BLAST®

Basic Local Alignment Search Tool

NCBI/ BLAST/ blastn suite/ Formatting Results - CN9U57AG015

- ► Formatting options
- ▶ Download

Blast report description

Nucleotide Sequence (2753 letters)

RID <u>CN9U57AG015</u> (Expires on 02-23 13:14 pm)

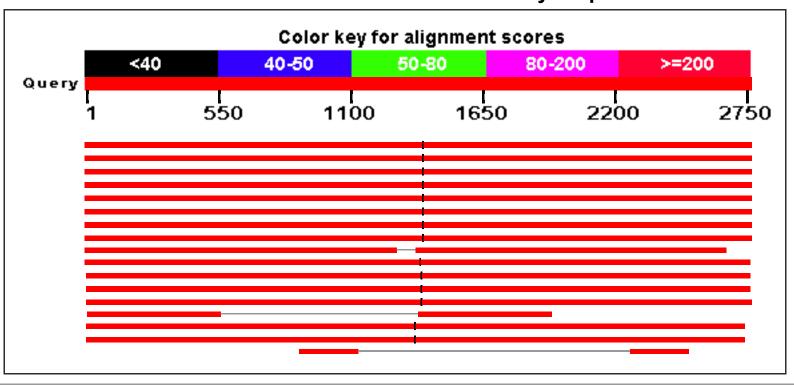
Description None **Description** Nucleotide collection (nt)

Molecule type nucleic acid Program BLASTN 2.3.1+

Query Length 2753

□ Graphic Summary

Distribution of 34 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	2549	5091	100%	0.0	99%	AE013599.5
Drosophila melanogaster domino (dom), transcript variant G, mRNA	2549	5091	100%	0.0	99%	NM_001299747.1
Drosophila melanogaster domino (dom), transcript variant A, mRNA	2549	5091	100%	0.0	99%	NM_080094.4
Drosophila melanogaster domino (dom), transcript variant D, mRNA	2549	5091	100%	0.0	99%	<u>NM_166446.3</u>
Drosophila melanogaster LP03212 full insert cDNA	2549	5091	100%	0.0	99%	BT044534.1
Drosophila melanogaster LD21920 full insert cDNA	2549	5091	100%	0.0	99%	BT032837.1
Drosophila melanogaster, chromosome 2R, region 57D3-57E2, BAC clones DS01261 and BACR48K03, complete sequence	2549	5091	100%	0.0	99%	AC007175.1
Drosophila melanogaster helicase DOMINO A (domino) mRNA, alternatively spliced, complete cds	2527	5047	100%	0.0	99%	<u>AF076776.1</u>
Drosophila melanogaster GH12111 full insert cDNA	2359	4718	93%	0.0	99%	<u>AY118307.1</u>
Drosophila simulans GD11590 (Dsim\GD11590), mRNA	2281	4563	99%	0.0	96%	XM_002082439.1
Drosophila yakuba domino (Dyak\dom), transcript variant B, mRNA	2032	4064	99%	0.0	93%	XM_015196400.1
Drosophila yakuba domino (Dyak\dom), transcript variant A, mRNA	2032	4064	99%	0.0	93%	XM_002091508.2
Drosophila erecta uncharacterized protein, transcript variant A (Dere\GG22110), mRNA	2032	4064	99%	0.0	93%	XM_001975011.2
Drosophila yakuba clone yak- em_domino mRNA sequence	813	1627	40%	0.0	93%	<u>AY231954.1</u>
Drosophila ananassae uncharacterized protein, transcript variant B (Dana\GF12812), mRNA	761	1522	98%	0.0	77%	XM_014907943.1
Drosophila ananassae uncharacterized protein, transcript variant A (Dana\GF12812), mRNA	761	1522	98%	0.0	77%	XM_001959287.2
Drosophila sechellia GM15831 (Dsec\GM15831), mRNA	364	729	17%	4e-96	94%	XM_002039717.1

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

Drosophila melanogaster chromosome 2R

Sequence ID: gb|AE013599.5| Length: 25286936 Number of Matches: 2

Range 1: 21338583 to 21339974

Score Expect Identities Gaps Strand Frame

2549 bits(1380) 0.0() 1388/1392(99%) 0/1392(0%) Plus/Minus

Feature: domino		omino, isoform G	
Query	1	tgctgctgctgctgttgctgctgTCCAGTGGTGGTCGTAAAGAGTGCTCCAGAGGCC	60
Sbjct Query	21339974 61	TGCTGCTGCTGCTGTTGCTGCTGTCCAGTGGTGGTCGTAAAGAGTGCTCCAGAGGCC TGCTGCGCCCTTTTGAGCAGCAAGAATATTATGACGCTTAACCAGTAACATATCCCCTGCT	21339915 120
Sbjct	21339914	TGCTGCGCCTTTTGAGCAGCAGAATATTATGACGCTTAACCAGTAACATATCCCCTGCT	21339855
Query	121	GCTGTTGTGGTGGTCGTTCCGTCAGCGGACACCACTTGACGCTGCAGCTGCTGCTTTCCG	180
Sbjct Query	21339854 181	GCTGTTGTGGTGGTCGTTCCGTCAGCGGACACCACTTGACGCTGCAGCTGCTGCTTTCCG GCCGCCATCTGCTTGATGAACTGCGTCCTGGCCTGTCCGTGCATTTGCACACTGCTTACC	21339795 240
Sbjct	21339794	GCGCCATCTGCTTGATGAACTGCGTCCTGGCCTGTCCGTGCATTTGCACACTGCTTACC	21339735
Query Sbjct	241 21339734	ACGTTGCCTGCCCACAGTAGTGGAGGTGCCCGGCATTCCCGACACGGCCACTTTTTGG	300 21339675
Query	301	CTTGTCACATGCGTGGCCATGTTGCTAGCTTGGATTATTGTGCCGGCCTGCTTGCACCAGA	360
Sbjct	21339674	CTTGTCACATGCGTGGCCATGTTGCTAGCTTGGATTATGGTGCCGCCTGCTTGCACCAGA	21339615
Query Sbjct	361 21339614	TTAGCAGTAGCTCCAGTAGCGCCAGCTGATCCGCTGGGCACGGCTTGTGTCTGC	420 21339555
Query	421	AGÇAÇÇTTÇAAGÇTGÇGÇTGAÇGGTAGAGÇTGTATATGTGÇTÇÇÇÇÇAGATTGÇTGAGTÇ	480
Sbjct	21339554	AGCACCTTCAAGCTGCGCTGACGGTAGAGCTGTATATGTGCTCCCCCAGATTGCTGAGTC	21339495
Query Sbjct	481 21339494	ACGGGAATCACTGTCGTCTTCCCTCCCTGCTGCAATGCGCTCACCGGAATTCCCTTTGTG	540 21339435
Query	541	GTCACCAACTGTGTGGTCTGAGTGGCTGGAGATGTGGGAACAGCTGCCAAACGAAGCTGA	600
Sbjct	21339434	GtCACCAACTGTGGGTCTGAGTGGCTGGAGATGTGGGAACAGCTGCCAAACGAAGCTGA	21339375
Query Sbjct	601 21339374	GTCTGGAATTGCGAGGGACTCGCGCCTTGTCCTAAGTTCGGCATAGAGACAATAGACTGA 	660 21339315
Query	661	CCACCGGCTGTCGCTGTTGAAGGGTGTTTCCTGCAGCTGTCGAGACAATCCGCTGA	720
Sbjct	21339314	ccaccedctetcettcectetteaaegetettcctecaectetceaeacaatccectea	21339255
Query Sbjct	721 21339254	CCACGCAACATGGTCGTGTTCAAAGTGGTTACAGCCGTGGTCTGATGCTGTTGTTGTGGC	780 21339195
Query	781	TGATTGGCAGTGGTCAGTACGGTGCCCACGGTGGGCAAAGTGCTAACGGAGACCACC	840
Sbjct	21339194 841	†GATTGGCAGCGATTGGGTCTGCACAATGCTGCCCAACTGGGGAGAGCTGTTAACGGGCAGC	21339135 900
Query Sbjct	21339134	TGTGGCAGCGATTGGGTCTGCACAATGCTGCCCAACTGGGGAGAGCTGTTAACGGGCAGC	21339075
Query	901	GTCTGTGACGAGATCGAAACGATCTGGGCACCAGAGCCTATCTGGGGTTGCACCACCGAC	960
Sbjct Query	21339074 961	ĠŦĊŦĠŦĠĀĊĠĀĠĀŦĊĠĀĀĀĊĠĀŦĊŦĠĠĠĊĀĊĊĀĠĀĠĊĊŦĀŦĊŦĠĠĠĠŦŦĠĊĀĊĊĀĊĊĠĀĊ GGAĀGTGTCTGTĀCTGGĀGTGGTTĀGGĀCCĀCĀCĀCĀCĀCĀGĀCTGGĀCTGGCCCCCĀGĀĀGCG	21339015 1020
Sbjct	21339014	GGAAGTGTCTGTACTGGAGTGGTTAGGACCACACTCACACTGGACTGGCCCCAGAAGCG	21338955
Query	1021	ACTGCAGACTGTTGGGCTAATTGTTGCAATTGGCCCGCGGTCAAGCTGGAGGAGGTGCCG	1080
Sbjct Query	21338954 1081	ACTGCAGACTGTTGGGCTAATTGTTGCAATTGGCCCGCGCTCAAGCTGGAGGAGGTGCCG ACAATAGTCTTGACCAACTGTTGAGTATTGGATTGTCCACCCTGCCCGGGGTGCGTACGC	21338895 1140
Sbjct	21338894	ACAATAGTCTTGACCAACTGTTGAGTATTGGATTGTCCACCCTGCCCGGGGTGCGTACGC	21338835
Query Sbjct	1141 21338834	AATTGCTGCTGCGGTTGGTGGAGCAGGATGGCAGTCTGTTGACCGGGCGAGACATTGGAA	1200 21338775
Query	1201	CTGGTCAAGTGCTGGATCTGCAGCTGCTGCAACTGACCAGCAGCAGCAGCACTGGAACT	1260
Sbjct	21338774	CTGGTCAAGTGCTGGATCTGCAGCTGCTGCAACTGACCACCAGCAGCGGGCACCGCCACT	21338715
Query Sbjct	1261 21338714	GTTGTCGTGGTGGGTTGCTGCTGCACGAGCTCCACGGTTTGCTGGACGGGCAGAGTC	1320 21338655
Query	1321	TGTTGAACGTTTGAAACAGTGGGAAGTTGTTGCTGCACAACctgctgctgctgctgctgc	1380
Sbjct	21338654	TGTTGAACGTTTGAAACAGTGGGAAGTTGTTGCTGCACAACCTGCTGCTGCTGCTGC	21338595

 Query
 1381
 tgttgctgctgT
 1392

 Sbjct
 21338594
 TGCTGCTGCTGT
 21338583

Range 2: 21338587 to 21339974

Score		Expect	Identities	Gaps	Strand	Frame	
2542 bit	ts(1376)	0.0()	1384/1388(99%)	0/1388(0%)	Plus/Minus		
Feature domino	s: o, isoform Ad	omino, iso	form G				
Query	1366	tgctgct	gctgctgctgttgctg	ctgTCCAGTGGTGG7	rcgtaaagagtgc 	TCCAGAGGCC	1425
Sbjct	21339974		ectectectettette				2133991
Query	1426 21339914		CCTTTTGAGCAGCAAG 	AATATTATGACGCTT 			1485 213398!
Sbjct Query	1486		CCTTTTGAGCAGCAAG TGGTGGTCGTTCCGTC				1545
Sbjct	21339854				GACGCTGCAGCTG		2133979
Query	1546	GCCGCCA	TCTGCTTGATGAACTG	CGTCCTGGCCTGTCC	CGTGCATTTGCAC	ACTGCTTACC	1605
Sbjct	21339794		tctccttcatcaactc		CGTGCATTTGCAC		2133973
Query	1606		CTGCCTGCACAGTAGT		rtcccgacacgc 	CACTTTTTGG	1665
Sbjct Query	21339734 1666	ACGTTGC CTTGTCA	CTGCCTGCACAGTAGT CATGCGTGGCCATGTT	GGAAGTGCCCGGCAT GCTAGCTTGGATTAT	гтосовасасьсью гтотоссосстве	TTGCACCAGA	213396 [°] 1725
Sbjct	21339674		CATGCGTGGCCATGTT				213396
Query	1726	TTAGCAG	TAGCTCCAGTAGCGCC	AGCTGATCCGCTGGC	GCACGGCTTGTGT 	CGTTGTCTGC	1785
Sbjct	21339614		TAGCTCCAGTAGCGCC				213395
Query	1786	AGCACCT	TCAAGCTGCGCTGACG	GTAGAGCTGTATATO	STGCTCCCCCAGA	TTGCTGAGTC	1845
Sbjct Query	21339554 1846	ACCCCAA	TCAAGCTGCGCTGACG TCACTGTCGTCTTCCC	GTAGAGCTGTATAT(TCCCTCCTCCAATC	ⅎℸĠℭℸℭℭℭℭK℞Å ℶ℞ℂͲℂÅℭℭⅆℂÅÅℼ	TTGCTGAGTC	213394: 1905
Sbjct	21339494		TCACTGTCGTCTTCCC TCACTGTCGTCTTCCC				213394
Query	1906	ĢŢĊĄĊĊĄ	ACTGTGTGGTCTGAGT	<mark>ĢĢ</mark> ĊŢĢĢĀĢĀŢĢŢĢĢĢ	GAACAGCTGCCAA	ACGAAGCTGA	1965
Sbjct	21339434	GTCACCA		GGCTGGAGATGTGG		ACGAAGCTGA	213393
Query	1966		ATTGCGAGGGACTCGC				2025
Sbjct	21339374		ATTĠĊĠĀĠĠĠĀĊŦĊĠĊ				213393
Query Sbjct	2026 21339314		CTGTCGTTCGCTGTTG 				2085 213392
Query	2086		асатооттоооттга асатооттооттга				2145
Sbjct	21339254	CCACGCA	ACATAGTCGTGTTCAA			TTGTTGTGGC	213391
Query	2146	TGATTGG	CAGTGGTGGTCAGTAC	GGTGCCCACGGTGGC	GCAAAGTGCTAAC 	GGAGACCACC	2205
Sbjct	21339194		ĊĀĠŦĠĠŦĠĠŦĊĀĠŦĀĊ				213391
Query Sbjct	2206 21339134		GCGATTGGGTCTGCAC 				2265 213390
Query	2266		ассаттоссте госас асбабатсбаласбат				2325
Sbjct	21339074	 GTCTGTG	 ACGAGATCGAAACGAT			CACCACCGAC	213390
Query	2326	GGAAGTG 	TCTGTACTGGAGTGGT	TAGGACCACACTCAC	CACTGGACTGGCC	CCCAGAAGCG	2385
Sbjct	21339014		tctgtactggagtggt				213389
Query	2386		ACTGTTGGGCTAATTG				2445
Sbjct Query	21338954 2446		ACTGTTGGGCTAATTG TCTTGACCAACTGTTG				213388 2505
Sbjct	21338894		TUTTGACCAACTGTTG TCTTGACCAACTGTTG				213388
Query	2506		ĢĊŢĠĊĠĠŢŢĠĠŢĠĠĀĠ				2565
Sbjct	21338834	AATTGCT		CAGGATGGCAGTCTC		GACATTGGAA	213387
Query	2566	CTGGTCA	AGTGCTGGATCTGCAG	CTGCTGCAACTGAC	CACCAGCAGCGGG	CACCGCCACT	2625

Sbjct	21338774	 CTGGTCAAGT		21338715
Query	2626	GTTGTCGTGC	GTGGTGGGTTGCTGCTGCACGAGCTCCACGGTTTGCTGGACGGGCAGAGTC	2685
Sbjct	21338714	GTTGTCGTG	stegtegettectecteckedesche sein sie der Stein d	21338655
Query	2686	TGTTGAACGT	TTTGAAACAGTGGGAAGTTGTTGCTGCACAACctgctgctgctgctgc	2745
Sbjct	21338654	TGTTGAACG	rttgaaacagtgggaagttgttgctgcacaacctgctgctgctgctgc	21338595
Query	2746	tgttgctg	2753	
Sbjct	21338594	TGCTGCTG	21338587	

Gaps

Frame

Strand

Drosophila melanogaster domino (dom), transcript variant G, mRNA Sequence ID: **ref|NM_001299747.1|** Length: 10626 Number of Matches: 2

Identities

Expect

Range 1: 7425 to 8816

Score

2549 bit	s(1380)	0.0()	1388/1392(99%)	0/1392(0%)	Plus/Minus	
Features	s:					
Query	1	tgctgctgctc	 ctgctgttgctgctg TC 	CAGTGGTGGTCGTA	AAGAGTGCTCCAGAGGCC	60
Sbjct	8816	tectectecte	ctectettectectectectectectectectectectec	ccactectccta	AAGAGTGCTCCAGAGGCC	875
Query	61				AGTAACATATCCCCTGCT	120
Sbjct	8756		'TTGAGCAGCAAGAATAT		AGTAACATATCCCCTGCT	869
Query	121				TGCAGCTGCTGCTTTCCG	180
Sbjct	8696 181				TTGCAGCTGCTGCTTTCCG	863 240
Query Sbjct	8636				ATTTGCACACTGCTTACC	85
Query	241				GAÇAÇGGÇÇAÇTTTTTGG	300
Sbjct	8576	ACGTTGCCTGC			GACACGGCCACTTTTGG	85
Query	301	CTTGTCACATG	CGTGGCCATGTTGCTAG	GCTTGGATTATTGTG	GCCGCCTGCTTGCACCAGA	360
Sbjct	8516	CTTGTCACAT	CGTGGCCATGTTGCTAG	scrrggarrarggre	GCCGCCTGCTTGCACCAGA	845
Query	361	TTAGCAGTAGC	TCCAGTAGCGCCAGCTG	ATCCGCTGGGCACG	GCTTGTGTCGTTGTCTGC	42
Sbjct	8456	ttagcagtagc	trccactaccccacctc	sktcccctccccccccccccccccccccccccccccccc	secttetetetetetetete	839
Query	421				CCCCAGATTGCTGAGTC	48
Sbjct	8396			AGCTGTATATGTGCT		833
Query	481 8336				CACCGGAATTCCCTTTGTG	54 (82)
Sbjct Query	541				ACCGGAATTCCCTTTGTG	600
Sbjct	8276				AGCTGCCAAACGAAGCTGA	82
Query	601				атададасаатадастда	66
Sbjct	8216	GTCTGGAATTG			ATAGAGACAATAGACTGA	81
Query	661	CCACCGGCTGT	'CGTTCGCTGTTGAAGGG	; ; ; ; ; ; ; ; ; ; ; ; ; ; ; ; ; ; ;	GTCGAGACAATCCGCTGA	72
Sbjct	8156	CCACCGGCTGT	CGTTCGCTGTTGAAGGG	rgtttcctgcagc1	GTCGAGACAATCCGCTGA	809
Query	721	CCACGCAACAT	GGTCGTGTTCAAAGTGC	TTACAGCCGTGGTC	TGATGCTGTTGTTGTGGC	780
Sbjct	8096	ccacccaacat	agtcgtgttcaaagtgd	sttacacccctcct	rtgatgctgttgttgtgc	803
Query	781				GTGCTAACGGAGACCACC	84
Sbjct	8036				GTGCTAACGGAGACCACC	79
Query	841 7976				AGAGCTGTTAACGGGCAGC	900 791
Sbjct Query	901				ĠĂĠĊŤĠŤŤĂĂĊĠĠĠĊĂĠĊ TGGGGTTGCACCACCGAC	96
Sbjct	7916		AGATCGAAACGATCTGGG 		TIGGGGTTGCACCACCGAC	78!
Query	961				GACTGGCCCCCAGAAGCG	102

Sbjct	7856	GGAAGTGTCTGTACTGGAGTGGTTAGGACCACACTCACACTGGACTGGCCCCCAGAAGCG	7797
Query	1021	ACTGCAGACTGTTGGGCTAATTGTTGCAATTGGCCCGCGGTCAAGCTGGAGGAGGTGCCG	1080
Sbjct	7796	ACTGCAGACTGTTGGGCTAATTGTTGCAATTGGCCCGCGGTCAAGCTGGAGGAGGTGCCG	7737
Query	1081	ACAATAGTCTTGACCAACTGTTGAGTATTGGATTGTCCACCCTGCCCGGGGTGCGTACGC	1140
Sbjct	7736	ACAATAGTCTTGACCAACTGTTGAGTATTGGATTGTCCACCCTGCCCGGGGTGCGTACGC	7677
Query	1141	AATTGCTGCTGCGGTTGGTGGAGCAGGATGGCAGTCTGTTGACCGGGCGAGACATTGGAA	1200
Sbjct	7676	AATTGCTGCTGCGGTTGGTGGAGCAGGATGGCAGTCTGTTGACCGGGCGAGACATTGGAA	7617
Query	1201	CTGGTCAAGTGCTGGATCTGCAGCTGCTGCAACTGACCACCAGCAGCGGGCACCGCCACT	1260
Sbjct	7616	ctggtcaagtgctggatctgcagctgctactgaccaccagcagcggcaccgccact	7557
Query	1261	GTTGTCGTGGTGGTGGGTTGCTGCTGCACGAGCTCCACGGTTTGCTGGACGGGCAGAGTC	1320
Sbjct	7556	GTTGTCGTGGTGGTGGGTTGCTGCTGCACGAGCTCCACGGTTTGCTGGACGGGCAGAGTC	7497
Query	1321	TGTTGAACGTTTGAAACAGTGGGAAGTTGTTGCTGCACAACctgctgctgctgctgctgc	1380
Sbjct	7496	tetteaacettteaaacaeteedaaettettectecacaaceteeteeteeteetee	7437
Query	1381	tgttgctgctgT 1392	
Sbjct	7436	tgctgctgt 7425	

Range 2: 7429 to 8816

Score		Expect	Identities	Gaps	Strand	Frame
2542 bit	ts(1376)	0.0()	1384/1388(99%)	0/1388(0%)	Plus/Minus	
Feature	s:					
Query	1366	tgctgctgctg	ctgctgttgctgctg T (CCAGTGGTGGTCGT	AAAGAGTGCTCCAG	AGGCC 1425
Sbjct	8816	†\$\$†\$\$†\$\$†\$	ctectettectecte	ccyctectect	aaadadtdctccad	AGGCC 8757
Query	1426	TGCTGCGCCTT	TTGAGCAGCAAGAATAT	TTATGACGCTTAAC	CAGTAACATATCCC	CTGCT 1485
Sbjct	8756	†gctgcgcctt	rrgagcagcaagaarar	tratgacgcttaac	ĊĀĠŦĀĀĊĀŦĀŦĊĊĊ	ĊŦĠĊ Ŧ 8697
Query	1486	GCTGTTGTGGT(GGTCGTTCCGTCAGCG(GACACCACTTGACG(CTGCAGCTGCTGCT 	
Sbjct	8696		ĠĠŦĊĠŦŦĊĊĠŦĊĂĠĊĠŒ			
Query	1546		CTTGATGAACTGCGTCC			
Sbjct	8636		ĊŢŢĠĄŢĠĄĄĊŢĠĊĠŢĊĊ			
Query Sbjct	1606 8576		CTGCACAGTAGTGGAGO 			
Query	1666		CGTGGCCATGTTGCTA(
Sbjct	8516					
Query	1726		ŢÇÇĄĢŢĄĢÇĢÇÇĄĢÇŢ(
Sbjct	8456	TTAGCAGTAGC			 GCTTGTGTCGTTG	 TCTGC 8397
Query	1786	AGCACCTTCAA	GCTGCGCTGACGGTAG	AGCTGTATATGTGC	PCCCCCAGATTGCT	GAGTC 1845
Sbjct	8396	AGCACCTTCAA	GCTGCGCTGACGGTAG	AGCTGTATATGTGC:	rccccadattdct	GAGTC 8337
Query	1846	ACGGGAATCAC'	rgtcgtcttccctccc	rgctgcaatgcgct(CACCGGAATTCCCT	TTGTG 1905
Sbjct	8336	accccca accc	rgtegtetteet	rgctgcaatgcgct	caccggaattccct	ਸੇਸ਼ੇਰੇਸ਼ੇ 8277
Query	1906	GTCACCAACTG'	TGTGGTCTGAGTGGCT(GGAGATGTGGGAAC 	AGCTGCCAAACGAA 	GCTGA 1965
Sbjct	8276	ĠŦĊĀĊĊĀĀĊŦĠ'	rĠrĠĠrĊrĠAĠrĠĠĊrĊ	ĠĠĀĠĀŦĠŦĠĠĠĀĀĊ	AĠĊŦĠĊĊĂĂĂĊĠĂĀ	
Query	1966		CGAGGGACTCGCGCCTT 			
Sbjct	8216		CGAGGGACTCGCGCCTT			
Query	2026		CGTTCGCTGTTGAAGG(
Sbjct	8156 2086		CGTTCGCTGTTGAAGG(GGTCGTGTTCAAAGTG(
Query Sbjct	8096		GGTCGTGTTCAAAGTGC 			
Query	2146		GGTGGTCAGTACGGTG(
Sbjct	8036		GGTGGTCAGTACGGTGC			
		1011110001010		20110001 00001MI	.1010011111000110H	

2206	TGTGGCAGCGATTGGGTCTGCACAATGCTGCCCAACTGGGGAGAGCTGTTAACGGGCAGC	2265
7976	TGTGGCAGCGATTGGGTCTGCACAATGCTGCCCAACTGGGGAGAGCTGTTAACGGGCAGC	7917
2266	GTCTGTGACGAGATCGAAACGATCTGGGCACCAGAGCCTATCTGGGGTTGCACCACCGAC	2325
7916	GTCTGTGACGAGATCGAAACGATCTGGGCACCAGAGCCTATCTGGGGTTTGCACCACCGAC	7857
2326	GGAAGTGTCTGTACTGGAGTGGTTAGGACCACACTCACACTGGACTGGCCCCCAGAAGCG	2385
7856	ĠĠAAĠŦĠŦĊŦĠŦAĊŦĠĠAĠŦĠĠŦŦAĠĠAĊĊAĊAĊŦĊAĊAĊŦĠĠAĊŦĠĠĊĊĊĊĊAĠAAĠĊĠ	7797
2386	ACTGCAGACTGTTGGGCTAATTGTTGCAATTGGCCCGCGGTCAAGCTGGAGGAGGTGCCG	2445
7796	Actigcagactigatiggetaattigtigcaattiggecegegeteaagetiggaggaggaggaggaggaggaggaggaggaggaggagga	7737
2446	ACAATAGTCTTGACCAACTGTTGAGTATTGGATTGTCCACCCTGCCCGGGGTGCGTACGC	2505
7736	AcAAtAGtcttdAccAActGttdAgtAttGdAttGtccAccctGcccGGGGtGcGtAcGc	7677
2506	AATTGCTGCTGCGGTTGGTGGAGCAGGATGGCAGTCTGTTGACCGGGCGAGACATTGGAA	2565
7676	AATTGCTGCTGCGGTTGGTGGAGCAGGATGGCAGTCTGTTGACCGGGCGAGACATTGGAA	7617
2566	CTGGTCAAGTGCTGGATCTGCAGCTGCTGCAACTGACCACCAGCAGCGGGCACCGCCACT	2625
7616	ĊŦĠĠŦĊĀĀĠŦĠĊŦĠĠĀŦĊŦĠĊĀĠĊŦĠĊŦĠĊĀĀĊŦĠĀĊĊĀĊĊĀĠĊĠĠĠĠĀĊĊĠĊĊĀĊŦ	7557
2626	GTTGTCGTGGTGGTGGGTTGCTGCTGCACGAGCTCCACGGTTTGCTGGACGGGCAGAGTC	2685
7556	ĠŦŦĠŦĊĠŦĠĠŦĠĠĠŦŦĠĊŦĠĊŦĠĊĀĊĠĀĠĊŦĊĊĀĊĠĠŦŦŦĠĊŦĠĠĀĊĠĠĠĊĀĠĀĠŦĊ	7497
2686	TGTTGAACGTTTGAAACAGTGGGAAGTTGTTGCTGCACAACctgctgctgctgctgc	2745
7496	†GTTGAACGTTTGAAACAGTGGGAAGTTGTTGCTGCACAACCTGCTGCTGCTGCTGCTGC	7437
2746	tgttgctg 2753	
7436	ΤĠCΤĠĊΤĠ 7429	
	7976 2266 7916 2326 7856 2386 7796 2446 7736 2506 7676 2566 7616 2626 7556 2686 7496 2746	TGTGGCAGCGATTGGGTCTGCACAATGCTGCCCAACTGGGGAGAGCTGTTAACGGGCAGC 2266 GTCTGTGACGAGATCGAAACGATCTGGGCACCAGAGCCTATCTGGGGTTGCACCACCGAC 7916 GTCTGTGACGAGATCGAAACGATCTGGGCACCAGAGCCTATCTGGGGTTGCACCACCGAC 2326 GGAAGTGTCTGTACTGGAGTGGTTAGGACCACCACCACCTGACCTGGACTGGCCCCCAGAAGCG 7856 GGAAGTGTCTGTACTGGAGTGGTTAGGACCACACTCACACTGGACTGGCCCCCAGAAGCG 2386 ACTGCAGACTGTTGGGCTAATTGTTGCAATTGGCCCGCGGGTCAAGCTGGAGAGGTGCCG 7796 ACTGCAGACTGTTGGGCTAATTGTTGCAATTGGCCCGCGGGTCAAGCTGGAGGAGGTGCCG 2446 ACAATAGTCTTGACCAACTGTTGAGTATTGGATTGTCCACCCTGCCCGGGGTGCGTACGC 7736 ACAATAGTCTTGACCAACTGTTGAGTATTGGATTGTCCACCCTGCCCGGGGTGCGTACGC 2506 AATTGCTGCTGCGGTTGGTGGAGCAGGATGGCAGTCTGTTGACCGGGCGAGACATTGGAA 7676 AATTGCTGCTGCGGTTGGTGGAGCAGGATGGCAGTCTGTTGACCGGGCGAGACATTGGAA 2566 CTGGTCAAGTGCTGGATCTGCAGCTGCTGCAACTGACCACCAGCAGCGGGCACCGCCACT 7616 CTGGTCAAGTGCTGGATCTGCAGCTGCTGCAACTGACCACCAGCAGCGGGCACCGCCACT 7616 CTGGTCAAGTGCTGGATCTGCAGCTGCTGCAACTGACCACCAGCAGCGGGCACCGCCACT 7616 CTGGTCAAGTGCTGGATCTGCAGCTGCTGCAACTGACCACCAGCAGCGGGCACCGCCACT 7616 CTGGTCAAGTGCTGGATCTGCAGCTGCTGCAACTGACCACCAGCAGCGGGCACCGCCACT 7616 CTGGTCAAGTGCTGGATCTGCAGCTGCTGCACCACCACCAGCAGCGGGCACCGCCACT 7616 CTGGTCAAGTGCTGGATCTGCAGCTGCTGCACCACCACCAGCAGCGGCAACGCCCCACT 7616 CTGGTCAAGTGCTGGATCTGCAGCTGCTGCACCACCACCAGCAGCGGCAACGCCCCCCCT 7616 CTGGTCAAGTGCTGGATCTGCAGCTGCTGCACCACCACCAGCAGCGGCAACGCCCACT 7616 CTGGTCAAGTGCTGGATCTGCAGCTGCTGCACCACCACCAGCAGCGGCAACGCCCACT 7616 CTGGTCAAGTGCTGGATCTGCAGCACCTGCACACCCAGCAGCGGCAACTCCACGGTTTGCTGAACGGCCACGCCACT 7616 CTGGTCAAGTGCTGGATCTGCAGCACCTGCACACCCAGCAGCGGCAACTCCACGGTTTGCTGAACGTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG

Drosophila melanogaster domino (dom), transcript variant A, mRNA Sequence ID: **ref|NM_080094.4|** Length: 10521 Number of Matches: 2 Range 1: 7320 to 8711

Score		Expect	Identities	Gaps	Strand	Frame	_
2549 bits	s(1380)	0.0()	1388/1392(99%)	0/1392(0%)	Plus/Minus		_
Features	S :						
Query	1	tgctgctgctgc	ctgctgttgctgctgT	CCAGTGGTGGTCGT <i>I</i>	AAAGAGTGCTCCA	GAGGCC 60	0
Sbjct	8711	†qqqqqqqqqqqqqqqqqqqqqqqqqqqqqqqqqqqqq	ctdctdttdctdctdt	ccagtggtggtcgt	AAAGAGTGCTCCA	GAGGCC 80	652
Query	61	TGCTGCGCCTTT	PTGAGCAGCAAGAATA	TTATGACGCTTAACC	CAGTAACATATCC	CCTGCT 12	20
Sbjct	8651	tectecect	rtgagcagcaagaata	ttatgacgcttaacd	cagtaacatatcc	CCTGCT 85	592
Query	121	GCTGTTGTGGTC	GTCGTTCCGTCAGCG	GACACCACTTGACGO	TGCAGCTGCTGC	TTTCCG 18	80
Sbjct	8591	\$\delta\$\delta\$\delta\$\delta\$\delta\$	get cent con the second se	gycycqqcyqqqqqqqqqqqqqqqqqqqqqqqqqqqqqq	ctecyectec	र्मर्मर्द्रदे ४:	532
Query	181	GCCGCCATCTGC	CTTGATGAACTGCGTC	CTGGCCTGTCCGTGC	CATTTGCACACTG	CTTACC 24	40
Sbjct	8531	¢¢¢¢¢¢A†¢†¢¢	cttgatgaactgcgtc	ctgccttctccctcc	catttgcacactg	cttacc 84	472
Query	241	ACGTTGCCTGCC	CTGCACAGTAGTGGAG 	GTGCCCGGCATTCCC	CGACACGGCCACT	TTTTGG 30	00
Sbjct	8471	Accttccc	ĊŦĠĊĀĊĀĠŦĀĠŦĠĠĀĀ	ĠŦĠĊĊĊĠĠĊĂŦŦĊĊĊ	cgacacgccact	ttttgg 84	412
Query	301	CTTGTCACATGO	CGTGGCCATGTTGCTA 	GCTTGGATTATTGT(CCGCCTGCTTGC	ACCAGA 36	60
Sbjct	8411	Ċ r rdrcacardo	cerecetate	ĠĊϮϮĠĠĂϮϮĂϮĠĠϮĊ	sccccttcttcc	AĊĊĀĠĀ 8:	352
Query	361	TTAGCAGTAGCT	FCCAGTAGCGCCAGCT 	GATCCGCTGGGCACG	GCTTGTGTCGTT	GTCTGC 42	20
Sbjct	8351	tradcadradca	tccagtagcgccagct	ĠĀŦĊĊĠĊŦĠĠĠĊĀĊĊ	sĠĊŦŦĠŦĠŦĊĠŦŦ	ĠŦĊŦĠĊ 82	292
Query	421	AGCACCTTCAAC	GCTGCGCTGACGGTAG 	AGCTGTATATGTGC7	CCCCCAGATTGC	TGAGTC 48	80
Sbjct	8291	AĠĊĀĊĊŢŢĊĀĀĊ	screcected acceptage of the contraction of the cont	AĠĊŦĠŦĀŦĀŦĠŦĠĊſ	rccccadattdc	tĠĀĠtĊ 82	232
Query	481		rgtcgtcttccctccc 	11111111111111			40
Sbjct	8231	Accccada	teteeteteetee	tgctgcyytgc	cacciciaaattccc	tttgtg 8:	172
Query	541	GTCACCAACTGT	rgtggtctgagtggct 	GGAGATGTGGGAAC <i>I</i>	AGCTGCCAAACGA	AGCTGA 60	00
Sbjct	8171	ĠtċaċċaaċtĠī	teteetete	ĠĠĀĠĀŦĠŦĠĠĠĀĀĊŹ	AGCTGCCAAACGA	AĠĊŦĠĀ 8:	112
Query	601	GTCTGGAATTG	CGAGGGACTCGCGCCT	TGTCCTAAGTTCGGC	CATAGAGACAATA	GACTGA 6	60

Sbjct	8111	GTCTGGAATTGCGAGGGACTCGCGCCTTGTCCTAAGTTCGGCATAGAGACAATAGACTGA	8052
Query	661	CCACCGGCTGTCGCTGTTGAAGGGTGTTTCCTGCAGCTGTCGAGACAATCCGCTGA	720
Sbjct	8051	CCACCGGCTGTCGCTGTTGAAGGGTGTTTCCTGCAGCTGTCGAGACAATCCGCTGA	7992
Query	721	CCACGCAACATGGTCGTGTTCAAAGTGGTTACAGCCGTGGTCTGATGCTGTTGTTGTGGC	780
Sbjct	7991	ccacgcaacatagtcgtgttcaaagtggttacagccgtggtctgatgctgttgttgtgc	7932
Query	781	TGATTGGCAGTGGTCAGTACGGTGCCCACGGTGGGCAAAGTGCTAACGGAGACCACC	840
Sbjct	7931	tgattggcagtggtggtcagtacggtgcccacggtggcaaaagtgctaacggagaccacc	7872
Query	841	TGTGGCAGCGATTGGGTCTGCACAATGCTGCCCAACTGGGGAGAGCTGTTAACGGGCAGC	900
Sbjct	7871	teregeaetes teregeaetes de la composition della c	7812
Query	901	GTCTGTGACGAGATCGAAACGATCTGGGCACCAGAGCCTATCTGGGGTTGCACCACCGAC	960
Sbjct	7811	ĠŦĊŦĠŦĠĀĊĠĀĠĀŦĊĠĀĀĀĊĠĀŦĊŦĠĠĠĊĀĊĊĀĠĀĠĊĊŦĀŦĊŦĠĠĠĠŦŦĠĊĀĊĊĀĊĊĠĀĊ	7752
Query	961	GGAAGTGTCTGTACTGGAGTGGTTAGGACCACACTCACACTGGACTGGCCCCCAGAAGCG	1020
Sbjct	7751	ĠĠAAĠŦĠŦĊŦĠŦAĊŦĠĠAĠŦĠĠŦŦAĠĠAĊĊAĊAĊŦĊAĊAĊŦĠĠAĊŦĠĠĊĊĊĊĊAĠAAĠĊĠ	7692
Query	1021	ACTGCAGACTGTTGGGCTAATTGTTGCAATTGGCCCGCGGTCAAGCTGGAGGAGGTGCCG	1080
Sbjct	7691	ACTGCAGACTGTTGGGCTAATTGTTGCAATTGGCCCGCGCGCTCAAGCTGCAGGAGGTGCCG	7632
Query	1081	ACAATAGTCTTGACCAACTGTTGAGTATTGGATTGTCCACCCTGCCCGGGGTGCGTACGC	1140
Sbjct	7631	ACAATAGTCTTGACCAACTGTTGAGTATTGGATTGTCCACCCTGCCCGGGGTGCGTACGC	7572
Query	1141	AATTGCTGCTGCGGTTGGTGGAGCAGGATGGCAGTCTGTTGACCGGGCGAGACATTGGAA	1200
Sbjct	7571	AATTGCTGCTGCGGTTGGTGGAGCAGGATGGCAGTCTGTTGACCGGGCGAGACATTGGAA	7512
Query	1201	CTGGTCAAGTGCTGGATCTGCAGCTGCTGCAACTGACCACCAGCAGCGGGCACCGCCACT	1260
Sbjct	7511	ĊŤĠĠŤĊĂĂĠŤĠĊŤĠĠĂŤĊŤĠĊĂĠĊŤĠĊŤĠĊĂĂĊŤĠĂĊĊĂĊĊĂĠĊĂĠĊĠĠĠĊĂĊĊĠĊĊĂĊŤ	7452
Query	1261	GTTGTCGTGGTGGTGGGTTGCTGCTGCACGAGCTCCACGGTTTGCTGGACGGCAGAGTC	1320
Sbjct	7451	GTTGTCGTGGTGGGTTGCTGCTGCACGAGCTCCACGGTTTGCTGGACGGCAGAGTC	7392
Query	1321	TGTTGAACGTTTGAAACAGTGGGAAGTTGTTGCTGCACAACctgctgctgctgctgc	1380
Sbjct	7391	TĠTTĠAAĊĠTTTĠAAAĊAĠTĠĠĠAAĠTTĠTTĠĊTĠĊĀĊAAĊĊŢĠĊŢĠĊŢĠĊŢĠĊŢĠĊŢĠĊ	7332
Query	1381	tgttgctgctgT 1392	
Sbjct	7331	TĠCTĠĊTĠĊTĠT 7320	

Range 2: 7324 to 8711

Score		Expect	Identities	Gaps	Strand	Frame
2542 bit	s(1376)	0.0()	1384/1388(99%)	0/1388(0%)	Plus/Minus	
Features	S:					
Query	1366	tgctgctgctg	ctgctgttgctgctg!	rccagtggtggtcgt <i>i</i>	AAGAGTGCTCCA	GAGGCC 1425
Sbjct	8711	49549549549	ĊŦĠĊŦĠŦŦĠĊŦĠĊŦĠ;	rccagtggtggtcgtz	AAAGAGTGCTCCA	GAGGCC 8652
Query	1426	TGCTGCGCCTT	TTGAGCAGCAAGAAT	ATTATGACGCTTAAC(CAGTAACATATCC	CCTGCT 1485
Sbjct	8651	†gc†gcgcc††	rtgagcagcaagaatz	ATTATGACGCTTAACG	CAGTAACATATCC	CCTGCT 8592
Query	1486	GCTGTTGTGGT	GGTCGTTCCGTCAGC	GGACACCACTTGACG	CTGCAGCTGCTGC	TTTCCG 1545
Sbjct	8591	देदमदेममदेमदेदेदे	ggtcgttccgtcagc	GGACACCACTTGACG	ctdcadctdctdc	र्मर्मर्ट्टि 8532
Query	1546	GCCGCCATCTG	CTTGATGAACTGCGT(CCTGGCCTGTCCGTG(CATTTGCACACTG	CTTACC 1605
Sbjct	8531	gccgccatctg	cttgatgaactgcgt	ccteecctetccete	catttgcacactg	cttacc 8472
Query	1606	ACGTTGCCTGC	CTGCACAGTAGTGGA(GGTGCCCGGCATTCC	CGACACGGCCACT	TTTTGG 1665
Sbjct	8471	Accttdcctdc	ctgcacagtagtgga	AGTGCCCGGCATTCC	cgacacggccact	र्मर्मपेदेंदे 8412
Query	1666	CTTGTCACATG	CGTGGCCATGTTGCT	AGCTTGGATTATTGT(GCCGCCTGCTTGC	ACCAGA 1725
Sbjct	8411	cttctcacatc	cgtggccatgttgct	AGCTTGGATTATGGT0	ęccectactac	Accada 8352
Query	1726	TTAGCAGTAGC	rccagtagcgccagc'	rgatccgctgggcac(GCTTGTGTCGTT	GTCTGC 1785
Sbjct	8351	TTAGCAGTAGC'	rccagtagcgccagc	rgatcccctcgcdcaco	ĠĠĊŦŦĠŦĠŦĊĠŦŦ	GTCTGC 8292
Query	1786	AGCACCTTCAA	GCTGCGCTGACGGTA	GAGCTGTATATGTGC	CCCCCAGATTGC	TGAGTC 1845
Sbjct	8291	AGCACCTTCAA	gctgcgctgacggta	GAGCTGTATATGTGC	rccccadattdc	TGAGTC 8232

Query	1846	ACGGGAATCACTGTCGTCTTCCCTCCCTGCTGCAATGCGCTCACCGGAATTCCCTTTGTG	1905
Sbjct	8231	AcGGGAATCACTGTCGTCTTCCCTCCCTGCTGCAATGCGCTCACCGGAATTCCCCTTTGTG	8172
Query	1906	GTCACCAACTGTGTGGTCTGAGTGGCTGGAGATGTGGGAACAGCTGCCAAACGAAGCTGA	1965
Sbjct	8171	ĠŦĊĂĊĊĂĂĊŦĠŦĠŦĠĠĊŦĠĀĠŦĠĠĊŦĠĠĀĠĀŦĠŦĠĠĠĀĀĊĀĠĊŦĠĊĊĀĀĀĊĠĀĀĠĊŦĠĀ	8112
Query	1966	GTCTGGAATTGCGAGGGACTCGCGCCTTGTCCTAAGTTCGGCATAGAGACAATAGACTGA	2025
Sbjct	8111	ĠŦĊŦĠĠĀĀŦŦĠĊĠĀĠĠĀĊŦĊĠĊĠĊĊŦŦĠŦĊĊŦĀĀĠŦŦĊĠĠĊĀŦĀĠĀĠĀĊĀĀŦĀĠĀĊŦĠĀ	8052
Query	2026	CCACCGGCTGTCGCTGTTGAAGGGTGTTTCCTGCAGCTGTCGAGACAATCCGCTGA	2085
Sbjct	8051	ĊĊĂĊĊĠĠĊŦĠŦĊĠŦŦĊĠĊŦĠŦŦĠĂĂĠĠĠŦĠŦŦŦĊĊŦĠĊĀĠĊŦĠŦĊĠĀĠĀĊĀĀŦĊĊĠĊŦĠĀ	7992
Query	2086	CCACGCAACATGGTCGTGTTCAAAGTGGTTACAGCCGTGGTCTGATGCTGTTGTTGTGGC	2145
Sbjct	7991	ĊĊĂĊĠĊĂĂĊĂŦĀĠŦĊĠŦĠŦŦĊĂĂĂĠŦĠĠŦŦĂĊĂĠĊĊĠŦĠĠŦĊŦĠĂŦĠĊŦĠŦŦĠŦŦĠŦĠĠĊ	7932
Query	2146	TGATTGGCAGTGGTCAGTACGGTGCCCACGGTGGGCAAAGTGCTAACGGAGACCACC	2205
Sbjct	7931	TĠĂŢŢĠĊĀĠŢĠĠŢĠĠŢĊĀĠŢĀĊĠĠŢĠĊĊĀĊĠĠŢĠĠĠĊĀĀĀĠŢĠĊŢĀĀĊĠĠĀĠĀĊĊĀĊĊ	7872
Query	2206	TGTGGCAGCGATTGGGTCTGCACAATGCTGCCCAACTGGGGAGAGCTGTTAACGGGCAGC	2265
Sbjct	7871	TĠŦĠĠĊĀĠĊĠĀŦŦĠĠĠŦĊŦĠĊĀĊĀĀŦĠĊŦĠĊĊĊĀĀĊŦĠĠĠĠĀĠĀĠĊŦĠŦŦĀĀĊĠĠĠĊĀĠĊ	7812
Query	2266	GTCTGTGACGAGATCGAAACGATCTGGGCACCAGAGCCTATCTGGGGTTGCACCACCGAC	2325
Sbjct	7811	ĠŦĊŦĠŦĠĂĊĠĂĠĂŦĊĠĂĂĂĊĠĂŦĊŦĠĠĠĊĂĊĊĂĠĂĠĊĊŦĂŦĊŦĠĠĠĠŦŦĠĊĂĊĊĂĊĊĠĂĊ	7752
Query	2326	GGAAGTGTCTGTACTGGAGTGGTTAGGACCACACTCACACTGGACTGGCCCCCAGAAGCG	2385
Sbjct	7751	ĠĠĂĂĠŤĠŤĊŤĠŤĂĊŤĠĠĂĠŤĠĠŤŤĂĠĠĂĊĊĂĊĂĊŤĊĂĊĂĊŤĠĠĂĊŤĠĠĊĊĊĊĊĠĠĂĀĠĊĠ	7692
Query	2386	ACTGCAGACTGTTGGGCTAATTGTTGCAATTGGCCCGCGGTCAAGCTGGAGGAGGTGCCG	2445
Sbjct	7691	ACTGCAGACTGTTGGGCTAATTGTTGCAATTGGCCCGCGGTCAAGCTGGAGGAGGTGCCG	7632
Query	2446	ACAATAGTCTTGACCAACTGTTGAGTATTGGATTGTCCACCCTGCCCGGGGTGCGTACGC	2505
Sbjct	7631	ACAATAGTCTTGACCAACTGTTGAGTATTGGATTGTCCACCCTGCCCGGGGTGCGTACGC	7572
Query	2506	AATTGCTGCTGCGGTTGGTGGAGCAGGATGGCAGTCTGTTGACCGGGCGAGACATTGGAA	2565
Sbjct	7571	ÄÄTTĠĊŢĠĊŢĠĊĠĠŢŢĠĠŢĠĠĀĠĊĀĠĠĀŢĠĠĊĀĠŢĊŢĠŢŢĠĀĊĊĠĠĠĊĠĀĠĀĊĀŢŢĠĠĀĀ	7512
Query	2566	CTGGTCAAGTGCTGGATCTGCAGCTGCTGCAACTGACCACCAGCAGCGGGCACCGCCACT	2625
Sbjct	7511	ĊŢĠĠŢĊĀĀĠŢĠĊŢĠĠĀŢĊŢĠĊĀĠĊŢĠĊŢĠĊĀĀĊŢĠĀĊĊĀĊĊĀĠĊĠĠĠĠĊĀĊĊĠĊĊĀĊŢ	7452
Query	2626	GTTGTCGTGGTGGTGGTTGCTGCTGCACGAGCTCCACGGTTTGCTGGACGGCAGAGTC	2685
Sbjct	7451	GTTGTCGTGGTGGGTTGCTGCTGCACGAGCTCCACGGTTTGCTGGACGGCAGAGTC	7392
Query	2686	TGTTGAACGTTTGAAACAGTGGGAAGTTGTTGCTGCACAACctgctgctgctgctgc	2745
Sbjct	7391	ŤĠŤŤĠĂĂĊĠŤŤŤĠĂĂĂĊĂĠŤĠĠĠĂĂĠŤŤĠŤŤĠĊŤĠĊŤĠĊĂĊĂĂĊĊŤĠĊŤĠĊŤĠĊŤĠĊŤĠĊŤĠĊ	7332
Query	2746	tgttgctg 2753	
Sbjct	7331	TĠCTĠĊTĠ 7324	

Drosophila melanogaster domino (dom), transcript variant D, mRNA Sequence ID: **ref|NM_166446.3|** Length: 10178 Number of Matches: 2 Range 1: 7320 to 8711

Score		Expect	Identities	Gaps	Strand	Frame	
2549 bits	s(1380)	0.0()	1388/1392(99%)	0/1392(0%)	Plus/Minus		
Features	3:						
Query	1	tgctgctgctg	ctgctgttgctgctg T(CCAGTGGTGGTCGT <i>I</i>	AAGAGTGCTCCA	GAGGCC	60
Sbjct	8711	tgctgctgctg	ctdctdttdctdctdt	CCAGTGGTGGTCGT	AAAGAGTGCTCCA	GAGGCC	8652
Query	61	TGCTGCGCCTT	TTGAGCAGCAAGAATAT	TTATGACGCTTAAC(CAGTAACATATCC	CCTGCT	120
Sbjct	8651	tectecect	ttgagcagcaagaatar	ttatgacgcttaacd	cagtaacatatcc	сстест	8592
Query	121	GCTGTTGTGGT	GGTCGTTCCGTCAGCG(GACACCACTTGACG(CTGCAGCTGCTGC	TTTCCG	180
Sbjct	8591	\$\delta \delta \	ĠĠŦĊĠŦŦĊĊĠŦĊĂĠĊĠŒ	gacaccacttgacgo	ctdcadctdctdc	ተተተረረ	8532
Query	181	GCCGCCATCTG	CTTGATGAACTGCGTC	CTGGCCTGTCCGTG(CATTTGCACACTG	CTTACC	240
Sbjct	8531	gccgccatctg	cttgatgaactgcgtc	cteecctetce	catttgcacactg	cttacc	8472

Query	241	АС ĢŢŢĢĊĊŢĢĊĀĊĀĢŢĀĢŢĢĢĀĢŢĢĊĊĢĢĊĀŢŢĊĊĢĀĊĀĊĢĢĊĊĀĊŢŢŢŢŢĢĢ	300
Sbjct	8471	ACGTTGCCTGCCACAGTAGTGGAAGTGCCCGGCATTCCCGACACGGCCACTTTTTGG	8412
Query	301	CTTGTCACATGCGTGGCCATGTTGCTAGCTTGGATTATTGTGCCGCCTGCTTGCACCAGA	360
Sbjct	8411	cttgtcacatgcgtggccatgttgctagcttggattatggtgccgcctgcttgcaccaga	8352
Query	361	TTAGCAGTAGCTCCAGTAGCGCCAGCTGATCCGCTGGGCACGGCTTGTCTGTC	420
Sbjct	8351	ttagcagtagctccagtagcgccagctgatccgctgggcacggcttgtgtcgttgtctgc	8292
Query	421	AGCACCTTCAAGCTGCGCTGACGGTAGAGCTGTATATGTGCTCCCCCAGATTGCTGAGTC	480
Sbjct	8291	AGCACCTTCAAGCTGCGCTGACGGTAGAGCTGTATATGTGCTCCCCCAGATTGCTGAGTC	8232
Query	481	ACGGGAATCACTGTCGTCTTCCCTCCCTGCTGCAATGCGCTCACCGGAATTCCCTTTGTG	540
Sbjct	8231	AcGGGAATCACTGTCGTCTTCCCTCCCTGCTGCAATGCGCTCACCGGAATTCCCCTTTGTG	8172
Query	541	GTCACCAACTGTGTGGTCTGAGTGGCTGGAGATGTGGGAACAGCTGCCAAACGAAGCTGA	600
Sbjct	8171	ĠŦĊĂĊĊĂĂĊŦĠŦĠŦĠĠĊŦĠĀĠŦĠĠĊŦĠĠĀĠĀŦĠŦĠĠĠĀĀĊĀĠĊŦĠĊĊĀĀĀĊĠĀĀĠĊŦĠĀ	8112
Query	601	GTCTGGAATTGCGAGGGACTCGCGCCTTGTCCTAAGTTCGGCATAGAGACAATAGACTGA	660
Sbjct	8111	ĠŤĊŤĠĠĂĂŤŤĠĊĠĂĠĠĠĂĊŤĊĠĊĠĊĊŤŤĠŤĊĊŤĂĂĠŤŤĊĠĠĊĂŤĂĠĂĠĂĊĂĂŤĂĠÁĊŤĠÁ	8052
Query	661	CCACCGGCTGTCGCTGTTGAAGGGTGTTTCCTGCAGCTGTCGAGACAATCCGCTGA	720
Sbjct	8051	CCACCGGCTGTCGCTGTTGAAGGGTGTTTCCTGCAGCTGTCGAGACAATCCGCTGA	7992
Query	721	CCACGCAACATGGTCGTGTTCAAAGTGGTTACAGCCGTGGTCTGATGCTGTTGTTGTGGC	780
Sbjct	7991	ĊĊĂĊĠĊĂĂĊĂŦĀĠŦĊĠŦĠŦŦĊĂĂĂĠŦĠĠŦŦĂĊĂĠĊĊĠŦĠĠŦĊŦĠĂŦĠĊŦĠŦŦĠŦŦĠŦĠĠĊ	7932
Query	781 7931	TGATTGGCAGTGGTCAGTACGGTGCCCACGGTGGGCAAAGTGCTAACGGAGACCACC	840 7872
Sbjct Query	841	TGTGGCAGCGATTGGGTCTGCACAATGCTGCCCAACTGGGGAGAGCTGTTAACGGGCAGC	900
Sbjct	7871	TGTGGCAGCGATTGGGTCTGCACAATGCTGCCCAACTGGGGAGAGCTGTTAACGGGCAGC	7812
Query	901	GTCTGTGACGAGATCGAAACGATCTGGGCACCAGAGCCTATCTGGGGTTGCACCACCGAC	960
Sbjct	7811	GTCTGTGACGAGATCGAAACGATCTGGGCACCAGAGCCTATCTGGGGTTGCACCACCGAC	7752
Query	961	ĢĢĄĄĢŢĢŢÇŢĢŢĄÇŢĢĢĄĢŢĢĢŢŢĄĢĢĄÇÇĄÇĄÇĄÇŢÇĄÇĄÇŢĢĢĄÇŢĢĢÇÇÇÇÇĄĢĄĄĢÇĢ	1020
Sbjct	7751	GGAAGTGTCTGTACTGGAGTGGTTAGGACCACACTCACACTGGACTGGCCCCCAGAAGCG	7692
Query	1021	ACTGCAGACTGTTGGGCTAATTGTTGCAATTGGCCCGCGGTCAAGCTGGAGGAGGTGCCG	1080
Sbjct	7691	ACTGCAGACTGTTGGGCTAATTGTTGCAATTGGCCCGCGGTCAAGCTGGAGGAGGTGCCG	7632
Query	1081	ACAATAGTCTTGACCAACTGTTGAGTATTGGATTGTCCACCCTGCCCGGGGTGCGTACGC	1140
Sbjct	7631	Acaatagtettgaecaactgttgagtattggattgteeaceetgeeggggtgeetaege	7572
Query	1141	AATTGCTGCTGCGGTTGGTGGAGCAGGATGGCAGTCTGTTGACCGGGCGAGACATTGGAA	1200
Sbjct	7571	AATTĠĊŦĠĊĠĠĠŦŦĠĠŦĠĠAĠĊAĠĠAŦĠĠĊAĠŦĊŦĠŦŦĠAĊĊĠĠĠĊĠAĠAĊAŦŦĠĠAA	7512
Query	1201	CTGGTCAAGTGCTGGATCTGCAGCTGCTGCAACTGACCACCAGCAGCGGGCACCGCCACT	1260
Sbjct	7511	ĊŦĠĠŦĊĀĀĠŦĠĊŦĠĠĀŦĊŦĠĊĀĠĊŦĠĊŦĠĊĀĀĊŦĠĀĊĊĀĊĊĀĠĊĀĠĊĠĠĠĊĀĊĊĠĊĊĀĊŦ	7452
Query	1261	GTTGTCGTGGTGGTGGGTTGCTGCTGCACGAGCTCCACGGTTTGCTGGACGGGCAGAGTC	1320
Sbjct	7451	ĠŦŦĠŦĊĠŦĠĠŦĠĠĠŦŦĠĊŦĠĊŦĠĊĀĊĠĀĠĊŦĊĊĀĊĠĠŦŦŦĠĊŦĠĠĀĊĠĠĠĊĀĠĀĠŦĊ	7392
Query	1321	TGTTGAACGTTTGAAACAGTGGGAAGTTGTTGCTGCACAACctgctgctgctgctgctgc	1380
Sbjct	7391	ŤĠŤŤĠĂĂĊĠŤŤŤĠĂĂĂĊĂĠŤĠĠĠĂĂĠŤŤĠŤŤĠĊŤĠĊŤĠĊĂĊĂĂĊĊŤĠĊŤĠĊŤĠĊŤĠĊŤĠĊŤĠĊ	7332
Query	1381	tgttgctgctgT 1392	
Sbjct	7331	TĠCTĠĊTĠĊTĠT 7320	

Range 2: 7324 to 8711

Score		Expect	Identities	Gaps	Strand	Frame	
2542 bits(1376)		376) 0.0() 1384/1388(99%)		0/1388(0%)	Plus/Minus		
Feature	s:						
Query	1366	tgctgctgctg	ctgctgttgctgctgTC	CCAGTGGTGGTCGT	AAAGAGTGCTCCA	.GAGGCC	1425
Sbjct	8711	TGCTGCTGCTG	CTGCTGTTGCTGCTGTC	CAGTGGTGGTCGT	AAAGAGTGCTCCA	.GAGGCC	8652
Query	1426	TGCTGCGCCTT	TTGAGCAGCAAGAATAT	TTATGACGCTTAAC	CAGTAACATATCC	CCTGCT	1485

Sbjct	8651	TGCTGCGCCTTTTGAGCAGCAAGAATATTATGACGCTTAACCAGTAACATATCCCCTGCT	8592
Query	1486	GCTGTTGTGGTGGTCGTTCCGTCAGCGGACACCACTTGACGCTGCAGCTGCTGCTTTCCG	1545
Sbjct	8591	detettetetetetetetetetetetetetetetetete	8532
Query	1546	GCCGCCATCTGCTTGATGAACTGCGTCCTGGCCTGTCCGTGCATTTGCACACTGCTTACC	1605
Sbjct	8531	ĠĊĊĠĊĊĂŢĊŢĠĊŢŢĠĂŢĠĂĀĊŢĠĊĠŢĊĊŢĠĠĊĊŢĠŢĊĊĠŢĠĊĂŢŢŢĠĊĀĊĀĊŢĠĊŢŢĀĊĊ	8472
Query	1606	ACGTTGCCTGCCTGCACAGTAGTGGAGGTGCCCGGCATTCCCGACACGGCCACTTTTTGG	1665
Sbjct	8471 1666	ACGTTGCCTGCCTGCACAGTAGTGGAAGTGCCCGGCATTCCCGACACGGCCACTTTTTGG CTTGTCACATGCGTGGCCATGTTGCTAGCTTGGATTATTGTGCCGCCTGCTTGCACCAGA	8412 1725
Query Sbjct	8411	CTTGTCACATGCGTGGCCATGTTGCTAGCTTGGATTATTGTGCCGCCTGCTTGCACCAGA	8352
Query	1726	ТТАĞÇAĞTAĞÇTÇÇAĞTAĞÇĞÇÇAĞÇTĞATÇÇĞÇTĞĞĞÇAÇĞĞÇТТĞТĞТÇТТĞТСТĞÇ	1785
Sbjct	8351	TTAGCAGTAGCTCCAGTAGCGCCAGCTGATCCGCTGGGCACGGCTTGTGTCTGC	8292
Query	1786	AGCACCTTCAAGCTGCGCTGACGGTAGAGCTGTATATGTGCTCCCCCAGATTGCTGAGTC	1845
Sbjct	8291	AGCACCTTCAAGCTGCGCTGACGGTAGAGCTGTATATGTGCTCCCCCAGATTGCTGAGTC	8232
Query	1846	ACGGGAATCACTGTCGTCTTCCCTCCCTGCTGCAATGCGCTCACCGGAATTCCCTTTGTG	1905
Sbjct	8231	ACGGGAATCACTGTCGTCTTCCCTCCCTGCTGCAATGCGCTCACCGGAATTCCCTTTGTG	8172
Query	1906 8171	GTCACCAACTGTGTGGTCTGAGTGGCTGGAGATGTGGGAACAGCTGCCAAACGAAGCTGA	1965 8112
Sbjct Query	1966	GTCTGGAATTGCGAGGGACTCGCGCCTTGTCCTAAGTTCGGCATAGAGACAATAGACTGA	2025
Sbjct	8111	GTCTGGAATTGCGAGGGACTCGCGCCTTGTCCTAAGTTCGGCATAGAGACAATAGACTGA	8052
Query	2026	ССАССБСТСТСТССТСТСТСТСТСТСТСТСТСТСТСТСТС	2085
Sbjct	8051	CCACCGCTGTCGCTGTTGAAGGGTGTTTCCTGCAGCTGTCGAGACAATCCGCTGA	7992
Query	2086	CCACGCAACATGGTCGTGTTCAAAGTGGTTACAGCCGTGGTCTGATGCTGTTGTTGTGGC	2145
Sbjct	7991	ĊĊĂĊĠĊĂĂĊĂŤĀĠŤĊĠŤĠŤŤĊĂĂĂĠŤĠĠŤŤĂĊĂĠĊĊĠŤĠĠŤĊŤĠĂŤĠĊŤĠŤŤĠŤŤĠŤĠĠĊ	7932
Query	2146	TGATTGGCAGTGGTCAGTACGGTGCCCACGGTGGCCAAAGTGCTAACGGAGACCACC	2205
Sbjct	7931 2206	TGATTGGCAGTGGTCAGTACGGTGCCCACGGTGGGCAAAGTGCTAACGGAGACCACC TGTGGCAGCGATTGGGTCTGCACAATGCTGCCCAACTGGGGAGAGCTGTTAACGGGCAGC	7872 2265
Query Sbjct	7871	TGTGGCAGCGATTGGGTCTGCACAATGCTGCCCAACTGGGGAGAGCTGTTAACGGGCAGC	7812
Query	2266	ĢŢĊŢĢŢĢĄĊĢĄĢĄŢĊĢĄĄĄĊĢĄŢĊŢĢĢĢĊĄĊĊĄĢĄĢĊĊŢĄŢĊŢĢĢĢĢŢŢĢĊĄĊĊĄĊĊĢĄĊ	2325
Sbjct	7811	GTCTGTGACGAGATCGAAACGATCTGGGCACCAGAGCCTATCTGGGGTTGCACCACCGAC	7752
Query	2326	GGAAGTGTCTGTACTGGAGTGGTTAGGACCACACTCACACTGGACTGGCCCCCAGAAGCG	2385
Sbjct	7751	GGAAGTGTCTGTACTGGAGTGGTTAGGACCACACTCACACTGGACTGGCCCCCAGAAGCG	7692
Query	2386	ACTGCAGACTGTTGGGCTAATTGTTGCAATTGGCCCGCGGTCAAGCTGGAGGAGGTGCCG	2445
Sbjct	7691	ACTGCAGACTGTTGGGCTAATTGTTGCAATTGGCCCGGGTCAAGCTGGAGGAGGTGCCG	7632
Query Sbjct	2446 7631	ACAATAGTCTTGACCAACTGTTGAGTATTGGATTGTCCACCCTGCCCGGGGTGCGTACGC	2505 7572
Query	2506	AATTGCTGCTGCGGTTGGTGGAGCAGGATGGCAGTCTGTTGACCGGGCGAGACATTGGAA	2565
Sbjct	7571	AATTGCTGCTGCGGTTGGTGGAGCAGGATGGCAGTCTGTTGACCGGGCGAGACATTGGAA	7512
Query	2566	CTGGTCAAGTGCTGGATCTGCAGCTGCTGCAACTGACCACCAGCAGCGGGCACCGCCACT	2625
Sbjct	7511	CTGGTCAAGTGCTGGATCTGCAGCTGCTACCACCAGCAGCGGGCACCGCCACT	7452
Query	2626	GTTGTCGTGGTGGGTTGCTGCTGCACGAGCTCCACGGTTTGCTGGACGGGCAGAGTC	2685
Sbjct	7451	ĠŦŦĠŦĊĠŦĠĠŦĠĠĠŦŦĠĊŦĠĊŦĠĊĀĊĠĀĠĊŦĊĊĀĊĠĠŦŦŦĠĊŦĠĠĀĊĠĠĠĊĀĠĀĠŦĊ	7392
Query	2686	TGTTGAACGTTTGAAACAGTGGGAAGTTGTTGCTGCACAACctgctgctgctgctgctgc	2745
Sbjct	7391	TĠŦŦĠĂĀĊĠŦŦŦĠĀĀĀĊĀĠŦĠĠĠĀĀĠŦŦĠŦŦĠĊŦĠĊĀĊĀĀĊĊŦĠĊŦĠĊŦĠĊŦĠĊŦĠĊ	7332
Query Sbjct	2746 7331	tgttgctg 2753 TGCTGCTG 7324	
22,00	. 551		

Range 1: 5493 to 6884

Score		Expect	Identities	Gaps	Strand	Frame
2549 bit	s(1380)	0.0()	1388/1392(99%)	0/1392(0%)	Plus/Minus	
Features	S :					
Query Sbjct	1 6884		tgctgttgctgctgTC TGCTGTTGCTGCTGTC			
Query	61		ŢĢĄĢÇĄĢÇĄĄĢĄĄŢĄŢ			
Sbjct	6824	TGCTGCGCCTTT	 TGAGCAGCAAGAATAT			 CCTGCT 676
Query	121	GCTGTTGTGGTG	GTCGTTCCGTCAGCGG	ACACCACTTGACGC	TGCAGCTGCTGC	TTTCCG 180
Sbjct	6764	detettet			ctdcadctdctdc	र्मर्मर्ट्टि 670
Query	181		TTGATGAACTGCGTCC			
Sbjct Query	6704 241		TTGATGAACTGCGTCC TGCACAGTAGTGGAGG			
Sbjct	6644		TGCACAGTAGTGGAGG 			
Query	301		Ģ ŢĢĢÇÇĄŢĢŢŢĢÇŢĄĢ			
Sbjct	6584	CTTGTCACATGC			CCGCCTGCTTGC	 ACCAGA 652
Query	361	TTAGCAGTAGCT	CCAGTAGCGCCAGCTG	ATCCGCTGGGCACG	GCTTGTGTCGTT	GTCTGC 420
Sbjct	6524	ttagcagtagct	ccyctyccccyctycc	######################################	sdettdtdtetett	
Query	421	AGCACCTTCAAG	CTGCGCTGACGGTAGA 	GCTGTATATGTGCT	CCCCCAGATTGC	
Sbjct	6464 481	AGCACCTTCAAG	CTGCGCTGACGGTAGA GTCGTCTTCCCTCCCT	GCTGTATATGTGCT GCTGCAATGCGCTG	'CCCCCAGA'I'I'GC	ТĠÅĠŤĊ 640 ТТТGTG 540
Query Sbjct	6404		GTCGTCTTCCCTCCCT GTCGTCTTCCCTCCCT			
Query	541		 ĢŢĢĢŢĊŢĢĀĢŢĢĢĊŢĢ			
Sbjct	6344	GTCACCAACTGT			AGCTGCCAAACGA	 AGCTGA 628
Query	601	GTCTGGAATTGC	GAGGGACTCGCGCCTT	GTCCTAAGTTCGGC	CATAGAGACAATA	GACTGA 660
Sbjct	6284	GTCTGGAATTGC	dadddactdddddt	gtcctaagttcgc	CATAGAGACAATA	GACTGA 622
Query	661		${f GTTCGCTGTTGAAGGG} \ ig ig ig ig ig ig ig ig $			
Sbjct	6224 721		GTTCGCTGTTGAAGGG GTCGTGTTCAAAGTGG			
Query Sbjct	6164		GTCGTGTTCAAAGTGG 			
Query	781		 ĢŢĢĢŢÇĄĢŢĄÇĢĢŢĢÇ			
Sbjct	6104	 TGATTGGCAGTG	 GTGGTCAGTACGGTGC		 \GTGCTAACGGAG	 ACCACC 604
Query	841	TGTGGCAGCGAT	TGGGTCTGCACAATGC	TGCCCAACTGGGG <i>F</i>	AGAGCTGTTAACG	GGCAGC 900
Sbjct	6044	tgtggcagcgat	tĠĠĠtĊtĠĊĀĊĀĀŦĠĊ	tgcccyyctegegy tgcccyycy	AGAGCTGTTAACG	
Query	901		ATCGAAACGATCTGGG			
Sbjct Query	5984 961		ÁTCGAAACGATCTGGG ACTGGAGTGGTTAGGA			
Sbjct	5924		ACTGGAGTGGTTAGGA ACTGGAGTGGTTAGGA			
Query	1021		ŢĠĠĠĊŢĄĄŢŢĠŢŢĠĊĄ			
Sbjct	5864	ACTGCAGACTGT	TGGGCTAATTGTTGCA		LAAGCTGGAGGAG	 GTGCCG 580
Query	1081	ACAATAGTCTTG	ACCAACTGTTGAGTAT	TGGATTGTCCACCO	TGCCCGGGGTGC	GTACGC 114
Sbjct	5804		Accaactetteaetat			
Query	1141		GGTTGGTGGAGCAGGA 			
Sbjct	5744		GGTTGGTGGAGCAGGA TGGATCTGCAGCTGCT			
Query Sbjct	1201 5684		TGGATCTGCAGCTGCT TGGATCTGCAGCTGCT			
Query	1261		СТССТОСАССТОСТ СТССТТСТСТСТСТСТ			
Sbjct	5624				TTGCTGGACGGGC	

Ouery	1321	TGTTGAACGTTTG	AAACAGTGGGAAGTTGTTGCTGCACAACctqctqctqctqctqc	1380
Sbjct	5564	 TGTTGAACGTTTG	AAACAGTGGGAAGTTGTTGCTGCACAACctgctgctgctgctgctgc 	5505
Query	1381	tgttgctgctgT TGCTGCTGCTGT	1392	
Shict	5504	TGCTGCTGCTGT	5493	

Range 2: 5497 to 6884

Range 2: 5497 to 6884							
Score		Expect	Identities	Gaps	Strand	Frame	
2542 bit	ts(1376)	0.0()	1384/1388(99%)	0/1388(0%)	Plus/Minus		
Feature	S:						
Query	1366			CAGTGGTGGTCGT <i>F</i>			
Sbjct Query	6884 1426	TGCTGCTGCTGC	CTGCTGTTGCTGCTGTC FTGAGCAGCAAGAATA1	CCAGTGGTGGTCGT <i>F</i> PTATGACGCTTAAC		ĠĀĠĠĊĊ 682! CCTGCT 148!	
Sbjct	6824	TGCTGCGCCTT		TATGACGCTTAAC	ZAGTAACATATCC ZAGTAACATATCC	CCTGCT 676!	
Query	1486	GCTGTTGTGGT(GGTCGTTCCGTCAGCGG	GACACCACTTGACGO	CTGCAGCTGCTGC	TTTCCG 154!	
Sbjct	6764	GCTGTTGTGGT	GGTCGTTCCGTCAGCG	SACACCACTTGACGC	ctgcagctgctgc	TTTCCG 670!	
Query	1546	GCCGCCATCTG	CTTGATGAACTGCGTCC	CTGGCCTGTCCGTGC	CATTTGCACACTG		
Sbjct	6704			ĊŦĠĠĊĊŦĠŦĊĊĠŦĠĊ		ĊŤŤÀĊĊ 664!	
Query Sbjct	1606 6644		CTGCACAGTAGTGGAGG 			TTTTGG 166! TTTTGG 658!	
Query	1666		СТОСМОТМОТОСТИК ССТСОСТВОТВОТИ		; ;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;		
Sbjct	6584	CTTGTCACATG	CGTGGCCATGTTGCTAC	SCTTGGATTATGGTC	GCCCCTGCTTGC	 ACCAGA 652!	
Query	1726	TTAGCAGTAGC	rccagtagcgccagct@	GATCCGCTGGGCACG	GCTTGTGTCGTT	GTCTGC 178!	
Sbjct	6524	ttagcagtagc			sgcttgtgtgtcgtt	ĠtċtĠċ 646!	
Query Sbjct	1786 6464	AGCACCTTCAA	GCTGCGCTGACGGTAGA 	AGCTGTATATGTGCT 			
Query	1846		TGTCGTCTTCCCTCCC1				
Sbjct	6404	ACGGGAATCAC			ACCGGAATTCCC	 TTTGTG 634!	
Query	1906	GTCACCAACTG	IGTGGTCTGAGTGGCTG	GAGATGTGGGAAC <i>I</i>	AGCTGCCAAACGA	AGCTGA 196!	
Sbjct	6344		tĠtĠĠtĊtĠAĠtĠĠĊtĠ				
Query	1966 6284		CGAGGGACTCGCGCCTT 				
Sbjct Query	2026		CGAGGGACTCGCGCCTT CGTTCGCTGTTGAAGGG				
Sbjct	6224	CCACCGGCTGT			[
Query	2086	CCACGCAACAT	GGTCGTGTTCAAAGTGG	GTTACAGCCGTGGTC	CTGATGCTGTTGT	TGTGGC 214!	
Sbjct	6164	CCACGCAACAT	agtcgtgttcaaagtgd	STTACAGCCGTGGTC	CTGATGCTGTTGT		
Query	2146		GGTGGTCAGTACGGTGC				
Sbjct Query	6104 2206		GGTGGTCAGTACGGTGC FTGGGTCTGCACAATGC				
Sbjct	6044		TTGGGTCTGCACAATGC TTGGGTCTGCACAATGC				
Query	2266	GTCTGTGACGA	GATCGAAACGATCTGGG	GCACCAGAGCCTATO	ĊŢĠĠĠĠŢŢĠĊĄĊĊ	ACCGAC 232	
Sbjct	5984	GTCTGTGACGA		GCACCAGAGCCTATO	TGGGGTTGCACC	ACCGAC 592!	
Query	2326	GGAAGTGTCTG'	TACTGGAGTGGTTAGG <i>A</i>	ACCACACTCACACTO	GACTGGCCCCA		
Sbjct	5924		tactggagtggttagg <i>t</i>				
Query Sbjct	2386 5864		ITGGGCTAATTGTTGC <i>I</i> 				
Query	2446		Г100001 <i>А</i> ДТ101100 <i>2</i> БАССААСТБТТБАБТАЛ				
Sbjct	5804						
Query	2506	AATTGCTGCTG	CGGTTGGTGGAGCAGG <i>I</i>	ATGGCAGTCTGTTG <i>I</i>	ACCGGGCGAGACA	TTGGAA 256!	

Sbjct	5744	AATTGCTGCTGCGGTTGGTGGAGCAGGATGGCAGTCTGTTGACCGGGCGAGACATTGGAA	5685
Query	2566	CTGGTCAAGTGCTGGATCTGCAGCTGCTGCAACTGACCACCAGCAGCGGGCACCGCCACT	2625
Sbjct	5684	CTGGTCAAGTGCTGGATCTGCAGCTGCAACTGACCACCAGCAGCGGGCACCGCCACT	5625
Query	2626	GTTGTCGTGGTGGTGGGTTGCTGCTGCACGAGCTCCACGGTTTGCTGGACGGGCAGAGTC	2685
Sbjct	5624	GTTGTCGTGGTGGGTTGCTGCTGCACGAGCTCCACGGTTTGCTGGACGGGCAGAGTC	5565
Query	2686	TGTTGAACGTTTGAAACAGTGGGAAGTTGTTGCTGCACAACctgctgctgctgctgctgc	2745
Sbjct	5564	tettedadetttedadaedeteededettetteeteedededeteeteeteeteete	5505
Query	2746	tgttgctg 2753	
Sbjct	5504	tgctgctg 5497	

Drosophila melanogaster LD21920 full insert cDNA

Sequence ID: **gb|BT032837.1**| Length: 4772 Number of Matches: 2 Range 1: 1574 to 2965

Score		Expect	Identities	Gaps	Strand	Frame	
2549 bit	s(1380)	0.0()	1388/1392(99%)	0/1392(0%)	Plus/Minus		
Features	s:						
Query	1	tgctgctgctg	ctgctgttgctgctgT	CCAGTGGTGGTCGT	AAGAGTGCTCCA	GAGGCC	60
Sbjct	2965	46646646646	chechehhechecheh	ccadtddtddtcdt	AAAGAGTGCTCCA	GAGGCC	2906
Query	61	TGCTGCGCCTT	TTGAGCAGCAAGAATA 	TTATGACGCTTAACC	CAGTAACATATCC	CCTGCT	120
Sbjct	2905	†\$¢†\$¢\$¢¢†	ttgagcagcaagaata	ttatgacgcttaacc	cagtaacatatcc	cctcct	2846
Query	121	GCTGTTGTGGT	GGTCGTTCCGTCAGCG 	GACACCACTTGACGO	CTGCAGCTGCTGC'	TTTCCG 	180
Sbjct	2845		ĠĠϮĊĠϮϮĊĊĠϮĊĂĠĊĠ				2786
Query	181		CTTGATGAACTGCGTC 				240
Sbjct	2785		ĊŦŦĠĂŦĠĂĂĊŦĠĊĠŦĊ				2726
Query	241		CTGCACAGTAGTGGAG 				300
Sbjct	2725		ĊŦĠĊĂĊĂĠŦĂĠŦĠĠĂĀ				2666
Query	301		CGTGGCCATGTTGCTA 				360 2606
Sbjct Query	2665 361		ĊĠŤĠĠĊĊĂŤĠŤŤĠĊŤĀ TCCAGTAGCGCCAGCT				420
Sbjct	2605		TCCAGTAGCGCCAGCT TCCAGTAGCGCCAGCT				2546
Query	421		GCTGCGCTGACGGTAG				480
Sbjct	2545						2486
Query	481	АСССЕРЬНІ	ŢĢŢÇĢŢÇŢŢÇÇÇ	Т ĢСТĢСААТĢСĢСТС	САССББААТТССС	ŢŢŢĢŢĢ	540
Sbjct	2485	ACGGGAATCAC		TGCTGCAATGCGCTC	CACCGGAATTCCC		2426
Query	541	GTCACCAACTG	TGTGGTCTGAGTGGCT	GGAGATGTGGGAAC	AGCTGCCAAACGA	AGCTGA	600
Sbjct	2425	GTCACCAACTG	TGTGGTCTGAGTGGCT	GGAGATGTGGGAACA	AGCTGCCAAACGA	AGCTGA	2366
Query	601	GTCTGGAATTG	CGAGGGACTCGCGCCT	TGTCCTAAGTTCGGC	CATAGAGACAATA(GACTGA	660
Sbjct	2365	ĠŦĊŦĠĠĂĂŦŦĠ	cgyeggyczącycz	tgtcctaagttcgc	catagagacaata	ĠĀĊŦĠĀ	2306
Query	661	CCACCGGCTGT	CGTTCGCTGTTGAAGG 	GTGTTTCCTGCAGCT	TGTCGAGACAATC(CGCTGA 	720
Sbjct	2305	¢ckccccctrct	ĊĠϮϮĊĠĊϮĠϮϮĠAAĠĠ	ĠŦĠŦŦŦĊĊŦĠĊĀĠĊſ	rĠŦĊĠĀĠĀĊĀĀŦĊ	ĊĠĊϮĠA	2246
Query	721	CCACGCAACAT	GGTCGTGTTCAAAGTG 	GTTACAGCCGTGGTC	CTGATGCTGTTGT' 	TGTGGC 	780
Sbjct	2245		aĠተĊĠተĠተተĊAAAĠተĠ				2186
Query	781		GGTGGTCAGTACGGTG 				840
Sbjct	2185		ĠĠŦĠĠŦĊĂĠŦĂĊĠĠŦĠ ~~~~~~~~				2126
Query	841		$\mathtt{TTGGGTCTGCACAATG}$				900
Sbjct	2125		ŤŤĠĠĠŤĊŤĠĊĂĊĂĂŤĠ				2066
Query	901		GATCGAAACGATCTGG 				960
Sbjct	2065	GTCTGTGACGA	ĠĂŦĊĠĂĂĂĊĠĂŦĊŦĠĠ	GCACCAGAGCCTATC	JTGGGGTTGCACC	ACCGAC	2006

Query	961	GGAAGTGTCTGTACTGGAGTGGTTAGGACCACACTCACACTGGACTGGCCCCCAGAAGCG	1020
Sbjct	2005	GGAAGTGTCTGTACTGGAGTGGTTAGGACCACACTCACACTGGACTGGCCCCCAGAAGCG	1946
Query	1021	ACTGCAGACTGTTGGGCTAATTGTTGCAATTGGCCCGCGGTCAAGCTGGAGGAGGTGCCG	1080
Sbjct	1945	Actgcagactgttgggctaattgttgcaattggcccgcggtcaagctggaggaggtgccg	1886
Query	1081	ACAATAGTCTTGACCAACTGTTGAGTATTGGATTGTCCACCCTGCCCGGGGTGCGTACGC	1140
Sbjct	1885	ACAATAGTCTTGACCAACTGTTGAGTATTGGATTGTCCACCCTGCCCGGGGTGCGTACGC	1826
Query	1141	AATTGCTGCTGCGGTTGGTGGAGCAGGATGGCAGTCTGTTGACCGGGCGAGACATTGGAA	1200
Sbjct	1825	AATTGCTGCTGCGGTTGGTGGAGCAGGATGGCAGTCTGTTGACCGGGCGAGACATTGGAA	1766
Query	1201	CTGGTCAAGTGCTGGATCTGCAGCTGCTGCAACTGACCACCAGCAGCGGGCACCGCCACT	1260
Sbjct	1765	ctggtcaagtgctggatctgcagctgctactgaccaccagcagcagcaccaccact	1706
Query	1261	GTTGTCGTGGTGGTGGGTTGCTGCTGCACGAGCTCCACGGTTTGCTGGACGGGCAGAGTC	1320
Sbjct	1705	GTTGTCGTGGTGGTGGGTTGCTGCACGAGCTCCACGGTTTGCTGGACGGGCAGAGTC	1646
Query	1321	TGTTGAACGTTTGAAACAGTGGGAAGTTGTTGCTGCACAACctgctgctgctgctgctgc	1380
Sbjct	1645	tetteaacettteaaacaeteedaaettetteeteeteeteeteeteeteeteeteeteetee	1586
Query	1381	tgttgctgctgT 1392	
Sbjct	1585	tgctgctgt 1574	

Range 2: 1578 to 2965

Score		Expect	Identities	Gaps	Strand	Frame
2542 bit	s(1376)	0.0()	1384/1388(99%)	0/1388(0%)	Plus/Minus	
Features	s:					
Query	1366	tgctgctgctg	ctgctgttgctgctg T (CCAGTGGTGGTCGT	AAAGAGTGCTCCAG	GAGGCC 14
Sbjct	2965	TGCTGCTGCTG	ctgctgttgctgctgt	CCAGTGGTGGTCGT	AAAGAGTGCTCCAG	GAGGCC 29
Query	1426	TGCTGCGCCTT	TTGAGCAGCAAGAATAT	TTATGACGCTTAAC	CAGTAACATATCC	CCTGCT 14
Sbjct	2905	+qq+qqqqqq	ttgagcagcaagaatar	ttatgacgcttaac	cagtaacatatcc	cctdct 28
Query	1486	GCTGTTGTGGT	GGTCGTTCCGTCAGCG(GACACCACTTGACG	CTGCAGCTGCTGCT	ГТТССG 15
Sbjct	2845	ĠĊŦĠŦŦĠŦĠĠŦ	ĠĠŦĊĠŦŦĊĊĠŦĊĀĠĊĠŒ	ĠĀĊĀĊĊĀĊŦŦĠĀĊĠ	ĊŦĠĊĀĠĊŦĠĊŦĠĊŢ	rttccs 27
Query	1546	GCCGCCATCTG	CTTGATGAACTGCGTC(CTGGCCTGTCCGTG 	CATTTGCACACTG(
Sbjct	2785	ĠĊĊĠĊĊĂŦĊŦĠ	ĊŦŦĠĂŦĠĂĂĊŦĠĊĠŦĊŒ	ĊŦĠĠĊĊŦĠŦĊĊĠŦĠ	ĊĂŦŦŦĠĊĂĊĂĊŦĠŒ	
Query	1606	ACGTTGCCTGC	CTGCACAGTAGTGGAG(GTGCCCGGCATTCC 	CGACACGGCCACTT	
Sbjct	2725	AĊĠŤŤĠĊĊŤĠĊ	ĊŦĠĊĂĊĂĠŦĀĠŦĠĠĂĀŒ	ĠŦĠĊĊĊĠĠĊĂŦŦĊĊ	ĊĠĂĊĂĊĠĠĊĊĂĊŦŢ	ተተተተ Ġ 26
Query	1666		CGTGGCCATGTTGCTA(
Sbjct	2665		ĊĠŦĠĠĊĊĂŦĠŤŦĠĊŦĂŒ 			
Query	1726		TCCAGTAGCGCCAGCT			
Sbjct	2605		ŢĊĊĀĠŢĀĠĊĠĊĊĀĠĊŢŒ			
Query	1786		GCTGCGCTGACGGTAGA	<u> </u>		
Sbjct	2545 1846	ACCCCAATCAC	GCTGCGCTGACGGTAGA TGTCGTCTTCCCTCCC	AGCTGTATATGTGC	CACCCCAGATTGC:	rĠĀĠŦĊ 24 rttgtg 19
Query Sbjct	2485		TGTCGTCTTCCCTCCCT			
Query	1906		TGTGGTCTGAGTGGCT			
Sbjct	2425		TGTGGTCTGAGTGGCT			
Query	1966		CGAGGGACTCGCGCCT			
Sbjct	2365					
Query	2026	ÇÇ <mark></mark> ĄÇÇĢĢÇŢĢŢ	Ҫ҅Ҫ҄ҬҬҪҪҪҬҪҬҬҪ҄Ҳ҅ҲҪҪ	ĢŢĢŢŢŢÇÇŢĢÇĄĢÇ	ŢĢŢÇĢĄĢĄÇĄĄŢÇ¢	СССТСР 20
Sbjct	2305	CCACCGGCTGT				 CGCTGA 22
Query	2086	ÇÇ <mark></mark> ÇÇÇAAÇAT	ĠĠŢĊĠŢĠŢŢĊĄĄĄĠŢĠĊ	ĢŢŢĄÇĄĢÇĢŢĢĢŢ	ҪҭҪѦҭҪҪҭҫҭҭҫҭ	ГĢТĢĢС 21
Sbjct	2245	CCACGCAACAT.	AGTCGTGTTCAAAGTG(CTGATGCTGTTGT:	 rgrggc 21
Query	2146	TGATTGGCAGT	GGTGGTCAGTACGGTG	CCACGGTGGGCAA	AGTGCTAACGGAGA	ACCACC 22

Sbjct	2185	TGATTGGCAGTGGTCAGTACGGTGCCCACGGTGGGCAAAGTGCTAACGGAGACCACC	2126
Query	2206	TGTGGCAGCGATTGGGTCTGCACAATGCTGCCCAACTGGGGAGAGCTGTTAACGGGCAGC	2265
Sbjct	2125	TGTGGCAGCGATTGGGTCTGCACAATGCTGCCCAACTGGGGAGAGCTGTTAACGGGCAGC	2066
Query	2266	GTCTGTGACGAGATCGAAACGATCTGGGCACCAGAGCCTATCTGGGGTTGCACCACCGAC	2325
Sbjct	2065	GTCTGTGACGAGATCGAAACGATCTGGGCACCAGAGCCTATCTGGGGTTGCACCACCGAC	2006
Query	2326	GGAAGTGTCTGTACTGGAGTGGTTAGGACCACACTCACACTGGACTGGCCCCCAGAAGCG	2385
Sbjct	2005	dgaagtgtctgtactggagtggttaggaccacactcacactggactggcccccagaagcg	1946
Query	2386	ACTGCAGACTGTTGGGCTAATTGTTGCAATTGGCCCGCGGTCAAGCTGGAGGAGGTGCCG	2445
Sbjct	1945	Actgcagactgttgggctaattgttgcaattggcccgcggtcaagctggaggaggtgccg	1886
Query	2446	ACAATAGTCTTGACCAACTGTTGAGTATTGGATTGTCCACCCTGCCCGGGGTGCGTACGC	2505
Sbjct	1885	Acaatagtcttgaccaactgttgagtattggattgtccaccctgcccgggttgcctaccc	1826
Query	2506	AATTGCTGCTGCGGTTGGTGGAGCAGGATGGCAGTCTGTTGACCGGGCGAGACATTGGAA	2565
Sbjct	1825	AATTGCTGCTGCGGTTGGTGGAGCAGGATGGCAGTCTGTTGACCGGGCGAGACATTGGAA	1766
Query	2566	CTGGTCAAGTGCTGGATCTGCAGCTGCTGCAACTGACCACCAGCAGCGGGCACCGCCACT	2625
Sbjct	1765	ĊŦĠĠŦĊĀĀĠŦĠĊŦĠĠĀŦĊŦĠĊĀĠĊŦĠĊŦĠĊĀĀĊŦĠĀĊĊĀĊĊĀĠĊĠĠĠĠĀĊĊĠĊĊĀĊŦ	1706
Query	2626	GTTGTCGTGGTGGTGGGTTGCTGCTGCACGAGCTCCACGGTTTGCTGGACGGGCAGAGTC	2685
Sbjct	1705	ĠŦŦĠŦĊĠŦĠĠŦĠĠĠŦŦĠĊŦĠĊŦĠĊĀĊĠĀĠĊŦĊĊĀĊĠĠŦŦŦĠĊŦĠĠĀĊĠĠĠĊĀĠĀĠŦĊ	1646
Query	2686	TGTTGAACGTTTGAAACAGTGGGAAGTTGTTGCTGCACAACctgctgctgctgctgct	2745
Sbjct	1645	tettekakeettekakakeketekeketeketeketeket	1586
Query	2746	tgttgctg 2753	
Sbjct	1585	tgctgctg 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: 2 Range 1: 81935 to 83326

Score		Expect	Identities	Gaps	Strand	Frame	
2549 bit	s(1380)	0.0()	1388/1392(99%)	0/1392(0%)	Plus/Minus		
Features	3 :						
Query	1	tgctgctgct	gctgctgttgctgctg	CCAGTGGTGGTCG	TAAAGAGTGCTCC	AGAGGCC	60
Sbjct	83326	tgctgctgct	ĠĊŦĠĊŦĠŦŦĠĊŦĠĊŦĠſ	rccagtggtggtcg	raaagagtgetee	AGAGGCC	83267
Query	61	TGCTGCGCCT'	TTTGAGCAGCAAGAAT <i>I</i>	ATTATGACGCTTAA(CCAGTAACATATC	CCCTGCT	120
Sbjct	83266	TGCTGCGCCT	TTTGAGCAGCAAGAATA	ATTATGACGCTTAAG	ccagtaacatatc	ccctct	83207
Query	121	GCTGTTGTGG'	TGGTCGTTCCGTCAGC	GACACCACTTGAC	GCTGCAGCTGCTG	CTTTCCG	180
Sbjct	83206	GCTGTTGTGG	tggtcgttccgtcycc	gakakkkakttakk	gctgcygctgctg	ctttccc	83147
Query	181	GCCGCCATCT	GCTTGATGAACTGCGT(CTGGCCTGTCCGT(GCATTTGCACACT	GCTTACC	240
Sbjct	83146	gccgccatct	gcttgatgaactgcgtd	ccteecctetce	gcatttgcacact	gcttacc	83087
Query	241	ACGTTGCCTG	CCTGCACAGTAGTGGAG	GTGCCCGGCATTC	CCGACACGGCCAC	TTTTTGG	300
Sbjct	83086	Accttcctc	cctgcacagtagtggaz	Agtgcccgccattc	ccepcpc qqqqqqqqqqqqqqqqqqqqqqqqqqqqqqqq	tttttdg	83027
Query	301	CTTGTCACAT(GCGTGGCCATGTTGCT <i>I</i>	AGCTTGGATTATTGT	TGCCGCCTGCTTG 	CACCAGA	360
Sbjct	83026	cttgtcacat	ĠĊĠŦĠĠĊĊĂŦĠŦŦĠĊŦŹ	\dcttddattatgd:	tĠċċĠċċtĠċttĠ	caccaga	82967
Query	361	TTAGCAGTAG	CTCCAGTAGCGCCAGC1	GATCCGCTGGGCAC	CGGCTTGTGTCGT 	TGTCTGC	420
Sbjct	82966	ttagcagtag	ctccactacccccacci	rgatccgctgggcac	ċĠĠċŧŧĠŧĠŧċĠŧ	tgtctgc	82907
Query	421	AGCACCTTCA	AGCTGCGCTGACGGTAG	GAGCTGTATATGTG(CTCCCCAGATTG 	CTGAGTC	480
Sbjct	82906	AĠĊAĊĊŢŢĊĀ	AĠĊŦĠĊĠĊŦĠAĊĠĠŦAĊ	SAĠĊŦĠŦĀŦĀŦĠŦĠŒ	ċተċċċċċAĠAተተĠ	ctgagtc	82847
Query	481	ACGGGAATCA	CTGTCGTCTTCCCTCC(TGCTGCAATGCGCT	TCACCGGAATTCC 	CTTTGTG	540
Sbjct	82846	Accccata	ċŦĠŦċĠŦċŦŦċċċŦċċċ	ctdctdcaatdcdc	tcaccggaattcc	ĊŦŦŦĠŦĠ	82787
Query	541	GTCACCAACT(GTGTGGTCTGAGTGGC7	rggagatgtgggaa(CAGCTGCCAAACG 	AAGCTGA	600

Sbjct	82786	GTCACCAACTGTGTGGTCTGAGTGGCTGGAGATGTGGGAACAGCTGCCAAACGAAGCTGA	82727
Query	601	GTCTGGAATTGCGAGGGACTCGCGCCTTGTCCTAAGTTCGGCATAGAGACAATAGACTGA	660
Sbjct	82726	GTCTGGAATTGCGAGGGACTCGCGCCTTGTCCTAAGTTCGGCATAGAGACAATAGACTGA	82667
Query	661	CCACCGGCTGTCGCTGTTGAAGGGTGTTTCCTGCAGCTGTCGAGACAATCCGCTGA	720
Sbjct	82666	CCACCGGCTGTCGCTGTTGAAGGGTGTTTCCTGCAGCTGTCGAGACAATCCGCTGA	82607
Query	721	CCACGCAACATGGTCGTGTTCAAAGTGGTTACAGCCGTGGTCTGATGCTGTTGTTGTGGC	780
Sbjct	82606	ccacccaacatactcctcttcaaactccttacacccctcct	82547
Query	781	TGATTGGCAGTGGTCAGTACGGTGCCCACGGTGGGCAAAGTGCTAACGGAGACCACC	840
Sbjct	82546	tgattggcagtggtggtcagtacggtgcccacggtggcaaaagtgctaacggagaccacc	82487
Query	841	TGTGGCAGCGATTGGGTCTGCACAATGCTGCCCAACTGGGGAGAGCTGTTAACGGGCAGC	900
Sbjct	82486	tgtggcagcgattgggtctgcacaatgctgcccaactggggagagagctgttaacgggcagc	82427
Query	901	GTCTGTGACGAGATCGAAACGATCTGGGCACCAGAGCCTATCTGGGGTTGCACCACCGAC	960
Sbjct	82426	ĠŦĊŦĠŦĠĀĊĠĀĠĀŦĊĠĀĀĀĊĠĀŦĊŦĠĠĠĊĀĊĊĀĠĀĠĊĊŦĀŦĊŦĠĠĠĠŦŦĠĊĀĊĊĀĊĊĠĀĊ	82367
Query	961	GGAAGTGTCTGTACTGGAGTGGTTAGGACCACACTCACACTGGACTGGCCCCCAGAAGCG	1020
Sbjct	82366	ĠĠĂĀĠŦĠŦĊŦĠŦĀĊŦĠĠĀĠŦĠĠŦŦĀĠĠĀĊĊĀĊĀĊĀĊĀĊĀĊĀĠĀĊŦĠĠĊĊĊĊĊĀĠĀĀĠĊĠ	82307
Query	1021	ACTGCAGACTGTTGGGCTAATTGTTGCAATTGGCCCGCGGTCAAGCTGGAGGAGGTGCCG	1080
Sbjct	82306	Actigcagactigtiggetaattigtigcaattigeceecce	82247
Query	1081	ACAATAGTCTTGACCAACTGTTGAGTATTGGATTGTCCACCCTGCCCGGGGTGCGTACGC	1140
Sbjct	82246	Acaatagtcttgaccaactgttgagtattggattgtccaccctgcccggggtgcgtacgc	82187
Query	1141	AATTGCTGCTGCGGTTGGTGGAGCAGGATGGCAGTCTGTTGACCGGGCGAGACATTGGAA	1200
Sbjct	82186	AATTĠĊŢĠĊŢĠĊĠĠŢŢĠĠŢĠĠĀĠĊĀĠĠĀŢĠĠĊĀĠŢĊŢĠŢŢĠĀĊĊĠĠĠĊĠĀĠĀĊĀŢŢĠĠĀĀ	82127
Query	1201	CTGGTCAAGTGCTGGATCTGCAGCTGCTGCAACTGACCACCAGCAGCGGGCACCGCCACT	1260
Sbjct	82126	ĊŦĠĠŦĊĀĀĠŦĠĊŦĠĠĀŦĊŦĠĊĀĠĊŦĠĊŦĠĊĀĀĊŦĠĀĊĊĀĊĊĀĠĊĠĠĠĠĠĀĊĊĠĊĊĀĊŦ	82067
Query	1261	GTTGTCGTGGTGGTGGGTTGCTGCTGCACGAGCTCCACGGTTTGCTGGACGGCAGAGTC	1320
Sbjct	82066	ĠŦŦĠŦĊĠŦĠĠŦĠĠĠŦŦĠĊŦĠĊŦĠĊĀĊĠĀĠĊŦĊĊĀĊĠĠŦŦŦĠĊŦĠĠĀĊĠĠĠĊĀĠĀĠŦĊ	82007
Query	1321	TGTTGAACGTTTGAAACAGTGGGAAGTTGTTGCTGCACAACctgctgctgctgctgc	1380
Sbjct	82006	†GTTGAACGTTTGAAACAGTGGGAAGTTGTTGCTGCACAACCTGCTGCTGCTGCTGC	81947
Query	1381	tgttgctgctgT 1392	
Sbjct	81946	र्मदेटर्मदेटर्मदेर्प 81935	

Range 2: 81939 to 83326

Score		Expect	Identities	Gaps	Strand	Frame	
2542 bit	ts(1376)	0.0()	1384/1388(99%)	0/1388(0%)	Plus/Minus		
Feature	s:						
Query	1366	tgctgctgct	gctgctgttgctgctg	TCCAGTGGTGGTCG	FAAAGAGTGCTCC	AGAGGCC	1425
Sbjct	83326	tgctgctgct	ĠĊŦĠĊŦĠŦŦĠĊŦĠĊŦĠ	ctccadtddtddtdtcd	raaagagtgetee	AGAGGCC	8326
Query	1426	TGCTGCGCCT	TTTGAGCAGCAAGAAT	ATTATGACGCTTAA	CCAGTAACATATC	CCCTGCT	1485
Sbjct	83266	TGCTGCGCCT	tttgagcagcaagaat	rattatgacgcttaac	ccactaacatatc	ccctct	83207
Query	1486	GCTGTTGTGG	TGGTCGTTCCGTCAGC	GGACACCACTTGAC	GCTGCAGCTGCTG	CTTTCCG	1545
Sbjct	83206	gctgttgtgg	teetcettcetcec	cedacaccactteaco	gctgcagctgctg	ctttccc	83147
Query	1546	GCCGCCATCT	GCTTGATGAACTGCGT	CCTGGCCTGTCCGT(GCATTTGCACACT	GCTTACC	1605
Sbjct	83146	çççççqtçt	gcttgatgaactgcgt	ccqqqccqqqqqqqqqqqqqqqqqqqqqqqqqqqqqqqq	gcatttgcacact	gcttacc	83087
Query	1606	ACGTTGCCTG	CCTGCACAGTAGTGGA	GGTGCCCGGCATTC	CCGACACGGCCAC	TTTTTGG	1665
Sbjct	83086	ACGTTGCCTG	cctgcacagtagtgga	AAGTGCCCGGCATTC	ccdacacddccac	:TTTTTGG	83027
Query	1666	CTTGTCACAT	GCGTGGCCATGTTGCT	AGCTTGGATTATTG	rgccgcctgcttg	CACCAGA	1725
Sbjct	83026	cttgtcacat	gcgtggccytgttgct	adcttddattatgd	ŀĠĊĊĠĊĊŦĠĊŦŦĠ	caccada	82967
Query	1726	TTAGCAGTAG	CTCCAGTAGCGCCAGC	TGATCCGCTGGGCA	CGGCTTGTGTCGT	TGTCTGC	1785
Sbjct	82966	ttagcagtag	ctccactaccccacc	ctdatccdctdddca	<u> </u>	tqtctqc	82907

Query	1786	АĢСАССТТСААĢСТĢСĢСТĢАСĢĢТАĢАĢСТĢТАТАТĢТĢСŢÇССССАĢАТТĢСŢĢAĢTC	1845
Sbjct	82906	AGCACCTTCAAGCTGCGCTGACGGTAGAGCTGTATATGTGCTCCCCCAGATTGCTGAGTC	82847
Query	1846	ACGGGAATCACTGTCGTCTTCCCTCCCTGCTGCAATGCGCTCACCGGAATTCCCTTTGTG	1905
Sbjct	82846	ACGGGAATCACTGTCGTCTTCCCTCCTGCTGCAATGCGCTCACCGGAATTCCCTTTGTG	82787
Query	1906	GTCACCAACTGTGTGGTCTGAGTGGCTGGAGATGTGGGAACAGCTGCCAAACGAAGCTGA	1965
Sbjct	82786	GTCACCAACTGTGTGGTCTGAGTGGCTGGAGATGTGGGAAACAGCTGCCAAACGAAGCTGA	82727
Query	1966	GTCTGGAATTGCGAGGGACTCGCGCCTTGTCCTAAGTTCGGCATAGAGACAATAGACTGA	2025
Sbjct	82726	GTCTGGAATTGCGAGGGACTCGCGCCTTGTCCTAAGTTCGGCATAGAGACAATAGACTGA	82667
Query	2026	CCACCGGCTGTCGCTGTTGAAGGGTGTTTCCTGCAGCTGTCGAGACAATCCGCTGA	2085
Sbjct	82666	ccaccedctetcetrcetretaadectetrtcctecaectetcaectetcaectetcaectec	82607
Query	2086	CCACGCAACATGGTCGTGTTCAAAGTGGTTACAGCCGTGGTCTGATGCTGTTGTTGTGGC	2145
Sbjct	82606	ĊĊĂĊĠĊĂĂĊĂŦĀĠŦĊĠŦĠŦŦĊĂĂĂĠŦĠĠŦŦĂĊĂĠĊĊĠŦĠĠŦĊŦĠĂŦĠĊŦĠŦŦĠŦŦĠŦĠĠĊ	82547
Query	2146	TGATTGGCAGTGGTCAGTACGGTGCCCACGGTGGGCAAAGTGCTAACGGAGACCACC	2205
Sbjct	82546	TĠĂŤŤĠĠĊĂĠŤĠĠŤĠĠŤĊĀĠŤĀĊĠĠŤĠĊĊĊĀĊĠĠŤĠĠĠĊĀĀĀĠŤĠĊŤĀĀĊĠĠĀĠĀĊĊĀĊĊ	82487
Query	2206	TGTGGCAGCGATTGGGTCTGCACAATGCTGCCCAACTGGGGAGAGCTGTTAACGGGCAGC	2265
Sbjct	82486	TĠTĠĠĊĀĠĊĠĀŢŢĠĠĠŢĊŢĠĊĀĊĀĀŢĠĊŢĠĊĊĀĀĊŢĠĠĠĠĀĠĀĠĊŢĠŢŢĀĀĊĠĠĠĊĀĠĊ	82427
Query	2266	GTCTGTGACGAGATCGAAACGATCTGGGCACCAGAGCCTATCTGGGGTTGCACCACCGAC	2325 82367
Sbjct	82426 2326	GTCTGTGACGAGATCGAAACGATCTGGGCACCAGAGCCTATCTGGGGTTGCACCACCGAC GGAAGTGTCTGTACTGGAGTGGTTAGGACCACACTCACACTGGACTGGCCCCCAGAAGCG	2385
Query Sbjct	82366	GGAAGTGTCTGTACTGGAGTGGTTAGGACCACACTCACACTGGACTGGCCCCCAGAAGCG	82307
Query	2386	ACTGCAGACTGTTGGGCTAATTGTTGCAATTGGCCCGCGGTCAAGCTGGAGGAGGTGCCG	2445
Sbjct	82306	ACTGCAGACTGTTGGGCTAATTGTTGCAATTGGCCCGCGGTCAAGCTGGAGGAGGTGCCG	82247
Query	2446	ĄÇĄĄTĄĢTÇTTĢĄÇÇĄĄCTĢTTĢĄGTĄTTĢGĄTTĢTÇÇĄÇÇCTĢÇÇÇĢĢGGTGÇGTĄÇĢÇ	2505
Sbjct	82246	ACAATAGTCTTGACCAACTGTTGAGTATTGGATTGTCCACCCTGCCCGGGGTGCGTACGC	82187
Query	2506	AATTGCTGCTGCGGTTGGTGGAGCAGGATGGCAGTCTGTTGACCGGGCGAGACATTGGAA	2565
Sbjct	82186	AATTGCTGCTGCGGTTGGTGGAGCAGGATGGCAGTCTGTTGACCGGGCGAGACATTGGAA	82127
Query	2566	CTGGTCAAGTGCTGGATCTGCAGCTGCTGCAACTGACCACCAGCAGCGGGCACCGCCACT	2625
Sbjct	82126	ctggtcaagtgctggatctgcagctgctactgaccaccagcagcagcaccgccact	82067
Query	2626	GTTGTCGTGGTGGTGGGTTGCTGCTGCACGAGCTCCACGGTTTGCTGGACGGGCAGAGTC	2685
Sbjct	82066	ĠŦŦĠŦĊĠŦĠĠŦĠĠĠŦŦĠĊŦĠĊŦĠĊĀĊĠĀĠĊŦĊĊĀĊĠĠŦŦŦĠĊŦĠĠĀĊĠĠĠĊĀĠĀĠŦĊ	82007
Query	2686	TGTTGAACGTTTGAAACAGTGGGAAGTTGTTGCTGCACAACctgctgctgctgctgc	2745
Sbjct	82006	†G††GAACG†††GAAACAG†GGGAAG††G††GC†GCACAACC†GC†GC†GC†GC†GC†GC	81947
Query	2746	tgttgctg 2753	
Sbjct	81946	tĠCtĠĊtĠ 81939	

Drosophila melanogaster helicase DOMINO A (domino) mRNA, alternatively spliced, complete cds Sequence ID: **gb|AF076776.1|AF076776** Length: 10524 Number of Matches: 2 Range 1: 7315 to 8706

Score		Expect	Identities	Gaps	Strand	Frame	
2527 bits(1368)		0.0()	1384/1392(99%)	0/1392(0%)	Plus/Minus		
Features	s:						
Query	1	tgctgctgctg	ctgctgttgctgctgTC	CAGTGGTGGTCGTA	AAGAGTGCTCCAG	GAGGCC	60
Sbjct	8706	†gc†gc†gc†g	chechehrechecheh	cagtggtggtcgta	AAGAGTGCTCCAC	GAGGCC	8647
Query	61	TGCTGCGCCTT	TTGAGCAGCAAGAATAT	TATGACGCTTAACC	AGTAACATATCC	CCTGCT	120
Sbjct	8646	†\$¢†\$¢\$¢¢††	ttgagcagcaagaatat	rtatgacgcttaacc	agtaacatatccc	cctcct	8587
Query	121	GCTGTTGTGGT	GGTCGTTCCGTCAGCGG	ACACCACTTGACGC	TGCAGCTGCTGCT	TTTCCG	180
Sbjct	8586	gctgtcgtggt	gg4cg44ccg4cygcg	acaccacttgacgd	rtgcygctgctgc	ր դ դբբբ	8527
Query	181	GCCGCCATCTG	CTTGATGAACTGCGTCC	TGGCCTGTCCGTGC	CATTTGCACACTGC	CTTACC	240

Sbjct	8526		8467
Query	241	ACGTTGCCTGCCTGCACAGTAGTGGAGGTGCCCGGCATTCCCGACACGGCCACTTTTTGG	300
Sbjct	8466	ACGTTGCCTGCCACAGTAGTGGAGGTGCCCGGCATTCCCGACACGGCCACTTTTTGG	8407
Query	301	CTTGTCACATGCGTGGCCATGTTGCTAGCTTGGATTATTGTGCCGCCTGCTTGCACCAGA	360
Sbjct	8406	cttgtcacatgcgtgccatgttgctagcttggattattgtgcccccctgcttgct	8347
Query	361	TTAGCAGTAGCTCCAGTAGCGCCAGCTGATCCGCTGGGCACGGCTTGTGTCTGTC	420
Sbjct	8346	††AĠĊAĠ†AĠĊ†ĊĊAĠ†AĠĊĠĊĊAĠĊ†ĠA†ĊĊĠĊ†ĠĠĠĊAĊĠĠĊ††Ġ†Ġ†ĊĠ††Ġ†Ċ†ĠĊ	8287
Query	421	AGCACCTTCAAGCTGCGCTGACGGTAGAGCTGTATATGTGCTCCCCCAGATTGCTGAGTC	480
Sbjct	8286	AĠĊĀĊĊŤŤĊĀĀĠĊŤĠĊĠĊŤĠĀĊĠĠŤĀĠĀĠĊŤĠŤĀŤĀŤĠŤĠĊŤĊĊĊĊĀĠĀŤŤĠĊŤĠĀĠŤĊ	8227
Query	481	ACGGGAATCACTGTCGTCTTCCCTCCCTGCTGCAATGCGCTCACCGGAATTCCCTTTGTG	540
Sbjct	8226	ACGGGAATCACTGTCGTCTTCCCTCCCTGCTGCAATGCGCTCACCGGAATTCCCCTTTGTG	8167
Query Sbjct	541 8166	GTCACCAACTGTGTGGTCTGAGTGGCTGGAGATGTGGGAACAGCTGCCAAACGAAGCTGA	600 8107
Query	601	GTCTGGAATTGCGAGGGACTCGCGCCTTGTCCTAAGTTCGGCATAGAGACAATAGACTGA	660
Sbjct	8106		8047
Query	661	ÇÇĄÇÇĢÇTGTÇGTTÇGÇTGTTĢĄĄĢĢGTGTTTÇCTGÇĄĢCTGTÇGĄGĄCĄĄTÇCGCTGA	720
Sbjct	8046	CCACCGCTGTCGCTGTTGAAGGGTGTTTCCTGCAGCTGTCGAGACAATCCGCTGG	7987
Query	721	CCACGCAACATGGTCGTGTTCAAAGTGGTTACAGCCGTGGTCTGATGCTGTTGTTGTGGC	780
Sbjct	7986	CCACGCAACATGGTCGTGTTCAAAGTGGTTACAGCCGTGGTCTGATGCTGTTGTTGTGGC	7927
Query	781	TGATTGGCAGTGGTCAGTACGGTGCCCACGGTGGGCAAAGTGCTAACGGAGACCACC	840
Sbjct	7926	tgattggcagtggtggtcagtacggtgcccacggtgggcaaagtgctaacggagaccacc	7867
Query	841	TGTGGCAGCGATTGGGTCTGCACAATGCTGCCCAACTGGGGAGAGCTGTTAACGGGCAGC	900
Sbjct	7866	TĠĊĠĠĊĀĠĊĠĀŢŢĠĠĠŢĊŢĠĊĀĊĀĀŢĠĊŢĠĊĊĀĀĊŢĠĠĠĠĀĠĀĠĊŢĠŢŢĀĀĊĠĠĠĊĀĠĊ	7807
Query	901	GTCTGTGACGAGATCGAAACGATCTGGGCACCAGAGCCTATCTGGGGTTGCACCACCGAC	960
Sbjct	7806	ĠŢĊŢĠŢĠĀĊĠĀĠĀŢĊĠĀĊĀĊĠĀŢĊŢĠĀĠĊĀĊĊĀĠĀĠĊĊŢĀŢĊŢĠĠĠĠŢŢĠĊĀĊĊĀĊĊĠĀĊ	7747
Query	961 7746	GGAAGTGTCTGTACTGGAGTGGTTAGGACCACACTCACACTGGACTGGCCCCCAGAAGCG	1020 7687
Sbjct Query	1021	ACTGCAGACTGTTGGGCTAATTGTTGCAATTGGCCCGCGGTCAAGCTGGAGGAGGTGCCG	1080
Sbjct	7686	ACTGCAGACTGTTGGGCTAATTGTTGCAATTGGCCCGCGGTCAAGCTGGAGGAGGTGCCC	7627
Query	1081	ACAATAGTCTTGACCAACTGTTGAGTATTGGATTGTCCACCCTGCCCGGGGTGCGTACGC	1140
Sbjct	7626	ACAATAGTCTTGACCAACTGTTGAGTATTGGATTGTCCACCCTGCCCGGGGTGCGTACGC	7567
Query	1141	А АТТĢСŢĢСŢĢСĢĢŢŢĢĢŢĢĢAĢCAĢĢAŢĢĢCAĢŢСŢĢŢŢĢACCĢĢĢCĢAĢACAŢŢĢĢAA	1200
Sbjct	7566	AATTGCTGCTGCGGTTGGTGGAGCAGGATGGCAGTCTGTTGACCGGGCGAGACATTGGAA	7507
Query	1201	CTGGTCAAGTGCTGGATCTGCAGCTGCTGCAACTGACCACCAGCAGCGGGCACCGCCACT	1260
Sbjct	7506	ctggtcaagtgctggatctgcagctgctactgaccaccagcagcagcaccaccact	7447
Query	1261	GTTGTCGTGGTGGGTGGGTTGCTGCTGCACGAGCTCCACGGTTTGCTGGACGGGCAGAGTC	1320
Sbjct	7446	dright de la company de la com	7387
Query	1321	TGTTGAACGTTTGAAACAGTGGGAAGTTGTTGCTGCACAACctgctgctgctgctgc	1380
Sbjct	7386	TĠTTĠAAĊĠTTĠAAAĊAĠTĠĠĠAAĠTTĠTTĠĊTĠĊAĊAAĊĊTĠĊTĠĊTĠĊTĠĊŢĠĊ	7327
Query	1381	tgttgctgctgT 1392 TGTTGCTGCTGT 7315	
Sbjct	7326	tgttgctgctgt 7315	

Range 2: 7319 to 8706

Score		Expect	Identities	Gaps	Strand Fran	ne
2519 bits(1364)		0.0()	1380/1388(99%)	0/1388(0%)	Plus/Minus	
Features:						
Query	1366	tgctgctgctg	ctgctgttgctgctgTC	CAGTGGTGGTCGT	AAAGAGTGCTCCAGAGGC	C 1425
Sbjct	8706	TGCTGCTGCTG	ctgctgttgctgctgt	CAGTGGTGGTCGT	AAAGAGTGCTCCAGAGGC	C 8647

Query Sbjct	1426 8646	TGCTGCGCCTTTTGAGCAGCAAGAATATTATGACGCTTAACCAGTAACATATCCCCTGCT	1485 8587
Query	1486	GCTGTTGTGGTGGTCGTTCCGTCAGCGGACACCACTTGACGCTGCAGCTGCTGCTTTCCG	1545
Sbjct	8586	GCTGTCGTGGTCGTTCCGTCAGCGGACACCACTTGACGCTGCAGCTGCTGCTTTCCG	8527
Query	1546	GCCGCCATCTGCTTGATGAACTGCGTCCTGGCCTGTCCGTGCATTTGCACACTGCTTACC	1605
Sbjct	8526	GCCGCCATCTGCTTGATGAACTGCGTCCTGGCCTGTCCGTGCATTTGCACACTGCTTACC	8467
Query	1606	ACGTTGCCTGCCTGCACAGTAGTGGAGGTGCCCGGCATTCCCGACACGGCCACTTTTTGG	1665
Sbjct	8466 1666	AĊĠŤŤĠĊĊŤĠĊĊŤĠĊAĊAĠŤĀĠŤĠĠĀĠĠŤĠĊĊĊĠĠĊĀŤŤĊĊĊĠĀĊĀĊĠĠĊĊĀĊŤŤŤŤŤĠĠ CTTGTCACATGCGTGGCCATGTTGCTAGCTTGGATTATTGTGCCGCCTGCTTGCACCAGA	8407 1725
Query Sbjct	8406	CTTGTCACATGCGTGGCCATGTTGCTAGCTTGGATTATTGTGCCGCCTGCTTGCACCAGA	8347
Query	1726	ŢŢ Ŗ ĠĊŖĠŢŖĠĊŢĊĊŖĠŢŖĠĊĠĊĊŖĠĊŢĠŖŢĊĠĊŢĠĠĠĊŖĊĠĠĊŢŢĠŢĊŢŢĠŢĊŢĠĊ	1785
Sbjct	8346	TTAGCAGTAGCTCCAGTAGCGCCAGCTGATCCGCTGGGCACGGCTTGTCTGTC	8287
Query	1786	AGCACCTTCAAGCTGCGCTGACGGTAGAGCTGTATATGTGCTCCCCCAGATTGCTGAGTC	1845
Sbjct	8286	AĠĊĀĊĊŢŢĊĀĀĠĊŢĠĊĠĊŢĠĀĊĠĠŢĀĠĀĠĊŢĠŢĀŢĀŢĠŢĠĊŢĊĊĊĊĀĠĀŢŢĠĊŢĠĀĠŢĊ	8227
Query Sbjct	1846 8226	ACGGGAATCACTGTCGTCTTCCCTCCCTGCTGCAATGCGCTCACCGGAATTCCCTTTGTG	1905 8167
Query	1906	GTÇAÇÇAAÇTGTGTGGTÇTGAGTGGÇTGGAGATGTGGGAAÇAGÇTGÇÇAAAÇGAAGÇTGA	1965
Sbjct	8166	GTCACCAACTGTGTGGTCTGAGTGGCTGGAGATGTGGGAACAGCTGCCAAACGAAGCTGA	8107
Query	1966	GTCTGGAATTGCGAGGGACTCGCGCCTTGTCCTAAGTTCGGCATAGAGACAATAGACTGA	2025
Sbjct	8106	GTCTGGAATTGCGAGGGACTCGCGCCTTGTCCTAAGTTCGGCATAGAGACAATAGACTGA	8047 2085
Query Sbjct	2026 8046	CCACCGGCTGTCGCTGTTGAAGGGTGTTTCCTGCAGCTGTCGAGACAATCCGCTGA 	7987
Query	2086	ҪҪӒҪ҅ҪҪ҅Ӓ҅҅Ҳ҇Ҳҭ҅҅Ҫ҄ҩ҃ҬҪӯҭ҅ҪҭҪҲӒ҅҅҅Ӓ҅ҫҭ҅Ҫҁҭ҅҅҅҅ҫҁ҅Ҫ҅Ҫ҅҅҅ҁ҅҅ҁ҅҅ҁ҅ҁ҅҅҅ҁ҅҅ҁ҅҅҅҅ҁ҅҅	2145
Sbjct	7986	CCACGCAACATGGTCGTGTTCAAAGTGGTTACAGCCGTGGTCTGATGCTGTTGTTGTGGC	7927
Query	2146	TGATTGGCAGTGGTCAGTACGGTGCCCACGGTGGGCAAAGTGCTAACGGAGACCACC	2205
Sbjct	7926	TGATTGGCAGTGGTCAGTACGGTGCCCACGGTGGGCAAAGTGCTAACGGAGACCACC	7867
Query Sbjct	2206 7866	TGTGGCAGCGATTGGGTCTGCACAATGCTGCCCAACTGGGGAGAGCTGTTAACGGGCAGC	2265 7807
Query	2266	ĢŢĊŢĠŢĠĄĊĠĄĠĄŢĊĠĄĄĄĊĠĄŢĊŢĠĠĠĊĄĊĊĄĠĄĠĊĊŢĄŢĊŢĠĠĠĠŢŢĠĊĄĊĊĄĊĊĠĄĊ	2325
Sbjct	7806	GTCTGTGACGAGATCGACACGATCTGAGCACCAGAGCCTATCTGGGGTTGCACCACCGAC	7747
Query	2326	GGAAGTGTCTGTACTGGAGTGGTTAGGACCACACTCACACTGGACTGGCCCCCAGAAGCG	2385
Sbjct	7746	ĠĠAAĠŦĠAĊŦĠŦĀĊŦĠĠĀĠŦĠĠŦŦĀĠĠĀĊĊĀĊĀĊĀĊĀĊĀĊĀĠĀĊŦĠĠĊĊĀĊĊĀĠĀĀĠĊĠ	7687
Query Sbjct	2386 7686	ACTGCAGACTGTTGGGCTAATTGTTGCAATTGGCCCGCGGTCAAGCTGGAGGAGGTGCCG 	2445 7627
Query	2446	ĄÇĄĄTĄĢTÇTTĢĄÇÇĄĄCTĢTTĢĄGTĄTTĢĢATTĢTÇÇĄÇÇCŢĢÇÇÇĢĢĢĢTĢÇĢTĄÇĢÇ	2505
Sbjct	7626	ACAATAGTCTTGACCAACTGTTGAGTATTGGATTGTCCACCCTGCCCGGGGTGCGTACGC	7567
Query	2506	AATTGCTGCTGCGGTTGGTGGAGCAGGATGGCAGTCTGTTGACCGGGCGAGACATTGGAA	2565
Sbjct	7566	AATTĠĊŢĠĊŢĠĊĠĠŢŢĠĠŢĠĠĀĠĊĀĠĠĀŢĠĠĊĀĠŢĊŢĠŢŢĠĀĊĊĠĠĠĊĠĀĠĀĊĀŢŢĠĠĀĀ	7507
Query Sbjct	2566 7506	CTGGTCAAGTGCTGGATCTGCAGCTGCTGCAACTGACCACCAGCAGCGGGCACCGCCACT	2625 7447
Query	2626	GTTGTCGTGGTGGTGGGTTGCTGCTGCACTGCACCACCAGCAGCGGGCACCACT	2685
Sbjct	7446		7387
Query	2686	TGTTGAACGTTTGAAACAGTGGGAAGTTGTTGCTGCACAACctgctgctgctgctgctgc	2745
Sbjct	7386	terteaacettteaaacaeteeeaaettetteetecaeaaceteeteeteeteeteetee	7327
Query	2746	tgttgctg 2753	
Sbjct	7326	TĠTTĠĊTĠ 7319	

Drosophila melanogaster GH12111 full insert cDNA

Sequence ID: **gb|AY118307.1|** Length: 2749 Number of Matches: 2 Range 1: 1 to 1286

Score		Expect	Identities	Gaps	Strand	Frame
2359 bit	s(1277)	0.0()	1283/1286(99%)	0/1286(0%)	Plus/Minus	
Feature	S:					
Query	1366	tgctgctgctg	ctgctgttgctgctgTC	CAGTGGTGGTCGT	AAGAGTGCTCCA	GAGGCC 1425
Sbjct	1286	TGCTGCTGCTGC	ctectettectectet	ccadtddtddtcdt	AAAGAGTGCTCCA	GAGGCC 1227
Query	1426		TGAGCAGCAAGAATAT 			
Sbjct	1226		rtgagcagcaagaatat			
Query Sbjct	1486 1166	GCTGTTGTGGTG	GTCGTTCCGTCAGCGG 			TTTCCG 1545
Query	1546		CTTGATGAACTGCGTCC			
Sbjct	1106	GCCGCCATCTG		 TGGCCTGTCCGTGC		 CTTACC 1047
Query	1606	ACGTTGCCTGC	CTGCACAGTAGTGGAGG	TGCCCGGCATTCCC	CGACACGGCCACT	TTTTGG 1665
Sbjct	1046	ACGTTGCCTGC	CTGCACAGTAGTGGAAG	tgcccgcattcc	CGACACGGCCACT	ttttgg 987
Query	1666	CTTGTCACATGO	CGTGGCCATGTTGCTAG	CTTGGATTATTGTC	CCGCCTGCTTGC	
Sbjct	986		ĊĠŦĠĠĊĊĂŦĠŦŦĠĊŦĂĠ			ACCAGA 927
Query	1726		FCCAGTAGCGCCAGCTG			
Sbjct Query	926 1786		rCCAGTAGCGCCAGCTG GCTGCGCTGACGGTAGA		ĠĊĊŢĠŢĠŢĊĠŢŢ CCCCCAGAŢŢGC	
Sbjct	866			GCTGTATATGTGC		
Query	1846	АСССЕВЬЯ	ӷ҅҄ҫҭҪҕҭҪҭҭҪҪҪҭҪҪҀҬ	: ;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;;	САССББААТТССС	ТТТСТС 1905
Sbjct	806	ACGGGAATCAC	reteetetteet	rgctgcaatgcgctd	CACCGGAATTCCC	TTTGTG 747
Query	1906	GTCACCAACTG	rgtggtctgagtggctg	GAGATGTGGGAAC <i>I</i>	AGCTGCCAAACGA	AGCTGA 1965
Sbjct	746		tĠtĠĠtĊtĠAĠtĠĠĊtĠ			
Query	1966		CGAGGGACTCGCGCCTT			
Sbjct Query	686 2026		CGAGGGACTCGCGCCTT CGTTCGCTGTTGAAGGG			
Sbjct	626	CCACCGGCTGT				
Query	2086			; ;ттасабссетеетс	СТĢАТĢСТĢТТĢТ	Т ĢТĢĢÇ 2145
Sbjct	566	CCACGCAACAT		 TTACAGCCGTGGTC		 TGTGGC 507
Query	2146	TGATTGGCAGT	GGTGGTCAGTACGGTGC	CCACGGTGGGCAA	AGTGCTAACGGAG	ACCACC 2205
Sbjct	506	tgattggcagt	geteetcyetyee	ccpcedteeppy	Agtgctaacggag	Accacc 447
Query	2206		FTGGGTCTGCACAATGC			
Sbjct	446 2266		PTGGGTCTGCACAATGC GATCGAAACGATCTGGG		AGAGCTGTTAACG	
Query Sbjct	386		JATOGAAACGATOTGGG 			
Query	2326		PAÇTGGAGTGGTTAGGA			
Sbjct	326	GGAAGTGTCTG				 GAAGCG 267
Query	2386	ACTGCAGACTG	PTGGGCTAATTGTTGC <i>A</i>	ATTGGCCCGCGGT(CAAGCTGGAGGAG	GTGCCG 2445
Sbjct	266	Actgcagactg	rtgggctaattgttgca	ATTGGCCCGCGGTC	CAAGCTGGAGGAG	GTGCCG 207
Query	2446		GACCAACTGTTGAGTAT			
Sbjct	206		SACCAACTGTTGAGTAT			
Query	2506 146		CGGTTGGTGGAGCAGGA 			
Sbjct Query	2566		CTGGATCTGCAGCAGGA			
Sbjct	86					

Range 2: 1 to 1286

Score		Expect	Identities	Gaps	Strand	Frame	
2359 bit	s(1277)	0.0()	1283/1286(99%)	0/1286(0%)	Plus/Minus		
Features	S :						
Query	1	tgctgctgctg	ctgctgttgctgctgT	CCAGTGGTGGTCGT.	AAAGAGTGCTCC <i>A</i>	GAGGCC	60
Sbjct	1286	TGCTGCTGCTG	ctdctdttdctdctdt	ccagtggtggtcgt	AAAGAGTGCTCCA	GAGGCC	1227
Query	61	TGCTGCGCCTT'	TTGAGCAGCAAGAATA 	TTATGACGCTTAAC	CAGTAACATATCC	CCTGCT	120
Sbjct	1226		trgagcagcaagaata				1167
Query	121		GGTCGTTCCGTCAGCG			TTTCCG	180
Sbjct	1166 181		GGTCGTTCCGTCAGCG CTTGATGAACTGCGTC		CTGCAGCTGCTGC	CULVCC	1107 240
Query Sbjct	1106		CTTGATGAACTGCGTC CTTGATGAACTGCGTC			CTTACC	1047
Query	241		CTGCACAGTAGTGGAG			TTTTGG	300
Sbjct	1046	ACGTTGCCTGC	 CTGCACAGTAGTGGAA	GTGCCCGGCATTCC		TTTTGG	987
Query	301	ÇTTGTÇAÇATG(ССТСССТВ	ĢСТТĢĢĀТТĀТТĢТ	 Ģ ÇÇÇÇŢĢÇŢŢĢÇ	САССАБА	360
Sbjct	986	CTTGTCACATG	cgtggccatgttgcta	GCTTGGATTATGGT	gccgcctgcttgc	CACCAGA	927
Query	361	TTAGCAGTAGC'	TCCAGTAGCGCCAGCT	GATCCGCTGGGCAC	GGCTTGTGTCGTT	GTCTGC	420
Sbjct	926	ttagcagtagc	tccactaccccact	ĠĀŦĊĊĠĊŦĠĠĠĊĀĊ	ĠĠĊϮϮĠϮĠϮĊĠϮ1	cstctsc	867
Query	421		GCTGCGCTGACGGTAG 				480
Sbjct	866 481		GCTGCGCTGACGGTAG TGTCGTCTTCCCTCCC				807 540
Query Sbjct	806	ACGGGAATCAC		TGCTGCAATGCGCT			747
Query	541		TGTGGTCTGAGTGGCT				600
Sbjct	746	GTCACCAACTG	 TGTGGTCTGAGTGGCT		 AGCTGCCAAACGA	 AGCTGA	687
Query	601	GTCTGGAATTG	CGAGGGACTCGCGCCT	TGTCCTAAGTTCGG	CATAGAGACAATA	GACTGA	660
Sbjct	686	GTCTGGAATTG	CGAGGGACTCGCGCCT	TGTCCTAAGTTCGG	CATAGAGACAATA	GACTGA	627
Query	661	CCACCGGCTGT(CGTTCGCTGTTGAAGG 	GTGTTTCCTGCAGC	TGTCGAGACAATC	CGCTGA	720
Sbjct	626		ĊĠϮϮĊĠĊϮĠϮϮĠAĀĠĠ				567
Query	721		GGTCGTGTTCAAAGTG				780
Sbjct	566 781		AGTCGTGTTCAAAGTG GGTGGTCAGTACGGTG				507 840
Query Sbjct	506		GGTGGTCAGTACGGTG 				447
Query	841		ТТ Ģ ĢĢТСТĢСАСААТĢ				900
Sbjct	446	TGTGGCAGCGA	 TTGGGTCTGCACAATG			 GGCAGC	387
Query	901	GTCTGTGACGA	GATCGAAACGATCTGG	GCACCAGAGCCTAT	CTGGGGTTGCACC	CACCGAC	960
Sbjct	386	GTCTGTGACGA	datedaaaedatetdd	GCACCAGAGCCTAT	ctddddttdcacd	ACCGAC	327
Query	961	GGAAGTGTCTG'	TACTGGAGTGGTTAGG 	ACCACACTCACACT	GGACTGGCCCCA	GAAGCG	1020
Sbjct	326		tactggagtggttagg				267
Query	1021		TTGGGCTAATTGTTGC				1080
Sbjct	266 1081		TTGGGCTAATTGTTGC GACCAACTGTTGAGTA				2071140
Query Sbjct	206		GACCAACTGTTGAGTA GACCAACTGTTGAGTA			ĪIJĬĪ	140
Query	1141		CGGTTGGTGGAGCAGG				1200
Sbjct	146						87
Query	1201	CTGGTCAAGTG	CTGGATCTGCAGCTGC	TGCAACTGACCACC	AGCAGCGGGCACC	GCCACT	1260

Drosophila simulans GD11590 (Dsim\GD11590), mRNA

Sequence ID: **ref|XM_002082439.1|** Length: 3537 Number of Matches: 2 Range 1: 1066 to 2447

Score		Expect	Identities	Gaps	Strand	Frame
2281 bit	s(1235)	0.0()	1333/1382(96%)	0/1382(0%)	Plus/Minus	
Features	s:					
Query	1366	tgctgctgctg	ctgctgttgctgctg T (ССАСТССТССТ	AAAGAGTGCTCCAG	SAGGCC 14:
Sbjct	2447	TGCTGATGCTG	ctgctgttgctgctgt	CCAGTGGTGGT	AAAGAGTGCTCCAC	SAAGCC 23
Query	1426	TGCTGCGCCTT	TTGAGCAGCAAGAATAT	TTATGACGCTTAAC	CAGTAACATATCC	CCTGCT 14
Sbjct	2387	tgctgcgcctt.	rtgagegetaagaatar	ttatgacgcttaaco	cagtaacatatccc	cctcct 23
Query	1486	GCTGTTGTGGT	GGTCGTTCCGTCAGCG(GACACCACTTGACG(CTGCAGCTGCTGC7 	TTTCCG 15
Sbjct	2327		ĠĠŦĊĠŦŦĊĊĠŦĊĀĠĊĠŒ			
Query	1546		CTTGATGAACTGCGTC(
Sbjct	2267		ĊŢŢĠĀŢĀĀĀĀĀŢĠĊĠŢĊŒ			
Query	1606		CTGCACAGTAGTGGAG(
Sbjct	2207 1666		ĊŤĠĊÁĊÁĠŤÁĠŤĠĠÁĠŒ CGTGGCCATGTTGCTAŒ			
Query Sbjct	2147		CGTGGCCATGTTGCTAC CGTGGCCATATTGCTAC			
Query	1726		TCCAGTAGCGCCAGCT(
Sbjct	2087		TCCAGTAGCCCCAGCT			
Query	1786	А ĢÇАÇÇŢŢÇAA(ĢÇŢĢÇĢÇŢĢAÇĢĢTĀG <i>I</i>	, , , , , , , , , , , , , , , , ,	ГСССССАБАТТБСТ	ГĢАĢТС 18
Sbjct	2027	AGCACCTTCAA	 GCTGCGCTGGCGGCAC			 GAGTT 19
Query	1846	ACGGGAATCAC'	rgtcgtcttccct	rgctgcaatgcgct(CACCGGAATTCCCT	TTTGTG 19
Sbjct	1967	ACCGGAATCAC	cgregrerreecreec	rgcagcaatgcgcto	CACCGGAATTCCC	rTTGTG 19
Query	1906	GTCACCAACTG	rgtggtctgagtggct(GGAGATGTGGGAAC	AGCTGCCAAACGA <i>I</i>	AGCTGA 19
Sbjct	1907	gtcacaaactc	teteeacteactect	ggygytgtggyyci	y de la compara de la comp	AGCTGC 18
Query	1966	GTCTGGAATTG	CGAGGGACTCGCGCCT' 	FGTCCTAAGTTCGG(CATAGAGACAATAG 	SACTGA 202
Sbjct	1847	ĠŢĊŢĠĠĀĀŢŢĠ	ĊĠĀĀĠĠĀĊŦĊĠĊĠĊĊŦŢ	rĠtċċtàAĠttċĠĠ(ĊATAĠAĠAĊAATAĊ	
Query	2026		CGTTCGCTGTTGAAGG(
Sbjct	1787		CGTTCGCTGTTGAAGG(
Query	2086 1727		GGTCGTGTTCAAAGTG(
Sbjct Query	2146		GGTGGTCAGTACGGTG			
Sbjct	1667		GGTGGTCAGTACGGTGC			
Query	2206		TTGGGTCTGCACAATG(
Sbjct	1607	TGCGGCAGCGA				
Query	2266	ĢŢĊŢĢŢĢĄĊĢĄ¢	ĢĄŢĊĢĄAĄĊĢĄŢĊŢĢĢO	ĢÇĄÇÇĄĢĄĢÇÇŢĄŢ¢	СТ ĢĢĢĢ ŢТĢÇĀÇС <i></i>	АССВАС 23
Sbjct	1547	GTCTGTGACGA			LTGGGGTTGCACC	ACCGAC 14
Query	2326	GGAAGTGTCTG'	TACTGGAGTGGTTAGG <i>I</i>	ACCACACTCACACT(GGACTGGCCCCCAC	SAAGCG 23
Sbjct	1487	GGAAGTGTCTG		ACTACACTCACACT	GGACTGGCCACCAC	GAAGCG 14:
Query	2386	ACTGCAGACTG	TTGGGCTAATTGTTGC <i>I</i>	AATTGGCCCGCGGT(CAAGCTGGAGGAG(STGCCG 24
Sbjct	1427	GCTGCAGACTG	ttgggccaattgttgc	AATTGGCCCGCAGT	caagctggaggagd	stocco 13
Query	2446		GACCAACTGTTGAGTAT			

Sbjct	1367	ACAATAGTCTTCACCAACTGTTGAGTATTGGATTGTCCACCTTGCCCGGGGTGCGTACGC	1308
Query	2506	AATTGCTGCTGCGGTTGGTGGAGCAGGATGGCAGTCTGTTGACCGGGCGAGACATTGGAA	2565
Sbjct	1307	AATTGCTGCTGCGGTTGGTGGAGCAGGATGGCAGTCTGTTGACCGGGCGAGACATTGGAA	1248
Query	2566	CTGGTCAAGTGCTGGATCTGCAGCTGCTGCAACTGACCACCAGCAGCGGGCACCGCCACT	2625
Sbjct	1247	CTGGTCAAGTGCTGGATCTGCAGCTGCTGCAACTGACCACCAGCAGCGGGAACCGCCACT	1188
Query	2626	GTTGTCGTGGTGGTGGGTTGCTGCTGCACGAGCTCCACGGTTTGCTGGACGGGCAGAGTC	2685
Sbjct	1187	GTTGTCGTGGTGCTGGGTTGCTGCACGAGCTCCACGGTTTGCTGGACGGGCAGAGTC	1128
Query	2686	TGTTGAACGTTTGAAACAGTGGGAAGTTGTTGCTGCACAACctgctgctgctgctgc	2745
Sbjct	1127	TGTTGAACGTTTGAAACAGTGGGAAGTTGTTGCTGCACAACCTGCTGCTGCTGCTGTTGC	1068
Query	2746	tg 2747	
Sbjct	1067	TG 1066	

Range 2: 1066 to 2447

Score		Expect	Identities	Gaps	Strand	Frame	
2281 bit	ts(1235)	0.0()	1333/1382(96%)	0/1382(0%)	Plus/Minus		
Feature	s:						
Query	1	tgctgctgctg	ctgctgttgctgctgT	CCAGTGGTGGTCGT	AAAGAGTGCTCCA	GAGGCC	60
Sbjct	2447	tgctgatgctg	ϛϯĠĊϯĠϯϯĠĊϯĠĊϯĠϯ	ccagtggtggtggt	AAAGAGTGCTCCA	GAAGCC	2388
Query	61	TGCTGCGCCTT	TTGAGCAGCAAGAATA 	TTATGACGCTTAAC	CAGTAACATATCC 	CCTGCT	120
Sbjct	2387		ttĠAĠĊGĠĊAAĠAAtA				2328
Query	121		GGTCGTTCCGTCAGCG 				180
Sbjct	2327		ĠĠŦĊĠŦŦĊĊĠŦĊĀĠĊĠ				2268
Query	181		CTTGATGAACTGCGTC				2402208
Sbjct Query	2267 241		ĊϮϮĠÅϮ₳ÅÅ₳ϮĠĊĠϮĊ CTGCACAGTAGTGGAG				300
Sbjct	2207		CTGCACAGTAGTGGAG 				2148
Query	301		ÇĢTĢĢÇÇATGTTĢÇTA				360
Sbjct	2147	CTTGTCACATG	 CGTGGCCATATTGCTA	 .GCTTGGATTATGGT	ACCGCCTGCTTGC	ACCAAA	2088
Query	361	TTAGCAGTAGC	TCCAGTAGCGCCAGCT	'GATCCGCTGGGCAC	<mark>GGСТТ</mark> GТGТСGТТ	GTCTGC	420
Sbjct	2087	TTAGCAGTAGC	TCCAGTAGCCCCAGCT	'GATCCGCTGGGCAC	GGCTTGTGTCGTT	GTCTGC	2028
Query	421	AGCACCTTCAA	GCTGCGCTGACGGTAG	AGCTGTATATGTGC	TCCCCCAGATTGC	TGAGTC	480
Sbjct	2027	AGCACCTTCAA	ĠĊŦĠĊĠĊŦĠĠĊĠĠĊĀĊ	:AĠĊŦĠŦAŦAŦĠŦĠĊ	tcctccagattgc	тĠАĠтт	1968
Query	481		TGTCGTCTTCCCTCCC 				540
Sbjct	1967		CĠŦĊĠŦĊŦŦĊĊĊŦĊĊĊ				1908
Query	541 1907		TGTGGTCTGAGTGGCT 				600 1848
Sbjct Query	601		TGTGGACTGAGTGGCT CGAGGGACTCGCGCCT				660
Sbjct	1847		CGAAGGACTCGCGCCT CGAAGGACTCGCGCCT				1788
Query	661		ÇĞTTÇĞÇTĞTTĞAAĞĞ				720
Sbjct	1787	CCACCGGCTGT				 CGCTGA	1728
Query	721	CCACGCAACAT	GGTCGTGTTCAAAGTG	GTTACAGCCGTGGT	СТБАТБСТБТТБТ	ŢĢŢĢĢÇ	780
Sbjct	1727	CCACGCAACAT	GGCCGTGTTTAAAGTG	GTTACAGCCGTGGT	ctgatgctgctgt	TGTGGC	1668
Query	781	TGATTGGCAGT	GGTGGTCAGTACGGTG	CCCACGGTGGGCAA	AGTGCTAACGGAG	ACCACC	840
Sbjct	1667	TGATTGGCAGT	dereeteere	cccacetteece	AGTGCTAACGGAG	ACCACC	1608
Query	841	TGTGGCAGCGA	TTGGGTCTGCACAATG	CTGCCCAACTGGGG	AGAGCTGTTAACG 		900
Sbjct	1607		ttdddtctdcacaatd				1548
Query	901		GATCGAAACGATCTGG 				960
Sbjct	1547	GTCTGTGACGA	GATGGACACGATCTGG	GCACCAGAGCCTAT	CTGGGGTTGCACC	ACCGAC	1488

Query	961	GGAAGTGTCTGTACTGGAGTGGTTAGGACCACACTCACACTGGACTGGCCCCCAGAAGCG	1020
Sbjct	1487	GGAAGTGTCTGTACTGGAGTGGTTAGGACTACACTCACACTGGACTGGCCACCAGAAGCG	1428
Query	1021	ACTGCAGACTGTTGGGCTAATTGTTGCAATTGGCCCGCGGTCAAGCTGGAGGAGGTGCCG	1080
Sbjct	1427	GCTGCAGACTGTTGGGCCAATTGTTGCAATTGGCCCGCAGTCAAGCTGGAGGAGGTGCCG	1368
Query	1081	ACAATAGTCTTGACCAACTGTTGAGTATTGGATTGTCCACCCTGCCCGGGGTGCGTACGC	1140
Sbjct	1367	ACAATAGTCTTCACCAACTGTTGAGTATTGGATTGTCCACCTTGCCCGGGGTGCGTACGC	1308
Query	1141	AATTGCTGCTGCGGTTGGTGGAGCAGGATGGCAGTCTGTTGACCGGGCGAGACATTGGAA	1200
Sbjct	1307	AATTGCTGCTGCGGTTGGTGGAGCAGGATGGCAGTCTGTTGACCGGGCGAGACATTGGAA	1248
Query	1201	CTGGTCAAGTGCTGGATCTGCAGCTGCTGCAACTGACCACCAGCAGCGGGCACCGCCACT	1260
Sbjct	1247	CTGGTCAAGTGCTGGATCTGCAGCTGCAACTGACCACCAGCAGCGGGAACCGCCACT	1188
Query	1261	GTTGTCGTGGTGGTGGGTTGCTGCTGCACGAGCTCCACGGTTTGCTGGACGGGCAGAGTC	1320
Sbjct	1187	GTTGTCGTGGTGCTGGGTTGCTGCACGAGCTCCACGGTTTGCTGGACGGGCAGAGTC	1128
Query	1321	TGTTGAACGTTTGAAACAGTGGGAAGTTGTTGCTGCACAACctgctgctgctgctgc	1380
Sbjct	1127	TGTTGAACGTTTGAAACAGTGGGAAGTTGTTGCTGCACAACCTGCTGCTGCTGCTGCTGC	1068
Query	1381	tg 1382	
Sbjct	1067	TG 1066	

Drosophila yakuba domino (Dyak\dom), transcript variant B, mRNA Sequence ID: **ref|XM_015196400.1|** Length: 10334 Number of Matches: 2 Range 1: 7305 to 8686

Score		Expect	Identities	Gaps	Strand	Frame	
2032 bit	s(1100)	0.0()	1288/1382(93%)	0/1382(0%)	Plus/Minus		
Features	s:						
Query	1369	tgctgctgctg	ctgttgctgctgTCCA(, БТGGTGGTCGТААА	- - - - - - - - - -	Ģ ÇÇŢĢÇ	1428
Sbjct	8686	TGCTGCTGCTG	TTGTTGCTGCTGCCA		J	GCCTGC	8627
Query	1429	TGCGCCTTTTG	AGCAGCAAGAATATTA	rgacgettaaceag:	TAACATATCCCCT	GCTGCT	1488
Sbjct	8626	$\frac{1}{2}$	ggcgcaagaatatta	rgacgcttaaccag	taacatatccca	ectece	8567
Query	1489	GTTGTGGTGGT	CGTTCCGTCAGCGGAC	ACCACTTGACGCTG(CAGCTGCTGCTTT	CCGGCC	1548
Sbjct	8566	dtadtddtddt.	agttccgtcagcgdac	yccyc44dececad	cadcidcidcidcid	ççêççç	8507
Query	1549	GCCATCTGCTT	GATGAACTGCGTCCTG(GCCTGTCCGTGCATT	TTGCACACTGCTT.	ACCACG	1608
Sbjct	8506	gccatctgctt	datdaactdcdtcctd	gcctetccetecat.	ttgcacgctgctt	ACCACG	8447
Query	1609	TTGCCTGCCTG	CACAGTAGTGGAGGTG(CCCGGCATTCCCGA(CACGGCCACTTTT	TGGCTT 	1668
Sbjct	8446	††dccccccc	cacagtagaggaggtag	ĊĊĊĠĠĊĀŦŦĊĊĊĠĀZ	AAĊĠĠĊŦĂĊϮϮϮϮ	тĠĠĊϮϮ	8387
Query	1669	GTCACATGCGT	GGCCATGTTGCTAGCTT	rggattattgtgcc(GCCTGCTTGCACC.	AGATTA 	1728
Sbjct	8386	ĠŦĊĀĊĠŦĠĊĠŦ	ĠĊĊĀŦĠŦŦĠĊŦĀĠĊŦſ	tĠĠAttAtcĠtĠĊĊ	ĠĊĊAĠĊŢŢĠĊĂĊĊ.	AĠAϮϮA	8327
Query	1729	GCAGTAGCTCC	AGTAGCGCCAGCTGAT(CCGCTGGGCACGGC	TGTGTCGTTGTC 	TGCAGC	1788
Sbjct	8326	ĠĊĀĠŦĀĠĊŦĊĊ.	AĠTACĊAĊĊAĠĊCĠAT(ĊĊĠĊŦĠĠĠĊĀĊĊĠĊſ	rtĠtĠtĊĠttĠtr	†ĠĊAĠĊ	8267
Query	1789	ACCTTCAAGCT	GCGCTGACGGTAGAGCT	IGTATATGTGCTCC	CCCAGATTGCTGA 	GTCACG 	1848
Sbjct	8266	AĊĊŢŢĊĀĀĠĊŢ	ĠĊĠĊŦĠĠĊĠĠŦĀĠĀĠĊŢ	rĠTATGTĠTĠĊTĊĊ(ĊĊĊĀĠĀŢŢĠĊŢĠĀ	ĠŦĊĊĊA	8207
Query	1849		CGTCTTCCCTCCCTGCT				1908
Sbjct	8206	ĠĠĀĀŢĊĀĊĊĠŢ	ċĠŧċŧŧĠċċŧċċċŧĠċŗ	rgtaatgegetaae(ĊĠĠĠĂŦŦĊĊĊŦŦŦ	ĠŦĠĠŦĊ	8147
Query	1909		GGTCTGAGTGGCTGGA(1968
Sbjct	8146		ĠĠŦĊŦĠĂĠŦAĠĊŦĠĠĂŒ				8087
Query	1969		GGGACTCGCGCCTTGT(2028
Sbjct	8086		ĠĠĠĀĊϮĠĀĊĠĊĊϮϮĠϮŒ				8027
Query	2029		TCGCTGTTGAAGGGTG				2088
Sbjct	8026	ĊĊĠĠĊŦĠŦĊĠŦ	†¢ĠĊţĠţţĠAAĠĠĠţa:	rtrcctgcagctgt	ĊĠĂĊĂĊĂĂŤŦĊĠĊ	ТĠАĊĊТ	7967
Query	2089	CGCAACATGGT	CGTGTTCAAAGTGGTT	ACAGCCGTGGTCTG	ATGCTGTTGTTGT	GGCTGA	2148

Sbjct	7966	CGCAACATGGCCGTGTTTAGAGTGGTTACAGCCGTGGTCTGATGCTGTTGTTGCTGA	7907
Query	2149	TTGGCAGTGGTCAGTACGGTGCCCACGGTGGGCAAAGTGCTAACGGAGACCACCTGT	2208
Sbjct	7906	ttggcagtggtggtcagtacggtgcccacggtgggcagagtgctaacggaaaccacctgc	7847
Query	2209	GGCAGCGATTGGGTCTGCACAATGCTGCCCAACTGGGGAGAGCTGTTAACGGGCAGCGTC	2268
Sbjct	7846	ĠĠĊAĠĠĠAŦŦĠĠĠŦĊŦĠĊAĊAAŦĠĊŦĠĊĊĊAAĊŦĠĠĠĠAĠAĠĊŦĠŦŦAAĊĠĠĠĊAAĊĠŦĊ	7787
Query	2269	TGTGACGAGATCGAAACGATCTGGGCACCAGAGCCTATCTGGGGTTGCACCACCGACGGA	2328
Sbjct	7786	†G†GACGAGA†GGACACGA†C†GGGCACCAGAGCC†A†C†GGGG††GCACCAC†GCCGGA	7727
Query	2329	AGTGTCTGTACTGGAGTGGTTAGGACCACACTCACACTGGACTGGCCCCCAGAAGCGACT	2388
Sbjct	7726	ÄĠŦĠAĊŦĠŦĂĊŦĠĠĀĠŦĠĠŦĊĀĠĠĂĊĊĀĊĀĊŤĊĀĊĀĊŦĠĠĀĊŦĠĀĊĊŦĊĊĀĠĀĀĠĊĠĠĊŦ	7667
Query	2389	GCAGACTGTTGGGCTAATTGTTGCAATTGGCCCGCGGTCAAGCTGGAGGAGGTGCCGACA	2448
Sbjct	7666	ĠĊĀĠĀĊŦĠŦŦĠĠĠĊĊĀĀŦŦĠŦŦĠĊĀĀŦŦĠĠĊĊŦĠĊĀĠŦĊĀĀĀĊŦĠĠĀĠĠĀĠĠĊĀĊĊĀĀĊĀ	7607
Query	2449	ATAGTCTTGACCAACTGTTGAGTATTGGATTGTCCACCCTGCCCGGGGTGCGTACGCAAT	2508
Sbjct	7606	ATAGTCTTGACCAACTGTTGAGTATTAGATTGTCCACCCTGGCCGGGGTGCGTACGCAAT	7547
Query	2509	TGCTGCTGCGGTTGGTGGAGCAGGATGGCAGTCTGTTGACCGGGCGAGACATTGGAACTG	2568
Sbjct	7546	ŤĠĊŤĠĊŤĠĊĠĠŤŤĠĠŤĠĠĂĠĊĂĠAĂŤĠĠĊĂĠŤĊŤĠŤŤĠĂĊĊAĠĠĊĠĂĠĂĊĂŤŤĠĠĂĂĊŤĠ	7487
Query	2569	GTCAAGTGCTGGATCTGCAGCTGCTGCAACTGACCACCAGCAGCGGGCACCGCCACTGTT	2628
Sbjct	7486	ĠŤĊĂĂĠŤĠĊŤĠĠĂŤĊŤĠŤĂĠĊŤĠĊŤĠĊĂĂĊŤĠĂĊĊĂĊĊĂĠĊĠĊĊĀĠĠĊĀĊĊĠĊĊĂĊŤĠŤŤ	7427
Query	2629	GTCGTGGTGGTGGGTTGCTGCACGAGCTCCACGGTTTGCTGGACGGGCAGAGTCTGT	2688
Sbjct	7426	ĠŢĊĠŢĠĠŢĄĊŢĠĠĊŢĠĊŢĠĊŢĠĊĀĊĠĀĠŢŢĊŢĀĊĠĠŢŢŢĠĊŢĠĠĀĊĠĠĠĊĀĠĀĠŢĊŢĠŢ	7367
Query	2689	TGAACGTTTGAAACAGTGGGAAGTTGTTGCTGCACAACctgctgctgctgctgctgt	2748
Sbjct	7366	TĠĀĀĊĠĠŦĠĠĀĀĀĊĀĠŦĠĠĠĀĀĠŦŦĠŦŦĠĊŦĠĊĀĊĀĀĊĊŦĠŦŦĠĊŦĠĊŦĠĊŦĠĊŦĠĊ tg 2750	7307
Query	2749	tg 2750 TG 7305	
Sbjct	7306	IG 1202	

Range 2: 7305 to 8686

Score		Expect	Identities	Gaps	Strand	Frame	
2032 bits	s(1100)	0.0()	1288/1382(93%)	0/1382(0%)	Plus/Minus		
Features	:						
Query	4	tgctgctgctgc	ctgttgctgctgTCCA	GTGGTGGTCGTAAA(GAGTGCTCCAGAG	GCCTGC	63
Sbjct	8686	TGCTGCTGCTG	rtgttgctgctgcccA	.grggrggrggraaa	GAGAGCTCCAGAG	GCCTGC	8627
Query	64	TGCGCCTTTTG	AGCAGCAAGAATATTA	TGACGCTTAACCAG	TAACATATCCCCT	GCTGCT	123
Sbjct	8626	tgcgccttttgc	ggcggcaagaatatta	tgacgcttaaccag	taacatatcccca	gctcce	8567
Query	124	GTTGTGGTGGT	CGTTCCGTCAGCGGAC	ACCACTTGACGCTG	CAGCTGCTGCTTT	CCGGCC	183
Sbjct	8566	dtadtddtddt/	agttccgtcagcgac	Accacttgcccctc	cadctdctdcttt	ççêççç	8507
Query	184	GCCATCTGCTTC	GATGAACTGCGTCCTG	GCCTGTCCGTGCAT	TTGCACACTGCTT	ACCACG	243
Sbjct	8506	¢ccatctcttcttc	gatgaactgcgtcctg	ĠĊĊŦĠŦĊĊĠŦĠĊĀŦſ	trdcacdctdctr	accace	8447
Query	244	TTGCCTGCCTGC	CACAGTAGTGGAGGTG 	CCCGGCATTCCCGAC	CACGGCCACTTTT	TGGCTT	303
Sbjct	8446	††dccccccct	ĊĀĊĀĠŦĀĠĀĠĠĀĠĠŦĀ	.ċċċĠĠċĀţţċċċĠĀz	AAĊĠĠĊŦĂĊϮϮϮϮ	tĠĠĊŦŦ	8387
Query	304	GTCACATGCGTC	GGCCATGTTGCTAGCT 	TGGATTATTGTGCCC	GCTGCTTGCACC	AGATTA	363
Sbjct	8386	ĠŦĊĀĊĠŦĠĊĠŦŒ	ĠĊĊĠŦĠŦŦĠĊŦĀĠĊŦ	rtĠĠĀŢŢĀŢĊĠŢĠĊĊŒ	ĠĊĊAĠĊŢŢĠĊĀĊĊ	ÁĠÁŤŤÁ	8327
Query	364	GCAGTAGCTCCA	AGTAGCGCCAGCTGAT 	CCGCTGGGCACGGC	FTGTGTCGTTGTC 	TGCAGC	423
Sbjct	8326	ĠĊĀĠŦĀĠĊŦĊĊ <i>ĭ</i>	AGTACCACCAGCCGAT	cccctcccccccccccccccccccccccccccccccccc	ttgtgtcgttgtr	rtgcagc	8267
Query	424	ACCTTCAAGCT(GCGCTGACGGTAGAGC	TGTATATGTGCTCC	CCCAGATTGCTGA 	GTCACG	483
Sbjct	8266	AccttcAAGctc	ĠĊĠĊϮĠĠĊĠĠϮĀĠĀĠĊ	tgtatgtgtgctcc	cccagattgctga	.Ġ†ĊCĊA	8207
Query	484	GGAATCACTGTO	CGTCTTCCCTCCCTGC	TGCAATGCGCTCAC	CGGAATTCCCTTT 	GTGGTC	543
Sbjct	8206	ddaatcaccdto	cercitectectectec	tgraatgccctaac	cddartcccttt	ĠŦĠĠŦĊ	8147
Query	544	ACCAACTGTGTC	GGTCTGAGTGGCTGGA	GATGTGGGAACAGC	rgccaaacgaagc	TGAGTC	603
Sbjct	8146	Accagctdtdtd	ggtctgagtagctgga	.datdtaddadddddc	cdccaaacdgadc	tgrgtc	8087

Query	604	TGGAATTGCGAGGGACTCGCCCTTGTCCTAAGTTCGGCATAGAGACAATAGACTGACCA	663
Sbjct	8086	tggaattgtgcgggactgacgccttgtcccaagttcggcatcgacacaatagactgacca	8027
Query	664	CCGGCTGTCGTTCGCTGTTGAAGGGTGTTTCCTGCAGCTGTCGAGACAATCCGCTGACCA	723
Sbjct	8026	ccgcctctctcctctctadagcctatttcctcctccacctctctccacctctctcctcctc	7967
Query	724	CGCAACATGGTCGTGTTCAAAGTGGTTACAGCCGTGGTCTGATGCTGTTGTTGTGGCTGA	783
Sbjct	7966	cgcaacatgcccgtgtttagagtggttacagccgtgttctgatgctgttgttgttgt	7907
Query	784	TTGGCAGTGGTGGTCAGTACGGTGCCCACGGTGGGCAAAGTGCTAACGGAGACCACCTGT	843
Sbjct	7906	trégékérégtégtékérkégétécékégétégékagkéréctakégékakéckéctéc	7847
Query	844	GGCAGCGATTGGGTCTGCACAATGCTGCCCAACTGGGGAGAGCTGTTAACGGGCAGCGTC	903
Sbjct	7846	ĠĠĊĀĠĠĠĀŦŦĠĠĠŦĊŦĠĊĀĊĀĀŦĠĊŦĠĊĊĀĀĊŦĠĠĠĠĀĠĀĠĊŦĠŦŦĀĀĊĠĠĠĊĀĀĊĠŦĊ	7787
Query	904	TGTGACGAGATCGAAACGATCTGGGCACCAGAGCCTATCTGGGGTTGCACCACCGACGGA	963
Sbjct	7786	tgtgacgagatggacacgatctgggcaccagagcctatctggggttgcaccactgc	7727
Query	964	AGTGTCTGTACTGGAGTGGTTAGGACCACACTCACACTGGACTGGCCCCCAGAAGCGACT	1023
Sbjct	7726	AGTGACTGTACTGGAGTGGTCAGGACCACACTCACACTGGACTGACCTCCAGAAGCGGCT	7667
Query	1024	GCAGACTGTTGGGCTAATTGTTGCAATTGGCCCGCGGTCAAGCTGGAGGAGGTGCCGACA	1083
Sbjct	7666	ĠĊĀĠĀĊŦĠŦŦĠĠĠĊĊĀĀŦŦĠŦŦĠĊĀĀŦŦĠĠĊĊŦĠĊĀĠŦĊĀĀĀĊŦĠĠĀĠĠĀĠĠCĀĊĊĀĀĊĀ	7607
Query	1084	ATAGTCTTGACCAACTGTTGAGTATTGGATTGTCCACCCTGCCCGGGGTGCGTACGCAAT	1143
Sbjct	7606	ATAGTCTTGACCAACTGTTGAGTATTAGATTGTCCACCCTGGCCGGGGTGCGTACGCAAT	7547
Query	1144	TGCTGCTGCGGTTGGTGGAGCAGGATGGCAGTCTGTTGACCGGGCGAGACATTGGAACTG	1203
Sbjct	7546	†GCTGCTGCGGTTGGTGGAGCAGAATGGCAGTCTGTTGACCAGGCGAGACATTGGAACTG	7487
Query	1204	GTCAAGTGCTGGATCTGCAGCTGCTGCAACTGACCACCAGCAGCGGGCACCGCCACTGTT	1263
Sbjct	7486	ĠŦĊĂĂĠŦĠĊŦĠĠĂŦĊŦĠŦĂĠĊŦĠĊŦĠĊĀĂĊŦĠĂĊĊĂĊĊĂĠĊĠĠĊĀĠĠĊĀĊĊĠĊĊĂĊŦĠŦŦ	7427
Query	1264	GTCGTGGTGGTGGGTTGCTGCACGAGCTCCACGGTTTGCTGGACGGGCAGAGTCTGT	1323
Sbjct	7426	ĠŤĊĠŤĠĠŤAĊŤĠĠĠĊŤĠĊŤĠĊŘĊĠŘĠŦŤĊŦŘĊĠĠŤŤŤĠĊŤĠĠŘĊĠĠĠĊŘĠŘĠŤĊŤĠŤ	7367
Query	1324	TGAACGTTTGAAACAGTGGGAAGTTGTTGCTGCACAACctgctgctgctgctgctgt	1383
Sbjct	7366	†GAACGGTGGAAACAGTGGGAAGTTGTTGCTGCACAACCTGTTGTTGCTGCTGCTGCTGT	7307
Query	1384	tg 1385	
Sbjct	7306	寸Ġ 7305	

Drosophila yakuba domino (Dyak\dom), transcript variant A, mRNA Sequence ID: **ref|XM_002091508.2|** Length: 9971 Number of Matches: 2 Range 1: 7305 to 8686

Score		Expect	Identities	Gaps	Strand	Frame	
2032 bits(1100)	0.0()	1288/1382(93%)	0/1382(0%)	Plus/Minus		
Features:							
Query 1	1369	tgctgctgctg	ctgttgctgctgTCC	AGTGGTGGTCGTAAAG	AGTGCTCCAGAG	GCCTGC	142
Sbjct 8	3686	TGCTGCTGCTG	TTGTTGCTGCTGCCC	AGTGGTGGTAAAG	AGAGCTCCAGAG	egcctgc	862
Query 1	1429	TGCGCCTTTTG.	AGCAGCAAGAATATT	ATGACGCTTAACCAGT	AACATATCCCCI	GCTGCT	148
Sbjct 8	3626	$\frac{1}{2}$	ggcgcaagaatatt	AtGACGCTTAACCAGT	AACATATCCCC <i>F</i>	recte	856
Query 1	1489	GTTGTGGTGGT	CGTTCCGTCAGCGGA	CACCACTTGACGCTGC	AGCTGCTGCTTT	CCGGCC	1548
Sbjct 8	3566	dtadtddtddt.	agttccgtcagcgga	.caccacttggcgctgc	AGCTGCTGCTT	cccecc	8507
Query 1	1549	GCCATCTGCTT	GATGAACTGCGTCCT	GGCCTGTCCGTGCATT	TGCACACTGCTT	ACCACG	1608
Sbjct 8	3506	gccatctgctt	gatgaactgcgtcct	ggcctgtccgtgcytt	tgcycectect.	Accace	8447
Query 1	1609	TTGCCTGCCTG	CACAGTAGTGGAGGT	GCCCGGCATTCCCGAC	ACGGCCACTTTT	TGGCTT	1668
Sbjct 8	3446	††gcccccctq	cacagtagaggaggt	acccddcattcccdaa	Acectactt	rtggctt	8387
Query 1	1669	GTCACATGCGT	GGCCATGTTGCTAGC	TTGGATTATTGTGCCG	CCTGCTTGCACC	CAGATTA	1728
Sbjct 8	3386	GTCACGTGCGT	gcccatgttgctagc	ttggattatcgtgccg	CCAGCTTGCACC	CAGATTA	832

Query	1729	ĢÇĄĢŢĄĢÇŢÇÇĄĢŢĄGÇGÇÇĄĢÇTĢĄŢÇÇĢÇŢĢĢĢÇĄÇGĢÇŢŢĢŢĢŢÇŢŢĢŢCŢĢÇĄĢÇ	1788
Sbjct	8326	GCAGTAGCTCCAGTACCACCAGCCGATCCGCTGGGCACCGCTTGTGTCGTTGTTTGCAGC	8267
Query	1789	ACCTTCAAGCTGCGCTGACGGTAGAGCTGTATATGTGCTCCCCCAGATTGCTGAGTCACG	1848
Sbjct	8266	ACCTTCAAGCTGCGCTGGCGGTAGAGCTGTATGTGTGCTCCCCCAGATTGCTGAGTCCCA	8207
Query	1849	GGAATCACTGTCGTCTTCCCTCCCTGCTGCAATGCGCTCACCGGAATTCCCTTTGTGGTC	1908
Sbjct	8206	dgaatcacceteetteeteeteeteeteeteeteeteeteeteetee	8147
Query	1909	ACCAACTGTGTGGTCTGAGTGGCTGGAGATGTGGGAACAGCTGCCAAACGAAGCTGAGTC	1968
Sbjct	8146	Accagctgtgtgtgtctgagtagctggagatgtaggaacagccgccaaaacggagctgtgtc	8087
Query	1969	TGGAATTGCGAGGGACTCGCGCCTTGTCCTAAGTTCGGCATAGAGACAATAGACTGACCA	2028
Sbjct	8086	tegaattegeegegegegegegegegegegegegegegeg	8027
Query	2029	CCGGCTGTCGTTCGCTGTTGAAGGGTGTTTTCCTGCAGCTGTCGAGACAATCCGCTGACCA	2088
Sbjct	8026	ccgcctctctcctctctctctctcctcctcctcctcctcc	7967
Query	2089	CGCAACATGGTCGTGTTCAAAGTGGTTACAGCCGTGGTCTGATGCTGTTGTTGTGGCTGA	2148
Sbjct	7966	cgcaacatgcccgtgtttagagtggttacagccgtggtctgatgctgttgttgttgt	7907
Query	2149	TTGGCAGTGGTGGTCAGTACGGTGCCCACGGTGGGCAAAGTGCTAACGGAGACCACCTGT	2208
Sbjct	7906	ttggcagtggtggtcagtacggtgcccacggtggcagagtgctaacggaaaccacctgc	7847
Query	2209	GGCAGCGATTGGGTCTGCACAATGCTGCCCAACTGGGGAGAGCTGTTAACGGGCAGCGTC	2268
Sbjct	7846	ĠĠĊĀĠĠĠĀŦŦĠĠĠŦĊŦĠĊĀĊĀĀŦĠĊŦĠĊĊĊĀĀĊŦĠĠĠĠĀĠĀĠĊŦĠŦŦĀĀĊĠĠĠĊĀĀĊĠŦĊ	7787
Query	2269	TGTGACGAGATCGAAACGATCTGGGCACCAGAGCCTATCTGGGGTTGCACCACCGACGGA	2328
Sbjct	7786	tetekekekekekekekekekekekekekekekekekek	7727
Query	2329	AGTGTCTGTACTGGAGTGGTTAGGACCACACTCACACTGGACTGGCCCCCAGAAGCGACT	2388
Sbjct	7726	AGTGACTGTACTGGAGTGGTCAGGACCACACTCACACTGGACTGACCTCCAGAAGCGGCT	7667
Query	2389	GCAGACTGTTGGGCTAATTGTTGCAATTGGCCCGCGGTCAAGCTGGAGGAGGTGCCGACA	2448
Sbjct	7666	dcadactdttdtdddcaattdttdcaattddccactdaactddaactddadddcaccaaca	7607
Query	2449	ATAGTCTTGACCAACTGTTGAGTATTGGATTGTCCACCCTGCCCGGGGTGCGTACGCAAT	2508
Sbjct	7606	ATAGTCTTGACCAACTGTTGAGTATTAGATTGTCCACCCTGGCCGGGGTGCGTACGCAAT	7547
Query	2509	TGCTGCTGCGGTTGGTGGAGCAGGATGGCAGTCTGTTGACCGGGCGAGACATTGGAACTG	2568
Sbjct	7546	tĠĊtĠĊtĠĊĠĠttĠĠtĠĠAĠĊAĠAAtĠĠĊAĠtĊtĠttĠttĠAĊĊAĠĠĊĠAĠAĊAttĠĠAAĊtĠ	7487
Query	2569	GTCAAGTGCTGGATCTGCAGCTGCTGCAACTGACCACCAGCAGCGGGCACCGCCACTGTT	2628
Sbjct	7486	ĠŦĊĀĀĠŦĠĊŦĠĠĀŦĊŦĠŦĀĠĊŦĠĊĀĠĊĀĠĊĀĊĊĀĊĊĀĠĊĠĊĀĠĊĀĊĊĠĊĊĀĊŦĠŦŦ	7427
Query	2629	GTCGTGGTGGTGGGTTGCTGCTGCACGAGCTCCACGGTTTGCTGGACGGGCAGAGTCTGT	2688
Sbjct	7426	ĠŦĊĠŦĠĠŦĸĊŦĠĠĠĊŦĠĊŦĠĊŦĠĊĀĊĠĀĠŦŦĊŦĀĊĠĠŦŦŦĠĊŦĠĠĀĊĠĠĠĊĀĠĀĠŦĊŦĠŦ	7367
Query	2689	TGAACGTTTGAAACAGTGGGAAGTTGTTGCTGCACAACctgctgctgctgctgctgt	2748
Sbjct	7366	tgaacgetggaaacagtgggaagttgttgttgctgcacaacctgttgttgctgctgctgct	7307
Query	2749	tg 2750	
Sbjct	7306	dg 7305	

Range 2: 7305 to 8686

Score		Expect	Identities	Gaps	Strand	Frame	
2032 bits	s(1100)	0.0()	1288/1382(93%)	0/1382(0%)	Plus/Minus		
Features	S :						
Query	4	tgctgctgctg	ctgttgctgctgTCCAG	TGGTGGTCGTAAAC	GAGTGCTCCAGAG	GCCTGC	63
Sbjct	8686	TGCTGCTGCTG	TTGTTGCTGCTGCCCAG	regreetsback	SAGAGCTCCAGAG	gcctgc	8627
Query	64	TGCGCCTTTTG	AGCAGCAAGAATATTAT	GACGCTTAACCAG?	TAACATATCCCCT	GСТGСТ	123
Sbjct	8626	46666644446	GGCGGCAAGAATATTA1	dacecttaaccae	raacatatcccca	gctccc	8567
Query	124	GTTGTGGTGGT	CGTTCCGTCAGCGGAC	CCACTTGACGCTGC	CAGCTGCTGCTTT	CCGGCC	183
Sbjct	8566	dtadtddtddt	agttccgtcagcggaca	rccyctteececte	cadetdetdettt	ççêççç	8507
Query	184	GCCATCTGCTT	GATGAACTGCGTCCTGG	CCTGTCCGTGCATT	TGCACACTGCTT.	ACCACG	243

Sbjct	8506	GCCATCTGCTTGATGAACTGCGTCCTGGCCTGTCCGTGCATTTGCACGCTGCTTACCACG	8447
Query	244	TTGCCTGCCTGCACAGTAGTGGAGGTGCCCGGCATTCCCGACACGGCCACTTTTTGGCTT	303
Sbjct	8446	TTGCCCGCCTGCACAGTAGAGGAGGTACCCGGCATTCCCGAAACGGCTACTTTTTGGCTT	8387
Query	304	GTCACATGCGTGGCCATGTTGCTAGCTTGGATTATTGTGCCGCCTGCTTGCACCAGATTA	363
Sbjct	8386	GTCACGTGCGTGCCCATGTTGCTAGCTTGGATTATCGTGCCGCCAGCTTGCACCAGATTA	8327
Query	364	GCAGTAGCTCCAGTAGCGCCAGCTGATCCGCTGGGCACGGCTTGTGTCTGTC	423
Sbjct	8326	dcagtadctccadtaccaccadccdatccdctdddcaccdcttdtdtdtd	8267
Query	424	ACCTTCAAGCTGCGCTGACGGTAGAGCTGTATATGTGCTCCCCCAGATTGCTGAGTCACG	483
Sbjct	8266	Acctrcaagctgcccca	8207
Query	484	GGAATCACTGTCGTCTTCCCTCCCTGCTGCAATGCGCTCACCGGAATTCCCTTTGTGGTC	543
Sbjct	8206	ĠĠĀĀŦĊĀĊĊĠŦĊĠŦĊŦŦĠĊĊŦĊĊĊŦĠĊŦĠŦĀĀŦĠĊĠĊŦĀĀĊĊĠĠĠĀŦŦĊĊĊŦŦŦĠŦĠĠŦĊ	8147
Query	544	ACCAACTGTGTGGTCTGAGTGGCTGGAGATGTGGGAACAGCTGCCAAACGAAGCTGAGTC	603
Sbjct	8146	ACCAGCTGTGTGGGAGTAGCTGGAGATGTAGGAACAGCCGCCAAACGGAGCTGTGTC	8087
Query	604	TGGAATTGCGAGGGACTCGCGCCTTGTCCTAAGTTCGGCATAGAGACAATAGACTGACCA	663
Sbjct	8086	TĠĠĀĀŦŦĠŦĠĊĠĠĠĀĊŦĠĀĊĠĊĊŦŦĠŦĊĊĊĀĀĠŤŦĊĠĠĊĀŦĊĠĀĊĀĊĀĀŦĀĠĀĊŦĠĀĊĊĀ	8027
Query	664	CCGGCTGTCGTTCGCTGTTGAAGGGTGTTTCCTGCAGCTGTCGAGACAATCCGCTGACCA	723
Sbjct	8026	ĊĊĠĠĊŦĠŦĊĠŤŦĊĠĊŦĠŦŦĠĂĂĠĠĠŦĂŤŦŤĊĊŦĠĊĂĠĊŦĠŦĊĠĂĊĂĊĂĂŤŦĊĠĊŦĠĂĊĊŦ	7967
Query	724	CGCAACATGGTCGTGTTCAAAGTGGTTACAGCCGTGGTCTGATGCTGTTGTTGTGGCTGA	783
Sbjct	7966	CGCAACATGGCCGTGTTTAGAGTGGTTACAGCCGTGGTCTGATGCTGTTGTTGCTGA	7907
Query	784	TTGGCAGTGGTCAGTACGGTGCCCACGGTGGCCAAAGTGCTAACGGAGACCACCTGT	843
Sbjct	7906	TTGGCAGTGGTCAGTACGGTGCCCACGGTGGGCAGAGTGCTAACGGAAACCACCTGC	7847
Query	844 7846	GGCAGCGATTGGGTCTGCACAATGCTGCCCAACTGGGGAGAGCTGTTAACGGGCAGCGTC	903 7787
Sbjct	904	ĠĠĊĂĠĠĠĂŤŤĠĠĠŤĊŤĠĊĂĊĂĂŤĠĊŤĠĊĊĊĂĂĊŤĠĠĠĠĂĠĂĠĊŤĠŤŤĂĂĊĠĠĠĊĂAĊĠŤĊ TGTGACGAGATCGAAACGATCTGGGCACCAGAGCCTATCTGGGGTTGCACCACCGACGGA	963
Query Sbjct	7786	TGTGACGAGATCGAGACGATCTGGGGCACCAGAGCCTATCTGGGGTTGCACCACCGGCGGATGTGGACGAGAGGCCTATCTGGGGTTGCACCACTGCCGGA	7727
Query	964	AGTGTCTGTACTGGAGTGGTTAGGACCACACTCACACTGGACTGGCCCCCAGAAGCGACT	1023
Sbjct	7726	AGTGACTGTACTGGAGTGGTCAGGACCACACTCACACTGGACTGACCTCCAGAAGCGGCT	7667
Query	1024	GCAGACTGTTGGGCTAATTGTTGCAATTGGCCCGCGGTCAAGCTGGAGGAGGTGCCGACA	1083
Sbjct	7666	GCAGACTGTTGGGCCAATTGTTGCAATTGGCCTGCAGTCAAACTGGAGGAGGCACCAACA	7607
Query	1084	ATAGTCTTGACCAACTGTTGAGTATTGGATTGTCCACCCTGCCCGGGGTGCGTACGCAAT	1143
Sbjct	7606	ATAGTCTTGACCAACTGTTGAGTATTAGATTGTCCACCCTGGCCGGGGTGCGTACGCAAT	7547
Query	1144	ТĢĊŢĠĊŢĠĊĠĠŢŢĠĠŢĠĠĄĠĊĄĠĠĄŢĠĠĊĄĠŢĊŢĠŢŢĠĄĊĊĠĠĠĊĠĄĠĄĊĄŢŢĠĢĄĄĊŢĠ	1203
Sbjct	7546	TGCTGCTGCGGTTGGTGGAGCAGAATGGCAGTCTGTTGACCAGGCGAGACATTGGAACTG	7487
Query	1204	ĢŢÇĄĄĢŢĢÇŢĢĢĄŢÇŢĢCĄĢÇŢĢÇĄĄÇŢĢĄÇÇĄÇÇĄĢÇAĢÇGĢĢÇĄÇÇĢÇÇĄÇŢĢŢŢ	1263
Sbjct	7486	GTCAAGTGCTGGATCTGTAGCTGCTGCAACTGACCACCAGCGGCAGGCA	7427
Query	1264	ĢŢĊĢŢĢĢŢĠĠŢĢĠĢŢŢĠĊŢĠĊŢĠĊĄĊĠĄĠĊŢĊĊĄĊĠĠŢŢŢĠĊŢĠĠĄĊĠĠĠĊĄĠĄĠŢĊŢĠŢ	1323
Sbjct	7426	GTCGTGGTACTGGGCTGCTGCACGAGTTCTACGGTTTGCTGGACGGGCAGAGTCTGT	7367
Query	1324	TGAACGTTTGAAACAGTGGGAAGTTGTTGCTGCACAACctgctgctgctgctgctgt	1383
Sbjct	7366	TGAACGGTGGAAACAGTGGGAAGTTGTTGCTGCACAACCTGTTGTTGCTGCTGCTGT	7307
Query	1384	tg 1385	
Sbjct	7306	TG 7305	

Drosophila erecta uncharacterized protein, transcript variant A (Dere\GG22110), mRNA Sequence ID: **ref|XM_001975011.2|** Length: 10518 Number of Matches: 2 Range 1: 7336 to 8720

Score	Expect	Identities	Gaps	Strand	Frame
2032 bits(1100)	0.0()	1290/1385(93%)	0/1385(0%)	Plus/Minus	
Features:					

Query	1369	tgctgctgctgctgctgctgTCCAGTGGTGGTCGTAAAGAGTGCTCCAGAGGCCTGC	1428
Sbjct	8720	TGCTGCTGCTGTTGCTGCTGCCCTGTGGTAGTGGTAAAGAGTGCTCCAGAAGCCTGC	8661
Query	1429	TGCGCCTTTTGAGCAGCAAGAATATTATGACGCTTAACCAGTAACATATCCCCTGCTGCT	1488
Sbjct	8660	TĠĊĠĊĊŢŢŢŢĠĀĠĊĠĠĊĀĀĠĀĀŢĀŢŢĀŢĠĀĊĠĊŢŢĀĀĊĊĀĠŢĀĀĊĀŢĀŢĊĊĊĊĀĠĊŢĊĊĠ	8601
Query Sbjct	1489 8600	GTTGTGGTGGTCGTTCCGTCAGCGGACACCACTTGACGCTGCAGCTGCTGCTTTCCGGCC	1548 8541
Query	1549	GCCATCTGCTTGATGAACTGCGTCCTGGCCTGTCCGTGCATTTGCACACTGCTTACCACG	1608
Sbjct	8540		8481
Query	1609	TTGCCTGCCTGCACAGTAGTGGAGGTGCCCGGCATTCCCGACACGGCCACTTTTTGGCTT	1668
Sbjct	8480	ttgcccgcctgcacagtagtggaggtacccggcattcccgaaacggccactttttggctt	8421
Query	1669	GTCACATGCGTGGCCATGTTGCTAGCTTGGATTATTGTGCCGCCTGCTTGCACCAGATTA	1728
Sbjct	8420	GTCACATGCGTGCCCATGCTAGCTTGGATTATGGTGCCGCCAGCTTGCACCAGATTA	8361
Query Sbjct	1729 8360	GCAGTAGCTCCAGTAGCGCCAGCTGATCCGCTGGGCACGGCTTGTGTCTTGTCTGCAGC	1788 8301
Query	1789	ĄÇÇTŢÇĄĄĢĊŢĢĊĢĊŢĠĄĊĢĢŢĄĠĄĢĊŢĢŢĄŢAŢĠŢĢĊŢĊĊĊĊĄĠĄŢŢĢĊŢĠĄĠŢĊĄĊĠ	1848
Sbjct	8300	ACCTTCAAGCTGCGCTGGCGGTAGAGCTGTATGTGTGCTCCAGATTGCTGAGTTCCA	8241
Query	1849	GGAATCACTGTCGTCTTCCCTCCCTGCTGCAATGCGCTCACCGGAATTCCCTTTGTGGTC	1908
Sbjct	8240	ĠĠĂĂŦĊĂĊŦĠŦĊĠŦŦŦŦĊĊĊŦĊĊĊŦĠĊŦĠŦĂĂŦĠĊĠĊŦŦĂĊĊĠĠĂĂŦŦĊĊĊŦŦŦĠŦĠĠŦĊ	8181
Query	1909 8180	ACCAACTGTGTGGTCTGAGTGGCTGGAGATGTGGGAACAGCTGCCAAACGAAGCTGAGTC	1968 8121
Sbjct Query	1969	TGGAATTGCGAGGGACTCGCGCCTTGTCCTAAGTTCGGCATAGAGACAATAGACTGACCA	2028
Sbjct	8120	TGGAATTGCGCGGGACTTACTCCTTGGCCCAAGTTCGGCATAGATACAATAGACTGACCA	8061
Query	2029	CCGGCTGTCGCTGTTGAAGGGTGTTTCCTGCAGCTGTCGAGACAATCCGCTGACCA	2088
Sbjct	8060	ccgccactccttccctctcaaccacacacacacacacaca	8001
Query	2089	CGCAACATGGTCGTGTTCAAAGTGGTTACAGCCGTGGTCTGATGCTGTTGTTGTGGCTGA	2148
Sbjct Query	8000 2149	ĊĠĊĂĂĊĂŤĠĠĊŦĠŤĠŤŤŦĂĠĂĠŤĠĠŤŤĂĊĂĠĊĊĠŤĠĠŤĊŤĠĂŤĠĊŤĠĊŤĠŤŤĠŤŦĠĊŤĠĀ TTGGCAGTGGTCAGTACGGTGCCCACGGTGGCCAAAGTGCTAACGGAGACCACCTGT	7941 2208
Sbjct	7940	TTGGCAGTGGTCAGTACGGTGCCCACGGTGGGTAAAGTGCTTACCGAAACCACCTGC	7881
Query	2209	GGCAGCGATTGGGTCTGCACAATGCTGCCCAACTGGGGAGAGCTGTTAACGGGCAGCGTC	2268
Sbjct	7880	GGCAGCGATTGGGTCTGCACAATGCTGCCCAATTGGGGGAGAGCTGTTAACGGGTAATGTC	7821
Query	2269	TGTGACGAGATCGAAACGATCTGGGCACCAGAGCCTATCTGGGGTTGCACCACCGACGGA	2328
Sbjct	7820 2329	TGTGACGAGATGGACACGATCTGGGCACCAGAGCCTATCTGGGGTTGCACCACTGCCGGA AGTGTCTGTACTGGAGTGGTTAGGACCACACTCACACTGGACTGGCCCCCAGAAGCGACT	7761 2388
Query Sbjct	7760	AGTGTCTGTACTGGAGTGGTAAGGACCACACTCACACTGGACTGGCCCCCAGACGCGCT	7701
Query	2389	ĢÇĄĢĄÇŢĢŢŢĢĢĢÇTĄĄŢŢĢŢŢĢÇĄĄŢŢĢĢÇÇÇĢÇGĢŢCĄĄĢÇŢĢĢĄGĢĄĢGTĢÇÇGĄÇĄ	2448
Sbjct	7700	GCAGACTGTTGGGCCAATTGTTGCAATTGGCCCGCAGTTAAGCTGGAAGAGGCGCCAACA	7641
Query	2449	ATAGTCTTGACCAACTGTTGAGTATTGGATTGTCCACCCTGCCCGGGGTGCGTACGCAAT	2508
Sbjct	7640	ÁTÁGTTTTGÁCCÁÁCTGTTGÁGTÁTTAGÁTTGTCCÁCCCTGGCCAGGGTGCGTÁCGCÁÁT	7581
Query Sbjct	2509 7580	TGCTGCTGCGGTTGGTGGAGCAGGATGGCAGTCTGTTGACCGGGCGAGACATTGGAACTG	2568 7521
Query	2569	ĢŢÇĄĄĢŢĢĊŢĢĢĄŢĊŢĢÇĄĢĊŢĢĊŢĢÇĄĄĊŢĢĄĊÇĄÇÇĄĢCĄĢÇĢĢĢÇĄĊÇĢÇÇĄĊŢĢŢŢ	2628
Sbjct	7520	GTCAAGTGCTGGATCTGCAGCTGCTACCACCAGTAGCGGGCACCGCCACTGTT	7461
Query	2629	GTCGTGGTGGTGGGTTGCTGCTGCACGAGCTCCACGGTTTGCTGGACGGGCAGAGTCTGT	2688
Sbjct	7460	ĠtċĠtĠĠtactĠĠĠttĠċtĠċtĠċaċĠAĠttċċaċaĠtttĠċtĠĠaċĠĠĠĠaĠaĠtċtĠc	7401
Query Shict	2689 7400	TGAACGTTTGAAACAGTGGGAAGTTGTTGCTGCACAACctgctgctgctgctgctgt	2748 7341
Sbjct Query	2749	tgctg 2753	1341
Sbjct	7340	TGCTG 7336	

Score		Expect	Identities	Gaps	Strand	Frame
2032 bit	s(1100)	0.0()	1290/1385(93%)	0/1385(0%)	Plus/Minus	
Features	S :					
Query Sbjct	4 8720		ctgttgctgctgTCCA TTGTTGCTGCTGCCCT			
Query Sbjct	64 8660		AGCAGCAAGAATATTA AGCGGCAAGAATATTA			
Query Sbjct	124 8600		CGTTCCGTCAGCGGAC TGTTCCGTCAGCGGAC			
Query Sbjct	184 8540		GATGAACTGCGTCCTG 			
Query Sbjct	244 8480		CACAGTAGTGGAGGTG CACAGTAGTGGAGGTA			
Query Sbjct	304 8420		GGCCATGTTGCTAGCT			
Query Sbjct	364 8360		AGTAGCGCCAGCTGAT 			
Query Sbjct	424 8300	ACCTTCAAGCT	GCGCTGACGGTAGAGC GCGCTGGCGGTAGAGC	TGTATATGTGCTCCC	CCAGATTGCTGA CCAGATTGCTGA	GTCACG
Query Sbjct	484 8240		CGTCTTCCCTCCCTGC CGTTTTCCCTCCCTGC			
Query Sbjct	544 8180	ACCAACTGTGT	GGTCTGAGTGGCTGGA 	GATGTGGGAACAGC	rgccaaacgaagc	TGAGTC
Query Sbjct	604 8120	TGGAATTGCGA	GGGACTCGCGCCTTGT	CCTAAGTTCGGCATA	AGAGACAATAGAC'	TGACCA
Query Sbjct	664 8060	CCGGCTGTCGT	TCGCTGTTGAAGGGTG 	TTTCCTGCAGCTGT(CGAGACAATCCGC'	TGACCA
Query Sbjct	724 8000	CGCAACATGGT	CGTGTTCAAAGTGGTT 	ACAGCCGTGGTCTGA	ATGCTGTTGTTGT	GGCTGA
Query Sbjct	784 7940	TTGGCAGTGGT	GGTCAGTACGGTGCCC	ACGGTGGGCAAAGT(GCTAACGGAGACC.	ACCTGT
Query Sbjct	844 7880	GGCAGCGATTG	GGTCTGCACAATGCTG	CCCAACTGGGGAGA(GCTGTTAACGGGC.	AGCGTC
Query Sbjct	904 7820	TGTGACGAGAT	CGAAACGATCTGGGCA	CCAGAGCCTATCTGC	GGTTGCACCACC	GACGGA
Query Sbjct	964 7760	AGTGTCTGTAC	TGGAGTGGTTAGGACC	ACACTCACACTGGAC	CTGGCCCCAGAA	GCGACT
Query Sbjct	1024 7700	GCAGACTGTTG	GGCTAATTGTTGCAAT	TGGCCCGCGGTCAA(GCTGGAGGAGGTG	CCGACA
Query Sbjct	1084 7640	ATAGTCTTGAC	CAACTGTTGAGTATTG	GATTGTCCACCCTGC	CCCGGGGTGCGTA	CGCAAT
Query	1144	TGCTGCTGCGG	TTGGTGGAGCAGGATG	GCAGTCTGTTGACCC	GGCGAGACATTG	GAACTG
Sbjct Query	7580 1204	GTCAAGTGCTG	TTGGTGGAGCAGGATG GATCTGCAGCTGCTGC	AACTGACCACCAGCA	AGCGGGCACCGCC.	ACTGTT
Sbjct	7520 1264		GATCTGCAGCTGCTGC GGGTTGCTGCTGCACG			

Query	1324	ŢĢĄĄĊĠŢŢŢĠĄĄĄĊĄĠŢĠĠĠĄĄĠŢŢĠŢŢĠĊŢĠĊĄĊĄĄĊċţġċţġċţġċţġċţġċţġċţġċ	.383
Sbjct	7400	TGAACGTTTGAAACAGTGGGAAGTTGTTGCTGCACAACctgctgctgctgctgctgctgctgctgctgctgctgctgc	341
Query	1384	tgctg 1388	
Sbjct	7340	tgctg 1388 TGCTG 7336	

Drosophila yakuba clone yak-em_domino mRNA sequence

Sequence ID: **gb|AY231954.1|** Length: 555 Number of Matches: 2 Range 1: 1 to 551

Score		Expect	Identities	Gaps	Strand	Frame	
813 bits	(440)	0.0()	514/551(93%)	0/551(0%)	Plus/Minus		
Features	s:						
Query	1375	tgctgctgttg	ctgctgTCCAGTG	GTGGTCGTAAAGAGT	GCTCCAGAGGCCT	GCTGCGCC	1434
Sbjct	551	tdctdrtdtd	ctdctdcccadtd	dtddtgdtaaadda	gctccygyggcct.	gctgcgcc	492
Query	1435	TTTTGAGCAGC	AAGAATATTATGA 	CGCTTAACCAGTAAC	ATATCCCCTGCTG	CTGTTGTG	1494
Sbjct	491	††††dGGGGGC	AAGAATATTATGA	cccttaaccactaac	AtAtccccadctc	cggtagtg	432
Query	1495	GTGGTCGTTCC	GTCAGCGGACACC	ACTTGACGCTGCAGC	TGCTGCTTTCCGG	CCGCCATC	1554
Sbjct	431	ĠŦĠĠŦAĠŦŦĊĊ	gtcyced garage garag	Acttgccgctgcagc	tgctgctttcc	ccccatc	372
Query	1555	TGCTTGATGAA	CTGCGTCCTGGCC' 	TGTCCGTGCATTTGC 	ACACTGCTTACCA	CGTTGCCT	1614
Sbjct	371	†gc††ga†gaa	ċŦĠċĠŦċċŦĠĠċċ [,]	tĠtċċĠtĠċAtttĠċ.	AccctccttAccA	cgttgccc	312
Query	1615	GCCTGCACAGT	AGTGGAGGTGCCC(GGCATTCCCGACACG 	GCCACTTTTTGGC'	TTGTCACA	1674
Sbjct	311	ĠĊĊŦĠĊĀĊĀĠŦ2	ddaddddddddddddddddddddddddddddddddddd	ĠĠĊĀŦŦĊĊĊĠĀĀĀĊĠ	ĠĊŦĂĊŦŦŦŦĠĠĊ	ttgtcacg	252
Query	1675	TGCGTGGCCAT	GTTGCTAGCTTGG 	ATTATTGTGCCGCCT 	GCTTGCACCAGAT'	TAGCAGTA	1734
Sbjct	251	†dcd†dcccA†	ĠŦŦĠĊŦĂĠĊŦŦĠĠ	AttAtcĠtĠċċĠċċa	ĠĊϮϮĠĊĂĊĊĂĠĂϮ [,]	tagcagta	192
Query	1735	GCTCCAGTAGC	GCCAGCTGATCCG(CTGGGCACGGCTTGT 	GTCGTTGTCTGCA	GCACCTTC	1794
Sbjct	191	ĠĊ†ĊĊĀĠ†ĀCĊ	AĊĊĀĠĊĊĠĀŦĊĊĠ	ĊŦĠĠĠĊĂĊĊĠĊŦŦĠŦ	ĠŦĊĠŦŦĠŦĊŦĠĊĀ	ĠĊĀĊĊŦŦĊ	132
Query	1795	AAGCTGCGCTG	ACGGTAGAGCTGT. 	ATATGTGCTCCCCA 	GATTGCTGAGTCA(CGGGAATC	1854
Sbjct	131	AAGCTGCGCTG	gċĠĠţāĠāĠċţĠţ	AtgtĠtĠċtċċċċA	GATTGCTGAGTCC	caggaatc	72
Query	1855	ACTGTCGTCTT(CCCTCCCTGCTGC	AATGCGCTCACCGGA 	ATTCCCTTTGTGG'	TCACCAAC	1914
Sbjct	71	Accetcetct	gcctccctdctdra	AACĠĊĠĊ†AAĊĊĠĠG	Attcccttttgtgg	tcaccagc	12
Query	1915	TGTGTGGTCTG	1925				
Sbjct	11	tetetete	1				

Range 2: 1 to 551

Score		Expect	Identities	Gaps	Strand	Frame	
813 bits	(440)	0.0()	514/551(93%)	0/551(0%)	Plus/Minus		
Features	S :						
Query	10	tgctgctgttg	ctgctgTCCAGTGGT	GGTCGTAAAGAGTG	CTCCAGAGGCCTG	CTGCGCC	69
Sbjct	551	tectertette	CTGCTGCCCAGTGGT	GGTGGTAAAGAGAG	ctccagaggcctg	ctececc	492
Query	70	TTTTGAGCAGC	AAGAATATTATGACG(CTTAACCAGTAACA	TATCCCCTGCTGC	TGTTGTG	129
Sbjct	491	††††dGGCGGC	AAGAATATTATGACG	CTTAACCAGTAACA	TATCCCCAGCTCC	GGTAGTG	432
Query	130	GTGGTCGTTCC	GTCAGCGGACACCAC	TTGACGCTGCAGCT	GCTGCTTTCCGGC	CGCCATC	189
Sbjct	431	GTGGTAGTTCC	GTCAGCGGACACCAC	rtggcgctgcagct	ĠĊŦĠĊŦŦŦĊĊĠĠĊ	ccccatc	372
Query	190	TGCTTGATGAA	CTGCGTCCTGGCCTG	rccgtgcatttgca	CACTGCTTACCAC	GTTGCCT	249
Sbjct	371	tgcttgatgaa	ctecetccteecte	rccgtgcatttgca	cectecttaccac	:gttgccc	312
Query	250	GCCTGCACAGT	AGTGGAGGTGCCCGG(CATTCCCGACACGG	CCACTTTTTGGCT	TGTCACA	309
Sbjct	311	GCCTGCACAGT	AGAGGAGGTACCCGG	CATTCCCGAAACGG	ctactttttgct	rtgtcacg	252
Query	310	TGCGTGGCCAT	GTTGCTAGCTTGGAT	PATTGTGCCGCCTG	CTTGCACCAGATT	'AGCAGTA	369

Sbjct	251	TGCGTGCCCATGTTGCTAGCTTGGATTATCGTGCCGCCAGCTTGCACCAGATTAGCAGTA	192
Query	370	GCTCCAGTAGCGCCAGCTGATCCGCTGGGCACGGCTTGTGTCTGTGTCTGCAGCACCTTC	429
Sbjct	191	GCTCCAGTACCACCAGCCGATCCGCTGGGCACCGCTTGTGTCTGTC	132
Query	430	AAGCTGCGCTGACGGTAGAGCTGTATATGTGCTCCCCCAGATTGCTGAGTCACGGGAATC	489
Sbjct	131	AAGCTGCGCTGGCGGTAGAGCTGTATGTGTGCTCCCCAGGATTGCTGAGTCCCAGGAATC	72
Query	490	ACTGTCGTCTTCCCTCCCTGCTGCAATGCGCTCACCGGAATTCCCTTTGTGGTCACCAAC	549
Sbjct	71	Accetectectectectectectectaaccecetaacceceattectettectectectaccaec	12
Query	550	TGTGTGGTCTG 560	
Sbjct	11	tgtgtgttgt 1	

Drosophila ananassae uncharacterized protein, transcript variant B (Dana\GF12812), mRNA Sequence ID: **ref|XM_014907943.1|** Length: 10101 Number of Matches: 2 Range 1: 7318 to 8676

Score		Expect	Identities	Gaps	Strand	Frame	
761 bits	(412)	0.0()	1061/1377(77%)	33/1377(2%)	Plus/Minus		
Feature	s:						
Query	1362	ctgctgctg	ctgctgctgctgttg	ctgctgTCCAGTGGTGG	GTCGTAAAGAGTGC	CTCCAGA	1421
Sbjct	8676	CTGTTGTTG	ctgctgctgctg_gg	CAGCTG-CC-GTGGTGC	stegtgaacaatge	CCCAGT	8620
Query	1422	GGCCTGCTG	CGCCTTTTGAGCAGC	AAGAATATTATGACGCT	TTAACCAGTAACAT	TATCCCC	1481
Sbjct	8619	GGCCTGTTG	egetatateagegeege	caatatgttgtgtccc	rtcaccagcadcad	GTCACC	8560
Query	1482	TGCTGCTGT	TGTGGTGGTCGTTCC	GTCAGCGGACACCACTT	GACGCTGCAGCTG	CTGCTT	1541
Sbjct	8559	cectcect	rtgtggtggtagtgcc	atctgctgctaccacci	rdgddrtdradrco	cctcctt	8500
Query	1542	TCCGGCCGC	CATCTGCTTGATGAA(CTGCGTCCTGGCCTGT(CCGTGCATTTGCAC	CACTGCT	1601
Sbjct	8499	AĊĊAĠĊĠĠĊ	:ĊA†Ċ†ĠĊ††ĠA†ĠAA(ĊŦĠĊĠŦĊĊŦĠĠĊĊŦĠĠĊ	ĊĊĠϮĠĊĂϮCϮĠGĂĊ	CACTGCT	8440
Query	1602			AGTGGAGGTGCCCGGC <i>F</i> 			1661
Sbjct	8439			ÁĠŦĠĠĂĠĠĀĠĊĊĊĠĠŦ <i>Ĩ</i>			8380
Query	1662			$\operatorname{GTTGCTAGCTTGGATT}_{igc }$			1721
Sbjct	8379			ATTĠĊTĀĠĊTTĠTĀTĠ			8320
Query	1722			AGCGC-CAGCTGATC			1775
Sbjct	8319			ÁĞTTCCCGCÁĞCTĞCAC			8260 1835
Query Sbjct	1776 8259			GCGCTGACGGTAGAGCT ACGCTGCCTGTAGAGCT			8200
Query	1836			CGTCTTCCCTCCCTGC			1895
Sbjct	8199			JULIA DE LA CONTRA DEL CONTRA DE LA CONTRA DEL CONTRA DE LA CONTRA DEL CONTRA DEL CONTRA DE LA CONTRA DEL CONTRA DE LA CON			8140
Query	1896			GGTCTGAGTGGCTGGAG			1955
Sbjct	8139						8080
Query	1956			GGĢĀCŢÇGÇGÇÇTŢĢTÇ			2015
Sbjct	8079	 TCGCAGTTG	 GCGCTGGAACTGCT-	GATTCACACCCTGG(GGAAAC	8023
Query	2016	А АТАĢАСТĢ	; ;АССАССВОСТВОТОВ	ӷҪҪҪҭҫҭҭҫѧѧҫҁҫҭҁҭ	гттçстқсақстқт	CGAGAÇ	2075
Sbjct	8022	AATGGACTG	ACCACCGGCAGTAGT		TTCCCAGCAGCGGC	GGACAC	7963
Query	2076	AATCÇÇÇTÇ	; БАССАСGСААСАТGGT(CGTGTTCAAAGTGGTTA	\ÇAGÇCĞTĞĞTÇTÇ	SAŢĢÇŢĢ	2135
Sbjct	7962	AATTCGCTG	GCCCGCAACATGGC	CGTGTTCAGGGTGGTC	Acccadtedtctd	ctctc	7903
Query	2136	TTGTTGTGG	CTGATTGGCAGTGGT	GGTCAGTACGGTGCCC	\CGGTGGGCAAAG7	GCTAAC	2195
Sbjct	7902		ctgactggccgtggt	GTCAGAACCGAGCCC	ACGGTGGGCAAGG1	ACTTAC	7852
Query	2196	GGAGACCAC	CTGTGGCAGCGATTG	GGTCTGCACAATGCTGC	CCAACTGGGGAGA	GCTGTT	2255
Sbjct	7851	GGAAACCAC	ctdcddcddcdrctd	GGTCTGTACAATGCTGC	cccyycteeeee	Actight	7792
Query	2256	AACGGGCAG	CGTCTGTGACGA	GATCGAAACGATCTGG(GCACCAGAGCCTAT	CTGGGG	2312

Sbjct	7791	CACCGGCAGAGTGGTCTGCGACGATATCGATACAATCTGGGCACCGGATCCCGTTTGCGG	7732
Query	2313	TTGCACCACCGACGGAAGTGTCTGTACTGGAGTGGTTAGGACCACACTCACACTGGACTG	2372
Sbjct	7731	TTGCACCACCGCCGGCAGAGACTGCACTGGCGTTGTGAGCACCACACTGACGCTCGACTG	7672
Query	2373	GCCCCAGAAGCGACTGCAGACTGTTGGGCCTAATTGTTGCAATTGGCCCGCGGTCAAGCT	2432
Sbjct	7671	GCCGCCGGAGTTGCTGCAGATTGCTGCGCCAGCTGCAACTGCCCCGCCGTCAAGCT	7612
Query	2433	GGAGGAGGTGCCGACAATAGTCTTGACCAACTGTTGAGTATTGGATTGTCCACCCTGCCC	2492
Sbjct	7611	CGACGATGTGCCCACAATGGTCTTGACCAGCTGCTGCGTTGTGGTCTGTCCCGCCTGTCC	7552
Query	2493	GGGGTGCGTACGCAATTGCTGCTGCGGTTGGTGGAGCAGGATGGCAGTCTGTTGACCGGG	2552
Sbjct	7551	GGGATGAGTCCGCAGCTGTTGCTGTCGCTGGTGGAGCAGGATGGCTGTCTGCTGGCCGGG	7492
Query	2553	CGAGACATTGGAACTGGTCAAGTGCTGGATCTGCAGCTGCTGCAACTGACCACCAGCAGC	2612
Sbjct	7491	CGAAACAGTGGCGCCGGTCAGGTGCTGAATCTGTAGTTGCTGCAGTTG-CC-CG-GCGCC	7435
Query	2613	GGGCACCGCCACTGTTGTCGTGGTGGTGGGTTGCTGCTGCACGAGCTCCACGGT	2666
Sbjct	7434	GGGCACAGCTACCGTTGTGGCCTGTGCCAGTAGCTTGTTGCTGCACCAGTTCCACCGA	7375
Query	2667	TTGCTGGACGGCAGAGTCTGTTGAACGTTTGAAACAGTGGGAAGTTGTTGCTGCAC 27	23
Sbjct	7374	ctecteedaceeecteetetetetetetetetetetetetetetetet	18

Range 2: 7318 to 8669

Score		Expect	Identities	Gaps	Strand	Frame
760 bits	(411)	0.0()	1056/1370(77%)	33/1370(2%)	Plus/Minus	
Features	s:					
Query	4	tgctgctgc	tgctgttgctgctgTC	CAGTGGTGGTCGTAA	AGAGTGCTCCAGAG	GCCTGC 63
Sbjct	8669	†gc†gc†gc	tgctg-ggcagctg-c	c-gtggtggtcgtgA	Acaardeceedagra	GCCTGT 86
Query	64	TGCGCCTTT	TGAGCAGCAAGAATAT	TATGACGCTTAACCAC	TAACATATCCCCT	GCTGCT 12
Sbjct	8612	тĠĠĠĊтффС	rtgcgccgccaatatgt	rtgregetetetekeek	scagcatgtcaccc	gctccc 82
Query	124	GTTGTGGTG	GTCGTTCCGTCAGCGG	ACACCACTTGACGCTC	GCAGCTGCTGCTTT(CCGGCC 18
Sbjct	8552	ĠŦŦĠŦĠĠŦĠ	ĠŦĀĠŦĠĊĊĀŦĊŦĠĊŦĠ	CTÁCCÁCCTGGCGTTC	ĠŦĀĠŦĊĊĊĠĊĊŢĠ	
Query	184		TTGATGAACTGCGTCC			
Sbjct	8492		TTGATGAACTGCGTCC			
Query	244		TGCACAGTAGTGGAGG			
Sbjct	8432		TĠĊĀĊĠĠŦĀĠŦĠĠĀĠĠ			
Query	304		GTGGCCATGTTGCTAG			
Sbjct	8372		ĠŤĠĠĠĊĂŤĂŤŤĠĊŤĂĠ			
Query	364 8312		CCAG-TAGCGC- 			
Sbjct Query	418		TTCAAGCTGCGCTGAC			
Sbjct	8252	TGCAGCACC		TGTAGAGCTGAATGT		
Query	478		ATCACTGTCGTCTTCC			
Sbjct	8192					
Query	538	ĢŢĢĢŢÇĄÇÇ	AACTGTGTGGTCTGAG	TGGCTGGAGATGTGGC	GAĄÇAĢÇTĢÇÇAĄA	ÇGAAGC 59
Sbjct	8132	GTGGTCACC	 AGTTGAGTGGTCTGAG			 CGCAGT 80
Query	598	ŢĢAĢTÇŢĢĢ	; ; ; ; ; ; ; ; ; ; ; ; ; ; ; ; ; ; ;	; ССССТТСТССТААСТТ	ӷСĢĢÇĄҬѦĢĄGĄÇĄ	АТАĢАС 65
Sbjct	8072	TGCGCCTGG	AACTGCTGATTCA	CACCCTGGCCCAGAT	raggcatggaaaca	ATGGAC 80
Query	658	TGACCACCG	GCTGTCGTTCGCTGTT	ĠAĄĠĠĠŢĠŢŢŢĊĊŢĠĊ	CAGCTGTCGAGACA	ATCCGC 71
Sbjct	8015	TGACCACCG	GCAGTAGTTCGCTGCT	GCAGAGTATTCCCAG	CAGCGGCGGACACA	ATTCGC 79
Query	718	TGACCACGC	AACATGGTCGTGTTCA	AAGTGGTTACAGCCG	rggtctgatgctgt	TGTTGT 77
Sbjct	7955	4geccceec	AACATGGCCGTGTTCA	.ggdtgdtcacccad	reetchectecte	79
Query	778	GGCTGATTG	GCAGTGGTGGTCAGTA	.CGGTGCCCACGGTGG(GCAAAGTGCTAACG	GAGACC 83
Sbjct	7902	ctdactd	gccgtggtggtcagaa	ccgagcccacggtgg	ecaaggtacttacg	GAAACC 78

Query	838	ACCTGTGGCAGCGATTGGGTCTGCACAATGCTGCCCAACTGGGGAGAGCTGTTAACGGGC	897
Sbjct	7844	ACCTGCGGCAGCGTCTGGGTCTGTACAATGCTGCCCAACTGGGGGGAACTGTTCACCGGC	7785
Query	898	AGCGTCTGTGACGAGATCGAAACGATCTGGGCACCAGAGCCTATCTGGGGTTGCACC	954
Sbjct	7784	AGAGTGGTCTGCGACGATATCGATACAATCTGGGCACCGGATCCCGTTTGCGGTTGCACC	7725
Query	955	ACCGACGGAAGTGTCTGTACTGGAGTGGTTAGGACCACACTCACACTGGACTGGCCCCCA	1014
Sbjct	7724	Accecegcagagactecactegcetteteagcaccacacteacetegactegac	7665
Query	1015	GAAGCGACTGCAGACTGTTGGGCCTAATTGTTGCAATTGGCCCGCGGTCAAGCTGGAGGAG	1074
Sbjct	7664	GAGTTGGCTGCAGATTGCTGCGCCAGCTGCTGCAACTGCCCCGCCGTCAAGCTCGACGAT	7605
Query	1075	GTGCCGACAATAGTCTTGACCAACTGTTGAGTATTGGATTGTCCACCCTGCCCGGGGTGC	1134
Sbjct	7604	GTGCCCACAATGGTCTTGACCAGCTGCTGCGTTGTGGTCTGTCCCGCCTGTCCGGGATGA	7545
Query	1135	GTACGCAATTGCTGCTGCGGTTGGTGGAGCAGGATGGCAGTCTGTTGACCGGGCGAGACA	1194
Sbjct	7544	GTCCGCAGCTGTTGCTGTGGCTGGTGGAGCAGGATGGCTGTCTGCTGGCCGGGCGAAACA	7485
Query	1195	TTGGAACTGGTCAAGTGCTGGATCTGCAGCTGCTGCAACTGACCACCAGCAGCGGGCACC	1254
Sbjct	7484	GTGGCGCCGGTCAGGTGCTGAATCTGTAGTTGCTGCAGTTG-CC-CG-GCGCCGGGCACA	7428
Query	1255	GCCACTGTTGTCGTGGTGGTGGGTTGCTGCTGCACGAGCTCCACGGTTTGCTGG	1308
Sbjct	7427	GCTACCGTTGTGGTGCCTGTGCCAGTAGCTTGTTGCTGCACCAGTTCCACCGACTGCTGG	7368
Query	1309	ACGGGCAGAGTCTGTTGAACGTTTGAAACAGTGGGAAGTTGTTGCTGCAC 1358	
Sbjct	7367	ACCGCCAGGGTCTGCTACACTGGAAACAGTGGGCAGTTGCTGCTGCAC 7318	

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

Score		Expect	Identities	Gaps	Strand	Frame	
761 bits	(412)	0.0()	1061/1377(77%)	33/1377(2%)	Plus/Minus		
Features	s:						
Query	1362	ctgctgctg	ctgctgctgctgttgc	ctgctgTCCAGTGGTG(GTCGTAAAGAGTGC	TCCAGA	1421
Sbjct	8676	CTGTTGTTG	CTGCTGCTGCTG-GGG	CAGCTG-CC-GTGGTG	STCGTGAACAATGC	CCCAGT	8620
Query	1422	GGCCTGCTG	CGCCTTTTGAGCAGCA	AAGAATATTATGACGC	TTAACCAGTAACAT	ATCCCC	1481
Sbjct	8619	ggcctgrtg	egcittetececcec	caatatgttgtgtccc	rtcaccagcagcat	GTCACC	8560
Query	1482	TGCTGCTGT	TGTGGTGGTCGTTCC	GTCAGCGGACACCACT	TGACGCTGCAGCTG	CTGCTT	1541
Sbjct	8559	ccctcccct	tgtggtggtagtgcc <i>i</i>	ATCTGCTGCTACCACC	rggcgttgtagtcc	ctgctt	8500
Query	1542	TCCGGCCGC	CATCTGCTTGATGAAC	CTGCGTCCTGGCCTGT(CCGTGCATTTGCAC	ACTGCT	1601
Sbjct	8499	ACCAGCGGC	catctgcttgatgaac	ctecetccteecctee	ccdtdcatctdgac	ActGct	8440
Query	1602	TACCACGTT	GCCTGCCTGCACAGT	AGTGGAGGTGCCCGGC	ATTCCCGACACGGC	CACTTT	1661
Sbjct	8439	aaccacatt	gcccgcctgcacgd1	AGTGGAGGAGCCCGGTZ	Atccccdaaactgc	cacctt	8380
Query	1662	TTGGCTTGT	CACATGCGTGGCCATC	GTTGCTAGCTTGGATTA	ATTGTGCCGCCTGC	TTGCAC	1721
Sbjct	8379	CTGGCTGGT	AACATGGGTGGGCATA	ATTGCTAGCTTGTATGA	Atadtdcctccgdc	ctgcac	8320
Query	1722	CAGATTAGC	AGTAGCTCCAG-TA	AGCGC-CAGCTGATO	CCGCTGGGCACGGC	TTGTGT	1775
Sbjct	8319	caggctcgt	rgtggctcctcctgc	AGTTCCCGCAGCTGCAG	сстссевствствс	ctgcgt	8260
Query	1776	CGTTGTCTG	CAGCACCTTCAAGCTO	GCGCTGACGGTAGAGCT	rgtatatgtgctcc	CCCAGA	1835
Sbjct	8259	ggtggtctg	cagcaccttcaagct <i>i</i>	acctdcctdtadacc	rgaatgtgagetee	:ecceee	8200
Query	1836	TTGCTGAGT	CACGGGAATCACTGT	CGTCTTCCCTCCCTGCT	rgcaatgcgctcac	CGGAAT	1895
Sbjct	8199	ctgctgggt	TCCGGGAATCACAGTO	cdtrttgccgccctgc	rgcagggcactcac	cgggat	8140
Query	1896	TCCCTTTGT	GGTCACCAACTGTGT(GGTCTGAGTGGCTGGA(GATGTGGGAACAGC	TGCCAA	1955
Sbjct	8139	gcccttggt	ggtcaccagttgagtc	GGTCTGAGTGGCTGGCC	SAGGATGGAACGGC	ccccaa	8080
Query	1956	ACGAAGCTG	AGTCTGGAATTGCGA(GGGACTCGCGCCTTGT	CCTAAGTTCGGCAT	'AGAGAC	2015
Sbjct	8079	TCGCAGTTG	cdcctddaactdct-	GATTCACACCCTGG	ccagattaggcat	'GGAAAC	8023
Query	2016	AATAGACTG	ACCACCGGCTGTCGTT	rcgctgttgaagggtg	TTTCCTGCAGCTGT	CGAGAC	2075

Sbjct	8022	AATGGACTGACCACCGGCAGTAGTTCGCTGCTGCAGAGTATTCCCAGCAGCGGCGGACAC	7963
Query	2076	AATCCGCTGACCACGCAACATGGTCGTGTTCAAAGTGGTTACAGCCGTGGTCTGATGCTG	2135
Sbjct	7962	AATTCGCTGGCCCGCAACATGGCCGTGTTCAGGGTGGTCACCCCAGTGGTCTGCTG	7903
Query	2136	TTGTTGTGGCTGATTGGCAGTGGTGGTCAGTACGGTGCCCACGGTGGGCAAAGTGCTAAC	2195
Sbjct	7902	ctgactggccgtggtggtcagaaccgagcccacggtggcaaggtacttac	7852
Query	2196	GGAGACCACCTGTGGCAGCGATTGGGTCTGCACAATGCTGCCCAACTGGGGAGAGCTGTT	2255
Sbjct	7851	dgaaaccacctgcgcagcagcactgctctgtacaatgctgcccaactggggaactgtt	7792
Query	2256	AACGGGCAGCGTCTGTGACGAGATCGAAACGATCTGGGCACCAGAGCCTATCTGGGG	2312
Sbjct	7791	CÁCCĠĠĊĀĠĀĠŦĠĠŦĊŦĠĊĠĀĊĠĀŦĀŦĊĠĀŦĀĊĀĀŦĊŦĠĠĠĊĀĊĊĠĠĀŦĊĊĊĠŦŦŦĠĊĠĠ	7732
Query	2313	TTGCACCACCGACGGAAGTGTCTGTACTGGAGTGGTTAGGACCACACTCACACTGGACTG	2372
Sbjct	7731	tróckckáckáckáckákákákákákákákákákákákákák	7672
Query	2373	GCCCCAGAAGCGACTGCAGACTGTTGGGCTAATTGTTGCAATTGGCCCGCGGTCAAGCT	2432
Sbjct	7671	ĠĊĊĠĊĠĠĀĠŦŦĠĠĊŦĠĊĀĠĀŦŦĠĊŦĠĊĠĊĊĀĠĊŦĠĊŦĠĊĀĀĊŦĠĊĊĊĊĠĊĊĠŦĊĀĀĠĊŦ	7612
Query	2433	GGAGGAGGTGCCGACAATAGTCTTGACCAACTGTTGAGTATTGGATTGTCCACCCTGCCC	2492
Sbjct	7611	CĠÁCĠÁTĠŤĠĊĊCÁĊÁÁŤĠĠŤĊŤŤĠÁĊĊÁĠĊŤĠCŤĠCĠŤŦĠŤĠĠŦĊŤĠŤĊĊCĠĊĊŤĠŦĊĊ	7552
Query	2493	GGGGTGCGTACGCAATTGCTGCTGCGGTTGGTGGAGCAGGATGGCAGTCTGTTGACCGGG	2552
Sbjct	7551	ĠĠĠAŦĠAĠŦĊĊĠĊAĠĊŦĠŦŦĠĊŦĠŦĠĠĊŦĠĠŦĠĠĀĠĊĀĠĠĀŦĠĠĊŦĠŦĊŦĠĊŦĠĠĊĊĠĠĠ	7492
Query	2553	CGAGACATTGGAACTGGTCAAGTGCTGGATCTGCAGCTGCTGCAACTGACCACCAGCAGC	2612
Sbjct	7491	ĊĠĂAĂĊĀGŦĠĠCGĊCĠĠŦĊĀGĠŦĠĊŦĠAĂŦĊŦĠŦĀĠŦŦĠĊŤĠĊĀGŦŦĠ~ĊĊ~ĊG~ĠĊGCĊ	7435
Query	2613	GGGCACCGCCACTGTTGTCGTGGTGGTGGGTTGCTGCTGCACGAGCTCCACGGT	2666
Sbjct	7434	ĠĠĠĊĂĊAĠĊŦĂĊĊĠŤŤĠŤĠĠŤĠĊĊŦĠŤĠĊCAĠŤAĠĊŤŤĠŦŤĠĊŤĠĊĂĊĊĂĠŦŤĊĊĂĊĊĠA	7375
Query	2667	TTGCTGGACGGCAGAGTCTGTTGAACGTTTGAAACAGTGGGAAGTTGTTGCTGCAC 27	
Sbjct	7374	CTĠĊTĠĠAĊCĠĠĊAĠGĠTĊTĠCTĠTAĊACTĠĠAAAĊAĠTĠĠĠCAĠTTĠCTĠĊTĠĊAĊ 73	18

Range 2: 7318 to 8669

Score		Expect	Identities	Gaps	Strand	Frame	
760 bits(411)		0.0()	1056/1370(77%)	33/1370(2%)	Plus/Minus		
Features:							
Query	4	tgctgctgc	tgctgttgctgctgTC	CCAGTGGTGGTCGTAAA	.GAGTGCTCCAGAC	GCCTGC	63
Sbjct	8669	TGCTGCTGC	TGCTG-GGCAGCTG-C	CC-GTGGTGGTCGTGAA	CAATGCCCCAGTC	GCCTGT	8613
Query	64	TGCGCCTTT	TGAGCAGCAAGAATAT	TTATGACGCTTAACCAG	TAACATATCCCC	TGCTGCT	123
Sbjct	8612	TGGGCTTTC	TGCGCCGCCAATATGT	rtgtgtcgcttcaccag	CAGCATGTCACC	cdctccc	8553
Query	124	GTTGTGGTG	GTCGTTCCGTCAGCGG	GACACCACTTGACGCTG	CAGCTGCTGCTT	rççgççc	183
Sbjct	8552	GTTGTGGTG	GTAGTGCCATCTGCTG	GCTACCACCTGGCGTTG	TAGTCCCTGCTT	ACCAGCG	8493
Query	184	GCCATCTGC	TTGATGAACTGCGTCC	CTGGCCTGTCCGTGCAT	TTGCACACTGCT	TACCACG	243
Sbjct	8492	GCCATCTGC	TTGATGAACTGCGTCC	CTGGCCTGGCGTGCAT	CTGGACACTGCT	AACCACA	8433
Query	244	TTGCCTGCC	TGCACAGTAGTGGAGG	TGCCCGGCATTCCCGA	CACGGCCACTTT	TTGGCTT	303
Sbjct	8432	44gcccgcc	tgcacggtagtggagd	BAGCCCGGTATCCCCGA	AACTGCCACCTTC	ctddctd	8373
Query	304	GTCACATGC	GTGGCCATGTTGCTAG	GCTTGGATTATTGTGCC	GCCTGCTTGCAC	CAGATTA	363
Sbjct	8372	GTAACATGG	dtddddatattddad	Schretarentager	TCCGGCCTGCAC	CAGGCTC	8313
Query	364	GCAGTAGCT	CCAG-TAGCGC-	-CAGCTGATCCGCTGGG	CACGGCTTGTGTC	CGTTGTC	417
Sbjct	8312	GTTGTGGCT	CCTCCTGCAGTTCCCG	GCAGCTGCACCTCCGGC	recreccidect	GTGGTC	8253
Query	418	TGCAGCACC	TTCAAGCTGCGCTGAC	CGGTAGAGCTGTATATG	TGCTCCCCAGAT	TTGCTGA	477
Sbjct	8252	TGCAGCACC	ttcaagctacgctgcd	crgtagagctgaatgtg	agctccgccggg	ctdctdg	8193
Query	478	GTCACGGGA	ATCACTGTCGTCTTCC	CCTCCCTGCTGCAATGC	GCTCACCGGAATT	CCCTTT	537
Sbjct	8192	GTTCCGGGA	Atcacactcctrttcc	ccccctcctcctccacccc	ACTCACCGGGATO	SCCCTTG	8133
Query	538	GTGGTCACC	AACTGTGTGGTCTGAG	GTGGCTGGAGATGTGGG	AACAGCTGCCAA	ACGAAGC	597
Sbjct	8132	GTGGTCACC	Agrtdadtddtctdad	stedettededageared	AACGGCCGCCAA	rcccagt	8073

Query	598	TGAGTCTGGAATTGCGAGGGACTCGCGCCTTGTCCTAAGTTCGGCATAGAGACAATAGAC	657
Sbjct	8072	TGCGCCTGGAACTGCTGATTCACACCCTGGCCCAGATTAGGCATGGAAACAATGGAC	8016
Query	658	TGACCACCGGCTGTCGCTGTTGAAGGGTGTTTCCTGCAGCTGTCGAGACAATCCGC	717
Sbjct	8015	tgaccaccagcagtagttcgctgctgcagagtattcccagcagcagcagacacaattcgc	7956
Query	718	TGACCACGCAACATGGTCGTGTTCAAAGTGGTTACAGCCGTGGTCTGATGCTGTTGT	777
Sbjct	7955	tgccccccadtgcccctcttcaggctcaccccagtgctctctctctc	7903
Query	778	GGCTGATTGGCAGTGGTCAGTACGGTGCCCACGGTGGGCAAAGTGCTAACGGAGACC	837
Sbjct	7902	ctgactggccgtggtggtcagaaccgagcccacggtggcaaggtacttacggaaacc	7845
Query	838	ACCTGTGGCAGCGATTGGGTCTGCACAATGCTGCCCAACTGGGGAGAGCTGTTAACGGGC	897
Sbjct	7844	Acctdccdccdcctctctctdcaatdctdcccddccaactdctdccdccdcc	7785
Query	898	AGCGTCTGTGACGAGATCGAAACGATCTGGGCACCAGAGCCTATCTGGGGTTGCACC	954
Sbjct	7784	AGAGTGGTCTGCGACGATATCGATACAATCTGGGCACCGGATCCCGTTTGCGGTTGCACC	7725
Query	955	ACCGACGGAAGTGTCTGTACTGGAGTGGTTAGGACCACACTCACACTGGACTGGCCCCCA	1014
Sbjct	7724	Acceccedcaeacactecectreteaccecactecactecactecact	7665
Query	1015	GAAGCGACTGCAGACTGTTGGGCTAATTGTTGCAATTGGCCCGCGGTCAAGCTGGAGGAG	1074
Sbjct	7664	ĠAGTTĠĠĊŦĠĊAĠATŦĠĊŦĠĊĠĊĊAĠĊŦĠĊŦĠĊAAĊŦĠĊĊĊĠĊĊĠŦĊAAĠĊŦĊĠAĊĠĀŢ	7605
Query	1075	GTGCCGACAATAGTCTTGACCAACTGTTGAGTATTGGATTGTCCACCCTGCCCGGGGTGC	1134
Sbjct	7604	ĠŦĠĊĊĊĀĊĀĀŦĠĠŦĊŦŦĠĀĊĊĀĠĊŦĠĊŦĠĊĠŦŦĠŦĠĠŢĊŦĠŦĊĊĠĠĠĀŦĠĀ	7545
Query	1135	GTACGCAATTGCTGCTGCGGTTGGTGGAGCAGGATGGCAGTCTGTTGACCGGGCGAGACA	1194
Sbjct	7544	ĠŦĊĊĠĊAĠĊŦĠŦŦĠĊŦĠŦĠĠĊŦĠĠŦĠĠAĠĊAĠĠAŦĠĠĊŦĠŦĊŦĠĊĊĠĠĠĊĠAAAĊA	7485
Query	1195	TTGGAACTGGTCAAGTGCTGGATCTGCAGCTGCTGCAACTGACCACCAGCAGCGGGCACC	1254
Sbjct	7484	gtégcgccégtcagétéctéaatctétatéttéctécagtté-cc-cg-écgccégécaca	7428
Query	1255	GCCACTGTTGTCGTGGTGGTGGGTTGCTGCTGCACGAGCTCCACGGTTTGCTGG	1308
Sbjct	7427	ĠĊŦĂĊĊĠŦŦĠŦĠĠŦĠĊĊŦĠŦĠĊĊĀĠŦĀĠĊŦĠĊŦĠĊĀĊĊĀĠŦŦĊĊĀĊĊĠĀĊŦĠĠ	7368
Query	1309	ACGGGCAGAGTCTGTTGAACGTTTGAAACAGTGGGAAGTTGTTGCTGCAC 1358	
Sbjct	7367	Accedcaegetctectetacactegaaacaetegecaettectectecae 7318	

Drosophila sechellia GM15831 (Dsec\GM15831), mRNA

Sequence ID: **ref|XM_002039717.1|** Length: 7653 Number of Matches: 2 Range 1: 7418 to 7653

Score		Expect	Identities	Gaps	Strand	Frame	
364 bits(197)		4e-96()	228/242(94%)	6/242(2%)	Plus/Minus		
Features:							
Query	2254	TTAACGGGCA	GCGTCTGTGACGAGA	TCGAAACGATCTGG(GCACCAGAGCCTAT	TCTGGGGT	2313
Sbjct	7653	TTAACGGGCA	GCGTCTGTGACGAGA:	rggacacgatctgg	GCACCAGAGCCTAT	rctggggt	7594
Query	2314	TGCACCACCG	ACGGAAGTGTCTGTA(CTGGAGTGGTTAGG	ACCACACTCACACT	TGGACTGG	2373
Sbjct	7593	†gcaccaccg	AcGGAAGTGTCTGTAG	ctggagtggttagt	Actacactcacact	rddactdd	7534
Query	2374	CCCCAGAAG	CGACTGCAGACTGTT(GGGCTAATTGTTGC	AATTGGCCCGCGG	CAAGCTG	2433
Sbjct	7533	CCACCAGA-G	cgctgcagactgt-c	gggccaattgttgc	AATTGGCCCGCGG	rcaagctg	7476
Query	2434	GAGGAGGTGC	CGACAATAGTCTTGA(CCAACTGTTGAGTA'	TTGGATTGTCCACO	CCTGCCCG	2493
Sbjct	7475	daddaddtdd	cdacaatadtcttda	cca-ctgt-gagta	-tggattgtccacı	r-tdcccd	7420
Query	2494	GG 2495					
Sbjct	7419	GG 7418					

Range 2: 7418 to 7653

Score	Expect	Identities	Gaps	Strand	Frame
364 bits(197)	4e-96()	228/242(94%)	6/242(2%)	Plus/Minus	

Features	S :		
Query	889	TTAACGGGCAGCGTCTGTGACGAGATCGAAACGATCTGGGCACCAGAGCCTATCTGGGGT	948
Sbjct	7653	TTAACGGGCAGCGTCTGTGACGAGATGGACACGATCTGGGCACCAGAGCCTATCTGGGGT	7594
Query	949	TGCACCACCGACGGAAGTGTCTGTACTGGAGTGGTTAGGACCACACTCACACTGGACTGG	1008
Sbjct	7593	tgcaccaccgacggaagtgtctgtactggagtggttagtactacactcacactggactgg	7534
Query	1009	CCCCCAGAAGCGACTGCAGACTGTTGGGCCTAATTGTTGCAATTGGCCCGCGGTCAAGCTG	1068
Sbjct	7533	ccaccaga-gcggctgcagactgt-gggccaattgttgcaattgccccgcggtcaagctg	7476
Query	1069	GAGGAGGTGCCGACAATAGTCTTGACCAACTGTTGAGTATTGGATTGTCCACCCTGCCCG	1128
Sbjct	7475	GAGGAGGTGCCGACAATAGTCTTGACCA-CTGT-GAGTA-TGGATTGTCCACT-TGCCCG	7420
Query	1129	GG 1130	
Sbjct	7419	GG 7418	