

Formation of a family of long intergenic non-coding RNA genes with an embedded translocation breakpoint motif in human chromosomal Low Copy Repeats of 22q11.2 - some surprises and questions

Nicholas Delihias
Department of Molecular Genetics and Microbiology
School of Medicine
Stony Brook University
Stony Brook, New York, 11794-5222 USA

Supplemental File 4 Figure S3

Nucleotide sequence alignment

Query: FAM230C gene sequence

Subject: DNA sequence from GenBank: AC191381.3. DNA obtained from white blood cells of male chimpanzee (Pan troglodytes, 'Clint', Yerkes #C0471 as described, GenBank: AC191381.3).

Pan troglodytes BAC clone CH251-588A5 from chromosome 22, complete sequence
Sequence ID: [AC191381.3](#) Length: 226324

Alignment					
Score		Expect	Identities	Gaps	Strand
28513 bits(15440)		0.0	16622/17181(97%)	127/17181(0%)	Plus/Minus
Query	20796	AAAT	tatataatatatatgtat-tttata-tatataattgtatatataattatataaatata		20853
Sbjct	193653	AAAT	TATATATTTA-AT-TATAATTATATTTATAT-ATAATATATATTAT-ATATATTATA		193598
Query	20854	taatatagatatataatatataataatattattttatatat-t-atatatattgtata-a			20910
Sbjct	193597	TA-TATA-AAATG	TATTATATTTATACAT-A-TTATATATGTAATATGTATTATATATA		193542
Query	20911	-tatataattatacatatataaattatat-ttataatatatgtataATTTCC	TTTTTACATCC		20968
Sbjct	193541	TTATATATAATGTATATATA-TTATGTAATATAATATATATAATAATTTCC	TTTTTACATCC		193483
Query	20969	TGCATCCTTCAACGTTCCATCCCCCACCACAGATTAA-TTATTCCTAGGGGAGAATA			21027
Sbjct	193482	TGCATCCTTCAACGTTCCATCCGTCACCCACAGATTAAGTTATTCCTAGGGGAGAGGA			193423
Query	21028	TGGCAAAGTCTATTTTAAATTCAGTTT-TAACCTAATTAAGAACCTATGAAATCATTACT			21086
Sbjct	193422	TGGCAAAGTCTATTTTAAATGCAGTTT-TTAAACCTAATTAAGGAACATGAAATCATTACT			193363
Query	21087	TTCCAAAACTTTGGAAACAAGCCACAGTAGTATGGATGGGTTGGAGGCTTTTCACACCAT			21146
Sbjct	193362	TTCCAAATATTTGAAACAAGCCACAGTAGTATGCATGGGTTGGAGGCTTTTCACACAAT			193303
Query	21147	AAAATGTACCTATCTTTGTTTTTAACATGTTTTTCCCTTCCTCTCTTC	tttttttGTGAA		21206
Sbjct	193302	AAAATGTACCTATCTTTGTTTTTAACATGTTTTTCCCTTCCTCTCTTCTTTTTTGTGAA			193243
Query	21207	ATGTGTATTTACTTTTAATAAAATTGTAGTAAGTCATTTCCATTCACATATTAATTTT	TTA		21266
Sbjct	193242	ATGTGTATTTACTTTAATAAAATTGTAGTAAGTCGTTTCCATTCACATATTAATTTT	TTA		193183
Query	21267	AAGTAATAAGAACGTGATTGTCTGCGTGTGAAATAAACTCACATTTATTTTATGCTT			21326
Sbjct	193182	AAGTAATAAATAGTGTATTGTCTACGTGTGAAATAAAACACAC-TTT-TTTT	TATGCTT		193125
Query	21327	TTGGAGTTATCCAAAATCATGGAATTGTCAATCACAGTCAATCACCCAACCTACTCACCT			21386
Sbjct	193124	TGGGAGTTATCCAAAATCATGGAATTGTCCATCACAGTCAATCACCCAACCTACTCACCT			193065
Query	21387	TTCCAGTGTAATCTTAGTCAAAttttttttGTTATCCAATGAGATGCAGTATTTCAACT			21446
Sbjct	193064	TTCCAGTGTAATCTTAGTCAAATTTTTTTTGTATCCAATGAGATGCAGTATTTCAACT			193005
Query	21447	CAGAAAGATAAAATAGAAATTAATTGGTAGAGACTATTAAC	TAAGAACATACAGTTTTATTT		21506
Sbjct	193004	CACAAAGATAAAATAGAAATGAATTGGTAGAGACTATTAAC	TAAGAACATACAGTTTTATTT		192945
Query	21507	ATACTCAGAAGCAAGTAGATTATGTACATATATATGAAGATTAAAAT	TTAAAGGATAATT		21566
Sbjct	192944	ATACTCAGAAGCAAGTAGATTATGTACATATATATGAAGATAAAAAT	TTAAAGGATAATT		192885
Query	21567	GTGTAAATTTGCCTGTAGAGAGCTTTGAAATCCTGTTACTTGTTAATGCTGTTTGATG			21626
Sbjct	192884	GTGTAAATTTGCATGTAGAGAGCTTTGAAACCTGTTACTTGTTAATGCTGTTTGATG			192825
Query	21627	TATTGTGTGACTTTGTTCTCCCGACCCATCATCCAGAGCTCTCTGCAGGAGCTAAGTGCT			21686
Sbjct	192824	TATTGTGTGACTTAGTTCTCCCGACCCATCATCCAGAGCTCTCTGCAGGAGCTAAGTGCT			192765
Query	21687	CATCAGTTCCATGACTTGGCAACTGTCTAAGTTTAGAGGCAC	TTGTATTGTTAGTAAAT		21746
Sbjct	192764	CATCAGTTCCATGACTTGGAAACTGTCTAAGTTTAGAGGCAC	TTGTATTGTTAGTAAAT		192705
Query	21747	AAGGCAAGATGATATTGTTTCACAGGTTTAGTGCAGAAGACTGAATAGATAAGCTGCTC			21806
Sbjct	192704	AAGGCAAGATGATATTGTTTCACAGGCTTAGTGCAGAAGACTGAATAGAGAAGCTGCTC			192645
Query	21807	CACCCAGTACACTGGTGTTCAATTCATGGTCATCTCATCTGTTAACCATGGATAAAAAAC			21866
Sbjct	192644	CACCCAGTACACTGGTGTTCAATTCATGGTCATCTCATCTGTTAGCCATGGATATAAAAC			192585
Query	21867	ACTTATCTTCAATGATCTTCCTGTACATGTAAAAACACACCTGTCTACATGGCAGCAGTT			21926
Sbjct	192584	ACTTATCTCCAATGATCTTCCTGTACATGTAAAAACACACCTGTCTACATGGCAGCAGTT			192525
Query	21927	GGACCTCACACGTTGGATTGTGCCTTCACCCCTGGAATGTCTATGATGCCCTATCGACCAT			21986
Sbjct	192524	GGACCTCACAAATGTGATTGTGCCTTCACCCCTGGAATGTCTATGATGCCCTATCGACCAT			192465
Query	21987	GGTGATGGGATTAGGGATCTCTTGCCCTTTGCTCTGCCACTGTCTGCACCAGCCAGGCCA			22046
Sbjct	192464	GGTGATGGGATTAGGGATCTCTTGCCCTTTGCTCTGCCACTGTCTGTGCCAGCCAGGCCA			192405
Query	22047	CTGGGCCATTGTGGCAGATGGTGATGCCCTTTGTGTGGAGCGCACTGTGTGTGCGCTGAG			22106
Sbjct	192404	CTGGGCCATTGTGGCGGATGGTGATGCCCTTTGTGTGGAGCGCACTGAGTGTGTGCTGAG			192345
Query	22107	GCAGACACAGTACTTTTGACAACCTTATCTGCTTCTTCAAAACTGGGTCTGCATTATGA			22166
Sbjct	192344	GCAGACACAGTACTTTTGACAACCTTATCTGCTTGTTTCAAAACTGGGTCTGCATTATGA			192285
Query	22167	TAAAGTGGTTGGTTTTAGGCCAAGCAGGTGCATGTATAGAACAAATGACTTGGGAGTTCA			22226
Sbjct	192284	TAAAGTGTGGTTTTAGGCCAAGCAGGTGTATGTATAGAACAAATGACTTGGGAGTTCA			192225
Query	22227	GAATCCTGGGCGTGAATAAGCCTCTGAGCCTTATTAAGCTGTGAAATCTAAAGCAAGACA			22286
Sbjct	192224	GAATCCTGGGCGTGAATAAGCCTCTGAGCCTTATTAAGCTGTGAAATCTAAAGCAAGACA			192165
Query	22287	TTTCCCTGATAAATTAAGCCTCATGAGCACTTATACTGTACACTTTACCTACATCAAATCA			22346
Sbjct	192164	TTTCACTGATAAATTAAGCCTCATGAGCACTTATACTGTACACTTTACCTACATCAAATCA			192105
Query	22347	TTCGGCCATCACACAGACAAATGGCATGATTGATTACTATCACCTTTTACTGGGCAGA			22406
Sbjct	192104	TTCGGCCATCACACAGACAAATGGCATGATTACTATCACCTTTCGCTGGGCAGA			192045
Query	22407	AAAAGACAGAGATGAATGTGCCAAGCTTATTAGCCCCTCAGCAAAAGAGCCAAGATGGG			22466
Sbjct	192044	AAAAGACAGAGATGAATGTGCCAAGCTTATGAGCCCCTCAGCAAAAGAGCCAAGATGGG			191985
Query	22467	AACCCAAGCATACAGCCCCAATGCTGAGGCTCTGAACTACTGACCTGCCCTCAGCACTCA			22526
Sbjct	191984	AACCCAAGCATACAGCCCCAGTGCGGAGGCTCTGAACTACTGAGCTGCCCTCAGCACTCA			191925
Query	22527	GCCTTGGGATCATGAGTCACTGTGCAAGGGAGTCCCAACATCTGCATGTATGCTTGGAAAT			22586
Sbjct	191924	GCCTTGGGATCATGAGTCACTGTGCAAGGGAGTTCCAACATCTGCATGTATGCTTGGAAAT			191865
Query	22587	GATCTGAGCCTGTAGAGTTCTTACACACTGGCCACATTATAGGGTGGTGTCTGTGGTCAC			22646
Sbjct	191864	GATCTGAGCCTGTAGAGTTCTTACACACTGGCCACATTATAGGGTGGTGTCTGTGGTCAC			191805
Query	22647	ACAGCTCAGGGCAGGTATTAGTACATGAATAGCTTAGCGGTGTCATAGTCTTTATGTGAA			22706
Sbjct	191804	ACAGCTCAGGGCAGGTATTAGTACATGAATAGCTTAGCTGTGTCATAGTCTTTATGTGAA			191745
Query	22707	AGGCTCATAAAGCCCCAAATGCCTTTGAACTGGTTGCGGATTTTGAGTTGGAGGA--ACA			22764
Sbjct	191744	AGGCACATAAAAGCCCCAAATGCCTTTGAACTGGTTGCGGATTTTGAGTTGGAGGACAACA			191685
Query	22765	CTTGGGACAACCGGTACATTCCTTCAGTGCGGGGCCACTCCTCAGCACATATCCCAAAG			22824
Sbjct	191684	CTTGGGACAACCGGTACATTCCTTCAGTGCGGGGCCACTCCTCAGCACATATCCCAAAG			191625

Query	22825	CCGGTAAATAATGGGAAGACCCCTGACTGATGTTTGATGGTGTATGAACTTCAAATGAC 	22884
Sbjct	191624	CCGGTAAATAATGGGAAGACCCCTGACTGATGTTTGATGGTATTATGAACTTCAAATGAC 	191565
Query	22885	CCCTATAGAAATGTTaaaaaaaaaaaa--GTCTGTGAGCTACACAACCTGGGGACAAGA 	22942
Sbjct	191564	CCCTATAGAAATGTTAAAAAAAAAAAAAAGTCTGTGAGCTACACAAGCTGGGGACAAGA 	191505
Query	22943	CAAG----AACACAAAATACCACTAAATAATGAGCCTCATGTGTCACCCTGCTTGCAACT 	22998
Sbjct	191504	CAAGTAAGAACATAAAATACCACTAAATAATGAGCCTCATGTGTCACCCTGCTTGCAACT 	191445
Query	22999	CCCTTGGCAGCTGGTTTCAAGAGCCTCAGTGCTCACCAGGGCCCATCTCCCTGCTCTGCC 	23058
Sbjct	191444	CCCTCGGCAGCTGGTTTGAAGAGCCTCAGTGCTCACCAGGGCCATCTCCCGCTCTGCC 	191385
Query	23059	CTCTCTCGCTGTGGGTTGCCTGGGCTGAACATGGGCAGCCCCCTCACACGATGACTGCAAA 	23118
Sbjct	191384	CTCTCTCGCTGTGGGTTGCCTGGGCTGAACATAGGCAGCCCCCTCACATGATGACTGCAAA 	191325
Query	23119	CACAGGGCAAAGGAAGACTGAACGGAAAAATGTATGGTTATAGTGGTTAttttaaaatata 	23178
Sbjct	191324	CACAGGGCAAAGGAAGACTGAACGGAAAAATGTATGGTTATAGTGGTTATTTTAAATATA 	191265
Query	23179	agtattttcagtatttttctaactctttaat---t-attatttttaggggaggtttttttttt 	23234
Sbjct	191264	AGTATTTTCAGTATTTTCTAATCTTTAATAATTGATTATTTTAGGGGAGGTTTTTTTTTT 	191205
Query	23235	ttt--GAGACAGAGTCTTGC-----CCAGGCTGGAGTGCAGTGGCATGATCTCAGCT 	23284
Sbjct	191204	TTTTTGAGACAGAGTCTTGGCGTGTTGCCCAGGCTGGAGTGCAGTGGCATGATCTCAGCT 	191145
Query	23285	CACTGCAACCTCTGCCTCCCTGTGTTCAAGCGATTCTCCTGCCTCAGCCTCCCAAGTAGCT 	23344
Sbjct	191144	CACTGCAACCTCTACCTCCCTGTGTTCAAGCGATTCTCCTGCCTCAGCCTCCCGAGTAGCT 	191085
Query	23345	GGGACTACAGGCACGTCGCCACCCACGCTGGCAAAGTTTTTGTGTTTTTAGTAGAGATGGG 	23404
Sbjct	191084	GGGAATACAGGCAAGTGCCACCATGCCTGGCAAAGTTTTTGTGTTTTTAGTAGAGACGGG 	191025
Query	23405	GTTTCATTCTGTTAGCCAGGATGGTCTCAATCTTCTGTCTCATGATCCACCCACCTCAG 	23464
Sbjct	191024	GTTTCACCTCTGTTAGCCAGGATGGTCTCAATCTTCTGACCTCATGATCCACCCGCTCGG 	190965
Query	23465	CCTCCCAAAGTGCTGGGATTACAGGCGTGAGCCACCACACCTGGCCTGAAttttttatttt 	23524
Sbjct	190964	CCTCCCAAAGTGCTGGGATTACAGGCGTGAGCCACCACACCTGGCCTGAGTTTTTATTTT 	190905
Query	23525	ttattttttttGAGATGAAGTCTCTGTCACCCAGGCTGGAGTGCAGTGGTGCAATCTCAGC 	23584
Sbjct	190904	TATTTTTTTTTGAGATGAAGTCTCTGTCACCCAGGCTGGAGTGCAGTGGTGCAATCTCAGC 	190845
Query	23585	TCACTGCAATCTCTGCCTCCAGGTTCAAGGGATTCTCCTGCCTCAGCCTCCTGAGTAGCT 	23644
Sbjct	190844	TCACTGCAATCTCTGCCTCCAGGTTCAAGGGATTCTCCTGCCTCAGCCTCCTGAGTAGCT 	190785
Query	23645	GGGttttttttttttttttttttttttttttttAGTTGAGATGGGGTTTTACCATGTTG 	23704
Sbjct	190784	GGGTT-----GTTTTTTTTTTTTTAATTGAGATGGGGTTTTACCATGTTG 	190739
Query	23705	GTCAGGCTGGTCTCGAACTCCTGACCTCAAATGATCCGCCACCTCCACCTTCCAAACTG 	23764
Sbjct	190738	GTCAGGCTGGTCTCGAACTCCTGACCTCAAATGATCCGCCACCTCCACCTTCCAAACTG 	190679
Query	23765	CTGGGATTACAGGTGTGAGCCACTATGCCTGACT---ATTTCATAACCAAGAAAAGAA 	23820
Sbjct	190678	CTGGGATTACAGGTGTGAGCCACTATGCCTGACTGATTATTTTCATAACCAAGAAAAGAA 	190619
Query	23821	ATAAGTACAATTAATGCTGGTGCATGGTATTAATCTAGTTTTTAAAAAATTCACACATA 	23880
Sbjct	190618	ATAAATAATAATTAATGCTGGTGCATGGTATTAATCTAGTTTTTAAAAAATTCACACATA 	190559
Query	23881	AACAAGGCAGAACCTTATACCTCCATGATAAATGCAGTAGCAGTGTATGTGGTCTGTG 	23940
Sbjct	190558	TACAAGGCAGAACCTTATACCTCCATGATAAATGCAGTAGCAGTGTATGTGGTCTGTG 	190499
Query	23941	GAGGTTGAAAGGGACTTGGTAGATGTCAAGAAGGTAGTGGCAGTCTTGCTGGGCTTTTAA 	24000
Sbjct	190498	GAGGTTGAAAGGGACTTGGTAGATGTCAAGAAGGTAGTGGCAGTCTTGCTGGGCTTTTAA 	190439
Query	24001	AGGGTCTGAAGAAGTGACAGGATGCTGTGGTTGAATCCTAGCATGTATTTTAGCATTTGT 	24060
Sbjct	190438	AGGGTCTGAAGAAGTGACAGGATGCTGTGGTTGAATCCTAGCATGTATTTTAGCATTTGT 	190379
Query	24061	TCATTTGGAGTTTGATTATTTTCACGTTGCTTTTCATTTGCCATTACCTGGAAAGCCAAGGG 	24120
Sbjct	190378	TCATTTGGAGTTTGATTATTTTCACGTTGCTTTTCATTTGCCATTACCTGGAAAGCCAAGGG 	190319
Query	24121	CTCTACTCTCATTTTCCTTGCTCCTGTTTCTTTGCCTTCCTTGGTCCGTGAAGAAGATGGT 	24180
Sbjct	190318	CTCTACTCTCATTTTCCTTGCTGCTCTTTCTTTGCCTTCCTTGGTCCATGAAGAAGATGGT 	190259
Query	24181	CCAGGAGAAGCTCATTCATGCTTGTTAACCAGGCACACCCCTAAGTTCCAGTCCCTGAG 	24240
Sbjct	190258	CCAGGAGAAGCTCATTCATGCTTGTTAACCAGGCACACCCCTAAGTTCCAGTCCCTGAG 	190199
Query	24241	TCATTTCATGAGTAGCACTGCCAATGAACTGACAGCCATGCTGTGCCCTCCACATCCCCCT 	24300
Sbjct	190198	TCATTTCATGAGTAGCACTGCCAATGAACTGACAGCCATGCTGTGCCCTCCACATCCCCCT 	190139
Query	24301	AGGTGACTCGAAGAAATCTTCCAAAAGCGTGTGAAAAGGGAGCCCTACTCTACTACCAA 	24360
Sbjct	190138	AGGTGACTCGAAGAAAGCCTTCCAAAAGCGTGTGAAAAGGGAGCCCTACTCTACTACCAA 	190079
Query	24361	GGTAAAGCAGCCTGTCTTTGCCTAAGATGTAAATGTTGTTTTCTTGGATCCTTTATTTTT 	24420
Sbjct	190078	GGTAAAGTAGCCTGTCTTTGCCTAAGATGTAAATGTTGTTTTCTTGGATCCTTTATTTTT 	190019
Query	24421	CGGTTGATATCAGCTATGGGAAAATTATCCACTACATTATAGATGTTAGATAATATTTCC 	24480
Sbjct	190018	CAGTTGATATCAGCTATGGGAAAATTATCCACTACATTATAGATGTTAGATAATATTTCC 	189959
Query	24481	TTGGGGATGGAGGAGGTGTATTTTACCAACTGACACCTGATTCCAGAGGACGTGCAAAAT 	24540
Sbjct	189958	TTGGGGATGGAGGAGGTGTATTTTACCAACTGACACCTGATTCCAGAGGACGTGCAAAAT 	189899
Query	24541	TGGCAGTGTGAGATAATACACTGCGTGTTAAGGGATGTTTTCTTCAGGAACAAGCTTTCC 	24600
Sbjct	189898	TGGCAGTGTGAGATAGTACACTGCGTGTTAAGGGATGTTTTCTTCAGGAACAAGCTTTCC 	189839
Query	24601	ACTTTAGATAAGAATTCTTCAATTGCTACTCAAAAATTACCTAGACAGAAACATTCTTCA 	24660
Sbjct	189838	ACTTTAGATAAGAATTCTGCAATTGCTACTCAAAAATTACCTAGACAGAAACATTCTTCA 	189779
Query	24661	AGAAAAGCTCCTGTGCTTTTCTAAGGGAACCTACTCTAGAGTTGGGGCTTTTGACTTGA 	24720
Sbjct	189778	AGAAAAGCTCCTGTGCTTTTCTAAGGGAACCTACTCTAGAGTTGGGGCTTTTGACTTGA 	189719
Query	24721	ACCTTATTTCCAATCTTGGTTACCCAGAGTTTCCAAGTGAACAAAAGACCTGTGTGAGCC 	24780
Sbjct	189718	ACCTTATTTCCAATCTTGGTTACCCAGAGTTTCCAAGTGAACAAAAGACCTGTGTGAGCC 	189659
Query	24781	ATCCATAGCATAGCCTGATTCTCAGAGTGTTCCTTCTCTAATTACAGGTGACTTCAGG 	24840
Sbjct	189658	ATCCATAGCATAGCCTGATTCTCAGAGTGTTCCTTCTCTAATTACAGGTGACTTCAGG 	189599
Query	24841	GAGCACATTCAATGGTACGTATTCTGGAATCACTCACTGGTTGTTAGAAAAGGATTCTAC 	24900
Sbjct	189598	GAGCACATTCAATGGTACGTATTCTGGAATCACTCACTGGTTGTTAGAAAAGGATTCTAT 	189539
Query	24901	AGGAAATCTGGAGCTTAACGTCTGGCTTTTGTCTGGAGAGCCTCCATGATCCAAGATATC 	24960
Sbjct	189538	AGGAAATCTGGAGCTTAACGTCTGGCTTTTGTCTGGAGAGCCTCCATGATCCAAGACATC 	189479
Query	24961	TTGTGGGAATGAGGATGTGGGGTATAGTAAAAGAACTGGTTTTCCAGGTGACATACTCT 	25020
Sbjct	189478	TGGTGGGAATGAGGATGTGGGATATAGTAAAGGAACTGGTTTTCCAGGTGACATACTCT 	189419
Query	25021	TTTTATCTATTTATAGTTTCTGGGAACGTGTTACATTAGGTTgtgtgtgtgttatgtgtg 	25080
Sbjct	189418	TTTTATCTATGTATAGTTTCTGGGAATGTGTTACGTTAGGTTGTGTGTGGGTATGTGTG 	189359
Query	25081	tattagggcgggggtggggtagggtggtctgtgtgCAAGTCTGCATGATTTGCTTGTGAA 	25140
Sbjct	189358	TATTAGGGCGGGGGTGGGATGAGGTGGTCTGTGTGCACATCTGCATGATTTGCTTGTGAA 	189299
Query	25141	TGTGTGCTATGTGTGTTTTCCCTAGGaaaaaaTGTGTGTTTACCCAGCACAACTCTC 	25200
Sbjct	189298	TGTGTGCTATGTGTGTTTTCCCCAGGAAAAAATGTTGTGTTTACCCAGCACAACTCTC 	189239
Query	25201	AGTGCCATTTTTCTTAATTTAACAAGTCAGACCACATACTTTACTTACATTAGTTCACAC 	25260
Sbjct	189238	AGTGCCATTTTTCTTAATTTAACAATTCAGACCACATACTTTACTTACATTAGTTCACAC 	189179
Query	25261	CTCATCATCATCATGCCATATGTTGTGAGCTTGTTTTATTGAGCCCACATGCCAGATGGA 	25320
Sbjct	189178	CTCATCATCATCATGCCATATGTTGTGAGCTTGTTTTATTGAGTCCACATGCCAGATGGA 	189119
Query	25321	GAAACTAAGCCACATAAAATAAATGTGCCCTGGTTCACTTGCTGCATAGTGAAGAGTCAAA 	25380
Sbjct	189118	GAAACTAAGCCACATAAAATAAATGTGCCCTGGTTCACTTGCTGCATAGTGAAGAGTCAAA 	189059

Query	25381	ATGTTTACTCATATGGTGCTAATGTTGAAGGCCTGAACTACAACCTCTATTTCAGCCA	25440
Sbjct	189058	ATGTTTACTCATACGGTGCTAATGTTGAAGGCCTGAACTACAACCTCTATTTCAGCCA	188999
Query	25441	GTGAAGAGATCACTATTCCACATGCAAGGGAGTTCCAGCACCCCTCTATGCCTGGAATTAC	25500
Sbjct	188998	GTGAAGAGATCACTATTCCACATGCAAGGGAGTTCCAGCACCCCTCTATGCCTGGAATTAC	188939
Query	25501	CCACGCCTGCAGAGATCCCAAACGCCACCCCTCACATAAGAGAGCCTCATGATCTCATAA	25560
Sbjct	188938	CCACGCCTGCAGAGATCCCAAACGCCATCCCTCACATAAGAGAGCCTCATGATCTCATAA	188879
Query	25561	TCCAGGTAGCTATGTAGACACCTTCCTGCAGGTGTACATAGTCCTTTGTGTGAAACCAA	25620
Sbjct	188878	TCCAGGTAGCTATGTAGACATCTTCCTGCAGGTGTACATAGTCCTTAGTGGGAAACCAA	188819
Query	25621	CATAGAAAGCCCATGTTTCTGATCAAATCACAGGTTCTGAAACACTAAGGGAGGCACTAA	25680
Sbjct	188818	CATAGAAAGCCCATGTTTCTGATCAAATCACAGGTTCTGAAACACTAAGGGAGGCACTAA	188759
Query	25681	GTAGGACAACGTGGTGCCTGCGTGTATAGCTGGGTCTCCTCAAGACATGGATCAAGTCC	25740
Sbjct	188758	GTAGGACAATGTGGTGCCTGTGTGTATAGCTGGGTCTCCTCAAGACATGGATCAAGTCC	188699
Query	25741	AGTAAGAATTGGGGAGACGCTTTAGAGTCTTGATGGAGTTATCACCACAAGCCCTCTGAG	25800
Sbjct	188698	AATAAGAATTGGGGAGATGCTTTAGAGTCTTGATGGAGTTATCACCACAAGCCCTCTGAG	188639
Query	25801	CTACACACATTAGGGATCATGACCATTAAGTACTCAAATTACCATTGTTGTTATCCGG	25860
Sbjct	188638	CTACACACTTTAGGGATCATGACCATTAAGTACTCAAATTACCATTGTTGTTATCCGG	188579
Query	25861	GTATCTGTCTGCTCCTTGTGGCAACCCCTCTTGTAAGCTGGTGTGGACAGCCTCAGTGCTGG	25920
Sbjct	188578	GTATCCGTCTGCTCCTTGTGGCAACTCTCTTGTAAGCTGGTGTGGACAGCCTCAGTGCTGG	188519
Query	25921	AGCTGTGCCTCCCTTCGAGTGGACCCCTTCTGTGTTAGCAGGTGGGTACAAGCGTGGGG	25980
Sbjct	188518	AGCTGTGCCTGCCCTTCGAATGGACCCCTTCTGTGTTAGCAGGTGGGTACAAGCATGGGG	188459
Query	25981	GTCAGCACACTCAGTGGATTTCACACACAGCATTAAAGAGTAAGGCTGCGCTT---TGT	26037
Sbjct	188458	GTCAGCACACTCAGTGGATTTCACACACAGCATTGAAGAGTAAGGCTGGGCTTCATTAT	188399
Query	26038	TTATACATTTTCAATAAATGATGATCTTCATAACATAAAATCAATGATGTAGTACACTAG	26097
Sbjct	188398	TTATACATTTTCAATAAATGATGATCTTCATAACATAAAATCAATGACGTAGTACACTAG	188339
Query	26098	AATACTGTCCCTAGTATTGAATCTTGCTCTCAACAAAGGGTTGCTTAAAGTCACATGAC	26157
Sbjct	188338	AATACTGTCCCTAGTATTGAATCTTGCTCTCAACAAAGGGTTGCTTAAAGTCACATGAC	188279
Query	26158	AGATTCCATTCAACTGATGACACATGCTGTAGCAGCAGTTAAAGCAGTCATTTGAAAAGG	26217
Sbjct	188278	AGATTCCATTCAACTGATGACACATGCTGTAGCAGCAGTTAAAGCAGTCATTTGAAAAGG	188219
Query	26218	CTTTTACTATAAACTTATGTGTGAGCCTGAAGTGGGGGATAAAAAGAGGTGATTAGCTACC	26277
Sbjct	188218	CTTTTACTATAAACTTATGTGTGAGCCTGAAGTGGGGGATAAAAAGAGGTGATTAGCTCCC	188159
Query	26278	CTGTGCCATGTTTCTATTATGTGTGTTGGTGGAGGAAAAATTACACAGGAAGGTGATGGAGA	26337
Sbjct	188158	CTGTGCCATGTTTCTATTATGTGCATGGTGGAGGAAAAATTACACAGGAAGGTGATGGAGA	188099
Query	26338	GAACAGAGCAAAGGATTGGACAGGTCCATTGAACCCATAAGACTATGTTGAGGTTAGTGA	26397
Sbjct	188098	GAACAGAGCAAAGGATTGGACAGGTCCATTGAACCCATAAGACTATGGTGAGGTTAGTGA	188039
Query	26398	ATGAGACTGGTCATTTTAGGTCAAATTTTACCCAGAGCTGGTGCAACCACTGCCCATTTCT	26457
Sbjct	188038	ATGAGATTGGTCATTTTAGGTCAAATTTTACCCAGAGCTGGTGCAACCACTGCCCATTTCT	187979
Query	26458	TAGCCAGACCTTATGTGCAGGTAGCTCTGATCAATAGTCAAGGAGGCAGTGGGGGTTGCAG	26517
Sbjct	187978	TAGCCAGACCTTATGTGCAGGCAGCTCCGATCAATAGTCAAGGAGGCAGTGGGGGTTGCAG	187919
Query	26518	ACTTAATTCATTAATAACACCAAAGCACCAGCCACATGGCCACTTTTCCAGTTAATTCAC	26577
Sbjct	187918	ACTTAATTCATTAATAACACCAAAGCACCAGCCACACGGCCACTTTTCCAGTTAATTCAC	187859
Query	26578	AGTAGCTTGCATATTCAGGTTTGATCATTGGAAGCGAAGTTACTCTTTGCAGACCCATCT	26637
Sbjct	187858	AGTAGCTTGCATATTCAGGTTTGATCAGTGAAGGGAAGTTACTCTTTGCAGACCCATCT	187799
Query	26638	TTTGACAATCATTTTGCAGTGTGAGAAGGTCTGAGCAGCCTCGGGAGGCAAGCAGTCCCT	26697
Sbjct	187798	TTTGACAATCATTTTGCAGTGTGAGAAGGTCTGAGCAGCCTCGGGAGGCAAGCAGTCCCT	187739
Query	26698	GGTCCCTCAGTGTAGTCACTGGAGGAGACAGTCACCTGAGAGGCAGCTGGCAGGGTGAAGG	26757
Sbjct	187738	GGTCCCTCAGTGTAGTCACTGGAGGAGACAGTCACCTGAGAGGCAGCTGGCAGGGTGAAGG	187679
Query	26758	GAAAGGGGAGGCAGGCCACAGAGATGACAGCCTTTAAGCTGTCATACTGGGGAAGTCAAG	26817
Sbjct	187678	GAAAGGGGAGGCAGGCCACAGAGATGACAGCCTTTAAGCTGTCATACTGGG-AGGTCAAG	187620
Query	26818	GATCTGAAAGAGGAAGGAGAATTCTTTATCATTAAGGACCTGTCTTATCTCAGGCATTT	26877
Sbjct	187619	GATCTGAAAGAGGAAGGAGAATTCTTTATCATTAAGGACCTGTCTTATCTCAGGCATTT	187560
Query	26878	CCTCCAGAGCATCACCTTTGTCCACCCACACACCTTGGGCTAGGAGGACTGGGGAAGAC	26937
Sbjct	187559	CCTCCAGAGCATCACCTTTGTCCACCCACACACCTTGGGCTAGGAGGACTGGAGAAAGAC	187500
Query	26938	AGTGAAGGGCCTCTTGGGTCTCTGGCACAGGGCGTGATGAAGAGGTGGCAGTTTTTCAGG	26997
Sbjct	187499	AGTGAGGGGTCTCTTGGGTCTCTGGCACAGGGCGTGATGAAGAGGTGGCAGTTTTTCAGG	187440
Query	26998	AAACTCTCTCTCTAGGGAACCAATACATTTCCCATCTCAGGTCTTCACTCAGCGGGGT	27057
Sbjct	187439	AATCTCTCTCTCTAGGGAACCAATACATTTCCCATCTCAGTCCCTCACTCAGCGGGGT	187380
Query	27058	TGAGGTTCTGCTCGTCACTTATCATCTCTGAATGTCAGCACCCCTCAAGTGTAATACTCA	27117
Sbjct	187379	TGAGGTTCTGCTCGTCACTTATCATCTCTGAATGTCAGCACCCCTCAAGTGTAATACTCA	187320
Query	27118	GCCACAGCCCTCTCTGCAACCCCTGCAGGGCTGATGTTCTCCATAAACCATAAAGGCAT	27177
Sbjct	187319	GCCACAGCCCTCTCTGCAACCCCTGCAGGGCTGATGTTCTCCATAAACCATAAAGGCAT	187260
Query	27178	CATGCCCACGGAAAAGCTGAACAGGAAGCATGCTCCACTGCCCCGAGCCATCCAAGTT	27237
Sbjct	187259	CATGCCCACGGAAAAGCCGAACAGGAAGCATGCTCCACTGCCCCAGGCCATCCAAGTT	187200
Query	27238	CCCCCTCCATATTCCACCACTGCTAAGTGTCCAGCTTATTCCTCCTGGCATGTAGTAAAC	27297
Sbjct	187199	CCCCCTCCATATTCCGCCACTGCTAAGTGTCCAGCTTATTCCTCCTGGCATGTAGTAAAC	187140
Query	27298	ACTTAGAGAACATTACTGAAGTACCAGTCTCTCTAAGGTTTTCTCTGTATTTAGTGATTT	27357
Sbjct	187139	ACTTAGAGAACATTACTGAAGTACCAGTCTCTCTAAGGTTTTCTCTGTATTTAGTGATTT	187080
Query	27358	TTTAGCCCCGTACTGTGATACTAAGAAGTAGGGCCTAAATAGGGCCTAAAAAGTATTGCT	27417
Sbjct	187079	TTTAGCCCTGTACTGTGATACTAAGAAGTAGGGCCTAAATAGGGCCTAAAAAGTATTGCT	187020
Query	27418	AAAATTACATTATGACAGTGCAGAGAAGCTGAGGGCAGAGGGAGGCATGAGATTTCTAGG	27477
Sbjct	187019	AAAATTACATTATGACAGTGCAGAGAAGCTGAGGGCAGAGGGAGGCATGAGCTTGCCAGG	186960
Query	27478	TCCACATGGCTTAGTGGAATTTGAATCCGGGCCCCCACTCTGCACCAGCCCTGCACTCAC	27537
Sbjct	186959	TCCACATGGCTTAGTGGAATTTGAATCCGGGCCCCCACTCTGCACCAGCCCTGCACTCAC	186900
Query	27538	AGTCATCCTGCTGTGTTCTCTCTCCAGGAAGGCAGTGGCCACACAGTCTGTCTGATAGA	27597
Sbjct	186899	AGTCATCCTGCTGTATTCTCTCTCCAGGAAGGCAGTGGCCACGCAGTCTGTCTGATAGA	186840
Query	27598	GGTGTTGAGTGCTCACTGAACTCCGTGATCTTCTTGAAACCCAACTTTGATTCAGTGGGC	27657
Sbjct	186839	GGTGTTGAGTGCTCACTGAACTCCGTGATCTTCTTGAAACCCAACTTTGATTCAGTGGGC	186780
Query	27658	TCTGCTTGGAAGCCTGTAAAGAAAAACATCATAAGTTTAAACTTAGAACAGATTATCACT	27717
Sbjct	186779	TCTGCTTGGAAGCCTGTAAAGAAAAGGATCATAAGTTTAAACTTAGAACAGATTATCACT	186720
Query	27718	GTTTTCCCTCTGGTCTTCAGTCAGCAAGATGTCAACAGCCCTATCTATTGTAAATGCGTT	27777
Sbjct	186719	ATTTTCCCTCTGGTCTTCTGTGACGAAGATGTCAACAGCCCTATCTATTGTAAATGCATT	186660
Query	27778	AACCAGCATCTTCTCTGATAGAGAATACAAGAAGATATGCTGTGCACACCAACCAGTGTC	27837
Sbjct	186659	AACCAGCATCTTCTCTGATAGAGAATACAAGAAGATATGCTGTGCACACCAACCAGTGTC	186600
Query	27838	GGAGACCTCATGGCTCCCCGGTAAAGAAGAAGATGTACCCACAAGAAGGTACTGTGGAAG	27897
Sbjct	186599	GGAGACCTCATGGCTCCCCGGTAAAGAAGAAGAGGTACCCACAAGAAGGTACTGTGGAAG	186540
Query	27898	TTCATTAATTAAGTTGCTTCAAGAATTGCAATTGCGGGGAGTATTCAGTGTCCCATATGT	27957

Sbjct	186539	TTCATTAATTAAGTTGATTCAAGAATTGCAATTGCGGGGAGTATTCAGTGTCCCATATGT	186480
Query	27958	AAGAGGAAACTATGAAGAGACTAAGCCATATTTTTTAATGTGTCTCAGGATTCCTAATTTGCC	28017
Sbjct	186479	AAGAGGAAACTATGAAGAGACTAAGCCATATTTTTTAATGTGTCTCAGGATTCCTAATTTGCC	186420
Query	28018	TGGTCAGTAAATATTGCTACAACCACAAAAGTAAATATCTACTTAAAAGTCAATTGTGGT	28077
Sbjct	186419	TGGTCAGTAAATATTGCTACCACCACAAAAGTAAATATCTACTTAAAAGTCAATTTTGGT	186360
Query	28078	TCATGTTTAAATGATAGACAATGTTTCAAGCTAATGTCTAGAACTTACCTGGTTGTTAAAC	28137
Sbjct	186359	TCATGTTTAAATGATAGACAATGTTTCAAGCTAATGTCTAGAACTTACCTGGTTGTTAAAC	186300
Query	28138	ATAAGCATAGATCTCCCTGAAAGAGTGGTGCTATATTATTATTTTCAATTAATATATTT	28197
Sbjct	186299	ATAAGCATAGATCTCCCTGAAAGAGTGGTGCTATATTATTATTTTCAATTAATATATTT	186240
Query	28198	CTTTAGAGAGTTTTAAATTGACATAAAAACTGAGCATATGGCCAGGCGTGGTGGCTCACG	28257
Sbjct	186239	CTTTAGAGAGTTTTAAATTGACATAAAAACTGAGCATATGGCTGGGCGTGGTGGCTCACA	186180
Query	28258	CTTATAAACCCAGCACTTTAGGAGGCCAAGGCAGGCGGATCATCTGAGGTCAGGAGTTGG	28317
Sbjct	186179	CTTATAATCCGACACTTTAGGAGGCCAAGGCAGGCGGATCATCTGAGGTCAGGAGTTGG	186120
Query	28318	AGACCAGCCTGGCCAAACATGGTGAAACCCCATCTCTACTAAAAATACaaaaaaTTAGCC	28377
Sbjct	186119	AGACCAGCCTGGCCAAACATGGTGAAACCCCATCTCTACTAAAAATACAAAAAATTAGCC	186060
Query	28378	CGGTATGGTGGCAGGCGCCTGTAATCCCAGCTACTCAGGAGGCTGAGGCAGGAGAATCGC	28437
Sbjct	186059	GGGTGTTGGTGGCAGGTGCCGTGAATCCCAGCTACTCAGGAGGCTGAGGCAGGAGAATCGC	186000
Query	28438	TTGAACCCGGGAGGCAGAGGTTGCAGTGAGCCAAGATCATGCCATTGCACTCCAGCCTGG	28497
Sbjct	185999	TTGAACCCAGGAGGCAGAGGTTGCAGTGAGCCAAGATCATGCCATTGCACTCCAGCCTGG	185940
Query	28498	GTGACAAGAGTGAAACTCCATCTCaaaaataaataaataaataaataaataaataa	28557
Sbjct	185939	GTGACAAGAGTGAAACTCCATCTCAAAATAAAATAAATAAAATAAAATAAA-----	185888
Query	28558	taaaaatTGAGTATATAATACACGAAGTCCCATATTATTCTGTCTCCTCATCCTCACTT	28617
Sbjct	185887	----AATTGAGTATATAATACACAAAGTCCCATATTATTCTGTCTCCTCACCTCACTT	185832
Query	28618	CCTAATTTCACTTATTAGTAACATCTTACATTACTGTGGTACATTGCTAGAATAATGAG	28677
Sbjct	185831	CCTAATTTCACTTATTAGTAACATCTTACATTACTGTGGTACATTGCTAGAATAATGAG	185772
Query	28678	AAAATATTGATACATTATTATCTAAAGTCTACATTTGCATAATGTTCAATCTTTCTGTTA	28737
Sbjct	185771	AACATATTGACACATTATTATCTGAAGTCTACATTTGCATAATGTTCAATCTTTCTGTTA	185712
Query	28738	TACATATATATGAATTTTGAAATATTTAAACATTATGTTCACCCTTATGGTCTCATAAA	28797
Sbjct	185711	TACATATATATGAATTTTGAAATATTTAAACATTATGTTCACCCTTATGGTCTCATAAA	185652
Query	28798	GAAAATGTTCACTTCCCTAAAAATCCTCTCTTCTCATTAATCTCTGTCTCTTTCTCCAG	28857
Sbjct	185651	GAAAATGTTCACTTCCCTAAAAATCCTGTCTTCTCATTAATCTCTGTCTCTTTCTCCAG	185592
Query	28858	AAACCATGGCAACTATTAACATTTTACTATCGCTTCAACTTTGCCTTTTCAGAATGTC	28917
Sbjct	185591	AAACCTTGGCAACTATTAATATTTTACTATCGCTTCAGCTTTGCCTTTTCAGAATGTC	185532
Query	28918	GTATAGTTGGAATCATATATTATGTAGTTTTTTCAGATGAATTTATTGCACATAATTGAT	28977
Sbjct	185531	ATATAGTTGGAATCATATATTATGTAGTTTTTTCAGATGAATTTATTGTACTAAATTGAT	185472
Query	28978	GTACGCTTTAGCTGCTTTTCATGTCTTTTTTATGCCTTAATGGCAAAAAATGGCACATTAA	29037
Sbjct	185471	GTACGCTTTAGCTGCTTTTCATGTCTTTTTTATGCCTTAATGGCAAAAAATGGCACATTAA	185412
Query	29038	ATCACCAAAATAATATTGCATTAATGAATTTTTGTCTTTTTATTTCGCCTGTTGAAGAATT	29097
Sbjct	185411	ATCACCAAAATAATATTGCATTAATGAATTTTTGTCTTTTTATTTCACCTGTTGAAGAATT	185352
Query	29098	CGGTAGATTTTCATGAGAGAAACCATCTGGGCCTGGTGCCTTCTTTTCGGAATGCTCTTA	29157
Sbjct	185351	CGGTAGATTTTCATGAGAGAAACCATCTGGGCCTGGTGCCTTCTTTTCGAGAATGCTCTTA	185292
Query	29158	ATGTGAATTCAACTTATTTAATAGACATAAGTTTATTCACATTAGGATTCTAGCGTGACC	29217
Sbjct	185291	ATGTGAATTGAACCTATTTAATAGACATAAGTTTATTCAAATTAGGATCCTAGCATGACC	185232
Query	29218	TTGGGAAGATTGCCTTTCAAGGAATTGATAAAATTCACTGAGGTTATCAAACGCGGTCA	29277
Sbjct	185231	TTGGGAAGATTGCCTTTCAAGGAATTGATACATTTCACTGAGGTTATCAAACGCGGTCA	185172
Query	29278	TAGAACTGTTCAATAATATTCCTTTTAAATGCCTAACAGTTCAGTAGAGATGGCTCCTCTTT	29337
Sbjct	185171	TAGAAATGTTCATGATATTCCCTTTAATGCCTAACAGTTCAGTAGAGATGGCTCCTCTTTT	185112
Query	29338	TATTTCTGAAATTTGGTCATTTGTGTATCTTCTTTTCTTGGTTAGCCTGCATATCAATT	29397
Sbjct	185111	TATTTCTGAAATTTGGTCATTTGTGTATCTTCTTTTCTTGGTTAGCCTGCATATCAATT	185052
Query	29398	CATTCATTGTAATGAGCATATCAAAGAACCAGCttttgggttttattgattttctgatgat	29457
Sbjct	185051	CATTCATTGTAATGAGCATATCAAAGAACCAGCTTTTGGTTTTATTGATTTTCTGATGAT	184992
Query	29458	ttcagtgtttttaatttttattgatttctgtgatgttgtttattaCTTTTACTTGCTTTCCA	29517
Sbjct	184991	TTCAGTGTTTTAATTTTATTGATTTCTGTGATGTGTTTATTACTTTTACTTGCTTTCCA	184932
Query	29518	TTGCATTCCCTCTATTTTCTACAGTTC CCTAATTGAAACATGATATTACTGATTTTAGATC	29577
Sbjct	184931	TTGCATTCCCTCTATTTTCTATAGTTC CCTAATTGAAACATGATATTACTGATTTTAGGTC	184872
Query	29578	TTGTGATTTTTTAGTATATTACATCCAATGCTATAGATTTCCCTCTAAGGACTGCCTTTGC	29637
Sbjct	184871	TTGTGATTTTTTAGTATATTGCATCCAATGCTATAGATTTCCCTCTAAGGACTGCCTTTGC	184812
Query	29638	TACATCCAGAAATCTTGCCAAGTCACATTTTCTTTTAAATGTAGTTAAAAGTATTTTTAAT	29697
Sbjct	184811	TACATCCAGAAATCTTGCCAAGTCACATTTTCTTTTAAATGTAGTTAAAAGTATTTTTAAT	184752
Query	29698	TTTCTATTGAGACTTCTTCTTTAACCCATGAGTTATTTAAAAGTGCATTGCTAATTGCA	29757
Sbjct	184751	TTTCTATTGAGACTTCTTCTTTAACCCATGAGTTATTTAAAAGTGCATTGCTAATTGCA	184692
Query	29758	AATATTTGGGGATTTTGTGGCTCTTTTACAGTTGTTGATTTTTTGTGTGCAGGTATGTGT	29817
Sbjct	184691	AATATTTGGGGATTTTGTGGCTCTTTTACAGTTGTTGATTTTTTGTGTGCAGGTATGTGT	184632
Query	29818	TGCAAAAGCAGTCATCTACCTCATCTTGCCACCACCCAAGATGGCCCAGGATGTGGGCTC	29877
Sbjct	184631	TGCAAAAGCAGTCGTCATCTACCTCATCTTGCCACCACCCAAGATGGCCCAGGATGTGGGCTC	184572
Query	29878	TCCCTGAGTGAATCTTTGGCAATCTGCCAACCTGATGTGGTCGGCCTCCTTCTTTAGTCT	29937
Sbjct	184571	TCCCTGAGTGAATCTTTGGCAATCTGCCAACCTGATGCGTTTCGGCTCCTT---TAGTCT	184515
Query	29938	GAGCTTGCTCTCTGCTTAGAAAGGGCCATTCTCAGTTCTGGCAGGGAGTTTCCCAACAT	29997
Sbjct	184514	GAGCTTGCCCTTCTGCTTAGAAAGGGCCATTCTCAGTTCTGGCAGGGAGTTTCCCAACAT	184455
Query	29998	TGAGAAGGTGGCATTTCTACTCCCCAGTGCAGCCTGCACCTCTGACCGGTGGTCAGCAGA	30057
Sbjct	184454	TGAGAAGGTGGCATTTCTACTCCCCACTGCAGCCTGCACCTCTGACCGGTGGTCAGCAGA	184395
Query	30058	CAGGACAGAGGTCCTCATTAGACAGAGTTCAGCGGGGTCTCTGACCAAAGGGCATCTTCA	30117
Sbjct	184394	CAGGACAGAGGTCCTCATTAGACAGAGTTCAGCGGGGTCTCTGACCAAAGTGCATCTTCA	184335
Query	30118	GAGTCTGCACCTACCCACTGTGACCATGGGCAGGCTCTGAGTCCTAAAGCAGGAGGAACC	30177
Sbjct	184334	GAGTCTGCACCTACCCACTGTGACCAAGGGCAGGCTCTGAGTCCTAAAGCAGGAGGAAC	184275
Query	30178	GTGCGACCATCCTGATTGGAAAATTGTGAGGATCACCATGTTACTCAAGTAAGGTCCTTG	30237
Sbjct	184274	GTGCGACCATCCTGATTGGAAAATTGTGAGGATCACCATGTTACTCAAGTAAGGTCCTTG	184215
Query	30238	GAAAGTGTCTGATTACTACTGTTTGTGAACCTTCTGTTGGTGGCCTGGCTGAGCCACACA	30297
Sbjct	184214	GAAAGTGTCTGATTACTACTGTTTGTGAACCTGTTGTTGGTGGCCTGGCTGAGCCACACA	184155
Query	30298	CTTTATGAAAACAGGACCCCTCAGCTGGTGTGGGTGTCTATGCAGCCTGAGACCCTCAT	30357
Sbjct	184154	CTTTATGAAAACAGGACCCCTCAGCTGGTGTGGGTGTCTATGCAGCCTGAGACCCTCAT	184095
Query	30358	GTGAACAGCCTCGTGGTAGCTGTCTTTGCCCTTGCCACCATCAGTGCCTCCTTGTTCCT	30417
Sbjct	184094	GTGAACAGCCTCGTGGCAGCTGTCTTTGCCCTTGCCACCATCAGTGCCTCCTTGTTCCT	184035
Query	30418	GGGCACCTGCTTTCTCTGATGGTGCTCCATTGTTTTCTGCACCTCAGTGTCTACAGCTGG	30477
Sbjct	184034	GGGCACCTGCTTTCTCTGATGGTGCTCCATTTTTTCTGCACCTCAGTGTCTACAGCTGG	183975
Query	30478	ATGTCTCTTCTGCAATCTAGGTGAGGGGGCATCAATAACAGTTCTGCTGTGGCACTGCCC	30537

Sbjct	183974	ATGTCTCTTCCGCAATCTAGGCAGAGGGGGCATCAATGGCAGTTCTGCTGTGGCACTGCC	183915
Query	30538	TCCTTCTTAGCTTGCTCTTGCTCCGTCCTTAGGCTCCCTCAAAGATCCCACCCCTTCAGGTTCT	30597
Sbjct	183914	TCCTTCTTAGCTTGCTCTTGCTCTGTCTTAGGCTCCCTGAAAGATCCCACCCCTTCAGGTTCT	183855
Query	30598	TTCCACAAGTTTCTTTATTGAAATCCGAGCAGAAAACATATGACCAATATGACCAATCGTAT	30657
Sbjct	183854	TTCCACAAGTTTCTTTATTGAAATCCGAGCAGAAAACATATGACCAATATGACCAATCCTAT	183795
Query	30658	ACCCACTGAAGACATGAATGTAGAATTAACAATTCCTCATGGACTCTACCATATAGAT	30717
Sbjct	183794	ACCCACTGAAGACATGAATGAAGAATTAACAATTCCTCATGGACTCTACCATATAGAT	183735
Query	30718	CCCTAGAAGTAATTTCTTCAAAAAAAAAAAAAA---TCAAGGAAGATGTAATAGTTTTCCA	30774
Sbjct	183734	CCCTAGAAGTAATTTCTTAAAAAAAAAAAAAAAAAATCAAGGAAGATGTAATAGTTTTCCA	183675
Query	30775	TAAATTAGAATACCCTACATGTACAATTAATGAAATGGCTAGTATAGTCTTGAAACCAA	30834
Sbjct	183674	TAAATTAGAATACCCTACATATACAATTAATGAAATGGCTAGTATAGTCTTGAAACCAA	183615
Query	30835	AACCAGATAAGGTAATAATTAAATTCGTGATATTTTAAAAACTGTAAATTCGACTAATG	30894
Sbjct	183614	AATCAGATAAGGTAATAATTAAATTCGTGATATTTTAAAAACTGTAAATTCGACTAATG	183555
Query	30895	TGAGTTAATCTCAAAATATGAAATAGTAGATTAACATTGAAAAATGCAATAAATAAAATTA	30954
Sbjct	183554	TGAGTTAATCTCAATATATGAAATAGTAGATTAACATTGAAAAATGCAATAAATAAAATTA	183495
Query	30955	GCTACCTCAAGAGTTTAATGGAAAAAATGTTGATTATTGCAATAGATTGAGAAATTCGT	31014
Sbjct	183494	GCTACCTCAAGAGTTTAATGGAAAAAATGTTGATTATTGCAATAGATTGAGAAATTCAT	183435
Query	31015	GAATAACATTCACCCATATATTGTAGGACAACATCTCTGATTAA-----GTGACCTGTGA	31068
Sbjct	183434	GAATAACATTCACCCATATATTGTAGGACAACATCTCTGATTAACTTTAAGTGACCTGTGA	183375
Query	31069	CAACCATTGGAATTAATGCTGCTTTACAGCATATCTCTTGGCTTGTTAAAAACCCGACA	31128
Sbjct	183374	CAACCATTGGAATTAATGCTGCTTTACAGCATATCTCTTGGCTTGTTAAAAACCCGACA	183315
Query	31129	AGAATTTCCATAACATTAATTTATTTTTTAACACCTATATTGGGTGTGAACCCACCATAAA	31188
Sbjct	183314	AGAATTTCCGTAAACATTAATTTATTTTTTAACACCTATATTGGGTGTGAACCCACCATAAA	183255
Query	31189	GTTTGCCCACTGAAAAGGCTGCAATTTGATGCTTTATTAAATGATACGTGTGCAACCC	31248
Sbjct	183254	GTTTGCCCACTGAAAAGGCTCACAATTTGATGCTTTATTAAATGATACGTGTGCAACCC	183195
Query	31249	AACACCAGCATCTAATTTAAATATGTTTCCCTCACCCAAGTTCCTCTTGTGCACTGGCA	31308
Sbjct	183194	AACACCATGATCTAATTTAAATATGTTTCCCTCACCCAAGTTCCTCTTGTGCACTGGCA	183135
Query	31309	GTTAATCCCACTCCCATCTCCAGCCCTAAGCAATACTGCTGTGACATTCCATCTCCATA	31368
Sbjct	183134	GTTAATCCCACTCCCATCTCCAGCCCTAAGCAATACTGCTGTGACATTCCATCTCCATA	183075
Query	31369	AATTTCCCACTTGCTTTATAGAAATGGACatatatatatat--TTGGAATCTGACTTCCT	31426
Sbjct	183074	AATTTCCCGCTTGCTTAATAGAAATGGACATATATATATATATTGGAATCTGACTTCCT	183015
Query	31427	TCATTTAGCATACTATGTTTGAAGTTAATTGACGTGTAGCACGTGCTGGTCATGTGTTT	31486
Sbjct	183014	TCATTTAGCATACTATGTTTGAAGTTAATTGACGTGTAGCACGTGCTGGTCATGTGTTT	182955
Query	31487	TCCTTCATAGTCTGCTGTGTTTATTCATACAGATAGTGTTTATTTCATTATCAGTTAATG	31546
Sbjct	182954	TCCTTCATAGTCTGCTGTGTTTACTCATACAGATAGTGTTTATTTCATTATCAGTTAATG	182895
Query	31547	GACATTTAATTATTTTGTttttttCTTTGATGAGTAATGTAGCTTTGAGCATTATATAC	31606
Sbjct	182894	GACATTTAATTATTTTGTATTTTCTTTGATGAGTAATGTAGCTTTGAGCATTATATAC	182835
Query	31607	AGTCATGTAATGCATAATGACATTTTGCTCAaaaaaaaaatttttttttCTGAGACCCA	31666
Sbjct	182834	AGTCACATAATGCATAATGACATTTTGGT-AAAAAAAA-ATTTTTTTTTCTGAGACCCA	182777
Query	31667	GGCTGGAGTGCAGTGGCACAATCTCAGCTCACTGGAACCTCCACCTCCCAGGTTTAAGCA	31726
Sbjct	182776	GGCTGGAGTGCAGTGGCACAATCTCGGCTCACTGGAACCTCCACCTCCCAGGTTTAAGCA	182717
Query	31727	ATTCTCATGCCTCAACCTCCCGAGTAGCTGGGACAACCTGGCACACACCACACGCATGGA	31786
Sbjct	182716	ATTCTCATGCCTCAACCTCCCGAGTAGCTGGGACAACCTGGCACACACCACACGCCTGGA	182657
Query	31787	TAATTTTGTATTTTCAGTAGAGACAGATTTTGCTGTGTTGGTCAGGCTAGTCTCAAAC	31846
Sbjct	182656	TAATTTTGTATTTTCAGTAGAGACAGATTTTGCTGTGTTGGTCAGGCTAGTCTCAAAC	182597
Query	31847	TCCTAGCCTCAGGTGATCGCCCACTCTGCCTCTCAAGTGCTGGGATTATAGGCATGA	31906
Sbjct	182596	TCCTAGCCTCAGGTGATCCACCACCTCTGCCTCCCAAGTGCTGGGATTATAGGCATGA	182537
Query	31907	GCCACCACACCAGCCTAAtttttttAAGAAAC--GAGAACTATTTTCTAAATTACTTTT	31964
Sbjct	182536	GCCACCACACCAGCCTAATTTTTTTAAGAACAAGAGAACATTTTCTAAATTTCCTTTT	182477
Query	31965	GCCAATTTATATTCTTACCATGATGCATAGTACTAATTTCACTGTACAATGTATGGTAGG	32024
Sbjct	182476	GCCAATTTATATTCTTACCATGATGCATAGCACTAATTTACCGTACAATGTATGGTAGG	182417
Query	32025	CCCCAATATGTAAGAAATGATGAAAGTAACACATAAAGATTAGTATAAAACAAATGAGAT	32084
Sbjct	182416	CCCCAATATGTAAGAAATGATGAAAGTAACACATAAAGATTAGTATAAAACAAATGAGAT	182357
Query	32085	TATCATTTGTTGCTATCATCTTTGTCAAATTCGAAAACAATCTGAGTATATTTTATATA	32144
Sbjct	182356	TATCATTTGTTGCTATCATCTTTGTCAAATTCGAAAACAATCTGAGTATATTTTATATA	182297
Query	32145	AATATGCTTGGCAACATAGCTGAAAAAAGCATTATCAGTTACATTTATCAGTAACAAAGA	32204
Sbjct	182296	AATATGCTTGGCAACATAGCTGAAAAAAGCATTATCAGTTACATTTATCAGTAACAAAGA	182237
Query	32205	CATAAATTTGAAGGGGGAAAAACACTTGTACTAACACGCAATGTCAGAATTAACATAAA	32264
Sbjct	182236	CATAAATTTGAAGGGGGAAAAACACTTGTACTAACACGCAATGTCAGAATTAACATAAA	182177
Query	32265	AATTCTGCTGGTCACTTTTGAATATTTAATTGCCTGGGGCAGTGTTTAGTAGACAAATGA	32324
Sbjct	182176	AATTCTGCTGGTCACTTTTGAATATTTAATTGCCTGGGGCAGTGTTTAGTAGACAAATGA	182117
Query	32325	GCAACTATGGAGCACCCAAAGTAGGGGAATCAACAGAACTTGGGTTTCAAAGTTATCTG	32384
Sbjct</			

Query	33036	TTCTTACAAAACCTTGTCACAATAAGCAATATAGCGCCTTCCCCCTATTTCCAGCCCAT	33095
Sbjct	181396	TTCTTACAAAACCTTGTCACAATAAGCAATATAGTGCCTTCCCCCTATTTCCAGCCCAT	181337
Query	33096	GGTGATTCCCTATCC-AC TTTCCTCTGTATGAATTTGACTATTCTAGGCACTTCATGTAAG	33154
Sbjct	181336	GGTGATTCCCTATCCCACTTTCTCTGTATGAATTTGACTATTCTAGGCACTTCATGTAAG	181277
Query	33155	TACAATTATACAATATATTCC TTTTGTGTCTGGCTTATTTCACTAAGCATAATGTTCTCA	33214
Sbjct	181276	TACGATTATACAATATATTCC TTTTGTGTCTGGCTTATTTCACTAAGCATAATGTTCTCA	181217
Query	33215	ATGTCCACCCCATGTTGTATCATCTACCAAAATTATGTTCGTTTTTTACAGATGGATGATG	33274
Sbjct	181216	ATGTCCACCCCATGTTGTATCATCTATCAAAATTATGTTCGTTTTTTACAGATGGATGATG	181157
Query	33275	TAGCATTGCATGTAGACCACCTTGCTTTTATTACATTCA TTGTTCACTGATGGTTGGAT	33334
Sbjct	181156	TAGCATTGCATGCAGACCACCTTGCTTTTATTACATTCA TTGTTCACTGATGGTTGGAT	181097
Query	33335	TATTTCCACCTTTTGCCTCCTGTGAAAAGTGATGCTATAAACATTAGTATACAAGCATCT	33394
Sbjct	181096	TATTTCCACCTTTTGGCTCCTGTGAAAAGTGATGCTACAAACATTAGTATACAACATCT	181037
Query	33395	GTTTGATTCTCGTTCCTATTTGTTTGGGGTGCCTAAGAGTAGAGTTCC TGGGTCTAACGG	33454
Sbjct	181036	GTTTGATTCTCGTTCCTATTTCTTTGGGGTGCCTAAGAGTAGAGTTCC TGGGTCCAACAG	180977
Query	33455	GAGTTCTACATTTAACCTTCTGAGCCACTGCAGACTGTTTCTCACAGTGGCTGCAACTTT	33514
Sbjct	180976	GGGTTCATATTTAACCTTCTGAGCCACTGCAGACTGTTTTCACAGTGGCTGCAACTTT	180917
Query	33515	ATCCATTTCTACCATCAATGTATCAGGGTTACAATTTCTTTACATCCTTGTTACACTTA	33574
Sbjct	180916	ATCCATTTCTACCATCAATGTATCAGGGTTACAATTTCTTTACGTCCTTCTTCACACTTA	180857
Query	33575	TTTTCC TTTAAATCATCCTAGTAGGGTGATATTGGTGTCTGCTTGTGTTTTCATTTGCA	33634
Sbjct	180856	TTTTCC TTTAAATCATCCTAGTAGGGTGATATTGGTGGCTGCTTGTGTTATTATTGCA	180797
Query	33635	TTTCCCTAATGACTAATGATCCTGAGCAGCTTTTCCTGTGCTACTATCTGTGGCTATATC	33694
Sbjct	180796	TTTCCCTAATGACTAATGATCCTGAGCAGCTTTTCCTGTGCTACTATCTGTGGCTATATC	180737
Query	33695	TTCTTTTAGGGAAATATATGTTGAAGTC ttttggccatttttaagagttgtctgattttt	33754
Sbjct	180736	TTCTTTTAGGGAAATATATGTTGAAGTC TTTTGCCATTTTTAAAGAGTTGCTCGATTTT	180677
Query	33755	at tttagtttagttgttgtttagatttttgAATATATCTTAAATATATTTAAAAATATATT	33814
Sbjct	180676	ATTTAGTTTAGTTGGTGTCTGTAGATTTT TGAATATATCTTAAATATATTTTAAA-ATATT	180618
Query	33815	CTAAATTTTAGTCTCTTTACAAGATAAATGATTGCAAAATATT TCCCCCTTTGTGTAGAAC	33874
Sbjct	180617	CTAAATTTTAGTCTCTTTACAAGATAAATGATTGCAAAATATT TCCCCCTTTGTGTAGAAC	180558
Query	33875	TTTAGATTTCACAAACTTCATTAATTTGTAGAAATCCTCAGCAGTTGACCCCAAACAGAT	33934
Sbjct	180557	TTTAGATTTCACAAACTTCATTAATTTGTATGAAATCCTCAGCAGTTGACCCCAAACAGAT	180498
Query	33935	AAGACTGAAGCAGTATCTTAGGAATAGTTGAAAGTATGATCACCACAAACATAAGCGTA	33994
Sbjct	180497	AAGACTGAAGCAGTATTTTAGGAATAGTTGAAAGTATGATCACCACAAACATAAGCCTA	180438
Query	33995	ATCAAACTCCTGCAAGCTACATGTAAGGCACAATGACAAATAAGGCAGCAAAGGGCCATCT	34054
Sbjct	180437	ATCAAACTCCTGCAAGCTACATGTAAGGCACAATAACAAATAAGGCAGCAAAGGGCCATCT	180378
Query	34055	GGTGATTAGTTTACCACACTTGTTGCAACTGTTTGTGCTGCAGAATTAAAACATACCAGC	34114
Sbjct	180377	GGTGATTAGTTTACCACACTTGTTGCAACTGTTTGCCTGCAGAGTTAAAACATACCAGC	180318
Query	34115	ATTCAACCCATGTCTCCTCTCTTGAAGTAAACTGTGCTATGTTGGCTGGCCTGAACAAGC	34174
Sbjct	180317	ATTCAACCCATGTCTCCTCTCTTGAAGTAAACTGTAGTATGTTGGCTGGCCTGAACAAGC	180258
Query	34175	GTAGATATTTCTCCATCCTCAATTAATATGCATGCATGACAAAGAAAGGAGGCCGGGATG	34234
Sbjct	180257	GTAGGTATTCTCCATCCTCAATTAATATGCATGCATGACAAAGAAAGGAGGCCTGGATG	180198
Query	34235	AAAAAATATTGTGTGATTAAATAATTATGCTTTAATTAATTTTAAAGGATATAATTTCAGT	34294
Sbjct	180197	AAAAAATATTGTGTGATTAAATAATTATGCTTTAATTAATTTTAAAGGATATAATTTCAGT	180138
Query	34295	ACTTCTAATTCTCCCATCAGCAGTTATAACAAAGGATTAGTGAATAAATACCATAGACTG	34354
Sbjct	180137	ACTTCTAATTCTCCCATCAGCAGTTATAACAAAGGATTAGTGAATAAATACCATAGACTG	180078
Query	34355	TTTTGCCTAGAAATGAATCCAATCTGTCTATTAACTTTGCTTTTATTCAAGTGCAAAAT	34414
Sbjct	180077	TTTTGCCTAGAAATCGAATCCAATCTGTCTATTAACTTTGCTTTTATTCAAGTGCAAAAT	180018
Query	34415	GCTAAAAACATAATAACTACAGTGACAGCCACTGTGGATCCTCAGAGGCAAAATTAGTC	34474
Sbjct	180017	GCTAAAAACATAATAACTGCAGTGACAGCCACTGTGGATCCTCAGAGGTAAAGTAGTC	179958
Query	34475	TTGGGACATAAACTCCTGCAAGCTAATATTGTTTTTACAGGGTTTAGAAAACCATTTAGCT	34534
Sbjct	179957	TTGCGACATAAACTCCTGCAAGCTAATATTGTTTTTACAGGGTTTAGAAAACCATTTAGCT	179898
Query	34535	GGGTTTCAAACCTCACAGTGTGAGCAGTGGGACTCTCATCAAAC TATAGCATGTGCTTCA	34594
Sbjct	179897	GGGTTTCAAACCTCACAGTGTGAGCAGTGGGACTCTCATCAAAC TATAGCATGTGCTTCA	179838
Query	34595	GTACCATTGTGTAGACTGACTCATTCCCATTGCCCTTAAGTTGCCATCAGCAAAATGCCAGG	34654
Sbjct	179837	GTACCATTGTGTAGACTGACTCATTCCCATTTTCTTAAGTTGCCATCAGCAAAATGCCAGG	179778
Query	34655	GACTCTATTTCTTGCTCCTTAGCTCCTCGTTCTTGCTTGTCTTTCACAGGGAAGATTT	34714
Sbjct	179777	GACTCTATTTCTTGCTCCTTAGCTCCTCGTTCTTGCTTGTCTTTCACAGGGAAGATTT	179718
Query	34715	TCTAGCAGGAGCTCAAGCTGTGCTTTTAAATGAAACACATCCACACACTGTCTGTTGT	34774
Sbjct	179717	TCTAGCAGGAGCTCAAACGTGCTTTTAAATGAAACACATCCACACACTGTCTGTTGT	179658
Query	34775	CCACATTAAGCAGAGCTCCCTGAATAACTCATGAACAAAAGCATCTATGACTAACTGTTG	34834
Sbjct	179657	CCACATTAAGCAGAGCTCCCTGAATAACTCATGAACAAAAGCATCTATGACTAACTGTTG	179598
Query	34835	CTGTGTGTCTCCTCTAGCCTCTGAGGAGTCTCTAGTTTACAAGGACAGAGGAGATGGAGAG	34894
Sbjct	179597	CTCTGTGTCTCCTCTAGCCTCTGAGGAGTCTCTAGTTTACAAGGACAGAGGAGATGGAGAG	179538
Query	34895	AGGCCAGTCAACGTGAGGGTAAGGTTGCCTTGCTTTCTCTGAAATAGAAATGTTCTTTTC	34954
Sbjct	179537	AGGCCAGTCAACGCGAGGGTAAGGTTGCCTTGCTTTCTCTGAAATAGAAATGTTCTTTTC	179478
Query	34955	TTGGTGTCTTTCTTTTTCAACTGACTTTACATGTGAAAAAATGACAATGTCCATGACAGG	35014
Sbjct	179477	TTGGTGTCTTTCTTTTTCAACTGACTTTACATGTGAAAAAATGACAATGTCCATGACAGG	179418
Query	35015	TATTA AATGCAGTTTCTGAGGGGGAGGAAGAAGTGACTCTTAGCAACTGATATGTAATC	35074
Sbjct	179417	TATTA AATGCAGTTTCTGAGGGGGAGGAAGAAGTGACTCTTAGCAACTGATATGTAATC	179358
Query	35075	CAAAATGGCATTTAGCTATGACGGCTTCAGGTTGTAGACTGTATCCTTGGGATCCTTGTC	35134
Sbjct	179357	CAAAATGGCATTTAGCTATGACGGCTTCAGGTTGTAGACTGTATCCTTGGGGTCCTTGTC	179298
Query	35135	CTTGGAAGCAATGTCTTCTCCTTGGATT CAGTATTTTGCACTTGCCAACTACGTGGACC	35194
Sbjct	179297	CTTGGAAGCAATGTCTTCTCCTTGGATT CAGTATTTTGCACTTGCCAACTACGTGGACC	179238
Query	35195	TGAGAGATACACCATCCAGAAGCTGATGTCTTTTCCAGTGTGTATCCTACCCTTGTCTTG	35254
Sbjct	179237	TGAGAGATACGCCATCCAGAAGCTGATGTCTTTTCCAGTGTGTATCCTACCCTTGTTTGT	179178
Query	35255	GAGGCCTTGAAGTTGACTACACTTTCTGATCAAGTTTTCAGTATTCATTGAGAGAAACAG	35314
Sbjct	179177	GAGGCCTTGAAGTTGACTACACTTTCTGATCAAGTTTTC AATATTCATTGAGAGAAACAG	179118
Query	35315	AGCCTTGTGCAAACAATCCACAACATGACATACCCCTCAAAAAGTTTGTGTTCTGTATTG	35374
Sbjct	179117	AGCCTTGTGCAAACAATCCACAACATGACATACCCCTCAAAAAGCTTTGTGTTCTGTATTG	179058
Query	35375	CAGGTGGTGCAGGTGGGCCCTCTGAGGCGTGAATCTAGTAAGTATTCTGGAATCACTTGC	35434
Sbjct	179057	CAGGTGGTGCAGGTGGGCCCTCTGAGGCGTGAATCTAGTAAGTATTCTGGAATCACTTGC	178998
Query	35435	CAAGAAAACAATCTGGATGCCAAGAAAGGTGTGGCATCCTTGCTGGTTTCAATGTGAAG	35494
Sbjct	178997	CAAGAAAACAATCTGGATGCCAAGAAAGGTGTGGCATCCTTGCTGGTTTCAATGTGAAG	178938
Query	35495	AGCCACCCGTATCCTGGGATTGTGATAGGAATAAGTATAGGGGAAGTG tttttttAAAAAC	35554
Sbjct	178937	AGCCTCCCTGATCCTGGGATTGTGATAGGAATAAGTATAGGGGAAGTG TTTTAAAAAC	178878
Query	35555	CTGAATTCCCCAGGGAAAAAATTATGGCCAAATTTTGAGGAAGCAGCTGTGCTCCCTTTTG	35614
Sbjct	178877	CTGAATTCCCCAGGGAAAAATTATGGCCAAATTTTGAGGAAGCAGCTGTGCTCCCTTTTG	178818

Query	35615	GGTGGTGTCTGAGTTGGGTGCTTGAGGATTGGTGGTGTCTTGTTTGAGGCTGCATCgtgtg	35674
Sbjct	178817	GGTGGTGCCGAGTTGGGTGCTTGAGGATTGGTGGTGTCTTGTGTGAGGCTGCATCGTGTG	178758
Query	35675	gtgtgaatgtgtgtgttttctgtacaggtgaggctgtgtgtTTTCTCAGGAGAGATTTCCC	35734
Sbjct	178757	GTGTGAATGTGTGTGTTTCTGTACAGGTGAGGCTGTGTGTTTCTCAGGAGAGATTTCCC	178698
Query	35735	ACTTATACAACCCAATCACCAGTGTCCACTTCTAACAATAAAATCCACCCCGCTCTACT	35794
Sbjct	178697	ACTTATACAACCCAATCACCAGTGTCCACTTCTAACAATAAAATCCACCCCACTCTACT	178638
Query	35795	CTCTCTGTACAGTGACTCCCTCTACCCTCACCAGAGCCATCCCCGGGTCTGCCTTATTATC	35854
Sbjct	178637	GTCTCTGTACAGTGACTCCCTCCACCCTCACCAGAGCCATCCCCAGGTCTGCCTTATTATC	178578
Query	35855	CCGACTACTCAGGTGGGAGAACCTGAAGGGCCAAGGGAGTGGCCCCAGTCCTGAGTTCCT	35914
Sbjct	178577	CCCAGTGTCTCAGGTGGGAGAACCTGAAGGGCCAAGGGAGTGGCCCCAGTCCCGACTTCCT	178518
Query	35915	GAATGAAAAAGTGAAAACACGAACCCAGGAGTGTGGGCCAGTGCTGACACTGACATGCAC	35974
Sbjct	178517	GAATGAAAAAGTGAAAACACGAACCCAGGAGTGTGGGCCAGTGCTGACGCTGACATGCAC	178458
Query	35975	TTAGTCATGGAGTGTTCACCACCACACAGGGAGTTCAGCATTCATCTATAAGCCCTAAAG	36034
Sbjct	178457	TTAGTCATGGGGTGTTCACCACCACACAGGGAGTCCAGCATTCATGTATAAGCCCTAAAG	178398
Query	36035	CACCGAGCCCAAAAGGCCCCAGACACTGCCCATCATCATAAAGTGGCCTCTGTGGTCACA	36094
Sbjct	178397	CACCGAGCCCAAAAGGCCCCAGACACTGCCCATCATCATAAAGTGGCCTCCGTGGTCACA	178338
Query	36095	CAACCCAGGGCAGTTATAGGCTCATCTCCCCACGGACAGGCATAGTCATCAGTGTGTCAA	36154
Sbjct	178337	CAACCCAGGGCAGTTATAGGCTCATCTCCCCACGGACCGGCATAGTCATCAGTGTGTCAA	178278
Query	36155	AAGCACAAAGATCCCCAGGTGTTTGTGCTCAGCTCACAGATC----tttttttttAACTT	36210
Sbjct	178277	AAGCACAAAGATCCCCAGGTGTTTGGCTCAGCTCACAGATCCCCCTTTTTTTTTAACTT	178218
Query	36211	TTAAGTTTCAGGGGTACATGTGCAGGATGTGCAGGTTTGCTACATATAGAAATGTGTGTCA	36270
Sbjct	178217	TTAAGTTTCAGGGGTACATGTGCAGGATGTGCAGGTTTGCTACATATATGAATGTGTGTTA	178158
Query	36271	TGAGAGTTTGTGTGTACAGATTATTGCATCACCCATACATTGAGCCTAAATATCAGCTATTT	36330
Sbjct	178157	TGAGAGTTTGTGTGTACAGATTATTGCATCACCCATATATTGAGGCTAATATCAGTTATTT	178098
Query	36331	TTCCTGATCCCTCCCCCTCCCTCCCACCTCCCACCTCC---AGTGGGCCCCACGCTCACAA	36387
Sbjct	178097	TTCCTGATCCACCCCTCCCTCCCACCTCCCACCTCCTCCAGTAGGCCCCACGCTCACAA	178038
Query	36388	ATTCTAAGAGGAGTGGGGGACCACAAATGCCAGTGTGGCCCACTTCAGTTGTGAAGTTAA	36447
Sbjct	178037	ATTCTAAGAGGAGTGGGGGACCACAAAGGCCAGTGTGGCCCACTTCAGTTGTGAAGTTAA	177978
Query	36448	TTTGCTCAGCAGCTGGCCAAAGCCTGTAAGGATGGGTGATGTATTTTAGTAGATTTAGTA	36507
Sbjct	177977	TCTGCTCAGCAACTGGCCAAAGTCTATAAGGATGGGTGATGTATTTTAGTAGATTTAGTA	177918
Query	36508	ATACTATCTTCCCAAGCCCTAAAATGCTCAAAACCTGCCAGCCAAAAATGGTGAGGAGGG	36567
Sbjct	177917	ATACTATCTTCCCAAGCCCTAAAATGCTCAAAATCCTGCCAGCCAAAAATGGTGAGGAGGG	177858
Query	36568	ACAGATAGGAACTCTGTGTGGCACTTGGTTATTAGCCTGGCTTCCATCCCTTAGTGGCAA	36627
Sbjct	177857	ACAGATAGGAACTCTGTGTGGCACTTGGTTATTAGCCTGGCTTCCATCCCTTAGTGGCAA	177798
Query	36628	CTCTCTTGTATATGTGGGTTAAAGACCCTCAGCCTCAAGCCAAGCCTCCTCCATGAGGAG	36687
Sbjct	177797	CTCTCTTGTATATGTGGGTTAAAGACCCTCAGCCTCAAGCCAAGCCTCCTCCATGAGGAG	177738
Query	36688	CCATCTCACTATTGACTGGCTAGTGCCGGGTATGGCCACCAGCCCACTGAAACAAAATG	36747
Sbjct	177737	CCATCTCACATTGACTGGCTAGTGCCGGGTATGGCCACCAGCCCACTGAAACAAAATG	177678
Query	36748	TTGCTTTAAAAACAAGTGTAATCTCATACA---ACAGGCAAAATGCAGAAGCAATGTGGT	36803
Sbjct	177677	TTGCTTTAAAAACAAGTGTAATCTCATACATACAACAGGCAAAATGCAGAAGCAGTGTGGT	177618
Query	36804	CTCGCAAGTTGTAAAGAGGACAGTCGCAATTTTGCTGGACTTCAACCTGGGTAGAAGACA	36863
Sbjct	177617	CTCGCAAGTTGTAAAGAGGACAGTCGCAATTTTGCTGGACTTCAACCTGGGTAGAAGACA	177558
Query	36864	TGAGGGAACCTCTGCTACTGAATCACGGCAGAGTTCAAGGCCACTTGTAGACTATTTTCATG	36923
Sbjct	177557	TGAGGGAACCTCTGCTACTGAATCACGGCAGAGTTCAAGGCCACTTGTCAGACTATTTTCATG	177498
Query	36924	TTACAGAAGGTAGCCTTTAGTACTAAGCAAAGGCCTCGGTTTCTCATTTCTTTCCTGTT	36983
Sbjct	177497	TTACAGAAGGTGGCCTTTAGTACTAAGCAAAGGCCTCTGTTTCTCATTTCTTTCCTGTT	177438
Query	36984	CATCTTCTTGGTCATCCTTCTTCCGCAAGGGAAACGAGCCCAAGCAAAAGGCAGTTTCAA	37043
Sbjct	177437	CATCTTCTTGGTCATCCTTCTTCCGCAAGGGAAACGAGCCCAAGCAAAAGGCAGTTTCAA	177378
Query	37044	TATTAATTTGACCGAGGTTTTTGTGCAGTTTATTATCATCCAGGTAATCAGGTGCAACCCA	37103
Sbjct	177377	TATTAATTTGACCGAGGTTTTTGTGCAGTTTATTATCATCCAGGTAATCAGGTGCAACTCG	177318
Query	37104	GTCTGCCTAGCAGCCCCCTCTCTCTGCTCTGTGTTTTCATTTAATAAACATTTTGGTCT	37163
Sbjct	177317	GTCTGCCTAGCAGCCCCCTATCTCTGCTCTGTGTTTTCATTTAATAAACATTTTGGTCT	177258
Query	37164	ACTTACTATGTGCTAGATTTTCTCGAGACCAAGTAAATGAGATAGAATCTTTATGTTGGC	37223
Sbjct	177257	ACTTACTATGTGCTAGATTTTCTCGAGACCAAGTAAATGAGATAGAATCTTTATGTTGGC	177198
Query	37224	AGCTAAGTTAGATTTAACATAACTGACAAAAATTAAAAATTCTGATTTCTTGTA AAAAT-	37282
Sbjct	177197	AGCTAAGTTAGATTTAACATAACTGACAAAAATTAAAAATTCTGATTTCTTGTA AAAATA	177138
Query	37283	---TGTATGTGTGAATGCATACTGAAAGTAAAGTGGTTAACa a a a a a a TCACACTTGCA	37339
Sbjct	177137	TTTTGTATGTGTGAATGCATACTGAATGTAAAGTGGATAA-AAAAC---TCACACTTGCA	177082
Query	37340	CTCATGGAAGGCTTTTCATGAATTTGTCAATTTCTA t t t t t t t ATATTTCCCCACTTCAC	37399
Sbjct	177081	CTCATGGAAGGCTTTTCATGAATTTGTCAATTTTATTTT T -ATATTTCCCCACTTCAC	177023
Query	37400	TGGATAATGCATATCTGAACCTGGAACTGATTC C C C A C T G T A G A A A G T T C T G A G C C A C	37459
Sbjct	177022	CGGATAATGCATACCTGAACCTGGAACTGATTC C C C A C T G C A G A A A G T T C T G A G C C A C	176963
Query	37460	ATCCCTTAGCTTCACTAGTGCAGGTCCACCTGGGAGTATGTCC C A G C A T C A G C T T G G C C C	37519
Sbjct	176962	ATCCCTTAGCTTCACTAGTGCAGGTCCACCTGGGAGGATGTCC C A G C A T C A G C T T G G C C C	176903
Query	37520	ATGCTGTGATAAGCCACCTCCATGCACCACACCAAGCAAGCCCTGGGTGATTCACAGTC	37579
Sbjct	176902	ATGCTGTGATCAGCCACCTCCATGCACCACACCAAGCAAGCCCTGGGTGATTCACAGTC	176843
Query	37580	TCCACCACCAAGGGCACTGACCTTTATTCTGTGTTCTTCAAGCTCC C C C A T G G G G A C A C C A T	37639
Sbjct	176842	TCCACTACCAGGGCACTGACCTTAACTCTGTGTTCTTCTAGCTCC C C C A T G A G G A C A C C G T	176783
Query	37640	CCACGACATCACGAACGAGGACGCCGTC-CACGACACCACCGACGAGGACGCCGTC C C A T G	37698
Sbjct	176782	ACACAACATCACTAACGAGGACGCC-TCACACGATATCACTAACGAGGACGCCATACACG	176724
Query	37699	GCACCGCCGACGAGGACGCCGTC C A G G G C A T C G C C G A C G A G G A C G C C G T C C A C G G C A T C G	37758
Sbjct	176723	ACGTCGCTAACGAGGACGCTGTCCACGGCATCGCTAATGAGGCCACCGACAAGGGCATCG	176664
Query	37759	CTGACTGGGACGCCATCCAGGGCCTCGCTGACAGGGACGCCGTC C A C G G C T T C G C T G A T G	37818
Sbjct	176663	CCAACGAGGACACCGCC C A G G G C A T C G C C A A C G T G G T C G C C G T C C A C G G C A T C G C C A A C G	176604
Query	37819	GGGACGCCGTC A A G G G C A T C G C T G A C G G G A C G C C A C C C A G G G C A T C G C T G A A G G G G A C G	37878
Sbjct	176603	AGGATGCCGCC C A G G G C A T C G C C A A C G A G G A T G C C G T C C A C G G C A T T G C T A A C G A G G A T G	176544
Query	37879	ACGTCCATGGCATCGCTGATG 37899	
Sbjct	176543	CCGTGCACGGCATCACTAATG 176523	

Figure S3. Nucleotide sequence alignment of RNA gene FAM230C with a segment of ch22 from the chimpanzee genome. The alignment begins at FAM230C, position 20796, which represents the 3rd TBTA repeat of FAM230C (as shown by RepeatMasker analysis, Table 3 ref. 12), and ends 29 nt from the 3'end of FAM230C, 37928 nt. Alignment by NCBI Blast Basic Local Alignment Search Tool (https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi?CMD=Web&PAGE_TYPE=BlastHome).