

[illegible]

Sbjct	24576	AATTGTGGTGATTATCAGGCACGTCGGATGCAAGGCACGCTTTCGCCCAAAAAATGACACA	24517
Query	781	GGAAAAAAGAACTCACCCGAGTTTGTCTTTTACTATCAATTGGCTCGGGGGTAGCAGTAGGG	840
Sbjct	24516	GGGAGTAAAAATACTACTGAGTTTGTGTTTACCCTCAATGGATCAGGCGTTGCTGTAGGG	24457
Query	841	CGCGCACTTATTGCGGTCATAGAGAATTCTCAAAATAGCGACGGTTCAATAACCATTCGG	900
Sbjct	24456	CGTGCGCTCATTGCTGTCTATTGAAAACATCAAAACAGTGACGGTTCAATGACAATTCCA	24397
Query	901	<i>> serS *</i> GATATTTTAAGACCTTATATGAAAGGCATGAAAGGATTTCACITTCATGATTAAGATAAT	960
Sbjct	24396	GAAGCCTTGAGACCTTATATGAAAGGCATGAAAGGATTTCATTCATGATTAATAATAAT	2433
Query	961	<i>> surE</i> GGATCAAAAGCCTCGCATTCTTATCTCTAATGATGACGGTATTCATGCCCCGGGTCTTAA	1020
Sbjct	24336	GCATCAAAAGCCGCGCATTCTTATCTCTAATGATGACGGTATCCATGCCGCGGGTCTTAA	24277
Query	1021	GGTTTTAGAAGATATTGCATCTACCATTACTGATGACATCTGGATTGTGGCACCCGAATG	1080
Sbjct	24276	AGTCCTCGAAGATATTGCATCCTCAATGACCGATGACATCTGGATTGTGCGCGCTGAATG	24217
Query	1081	GGAACAAAGTGGGGCGGCTCATTTTCTGTCGATCGGTCGCCCTCTTCGTTTCCGTGAATT	1140
Sbjct	24216	GGAACAAAGCGGCGCGGCTCATTTCTCTCTATCGGTGCTCCTCTTCGTTTTCGCGAATT	24157
Query	1141	GGGGCCGAAACGCTACACTGTCAACGGTACTCTACAGATTGCGTCATGATTGCTGTTAA	1200
Sbjct	24156	GGGTCCAAAGCGCTATACAGTCAACGGAACCTCTACGGATTGTGTAATGATCGCCGTCAA	24097
Query	1201	TAAACTTATGACGGCATGCCGTCTGATTGTGATGTTGTGAGGAGTTAACCATGGAGCTAA	1260
Sbjct	24096	CAAACGTGATGACCGAGTGCCGCCCTGATTGTGATGTTATCCGGCGTCAATCATGGAGCTAA	24037
Query	1261	TTTAGGCGAAGATGTGACTTACTCGGGCACAGTAGCCGCCGCTATGGAAGCCACCCTTCT	1320
Sbjct	24036	TTTAGGAGAAGACGTTACTTACTCTGGGACAGTTGCAGCCGCTATGGAAGCAACCCTTCT	23977
Query	1321	TGGTATTTCCGCTATTGCCCCCAGTCAATCGCTCATTACAGACCATGAAAATGGTTATGA	1380
Sbjct	23976	TGGTATTCCTGCTATTGCCCCCAGTCAATCGCTTTTGACTGATCATGAAAATGCCTATGA	23917
Query	1381	TCCTGCGCGTCATTATGGGCCTATTCTGATCAAAAAAATTATCTCTCAGACATGGCCGCG	1440
Sbjct	23916	TCCCGCTCGTCACTATGGCCCCCTTCTCGTCAAAAAGCTCATTTCCTCAACATGGCCTCG	23857
Query	1441	TCATGTCTTGATTAATATCAATTTCCCCGATATCAGTGTGCATAAAAATTCAGGGAGCACG	1500
Sbjct	23856	TCATGTCTGTATCAATATTAATTTCTCTGATATCAGTGTGCATAAAAATTCAGGGAGCTCG	23797
Query	1501	CGTTGTGCACCAAGGATTGCGTAACATTAATGATAACCTTGTTAAATGGAAGATCCCCA	1560
Sbjct	23796	TGTTGTACGTCAAGGATTACGCAATATTAATGATAATCTCGTCAAATGGAAGGACCCTCA	23737
Query	1561	TGGCAAGCCCTTTTTCTGGATTGGTGGAATCGTGATGATTACCTACAGAAGAGGAAAC	1620
Sbjct	23736	CGGAAAACCCCTTTTTCTGGATTGGTGGAATCGCGATGATTCTCTACAGAAGAAGAAAC	23677
Query	1621	AGACTTAGAAGCTATTATCAAGGATCTATTTCTATTACACCTCTTACCTGGATTTAAC	1680
Sbjct	23676	CGATTTGGAAGCTATCCACCAGGCGCTATTTCCATTACACCTCTTCACTTAGACTTGAC	23617
Query	1681	<i>rA5 >rA6 (cp375)</i> <i> rL1 R295</i> <i>> surE *</i> CCATCATTCAACTTTAGAAACCCTTAAACTTGCTTTTATATAATCTTATGAAAACATTC	1740
Sbjct	23616	CCATCATTCAACTTTAGAAACCCTTAAACTTGCTTTTATATGATC--ATGAAAACATTT	23559
Query	1741	<i>> nlpD</i> CCGAACCTCCTTGCTATCGTTATTCTTCTTACTTCTGCGCTGAAAGAAGCTGCACCTCCCG	1800
Sbjct	23558	CTGTCTTCTTTCTGTTGCGTTTCTACTGACAGCTGTTGGCAAAGAAGCTCCCTCCTG	23499
Query	1801	CACCTGTGTGCATATGGTTACTATGAACCTCAGCCCCAGCAACATCTCAA	1850
Sbjct	23498	CTCCTGTGTCTTATGGTTACCATGAGCCATCAGCAGCAACATCATCTCAA	23449

B1. chr.2 195,248..200,299 including x1993-x1442-x1246 *murA*-CoA-carboxylase subunits

Rickettsiaceae bacterium isolate PMG_002 WGS sequence

Sequence ID: [SEEW01000001.1](#) Length: 1121132, 3776/5073, 74 %

Query	7	ATATCAGCGCCGAGTGAGATAATTTTGTCTCAAGTTGTTGATATCCACGATCTAAATGA	66
Sbjct	206290	ATATCTGCTCCGCAAGAAGATAATTTATGTTCAAAAGCCTGATATCCTCGATCCAAATGA	206349
Query	67	TATACCTTCGTATTATTGTTTCTCCTTTAGCGGCAAGGCCTGCCAAAACGAGAGAACT	126
Sbjct	206350	TAAACTCTTCTATTCTTGTCTCACCCGTTGCAGCAAGTGCTGCTAATATTAGGCAACTT	206409
Query	127	GAAGCTCTAAGATCACTTGCCATGACTTCTGCCCCGCTTAAATGTTCAACTCCTCTAATC	186
Sbjct	206410	GAAGCCCTTAAGTCACTAGCCATTACTTCAGCGCCTTTTAAGTATTTACTCCTTTGATT	206469
Query	187	ATTGCACTATGTCCACTAATAGTTATATTAGCACCCATTCCGCAGAGTTCAGGAATATGC	246
Sbjct	206470	ATAGCATTGTGTTCTTTTATAATGATATTTGCTCCCATACGATTAGTTCTGGCACGTGC	206529
Query	247	ATAAAGCGATTTTAAAGATATTTTCTGTAATAACAGCGGCTCCCTCAGCAAGAGTCATC	306
Sbjct	206530	ATATAGCGATTTTCAAATATGTTTCTGTGATTACCGATGCTCCATCTGCAATAGTGAGT	206589
Query	307	AGGCTCATAACTGCGCTTGGAGATCAGTAGAAAAACCAGGATATGCTTCAGTTTGAATA	366
Sbjct	206590	AGACTCATAAATTGAGCTTGTAATCAGTTGCAATCCCGGTACTCTTCAGTATTAATA	206649
Query	367	TCTACCGACTTTATATTACCGCTATACCTTAACTCTTAC-TCCATTCTCTAAA---GGGC-	421
Sbjct	206650	TCAGTAGGTTTGATGA---CGCCAGAGTGT---CTGACATTTATTC-CTGAATTTGTGCG	206702
Query	422	--TAACTTCGACTCCAGCATCTA-TAAGCTTTAA-TCCTAAATTTTCAATAATATGGTAA	477
Sbjct	206703	TGTTACTATTGTTCCAGACTCAAGTAA--TTTAAGTACTAGATTTTCTACTATTTTATAA	206760
Query	478	TCAATTCCAAGAATATCTAACTTTCCTTTAGTAATAGCAGCAGCAATCATGTAGGTCCCT	537
Sbjct	206761	TCTATTCCAACATATCAAGTTCACCTTTTGTAAATGCAGCAGCAATCATGTAGGTGCCA	206820
Query	538	GCTTCGATTCTATCAGGCATAACTTTATAATTTGCACCTTTTAAAGATTCAACGCCGGTA	597
Sbjct	206821	GCTTCTATTCTGTCTGGCATTACATCGTAAGTGACTCCTTTTAAAGAACTAACTCCCATG	206880
Query	598	ATTTTAATTTCTCCTGTGGAATCACCATCTATATTTGCTCCCATTGCAGTCAAACATTTA	657
Sbjct	206881	ATTTTATTTCTGCAGTACCTGCTCCTTTGATTTTAGCTCCCATTTTACATAAAATACTTA	206940
Query	658	CAAAGGTCAATAATTTCCGGTTCCCGCGCGCAATTAAGCAAAACAGTTTCTCCTTTTGCT	717
Sbjct	206941	CACAAATCTACGATCTCTGGTTCTTTTGCGCAGTTTGTTAATGAAGTTTACCTTCAGCT	207000
Query	718	AAAGTTGCAGCCATAATGGCATTGATAGTGGCACCAACGGAAATTTTATTAATAATAAG	777
Sbjct	207001	AATGAAGCAGCCAAATATCGCAGTGATAGTTGCTCCTACCGAAATCTATGAAAATTAATA	207060
Query	778	TGAACGCCCTTTAATCTACCTTTTGCTTTTGTCTTTATATAACCATGTGTAATTTCAATG	837
Sbjct	207061	TGGGTACCTTTAATTGTCCTTTACTTTGAGCTTTAATATATCCTTGTCTATTTCATG	207120
Query	838	TCAGCTCCCATCGCTCTTAAGACATCTATATGCAAATCGACTTGTCTTGCTCCTATTGCG	897
Sbjct	207121	TGAGCATTCTAGGCTTCTAAACACTGATGTGCATATCAACTTGTGAGCGCCAATAGCG	207180
Query	898	CATCCCCCTGGAAGGGAGACTTGCGCTTTCCCAAATCTTGCAAGCAGTGGTCTAAAACC	957
Sbjct	207181	CATCCTCCAGGTAATGATATTTTAGCCTCACCAATCTTGCTAGTAGCGGGCCAAGTACC	207240
Query	958	CAGATGGAGGCTCGCATTTTCTGACAATATCATAAGGAGCTACAAAATTATCAACCTTA	1017
Sbjct	207241	CATATTGAAGCACGCATTTTACGTACAATCTCATATGGGGCAATAAAATCTGTAATTTTG	207300
Query	1018	TTACTATTAATCGAGAGTGCA----TAATAAT-CTCCTAAATCTT---TAATATCTATTA	1069
Sbjct	207301	CTACAATCAAT-----GTGTAACCTAGTGATTCTGCTTGATCATAGCTACTAACTATAG	207355

Query	1070	AAATTCCTGATTTTGCAATAGAGTCTTCATAGTATAGATATCAGTAAGCTTTGGAATAT	1129
Sbjct	207356	CA---CCATGATGGCGTAGCAGACTATTCATTGTTTCTACATCAGTGAGTTTGGGAATAT	207412
Query	1130	TTATTAAGTTAAGATTTCCCTCTGCA---AGCAAAGCTGCAGTTATTATTGGAAGGGCAG	1186
Sbjct	207413	TAGTCAATACAA---TTCGATCTGCAGTTAGTAGTGACGCTGCCATTATTGGTAAAGCAG	207469
Query	1187	CATTTTTGGCACCACCTAATATTAACCTTTGCCTATCAGCGGCTTGCCACCTTTAATTATTA	1246
Sbjct	207470	CATTTTTAGCACCGTTAATTTTAACTATTCCTTGTAGAGGCGTTCCACCTTTAATGACTA	207529
		murA <	
Query	1247	TACTATCCATGTGCAATATATATTTCTAAATTCTTGACTATATTAGAGaaaaaTCATC	1306
Sbjct	207530	TACTATCCAT-----TATATTTATACATG-TTG--TTTGTAG-GTTTTAAATCTTT	207577
Query	1307	TCAGACAAGTTTAAATCACTTATTTAAATTATCTAAAGGCTATAGTCCTCGCA-TAGAAT	1365
Sbjct	207578	TAAACACTT-TTTAAACGTAATATATAATTGATTATTGGTAAAATAAATCATAATTAAAT	207636
Query	1366	CAT-TATTTCATATTCTTTATAATAATTTCTGAACTAAATTGGTCTTTTACTTTTCT	1424
Sbjct	207637	AATGTATTCC--TATTAAGAACTATAACTTTTTT-AAC-AAATTG-TATTTGTGCTATCT	207691
Query	1425	TTTATTAATTTTATTATTATACTAAAGAGCATTTTAATTGAATCAAAGATTAATTG--AT	1482
Sbjct	207692	TTTTTCTATTTAATTAATATACTGTAG--CATTCAAAAATTAGCTAAAATTTAGTGAAAT	207749
		> Acyl-CoA-carboxylase	
Query	1483	GAATCAAACCATTTTACCAGATCAAGACTTACTTGAGGAAAAACGCAGTATAGCGCGCGC	1542
Sbjct	207750	GAATCAAACGTTCTACAAGGTCAAGATCTTCTGAAGAAAAAGAAGTATAGCTAGAGC	207809
Query	1543	CGGTGGTGGACATGATCGGATAGCACTGCAACATAAGAAAGGAAAGCTAACAGCTCGTCA	1602
Sbjct	207810	TGGTGGGGGCTTGAGCGTATCGCTCTTCAACATAAAAAAGGACGACTCACGGCTCGCGA	207869
Query	1603	GAGAGTTGAAGCTTTCCTTGATCCTGATAGTTTGAAGAAACGGGCATGTTTGTCGAACA	1662
Sbjct	207870	AAGAATTGAAGTTTATTAGACCAGACAGTTTGAAGAACTGGCATGTTTGTCGAGCA	207929
Query	1663	TCGCTGCGATAATTTTCGGTATGAAAGATAAAAAAGTTTGCAGGTGACGGGGTTGTCACAGG	1722
Sbjct	207930	CAGGTGCGACAATTTTGGTATGAAAGATAAAAAAACTGCTGGTGATGGAGTGGTGACAGG	207989
Query	1723	GCATGGCACAATCAATGGTCGCTTGGTTTTTATCTATAGTCAGGATTTTACCGTTCTTGG	1782
Sbjct	207990	TCATGGTACGATAAATGGCCGCTTAGTATTTATATATAGTCAAGATTTTACAGTTCTTGG	208049
Query	1783	TGGCTCACTCGGTGAATATCATGCTAAGAAAATTTGTAATGTTATAGATTTCGGCTCTGCA	1842
Sbjct	208050	TGGGTCACTTGGCGAATATCATGCTAAGAAAGATTGTAGTGTTGTTGATTACAGCTTTGCA	208109
Query	1843	AGTTGGAGCTCCTGTTATTGGAATTAACGATTCCGGTGGCGCCCGAATTCAAGAGGGAGT	1902
Sbjct	208110	AGCTGGTGCTCCAGTAATAGGTATAAACGATTCTGGAGGAGCAAGAATTCAAGAAGGAGT	208169
Query	1903	TGATGCGCTCGGTGGTTACGGTGAATTATTTCAACGTAATGTCATAGCTTCAGGCGTGAT	1962
Sbjct	208170	TGATGCTCTTGGTGGATATGGTGAGCTATTTCAACGCAATGTTCTTGCTTCAGGTGTGAT	208229
Query	1963	TCCTCAGATTACTCTAATTATGGGCCCTGCGCAGGCGGTTGCCGTTTACTCCCTTGCACT	2022
Sbjct	208230	ACCTCAAATTAGCTGATCATGGGTCCATGCGCAGGAGGCGCAGTATACTACCTGCTCT	208289
Query	2023	AACTGACTTTATATTCATGGTCCGAGATTCATCTTATATGTTTGTACAGGACCGGATGT	2082
Sbjct	208290	GACTGATTTTCATATTTATGGTGCGTGACTCTTCTTATATGTTTGTACAGGGCCTGAAGT	208349
Query	2083	GGTCAAAACTGTAAACAGGCGAAGAAGTCAGCCAAGAGAAATTAGGTGGTGCGAGGATGCA	2142
Sbjct	208350	TGTTAAAGCAGTTACTGGTGAGGAAGTAAGCCAAGAAAAGTTAGGTGGTGCTCGAATACA	208409
Query	2143	TACTACTAAAAGCGGAGTAGCAGATTTAGCTTTTAAAAATGATATTGAAGCATTGCTTGA	2202

Sbjct	208410		208469
		TACTACAAAAAGCGGCATAGCTGATTTATCATTTAAAAATGACATAGAAGCATTGTTAGA	
Query	2203	GACTAGAAGATTTTTTAATTTTCTACCGCTATCTAATCGCGCCCTCTTCCTACAAGATA	2262
Sbjct	208470	AACCAGACGACTGTTTAATTTTCTCTCTTTCTAATCGCGCTCCTTTGCCTAGTCGTTG	208529
Query	2263	TACTAAAGACCCAGCGGACCGAGTCGATATGTCACTCAATACCTTAGTACCG--CTTGCT	2320
Sbjct	208530	CACTAAAGACCCTGCCGATAGAGTAGATATGTCTTTAAATACTTTGGTTCCTAACGTGC-	208588
Query	2321	GCTAATAAATCTTATGATATGAAAGAGTTAATCCAACGTATTGTTGATGAAGGATAATTT	2380
Sbjct	208589	-CAAATAAATCGTACGACATGAAAGAGTTAATTAAGCGTATAGTTGACGAAGGAGATTTT	208647
Query	2381	TTTGAACCTCAACCTGATTTTGCTAAAAATATCCTAATTGGTTTTGGCTATATGGAGGGA	2440
Sbjct	208648	TTTGAGCTTCATGCCGAATTTGCTAAAAATATTATTATTGGCTTTGGTTATATGGAAGGA	208707
Query	2441	AGATCAATAGGATTTCGTTGCTAATCAACCTCTTTATTTAGCTGGCTGCTTAGATATTAAT	2500
Sbjct	208708	AGACCGTGGGTTTGTGTGCCAACCAACCACTTTACCTAGCTGGCTGTTTAGATATTAAT	208767
Query	2501	GCTTCACGCAAAGCGGCTCGGTTTCGTTTTCGTTTTCGCGATGCTTTTAATATTCCAATAGTT	2560
Sbjct	208768	TCTTCAAGAAAAGCAGCTAGGTTTATACGTTTTTGTGACGCTTTTAATATACCTATAATT	208827
Query	2561	AGCCTGGTTGACGTCCCAGGATTCCACCAGGCACTGCTCAAGAGCATGATGGCATAATA	2620
Sbjct	208828	AGTTTAGTTGATGTACCAGGATTTTACCTGGTACTAATCAAGAATACAATGGGCTGATT	208887
Query	2621	AAACATGGCGCAAAGCTGCTTTATGCTTATGCTGAGGCCACTGTACCAAAAATCACGGTC	2680
Sbjct	208888	AAGCATGGAGCAAACTTTTATACGCTTATGCAGAGGCCACTGTACCCAAGATTACAGTC	208947
Query	2681	ATTACCAGAAAAGCTTATGGCGGAGCTTATATTGTTATGAATTCTAAGCATTTACGTGGA	2740
Sbjct	208948	ATCACCAGAAAAGCTTATGGTGGAGCTTATATAGTAATGAATTCAAAACACCTGCGTGGA	209007
Query	2741	GATGTAAATTATGCATGGGTTAATCCCAGAAATTGCTGTCATGGGAGCTGAAGGAGCAGCA	2800
Sbjct	209008	GATGTCAATTATGCTTGGATTAATTCAGAAATAGCTGTTATGGGCGCAGAAGGAGCGGCT	209067
Query	2801	GAGATAATTTTTAAAGAAGATTGCAAAGATTTCAGATTTAAAGAAGAAAAAGATACAAGAG	2860
Sbjct	209068	GAAATTATATTTAAAAACGAATGCAAAGATCCTGAACAAAAAAAATATTGATACAAGAA	209127
Query	2861	TATAAAGATACGGTTACCTCACTTTTCGTTGCAGCATCTCGCGGTTATCTAGATGATATT	2920
Sbjct	209128	TATAAGGACACTATTACTTCTCCATTTATAGCAGCGTCTAGAGGATACATAGATGACATC	209187
Query	2921	ATAAAGCCACAAAATACGAGATGGCGTATTTGCAAAGCTTTGAATTTTTTACAGGGTAAA	2980
Sbjct	209188	ATTAAACCACAAAATACTCGTTGGCGACTTTGCAAAGCATTAATTTTTTACGTGAGAAA	209247
		> Acyl-CoA-carboxylase *	
Query	2981	AATACTCAAATGCCATGGAAAAAACATGACAACCTTCCTTTATGATATGTTAATATGAAA	3040
Sbjct	209248	AAAGTACAAGTTCATGGAAAAAACATGACAATCTCCGCTGTAATGTTTCAATAT--AT	209305
		> APMC-CoA-carboxylase	
Query	3041	TTAAGAATTAA--TAAATGAACAAGCCATTATTGATAAAGTTTTAATTGCTAACCAGAGG	3098
Sbjct	209306	TTAGGTAATAAATTCAATGTCTAAACCTTTATTGATAAAGTTTGTATCGCTAATCGTGG	209365
Query	3099	TGAGATCTCCCTGAGAATCATGCGTTCTCTAAAGAAAATGGGCATAAAATCAGTTGCAGT	3158
Sbjct	209366	TGAGATTGCATTAAAGAATAATGCGCTCACTAAAAAAGATGGGTATCAAATCAGTTGCTAT	209425
Query	3159	GTATTCTGAGGCAGATACCGGTTCTAAGCACGTTCAAGAAGCGGACGAAGCTTATTATGT	3218
Sbjct	209426	ATACTCAGAGGCTGATACAACTCAATGCATGTGCAGTATGCTGATGAAGCCTATTATGT	209485
Query	3219	TGGTAATTCCCCAGCTACTGAGAGTTATTTATCTATTAAAAATATTGTCAATGCAGCAAG	3278
Sbjct	209486	GGGTAATTCTCCAGCAACTGAAAGTTATTTATCAATAAAAAATATCATTAATGCTATTAG	209545
Query	3279	GGCAAGTGGAGCGCAGGAGTGCATCCAGGTTATGGTTTTTTAGCAGAAAATTTTAACTT	3338

Sbjct	209546	AGCGAGTGGTGCTCAAGCTGTTTCATCCTGGCTATGGATTTTTAGCCGAAAATGCAAATTT	209605
Query	3339	TGCTAATATCTTAAAAAGAGAAGGAATCACTTTGATAGGCCCTAGCGCTCAAGCTATCAA	3398
Sbjct	209606	CGCTAGCGCTCTAAAAAGAGAAGGCATTACCTTAATTGGTCCAAGTGCTGGTGCTATAAA	209665
Query	3399	GCAAAATGGGTGATAAGATTGAGGCTaaaaaaTAGCTACTGAAGCTGGTGTTACTACAGT	3458
Sbjct	209666	ACAAATGGGCGATAAAATTGAAGCAAAAAAATTGCTACTGAAGCTGGAGTTACCACTGT	209725
Query	3459	TCCAGGATATATGGGAATTATTGCGCAATGTTAATCAAGCTATCTCTATTGCTGAAGAAAT	3518
Sbjct	209726	TCCAGGTTACATGGGCATTATTTCGTAATATTACTCAAGCAATATCTATAGCAGAAGAGAT	209785
Query	3519	AGGTTTTCCGGTTATTGTTAAAGCGGCGCAGGTGGCGGAGGTCGTGGGATGAGAGTAGT	3578
Sbjct	209786	AGGATTTCCAGTCATTGTTAAAGCAGCAGCTGGTGGTGGTGGTAGAGGCATGAGAGTAGT	209845
Query	3579	TAAAAATTCCTCAGAGATGGCTGCGGCATTTGAATCAGCAAAATTAGAAGCCGAGAATAG	3638
Sbjct	209846	TAAAAATTCCTGCAGAGATGGCTCAAGCATTTGAATCAGCTAAAATTGAAGCAGAAAATAG	209905
Query	3639	CTTTAATGATGGCAGAGTCTTCATCGAAAAATTAATTGAAAACCCGCGTCATATAGAAAT	3698
Sbjct	209906	TTTTGATGACGGTAGAGTATTCATTGAGAGATTAATTGAAAGTCCACGTCATATAGAAAT	209965
Query	3699	TCAGTTAATAGCTGATCAATTTGGTAACGCTGTGTGTTTGGGTGAGCGTGAATGTTCTAT	3758
Sbjct	209966	CCAGTTATTAGCTGATCAATTTGGTAATGCAGTATGTTTGGGCGAAAGAGAATGCTCTAT	210025
Query	3759	TCAACGGCATCATCAAAAAATCATTGAAGAAGCGCCTAGTTCTTTTATAACTGAAGAAAT	3818
Sbjct	210026	TCAGCGTCATCATCAAAAAATTAATTGAAGAAGCGCCAAGTGATTTATCACTGAAGAAAT	210085
Query	3819	TCGGCAGAAAATGTATGCAGAAGTTATAGCTCTCACACACAAAGTTGGATATTATTCTGC	3878
Sbjct	210086	ACGTAAGCAGATGTATGCAGAAGTGATAGCTTTATCCAATAAAGTTGGATATTACTCAGC	210145
Query	3879	TGGTACTGTAGAATTTATAATGGATCCTGATAAGCATTACTATTTTCATGGAGATGAATAC	3938
Sbjct	210146	TGGTACGGTGGAGTTCATTATGGATTCCAAGAAACAATATTATTTTATGGAAATGAATAC	210205
Query	3939	CAGGTTGCAAGTTGAGCATCCGTAAGTGAATTAGTTACCGGTATTGATATTGTTGAAGA	3998
Sbjct	210206	TAGGCTTCAAGTTGAACATCCAGTAAGTGAAGTACCGGTATTGATATCATTGAAGA	210265
Query	3999	AATGATAAAAAATTGCGGCTGGCGAGAAATTATCTTTTACTCAAGATGATATTAATTTAA	4058
Sbjct	210266	GATGATAAAAAATTGCTGCTGGAGAGAAATTATCTTTCACCCAAGAAGATATAAAAAATTAA	210325
Query	4059	AGGTTGGGCAATAGAGTCCAGAATATGTCTGAAGATCCAAGTAGAGGATTTCTACCTTC	4118
Sbjct	210326	AGGCTGGGCAATTGAAGCAAGAAATTGCTCAGAAGATCCAAGTCGAGGCTTCTTACCCTC	210385
Query	4119	GAGTGGTAGAATTACTGGATATGCAGAACCATTAAAAAGCCCACATATTCGAATTGATAG	4178
Sbjct	210386	TAGCGGTAGAATTACAGAATATGCTGAGCCATTAAAAAGTCCCAACATTTCGTGTAGATAG	210445
Query	4179	CGGTGTGAGTATTGGCGGTGAGGTCAGCATGTTCTATGATCCAATGATTGCCAAGCTTTG	4238
Sbjct	210446	CGGAGTTGGTGCTGGCGGTGAAGTTAGTATGTTTTACGATCCAATGATAGCAAAATTGTG	210505
Query	4239	CACTTATCATGACACAAGAGAACAAGCGATTGAAATTATGCAAACAGCTTTAAGTTCTTA	4298
Sbjct	210506	TACTTATCATGATGATAGAGCACAGGCCATAGAATGTATGCGTTCTGCTCTTAGTTCTTA	210565
Query	4299	TGTTATCCAAGGGATTTCTCATAATATCAGCTTTTGTAGAAGCCGTTATGTCACATCCACG	4358
Sbjct	210566	TGTAATTCAAGGTATCTCGCATAATATCAGCTTTTGTAGAAGCAGTTATCTCTCATCAAAG	210625
Query	4359	ATTCATTAGTGGTAATATTAATACCGGTTTCATTGCAGAAGAATATCCCGCTGGTTTTTC	4418
Sbjct	210626	ATTTATTGATGGTAATATAAACACAGGTTTTATAGCTGAAGAATACCCTGCTGGTTTTTC	210685
Query	4419	AGGAGCGAGCCTCACTTCTGAAATTACTGATGTTTTCTAGCAACAGCAATTTTACACTTA	4478

Sbjct	210686	TGGCGCTACTCTTACTTCCGAAATAACTGATGTTTTTCTCTCTACTGCCATATTTGCTTA	210745
Query	4479	TATTACTGAACAAAAAGAGCTGCCTCAATTGAAGGACAAATGGTTGATCAAGCCAGTAA	4538
Sbjct	210746	TATAACTGAGCAAAAAGAGCTTCTTCAATATCAGGTCAAATTATTGATCAAGTAAGTAA	210805
Query	4539	AATCGGTACCCGATGGGTAGTATCTATTGATGATCGTTTATTCCTGTTTAATTAAACC	4598
Sbjct	210806	CATAGGTACTAGGTGGGTAGTATCTATAGATGATAAATTATTTCCAGTATTAATCAAGCC	210865
Query	4599	CGTGCCAGATGGTTATAATATAAGACAAGGTTATACTAGGATTATATCCGCAGCAATTG	4658
Sbjct	210866	CGTCCAAGAAGGCTATAACATCAGACAAGGCTATACTAGAATTTATATACGTAGTAAC TG	210925
Query	4659	GAATTTAGGCAGCCACCTTTTCTCTGCCGTAGTTAATGGGAGAAAGGTTAACGTCAAAAT	4718
Sbjct	210926	GCACATAGGTAGTCATTTATTTTCTGCTACGATTAATGGTAGAAAAGTCAATGTCAAAAT	210985
Query	4719	CGAGAATATCTCTACTGGTTATAGACTTACCCATTCCGGAATAACTGTTAAAACATTTGT	4778
Sbjct	210986	AGAAAGTATACTTACAGGATATAAATTAAC TACTCAGGTATTACAGTTAAAGCTTATGT	211045
Query	4779	CCGCTCGCCACTCATGAGTGAGCTTGAATCGATTATGCCT-GTGAAATTGCAACTTGATG	4837
Sbjct	211046	ACGCTCACCAAGAATGAGTGAAC TTGAATCAGTAATGCTTGGTAAAATTAC-TGTTAATG	211104
Query	4838	ACCTGACTGAGCTCACTGCCCCCTTGCTGGCCAAATTATTGCGGTTAAAGTCCAAGAAG	4897
Sbjct	211105	ATCAAGCAGAACTTACAGCTCCTCTAGCGGGACAAATAATAGCTGTAAAAATCAAAGAGC	211164
Query	4898	GTGATGAAGTTATCGTCAGTCAAGAAATAATGATTTTAAACGGCTATGAAGATGGAAAATA	4957
Sbjct	211165	AAGAGGAAGTAGTGGTGGGTCAAGAATTGATAGTCTTAACAGCTATGAAAATGGAAAATA	211224
Query	4958	TAATTTTAGCAGAGTGTGCAGGAAAAATAGCTAAAATATTTGTTAAAGATAAAGACCAAG	5017
Sbjct	211225	TAATCCTTGCTGAGAGAAGCGGCAAAATAGCTAAAATATTTATTCAAGAGAAAGATCAAG	211284
Query	5018	TCTCTGCTGGACAAGTATTACTAGAAATTTGAGT	5050
Sbjct	211285	TATCAGCTGGTCAAGTTTGTAGGAATTTGAGT	211317

A2 x2170 *Caedibacter varicaedens* DNA, WGS contig: Cva_contig000098 ; Length: 14326,

Sequence ID: [BBVC01000098.1](#), including XspD and prepilin peptidase CDS1700/2188(78%)

Query	1	GTGCTTTCGGTTATAGGAACGAAAGGGTCAGCTTTATTGTCTACAATTGTGGCTTTCAGG	60
Sbjct	13019	GTACTTTCTGTTACGGGAACAAAAGTATCCGCTTTATTATCCACAATGGTGGCTTTCAGG	12960
Query	61	AAAATAACTAACTCTGACACAACCCGATCGTCCGATTTTCTCTTTTGCAAGATTTCCGAAC	120
Sbjct	12959	AAAATAACCAGCTCTGACACAACGCGATCCTCAGATTTGGCTTTTGCAAGATTTCCCAAT	12900
Query	121	AAAGGGACTTCACTGATATACAGTACGCCGATTGATTATTTTTTGAAATTTATTCATC	180
Sbjct	12899	AAAGGGACTTCACTGAGGTAGGGGACGCCTGATTGGTTATTTTTGCGACCTCTTCCATA	12840
Query	181	AGCCCACCCATAACAATGAATTCGCCGAGTTTCATGCAAACGAGAGATTCGAACTCTTGT	240
Sbjct	12839	AGTCTCCCATCACAATGAATTCGCCGAGTTTCATACAAACGAGAGATTCAAACTCTTGT	12780
Query	241	TTACGAACAACGGGAACATAAGATTGTTGTGTTTCTTTAGAAACGATAGCAACGGCAGGA	300
Sbjct	12779	TTGCGAACAACAGGAACATAGGATTGTTGCGCTTCTTTGGAACAATGGCAACCGCAGGG	12720
Query	301	TCGGGTTTTTCATCAACCACCCGTGAAATAGTAGGACGTAAAGATAAAACAATAGAGCCA	360
Sbjct	12719	TCTGCCTTTTCATCCACAACGCGTGAAATGGTGGGACGCAAGGATAAAACAATAGAGCCA	12660
Query	361	TCTGCGATATTAATCGAGGGGTGAACAACCATGATAAGACCAATAGAAACGGTGTGAAC	420
Sbjct	12659	TCCGCAAGATTGATTGAAGGATGAACGACCATGATAAGACCAATGGGAACAGTATGGATT	12600

Query	421	TCACTGGGACAGTATTTCATATTCTCGGACGGAGTCATAACCGTAATCCCTATTCTAATTT	480
Sbjct	12599		12540
		TCACTGGATACATATTTCATGCTCGCGGACAGAGTCATAGCCATAATCCCTGTTATAGTTG	
Query	481	CTCCGAAAATATACATAATTTGTCGCTACTTTTATGACTCCGAGTTCGTTATTCATAGCG	540
Sbjct	12539		12480
		ATTCGAAAATAGACATAAATTGGTGGCAACTTTTATGACGCCGGGTTTCATTGTTTCATAGCG	
Query	541	GTTAATCGTGGGCTGGACAAAGTTATGACCGTCCCGAATTTATTGATTAAACTCACGATC	600
Sbjct	12479		12420
		GTCAATCGCGGGCTGGAAAGCGTTCTGACTGTCCCAATTTATTGATCAGACCTACTATT	
Query	601	TCTGTTAACTGTTTGCCACTTGCTCCAAAAGTAAAAACATCGCGTACGATAGTAGCTTTT	660
Sbjct	12419		12360
		TCAGTGAGCTGTTTGCCGCTGCCCCGAAGGTGAAACATCTCGCACGGGGGTGGCGTTT	
Query	661	TTATTAAGATCCGGGTGTTATAGTGTGCGCCATAGGGCTTTGAAGTACAAGGTCTCCC	720
Sbjct	12359		12300
		TTGTTAAAGGATCCGGGTGTGATCGTGTCTCCAGAGGGCTTTGAAGAACAAGGTCTCCC	
Query	721	TTCAGTAAATTCAGTTAATACCTGCTTGAAATTCGTCTTTGAGGATAACTTCAACAATT	780
Sbjct	12299		12240
		TTGAGCAAATTCAGTTAATGCCGGCCTTAAATTCATCCTTGAGGATGACTTCGACGATT	
Query	781	TTAGCCTCGATGAGTACTTGGCTTGAGGTGCTGAGGCGCAATAATTTT-AAAAATGTTCT	839
Sbjct	12239		12180
		TTAGCTTCGATCAAGACCTGGCTTGATGTGCTGAGTCGCAATAGTTTTAAAAATGTTCTG	
Query	840	ACTTGTTGGTGTGTGAGCCTGAGTGACGTGAATATAAATAATTCGGCTGTGTTTATGAAGA	899
Sbjct	12179		12120
		ACTTGTTGGTGTGTGAGCCTGAGTCCCATAAACAGAGATAATTCGGCCTGTTGTGTGAAG	
Query	900	GAGTACGCAGATTTTTCCTGTTTCCCTCCTTTAGGTTCAGAATCCTGTAGAATTGTTGAA	959
Sbjct	12119		12060
		GAGTAGGAAGATTTATCCTGTCCAACCTCCTTGGCATCAGAATCTGTAAAATGGTTGAA	
Query	960	AGATTACTCTCTAGTTCTGCCGAGAAATCATTTTTCGTCTCGCCCGTTAAACAAGGTATTA	1019
Sbjct	12059		12000
		AGGTTACTCTCCAGTTCTGCCGAGAAATCATTTTTTGTTCACCTGTCAGCAAGGTGTTG	
Query	1020	GATCCATTATCGCTGTATGGGCTTGCCCTCGTTGGCGGTAAAAATATCCGTTGCAACT	1079
Sbjct	11999		11940
		GAGCCATTATCTGCTGTGCTACCTTGTCCTTCGTTTGTGGTAAAAATGTCCGTTGCGACT	
Query	1080	GAAATTCGACTTTGATTCTGCTGTGTCAAAGAAAGGAAGTGAATTAATTCAA	1139
Sbjct	11939		11880
		GAAATACGGCTTTGATTTTGTGCGGTCAAGGAAAGAACTGGGCATTGTAATTAAGCAAA	
Query	1140	TAGGGTTTATCAGGTTCAATTCGAAAATATTATTCTCAATTTTATATCAAAGGCAAGTA	1199
Sbjct	11879		11820
		TAAGGCTTATCAGGTTCAATTCGAAAATATTATTCTCAATTTTGTATCGAAGCGGTTA	
Query	1200	AGAGTGCAGAGTTCCTTGACAATTTTATAAGAGGGCGTTTGGTGTATGAAGCGCAACG	1259
Sbjct	11819		11760
		AGAGTACAAAGTTCCTGACGATATCAATAAGAGGACGATGGGTTGCATGAAGCGCAACA	
Query	1260	CCGCTCTTACCTCAGGATCAAGGGAAGATCAACACCTCCTTGACGAGCTATTTTAAAT	1319
Sbjct	11759		11700
		CCGCTTTTCACATTAGGGTCAATGGAAAGGTCAACATTGCTGTCGGGCTATTTGAAAG	
Query	1320	AAAACGTCCTTCAAGGTTACTTCTTCCGTTGTTGAAAGTGTATAGGTTTTTTGAGGGCT	1379
Sbjct	11699		11640
		AAGACGCTTTTtaggggaactgattcagttgtcgaagcgttacaggatttttaagaacc	
Query	1380	TCAGG-ATAAGGGGAACA-CTACTATTTTTTGCAAAGGGCGCG-CTTTT--CTGATGTG	1434
Sbjct	11639		11582
		GCAGGAATAACGGGAACATCTGAT-TTTTTTATAAAGGACGTGCTTTTTCTTGATG-G	
Query	1435	AGTAGATGTGGGCTGAGGAGATTCTCTTCGATCTGTTGTTTTGTCATTTTTGTCGACGG	1494
Sbjct	11581		11524
		A-TGGA-GGAGTCCTACTTAAATCTCTGCGATCTGTTTTTCGTCATTTTAGTCACAGG	
Query	1495	ATCAAGTGCCAGATCATTTTCAGTATCCAGGTGCGGCAACTGGATAGCATAAAAAGTAT	1554
Sbjct	11523		11464
		ATCAAGAGCCAGGTCATTGTGAGGATCCCATGTGCTACAGGACGACAACGAAAAAAGCAT	
Query	1555	TAAGACGATGAGACATCCTCTTACGGAAAAATTCATGTTATCTCTTAGTTTTGTTTATTT	1614

Sbjct	11463	CAGGACGCAGATACATCCTATGGTAGGAAAGTTCATTTTATCTCTTGGTTTGTGTTGTTG	1140
XpsD <			
Query	1615	TGGGTTGAAAATACAGAAAAGTTTATTAAATTGCCAGCATAAAATTACACAAAGGAAGTTT	1674
Sbjct	11403	TTTCGCTGAAAATACAGAGAATTTATTGAATTACCAGCTTAAATTACTGGGAAGAAGTTG	11344
Query	1675	AGACATGCAAGTTATTCATCATTCATCCGGA---AGTGGTTATTTTGATGT---AGAAAA	1728
Sbjct	11343	AGGCATGCAATCTA---GTCATTGATCGGGATTATTGATGATCTTGATATACAACAAAA	11287
Query	1729	CAGGGTTTGTGTTGGCATTTTGTGCCTTCGTGAAGTATAGT-AGCTTGCTTAATTTTCAC	1787
Sbjct	11286	TAGCGTTATTGTTGGCA-TTTACACATTCGTGAGGTAGATTGAGCCTTCTTAATTTTCAG	11228
Query	1788	CAGGTTATGTCT---AGAATGTCGTATGATTCCTTGTTATTATTGTTGCTGGTGATGGCC	1844
Sbjct	11227	GATGTTAATTCTATCATGATGTTATATGACTCTCTGGCATTGCTGTTGTTGCTCATAACC	11168
> prepilin peptidase			
Query	1845	TGGATAGGCATCATTTATTATGATATGCGCTATAGAATAGTTCCTGACTTCTAGTTTTTA	1904
Sbjct	11167	TGGGGAGGGATTATTTATTATGATATGCGCTATAGAATTATTCGGGATGGACTTGTCTG	11108
Query	1905	TCTCTCTTGATCTTAGGAATTTTGCATTATTCTCTTACCTATGGGCATTTCTTATGCGCT	1964
Sbjct	11107	TCCTTGTTGATTCTAGGGTGCTTGCAATTATTCTTTAACCTATGAACACTTTTTATGCGCT	11048
Query	1965	GTTATTCTTGGTGGAGGAGGAGCACTTTTAAAAATAAGCATGGAGAAAATTATGAATCAT	2024
Sbjct	11047	GGCGTCTGGGATTGGGGGAGCGCTTTTAAAGATAAGCATGGAGAACTTTTGAACCGC	10988
Query	2025	CCTGCATTAGGATGGGGAGATGTGAAGCTGGCAGGCGTATTAGGTATCGGGATGGAGCCC	2084
Sbjct	10987	CTTGCCTTGGGATGGGGAGACGTGAACTGGCGGAGCTTTGGGTATAGGGATGATTCCA	10928
Query	2085	GAGCAAATTTCCCTTTTCTTGATCTATATAGGACTTGTAGGATGTGCTTgggg---gggTC	2142
Sbjct	10927	GAACAAATTTCCCTTTTCTGATCTGCGCAGGCTTCATAGGGTGTATTTGGGGTCTTTTC	10868
Query	2143	CATAAAAGAATTTTGAAAGAACCTCTCT	2170
Sbjct	10867	TATAAAATAATTTTGAAAGAATCGCTCT	10840

B2 x1920 *Caedibacter varicaedens*, WGS contig: Cva_contig000019; mfd - rimM - trmD - rpl19

Sequence ID: [BBVC01000019.1](#), Length: 53002, 1550/1902 (81 %)

Query	25	TTGCCTGATGAAGTAAGTAATCTTCTGAAGATATTGACGTTCAAGCAACTTTGTCGAAAA	84
Sbjct	27793	TTGCCTGATGAAGTGGGTAATCTTTTAAAAATATTGGCGCTTAAGCAACTTTGTCGAAAA	27852
Query	85	GCCGGAATTGAAAACTCGATGCAGGTAAAAAGGATGTGTCTTATCATTTTTTAATCAA	144
Sbjct	27853	GCAGGCATTGAGAACTGGATGCTGGCGAAAAAGGATGTGTTTTATCCTTTTCTAATCAG	27912
Query	145	AGTTTTATCAATCCGCTGGCTCTGGTCTCCTATATTAATGAGCATCAAGGGATTATTCGA	204
Sbjct	27913	AGTTTTTCCAATCCTCTGGCTTTAGTCGCTTATATTAATCAGCATCAGGGGACGATTCTGA	27972
Query	205	TTGCGTCTGATCACAACCTTGTTTTCTCTGAAAGTATGGAAAACCTCTCTCTTAAGATG	264
Sbjct	27973	TTTCGCCCTGATCAAAAGCTTGTTTTCTCTGAAAGTGTGGAAAACCTCTCTCAAGGTG	28032
Query	265	GAGGGCGTTAAGAAGATTTTACAAGAACCTGTGTGCTTTGGCCACTCAGAAGT-AAAGATA	323
Sbjct	28033	GAAGGGGTTAAAAAGATTTTGCAGGAGTTAATTTCTCTTGACAGAT-AGCAGAGAAATATA	28091
Query	324	A---AGGATGGATTCTTCTTCAAAGATCTTGATGGGTTTATCATGGGCGCTTTCGGTAT	380
Sbjct	28092	AGGCAGAATGAATCTTCTTCAAAAATTTTGATGGGTTTATTATGGGCGCTTGTGGTAT	28151
Query	381	TCGAGGCGGGATGCGCTTCAAATCTTATACAGAGTCTATCGGAAACCTTAAACTTATAA	440
Sbjct	28152	TCGCGGGGGGATGCGATTCAAGTCTTATGGGGAATCCCCAAAGATCTTAAATCCTATAA	28211

Query	441	AGTATTGCAGGATCAAACAGGCCATCAGC-GCTTCAAATAATCCAACATTATGCCGTATA	499
Sbjct	28212		28270
Query	500	AAGAAAATATTATTACGCTTTACCTGGAAGGAATTACCACCAGAAGTCAGGCAGAAGCAC	559
Sbjct	28271		28330
Query	560	TTAAGGAGTATCTCTCTATATTGATCGTGTTACGCTTAAAAAGCCTTCAAGAGAAGAAT	619
Sbjct	28331		28390
Query	620	TTTATTACTATGATTTAGAAGGATTGGTTGTCCAAGATGAGCATAACTGTAAAAGAGGTC	679
Sbjct	28391		28450
Query	680	ATGTGAAAGCAGTCGTTAATTATGGAGCTGATTCTATTCTGAGCATTTGTCTTTTAGAAG	739
Sbjct	28451		28510
Query	740	ATCTTTCTGCGGAGATCCTGGTTCCTTTTCGTAAGGAATTGTCAAAGAAGTTAATCAAA	799
Sbjct	28511		28570
Query	800	AGGAAAAGTATATTATTCTTGATACAGATTATATGCGGGCTTTGCTTGATTTGAATAGGT	859
Sbjct	28571		28630
Query	860	AATCTCA-TGACGTTTGAATGAAAATTTTACATTATATCCTGAACATTTCCCTGGTCC	918
Sbjct	28631		28690
Query	919	CCAGCAATACTAACTTGTAGGAAAAGCTCTTCAAGaaaaaaGTGGTCCCTTGAAACTGT	978
Sbjct	28691		28750
Query	979	TAATATCCGTGATTTTGCTTTTGATAGGCATAAAACCGTTGATGATACGGCGTGTGGGGG	1038
Sbjct	28751		28810
Query	1039	AGGCCCGGAATGGTGATGCGCCCGGATGTAATAGACCGTGCTTTAAAATTTCAATTATCC	1098
Sbjct	28811		28870
Query	1099	GACATTTTCAAAATCCTTGATCTATTTGTGCGCTCGTGGCATACCATTGACACAAGAATA	1158
Sbjct	28871		28930
Query	1159	TGTAAAAAAGCTTGC GCGAAGACCCCTCTCTAGGGTTACTGTGTGGTCGATTCTGAAGGGAT	1218
Sbjct	28931		28990
Query	1219	TGATCAACGCATTCTTGATGCTTGGGAATTTGAAGAAGTGAGTATAGGTGATTTTCATCCT	1278
Sbjct	28991		29050
Query	1279	TACGGGTGGTGAATTACCTGCTATGGCTTTGATAGATGCGTGTGTGCGAATTTTACGGG	1338
Sbjct	29051		29110
Query	1339	GGTAATAGGCTCAAGTGAATCATTAGAGGAAGAGACTTTTCTCAAGGACTTTTGGAAGTA	1398
Sbjct	29111		29170
Query	1399	TCCTCAATATACACGACCTTGTACATGGGAAGGCCGAGAAGTCCCGAGGTGTTGCTAAA	1458
Sbjct	29171		29230
Query	1459	AGGCTATCATAAGCACATACGGTGTGGCGTAAAGCGCAAGCTGAAGAGATTACTCGTAC	1518
Sbjct	29231		29290
Query	1519	TCGCAGACCTGATTTATGGGAAAAATACTGTGATGCACGAGATAAAGATAAAGGGTAAAA	1578
Sbjct	29291		29350
Query	1579	GAAATGAACATTCTTCAACAATTTGAACAGGAACAATTTGGCTAAGCTTGTGCAAAATAGT	1638

Sbjct	29351	 AGAAATGAACATTCTTCAACAATTTGAGCAGGAACAAGTGACCAAGCTTGCGGCGAATAAT	29410
Query	1639	CTGGTTCCTCAATTTTCAGCGGGCGATACGTTACGTATCCACGTGAAAGTAGTAGAAGGC	1698
Sbjct	29411	 CCTGTTCCCAATTTTCAGCAGGCGATACATTACGTATCCACGTAAAGGTGGTTGAAGGA	29470
Query	1699	GAAAGAGAGAGAACTCAAGCTTATGAGGGGGTCTGTATCGCAATAAAAAATGCGGGAATT	1758
Sbjct	29471	 GAGCGAGAGAGGACACAGGCTTATGAAGGATTCTGTATTGCGAGAAAAAATGCAGGAATT	29530
Query	1759	AATTCATCTGTGACGGTTAGAAAGCTTTCATTTGGTGAAGGAGTAGAACGTGTATTTCCCT	1818
Sbjct	29531	 AATTCTTCCGTAACGTGTCAGAAAGCTTTCCTTTGGAGAAGGTGTGGAGCGCGTATTTCCA	29590
Query	1819	TTATATTCTCCTAATATTCGCATTGAAGTCGTACGGCATGGTGATGTAAGGCGAGCAAAG	1878
Sbjct	29591	 TTATATTCTCCCAATATTCGTATTGAAGTGGTGCGGTATGGTGACGTGCGACGGGCAAAG	29650
Query	1879	CTTTATTATCTGCGTGAGCGTACAGGAAAAGCTGCACGTATT	1920
Sbjct	29651	 CTTTATTATTTACGCGCTCGTACGGGCAAGGCTGCGCGTATT	29692

C1

Query: 9405..18313 chr5-cA x462 ,x984, x225, x2223, x185, x1269 Length: 8909

>MAG: Candidatus Megaira endosymbiont of Mesostigma viride isolate MegNEIS296 chromosome, complete genome
Sequence ID: CP084576.1 Length: 1448425
Range 1: 1229124 to 1230392

Score:873 bits(967), Expect:0.0,
Identities:970/1279(76%), Gaps:19/1279(1%), Strand: Plus/Minus

Query	7124	TTAATTCGATCTTCAATTTTCATGGCGAAAGTGGTGAATAAGTCCCTGAATTGGCCAAGCT	7183
Sbjct	1230392	 TTGATTCTATCTTCAATCTCATGGCGAAAATGCCTAACTAATCCTTGAATAGGCCACGCA	1230333
Query	7184	GCAGCATCACCAAGAGCGCAAATAGTAGTGTCCCTCTACTTGCTTAGTCACGTCGAGTAGT	7243
Sbjct	1230332	 GCTGCATCGCCGAGAGCGCAAATTTGTATGCCCCCTCAATTTGTTTGCTTATATCCAGCAAT	1230273
Query	7244	TGATCAATTTCTTCCATTTTGTCTGGCCTTTTACTAAACGCATCATTACCCGCCACATC	7303
Sbjct	1230272	 TCATCAATTTCTTCAATTTTAGCTTCCCCCTTACAGAGGCGCATCATGATTGCGCCACATC	1230213
Query	7304	CAACCGGTACCTTCTCTACAAGGAGTGCATTGTCCGCAAGATTCATACATATAAAATTTG	7363
Sbjct	1230212	 CAACCAGTACCTTCTCGGCACGGTGTGCATTGACCACATGATTCATGCATATAAAATTTA	1230153
Query	7364	CTAAGCCTCGCAATAGCATAAATAACATCAGTAGACTTGTCCATTACAATAATCCCGCCA	7423
Sbjct	1230152	 CTTAAACGGGCAATAGCATAAATTATGTCAGTTGATTATCCATTACTATAACTCCGCCT	1230093
Query	7424	GTGCCAAGTCTCTGAGCCGAGAGCTCTCAGGGTATCAAAATCCATAGTAACTGTTTCGCAC	7483
Sbjct	1230092	 GTACCAAGTCTCTGAACCAGCAGCACGAAGAGCATCAAAATCCATAGTAACAGTTTCACAC	1230033
Query	7484	ATTTCTTTAGGGATCATAGGTACAGATGAACCACCAGGAATGATAGCTTTTAAATTATTC	7543
Sbjct	1230032	 ATTTCTTTTGTAATCATCGGTACGGATGACCCACCAGGAATTACAGCTTTTAAATTATCC	1229973
Query	7544	CACCCACCACGCACGCCACCAGCATATTTTCAATTAGCTCTTTAAGTGGAATTCCCATT	7603
Sbjct	1229972	 CAGCCGCCACGAATACCTCCAGCATGTTTTTCAATTAACCTTTTAAAGGAATTCCCATATA	1229913
Query	7604	GCCTCTTCAATATTGCAAGGCTGATTACATGTCTGAAATACAGTAGAGCTTAGTTCCCT	7663
Sbjct	1229912	 GCTTCTTCTATATTCTTAGGTGCATTACATGCCCTGAGATGCAAAATAATTTTGTTCCTA	1229853
Query	7664	GTATTATTAGGTTTGCCAATTCAGCAAACCAACTGGTGCCTC--GCCTTAAATAGTTG	7721

Sbjct	1229852	 GTATTATTAGGTTTACCGATAGCGGCAAACCA--TGATGCCCCACGCCTTAAATCGTTG	1229795
Query	7722	GCACCACAGCTATAGATTCAACATTATTAATTGTTGTAGGGCAGCCATAAAGCCAGTAC	7781
Sbjct	1229794	 GTACTACCGCAATAGACTCTACATTATTAATTGTAGTAGGACATCCATATAAGCCAGCAC	1229735
Query	7782	CTGCTGGGAAAGGAGGCTTTAAGCGT-GGCATTCCTTTTTGCCCCTCTAAACTCTCAAGC	7840
Sbjct	1229734	 CAGCAGGAAAAGGAGGCTT-AAGCCTAGGCTGTCCCTTTTTCCCTCTAGGCTTCAAGC	1229676
Query	7841	AGTGCCGTCTCCTCTCCACAAATATATGCGCCTGCACCGCGGTGAAGATATATATCCAAA	7900
Sbjct	1229675	 AGAGCTGTTTCTTCTCCGCAAATATAAGCTCCCGCCCTCTATGAAGATAGATATCTAGG	1229616
Query	7901	TCATAACCGGAACCGCAAGCATTTTTGCCAATTAAGCCAGCTCCATATGACTCATCGATA	7960
Sbjct	1229615	 TCATAACCAGAACCACAAGCATTTTTACCAATTAATTTTCTTGGTAAGCTTCATCGATT	1229556
Query	7961	GCAATTTGTATATTTGAAGCTTCATTGTAAAACCTCCCTCTAATATATATATAACAAACA	8020
Sbjct	1229555	 GCTCGTTGGACCGCCAATGCTTCATTATAAACTCACCTCTTATATATATATAACAACATA	1229496
Query	8021	TGAGCACCAACTGCATGACTCGCAAGTAAACAGCCTTCAATAAGCTTATGAGGTTCAAAT	8080
Sbjct	1229495	 TGAGCACCTATTGCGACAGAAGCAAGCACGCACCCCTTCTATAAGTTTATGGGGCTCATAC	1229436
Query	8081	CTTAGAATATCTCGGTCTTTACAAGTCCCAGGCTCGGATTCATCAGCATTAACCTACCAA	8140
Sbjct	1229435	 CTAAGAATATCCCGATCTTTGCAAGTTCCCGGCTCAGATTATCAGCATTAACCTACTAGG	1229376
Query	8141	TAACTCGGTTT-CGTTGAACCTTTTGGCATAAAAGACCACTTCATACCAGTGGAAAAACC	8199
Sbjct	1229375	 TAAGAGGGTTTGGGATGATC-CTTGGGCATAAATGACCATTTTCATACCGGTAGAAAACCC	1229317
Query	8200	TGCGCCTCCTCGCCCGCAAGTCCAGATTGTTTAACTTCCTCTATAATCCAATCCCTACC	8259
Sbjct	1229316	 AGCTCCTCCTCTACCCCGTAAACCAGAAGATTTAATTTCCCTCAATGATCCAATCAGTCC	1229257
Query	8260	TTTTACAATGAA-GTCTTTAGTTTTATCCCAATCTCC-TCTAGCTTTACTACTTAC---T	8314
Sbjct	1229256	 CTTAGCAATTAATGACTTT-GTATTATCCCAATCACCGTGCATTTTTGCTGATGCCAGTT	1229198
Query	8315	AAGTCAAATCCTTGCTCGCCATATAGATTAGTAAAAATTTATCTTGTGCTTGTAAACATG	8374
Sbjct	1229197	 CAGGAGAAT-ATTGC---CCGTATAGGTAGTAAAGATTTTATCTTGTGCTTGTAAACATC	1229142
Query	8375	ATTAACCTCTAAATAAATA 8393	
Sbjct	1229141	 ATCACCTTCTAAA-AAATA 1229124	

Range 2: 1244069 to 1245384

Score:691 bits(765), Expect:0.0,
Identities:957/1329(72%), Gaps:17/1329(1%), Strand: Plus/Minus

Query	4326	GAACTAAAACTAATGCTGAG-AATTTAATTAG-TGTACTTACGGATTTTGGTGTTAAAG	4383
Sbjct	1245384	 GAATTAGAAGCCAAGGCTGAGGAACCT--TTAGCTGTTCTCGGTGATTTCGGCGTCAAAG	1245327
Query	4384	GACAAATAGTTGATGTAAGTCAAGGGCCAGTTGTGACTCTTTATGAACCTCGAACCTGCCC	4443
Sbjct	1245326	 GAAAAGTTATAGATATAAGACAAGGTCGGTAGTAACGATGTATGAATTTGAACCGGCAG	1245267
Query	4444	CTGGTACTAAGTCATCACGGGTGTAGGACTTTCAGATGATATTGCTAGGTCTCTATCTG	4503
Sbjct	1245266	 CCGGTACTAAATCATCAAGAGTAATAGGATTGTCCGATGATATCGCCCGTTTCATTATCGG	1245207
Query	4504	CTTTCTCAACTAGAATTGCAGTAGTGCCTGGCCGCAATGCATTAGGGATTGAATTACCAA	4563

[illegible]

Sbjct	1244137	AAATATTGTCAGGAATGAAAAGAAAGCTTCAATCAGTTATATTCAAAGATCCCTTCGAAT	1244078
Query	5642	CGGTTACAA	5650
Sbjct	1244077	TGGGTATAA	1244069

Score:257 bits(284), Expect:5e-68,
Identities:367/514(71%), Gaps:16/514(3%), Strand: Plus/Minus

Range 4: 696538 to 696725

Query	2744	TTAATAATAAT-GCATTTCCTAACTATTCTCTAAGATTGAAGAGTTTTTTGCTAATGTGT	2802
Sbjct	696538	TTATTACTAATAGCACTTCTTACAACCTACTCGAAGATTCGAGAGCTTCTTGCTAATTTTT	696597
Query	2803	TCAGAATTGATCCCATTAATTTGAATAACCTGAAATAACTACCATTTTTAGTTAAAAGA	2862
Sbjct	696598	TCTGAATTAATACCATTAATCTGAAAAATCTGTAGTAATTCACCGTTTTAGTAAGTAAA	696657
Query	2863	GTATTTTCATTATAGTGGCAGGCGATGGGAATAAAATCTTCAG---AATTATTATATAAG	2919
Sbjct	696658	GTATTCTTATCATAATGGCATGCAATAGGTACGAAGTCCTCTGATAAGCGTTATAAAGG	696717
Query	2920	TCTTTATC	2927
Sbjct	696718	CCTTTATC	696725

Score:98.7 bits(108), Expect:3e-20,
Identities:166/236(70%), Gaps:6/236(2%), Strand: Plus/Minus

Range 6: 1409800 to 1409911

Score:74.3 bits(81), Expect:1e-12,
Identities:85/112(76%), Gaps:2/112(1%), Strand: Plus/Minus

Range 7: 1368286 to 1368396

Score:72.5 bits(79), Expect:4e-12,
Identities:84/111(76%), Gaps:2/111(1%), Strand: Plus/Minus

Range 8: 1274160 to 1274240

Score:70.7 bits(77), Expect:1e-11,
Identities:64/81(79%), Gaps:0/81(0%), Strand: Plus/Minus

Range 9: 1273970 to 1274060

Score:66.2 bits(72), Expect:2e-10,
Identities:69/91(76%), Gaps:0/91(0%), Strand: Plus/Minus

Query 8755 GGAATATTAACCCGTTGCCATCGACTACGCCTCTCGGCCTGATCTTAGGACCTGACTCA 8814

[illegible]

Query	9154	TCAACTGGATACCAAGTAACGTTAAGGATAATTTATTTGGCAAATGGTTAGAAAATGCCA	9213
Sbjct	1283460	TTAATTGGATACCAGGCAACGTTAAGGATGGCTTGTTTGGTAAGTGGCTAGAAAATGCCTA	1283401
Query	9214	GAGATTGGTCTATAAGTCGGAATAGATTCTGGGGTACACCAATTCGAATATGGCGTTCAA	9273
Sbjct	1283400	GGGACTGGTCTATAAGCAGAAATCGTTTTTGGGGAACACCTATTCCGGTATGGCGGTCTA	1283341
Query	9274	ATGATCCTAAATATCCAAGAATTGATGTCTATGCCTCAGTTGAAGAAGTTCGAGAAAGATT	9333
Sbjct	1283340	ATGATCCCAAATACCCCTCGAATTGACGTTTATGGCTCTTGCGCAGATCTTGAAAAGATT	1283281
Query	9334	TTGGAGTAAAAGTTACTGACCTCCATAGGCCTTATATTGACCAGCTAACACGGGCAAATC	9393
Sbjct	1283280	TTGGAGTAAAAATTGAAGACTTGACACAAACCTTCATTGATGGATTAACAAGACCAAATC	1283221
Query	9394	CTGATGATCCAAGTGGTAAATCAATTATGCAACGTGTGAAGATGTTTTGATTGTTGGT	9453
Sbjct	1283220	CGGATGACCCAAACAGGCAATCCATGATGGTAAGGGTAGAGGACGTATTGATTGTTGGT	1283161
Query	9454	TTGAGAGTGGCTCTATGCCATATGGACAAGCACATTATCCATTGAAAACAAAGAATGGT	9513
Sbjct	1283160	TTGAAAGCGGTTTCGATGCCTTACGGGCAAGCTCACTATCCTTTTGAAAACAAAGAATGGT	1283101
Query	9514	TTGAGAAACATTTTCCTGCTGATTTTATCGTTGAATATTCAGCCCAAAGTAGAGGCTGGT	9573
Sbjct	1283100	TTGAGAGTCATTTTCCTGCCGATTTTATTGTTGAGTATCTGCTCAAACAGGGGTGGT	1283041
Query	9574	TTTATACTTTAATGGTGTCTATCAACCGCACTCTTTGATCGCCCACTTCTCTAATTGTA	9633
Sbjct	1283040	TTTATACATTAATGGTTCTCTCTACTGCACTTTTGGACGCCGCCATTCTCTAAACTGCA	1282981
Query	9634	TTTGCCACGGGGTTATACTTGACTCAAGCAGCCAGAAATTGTCTAAAAAATTGCGTAACT	9693
Sbjct	1282980	TCTGCCACGGGGTAATACTGGACTCTACCGGCCAAAACTTTCTAAACGCCTCAATAATT	1282921
Query	9694	ACGCTGATCCACTTGAGCTTTTGTATAAATATGGCTCTGACGCTTTACGATTAAGTATGC	9753
Sbjct	1282920	ACGCTGACCCACTTGAATTGTTTGTATAAATACGGCGCAGATGCTTTAAGAGTCACTATGC	1282861
Query	9754	TCTCATCAAATGTAGTTAAAGGACAGGAGCTATTGATCGATAAAGAAGGGAAAAATGGTCT	9813
Sbjct	1282860	TTTCGTCTAATGTCTGTCGCAAGGGCAGGAATTACTTATTGATAAAGATGGAAGAAATGGTTT	1282801
Query	9814	ACGAGACCTTAAGGATATTTATCAAACCTATTTGGAGCGCCTATCACTTTTTTACCCTGT	9873
Sbjct	1282800	TTGATGCCTTGCGGTTATTTATCAAGCAATATGGAATGCTTATCATTTTTTCTGTTTAT	1282741
Query	9874	ATGCTAATGCTGACGGAATT-AGGGGGGAGAATATATT---AGCAGCCGTCTCTAACTTA	9929
Sbjct	1282740	ACGCAAATCTCGACGGCATTAAAGCAAGATACGATATTTCAAGCAGC-----	1282694
Query	9930	AATCGTAATGTTCTTGATCAGTATATTTTGGCTAAGCTGAAGACGGCAGTTAGCGGAATT	9989
Sbjct	1282693	-----AATATCCTAGATCAATACATTTTATCCAAGCTTAAATTAACGTAAGAAGAATA	1282640
Query	9990	G-CACAGGGATTAGATAATTTCAATACT-CAGATTGCATATTCAAATATCGCAAACCTTTT	10047
Sbjct	1282639	GACAATAGTATGA-ATCAGTTTGATACTGTAGA-GGCATATGCAGCGATAACTGATTCT	1282582
Query	10048	TCGAAGTACTAAACAATTGGTATATCCGGAGAAGCCG--GCATCGCTTTTGGAAAAGTGA	10105
Sbjct	1282581	TTGAAGTGCTAAATAACTGGTATATTAGACGAAGTAGAAGCA--GGTTCTGGAAAACCTGA	1282524
Query	10106	AAAAGATTCTGATAAGAGAATGGCTTATAATACGCTCTATACATGTTTGCAAATGATGTG	10165
Sbjct	1282523	GCAGGATGCGGATAAAATATCAGCTTACAATACTCTCTACACATGCCTTGAAGTTATGAT	1282464
Query	10166	CCAGGCTATGAGCTCACTAGCTCCTCTGATTATGGAGGATATTTATTTAGGATTAACAGG	10225
Sbjct	1282463	GAAAGCAATGAGCTCGTTACTGCCTTTAATTTTCAAGAAATATATATCGTAGCTTAAC---	1282407
Query	10226	GGCAAATAATAGCGGAGGTAGTGTTCATCTTACTAATTTCCCTGACT-TAAATGAAATTG	10284

Sbjct	1282406	-----TGGCGGGCCATCTGTTTCAT-TTAGAAATTTCCCGAATGTAGAGGATATAA	1282357
Query	10285	AAGTAGACCCAAACCTGATTAAAAATATGGATCTCATACTTGATATTGCAATTGTGCAC	10344
Sbjct	1282356	AAATTGAGGAAAACCTAGTTAAAGTAATGGATCAGATCCTAGATATCTGTAATGCTGCTT	1282297
Query	10345	TTTTTATTCGTAGTCAAGAAAAATACGTGTTAGACAACCTCTTGCGCAGATTACTCTT-	10403
Sbjct	1282296	TATTTATCCGCAGTGAAGAAAATACCCGCATCCGTCAACC-ATTAAGCAAATTATTAGTC	1282238
Query	10404	-ATCATTAAGAA-----GTA-----AATAATTTAAGGGTTTTGAAGATATA	10445
Sbjct	1282237	CATCTTGAGGGAATAGATGAGGGTACTTACGATAACTATATTAAACAATTTGAGATCTA	1282178
Query	10446	ATTAAAGATGAAATTAACATAAAATCAATAGTTTA-CTACAATAACTTAGAAAACCTCGC	10504
Sbjct	1282177	ATTAAAGATGAAGTTAATGTCAAATCCATAATTTATCAGGAAGATGTTA-AAGAATATGC	1282119
Query	10505	CATCCGAAAATTATCAATTAACCTTTCAACTAGTTGGCAAAGATTGTCTAATAAAAT-AA	10563
Sbjct	1282118	AGACTTAAAGCTTTCTATTAATTTCCCATTTACTGGGCAAAGGTTACCAGAGAAAATGAA	1282059
Query	10564	AGAACATTATAACCGCTTCCAAAAAGGGTGAATGGCAACTCCAAG---GCGAGCAACTAG	10620
Sbjct	1282058	AGAA-ATAATAGCAGCTGCCAGAGCTGGGAACGGCA---CGAAGCTAGCGGAAACTAT	1282003
Query	10621	AGATCGCAGG---AGAAGTACTAAATTCAGAGGAATTTTCTATTGTTCTTGAACCTAAAG	10677
Sbjct	1282002	TTGTTTCTGGTATTGAATTATTA---CCGGAAGAATATACCCTGGCCATGGAACCTAAAA	1281946
Query	10678	GTGATATAAAAGGAGCTAAGGCATTGTCTAGATAACTCTGGTTTAGTAATCCTGGATTTAG	10737
Sbjct	1281945	AAGGCATAAAAGGGGTAAAAGCTTTATCTAATAGCATAGGTTTAGTTAAGCTAGACCTTG	1281886
Query	10738	AGATTACAAAAGAATTGGAAGAAGAAGCGGTTGCTAGAGATTTAATCAGATTTATTTCAAC	10797
Sbjct	1281885	AAATAACTAAAGGGCTTGAAGAAGAAGGAATAGCCCGTGATTTGGTTAGATTTATCCAGC	1281826
Query	10798	AAGCTAGGAAAGATGCTGGCTTTAATGTTTCAGATAGAATTGAGCTTGAAATTAAA	10853
Sbjct	1281825	AAACAAGAAAAGAAGCAGGTTTTGAGGTATCAGACCGAATTAAACTAAATATTTAAA	1281770

Range 2: 1229124 to 1230392

Score:873 bits(967), Expect:0.0,
Identities:970/1279(76%), Gaps:19/1279(1%), Strand: Plus/Minus

Query	19869	TTAATTCGATCTTCAATTTTCATGGCGAAAAGTGGTGAATAAGTCCCTGAATTGGCCAAGCT	19928
Sbjct	1230392	TTGATTCTATCTTCAATCTCATGGCGAAAATGCCTAACTAATCCTTGAATAGGCCACGCA	1230333
Query	19929	GCAGCATCACCAAGAGCGCAAATAGTATGTCCCTCTACTTGCTTAGTCACGTCGAGTAGT	19988
Sbjct	1230332	GCTGCATCGCCGAGAGCGCAAATGTATGCCCTCAATTTGTTTGCTTATATCCAGCAAT	1230273
Query	19989	TGATCAATTTCTTCCATTTTGTCTGGCCTTTTACTAAACGCATCATTACCCGCCACATC	20048
Sbjct	1230272	TCATCAATTTCTTCAATTTTAGCTTCCCCCTTACAGAGGCGCATCATGATTTCGCCACATC	1230213
Query	20049	CAACCGGTACCTTCTCTACAAGGAGTGCATTGTCCGCAAGATTCATACATATAAAATTTG	20108
Sbjct	1230212	CAACCAGTACCTTCTCGGCACGGTGTGCATTGACCACATGATTCATGCATATAAAATTTA	1230153
Query	20109	CTAAGCCTCGCAATAGCATAAAATAACATCAGTAGACTTGTCCATTACAATAATCCCGCCA	20168
Sbjct	1230152	CTTAAACGGGCAATAGCATAAATTATGTCAGTTGATTATCCATTACTATAACTCCGCCT	1230093
Query	20169	GTGCCAAGTCTTGAGCCGAGAGCTCTCAGGGTATCAAAATCCATAGTAACTGTTTCGCAC	20228

Sbjct	1230092	GTACCAAGTCCTGAACCCAGCAGCACGAAGAGCATCAAAATCCATAGTAACAGTTTCACAC	1230033
Query	20229	ATTTCTTTAGGGATCATAGGTACAGATGAACCACCAGGAATGATAGCTTTTAAATTATTC	20288
Sbjct	1230032	ATTTCTTTTGTAATCATCGGTACGGATGACCCACCAGGAATTACAGCTTTTAAATTATCC	1229973
Query	20289	CACCCACCACGCACGCCACCAGCATATTTTCAATTAGCTCTTTAAGTGGAATTCCTT	20348
Sbjct	1229972	CAGCCGCCACGAATACCTCCAGCATGTTTTCAATTAAGCTCTTTAAGGAATTCCTT	1229913
Query	20349	GCCTCTTCAATATTGCAAGGCTGATTCACATGTCCTGAAATACAGTAGAGCTTAGTTCCT	20408
Sbjct	1229912	GCTTCTTCTATATTCTTAGGTGCATTACATGCCCTGAGATGCAAAATAATTTTGTTC	1229853
Query	20409	GTATTATTAGGTTTGCCAATTCCAGCAAACCACTGGTGCCTC--GCCTTAAATAGTTG	20466
Sbjct	1229852	GTATTATTAGGTTTACCGATAGCGGCAAACCA--TGATGCCCCACGCCTTAAATCGTTG	1229795
Query	20467	GCACCACAGCTATAGATTCAACATTATTAATTGTTGTAGGGCAGCCATAAAGCCAGTAC	20526
Sbjct	1229794	GTACTACCGCAATAGACTCTACATTATTAATTGTAGTAGGACATCCATATAAGCCAGCAC	1229735
Query	20527	CTGCTGGGAAAGGAGGCTTTAAGCGT-GGCATTCCTTTTTTGCCCTCTAACTCTCAAGC	20585
Sbjct	1229734	CAGCAGGAAAAGGAGGCTT-AAGCCTAGGCTGTCCCTTTTTTCCCTCTAGGCTTTCAAGC	1229676
Query	20586	AGTGCCGCTCTCCTCTCCACAAATATATGCGCCTGCACCGCGGTGAAGATATATATCCAAA	20645
Sbjct	1229675	AGAGCTGTTTCTTCTCCGCAAAATATAAGCTCCCGCCCTCTATGAAGATAGATATCTAGG	1229616
Query	20646	TCATAACCGGAACCGCAAGCATTTTTGCCAATTAAGCCAGCTCCATATGACTCATCGATA	20705
Sbjct	1229615	TCATAACCGAACCACAAGCATTTTTACCAATTAATTTTCTTGGTAAGCTTCATCGATT	1229556
Query	20706	GCAATTTGTATATTTGAAGCTTCATTGTAAAACCTCCCTCTAATATATATATAACAAACA	20765
Sbjct	1229555	GCTCGTTGGACCGCAATGCTTCATTATAAACTCACCTCTTATATATATATAACAACATA	1229496
Query	20766	TGAGCACCAACTGCATGACTCGCAAGTAAACAGCCTTCAATAAGCTTATGAGGTTCAAAT	20825
Sbjct	1229495	TGAGCACCTATTGCGACAGAAGCAAGCAGCACCCCTTCTATAAGTTTATGGGGCTCATAC	1229436
Query	20826	CTTAGAATATCTCGGTCTTTACAAGTCCAGGCTCGGATTCATCAGCATTAACCTACCAA	20885
Sbjct	1229435	CTAAGAATATCCCGATCTTTGCAAGTTCCCGGCTCAGATTTCATCAGCATTAACCTACTAGG	1229376
Query	20886	TAACTCGGTTT-CGTTGAACCTTTTGGCATAAAAGACCACTTCATACCAGTGGAACCAACC	20944
Sbjct	1229375	TAAGAGGGTTTGGGATGATC-CTTGGGCATAAATGACCATTTTCATACCGGTAGAAAACCC	1229317
Query	20945	TGCGCCTCCTCGCCCGCAAGTCCAGATTGTTTAACTTCCTCTATAATCCAATCCCTACC	21004
Sbjct	1229316	AGCTCCTCCTCTACCCCGTAACCCAGAAAGATTAAATTTCTCAATGATCCAATCAGTCC	1229257
Query	21005	TTTTACAATGAA-GTCTTTAGTTTTATCCCAATCTCC-TCTAGCTTTACTACTTAC---T	21059
Sbjct	1229256	CTTAGCAATTAATGACTTT-GTATTATCCCAATCACCGTGCATTTTGTGCTGTGTAACATG	1229198
Query	21060	AAGTCAAACTCTTGCTCGCCATATAGATTAGTAAAAATTTTATCTTGTGCTTGTAAACATG	21119
Sbjct	1229197	CAGGAGAAT-ATTGC---CCGTATAGGTAGTAAAGATTTTATCTTGTGCTGTGTAACATC	1229142
Query	21120	ATTAACCTCTTAAATAAATA	21138
Sbjct	1229141	ATCACCTTCTAAA-AAATA	1229124

Range 3: 1244069 to 1245384

Score:691 bits(765), Expect:0.0,

Query	17071	GAACATAAACTAATGCTGAG-AATTTAATTAG-TGTACTTACGGATTTTGGTGTTAAAG 	17128
Sbjct	1245384	GAATTAGAAGCCAAGGCTGAGGAAC TT--TTAGCTGTTCTCGGTGATTTCGGCGTCAAAG	1245327
Query	17129	GACAAATAGTTGATGTAAGTCAAGGGCCAGTTGTGACTCTTTATGAACTCGAACCTGCC 	17188
Sbjct	1245326	GAAAAGTTATAGATATAAGACAAGGTCGGTAGTAACGATGTATGAATTTGAACCGGCAG	1245267
Query	17189	CTGGTACTAAGTCATCACGGGTTGTAGGACTTTCAGATGATATTGCTAGGTCTCTATCTG 	17248
Sbjct	1245266	CCGGTACTAAATCATCAAGAGTAATAGGATTGTCCGATGATATCGCCCGTTTCATTATCGG	1245207
Query	17249	CTTTCTCAACTAGAAATGTCAGTAGTGCCTGGCCGCAATGCATTAGGGATTGAATTACCAA 	17308
Sbjct	1245206	CTCATTTCTACCCGTATTGCAGTTATACCAGGCAGAAACGCTCTGGGTATTGAGCTGCCTA	1245147
Query	17309	ACAAACAGCGGGCTTTTTTCTGTTTAAGAGAGCTTATTGAAACTCCTGAATATCAGGATC 	17368
Sbjct	1245146	ATAAACAGCGTATGTTTTTTCGTTTAAAGGAGCTAGTTGAAACAGAAGAATTCCAGGATC	1245087
Query	17369	CAAATATATTGCTACCGTTAATTTTAGGTAAAGAT-TTAGCTGGTAAACCATATGTGGCT 	17427
Sbjct	1245086	AGAACGTAATATTACCTATTATTTCTTGGCAAGGATCTTAGC-GGACGGCCTTTAGTAGCT	1245028
Query	17428	GATCTTGCTAAAAATGCCGCACCTTGCTTGTCGCAGGAACACGGGTTCTGGTAAATCTGTT 	17487
Sbjct	1245027	GATCTGGCCAAAAATGCCTCACCTGCTTGTTAGCGGGAACAACCGGTTCCGGTAAATCGGTT	1244968
Query	17488	GCAATAAATGCTATGATTATGTCCCTTCTGTATCGATATACACCAGCAGAATGTAGGTTA 	17547
Sbjct	1244967	GCTATTAACGCTATGATAATGTCCCTTACTTTATAAATACACTCCCGCGAATGTAGAATG	1244908
Query	17548	ATAATGATCGACCCTAAAATGCTTGAATTATTGGTTTACGACAATATTCTCATCTTCTA 	17607
Sbjct	1244907	ATAATGATTGATCCTAAAATGCTTGAATTATCTTCTTATGATAATATACCTCACCTTATG	1244848
Query	17608	ACTCCTGTAGTTACAGGATCTGGGAAGGCAGTGGTAGCTTTGAAATGGGCAGTAAGAGAA 	17667
Sbjct	1244847	ACCCCTGTTGTTACTGAACCCGGAAGCAGTAGTTGCGCTTAAGTGGGCTGTTAAAGAA	1244788
Query	17668	ATGGAAAAATCGCTACCGGTTAATGTCTAATGTGGGAGTCAGGAATATAGCAGGTTATAAT 	17727
Sbjct	1244787	ATGGAAAAATAGATATCGTTTAAATGTCTCATTTAGGAGTGAGGAATATTGCTAATTTTAAAT	1244728
Query	17728	GCCAAAAATAGCAGAAAGCT-TAAAAGAAGGAAAAAGTTTAGAGTGTGTTGTGCAGACTGG 	17786
Sbjct	1244727	GCAAAAAATT-CTGGAAGCGGTAAAAGAAGGCAAAGTGTGGAACGAAGAGTACAAACTGG	1244669
Query	17787	CTTTGATCCTGATACTGGCAAACCAATTTATAAATCTATACCAATAGCTATGAAGAACT 	17846
Sbjct	1244668	TTTTGACCCGGAACAGGGAAACAGTTTTGAATCTGTGCCCATTGATATGCAAAAAAT	1244609
Query	17847	ACCATTTATTGTGGTAATAGTTGATGAAATGGCTGACTTAATGATAGTGGCTGGTAAAGA 	17906
Sbjct	1244608	GCCGTTTATAGTAGTAATAGTTGATGAAATGGCTGACCTAATGCTTGTGCCGGGAAGA	1244549
Query	17907	TATAGAATCTTCTATTACGCGTCTTGACAAAAATGGCTAGGGCTGCTGGGATCCACATTAT 	17966
Sbjct	1244548	TATCGAAACTTCTATTACGCGTTTAGCCAGATGGCACGGGCTGCTGGTATTCACATTAT	1244489
Query	17967	TATGGCAACCCAGCGCCCATCAGTTGATGTTATCACTGGTGTTATCAAGCAAACCTTTCC 	18026
Sbjct	1244488	TATGGCAACTCAAAGACCATCGGTAGATGTAATTACTGGCGTAATAAAGCTAACTTTCC	1244429
Query	18027	AAGCCGCATTAGTTTTAAGGTAACCTCAAAAAATTGATAGCAGAACAAATTTAGGAGAGCA 	18086
Sbjct	1244428	AAGCAGAATTAGTTTCAAGTAACCTCAAAAAATCGACAGTAGAACAAATTCAGGTGAACA	1244366

Query	18087	AGGTTTCAGAACAGCTGCTTGGTATGGGGGACATGTTATACATGGGTAACCTCTTCGCGAAT	18146
Sbjct	1244368	GGGAGCTGAACAATTACTCGGGATGGGAGATATGCTGTATATGGGCAATAGCGCTAGAAT	1244309
Query	18147	TATTCGGGTGCATGGACCTTTCGTTGATGATAAGGAAGTTGAAAAAGTAACCAATTATTT	18206
Sbjct	1244308	ACTTCGTGTCCACGGACCTTTTGTGTGATGACAAGGAGGTAGAAAAGGTAACATCTTTCT	1244249
Query	18207	AAGCAATACTGGTACCCCTGATTATGTCTCAGCTGTAATGGAAAGTACTGACGATGATAG	18266
Sbjct	1244248	CAGAAGTACTGGTGTTCCTGAATATATTTCTGCAGTTACTGAA---TCTGAAGAGGA---	1244195
Query	18267	TATTAATATGGAAGATTTTCAGAGACGGCGATGATGATGAAACTATTTATAAAAAAGCCAA	18326
Sbjct	1244194	TTTTGTCTGTGATGAAGTAGGTGAATCAGATAATGACGA---TATGTATAAGCAAGCATT	1244138
Query	18327	ACAGATAGTTAAGATAGAGCGTAAAGTTTCAATTAGCTATATTCAAAGATGCCTGCGCAT	18386
Sbjct	1244137	AAATATTGTCTAGGAATGAAAAGAAAGCTTCAATCAGTTATATTCAAAGATCCCTTCGAAT	1244078
Query	18387	CGGTTACAA	18395
Sbjct	1244077	TGGGTATAA	1244069

Range 4: 330270 to 330775

Score:257 bits(284), Expect:1e-67,
Identities:367/514(71%), Gaps:16/514(3%), Strand: Plus/Minus

Query	13895	GGTAGCGTGACTTTTCCTTCTAAAAAATCATCACCAATATTTTACCGATTTCTGCATCA	13954
Sbjct	330775	GGTAAAGTAACCTTTCCTTCCGCAAAATCATCTCCTATATTCTTGCCTCTAACTTCACCT	330716
Query	13955	CTGCTTATATAATCTAGTAAATCATCTGCGATTTGAAAAATATTGCCTAAATTTATGCCA	14014
Sbjct	330715	TGGGTAAAATAATCTAGCAAATCGTCTGTTATTTGAAATATTTCTCCCAGTTTCATGCCA	330656
Query	14015	AAATTCTTTAATGCATTACATATTTTATTATTTTGGCCTGAAATAATAGCGCCAACCTCA	14074
Sbjct	330655	AAATTTCTCATGGCATTACAATAATTAGGAGATTGATTTGCTATAATAGCACCAACCTCA	330596
Query	14075	CAAGCTGCACCAAAAAGTTCTGCTGTTTTGGCTAGATAAATTCCTGATATTCATCAAAA	14134
Sbjct	330595	CATGCTGCTCCAAAAAGAACCGCTGTTTTTGCATTAATTACTTTCAAATACTCTTCTTCA	330536
Query	14135	GTAATAA---TACG-TCTTTGATTTAATTTAGCTAGTTGAGAGACTTCACCTTCTGCAAT	14190
Sbjct	330535	GTTATTAACCTACGCTCTTCGAGTT----TAGCAAGCTGCGATACTTCACCTTCTATGAC	330480
Query	14191	TATTGACGAGGCTTTAGATAATGATTCTAATGCAGGAATAGATTTAACAGAT---ACCA	14246
Sbjct	330479	GACTGCGCACGCTTTCGATAAAAACGTCCATAGCCGG----GAGTAACCTGGTGGCAACTA	330424
Query	14247	TTAATTTAAATGATTGACTAAAAAGAAAATCTCCTACTAAAATACTTGCTTTATTTCCCC	14306
Sbjct	330423	TTAATTTAAATGATTGACTAAATAGGAAATCACCTACCAATATACTTGCTTTATTACCCC	330364
Query	14307	AAATAATATTAGCTGTTGGTTTGAATCGGCGCATTTTACTATCATCTACGACATCATCAT	14366
Sbjct	330363	ATATAACATTAGCTGTGGGTAAAAACGACGCATCTTACTGCCATCTACTACATCATCAT	330304
Query	14367	GAAGTAAAGTAGCAGTATGGATAAACTCAACAGC	14400
Sbjct	330303	GCAATAAGGTAGCCATATGAATAAATTCACAGC	330270

Range 5: 1285988 to 1286138

Score:106 bits(117), Expect:6e-22,
Identities:114/151(75%), Gaps:0/151(0%), Strand: Plus/Minus

Query	5015	CTGTGGGCAGAAAGTTCAGATTATCTCACTCAACCGGCCATGGCGTAGGAAGTTATTTA	5074
Sbjct	771527	TTATGGCAAGATGGGGACGATTATCCCCATGGTACCGGCCATGGAGTTGGTAGTTTTTTA	771468

Query	5075	AGCGTTCATGAGGGGCCACAGGGAATTAATTTAAGAAATAATG---TATCCCTTAAACCG	5131
Sbjct	771467	AGTGTTCACGAAGGACCACAAAAATATCAGTTTAGCCAGTTATGGCACAAAGCTAGCAGCT	771408
Query	5132	GGAATGATCTCTATCCAATGAACCTGGGTATTATGTTCCGGGGAAGTTTGGCATAAGAATT	5191
Sbjct	771407	GGTATGGTTATCTCGAATGAACCAGGTTTTTATCAGCCAGGTGAATTTGGGATTAGAATA	771348
Query	5192	GAAAATTTAATGTATGTCAA	5211
Sbjct	771347	GAAAATATGATGTATGTTAA	771328

Range 9: 1409800 to 1409911

Score:74.3 bits(81), Expect:3e-12,
Identities:85/112(76%), Gaps:2/112(1%), Strand: Plus/Minus

Query	15335	TTTTTATACCAAAGTTCGAAACCTTTTAGAAAATCATCAACAAACAAAATAATGTGTCA	15394
Sbjct	1409911	TTGTTATACCATGGCTCAAATCCTTTATAACAATCATCGACAAACAGAATAAACTATCG	1409852
Query	15395	AAATCTATATTCATTGGGGT-ATCTTTATTTGTAAAAACAT-AGAATACCT	15444
Sbjct	1409851	TAATCTATACTCATTAGGGTAATCTTTTCTTGAAAAATTTTCTAGAAATACCT	1409800

Range 10: 1265409 to 1265598

Score:72.5 bits(79), Expect:1e-11,
Identities:134/192(70%), Gaps:5/192(2%), Strand: Plus/Plus

Query	11976	AAACTAACGGAATGTGTGAGCGATTCCATAAACTAT--AAAATGAATTCCTTTGACATTG	12033
Sbjct	1265409	AAACTAATGGCATTTGTGAGCGTTTCCATAAAACCATGCAAGAAGAGTGTATCACCTTC	1265468
Query	12034	TCATGCGTAAAAAGATTACACTTCTCTTAAAGAGCTACAACAGGATCTTGATACATGGC	12093
Sbjct	1265469	TATTCGGTAAAAAGTTTATAATATTTTGGATGAGTTACATCTAGATGTAGATACCTGGA	1265528
Query	12094	TACATTA-TTATAACTATGAGGCGACCACATTATGGCAAGTATTACTATGGTAAAACTCC	12152
Sbjct	1265529	T-TATTAGCTATAATAACGA-AAGATCTCATTGAGTAAGCATTTGTTTGGAAAACTCC	1265586
Query	12153	TATGCAAACCTT	12164
Sbjct	1265587	AATGCAAACCTT	1265598

Range 11: 1368286 to 1368396

Score:72.5 bits(79), Expect:1e-11,
Identities:84/111(76%), Gaps:2/111(1%), Strand: Plus/Minus

Query	15335	TTTTTATACCAAAGTTCGAAACCTTTTAGAAAATCATCAACAAACAAAATAATGTGTCA	15394
Sbjct	1368396	TTGTTATACCATGACTCAAATCCTTTTAAAAATCATCGACAAATCAGAATAAACTATCG	1368337
Query	15395	AAATCTATATTCATTGGGGT-ATCTTTATTTGTAAAAAC-ATAGAATACC	15443
Sbjct	1368336	TAATCTATATTCATTAGGGTAATCTTTTGTGAGAACTCTAGAATACC	1368286

Range 12: 1159594 to 1159721

Score:70.7 bits(77), Expect:4e-11,
Identities:93/128(73%), Gaps:1/128(0%), Strand: Plus/Plus

Query	4334	ACAG-TCAAGGTAATATTTATCTTGCAAAAGTGGCTCGCGTAGAGCCCTCTCTTCAAGC	4392
Sbjct	1159594	ACAGATCAAAGGAAATATATTTAGCCAAAGTAACTAGAGTAGAACCTGCCTTGCAAGC	1159653

Query	4393	TGCTTTTGTGATTATGGCGGCAATCGTCATGGTTTTTTGGCTTTTAGTGAAATTCATCC	4452
Sbjct	1159654	TGCTTTTGTGATTATGGCGACGAAAAAGCGGGTTCCTTCTTTAATGAAATCCATCC	1159713
Query	4453	GGAATATT	4460
Sbjct	1159714	TGATTATT	1159721

Range 13: 1274160 to 1274240

Score:70.7 bits(77), Expect:4e-11,
Identities:64/81(79%), Gaps:0/81(0%), Strand: Plus/Minus

Query	21202	CATTTTCCGAGTTCCTTAGAGAAAGTTGCTCGCGCCCTAGGTATTCTCTACCTACCC	21261
Sbjct	1274240	CAATTTGCCTAGTTCCTTCAGCATCGTCTCTCAAGCGCCTTGGTATACTCTACCTGTCC	1274181
Query	21262	ACCTGTGTCGGTTTCGGGTAC	21282
Sbjct	1274180	ACCTGTGTCGGTTTAGGGTAC	1274160

Range 14: 1285254 to 1285505

Score:68.0 bits(74), Expect:1e-10,
Identities:173/262(66%), Gaps:20/262(7%), Strand: Plus/Minus

Query	7543	ACTTGCATTTAATCTGGCGATATGCTGGCGATGATTCTACGGACTTTAATCATTATAGT	7602
Sbjct	1285505	ACTTGTGACCTAATTGGCGCTATGCCGGTGATAAGTCCGAGGATTTAATTATTATAGC	1285446
Query	7603	AAAAGAAGTTTACTGACCGGTGTTACCTCTCTCAATAATGTTTATATAAAAGATGAA	7662
Sbjct	1285445	AAACGAGCTCTTTTGCTTGCGCTTTATACATCTCTCGGTATTTTACTTATCAGATAAT	1285386
Query	7663	TCTAAAGATTACATTGAAACTGATAATTATATTGACCGAACG--CTTACAAAA-ATTATA	7719
Sbjct	1285385	TCAAAAGATTTTACCAAAACCAAGAATTATTGTC---AACTCCCTAGAAAGGATTATA	1285329
Query	7720	AATATAGCT-----AGTTTaaaaaaaTTTGCTAAATTACCTTCTATTGAAGATATACC	7772
Sbjct	1285328	AATATAGCCCAACCAAGAGTAAATATA-----AACTTCCTTCTGTTGAAGATATACC	1285276
Query	7773	AATACTAAGACTATTTTCTTaa	7794
Sbjct	1285275	AATATTAAGACTAATGTCGTAA	1285254

Range 15: 1273970 to 1274060

Score:66.2 bits(72), Expect:5e-10,
Identities:69/91(76%), Gaps:0/91(0%), Strand: Plus/Minus

Query	21500	GGAATATTAACCCGTTGCCATCGACTACGCCTCTCGGCCTGATCTTAGGACCTGACTCA	21559
Sbjct	1274060	GGAATATTAACCTGATTCCCATCGACTACGCCTTTCAGCCTCGCCTTAGGGGCCGACTAA	1274001
Query	21560	CCCTCCGTGGACGAACCTTGCGGAGGAACCC	21590
Sbjct	1274000	CCCTGCGCAGATTAGCTTTACGCAGGAAACC	1273970

Range 16: 913030 to 913107

Score:65.3 bits(71), Expect:2e-09,
Identities:61/78(78%), Gaps:0/78(0%), Strand: Plus/Minus

Query	3426	AATATTTGTCAATGCAGCTGAAATAATGCTGGGAATATCAATGCCAGAATGCGTATAAAG	3485
Sbjct	913107	AACATTTGCAAATGCCGCTCTGATAATACTGAATATATCAATACCGGGATGACTATAAAA	913048
Query	3486	ATTTTATCCTCAGCTGC	3503
Sbjct	913047	ATTTTATCCTCAGCTGC	913030

Score:60.8 bits(66), Expect:2e-08,
Identities:77/105(73%), Gaps:1/105(0%), Strand: Plus/Plus

Range 18: 139792 to 139885

Score:58.1 bits(63), Expect:3e-07,
Identities:72/95(76%), Gaps:3/95(3%), Strand: Plus/Minus

Range 19: 1245972 to 1246067

Score:58.1 bits(63), Expect:3e-07,
Identities:72/98(73%), Gaps:2/98(2%), Strand: Plus/Minus

Range 20: 1159982 to 1160050

Score:53.6 bits(58), Expect:3e-06,
Identities:53/69(77%), Gaps:0/69(0%), Strand: Plus/Plus

Query	4715	TATAAGATTCAAGAGGTTATACATAAAAAATCAAATTCCTTTTGTACAAGTCGTTAAAGAA	4774
Sbjct	1159982	TATAAAATACAGGAGGTTATAAAAAAAGGACAGATTCTTTTGGTACAAGTTACAAAGAA	1160041
Query	4775	GAACGCGGC	4783
Sbjct	1160042	GAGCGGGGC	1160050