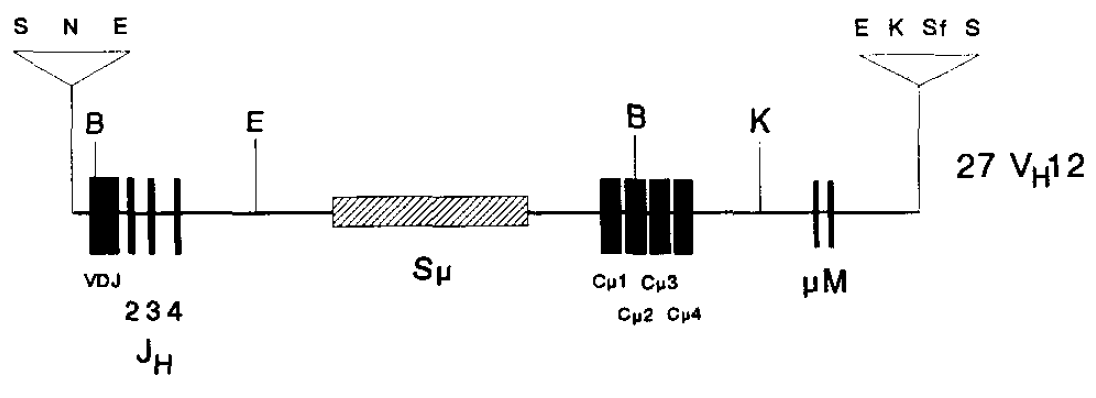
Figure 1. Annotated VH12 transgene sequence assembled using aTRAM from VH12 mouse F55 WGS file CSFP210003513-1a\_HGNJGDSX2\_L2

>2\_NODE\_1\_length\_12446\_cov\_20.134449\_REV iteration=2 contig\_id=NODE\_1\_length\_12446\_cov\_20.134449 score=12214.9

**TGAGCTGAGCTGGGGTCAGCTGAGCAAGAGTGAGTAGAGCTGGCTGGCCAGAACCAGAATCAATTAGGCTAAGTGAG**CCAGATTGCGCTGGGATCAGCTGTACTCAGATGAGCTGGGATGAGGTAGGCTGGGATGAGCTGGGCTAGCTGACATGGATTATGTGAGGCTGAGCTAGCATGGGCTGGCCTAGCTGATGAGCTAAGCTTGAATGAACGGGGCTGAGCTGGACTCAGATGTGCTAGACTGAGCTGTACTGGATGATCTGGTGTAGGGTGATCTGGACTCAACTGGGCTGGCTGATGGGATGCCCCAGGTTGAACTAGGCTCAGATAAGTTAGGCTGAGTAGGGCCTGGTTGAGATGGTTCGGGATGAGCTGGGAAAAGATGGACTGGGACCATGAACTGGGCTGAGCTGGGTTGGGAGACCATGAATTGAGCTGAACTGAGTGCAGCTGGGATAAACTGGGTTGAGCTAAGAATAGACTACCTGAATTGTGCCAAACTGGGCTGGGATCAATTGGAAATTATCAGGATTTAGATGAGCCGGACTAAACTATGCTGAGCTGGACTGGTTGGATGTGTTGAACTGGCCTGCTGCTGGGCTGGCATAGCTGAGTTGAACTTAAATGAGGAAGGATGAGCAAGGCTAGCCTGCTTGCATAGAGCTGAACTTTAGCCTAGCCTGAGCTGGACCAGCCTGAGCTGAGTAGGTCTAAACTGAGTTAAAAATCAACAGGGATAATTTAACAGCTAATTTAACAAGCCTGAGGTCTGAGATTGAATGAGCAGAGCTGGGATGAACTGAATGAGTTTCACCAGGCCTGGACCAGTTAGGACCTCGTTCTATAGAGGCAGACTGTGTGCTACAGTGGAGTTTCAAGATGATTCCATGAGTCCTCCCCGCCCCCAACATAACCCACCTTCCTCCTACCCTACAAGCCTGTCTGGTGTGTAAATCCCAGCTTTGTGTGCTGATACAGAAGCCTGAGCCCCTCCCCCACCTCCACCTACCTATTACTTTGGGATGAGAATAGTTCTCCCAGCCAGTGTCTCAGAGGGAAGCCAAGCAGGACAGGCCCAAGGCTACTTGAGAAGCCAGGATCTAGGCCTCTCCCTGAGAACGGGTGTTCATGCCCCTAGAGTTGGCTGAAGGGCCAGATCCACCTACTCTAGAGGCATCTCTCCCTGTCTGTGAAGGCTTCCAAAGTCACGTTCCTGTGGCTAGAAGGCAGCTCCATAGCCCTGCTGCAGTTTCGTCCTGTATACCAGGTTCACCTACTACCATATCTAGCCCTGCCTGCCTTAAGAGTAGCAACAAGGAAATAGCAGGGTGTAGAGGGATCTCCTGTCTGACAGGAGGCAAGAAGACAGATTCTTACCCCTCCATTTCTCTTTTATCCCTCTCTGGTCCTCAGAGAGTCAGTCCTTCCCAAATGTCTTCCCCCTCGTCTCCTGCGAGAGCCCCCTGTCTGATAAGAATCTGGTGGCCATGGGCTGCCTGGCCCGGGACTTCCTGCCCAGCACCATTTCCTTCACCTGGAACTACCAGAACAACACTGAAGTCATCCAGGGTATCAGAACCTTCCCAACACTGAGGACAGGGGGCAAGTACCTAGCCACCTCGCAGGTGTTGCTGTCTCCCAAGAGCATCCTTGAAGGTTCAGATGAATACCTGGTATGCAAAATCCACTACGGAGGCAAAAACAGAGATCTGCATGTGCCCATTCCAGGTAAGAACCAAACCCTCCCAGCAGGGGTGCCCAGGCCCAGGCATGGCCCAGAGGGAGCAGCGGGTGGGGCTTAGGCCAAGCTGAGCTCACACCTTGACCTTTCATTCCAGCTGTCGCAGAGATGAACCCCAATGTAAATGTGTTCGTCCCACCACGGGATGGCTTCTCTGGCCCTGCACCACGCAAGTCTAAACTCATCTGCGAGGCCACGAACTTCACTCCAAAACCGATCACAGTATCCTGGCTAAAGGATGGGAAGCTCGTGGAATCTGGCTTCACCACAGATCCGGTGACCATCGAGAACAAA**GGATCC**ACACCCCAAACCTACAAGGTCATAAGCACACTTACCATCTCTGAAATCGACTGGCTGAACCTGAATGTGTACACCTGCCGTGTGGATCACAGGGGTCTCACCTTCTTGAAGAACGTGTCCTCCACATGTGCTGCCAGTGAGTGGCCTGGGATAAGCCCAATGCCTAGCCCTCCCAGATTAGGGAAGTCCTCCTACAATTATGGCCAATGCCACCCAGACATGGTCATTTGCTCCTTGAACTTTGGCTCCCCAGAGTGGCCAAGGACAAGAATGAGCAATAGGCAGTAGAGGGGTGAGAATCAGCTGGAAGGACCAGCATCTTCCCTTAAGTAGGTTTGGGGGATGGAGACTAAGCTTTTTTCCAACTTCACAACTAGATATGTCATAACCTGACACAGTGTTCTCTTGACTGCAGGTCCCTCCACAGACATCCTAACCTTCACCATCCCCCCCTCCTTTGCCGACATCTTCCTCAGCAAGTCCGCTAACCTGACCTGTCTGGTCTCAAACCTGGCAACCTATGAAACCCTGAATATCTCCTGGGCTTCTCAAAGTGGTGAACCACTGGAAACCAAAATTAAAATCATGGAAAGCCATCCCAATGGCACCTTCAGTGCTAAGGGTGTGGCTAGTGTTTGTGTGGAAGACTGGAATAACAGGAAGGAATTTGTGTGTACTGTGACTCACAGGGATCTGCCTTCACCACAGAAGAAATTCATCTCAAAACCCAATGGTAGGTATCCCCCCTTCCCTTCCCCTCCAATTGCAGGACCCTTCCTGTACCTCATAGGGAGGGCAGGTCCTCTTCCACCCTATCCTCACTACTGTCTTCATTTACAGAGGTGCACAAACATCCACCTGCTGTGTACCTGCTGCCACCAGCTCGTGAGCAACTGAACCTGAGGGAGTCAGCCACAGTCACCTGCCTGGTGAAGGGCTTCTCTCCTGCAGACATCAGTGTGCAGTGGCTTCAGAGAGGGCAACTCTTGCCCCAAGAGAAGTATGTGACCAGTGCCCCGATGCCAGAGCCTGGGGCCCCAGGCTTCTACTTTACCCACAGCATCCTGACTGTGACAGAGGAGGAATGGAACTCCGGAGAGACCTATACCTGTGTTGTAGGCCACGAGGCCCTGCCACACCTGGTGACCGAGAGGACCGTGGACAAGTCCACTGGTAAACCCACACTGTACAATGTCTCCCTGATCATGTCTGACACAGGCGGCACCTGCTATTGACCATGCTAGCGCTCAACCAGGCAGGCCCTGGGTGTCCAGTTGCTCTGTGTATGCAAACTAACCATGTCAGAGTGAGATGTTGCATTTTATAAAAATTAGAAATAAAAAAAATCCATTCAAACGTCACTGGTTTTGATTATACAATGCTCATGCCTGCTGAGACAGTTGTGTTTTGCTTGCTCTGCACACACCCTGCATACTTGCCTCCACCCTGGCCCTTCCTCTACCTTGCCAGTTTCCTCCTTGTGTGTGAACTCAGTCAGGCTTACAACAGACAGAGTATGAACATGCGATTCCTCCAGCTACTTCTTGATATATGGCTGAAAGCTTGCCTAACCTGGTGCAGGCAGCATTCAGGCACATATATAGACACACATGCATTTATACATAGATATATAGGTACACATGTGTAGACACATACATGAATGTGTATTCATGGACACACAGACAAAGGTACACATATATACACATGAGTTCATGCGCACACACATGCATGGACACTTACAAACGCCTTCAGAGACAAATAGGCATAGACACACAACCACTCACAGAAACAGATACCAATATGCATGGTCCTGTGTACACAGAAACAGACTATAGGCAAATATACACAAATAAACTATATAGATACAAAGATATGCATATACACACATGTACAGAAACATCTTCACATGTGTACACTAACATGTGGACAGGTATAGCACACAGATACACCTGGACTCTGACCAGGGCTGTAATCTCCAAGGCTCACGGCTCAGAGAGCCTACACTAGGCTGGGTCACTGATACTCCTCAGGAGCCCACTCTATGATTGGGAGAGATAACCCCAGGTACAAAGTATGCCTATCTGTCTCAACACCATGGGGCAGAAGATACTCCACTAACCACCCATGACAGAAAGTTAGCCTTGGCTGTGTCTCCATTAATAGAACACCTCAGAAGACCAATGTGAAATTGCCTAACCCACTCACACCCACCCTGATCTCCAGTTCAAAATGCAGAAAACATAATGCAGTTGTCCAAAAGATGCCCCAACCACACACACACACACACACACACACACACACACACACACACACACACACATACACACACACACACCATCAAGGAGCCTCTGTAAGGAGTCACCACCCAATAACACTGCCTCTTTGGGCTCATATCCTGGACATTCTTCATATTCATATCCATTTGGGGCCTAGGCTTTAGATATCCCCAAGGGCTCATCTTTACAGGGATCAGAGATCCCAATAAATGCCCTGGTCCCACAGCCTCCCTCAGGTATCTGTCTGTTTATCTCTTGGTACCAAGACCCAACATTGCTGGCAGGGGTAGGACAAGCAACGCACGGGAACTCTGATCAAAGAAAGTCATGAGATGCCTGAGTCCTTCAGGAAGTAAGGAGGGACAACCTCTGGTATCCCTGTTCTTATTGCTAAAGCCCAAGAGACAGGGAGACCTGCTCTAAATTCTCAGTCTAAACAGCACCGATGGCACCACCTGCTCAGAGAAAGTCCAGAGCACACCAATATCATTTTGCCACAGTTCCTGAGTCTGCCTTTACCCAGGTCCATACATTGCATCTGTCTTGCTTGCTCTGCTGCCCCAGGGCTCCTGGAACAAAGGCTCCAAATTAGTGTGTCCTACAGCTTGGCCTGTTCTGTGCCTCCGTCTAGCTTGAGCTATTAGGGGACCAGTCAATACTCGCTAAGATTCTCCAGAACCATCAGGGCACCCCAACCCTTATGCAAATGCTCAGTCACCCCAAGACTTGGCTTGACCCTCCCTCTCTGTGTCCCTTCATAGAGGGGGAGGTGAATGCTGAGGAGGAAGGCTTTGAGAACCTGTGGACCACTGCCTCCACCTTCATCGTCCTCTTCCTCCTGAGCCTCTTCTACAGCACCACCGTCACCCTGTTCAAGGTAGTATGGTTGTGGGGCTGAGGACACAGGGCTGGGACAGGGAGTCACCAGTCCTCACTGCCTCTACCTCTACTCCCTACAAGTGGACAGCAATTCACACTGTCTCTGTCACCTGCAGGTGAAATGACTCTCAGCATGGAAGGACAGCAGAGACCAAGAGATCCTCCCACAGGGACACTACCTCTGGGCCTGGGATACCTGACTGTATGACTAGTAAACTTATTCTTACGTCTTTCCTGTGTTGCCCTCCAGCTTTTATCTCTGAGATGGTCTTCTTTCTAGACTGACCAAAGACTTTTTGTCAACTTGTACAATCTGAAGCAATGTCTGGCCCACAGACAGCTGAGCTGTAAACAAATGTCACATGGAAATAAATACTTTATCTTGTGAACTCACTTTATTGTGAAGGAATTTGTTTTGTTTTTCAAACCTTTCCTGCGGTGTTGACAGCCCAAGGATTATCTGAATAGAGCTTAGGAACTGGAAATGGAACAGTGCAGTCTGATGGTACTTAAGGGAGAAAGAGGGAAAGGAGGTGTGGAAGAAGAAAAAAGAGAAGCAGAGGGGGAGGGGAGAAGGGAGAGGGAGAGGGAGAGGGAGAGGGAGAGGGAGAGGGAGAGGGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGCATGCACTCTAACAGCAAAGTACAACACAGGCAGCCAATGGATAACACTCTGGTTATCTACCCTGATGGAAGAAGGGAAGTAGGGCAGAGAAAATTCCAGGCCTAATCTCCCAAAAGCAACAGAACCTGGAAACTAGCCTCTAGCCTTAGGTCTCTGCTCTGTCCCCAGCCCAC***CATCTTGGGCTGGTGTTGCTT***CAAGCTAGTAATTTAGGTCTTATCCCAAAGCTTTGTGGTATGTGGGTGTGCCTTTGGGGAGTTGGCTGAGATTTTGAAGATGTTTGTACCTCTCCCACAACATGACAAGCCCTAGGGGTTAGTCAATAACTCAAATTCTCTGTCTATGACAACTGCTGTATGACTATATGAAGAAATGGGATAAAGATGCTATAGTCACTCGAGGACAGATAAAGGCCTGCTCACAGAGCAAGAATGGAAAGGAGAGGAAGGCAGGTCATGGACTTCAGTTCAGAGAAGGAAGCACAGCAAATACAAGGTGAGGGCCATGCTAGTTACTCCCTTGTTCATCATGTGGACAGCTAGAGAAGCCCACTGACATGGGAAGTCTGGGCTAACTGACTACATTGAGAGGAGGACCTGGAAGCAGGGCATGAGAGAGAACATCAGACCATGGGAGGGATCTGTGTAGATGCCAGGGTCCTAAAGAGAGTCTTTAAATAAATGTGTGGGGTAGCACCTTGGTGATGGTCCCTTTCTGAGTTGGGATTCTAGTGGGTAGCTGCAGGATACAGAGAGAAGAAATCATCTAATGGGAAACCACTGTAGAGATGATAGGACTCGTCACCAAATTCCAGATATATTGTAGTCATTCACCATGGTATGGTACTTCTCATACCAGCATCTATTTTTGTTACCCTGGGATGCTGGGGCAAAGTGCCACACATGGCAGTTTGAGCAGCAGAACTCTGTTCTTTCCCAGTTCTAGAGGCCAGAAGTGTGGGCCACAGCAAGCTCTGCTCTGTCCCCAGCCCAC**CATCTTGGGCTGGTGTTGCTT**CAAGCTAGTAATTTGGGTCTTATCCCAAAGCTCTGAGGCCATAGCAGTTGGTCAATCCTTGTCTCCTGGCACCAACATCCCAGTCACTGTATGTCCTTTGTACCTAATGCCATGTTTCAAGAACCCAGTCCTACTGGGTTTGATGCCAACCCTGATTCAGCACAAGTTCATCTCCACTAGGTTCCACCCGCCATGACCTCAGAGCTAGAAGTCTGTGACAGATTCTCCCTGCTGCACAGAGGATACCAGCCTGATGTAGCCCAGACTCCTGGCCTCTAGAACAGGGAAAGAACA***GAATTCATAGGTACCGGCCACGTAGGCCGTCGACGCGGCCGCGAATTC***ACTAGAAATTGAAGGTAGGATTAAACCAAGCTGTGTTTCTTGTTATCTCCTACAGTCCTCATGTTCTTTTATTCCTGACACATACTACAGGAAGCCAAAGGCAGAGATATCCACATTGTAATGACCAAAGGGAGGGTTTCACCCTCAATATCCACTCACCCCATCTATTGAGAAAAGCCTTGTTCCCCACAT***GCAAATGCATGTTCTACCAC***TAAGTTAAATCCCATCCTGGGCTGTGGCAGCTCACATCTCTCTCACACGGGACACTGAACTCTGAGGAGAAGGGTGTGAAGCTTAGAAGATGAGAGTGCTGGGATTTGTGTGCCTGGTGACAGTCCTTCCTGGTGAGTTGTGCCATTTCATACATGTGTCCATGAGGGGTTGTGACAATATGTGATTGACAGAATTGACTCTATTGTCTTAAGGTAGCCTGTCTCAGATGCAGCTTCAGGAGTCAGGACCTGGCCTGGTGAAACCCTCACAGTCACTCTTCCTTACCTGCTCTATTACTGGTTTCCCCATCACCAGTGGTTACTACTGGATCTGGATCCGTCAGTCACCTGGGAAACCCCTAGAATGGATGGGGTACATCACTCATAGTGGGGAAACTTTCTACAACCCATCTCTCCAGAGCCCCATCTCCATTACTAGAGAAACGTCAAAGAACCAGTTCTTCCTCCAATTGAACTCTGTGACCACAGAGGACACAGCCATGTATTACTGT**GCAGGAGACTATGATGGTTACTGGTACTTCGATGTC***TGGGGCACAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCA*GGTAAGCTGGCTTTTTTCTTTCTGCACATTCCATTCTGAAACGGGAAAAGATATTCTCAGATCTCCCCATGTCAGGCCATCTGCCACACTCTGCATGCTGCAGAAGCTTTTCTGTAAGGATAGGGTCTTCACTCCCAGGAAAAGAGGCAGTCAGAGGCTAGCTGCCTGTGGAACAGTGACAATCATGGAAAATAGGCATTTACATTGTTAGGCTACATGGGTAGATG**GGTTTTTGT**ACACCCACTAAAGGGGTCTATGA**TAGTGTG**ACTACTTTGACTACTGGGGCCAAGGCACCACTCTCACAGTCTCCTCAGGTGAGTCCTTACAACCTCTCTCTTCTATTCAGCTTAAATAGATTTTACTGCATTTGTTGGGGGGGAAATGTGTGTATCTGAATTTCAGGTCATGAAGGACTAGGGACACCTTGGGAGTCAGAAAGGGTCATTGGGAGCCCTGGCTGACGCAGACAGACATCCTCAGCTCCCATACTTCATGGCCAGAGATTTATAGGGATCCTGGCCAGCATTGCCGCTAGGTCCCTCTCTTCTATGCTTTCTTTGTCCCTCACTGGCCTCCATCTGAGATCATCCTGGAGCCCTAGCCAAGGATCATTTATTGTCAGGGGTCTAATCATTGTTGTCACAATGTGCCTGGTTTGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACTGTCTCTGCAGGTGAGTCCTAACTTCTCCCATTCTAAATGCATGTTGGGGGGATTCTGGGCCTTCAGGACCAAGATTCTCTGCAAACGGGAATCAAGATTCAACCCCTTTGTCCCAAAGTTGAGACATGGGTCTGGGTCAGGGACTCTCTGCCTGCTGGTCTGTGGTGACATTAGAACTGAAGTATGATGAAGGATCTGCCAGAACTGAAGCTTGAAGTCTGAGGTAGAATCTTGTCCAGGGTCTATCGGACTCTTGTGAGAATTAGGGGCTGACAGTTGATGGTGACAATTTCAGGGTCAGTGACTGTCTGGTTTCTCTGAGGTGAGGCTGGAATATAGGTCACCTTGAAGACTAAAGAGGGGTCCAGGGGCTTCTGCACAGGCAGGGAACAGAATGTGGAACAATGACTTGAATGGTTGATTCTTGTGTGACACCAGGAATTGGCATAATGTCTGAGTTGCCCAGGGGTGATTCTAGTCAGACTCTGG**GGTTTTTGT**CGGGTATAGAGGAAAAATCCACT**ATTGTG**ATTACTATGCTATGGACTACTGGGGTCAAGGAACCTCAGTCACCGTCTCCTCAGGTAAGAATGGCCTCTCCAGGTCTTTATTTTTAACCTTTGTTATGGAGTTTTCTGAGCATTGCAGACTAATCTTGGATATTTGTCCCTGAGGGAGCCGGCTGAGAGAAGTTGGGAAATAAACTGTCTAGGGATCTCAGAGCCTTTAGGACAGATTATCTCCACATCTTTGAAAAACTAAGAATCTGTGTGATGGTGTTGGTGGAGTCCCTGGATGATGGGATAGGGACTTTGGAGGCTCATTTGAAGAAGATGCTAAAACAATCCTATGGCTGGAGGGATAGTTGGGGCTGTAGTTGGAGATTTTCAGTTTTTAGAATAAAAGTATTAGTTGTGGAATATACTTCAGGACCACCTCTGTGACAGCATTTATACAGTATCCGATGCATAGGGACAAAGAGTGGAGTGGGGCACTTTCTTTAGATTTGTGAGGAATGTTCCGCACTAGATTGTTTAAAACTTCATTTGTTGGAAGGAGAGCTGTCTTAGTGATTGAGTCAAGGGAGAAAGGCATCTAGCCTCGGTCTCAAAAGGGTAGTTGCTGTCTAGAGAGGTCTGGTGGAGCCTGCAAAAGTCCAGCTTTCAAAGGAACACAGAAGTATGTGTATGGAATATTAGAAGATGTTGCTTTTACTCTTAAGTTGGTTCCTAGGAAAAATAGTTAAATACTGTGACTTTAAAATGTGAGAGGGTTTTCAAGTACTCATTTTTTTAAATGTCCAAAATTCTTGTCAATCAGTTTGAGGTCTTGTTTGTGTAGAACTGATATTACTTAAAGTTTAACCGAGGAATGGGAGTGAGGCTCTCTCATAACCTATTCAGAACTGACTTTTAACAATAATAAATTAAGTTTCAAATATTTTTAAATGAATTGAGCAATGTTGAGTTGGAGTCAAGATGGCCGATCAGAACCAGAACACCTGCAGCAGCTGGCAGGAAGCAGGTCATGTGGCAAGGCTATTTGGGGAAGGGAAAATAAAACCACTAGGTAAACTTGTAGCTGTGGTTTGAAGAAGTGGTTTTGAAACACTCTGTCCAGCCCCACCAAACCGAAAGTCCAGGCTGAGCAAAACACCACCTGGGTAATTTGCATTTCTAAAATAAGTTGAGGATTCAGCCGAAACTGGAGAGGTCCTCTTTTAACTTATTGAGTTCAACCTTTTAATTTTAGCTTGAGTAGTTCTAGTTTCCCCAAACTTAAGTTTATCGACTTCTAAAATGTATTTA**GAATTC**ATTTTCAAAATTAGGTTATGTAAGAAATTGAAGGACTTTAGTGTCTTTAATTTCTAATATATTTAGAAAACTTCTTAAAATTACTCTATTATTCTTCCCTCTGATTATTGGTCTCCATTCAATTCTTTTCCAATACCCGAAGCATTTACAGTGACTTTGTTCATGATCTTTTTTAGTTGTTTGTTTTGCCTTACTATTAAGACTTTGACATTCTGGTCAAAACGGCTTCACAAATCTTTTTCAAGACCACTTTCTGAGTATTCATTTTAGGAGAAATACTTTTTTTTTAAATGAATGCAATTATCTAGACTTATTTCGGTTGAACATGCTGGTTGGTGGTTGAGAGGACACTCAGTCAGTCAGTGGCGTGAAGGGCTTCTAAGCCAGTCCACATGCTCTGTGTGAACTCCCTCTGGCCCTGCTTATTGTTGAATGGGCCAAAGGTCTGAGACCAGGCTGCTGCTGGGTAGGCCTGGACTTTGGGTCTCCCACCCAGACCTGGGAATGTATGGTTGTGGCTTCTGCCACCCATCCACCTGGCTGCTCATGGACCAGCCAGCCTCGGTGGCTTTGAAGGAACAATTCCACACAAAGACTCTGGACCTCTCCGAAACCAGGCACCGCAAATGGTAAGCCAGAGGCAGCCACAGCTGTGGCTGCTGCTCTTAAAGCTTGTAAACTGTTTCTGCTTAAGAGGGACTGAGTCTTCAGTCATTGCTTTAGGGGGAGAAAGAGACATTTGTGTGTCTTTTGAGTACCGTTGTCTGGGTCACTCACATTTAACTTTCCTTGAAAAACTAGTAAAAGAAAAATGTTGCCTGTTAACCAATAATCATAGAGCTCATGGTATTTTGAGGAAATCTTAGAAAACGTGTATACAATTGTCTGGAATTATTTCAGTTAAGTGTATTAGTTGAGGTACTGATGCTGTCTCTACTTCAGTTATACATGTGGGTTTGAATTTTGAATCTATTCTGGCTCTTCTTAAGCAGAAAATTTAGATAAAATGGATACCTCAGTGGTTTTTAATGGTGGGTTTAATATAGAAGGAATTTAAATTGGAAGCTAATTTAGAATCAGTAAGGAGGGACCCAGGCTAAGAAGGCAATCCTGGGATTCTGGAAGAAAAGATGTTTTTAGTTTTTATAGAAAACACTACTACATTCTTGATCTACAACTCAATGTGGTTTAATGAATTTGAAGTTGCCAGTAAATGTACTTCCTGGTTGTTAAAGAATGGTATCAAAGGACAGTGCTTAGATCCAAGGTGAGTGTGAGAGGACAGGGGCTGGGGTATGGATACGCAGAAGAAGGCCACAGCTGTACAGAATTGAGAAAGAATAGAGACCTGCAGTTGAGGCCAGCAGGTCGGCTGGACTAACTCTCCAGCCACAGTAATGACCCAGACAGAGAAGGCCAGACTCATAAAGCTTGCTGAGCAAAATTAAGGGAACAAGGTTGAGAGCCCTAGTAAGCGAGGCTCTAAAAAGCATGGCTGAGCTGAGATGGGTGGGCTTCTCTGAGCGCTTCTAAAATGCGCTAAACTGAGGTGATTACTCTGAGGTAAGCAAAGCTGGGCTTGAGCCAAAATGAAGTAGACTGTAATGAACTGGAATGAGCTGGGCCGCTAAGCTAAACTAGGCTGGCTTAACCGAGATGAGCCAAACTGGAATGAACTTCATTAATCTAGGTTGAATAGAGCTAAACTCTACTGCCTACACTGGACTGTTCTGAGCTGAGATGAGCTGGGGTGAGCTCAGCTATGCTACGCTGTGTTGGGGTGAGCTGATCTGAAATGAGCTACTCTGGAGTAGCTGAGATGGGGTGAGATGGGGTGAGCTGAGCTGGGCTGAGCTGGAC**TGAGCTGAGCTGGGGTCAGCTGAGCAAGAGTGAGTAGAGCTGGCTGGCCAGAACCAGAATCAATTAGGCTAAGTGAG**

Figure 2. Diagram of transgene construct



From: Arnold LW, Pennell CA, McCray SK, Clarke SH. J Exp Med. 1994 May 1;179(5):1585-95.

Figure 3. PCR to confirm tandem VH12 transgene organization. Liver DNA (100 ng) from WT, dnRAG1, VH12 or dnRAG1-VH12 mice were subjected to PCR using CD14 (control) or “tandem insert” primers identified in Fig. 1.

A picture containing table

Description automatically generated

Figure 4. Sequence alignments

Mus musculus immunoglobulin heavy chain locus constant region and partial variable region, strain 129S1

Sequence ID: [AJ851868.3](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucleotide/AJ851868.3?report=genbank&log$=nuclalign&blast_rank=3&RID=17XE3SYB01R)Length: 1593281Number of Matches: 4

Range 1: 1422127 to 1427988[GenBank](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucleotide/AJ851868.3?report=genbank&log$=nuclalign&blast_rank=3&RID=17XE3SYB01R&from=1422127&to=1427988)[Graphics](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/AJ851868.3?report=graph&rid=17XE3SYB01R%5bAJ851868.3%5d&tracks=%5bkey:sequence_track,name:Sequence,display_name:Sequence,id:STD1,category:Sequence,annots:Sequence,ShowLabel:true%5d%5bkey:gene_model_track,CDSProductFeats:false%5d%5bkey:alignment_track,name:other%20alignments,annots:NG%20Alignments|Refseq%20Alignments|Gnomon%20Alignments|Unnamed,shown:false%5d&v=1421834:1428281&appname=ncbiblast&link_loc=fromHSP) Next Match Previous Match

|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| Alignment statistics for match #1 | | | | |
| **Score** | **Expect** | **Identities** | **Gaps** | **Strand** |
| 10783 bits(5839) | 0.0 | 5856/5864(99%) | 2/5864(0%) | Plus/Plus |

Query 1 TGAGCTGAGCTGGGGTCAGCTGAGCAAGAGTGAGTAGAGCTGGCTGGCCAGAACCAGAAT 60

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1422127 TGAGCTGAGCTGGGGTCAGCTGAGCAAGAGTGAGTAGAGCTGGCTGGCCAGAACCAGAAT 1422186

Query 61 CAATTAGGCTAAGTGAGCCAGATTGCGCTGGGATCAGCTGTACTCAGATGAGCTGGGATG 120

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1422187 CAATTAGGCTAAGTGAGCCAGATTGCGCTGGGATCAGCTGTACTCAGATGAGCTGGGATG 1422246

Query 121 AGGTAGGCTGGGATGAGCTGGGCTAGCTGACATGGATTATGTGAGGCTGAGCTAGCATGG 180

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1422247 AGGTAGGCTGGGATGAGCTGGGCTAGCTGACATGGATTATGTGAGGCTGAGCTAGCATGG 1422306

Query 181 GCTGGCCTAGCTGATGAGCTAAGCTTGAATGAACGGGGCTGAGCTGGACTCAGATGTGCT 240

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1422307 GCTGGCCTAGCTGATGAGCTAAGCTTGAATGAACGGGGCTGAGCTGGACTCAGATGTGCT 1422366

Query 241 AGACTGAGCTGTACTGGATGATCTGGTGTAGGGTGATCTGGACTCAACTGGGCTGGCTGA 300

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1422367 AGACTGAGCTGTACTGGATGATCTGGTGTAGGGTGATCTGGACTCAACTGGGCTGGCTGA 1422426

Query 301 TGGGATGCCCCAGGTTGAACTAGGCTCAGATAAGTTAGGCTGAGTAGGGCCTGGTTGAGA 360

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1422427 TGGGATGCCCCAGGTTGAACTAGGCTCAGATAAGTTAGGCTGAGTAGGGCCTGGTTGAGA 1422486

Query 361 TGGTTCGGGATGAGCTGGGAAAAGATGGACTGGGACCATGAACTGGGCTGAGCTGGGTTG 420

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1422487 TGGTTCGGGATGAGCTGGGAAAAGATGGACTGGGACCATGAACTGGGCTGAGCTGGGTTG 1422546

Query 421 GGAGACCATGAATTGAGCTGAACTGAGTGCAGCTGGGATAAACTGGGTTGAGCTAAGAAT 480

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1422547 GGAGACCATGAATTGAGCTGAACTGAGTGCAGCTGGGATAAACTGGGTTGAGCTAAGAAT 1422606

Query 481 AGACTACCTGAATTGTGCCAAACTGGGCTGGGATCAATTGGAAATTATCAGGATTTAGAT 540

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1422607 AGACTACCTGAATTGTGCCAAACTGGGCTGGGATCAATTGGAAATTATCAGGATTTAGAT 1422666

Query 541 GAGCCGGACTAAACTATGCTGAGCTGGACTGGTTGGATGTGTTGAACTGGCCTGCTGCTG 600

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1422667 GAGCCGGACTAAACTATGCTGAGCTGGACTGGTTGGATGTGTTGAACTGGCCTGCTGCTG 1422726

Query 601 GGCTGGCATAGCTGAGTTGAACTTAAATGAGGAAGGATGAGCAAGGCTAGCCTGCTTGCA 660

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1422727 GGCTGGCATAGCTGAGTTGAACTTAAATGAGGAAGGATGAGCAAGGCTAGCCTGCTTGCA 1422786

Query 661 TAGAGCTGAACTTTAGCCTAGCCTGAGCTGGACCAGCCTGAGCTGAGTAGGTCTAAACTG 720

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1422787 TAGAGCTGAACTTTAGCCTAGCCTGAGCTGGACCAGCCTGAGCTGAGTAGGTCTAAACTG 1422846

Query 721 AGTTAAAAATCAACAGGGATAATTTAACAGCTAATTTAACAAGCCTGAGGTCTGAGATTG 780

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1422847 AGTTAAAAATCAACAGGGATAATTTAACAGCTAATTTAACAAGCCTGAGGTCTGAGATTG 1422906

Query 781 AATGAGCAGAGCTGGGATGAACTGAATGAGTTTCACCAGGCCTGGACCAGTTAGGACCTC 840

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1422907 AATGAGCAGAGCTGGGATGAACTGAATGAGTTTCACCAGGCCTGGACCAGTTAGGACCTC 1422966

Query 841 GTTCTATAGAGGCAGACTGTGTGCTACAGTGGAGTTTCAAGATGATTCCATGAGTCCTCC 900

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1422967 GTTCTATAGAGGCAGACTGTGTGCTACAGTGGAGTTTCAAGATGATTCCATGAGTCCTCC 1423026

Query 901 CCGCCCCCAACATAACCCACCTTCCTCCTACCCTACAAGCCTGTCTGGTGTGTAAATCCC 960

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1423027 CCGCCCCCAACATAACCCACCTTCCTCCTACCCTACAAGCCTGTCTGGTGTGTAAATCCC 1423086

Query 961 AGCTTTGTGTGCTGATACAGAAGCCTGAGCCCCTCCCCCACCTCCACCTACCTATTACTT 1020

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1423087 AGCTTTGTGTGCTGATACAGAAGCCTGAGCCCCTCCCCCACCTCCACCTACCTATTACTT 1423146

Query 1021 TGGGATGAGAATAGTTCTCCCAGCCAGTGTCTCAGAGGGAAGCCAAGCAGGACAGGCCCA 1080

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1423147 TGGGATGAGAATAGTTCTCCCAGCCAGTGTCTCAGAGGGAAGCCAAGCAGGACAGGCCCA 1423206

Query 1081 AGGCTACTTGAGAAGCCAGGATCTAGGCCTCTCCCTGAGAACGGGTGTTCATGCCCCTAG 1140

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1423207 AGGCTACTTGAGAAGCCAGGATCTAGGCCTCTCCCTGAGAACGGGTGTTCATGCCCCTAG 1423266

Query 1141 AGTTGGCTGAAGGGCCAGATCCACCTACTCTAGAGGCATCTCTCCCTGTCTGTGAAGGCT 1200

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1423267 AGTTGGCTGAAGGGCCAGATCCACCTACTCTAGAGGCATCTCTCCCTGTCTGTGAAGGCT 1423326

Query 1201 TCCAAAGTCACGTTCCTGTGGCTAGAAGGCAGCTCCATAGCCCTGCTGCAGTTTCGTCCT 1260

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1423327 TCCAAAGTCACGTTCCTGTGGCTAGAAGGCAGCTCCATAGCCCTGCTGCAGTTTCGTCCT 1423386

Query 1261 GTATACCAGGTTCACCTACTACCATATCTAGCCCTGCCTGCCTTAAGAGTAGCAACAAGG 1320

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1423387 GTATACCAGGTTCACCTACTACCATATCTAGCCCTGCCTGCCTTAAGAGTAGCAACAAGG 1423446

Query 1321 AAATAGCAGGGTGTAGAGGGATCTCCTGTCTGACAGGAGGCAAGAAGACAGATTCTTACC 1380

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1423447 AAATAGCAGGGTGTAGAGGGATCTCCTGTCTGACAGGAGGCAAGAAGACAGATTCTTACC 1423506

Query 1381 CCTCCATTTCTCTTTTATCCCTCTCTGGTCCTCAGAGAGTCAGTCCTTCCCAAATGTCTT 1440

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1423507 CCTCCATTTCTCTTTTATCCCTCTCTGGTCCTCAGAGAGTCAGTCCTTCCCAAATGTCTT 1423566

Query 1441 CCCCCTCGTCTCCTGCGAGAGCCCCCTGTCTGATAAGAATCTGGTGGCCATGGGCTGCCT 1500

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1423567 CCCCCTCGTCTCCTGCGAGAGCCCCCTGTCTGATAAGAATCTGGTGGCCATGGGCTGCCT 1423626

Query 1501 GGCCCGGGACTTCCTGCCCAGCACCATTTCCTTCACCTGGAACTACCAGAACAACACTGA 1560

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1423627 GGCCCGGGACTTCCTGCCCAGCACCATTTCCTTCACCTGGAACTACCAGAACAACACTGA 1423686

Query 1561 AGTCATCCAGGGTATCAGAACCTTCCCAACACTGAGGACAGGGGGCAAGTACCTAGCCAC 1620

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1423687 AGTCATCCAGGGTATCAGAACCTTCCCAACACTGAGGACAGGGGGCAAGTACCTAGCCAC 1423746

Query 1621 CTCGCAGGTGTTGCTGTCTCCCAAGAGCATCCTTGAAGGTTCAGATGAATACCTGGTATG 1680

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1423747 CTCGCAGGTGTTGCTGTCTCCCAAGAGCATCCTTGAAGGTTCAGATGAATACCTGGTATG 1423806

Query 1681 CAAAATCCACTACGGAGGCAAAAACAGAGATCTGCATGTGCCCATTCCAGGTAAGAACCA 1740

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1423807 CAAAATCCACTACGGAGGCAAAAACAGAGATCTGCATGTGCCCATTCCAGGTAAGAACCA 1423866

Query 1741 AACCCTCCCAGCAGGGGTGCCCAGGCCCAGGCATGGCCCAGAGGGAGCAGCGGGTGGGGC 1800

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1423867 AACCCTCCCAGCAGGGGTGCCCAGGCCCAGGCATGGCCCAGAGGGAGCAGCGGGTGGGGC 1423926

Query 1801 TTAGGCCAAGCTGAGCTCACACCTTGACCTTTCATTCCAGCTGTCGCAGAGATGAACCCC 1860

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1423927 TTAGGCCAAGCTGAGCTCACACCTTGACCTTTCATTCCAGCTGTCGCAGAGATGAACCCC 1423986

Query 1861 AATGTAAATGTGTTCGTCCCACCACGGGATGGCTTCTCTGGCCCTGCACCACGCAAGTCT 1920

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1423987 AATGTAAATGTGTTCGTCCCACCACGGGATGGCTTCTCTGGCCCTGCACCACGCAAGTCT 1424046

Query 1921 AAACTCATCTGCGAGGCCACGAACTTCACTCCAAAACCGATCACAGTATCCTGGCTAAAG 1980

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1424047 AAACTCATCTGCGAGGCCACGAACTTCACTCCAAAACCGATCACAGTATCCTGGCTAAAG 1424106

Query 1981 GATGGGAAGCTCGTGGAATCTGGCTTCACCACAGATCCGGTGACCATCGAGAACAAAGGA 2040

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1424107 GATGGGAAGCTCGTGGAATCTGGCTTCACCACAGATCCGGTGACCATCGAGAACAAAGGA 1424166

Query 2041 TCCACACCCCAAACCTACAAGGTCATAAGCACACTTACCATCTCTGAAATCGACTGGCTG 2100

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1424167 TCCACACCCCAAACCTACAAGGTCATAAGCACACTTACCATCTCTGAAATCGACTGGCTG 1424226

Query 2101 AACCTGAATGTGTACACCTGCCGTGTGGATCACAGGGGTCTCACCTTCTTGAAGAACGTG 2160

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1424227 AACCTGAATGTGTACACCTGCCGTGTGGATCACAGGGGTCTCACCTTCTTGAAGAACGTG 1424286

Query 2161 TCCTCCACATGTGCTGCCAGTGAGTGGCCTGGGATAAGCCCAATGCCTAGCCCTCCCAGA 2220

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1424287 TCCTCCACATGTGCTGCCAGTGAGTGGCCTGGGATAAGCCCAATGCCTAGCCCTCCCAGA 1424346

Query 2221 TTAGGGAAGTCCTCCTACAATTATGGCCAATGCCACCCAGACATGGTCATTTGCTCCTTG 2280

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1424347 TTAGGGAAGTCCTCCTACAATTATGGCCAATGCCACCCAGACATGGTCATTTGCTCCTTG 1424406

Query 2281 AACTTTGGCTCCCCAGAGTGGCCAAGGACAAGAATGAGCAATAGGCAGTAGAGGGGTGAG 2340

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1424407 AACTTTGGCTCCCCAGAGTGGCCAAGGACAAGAATGAGCAATAGGCAGTAGAGGGGTGAG 1424466

Query 2341 AATCAGCTGGAAGGACCAGCATCTTCCCTTAAGTAGGTTTGGGGGATGGAGACTAAGCTT 2400

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1424467 AATCAGCTGGAAGGACCAGCATCTTCCCTTAAGTAGGTTTGGGGGATGGAGACTAAGCTT 1424526

Query 2401 TTTTCCAACTTCACAACTAGATATGTCATAACCTGACACAGTGTTCTCTTGACTGCAGGT 2460

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1424527 TTTTCCAACTTCACAACTAGATATGTCATAACCTGACACAGTGTTCTCTTGACTGCAGGT 1424586

Query 2461 CCCTCCACAGACATCCTAACCTTCACCATcccccccTCCTTTGCCGACATCTTCCTCAGC 2520

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1424587 CCCTCCACAGACATCCTAACCTTCACCATCCCCCCCTCCTTTGCCGACATCTTCCTCAGC 1424646

Query 2521 AAGTCCGCTAACCTGACCTGTCTGGTCTCAAACCTGGCAACCTATGAAACCCTGAATATC 2580

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1424647 AAGTCCGCTAACCTGACCTGTCTGGTCTCAAACCTGGCAACCTATGAAACCCTGAATATC 1424706

Query 2581 TCCTGGGCTTCTCAAAGTGGTGAACCACTGGAAACCAAAATTAAAATCATGGAAAGCCAT 2640

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1424707 TCCTGGGCTTCTCAAAGTGGTGAACCACTGGAAACCAAAATTAAAATCATGGAAAGCCAT 1424766

Query 2641 CCCAATGGCACCTTCAGTGCTAAGGGTGTGGCTAGTGTTTGTGTGGAAGACTGGAATAAC 2700

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1424767 CCCAATGGCACCTTCAGTGCTAAGGGTGTGGCTAGTGTTTGTGTGGAAGACTGGAATAAC 1424826

Query 2701 AGGAAGGAATTTGTGTGTACTGTGACTCACAGGGATCTGCCTTCACCACAGAAGAAATTC 2760

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1424827 AGGAAGGAATTTGTGTGTACTGTGACTCACAGGGATCTGCCTTCACCACAGAAGAAATTC 1424886

Query 2761 ATCTCAAAACCCAATGGTAGGTATCCCCCCTTCCCTTCCCCTCCAATTGCAGGACCCTTC 2820

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1424887 ATCTCAAAACCCAATGGTAGGTATCCCCCCTTCCCTTCCCCTCCAATTGCAGGACCCTTC 1424946

Query 2821 CTGTACCTCATAGGGAGGGCAGGTCCTCTTCCACCCTATCCTCACTACTGTCTTCATTTA 2880

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1424947 CTGTACCTCATAGGGAGGGCAGGTCCTCTTCCACCCTATCCTCACTACTGTCTTCATTTA 1425006

Query 2881 CAGAGGTGCACAAACATCCACCTGCTGTGTACCTGCTGCCACCAGCTCGTGAGCAACTGA 2940

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1425007 CAGAGGTGCACAAACATCCACCTGCTGTGTACCTGCTGCCACCAGCTCGTGAGCAACTGA 1425066

Query 2941 ACCTGAGGGAGTCAGCCACAGTCACCTGCCTGGTGAAGGGCTTCTCTCCTGCAGACATCA 3000

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1425067 ACCTGAGGGAGTCAGCCACAGTCACCTGCCTGGTGAAGGGCTTCTCTCCTGCAGACATCA 1425126

Query 3001 GTGTGCAGTGGCTTCAGAGAGGGCAACTCTTGCCCCAAGAGAAGTATGTGACCAGTGCCC 3060

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1425127 GTGTGCAGTGGCTTCAGAGAGGGCAACTCTTGCCCCAAGAGAAGTATGTGACCAGTGCCC 1425186

Query 3061 CGATGCCAGAGCCTGGGGCCCCAGGCTTCTACTTTACCCACAGCATCCTGACTGTGACAG 3120

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1425187 CGATGCCAGAGCCTGGGGCCCCAGGCTTCTACTTTACCCACAGCATCCTGACTGTGACAG 1425246

Query 3121 AGGAGGAATGGAACTCCGGAGAGACCTATACCTGTGTTGTAGGCCACGAGGCCCTGCCAC 3180

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1425247 AGGAGGAATGGAACTCCGGAGAGACCTATACCTGTGTTGTAGGCCACGAGGCCCTGCCAC 1425306

Query 3181 ACCTGGTGACCGAGAGGACCGTGGACAAGTCCACTGGTAAACCCACACTGTACAATGTCT 3240

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1425307 ACCTGGTGACCGAGAGGACCGTGGACAAGTCCACTGGTAAACCCACACTGTACAATGTCT 1425366

Query 3241 CCCTGATCATGTCTGACACAGGCGGCACCTGCTATTGACCATGCTAGCGCTCAACCAGGC 3300

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1425367 CCCTGATCATGTCTGACACAGGCGGCACCTGCTATTGACCATGCTAGCGCTCAACCAGGC 1425426

Query 3301 AGGCCCTGGGTGTCCAGTTGCTCTGTGTATGCAAACTAACCATGTCAGAGTGAGATGTTG 3360

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1425427 AGGCCCTGGGTGTCCAGTTGCTCTGTGTATGCAAACTAACCATGTCAGAGTGAGATGTTG 1425486

Query 3361 CATTTTATAAAAATTAGAAATaaaaaaaaTCCATTCAAACGTCACTGGTTTTGATTATAC 3420

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1425487 CATTTTATAAAAATTAGAAATAAAAAAAATCCATTCAAACGTCACTGGTTTTGATTATAC 1425546

Query 3421 AATGCTCATGCCTGCTGAGACAGTTGTGTTTTGCTTGCTCTGCACACACCCTGCATACTT 3480

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1425547 AATGCTCATGCCTGCTGAGACAGTTGTGTTTTGCTTGCTCTGCACACACCCTGCATACTT 1425606

Query 3481 GCCTCCACCCTGGCCCTTCCTCTACCTTGCCAGTTTCCTCCTTGTGTGTGAACTCAGTCA 3540

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1425607 GCCTCCACCCTGGCCCTTCCTCTACCTTGCCAGTTTCCTCCTTGTGTGTGAACTCAGTCA 1425666

Query 3541 GGCTTACAACAGACAGAGTATGAACATGCGATTCCTCCAGCTACTTCTTGATATATGGCT 3600

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1425667 GGCTTACAACAGACAGAGTATGAACATGCGATTCCTCCAGCTACTTCTTGATATATGGCT 1425726

Query 3601 GAAAGCTTGCCTAACCTGGTGCAGGCAGCATTCAGGcacatatatagacacacatgcatt 3660

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1425727 GAAAGCTTGCCTAACCTGGTGCAGGCAGCATTCAGGCACATATATAGACACACATGCATT 1425786

Query 3661 tatacatagatatataggtacacatgtgtagacacatacatGAATGTGTATTCATGGACA 3720

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1425787 TATACATAGATATATAGGTACACATGTGTAGACACATACATGAATGTGTATTCATGGACA 1425846

Query 3721 CACAGACAAAGGTACACATATATACACATGAGTTCATGCGCACACACATGCATGGACACT 3780

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1425847 CACAGACAAAGGTACACATATATACACATGAGTTCATGCGCACACACATGCATGGACACT 1425906

Query 3781 TACAAACGCCTTCAGAGACAAATAGGCATAGACACACAACCACTCACAGAAACAGATACC 3840

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1425907 TACAAACGCCTTCAGAGACAAATAGGCATAGACACACAACCACTCACAGAAACAGATACC 1425966

Query 3841 AATATGCATGGTCCTGTGTACACAGAAACAGACTATAGGCAAATATACACAAATAAACTA 3900

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1425967 AATATGCATGGTCCTGTGTACACAGAAACAGACTATAGGCAAATATACACAAATAAACTA 1426026

Query 3901 TATAGATACAAAGATATGCATATACACACATGTACAGAAACATCTTCACATGTGTACACT 3960

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1426027 TATAGATACAAAGATATGCATATACACACATGTACAGAAACATCTTCACATGTGTACACT 1426086

Query 3961 AACATGTGGACAGGTATAGCACACAGATACACCTGGACTCTGACCAGGGCTGTAATCTCC 4020

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1426087 AACATGTGGACAGGTATAGCACACAGATACACCTGGACTCTGACCAGGGCTGTAATCTCC 1426146

Query 4021 AAGGCTCACGGCTCAGAGAGCCTACACTAGGCTGGGTCACTGATACTCCTCAGGAGCCCA 4080

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1426147 AAGGCTCACGGCTCAGAGAGCCTACACTAGGCTGGGTCACTGATACTCCTCAGGAGCCCA 1426206

Query 4081 CTCTATGATTGGGAGAGATAACCCCAGGTACAAAGTATGCCTATCTGTCTCAACACCATG 4140

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1426207 CTCTATGATTGGGAGAGATAACCCCAGGTACAAAGTATGCCTATCTGTCTCAACACCATG 1426266

Query 4141 GGGCAGAAGATACTCCACTAACCACCCATGACAGAAAGTTAGCCTTGGCTGTGTCTCCAT 4200

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1426267 GGGCAGAAGATACTCCACTAACCACCCATGACAGAAAGTTAGCCTTGGCTGTGTCTCCAT 1426326

Query 4201 TAATAGAACACCTCAGAAGACCAATGTGAAATTGCCTAACCCACTCACACCCACCCTGAT 4260

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1426327 TAATAGAACACCTCAGAAGACCAATGTGAAATTGCCTAACCCACTCACACCCACCCTGAT 1426386

Query 4261 CTCCAGTTCAAAATGCAGAAAACATAATGCAGTTGTCCAAAAGATGCCCCAACcacacac 4320

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1426387 CTCCAGTTCAAAATGCAGAAAACATAATGCAGTTGTCCAAAAGATGCCCCAACCACACAC 1426446

Query 4321 acacacacacacacacacacacacacacacacacacacacacatacacacacacacacCA 4380

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1426447 ACACACACACACACACACACACACACACACACACACACACACATACACACACACACACCA 1426506

Query 4381 TCAAGGAGCCTCTGTAAGGAGTCACCACCCAATAACACTGCCTCTTTGGGCTCATATCCT 4440

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1426507 TCAAGGAGCCTCTGTAAGGAGTCACCACCCAATAACACTGCCTCTTTGGGCTCATATCCT 1426566

Query 4441 GGACATTCTTCATATTCATATCCATTTGGGGCCTAGGCTTTAGATATCCCCAAGGGCTCA 4500

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1426567 GGACATTCTTCATATTCATATCCATTTGGGGCCTAGGCTTTAGATATCCCCAAGGGCTCA 1426626

Query 4501 TCTTTACAGGGATCAGAGATCCCAATAAATGCCCTGGTCCCACAGCCTCCCTCAGGTATC 4560

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1426627 TCTTTACAGGGATCAGAGATCCCAATAAATGCCCTGGTCCCACAGCCTCCCTCAGGTATC 1426686

Query 4561 TGTCTGTTTATCTCTTGGTACCAAGACCCAACATTGCTGGCAGGGGTAGGACAAGCAACG 4620

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1426687 TGTCTGTTTATCTCTTGGTACCAAGACCCAACATTGCTGGCAGGGGTAGGACAAGCAACG 1426746

Query 4621 CACGGGAACTCTGATCAAAGAAAGTCATGAGATGCCTGAGTCCTTCAGGAAGTAAGGAGG 4680

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1426747 CACGGGAACTCTGATCAAAGAAAGTCATGAGATGCCTGAGTCCTTCAGGAAGTAAGGAGG 1426806

Query 4681 GACAACCTCTGGTATCCCTGTTCTTATTGCTAAAGCCCAAGAGACAGGGAGACCTGCTCT 4740

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1426807 GACAACCTCTGGTATCCCTGTTCTTATTGCTAAAGCCCAAGAGACAGGGAGACCTGCTCT 1426866

Query 4741 AAATTCTCAGTCTAAACAGCACCGATGGCACCACCTGCTCAGAGAAAGTCCAGAGCACAC 4800

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1426867 AAATTCTCAGTCTAAACAGCACCGATGGCACCACCTGCTCAGAGAAAGTCCAGAGCACAC 1426926

Query 4801 CAATATCATTTTGCCACAGTTCCTGAGTCTGCCTTTACCCAGGTCCATACATTGCATCTG 4860

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1426927 CAATATCATTTTGCCACAGTTCCTGAGTCTGCCTTTACCCAGGTCCATACATTGCATCTG 1426986

Query 4861 TCTTGCTTGCTCTGCTGCCCCAGGGCTCCTGGAACAAAGGCTCCAAATTAGTGTGTCCTA 4920

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1426987 TCTTGCTTGCTCTGCTGCCCCAGGGCTCCTGGAACAAAGGCTCCAAATTAGTGTGTCCTA 1427046

Query 4921 CAGCTTGGCCTGTTCTGTGCCTCCGTCTAGCTTGAGCTATTAGGGGACCAGTCAATACTC 4980

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1427047 CAGCTTGGCCTGTTCTGTGCCTCCGTCTAGCTTGAGCTATTAGGGGACCAGTCAATACTC 1427106

Query 4981 GCTAAGATTCTCCAGAACCATCAGGGCACCCCAACCCTTATGCAAATGCTCAGTCACCCC 5040

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1427107 GCTAAGATTCTCCAGAACCATCAGGGCACCCCAACCCTTATGCAAATGCTCAGTCACCCC 1427166

Query 5041 AAGACTTGGCTTGACCCTCCCTCTCTGTGTCCCTTCATAGAGGGGGAGGTGAATGCTGAG 5100

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1427167 AAGACTTGGCTTGACCCTCCCTCTCTGTGTCCCTTCATAGAGGGGGAGGTGAATGCTGAG 1427226

Query 5101 GAGGAAGGCTTTGAGAACCTGTGGACCACTGCCTCCACCTTCATCGTCCTCTTCCTCCTG 5160

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1427227 GAGGAAGGCTTTGAGAACCTGTGGACCACTGCCTCCACCTTCATCGTCCTCTTCCTCCTG 1427286

Query 5161 AGCCTCTTCTACAGCACCACCGTCACCCTGTTCAAGGTAGTATGGTTGTGGGGCTGAGGA 5220

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1427287 AGCCTCTTCTACAGCACCACCGTCACCCTGTTCAAGGTAGTATGGTTGTGGGGCTGAGGA 1427346

Query 5221 CACAGGGCTGGGACAGGGAGTCACCAGTCCTCACTGCCTCTACCTCTACTCCCTACAAGT 5280

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1427347 CACAGGGCTGGGACAGGGAGTCACCAGTCCTCACTGCCTCTACCTCTACTCCCTACAAGT 1427406

Query 5281 GGACAGCAATTCACACTGTCTCTGTCACCTGCAGGTGAAATGACTCTCAGCATGGAAGGA 5340

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1427407 GGACAGCAATTCACACTGTCTCTGTCACCTGCAGGTGAAATGACTCTCAGCATGGAAGGA 1427466

Query 5341 CAGCAGAGACCAAGAGATCCTCCCACAGGGACACTACCTCTGGGCCTGGGATACCTGACT 5400

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1427467 CAGCAGAGACCAAGAGATCCTCCCACAGGGACACTACCTCTGGGCCTGGGATACCTGACT 1427526

Query 5401 GTATGACTAGTAAACTTATTCTTACGTCTTTCCTGTGTTGCCCTCCAGCTTTTATCTCTG 5460

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1427527 GTATGACTAGTAAACTTATTCTTACGTCTTTCCTGTGTTGCCCTCCAGCTTTTATCTCTG 1427586

Query 5461 AGATGGTCTTCTTTCTAGACTGACCAAAGACTTTTTGTCAACTTGTACAATCTGAAGCAA 5520

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1427587 AGATGGTCTTCTTTCTAGACTGACCAAAGACTTTTTGTCAACTTGTACAATCTGAAGCAA 1427646

Query 5521 TGTCTGGCCCACAGACAGCTGAGCTGTAAACAAATGTCACATGGAAATAAATACTTTATC 5580

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1427647 TGTCTGGCCCACAGACAGCTGAGCTGTAAACAAATGTCACATGGAAATAAATACTTTATC 1427706

Query 5581 TTGTGAACTCACTTTATTGTGAAGGAATTTGTTTTGTTTTTCAAACCTTTCCTGCGGTGT 5640

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1427707 TTGTGAACTCACTTTATTGTGAAGGAATTTGTTTTGTTTTTCAAACCTTTCCTGCGGTGT 1427766

Query 5641 TGACAGCCCAAGGATTATCTGAATAGAGCTTAGGAACTGGAAATGGAACAGTGCAGTCTG 5700

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1427767 TGACAGCCCAAGGATTATCTGAATAGAGCTTAGGAACTGGAAATGGAACAGTGCAGTCTG 1427826

Query 5701 ATGGTACTTaagggagaaagagggaaaggaggtgtggaagaagaaaaaagagaagcagag 5760

|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |

Sbjct 1427827 ATGGTACTTAAGGGAGAAAGAGGGAAAGGAGGTGTGGAAGAAGAAAAAAGAGAAGCAG-G 1427885

Query 5761 ggggaggggagaagggagagggagagggagagggagagggagagggagagggagagggag 5820

|||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1427886 GGGG-GGGGAGAAGGGAGAGGGAGAGGGAGAGGGAGAGGGAGAGGGAGAGGGAGAGGGAG 1427944

Query 5821 agagagagagagagagagagagagagagagagagagagagagag 5864

|| ||||| ||||| ||||| ||| | |||||||||||||||||

Sbjct 1427945 AGGGAGAGGGAGAGGGAGAGGGAGGGGGAGAGAGAGAGAGAGAG 1427988

Range 2: 1427918 to 1429336[GenBank](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucleotide/AJ851868.3?report=genbank&log$=nuclalign&blast_rank=3&RID=17XE3SYB01R&from=1427918&to=1429336)[Graphics](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/AJ851868.3?report=graph&rid=17XE3SYB01R%5bAJ851868.3%5d&tracks=%5bkey:sequence_track,name:Sequence,display_name:Sequence,id:STD1,category:Sequence,annots:Sequence,ShowLabel:true%5d%5bkey:gene_model_track,CDSProductFeats:false%5d%5bkey:alignment_track,name:other%20alignments,annots:NG%20Alignments|Refseq%20Alignments|Gnomon%20Alignments|Unnamed,shown:false%5d&v=1427848:1429406&appname=ncbiblast&link_loc=fromHSP) Next Match Previous Match [First Match](https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi#hsp126349412_1)

|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| Alignment statistics for match #2 | | | | |
| **Score** | **Expect** | **Identities** | **Gaps** | **Strand** |
| 2579 bits(1396) | 0.0 | 1413/1421(99%) | 2/1421(0%) | Plus/Plus |

Query 5750 gagaagcagagggggaggggagaagggagagggagagggagagggagagggagagggaga 5809

|||| | |||||| ||||| || |||||||||||||||||||||||||||||| ||||||

Sbjct 1427918 GAGAGGGAGAGGGAGAGGG-AG-AGGGAGAGGGAGAGGGAGAGGGAGAGGGAGGGGGAGA 1427975

Query 5810 gggagagggagagagagagagagagagagagagagagagagagagagagagagagCATGC 5869

| ||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1427976 GAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGCATGC 1428035

Query 5870 ACTCTAACAGCAAAGTACAACACAGGCAGCCAATGGATAACACTCTGGTTATCTACCCTG 5929

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1428036 ACTCTAACAGCAAAGTACAACACAGGCAGCCAATGGATAACACTCTGGTTATCTACCCTG 1428095

Query 5930 ATGGAAGAAGGGAAGTAGGGCAGAGAAAATTCCAGGCCTAATCTCCCAAAAGCAACAGAA 5989

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1428096 ATGGAAGAAGGGAAGTAGGGCAGAGAAAATTCCAGGCCTAATCTCCCAAAAGCAACAGAA 1428155

Query 5990 CCTGGAAACTAGCCTCTAGCCTTAGGTCTCTGCTCTGTCCCCAGCCCACCATCTTGGGCT 6049

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1428156 CCTGGAAACTAGCCTCTAGCCTTAGGTCTCTGCTCTGTCCCCAGCCCACCATCTTGGGCT 1428215

Query 6050 GGTGTTGCTTCAAGCTAGTAATTTAGGTCTTATCCCAAAGCTTTGTGGTATGTGGGTGTG 6109

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1428216 GGTGTTGCTTCAAGCTAGTAATTTAGGTCTTATCCCAAAGCTTTGTGGTATGTGGGTGTG 1428275

Query 6110 CCTTTGGGGAGTTGGCTGAGATTTTGAAGATGTTTGTACCTCTCCCACAACATGACAAGC 6169

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1428276 CCTTTGGGGAGTTGGCTGAGATTTTGAAGATGTTTGTACCTCTCCCACAACATGACAAGC 1428335

Query 6170 CCTAGGGGTTAGTCAATAACTCAAATTCTCTGTCTATGACAACTGCTGTATGACTATATG 6229

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1428336 CCTAGGGGTTAGTCAATAACTCAAATTCTCTGTCTATGACAACTGCTGTATGACTATATG 1428395

Query 6230 AAGAAATGGGATAAAGATGCTATAGTCACTCGAGGACAGATAAAGGCCTGCTCACAGAGC 6289

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1428396 AAGAAATGGGATAAAGATGCTATAGTCACTCGAGGACAGATAAAGGCCTGCTCACAGAGC 1428455

Query 6290 AAGAATGGAAAGGAGAGGAAGGCAGGTCATGGACTTCAGTTCAGAGAAGGAAGCACAGCA 6349

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1428456 AAGAATGGAAAGGAGAGGAAGGCAGGTCATGGACTTCAGTTCAGAGAAGGAAGCACAGCA 1428515

Query 6350 AATACAAGGTGAGGGCCATGCTAGTTACTCCCTTGTTCATCATGTGGACAGCTAGAGAAG 6409

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1428516 AATACAAGGTGAGGGCCATGCTAGTTACTCCCTTGTTCATCATGTGGACAGCTAGAGAAG 1428575

Query 6410 CCCACTGACATGGGAAGTCTGGGCTAACTGACTACATTGAGAGGAGGACCTGGAAGCAGG 6469

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1428576 CCCACTGACATGGGAAGTCTGGGCTAACTGACTACATTGAGAGGAGGACCTGGAAGCAGG 1428635

Query 6470 GCATGAGAGAGAACATCAGACCATGGGAGGGATCTGTGTAGATGCCAGGGTCCTAAAGAG 6529

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1428636 GCATGAGAGAGAACATCAGACCATGGGAGGGATCTGTGTAGATGCCAGGGTCCTAAAGAG 1428695

Query 6530 AGTCTTTAAATAAATGTGTGGGGTAGCACCTTGGTGATGGTCCCTTTCTGAGTTGGGATT 6589

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1428696 AGTCTTTAAATAAATGTGTGGGGTAGCACCTTGGTGATGGTCCCTTTCTGAGTTGGGATT 1428755

Query 6590 CTAGTGGGTAGCTGCAGGATACAGAGAGAAGAAATCATCTAATGGGAAACCACTGTAGAG 6649

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1428756 CTAGTGGGTAGCTGCAGGATACAGAGAGAAGAAATCATCTAATGGGAAACCACTGTAGAG 1428815

Query 6650 ATGATAGGACTCGTCACCAAATTCCAGATATATTGTAGTCATTCACCATGGTATGGTACT 6709

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1428816 ATGATAGGACTCGTCACCAAATTCCAGATATATTGTAGTCATTCACCATGGTATGGTACT 1428875

Query 6710 TCTCATACCAGCATCTATTTTTGTTACCCTGGGATGCTGGGGCAAAGTGCCACACATGGC 6769

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1428876 TCTCATACCAGCATCTATTTTTGTTACCCTGGGATGCTGGGGCAAAGTGCCACACATGGC 1428935

Query 6770 AGTTTGAGCAGCAGAACTCTGTTCTTTCCCAGTTCTAGAGGCCAGAAGTGTGGGCCACAG 6829

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1428936 AGTTTGAGCAGCAGAACTCTGTTCTTTCCCAGTTCTAGAGGCCAGAAGTGTGGGCCACAG 1428995

Query 6830 CAAGCTCTGCTCTGTCCCCAGCCCACCATCTTGGGCTGGTGTTGCTTCAAGCTAGTAATT 6889

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1428996 CAAGCTCTGCTCTGTCCCCAGCCCACCATCTTGGGCTGGTGTTGCTTCAAGCTAGTAATT 1429055

Query 6890 TGGGTCTTATCCCAAAGCTCTGAGGCCATAGCAGTTGGTCAATCCTTGTCTCCTGGCACC 6949

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1429056 TGGGTCTTATCCCAAAGCTCTGAGGCCATAGCAGTTGGTCAATCCTTGTCTCCTGGCACC 1429115

Query 6950 AACATCCCAGTCACTGTATGTCCTTTGTACCTAATGCCATGTTTCAAGAACCCAGTCCTA 7009

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1429116 AACATCCCAGTCACTGTATGTCCTTTGTACCTAATGCCATGTTTCAAGAACCCAGTCCTA 1429175

Query 7010 CTGGGTTTGATGCCAACCCTGATTCAGCACAAGTTCATCTCCACTAGGTTCCACCCGCCA 7069

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1429176 CTGGGTTTGATGCCAACCCTGATTCAGCACAAGTTCATCTCCACTAGGTTCCACCCGCCA 1429235

Query 7070 TGACCTCAGAGCTAGAAGTCTGTGACAGATTCTCCCTGCTGCACAGAGGATACCAGCCTG 7129

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1429236 TGACCTCAGAGCTAGAAGTCTGTGACAGATTCTCCCTGCTGCACAGAGGATACCAGCCTG 1429295

Query 7130 ATGTAGCCCAGACTCCTGGCCTCTAGAACAGGGAAAGAACA 7170

|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1429296 ATGTAGCCCAGACTCCTGGCCTCTAGAACAGGGAAAGAACA 1429336

Mus musculus immunoglobulin heavy chain locus constant region and partial variable region, strain 129S1

Sequence ID: [AJ851868.3](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucleotide/AJ851868.3?report=genbank&log$=nuclalign&blast_rank=3&RID=17Y7YCU001R)Length: 1593281Number of Matches: 2

Range 1: 1414790 to 1419195[GenBank](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucleotide/AJ851868.3?report=genbank&log$=nuclalign&blast_rank=3&RID=17Y7YCU001R&from=1414790&to=1419195)[Graphics](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/AJ851868.3?report=graph&rid=17Y7YCU001R%5bAJ851868.3%5d&tracks=%5bkey:sequence_track,name:Sequence,display_name:Sequence,id:STD1,category:Sequence,annots:Sequence,ShowLabel:true%5d%5bkey:gene_model_track,CDSProductFeats:false%5d%5bkey:alignment_track,name:other%20alignments,annots:NG%20Alignments|Refseq%20Alignments|Gnomon%20Alignments|Unnamed,shown:false%5d&v=1414570:1419415&appname=ncbiblast&link_loc=fromHSP) Next Match Previous Match

|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| Alignment statistics for match #1 | | | | |
| **Score** | **Expect** | **Identities** | **Gaps** | **Strand** |
| 7980 bits(4321) | 0.0 | 4379/4407(99%) | 4/4407(0%) | Plus/Plus |

Query 1 GTAAGCTGGCTTTTTTCTTTCTGCACATTCCATTCTGAAACGGGAAAAGATATTCTCAGA 60

|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||

Sbjct 1414790 GTAAGCTGGCTTTTTTCTTTCTGCACATTCCATTCTGAAATGGGAAAAGATATTCTCAGA 1414849

Query 61 TCTCCCCATGTCAGGCCATCTGCCACACTCTGCATGCTGCAGAAGCTTTTCTGTAAGGAT 120

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1414850 TCTCCCCATGTCAGGCCATCTGCCACACTCTGCATGCTGCAGAAGCTTTTCTGTAAGGAT 1414909

Query 121 AGGGTCTTCACTCCCAGGAAAAGAGGCAGTCAGAGGCTAGCTGCCTGTGGAACAGTGACA 180

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1414910 AGGGTCTTCACTCCCAGGAAAAGAGGCAGTCAGAGGCTAGCTGCCTGTGGAACAGTGACA 1414969

Query 181 ATCATGGAAAATAGGCATTTACATTGTTAGGCTACATGGGTAGATGGGTTTTTGTACACC 240

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1414970 ATCATGGAAAATAGGCATTTACATTGTTAGGCTACATGGGTAGATGGGTTTTTGTACACC 1415029

Query 241 CACTAAAGGGGTCTATGATAGTGTGACTACTTTGACTACTGGGGCCAAGGCACCACTCTC 300

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1415030 CACTAAAGGGGTCTATGATAGTGTGACTACTTTGACTACTGGGGCCAAGGCACCACTCTC 1415089

Query 301 ACAGTCTCCTCAGGTGAGTCCTTACAACCTCTCTCTTCTATTCAGCTTAAATAGATTTTA 360

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1415090 ACAGTCTCCTCAGGTGAGTCCTTACAACCTCTCTCTTCTATTCAGCTTAAATAGATTTTA 1415149

Query 361 CTGCATTTGTTgggggggAAATGTGTGTATCTGAATTTCAGGTCATGAAGGACTAGGGAC 420

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1415150 CTGCATTTGTTGGGGGGGAAATGTGTGTATCTGAATTTCAGGTCATGAAGGACTAGGGAC 1415209

Query 421 ACCTTGGGAGTCAGAAAGGGTCATTGGGAGCCCTGGCTGACGCAGACAGACATCCTCAGC 480

|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||

Sbjct 1415210 ACCTTGGGAGTCAGAAAGGGTCATTGGGAGCCCTGGCTGATGCAGACAGACATCCTCAGC 1415269

Query 481 TCCCATACTTCATGGCCAGAGATTTATAGGGATCCTGGCCAGCATTGCCGCTAGGTCCCT 540

||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1415270 TCCCAGACTTCATGGCCAGAGATTTATAGGGATCCTGGCCAGCATTGCCGCTAGGTCCCT 1415329

Query 541 CTCTTCTATGCTTTCTTTGTCCCTCACTGGCCTCCATCTGAGATCATCCTGGAGCCCTAG 600

|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||

Sbjct 1415330 CTCTTCTATGCTTTCTTTGTCCCTCACTGGCCTCCATCTGAGATAATCCTGGAGCCCTAG 1415389

Query 601 CCAAGGATCATTTATTGTCAGGGGTCTAATCATTGTTGTCACAATGTGCCTGGTTTGCTT 660

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1415390 CCAAGGATCATTTATTGTCAGGGGTCTAATCATTGTTGTCACAATGTGCCTGGTTTGCTT 1415449

Query 661 ACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACTGTCTCTGCAGGTGAGTCCTAACTTCTCCCATTCT 720

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1415450 ACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACTGTCTCTGCAGGTGAGTCCTAACTTCTCCCATTCT 1415509

Query 721 AAATGCATGTTGGGGGGATTCTGGGCCTTCAGGACCAAGATTCTCTGCAAACGGGAATCA 780

||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1415510 AAATGCATGTTGGGGGGATTCTGAGCCTTCAGGACCAAGATTCTCTGCAAACGGGAATCA 1415569

Query 781 AGATTCAACCCCTTTGTCCCAAAGTTGAGACATGGGTCTGGGTCAGGGACTCTCTGCCTG 840

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1415570 AGATTCAACCCCTTTGTCCCAAAGTTGAGACATGGGTCTGGGTCAGGGACTCTCTGCCTG 1415629

Query 841 CTGGTCTGTGGTGACATTAGAACTGAAGTATGATGAAGGATCTGCCAGAACTGAAGCTTG 900

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1415630 CTGGTCTGTGGTGACATTAGAACTGAAGTATGATGAAGGATCTGCCAGAACTGAAGCTTG 1415689

Query 901 AAGTCTGAGGTAGAATCTTGTCCAGGGTCTATCGGACTCTTGTGAGAATTAGGGGCTGAC 960

|||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1415690 AAGTCTGAGGCAGAATCTTGTCCAGGGTCTATCGGACTCTTGTGAGAATTAGGGGCTGAC 1415749

Query 961 AGTTGATGGTGACAATTTCAGGGTCAGTGACTGTCTGGTTTCTCTGAGGTGAGGCTGGAA 1020

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1415750 AGTTGATGGTGACAATTTCAGGGTCAGTGACTGTCTGGTTTCTCTGAGGTGAGGCTGGAA 1415809

Query 1021 TATAGGTCACCTTGAAGACTAAAGAGGGGTCCA-GGGGCTTCTGCACAGGCAGGGAACAG 1079

|||||||||||||||||||| |||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1415810 TATAGGTCACCTTGAAGACTTAAGAGGGGTCCAGGGGGCTTCTGCACAGGCAGGGAACAG 1415869

Query 1080 AATGTGGAACAATGACTTGAATGGTTGATTCTTGTGTGACACCAGGAATTGGCATAATGT 1139

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1415870 AATGTGGAACAATGACTTGAATGGTTGATTCTTGTGTGACACCAGGAATTGGCATAATGT 1415929

Query 1140 CTGAGTTGCCCAGGGGTGATTCTAGTCAGACTCTGGGGTTTTTGTCGGGTATAGAGGAAA 1199

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1415930 CTGAGTTGCCCAGGGGTGATTCTAGTCAGACTCTGGGGTTTTTGTCGGGTATAGAGGAAA 1415989

Query 1200 AATCCACTATTGTGATTACTATGCTATGGACTACTGGGGTCAAGGAACCTCAGTCACCGT 1259

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1415990 AATCCACTATTGTGATTACTATGCTATGGACTACTGGGGTCAAGGAACCTCAGTCACCGT 1416049

Query 1260 CTCCTCAGGTAAGAATGGCCTCTCCAGGTCTTTATTTTTAACCTTTGTTATGGAGTTTTC 1319

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1416050 CTCCTCAGGTAAGAATGGCCTCTCCAGGTCTTTATTTTTAACCTTTGTTATGGAGTTTTC 1416109

Query 1320 TGAGCATTGCAGACTAATCTTGGATATTTGTCCCTGAGGGAGCCGGCTGAGAGAAGTTGG 1379

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1416110 TGAGCATTGCAGACTAATCTTGGATATTTGTCCCTGAGGGAGCCGGCTGAGAGAAGTTGG 1416169

Query 1380 GAAATAAACTGTCTAGGGATCTCAGAGCCTTTAGGACAGATTATCTCCACATCTTTGAAA 1439

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1416170 GAAATAAACTGTCTAGGGATCTCAGAGCCTTTAGGACAGATTATCTCCACATCTTTGAAA 1416229

Query 1440 AACTAAGAATCTGTGTGATGGTGTTGGTGGAGTCCCTGGATGATGGGATAGGGACTTTGG 1499

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1416230 AACTAAGAATCTGTGTGATGGTGTTGGTGGAGTCCCTGGATGATGGGATAGGGACTTTGG 1416289

Query 1500 AGGCTCATTTGAAGAAGATGCTAAAACAATCCTATGGCTGGAGGGATAGTTGGGGCTGTA 1559

|||||||||||| | |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1416290 AGGCTCATTTGAGGGAGATGCTAAAACAATCCTATGGCTGGAGGGATAGTTGGGGCTGTA 1416349

Query 1560 GTTGGAGATTTTCAGTTTTTAGAATAAAAGTATTAGTTGTGGAATATACTTCAGGACCAC 1619

|||||||||||||||||||||||||||||||||||| || ||||||||||||||||||||

Sbjct 1416350 GTTGGAGATTTTCAGTTTTTAGAATAAAAGTATTAGCTGCGGAATATACTTCAGGACCAC 1416409

Query 1620 CTCTGTGACAGCATTTATACAGTATCCGATGCATAGGGACAAAGAGTGGAGTGGGGCACT 1679

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1416410 CTCTGTGACAGCATTTATACAGTATCCGATGCATAGGGACAAAGAGTGGAGTGGGGCACT 1416469

Query 1680 TTCTTTAGATTTGTGAGGAATGTTCCGCACTAGATTGTTTAAAACTTCATTTGTTGGAAG 1739

|||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1416470 TTCTTTAGATTTGTGAGGAATGTTCCACACTAGATTGTTTAAAACTTCATTTGTTGGAAG 1416529

Query 1740 GAGAGCTGTCTTAGTGATTGAGTCAAGGGAGAAAGGCATCTAGCCTCGGTCTCAAAAGGG 1799

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1416530 GAGAGCTGTCTTAGTGATTGAGTCAAGGGAGAAAGGCATCTAGCCTCGGTCTCAAAAGGG 1416589

Query 1800 TAGTTGCTGTCTAGAGAGGTCTGGTGGAGCCTGCAAAAGTCCAGCTTTCAAAGGAACACA 1859

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1416590 TAGTTGCTGTCTAGAGAGGTCTGGTGGAGCCTGCAAAAGTCCAGCTTTCAAAGGAACACA 1416649

Query 1860 GAAGTATGTGTATGGAATATTAGAAGATGTTGCTTTTACTCTTAAGTTGGTTCCTAGGAA 1919

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1416650 GAAGTATGTGTATGGAATATTAGAAGATGTTGCTTTTACTCTTAAGTTGGTTCCTAGGAA 1416709

Query 1920 AAATAGTTAAATACTGTGACTTTAAAATGTGAGAGGGTTTTCAAGTACTCAtttttttAA 1979

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1416710 AAATAGTTAAATACTGTGACTTTAAAATGTGAGAGGGTTTTCAAGTACTCATTTTTTTAA 1416769

Query 1980 ATGTCCAAAATTCTTGTCAATCAGTTTGAGGTCTTGTTTGTGTAGAACTGATATTACTTA 2039

|||||||||||| |||||||||| ||||||||||||||||||||||||||| ||||||||

Sbjct 1416770 ATGTCCAAAATTTTTGTCAATCAATTTGAGGTCTTGTTTGTGTAGAACTGACATTACTTA 1416829

Query 2040 AAGTTTAACCGAGGAATGGGAGTGAGGCTCTCTCATAACCTATTCAGAACTGACTTTTAA 2099

||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||

Sbjct 1416830 AAGTTTAACCGAGGAATGGGAGTGAGGCTCTCTCATACCCTATTCAGAACTGACTTTTAA 1416889

Query 2100 CAATAATAAATTAAGTTTCAAATATTTTTAAATGAATTGAGCAATGTTGAGTTGGAGTCA 2159

|||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1416890 CAATAATAAATTAAGTTTAAAATATTTTTAAATGAATTGAGCAATGTTGAGTTGGAGTCA 1416949

Query 2160 AGATGGCCGATCAGAACCAGAACACCTGCAGCAGCTGGCAGGAAGCAGGTCATGTGGCAA 2219

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1416950 AGATGGCCGATCAGAACCAGAACACCTGCAGCAGCTGGCAGGAAGCAGGTCATGTGGCAA 1417009

Query 2220 GGCTATTTGGGGAAGGGAAAATAAAACCACTAGGTAAACTTGTAGCTGTGGTTTGAAGAA 2279

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1417010 GGCTATTTGGGGAAGGGAAAATAAAACCACTAGGTAAACTTGTAGCTGTGGTTTGAAGAA 1417069

Query 2280 GTGGTTTTGAAACACTCTGTCCAGCCCCACCAAACCGAAAGTCCAGGCTGAGCAAAACAC 2339

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1417070 GTGGTTTTGAAACACTCTGTCCAGCCCCACCAAACCGAAAGTCCAGGCTGAGCAAAACAC 1417129

Query 2340 CACCTGGGTAATTTGCATTTCTAAAATAAGTTGAGGATTCAGCCGAAACTGGAGAGGTCC 2399

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1417130 CACCTGGGTAATTTGCATTTCTAAAATAAGTTGAGGATTCAGCCGAAACTGGAGAGGTCC 1417189

Query 2400 TCTTTTAACTTATTGAGTTCAACCTTTTAATTTTAGCTTGAGTAGTTCTAGTTTCCCCAA 2459

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1417190 TCTTTTAACTTATTGAGTTCAACCTTTTAATTTTAGCTTGAGTAGTTCTAGTTTCCCCAA 1417249

Query 2460 ACTTAAGTTTATCGACTTCTAAAATGTATTTAGAATTCATTTTCAAAATTAGGTTATGTA 2519

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1417250 ACTTAAGTTTATCGACTTCTAAAATGTATTTAGAATTCATTTTCAAAATTAGGTTATGTA 1417309

Query 2520 AGAAATTGAAGGACTTTAGTGTCTTTAATTTCTAATATATTTAGAAAACTTCTTAAAATT 2579

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1417310 AGAAATTGAAGGACTTTAGTGTCTTTAATTTCTAATATATTTAGAAAACTTCTTAAAATT 1417369

Query 2580 ACTCTATTATTCTTCCCTCTGATTATTGGTCTCCATTCAATTCTTTTCCAATACCCGAAG 2639

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1417370 ACTCTATTATTCTTCCCTCTGATTATTGGTCTCCATTCAATTCTTTTCCAATACCCGAAG 1417429

Query 2640 CATTTACAGTGACTTTGTTCATGATCTTTTTTAGTTGTTTGTTTTGCCTTACTATTAAGA 2699

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1417430 CATTTACAGTGACTTTGTTCATGATCTTTTTTAGTTGTTTGTTTTGCCTTACTATTAAGA 1417489

Query 2700 CTTTGACATTCTGGTCAAAACGGCTTCACAAATCTTTTTCAAGACCACTTTCTGAGTATT 2759

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1417490 CTTTGACATTCTGGTCAAAACGGCTTCACAAATCTTTTTCAAGACCACTTTCTGAGTATT 1417549

Query 2760 CATTTTAGGAGAAATACtttttttttAAATGAATGCAATTATCTAGACTTATTTCGGTTG 2819

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1417550 CATTTTAGGAGAAATACTTTTTTTTTAAATGAATGCAATTATCTAGACTTATTTCGGTTG 1417609

Query 2820 AACATGCTGGTTGGTGGTTGAGAGGACACTCAGTCAGTCAGTGGCGTGAAGGGCTTCTAA 2879

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1417610 AACATGCTGGTTGGTGGTTGAGAGGACACTCAGTCAGTCAGTGGCGTGAAGGGCTTCTAA 1417669

Query 2880 GCCAGTCCACATGCTCTGTGTGAACTCCCTCTGGCCCTGCTTATTGTTGAATGGGCCAAA 2939

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1417670 GCCAGTCCACATGCTCTGTGTGAACTCCCTCTGGCCCTGCTTATTGTTGAATGGGCCAAA 1417729

Query 2940 GGTCTGAGACCAGGCTGCTGCTGGGTAGGCCTGGACTTTGGGTCTCCCACCCAGACCTGG 2999

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1417730 GGTCTGAGACCAGGCTGCTGCTGGGTAGGCCTGGACTTTGGGTCTCCCACCCAGACCTGG 1417789

Query 3000 GAATGTATGGTTGTGGCTTCTGCCACCCATCCACCTGGCTGCTCATGGACCAGCCAGCCT 3059

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1417790 GAATGTATGGTTGTGGCTTCTGCCACCCATCCACCTGGCTGCTCATGGACCAGCCAGCCT 1417849

Query 3060 CGGTGGCTTTGAAGGAACAATTCCACACAAAGACTCTGGACCTCTCCGAAACCAGGCACC 3119

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1417850 CGGTGGCTTTGAAGGAACAATTCCACACAAAGACTCTGGACCTCTCCGAAACCAGGCACC 1417909

Query 3120 GCAAATGGTAAGCCAGAGGCAGCCACAGCTGTGGCTGCTGCTCTTAAAGCTTGTAAACTG 3179

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1417910 GCAAATGGTAAGCCAGAGGCAGCCACAGCTGTGGCTGCTGCTCTTAAAGCTTGTAAACTG 1417969

Query 3180 TTTCTGCTTAAGAGGGACTGAGTCTTCAGTCATTGCTTTAGGGGGAGAAAGAGACATTTG 3239

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1417970 TTTCTGCTTAAGAGGGACTGAGTCTTCAGTCATTGCTTTAGGGGGAGAAAGAGACATTTG 1418029

Query 3240 TGTGTCTTTTGAGTACCGTTGTCTGGGTCACTCACATTTAACTTTCCTTGAAAAACTAGT 3299

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1418030 TGTGTCTTTTGAGTACCGTTGTCTGGGTCACTCACATTTAACTTTCCTTGAAAAACTAGT 1418089

Query 3300 AAAAGAAAAATGTTGCCTGTTAACCAATAATCATAGAGCTCATGGTATTTTGAGGAAATC 3359

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1418090 AAAAGAAAAATGTTGCCTGTTAACCAATAATCATAGAGCTCATGGTATTTTGAGGAAATC 1418149

Query 3360 TTAGAAAACGTGTATACAATTGTCTGGAATTATTTCAGTTAAGTGTATTAGTTGAGGTAC 3419

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1418150 TTAGAAAACGTGTATACAATTGTCTGGAATTATTTCAGTTAAGTGTATTAGTTGAGGTAC 1418209

Query 3420 TGATGCTGTCTCTACTTCAGTTATACATGTGGGTTTGAATTTTGAATCTATTCTGGCTCT 3479

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1418210 TGATGCTGTCTCTACTTCAGTTATACATGTGGGTTTGAATTTTGAATCTATTCTGGCTCT 1418269

Query 3480 TCTTAAGCAGAAAATTTAGATAAAATGGATACCTCAGTGGTTTTTAATGGTGGGTTTAAT 3539

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1418270 TCTTAAGCAGAAAATTTAGATAAAATGGATACCTCAGTGGTTTTTAATGGTGGGTTTAAT 1418329

Query 3540 ATAGAAGGAATTTAAATTGGAAGCTAATTTAGAATCAGTAAGGAGGGACCCAGGCTAAGA 3599

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1418330 ATAGAAGGAATTTAAATTGGAAGCTAATTTAGAATCAGTAAGGAGGGACCCAGGCTAAGA 1418389

Query 3600 AGGCAATCCTGGGATTCTGGAAGAAAAGATGTTTTTAGTTTTTATAGAAAACACTACTAC 3659

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1418390 AGGCAATCCTGGGATTCTGGAAGAAAAGATGTTTTTAGTTTTTATAGAAAACACTACTAC 1418449

Query 3660 ATTCTTGATCTACAACTCAATGTGGTTTAATGAATTTGAAGTTGCCAGTAAATGTACTTC 3719

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1418450 ATTCTTGATCTACAACTCAATGTGGTTTAATGAATTTGAAGTTGCCAGTAAATGTACTTC 1418509

Query 3720 CTGGTTGTTAAAGAATGGTATCAAAGGACAGTGCTTAGATCCAAGGTGAGTGTGAGAGGA 3779

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1418510 CTGGTTGTTAAAGAATGGTATCAAAGGACAGTGCTTAGATCCAAGGTGAGTGTGAGAGGA 1418569

Query 3780 CAGGGGCTGGGGTATGGATACGCAGAA-GAAGGCCACAGCTGTACAGAATTGAGAAAGAA 3838

||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1418570 CAGGGGCTGGGGTATGGATACGCAGAAGGAAGGCCACAGCTGTACAGAATTGAGAAAGAA 1418629

Query 3839 TAGAGACCTGCAGTTGAGGCCAGCAGGTCGGCTGGACTAACTCTCCAGCCACAGTAATGA 3898

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1418630 TAGAGACCTGCAGTTGAGGCCAGCAGGTCGGCTGGACTAACTCTCCAGCCACAGTAATGA 1418689

Query 3899 CCCAGACAGAGAAGGCCAGACTCATAAAGCTTGCTGAGCAAAATTAAGGGAACAAGGTTG 3958

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1418690 CCCAGACAGAGAAGGCCAGACTCATAAAGCTTGCTGAGCAAAATTAAGGGAACAAGGTTG 1418749

Query 3959 AGAGCCCTAGTAAGCGAGGCTCTAAAAAGCATGGCTGAGCTGAGATGGGTGGGCTTCTCT 4018

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1418750 AGAGCCCTAGTAAGCGAGGCTCTAAAAAGCATGGCTGAGCTGAGATGGGTGGGCTTCTCT 1418809

Query 4019 GAGCGCTTCTAAAATGCGCTAAACTGAGGTGATTACTCTGAGGTAAGCAAAGCTGGGCTT 4078

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1418810 GAGCGCTTCTAAAATGCGCTAAACTGAGGTGATTACTCTGAGGTAAGCAAAGCTGGGCTT 1418869

Query 4079 GAGCCAAAATGAAGTAGACTGTAATGAACTGGAATGAGCTGGGCCGCTAAGCTAAACTAG 4138

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1418870 GAGCCAAAATGAAGTAGACTGTAATGAACTGGAATGAGCTGGGCCGCTAAGCTAAACTAG 1418929

Query 4139 GCTGGCTTAACCGAGATGAGCCAAACTGGAATGAACTTCATTAATCTAGGTTGAATAGAG 4198

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1418930 GCTGGCTTAACCGAGATGAGCCAAACTGGAATGAACTTCATTAATCTAGGTTGAATAGAG 1418989

Query 4199 CTAAACTCTACTGCCTACACTGGACTGTTCTGAGCTGAGATGAGCTGGGGTGAGCTCAGC 4258

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1418990 CTAAACTCTACTGCCTACACTGGACTGTTCTGAGCTGAGATGAGCTGGGGTGAGCTCAGC 1419049

Query 4259 TATGCTACGCTGTGTTGGGGTGAGCTGATCTGAAATGAGCTACTctggagtagctgagat 4318

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1419050 TATGCTACGCTGTGTTGGGGTGAGCTGATCTGAAATGAGCTACTCTGGAGTAGCTGAGAT 1419109

Query 4319 ggggtgagatggggtgagctgagctgggctgagctggactgagctgagctggggtcagct 4378

|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||| ||||

Sbjct 1419110 GGGGTGAGATGGGGTGAGCTGAGCTGGGCTGAGCTGGACTGAGCTGAGCTAGGGTGAGCT 1419169

Query 4379 gagcaagagtgagtagagctg-gctgg 4404

|||| | ||||| ||||| |||||

Sbjct 1419170 GAGCTGG-GTGAGCTGAGCTAAGCTGG 1419195

Figure 5. Annotated VH12 transgene sequence assembled using aTRAM from VH12 mouse M61 WGS file CSFP210003514-1a\_HGNJGDSX2\_L2 and associated sequence alignments

>1\_NODE\_1\_length\_12400\_cov\_22.308853\_REV iteration=1 contig\_id=NODE\_1\_length\_12400\_cov\_22.308853 score=22899.6

***AGAGAGAGAGAGAGAGA***GAGAGAGAGAGAGAGCATGCACTCTAACAGCAAAGTACAACACAGGCAGCCAATGGATAACACTCTGGTTATCTACCCTGATGGAAGAAGGGAAGTAGGGCAGAGAAAATTCCAGGCCTAATCTCCCAAAAGCAACAGAACCTGGAAACTAGCCTCTAGCCTTAGGTCTCTGCTCTGTCCCCAGCCCACCATCTTGGGCTGGTGTTGCTTCAAGCTAGTAATTTAGGTCTTATCCCAAAGCTTTGTGGTATGTGGGTGTGCCTTTGGGGAGTTGGCTGAGATTTTGAAGATGTTTGTACCTCTCCCACAACATGACAAGCCCTAGGGGTTAGTCAATAACTCAAATTCTCTGTCTATGACAACTGCTGTATGACTATATGAAGAAATGGGATAAAGATGCTATAGTCACTCGAGGACAGATAAAGGCCTGCTCACAGAGCAAGAATGGAAAGGAGAGGAAGGCAGGTCATGGACTTCAGTTCAGAGAAGGAAGCACAGCAAATACAAGGTGAGGGCCATGCTAGTTACTCCCTTGTTCATCATGTGGACAGCTAGAGAAGCCCACTGACATGGGAAGTCTGGGCTAACTGACTACATTGAGAGGAGGACCTGGAAGCAGGGCATGAGAGAGAACATCAGACCATGGGAGGGATCTGTGTAGATGCCAGGGTCCTAAAGAGAGTCTTTAAATAAATGTGTGGGGTAGCACCTTGGTGATGGTCCCTTTCTGAGTTGGGATTCTAGTGGGTAGCTGCAGGATACAGAGAGAAGAAATCATCTAATGGGAAACCACTGTAGAGATGATAGGACTCGTCACCAAATTCCAGATATATTGTAGTCATTCACCATGGTATGGTACTTCTCATACCAGCATCTATTTTTGTTACCCTGGGATGCTGGGGCAAAGTGCCACACATGGCAGTTTGAGCAGCAGAACTCTGTTCTTTCCCAGTTCTAGAGGCCAGAAGTGTGGGCCACAGCAAGCTCTGCTCTGTCCCCAGCCCAC***CATCTTGGGCTGGTGTTGCTTC***AAGCTAGTAATTTGGGTCTTATCCCAAAGCTCTGAGGCCATAGCAGTTGGTCAATCCTTGTCTCCTGGCACCAACATCCCAGTCACTGTATGTCCTTTGTACCTAATGCCATGTTTCAAGAACCCAGTCCTACTGGGTTTGATGCCAACCCTGATTCAGCACAAGTTCATCTCCACTAGGTTCCACCCGCCATGACCTCAGAGCTAGAAGTCTGTGACAGATTCTCCCTGCTGCACAGAGGATACCAGCCTGATGTAGCCCAGACTCCTGGCCTCTAGAACAGGGAAAGAACA***GAATTCATAGGTACCGGCCACGTAGGCCGTCGACGCGGCCGCGAATTC***ACTAGAAATTGAAGGTAGGATTAAACCAAGCTGTGTTTCTTGTTATCTCCTACAGTCCTCATGTTCTTTTATTCCTGACACATACTACAGGAAGCCAAAGGCAGAGATATCCACATTGTAATGACCAAAGGGAGGGTTTCACCCTCAATATCCACTCACCCCATCTATTGAGAAAAGCCTTGTTCCCCACAT***GCAAATGCATGTTCTACCAC***TAAGTTAAATCCCATCCTGGGCTGTGGCAGCTCACATCTCTCTCACACGGGACACTGAACTCTGAGGAGAAGGGTGTGAAGCTTAGAAGATGAGAGTGCTGGGATTTGTGTGCCTGGTGACAGTCCTTCCTGGTGAGTTGTGCCATTTCATACATGTGTCCATGAGGGGTTGTGACAATATGTGATTGACAGAATTGACTCTATTGTCTTAAGGTAGCCTGTCTCAGATGCAGCTTCAGGAGTCAGGACCTGGCCTGGTGAAACCCTCACAGTCACTCTTCCTTACCTGCTCTATTACTGGTTTCCCCATCACCAGTGGTTACTACTGGATCTGGATCCGTCAGTCACCTGGGAAACCCCTAGAATGGATGGGGTACATCACTCATAGTGGGGAAACTTTCTACAACCCATCTCTCCAGAGCCCCATCTCCATTACTAGAGAAACGTCAAAGAACCAGTTCTTCCTCCAATTGAACTCTGTGACCACAGAGGACACAGCCATGTATTACTGT***GCAGGAGACTATGATGGTTACTGGTACTTCGATGTC****TGGGGCACAGGGACCACGGTCACCGTCTCCTCAG*GTAAGCTGGCTTTTTTCTTTCTGCACATTCCATTCTGAAACGGGAAAAGATATTCTCAGATCTCCCCATGTCAGGCCATCTGCCACACTCTGCATGCTGCAGAAGCTTTTCTGTAAGGATAGGGTCTTCACTCCCAGGAAAAGAGGCAGTCAGAGGCTAGCTGCCTGTGGAACAGTGACAATCATGGAAAATAGGCATTTACATTGTTAGGCTACATGGGTAGATG**GGTTTTTGT**ACACCCACTAAAGGGGTCTATGA**TAGTGTG**ACTACTTTGACTACTGGGGCCAAGGCACCACTCTCACAGTCTCCTCAGGTGAGTCCTTACAACCTCTCTCTTCTATTCAGCTTAAATAGATTTTACTGCATTTGTTGGGGGGGAAATGTGTGTATCTGAATTTCAGGTCATGAAGGACTAGGGACACCTTGGGAGTCAGAAAGGGTCATTGGGAGCCCTGGCTGACGCAGACAGACATCCTCAGCTCCCATACTTCATGGCCAGAGATTTATAGGGATCCTGGCCAGCATTGCCGCTAGGTCCCTCTCTTCTATGCTTTCTTTGTCCCTCACTGGCCTCCATCTGAGATCATCCTGGAGCCCTAGCCAAGGATCATTTATTGTCAGGGGTCTAATCATTGTTGTCACAATGTGCCTGGTTTGCTTACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACTGTCTCTGCAGGTGAGTCCTAACTTCTCCCATTCTAAATGCATGTTGGGGGGATTCTGGGCCTTCAGGACCAAGATTCTCTGCAAACGGGAATCAAGATTCAACCCCTTTGTCCCAAAGTTGAGACATGGGTCTGGGTCAGGGACTCTCTGCCTGCTGGTCTGTGGTGACATTAGAACTGAAGTATGATGAAGGATCTGCCAGAACTGAAGCTTGAAGTCTGAGGTAGAATCTTGTCCAGGGTCTATCGGACTCTTGTGAGAATTAGGGGCTGACAGTTGATGGTGACAATTTCAGGGTCAGTGACTGTCTGGTTTCTCTGAGGTGAGGCTGGAATATAGGTCACCTTGAAGACTAAAGAGGGGTCCAGGGGCTTCTGCACAGGCAGGGAACAGAATGTGGAACAATGACTTGAATGGTTGATTCTTGTGTGACACCAGGAATTGGCATAATGTCTGAGTTGCCCAGGGGTGATTCTAGTCAGACTCTGG**GGTTTTTGT**CGGGTATAGAGGAAAAATCCACT**ATTGTG**ATTACTATGCTATGGACTACTGGGGTCAAGGAACCTCAGTCACCGTCTCCTCAGGTAAGAATGGCCTCTCCAGGTCTTTATTTTTAACCTTTGTTATGGAGTTTTCTGAGCATTGCAGACTAATCTTGGATATTTGTCCCTGAGGGAGCCGGCTGAGAGAAGTTGGGAAATAAACTGTCTAGGGATCTCAGAGCCTTTAGGACAGATTATCTCCACATCTTTGAAAAACTAAGAATCTGTGTGATGGTGTTGGTGGAGTCCCTGGATGATGGGATAGGGACTTTGGAGGCTCATTTGAAGAAGATGCTAAAACAATCCTATGGCTGGAGGGATAGTTGGGGCTGTAGTTGGAGATTTTCAGTTTTTAGAATAAAAGTATTAGTTGTGGAATATACTTCAGGACCACCTCTGTGACAGCATTTATACAGTATCCGATGCATAGGGACAAAGAGTGGAGTGGGGCACTTTCTTTAGATTTGTGAGGAATGTTCCGCACTAGATTGTTTAAAACTTCATTTGTTGGAAGGAGAGCTGTCTTAGTGATTGAGTCAAGGGAGAAAGGCATCTAGCCTCGGTCTCAAAAGGGTAGTTGCTGTCTAGAGAGGTCTGGTGGAGCCTGCAAAAGTCCAGCTTTCAAAGGAACACAGAAGTATGTGTATGGAATATTAGAAGATGTTGCTTTTACTCTTAAGTTGGTTCCTAGGAAAAATAGTTAAATACTGTGACTTTAAAATGTGAGAGGGTTTTCAAGTACTCATTTTTTTAAATGTCCAAAATTCTTGTCAATCAGTTTGAGGTCTTGTTTGTGTAGAACTGATATTACTTAAAGTTTAACCGAGGAATGGGAGTGAGGCTCTCTCATAACCTATTCAGAACTGACTTTTAACAATAATAAATTAAGTTTCAAATATTTTTAAATGAATTGAGCAATGTTGAGTTGGAGTCAAGATGGCCGATCAGAACCAGAACACCTGCAGCAGCTGGCAGGAAGCAGGTCATGTGGCAAGGCTATTTGGGGAAGGGAAAATAAAACCACTAGGTAAACTTGTAGCTGTGGTTTGAAGAAGTGGTTTTGAAACACTCTGTCCAGCCCCACCAAACCGAAAGTCCAGGCTGAGCAAAACACCACCTGGGTAATTTGCATTTCTAAAATAAGTTGAGGATTCAGCCGAAACTGGAGAGGTCCTCTTTTAACTTATTGAGTTCAACCTTTTAATTTTAGCTTGAGTAGTTCTAGTTTCCCCAAACTTAAGTTTATCGACTTCTAAAATGTATTTA***GAATTC***ATTTTCAAAATTAGGTTATGTAAGAAATTGAAGGACTTTAGTGTCTTTAATTTCTAATATATTTAGAAAACTTCTTAAAATTACTCTATTATTCTTCCCTCTGATTATTGGTCTCCATTCAATTCTTTTCCAATACCCGAAGCATTTACAGTGACTTTGTTCATGATCTTTTTTAGTTGTTTGTTTTGCCTTACTATTAAGACTTTGACATTCTGGTCAAAACGGCTTCACAAATCTTTTTCAAGACCACTTTCTGAGTATTCATTTTAGGAGAAATACTTTTTTTTTAAATGAATGCAATTATCTAGACTTATTTCGGTTGAACATGCTGGTTGGTGGTTGAGAGGACACTCAGTCAGTCAGTGGCGTGAAGGGCTTCTAAGCCAGTCCACATGCTCTGTGTGAACTCCCTCTGGCCCTGCTTATTGTTGAATGGGCCAAAGGTCTGAGACCAGGCTGCTGCTGGGTAGGCCTGGACTTTGGGTCTCCCACCCAGACCTGGGAATGTATGGTTGTGGCTTCTGCCACCCATCCACCTGGCTGCTCATGGACCAGCCAGCCTCGGTGGCTTTGAAGGAACAATTCCACACAAAGACTCTGGACCTCTCCGAAACCAGGCACCGCAAATGGTAAGCCAGAGGCAGCCACAGCTGTGGCTGCTGCTCTTAAAGCTTGTAAACTGTTTCTGCTTAAGAGGGACTGAGTCTTCAGTCATTGCTTTAGGGGGAGAAAGAGACATTTGTGTGTCTTTTGAGTACCGTTGTCTGGGTCACTCACATTTAACTTTCCTTGAAAAACTAGTAAAAGAAAAATGTTGCCTGTTAACCAATAATCATAGAGCTCATGGTATTTTGAGGAAATCTTAGAAAACGTGTATACAATTGTCTGGAATTATTTCAGTTAAGTGTATTAGTTGAGGTACTGATGCTGTCTCTACTTCAGTTATACATGTGGGTTTGAATTTTGAATCTATTCTGGCTCTTCTTAAGCAGAAAATTTAGATAAAATGGATACCTCAGTGGTTTTTAATGGTGGGTTTAATATAGAAGGAATTTAAATTGGAAGCTAATTTAGAATCAGTAAGGAGGGACCCAGGCTAAGAAGGCAATCCTGGGATTCTGGAAGAAAAGATGTTTTTAGTTTTTATAGAAAACACTACTACATTCTTGATCTACAACTCAATGTGGTTTAATGAATTTGAAGTTGCCAGTAAATGTACTTCCTGGTTGTTAAAGAATGGTATCAAAGGACAGTGCTTAGATCCAAGGTGAGTGTGAGAGGACAGGGGCTGGGGTATGGATACGCAGAAGAAGGCCACAGCTGTACAGAATTGAGAAAGAATAGAGACCTGCAGTTGAGGCCAGCAGGTCGGCTGGACTAACTCTCCAGCCACAGTAATGACCCAGACAGAGAAGGCCAGACTCATAAAGCTTGCTGAGCAAAATTAAGGGAACAAGGTTGAGAGCCCTAGTAAGCGAGGCTCTAAAAAGCATGGCTGAGCTGAGATGGGTGGGCTTCTCTGAGCGCTTCTAAAATGCGCTAAACTGAGGTGATTACTCTGAGGTAAGCAAAGCTGGGCTTGAGCCAAAATGAAGTAGACTGTAATGAACTGGAATGAGCTGGGCCGCTAAGCTAAACTAGGCTGGCTTAACCGAGATGAGCCAAACTGGAATGAACTTCATTAATCTAGGTTGAATAGAGCTAAACTCTACTGCCTACACTGGACTGTTCTGAGCTGAGATGAGCTGGGGTGAGCTCAGCTATGCTACGCTGTGTTGGGGTGAGCTGATCTGAAATGAGCTACTCTGGAGTAGCTGAGATGGGGTGAGATGGGGTGAGCTGAGCTGGGCTGAGCTGGACTGAGCTGAGCTGGGGTCAGCTGAGCAAGAGTGAGTAGAGCTGGCTGGCCAGAACCAGAATCAATTAGGCTAAGTGAGCCAGATTGCGCTGGGATCAGCTGTACTCAGATGAGCTGGGATGAGGTAGGCTGGGATGAGCTGGGCTAGCTGACATGGATTATGTGAGGCTGAGCTAGCATGGGCTGGCCTAGCTGATGAGCTAAGCTTGAATGAACGGGGCTGAGCTGGACTCAGATGTGCTAGACTGAGCTGTACTGGATGATCTGGTGTAGGGTGATCTGGACTCAACTGGGCTGGCTGATGGGATGCCCCAGGTTGAACTAGGCTCAGATAAGTTAGGCTGAGTAGGGCCTGGTTGAGATGGTTCGGGATGAGCTGGGAAAAGATGGACTGGGACCATGAACTGGGCTGAGCTGGGTTGGGAGACCATGAATTGAGCTGAACTGAGTGCAGCTGGGATAAACTGGGTTGAGCTAAGAATAGACTACCTGAATTGTGCCAAACTGGGCTGGGATCAATTGGAAATTATCAGGATTTAGATGAGCCGGACTAAACTATGCTGAGCTGGACTGGTTGGATGTGTTGAACTGGCCTGCTGCTGGGCTGGCATAGCTGAGTTGAACTTAAATGAGGAAGGATGAGCAAGGCTAGCCTGCTTGCATAGAGCTGAACTTTAGCCTAGCCTGAGCTGGACCAGCCTGAGCTGAGTAGGTCTAAACTGAGTTAAAAATCAACAGGGATAATTTAACAGCTAATTTAACAAGCCTGAGGTCTGAGATTGAATGAGCAGAGCTGGGATGAACTGAATGAGTTTCACCAGGCCTGGACCAGTTAGGACCTCGTTCTATAGAGGCAGACTGTGTGCTACAGTGGAGTTTCAAGATGATTCCATGAGTCCTCCCCGCCCCCAACATAACCCACCTTCCTCCTACCCTACAAGCCTGTCTGGTGTGTAAATCCCAGCTTTGTGTGCTGATACAGAAGCCTGAGCCCCTCCCCCACCTCCACCTACCTATTACTTTGGGATGAGAATAGTTCTCCCAGCCAGTGTCTCAGAGGGAAGCCAAGCAGGACAGGCCCAAGGCTACTTGAGAAGCCAGGATCTAGGCCTCTCCCTGAGAACGGGTGTTCATGCCCCTAGAGTTGGCTGAAGGGCCAGATCCACCTACTCTAGAGGCATCTCTCCCTGTCTGTGAAGGCTTCCAAAGTCACGTTCCTGTGGCTAGAAGGCAGCTCCATAGCCCTGCTGCAGTTTCGTCCTGTATACCAGGTTCACCTACTACCATATCTAGCCCTGCCTGCCTTAAGAGTAGCAACAAGGAAATAGCAGGGTGTAGAGGGATCTCCTGTCTGACAGGAGGCAAGAAGACAGATTCTTACCCCTCCATTTCTCTTTTATCCCTCTCTGGTCCTCAGAGAGTCAGTCCTTCCCAAATGTCTTCCCCCTCGTCTCCTGCGAGAGCCCCCTGTCTGATAAGAATCTGGTGGCCATGGGCTGCCTGGCCCGGGACTTCCTGCCCAGCACCATTTCCTTCACCTGGAACTACCAGAACAACACTGAAGTCATCCAGGGTATCAGAACCTTCCCAACACTGAGGACAGGGGGCAAGTACCTAGCCACCTCGCAGGTGTTGCTGTCTCCCAAGAGCATCCTTGAAGGTTCAGATGAATACCTGGTATGCAAAATCCACTACGGAGGCAAAAACAGAGATCTGCATGTGCCCATTCCAGGTAAGAACCAAACCCTCCCAGCAGGGGTGCCCAGGCCCAGGCATGGCCCAGAGGGAGCAGCGGGTGGGGCTTAGGCCAAGCTGAGCTCACACCTTGACCTTTCATTCCAGCTGTCGCAGAGATGAACCCCAATGTAAATGTGTTCGTCCCACCACGGGATGGCTTCTCTGGCCCTGCACCACGCAAGTCTAAACTCATCTGCGAGGCCACGAACTTCACTCCAAAACCGATCACAGTATCCTGGCTAAAGGATGGGAAGCTCGTGGAATCTGGCTTCACCACAGATCCGGTGACCATCGAGAACAAA**GGATCC**ACACCCCAAACCTACAAGGTCATAAGCACACTTACCATCTCTGAAATCGACTGGCTGAACCTGAATGTGTACACCTGCCGTGTGGATCACAGGGGTCTCACCTTCTTGAAGAACGTGTCCTCCACATGTGCTGCCAGTGAGTGGCCTGGGATAAGCCCAATGCCTAGCCCTCCCAGATTAGGGAAGTCCTCCTACAATTATGGCCAATGCCACCCAGACATGGTCATTTGCTCCTTGAACTTTGGCTCCCCAGAGTGGCCAAGGACAAGAATGAGCAATAGGCAGTAGAGGGGTGAGAATCAGCTGGAAGGACCAGCATCTTCCCTTAAGTAGGTTTGGGGGATGGAGACTAAGCTTTTTTCCAACTTCACAACTAGATATGTCATAACCTGACACAGTGTTCTCTTGACTGCAGGTCCCTCCACAGACATCCTAACCTTCACCATCCCCCCCTCCTTTGCCGACATCTTCCTCAGCAAGTCCGCTAACCTGACCTGTCTGGTCTCAAACCTGGCAACCTATGAAACCCTGAATATCTCCTGGGCTTCTCAAAGTGGTGAACCACTGGAAACCAAAATTAAAATCATGGAAAGCCATCCCAATGGCACCTTCAGTGCTAAGGGTGTGGCTAGTGTTTGTGTGGAAGACTGGAATAACAGGAAGGAATTTGTGTGTACTGTGACTCACAGGGATCTGCCTTCACCACAGAAGAAATTCATCTCAAAACCCAATGGTAGGTATCCCCCCTTCCCTTCCCCTCCAATTGCAGGACCCTTCCTGTACCTCATAGGGAGGGCAGGTCCTCTTCCACCCTATCCTCACTACTGTCTTCATTTACAGAGGTGCACAAACATCCACCTGCTGTGTACCTGCTGCCACCAGCTCGTGAGCAACTGAACCTGAGGGAGTCAGCCACAGTCACCTGCCTGGTGAAGGGCTTCTCTCCTGCAGACATCAGTGTGCAGTGGCTTCAGAGAGGGCAACTCTTGCCCCAAGAGAAGTATGTGACCAGTGCCCCGATGCCAGAGCCTGGGGCCCCAGGCTTCTACTTTACCCACAGCATCCTGACTGTGACAGAGGAGGAATGGAACTCCGGAGAGACCTATACCTGTGTTGTAGGCCACGAGGCCCTGCCACACCTGGTGACCGAGAGGACCGTGGACAAGTCCACTGGTAAACCCACACTGTACAATGTCTCCCTGATCATGTCTGACACAGGCGGCACCTGCTATTGACCATGCTAGCGCTCAACCAGGCAGGCCCTGGGTGTCCAGTTGCTCTGTGTATGCAAACTAACCATGTCAGAGTGAGATGTTGCATTTTATAAAAATTAGAAATAAAAAAAATCCATTCAAACGTCACTGGTTTTGATTATACAATGCTCATGCCTGCTGAGACAGTTGTGTTTTGCTTGCTCTGCACACACCCTGCATACTTGCCTCCACCCTGGCCCTTCCTCTACCTTGCCAGTTTCCTCCTTGTGTGTGAACTCAGTCAGGCTTACAACAGACAGAGTATGAACATGCGATTCCTCCAGCTACTTCTTGATATATGGCTGAAAGCTTGCCTAACCTGGTGCAGGCAGCATTCAGGCACATATATAGACACACATGCATTTATACATAGATATATAGGTACACATGTGTAGACACATACATGAATGTGTATTCATGGACACACAGACAAAGGTACACATATATACACATGAGTTCATGCGCACACACATGCATGGACACTTACAAACGCCTTCAGAGACAAATAGGCATAGACACACAACCACTCACAGAAACAGATACCAATATGCATGGTCCTGTGTACACAGAAACAGACTATAGGCAAATATACACAAATAAACTATATAGATACAAAGATATGCATATACACACATGTACAGAAACATCTTCACATGTGTACACTAACATGTGGACAGGTATAGCACACAGATACACCTGGACTCTGACCAGGGCTGTAATCTCCAAGGCTCACGGCTCAGAGAGCCTACACTAGGCTGGGTCACTGATACTCCTCAGGAGCCCACTCTATGATTGGGAGAGATAACCCCAGGTACAAAGTATGCCTATCTGTCTCAACACCATGGGGCAGAAGATACTCCACTAACCACCCATGACAGAAAGTTAGCCTTGGCTGTGTCTCCATTAATAGAACACCTCAGAAGACCAATGTGAAATTGCCTAACCCACTCACACCCACCCTGATCTCCAGTTCAAAATGCAGAAAACATAATGCAGTTGTCCAAAAGATGCCCCAACCACACACACACACACACACACACACACACACACACACACACACACACACATACACACACACACACCATCAAGGAGCCTCTGTAAGGAGTCACCACCCAATAACACTGCCTCTTTGGGCTCATATCCTGGACATTCTTCATATTCATATCCATTTGGGGCCTAGGCTTTAGATATCCCCAAGGGCTCATCTTTACAGGGATCAGAGATCCCAATAAATGCCCTGGTCCCACAGCCTCCCTCAGGTATCTGTCTGTTTATCTCTT***GGTACC***AAGACCCAACATTGCTGGCAGGGGTAGGACAAGCAACGCACGGGAACTCTGATCAAAGAAAGTCATGAGATGCCTGAGTCCTTCAGGAAGTAAGGAGGGACAACCTCTGGTATCCCTGTTCTTATTGCTAAAGCCCAAGAGACAGGGAGACCTGCTCTAAATTCTCAGTCTAAACAGCACCGATGGCACCACCTGCTCAGAGAAAGTCCAGAGCACACCAATATCATTTTGCCACAGTTCCTGAGTCTGCCTTTACCCAGGTCCATACATTGCATCTGTCTTGCTTGCTCTGCTGCCCCAGGGCTCCTGGAACAAAGGCTCCAAATTAGTGTGTCCTACAGCTTGGCCTGTTCTGTGCCTCCGTCTAGCTTGAGCTATTAGGGGACCAGTCAATACTCGCTAAGATTCTCCAGAACCATCAGGGCACCCCAACCCTTATGCAAATGCTCAGTCACCCCAAGACTTGGCTTGACCCTCCCTCTCTGTGTCCCTTCATAGAGGGGGAGGTGAATGCTGAGGAGGAAGGCTTTGAGAACCTGTGGACCACTGCCTCCACCTTCATCGTCCTCTTCCTCCTGAGCCTCTTCTACAGCACCACCGTCACCCTGTTCAAGGTAGTATGGTTGTGGGGCTGAGGACACAGGGCTGGGACAGGGAGTCACCAGTCCTCACTGCCTCTACCTCTACTCCCTACAAGTGGACAGCAATTCACACTGTCTCTGTCACCTGCAGGTGAAATGACTCTCAGCATGGAAGGACAGCAGAGACCAAGAGATCCTCCCACAGGGACACTACCTCTGGGCCTGGGATACCTGACTGTATGACTAGTAAACTTATTCTTACGTCTTTCCTGTGTTGCCCTCCAGCTTTTATCTCTGAGATGGTCTTCTTTCTAGACTGACCAAAGACTTTTTGTCAACTTGTACAATCTGAAGCAATGTCTGGCCCACAGACAGCTGAGCTGTAAACAAATGTCACATGGAAATAAATACTTTATCTTGTGAACTCACTTTATTGTGAAGGAATTTGTTTTGTTTTTCAAACCTTTCCTGCGGTGTTGACAGCCCAAGGATTATCTGAATAGAGCTTAGGAACTGGAAATGGAACAGTGCAGTCTGATGGTACTTAAGGGAGAAAGAGGGAAAGGAGGTGTGGAAGAAGAAAAAAGAGAAGCAGAGGGGGAGGGGAGAAGGGAGAGGGAGAGGGAGAGGGAGAGGGAGAGGGAGAGGGAGAGGGAGAGAGAGAG**AGAGAGAGAGAGAGAGA**GAGAGAGAGAGAGAGCGA

Mus musculus immunoglobulin heavy chain locus constant region and partial variable region, strain 129S1 Sequence ID: [AJ851868.3](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucleotide/AJ851868.3?report=genbank&log$=nuclalign&blast_rank=1&RID=181KMY8K013)Length: 1593281Number of Matches: 2

Range 2: 1414790 to 1419375[GenBank](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucleotide/AJ851868.3?report=genbank&log$=nuclalign&blast_rank=1&RID=181KMY8K013&from=1414790&to=1419375)[Graphics](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/AJ851868.3?report=graph&rid=181KMY8K013%5bAJ851868.3%5d&tracks=%5bkey:sequence_track,name:Sequence,display_name:Sequence,id:STD1,category:Sequence,annots:Sequence,ShowLabel:true%5d%5bkey:gene_model_track,CDSProductFeats:false%5d%5bkey:alignment_track,name:other%20alignments,annots:NG%20Alignments|Refseq%20Alignments|Gnomon%20Alignments|Unnamed,shown:false%5d&v=1414561:1419604&appname=ncbiblast&link_loc=fromHSP) Next Match Previous Match [First Match](https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi#hsp126349412_1)

|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| Alignment statistics for match #2 | | | | |
| **Score** | **Expect** | **Identities** | **Gaps** | **Strand** |
| 7991 bits(4327) | 0.0 | 4506/4592(98%) | 14/4592(0%) | Plus/Plus |

Query 1 GTAAGCTGGCTTTTTTCTTTCTGCACATTCCATTCTGAAACGGGAAAAGATATTCTCAGA 60

|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||

Sbjct 1414790 GTAAGCTGGCTTTTTTCTTTCTGCACATTCCATTCTGAAATGGGAAAAGATATTCTCAGA 1414849

Query 61 TCTCCCCATGTCAGGCCATCTGCCACACTCTGCATGCTGCAGAAGCTTTTCTGTAAGGAT 120

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1414850 TCTCCCCATGTCAGGCCATCTGCCACACTCTGCATGCTGCAGAAGCTTTTCTGTAAGGAT 1414909

Query 121 AGGGTCTTCACTCCCAGGAAAAGAGGCAGTCAGAGGCTAGCTGCCTGTGGAACAGTGACA 180

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1414910 AGGGTCTTCACTCCCAGGAAAAGAGGCAGTCAGAGGCTAGCTGCCTGTGGAACAGTGACA 1414969

Query 181 ATCATGGAAAATAGGCATTTACATTGTTAGGCTACATGGGTAGATGGGTTTTTGTACACC 240

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1414970 ATCATGGAAAATAGGCATTTACATTGTTAGGCTACATGGGTAGATGGGTTTTTGTACACC 1415029

Query 241 CACTAAAGGGGTCTATGATAGTGTGACTACTTTGACTACTGGGGCCAAGGCACCACTCTC 300

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1415030 CACTAAAGGGGTCTATGATAGTGTGACTACTTTGACTACTGGGGCCAAGGCACCACTCTC 1415089

Query 301 ACAGTCTCCTCAGGTGAGTCCTTACAACCTCTCTCTTCTATTCAGCTTAAATAGATTTTA 360

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1415090 ACAGTCTCCTCAGGTGAGTCCTTACAACCTCTCTCTTCTATTCAGCTTAAATAGATTTTA 1415149

Query 361 CTGCATTTGTTgggggggAAATGTGTGTATCTGAATTTCAGGTCATGAAGGACTAGGGAC 420

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1415150 CTGCATTTGTTGGGGGGGAAATGTGTGTATCTGAATTTCAGGTCATGAAGGACTAGGGAC 1415209

Query 421 ACCTTGGGAGTCAGAAAGGGTCATTGGGAGCCCTGGCTGACGCAGACAGACATCCTCAGC 480

|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||

Sbjct 1415210 ACCTTGGGAGTCAGAAAGGGTCATTGGGAGCCCTGGCTGATGCAGACAGACATCCTCAGC 1415269

Query 481 TCCCATACTTCATGGCCAGAGATTTATAGGGATCCTGGCCAGCATTGCCGCTAGGTCCCT 540

||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1415270 TCCCAGACTTCATGGCCAGAGATTTATAGGGATCCTGGCCAGCATTGCCGCTAGGTCCCT 1415329

Query 541 CTCTTCTATGCTTTCTTTGTCCCTCACTGGCCTCCATCTGAGATCATCCTGGAGCCCTAG 600

|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||

Sbjct 1415330 CTCTTCTATGCTTTCTTTGTCCCTCACTGGCCTCCATCTGAGATAATCCTGGAGCCCTAG 1415389

Query 601 CCAAGGATCATTTATTGTCAGGGGTCTAATCATTGTTGTCACAATGTGCCTGGTTTGCTT 660

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1415390 CCAAGGATCATTTATTGTCAGGGGTCTAATCATTGTTGTCACAATGTGCCTGGTTTGCTT 1415449

Query 661 ACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACTGTCTCTGCAGGTGAGTCCTAACTTCTCCCATTCT 720

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1415450 ACTGGGGCCAAGGGACTCTGGTCACTGTCTCTGCAGGTGAGTCCTAACTTCTCCCATTCT 1415509

Query 721 AAATGCATGTTGGGGGGATTCTGGGCCTTCAGGACCAAGATTCTCTGCAAACGGGAATCA 780

||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1415510 AAATGCATGTTGGGGGGATTCTGAGCCTTCAGGACCAAGATTCTCTGCAAACGGGAATCA 1415569

Query 781 AGATTCAACCCCTTTGTCCCAAAGTTGAGACATGGGTCTGGGTCAGGGACTCTCTGCCTG 840

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1415570 AGATTCAACCCCTTTGTCCCAAAGTTGAGACATGGGTCTGGGTCAGGGACTCTCTGCCTG 1415629

Query 841 CTGGTCTGTGGTGACATTAGAACTGAAGTATGATGAAGGATCTGCCAGAACTGAAGCTTG 900

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1415630 CTGGTCTGTGGTGACATTAGAACTGAAGTATGATGAAGGATCTGCCAGAACTGAAGCTTG 1415689

Query 901 AAGTCTGAGGTAGAATCTTGTCCAGGGTCTATCGGACTCTTGTGAGAATTAGGGGCTGAC 960

|||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1415690 AAGTCTGAGGCAGAATCTTGTCCAGGGTCTATCGGACTCTTGTGAGAATTAGGGGCTGAC 1415749

Query 961 AGTTGATGGTGACAATTTCAGGGTCAGTGACTGTCTGGTTTCTCTGAGGTGAGGCTGGAA 1020

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1415750 AGTTGATGGTGACAATTTCAGGGTCAGTGACTGTCTGGTTTCTCTGAGGTGAGGCTGGAA 1415809

Query 1021 TATAGGTCACCTTGAAGACTAAAGAGGGGTCCA-GGGGCTTCTGCACAGGCAGGGAACAG 1079

|||||||||||||||||||| |||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1415810 TATAGGTCACCTTGAAGACTTAAGAGGGGTCCAGGGGGCTTCTGCACAGGCAGGGAACAG 1415869

Query 1080 AATGTGGAACAATGACTTGAATGGTTGATTCTTGTGTGACACCAGGAATTGGCATAATGT 1139

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1415870 AATGTGGAACAATGACTTGAATGGTTGATTCTTGTGTGACACCAGGAATTGGCATAATGT 1415929

Query 1140 CTGAGTTGCCCAGGGGTGATTCTAGTCAGACTCTGGGGTTTTTGTCGGGTATAGAGGAAA 1199

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1415930 CTGAGTTGCCCAGGGGTGATTCTAGTCAGACTCTGGGGTTTTTGTCGGGTATAGAGGAAA 1415989

Query 1200 AATCCACTATTGTGATTACTATGCTATGGACTACTGGGGTCAAGGAACCTCAGTCACCGT 1259

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1415990 AATCCACTATTGTGATTACTATGCTATGGACTACTGGGGTCAAGGAACCTCAGTCACCGT 1416049

Query 1260 CTCCTCAGGTAAGAATGGCCTCTCCAGGTCTTTATTTTTAACCTTTGTTATGGAGTTTTC 1319

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1416050 CTCCTCAGGTAAGAATGGCCTCTCCAGGTCTTTATTTTTAACCTTTGTTATGGAGTTTTC 1416109

Query 1320 TGAGCATTGCAGACTAATCTTGGATATTTGTCCCTGAGGGAGCCGGCTGAGAGAAGTTGG 1379

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1416110 TGAGCATTGCAGACTAATCTTGGATATTTGTCCCTGAGGGAGCCGGCTGAGAGAAGTTGG 1416169

Query 1380 GAAATAAACTGTCTAGGGATCTCAGAGCCTTTAGGACAGATTATCTCCACATCTTTGAAA 1439

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1416170 GAAATAAACTGTCTAGGGATCTCAGAGCCTTTAGGACAGATTATCTCCACATCTTTGAAA 1416229

Query 1440 AACTAAGAATCTGTGTGATGGTGTTGGTGGAGTCCCTGGATGATGGGATAGGGACTTTGG 1499

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1416230 AACTAAGAATCTGTGTGATGGTGTTGGTGGAGTCCCTGGATGATGGGATAGGGACTTTGG 1416289

Query 1500 AGGCTCATTTGAAGAAGATGCTAAAACAATCCTATGGCTGGAGGGATAGTTGGGGCTGTA 1559

|||||||||||| | |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1416290 AGGCTCATTTGAGGGAGATGCTAAAACAATCCTATGGCTGGAGGGATAGTTGGGGCTGTA 1416349

Query 1560 GTTGGAGATTTTCAGTTTTTAGAATAAAAGTATTAGTTGTGGAATATACTTCAGGACCAC 1619

|||||||||||||||||||||||||||||||||||| || ||||||||||||||||||||

Sbjct 1416350 GTTGGAGATTTTCAGTTTTTAGAATAAAAGTATTAGCTGCGGAATATACTTCAGGACCAC 1416409

Query 1620 CTCTGTGACAGCATTTATACAGTATCCGATGCATAGGGACAAAGAGTGGAGTGGGGCACT 1679

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1416410 CTCTGTGACAGCATTTATACAGTATCCGATGCATAGGGACAAAGAGTGGAGTGGGGCACT 1416469

Query 1680 TTCTTTAGATTTGTGAGGAATGTTCCGCACTAGATTGTTTAAAACTTCATTTGTTGGAAG 1739

|||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1416470 TTCTTTAGATTTGTGAGGAATGTTCCACACTAGATTGTTTAAAACTTCATTTGTTGGAAG 1416529

Query 1740 GAGAGCTGTCTTAGTGATTGAGTCAAGGGAGAAAGGCATCTAGCCTCGGTCTCAAAAGGG 1799

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1416530 GAGAGCTGTCTTAGTGATTGAGTCAAGGGAGAAAGGCATCTAGCCTCGGTCTCAAAAGGG 1416589

Query 1800 TAGTTGCTGTCTAGAGAGGTCTGGTGGAGCCTGCAAAAGTCCAGCTTTCAAAGGAACACA 1859

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1416590 TAGTTGCTGTCTAGAGAGGTCTGGTGGAGCCTGCAAAAGTCCAGCTTTCAAAGGAACACA 1416649

Query 1860 GAAGTATGTGTATGGAATATTAGAAGATGTTGCTTTTACTCTTAAGTTGGTTCCTAGGAA 1919

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1416650 GAAGTATGTGTATGGAATATTAGAAGATGTTGCTTTTACTCTTAAGTTGGTTCCTAGGAA 1416709

Query 1920 AAATAGTTAAATACTGTGACTTTAAAATGTGAGAGGGTTTTCAAGTACTCAtttttttAA 1979

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1416710 AAATAGTTAAATACTGTGACTTTAAAATGTGAGAGGGTTTTCAAGTACTCATTTTTTTAA 1416769

Query 1980 ATGTCCAAAATTCTTGTCAATCAGTTTGAGGTCTTGTTTGTGTAGAACTGATATTACTTA 2039

|||||||||||| |||||||||| ||||||||||||||||||||||||||| ||||||||

Sbjct 1416770 ATGTCCAAAATTTTTGTCAATCAATTTGAGGTCTTGTTTGTGTAGAACTGACATTACTTA 1416829

Query 2040 AAGTTTAACCGAGGAATGGGAGTGAGGCTCTCTCATAACCTATTCAGAACTGACTTTTAA 2099

||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||

Sbjct 1416830 AAGTTTAACCGAGGAATGGGAGTGAGGCTCTCTCATACCCTATTCAGAACTGACTTTTAA 1416889

Query 2100 CAATAATAAATTAAGTTTCAAATATTTTTAAATGAATTGAGCAATGTTGAGTTGGAGTCA 2159

|||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1416890 CAATAATAAATTAAGTTTAAAATATTTTTAAATGAATTGAGCAATGTTGAGTTGGAGTCA 1416949

Query 2160 AGATGGCCGATCAGAACCAGAACACCTGCAGCAGCTGGCAGGAAGCAGGTCATGTGGCAA 2219

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1416950 AGATGGCCGATCAGAACCAGAACACCTGCAGCAGCTGGCAGGAAGCAGGTCATGTGGCAA 1417009

Query 2220 GGCTATTTGGGGAAGGGAAAATAAAACCACTAGGTAAACTTGTAGCTGTGGTTTGAAGAA 2279

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1417010 GGCTATTTGGGGAAGGGAAAATAAAACCACTAGGTAAACTTGTAGCTGTGGTTTGAAGAA 1417069

Query 2280 GTGGTTTTGAAACACTCTGTCCAGCCCCACCAAACCGAAAGTCCAGGCTGAGCAAAACAC 2339

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1417070 GTGGTTTTGAAACACTCTGTCCAGCCCCACCAAACCGAAAGTCCAGGCTGAGCAAAACAC 1417129

Query 2340 CACCTGGGTAATTTGCATTTCTAAAATAAGTTGAGGATTCAGCCGAAACTGGAGAGGTCC 2399

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1417130 CACCTGGGTAATTTGCATTTCTAAAATAAGTTGAGGATTCAGCCGAAACTGGAGAGGTCC 1417189

Query 2400 TCTTTTAACTTATTGAGTTCAACCTTTTAATTTTAGCTTGAGTAGTTCTAGTTTCCCCAA 2459

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1417190 TCTTTTAACTTATTGAGTTCAACCTTTTAATTTTAGCTTGAGTAGTTCTAGTTTCCCCAA 1417249

Query 2460 ACTTAAGTTTATCGACTTCTAAAATGTATTTAGAATTCATTTTCAAAATTAGGTTATGTA 2519

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1417250 ACTTAAGTTTATCGACTTCTAAAATGTATTTAGAATTCATTTTCAAAATTAGGTTATGTA 1417309

Query 2520 AGAAATTGAAGGACTTTAGTGTCTTTAATTTCTAATATATTTAGAAAACTTCTTAAAATT 2579

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1417310 AGAAATTGAAGGACTTTAGTGTCTTTAATTTCTAATATATTTAGAAAACTTCTTAAAATT 1417369

Query 2580 ACTCTATTATTCTTCCCTCTGATTATTGGTCTCCATTCAATTCTTTTCCAATACCCGAAG 2639

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1417370 ACTCTATTATTCTTCCCTCTGATTATTGGTCTCCATTCAATTCTTTTCCAATACCCGAAG 1417429

Query 2640 CATTTACAGTGACTTTGTTCATGATCTTTTTTAGTTGTTTGTTTTGCCTTACTATTAAGA 2699

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1417430 CATTTACAGTGACTTTGTTCATGATCTTTTTTAGTTGTTTGTTTTGCCTTACTATTAAGA 1417489

Query 2700 CTTTGACATTCTGGTCAAAACGGCTTCACAAATCTTTTTCAAGACCACTTTCTGAGTATT 2759

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1417490 CTTTGACATTCTGGTCAAAACGGCTTCACAAATCTTTTTCAAGACCACTTTCTGAGTATT 1417549

Query 2760 CATTTTAGGAGAAATACtttttttttAAATGAATGCAATTATCTAGACTTATTTCGGTTG 2819

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1417550 CATTTTAGGAGAAATACTTTTTTTTTAAATGAATGCAATTATCTAGACTTATTTCGGTTG 1417609

Query 2820 AACATGCTGGTTGGTGGTTGAGAGGACACTCAGTCAGTCAGTGGCGTGAAGGGCTTCTAA 2879

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1417610 AACATGCTGGTTGGTGGTTGAGAGGACACTCAGTCAGTCAGTGGCGTGAAGGGCTTCTAA 1417669

Query 2880 GCCAGTCCACATGCTCTGTGTGAACTCCCTCTGGCCCTGCTTATTGTTGAATGGGCCAAA 2939

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1417670 GCCAGTCCACATGCTCTGTGTGAACTCCCTCTGGCCCTGCTTATTGTTGAATGGGCCAAA 1417729

Query 2940 GGTCTGAGACCAGGCTGCTGCTGGGTAGGCCTGGACTTTGGGTCTCCCACCCAGACCTGG 2999

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1417730 GGTCTGAGACCAGGCTGCTGCTGGGTAGGCCTGGACTTTGGGTCTCCCACCCAGACCTGG 1417789

Query 3000 GAATGTATGGTTGTGGCTTCTGCCACCCATCCACCTGGCTGCTCATGGACCAGCCAGCCT 3059

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1417790 GAATGTATGGTTGTGGCTTCTGCCACCCATCCACCTGGCTGCTCATGGACCAGCCAGCCT 1417849

Query 3060 CGGTGGCTTTGAAGGAACAATTCCACACAAAGACTCTGGACCTCTCCGAAACCAGGCACC 3119

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1417850 CGGTGGCTTTGAAGGAACAATTCCACACAAAGACTCTGGACCTCTCCGAAACCAGGCACC 1417909

Query 3120 GCAAATGGTAAGCCAGAGGCAGCCACAGCTGTGGCTGCTGCTCTTAAAGCTTGTAAACTG 3179

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1417910 GCAAATGGTAAGCCAGAGGCAGCCACAGCTGTGGCTGCTGCTCTTAAAGCTTGTAAACTG 1417969

Query 3180 TTTCTGCTTAAGAGGGACTGAGTCTTCAGTCATTGCTTTAGGGGGAGAAAGAGACATTTG 3239

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1417970 TTTCTGCTTAAGAGGGACTGAGTCTTCAGTCATTGCTTTAGGGGGAGAAAGAGACATTTG 1418029

Query 3240 TGTGTCTTTTGAGTACCGTTGTCTGGGTCACTCACATTTAACTTTCCTTGAAAAACTAGT 3299

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1418030 TGTGTCTTTTGAGTACCGTTGTCTGGGTCACTCACATTTAACTTTCCTTGAAAAACTAGT 1418089

Query 3300 AAAAGAAAAATGTTGCCTGTTAACCAATAATCATAGAGCTCATGGTATTTTGAGGAAATC 3359

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1418090 AAAAGAAAAATGTTGCCTGTTAACCAATAATCATAGAGCTCATGGTATTTTGAGGAAATC 1418149

Query 3360 TTAGAAAACGTGTATACAATTGTCTGGAATTATTTCAGTTAAGTGTATTAGTTGAGGTAC 3419

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1418150 TTAGAAAACGTGTATACAATTGTCTGGAATTATTTCAGTTAAGTGTATTAGTTGAGGTAC 1418209

Query 3420 TGATGCTGTCTCTACTTCAGTTATACATGTGGGTTTGAATTTTGAATCTATTCTGGCTCT 3479

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1418210 TGATGCTGTCTCTACTTCAGTTATACATGTGGGTTTGAATTTTGAATCTATTCTGGCTCT 1418269

Query 3480 TCTTAAGCAGAAAATTTAGATAAAATGGATACCTCAGTGGTTTTTAATGGTGGGTTTAAT 3539

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1418270 TCTTAAGCAGAAAATTTAGATAAAATGGATACCTCAGTGGTTTTTAATGGTGGGTTTAAT 1418329

Query 3540 ATAGAAGGAATTTAAATTGGAAGCTAATTTAGAATCAGTAAGGAGGGACCCAGGCTAAGA 3599

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1418330 ATAGAAGGAATTTAAATTGGAAGCTAATTTAGAATCAGTAAGGAGGGACCCAGGCTAAGA 1418389

Query 3600 AGGCAATCCTGGGATTCTGGAAGAAAAGATGTTTTTAGTTTTTATAGAAAACACTACTAC 3659

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1418390 AGGCAATCCTGGGATTCTGGAAGAAAAGATGTTTTTAGTTTTTATAGAAAACACTACTAC 1418449

Query 3660 ATTCTTGATCTACAACTCAATGTGGTTTAATGAATTTGAAGTTGCCAGTAAATGTACTTC 3719

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1418450 ATTCTTGATCTACAACTCAATGTGGTTTAATGAATTTGAAGTTGCCAGTAAATGTACTTC 1418509

Query 3720 CTGGTTGTTAAAGAATGGTATCAAAGGACAGTGCTTAGATCCAAGGTGAGTGTGAGAGGA 3779

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1418510 CTGGTTGTTAAAGAATGGTATCAAAGGACAGTGCTTAGATCCAAGGTGAGTGTGAGAGGA 1418569

Query 3780 CAGGGGCTGGGGTATGGATACGCAGAA-GAAGGCCACAGCTGTACAGAATTGAGAAAGAA 3838

||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1418570 CAGGGGCTGGGGTATGGATACGCAGAAGGAAGGCCACAGCTGTACAGAATTGAGAAAGAA 1418629

Query 3839 TAGAGACCTGCAGTTGAGGCCAGCAGGTCGGCTGGACTAACTCTCCAGCCACAGTAATGA 3898

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1418630 TAGAGACCTGCAGTTGAGGCCAGCAGGTCGGCTGGACTAACTCTCCAGCCACAGTAATGA 1418689

Query 3899 CCCAGACAGAGAAGGCCAGACTCATAAAGCTTGCTGAGCAAAATTAAGGGAACAAGGTTG 3958

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1418690 CCCAGACAGAGAAGGCCAGACTCATAAAGCTTGCTGAGCAAAATTAAGGGAACAAGGTTG 1418749

Query 3959 AGAGCCCTAGTAAGCGAGGCTCTAAAAAGCATGGCTGAGCTGAGATGGGTGGGCTTCTCT 4018

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1418750 AGAGCCCTAGTAAGCGAGGCTCTAAAAAGCATGGCTGAGCTGAGATGGGTGGGCTTCTCT 1418809

Query 4019 GAGCGCTTCTAAAATGCGCTAAACTGAGGTGATTACTCTGAGGTAAGCAAAGCTGGGCTT 4078

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1418810 GAGCGCTTCTAAAATGCGCTAAACTGAGGTGATTACTCTGAGGTAAGCAAAGCTGGGCTT 1418869

Query 4079 GAGCCAAAATGAAGTAGACTGTAATGAACTGGAATGAGCTGGGCCGCTAAGCTAAACTAG 4138

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1418870 GAGCCAAAATGAAGTAGACTGTAATGAACTGGAATGAGCTGGGCCGCTAAGCTAAACTAG 1418929

Query 4139 GCTGGCTTAACCGAGATGAGCCAAACTGGAATGAACTTCATTAATCTAGGTTGAATAGAG 4198

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1418930 GCTGGCTTAACCGAGATGAGCCAAACTGGAATGAACTTCATTAATCTAGGTTGAATAGAG 1418989

Query 4199 CTAAACTCTACTGCCTACACTGGACTGTTCTGAGCTGAGATGAGCTGGGGTGAGCTCAGC 4258

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1418990 CTAAACTCTACTGCCTACACTGGACTGTTCTGAGCTGAGATGAGCTGGGGTGAGCTCAGC 1419049

Query 4259 TATGCTACGCTGTGTTGGGGTGAGCTGATCTGAAATGAGCTACTctggagtagctgagat 4318

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1419050 TATGCTACGCTGTGTTGGGGTGAGCTGATCTGAAATGAGCTACTCTGGAGTAGCTGAGAT 1419109

Query 4319 ggggtgagatggggtgagctgagctgggctgagctggactgagctgagctggggtcagct 4378

|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||| ||||

Sbjct 1419110 GGGGTGAGATGGGGTGAGCTGAGCTGGGCTGAGCTGGACTGAGCTGAGCTAGGGTGAGCT 1419169

Query 4379 gagcaagagtgagtagagctg-gctggCCAGAACCAGAATCAATTAGGCTAAGTGAGCCA 4437

|||| | ||||| ||||| ||||| || | || | | || | | ||||| |

Sbjct 1419170 GAGCTGG-GTGAGCTGAGCTAAGCTGGGGTGAGCT-GAG-C--TGAGCTTGACTGAGCTA 1419224

Query 4438 GATTGCGCTGGGATCAGCTGTACTCAGATGAGCTGGGATGAGGTAGGCTGGGATGAGCTG 4497

| || ||||| | ||||| | || ||||||| | || |||| ||||||||||||||

Sbjct 1419225 GGGTGAGCTGGACTGAGCTGGGGTGAGCTGAGCTGAGCTGGGGTAAGCTGGGATGAGCTG 1419284

Query 4498 GGCT-AGCTGACATG-GATTATGTGAGGCTGAGCTAGCATGGGCTGGCCT-AGCTGA--T 4552

|| | |||||| || | | ||||| ||||||| | || ||||| | ||||| |

Sbjct 1419285 GGGTGAGCTGAGCTGAGCTGGAGTGAG-CTGAGCTGGGCTGAGCTGGGGTGAGCTGGGCT 1419343

Query 4553 GAGCTAAGCTTGAATGAACGGGGCTGAGCTGG 4584

| ||| |||| | ||| | ||||||||||||

Sbjct 1419344 GGGCTGAGCTGGGGTGAGCTGGGCTGAGCTGG 1419375

Range 1: 1422080 to 1427984[GenBank](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucleotide/AJ851868.3?report=genbank&log$=nuclalign&blast_rank=1&RID=181KMY8K013&from=1422080&to=1427984)[Graphics](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/AJ851868.3?report=graph&rid=181KMY8K013%5bAJ851868.3%5d&tracks=%5bkey:sequence_track,name:Sequence,display_name:Sequence,id:STD1,category:Sequence,annots:Sequence,ShowLabel:true%5d%5bkey:gene_model_track,CDSProductFeats:false%5d%5bkey:alignment_track,name:other%20alignments,annots:NG%20Alignments|Refseq%20Alignments|Gnomon%20Alignments|Unnamed,shown:false%5d&v=1421785:1428279&appname=ncbiblast&link_loc=fromHSP) Next Match Previous Match

|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| Alignment statistics for match #1 | | | | |
| **Score** | **Expect** | **Identities** | **Gaps** | **Strand** |
| 10787 bits(5841) | 0.0 | 5887/5908(99%) | 8/5908(0%) | Plus/Plus |

Query 4315 agatggggtgagatggggtgagctgagctgg---g--ctgagctggactgagctgagctg 4369

||||||| |||| || |||||| ||||||| | ||||||| | ||||||||||||

Sbjct 1422080 AGATGGGATGAGCTGTGGTGAGGGGAGCTGGATTGAACTGAGCT-GTGTGAGCTGAGCTG 1422138

Query 4370 gggtcagctgagcaagagtgagtagagctggctggCCAGAACCAGAATCAATTAGGCTAA 4429

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1422139 GGGTCAGCTGAGCAAGAGTGAGTAGAGCTGGCTGGCCAGAACCAGAATCAATTAGGCTAA 1422198

Query 4430 GTGAGCCAGATTGCGCTGGGATCAGCTGTACTCAGATGAGCTGGGATGAGGTAGGCTGGG 4489

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1422199 GTGAGCCAGATTGCGCTGGGATCAGCTGTACTCAGATGAGCTGGGATGAGGTAGGCTGGG 1422258

Query 4490 ATGAGCTGGGCTAGCTGACATGGATTATGTGAGGCTGAGCTAGCATGGGCTGGCCTAGCT 4549

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1422259 ATGAGCTGGGCTAGCTGACATGGATTATGTGAGGCTGAGCTAGCATGGGCTGGCCTAGCT 1422318

Query 4550 GATGAGCTAAGCTTGAATGAACGGGGCTGAGCTGGACTCAGATGTGCTAGACTGAGCTGT 4609

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1422319 GATGAGCTAAGCTTGAATGAACGGGGCTGAGCTGGACTCAGATGTGCTAGACTGAGCTGT 1422378

Query 4610 ACTGGATGATCTGGTGTAGGGTGATCTGGACTCAACTGGGCTGGCTGATGGGATGCCCCA 4669

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1422379 ACTGGATGATCTGGTGTAGGGTGATCTGGACTCAACTGGGCTGGCTGATGGGATGCCCCA 1422438

Query 4670 GGTTGAACTAGGCTCAGATAAGTTAGGCTGAGTAGGGCCTGGTTGAGATGGTTCGGGATG 4729

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1422439 GGTTGAACTAGGCTCAGATAAGTTAGGCTGAGTAGGGCCTGGTTGAGATGGTTCGGGATG 1422498

Query 4730 AGCTGGGAAAAGATGGACTGGGACCATGAACTGGGCTGAGCTGGGTTGGGAGACCATGAA 4789

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1422499 AGCTGGGAAAAGATGGACTGGGACCATGAACTGGGCTGAGCTGGGTTGGGAGACCATGAA 1422558

Query 4790 TTGAGCTGAACTGAGTGCAGCTGGGATAAACTGGGTTGAGCTAAGAATAGACTACCTGAA 4849

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1422559 TTGAGCTGAACTGAGTGCAGCTGGGATAAACTGGGTTGAGCTAAGAATAGACTACCTGAA 1422618

Query 4850 TTGTGCCAAACTGGGCTGGGATCAATTGGAAATTATCAGGATTTAGATGAGCCGGACTAA 4909

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1422619 TTGTGCCAAACTGGGCTGGGATCAATTGGAAATTATCAGGATTTAGATGAGCCGGACTAA 1422678

Query 4910 ACTATGCTGAGCTGGACTGGTTGGATGTGTTGAACTGGCCTGCTGCTGGGCTGGCATAGC 4969

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1422679 ACTATGCTGAGCTGGACTGGTTGGATGTGTTGAACTGGCCTGCTGCTGGGCTGGCATAGC 1422738

Query 4970 TGAGTTGAACTTAAATGAGGAAGGATGAGCAAGGCTAGCCTGCTTGCATAGAGCTGAACT 5029

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1422739 TGAGTTGAACTTAAATGAGGAAGGATGAGCAAGGCTAGCCTGCTTGCATAGAGCTGAACT 1422798

Query 5030 TTAGCCTAGCCTGAGCTGGACCAGCCTGAGCTGAGTAGGTCTAAACTGAGTTAAAAATCA 5089

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1422799 TTAGCCTAGCCTGAGCTGGACCAGCCTGAGCTGAGTAGGTCTAAACTGAGTTAAAAATCA 1422858

Query 5090 ACAGGGATAATTTAACAGCTAATTTAACAAGCCTGAGGTCTGAGATTGAATGAGCAGAGC 5149

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1422859 ACAGGGATAATTTAACAGCTAATTTAACAAGCCTGAGGTCTGAGATTGAATGAGCAGAGC 1422918

Query 5150 TGGGATGAACTGAATGAGTTTCACCAGGCCTGGACCAGTTAGGACCTCGTTCTATAGAGG 5209

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1422919 TGGGATGAACTGAATGAGTTTCACCAGGCCTGGACCAGTTAGGACCTCGTTCTATAGAGG 1422978

Query 5210 CAGACTGTGTGCTACAGTGGAGTTTCAAGATGATTCCATGAGTCCTCCCCGCCCCCAACA 5269

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1422979 CAGACTGTGTGCTACAGTGGAGTTTCAAGATGATTCCATGAGTCCTCCCCGCCCCCAACA 1423038

Query 5270 TAACCCACCTTCCTCCTACCCTACAAGCCTGTCTGGTGTGTAAATCCCAGCTTTGTGTGC 5329

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1423039 TAACCCACCTTCCTCCTACCCTACAAGCCTGTCTGGTGTGTAAATCCCAGCTTTGTGTGC 1423098

Query 5330 TGATACAGAAGCCTGAGCCCCTCCCCCACCTCCACCTACCTATTACTTTGGGATGAGAAT 5389

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1423099 TGATACAGAAGCCTGAGCCCCTCCCCCACCTCCACCTACCTATTACTTTGGGATGAGAAT 1423158

Query 5390 AGTTCTCCCAGCCAGTGTCTCAGAGGGAAGCCAAGCAGGACAGGCCCAAGGCTACTTGAG 5449

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1423159 AGTTCTCCCAGCCAGTGTCTCAGAGGGAAGCCAAGCAGGACAGGCCCAAGGCTACTTGAG 1423218

Query 5450 AAGCCAGGATCTAGGCCTCTCCCTGAGAACGGGTGTTCATGCCCCTAGAGTTGGCTGAAG 5509

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1423219 AAGCCAGGATCTAGGCCTCTCCCTGAGAACGGGTGTTCATGCCCCTAGAGTTGGCTGAAG 1423278

Query 5510 GGCCAGATCCACCTACTCTAGAGGCATCTCTCCCTGTCTGTGAAGGCTTCCAAAGTCACG 5569

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1423279 GGCCAGATCCACCTACTCTAGAGGCATCTCTCCCTGTCTGTGAAGGCTTCCAAAGTCACG 1423338

Query 5570 TTCCTGTGGCTAGAAGGCAGCTCCATAGCCCTGCTGCAGTTTCGTCCTGTATACCAGGTT 5629

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1423339 TTCCTGTGGCTAGAAGGCAGCTCCATAGCCCTGCTGCAGTTTCGTCCTGTATACCAGGTT 1423398

Query 5630 CACCTACTACCATATCTAGCCCTGCCTGCCTTAAGAGTAGCAACAAGGAAATAGCAGGGT 5689

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1423399 CACCTACTACCATATCTAGCCCTGCCTGCCTTAAGAGTAGCAACAAGGAAATAGCAGGGT 1423458

Query 5690 GTAGAGGGATCTCCTGTCTGACAGGAGGCAAGAAGACAGATTCTTACCCCTCCATTTCTC 5749

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1423459 GTAGAGGGATCTCCTGTCTGACAGGAGGCAAGAAGACAGATTCTTACCCCTCCATTTCTC 1423518

Query 5750 TTTTATCCCTCTCTGGTCCTCAGAGAGTCAGTCCTTCCCAAATGTCTTCCCCCTCGTCTC 5809

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1423519 TTTTATCCCTCTCTGGTCCTCAGAGAGTCAGTCCTTCCCAAATGTCTTCCCCCTCGTCTC 1423578

Query 5810 CTGCGAGAGCCCCCTGTCTGATAAGAATCTGGTGGCCATGGGCTGCCTGGCCCGGGACTT 5869

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1423579 CTGCGAGAGCCCCCTGTCTGATAAGAATCTGGTGGCCATGGGCTGCCTGGCCCGGGACTT 1423638

Query 5870 CCTGCCCAGCACCATTTCCTTCACCTGGAACTACCAGAACAACACTGAAGTCATCCAGGG 5929

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1423639 CCTGCCCAGCACCATTTCCTTCACCTGGAACTACCAGAACAACACTGAAGTCATCCAGGG 1423698

Query 5930 TATCAGAACCTTCCCAACACTGAGGACAGGGGGCAAGTACCTAGCCACCTCGCAGGTGTT 5989

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1423699 TATCAGAACCTTCCCAACACTGAGGACAGGGGGCAAGTACCTAGCCACCTCGCAGGTGTT 1423758

Query 5990 GCTGTCTCCCAAGAGCATCCTTGAAGGTTCAGATGAATACCTGGTATGCAAAATCCACTA 6049

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1423759 GCTGTCTCCCAAGAGCATCCTTGAAGGTTCAGATGAATACCTGGTATGCAAAATCCACTA 1423818

Query 6050 CGGAGGCAAAAACAGAGATCTGCATGTGCCCATTCCAGGTAAGAACCAAACCCTCCCAGC 6109

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1423819 CGGAGGCAAAAACAGAGATCTGCATGTGCCCATTCCAGGTAAGAACCAAACCCTCCCAGC 1423878

Query 6110 AGGGGTGCCCAGGCCCAGGCATGGCCCAGAGGGAGCAGCGGGTGGGGCTTAGGCCAAGCT 6169

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1423879 AGGGGTGCCCAGGCCCAGGCATGGCCCAGAGGGAGCAGCGGGTGGGGCTTAGGCCAAGCT 1423938

Query 6170 GAGCTCACACCTTGACCTTTCATTCCAGCTGTCGCAGAGATGAACCCCAATGTAAATGTG 6229

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1423939 GAGCTCACACCTTGACCTTTCATTCCAGCTGTCGCAGAGATGAACCCCAATGTAAATGTG 1423998

Query 6230 TTCGTCCCACCACGGGATGGCTTCTCTGGCCCTGCACCACGCAAGTCTAAACTCATCTGC 6289

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1423999 TTCGTCCCACCACGGGATGGCTTCTCTGGCCCTGCACCACGCAAGTCTAAACTCATCTGC 1424058

Query 6290 GAGGCCACGAACTTCACTCCAAAACCGATCACAGTATCCTGGCTAAAGGATGGGAAGCTC 6349

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1424059 GAGGCCACGAACTTCACTCCAAAACCGATCACAGTATCCTGGCTAAAGGATGGGAAGCTC 1424118

Query 6350 GTGGAATCTGGCTTCACCACAGATCCGGTGACCATCGAGAACAAAGGATCCACACCCCAA 6409

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1424119 GTGGAATCTGGCTTCACCACAGATCCGGTGACCATCGAGAACAAAGGATCCACACCCCAA 1424178

Query 6410 ACCTACAAGGTCATAAGCACACTTACCATCTCTGAAATCGACTGGCTGAACCTGAATGTG 6469

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1424179 ACCTACAAGGTCATAAGCACACTTACCATCTCTGAAATCGACTGGCTGAACCTGAATGTG 1424238

Query 6470 TACACCTGCCGTGTGGATCACAGGGGTCTCACCTTCTTGAAGAACGTGTCCTCCACATGT 6529

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1424239 TACACCTGCCGTGTGGATCACAGGGGTCTCACCTTCTTGAAGAACGTGTCCTCCACATGT 1424298

Query 6530 GCTGCCAGTGAGTGGCCTGGGATAAGCCCAATGCCTAGCCCTCCCAGATTAGGGAAGTCC 6589

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1424299 GCTGCCAGTGAGTGGCCTGGGATAAGCCCAATGCCTAGCCCTCCCAGATTAGGGAAGTCC 1424358

Query 6590 TCCTACAATTATGGCCAATGCCACCCAGACATGGTCATTTGCTCCTTGAACTTTGGCTCC 6649

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1424359 TCCTACAATTATGGCCAATGCCACCCAGACATGGTCATTTGCTCCTTGAACTTTGGCTCC 1424418

Query 6650 CCAGAGTGGCCAAGGACAAGAATGAGCAATAGGCAGTAGAGGGGTGAGAATCAGCTGGAA 6709

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1424419 CCAGAGTGGCCAAGGACAAGAATGAGCAATAGGCAGTAGAGGGGTGAGAATCAGCTGGAA 1424478

Query 6710 GGACCAGCATCTTCCCTTAAGTAGGTTTGGGGGATGGAGACTAAGCTTTTTTCCAACTTC 6769

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1424479 GGACCAGCATCTTCCCTTAAGTAGGTTTGGGGGATGGAGACTAAGCTTTTTTCCAACTTC 1424538

Query 6770 ACAACTAGATATGTCATAACCTGACACAGTGTTCTCTTGACTGCAGGTCCCTCCACAGAC 6829

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1424539 ACAACTAGATATGTCATAACCTGACACAGTGTTCTCTTGACTGCAGGTCCCTCCACAGAC 1424598

Query 6830 ATCCTAACCTTCACCATcccccccTCCTTTGCCGACATCTTCCTCAGCAAGTCCGCTAAC 6889

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1424599 ATCCTAACCTTCACCATCCCCCCCTCCTTTGCCGACATCTTCCTCAGCAAGTCCGCTAAC 1424658

Query 6890 CTGACCTGTCTGGTCTCAAACCTGGCAACCTATGAAACCCTGAATATCTCCTGGGCTTCT 6949

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1424659 CTGACCTGTCTGGTCTCAAACCTGGCAACCTATGAAACCCTGAATATCTCCTGGGCTTCT 1424718

Query 6950 CAAAGTGGTGAACCACTGGAAACCAAAATTAAAATCATGGAAAGCCATCCCAATGGCACC 7009

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1424719 CAAAGTGGTGAACCACTGGAAACCAAAATTAAAATCATGGAAAGCCATCCCAATGGCACC 1424778

Query 7010 TTCAGTGCTAAGGGTGTGGCTAGTGTTTGTGTGGAAGACTGGAATAACAGGAAGGAATTT 7069

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1424779 TTCAGTGCTAAGGGTGTGGCTAGTGTTTGTGTGGAAGACTGGAATAACAGGAAGGAATTT 1424838

Query 7070 GTGTGTACTGTGACTCACAGGGATCTGCCTTCACCACAGAAGAAATTCATCTCAAAACCC 7129

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1424839 GTGTGTACTGTGACTCACAGGGATCTGCCTTCACCACAGAAGAAATTCATCTCAAAACCC 1424898

Query 7130 AATGGTAGGTATCCCCCCTTCCCTTCCCCTCCAATTGCAGGACCCTTCCTGTACCTCATA 7189

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1424899 AATGGTAGGTATCCCCCCTTCCCTTCCCCTCCAATTGCAGGACCCTTCCTGTACCTCATA 1424958

Query 7190 GGGAGGGCAGGTCCTCTTCCACCCTATCCTCACTACTGTCTTCATTTACAGAGGTGCACA 7249

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1424959 GGGAGGGCAGGTCCTCTTCCACCCTATCCTCACTACTGTCTTCATTTACAGAGGTGCACA 1425018

Query 7250 AACATCCACCTGCTGTGTACCTGCTGCCACCAGCTCGTGAGCAACTGAACCTGAGGGAGT 7309

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1425019 AACATCCACCTGCTGTGTACCTGCTGCCACCAGCTCGTGAGCAACTGAACCTGAGGGAGT 1425078

Query 7310 CAGCCACAGTCACCTGCCTGGTGAAGGGCTTCTCTCCTGCAGACATCAGTGTGCAGTGGC 7369

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1425079 CAGCCACAGTCACCTGCCTGGTGAAGGGCTTCTCTCCTGCAGACATCAGTGTGCAGTGGC 1425138

Query 7370 TTCAGAGAGGGCAACTCTTGCCCCAAGAGAAGTATGTGACCAGTGCCCCGATGCCAGAGC 7429

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1425139 TTCAGAGAGGGCAACTCTTGCCCCAAGAGAAGTATGTGACCAGTGCCCCGATGCCAGAGC 1425198

Query 7430 CTGGGGCCCCAGGCTTCTACTTTACCCACAGCATCCTGACTGTGACAGAGGAGGAATGGA 7489

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1425199 CTGGGGCCCCAGGCTTCTACTTTACCCACAGCATCCTGACTGTGACAGAGGAGGAATGGA 1425258

Query 7490 ACTCCGGAGAGACCTATACCTGTGTTGTAGGCCACGAGGCCCTGCCACACCTGGTGACCG 7549

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1425259 ACTCCGGAGAGACCTATACCTGTGTTGTAGGCCACGAGGCCCTGCCACACCTGGTGACCG 1425318

Query 7550 AGAGGACCGTGGACAAGTCCACTGGTAAACCCACACTGTACAATGTCTCCCTGATCATGT 7609

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1425319 AGAGGACCGTGGACAAGTCCACTGGTAAACCCACACTGTACAATGTCTCCCTGATCATGT 1425378

Query 7610 CTGACACAGGCGGCACCTGCTATTGACCATGCTAGCGCTCAACCAGGCAGGCCCTGGGTG 7669

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1425379 CTGACACAGGCGGCACCTGCTATTGACCATGCTAGCGCTCAACCAGGCAGGCCCTGGGTG 1425438

Query 7670 TCCAGTTGCTCTGTGTATGCAAACTAACCATGTCAGAGTGAGATGTTGCATTTTATAAAA 7729

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1425439 TCCAGTTGCTCTGTGTATGCAAACTAACCATGTCAGAGTGAGATGTTGCATTTTATAAAA 1425498

Query 7730 ATTAGAAATaaaaaaaaTCCATTCAAACGTCACTGGTTTTGATTATACAATGCTCATGCC 7789

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1425499 ATTAGAAATAAAAAAAATCCATTCAAACGTCACTGGTTTTGATTATACAATGCTCATGCC 1425558

Query 7790 TGCTGAGACAGTTGTGTTTTGCTTGCTCTGCACACACCCTGCATACTTGCCTCCACCCTG 7849

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1425559 TGCTGAGACAGTTGTGTTTTGCTTGCTCTGCACACACCCTGCATACTTGCCTCCACCCTG 1425618

Query 7850 GCCCTTCCTCTACCTTGCCAGTTTCCTCCTTGTGTGTGAACTCAGTCAGGCTTACAACAG 7909

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1425619 GCCCTTCCTCTACCTTGCCAGTTTCCTCCTTGTGTGTGAACTCAGTCAGGCTTACAACAG 1425678

Query 7910 ACAGAGTATGAACATGCGATTCCTCCAGCTACTTCTTGATATATGGCTGAAAGCTTGCCT 7969

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1425679 ACAGAGTATGAACATGCGATTCCTCCAGCTACTTCTTGATATATGGCTGAAAGCTTGCCT 1425738

Query 7970 AACCTGGTGCAGGCAGCATTCAGGcacatatatagacacacatgcatttatacatagata 8029

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1425739 AACCTGGTGCAGGCAGCATTCAGGCACATATATAGACACACATGCATTTATACATAGATA 1425798

Query 8030 tataggtacacatgtgtagacacatacatGAATGTGTATTCATGGACACACAGACAAAGG 8089

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1425799 TATAGGTACACATGTGTAGACACATACATGAATGTGTATTCATGGACACACAGACAAAGG 1425858

Query 8090 TACACATATATACACATGAGTTCATGCGCACACACATGCATGGACACTTACAAACGCCTT 8149

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1425859 TACACATATATACACATGAGTTCATGCGCACACACATGCATGGACACTTACAAACGCCTT 1425918

Query 8150 CAGAGACAAATAGGCATAGACACACAACCACTCACAGAAACAGATACCAATATGCATGGT 8209

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1425919 CAGAGACAAATAGGCATAGACACACAACCACTCACAGAAACAGATACCAATATGCATGGT 1425978

Query 8210 CCTGTGTACACAGAAACAGACTATAGGCAAATATACACAAATAAACTATATAGATACAAA 8269

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1425979 CCTGTGTACACAGAAACAGACTATAGGCAAATATACACAAATAAACTATATAGATACAAA 1426038

Query 8270 GATATGCATATACACACATGTACAGAAACATCTTCACATGTGTACACTAACATGTGGACA 8329

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1426039 GATATGCATATACACACATGTACAGAAACATCTTCACATGTGTACACTAACATGTGGACA 1426098

Query 8330 GGTATAGCACACAGATACACCTGGACTCTGACCAGGGCTGTAATCTCCAAGGCTCACGGC 8389

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1426099 GGTATAGCACACAGATACACCTGGACTCTGACCAGGGCTGTAATCTCCAAGGCTCACGGC 1426158

Query 8390 TCAGAGAGCCTACACTAGGCTGGGTCACTGATACTCCTCAGGAGCCCACTCTATGATTGG 8449

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1426159 TCAGAGAGCCTACACTAGGCTGGGTCACTGATACTCCTCAGGAGCCCACTCTATGATTGG 1426218

Query 8450 GAGAGATAACCCCAGGTACAAAGTATGCCTATCTGTCTCAACACCATGGGGCAGAAGATA 8509

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1426219 GAGAGATAACCCCAGGTACAAAGTATGCCTATCTGTCTCAACACCATGGGGCAGAAGATA 1426278

Query 8510 CTCCACTAACCACCCATGACAGAAAGTTAGCCTTGGCTGTGTCTCCATTAATAGAACACC 8569

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1426279 CTCCACTAACCACCCATGACAGAAAGTTAGCCTTGGCTGTGTCTCCATTAATAGAACACC 1426338

Query 8570 TCAGAAGACCAATGTGAAATTGCCTAACCCACTCACACCCACCCTGATCTCCAGTTCAAA 8629

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1426339 TCAGAAGACCAATGTGAAATTGCCTAACCCACTCACACCCACCCTGATCTCCAGTTCAAA 1426398

Query 8630 ATGCAGAAAACATAATGCAGTTGTCCAAAAGATGCCCCAACcacacacacacacacacac 8689

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1426399 ATGCAGAAAACATAATGCAGTTGTCCAAAAGATGCCCCAACCACACACACACACACACAC 1426458

Query 8690 acacacacacacacacacacacacacacacatacacacacacacacCATCAAGGAGCCTC 8749

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1426459 ACACACACACACACACACACACACACACACATACACACACACACACCATCAAGGAGCCTC 1426518

Query 8750 TGTAAGGAGTCACCACCCAATAACACTGCCTCTTTGGGCTCATATCCTGGACATTCTTCA 8809

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1426519 TGTAAGGAGTCACCACCCAATAACACTGCCTCTTTGGGCTCATATCCTGGACATTCTTCA 1426578

Query 8810 TATTCATATCCATTTGGGGCCTAGGCTTTAGATATCCCCAAGGGCTCATCTTTACAGGGA 8869

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1426579 TATTCATATCCATTTGGGGCCTAGGCTTTAGATATCCCCAAGGGCTCATCTTTACAGGGA 1426638

Query 8870 TCAGAGATCCCAATAAATGCCCTGGTCCCACAGCCTCCCTCAGGTATCTGTCTGTTTATC 8929

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1426639 TCAGAGATCCCAATAAATGCCCTGGTCCCACAGCCTCCCTCAGGTATCTGTCTGTTTATC 1426698

Query 8930 TCTTGGTACCAAGACCCAACATTGCTGGCAGGGGTAGGACAAGCAACGCACGGGAACTCT 8989

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1426699 TCTTGGTACCAAGACCCAACATTGCTGGCAGGGGTAGGACAAGCAACGCACGGGAACTCT 1426758

Query 8990 GATCAAAGAAAGTCATGAGATGCCTGAGTCCTTCAGGAAGTAAGGAGGGACAACCTCTGG 9049

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1426759 GATCAAAGAAAGTCATGAGATGCCTGAGTCCTTCAGGAAGTAAGGAGGGACAACCTCTGG 1426818

Query 9050 TATCCCTGTTCTTATTGCTAAAGCCCAAGAGACAGGGAGACCTGCTCTAAATTCTCAGTC 9109

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1426819 TATCCCTGTTCTTATTGCTAAAGCCCAAGAGACAGGGAGACCTGCTCTAAATTCTCAGTC 1426878

Query 9110 TAAACAGCACCGATGGCACCACCTGCTCAGAGAAAGTCCAGAGCACACCAATATCATTTT 9169

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1426879 TAAACAGCACCGATGGCACCACCTGCTCAGAGAAAGTCCAGAGCACACCAATATCATTTT 1426938

Query 9170 GCCACAGTTCCTGAGTCTGCCTTTACCCAGGTCCATACATTGCATCTGTCTTGCTTGCTC 9229

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1426939 GCCACAGTTCCTGAGTCTGCCTTTACCCAGGTCCATACATTGCATCTGTCTTGCTTGCTC 1426998

Query 9230 TGCTGCCCCAGGGCTCCTGGAACAAAGGCTCCAAATTAGTGTGTCCTACAGCTTGGCCTG 9289

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1426999 TGCTGCCCCAGGGCTCCTGGAACAAAGGCTCCAAATTAGTGTGTCCTACAGCTTGGCCTG 1427058

Query 9290 TTCTGTGCCTCCGTCTAGCTTGAGCTATTAGGGGACCAGTCAATACTCGCTAAGATTCTC 9349

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1427059 TTCTGTGCCTCCGTCTAGCTTGAGCTATTAGGGGACCAGTCAATACTCGCTAAGATTCTC 1427118

Query 9350 CAGAACCATCAGGGCACCCCAACCCTTATGCAAATGCTCAGTCACCCCAAGACTTGGCTT 9409

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1427119 CAGAACCATCAGGGCACCCCAACCCTTATGCAAATGCTCAGTCACCCCAAGACTTGGCTT 1427178

Query 9410 GACCCTCCCTCTCTGTGTCCCTTCATAGAGGGGGAGGTGAATGCTGAGGAGGAAGGCTTT 9469

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1427179 GACCCTCCCTCTCTGTGTCCCTTCATAGAGGGGGAGGTGAATGCTGAGGAGGAAGGCTTT 1427238

Query 9470 GAGAACCTGTGGACCACTGCCTCCACCTTCATCGTCCTCTTCCTCCTGAGCCTCTTCTAC 9529

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1427239 GAGAACCTGTGGACCACTGCCTCCACCTTCATCGTCCTCTTCCTCCTGAGCCTCTTCTAC 1427298

Query 9530 AGCACCACCGTCACCCTGTTCAAGGTAGTATGGTTGTGGGGCTGAGGACACAGGGCTGGG 9589

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1427299 AGCACCACCGTCACCCTGTTCAAGGTAGTATGGTTGTGGGGCTGAGGACACAGGGCTGGG 1427358

Query 9590 ACAGGGAGTCACCAGTCCTCACTGCCTCTACCTCTACTCCCTACAAGTGGACAGCAATTC 9649

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1427359 ACAGGGAGTCACCAGTCCTCACTGCCTCTACCTCTACTCCCTACAAGTGGACAGCAATTC 1427418

Query 9650 ACACTGTCTCTGTCACCTGCAGGTGAAATGACTCTCAGCATGGAAGGACAGCAGAGACCA 9709

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1427419 ACACTGTCTCTGTCACCTGCAGGTGAAATGACTCTCAGCATGGAAGGACAGCAGAGACCA 1427478

Query 9710 AGAGATCCTCCCACAGGGACACTACCTCTGGGCCTGGGATACCTGACTGTATGACTAGTA 9769

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1427479 AGAGATCCTCCCACAGGGACACTACCTCTGGGCCTGGGATACCTGACTGTATGACTAGTA 1427538

Query 9770 AACTTATTCTTACGTCTTTCCTGTGTTGCCCTCCAGCTTTTATCTCTGAGATGGTCTTCT 9829

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1427539 AACTTATTCTTACGTCTTTCCTGTGTTGCCCTCCAGCTTTTATCTCTGAGATGGTCTTCT 1427598

Query 9830 TTCTAGACTGACCAAAGACTTTTTGTCAACTTGTACAATCTGAAGCAATGTCTGGCCCAC 9889

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1427599 TTCTAGACTGACCAAAGACTTTTTGTCAACTTGTACAATCTGAAGCAATGTCTGGCCCAC 1427658

Query 9890 AGACAGCTGAGCTGTAAACAAATGTCACATGGAAATAAATACTTTATCTTGTGAACTCAC 9949

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1427659 AGACAGCTGAGCTGTAAACAAATGTCACATGGAAATAAATACTTTATCTTGTGAACTCAC 1427718

Query 9950 TTTATTGTGAAGGAATTTGTTTTGTTTTTCAAACCTTTCCTGCGGTGTTGACAGCCCAAG 10009

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1427719 TTTATTGTGAAGGAATTTGTTTTGTTTTTCAAACCTTTCCTGCGGTGTTGACAGCCCAAG 1427778

Query 10010 GATTATCTGAATAGAGCTTAGGAACTGGAAATGGAACAGTGCAGTCTGATGGTACTTaag 10069

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Sbjct 1427779 GATTATCTGAATAGAGCTTAGGAACTGGAAATGGAACAGTGCAGTCTGATGGTACTTAAG 1427838

Query 10070 ggagaaagagggaaaggaggtgtggaagaagaaaaaagagaagcagagggggaggggaga 10129

|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||| |||||||

Sbjct 1427839 GGAGAAAGAGGGAAAGGAGGTGTGGAAGAAGAAAAAAGAGAAGCAG-GGGGG-GGGGAGA 1427896

Query 10130 agggagagggagagggagagggagagggagagggagagggagagggagagagagagagag 10189

|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||| |||

Sbjct 1427897 AGGGAGAGGGAGAGGGAGAGGGAGAGGGAGAGGGAGAGGGAGAGGGAGAGGGAGAGGGAG 1427956

Query 10190 agagagagagagagagagagagagagag 10217

|| ||||| ||| | |||||||||||||

Sbjct 1427957 AGGGAGAGGGAGGGGGAGAGAGAGAGAG 1427984