTGGTAAGGACCACACTCACACTGGACTGGCCCCCAG	7709
Query	1021	AAGCGACTGCAGACTGTTGGGCTAATTGTTGCAATTGGCCCGCGGTCAAGCTGGAGGAGG	1080
Sbjct	7708	ACGCGGCTGCAGACTGTTGGGCCAATTGTTGCAATTGGCCCGCAGTTAAGCTGGAAGAGG	7649 1140
Query	1081 7648	TGCCGACAATAGTCTTGACCAACTGTTGAGTATTGGATTGTCCACCCTGCCCGGGGTGCG	7589
Sbjct Query	1141	TACGCAATTGCTGCTGCGGTTGGTGGAGCAGGATGGCAGTCTGTTGACCGGGCGAGACAT	1200
Sbjct	7588	TACGCAATTGCTGCTGCGGTTGGTGGAGCAGGATGGCAGTCTGTTGACCGGGCGAGACAT	7529
Query	1201	TGGAACTGGTCAAGTGCTGGATCTGCAGCTGCTGCAACTGACCACCAGCAGCGGGCACCG	1260
Sbjct	7528	TGGAACTGGTCAAGTGCTGGATCTGCAGCTGCAACTGACCACCAGTAGCGGGCACCG	7469
Query	1261	CCACTGTTGTCGTGGTGGTTGCTGCTGCTGCACGAGCTCCACGGTTTGCTGGACGGCA	1320
Sbjct	7468	CCACTGTTGTCGTGGTACTGGGTTGCTGCTGCACGAGTTTCCACAGTTTGCTGGACGGGGA	7409
Query	1321	GAGTCTGTTGAACGTTTGAAACAGTGGGAAGTTGTTGCTGCACAACctgctgctgct	1380
Sbjct	7408	GAGTCTGCTGAACGGTTGAAACAGTGGGAAGTTGTTGCTGCACAACCTGCTGTTGCTGTT	7349
Query	1381	gctgctgttgctg 1393	
Sbjct	7348	GCTGCTGCTG 7336	
•			

Drosophila yakuba clone yak-em_domino mRNA sequence

Sequence ID: gb|AY231954.1| Length: 555 Number of Matches: 1

Range 1: 1 to 551

Score		Expect	Identities	Gaps	Strand	Frame		
813 bits(4	440)	0.0()	514/551(93%)	0/551(0%)	Plus/Minus			
Features:								
Query 15 tgctgctgttgctgctgTCCAGTGGTGGTCGTAAAGAGTGCTCCAGAGGCCTGCTGCGCC					CTGCGCC 74			

Query75TTTTGAGCAGCAAGAATATTATGACGCTTAACCAGTAACATATCCCCTGCTGCTGTTGTG134Sbjet491TTTTGGGCGGCAAGAATATTATGACGCTTAACCAGTACAATATCCCCAGCTCCGGTAGTG432Query135GTGGTCGTTCCGTCAGCGGACACCACTTGACGCTGCAGCTGCTGCTTTCCGGCCGCCATC194Sbjet431GTGGTAGTTCCGTCAGCGGACACCACTTGGCGCTGCAGCTGCTGCTTTCCGGCCGCCATC372Query195TGCTTGATGAACTGCGTCCTGGCCTGTCCGTGCATTTGCACACTGCTTACCACGTTGCCT254Sbjet371TGCTTGATGAACTGCGTCCTGGCCTGTCCGTGCATTTGCACACTGCTTACCACGTTGCCC312Query255GCCTGCACAGTAGTGGAGGTGCCCGGCATTCCCGACACGGCCACTTTTTGGCTTGTCACA314Sbjet311GCCTGCACAGTAGAGGAGGTGCCCGGCATTCCCGAAACGGCTACTTTTTGGCTTGTCACA252Query315TGCGTGGCCATGTTGCTAGCTTGGATTATTGTCCGCCCTGCTTGCACCAGATTAGCAGTA192Query375GCTCCAGTAGCGCCAGCTGATCCGCTGGGCACGGCTTGTCTCTGCACCAGATTAGCAGTA192Query375GCTCCAGTACCACCAGCCGATCCGCTGGGCACGGCTTGTGTCTTGTCTGCAGCACCTTC434Sbjet191GCTCCAGTACCACCAGCGGTAGAGCTGTATTATGTGCTCCCCCAGATTGCTGAGTCACGGGAATC494Sbjet131AAGCTGCGCTGACGGTAGAGCTGTATTTGTGTCTCCCCCAGATTGCTGAGTCACGGGAATC72Query495ACTGTCGTCTTCCCTCCCTGCTGCAATGCGCTCACCGGAATTCCCTTTGTGTGTCACCAGA554Sbjet71ACCGTCGTCTTCCCTCCCTGCTGCAATGCGCTCACCGGAATTCCCTTTTGTGTGTCACCAGC12Query555TGTGTGGTCTT565Sbjet11TGTGTGGTCTG565	Sbjct	551	TGCTGTTGCTGCTGCCCAGTGGTGGTGGTAAAGAGAGCTCCAGAGGCCTGCTGCGCC	492
Query135GTGGTCGTTCCGTCAGCGGACACCACTTGACGCTGCAGCTGCTGCTTTTCCGGCCGCCATC194Sbjet431GTGGTAGTTCCGTCAGCGGACACCACTTGGCGTGCAGCTGCTGCTTTTCCGGCCGCCATC372Query195TGCTTGATGAACTGCGTCCTGGCCTGTCCGTGCATTTGCACACTGCTTACCACGTTGCCT254Sbjet371TGCTTGATGAACTGCGTCCTGGCCTGTCCGTGCATTTGCACACTGCTTACCACGTTGCCC312Query255GCCTGCACAGTAGTGGAGGTGCCCGGCATTCCCGACACGGCCACTTTTTGGCTTGTCACA314Sbjet311GCCTGCACAGTAGAGGAGGTACCCGGCATTCCCGAAACGGCCACTTTTTTGGCTTGTCACG252Query315TGCGTGGCCATGTTGCTAGCTTGGATTATTGTGCCGCCTGCTTGCACCAGATTAGCAGTA374Sbjet251TGCGTGCCCATGTTGCTAGCTTGGATTATCGTGCCGCCAGCTTGCACCAGATTAGCAGTA192Query375GCTCCAGTAGCGCCAGCTGATCCGCTGGGCACGGCTTGTGTCGTTGTCTGCAGCACCTTC434Sbjet191GCTCCAGTACCACCAGCCGATCCGCTGGGCACCGCTTGTGTCTTGTCTGCAGCACCTTC132Query435AAGCTGCGCTGACGGTAGAGCTGTATATGTGCTCCCCCAGATTGCTGAGTCACGGGAATC494Sbjet131AAGCTGCGCTGGCGGTAGAGCTGTATATGTGCTCCCCCAGATTGCTGAGTCACCAGGAATC72Query495ACTGTCGTCTTCCCTCCCTGCTGCAATGCGCTCACCGGAATTCCCTTTGTGGTCACCAAC554Sbjet71ACCGTCGTCTTCCCTCCCTGCTGCAATGCGCTAACCGGGATTCCCTTTTGTGGTCACCAGC12Query555TGTGTGGTCTG565	Query	75	TTTTGAGCAGCAAGAATATTATGACGCTTAACCAGTAACATATCCCCTGCTGCTGTTGTG	134
Sbjet 431 GTGTTGTTCGTCAGCGGACACCACTTGGCGTTGCTGTTTCCGGCCGCCATC 372 Query 195 TGCTTGATGAACTGCGTCCTGGCCTGTCCGTGCATTTGCACACTGCTTACCACGTTGCCT 254 Sbjet 371 TGCTTGATGAACTGCGTCCTGGCCTGTCCGTGCATTTGCACCACTGCTTACCACGTTGCCC 312 Query 255 GCCTGCACAGTAGTGGAGGTGCCCGGCATTCCCGACACGGCCACTTTTTTGGCTTGTCACA 314 Sbjet 311 GCCTGCACAGTAGAGGAGGTACCCGGCATTCCCGAAACGGCTACTTTTTGGCTTGTCACA 252 Query 315 TGCGTGGCCATGTTGCTAGCTTGGATTATTGTGCCGCCTGCTTGCACCAGATTAGCAGTA 374 Sbjet 251 TGCGTGCCCATGTTGCTAGCTTGGATTATCGTGCCGCCAGCTTGCACCAGATTAGCAGTA 192 Query 375 GCTCCAGTAGCGCCAGCTGATCCGCTGGGCACGGCTTGTGTCTGCACCAGATTAGCAGTA 192 Query 435 AAGCTGCGCTGACGGTAGAGCTGTATATGTGCTCCCCCAGATTGCTGAGCACCTTC 132 Query 435 AAGCTGCGCTGACGGTAGAGCTGTATATGTGCTCCCCCAGATTGCTGAGTCACGGGAATC 494 Sbjet 131 AAGCTGCGCTGGCGGTAGAGCTGTATGTGTGTCCCCCCAGATTGCTGAGTCACGGGAATC 72 Query 495 ACTGTCGTCTTCCCTCCCTGCTGCAATGCGCTCACCGGAATTCCCTTTGTGGTCACCAAC 554 Sbjet 71 ACCGTCGTCTTCCCTCCCTGCTGTAACGCGCTAACCGGGATTCCCTTTGTGGTCACCAGC 12 Query 555 TGTGTGGTCTG 565	Sbjct	491	TTTTGGGCGCAAGAATATTATGACGCTTAACCAGTAACATATCCCCAGCTCCGGTAGTG	432
Query195TGCTTGATGAACTGCGTCCTGGCCTGTCCGTGCATTTGCACACTGCTTACCACGTTGCCT254Sbjet371TGCTTGATGAACTGCGTCCTGGCCTGTCCGTGCATTTGCACGCTGCTTACCACGTTGCCC312Query255GCCTGCACAGTAGTGGAGGTGCCCGGCATTCCCGACACGGCCACTTTTTGGCTTGTCACA314Sbjet311GCCTGCACAGTAGAGGAGGTACCCGGCATTCCCGAAACGGCTACTTTTTGGCTTGTCACA252Query315TGCGTGGCCATGTTGCTAGCTTGGATTATTGTGCCGCCTGCTTGCACCAGATTAGCAGTA374Sbjet251TGCGTGCCCATGTTGCTAGCTTGGATTATCGTGCCGCCAGCTTGCACCAGATTAGCAGTA192Query375GCTCCAGTAGCGCCAGCTGATCCGCTGGGCACGGCTTGTGTCGTTGTCTGCAGCACCTTC434Sbjet191GCTCCAGTACCACCAGCCGATCCGCTGGGCACCGCTTGTGTCTTGCAGCACCTTC132Query435AAGCTGCGCTGACGGTAGAGCTGTATATGTGCTCCCCCAGATTGCTGAGTCACGGGAATC494Sbjet131AAGCTGCGCTGACGGTAGAGCTGTATATGTGTCCCCCCAGATTGCTGAGTCACGAGAATC72Query495ACTGTCGTCTTCCCTCCCTGCTGCAATGCGCTCACCGGAATTCCCTTTGTGGTCACCAAC554Sbjet71ACCGTCGTCTTCCCTCCCTGCTGCAATGCGCTAACCGGGATTCCCTTTTGTGGTCACCAAC12Query555TGTGTGGTCTG565	Query	135	GTGGTCGTTCCGTCAGCGGACACCACTTGACGCTGCAGCTGCTGCTTTCCGGCCGCCATC	194
Sbjet 371 TGCTTGATGAACTGCGTCCTGGCCTGTCCGTGCATTTGCACGCTGCTTACCACGTTGCCC 312 Query 255 GCCTGCACAGTAGTGGAGGTGCCCGGCATTCCCGACACGGCCACTTTTTTGGCTTGTCACA 314 Sbjet 311 GCCTGCACAGTAGAGGAGGTACCCGGCATTCCCGACACGGCCACTTTTTTGGCTTGTCACG 252 Query 315 TGCGTGGCCATGTTGCTAGCTTGGATTATTGTGCCGCCTGCTTGCACCAGATTAGCAGTA 374 Sbjet 251 TGCGTGCCCATGTTGCTAGCTTGGATTATCGTGCCGCCAGCTTGCACCAGATTAGCAGTA 192 Query 375 GCTCCAGTAGCGCCAGCTGATCCGCTGGGCACGGCTTGTGTCGTCGCAGCACCTTC 434 Sbjet 191 GCTCCAGTACCACCAGCCGATCCGCTGGGCACCGCTTGTGTCGTCGCAGCACCTTC 132 Query 435 AAGCTGCGCTGACGGTAGAGCTGTATATGTGCTCCCCCAGATTGCTGAGTCACGGGAATC 72 Query 495 ACTGTCGCTGGCGGTAGAGCTGTATATGTGTGTCCCCCCAGATTGCTGAGTCCCAGGAATC 72 Query 495 ACTGTCGTCTTCCCTCCCTGCTGCAATGCGCTCACCGGAATTCCCTTTTGTGGTCACCAAC 554 Sbjet 71 ACCGTCGTCTTGCCTCCCTGCTGTAACGCGCTAACCGGGATTCCCTTTTGTGGTCACCAGC 12	Sbjct	431	GTGGTAGTTCCGTCAGCGGACACCACTTGGCGCTGCAGCTGCTGCTTTCCGGCCGCCATC	372
Query 255 GCCTGCACAGTAGTGGAGGTGCCCGGCATTCCCGACACGGCCACTTTTTGGCTTGTCACA 314 Sbjet 311 GCCTGCACAGTAGAGGAGGTACCCGGCATTCCCGAAACGGCTACTTTTTGGCTTGTCACG 252 Query 315 TGCGTGGCCATGTTGCTAGCTTGGATTATTGTGCCGCCTGCTTGCACCAGATTAGCAGTA 374 Sbjet 251 TGCGTGCCCATGTTGCTAGCTTGGATTATCGTGCCGCCAGCTTGCACCAGATTAGCAGTA 192 Query 375 GCTCCAGTAGCGCCAGCTGATCCGCTGGGCACGGCTTGTCTCTGCAGCACCTTC 434 Sbjet 191 GCTCCAGTACCACCAGCCGATCCGCTGGGCACCGCTTGTTGTCTTGCAGCACCCTTC 132 Query 435 AAGCTGCGCTGACGGTAGAGCTGTATATGTGCTCCCCCAGATTGCTGAGTCACGGGAATC 494 Sbjet 131 AAGCTGCGCTGGCGGTAGAGCTGTATATGTGCTCCCCCAGATTGCTGAGTCACGGGAATC 72 Query 495 ACTGTCGTCTTCCCTCCCTGCTGCAATGCGCTCACCGGAATTCCCTTTTGTGGTCACCAAC 554 Sbjet 71 ACCGTCGTCTTGCCTCCCTGCTGTAACGCGCTAACCGGGATTCCCTTTTGTGGTCACCAGC 12 Query 555 TGTGTGGTCTG 565	Query	195	TGCTTGATGAACTGCGTCCTGGCCTGTCCGTGCATTTGCACACTGCTTACCACGTTGCCT	254
Sbjet 311 GCCTGCACAGTAGAGGAGGTACCCGGCATTCCCGAAACGCTACTTTTTGGCTTGTCACG 252 Query 315 TGCGTGCCCATGTTGCTAGCTTGGATTATTGTGCCGCCTGCTTGCACCAGATTAGCAGTA 374 Sbjet 251 TGCGTGCCCATGTTGCTAGCTTGGATTATCGTGCCGCCAGCTTGCACCAGATTAGCAGTA 192 Query 375 GCTCCAGTAGCGCCAGCTGATCCGCTGGGCACCGGCTTGTGTCTGCAGCACCTTC 434 Sbjet 191 GCTCCAGTACCACCAGCCGATCCGCTGGGCACCGCTTGTGTCTGTC	Sbjct	371	tectteateateatectectectectectectectectectectectectect	312
Query315TGCGTGGCCATGTTGCTAGCTTGGATTATTGTGCCGCCTGCTTGCACCAGATTAGCAGTA374Sbjet251TGCGTGCCCATGTTGCTAGCTTGGATTATCGTGCCGCCAGCTTGCACCAGATTAGCAGTA192Query375GCTCCAGTAGCGCCAGCTGATCCGCTGGGCACGGCTTGTGTCGTTGTCTGCAGCACCTTC434Sbjet191GCTCCAGTACCACCAGCCGATCCGCTGGGCACCGCTTGTGTCGTTGTCTGCAGCACCTTC132Query435AAGCTGCGCTGACGGTAGAGCTGTATATGTGCTCCCCCAGATTGCTGAGTCACGGGAATC494Sbjet131AAGCTGCGCTGGCGGTAGAGCTGTATGTGTGCTCCCCCAGATTGCTGAGTCCCAGGAATC72Query495ACTGTCGTCTTCCCTCCCTGCTGCAATGCGCTCACCGGAATTCCCTTTGTGGTCACCAAC554Sbjet71ACCGTCGTCTTCCCTCCCTGCTGTAACGCGCTAACCGGGATTCCCTTTGTGGTCACCAGC12Query555TGTGTGGTCTG565	Query	255	GCCTGCACAGTAGTGGAGGTGCCCGGCATTCCCGACACGGCCACTTTTTGGCTTGTCACA	314
Sbjet 251 TGCGTGCCCATGTTGCTAGCTTGGATTATCGTGCCGCCAGCTTGCACCAGATTAGCAGTA 192 Query 375 GCTCCAGTAGCGCCAGCTGATCCGCTGGGCACGGCTTGTGTCTGCAGCACCTTC 434 Sbjet 191 GCTCCAGTACCACCAGCCGATCCGCTGGGCACCGCTTGTGTCTTGTCTGCAGCACCTTC 132 Query 435 AAGCTGCGCTGACGGTAGAGCTGTATATGTGCTCCCCCAGATTGCTGAGTCACGGGAATC 494 Sbjet 131 AAGCTGCGCTGGCGGTAGAGCTGTATGTGTGTCTCCCCCAGATTGCTGAGTCCCAGGAATC 72 Query 495 ACTGTCGTCTTCCCTCCCTGCTGCAATGCGCTCACCGGAATTCCCTTTGTGGTCACCAAC 554 Sbjet 71 ACCGTCGTCTTGCCTCCCTGCTGTAACGCGCTAACCGGGATTCCCTTTGTGGTCACCAGC 12 Query 555 TGTGTGGTCTG 565	Sbjct	311	GCCTGCACAGTAGAGGAGGTACCCGGCATTCCCGAAACGGCTACTTTTTGGCTTGTCACG	252
Query 375 GCTCCAGTAGCGCCAGCTGATCCGCTGGGCACGGCTTGTGTCGTTGTCTGCAGCACCTTC 434 Sbjct 191 GCTCCAGTACCACCAGCCGATCCGCTGGGCACCGCTTGTGTCGTTGTCTGCAGCACCTTC 132 Query 435 AAGCTGCGCTGACGGTAGAGCTGTATATGTGCTCCCCCAGATTGCTGAGTCACGGGAATC 494 Sbjct 131 AAGCTGCGCTGGCGGTAGAGCTGTATGTGTGTCCCCCCAGATTGCTGAGTCCCAGGAATC 72 Query 495 ACTGTCGTCTTCCCTCCCTGCTGCAATGCGCTCACCGGAATTCCCTTTGTGGTCACCAAC 554 Sbjct 71 ACCGTCGTCTTGCCTCCCTGCTGTAACGCGCTAACCGGGATTCCCTTTGTGGTCACCAGC 12 Query 555 TGTGTGGTCTTG 565	Query	315	TGCGTGGCCATGTTGCTAGCTTGGATTATTGTGCCGCCTGCTTGCACCAGATTAGCAGTA	374
Sbjct 191 GCTCCAGTACCACCAGCCGATCCGCTGGGCACCGCTTGTGTCTGCAGCACCTTC 132 Query 435 AAGCTGCGCTGACGGTAGAGCTGTATATGTGCTCCCCCAGATTGCTGAGTCACGGGAATC 494 Sbjct 131 AAGCTGCGCTGGCGGTAGAGCTGTATGTGTGCTCCCCCAGATTGCTGAGTCCCAGGAATC 72 Query 495 ACTGTCGTCTTCCCTCCCTGCTGCAATGCGCTCACCGGAATTCCCTTTGTGGTCACCAAC 554 Sbjct 71 ACCGTCGTCTTGCCTCCCTGCTGTAACGCGCTAACCGGGATTCCCTTTGTGGTCACCAGC 12 Query 555 TGTGTGGTCTG 565	Sbjct	251	tgcgtgcccatgttgctagcttggattatcgtgccgccagcttgcaccagattagcagta	192
Query 435 AAGCTGCGCTGACGGTAGAGCTGTATATGTGCTCCCCCAGATTGCTGAGTCACCGGGAATC 494 Sbjct 131 AAGCTGCGCTGGCGGTAGAGCTGTATGTGTGCTCCCCCAGATTGCTGAGTCCCAGGAATC 72 Query 495 ACTGTCGTCTTCCCTCCCTGCTGCAATGCGCTCACCGGAATTCCCTTTGTGGTCACCAAC 554 Sbjct 71 ACCGTCGTCTTGCCTCCCTGCTGTAACGCGCTAACCGGGATTCCCTTTGTGGTCACCAGC 12 Query 555 TGTGTGGTCTG 565	Query	375	GCTCCAGTAGCGCCAGCTGATCCGCTGGGCACGGCTTGTGTCGTTGTCTGCAGCACCTTC	434
Sbjct 131 AAGCTGCGCTGGCGGTAGAGCTGTATGTGTGCTCCCCAGATTGCTGAGTCCCAGGAATC 72 Query 495 ACTGTCGTCTTCCCTCCCTGCTGCAATGCGCTCACCGGAATTCCCTTTGTGGTCACCAAC 554 Sbjct 71 ACCGTCGTCTTGCCTCCCTGCTGTAACGCGCTAACCGGGATTCCCTTTGTGGTCACCAGC 12 Query 555 TGTGTGGTCTG 565	Sbjct	191	deteckétket accaded de de la constant de la constan	132
Query 495 ACTGTCGTCTTCCCTCCTGCTGCAATGCGCTCACCGGAATTCCCTTTGTGGTCACCAAC 554 Sbjct 71 ACCGTCGTCTTGCCTCCTGCTGTAACGCGCTAACCGGGATTCCCTTTGTGGTCACCAGC 12 Query 555 TGTGTGGTCTG 565	Query	435	AAGCTGCGCTGACGGTAGAGCTGTATATGTGCTCCCCCAGATTGCTGAGTCACGGGAATC	494
Sbjct 71 ACCGTCGTCTTGCCTCCCTGCTGTAACGCGCTAACCGGGATTCCCTTTGTGGTCACCAGC 12 Query 555 TGTGTGGTCTG 565	Sbjct	131	AAGCTGCGCTGGCGGTAGAGCTGTATGTGTGCTCCCCAGATTGCTGAGTCCCAGGAATC	72
Query 555 TGTGTGGTCTG 565	Query	495	ACTGTCGTCTTCCCTCCCTGCTGCAATGCGCTCACCGGAATTCCCTTTGTGGTCACCAAC	554
	Sbjct	71	Accetectectectectectectectectectectectect	12
Sbjct 11 †d†d†ddtc†d 1	Query	555	TGTGTGGTCTG 565	
	Sbjct	11	tgtgtgttg 1	

Drosophila ananassae uncharacterized protein, transcript variant B (Dana\GF12812), mRNA Sequence ID: **ref|XM_014907943.1|** Length: 10101 Number of Matches: 1 Range 1: 7318 to 8673

Score		Expect	Identities	Gaps	Strand	Frame	
761 bits	(412)	0.0()	1059/1374(77%)	33/1374(2%)	Plus/Minus		
Features	S :						
Query	5	Ttgctgctg	ctgctgctgttgctgc	tgTCCAGTGGTGGTCG	STAAAGAGTGCTCC	AGAGGC 6	64
Sbjct	8673	trerrecte	CTGCTGCTG-GGCAGC	TG-CC-GTGGTGGTCG	STGAACAATGCCCC	AGTGGC 8	8617
Query	65	CTGCTGCGC	CTTTTGAGCAGCAAGA	ATATTATGACGCTTAA	CCAGTAACATATC	CCCTGC 1	124
Sbjct	8616	ctgrtgggc'	rttctgcgccgccaat	AtgttgtgtcccttcA	rccygcygcytetc	ACCCGC 8	8557
Query	125	TGCTGTTGT	GGTGGTCGTTCCGTCA	GCGGACACCACTTGAC	GCTGCAGCTGCTG	CTTTCC 1	184
Sbjct	8556	tcccdttdt	GGTGGTAGTGCCATCT	GCTGCTACCACCTGGC	cgrtgragtccctd	CTTACC 8	8497
Query	185	GGCCGCCAT	CTGCTTGATGAACTGC	GTCCTGGCCTGTCCGT	GCATTTGCACACT	GCTTAC 2	244
Sbjct	8496	AGCGGCCAT	ctgcttgatgaactgc	ĠŦĊĊŦĠĠĊĊŦĠĠĊĊĠŦ	:dcatctdgacact	GCTAAC 8	8437
Query	245	CACGTTGCC'	TGCCTGCACAGTAGTG	GAGGTGCCCGGCATTC	CCGACACGGCCAC	TTTTTG	304
Sbjct	8436	CACATTGCC	cdcctdcacddtadtd	GAGGAGCCCGGTATCC	cccdaaactgccac	cttctg 8	8377
Query	305	GCTTGTCAC	ATGCGTGGCCATGTTG	CTAGCTTGGATTATTG	TGCCGCCTGCTTG	CACCAG 3	364
Sbjct	8376	GCTGGTAAC	ATGGGTGGGCATATTG	CTAGCTTGTATGATAG	tecciceeccie	CACCAG 8	8317
Query	365	ATTAGCAGT	AGCTCCAG-TAG	CGC-CAGCTGATCCGC	TGGGCACGGCTTG	TGTCGT 4	418
Sbjct	8316	GCTCGTTGT	gdctccrcctgcAgrr	cccgcadctgcacctd	cegerectecte	cgtggt 8	8257
Query	419	TGTCTGCAG	CACCTTCAAGCTGCGC	TGACGGTAGAGCTGTA	TATGTGCTCCCC	AGATTG 4	478
Sbjct	8256	GGTCTGCAG	caccttcaagctacgc	tgcctgtagagctgaa	rtgtgagctccgcc	eggctg 8	8197
Query	479	CTGAGTCAC	GGGAATCACTGTCGTC	TTCCCTCCCTGCTGCA	ATGCGCTCACCGG	SAATTCC 5	538
Sbjct	8196	CTGGGTTCC	GGGAATCACAGTCGTT	ttgccgccctgctgcA	oggcactcaccg	GATGCC 8	8137
Query	539	CTTTGTGGT	CACCAACTGTGTGGTC	TGAGTGGCTGGAGATG	TGGGAACAGCTGC	CAAACG 5	598
Sbjct	8136	cttggtggt	caccagridadiddic	tdadtddctddcdad	Sarddaaddddcdd	charcd 8	8077
Query	599	AAGCTGAGT	CTGGAATTGCGAGGGA 	CTCGCGCCTTGTCCTA	AAGTTCGGCATAGA	GACAAT 6	658

Sbjct	8076	CAGTTGCGCCTGGAACTGCTGATTCACACCCTGGCCCAGATTAGGCATGGAAACAAT	8020
Query	659	AGACTGACCACCGGCTGTCGCTGTTGAAGGGTGTTTCCTGCAGCTGTCGAGACAAT	718
Sbjct	8019	GGACTGACCACCGGCAGTAGTTCGCTGCAGAGTATTCCCAGCAGCGGCGGACACAAT	7960
Query	719	CCGCTGACCACGCAACATGGTCGTGTTCAAAGTGGTTACAGCCGTGGTCTGATGCTGTTG	778
Sbjct	7959	TCGCTGGCCCGCAACATGGCCGTGTTCAGGGTGGTCACCCCAGTGGTCTGCTGCTG	7903
Query	779	TTGTGGCTGATTGGCAGTGGTGGTCAGTACGGTGCCCACGGTGGGCAAAGTGCTAACGGA	838
Sbjct	7902	ctgactggccgtggtggtcagaaccgagcccacggtgggcaaggtacttacgga	7849
Query	839	GACCACCTGTGGCAGCGATTGGGTCTGCACAATGCTGCCCAACTGGGGAGAGCTGTTAAC	898
Sbjct	7848	AACCACCTGCGGCAGCGTCTGGGTCTGTACAATGCTGCCCAACTGGGGGGAACTGTTCAC	7789
Query	899	GGGCAGCGTCTGTGACGAGATCGAAACGATCTGGGCACCAGAGCCTATCTGGGGTTG	955
Sbjct	7788	cgcagagtggtctgcgacgatatcgatacaatctgggcaccggatcccgtttgcggttg	7729
Query	956	CACCACCGACGGAAGTGTCTGTACTGGAGTGGTTAGGACCACACTCACACTGGACTGGCC	1015
Sbjct	7728	caccaccaccacacacactacactacactacacactacacactact	7669
Query	1016	CCCAGAAGCGACTGCAGACTGTTGGGCCTAATTGTTGCAATTGGCCCGCGGTCAAGCTGGA	1075
Sbjct	7668	gccgcagtrectcccccccccccccccccccccccccccccccccc	7609
Query	1076	GGAGGTGCCGACAATAGTCTTGACCAACTGTTGAGTATTGGATTGTCCACCCTGCCCGGG	1135
Sbjct	7608	cgargrecetacatategrechtetegaccagerecetagerengen	7549
Query	1136	GTGCGTACGCAATTGCTGCTGCGGTTGGTGGAGCAGGATGGCAGTCTGTTGACCGGGCGA	1195
Sbjct	7548	atgagtccgcagctgttgctgtgctgctggtggagcaggatgctgctgctgccgccg	7489
Query	1196	GACATTGGAACTGGTCAAGTGCTGGATCTGCAGCTGCTGCAACTGACCACCAGCAGCGGG	1255
Sbjct	7488	AACAGTGGCGCCGGTCAGGTGCTGAATCTGTAGTTGCTGCAGTTG-CC-CG-GCGCCGGG	7432
Query	1256	CACCGCCACTGTTGTCGTGGTGGTGGGTTGCTGCTGCACGAGCTCCACGGTTTG	1309
Sbjct	7431	ĊAĊAĠĊTAĊĊĠŤŤĠŤĠĠŤĠĊĊŦĠŤĠĊĊAĠŤAĠĊŤĠĊŤĠĊĀĊĊĀĠŢŤĊĊĀĊĊĠAĊŤĠ	7372
Query	1310	CTGGACGGCAGAGTCTGTTGAACGTTTGAAACAGTGGGAAGTTGTTGCTGCAC 1363	
Sbjct	7371	ctggaccggcaggtctgctgtacactggaaacagtgggcagttgctgctgcac 7318	

Drosophila ananassae uncharacterized protein, transcript variant A (Dana\GF12812), mRNA Sequence ID: **ref|XM_001959287.2|** Length: 9907 Number of Matches: 1 Range 1: 7318 to 8673

Score		Expect	Identities	Gaps	Strand	Frame	
761 bits	(412)	0.0()	1059/1374(77%)	33/1374(2%)	Plus/Minus		
Features	s:						
Query	5	Ttgctgctg	ctgctgctgttgctg	ctgTCCAGTGGTGGTC	GTAAAGAGTGCTCC	AGAGGC	64
Sbjct	8673	TTGTTGCTG	CTGCTGCTG-GGCAG	ctd-cc-dtddtddtc	stgaacaatgcccc	AGTGGC	8617
Query	65	CTGCTGCGC	CTTTTGAGCAGCAAG	SAATATTATGACGCTTA	ACCAGTAACATATC	CCCTGC	124
Sbjct	8616	стсттесьс	TTTCTGCGCCGCCAA	\TATGTTGTGTCGCTTC#	Accadcadcatgtc	ACCCGC	8557
Query	125	TGCTGTTGT	GGTGGTCGTTCCGTC	CAGCGGACACCACTTGAC	CGCTGCAGCTGCTG	CTTTCC	184
Sbjct	8556	tcccdttdt	ggtggtagtgccatc	TGCTGCTACCACCTGGC	cgrfgragreectd	cttacc	8497
Query	185	GGCCGCCAT	CTGCTTGATGAACTG	CGTCCTGGCCTGTCCG	GCATTTGCACACT	GCTTAC	244
Sbjct	8496	AGCGGCCAT	CTGCTTGATGAACTG	cercereectes	rgcatctggacact	GCTAAC	8437
Query	245	CACGTTGCC	TGCCTGCACAGTAGT	GGAGGTGCCCGGCATTC	CCCGACACGGCCAC	TTTTTG	304
Sbjct	8436	CACATTGCC	cecctecaceetaet	rddaddadddddatatc	cccdaaactgccac	cttctg	8377
Query	305	GCTTGTCAC	ATGCGTGGCCATGTT	GCTAGCTTGGATTATTC	TGCCGCCTGCTTG	CACCAG	364
Sbjct	8376	GCTGGTAAC	atgggtggcatatt	rdctadcttdtatgatad	stdddrdddddddd	caccad	8317
Query	365	ATTAGCAGT	'AGCTCCAG-TAG-	CGC-CAGCTGATCCGC	CTGGGCACGGCTTG	тстсст	418
Sbjct	8316	GCTCGTTGT	GGCTCCTCCTGCAGT	TCCCGCAGCTGCACCTC	ccectectecte	cctcct	8257
Query	419	TGTCTGCAG	CACCTTCAAGCTGCG	CTGACGGTAGAGCTGT	ATATGTGCTCCCC	AGATTG	478
Sbjct	8256	ggtctgcag	caccttcaagctacc	ctgcctgtagagctga/	Atgtgagctccgcc	GGGCTG	8197

Query	479	CTGAGTCACGGGAATCACTGTCGTCTTCCCTCCCTGCTGCAATGCGCTCACCGGAATTCC	538
Sbjct	8196	ctgggttccgggaatcacagtcgttttgccgccctgctgcaggcactcaccgggatgcc	8137
Query	539	CTTTGTGGTCACCAACTGTGTGGTCTGAGTGGCTGGAGATGTGGGAACAGCTGCCAAACG	598
Sbjct	8136	cttggtggtcaccagttgagtggtctgagtggctggcgaggatggaacggccgccaatcg	8077
Query	599	AAGCTGAGTCTGGAATTGCGAGGGACTCGCGCCTTGTCCTAAGTTCGGCATAGAGACAAT	658
Sbjct	8076	CAGTTGCGCCTGGAACTGCTGATTCACACCCTGGCCCAGATTAGGCATGGAAACAAT	8020
Query	659	AGACTGACCACCGGCTGTCGCTGTTGAAGGGTGTTTCCTGCAGCTGTCGAGACAAT	718
Sbjct	8019	GGACTGACCACCGGCAGTAGTTCGCTGCAGAGTATTCCCAGCAGCGGCGGACACAAT	7960
Query	719	CCGCTGACCACGCAACATGGTCGTGTTCAAAGTGGTTACAGCCGTGGTCTGATGCTGTTG	778
Sbjct	7959	TCGCTGGCCCCGCAACATGGCCGTGTTCAGGGTGGTCACCCCAGTGGTCTGCTGCTG	7903
Query	779	TTGTGGCTGATTGGCAGTGGTGGTCAGTACGGTGCCCACGGTGGGCAAAGTGCTAACGGA	838
Sbjct	7902	CTGACTGGCCGTGGTGGTCAGAACCGAGCCCACGGTGGGCAAGGTACTTACGGA	7849
Query	839	GACCACCTGTGGCAGCGATTGGGTCTGCACAATGCTGCCCAACTGGGGAGAGCTGTTAAC	898
Sbjct	7848	AACCACCTGCGGCAGCGTCTGGGTCTGTACAATGCTGCCCAACTGGGGGGAACTGTTCAC	7789
Query	899	GGGCAGCGTCTGTGACGAGATCGAAACGATCTGGGCACCAGAGCCTATCTGGGGTTG	955
Sbjct	7788	CGGCAGAGTGGTCTGCGACGATATCGATACAATCTGGGCACCGGATCCCGTTTGCGGTTG	7729
Query	956	CACCACCGACGGAAGTGTCTGTACTGGAGTGGTTAGGACCACACTCACACTGGACTGGCC	1015
Sbjct	7728	caccaccaccacacacacactacactacactacacacac	7669
Query	1016	CCCAGAAGCGACTGCAGACTGTTGGGCTAATTGTTGCAATTGGCCCGCGGTCAAGCTGGA	1075
Sbjct	7668	GCCGGAGTTGGCTGCAGATTGCTGCGCCAGCTGCTGCAACTGCCCCGCCGTCAAGCTCGA	7609
Query	1076	GGAGGTGCCGACAATAGTCTTGACCAACTGTTGAGTATTGGATTGTCCACCCTGCCCGGG	1135
Sbjct	7608	cdatgtgccacactatgdtcttgaccagctgctgcgttgtggtctgtccgcctgtccgg	7549
Query	1136	GTGCGTACGCAATTGCTGCTGCGGTTGGTGGAGCAGGATGGCAGTCTGTTGACCGGGCGA	1195
Sbjct	7548	ATGAGTCCGCAGCTGTTGCTGTCGCTGGTGGAGCAGGATGGCTGTCTGCTGGCCGGCC	7489
Query	1196	GACATTGGAACTGGTCAAGTGCTGGATCTGCAGCTGCTGCAACTGACCACCAGCAGCGGG	1255
Sbjct	7488	AACAGTGGCGCCGGTCAGGTGCTGAATCTGTAGTTGCTGCAGTTG-CC-CG-GCGCCGGG	7432
Query	1256	CACCGCCACTGTTGTCGTGGTGGTGGGTTGCTGCTGCACGAGCTCCACGGTTTG	1309
Sbjct	7431	cacagetaccettetegeteccaetaectteteetecaecaete	7372
Query	1310	CTGGACGGCAGAGTCTGTTGAACGTTTGAAACAGTGGGAAGTTGTTGCTGCAC 1363	
Sbjct	7371	ctggaccggcaggtctgctgtacactggaaacagtgggcagttgctgctgcac 7318	

Drosophila sechellia GM15831 (Dsec\GM15831), mRNA

Sequence ID: **ref|XM_002039717.1|** Length: 7653 Number of Matches: 1 Range 1: 7418 to 7653

Score		Expect	Identities	Gaps	Strand	Frame	
364 bits(197)		2e-96()	228/242(94%)	6/242(2%)	Plus/Minus		
Feature	s:						
Query	894	TTAACGGGCA	GCGTCTGTGACGAGA'	TCGAAACGATCTGG	GCACCAGAGCCTA	TCTGGGGT	953
Sbjct	7653	TTAACGGGCA	dedtetetetekededa	rggacacgatetgg	gcaccagagccta	tcteeet	7594
Query	954	TGCACCACCG.	ACGGAAGTGTCTGTA(CTGGAGTGGTTAGG	ACCACACTCACAC	TGGACTGG	1013
Sbjct	7593	TGCACCACCG	ACGGAAGTGTCTGTA	ctggagtggttagt	ACTACACTCACAC	TGGACTGG	7534
Query	1014	CCCCAGAAG	CGACTGCAGACTGTT(GGGCTAATTGTTGC	AATTGGCCCGCGG	TCAAGCTG	1073
Sbjct	7533	CCACCAGA-G	cgctgcygyrd	gggcaattgttgc	AATTGGCCCGCGC	rtcaagctg	7476
Query	1074	GAGGAGGTGC	CGACAATAGTCTTGA(CCAACTGTTGAGTA'	TTGGATTGTCCAC	CCTGCCCG	1133
Sbjct	7475	daddaddtdc	ccacaatactctcccc	cca-ctgt-gagta	-tggyttgtgqqqq	r-tgcccg	7420
Query	1134	GG 1135					
Sbjct	7419	ĠĠ 7418					