Analysis.Rmd

Alyssa Green

2023-02-15

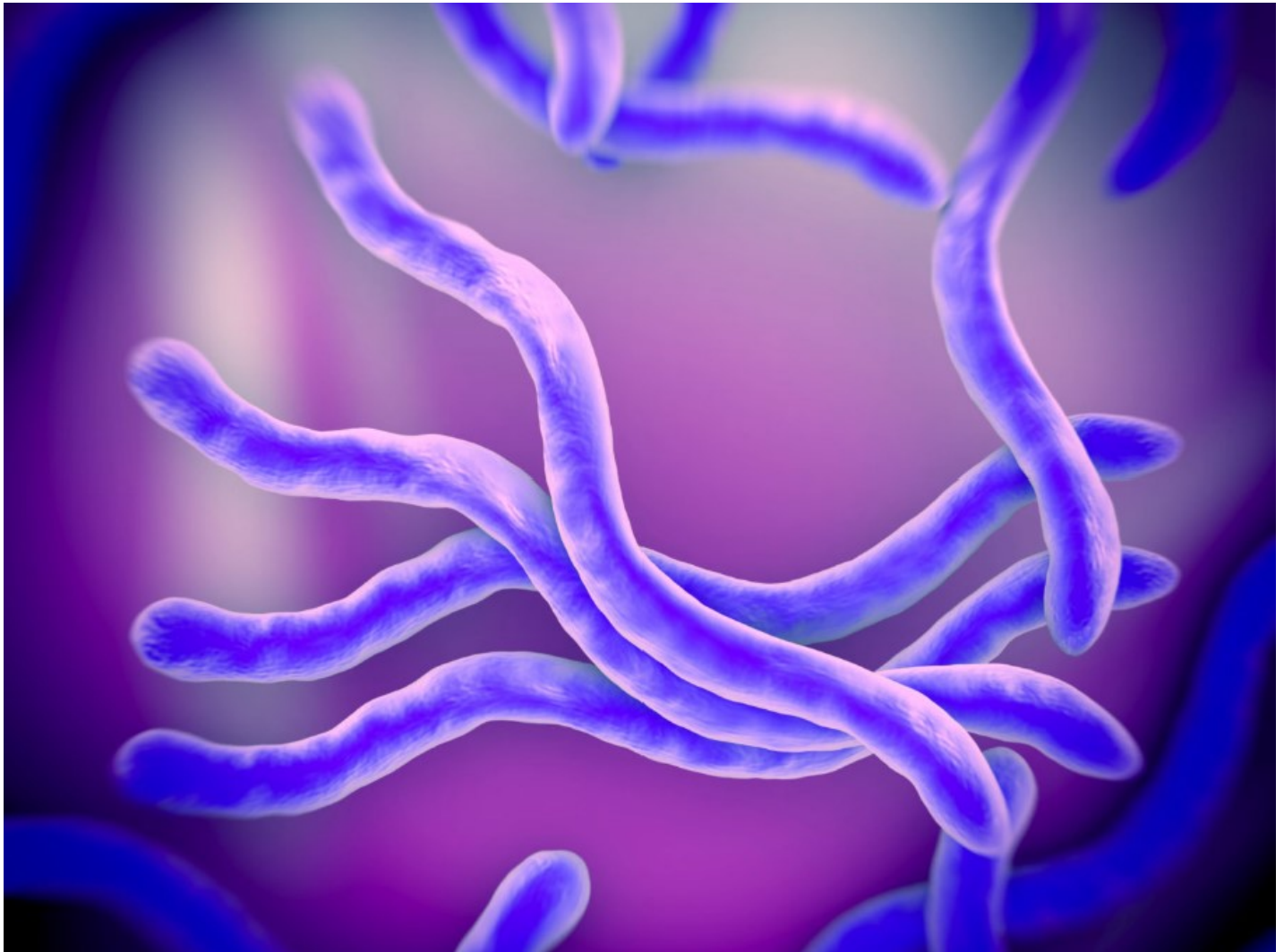Link to github (https://github.com/alyssagreen02)

Part I

Image of bacteria

image of Borrelia burgdorferi

Link to Borrelia burgdorferi Wikipedia page

Borrelia burgdorferi Wikipedia page (https://en.wikipedia.org/wiki/Borrelia_burgdorferi)

Import Sequences.csv

```
Sequences=read.csv("Sequences.csv")
```

Print out each sequence

```
print(Sequences$Sequence)
```

```
## [1] "AGCATGCAAGTCAAACGAGATGTAGCAATACATCTAGTGGCGAACGGGTGAGTAACGCGTGGATGATCTACCTATGAGATGGGGATAA
CTATTAGAAATAGTAGCTAATACCGAATAAGGTCAATTAATTTGTTAATTGATGAAAGGAAGCCTTTAAAGCTTCGCTTGTAGATGAGTCTGCGTC
TTATTAGTTAGTTGGTAGGGTAAATGCCTACCAAGGCGATGATAAGTAACCGGCCTGAGAGGGTGAACGGTCACACTGGAACTGAGACACGGTCCA
GACTCCTACGGGAGGCAGCAGCTAAGAATCTTCCGCAATGGGCGAAAGCCTGACGGAGCGACACTGCGTGAATGAAGAAGGTCGAAAGATTGTAAA
ATTCTTTTATAAATGAGGAATAAGCTTTGTAGGAAATGACGAAGTGATGACGTTAATTTATGAATAAGCCCCGGCTAATTACGTGCCAGCAGCCGC
GGTAATACG"
## [2] "AGCATGCAAGTCAAACGGGATGTAGCAATACATTCAGTGGCGAACGGGTGAGTAACGCGTGGATGATCTACCTATGAGATGGGGATAA
CTATTAGAAATAGTAGCTAATACCGAATAAGGTCAGTTAATTTGTTAATTGATGAAAGGAAGCCTTTAAAGCTTCGCTTGTAGATGAGTCTGCGTC
TTATTAGCTAGTTGGTAGGGTAAATGCCTACCAAGGCAATGATAAGTAACCGGCCTGAGAGGGTGAACGGTCACACTGGAACTGAGATACGGTCCA
GACTCCTACGGGAGGCAGCAGCTAAGAATCTTCCGCAATGGGCGAAAGCCTGACGGAGCGACACTGCGTGAATGAAGAAGGTCGAAAGATTGTAAA
ATTCTTTTATAAATGAGGAATAAGCTTTGTAGGAAATGACAAAGTGATGACGTTAATTTATGAATAAGCCCCGGCTAATTACGTGCCAGCAGCAGC
GGTAATACG"
## [3] "AGCATGCAAGTCAAACGAGATGTAGTAATACATCTAGTGGCGAACGGGTGAGTAACGCGTGGATGATCTACCTATGAGATGGGGATAA
CTATTAGAAATAGTAGCTAATACCGAATAAGGTCAATTAATTTGTTAATTGATGAAAGGAAGCCTTTAAAGCTTCGCTTGTAGATGAGTCTGCGTC
TTATTAGTTAGTTGGTAGGGTAAATGCCTACCAAGGCGATGATAAGTAACCGGCCTGAGAGGGTGAACGGTCACACTGGAACTGAGACACGGTCCA
GACTCCTACGGGAGGCAGCAGCTAAGAATCTTCCGCAATGGGCGAAAGCCTGACGGAGCGACACTGCGTGAATGAAGAAGGTCGAAAGATTGTAAA
ATTCTTTTATAAATGAGGAATAAGCTTTGTAGGAAATGACGAAGTGATGACGTTAATTTATGAATAAGCCCCGGCTAATTACGTGCCAGCAGCCGC
GGTAATACG"
```

Count number of each base pair

```
Sequences$Sequence=as.factor(Sequences$Sequence)

A=c()
Th=c()
C=c()
G=c()
ABP=c()
TBP=c()
CBP=c()
GBP=c()


for (i in 1:length(Sequences$Sequence)) {
 A[i]=gsub("T|C|G", "", Sequences$Sequence[i])
 Th[i]=gsub("A|C|G", "", Sequences$Sequence[i])
 C[i]=gsub("A|T|G", "", Sequences$Sequence[i])
 G[i]=gsub("A|T|C", "", Sequences$Sequence[i])

ABP[i]=nchar(A[i])
TBP[i]=nchar(Th[i])
CBP[i]=nchar(C[i])
GBP[i]=nchar(G[i])
 }
```

Table with number of each nucleotide

```
Tab=matrix(nrow=4, ncol = 3)
Tab[1,]=ABP
Tab[2,]=TBP
Tab[3,]=CBP
Tab[4,]=GBP
colnames(Tab)=c("HQ433692.1","HQ433694.1", "HQ433691.1")
rownames(Tab)=c("A","Th","C", "G")

print(Tab)
```

```
##     HQ433692.1 HQ433694.1 HQ433691.1
## A          154        155        154
## Th         114        114        115
## C           82         81         81
## G          131        131        131
```

GC content of nucleotides

```
BP1=nchar(as.character(Sequences$Sequence[1]))
BP2=nchar(as.character(Sequences$Sequence[2]))
BP3=nchar(as.character(Sequences$Sequence[3]))

GC1=((CBP[1]+GBP[1])/BP1)*100
GC2=((CBP[2]+GBP[2])/BP2)*100
GC3=((CBP[2]+GBP[2])/BP3)*100

Tab=matrix(nrow=3, ncol = 2)
Tab[1,]=c("HQ433692.1", GC1)
Tab[2,]=c("HQ433694.1", GC2)
Tab[3,]=c("HQ433691.1", GC3)
colnames(Tab)=c("Sequence ID", "GC Content")

print(Tab)
```

```
##      Sequence ID  GC Content
## [1,] "HQ433692.1" "44.2827442827443"
## [2,] "HQ433694.1" "44.0748440748441"
## [3,] "HQ433691.1" "44.0748440748441"
```

Part II

Load Library

```
library(BiocManager)
```

```
## Warning: package 'BiocManager' was built under R version 4.1.3
```

```
## Bioconductor version '3.14' is out-of-date; the current release version '3.16'
##   is available with R version '4.2'; see https://bioconductor.org/install
```

```
library(annotate)
```

```
## Warning: package 'annotate' was built under R version 4.1.1
```

```
## Loading required package: AnnotationDbi
```

```
## Warning: package 'AnnotationDbi' was built under R version 4.1.1
```

```
## Loading required package: stats4
```

```
## Loading required package: BiocGenerics
```

```
## Warning: package 'BiocGenerics' was built under R version 4.1.1
```

```
##
## Attaching package: 'BiocGenerics'
```

```
## The following objects are masked from 'package:stats':
##
##     IQR, mad, sd, var, xtabs
```

```
## The following objects are masked from 'package:base':
##
##     anyDuplicated, append, as.data.frame, basename, cbind, colnames,
##     dirname, do.call, duplicated, eval, evalq, Filter, Find, get, grep,
##     grepl, intersect, is.unsorted, lapply, Map, mapply, match, mget,
##     order, paste, pmax, pmax.int, pmin, pmin.int, Position, rank,
##     rbind, Reduce, rownames, sapply, setdiff, sort, table, tapply,
##     union, unique, unsplit, which.max, which.min
```

```
## Loading required package: Biobase
```

```
## Warning: package 'Biobase' was built under R version 4.1.1
```

```
## Welcome to Bioconductor
##
##     Vignettes contain introductory material; view with
##     'browseVignettes()'. To cite Bioconductor, see
##     'citation("Biobase")', and for packages 'citation("pkgname")'.
```

```
## Loading required package: IRanges
```

```
## Warning: package 'IRanges' was built under R version 4.1.1
```

```
## Loading required package: S4Vectors
```

```
## Warning: package 'S4Vectors' was built under R version 4.1.3
```

```
##
## Attaching package: 'S4Vectors'
```

```
## The following objects are masked from 'package:base':
##
##     expand.grid, I, unname
```

```
##
## Attaching package: 'IRanges'
```

```
## The following object is masked from 'package:grDevices':
##
##      windows
```

```
## Loading required package: XML
```

```
## Warning: package 'XML' was built under R version 4.1.3
```

Load sequence

```
Seq=data.frame(Sequence="> Human isolate, unknown sequence
GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGAC
CTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAAC
CCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGAT
CCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGT
CCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA")
```

```
Blast=blastSequences(paste(Seq$Sequence), as='data.frame', timeout = 500, hitListSize=10)
```

```
## estimated response time 59 seconds
```

```
nrow(Blast)
```

```
## [1] 67
```

```
head(Blast)
```

```
##    Iteration_iter-num Iteration_query-ID        Iteration_query-def
## 1                   1        Query_28231 Human isolate, unknown sequence
## 2                   1        Query_28231 Human isolate, unknown sequence
## 3                   1        Query_28231 Human isolate, unknown sequence
## 4                   1        Query_28231 Human isolate, unknown sequence
## 5                   1        Query_28231 Human isolate, unknown sequence
## 6                   1        Query_28231 Human isolate, unknown sequence
##    Iteration_query-len
## 1                 250
## 2                 250
## 3                 250
## 4                 250
## 5                 250
## 6                 250
##
Iteration_hits
## 1 1gi|2290367315|gb|CP096666.1|Yersinia pestis EV76-CN chromosome, complete genomeCP096666455
36851452.1295001.69196e-12212502301902304391125025002250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATA
CCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCA
CCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATA
TTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGG
GCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACC
AGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||2452.1295001.69196e-12212504395234397721125025002250GCCTGATG
GAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAG
ATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGT
CCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCA
TGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAG
GCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCA
CAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||3452.1295001.69196e-122125
0325468532544361-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGG
GGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTG
AGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGA
GGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGAT
GGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCC
AGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||4452.1295001.69196e-12212504507290450070411-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGG
TAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGT
AATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAG
TGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGG
GACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAG
AGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||5447.624957.1944e-12112503966593969089112492490250G
CCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATG
```

```
AACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAG
ACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAA
TACCGCGTGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCT
CACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAA
TATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||6447.624957.1944e-1
2112509175989178471124924902250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGT
GGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTC
TGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATG
GAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTGGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAG
ATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGT
CCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||2gi|2279781810|gb|CP084343.1|Yersinia pestis strain 20 chromosome, complete genomeCP
08434346360151452.1295001.69196e-12212502328672331161125025000250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGG
TAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGT
AATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAG
TGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGG
GACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAG
AGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||2452.1295001.69196e-1221250442348442597112502500025
0GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGA
TGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTG
AGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCT
AATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGG
CTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGG
AATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||3452.1295001.6919
6e-12212503383336338308871-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGA
GCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTA
GCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAG
CCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATG
AACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAG
ACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||4452.1295001.69196e-122125045896204589371 1-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTAC
TGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGT
AGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGG
AGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGC
AAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGC
TGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||5447.624957.1944e-1211250399484399733112 4
92490250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGC
CATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACT
```

```
GGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAAC
GGTAGCTAATACCGCGTGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGG
GTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGC
AGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||6447.62495
7.1944e-12112509674649677131124924902506GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAA
GAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCC
TAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCA
AGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTGGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGA
TGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTG
AGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||3gi|2279769524|gb|CP084339.1|Yersinia pestis strain 94 chromosome, complete
genomeCP08433946476101452.1295001.69196e-1221250322877323126112502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACT
GGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTA
GGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGA
GGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCA
AAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCT
GGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||2452.1295001.69196e-1221250394605394854112
502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACG
CCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACAC
TGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAA
CGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGG
GGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAG
CAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||3452.1295
001.69196e-1221250298871229884631-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACC
TCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGAC
GATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATG
GGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCC
ATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTG
GAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||4452.1295001.69196e-1221250396406239638131-12502500250GCCTGATGGAGGGGG
ATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGAT
TAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACT
CCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTC
GCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGA
TCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGG
CGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||5452.1295001.69196e-1221250460121
546009661-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCT
TAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGAT
GACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGAT
```

AACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTA
GCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCC
TACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||6447.624957.1944e-121125056109156134011249249025oGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCG
CATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCT
AGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTG
CACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCGTGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCC
TCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGC
CACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||7447.624957.1944e-121125040069264006677l-1249249025oGCCTGATGGA
GGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGAT
GGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCC
AGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTGGCTAATACCGCATG
ACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGC
GACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACA
ATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||4gi|2279758382|gb|CP084336.1
|Yersinia pestis strain R chromosome, complete genomeCP08433646488241452.1295001.69196e-12212503
2401432426311250250025oGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGAC
CTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGG
ATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGG
ATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGAT
TAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACT
CCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||2452.1295001.69196e-1221125039574239599l1125025oo25oGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAAT
ACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTC
ACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAAT
ATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAG
GGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGAC
CAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||3452.1295001.69196e-122125029899122989663l-1125025oo25oGCCT
GATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAAC
CCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACA
CGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATAC
CGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCAC
CTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATAT
TGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||4452.1295001.69196e-12
212503965259396501o1-1125025oo25oGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAA
GTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGG
TCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGA
TGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCC

AGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACG
GTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||5452.1295001.69196e-1221250460242946021801-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAA
ACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTG
GGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCA
GCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGT
GGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTC
TGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||6447.624957.1944e-121125056223256248111249249O
250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCG
GATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAAC
TGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAG
CTAATACCGCGTGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAAT
GGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGG
GGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||7447.624957.194
4e-121125040081234007874I-12492490250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGA
GCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTA
GCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAG
CCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTGGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATG
AACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAG
ACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||5gi|2152215862|gb|CP071944.1|Yersinia pseudotuberculosis strain 598 chromosom
eCP071944447319091452.1295001.69196e-1221250316075316324112502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAA
CGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGG
GGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAG
CAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTG
GGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCT
GAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||2452.1295001.69196e-12212501236366I236615112502
500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCA
TCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGG
AACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGG
TAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGT
AATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAG
TGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||3452.129500
1.69196e-1221250362626036260111-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTC
GCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGA
TCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGG
CGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCAT
CGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGA

ACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||4452.1295001.69196e-122125043358244335575 1-12502500250GCCTGATGGAGGGGGAT
AACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTA
GCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCC
TACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGC
AAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATC
CCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCG
CAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||5452.1295001.69196e-122125043767464
3764971-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTA
GGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGA
CCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAA
CTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGC
TAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTA
CGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|6452.1295001.69196e-122125045390434538794 1-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATA
CCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCA
CCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATA
TTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGG
GCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACC
AGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||7452.1295001.69196e-12212504686804468655 51-12502500250GCCTG
ATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACC
CAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACAC
GGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACC
GCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACC
TAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATT
GCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||6gi|2029911040|gb|CP063
303.2|Yersinia pestis strain 14D chromosome, complete genomeCP06330346017121452.1295001.69196e-1
22125032004632029511 12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGT
GGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTC
TGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATG
GAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAG
ATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGT
CCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||2452.1295001.69196e-122125010973271097576 112502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACG
GTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGG
TAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCA
GTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGG
GGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGA
GAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||

```
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||3452.1295001.69196e-122125039494743949225l-125025
00250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCAT
CGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGA
ACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGT
AGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTA
ATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGT
GGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||4452.1295001.
69196e-122125041587934158544l-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGC
AAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATC
CCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCG
CAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCG
GATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAAC
TGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||5452.1295001.69196e-122125045553174555068l-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAA
CTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGC
TAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTA
CGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAA
GAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCC
TAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCA
A|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||6447.624957.1944e-12112503490204348 99
551-12492490250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGC
CTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAG
CCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTAC
TGGAAACGGTGGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGT
AGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGG
AGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||744
7.624957.1944e-12112503992338399208 9l-12492490250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCAT
GACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGG
CGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCAC
AATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCGTGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCA
CGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCAC
ACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||7gi|2029910980|gb|CP064125.2|Yersinia pestis strain M2085 chromos
ome, complete genomeCP06412546365451452.1295001.69196e-12212501755441757931l2502500250GCCTGATGGA
GGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGAT
GGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCC
AGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATG
ACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGC
GACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACA
ATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||2452.1295001.69196e-12212503
27867132784221-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGG
GACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAG
AGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGG
GGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGG
GATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAG
ACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||3452.1295001.69196e-1221250408752140872721-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTA
GCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAA
TGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTG
GGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGA
CCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAG
GATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||4452.1295001.69196e-122125042969794296730 1-125025002
50GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGG
ATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACT
GAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGC
TAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATG
GCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGG
GAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||5452.1295001.691
96e-1221250459015045899011-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAG
AGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCT
AGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA
GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGAT
GAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGA
GACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||6447.624957.1944e-121125086793286818111 2492490250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGA
AACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGT
GGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGC
AGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTGGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAG
TGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGT
CTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||
||||||||||||||||||||||||||||||     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||7447.624957.1944e-1211125041303854130 1361-1249
2492490250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCC
ATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTG
GAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACG
GTAGCTAATACCGCGTGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGG
TAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCA
GTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||8gi|2029910
```

731|gb|CP064119.2|Yersinia pestis strain C-792 chromosome, complete genomeCP06411944815421452.12
95001.69196e-122125032577932602811250250025OGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCT
CGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACG
ATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGG
GCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCA
TCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGG
AACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||2452.1295001.69196e-122125066958266983111250250025OGCCTGATGGAGGGGGATAA
CTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGC
TAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTA
CGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAA
GAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCC
TAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCA
A||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||3452.1295001.69196e-12212508788788791
27112502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCC
TCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGC
CACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACT
GGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTA
GGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGA
GGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||445
2.1295001.69196e-12212500151405515143041125025002050GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCA
TGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAG
GCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCA
CAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTC
ACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCA
CACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||5452.1295001.69196e-12212504433188443293911-12502500250GCCTGATGGA
GGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGAT
GGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCC
AGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATG
ACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGC
GACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACA
ATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||6447.624957.1944e-1211250836
014836263112492490250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCT
TAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGAT
GACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGAT
AACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCGTGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTA
GCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCC
TACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||7447.624957.1944e-12112503779050377880011-124924902050GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATA

CCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCA
CCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATA
TTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTGGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGG
GCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACC
AGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||9gi|2029910499|gb|CP064122.2|Yersinia pestis strain M-1770
chromosome, complete genomeCP06412246125301452.1295001.69196e-122125032574832599711250250O250GCC
TGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAA
CCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGAC
ACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATA
CCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCA
CCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATA
TTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||2452.1295001.69196e-1
22125011577381157987112502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAA
GTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGG
TCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGA
TGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCC
AGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACG
GTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||3452.1295001.69196e-12212504011107401085O81-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAA
ACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTG
GGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCA
GCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGT
GGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTC
TGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||4452.1295001.69196e-122125042203904220141l1-125
02500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGC
CATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACT
GGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAAC
GGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGG
GTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGC
AGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||5452.12950
01.69196e-122125045641764563927l1-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCT
CGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACG
ATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGG
GCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCA
TCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGG
AACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||6447.624957.1944e-121125035518083551559l1-12492490250GCCTGATGGAGGGGGATA
ACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAG

```
CTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCT
ACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTGGCTAATACCGCATGACCTCGCA
AGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCC
CTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGC
AA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||7447.624957.1944e-121125040539734053
7241-12492490250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGG
CCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCA
GCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTA
CTGGAAACGGTAGCTAATACCGCGTGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAG
TAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGG
GAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||10
gi|1948828809|gb|CP065918.1|Yersinia pestis EV NIIEG chromosome, complete genomeCP06591845536871
452.1295001.69196e-12212502301892304381125025000250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCA
TGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAG
GCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCA
CAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTC
ACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCA
CACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||2452.1295001.69196e-12212504395164397651125025000250GCCTGATGGAGGG
GGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGG
ATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGA
CTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACC
TCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGAC
GATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATG
GGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||3452.1295001.69196e-12212503303
08133028321-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGAC
CTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGG
ATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGG
ATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGAT
TAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACT
CCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||4452.1295001.69196e-12212504507292450704311-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCT
AATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGG
CTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGG
AATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCT
TAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGAT
GACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||5447.624957.1944e-1211125039665139690011249249025 0GCCTGA
TGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCC
AGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACG
```

GTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCG
CGTGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCT
AGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTG
CACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||6447.624957.1944e-121125
09660059662541124924902506CCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGG
ACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGA
GGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGG
GGATAACTACTGGAAACGGTGGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGG
ATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGA
CTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||

2 1gi|2290367315|gb|CP096666.1|Yersinia pestis EV76-CN chromosome, complete genomeCP096666455
36851452.1295001.69196e-1221250230190230439112502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATA
CCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCA
CCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATA
TTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGG
GCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACC
AGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||2452.1295001.69196e-1221250439523439772112502500250GCCTGATG
GAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAG
ATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGT
CCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCA
TGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAG
GCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCA
CAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||3452.1295001.69196e-122125
03254685325443611-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGG
GGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTG
AGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGA
GGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGAT
GGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCC
AGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||4452.1295001.69196e-12212504507290450704111-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGG
TAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGT
AATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAG
TGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGG
GACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAG
AGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||5447.624957.1944e-121125039665939690811249249025OG
CCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATG
AACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAG

```
ACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAA
TACCGCGTGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCT
CACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAA
TATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||6447.624957.1944e-1
21125091759891784711249249025OGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGT
GGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTC
TGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATG
GAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTGGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAG
ATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGT
CCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||2gi|2279781810|gb|CP084343.1|Yersinia pestis strain 20 chromosome, complete genomeCP
08434346360151452.1295001.69196e-1221250232867233116112502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGG
TAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGT
AATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAG
TGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGG
GACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAG
AGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||2452.1295001.69196e-122125044234844259711250250025
0GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGA
TGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTG
AGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCT
AATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGG
CTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGG
AATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||3452.1295001.6919
6e-122125033833363383071-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGA
GCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTA
GCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAG
CCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATG
AACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAG
ACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||4452.1295001.69196e-122125045896204589371l-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTAC
TGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGT
AGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGG
AGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGC
AAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGC
TGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||5447.624957.1944e-12111250399484399733112492490250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGC
CATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACT
GGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAAC
```

GGTAGCTAATACCGCGTGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGG
GTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGC
AGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||6447.62495
7.1944e-1211250967464967713112492490250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAA
GAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCC
TAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCA
AGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTGGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGA
TGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTG
AGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||3gi|2279769524|gb|CP084339.1|Yersinia pestis strain 94 chromosome, complete
genomeCP08433946476101452.1295001.69196e-122125032287732312611250250250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACT
GGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTA
GGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGA
GGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCA
AAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCT
GGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||2452.1295001.69196e-122125050394605394854112
502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACG
CCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACAC
TGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAA
CGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGG
GGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAG
CAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||3452.1295
001.69196e-122125050298871229884631-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACC
TCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGAC
GATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATG
GGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCC
ATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTG
GAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||4452.1295001.69196e-122125050396406239638131-12502500250GCCTGATGGAGGGGG
ATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGAT
TAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACT
CCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTC
GCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGA
TCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGG
CGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||5452.1295001.69196e-1221250460121
546009661-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCT
TAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGAT
GACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGAT
AACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTA

```
GCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCC
TACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||6447.624957.1944e-1211250561091561340112492490250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCG
CATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCT
AGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTG
CACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCGTGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCC
TCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGC
CACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||7447.624957.1944e-121125040069264006671-12492490250GCCTGATGGA
GGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGAT
GGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCC
AGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTGGCTAATACCGCATG
ACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGC
GACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACA
ATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||4gi|2279758382|gb|CP084336.1
|Yersinia pestis strain R chromosome, complete genomeCP08433646488241452.1295001.69196e-12212503
24014324263112502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGAC
CTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGG
ATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGG
ATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGAT
TAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACT
CCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||2452.1295001.69196e-1221250395742395991112502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAAT
ACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTC
ACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAAT
ATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAG
GGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGAC
CAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||3452.1295001.69196e-1221250298991229896631-12502500250GCCT
GATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAAC
CCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACA
CGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATAC
CGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCAC
CTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATAT
TGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||4452.1295001.69196e-12
21250396525939650101-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAA
GTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGG
TCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGA
TGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCC
AGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACG
```

GTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||5452.1295001.69196e-1221250460242946021801-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAA
ACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTG
GGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCA
GCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGT
GGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTC
TGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||6447.624957.1944e-1211250562232562481112492490
250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCG
GATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAAC
TGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAG
CTAATACCGCGTGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAAT
GGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGG
GGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||7447.624957.194
4e-121125040081234007874l-12492490250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGA
GCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTA
GCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAG
CCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTGGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATG
AACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAG
ACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||5gi|2152215862|gb|CP071944.1|Yersinia pseudotuberculosis strain 598 chromosom
eCP07194447319091452.1295001.69196e-1221250316075316324112502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAA
CGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGG
GGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAG
CAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTG
GGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCT
GAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||2452.1295001.69196e-1221250123636612366l5112502
500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCA
TCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGG
AACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGG
TAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGT
AATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAG
TGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||3452.129500
1.69196e-1221250362626036260111-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTC
GCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGA
TCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGG
CGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCAT
CGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGA
ACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||

```
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||4452.1295001.69196e-122125043358244335575 1-12502500250GCCTGATGGAGGGGGAT
AACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTA
GCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCC
TACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGC
AAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATC
CCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCG
CAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||5452.1295001.69196e-122125043767464
3764971-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTA
GGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGA
CCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAA
CTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGC
TAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTA
CGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|6452.1295001.69196e-122125045390434538794 1-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATA
CCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCA
CCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATA
TTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGG
GCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACC
AGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||7452.1295001.69196e-122125046868044686555 1-12502500250GCCTG
ATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACC
CAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACAC
GGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACC
GCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACC
TAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATT
GCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||6gi|2029911040|gb|CP063
303.2|Yersinia pestis strain 14D chromosome, complete genomeCP06330346017121452.1295001.69196e-1
2212503200463202951 12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGT
GGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTC
TGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATG
GAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAG
ATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGT
CCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||2452.1295001.69196e-12212501097327109757 6112502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACG
GTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGG
TAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCA
GTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGG
GGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGA
GAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||3452.1295001.69196e-122125039494743949492251-125025
00250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCAT
CGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGA
ACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGT
AGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTA
ATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGT
GGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||4452.1295001.
69196e-122125041587934158541-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGC
AAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATC
CCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCG
CAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCG
GATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAAC
TGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||5452.1295001.69196e-122125045553174555681-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAA
CTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGC
TAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTA
CGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAA
GAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCC
TAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCA
A|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||6447.624957.1944e-1211250349020434899
551-12492490250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGC
CTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAG
CCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTAC
TGGAAACGGTGGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGT
AGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGG
AGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||744
7.624957.1944e-121125039923383992891-12492490250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCAT
GACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGG
CGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCAC
AATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCGTGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCA
CGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCAC
ACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||7gi|2029910980|gb|CP064125.2|Yersinia pestis strain M2085 chromos
ome, complete genomeCP06412546365451452.1295001.69196e-122125017554417579311250250025GCCTGATGGA
GGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGAT
GGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCC
AGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATG
ACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGC
GACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACA
ATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||2452.1295001.69196e-12212503
27867132784221-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGG
GACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAG
AGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGG
GGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGG
GATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAG
ACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||3452.1295001.69196e-1221250408752140872721-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTA
GCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAA
TGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTG
GGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGA
CCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAG
GATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||4452.1295001.69196e-12212504296979429673301-125025002
50GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGG
ATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACT
GAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGC
TAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATG
GCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGG
GAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||5452.1295001.691
96e-12212504590150458990011-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAG
AGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCT
AGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA
GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGAT
GAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGA
GACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||6447.624957.1944e-12112508679328681811124924902550GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGA
AACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGT
GGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGC
AGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTGGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAG
TGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGT
CTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||7447.624957.1944e-12112504130385413013611249
2490250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCC
ATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTG
GAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACG
GTAGCTAATACCGCGTGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGG
TAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCA
GTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||8gi|2029910
731|gb|CP064119.2|Yersinia pestis strain C-792 chromosome, complete genomeCP06411944815421452.12
```

95001.69196e-12212503257793260281112502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCT
CGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACG
ATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGG
GCGCAAGCCTGATGGAGGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCA
TCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGG
AACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||2452.1295001.69196e-1221250669582669831112502500250GCCTGATGGAGGGGGATAA
CTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGC
TAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTA
CGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAA
GAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCC
TAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCA
A|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||3452.1295001.69196e-12212508788788791
27112502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCC
TCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGC
CACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGGATAACTACT
GGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTA
GGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGA
GGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||445
2.1295001.69196e-122125015140551514304112502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCA
TGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAG
GCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCA
CAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTC
ACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCA
CACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||5452.1295001.69196e-1221250443318844329391-12502500250GCCTGATGGA
GGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGAT
GGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCC
AGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATG
ACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGC
GACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACA
ATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||6447.624957.1944e-1211250836
014836263112492490250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCT
TAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGAT
GACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGGAT
AACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCGTGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTA
GCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCC
TACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||7447.624957.1944e-1211250377905037788011-12492490250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATA
CCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCA

```
CCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATA
TTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTGGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGG
GCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACC
AGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||
|||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||9gi|2029910499|gb|CP064122.2|Yersinia pestis strain M-1770
chromosome, complete genomeCP06412246125301452.1295001.69196e-1221250325748325997112502500250GCC
TGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAA
CCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGAC
ACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATA
CCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCA
CCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATA
TTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||2452.1295001.69196e-1
221250115773811579871112502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAA
GTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGG
TCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGA
TGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCC
AGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACG
GTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||3452.1295001.69196e-1221250401110740108581-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAA
ACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTG
GGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCA
GCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGT
GGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTC
TGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||4452.1295001.69196e-122125042203904220141-125
02500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGC
CATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACT
GGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAAC
GGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGG
GTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGC
AGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||5452.12950
01.69196e-1221250456417645639271-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCT
CGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACG
ATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGG
GCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCA
TCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGG
AACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||6447.624957.1944e-121125035518083551559-1249249250GCCTGATGGAGGGGGATA
ACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAG
CTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCT
```

```
ACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTGGCTAATACCGCATGACCTCGCA
AGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCC
CTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGC
AA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||7447.624957.1944e-121125040539734053
7241-12492490250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGG
CCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCA
GCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTA
CTGGAAACGGTAGCTAATACCGCGTGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAG
TAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGG
GAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||10
gi|1948828809|gb|CP065918.1|Yersinia pestis EV NIIEG chromosome, complete genomeCP06591845536871
452.1295001.69196e-12212502301892304381125025002500GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCA
TGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAG
GCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCA
CAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTC
ACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCA
CACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||2452.1295001.69196e-122125043951643976511250250025250GCCTGATGGAGGG
GGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGG
ATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGA
CTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACC
TCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGAC
GATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATG
GGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||3452.1295001.69196e-12212503303
08133028321-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGAC
CTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGG
ATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGG
ATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGAT
TAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACT
CCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||4452.1295001.69196e-122125045072924507 0431-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCT
AATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGG
CTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGG
AATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCT
TAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGAT
GACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||5447.624957.1944e-1211125039665139690011249 2490250GCCTGA
TGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCC
AGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACG
GTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCG
```

```
CGTGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCT
AGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTG
CACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||6447.624957.1944e-121125
096600596625411249249025OGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGG
ACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGA
GGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGG
GGATAACTACTGGAAACGGTGGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGG
ATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGA
CTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||
## 3 1gi|2290367315|gb|CP096666.1|Yersinia pestis EV76-CN chromosome, complete genomeCP096666455
36851452.1295001.69196e-12212502301902304391125025OO250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATA
CCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCA
CCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATA
TTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGG
GCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACC
AGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||2452.1295001.69196e-1221250439523439772112502500250GCCTGATG
GAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAG
ATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGT
CCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCA
TGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAG
GCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCA
CAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||3452.1295001.69196e-122125
0325468532544361-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGG
GGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTG
AGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGA
GGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGAT
GGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCC
AGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||4452.1295001.69196e-122125045072904507041-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGG
TAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGT
AATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAG
TGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGG
GACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAG
AGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||5447.624957.1944e-121125039665939690811249249025OG
CCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATG
AACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAG
ACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAA
```

```
TACCGCGTGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCT
CACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAA
TATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||6447.624957.1944e-1
21125091759891784711249249025GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGT
GGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTC
TGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATG
GAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTGGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAG
ATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGT
CCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||2gi|2279781810|gb|CP084343.1|Yersinia pestis strain 20 chromosome, complete genomeCP
08434346360151452.1295001.69196e-122125023286723311611250250025GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGG
TAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGT
AATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAG
TGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGG
GACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAG
AGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||2452.1295001.69196e-1221250442348442597112500250025
0GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGA
TGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTG
AGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCT
AATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGG
CTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGG
AATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||3452.1295001.6919
6e-1221250338333633830871-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGA
GCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTA
GCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAG
CCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATG
AACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAG
ACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||4452.1295001.69196e-12212504589620458937 11-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTAC
TGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGT
AGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGG
AGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGC
AAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGC
TGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||5447.624957.1944e-121112503994843997331124
92490250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGC
CATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACT
GGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAAC
GGTAGCTAATACCGCGTGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGG
```

GTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGC
AGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||6447.62495
7.1944e-1211250967464967713112492490250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAA
GAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCC
TAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCA
AGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTGGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGA
TGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTG
AGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||3gi|2279769524|gb|CP084339.1|Yersinia pestis strain 94 chromosome, complete
genomeCP08433946476101452.1295001.69196e-12212503228773231261125025002250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACT
GGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTA
GGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGA
GGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCA
AAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCT
GGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||2452.1295001.69196e-1221250394605394854112
502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACG
CCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACAC
TGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAA
CGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGG
GGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAG
CAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||3452.1295
001.69196e-12212502988712298846 31-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACC
TCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGAC
GATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATG
GGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCC
ATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTG
GAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||4452.1295001.69196e-1221250396406239638131-12502500250GCCTGATGGAGGGGG
ATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGAT
TAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACT
CCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTC
GCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGA
TCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGG
CGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||5452.1295001.69196e-1221250460121
546009661-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCT
TAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGAT
GACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGAT
AACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTA
GCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCC

TACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||6447.624957.1944e-12112505610915613401124924902506CCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCG
CATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCT
AGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTG
CACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCGTGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCC
TCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGC
CACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||7447.624957.1944e-121125040069264006677112492490250GCCTGATGGA
GGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGAT
GGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCC
AGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTGGCTAATACCGCATG
ACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGC
GACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACA
ATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||4gi|2279758382|gb|CP084336.1
|Yersinia pestis strain R chromosome, complete genomeCP08433646488241452.1295001.69196e-12212503
24014324263112502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGAC
CTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGG
ATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGG
ATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGAT
TAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACT
CCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||2452.1295001.69196e-122125039574239599111250250025066CCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAAT
ACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTC
ACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAAT
ATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAG
GGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGAC
CAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||3452.1295001.69196e-122125029899122989663112502500250GCCT
GATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAAC
CCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACA
CGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATAC
CGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCAC
CTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATAT
TGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||4452.1295001.69196e-12
21250396525939650101125025002506CCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAA
GTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGG
TCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGA
TGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCC
AGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACG
GTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

```
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||5452.1295001.69196e-122125046024294602180 1-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAA
ACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTG
GGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCA
GCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGT
GGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTC
TGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||6447.624957.1944e-12 1125056223256248111249 2490
250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCG
GATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAAC
TGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAG
CTAATACCGCGTGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAAT
GGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGG
GGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||7447.624957.194
4e-121125040081234007874 1-12492490250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGA
GCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTA
GCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAG
CCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTGGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATG
AACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAG
ACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||5gi|2152215862|gb|CP071944.1|Yersinia pseudotuberculosis strain 598 chromosom
eCP071944447319091452.1295001.69196e-1221250316075316324 112502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAA
CGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGG
GGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAG
CAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTG
GGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCT
GAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||2452.1295001.69196e-122125012363661236615 112502
500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCA
TCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGG
AACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGG
TAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGT
AATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAG
TGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||3452.129500
1.69196e-1221250362626036260111-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTC
GCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGA
TCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGG
CGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCAT
CGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGA
ACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||4452.1295001.69196e-12212504335824433557551-12502500250GCCTGATGGAGGGGGAT
AACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGGATTA
GCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCC
TACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGC
AAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATC
CCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCG
CAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||5452.1295001.69196e-122125043767464
3764971-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTA
GGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGA
CCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAA
CTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGC
TAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTA
CGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|6452.1295001.69196e-122125045390434538794 1-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATA
CCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCA
CCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATA
TTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGG
GCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACC
AGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||7452.1295001.69196e-122125046868044 6865551-12502500250GCCTG
ATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACC
CAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACAC
GGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACC
GCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACC
TAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATT
GCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||6gi|2029911040|gb|CP063
303.2|Yersinia pestis strain 14D chromosome, complete genomeCP06330346017121452.1295001.69196e-1
22125032004632029511112502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGT
GGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTC
TGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATG
GAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAG
ATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGT
CCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||2452.1295001.69196e-12212501097327109757611 12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACG
GTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGG
TAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCA
GTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGG
GGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGA
GAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||3452.1295001.69196e-1221250394947439492251-125025
00250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCAT
CGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGA
ACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGT
AGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTA
ATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGT
GGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||4452.1295001.
69196e-122125041587934158544 1-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGC
AAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATC
CCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCG
CAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCG
GATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAAC
TGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||5452.1295001.69196e-1221250455531745550681-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAA
CTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGC
TAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTA
CGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAA
GAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCC
TAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCA
A|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||6447.624957.1944e-1211250349020434899
551-12492490250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGC
CTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAG
CCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTAC
TGGAAACGGTGGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGT
AGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGG
AGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||744
7.624957.1944e-121125039923383992089 1-12492490250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCAT
GACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGG
CGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCAC
AATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCGTGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCA
CGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCAC
ACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||7gi|2029910980|gb|CP064125.2|Yersinia pestis strain M2085 chromos
ome, complete genomeCP06412546365451452.1295001.69196e-1221250175544175793112502500250GCCTGATGGA
GGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGAT
GGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCC
AGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATG
ACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGC
GACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACA
ATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||2452.1295001.69196e-12212503
```

27867132784221-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGG
GACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAG
AGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGG
GGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGG
GATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAG
ACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||3452.1295001.69196e-122125040875214087272 1-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTA
GCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAA
TGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTG
GGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGA
CCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAG
GATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||4452.1295001.69196e-122125042969794296730 1-125025002
50GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGG
ATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACT
GAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGC
TAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATG
GCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGG
GAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||5452.1295001.691
96e-122125045901504589901 1-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAG
AGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCT
AGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA
GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGAT
GAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGA
GACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||6447.624957.1944e-12112508679328681811 12492490250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGA
AACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGT
GGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGC
AGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTGGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAG
TGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGT
CTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||7447.624957.1944e-12112504130385413013 61-1249
2490250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCC
ATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTG
GAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACG
GTAGCTAATACCGCGTGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGG
TAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCA
GTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||8gi|2029910
731|gb|CP064119.2|Yersinia pestis strain C-792 chromosome, complete genomeCP06411944815421452.12
95001.69196e-12212503257779326028 112502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCT

CGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACG
ATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGG
GCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCA
TCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGG
AACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||2452.1295001.69196e-12212506695826698311125025002 50GCCTGATGGAGGGGGATAA
CTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGC
TAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTA
CGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAA
GAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCC
TAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCA
A|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||3452.1295001.69196e-12212508788788791
27112502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCC
TCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGC
CACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACT
GGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTA
GGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGA
GGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||445
2.1295001.69196e-12212501514055151430411250250025 0GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCA
TGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAG
GCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCA
CAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTC
ACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCA
CACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||5452.1295001.69196e-12212504433188443293 91-12502500250GCCTGATGGA
GGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGAT
GGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCC
AGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATG
ACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGC
GACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACA
ATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||6447.624957.1944e-1211250836
014836263112492490250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCT
TAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGAT
GACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGAT
AACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCGTGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTA
GCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCC
TACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||7447.624957.1944e-1211250377905037788011-12492490250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATA
CCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCA
CCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATA

TTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTGGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGG
GCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACC
AGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||
|||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||9gi|2029910499|gb|CP064122.2|Yersinia pestis strain M-1770
chromosome, complete genomeCP06412246125301452.1295001.69196e-12212503257483259971125025002 50GCC
TGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAA
CCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGAC
ACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATA
CCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCA
CCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATA
TTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||2452.1295001.69196e-1
22125011577381157987112502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAA
GTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGG
TCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGA
TGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCC
AGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACG
GTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||3452.1295001.69196e-1221250401110740108581-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAA
ACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTG
GGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCA
GCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGT
GGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTC
TGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||4452.1295001.69196e-1221250422039042201411-125
02500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGC
CATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACT
GGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAAC
GGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGG
GTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGC
AGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||5452.12950
01.69196e-1221250456417645639271-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCT
CGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACG
ATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGG
GCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCA
TCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGG
AACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||6447.624957.1944e-121125 0355180835515591-12492490250GCCTGATGGAGGGGGATA
ACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAG
CTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCT
ACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTGGCTAATACCGCATGACCTCGCA

AGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCC
CTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGC
AA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||7447.624957.1944e-121125040539734053
7241-12492490250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGG
CCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCA
GCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTA
CTGGAAACGGTAGCTAATACCGCGTGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAG
TAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGG
GAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||10
gi|1948828809|gb|CP065918.1|Yersinia pestis EV NIIEG chromosome, complete genomeCP06591845536871
452.1295001.69196e-122125023018923043811250250250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCA
TGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAG
GCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCA
CAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTC
ACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCA
CACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||2452.1295001.69196e-122125043951643976511250250250GCCTGATGGAGGG
GGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGG
ATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGA
CTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACC
TCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGAC
GATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATG
GGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||3452.1295001.69196e-12212503303
08133028321-1250250250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGAC
CTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGG
ATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGG
ATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGAT
TAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACT
CCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||4452.1295001.69196e-122125045072924507043l-1250250250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCT
AATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGG
CTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGG
AATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCT
TAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGAT
GACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||5447.624957.1944e-12112503966513969001124924902S0GCCTGA
TGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCC
AGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACG
GTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCG
CGTGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCT

AGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTG
CACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||6447.624957.1944e-121125
09660059662541124924902506CCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGG
ACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGA
GGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGG
GGATAACTACTGGAAACGGTGGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGG
ATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGA
CTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||

4 1gi|2290367315|gb|CP096666.1|Yersinia pestis EV76-CN chromosome, complete genomeCP096666455
36851452.1295001.69196e-12212502301902304391125025002506CCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATA
CCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCA
CCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATA
TTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGG
GCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACC
AGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||2452.1295001.69196e-1221250439523439772112502500250GCCTGATG
GAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAG
ATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGT
CCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCA
TGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAG
GCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCA
CAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||3452.1295001.69196e-122125
0325468532544361-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGG
GGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTG
AGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGA
GGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGAT
GGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCC
AGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||4452.1295001.69196e-12212504507290450704111-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGG
TAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGT
AATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAG
TGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGG
GACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAG
AGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||5447.624957.1944e-12112503966593969081124924902506
CCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATG
AACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAG
ACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAA
TACCGCGTGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCT

CACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAA
TATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||6447.624957.1944e-1
211250917598917847112492490250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGT
GGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTC
TGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATG
GAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTGGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAG
ATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGT
CCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||2gi|2279781810|gb|CP084343.1|Yersinia pestis strain 20 chromosome, complete genomeCP
08434346360151452.1295001.69196e-1221250232867233116112502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGG
TAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGT
AATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAG
TGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGG
GACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAG
AGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||2452.1295001.69196e-122125044234844259711250250025
0GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGA
TGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTG
AGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCT
AATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGG
CTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGG
AATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||3452.1295001.6919
6e-1221250338333633830871-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGA
GCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTA
GCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAG
CCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATG
AACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAG
ACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||4452.1295001.69196e-1221250458962045893711-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTAC
TGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGT
AGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGG
AGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGC
AAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGC
TGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||5447.624957.1944e-12112503994843997331124
92490250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGC
CATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACT
GGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAAC
GGTAGCTAATACCGCGTGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGG
GTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGC

```
AGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||6447.62495
7.1944e-12112509674649677131124924902506GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAA
GAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCC
TAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCA
AGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTGGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGA
TGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTG
AGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||| |||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||3gi|2279769524|gb|CP084339.1|Yersinia pestis strain 94 chromosome, complete
genomeCP08433946476101452.1295001.69196e-122125032287773231261125025002506CCTGATGGAGGGGGATAACTACT
GGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTA
GGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGA
GGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCA
AAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCT
GGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||2452.1295001.69196e-1221250394605394854112
502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACG
CCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACAC
TGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAA
CGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGG
GGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAG
CAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||3452.1295
001.69196e-1221250298871229884631-125025002506CCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACC
TCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGAC
GATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATG
GGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCC
ATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTG
GAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||4452.1295001.69196e-1221250396406239638131-12502500250GCCTGATGGAGGGGG
ATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGAT
TAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACT
CCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTC
GCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGA
TCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGG
CGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||5452.1295001.69196e-1221250460121
546009661-125025002506CCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCT
TAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGAT
GACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGAT
AACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTA
GCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCC
TACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||6447.624957.1944e-1211250561091561340112492490250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCG
CATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCT
AGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTG
CACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCGTGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCC
TCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGC
CACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||7447.624957.1944e-121125040069264006771-12492490250GCCTGATGGA
GGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGAT
GGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCC
AGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTGGCTAATACCGCATG
ACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGC
GACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACA
ATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||4gi|2279758382|gb|CP084336.1
|Yersinia pestis strain R chromosome, complete genomeCP08433646488241452.1295001.69196e-12212503
240143242631125025002500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGAC
CTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGG
ATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGG
ATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGAT
TAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACT
CCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||2452.1295001.69196e-1221125039574239599111250250025 0GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAAT
ACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTC
ACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAAT
ATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAG
GGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGAC
CAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||3452.1295001.69196e-122125029899122989663 1-1250250025 0GCCT
GATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAAC
CCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACA
CGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATAC
CGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCAC
CTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATAT
TGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||4452.1295001.69196e-12
21250396525939650101-1250250025 0GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAA
GTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGG
TCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGA
TGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCC
AGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACG
GTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||5452.1295001.69196e-1221250460242946021801-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAA
ACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTG
GGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCA
GCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGT
GGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTC
TGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||6447.624957.1944e-121125056223256248111249249O
250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCG
GATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAAC
TGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAG
CTAATACCGCGTGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAAT
GGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGG
GGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||7447.624957.194
4e-121125040081234007874112492490250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGA
GCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTA
GCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAG
CCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTGGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATG
AACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAG
ACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||5gi|2152215862|gb|CP071944.1|Yersinia pseudotuberculosis strain 598 chromosom
eCP0719444473190914S2.1295001.69196e-122125031607531632411250250O250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAA
CGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGG
GGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAG
CAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTG
GGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCT
GAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||2452.1295001.69196e-1221250123636612366151112502
500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCA
TCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGG
AACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGG
TAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGT
AATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAG
TGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||3452.129500
1.69196e-122125036262603626011-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTC
GCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGA
TCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGG
CGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCAT
CGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGA
ACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
|||||||||||||||||||||||||4452.1295001.69196e-1221250433582443355751-12502500250GCCTGATGGAGGGGGAT
AACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTA
GCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCC
TACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGC
AAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATC
CCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCG
CAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||5452.1295001.69196e-122125043767464
3764971-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTA
GGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGA
CCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAA
CTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGC
TAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTA
CGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|6452.1295001.69196e-1221250453904345387941-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATA
CCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCA
CCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATA
TTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGG
GCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACC
AGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||7452.1295001.69196e-1221250468680446865551-12502500250GCCTG
ATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACC
CAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACAC
GGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACC
GCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACC
TAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATT
GCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||6gi|2029911040|gb|CP063
303.2|Yersinia pestis strain 14D chromosome, complete genomeCP06330346017121452.1295001.69196e-1
221250320046320295112502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGT
GGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTC
TGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATG
GAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAG
ATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGT
CCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||2452.1295001.69196e-1221250109732710957611250250025OGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACG
GTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGG
TAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCA
GTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGG
GGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGA
GAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||3452.1295001.69196e-12212503949474394922251-125025
```

00250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCAT
CGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGA
ACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGT
AGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTA
ATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGT
GGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||4452.1295001.
69196e-122125041587934158544i-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGC
AAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATC
CCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCG
CAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCG
GATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAAC
TGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||5452.1295001.69196e-1221250455531745550681-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAA
CTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGC
TAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTA
CGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAA
GAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCC
TAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCA
A|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||6447.624957.1944e-1211250349020434899
551-12492490250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGC
CTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAG
CCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTAC
TGGAAACGGTGGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGT
AGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGG
AGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||744
7.624957.1944e-1211250399233839920891-12492490250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCAT
GACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGG
CGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCAC
AATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCGTGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCA
CGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCAC
ACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||7gi|2029910980|gb|CP064125.2|Yersinia pestis strain M2085 chromos
ome, complete genomeCP06412546365451452.1295001.69196e-1221250175544175793112502500250GCCTGATGGA
GGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGAT
GGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCC
AGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATG
ACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGC
GACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACA
ATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||2452.1295001.69196e-12212503
27867132784221-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGG

```
GACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAG
AGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGG
GGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGG
GATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAG
ACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
          ||||||||3452.1295001.69196e-1221250408752140872721-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTA
GCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAA
TGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTG
GGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGA
CCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAG
GATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||4452.1295001.69196e-122125042969794296730 1-125025002
50GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGG
ATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACT
GAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGC
TAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATG
GCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGG
GAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||5452.1295001.691
96e-12212504590150458990 11-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAG
AGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCT
AGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA
GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGAT
GAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGA
GACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
          ||||||||||||||||||||||||6447.624957.1944e-12112508679328681811124924902 50GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGA
AACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGT
GGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGC
AGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTGGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAG
TGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGT
CTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||
          ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||7447.624957.1944e-1211125041303854130136 1-1249
2490250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCC
ATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTG
GAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACG
GTAGCTAATACCGCGTGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGG
TAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCA
GTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||8gi|2029910
731|gb|CP064119.2|Yersinia pestis strain C-792 chromosome, complete genomeCP06411944815421452.12
95001.69196e-12212503257793260281125025002 50GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCT
CGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACG
```

```
ATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGG
GCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCA
TCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGG
AACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||2452.1295001.69196e-1221250669582669831112502500250GCCTGATGGAGGGGGATAA
CTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGC
TAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTA
CGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAA
GAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCC
TAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCA
A||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||3452.1295001.69196e-12212508788788791
27112502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCC
TCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGC
CACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACT
GGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTA
GGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGA
GGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||445
2.1295001.69196e-1221250151405515143041125025002 50GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCA
TGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAG
GCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCA
CAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTC
ACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCA
CACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||5452.1295001.69196e-122125044331884432 9391-12502500250GCCTGATGGA
GGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGAT
GGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCC
AGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATG
ACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGC
GACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACA
ATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||6447.624957.1944e-1211250836
0148362631124924902 50GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCT
TAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGAT
GACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGAT
AACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCGTGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTA
GCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCC
TACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||7447.624957.1944e-1211250377905037788011-124924902 50GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATA
CCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCA
CCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATA
TTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTGGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGG
```

GCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACC
AGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||
|||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||9gi|2029910499|gb|CP064122.2|Yersinia pestis strain M-1770
chromosome, complete genomeCP06412246125301452.1295001.69196e-122125032574832599711250250O250GCC
TGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAA
CCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGAC
ACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATA
CCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCA
CCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATA
TTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||2452.1295001.69196e-1
22125011577381157987112502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAA
GTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGG
TCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGA
TGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCC
AGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACG
GTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||3452.1295001.69196e-122125040111074010858l-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAA
ACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTG
GGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCA
GCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGT
GGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTC
TGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||4452.1295001.69196e-122125042203904220141l-125
02500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGC
CATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACT
GGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAAC
GGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGG
GTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGC
AGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||5452.12950
01.69196e-122125045641764563927l-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCT
CGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACG
ATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGG
GCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCA
TCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGG
AACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||6447.624957.1944e-12112503551808355l5591-12492490250GCCTGATGGAGGGGGATA
ACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAG
CTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCT
ACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTGGCTAATACCGCATGACCTCGCA
AGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCC

CTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGC
AA||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||7447.624957.1944e-121125040539734053
7241-12492490250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGG
CCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCA
GCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTA
CTGGAAACGGTAGCTAATACCGCGTGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAG
TAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGG
GAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||10
gi|1948828809|gb|CP065918.1|Yersinia pestis EV NIIEG chromosome, complete genomeCP06591845536871
452.1295001.69196e-12212502301892304381125025000250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCA
TGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAG
GCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCA
CAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTC
ACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCA
CACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||2452.1295001.69196e-1221250439516439765112502500250GCCTGATGGAGGG
GGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGG
ATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGA
CTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACC
TCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGAC
GATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATG
GGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||3452.1295001.69196e-12212503303
08133028321-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGAC
CTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGG
ATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGG
ATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGAT
TAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACT
CCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||4452.1295001.69196e-1221250450729245070431-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCT
AATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGG
CTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGG
AATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCT
TAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGAT
GACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||5447.624957.1944e-1211125039665139690011249249250GCCTGA
TGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCC
AGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACG
GTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCG
CGTGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCT
AGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTG

```
CACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||6447.624957.1944e-121125
09660059662541124924902503GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGG
ACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGA
GGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGG
GGATAACTACTGGAAACGGTGGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGG
ATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGA
CTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||
## 5 1gi|2290367315|gb|CP096666.1|Yersinia pestis EV76-CN chromosome, complete genomeCP096666455
36851452.1295001.69196e-12212502301902304391125025002503GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATA
CCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCA
CCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATA
TTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGG
GCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACC
AGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||2452.1295001.69196e-12212504395234397721125025002503GCCTGATG
GAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAG
ATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGT
CCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCA
TGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAG
GCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCA
CAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||3452.1295001.69196e-122125
0325468532544361-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGG
GGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTG
AGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGA
GGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGAT
GGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCC
AGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||4452.1295001.69196e-12212504507290450704111-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGG
TAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGT
AATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAG
TGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGG
GACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAG
AGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||5447.624957.1944e-12112503966593969081124924902506
CCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATG
AACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAG
ACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAA
TACCGCGTGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCT
CACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAA
```

TATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||6447.624957.1944e-1
2112509175989178471124924902 50GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGT
GGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTC
TGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATG
GAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTGGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAG
ATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGT
CCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||2gi|2279781810|gb|CP084343.1|Yersinia pestis strain 20 chromosome, complete genomeCP
08434346360151452.1295001.69196e-12212502328672331161125025 00250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGG
TAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGT
AATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAG
TGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGG
GACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAG
AGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||2452.1295001.69196e-122125044234844259711250250025
0GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGA
TGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTG
AGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCT
AATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGG
CTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGG
AATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||3452.1295001.6919
6e-122125033833363383 0871-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGA
GCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTA
GCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAG
CCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATG
AACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAG
ACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||4452.1295001.69196e-122125045896204589371 1-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTAC
TGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGT
AGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGG
AGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGC
AAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGC
TGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||5447.624957.1944e-12111250399484399733112 4
92490250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGC
CATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACT
GGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAAC
GGTAGCTAATACCGCGTGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGG
GTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGC
AGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||

```
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||6447.62495
7.1944e-1211250967464967713112492490250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAA
GAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCC
TAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCA
AGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTGGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGA
TGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTG
AGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||3gi|2279769524|gb|CP084339.1|Yersinia pestis strain 94 chromosome, complete
genomeCP08433946476101452.1295001.69196e-1221250322877323126112502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACT
GGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTA
GGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGA
GGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCA
AAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCT
GGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||2452.1295001.69196e-1221250394605394854112
502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACG
CCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACAC
TGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAA
CGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGG
GGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAG
CAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||3452.1295
001.69196e-1221250298871229884631-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACC
TCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGAC
GATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATG
GGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCC
ATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTG
GAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||4452.1295001.69196e-1221250396406239638131-12502500250GCCTGATGGAGGGGG
ATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGAT
TAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACT
CCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTC
GCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGA
TCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGG
CGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||5452.1295001.69196e-1221250460121
546009661-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCT
TAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGAT
GACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGAT
AACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTA
GCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCC
TACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||6447.624957.1944e-1211250561091561340112492490250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCG
CATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCT
AGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTG
CACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCGTGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCC
TCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGC
CACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||7447.624957.1944e-1211250400692640066771-12492490250GCCTGATGGA
GGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGAT
GGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCC
AGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTGGCTAATACCGCATG
ACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGC
GACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACA
ATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||4gi|2279758382|gb|CP084336.1
|Yersinia pestis strain R chromosome, complete genomeCP08433646488241452.1295001.69196e-12212503
24014324263112502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGAC
CTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGG
ATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGG
ATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGAT
TAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACT
CCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||2452.1295001.69196e-1221250395742395991112502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAAT
ACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTC
ACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAAT
ATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAG
GGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGAC
CAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||3452.1295001.69196e-1221250298991229896631-12502500250GCCT
GATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAAC
CCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACA
CGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATAC
CGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCAC
CTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATAT
TGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||4452.1295001.69196e-12
212503965259396501
01-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAA
GTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGG
TCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGA
TGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCC
AGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACG
GTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
|||||||||||||5452.1295001.69196e-1221250460242946021801-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAA
ACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTG
GGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCA
GCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGT
GGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTC
TGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||6447.624957.1944e-12112505622325624811124924902
50GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCG
GATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAAC
TGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAG
CTAATACCGCGTGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAAT
GGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGG
GGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||7447.624957.194
4e-121125040081234007874112492490250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGA
GCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTA
GCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAG
CCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTGGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATG
AACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAG
ACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||| |||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||5gi|2152215862|gb|CP071944.1|Yersinia pseudotuberculosis strain 598 chromosom
eCP07194447319091452.1295001.69196e-12212503160753163241125025002 50GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAA
CGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGG
GGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAG
CAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTG
GGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCT
GAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||2452.1295001.69196e-1221250123636612366151125025
00250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCA
TCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGG
AACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGG
TAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGT
AATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAG
TGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||3452.129500
1.69196e-1221250362626036260111-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTC
GCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGA
TCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGG
CGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCAT
CGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGA
ACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||4452.1295001.69196e-1221250433582443355751-12502500250GCCTGATGGAGGGGGAT
```

AACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTA
GCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCC
TACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGC
AAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATC
CCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCG
CAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||5452.1295001.69196e-122125043767464
3764971-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTA
GGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGA
CCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAA
CTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGC
TAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTA
CGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|6452.1295001.69196e-122125045453904345387941-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATA
CCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCA
CCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATA
TTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGG
GCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACC
AGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||7452.1295001.69196e-122125046868044686551-12502500250GCCTG
ATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACC
CAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACAC
GGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACC
GCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACC
TAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATT
GCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||6gi|2029911040|gb|CP063
303.2|Yersinia pestis strain 14D chromosome, complete genomeCP06330346017121452.1295001.69196e-1
22125032004632029511250250250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGT
GGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTC
TGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATG
GAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAG
ATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGT
CCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||2452.1295001.69196e-122125010973271097576112502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACG
GTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGG
TAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCA
GTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGG
GGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGA
GAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||3452.1295001.69196e-122125039494743949225 1-125025
00250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCAT

CGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGA
ACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGT
AGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTA
ATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGT
GGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||4452.1295001.
69196e-122125041587934158544l-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGC
AAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATC
CCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCG
CAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCG
GATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAAC
TGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||5452.1295001.69196e-122125045553174555068l-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAA
CTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGC
TAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTA
CGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAA
GAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCC
TAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCA
A||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||6447.624957.1944e-1211250349020434899
551-12492490250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGC
CTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAG
CCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTAC
TGGAAACGGTGGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGT
AGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGG
AGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||744
7.624957.1944e-1211250399233839920891-12492490250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCAT
GACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGG
CGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCAC
AATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCGTGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCA
CGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCAC
ACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||7gi|2029910980|gb|CP064125.2|Yersinia pestis strain M2085 chromos
ome, complete genomeCP06412546365451452.1295001.69196e-1221250175544175793112502500250GCCTGATGGA
GGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGAT
GGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCC
AGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATG
ACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGC
GACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACA
ATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||2452.1295001.69196e-12212503
27867132784221-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGG
GACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAG

```
AGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGG
GGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGG
GATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAG
ACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||3452.1295001.69196e-122125040875214087272112502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTA
GCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAA
TGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTG
GGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGA
CCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAG
GATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||4452.1295001.69196e-122125042969794296730112502500200
250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGG
ATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACT
GAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGC
TAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATG
GCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGG
GAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||5452.1295001.691
96e-12212504590150458990111250250250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAG
AGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCT
AGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA
GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGAT
GAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGA
GACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||6447.624957.1944e-12112508679328681811124924902502GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGA
AACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGT
GGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGC
AGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTGGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAG
TGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGT
CTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||7447.624957.1944e-12112504130385413013611249
2490250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCC
ATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTG
GAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACG
GTAGCTAATACCGCGTGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGG
TAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCA
GTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||8gi|2029910
731|gb|CP064119.2|Yersinia pestis strain C-792 chromosome, complete genomeCP06411944815421452.12
95001.69196e-12212503257793260281125025002505GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCT
CGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACG
ATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGG
```

GCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCA
TCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGG
AACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||2452.1295001.69196e-12212506695826698311125025002500GCCTGATGGAGGGGGATAA
CTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGC
TAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTA
CGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAA
GAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCC
TAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCA
A|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||3452.1295001.69196e-12212508788788791
27112502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCC
TCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGC
CACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACT
GGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTA
GGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGA
GGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||445
2.1295001.69196e-1221250151405515143041125025002500GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCA
TGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAG
GCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCA
CAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTC
ACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCA
CACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||5452.1295001.69196e-1221250044331884432939 1-12502500250GCCTGATGGA
GGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGAT
GGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCC
AGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATG
ACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGC
GACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACA
ATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||6447.624957.1944e-1211250836
0148362631124924902 50GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCT
TAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGAT
GACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGAT
AACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCGTGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTA
GCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCC
TACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||7447.624957.1944e-12112503779050377880 11-124924902 50GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATA
CCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCA
CCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATA
TTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTGGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGG
GCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACC

AGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||
|||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||9gi|2029910499|gb|CP064122.2|Yersinia pestis strain M-1770
chromosome, complete genomeCP06412246125301452.1295001.69196e-122125032574832599711250250 0250GCC
TGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAA
CCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGAC
ACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATA
CCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCA
CCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATA
TTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||2452.1295001.69196e-1
2212501157738115798711250250 0250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAA
GTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGG
TCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGA
TGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCC
AGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACG
GTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||3452.1295001.69196e-122125040111074010858 1-1250250 0250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAA
ACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTG
GGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCA
GCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGT
GGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTC
TGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||4452.1295001.69196e-122125042203904220141 1-125
02500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGC
CATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACT
GGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAAC
GGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGG
GTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGC
AGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||5452.12950
01.69196e-122125045641764563927 1-1250250 0250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCT
CGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACG
ATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGG
GCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCA
TCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGG
AACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||6447.624957.1944e-12112503551808355155 91-1249249 0250GCCTGATGGAGGGGGATA
ACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAG
CTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCT
ACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTGGCTAATACCGCATGACCTCGCA
AGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCC
CTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGC

```
AA|||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||7447.624957.1944e-121125040539734053
7241-12492490250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGG
CCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCA
GCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTA
CTGGAAACGGTAGCTAATACCGCGTGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAG
TAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGG
GAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||10
gi|1948828809|gb|CP065918.1|Yersinia pestis EV NIIEG chromosome, complete genomeCP06591845536871
452.1295001.69196e-122125023018923043811250250000250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCA
TGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAG
GCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCA
CAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTC
ACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCA
CACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||2452.1295001.69196e-12212504395164397651125025000250GCCTGATGGAGGG
GGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGG
ATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGA
CTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACC
TCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGAC
GATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATG
GGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||3452.1295001.69196e-12212503303
08133028321-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGAC
CTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGG
ATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGG
ATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGAT
TAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACT
CCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||4452.1295001.69196e-1221250450729245070431-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCT
AATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGG
CTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGG
AATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCT
TAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGAT
GACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||5447.624957.1944e-12111250396651396900112492490250GCCTGA
TGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCC
AGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACG
GTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCG
CGTGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCT
AGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTG
CACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||6447.624957.1944e-121125
0966005966254112492490250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGG
ACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGA
GGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGG
GGATAACTACTGGAAACGGTGGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGG
ATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGA
CTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||
## 6 1gi|2290367315|gb|CP096666.1|Yersinia pestis EV76-CN chromosome, complete genomeCP096666455
36851452.1295001.69196e-1221250230190230439112502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATA
CCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCA
CCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATA
TTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGG
GCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACC
AGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||2452.1295001.69196e-1221250439523439772112502500250GCCTGATG
GAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAG
ATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGT
CCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCA
TGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAG
GCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCA
CAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||3452.1295001.69196e-122125
0325468532544361-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGG
GGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTG
AGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGA
GGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGAT
GGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCC
AGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||4452.1295001.69196e-1221250450729045070411-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGG
TAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGT
AATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAG
TGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGG
GACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAG
AGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||5447.624957.1944e-1211250396659396908112492490250G
CCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATG
AACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAG
ACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAA
TACCGCGTGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCT
CACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAA
TATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||
```

```
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||6447.624957.1944e-1
21125091759891784711249249025GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGT
GGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTC
TGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATG
GAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTGGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAG
ATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGT
CCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||2gi|2279781810|gb|CP084343.1|Yersinia pestis strain 20 chromosome, complete genomeCP
08434346360151452.1295001.69196e-122125023286723311611250250025GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGG
TAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGT
AATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAG
TGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGG
GACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAG
AGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||2452.1295001.69196e-1221250442348442597112502500025
0GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGA
TGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTG
AGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCT
AATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGG
CTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGG
AATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||3452.1295001.6919
6e-122125033833363383087112502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGA
GCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTA
GCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAG
CCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATG
AACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAG
ACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||4452.1295001.69196e-1221250458962045893711-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTAC
TGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGT
AGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGG
AGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGC
AAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGC
TGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||5447.624957.1944e-121125039948439973311124
92490250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGC
CATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACT
GGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAAC
GGTAGCTAATACCGCGTGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGG
GTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGC
AGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||6447.62495
7.1944e-1211250967464967713112492490250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAA
GAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCC
TAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCA
AGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTGGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGA
TGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTG
AGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||| |||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||3gi|2279769524|gb|CP084339.1|Yersinia pestis strain 94 chromosome, complete
genomeCP08433946476101452.1295001.69196e-1221250322877323126112502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACT
GGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTA
GGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGA
GGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCA
AAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCT
GGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||2452.1295001.69196e-1221250394605394854112
502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACG
CCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACAC
TGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAA
CGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGG
GGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAG
CAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||3452.1295
001.69196e-1221250298871229884631-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACC
TCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGAC
GATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATG
GGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCC
ATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTG
GAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||4452.1295001.69196e-1221250396406239638131-12502500250GCCTGATGGAGGGGG
ATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGAT
TAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACT
CCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTC
GCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGA
TCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGG
CGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||5452.1295001.69196e-1221250460121
546009661-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCT
TAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGAT
GACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGAT
AACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTA
GCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCC
TACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

|||6447.624957.1944e-12112505610915613401124924902 50GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCG
CATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCT
AGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTG
CACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCGTGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCC
TCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGC
CACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||7447.624957.1944e-121125040069264006 6771-12492490250GCCTGATGGA
GGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGAT
GGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCC
AGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTGGCTAATACCGCATG
ACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGC
GACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACA
ATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||4gi|2279758382|gb|CP084336.1
|Yersinia pestis strain R chromosome, complete genomeCP08433646488241452.1295001.69196e-12212503
240143242631125025002 50GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGAC
CTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGG
ATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGG
ATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGAT
TAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACT
CCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||2452.1295001.69196e-1221250395742395991112502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAAT
ACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTC
ACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAAT
ATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAG
GGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGAC
CAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||3452.1295001.69196e-1221250298991229896631-12502500250GCCT
GATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAAC
CCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACA
CGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATAC
CGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCAC
CTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATAT
TGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||4452.1295001.69196e-12
21250396525939650101-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAA
GTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGG
TCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGA
TGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCC
AGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACG
GTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||5452.1295001.69196e-1221250460242946021801-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAA

```
ACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTG
GGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCA
GCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGT
GGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTC
TGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||6447.624957.1944e-121125056223256248111249 2490
250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCG
GATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAAC
TGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAG
CTAATACCGCGTGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAAT
GGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGG
GGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||
    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||7447.624957.194
4e-121125040081234007874 1-12492490250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGA
GCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTA
GCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAG
CCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTGGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATG
AACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAG
ACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||
    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    |||||||||||||||||||||||||5gi|2152215862|gb|CP071944.1|Yersinia pseudotuberculosis strain 598 chromosom
eCP071944447319091452.1295001.69196e-1221250316075316324112502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAA
CGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGG
GGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAG
CAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTG
GGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCT
GAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||
    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    |||||||||||||||||||||||||||||||||2452.1295001.69196e-12212501236366123661511 2502
500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCA
TCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGG
AACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGG
TAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGT
AATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAG
TGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||3452.129500
1.69196e-1221250362626036260111-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTC
GCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGA
TCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGG
CGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCAT
CGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGA
ACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    |||||||||||||||||||||||||4452.1295001.69196e-1221250433582443355751-12502500250GCCTGATGGAGGGGGAT
AACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTA
```

```
GCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCC
TACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGC
AAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATC
CCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCG
CAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||5452.1295001.69196e-122125043767464
3764971-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTA
GGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGA
CCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAA
CTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGC
TAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTA
CGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|6452.1295001.69196e-122125045390434538794 1-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATA
CCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCA
CCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATA
TTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGG
GCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACC
AGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||7452.1295001.69196e-122125046868044686555 1-12502500250GCCTG
ATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACC
CAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACAC
GGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACC
GCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACC
TAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATT
GCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||6gi|2029911040|gb|CP063
303.2|Yersinia pestis strain 14D chromosome, complete genomeCP063303 46017121452.1295001.69196e-1
22125032004632029511 2500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGT
GGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTC
TGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATG
GAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAG
ATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGT
CCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||2452.1295001.69196e-122125010973271097576 12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACG
GTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGG
TAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCA
GTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGG
GGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGA
GAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||3452.1295001.69196e-122125039494743949225 1-125025
00250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCAT
CGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGA
```

ACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGT
AGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTA
ATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGT
GGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||4452.1295001.
69196e-122125041587934158544l-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGC
AAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATC
CCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCG
CAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCG
GATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAAC
TGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||5452.1295001.69196e-12212504555317455506sl-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAA
CTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGC
TAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTA
CGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAA
GAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCC
TAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCA
A||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||6447.624957.1944e-1211250349020434899
551-12492490250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGC
CTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAG
CCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTAC
TGGAAACGGTGGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGT
AGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGG
AGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||744
7.624957.1944e-1211250399233839920891-12492490250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCAT
GACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGG
CGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCAC
AATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCGTGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCA
CGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCAC
ACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||7gi|2029910980|gb|CP064125.2|Yersinia pestis strain M2085 chromos
ome, complete genomeCP06412546365451452.1295001.69196e-12212501755441757931l2502500250GCCTGATGGA
GGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGAT
GGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCC
AGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATG
ACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGC
GACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACA
ATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||2452.1295001.69196e-12212503
27867132784221-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGG
GACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAG
AGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGG

```
GGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGG
GATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAG
ACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||3452.1295001.69196e-122125040875214087 2721-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTA
GCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAA
TGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTG
GGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGA
CCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAG
GATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||4452.1295001.69196e-122125042969794296 7301-125025002
50GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGG
ATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACT
GAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGC
TAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATG
GCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGG
GAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||5452.1295001.691
96e-12212504590150458990 11-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAG
AGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCT
AGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA
GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGAT
GAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGA
GACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||6447.624957.1944e-121125086793286818 1112492490250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGA
AACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGT
GGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGC
AGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTGGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAG
TGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGT
CTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||7447.624957.1944e-12112504130385413 01361-1249
2492490250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCC
ATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTG
GAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACG
GTAGCTAATACCGCGTGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGG
TAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCA
GTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||8gi|2029910
731|gb|CP064119.2|Yersinia pestis strain C-792 chromosome, complete genomeCP06411944815421452.12
95001.69196e-12212503257793260281 12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCT
CGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACG
ATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGG
GCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCA
```

TCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGG
AACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||2452.1295001.69196e-122125066958266983111 2502500250GCCTGATGGAGGGGGATAA
CTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGC
TAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTA
CGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAA
GAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCC
TAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCA
A|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||3452.1295001.69196e-12212508788788791
27112502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCC
TCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGC
CACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACT
GGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTA
GGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGA
GGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||445
2.1295001.69196e-12212501514055151430411 2502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCA
TGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAG
GCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCA
CAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTC
ACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCA
CACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||5452.1295001.69196e-12212504433188443 29391-12502500250GCCTGATGGA
GGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGAT
GGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCC
AGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATG
ACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGC
GACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACA
ATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||6447.624957.1944e-1211250836
0148362631124924902 50GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCT
TAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGAT
GACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGAT
AACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCGTGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTA
GCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCC
TACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||7447.624957.1944e-1211250377905037788011-12492490250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATA
CCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCA
CCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATA
TTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTGGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGG
GCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACC
AGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||

```
|||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||9gi|2029910499|gb|CP064122.2|Yersinia pestis strain M-1770
chromosome, complete genomeCP06412246125301452.1295001.69196e-122125032574832599711250250 0250GCC
TGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAA
CCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGAC
ACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATA
CCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCA
CCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATA
TTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||2452.1295001.69196e-1
22125011577381157987112502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAA
GTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGG
TCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGA
TGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCC
AGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACG
GTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||3452.1295001.69196e-1221250401110740108581-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAA
ACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTG
GGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCA
GCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGT
GGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTC
TGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||4452.1295001.69196e-1221250422039042201411-125
02500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGC
CATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACT
GGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAAC
GGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGG
GTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGC
AGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||5452.12950
01.69196e-1221250456417645639271-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCT
CGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACG
ATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGG
GCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCA
TCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGG
AACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||6447.624957.1944e-1211250355180835515591-12492490250GCCTGATGGAGGGGGATA
ACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAG
CTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCT
ACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTGGCTAATACCGCATGACCTCGCA
AGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCC
CTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGC
AA||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||7447.624957.1944e-121125040539734053
7241-12492490250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGG
CCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCA
GCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTA
CTGGAAACGGTAGCTAATACCGCGTGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAG
TAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGG
GAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||10
gi|1948828809|gb|CP065918.1|Yersinia pestis EV NIIEG chromosome, complete genomeCP06591845536871
452.1295001.69196e-122125023018923043811250250 0250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCA
TGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAG
GCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCA
CAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTC
ACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCA
CACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||2452.1295001.69196e-122125043951643976511250250 0250GCCTGATGGAGGG
GGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGG
ATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGA
CTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACC
TCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGAC
GATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATG
GGCGCAA||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||3452.1295001.69196e-12212503303
08133028321-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGAC
CTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGG
ATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGG
ATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGAT
TAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACT
CCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||4452.1295001.69196e-122125045070729245070431-12502500250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCT
AATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGG
CTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGG
AATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCT
TAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGAT
GACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||5447.624957.1944e-1211250396651396900112492490250GCCTGA
TGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCC
AGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACG
GTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCG
CGTGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCT
AGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTG
CACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||6447.624957.1944e-121125
0966005966254112492490250GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGG
ACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGA
GGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGGAGGG
GGATAACTACTGGAAACGGTGGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCATCGGATGAACCCAGATGGG
ATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGAACTGAGACACGGTCCAGA
CTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA|||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
## 				Iteration_stat Hit_num 				Hit_id
## 1 90618234742833357000.410.6250.78 		1 gi|2290367315|gb|CP096666.1|
## 2 90618234742833357000.410.6250.78 		1 gi|2290367315|gb|CP096666.1|
## 3 90618234742833357000.410.6250.78 		1 gi|2290367315|gb|CP096666.1|
## 4 90618234742833357000.410.6250.78 		1 gi|2290367315|gb|CP096666.1|
## 5 90618234742833357000.410.6250.78 		1 gi|2290367315|gb|CP096666.1|
## 6 90618234742833357000.410.6250.78 		1 gi|2290367315|gb|CP096666.1|
## 					Hit_def Hit_accession Hit_len
## 1 Yersinia pestis EV76-CN chromosome, complete genome 	CP096666 4553685
## 2 Yersinia pestis EV76-CN chromosome, complete genome 	CP096666 4553685
## 3 Yersinia pestis EV76-CN chromosome, complete genome 	CP096666 4553685
## 4 Yersinia pestis EV76-CN chromosome, complete genome 	CP096666 4553685
## 5 Yersinia pestis EV76-CN chromosome, complete genome 	CP096666 4553685
## 6 Yersinia pestis EV76-CN chromosome, complete genome 	CP096666 4553685
##   Hsp_num Hsp_bit-score Hsp_score   Hsp_evalue Hsp_query-from Hsp_query-to
## 1    1      452.129      500 1.69196e-122      1      250
## 2    2      452.129      500 1.69196e-122      1      250
## 3    3      452.129      500 1.69196e-122      1      250
## 4    4      452.129      500 1.69196e-122      1      250
## 5    5      447.62       495   7.1944e-121     1      250
## 6    6      447.62       495   7.1944e-121     1      250
##   Hsp_hit-from Hsp_hit-to Hsp_query-frame Hsp_hit-frame Hsp_identity
## 1     230190      230439       1       1      250
## 2     439523      439772       1       1      250
## 3     3254685     3254436      1      -1      250
## 4     4507290     4507041      1      -1      250
## 5     396659      396908       1       1      249
## 6     917598      917847       1       1      249
##   Hsp_positive Hsp_gaps Hsp_align-len
## 1     250        0        250
## 2     250        0        250
## 3     250        0        250
## 4     250        0        250
## 5     249        0        250
## 6     249        0        250
##
Hsp_qseq
## 1 GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCAT
CGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGA
ACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA
## 2 GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCAT
CGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGA
ACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA
```

3 GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCAT
CGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGA
ACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA
4 GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCAT
CGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGA
ACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA
5 GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCAT
CGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGA
ACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA
6 GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCAT
CGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGA
ACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA
##
Hsp_hseq
1 GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCAT
CGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGA
ACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA
2 GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCAT
CGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGA
ACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA
3 GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCAT
CGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGA
ACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA
4 GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCAT
CGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGA
ACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA
5 GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTAGCTAATACCGCGTGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCAT
CGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGA
ACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA
6 GCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTGGCTAATACCGCATGACCTCGCAAGAGCAAAGTGGGGGACCTTAGGGCCTCACGCCAT
CGGATGAACCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGGTAATGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGACCAGCCACACTGGA
ACTGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAA
##
Hsp_midline
1 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
3 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
4 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
5 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
6 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

```
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
library(ggplot2)
```

```
## Warning: package 'ggplot2' was built under R version 4.1.3
```

Report

In our analysis, we searched for the closest matching DNA sequence on Genbank. The analyses found that the outlier sequence comes from *Yersinia pestis*, a zoonotic bacteria usually found in small mammals and their fleas (Plague, n.d.). The accuracy of this finding was tested by looking at Hsp score (Figure 1) and evalue (Figure 2) for each of the hits obtained. All Hsp scores are either 495 or 500, which are very high values, indicating that the hits are accurate. All the evalues are either 7.24e-121 or 1.7e-122, which are extremely small values, indicating that the hits are accurate. Because of the accuracy of the findings, the fact that the sequence comes from *Yersinia pestis* is very concerning. Infection by *Yersinia pestis* is known to cause the plague (Plague (yersinia pestis), 2022). The plague is a life-threatening condition that has historically caused widespread pandemics with high mortality (Plague, n.d.). The finding of the plague in a human sequence is particularly troubling as it has a case fatality ratio of 30% to 100% if left untreated (Plague, n.d.). Currently, up to 3000 cases of the plague are reported to the World Health Organization each year, and it must be closely monitored and the spread mitigated to prevent another pandemic (Plague (yersinia pestis), 2022).

```
ggplot(aes(x=Hit_accession, y=Hsp_score), data=Blast)+geom_point()+theme_bw()+theme(axis.text.x
= element_text(angle = 90, vjust = 0.5, hjust=1))+labs(x="Hit accession", y="Hsp score")
```
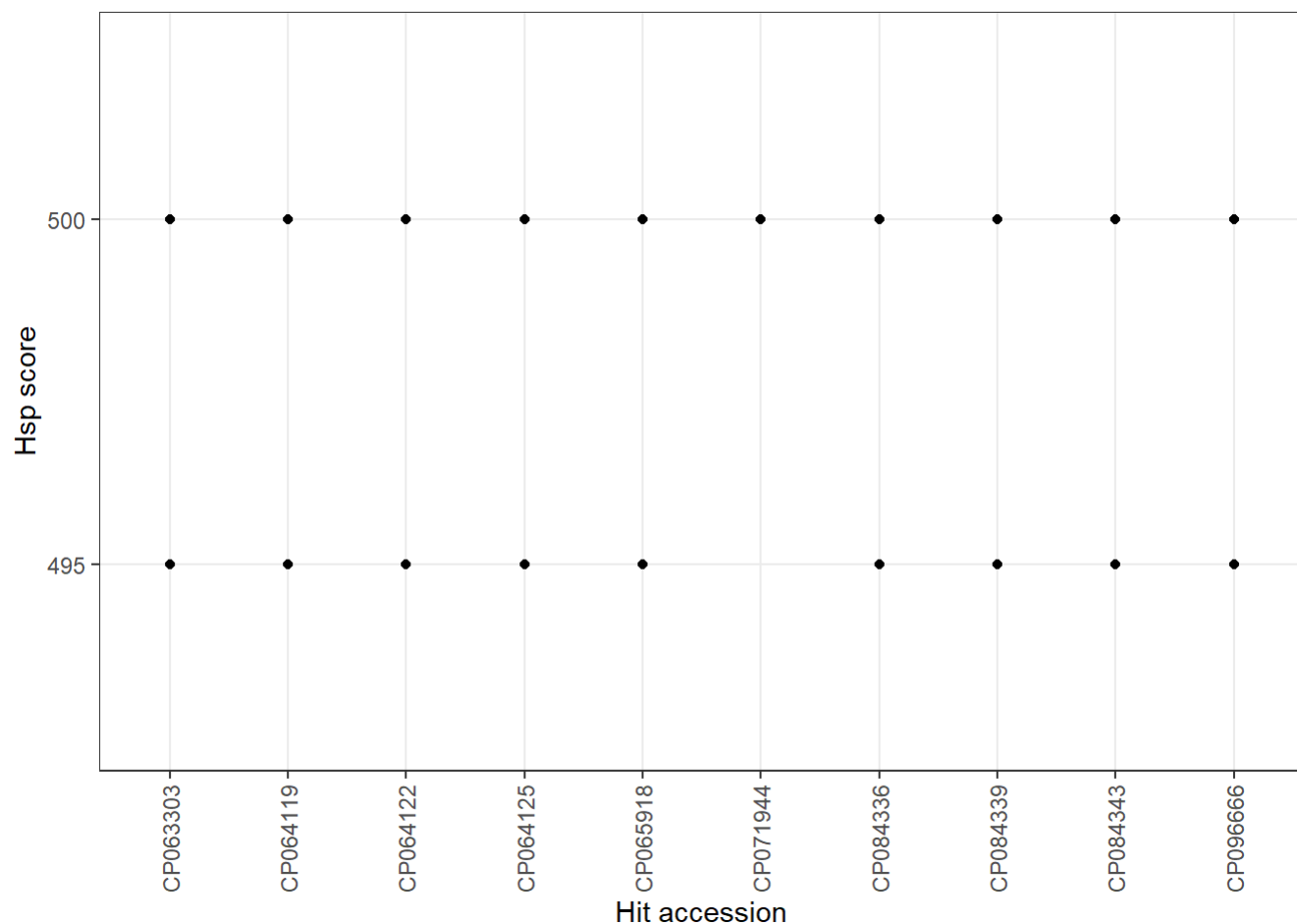
Figure 1: Hsp scores from Blast search. The Hsp scores are all either 495 or 500, which are very high values, indicating that the hits from the blast search are accurate.

```
ggplot(aes(x=Hit_accession, y=Hsp_evalue), data=Blast)+geom_point()+theme_bw()+theme(axis.text.x
= element_text(angle = 90, vjust = 0.5, hjust=1))+labs(x="Hit accession", y="evalue")
```
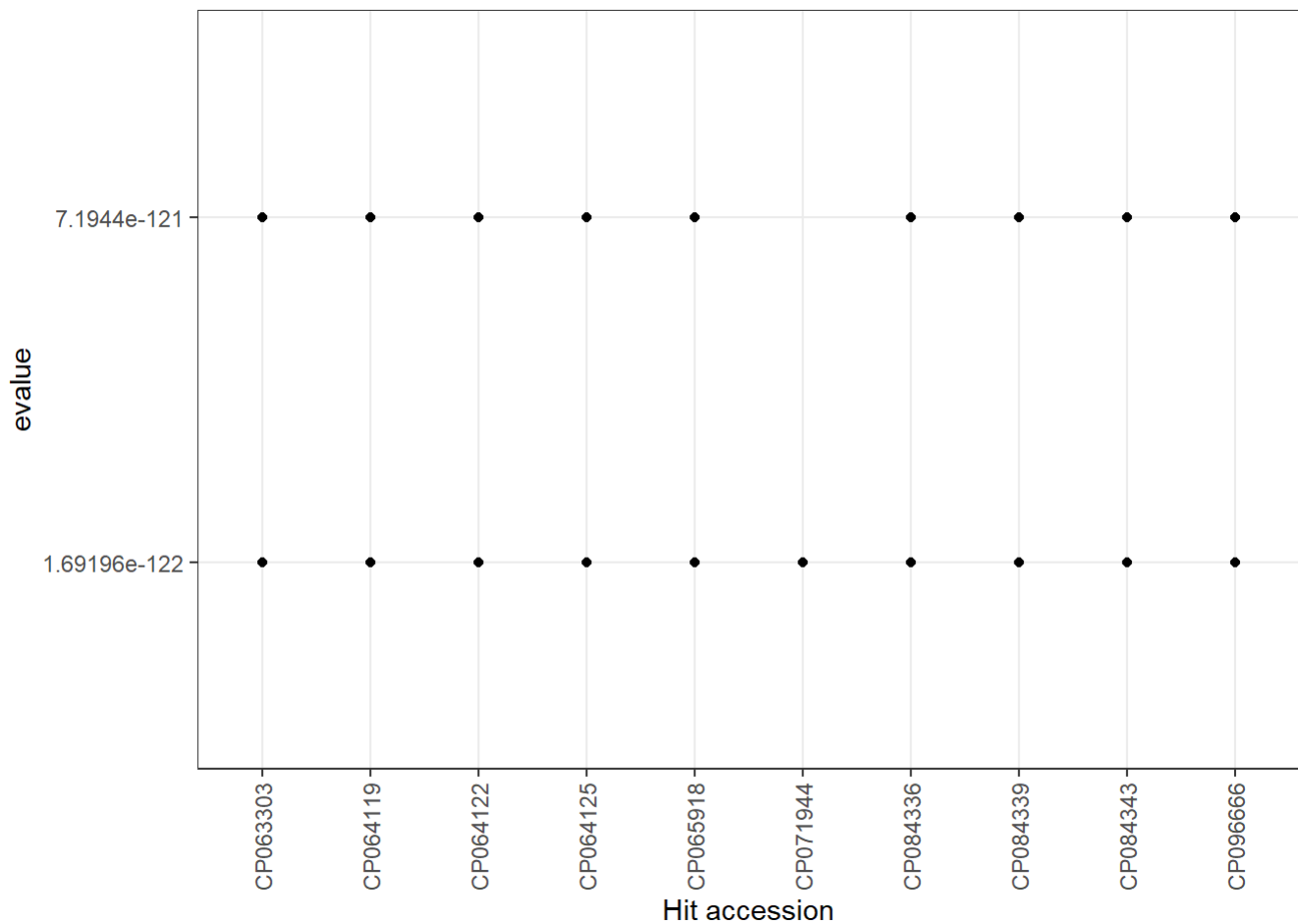
Figure 2: evalues from Blast search. The evalues are all either 7.24e-121 or 1.7e-122, which are extremely small values, indicating that the hits from the blast search are accurate.

References:

Plague. World Health Organization. (n.d.) Retrieved February 15, 2023, from https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/plague (https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/plague)

Plague (yersinia pestis). Harvard Health. (2022, February 28). Retrieved February 15, 2023, from https://www.health.harvard.edu/a_to_z/plague-yersinia-pestis-a-to-z (https://www.health.harvard.edu/a_to_z/plague-yersinia-pestis-a-to-z)