**SIDER2s presentes en el cromosoma 15 de *L. infantum* (GeneDB)**

|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| Nombre | Región | Tamaño | Subfamilia | Notas |
| 15A-12264r | 11742-12264 | 523 pb | 15A |  |
| 15A-15553r | 15062-15553 | 492 | 15A |  |
| 15A-24033d | 24033-24523 | 491 pb | 15A |  |
| 15A-48754d | 48754-49275 | 522 pb | 15A |  |
| 15A-80274d | 80274-80815 | 542 pb | 15A |  |
| 15A-85295r | 84751-85295 | 545 pb | 15A |  |
| 15A-110363d | 110363-110884 | 522 pb | 15A |  |
| 15B-218586d | 218586-219110 | 525 | 15B |  |
| 15B-238648d | 238648-239172 | 525 | 15B |  |
| 15B-259009d | 259009-259347 | 339 pb | 15B |  |
| 15-321107r | 320799-321107 | 309 |  | Huérfano |
| 15C-372134r | 371607-372134 | 528 pb | 15C |  |
| 15C-385262r | 384735-385262 | 528 pb | 15C |  |
| 15D-527907r | 527217-527907 | 691 pb | 15D |  |
| 15D-552122d | 552122-552760 | 639 pb | 15D |  |
| 15D-587597r | 586937-587597 | 661 pb | 15D |  |

>15A-12264r

AGGGGTCCGTTACTCCCACCCTGAGTGGGGAGAAGCCACCCAGTCCCTAGCCCCTAACAATGCCAGAACCGCTTGTGGCGGTGCCAGGCTCAAGTACCTAGCATGTGCGGAGGGGTCACAGCGATGTACCGCCGCTGGTATGCCGGCGGTCAGGCGCTGGATGGCGCGGCATCGCGGGCGACCCGCGACGGTGCACACGCTTGCGCATCCGCATGATGGGCACAGCGCCAACCGAGCTCGAGCGTATCCCACCCGGCCCTCACTGCCTGCTGATGGGGAGCCTGCGTGCCACGCCGAGGAGGATGCACCAGGTGGCGACCGGCATGGGGGGAGCCGGCTGCGAGGCGGCCCGCGGAGCGGTGGCGCGTAGCGTGTGAGGCAGAGGCCGTGCTCTCAGCTGACTGGGACGGCGCACGGCTGCAACGCGTGTGCGAACGGCATGCTTCGCACCAGGCGACGGGGCCCGCGGCAGACTGGCGGGTGGTGGTGGTGGTGTGGCGTGGTGTAGAGTGGTGTGTGACTC

>15A-15553r

AGGGTTCCGGTACTCCCACCCTGAGTGGGGAGAAGCCACCCAGTCCCTAGCCCCTAACAATGCCAGAACCGCCTCTGGTGCCAGGCTCAAGTACCTAGCATGTGCGGAGGGGTCACAGCGATGTACCGCCGCTGGTATGCCGGCGGTCAGGCGCTGGATGGCGCGGCATCGCGGGCGACCCGCGACGGTGCACACGCTTGCGCATCCGCATGATGGGCACAGCGCCAACCGAGCTCGAGCGTATCCCACCCGGCCCTCACTGCCTGCTGATGGGGAGCCTGCGTGCCACGCCGAGGAGGACGCACCAGGTGGCGACCGGCATGAGGGGAGCCGGCTGCGAGGCGGCCCGCGGAGCGGTGGTGCGTAGCGTGTGAGGCAGAGGCCGTGCTCTCAGCTCACTGGGACGGCGCACGGCTGCAACCCGTGTGCGAACGGCATGCTTCGCACCAGGCGGCGGGGCCCGTGGCAGACTGGCGGGTGGTGGTGGTGGTG

>15A-24033d

CACACACACCTCTCGGTGCATGGCATCTCAGGGCCTCCCGTACACGCCCACCCTGCCAATGCCGGAACCGCTTGTGGCGGTGCCAGGCTCAAGTACCTAGCATGTGCGGAGGGGTCACAGCGATGTACCGCCGCTGGTATGCCGGCGGTCAGGCGCTGGATGGCGCGGCATCGCGGGCGACCCGCGACGGTGCACACGCTTGCGCATCCGCATGATGGGCACAGCGCCAACCGAGCTCGAGCGTATCCCACCCGGCCCTCACTGCCTGCTGATGGGGAGCCTGCGTGCCACGCCGAGGAGGATGCACCAGGTGGCGACCGGCATGGGGGGAGCCGGCTGCGAGGCGGCCCGCGGAGCGGTGGTGCGTAGCGTGTGAGGCAGAGGCCGTGCTCTCAGCTGACTGGGACGGCGCACGGCTGCAACGCGTGTGCGAACGGCATGCTTCGCACCAGGCGACGGGGGCCGTGGCAGACTGGCGGGTGGTGGTGGTG

>15A-48754d

CACACACACCTCTCGGTGCATGGCATCCCAGGGCCTCCCGTACACACCCACCCTGCAAATGCCGGAACCGCTTGTGGCGGTGCCAGGCTCAAGTACCTAGCATGTGCGGAGGGGTCACAGCGATGTACCGCCGCTGGTATGCCGGCGGTCAGGCGCTGGATGGCGCGGCATCGCGGGCGACCCGCGACGGTGCACACGCTTGCGCATCCGCATGATGGGCACAGCGCCAACCGAGCTCGAGCGTATCCCACCCGGCCCTCACTGCCTGCTGATGGGGAGCCTGCGTGCCACGCCGAGGAGGATGCACCAGGTGGCGACCGGCATGGGGGGAGCCGGCTGCGAGGCGGCCCGCGGAGCGGTGGCGCGTAGCGTGTGAGGCAGAGGCCGTGCTCTCAGCTGACTGGGACGGCGCACGGCTGCAACGCGTGTGCGAACGGCATGCTTCGCACCAGGCGACGGGGCCCGCGGCAGACTGGCGGGTGGTGGTGGTGGTGTGGCGTGGTGTAGAGTGGTGTGTGACTC

>15A-80274d

ACACCGCTCGGTGCATGGCATCTCAGGGCCTCCCGTACACGCCCACCCTGCCAATGCCGGAACCGCTTGTGGCGGTGCCAGGCTCAAGTACCTAGCATGTGCGGAGGGGTCACAGCGATGTACCGCCGCTGGTATGCCGGCGGTCAGGCGCTGGATGGCGCGGCATCGCGGGCGACCCGCGACGGTGCACACGCTTGCGCATCCGCATGATGGGCACAGCGCCAACCGAGCTCGAGCGTATCCCACCCGGCCCTCACTGCCTGCTGATGGGGAGCCTGCGTGCCACGCCGAGGAGGATGCACCAGGTGGTGACCGGCATGAGGGGAGCCGGCTGCGAGGCGGCCCGCGGAGCGGTGGCGCGTAGCGTGTGAGGCAGAGGCCGTGCTCTCAGCTCACTGGGACGGCGCACGGCTGCAACGCGTGTGCGAACGGCATGCTTCGCACCAGGCGACGGGGCCCGTGGCAGACTGGCGGGGGGTGGTGGTGGTGTGGAGTGGTGTTTGACTCCTGTTGCGTGGCAGAGCTGGCGCGTTGCAGAAAAC

>15A-85295r

CACACACCTCTCGGTGCATGGCATCCCAAGGCCTCCCGTACACGCCCACCCTGCCAATGCCGGAACCGCTTGTGGCGGTGCCAGGCTCAAGTACCTAGCATGTGCGGAGGGGTCACAGCGATGTACCGCCGCTGGTATGCCGGCGGTCAGGCGCTGGATGGCGCGGCATCGCGGGCGACCCGCGACGGTGCACACGCTTGCGCATCCGCATGATGGGCACAGCGCCAACCGAGCTCGAGCGTATCCCACCCGGCCCTCACTGCCTGCTGATGGGGAGCCTGCGTGCCACGCCGAGGAGGATGCACCAGGTGGCGACCGGCATGGGGGGAGCCGGCTGCGAGGCGGCCCGCGGAGCGGTGGCGCGTAGCGTGTGAGGCAGAGGCCGTGCTCTCAGCTGACTGGGACGGCGCACGGCTGCAACGCGTGTGCGAACGGCATGCTTCGCACCAGGCGACGGGGCCCGCGGCAGACTGGCGGGTGGTGGTGGTGGTGTGGAGTGGTGTTTGACTCCTGTTGCGTGGCAGAGCTGGCGCGTTGCAGAAAAC

>15A-110363d

CACACACACCTCTCGGTGCATGGCATCTCAGGGCCTCCCGTACACACCCACCCTGCCAATGCCGGAACCGCTTGTGGCGGTGCCAGGCTCAAGTACCTAGCTTGTGCGGAGGGGTCACAGCGATGTACCGCCGCTGGTATGCCGGCGGTCAGGCGCTGGATGGCGCGGCATCGCGGGCGACCCGCGACGGTGCACACGCTTGCGCATCCGCATGATGGGCACAGCGCCAACCGAGCTCGAGCGTATCCCACCCGGCCCTCACTGCCTGCTGATGGGGAGCCTGCGTGCCACGCCGAGGAGGATGCACCAGGTGGCGACCGGCATGAGGGGAGCCGGCTGCGAGGCGGCCCGCGGAGCGGTGGCGCGTAGCGTGTGAGGCAGAGGCCGTGCTCTCAGCTGACTGGGACGGCGCACGGCTGCAACGCGTGTGCGAACGGCATGCTTCGCACCAGGCGACGGGGCCCGCGGCAGACTGGCGGGTGGTGGTGGTGGTGTGGAGTGGTGTTTGACTCCTGTTGCGTC

>15B-218586d

ATCCGTCGTGGCACGGGGAGGAGGAGGGGTACACACACACACGCACCTCTCCGTGCGGGGCAACCCCACCATCCCTGCCAAACGCCGAGCACTTACCGCATGGGGGAGTCAGAGCGATGCATCGCTGCTGGTATCGGCGGCGAGGTCCCGGGCTGGCGTTGCGTCGGAGCAGCTTGCGAGGGTGTGAACATGTGTGTGCCATCCATGCGATGGGCAGAGCGTCAGCGCGACTCGAGCGTATCCCATCCGGCCCTCACACTGCCTACTGGTGTGGGGCGGCTGCGTGCCACCCCCGAGGGAGGCACCAGGGGTGGCGCACTGCTGTAACGCATGTATCTACCGCTGCGTCGCGCCGCACGATGTGGGGGCCCTGTGGACAGGCCGGTCGGTGGAGGGAGGAGGGGAGGGGTGTAGCGCTTTAGATCACGTCCTGGTGGCAGAGGAATGGACACGCGCACACGTTGTGGGTGCGAGAAAGCAAAATGCGTAACGGTGCCGAGGGTTGTGTGCATGTGTCTCGCTGCT

>15B-238648d

ATCCGTCGTGGCACGGGGAGGAGGAGGGGTACACACACACACGCACCTCTCCGTGCGGGGCAACCCCACCATCCCTGCCAAACGCCGAGCACTTACCGCATGGGGGAGTCAGAGCGATGCATCGCTGCTGGTATCGGCGGCGAGGTCCCGGGCTGGCGTTGCGTCGGAGCAGCTTGCGAGGGTGTGAACATGTGTGTGCCATCCATGCGATGGGCAGAGCGTCAGCGCGACTCGAGCGTATCCCATCCGGCCCTCACACTGCCTACTGGTGTGGGGCGGCTGCGTGCCACCCCCGAGGGAGGCACCAGGGGTGGCGCACTGCTGTAACGCATGTATCTACCGCTGCGTCGCGCCGCACGATGTGGGGGCCCTGTGGACAGGCCGGTCGGTGGAGGGAGGAGGGGAGGGGTGTAGCGCTTTAGATCACGTCCTGGTGGCAGAGGAATGGACACGCGCACACGTTGTGGGTACTCGCAAAAAGAGAGGCAAGCCTACTATATATATATATATATGTATTCATGTACT

>15B-259009d

GCCGAGCACTTACCGCATGGGGGAGTCAGAGCGATGCATCGCTGCTGGTATCGGCGGCGAGGTCCCGGGCTGACGTTGCGTCGGAGCAGCTTGCGACGGTGTGAACATGTGTGTGCCATCCATGCGATGGGCAGAGCGTCAGCGCGACTCGAGCGTATCCCATCCGGCCCTCACACTGCCTACTGGTGTGGGGCGGCTGCGTGCCACCCCCGAGGGAGGCACCAGGGGTGGCGCACTGCTGTAACGCATGTATCTACCGCTGCGTCGCGCCGCACGATGTGGGGGCCCTGTGGACAGGCCGGTCGGTGGAGGGAGGAGGGGAGGGGAGTAGCGCTTTAG

>15-321107r

AGGGGGACACACACACACACACCTCATAATGCGTGGTATCCCAGGGTCTCCCGTACACCTCCCCTCCCCCCCCCACACATACATACATACATCGTCTGTGGGGAGCAGCTTGAAGTGCTTACCAGATAGAGGACTCAGAGCGCCTCATCGCTGCTGATGCCGGCGGTGGGATCCCGGACGGTGCAGCGGGTGGGTGGGCAGAGCTTGGGTCAGGGGCGGTGCTCAGACGACTGGGCCGGCACCCTGCTGTAACGCACGTGCCGGCGGCTGCTTGAGACCAGGCGATGTGGGGCCTATGAGACGGGCTGG

>15C-372134r

TCTCCACAGAGGCACACGCACACACACTCTGTCTGTGGGAAGCAGCCAGGCCGCCCACACCACCACACCCCATCCCCTGCCAATGCCGAGCCGCCTCTGGTGGGGTAAGAGGGTGGAGCGCTGACGAGGTAGGGAGCTCAGAGCGCCCCATCGCTACGGATGTCGGCGGTGAGGTCCTGCACGGTGCTGCGTCGGAGCGACCGGCGACCGTGCCCACGTCTGTGCCGTCCATGTGATGGGCAGAGTGTCGGCGTGACTCGAGCGCATCCCACCCCCGGCCCTCACACTGCCCACCGGTGGGGGAGTCTGAGTGCCACCCCGAGGGGGGATGCGCCAGGGATGGCGACCTGCGAAGAGGCGGGTGGGCGGGTAGAGTTTGGTGCAGGGGGGCCGCGCTCAGACGACGGAGTCGGCGCGCCGCTGTAACGCGGGTGTCGGCGGCTGCGTCGCACCTGGGGGTGGGGGTAGAGAGTGGCGTGTGGTTCGAGCCTGTGCCATGCTGCCGCAGGGAATGGGGCACGCACACAC

>15C-385262r

TCTCCACACAGGCACACGCACACACACTCTGTCTGTGGGAAGCAGCCAGGCCGCCCACACCACCACACCCCATCCCCTGCCAATGCCGAGCCGCCTCTGGTGGGGTAAGAGGGTGGAGCGCTGACGAGGTAGGGAGCTCAGAGCGCCCCATCGCTACGGATGTCGGCGGTGAGGTCCTGCACGGTGCTGCGTCGGAGCGACCGGCGACCGTGCCCACGTCTGTGCCGTCCATGTGATGGGCAGAGTGTCGGCGTGACTCGAGCGCATCCCACCCCCGGCCCTCACACTGCCCACCGGTGGGGGAGTCTGAGTGCCACCCCGAGGGGGGATGCGCCAGGGATGGCGACCTGCGAAGAGGCGGGTGGGCGGGTAGAGTTTGGTGCAGGGGGGCCGCGCTCAGACGACGGAGTCGGCGCGCCGCTGTAACGCGGGTGTCGGCGGCTGCGTCGCACCTGGGGGTGGGGGTAGAGAGTGGCGTGTGGTTCGAGCCTGTGCCATGCTGCCGCAGGGAATGGGGCACACACACAC

>15D-527907r

CCCCCTCCCCCTCTCCCGTTTTTTCCTCGTAGGTGTGTGCGGCTGTGCTCCTGGTGAAACGGGGTGGGGTGGGGGCACCCGGCAGCGCGTGGCGCTCCCGGGGGGGGGGGGTCATCCGTGCACCCCAACTCTGTCTCTGGGGAGGAAGCCCAGCAGCGCCCCCTCCTCTCCCTCCTATATCCCTGCCAGTGCGGGACCGCTTCTCCTGGTGACAGGGTCAAGCACCTACAACGTAGGGAGGTCAGAGTAAGATGGCGCTGCGGATGGCGGCCGTCAGGTGCCGGATGGCGTTGCACCGGAGCAACCTGCGACAGCGCACACGCACGATTCATGTGATGGGCAGAGAGTGTCGGCGTGACTCGAACGCATCCCACCCCCGGCCCTCACACCGTCCTGCTACTGTTGGGGAGCCTGTGCCATCGCGATGGGATCGCACCGTGTGGCGACCGGCACAACGTGAGCGGCTGCGGGGCGACCTGTGAGGGCGGGTGGGTGGCGGCTAGAGTTTGAGGCGGAGGCCGAGCCCTCAGATGACCGAGTTGGTGCACTGCTGTCACGTGTGTCTCTGCAGCTGCTTCGCACCAGGCGATAGGGGCCTGTGACAGGGCCCGGTGCAAGAGTGGGGTTCGACCTCATGTTGCATGGCAGAGAAATAGACATGCTGCAGCGCAGAGCGCAAGCGTGTCTCGGC

>15D-552122d

TGGTGAGACGGGGTGGGGTGGGGGCACCCGGCAGCGCGTGGCGCTCCCGGGGGGGGGGGTCATCCGTGCACCCCAACTCTGTCTCTGGGGAGGAAGCCCAGCAGCGCCCCCTCCTCTCCCTCCTATATCCCTGCCAGTGCGGGACCGCTTCTCCTGGTGACAGGGTCAAGCACCTACAACGTAGGGAGGTCAGAGTAAGATGGCGCTGCGGATGGCGGCCGTCAGGTGCCGGATGGCGTTGCACCGGAGCAACCTGCGACAGCGCACACGCACGATTCATGTGATGGGCAGAGAGTGTTGGCGTGACTCAAACGCATCCCACCCCCGGCCCTCACACCGTCCTGCTACTGTTGGGGAGCCTGTGCCATCGCGATGGGATCGCACCGTGTGGCGACCGGCACAACGTGAGCGGCTGCGGGGCGACCTGTGAGGGCGGGTGGGTGGCAGCTAGAGTTTGAGGCGGAGGCCGAGCCCTCAGATGACCGAGTTGGTGCACTGCTGTCACGTGTGTCTCTGCAGCTGCTTCGCACCAGGCGATAGGGGCCTGTGACAGGGCCCGGTGCAAGAGTGGGGTTCGACCTCATGTTGCATGGCAGAGAAATAGACATGCTGCAGCGCAGAGCGCAAGCGTGTCTCGGC

>15D-587597r

CCGCCTCCCCCTCTCCCGTTTTTTCCTCGTAGGTGTGTGCGGCTGTGCTCCTGGTGAAACGGGGTGGGGTGGGGGCACCCGGCAGCGCGTGGCGCTCCCGGGGGGGGGTCATCCGTGCACCCCAACTCTGTCTCTGGGGAGGAAGCCCAGCAGCGCCCCCTCCTCTCCCTCCTATATCCCTGCCAGTGCGGGACCGCTTCTCCTGGTGACAGGGTCAAGCACCTACAACGTAGGGAGGTCAGAGTAAGATGGCGCTGCGGATGGCGGCCGTCAGGTGCCGGATGGCGTTGCACCGGAGCAACCTGCGACAGCGCACACGCACGATTCATGTGATGGGCAGAGAGTGTTGGCGTGACTCAAACGCATCCCATCCCCGGCCCTCACACCGTCCTGCTACTGTTGGGGAGCCTGTGCCATCGCGATGGGATCGCACCGTGTGGCGACCGGCACAACGTGAGCGGCTGCGGGGCGACCTGTGAGGGCGGGTGGGTGACGGCTAGAGTTTGAGGCGGAGGCCGAGCCCTCAGATGACCGAGTTGGTGCACTGCTGTCACGTTTGTCTCTGCAGCTGCTTCGCACCAGGCGATAGGGGCCTGTGACAGGGCCCGGTGCAAGAGTGGGGTTCGACCTCATGTTGCATGGCAGAGAAATAGACATGCTG