

RSS H1

1-2 CACAGTGAAAACCCACATCTGAGGGT TCAGAACCA GAGGAGGCAGCTGCTGGGC T GA GAAATGAAAGGGATTATTATTTAATGTTGT TTACAGTATGTCATTAATAAATGAAAAAAAG TA
 1-3 -----A-----C-G-G-A-----A-----A-G-G-----C-AA-----GA-G-GAC-T-C-G-AA---AT-----GTC-A-GG-----G
 1-58 -----A-----G-C-----A-----A-----A-G-G-----C-AA-G-----GA-G-GA-T-C-G-AA-C-A-T-C-GTC-A-G-G-----G
 1-8 -----A-----C-A-A-----T-----G-----A-----G-----G-G-----C-G-----C-GG-----G-C-T-----TG-AA-GG-----TAT-T-----G-----AA-----
 1-46 -----G-----A-----C-A-----TG-----T-----A-----GA-----C-----G-----CAG-----GAC-----G-AA-GG-----TAT-T-----G-C-A-G-----
 1-69 -----A-----A-----TG-----A-----C-----G-----G-----C-----GG-----G-C-----AA-GG-----TAT-T-----G-----AA-GG-----
 1-24 -----A-C-----TG-----A-T-----A-----G-----G-----C-----AT-----G-AG-----ATC-----G-AA-GG-----G-GT-----GT-----C
 1-18 -----T-----C-----CA-----AATT-----G-----G-T-C-C-----CA-----G-----G-AA-AG-C-G-GC-----GG-----TGT-G-----
 1-45 -----ACC-----C-A-----TCA-----AA-----G-GG-----T-C-----C-----CG-----A-----C-G-AA-----AGG-C-----GG-----T-T-G-----

RSS H5

5-51 CACAGTG AGAGAAACCA•GCCCGAGCCG TCTAAAACC CTCCACACCGCAGGTGCAGAATGAGCTGCTAGAGACTCACTCCCCAGGGCCTCTATTCTGGGAGGAAACACTGGCTTTGTCTCAGGAGCAA

RSS 112

4-31 CACAAATG AGGGGAGGTGAGTGTGAGCCCCAG ACACAAACC TCCCTGCAGGGAGGC • GGAGGGGGGGGGCGCAGGTGCTCAGGACCAAGCAGGGGGCGCGCGGGGCCACAGAGCATGAGGCCGG• GT• CAGGAGCAGGTG
 4-34 -G-----A-----T-----A-----A-----T-----A-----T-----C-----T-----CC-----C-----
 4-39 -G-----A-----T-----T-----A-----A-----G-----T-----A-----T-----G-----AT-----CA-----
 4-4 -G-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----
 4-59 -G-----A-----G-----A-----C-----A-----C-----CG-----
 4-61 -G-----A-----G-----A-----C-----A-----C-----
 6-1 -G-----A-----C-----T-----TC-----A-----A-----A-----AA-----A-----C-----A-----CA-----TAC-----C-----G-----G-----C-----A-----AC-----
 3-15 -G-----C-----G-----GC-----CG-----•-----•-----•-----C-----T-----T-----A-----T-----GGC-----G-----A-----A-----CC-----
 3-49 -G-----C-----A-----GC-----AC-----A-----•-----•-----C-----TA-----A-----GC-----T-----T-----C-----G-----A-----A-----CC-----
 3-72 -GC-----C-----G-----GC-----TG-----•-----•-----A-----GT-----AA-----T-----G-----C-----G-----A-----A-----CC-----
 3-73 -G-----C-----G-----GC-----CG-----•-----•-----T-----C-----T-----A-----T-----T-----GGC-----G-----A-----A-----CC-----A-----
 3-21 -G-----A-----C-----•-----GTC-----CC-----A-----•-----C-----C-----A-----•-----T-----T-----C-----G-----T-----TCTC-----
 3-48 -G-----C-----GTC-----C-----A-----•-----C-----A-----A-----A-----A-----T-----CAG-----G-----T-----TCTC-----
 3-7 -G-----A-----C-----GTC-----CTTG-----A-----•-----C-----A-----A-----A-----A-----TT-----CTG-----G-----T-----TCTC-----
 3-11 -G-----A-----C-----GTC-----CTTG-----A-----•-----C-----A-----A-----A-----A-----T-----C-----G-----T-----TCTC-----
 3-74 -G-----A-----C-----A-----G-----GCAT-----CTGA-----A-----•-----CG-----T-----TC-----T-----TGT-----•-----CTG-----G-----T-----CTCTC-----GT-----CG-----
 3-23 -G-----A-----C-----T-----A-----C-----A-----T-----G-----A-----A-----A-----TC-----G-----G-----T-----A-----A-----G-----T-----T-----GAG-----T-----A-----TCCG-----AG-----
 3-53 -G-----A-----C-----T-----C-----A-----C-----T-----G-----A-----A-----TC-----G-----G-----T-----A-----AG-----T-----T-----GAG-----T-----A-----CCC-----G-----AG-----
 3-66 -G-----CC-----T-----C-----A-----C-----T-----G-----•-----A-----TC-----G-----G-----T-----A-----AG-----T-----T-----GAG-----T-----A-----CCC-----G-----AG-----
 3-30 -G-----A-----C-----T-----C-----A-----C-----T-----GC-----A-----A-----TC-----G-----G-----T-----A-----AG-----T-----T-----GAG-----T-----A-----CCTCG-----AG-----
 3-33 -G-----C-----T-----C-----A-----C-----T-----GC-----A-----A-----TC-----G-----T-----T-----A-----AG-----T-----T-----GAG-----T-----A-----CCTCG-----AG-----
 3-13 -G-----A-----C-----A-----•-----A-----T-----CT-----G-----A-----A-----A-----TC-----G-----T-----A-----A-----A-----T-----T-----GAG-----T-----A-----TCCC-----AG-----
 3-64 -G-----A-----A-----T-----A-----G-----A-----T-----G-----G-----A-----C-----T-----G-----A-----A-----AG-----•-----AGTC-----T-----T-----A-----AG-----T-----T-----GAG-----T-----A-----CCC-----CG-----
 3-9 -G-----A-----C-----C-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----CT-----GG-----T-----A-----T-----AA-----CAC-----TTA-----AACATG-----CA-----T-----

3-20 -----G-----A-CC-----A-----G-----A-A-A-GA-----CT-GG-T---A---T-A--A-A--TTA--A-CACA-TAA•-ACTCAG---C-----
3-43 -----G-----A-C-C-A-----A-----G-----A-A-A-GA-----CT-GG-T---A-C-A-T-AA-A-A---T---AG--TTA•-ACTCTG---CA--T--
Heptamer 23bp-Spacer Nonamer

Recombination Signal Sequence 3' Flanking Sequence →