

[Search Databases with FASTA](#) | [Find Duplications](#) | [Search Status](#)

### Search on cb48

[Search Databases with FASTA](#) | [Find Duplications](#) | [Search Status](#)

# fasta36 -n -q -w 80 -m 6 -m 9i -Z 10000 -f -12 -r +5/-4 -g -4 TMP.q TMP.q2 6

FASTA searches a protein or DNA sequence data bank  
version 36.3.8d Jul, 2016(preload9)  
Please cite:  
W.R. Pearson & D.J. Lipman PNAS (1988) 85:2444-2448

Query: TMP.q  
1>>>QUERY - 39990 nt  
Library: TMP.q2  
15790 residues in 1 sequences

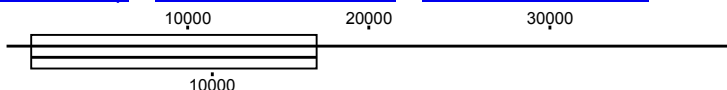
Statistics: (shuffled [36]) MLE statistics: Lambda= 0.0797; K=3.301e-06  
statistics sampled from 1 (1) to 36 sequences  
Algorithm: FASTA (3.8 Nov 2011) [optimized]  
Parameters: DNA matrix (5:-4), open/ext: -12/-4  
ktup: 6, E-join: 0.25 (1), E-opt: 0.05 (1), width: 16  
Scan time: 13.430

The best scores are:

	opt	bits	E(10000)	%_id	%_sim	alen
QUERY (15790) [f]	78950	9106.3	0	1.000	1.000	15790 <a href="#">align</a>
QUERY (15790) [r]	118	37.1	0.0044	0.789	0.789	38 <a href="#">align</a>

>>>QUERY, 39990 nt vs TMP.q2 library

>>QUERY (15790 nt)  
initn: 78950 init1: 78950 opt: 78950 Z-score: 49102.1 bits: 9106.3 E(10000): 0  
banded Smith-Waterman score: 78950; 100.0% identity (100.0% similar) in 15790 nt overlap (1401-17190:1-15790)  
[Sequence Lookup](#) [Re-search database](#) [General re-search](#)



[\[Domains\]](#)

[\[alignment\]](#)

	1370	1380	1390	1400	1410	1420	1430	1440
QUERY	TTCTTTGAAACAATCAGACCACACCTGATTATGTTATCCTCCACCCATGAGTTGCAGAGTGGTGGAGAGTTCAACTAGTG							
QUERY					CCACCCATGAGTTGCAGAGTGGTGGAGAGTTCAACTAGTG			
					10	20	30	40
	1450	1460	1470	1480	1490	1500	1510	1520
QUERY	CTGTTCTTTAACTTTGGGCCATGATTTTCAGGGGCTCTGGTCTTGAAACCTTTCTAGACTGGTTCTGGCCTGTCTCCAGCA							
QUERY	CTGTTCTTTAACTTTGGGCCATGATTTTCAGGGGCTCTGGTCTTGAAACCTTTCTAGACTGGTTCTGGCCTGTCTCCAGCA							
	50	60	70	80	90	100	110	120
	1530	1540	1550	1560	1570	1580	1590	1600
QUERY	TTCCTGGGAAGTAACATGAACTCTCAAAGGTGGGAGTGCTGTCTGGCTCTGGAACATCTACTTCTACTTCACTTATTCT							
QUERY	TTCCTGGGAAGTAACATGAACTCTCAAAGGTGGGAGTGCTGTCTGGCTCTGGAACATCTACTTCTACTTCACTTATTCT							
	130	140	150	160	170	180	190	200
	1610	1620	1630	1640	1650	1660	1670	1680
QUERY	GGCAACCAGCATTCAAGGTACTTTACGCAAGTCGTGTGCCTGCAATTGTGCACTGAAGGCACGGGTGAGATGGGAAAGGG							

```
QUERY GGCAACCAGCATTCAAGGTACTTTACGCAAGTCGTGTGCCTGCAATTGTGCACTGAAGGCACGGGTGAGATGGGAAAGGG
      210      220      230      240      250      260      270      280
      1690      1700      1710      1720      1730      1740      1750      1760
QUERY GATATAGGGTGGGGCTCAGTCTGAAAGTGGAGTGTGGTCTCCGGGCAGCAGATACTTCTATGCTGGTAGCAGGGCTGTG
      .....
QUERY GATATAGGGTGGGGCTCAGTCTGAAAGTGGAGTGTGGTCTCCGGGCAGCAGATACTTCTATGCTGGTAGCAGGGCTGTG
      290      300      310      320      330      340      350      360
      1770      1780      1790      1800      1810      1820      1830      1840
QUERY GTGAGCTGGGCAACCTTCTGAGCCCTAAGAGAATCAGCCTCTCTCTTTTCCCAAGGGGTATGACAAAAACAGGACC
      .....
QUERY GTGAGCTGGGCAACCTTCTGAGCCCTAAGAGAATCAGCCTCTCTCTTTTCCCAAGGGGTATGACAAAAACAGGACC
      370      380      390      400      410      420      430      440
      1850      1860      1870      1880      1890      1900      1910      1920
QUERY TCAGGGAGATGGGGGAGCAGGCTCCTTAGATTTAATTCCATGCTTTGTAGTCTGGGTCTAAGTAGAGGCTGGGGTGCCT
      .....
QUERY TCAGGGAGATGGGGGAGCAGGCTCCTTAGATTTAATTCCATGCTTTGTAGTCTGGGTCTAAGTAGAGGCTGGGGTGCCT
      450      460      470      480      490      500      510      520
      1930      1940      1950      1960      1970      1980      1990      2000
QUERY CATATCAAAGGAGGCCGAGCATCTAGTTGTTAAGAGTTAAGGATCATTCTCCGCATGGCTGTTCCGGTCCCCCTCGT
      .....
QUERY CATATCAAAGGAGGCCGAGCATCTAGTTGTTAAGAGTTAAGGATCATTCTCCGCATGGCTGTTCCGGTCCCCCTCGT
      530      540      550      560      570      580      590      600
      2010      2020      2030      2040      2050      2060      2070      2080
QUERY GTACAACCTGTTACCTTCCACTTCTTTTTCAGTCTGAGAAATGGGAGTTAAGCTATTGCCTTTCTCACCATT
      .....
QUERY GTACAACCTGTTACCTTCCACTTCTTTTTCAGTCTGAGAAATGGGAGTTAAGCTATTGCCTTTCTCACCATT
      610      620      630      640      650      660      670      680
      2090      2100      2110      2120      2130      2140      2150      2160
QUERY CCCCTTAAGAAATACTCAGGCTTTTTTTCAGTCTGAGAGGCTTTAGTGCTCACTACTATGGAAAAAAATGAGTAAAAATGA
      .....
QUERY CCCCTTAAGAAATACTCAGGCTTTTTTTCAGTCTGAGAGGCTTTAGTGCTCACTACTATGGAAAAAAATGAGTAAAAATGA
      690      700      710      720      730      740      750      760
      2170      2180      2190      2200      2210      2220      2230      2240
QUERY ACAAGCACAGGGAACAAACACAGCATCATAAGATTCAGTGTAATTTTTAGGGAGAGGAGAGAGTCATGCTCAGTCATAGC
      .....
QUERY ACAAGCACAGGGAACAAACACAGCATCATAAGATTCAGTGTAATTTTTAGGGAGAGGAGAGAGTCATGCTCAGTCATAGC
      770      780      790      800      810      820      830      840
      2250      2260      2270      2280      2290      2300      2310      2320
QUERY CTCTTGATCACACCTGCAGGCTCTCAGAGTGATAGTACTTTGGATCTGGTTGATGACTGTGTACATCTAGAGACACGAT
      .....
QUERY CTCTTGATCACACCTGCAGGCTCTCAGAGTGATAGTACTTTGGATCTGGTTGATGACTGTGTACATCTAGAGACACGAT
      850      860      870      880      890      900      910      920
      2330      2340      2350      2360      2370      2380      2390      2400
QUERY GGGAAATACTAATCCAAGTCTGGGAAAGATAGTGCTGCTAAGAGAACCAGGAAATATATCAGGACTGGTATCTAAGTCTCT
      .....
QUERY GGGAAATACTAATCCAAGTCTGGGAAAGATAGTGCTGCTAAGAGAACCAGGAAATATATCAGGACTGGTATCTAAGTCTCT
      930      940      950      960      970      980      990      1000
      2410      2420      2430      2440      2450      2460      2470      2480
QUERY TCAGGCATAGATTATGCCTACAGATGGTCATCTTATCCCAATTTATGACTTCCCCTCTATTAATCATATCCATTTACAT
      .....
QUERY TCAGGCATAGATTATGCCTACAGATGGTCATCTTATCCCAATTTATGACTTCCCCTCTATTAATCATATCCATTTACAT
      1010      1020      1030      1040      1050      1060      1070      1080
      2490      2500      2510      2520      2530      2540      2550      2560
QUERY TTAACCTTACTATTTGCCTCAGAAGAGGTGCTTTCTCTGTTATGGCTAGATTTTTTCTTCTGCCAGGATTCAGTGCACG
      .....
QUERY TTAACCTTACTATTTGCCTCAGAAGAGGTGCTTTCTCTGTTATGGCTAGATTTTTTCTTCTGCCAGGATTCAGTGCACG
      1090      1100      1110      1120      1130      1140      1150      1160
      2570      2580      2590      2600      2610      2620      2630      2640
```









```

        6330      6340      6350      6360      6370      6380      6390      6400
QUERY  CGAGCAGGTACTCAGCTCACACAAGGGATGCCCTTGAACATCCTTTCTGGTGGTTGGGGGGGGATTGTGTTTCTGG
      :
QUERY  CGAGCAGGTACTCAGCTCACACAAGGGATGCCCTTGAACATCCTTTCTGGTGGTTGGGGGGGGATTGTGTTTCTGG
        4930      4940      4950      4960      4970      4980      4990      5000

        6410      6420      6430      6440      6450      6460      6470      6480
QUERY  GCTCTGTGGGTCTGAAGTAATTAGAGAGAGAGCAAGAGACAACCAAGAAGTGGGCAGGGGTAAATAATAAGATTCAT
      :
QUERY  GCTCTGTGGGTCTGAAGTAATTAGAGAGAGAGCAAGAGACAACCAAGAAGTGGGCAGGGGTAAATAATAAGATTCAT
        5010      5020      5030      5040      5050      5060      5070      5080

        6490      6500      6510      6520      6530      6540      6550      6560
QUERY  CACCTACATAGGCCACCCCTTCAATATTGGGAGAGGTAGTTGTTTTGCCAGACACAGAGAAATAAACAAAGAGAGTCAA
      :
QUERY  CACCTACATAGGCCACCCCTTCAATATTGGGAGAGGTAGTTGTTTTGCCAGACACAGAGAAATAAACAAAGAGAGTCAA
        5090      5100      5110      5120      5130      5140      5150      5160

        6570      6580      6590      6600      6610      6620      6630      6640
QUERY  CCAAATGAGGAAAAGCAAGAATATATTCTAAATGAATGAATAAGACAAAATCCCAGAAAAAAGAACCTTAATAAAATGGA
      :
QUERY  CCAAATGAGGAAAAGCAAGAATATATTCTAAATGAATGAATAAGACAAAATCCCAGAAAAAAGAACCTTAATAAAATGGA
        5170      5180      5190      5200      5210      5220      5230      5240

        6650      6660      6670      6680      6690      6700      6710      6720
QUERY  GATAAGTAATCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTGGAGATAAGTAATCTGATAAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTTAGAGAGAGA
      :
QUERY  GATAAGTAATCTTTTTTTTTTTTTTTTTTTGGAGATAAGTAATCTGATAAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTTAGAGAGAGA
        5250      5260      5270      5280      5290      5300      5310      5320

        6730      6740      6750      6760      6770      6780      6790      6800
QUERY  TTTTATTTATTTATTCATGAGAGATACACAGATAGAGGCAGAGGCATACACAGAGGAGAAGCAGGCTCCCCACGAGAACC
      :
QUERY  TTTTATTTATTTATTCATGAGAGATACACAGATAGAGGCAGAGGCATACACAGAGGAGAAGCAGGCTCCCCACGAGAACC
        5330      5340      5350      5360      5370      5380      5390      5400

        6810      6820      6830      6840      6850      6860      6870      6880
QUERY  CTAATGCAGGACTTAATCCCAGGATCATGCCCTGAGCCAAAGGCAGACACTCAACCCCTGAGCTACCCAGGCATCCCGAA
      :
QUERY  CTAATGCAGGACTTAATCCCAGGATCATGCCCTGAGCCAAAGGCAGACACTCAACCCCTGAGCTACCCAGGCATCCCGAA
        5410      5420      5430      5440      5450      5460      5470      5480

        6890      6900      6910      6920      6930      6940      6950      6960
QUERY  TAAAGAGTTCAAAGAATGGTCATAAAGATACTCACTGAATTCAGGAAAAGAATGGATGAACACAGTAAGAACTTCAACAA
      :
QUERY  TAAAGAGTTCAAAGAATGGTCATAAAGATACTCACTGAATTCAGGAAAAGAATGGATGAACACAGTAAGAACTTCAACAA
        5490      5500      5510      5520      5530      5540      5550      5560

        6970      6980      6990      7000      7010      7020      7030      7040
QUERY  AGAGAAAAATAAAGAAAGTACCAAACACAGAAGTCACAGAGCTGAAGAATGTGACAACCTGAACTGCAAAATGTGCCAGAA
      :
QUERY  AGAGAAAAATAAAGAAAGTACCAAACACAGAAGTCACAGAGCTGAAGAATGTGACAACCTGAACTGCAAAATGTGCCAGAA
        5570      5580      5590      5600      5610      5620      5630      5640

        7050      7060      7070      7080      7090      7100      7110      7120
QUERY  GAGTTCAATAGCAGACTAGATGATGTGGAAGAAATAATTGGTGAGCTGGAAGACAGGTCAATGACACTAATATAAGCAGG
      :
QUERY  GAGTTCAATAGCAGACTAGATGATGTGGAAGAAATAATTGGTGAGCTGGAAGACAGGTCAATGACACTAATATAAGCAGG
        5650      5660      5670      5680      5690      5700      5710      5720

        7130      7140      7150      7160      7170      7180      7190      7200
QUERY  GCAGCAAAAAGGTAAAAGAATTTAAAAAGCAAAGATAGGAGCACCTGGGTGGTTCAATGGTTGAGCGCAAATGTCTCAC
      :
QUERY  GCAGCAAAAAGGTAAAAGAATTTAAAAAGCAAAGATAGGAGCACCTGGGTGGTTCAATGGTTGAGCGCAAATGTCTCAC
        5730      5740      5750      5760      5770      5780      5790      5800

        7210      7220      7230      7240      7250      7260      7270      7280
QUERY  TGGTAACGGTAAATACATATAGTAAAGGAAGCAGAATAACCCTTAGAAAAGTTAGTATGAAGGTTAAAAGAGAAAAGTAG
      :

```





```

          9130      9140      9150      9160      9170      9180      9190      9200
QUERY  GCAAGAGAGAGGGAGAAGCTGAGTGAAAGTAAAAATATGAAAAATATTTTTGACTAGCAGGAGGTCATGAGAAGAAAA
      :
QUERY  GCAAGAGAGAGGGAGAAGCTGAGTGAAAGTAAAAATATGAAAAATATTTTTGACTAGCAGGAGGTCATGAGAAGAAAA
      7730      7740      7750      7760      7770      7780      7790      7800

          9210      9220      9230      9240      9250      9260      9270      9280
QUERY  GACTGGGAGCACTAATGTATACATTTGCTACTGTCATCCATTCATTGTTGTCTGCTTAATACTAAATGTCAACTGAGT
      :
QUERY  GACTGGGAGCACTAATGTATACATTTGCTACTGTCATCCATTCATTGTTGTCTGCTTAATACTAAATGTCAACTGAGT
      7810      7820      7830      7840      7850      7860      7870      7880

          9290      9300      9310      9320      9330      9340      9350      9360
QUERY  ATTGTAGGGATTCAAATTTGAGCAAGACATTGTCTTTGCCTTTGAGAACTCACAAAATCAGTGACTGTGTGTCTGCATA
      :
QUERY  ATTGTAGGGATTCAAATTTGAGCAAGACATTGTCTTTGCCTTTGAGAACTCACAAAATCAGTGACTGTGTGTCTGCATA
      7890      7900      7910      7920      7930      7940      7950      7960

          9370      9380      9390      9400      9410      9420      9430      9440
QUERY  GTTCTCCTGCCCTCACACTAAATTTGAAGTTCACTTGAGTATGTTGAGGACACCCTTGACAAACATATCTCCTTGT
      :
QUERY  GTTCTCCTGCCCTCACACTAAATTTGAAGTTCACTTGAGTATGTTGAGGACACCCTTGACAAACATATCTCCTTGT
      7970      7980      7990      8000      8010      8020      8030      8040

          9450      9460      9470      9480      9490      9500      9510      9520
QUERY  CCTTGTAAGCAGATTCCATTCTCTCAAGGAGAAAGGGTCAAGGTACAACCTGGCCTGGATCATAACTGGGGTTTGTGT
      :
QUERY  CCTTGTAAGCAGATTCCATTCTCTCAAGGAGAAAGGGTCAAGGTACAACCTGGCCTGGATCATAACTGGGGTTTGTGT
      8050      8060      8070      8080      8090      8100      8110      8120

          9530      9540      9550      9560      9570      9580      9590      9600
QUERY  GCTCTGTATCCTTCACTCTTTCTCATTGGATGCATCCTTCTTTCTCCCTCCCAAGGAAGCTTTAGCGAGGTTCTCTGTC
      :
QUERY  GCTCTGTATCCTTCACTCTTTCTCATTGGATGCATCCTTCTTTCTCCCTCCCAAGGAAGCTTTAGCGAGGTTCTCTGTC
      8130      8140      8150      8160      8170      8180      8190      8200

          9610      9620      9630      9640      9650      9660      9670      9680
QUERY  CTGGTAGAGGTGCTGGGATCTCTTCTCATCACCAACATGCTCTAGACCAGTGACATGGTTTTGTGCTATACTTTGTGCA
      :
QUERY  CTGGTAGAGGTGCTGGGATCTCTTCTCATCACCAACATGCTCTAGACCAGTGACATGGTTTTGTGCTATACTTTGTGCA
      8210      8220      8230      8240      8250      8260      8270      8280

          9690      9700      9710      9720      9730      9740      9750      9760
QUERY  TACTGACATCCTTTATTTTTAGACCATTAAATTTAAGTGAAAGCTGATTGAGGAGCTGCTACAATTTTTGGATTTAGG
      :
QUERY  TACTGACATCCTTTATTTTTAGACCATTAAATTTAAGTGAAAGCTGATTGAGGAGCTGCTACAATTTTTGGATTTAGG
      8290      8300      8310      8320      8330      8340      8350      8360

          9770      9780      9790      9800      9810      9820      9830      9840
QUERY  CTCTTTCTTTTCATATTCTTCAATCTTTGAGATTCTCATATAGACATCCATTTCTAAAAAATATATCATTAGTCTAGTCC
      :
QUERY  CTCTTTCTTTTCATATTCTTCAATCTTTGAGATTCTCATATAGACATCCATTTCTAAAAAATATATCATTAGTCTAGTCC
      8370      8380      8390      8400      8410      8420      8430      8440

          9850      9860      9870      9880      9890      9900      9910      9920
QUERY  TTATTTTGTCACTGTTTTGGTCTAATAAAAATAAGTTCAACAGCCAATTGTTAAACATCTTAATAACTTAGGCATAGTACT
      :
QUERY  TTATTTTGTCACTGTTTTGGTCTAATAAAAATAAGTTCAACAGCCAATTGTTAAACATCTTAATAACTTAGGCATAGTACT
      8450      8460      8470      8480      8490      8500      8510      8520

          9930      9940      9950      9960      9970      9980      9990      10000
QUERY  AGGTGTATGGATACAAAAAATAATGTTGGTAATAATAATAAAAACAATACATGACATTGAATAGTTACTAATCTTCCA
      :
QUERY  AGGTGTATGGATACAAAAAATAATGTTGGTAATAATAATAAAAACAATACATGACATTGAATAGTTACTAATCTTCCA
      8530      8540      8550      8560      8570      8580      8590      8600

          10010      10020      10030      10040      10050      10060      10070      10080
QUERY  AGTATTATTCTAAGCACTTTATTTGTATTAATTGACTATTTGTATTAAGTTATATTCTAAGCATTTTATTAATATAACTC
      :

```



QUERY TAGTTCTCAGCCGAATGGGGTGGGATGTTTGGCAATATCTGGAGACATTTTGATTGTCATGTCTGGAGATGTGCTACT  
 :  
 QUERY TAGTTCTCAGCCGAATGGGGTGGGATGTTTGGCAATATCTGGAGACATTTTGATTGTCATGTCTGGAGATGTGCTACT  
 9570 9580 9590 9600 9610 9620 9630 9640  
  
 11050 11060 11070 11080 11090 11100 11110 11120  
 QUERY GATACCTAGTGGGCAGAGCCAGGAATGCTGCTGAACATCCTTCAATGCACGTGGACAATTCTACAACAGGGGAATTATC  
 :  
 QUERY GATACCTAGTGGGCAGAGCCAGGAATGCTGCTGAACATCCTTCAATGCACGTGGACAATTCTACAACAGGGGAATTATC  
 9650 9660 9670 9680 9690 9700 9710 9720  
  
 11130 11140 11150 11160 11170 11180 11190 11200  
 QUERY TAGCCTAAAATGTCAATAGTGCCAAGGTGGAAGAACAAGTCTGGACTGTCTGTTGTCACACTTCTATTAATTGACAT  
 :  
 QUERY TAGCCTAAAATGTCAATAGTGCCAAGGTGGAAGAACAAGTCTGGACTGTCTGTTGTCACACTTCTATTAATTGACAT  
 9730 9740 9750 9760 9770 9780 9790 9800  
  
 11210 11220 11230 11240 11250 11260 11270 11280  
 QUERY GGAAGCAGCACCGTGCCCTACCCCATGCCACGCTCAAGCTCCAACGTTTACTGAATCCCAGATCAAGGGCCAGGCCT  
 :  
 QUERY GGAAGCAGCACCGTGCCCTACCCCATGCCACGCTCAAGCTCCAACGTTTACTGAATCCCAGATCAAGGGCCAGGCCT  
 9810 9820 9830 9840 9850 9860 9870 9880  
  
 11290 11300 11310 11320 11330 11340 11350 11360  
 QUERY CCGGTGAAGACTGTACTTACTGCTTCTAAGCAGAAACCTTTCTCTCCCCTGTCCCACCAGCTCAGGCCTCTGCTGCT  
 :  
 QUERY CCGGTGAAGACTGTACTTACTGCTTCTAAGCAGAAACCTTTCTCTCTCCCCTGTCCCACCAGCTCAGGCCTCTGCTGCT  
 9890 9900 9910 9920 9930 9940 9950 9960  
  
 11370 11380 11390 11400 11410 11420 11430 11440  
 QUERY GGGCCATGCTCCCTTCTCCAAGACGGCTCTCACTCTCATTGGCAGGTCATTACAACGTGATGATCGCCGTCTCTGGC  
 :  
 QUERY GGGCCATGCTCCCTTCTCCAAGACGGCTCTCACTCTCATTGGCAGGTCATTACAACGTGATGATCGCCGTCTCTGGC  
 9970 9980 9990 10000 10010 10020 10030 10040  
  
 11450 11460 11470 11480 11490 11500 11510 11520  
 QUERY AGCAACGTGAGCCTACACATCTCCAATTTGCCTGCTCTCCAGGGTCACCTGGTTTTACACCGCCAACCAGAAGATTGT  
 :  
 QUERY AGCAACGTGAGCCTACACATCTCCAATTTGCCTGCTCTCCAGGGTCACCTGGTTTTACACCGCCAACCAGAAGATTGT  
 10050 10060 10070 10080 10090 10100 10110 10120  
  
 11530 11540 11550 11560 11570 11580 11590 11600  
 QUERY AGAATGGGAGTCCAACAGGACTAATTCTTCAATTCTAAGTTTAAAGAACAGAGCTAGTCTTGATGAAAGCTATGCACTAT  
 :  
 QUERY AGAATGGGAGTCCAACAGGACTAATTCTTCAATTCTAAGTTTAAAGAACAGAGCTAGTCTTGATGAAAGCTATGCACTAT  
 10130 10140 10150 10160 10170 10180 10190 10200  
  
 11610 11620 11630 11640 11650 11660 11670 11680  
 QUERY GCATCTACAAGGTCCAGAAAAGAGGACAGCAGCACCTACATCCTGAGGGTCTGAAGGACTCTGGAAAAGAGGAGGACTGG  
 :  
 QUERY GCATCTACAAGGTCCAGAAAAGAGGACAGCAGCACCTACATCCTGAGGGTCTGAAGGACTCTGGAAAAGAGGAGGACTGG  
 10210 10220 10230 10240 10250 10260 10270 10280  
  
 11690 11700 11710 11720 11730 11740 11750 11760  
 QUERY GCTATCTCACTGGAGGACTTGGTGAGTTTGGGGAGTCCCCTCAGGGCCCCGGATGGACCACTGGGAGGTTTCCTAGGT  
 :  
 QUERY GCTATCTCACTGGAGGACTTGGTGAGTTTGGGGAGTCCCCTCAGGGCCCCGGATGGACCACTGGGAGGTTTCCTAGGT  
 10290 10300 10310 10320 10330 10340 10350 10360  
  
 11770 11780 11790 11800 11810 11820 11830 11840  
 QUERY CTCATGGAGGCTTCTCTGGGAGGAGGAAAAGAAAATCTAAGGACAGGCTTAGTTTCTCTGGAGCCAATTCTCT  
 :  
 QUERY CTCATGGAGGCTTCTCTGGGAGGAGGAAAAGAAAATCTAAGGACAGGCTTAGTTTCTCTGGAGCCAATTCTCT  
 10370 10380 10390 10400 10410 10420 10430 10440  
  
 11850 11860 11870 11880 11890 11900 11910 11920  
 QUERY GGGGAGTGAGCCTGGGCCAGCAGAGCCCAAATGATAGCCTTGGGACCTTACGCTTCTGACCTTAGTGAGTCTCAGAT  
 :  
 QUERY GGGGAGTGAGCCTGGGCCAGCAGAGCCCAAATGATAGCCTTGGGACCTTACGCTTCTGACCTTAGTGAGTCTCAGAT  
 10450 10460 10470 10480 10490 10500 10510 10520

```

      11930      11940      11950      11960      11970      11980      11990      12000
QUERY  GTGAAGAGAGGGAAAACCATAGAAATGACTTCCTCTCTATTCTTTCATGCTTTCTCTGATCAACCCTGTGAGCTCAGT
      .....
QUERY  GTGAAGAGAGGGAAAACCATAGAAATGACTTCCTCTCTATTCTTTCATGCTTTCTCTGATCAACCCTGTGAGCTCAGT
      10530      10540      10550      10560      10570      10580      10590      10600

      12010      12020      12030      12040      12050      12060      12070      12080
QUERY  TCTGTGCTCATCTTAATAATATACATGAACCCAGACTTCATCAGATTTAGGGAAAAAAGTGACAAGAGACAGAGGATAGG
      .....
QUERY  TCTGTGCTCATCTTAATAATATACATGAACCCAGACTTCATCAGATTTAGGGAAAAAAGTGACAAGAGACAGAGGATAGG
      10610      10620      10630      10640      10650      10660      10670      10680

      12090      12100      12110      12120      12130      12140      12150      12160
QUERY  GCAGGAGCTGTAAAGGAAGTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTCCCTACCTTTCAGAATGGATAGGACAGAAACTCCAC
      .....
QUERY  GCAGGAGCTGTAAAGGAAGTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTCCCTACCTTTCAGAATGGATAGGACAGAAACTCCAC
      10690      10700      10710      10720      10730      10740      10750      10760

      12170      12180      12190      12200      12210      12220      12230      12240
QUERY  TTGTAGTTCAGCCTAACTTGATATGTGGAATAAAGACTAGGATTATACTTGGGATCAGATAGATCTGGGTAAAAAACC
      .....
QUERY  TTGTAGTTCAGCCTAACTTGATATGTGGAATAAAGACTAGGATTATACTTGGGATCAGATAGATCTGGGTAAAAAACC
      10770      10780      10790      10800      10810      10820      10830      10840

      12250      12260      12270      12280      12290      12300      12310      12320
QUERY  TTGGTTACTAGCTCACTTACTTGCTGTGTGACTTTGAAGAAAGATCGTTAACATCTTAACATCTTTGTGCCATATTAGG
      .....
QUERY  TTGGTTACTAGCTCACTTACTTGCTGTGTGACTTTGAAGAAAGATCGTTAACATCTTAACATCTTTGTGCCATATTAGG
      10850      10860      10870      10880      10890      10900      10910      10920

      12330      12340      12350      12360      12370      12380      12390      12400
QUERY  TAAGTTCTTTTGATGGCAAGTAACAGAAGCCAATTTGATGTAATTTAGCAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGGGGGAAGTC
      .....
QUERY  TAAGTTCTTTTGATGGCAAGTAACAGAAGCCAATTTGATGTAATTTAGCAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGGGGGAAGTC
      10930      10940      10950      10960      10970      10980      10990      11000

      12410      12420      12430      12440      12450      12460      12470      12480
QUERY  TATTAAGACACTAGAACTAGAATTATTTAAAGCAATTCAGGAACCTAGAAGAGTTAGGAAGGGTTGAACAGGAGGAA
      .....
QUERY  TATTAAGACACTAGAACTAGAATTATTTAAAGCAATTCAGGAACCTAGAAGAGTTAGGAAGGGTTGAACAGGAGGAA
      11010      11020      11030      11040      11050      11060      11070      11080

      12490      12500      12510      12520      12530      12540      12550      12560
QUERY  GAATGAAAACCCAGGGCCAGCCCGGAATCCCTAGCTTCAGGAATCTGTGGACTGTGCCTCTGGATCCCTGCCATTTACATG
      .....
QUERY  GAATGAAAACCCAGGGCCAGCCCGGAATCCCTAGCTTCAGGAATCTGTGGACTGTGCCTCTGGATCCCTGCCATTTACATG
      11090      11100      11110      11120      11130      11140      11150      11160

      12570      12580      12590      12600      12610      12620      12630      12640
QUERY  ACTTACCTCTGAAAGCCAGACTTTTGTAACTCTTGGTTAAATTAGCAGAATTTAAAGACAGAACTGATTGAACCAAC
      .....
QUERY  ACTTACCTCTGAAAGCCAGACTTTTGTAACTCTTGGTTAAATTAGCAGAATTTAAAGACAGAACTGATTGAACCAAC
      11170      11180      11190      11200      11210      11220      11230      11240

      12650      12660      12670      12680      12690      12700      12710      12720
QUERY  TTGGTTCAGGTATGTGTATCTGATTGAAATATTTGTGGCTCAAAGGGTCAGGTGATAACACAGAAACGTGGTGCTTGAGG
      .....
QUERY  TTGGTTCAGGTATGTGTATCTGATTGAAATATTTGTGGCTCAAAGGGTCAGGTGATAACACAGAAACGTGGTGCTTGAGG
      11250      11260      11270      11280      11290      11300      11310      11320

      12730      12740      12750      12760      12770      12780      12790      12800
QUERY  ACGCCTCTGTGGCGTTGAGGTAGGCAAAAACCTAGAGAAGAGAGGCAGGGCAGACCGAGACAGGTATCTCCCTGAGAGCTG
      .....
QUERY  ACGCCTCTGTGGCGTTGAGGTAGGCAAAAACCTAGAGAAGAGAGGCAGGGCAGACCGAGACAGGTATCTCCCTGAGAGCTG
      11330      11340      11350      11360      11370      11380      11390      11400

      12810      12820      12830      12840      12850      12860      12870      12880
QUERY  CGGGGCTCCCATATTATGAGGATAATTATATCTTCTTTTAGGATGTCTCTCGCAGAGGGGCCATGCTAATCTTCTCT
      .....

```





```

      14730      14740      14750      14760      14770      14780      14790      14800
QUERY  CCGCGCTCCTCCCTACCTCCCTTGATATTTGTTGGCTAAATGTTCAAAGCGTAAGTGCCTTATAAATGCATAAAACCCAT
      .....
QUERY  CCGCGCTCCTCCCTACCTCCCTTGATATTTGTTGGCTAAATGTTCAAAGCGTAAGTGCCTTATAAATGCATAAAACCCAT
      13330      13340      13350      13360      13370      13380      13390      13400

      14810      14820      14830      14840      14850      14860      14870      14880
QUERY  TGTCTCATCTTACAACATCTTCCTCATCTTCAGATCCTGTACGTAAACCTGGCATCAAAATTCAGACGTTACAGGAGGTG
      .....
QUERY  TGTCTCATCTTACAACATCTTCCTCATCTTCAGATCCTGTACGTAAACCTGGCATCAAAATTCAGACGTTACAGGAGGTG
      13410      13420      13430      13440      13450      13460      13470      13480

      14890      14900      14910      14920      14930      14940      14950      14960
QUERY  AACAAATAGCTGTCATCTGAAACTGTCATGTGAGATCTCAGGCCAATCAGCAAACCTACACCTGGTATGGGAACCTCAGGGCC
      .....
QUERY  AACAAATAGCTGTCATCTGAAACTGTCATGTGAGATCTCAGGCCAATCAGCAAACCTACACCTGGTATGGGAACCTCAGGGCC
      13490      13500      13510      13520      13530      13540      13550      13560

      14970      14980      14990      15000      15010      15020      15030      15040
QUERY  CTTGCCACAGATCTCCAGAGTCTGTGCTTGAATTTACTGTTTACCGACAAAATTTTCCAGCTATTACACCTGCCAAG
      .....
QUERY  CTTGCCACAGATCTCCAGAGTCTGTGCTTGAATTTACTGTTTACCGACAAAATTTTCCAGCTATTACACCTGCCAAG
      13570      13580      13590      13600      13610      13620      13630      13640

      15050      15060      15070      15080      15090      15100      15110      15120
QUERY  CCAGCAATCCTGTGAGCAGCAAGAATGACACCATCTACTTCAGTCACTGTGTAAGTAAAGGATGCTTACAAGGA
      .....
QUERY  CCAGCAATCCTGTGAGCAGCAAGAATGACACCATCTACTTCAGTCACTGTGTAAGTAAAGGATGCTTACAAGGA
      13650      13660      13670      13680      13690      13700      13710      13720

      15130      15140      15150      15160      15170      15180      15190      15200
QUERY  GTTGGGCGTGGGGTGGGGAGTGCAGGTATGGGGTAATTCGTTTTCTTTGAATGAAATGAATGAAGAAAGGTATGAGGA
      .....
QUERY  GTTGGGCGTGGGGTGGGGAGTGCAGGTATGGGGTAATTCGTTTTCTTTGAATGAAATGAATGAAGAAAGGTATGAGGA
      13730      13740      13750      13760      13770      13780      13790      13800

      15210      15220      15230      15240      15250      15260      15270      15280
QUERY  TCCTATTCAGCCTCCTGCTCAGATGGAGGATCCCAAAGGCGTCTGTGAGACTTGAGAGACTCAGGTCTACCCCTGGCTC
      .....
QUERY  TCCTATTCAGCCTCCTGCTCAGATGGAGGATCCCAAAGGCGTCTGTGAGACTTGAGAGACTCAGGTCTACCCCTGGCTC
      13810      13820      13830      13840      13850      13860      13870      13880

      15290      15300      15310      15320      15330      15340      15350      15360
QUERY  TGCTCCCACCCCTCAGCAAGCTTACTTGGCTTTTGTGGAGCTCATTGTCCTCACCTGGGAGGGCAGCTGGCTCTCCTCC
      .....
QUERY  TGCTCCCACCCCTCAGCAAGCTTACTTGGCTTTTGTGGAGCTCATTGTCCTCACCTGGGAGGGCAGCTGGCTCTCCTCC
      13890      13900      13910      13920      13930      13940      13950      13960

      15370      15380      15390      15400      15410      15420      15430      15440
QUERY  CTGGTCTAACAGTGCATGGTCTTAGAATCTGAGGCCCGGTAATGTAGGACAATCGGAGCTGTCAGTGTTGAGCAGGGG
      .....
QUERY  CTGGTCTAACAGTGCATGGTCTTAGAATCTGAGGCCCGGTAATGTAGGACAATCGGAGCTGTCAGTGTTGAGCAGGGG
      13970      13980      13990      14000      14010      14020      14030      14040

      15450      15460      15470      15480      15490      15500      15510      15520
QUERY  AGAAGCACAGGTGGAAGAGCAGACCAGACACAGTTGAGCGGGTGCATGAGGAGGTTCTAGCAGAAAGCTTAAATCAGCA
      .....
QUERY  AGAAGCACAGGTGGAAGAGCAGACCAGACACAGTTGAGCGGGTGCATGAGGAGGTTCTAGCAGAAAGCTTAAATCAGCA
      14050      14060      14070      14080      14090      14100      14110      14120

      15530      15540      15550      15560      15570      15580      15590      15600
QUERY  AAGGAAAGAAAGGCCAAGTAGATGAGCACAAGCAAGAACGAGTAGTGAACAGGAGTGAAGGCTTATCCTAAGGTAGGGA
      .....
QUERY  AAGGAAAGAAAGGCCAAGTAGATGAGCACAAGCAAGAACGAGTAGTGAACAGGAGTGAAGGCTTATCCTAAGGTAGGGA
      14130      14140      14150      14160      14170      14180      14190      14200

      15610      15620      15630      15640      15650      15660      15670      15680
QUERY  CTCTGCTCTTTAGAAAGGCAGACTCTGGGTTTCATGTTTCAGCTTCTTTCTCTAGGGAGGACCCACTCATCTGAGCATCA
      .....

```





```

7150      7140      7130      7120      7110      7100      7090      7080
QUERY- TTTTAAAATTCTTTTACCTTTTGGCTGCCCTGCTTATATTAGTGTCATTGACCTGTCTCCAGCTCACCAATTATTTCT

QUERY  CACTGTATGTATGATGCCTACCACAGACCCTAGTCGACTGTAAGTGCTTACTCTACATCTATTAGAAGAGTGAATAAATG
      3400      3410      3420      3430      3440      3450      3460      3470

```

2>>>QUERY - 39990 nt - 8906 nt Library: TMP.q2 15790 residues in 1 sequences

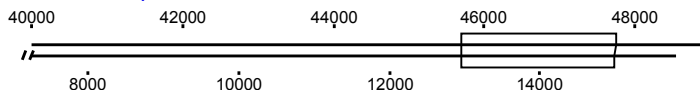
Statistics: (shuffled [27]) MLE statistics: Lambda= 0.0856; K=1.123e-05  
 statistics sampled from 1 (1) to 27 sequences  
 Algorithm: FASTA (3.8 Nov 2011) [optimized]  
 Parameters: DNA matrix (5:-4), open/ext: -12/-4  
 ktup: 6, E-join: 0.25 (1), E-opt: 0.05 (0.75), width: 16  
 Scan time: 2.700

The best scores are:

QUERY	(15790) [f]	opt bits	E(10000)	%_id	%_sim	alen	
+-	1656	226.6	8.6e-61	0.665	0.665	981	<a href="#">align</a>
+-	1029	149.1	1.8e-37	0.687	0.687	549	<a href="#">align</a>
+-	1003	145.9	1.7e-36	0.708	0.708	479	<a href="#">align</a>
+-	835	125.2	3e-30	0.684	0.684	443	<a href="#">align</a>
+-	782	118.6	2.8e-28	0.701	0.701	385	<a href="#">align</a>
+-	752	114.9	3.6e-27	0.679	0.679	424	<a href="#">align</a>
+-	421	74.0	7.4e-15	0.741	0.741	185	<a href="#">align</a>
+-	309	60.2	1.1e-10	0.828	0.828	93	<a href="#">align</a>
+-	307	59.9	1.3e-10	0.700	0.700	170	<a href="#">align</a>
+-	286	57.3	7.8e-10	0.729	0.729	140	<a href="#">align</a>
QUERY	(15790) [r]	90	33.1	0.015	0.577	0.577	123 <a href="#">align</a>
+-		97	34.0	0.0084	0.702	0.702	47 <a href="#">align</a>
+-		95	33.7	0.0099	0.639	0.639	61 <a href="#">align</a>

>>>QUERY, 8906 nt vs TMP.q2 library

>>QUERY (15790 nt)  
 initn: 3128 init1: 872 opt: 1389 Z-score: 945.6 bits: 193.6 E(10000): 7.3e-51  
 banded Smith-Waterman score: 2476; 61.3% identity (61.3% similar) in 2126 nt overlap (45693-47737:12959-14983)  
[Sequence Lookup](#) [Re-search database](#) [General re-search](#)



[\[Domains\]](#)

[\[alignment\]](#)

```

      45660      45670      45680      45690      45700      45710      45720      45730
QUERY  GCCAGAGTCTAGAAGGCTGGCACCTGCACTGGATGGTTGTGCAAAGGACTTTGCCACGCGCAGACAGGTACCTCTTACCT
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QUERY  GATGACGTGGGGACTACATGAGGTTTTTCTCCAGATTCCAGGAAAGGGCTTTGCCATGTGCAG-GGTATACTTCTTACCC
      12920      12930      12940      12950      12960      12970      12980      12990

      45740      45750      45760      45770      45780      45790      45800
QUERY  TAGGACTCTTGCTGAAGCTGAATCC--GATAATTGGAAAGACAGACCAGCCAAGGTGCCCGCCATGAACC-GTTGCTAGA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QUERY  CAGGACTCTGGCTGAATCTGAGCCCAAGAGCTCTGGATGGACAGACAGGCAAGGTGCCAACTGTGGGCCAGGTGCAGGA
      13000      13010      13020      13030      13040      13050      13060      13070

      45810      45820      45830      45840      45850      45860      45870      45880
QUERY  GAAGGGTCCCTGAGCATCTCAGGCAGTTGATATACTAAGTCTGACCCAGCAAGTCTCTGGGCTGTTTCGTTACGGCTCAC
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QUERY  GAAGGAGCCTCAGGTAGCTCAGACAGCTG-GATACCAAGTCTGACCCCAAGAGATCTCTGAG--GCTCTTT---CTGAC
      13080      13090      13100      13110      13120      13130      13140      13150

      45890      45900      45910      45920      45930      45940      45950      45960
QUERY  ACACGATCATAACCCATTTTGTCCAGAGCATATGATGGACTGTGGCGCCCTCCAGGACGCAGCTTAGCTTCACTG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QUERY  CTGTAGGCATAGACCCATTTTGT-----TCTG--GGTGTATGGCTCCCCCTCTGGATCCATTTTAGCTTCAACC

```







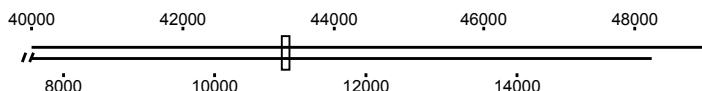












[\[Domains\]](#)

[\[alignment\]](#)

```

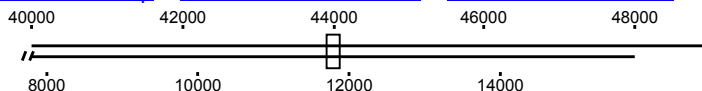
43280 43290 43300 43310 43320 43330 43340 43350
QUERY AAACGGTTCAGTTGCTCACTAGCTGTGCAGCCTTGAAAAAGATCTTCACATCTCTGTGCCATATTAGGTAAGATTCTT
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QUERY GCTCACTTACTTGTGTGTGACTTTGAAGAAAGATCGTTAACATCTTAACATCTTTGTGCCATATTAGGTAAG-TTCTT
      10860 10870 10880 10890 10900 10910 10920

43360 43370 43380 43390 43400 43410 43420 43430
QUERY TTGATAGCAAATAACAGAACTAATTCAATGTACCTTTACCAAAAAAGGAGAATTTAGTTAAGAACTAGGGCTATTTA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QUERY TTGATGGCAAGTAACAGAAGCCAATTTGATGTAATTTAGCAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGGGGGAAGTCTATTAAGA
      10930 10940 10950 10960 10970 10980 10990 11000

43440 43450 43460 43470 43480 43490 43500 43510
QUERY AAGCAATTCAAAGAGTTTAAAGAGCTAGGAAGGGCTTAAGGGGAGAAGATTGAAAACCAGGTTCCGGCCAGAACCCCTA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QUERY CACTAGAACTAGAATTATTTTAAAGCAATTCAGGAAGCTTAGAAGAGTTAGGAAGGGTTGAACAGGAGGAAGAATGAAAA
      11010 11020 11030 11040 11050 11060 11070 11080

```

initn: 263 init1: 114 opt: 307 Z-score: 223.0 bits: 59.9 **E(10000): 1.3e-10**  
banded Smith-Waterman score: 307; 70.0% identity (70.0% similar) in 170 nt overlap (43918-44082:11711-11864)  
[Sequence Lookup](#) [Re-search database](#) [General re-search](#)



[\[Domains\]](#)

[\[alignment\]](#)

```

43880 43890 43900 43910 43920 43930 43940 43950
QUERY CAAAGTAGATAAGGAAAGTGAAAACATTTTTTAAATGTCAAAAACA-TGCAAATGAAGAGTGTTGTATACATTCAAGTTC
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QUERY GAAAATACTCAGAATATATCTGTAATCCTCTTTCTTCTTAAACAGTGGAATGAAGAGTGCTTATACAATCAGGTCC
      11680 11690 11700 11710 11720 11730 11740 11750

43960 43970 43980 43990 44000 44010 44020 44030
QUERY CACCAGCCAGACAGTCCCTGATCCAAGCAGTCAGATTCCTTCTAAC--TCTTCTCCATGTCATATGGGCTGAAAATT
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QUERY CAC---CCTCTCAAT---GGCTCCAAG--GCTGGAGGCTCTTCTCACATATTTCTCCAAGTCACATGGCCTGAAAAT-
      11760 11770 11780 11790 11800 11810 11820

44040 44050 44060 44070 44080 44090 44100 44110
QUERY CAGAAAGTCTGGGAACA--AAAAGATTCAAGGTCTTACAGTGGTGTCTGGTTAACAAGCTCTACAAGATTTAAAAA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QUERY -----TCCTGGGAAAAGGAAAAGATTCAAAGTCTCATATGGTGGTGTAAAGAAAAGCCCAAATTTGTATCATTTACCA
      11830 11840 11850 11860 11870 11880 11890

44120 44130 44140 44150 44160 44170 44180 44190
QUERY AAAAAAAAAAGCCCTAAAGCGTAGCATTTACCAACTTTGTAATTTCTGTGGTTTAAATACTGCTACCACAGTTGATTTT
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QUERY ATTTCTGGTAAATACTCCCATCACAGCCAGCTCCAAGGCGCTAATGATTTACACAATTAGCTTGTAACATTTCTGAATATT
      11900 11910 11920 11930 11940 11950 11960 11970

```

initn: 191 init1: 94 opt: 286 Z-score: 209.0 bits: 57.3 **E(10000): 7.8e-10**  
banded Smith-Waterman score: 286; 72.9% identity (72.9% similar) in 140 nt overlap (45506-45643:12818-12949)  
[Sequence Lookup](#) [Re-search database](#) [General re-search](#)



