```
Query  1     CGTGACGATGAGNCACATAAAAAGTAAAAATGTCTACAGTAGANTCAATAGCAAGGCCAC  60
             |||||||||||  |||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||
Sbjct  1229  CGTGACGATGAGGGACATAAAAAGTAAAAATGTCTACAGTAGAGTCAATAGCAAGGCCAC  1170

Query  61    GACGCAATGGAGAAAGATGGAGAGCGCCAACGGCGTCCATCTCAAAGGAGTCGCCAGCGA  120
             |||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||
Sbjct  1169  GACGCAATGGAGAAAGACGGAGAGCGCCAACGGCGTCCATCTCGAAGGAGTCGCCAGCGA  1110

Query  121   TAACCGGAGTAGTTGAAATGGTAATAAGACTACCAATCTGATCAGCAAGGAAGCCAAGAT  180
             |||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||| |||||||||||||||||
Sbjct  1109  TAACCGGAGTAGTTGAAATGGTAATAAGACGACCAATCTGACCAGCAAGGAAGCCAAGAT  1050

Query  181   GGGAAAGGTCATGCGGCATACGCTCGGTGCCAGTTTGAATATTAGACATAATTTATCCTC  240
             |||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1049  GGGAAAGGTCATGCGGCATACGCTCGGCGCCAGTTTGAATATTAGACATAATTTATCCTC  990

Query  241   AAGTAAGGGGCCGAAGCCCCTGCAATTAAAATTGTTGACCACCTACATACCAAAGACGAG  300
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  989   AAGTAAGGGGCCGAAGCCCCTGCAATTAAAATTGTTGACCACCTACATACCAAAGACGAG  930

Query  301   CGCCTTTACGCTTGCCTTTAGTACCTCGCAACGGCTGCGGACGAC-AGGGCGAGCGCCAG  359
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||
Sbjct  929   CGCCTTTACGCTTGCCTTTAGTACCTCGCAACGGCTGCGGACGACCAGGGCGAGCGCCAG  870

Query  360   AACGTTTTTTACCTTTAGACATTACATCACTCCTTCCGCACGTAATTTTTGACGCACGTT  419
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  869   AACGTTTTTTACCTTTAGACATTACATCACTCCTTCCGCACGTAATTTTTGACGCACGTT  810

Query  420   TTCTTCTGCGTCAGTAAGAACGTCAGTGTTTCCTGCGCGTACACGCAAGGTAAACGCGAA  479
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  809   TTCTTCTGCGTCAGTAAGAACGTCAGTGTTTCCTGCGCGTACACGCAAGGTAAACGCGAA  750

Query  480   CAATTCAGCGGCTTTAACCGGACGCTCGACGCCATTAATAATGTTTTCCGTAAATTCAGC  539
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  749   CAATTCAGCGGCTTTAACCGGACGCTCGACGCCATTAATAATGTTTTCCGTAAATTCAGC  690

Query  540   GCCTTCCATGATGAGACAGGCCGTTTGAATGTTGACGGGATGAACATAATAAGCAATGAC  599
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  689   GCCTTCCATGATGAGACAGGCCGTTTGAATGTTGACGGGATGAACATAATAAGCAATGAC  630

Query  600   GGCAGCAATAAACTCAACAGGAGCAGGAAAGCGAGGGTATCCCACAAAGTCCAGCGTACC  659
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  629   GGCAGCAATAAACTCAACAGGAGCAGGAAAGCGAGGGTATCCCACAAAGTCCAGCGTACC  570

Query  660   ATAAACGCAAGCCTCAACGCAGCGACGAGCACGAGAGCGGTCAGTAGCAATCCAAACTTT  719
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  569   ATAAACGCAAGCCTCAACGCAGCGACGAGCACGAGAGCGGTCAGTAGCAATCCAAACTTT  510

Query  720   GNTTACTCGTCAGAAAATCGAAATCATCTTCGGTTAAATCCAAAACGGCNGAAGCCCTGA  779
             | |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||| |||||
Sbjct  509   G-TTACTCGTCAGAAAATCGAAATCATCTTCGGTTAAATCCAAAACGGCAGAAG-CCTGA  452

Query  780   ATGANCTTTAATAGAGGCCAAAGCGGGTCTGGAAACGTACGGGATTGTTCAGT-ACTTGA  838
             |||| | |||||||||||||||||| |||||||||||||||| |||||||||||| ||||||
Sbjct  451   ATGAGC-TTAATAGAGGCCAAAGC-GGTCTGGAAACGTAC-GGATTGTTCAGTAACTTGA  395

Query  839   CTCA  842
             ||||
Sbjct  394   CTCA
```